مطالعه تنوع ژنتیکی و تکامل کروموزومی در تعدادی از توده های بومی پیاز خوراکی ایران

قاسم کریم زاده[1]، رشید پاک نیا[2] و محسن خدادادی[3]

۱- عضو هیئت علمی گروه اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس

۲- دانشجوی کارشناسی ارشد اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس

۳- عضو هیئت علمی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج

آنالیز کاریوتیپی ۱۲ توده پیاز (سفید قم، سفید کاشان، قرمز آذر شهر، سفید ساری، سفید خمین، سفید نیشابور، قرمز نیشابور، قرمز ری، قولی قصه زنجان، رامهرمز، درچه اصفهان و بهداشت شاهرود) بومی ایران مشخص کرد که همه توده های مورد بررسی دیپلوئید و دارای ۱۶ کروموزوم بودند. کروموزوم سلولهای میتوزی مطلوب شمارش و اندازه گیری شدند. پارامترهای کروموزومی مختلف شامل طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، طول کل کروموزوم، نسبت بازوها به (L/S و S/L)، شاخص سانترومریک و حجم کل کروموزوم محاسبه شدند. اکثر کروموزوم‌ها متاسانتریک و بعضی هم ساب متاسانتریک بودند و مجموعه کروموزوم های اغلب توده‌ها بجز قولی قصه زنجان بین یک تا دو جفت ماهواره داشتند همچنین کروموزوم شماره ۶ بسیاری از توده‌ها واجد یک ماهواره بودند. همه توده‌ها از لحاظ طول کروموزوم اختلاف کمی داشتند و بیشترین مواد کروماتینی در توده بهداشت شاهرود مشاهده شد. به طور کلی کاریوتیپ‌ها اغلب متقارن و در دسته 1A (Stebbins, 1971) قرار گرفتند به جز سه توده قرمز ری، رامهرمز و سفید ساری که در دسته A۲ قرار گرفتند. میانگین طول کل کروموزوم‌ها بین μm972/11-54/8، طول کل ژنوم هاپلوئید بین μm 65/96-79/67 و میانگین شاخص سانترومریک بین ٪۴۳/۷-٪۴۱/۱ متغیر بود. فرمول کلی در بین همه توده‌ها sm1 + m7 با بیشترین فراوانی (۸ توده)، 2) 8 m توده) و sm2 + 2) m6 توده) بود. بر پایه شاخص TF٪ (درصد شکل کلی کاریوتیپ) توده قرمز ری تقریباً نامتقارن و توده رامهرمز و قرمز نیشابور متقارن ترین در بین توده های مورد مطالعه شناخته شدند. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه ای به روش وارد (Ward) براساس مشابهت های کاریوتیپی ۲ خوشه بزرگ را نشان داد که

در خوشه اول ۹ توده و در خوشه دوم ۳ توده قرار گرفتند. نتایج حاصل از این تجزیه نشان داد که توده های مربوط به یک منطقه (از جمله توده های قرمز نیشابور، سفید نیشابور و بهدشت شاهرود) به ترتیب در زیر گروه جداگانه و دسته متفاوتی قرار گرفتند. این نشان دهنده عدم تبعیت تنوع ژنتیکی در ارتباط با رویشگاه است. این امر می تواند به دو دلیل عمده باشد : اول اینکه تبادل ژنتیکی در حوزه های رویشی پیازها در مناطق مختلف روی داده است و دوم اینکه اثر انتخاب های طبیعی و مصنوعی مسئول این تفرق بوده است.