



مقاله علمی - پژوهشی

بررسی تنوع ژنتیکی در زعفران‌های با بیش از سه کلاله با استفاده از نشانگر مولکولی SSR و ISSR

محمدعلی بهدانی^۱ و علی ایزانلو^{۲*}

تاریخ دریافت: ۹ آبان ۱۳۹۶ تاریخ پذیرش: ۵ تیر ۱۳۹۷

بهدانی، م.ع.، و ایزانلو، ع. ۱۳۹۸. بررسی تنوع ژنتیکی در زعفران‌های با بیش از سه کلاله با استفاده از نشانگر مولکولی SSR و ISSR. زراعت و فناوری زعفران، ۷(۳): ۳۴۷-۳۵۷.

چکیده

زعفران زراعی به عنوان با ارزش‌ترین ادویه جهان از نظر ژنتیکی کلون مونومورفی بوده، ولی تفاوت‌هایی نیز در فنوتیپ و کیفیت گزارش شده است که مهم‌ترین تنوع فنوتیپی از نظر زراعی و اقتصادی، وجود گل‌های با بیش از سه کلاله است، بنابراین هدف از این تحقیق استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف جهت مطالعه مولکولی زعفران‌های با بیش از ۳ کلاله در منطقه و اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی بین آن‌ها بود. در این تحقیق، کلون‌های زعفران با بیش از سه کلاله به‌طور کامل همراه با خاک اطراف ریشه از مزارع کشاورزان جمع‌آوری و بطور کامل در جعبه‌های پلاستیکی، جهت حفظ شرایط زیستی، مستقر گردیدند. استخراج DNA به روش CTAB از برگ‌های گل دارای بیش از سه کلاله انجام شد. زعفران‌های با بیش از سه کلاله در مقایسه با حالت معمولی دارای گل‌های بزرگتر و تعداد گلبرگ‌های به نسبت بیشتری بودند. بیشترین فراوانی تعداد کلاله در بین نمونه‌های بیش از سه کلاله مربوط به چهار و پنج کلاله با ۳۸ درصد بود. نمونه‌های دارای شش کلاله با فراوانی ۱۴ درصد مشاهده شد. در بین نمونه‌های جمع‌آوری شده تنها یک نمونه با تعداد کلاله هفت نیز مشاهده گردید. از مجموع ۴۸ آغازگر ISSR آزمون شده روی نمونه DNA بالک، تنها ۱۶ آغازگر تشکیل نوار دادند. نتایج حاصل از الکتروفورز ژل آگاروز برای آغازگرهای ISSR نشان داد که محدوده نوارهای تشکیل شده در فاصله ۱۰۰ تا ۱۰۰۰ جفت باز بود. با بررسی نوارهای تشکیل شده برای آغازگرهای ISSR، چندشکلی قابل ملاحظه‌ای بین کلون‌های مختلف زعفران مورد بررسی مشاهده نشد. لذا، براساس این سیستم نشانگری تنوع ژنتیکی بین کلون‌های با تعداد کلاله متفاوت ملاحظه نشد. از بین نشانگرهای SSR آزمون شده، ۱۰ نشانگر چند شکلی را بین کلون‌ها نشان دادند. نتایج تجزیه همبستگی براساس ضریب همبستگی اسپیرمن نشان داد که ارتباط معنی‌دار آماری بین هیچ کدام از آلل‌های نشانگر ریزماهوره و تعداد کلاله‌ها مشاهده نشد.

کلمات کلیدی: اپی ژنتیک، تنوع ژنتیکی، چندشکلی.

۱- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند.

۲- استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند.

* نویسنده مسئول: a.izanloo@birjand.ac.ir

مقدمه

زعفران (*Crocus sativus* L.) گیاهی چندساله است که از نظر ژنتیکی عقیم بوده و تکثیر آن صرفاً از طریق رویشی و بوسیله بنه‌ها انجام می‌گیرد. امروزه نیاز جهانی به استفاده از زعفران، نه تنها بخاطر تولید و استفاده آن به عنوان ادویه، بلکه برای خصوصیات دارویی متعددش مانند اثرات آنتی‌اکسیدانی و ضد سرطانی آن، روبه افزایش است (Abdullaev & Espinosa-Aguirre, 2004; Bhandari, 2015; Lim, 2014; Magesh et al., 2006; Samarghandian & Borji, 2014). افزایش تولید زعفران وابسته به برداشت بیشتر محصول در واحد سطح و کیفیت بالای آن است. برای نیل به این اهداف، نیاز به بهبود ژنتیکی گیاه، بهبود وضعیت زراعی، همچنین شرایط کنترل‌شده در طی پاک‌سازی، ذخیره و بازاریابی محصول است. بهبود ژنتیکی نیازمند وجود تنوع درون‌گونه‌ای، بین‌گونه‌ای و همچنین امکان تلاقی بین آن‌ها است. وجود تنوع ژنتیکی در این گونه موضوع مورد بحث است. رویو-موراگا و همکاران (Rubio-Moraga et al., 2009) از سه سیستم نشانگر مولکولی مبتنی بر PCR شامل RAPD، ISSR و SSRها برای بررسی چندشکلی در اکوتیپ‌های مختلف جمع‌آوری شده از نواحی مختلف استفاده کردند. آن‌ها نتوانستند چندشکلی بین اکوتیپ‌های مختلف پیدا کنند. آن‌ها پیشنهاد کردند که زعفران یک گونه مونومورف یا تک‌شکل بوده و پیشنهاد نمودند که برای یافتن راهی جهت تشخیص بین ایزوله‌های زعفران زراعی، توالی‌یابی کل ژنوم مورد نیاز است. برخی از مطالعات فیلوژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی روی اکوتیپ‌های مختلف زعفران وجود تنوع ژنتیکی گزارش نشده است (Fluch et al., 2010; Grilli Caiola et al., 2009). درحالی‌که، تحقیقات اخیر با استفاده از دامنه وسیعی از نشانگرهای DNA، تنوع

ژنتیکی اندکی را در گونه زعفران گزارش کرده‌اند (Babaei et al., 2014; Beiki et al., 2010; Mir et al., 2015; Nemati et al., 2012; Nemati et al., 2014; Sik et al., 2008; Siracusa et al., 2013).

با این وجود، تفاوت‌هایی در فنوتیپ و کیفیت نیز در برخی از زعفران‌های زراعی گزارش شده است که ممکن است مربوط به تفاوت در کلون‌ها باشند. مهم‌ترین تنوع فنوتیپی با اهمیت از نظر زراعی و اقتصادی، وجود گل‌های با بیش از سه کلاله می‌باشد، بنابراین توجه ویژه‌ای به تحقیقات دقیق علمی از دیدگاه مولکولی در این زمینه ضروری به نظر می‌رسد تا شواهدی دال بر اینکه تنوع مشاهده شده در درون زعفران‌های زراعی ژنتیکی است فراهم گردد. برخی واریانت‌های زعفران با بیش از سه کلاله در مزارع در برخی سال‌ها مشاهده می‌شوند، ولی مشاهده مکرر آن‌ها در سال‌های بعد در همان کلون گزارش نشده است. استیلیایی (Estilai, 1978) مطالعه سیتوژنتیکی روی زعفران-های دارای بیش از سه کلاله انجام داد. او تغییر در تعداد کروموزم مشاهده نکرد و پیشنهاد نمود که ممکن است ناشی از موتاسیون‌های تصادفی باشند.

پی بردن به منشاء گونه‌ها و یافتن تنوع ژنتیکی مناسب در بهبود ژنتیکی گیاهان نقش مهمی را ایفا می‌کند. با توجه به اینکه زعفران گیاهی با تکثیر رویشی است، یافتن جهش یافته‌ای که ویژگی‌های زراعی مطلوبی داشته باشد کمک شایانی به اقتصاد کشاورزان در زمینه تولید و حتی افزایش سطح صادرات محصول می‌نماید. امروزه تأیید منشاء گونه‌ها و بررسی تنوع ژنتیکی یکی دیگر از زمینه‌های کاربردی تکنیک‌های مولکولی است که توجه ویژه‌ای را به خود جلب کرده است. تا کنون تجزیه‌های مولکولی تنها بر شناسایی اجداد بالقوه زعفران زراعی با استفاده از نشانگرهای مولکولی RAPD، AFLP، IRAP و ISSR انجام شده است، بنابراین هدف از این تحقیق استفاده از

ریشه از مزارع کشاورزان جمع‌آوری و بطور کامل به جعبه‌های پلاستیکی، جهت حفظ شرایط زیستی، مستقر گردیدند (شکل ۱). پنج نمونه از منطقه قاین و ۴۵ نمونه نیز از منطقه سرایان جمع‌آوری و به آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشکده کشاورزی دانشگاه بیرجند منتقل شدند (جدول ۱). تعداد کلاله در گل‌های با بیش از سه کلاله شمارش گردید. سپس جعبه‌های پلاستیکی حاوی نمونه‌ها در فضای مناسب در محوطه دانشکده کشاورزی در داخل خاک قرار داده شدند. در سال بعد این کلون‌ها نیز برای تعداد کلاله در گل مورد بررسی قرار گرفتند.

سیستم نشانگرهای مولکولی مختلف جهت مطالعه مولکولی زعفران‌های با بیش از سه کلاله در منطقه و بررسی تنوع ژنتیکی بین آن‌ها بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

در پاییز ۱۳۹۳، فراخوانی مبنی بر جمع‌آوری کلون‌های زعفران با بیش از سه کلاله بین زعفران‌کاران خراسان جنوبی (شهرستان قاین و سرایان) اعلام گردید. در آبان ماه، کلون‌های زعفران با بیش از سه کلاله بطور کامل همراه با خاک اطراف



شکل ۱- گل‌های زعفران با ۴ و ۵ کلاله جمع‌آوری شده از منطقه سرایان، خراسان جنوبی
Figure 1- Saffron flowers with 4 and 5 stigmas collected from Sarayan area, South Khorasan.

نانوگرم در میکرولیتر رقیق شدند.

جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی در زعفران از نشانگرهای مولکولی ISSR و SSR استفاده شد. ۴۸ آغازگر ISSR و ۲۷ جفت آغازگر SSR مختص زعفران با سفارش از شرکت سیناکلون تهیه گردیدند (جدول ۲). آغازگرهای مورد استفاده چندشکلی را بین زعفران‌های زراعی و خویشاوندان وحشی در مطالعات گذشته نشان داده بودند (Nemati et al., 2012; Rubio-Moraga et al., 2009).

استخراج DNA و آزمون نشانگرها

جهت استخراج DNA، برگ‌های متصل به گل دارای بیش از سه کلاله برداشت و در داخل هاون چینی استریل و در ازت مایع پودر شدند. استخراج DNA به روش CTAB (Doyle & Doyle, 1987) انجام شد. کمیت و کیفیت DNA استخراج شده با استفاده از دو روش طیف‌سنجی نوری با استفاده از اسکتروفومتر نانودراپ و الکتروفورز ژل آگارز یک درصد مورد بررسی قرار گرفت. سپس نمونه‌های DNA تقریباً به مقدار ۲۵

جدول ۱- کد و منطقه جمع‌آوری کلون‌های با بیش از سه کلاله

Table 1- Code and the area of collecting clones with more than three stigmas

شماره Number	کد نمونه Sample code	منطقه Area	تعداد کلاله Numbers of stigma	شماره Number	کد نمونه Sample code	منطقه Area	تعداد کلاله Numbers of stigma
1	1-1	قاین Qaen	5	29	24-2	سرایان Sarayan	5
2	2-1	قاین Qaen	6	30	1-3	سرایان Sarayan	4
3	3-1	قاین Qaen	7	31	2-3	سرایان Sarayan	6
4	4-1	قاین Qaen	4	32	3-3	سرایان Sarayan	4
5	5-1	قاین Qaen	5	33	4-3	سرایان Sarayan	4
6	1-2	سرایان Sarayan	5	34	5-3	سرایان Sarayan	5
7	2-2	سرایان Sarayan	4	35	6-3	سرایان Sarayan	5
8	3-2	سرایان Sarayan	5	36	7-3	سرایان Sarayan	4
9	4-2	سرایان Sarayan	6	37	8-3	سرایان Sarayan	4
10	5-2	سرایان Sarayan	4	38	9-3	سرایان Sarayan	5
11	6-2	سرایان Sarayan	4	39	10-3	سرایان Sarayan	5
12	7-2	سرایان Sarayan	6	40	11-3	سرایان Sarayan	4
13	8-2	سرایان Sarayan	5	41	12-3	سرایان Sarayan	6
14	9-2	سرایان Sarayan	5	42	13-3	سرایان Sarayan	5
15	10-2	سرایان Sarayan	5	43	14-3	سرایان Sarayan	4
16	11-2	سرایان Sarayan	4	44	15-3	سرایان Sarayan	4
17	12-2	سرایان Sarayan	4	45	16-3	سرایان Sarayan	5
18	13-2	سرایان Sarayan	4	46	17-3	سرایان Sarayan	5
19	14-2	سرایان Sarayan	5	47	18-3	سرایان Sarayan	4
20	15-2	سرایان Sarayan	4	48	19-3	سرایان Sarayan	6
21	16-2	سرایان Sarayan	5	49	20-3	سرایان Sarayan	4
22	17-2	سرایان Sarayan	5	50	21-3	سرایان Sarayan	6
23	18-2	سرایان Sarayan	4	51	22-3	سرایان Sarayan	5
24	19-2	سرایان Sarayan	5	52	B-1	بیرجند Birjand	3
25	20-2	سرایان Sarayan	6	53	B-2	بیرجند Birjand	3
26	21-2	سرایان Sarayan	4	54	Q-1	قاین Qaen	3
27	22-2	سرایان Sarayan	4	55	Q-2	قاین Qaen	3
28	23-2	سرایان Sarayan	5	56	Q-3	قاین Qaen	3

آزمون گردید. آغازگرهایی که تشکیل نوار دادند و محدوده دمای اتصال آنها تعیین شد، برای انجام ادامه‌ی تحقیق مورد استفاده قرار گرفتند. برای انجام PCR، میکروتیوب‌های ۰/۲ میلی‌لیتر حاوی ۱۵ میکرولیتر مواد واکنش PCR (شامل ۱x مسترمیکس آماده، ۵۰ نانوگرم DNA، ۰/۶ پیکوگرم آغازگر) در دستگاه ترموسایکلر (اپندورف، مدل ۲۰۰۰ ساخت آلمان) قرار داده شدند. برنامه PCR شامل واسرشت سازی اولیه در دمای ۹۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت سه دقیقه، پنج چرخه اول در دمای

آزمون آغازگرها برای تکثیر یا عدم تکثیر نوار در زعفران انجام شد. برای این منظور، مخلوطی بصورت بالک از پنج نمونه DNA تصادفی تهیه شد. آغازگرها بر اساس دمای اتصال آنها گروه‌بندی شدند، سپس مواد لازم PCR بصورت مسترمیکس بدون آغازگر به تیوب‌های حاوی آغازگرهای ISSR مختلف اضافه گردید و طی برنامه تاج داون^۱ و گرادیان دمایی

^۱ - Touchdown

نتایج و بحث

زعفران‌های با بیش از سه کلاله در مقایسه با حالت معمولی دارای گل‌های بزرگتر و تعداد گلبرگ‌های به نسبت بیشتری بودند (شکل ۱). بیشترین فراوانی تعداد کلاله در بین نمونه‌های با بیش از سه کلاله مربوط به چهار و پنج کلاله با ۳۸ درصد بود. نمونه‌های دارای شش کلاله با فراوانی ۱۴ درصد مشاهده شد. در بین نمونه‌های جمع‌آوری شده تنها یک نمونه با تعداد کلاله هفت نیز مشاهده گردید (شکل ۲). اگرچه، فراوانی گل‌های زعفران با بیش از سه کلاله در کل مزارع اندک است (Estilai, 1978)، ولی در بین آن‌ها بیشترین فراوانی مربوط به گل‌های دارای چهار و پنج کلاله بود. استیلایی (Estilai, 1978) نیز بیشترین فراوانی مربوط به چهار کلاله را گزارش نمود و بعد از آن گل‌های با پنج کلاله دارای بیشترین فراوانی بودند.

آزمون آغازگرهای ISSR

از مجموع ۴۸ آغازگر ISSR آزمون‌شده روی نمونه DNA بالک، تنها ۱۶ آغازگر (شامل؛ ISCS1, ISCS10, ISCS11, ISCS12, ISCS15, ISCS20, ISCS23, ISCS28, ISCS30, ISCS50, ISCS51, ISCS7, ISCS72, ISCS77, ISCS8, ISCS9) تشکیل نوار دادند. لذا برای انجام PCR تمامی نمونه‌های زعفران جمع‌آوری شده از آغازگرهایی که توسط آن‌ها تکثیر انجام شد، استفاده گردیدند.

نتایج حاصل از الکتروفورز ژل آگاروز برای نشانگرهای ISSR نشان داد که محدوده نوارهای تشکیل شده در فاصله ۱۰۰ تا ۱۰۰۰ جفت باز بود. با بررسی نوارهای تشکیل شده برای آغازگرهای ISSR، چندشکلی قابل ملاحظه‌ای بین کلون‌های مختلف زعفران مورد بررسی مشاهده نشد. لذا، براساس این سیستم نشانگری تنوع ژنتیکی بین کلون‌های با تعداد کلاله متفاوت وجود نداشت.

۹۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه، دمای اتصال آغازگر (۴۵-۵۵) به مدت ۳۰ ثانیه، هر سیکل ۰/۵ درجه از دمای اتصال کاسته می‌شد، و ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه انجام گرفت، به دنبال آن ۳۵ چرخه در دمای ۹۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه، (۴۲-۵۲) درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت یک دقیقه و ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه و بسط نهایی در دمای ۷۲ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه انجام شد. پس از اتمام چرخه‌ها، نمونه‌ها از دستگاه خارج شده و تا قبل از الکتروفورز در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند.

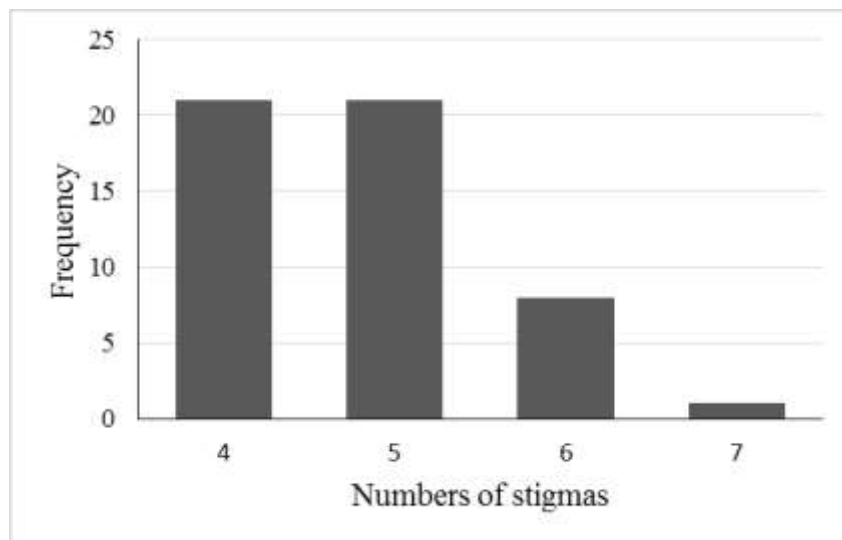
ابتدا جفت آغازگرهای SSR برای تعیین بهترین دمای اتصال از طریق PCR گرادیان دمایی مورد بررسی قرار گرفتند. برنامه‌ی PCR با گرادیان دمایی برای تعیین بهترین دمای اتصال آغازگر برای نشانگرهای SSR نیز روی DNA بالک انجام شد. براساس نتایج الکتروفورز، بهترین دمای اتصال انتخاب و تمام نمونه‌های زعفران با نشانگرهای SSR، PCR گردیدند. دمای اتصال مطلوب برای جفت آغازگرها از ۴۷ تا ۶۶ درجه سانتی‌گراد متغیر بود.

به منظور مشاهده چگونگی تکثیر مکان‌های چندشکل توسط آغازگرهای مختلف و امکان رتبه‌بندی نوارهای تشکیل شده، محصولات PCR در ژل آگاروز ۲ درصد همراه اتیدیوم بروماید الکتروفورز شدند. نمونه‌ها به مدت ۱ ساعت با ولتاژ ۹۰ ولت الکتروفورز شدند. قطعات تکثیر یافته DNA توسط ژل‌داک زیر نور UV مشاهده و عکس‌برداری شد. نوارهای تشکیل شده برای کلون‌های مختلف براساس اندازه آن‌ها امتیازبندی شد. برای نوارهای چند شکل، وجود یا عدم وجود نوار به ترتیب یک و صفر تعلق گرفت. جهت یافتن همبستگی بین آلل‌ها و تعداد کلاله ضریب همبستگی اسپیرمن توسط نرم افزار SPSS انجام شد.

جدول ۲- لیست آغازگرهای ISSR و SSR برای بررسی تنوع ژنتیکی در زعفران با بیش از سه کلاله

Table 2- List of ISSR and SSR primers for evaluation of genetic variation in saffron with more than three stigmas

شماره Num ber	نام نشانگر SSR marker name	توالی ۵'→۳' Sequence 5'-3'	دما Ta (°C)	شماره Number	نام آغازگر ISSR primer name	توالی ۵'→۳' Sequence 5'-3'	دما Ta (°C)
1	CSMIC13	F: TGGCATTAGATTACGGGTTTGT	64	28	ISCS1	TCCTCTCTCTCTCTCC	62
		R: GAATCACGTTGTTGGGATTGAT		29	ISCS7	TCTCTCTCTCTCTCTCC	
		F: CCTTGTCTTGAACGAATGTCTG		30	ISCS8	TCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTA	
2	CSMIC14	R: TTGCAGAATCCTTGGCCTTA	63	31	ISCS9	ATCATCATCATCATCATCATCATC	68
				32	ISCS10	ACACACACACACACACC	
3	CSMIC23	F: GTCACCTACATGTTGGTGT	56	33	ISCS11	CTCTCTCTCTCTCTCT	38
		R: AATTCTATTTCCAAGGCTCCA		34	ISCS12	TTGTGTGTGTGTGTGTG	
4	CSMIC25	F: GTCTCCTTCGCTATCTCCTTGA	60	35	ISCS15	TATCTATCTATCTATCTATCTATCT	41
		R: ACCTTCAAGAAGATCAGCAAT		36	ISCS17	DBDBCACCACCACCACCAC	
5	CSMIC36	F: GCTAGCAGAATCAGATGATCCA	63	37	ISCS18	DBDBCACCACCACCACCACCA	56
		R: AGTGCATTCATCTCACCTCTCA		38	ISCS19	HVHGTGGTGGTGGTGGTG	
6	CSMIC37	F: GAAGCAACAATGGCGGTGGA	71	39	ISCS20	DHBCGACGACGACGACGA	56
		R: TCGGAGCGGTGGAGATCGTCT		40	ISCS21	BDBACAACAACAACAACA	
7	CSMIC42	F: CAGAATCACTTACCAGGTCAGT	57	41	ISCS22	HBBGAAGAAGAAGAAGAA	37
		R: CGTGGTACAGTGTAGCTACTTA		42	ISCS23	HBDBGACCGACCGACCGACC	
8	CSMIC44	F: CAGTGTCTCGGCTGAATGTGAA	68	43	ISCS26	GTGTGTGTGTGTGTGTG	43
		R: ACTGCTGGACGGTGCAACTT		44	ISCS27	TCTCTCTCTCTCTCTCRA	
9	CSMIC46	F: GTACAGTGCTGAAGAGGAGGA	64	45	ISCS28	TCTCTCTCTCTCTCTCT	38
		R: TGGATACGCTGCACGTATCTCA		46	ISCS29	TCTCTCTCTCTCTCTCRG	
10	CSMIC47	F: ACCAGGTCAGTTGATGCCTCAT	58	47	ISCS30	ACACACACACACACACYT	43
		R: CAGTGTAGCTACTTAGACAGT		48	ISCS32	ACACACACACACACACYG	
11	CSMIC50	F: TAACCTCGTCGGAGCGGTGGA	73	49	ISCS33	TGTGTGTGTGTGTGTGRT	46
		R: GGAGCAACAATGGCGGTGGA		50	ISCS34	TGTGTGTGTGTGTGTGRC	
12	CSMIC53	F: GCAGAATCACTGCTGGACGGGT	70	51	ISCS35	TGTGTGTGTGTGTGTGRA	46
		R: CAGTGTCTCGGCTGAATGTGAA		52	ISCS38	GTGTGTGTGTGTGTGYC	
13	CSMIC55	F: AGCAACAGAGGCACACATTA	64	53	ISCS43	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	43
		R: AGCTGTCACTCCAATCATCAAC		54	ISCS46	GTGTGTGTGTGTGTGYA	
14	CSMIC59	F: GAATATTGTTGATGAGGCGGGA	61	55	ISCS47	CACACACACACACARG	46
		R: AAGAGAGATATTAATAAGTCGCA		56	ISCS48	GACAGACAGACAGACA	
15	CSMIC62	F: CCAATCTGAGGACGGGCT	61	57	ISCS49	CCCTCCCTCCCTCCCT	60
		R: AGAAGCGTGATGAAGTGA		58	ISCS50	CACACACACACACARC	
16	ABRII/Cs2	F: ATACGGTAAACATCAGGAAG	58	59	ISCS51	CACACACACACACART	46
		R: AGTAATCCACGCGTCAAGGT		60	ISCS54	CTCTCTCTCTCTCTTRG	
17	ABRII/Cs8	F: GTGTAATGAATGGGATATATGGC	61	61	ISCS55	CTCTCTCTCTCTCTTRC	37
		R: CCTTCCAAGTGTGAAATAATTC		62	ISCS57	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	
18	ABRII/Cs10	F: GGATGTACTTAGGTTGTG	58	63	ISCS58	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	38
		R: GGAAACCCTAACTAGGT		64	ISCS64	GAGAGAGAGAGAGAGAC	
19	ABRII/Cs11	F: CCCAAGTACCTTCCAACCTG	61	65	ISCS65	GAGAGAGAGAGAGAGAA	40
		R: GTTGTATGATGGTCTGGCC		66	ISCS69	CACACACACACACAAA	
20	ABRII/Cs20	F: CAATCTTACATAGTGAGGC	49	67	ISCS70	CACACACACACACAG	47
		R: GTATTCTGTGTCAGTTCAGTG		68	ISCS72	GTGTGTGTGTGTGTGTC	
21	ABRII/Cs21	F: TACCCTATAAAGAGTGGACA	63	69	ISCS73	GTGTGTGTGTGTGTGTT	45
		R: GCTGCCTAGTAATGTGTAAG		70	ISCS76	TCTCTCTCTCTCTCTCG	
22	ABRII/Cs28	F: AACCACTGAGGAAGGAC	54	71	ISCS77	ACACACACACACACT	44
		R: GGTAGAATACCTTATCGGTT		72	ISCS79	TGTGTGTGTGTGTGTA	
23	ABRII/Cs30	F: TCTCTCATGTTACAATCCTC	53	73	ISCS80	TGTGTGTGTGTGTGTC	51
		R: CTGTGTTGAAGGATATCTA		74	ISCS81	TGTGTGTGTGTGTGTC	
24	ABRII/Cs39	F: CTTTACGCTGTTATGATGGTC	53	75	ISCS87	AGAGAGAGAGAGAGAGYA	37
		R: TCCGGTATGTAACATATGTA					
25	ABRII/Cs42	F: ATTAACACCGGTCAGTGA	54				
		R: GAAGGTATCTCTTTCGTTT					
26	ABRII/Cs48	F: TCCCTAACTTGTACTGAGA	54				
		R: TCCGGTATGTAACATATGTA					
27	ABRII/Cs56	F: AGAAGAGAGAGACGAGAAAC	53				
		R: GTACATGAATCCAACATCTC					



شکل ۲- فراوانی تعداد کلاله‌های بیش از سه کلاله در نمونه‌های جمع‌آوری شده از مناطق مختلف استان خراسان جنوبی
 Figure 2- Frequency of flowers with more than three stigmas in samples collected from different regions of South Khorasan Province.

نوارهای تشکیل شده از یک تا ۵ نوار برای هر جفت آغازگر متفاوت بود (جدول ۳). بیشترین تعداد نوار تشکیل شده مربوط به آغازگرهای CSMIC59 و CSMIC62 با پنج نوار چندشکل بود (شکل ۳ و ۴).

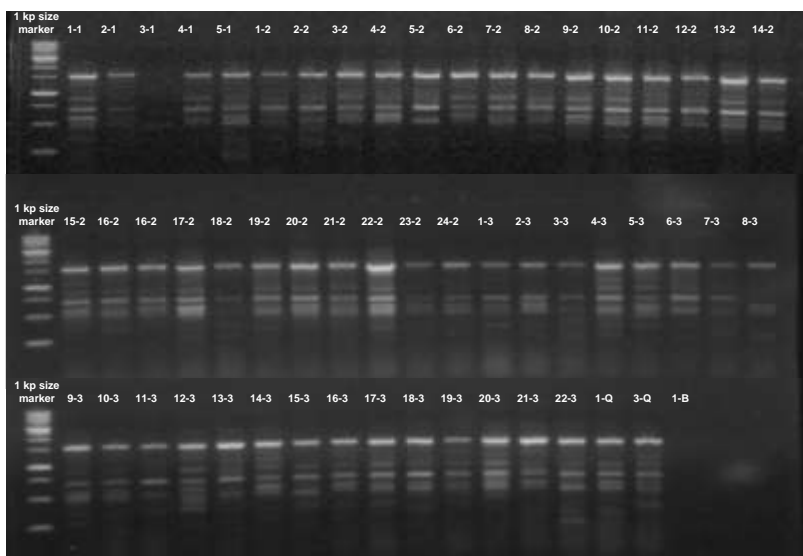
آزمون آغازگرهای SSR

از بین نشانگرهای SSR آزمون شده، ۱۰ جفت نشانگر چند شکلی را بین کلون‌ها نشان دادند (جدول ۳). اندازه تقریبی نوارهای تشکیل شده بین ۱۰۰ تا ۲۰۰۰ جفت باز بودند. تعداد

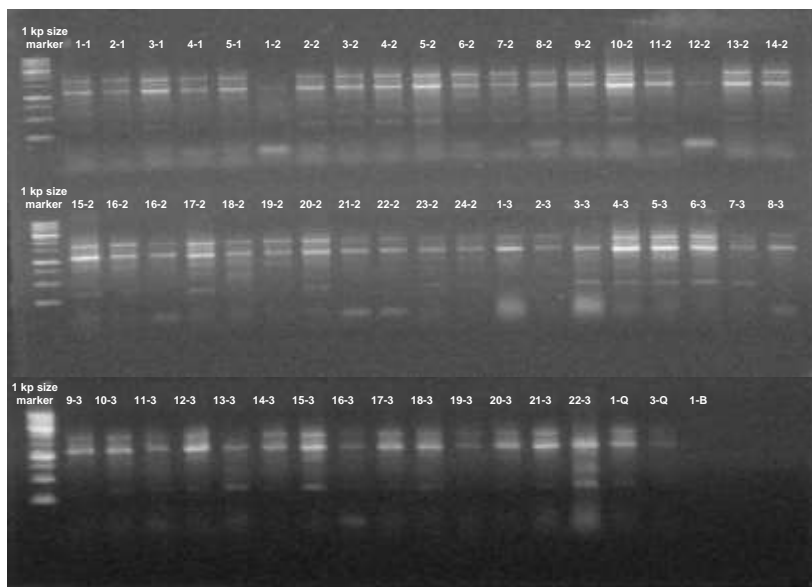
جدول ۳- آغازگرهای دارای نوارهای چندشکل و اندازه تقریبی نوارها

Table 3- Primers with polymorphic bands and their approximate sizes

نام نشانگر Marker name	کل نوارهای تشکیل شده Total bands	نوار چند شکل Polymorphic band	اندازه تقریبی نوارها Approximate size band (bp)
ABRIICs20	2	1	100-250
ABRIICs21	1	1	150
CSMIC25	2	1	90-110
CSMIC37	2	1	230
CSMIC44	1	1	200
CSMIC46	1	1	240
CSMIC50	3	3	250-1000
CSMIC53	3	2	200
CSMIC59	5	5	500-1500
CSMIC62	5	5	300-1700



شکل ۳- نوارهای تشکیل شده برای نشانگر CSMIC59 در ۵۴ کلون مختلف زعفران
Figure 3- Amplified bands for CSMIC59 markers in 54 different saffron clones.



شکل ۴- نوارهای تشکیل شده برای نشانگر CSMIC62 در ۵۴ کلون مختلف زعفران
Figure 4- Amplified bands for CSMIC62 markers in 54 different saffron clones.

ارتباط بین نشانگر و تعداد کلاله

نتایج تجزیه همبستگی براساس ضریب همبستگی اسپیرمن نشان داد که ارتباط معنی دار آماری بین هیچ کدام از آلل‌های نشانگر ریزماهواره و تعداد کلاله‌ها وجود نداشت. به عبارتی، بین چندشکلی مشاهده شده برای نشانگرها و تنوع در تعداد کلاله ارتباط معنی داری مشاهده نشد (جدول ۴).

استیلایی (Estilai, 1978) تنوع در تعداد کلاله بیش از سه کلاله را ناشی از نمو غیر نرمال گل‌آذین، تنوع کروموزومی یا جهش ژنی نادر فرض نمود. ولی برای بررسی جهش ژنی مطالعه ای انجام نشد. غفاری و باقری (Ghaffari & Bagheri, 2009) براساس مطالعات سیتوژنتیکی و مورفولوژیکی، چنین بیان کردند که این ویژگی ناپایدار بوده و از طریق ژنتیکی کنترل

نمی‌شود. آن‌ها با مطالعه نمو گل آذین و فرآیند گل‌دهی در زعفران نشان دادند که گل‌های با بیش از سه کلاله از طریق امتزاج دو گل یا بیشتر از یک بنه رخ می‌دهد. آن‌ها نشان داد که این صفت در اثر همجواری و ادغام جوانه‌های گل‌دهنده بر روی یک بنه صورت می‌گیرد که در سال‌های بعد برای همان گیاهان تکرارشدنی نیست و ارزش ژنتیکی ندارد (Ghaffari & Bagheri, 2009). مطالعه کروموزم‌ها در سلول‌های مریستمی انتهای ریشه بنه‌های دارای گل‌های نادر و تهیه کاربوتیپ آن‌ها نیز نشان داد که مجموعه کروموزمی آن‌ها مشابه گیاهان طبیعی و شامل ۲۴ بود که وقوع پلی‌پلوئیدی را در این نوع بنه‌ها منتفی می‌سازد.

مشاهده کلون‌های زعفران دارای گل‌های غیر نرمال (بیش از سه کلاله) در یک سال، منتج به تولید گل‌های غیر نرمال در سال‌های بعد نمی‌شود. علاوه بر این بر روی بنه‌هایی که دارای گل‌های غیر نرمال هستند گل‌های نرمال دارای سه کلاله وجود دارند. در این مطالعه نیز کلون‌های زعفران با گل‌های غیر نرمال در سال بعد گل‌های نرمال تولید کردند. نتایج این تحقیق نیز بر غیر ژنتیکی بودن تنوع در تعداد کلاله در گل‌های زعفران دلالت می‌نماید.

جدول ۴- ضریب همبستگی اسپیرمن بین تعداد کلاله و داده‌های ژنوتیپی حاصل از نشانگرهای SSR
Table 4- Spearman correlation coefficient between number of stigmas and genotypic data from SSR markers

آل	ضریب همبستگی	سطح معنی‌داری
Allele	r	P-Value
CSMIC25	0.057	0.680
CSMIC46	0.127	0.361
CSMIC37	-0.127	0.361
CSMIC44	0.127	0.361
ABRIICs20	-0.058	0.677
CSMIC59	-0.249	0.069
ABRIICs21	0.181	0.190
CSMIC53	-0.164	0.236
CSMIC62	0.256	0.062
CSMIC50	0.087	0.534

در سال‌های اخیر، مطالعات زیادی نشان داده‌اند که برخی از تغییرات اپی‌ژنتیکی می‌توانند به صورت پایدار و یا ناپایدار باعث تغییرات فنوتیپی در گیاهان شوند. در مزارع زعفران نیز تنوع فنوتیپی مکرراً مشاهده می‌شود، که چنین تنوع‌هایی همانند تعداد کلاله بیشتر از سه، معمولاً ناپایدار بوده و می‌تواند از یک فصل رشد به فصلی دیگر تغییر کند. با در نظر گرفتن اینکه بیان ژن می‌تواند تحت تأثیر تغییرات ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی قرار گیرد (Busconi et al., 2015)، تغییرات اپی‌ژنتیکی می‌تواند دلیل احتمالی فنوتیپ‌های متفاوت مشاهده شده در زعفران زراعی باشد.

اندازه ژنوم زعفران بیش از ۱۰ گیگابایت برآورد شده است (Brandizzi & Grilli Caiola, 1998). زعفران نیز همانند سایر ژنوم‌های بزرگ گیاهی حاوی توالی‌های تکراری DNA مانند رتروترانسپوزون‌ها و DNA ماهواره‌ای هستند. فرض می‌شود که تفاوت‌های اپی‌ژنتیکی که هنوز در زعفران یافت می‌شوند، علی‌رغم سال‌ها کشت و کار در بانک ژرم‌پلاس، ناشی از علائم اپی‌ژنتیکی پایدار دخیل در خاموشی و کنترل عناصر متحرک باشند، در حالی که نشانه‌های اپی‌ژنتیکی برگشت‌پذیر ممکن است تاکنون در نتیجه شرایط اقلیمی جدید تغییر کرده باشند (Busconi et al., 2015). براساس نتایج تجزیه MS-AFLP، تنوع ژنتیکی اندک (۴/۲۳ درصد) و تنوع اپی‌ژنتیکی بالایی (۳۳/۵۷ درصد) را در درون ژرم‌پلاس زعفران گزارش شد

در سال‌های اخیر، مطالعات زیادی نشان داده‌اند که برخی از تغییرات اپی‌ژنتیکی می‌توانند به صورت پایدار و یا ناپایدار باعث تغییرات فنوتیپی در گیاهان شوند. در مزارع زعفران نیز تنوع فنوتیپی مکرراً مشاهده می‌شود، که چنین تنوع‌هایی همانند تعداد کلاله بیشتر از سه، معمولاً ناپایدار بوده و می‌تواند از یک فصل رشد به فصلی دیگر تغییر کند. با در نظر گرفتن اینکه بیان ژن می‌تواند تحت تأثیر تغییرات ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی قرار گیرد (Busconi et al., 2015)، تغییرات اپی‌ژنتیکی می‌تواند دلیل احتمالی فنوتیپ‌های متفاوت مشاهده شده در زعفران زراعی باشد.

اندازه ژنوم زعفران بیش از ۱۰ گیگابایت برآورد شده است

پایدار بوده و به گیاهان جدید منتقل شوند. درحالیکه، برخی از تغییرات اپی ژنتیکی به محض استقرار می‌تواند در طی زمان پایدار مانده، اما برخی تغییرات دیگر ممکن است موقتی باشند. ناپایداری مشاهده شده در برخی فنوتیپ‌های متفاوت در زعفران می‌تواند با در نظر گرفتن اساس اپی ژنتیکی برگشت پذیر توجیه شود. مطالعات بعدی برای مقایسه تنوع اپی ژنتیکی که در یک نمونه در سال‌های مختلف رخ می‌دهند مورد نیاز است. تعیین کمی پروفایل تغییرات کروماتینی رهیافت آزمایشی مهمی برای مطالعه اپی ژنتیک و مکانیزم‌های نسخه برداری است. با روش‌های نوین توالی‌یابی، امکان تجزیه تطبیقی داده‌های RNA-Seq و ChIP-Seq^۱ برای تعیین اثرات تغییرات کروماتین بر بیان ژن غیر افزایشی در هیبریدها و آلوپلوئیدها را فراهم می‌نماید (Ng et al., 2014).

(Busconi et al., 2015). آن‌ها فرض کردند که نتایج خوب بدست آمده بوسیله گزینش کلونی زعفران توسط آقایف و همکاران (Agayev et al., 2009) نیز براساس علائم اپی-ژنتیکی پایدار منتقل شده به نتاج از طریق عناصر متحرک باشد. تنوع ژنتیکی در زعفران به احتمال زیاد نتیجه جهش‌های خودبه خودی است و تمام توده‌ها محتوی ژنتیکی مشابهی را دارند. این امر، فرصت‌های جدیدی را برای تحقیقات بنیادین فراهم می‌نماید و ممکن است زعفران گیاه زراعی انتخابی برای مطالعات اپی ژنتیکی باشد. تغییرات اپی ژنتیکی تنها راهی است که گیاه زعفران اتخاذ کرده تا به محیط‌های خیلی متفاوتی سازگار شود، که کشت آن در طول تاریخ گسترش یافته است. از آنجایی که زعفران زراعی عقیم بوده و تنها از طریق تشکیل میتوزی بنه‌ها تکثیر می‌یابند، وضعیت اپی ژنتیکی می‌تواند خیلی

منابع

- Abdullaev, F.I., and Espinosa-Aguirre, J.J. 2004. Biomedical properties of saffron and its potential use in cancer therapy and chemoprevention trials. *Cancer Detection and Prevention* 28 (6): 426-432.
- Agayev, Y., Fernandez, J.A., and Zarifi, E. 2009. Clonal selection of saffron (*Crocus sativus* L.): the first optimistic experimental results. *Euphytica* 169 (1): 81-99.
- Babaei, S., Talebi, M., Bahar, M., and Zeinali, H., 2014. Analysis of genetic diversity among saffron (*Crocus sativus*) accessions from different regions of Iran as revealed by SRAP markers. *Scientia Horticulturae* 171 (0): 27-31.
- Beiki, A.H., Keifi, F., and Mozafari, J. 2010. Genetic Differentiation of *Crucus* Species by Random Amplified Polymorphic DNA. *Genetic Engineering and Biotechnology Journal* 18: 1-10.
- Bhandari, P.R. 2015. *Crocus sativus* L. (saffron) for cancer chemoprevention: A mini review. *Journal of Traditional and Complementary Medicine* 5 (2): 81-87.
- Brandizzi, F., and Grilli Caiola, M. 1998. Flow cytometric analysis of nuclear DNA in *Crocus sativus* and allies (Iridaceae). *Plant Systematics and Evolution* 211 (3-4): 149-154.
- Busconi, M., Colli, L., Sánchez, R. A., Santaella, M., De-Los-Mozos Pascual, M., Santana, O., Roldán, M., and Fernández, J.A. 2015. AFLP and MS-AFLP analysis of the variation within saffron *Crocus sativus* L.) Germplasm. *PLoS ONE* 10 (4): e0123434.
- Doyle, J.J., and Doyle, J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19 : 11-15.

^۱ chromatin immunoprecipitation followed by high-throughput sequencing (ChIP-seq)

- Estilai, A. 1978. Variability in saffron (*Crocus sativus* L.). *Experientia* 34: 725.
- Fluch, S., Hohl, K., Stierschneider, M., Kopecky, D., and Kaar, B. 2010. *Crocus sativus* L.-Molecular Evidence on Its Clonal Origin. *Acta Horticulturae* 850: 41-46.
- Ghaffari, S.M., and Bagheri, A. 2009. Stigma variability in saffron (*Crocus sativus* L.). *African Journal of Biotechnology* 8 (4): 601-604.
- Grilli Caiola, M., Caputo, P., and Zanier, R. 2004. RAPD Analysis in *Crocus sativus* L. accessions and related *Crocus* species. *Biologia Plantarum* 48 (3): 375-380.
- Lim, T.K. 2014. *Crocus sativus*. Edible Medicinal and Non Medicinal Plants: Volume 8, Flowers. Springer Netherlands, Dordrecht, p. 77-136.
- Magesh, V., Singh, J., Selvendiran, K., Ekambaram, G., and Sakthisekaran, D. 2006. Antitumour activity of crocetin in accordance to tumor incidence, antioxidant status, drug metabolizing enzymes and histopathological studies. *Molecular and Cellular Biochemistry* 287 (1-2): 127-135.
- Mir, J.I., Ahmed, N., Khan, M.H., Mokhdomi, T.A., Wani, S.H., Bukhari, S., Amin, A., and Qadri, R.A. 2015. Molecular characterization of saffron-potential candidates for crop improvement. *Notulae Scientia Biologicae* 7 (1): 81-89.
- Nemati, Z., Zeinalabedini, M., Mardi, M., Pirseyediand, S., Marashi, S., and Nekoui, S. 2012. Isolation and characterization of a first set of polymorphic microsatellite markers in saffron, *Crocus sativus* (Iridaceae). *American Journal of Botany* 99: e340-e343.
- Nemati, Z., Mardi, M., Majidian, P., Zeinalabedini, M., Pirseyedi, S.M., and Bahadori, M. 2014. Saffron (*Crocus sativus* L.), a monomorphic or polymorphic species?. *Spanish Journal of Agricultural Research* 12 (3): 753-762.
- Ng, D. W.K., Shi, X., Nah, G., and Chen, Z.J. 2014. High-throughput RNA-Seq for allelic or Locus-specific expression analysis in Arabidopsis -related species, hybrids, and allotetraploids. In: Spillane, C., McKeown, P. C., Eds.), *Plant Epigenetics and Epigenomics: Methods and Protocols*, Vol. 1112. Springer New York. pp. 33-48.
- Rubio-Moraga, A., Castillo-López, R., Gómez-Gómez, L., and Ahrazem, O. 2009. Saffron is a monomorphic species as revealed by RAPD, ISSR and microsatellite analyses. *BMC Research Notes* 2 (1): 1-5.
- Samarghandian, S., and Borji, A., 2014. Anticarcinogenic effect of saffron (*Crocus sativus* L.) and its ingredients. *Pharmacognosy Research* 6 (2): 99-107.
- Sik, L., Candan, F., Soya, S., Karamenderes, C., Kesercioglu, T., and Tanyolc, B. 2008. Genetic variation among *Crocus sativus* L. species from western Turkey as revealed by RAPD and ISSR marker. *Journal of Applied Biological Science* 2 (2): 73-78.
- Siracusa, L., Gresta, F., Avola, G., Albertini, E., Raggi, L., Marconi, G., Lombardo, G. M., and Ruberto, G. 2013. Agronomic, chemical and genetic variability of saffron (*Crocus sativus* L.) of different origin by LC-UV-vis-DAD and AFLP analyses. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60 (2): 711-721.