

## بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های باریجه (*Ferula gummosa* Boiss.) ایران، با استفاده از مارکرهای مولکولی RAPD

اسماعیل طالبی کویخی<sup>۱\*</sup>، مسعود محمدعلیها<sup>۲</sup> و محمدرضا نقوی<sup>۳</sup>

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، واحد علوم و تحقیقات دانشگاه آزاد اسلامی، پست الکترونیک: tal\_1351@yahoo.com

۲- عضو هیئت علمی، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور

۳- دانشیار، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران

\* نویسنده مسئول مقاله

تاریخ پذیرش: آذر ۱۳۸۶

تاریخ اصلاح نهایی: آبان ۱۳۸۶

تاریخ دریافت: تیر ۱۳۸۶

### چکیده

در این تحقیق، از نشانگر مولکولی RAPD برای تعیین تنوع ژنتیکی ۱۳ جمعیت باریجه (*Ferula gummosa* Boiss.) ایران استفاده شد. هفت پرایمر مورد استفاده، تعداد ۶۹ باند قابل تشخیص ایجاد نمودند که ۹۴٪ آنها (۶۴ باند) در بین جمعیت‌های مختلف چند شکلی نشان دادند. تعداد متوسط باندها به ازای هر آغازگر ۹/۱۴ بود. برای تعیین میزان تشابه بین جمعیت‌ها، از ضریب تشابه دایس استفاده گردید. بیشترین میزان تشابه (۸۰٪) بین دو نمونه ریف و هملون و کمترین میزان تشابه (۱۷٪) بین دو نمونه هملون و سمنان مشاهده گردید. با استفاده از الگوریتم UPGMA یک دندروگرام بر مبنای ماتریس تشابه تهیه شد. تجزیه کلاستر، جمعیت‌های مختلف باریجه را به ۳ گروه اصلی تقسیم‌بندی نمود. نتایج این پژوهش، بیانگر کارآمدی نشانگر RAPD در تعیین تنوع ژنتیکی جمعیت‌های باریجه مورد مطالعه می‌باشد.

واژه‌های کلیدی: *Ferula gummosa* Boiss., RAPD، تنوع ژنتیکی، تجزیه کلاستر، باریجه.

### مقدمه

از لحاظ ژنتیکی جلوگیری به‌عمل آورده و ضمن ایجاد اشتغال و افزایش درآمد مرتع‌داران، این گونه‌ها را برای نسل‌های آینده و ایجاد توازن در طبیعت حفظ کرد. باریجه (*Ferula gummosa* Boiss.)، گیاهی است از تیره چتریان که در بسیاری از ارتفاعات ایران پراکنش دارد و به‌طور محدودی نیز در برخی از کشورهای اطراف دیده می‌شود. پیشینه تاریخی استفاده از این گیاه به بیش از ۳۰۰۰ سال قبل باز می‌گردد. باریجه دارای ترکیبات

استفاده از برخی گیاهان دارویی به‌عنوان محصولات فرعی مرتع، در کشور ایران دارای سابقه‌ای بسیار طولانی است و تعیین ویژگی‌های ژنتیکی، فیزیولوژیکی، اکوفیزیولوژی و اکولوژیکی این گیاهان به‌منظور بهره‌برداری پایدار و اقتصادی همراه با حفظ تنوع موجود در عرصه‌های طبیعی مراتع ایران بسیار حائز اهمیت می‌باشد؛ تا از انقراض گونه‌های منحصر به فرد و متفاوت

(نقوی و همکاران، ۱۳۸۴). یکی از راههای مناسب در شناسایی تنوع مولکولی در جمعیت‌های باریجه بومی ایران، استفاده از تکنیک RAPD می‌باشد که امکان شناسایی مولکولی جمعیت‌های باریجه را فراهم می‌سازد. به‌طور مسلم با بهره‌گیری از نشانگرهای تصادفی RAPD و همچنین ترکیب‌های اسانس موجود در جمعیت‌های باریجه در آینده، امکان شناسایی حتی نشانگرهای پیوسته با این ترکیبها نیز وجود خواهد داشت. در این تحقیق تنوع ژنتیکی ۱۳ نمونه باریجه بومی ایران با استفاده از مارکرهای RAPD مورد بررسی قرار گرفت.

### مواد و روشها

در این تحقیق بذره‌های ۱۳ جمعیت باریجه که از مناطق مختلف کشور شامل، سد لار، ایلام، سمنان، مشهد، سرک فیروزکوه، نطنز، پلور آمل، هملون شمیرانات، ریف فیروزکوه، فریدونشهر، روزه فیروزکوه، کاشان و سمیرم جمع‌آوری شده بود، استفاده گردید (شکل ۱).

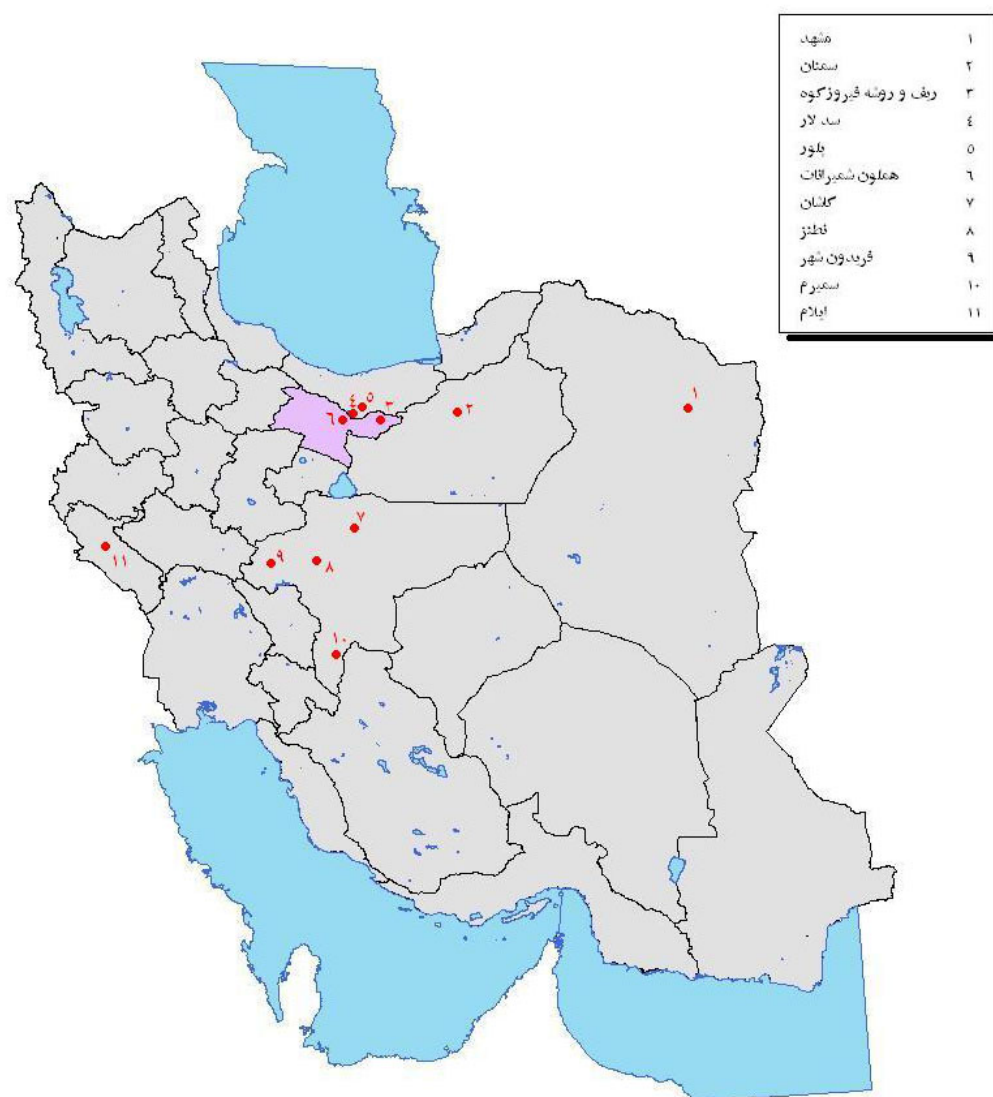
پس از جمع‌آوری بذرها از نقاط مختلف، کشور نسبت به بوجاری و خالص‌سازی آنها اقدام گردید تا در زمین مناسبی کشت شوند که در این خصوص، علاوه بر کشت گلدانی، در ایستگاه تحقیقات مراتع همدان آبسرد نیز کشت صورت گرفت. برگها پس از برش در داخل فلاسک یخ قرار داده شدند و به فریزر با دمای ۲۰ درجه منتقل گردیدند.

به‌منظور استخراج DNA از روش تغییر یافته Dellaporta و همکاران (۱۹۸۳) استفاده شد. برای تعیین کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از الکتروفورز آگارز ۱ درصد و دستگاه اسپکتوفوتومتری استفاده گردید. در این آزمایش از ۷ پرایمر شرکت سیناژن که

اسانسی و رزینی فراوان می‌باشد. از این رو توجه به حفظ ذخائر ژنتیکی این گیاه بسیار مهم است (مؤمنی و شاه‌رخی، ۱۳۷۷؛ محمدی و علیها، ۱۳۶۸؛ ادنانی و همکاران، ۱۳۸۴).

تحقیقات فراوانی در کشورهای نظیر هند، روسیه، ترکیه، آلمان، پاکستان، فرانسه، آمریکا، اسپانیا و ژاپن در رابطه با جنس کما (*Ferula*) انجام شده است که از نظر موضوعی بیشتر این پژوهشها، در زمینه خواص دارویی و کمترین آنها مربوط به جنبه‌های علوفه‌ای، زراعی، اکولوژیک و ژنتیکی گونه‌های گیاهی این جنس بوده است، ولی تاکنون تحقیقات ژنتیکی، استخراج DNA و بررسی تنوع ژنتیکی گیاه باریجه انجام نشده است.

نشانگرهای RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) از جمله نشانگرهایی هستند که به‌طور گسترده در بررسی‌های ژنتیکی مورد استفاده قرار می‌گیرند؛ زیرا قادرند با استفاده از مقادیر کم DNA، اختلافات موجود بین گیاهان را در سطح DNA شناسایی کنند و نیازی به اطلاعات قبلی در مورد ژنوم ندارند. به‌دلیل اینکه در RAPD از پرایمرهای تصادفی استفاده می‌شود و دمای اتصال پرایمر نیز پایین است، پرایمر به جایگاه اختصاصی متصل نمی‌شود و بنا به تعریف، غیر اختصاصی نامیده می‌شود (Williams et al., 1990). این خصوصیت که در RAPD از پرایمرهای تصادفی استفاده می‌شود و نیاز به DNA کمی دارد، باعث شده به تکنیکی ساده برای تجزیه و تحلیل سریع تبدیل گردد (Welsh & McClelland, 1990). مشخص شده که RAPD تکنیک مناسبی برای مطالعات طبقه‌بندی گیاهان، بررسی روابط ژنتیکی، بررسی ساختار ژنتیکی جامعه، برنامه‌ریزی برنامه‌های تولید هیبرید و شناسایی والدین افراد است



شکل ۱- نقشه ایران که در آن محل جمع‌آوری جمعیت‌های مختلف باریجه نشان داده شده‌است. (ریف، روشه و سرک شماره ۳ را شامل می‌شوند).

پلی‌مراز به اندازه  $1/3$  واحد بود. چرخه حرارتی شامل، ۳۵ چرخه بود که هر چرخه شامل مرحله واسرشت سازی به مدت یک دقیقه در درجه حرارت ۹۲ درجه سانتی‌گراد، مرحله اتصال پرایمر به مدت یک دقیقه در ۳۷ درجه سانتی‌گراد و مرحله بسط پرایمر به مدت ۲ دقیقه در ۷۲ درجه سانتی‌گراد بود. نمونه‌های حاصل از

دارای توالی ۱۰ نوکلئوتیدی تصادفی بودند، استفاده شد (جدول ۱). واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز، در حجم واکنش ۲۰ میکرولیتر انجام گردید و شامل  $1/9$  میکرولیتر از کلرید منیزیم ۱۵ میلی‌مولار، ۱ میکرولیتر پرایمر  $0/4$  پیکومولی،  $1/25$  میکرولیتر بافر PCR،  $0/2$  میلی‌مول dNTPs و تقریباً ۵۰ نانوگرم DNA ژنومی و DNA

### نتایج

تعداد کل باندها، تعداد باندهای پلی مورف و درصد پلی مورفیسم برای هر پرایمر در جدول ۱ نشان داده شده است. در استفاده از این ۷ پرایمر در مجموع ۶۹ باند مشاهده شد که ۶۴ باند چند شکل بودند. یعنی حدود ۹۴ درصد از این باندها پلی مورفیسم نشان دادند. بیشترین تعداد باند، مربوط به پرایمر شماره ۵ با ۱۲ باند و کمترین، مربوط به پرایمر شماره ۲ و ۷ با ۶ باند بود. پرایمرهای شماره ۱، ۳، ۵، ۷ صد درصد پلی مورفیسم نشان دادند که بیانگر تنوع بالای نمونه های باریجه و قدرت زیاد این پرایمرها در تفکیک ارقام می باشد. شکل ۲ وضعیت باندهای ۸ نمونه باریجه با استفاده از پرایمر شماره ۳ را نشان می دهد.

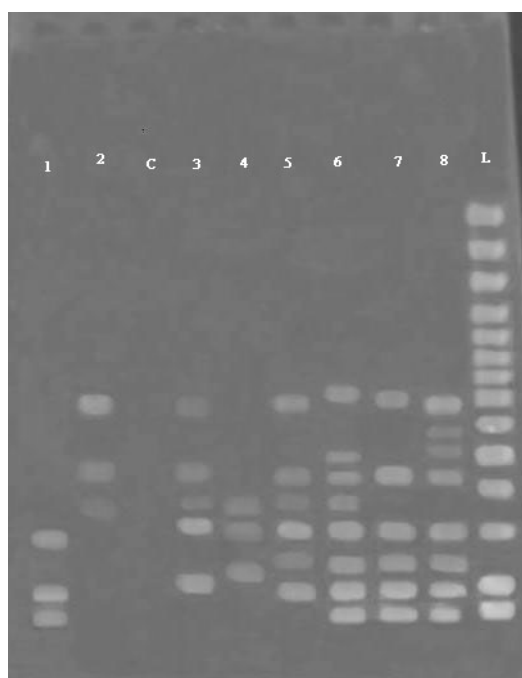
واکنش PCR بر روی ژل آگارز ران شدند. جهت مشاهده قطعات DNA، ژل به مدت ۳۰-۲۰ دقیقه در رنگ اتیدیوم بروماید قرار داده شد و سپس سطح آن با آب مقطر شسته شد و در دستگاه ویژه عکس برداری ژل قرار داده شد تا با اشعه ماوراء بنفش باندها قابل رؤیت شوند. به منظور نمره دهی باندها، وجود باند در هر موقعیت به صورت عدد یک و عدم وجود باند به صورت عدد صفر در نظر گرفته شد و در نهایت، ماتریس صفر و یک تشکیل گردید. میزان تشابه دو به دو بین نمونه ها با استفاده از ماتریس تشابه دایس (Nie & Li, 1979) محاسبه و در نهایت به کمک این ماتریس دندروگرام ترسیم گردید. کلیه این محاسبات با استفاده از نرم افزار NTSYS (Rohlf, 1998) انجام گرفت.

جدول ۱- توالی پرایمر، تعداد کل باندها، تعداد باندهای پلی مورف و درصد پلی مورفیسم

شماره پرایمر	توالی پرایمر ۵'→۳'	تعداد کل باندها		درصد پلی مورفیسم
		تعداد باندهای پلی مورف	تعداد کل باندها	
۱	TTCGAGCCAG	۱۱	۱۱	۱۰۰
۲	GTGAGGCGTC	۵	۶	۸۳
۳	GGGGGTCTTT	۱۱	۱۱	۱۰۰
۴	CCGCATCTAC	۶	۹	۶۶
۵	GAACGGACTC	۱۲	۱۲	۱۰۰
۶	GTCCCGACGA	۹	۹	۱۰۰
۷	CTCACCGTCC	۶	۶	۱۰۰
میانگین		۸/۵۷	۹/۱۴	۹۲/۷۱

و سمنان مشاهده گردید. میانگین تشابه بین نمونه ها نیز ۴۲٪ بدست آمد که بیانگر تفاوت نسبی خوب در سطح مولکولی بین نمونه ها می باشد.

میزان تشابه بین جفت نمونه ها (جدول ۲) نشان می دهد که بیشتر نمونه ها با همدیگر تشابه کمی را نشان می دهند. بیشترین میزان تشابه (۸۰٪) بین دو نمونه ریف و هملون و کمترین میزان تشابه (۱۷٪) بین دو نمونه هملون



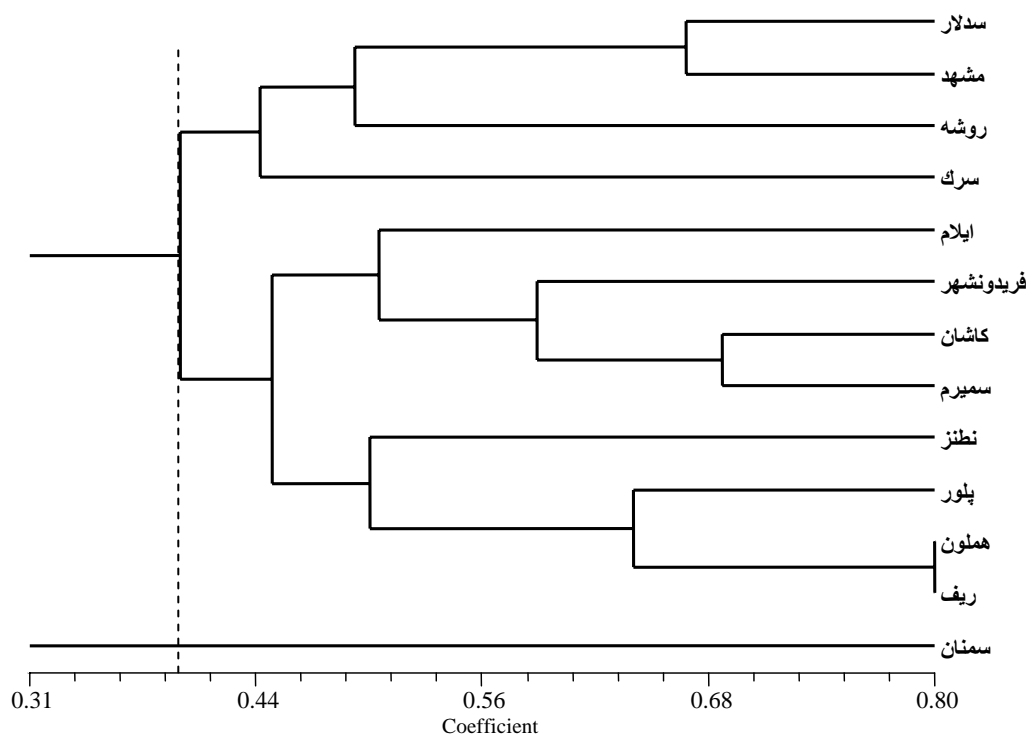
شکل ۲- الگوی باندهای ۸ نمونه باریجه با استفاده از پرایمر شماره ۳. L بیانگر سایز مارکر و C بیانگر چاهک کنترل است.

جدول ۲- مقدار تشابه دایس، بین نمونه‌های باریجه ۱۳ شهر مختلف

	سد لار	ایلام	سمنان	مشهد	سرک	نطنز	پلور	هملون	ریف	فریدونشهر	روشه	کاشان	سمیرم
سد لار	۱												
ایلام	.۴۹	۱											
سمنان	.۴۲	.۴۷	۱										
مشهد	.۶۷	.۵۱	.۴۵	۱									
سرک	.۳۹	.۴۸	.۳۱	.۵۱	۱								
نطنز	.۴۳	.۴۷	.۳۶	.۵۰	.۳۴	۱							
پلور	.۲۷	.۴۴	.۲۳	.۴۳	.۴۳	.۵۱	۱						
هملون	.۳۸	.۴۳	.۱۷	.۴۹	.۳۳	.۴۹	.۶۹	۱					
ریف	.۳۷	.۳۸	.۲۴	.۵۳	.۴۵	.۴۹	.۵۸	.۸۰	۱				
فریدونشهر	.۴۰	.۵۲	.۳۷	.۳۴	.۳۵	.۴۳	.۵۲	.۴۲	.۵۰	۱			
روشه	.۵۳	.۴۷	.۳۳	.۴۵	.۴۱	.۳۲	.۴۷	.۳۶	.۲۹	.۴۷	۱		
کاشان	.۳۵	.۵۳	.۲۱	.۲۹	.۳۴	.۴۳	.۵۸	.۴۳	.۴۷	.۶۲	.۴۷	۱	
سمیرم	.۳۴	.۴۵	.۱۸	.۲۷	.۲۲	.۴۴	.۴۰	.۳۸	.۳۷	.۵۵	.۴۲	.۳۲	۱

بیشترین تشابه را نشان می‌دهند. در گروه دوم، ۸ نمونه قرار گرفتند و قابل تقسیم به دو زیر گروه ۴ نمونه‌ای بودند. در این گروه، بیشترین تشابه بین هملون و ریف مشاهده گردید. در گروه سوم، تنها نمونه سمنان قرار گرفته بود و تفاوت عمده‌ای را با دیگر نمونه‌ها در سطح مولکولی نشان می‌داد.

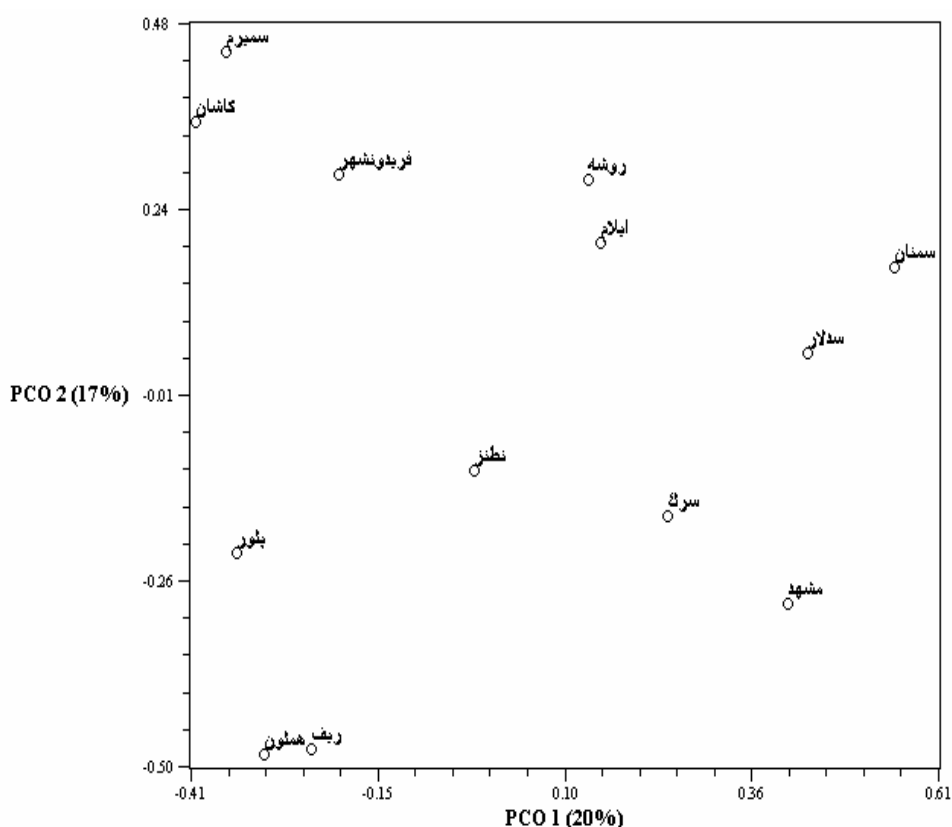
نتایج تجزیه کلاستر براساس ماتریس تشابه دایس نشان می‌دهد (شکل ۳) که نمونه‌های گرفته شده از شهرهای متفاوت از نظر مولکولی با همدیگر تفاوت دارند. تجزیه کلاستر، نمونه‌های باریجه را به سه گروه اصلی تقسیم نمود که در گروه اصلی اول، ۴ نمونه قرار می‌گرفتند و در بین آنها نمونه‌های سد لار و مشهد



شکل ۳- دندروگرام حاصل از داده‌های RAPD.

در شکل ۳ آمده است. مؤلفه اول ۲۰ و مؤلفه دوم ۱۷ درصد از تغییرات کل را نشان می‌دهند.

علاوه بر تجزیه کلاستر، از تجزیه به مختصات اصلی نیز برای گروه‌بندی ارقام می‌توان استفاده کرد (شکل ۴) که نتایج پراکنش و توزیع نمونه‌ها بر اساس ۲ مؤلفه اول



شکل ۴- بای پلات تجزیه به مؤلفه اصلی برای مارکرهای RAPD نمونه‌های باریجه، مربوط به شهرهای مختلف.

نسبت به نتایج این آزمایش، چند شکلی کمتری بدست آوردند. از بین ۷ پرایمر مورد استفاده، ۴ پرایمر پلی مورفیسم ۱۰۰ درصد را نشان دادند که بیانگر قدرت بالای این پرایمرها در بررسی تنوع مولکولی و همچنین بیانگر تنوع زیاد جمعیت‌های باریجه مورد بررسی می‌باشد.

نتایج تجزیه کلاستر و تجزیه به مؤلفه اصلی نیز تنوع مناسب جمعیت‌ها را به خوبی نشان می‌دهد. بیشترین تشابه (۸۰٪) بین نمونه‌های ریف و هملون مشاهده می‌شود که این دو ناحیه بسیار به همدیگر نزدیک می‌باشند. البته همبستگی خوبی بین تنوع ژنتیکی و تنوع جغرافیایی مشاهده نمی‌شود، یعنی نمونه‌هایی که از نظر جغرافیایی نزدیک به همدیگر می‌باشند لزوماً از نظر ژنتیکی تشابه بیشتری را نشان نمی‌دهند. به عنوان مثال، اگر چه سرک فیروزکوه به ریف و

نتایج گروه‌بندی نمونه‌ها در دو محور مختصات بر اساس ۳۷ درصد تغییرات بر خلاف تجزیه کلاستر به خوبی قابل گروه‌بندی نمی‌باشد و در نتیجه تا حد کمی نتایج تجزیه کلاستر را تأیید می‌نماید.

## بحث

در این تحقیق تنوع مولکولی نمونه‌های مختلف باریجه از ۱۳ مکان ایران که باریجه به‌طور طبیعی در آنها رشد می‌کند، با استفاده از نشانگرهای RAPD مورد بررسی قرار گرفت. مقدار چند شکلی (۹۴ درصد) بدست‌آمده در این آزمایش نسبت به گیاهان دارویی دیگر بالاتر می‌باشد. به عنوان مثال، Tabaei-Aghdaei و همکاران (۲۰۰۷) میزان پلی مورفیسم در ۱۲ جمعیت گل محمدی را ۶۷ درصد گزارش نمودند که

- محمدی، غ. و علیها، م.، ۱۳۶۸. مطالبی پیرامون باریجه. انتشارات مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، ۲۴ صفحه.
- مؤمنی، ت. و شاهرخی، ن.، ۱۳۷۷. اسانسهای گیاهی و اثرات درمانی آنها. مؤسسه انتشارات و چاپ دانشگاه تهران، ۱۵۸ صفحه.
- نقوی، م.ر.، قره‌یاضی، ب. و حسینی سالکده، ق.، ۱۳۸۴. نشانگرهای مولکولی. مؤسسه انتشارات و چاپ دانشگاه تهران. ۳۴۲ صفحه.

- Dellaporta, S.L., Wood, J. and Hicks, J.B. 1983. A plant DNA minipreparation. version II. Plant Molecular Biology Reports, 1: 19-21.
- Nie, M. and Li, W.H., 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceeding of National Academy of Sciences of the USA, 76: 5269-5273.
- Rohlf, F.J., 1998: NTSYS-PC. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. version 2.00. Exeter Software, Setauket, NY, 120p.
- Tabaei Aghdaei, S.R., Hosseini Monfared, H., Fahimi, H., Ebrahimzade, H., Jebelly, M., Naghavi M.R. and Babaei A., 2007. Genetic variations amongst Damask rose (*Rosa damascena* Mill.) landraces from different regions of Iran. Iranian Journal of Botany, 12: 121-127.
- Welsh, J. and McClelland, M. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Research, 18: 7213-7218.
- Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. and Tingey, S.V., 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research, 18: 6531-6535.

هملون بسیار نزدیک می‌باشد، ولی از نظر گروه‌بندی مولکولی در گروه‌های مختلف قرار گرفته‌اند. از طرف دیگر، اگرچه نمونه‌های سد لار و مشهد از نظر جغرافیایی در ۲ منطقه جداگانه هستند، ولی در یک زیرگروه قرار گرفته‌اند. در این تحقیق مشخص شد که با استفاده از تکنیک RAPD می‌توان در زمان کم، الگوی ژنتیکی جمعیت‌های باریجه را نسبت به همدیگر مشخص ساخت. از این تکنیک برای بررسی تنوع در بسیاری از گیاهان استفاده شده است. تمامی این مطالعات نشان داده‌اند که مارکرهای RAPD، ابزاری مناسب برای تجزیه ژنوم گیاهان هستند، هرچند به‌منظور غلبه بر مشکل تکرارپذیری کم، شرایط PCR بایستی کاملاً کنترل شده باشد (نقوی و همکاران، ۱۳۸۴). شناسایی تنوع ژنتیکی در برنامه‌ریزی جهت مدیریت ژرم پلاسما باریجه ایران و همچنین در تدوین برنامه‌های اصلاحی مفید خواهد بود. به‌طوری‌که با بهره‌گیری از نتایج مولکولی و ارزیابی تنوع فیتوشیمیایی نمونه‌ها، امکان شناسایی جمعیت‌های مناسب جهت توسعه و بهره‌گیری از آن وجود خواهد داشت.

### منابع مورد استفاده

- ادنانی، س.م.، بشیری، ح. و باقری، ح.، ۱۳۸۴. بررسی ویژگی‌های رویشگاهی و برخی ترکیب‌های شیمیایی گیاه باریجه در استان قم. تحقیقات گیاهان دارویی و معطر ایران، ۲۱: ۱۹۵-۲۱۱.



## Genetic diversity in *Ferula gummosa* Boiss. populations of Iran using RAPD molecular markers

E. Talebi Kohyakh<sup>1</sup>, M. Mohammad Aliha<sup>2</sup> and M.R. Naghavi<sup>3</sup>

1- Azad University of Science and Technology, Tehran, E-mail: tal\_1351@yahoo.com

2- Research Institute of Forest and Rangelands, Tehran

3- Agricultural College, University of Tehran, Karaj

### Abstract

Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers have been used to characterize the genetic diversity among 13 Iranian landraces of *Ferula gummosa* Boiss. The 7 primers used in this study amplified 69 scorable RAPD bands among which 64 were polymorphic (94%). The average number of bands was 9.14 for each primer. Dice similarity index was used for measuring genetic similarities among landraces. The highest similarity (0.80) was found between Hamlon and Reef populations, whereas the lowest was between Hamloon and Semnan. UPGMA algorithm was used for cluster analysis. Cluster analysis separated the 13 landraces into three main groups. The results indicated that RAPD technique is an efficient tool for assessing genetic diversity in *Ferula gummosa* populations.

**Key words:** *Ferula gummosa* Boiss., RAPD, genetic diversity, cluster analysis.