ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۶
صفحه ۴۴۰ - ۴۳۱

بررسی تنوع کاریوتیپی در کلکسیون گونه *Aegilops triuncialis* L. در ایران

Karyotype diversity in Iranian collection of *Aegilops triuncialis*

مریم ساکی انتظامی*[۱]، محمد جعفرآقایی[۲]، محمد علی ابراهیمی[۳]

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، واحد تهران شرق
۲- دانشیار، موسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی
۳- دانشیار، دانشگاه پیام نور، تهران

Saki Entezami M*[1], Jafar Aghaei M[2], Ali Ebrahimi M[3]

1- MSc Student, Department of agricultural biotechnology, Payam-e-Noor university, Eastern Tehran branch
2- Associate Professor, Horticultural Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran
3- Associate Professor, Payam-e-Noor University, Tehran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: maryam.saki.entezami@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۱ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳۱)

چکیده

به‌منظور بررسی صفات کاریوتیپی و اندازه ژنوم گونه *Ae. triuncialis* جمع‌آوری شده از ایران، ۲۰۹ جمعیت از کلکسیون موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد مطالعه فلوسیتومتری و سیتوژنتیکی قرار گرفتند. جمعیت‌ها به روش فلوسیتومتری با استفاده از DAPI بررسی شدند. پیک فلوسیتومتری برای نمونه‌ها از ۴۲ تا ۹۵ با میانگین ۶۳/۷۴ و انحراف معیار ۱۱/۸۳ مشاهده شد. میانگین پیک نمونه شاهد گندم ۱۲۰/۶۷ با انحراف معیار ۵/۴۰ بود. نسبت محتوای DNA در نمونه‌های مورد بررسی به نمونه شاهد هگزاپلوئید بین ۰/۴۴ تا ۰/۵۷ با میانگین ۰/۵۳ بود. مطالعه کاریوتیپ نمونه‌ها، نشان داد که تمام نمونه‌های مورد بررسی تتراپلوئید و عدد پایه آن‌ها x=۷ بود. کروموزوم‌های گونه *Ae. triuncialis* شامل پنج تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک (sm) و چهار تا نه جفت کروموزوم متاسانتریک(m) بود. دو جفت ساتلیت در انتهای بازوهای کوتاه کروموزوم ۸ و ۱۲ مشاهده شد. میانگین طول بلندترین کروموزوم ۱۴/۸۷ و میانگین طول کوتاهترین کروموزوم ۱۲/۱۲ میکرومتر بود. نسبت طول بازوی بلند به کوتاه (AR) از ۱/۶۶ تا ۲/۰۳ و شاخص سانترومری (CI) از ۰/۳۵ تا ۰/۳۹ مشاهده شد. بنابراین این گونه در کلاس ۲A جدول استبینز قرار گرفت. حداکثر شاخص درصد شکل کلی، ۳۸/۷۶ و حداقل آن، ۳۴/۶۳ درصد مشاهده شد. در مجموع این خصوصیات بیانگر تقارن نسبی کروموزوم‌ها بوده و به‌نظر می‌رسد که این گونه در مرحله اولیه تکامل خود قرار دارد.

واژه‌های کلیدی

تنوع ژنتیکی
شاخص‌های سیتوژنتیکی
فلوسیتومتری
Aegilops triuncialis

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

مقدمه

گندم گسترده‌ترین محصول زراعی در جهان هم از نظر سطح زیر کشت و هم از نظر مصرف است. این گیاه غذای اصلی حدود ۲۵ درصد جمعیت دنیا را تشکیل می‌دهد (Rajaram 2000). متخصصین پیش‌بینی می‌کنند که تا سال ۲۰۲۰ میزان تقاضا برای گندم ٤٠ درصد افزایش پیدا کند. لذا افزایش سریع تولید گندم ضروری می‌باشد. افزایش تولید مستلزم استفاده از تنوع جدید و وسیع خویشاوندان وحشی گندم به‌ویژه در زمینه‌هایی که ارقام تجاری از تنوع زیادی برخوردار نیستند، می‌باشد. هم‌چنین مشخص شده‌است که گندم هگزاپلوئید نسبت به والد دیپلوئید وحشی خود از تنوع ناچیزی برای بسیاری از صفات مهم زراعی برخوردار است (Murphy et al.1997). به همین دلیل توجهات به استفاده از خویشاوندان وحشی گندم نان برای افزایش دامنه تنوع ژنتیکی در گندم نان و توسعه پایه ژنتیکی این گونه جلب شده‌است. گونه *Aegilops triuncialis*. L با نام رایج Barb goatgrass یک علف هرز یکساله زمستانه، متعلق به خانواده Poaceae است. این گونه یک آلوتتراپلوئید (۲n=٤x=۲۸) با فرمول ژنومی UUCC است که از تلاقی بین گونه‌های *Ae.umbellulata* (با فرمول ژنومی UU) و *Ae. caudata* (با فرمول ژنومی CC) به‌وجود آمده است (Wang et al. 1997). این ژنوم‌ها با ژنوم‌های گندم نان Triticum eastivum (AABBDD) همیولوگ بوده و قابلیت تلاقی با آن را دارا می‌باشند. در میان گونه‌های جنس Aegilops گونه *Ae.triuncialis* فراوان‌ترین گونه آژیلوپس ایران است که تقریبا در همه نواحی ایران یافت می‌شود (Tootiaei and Jaffaraghaei 2007). این گونه پلی‌پلوئید داری سازگاری به دامنه وسیعی از شرایط محیطی است (Van Slageren 1994). از این گونه ژن‌های مقاومت به آفت سیست غلات (Romero et al. 1998) و مگس گندم (Martín-Sánchez 2003)، ژن مقاومت به بیماری زنگ برگ (Aghaee-Sarbarzeh et al. 2007) و هم‌چنین ژن‌های مقاومت به تنش‌های محیطی شامل تنش شوری (Farooq et al. 1989; Gorham,1990; Xu et al. 1993; Farooq1994)، تنش سرما (Barashkova 1981; Limin and Fowler 1981; Barashkova and Vavilov. 1991) و تنش خشکی (Damania et al. 1992; Waines et al. 1993; Rekika et al. 1998) به گندم نان منتقل شده‌است. استفاده از روش‌های فلوسیتومتری به‌همراه مطالعه تکمیلی شمارش کروموزومی یک شیوه سریع و کارآمد برای تعیین وضعیت پلوئیدی و تغییرات کروموزومی در میان گونه‌های وحشی است (Bakhshi et al. 2008; Jaffaraghaei et al. 2012; Hoseini et al. 2013; Naghavi et al. 2013). با توجه به گسترش وسیع جغرافیایی و تنوع زیاد این گونه در ایران این مطالعه به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی برای صفات سیتوژنتیکی در میان جمعیت‌های *Ae. triuncialis* شمال غرب ایران انجام شده‌است.

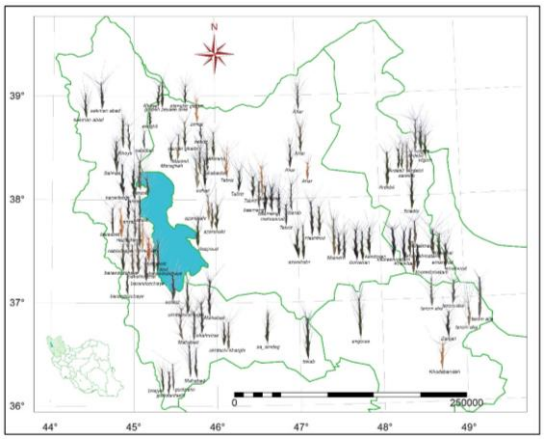
مواد و روش‌ها

به‌منظور تعیین سطوح پلوئیدی کلکسیون *Ae. triuncialis* موجود در بانک ژن گیاهی ملی ایران که از مناطق جغرافیایی مختلف در شمال غرب ایران جمع‌آوری شده بودند (شکل۱) و (جدول۱)، با استفاده از دستگاه فلوسیتومتری، نسبت محتوای DNA ۲۰۹ جمعیت از گونه *Ae. triuncialis* به‌همراه گیاه شاهد گندم زراعی هگزاپلوئید (*Triticum aestivum*) رقم پیشگام مورد مطالعه قرار گرفت. تعداد دو برگ جوان از نمونه و گندم شاهد به اندازه دو سانتی‌متر را بریده و مقدار ۱۵۰۰ میکرولیتر از بافر DAPI بر روی برگ‌ها ریخته شد و با استفاده از تیغ کاملا خرد شدند. سوسپانسیون حاصله، از فیلتر مخصوص دستگاه عبور داده شد و به‌وسیله دستگاه فلوسیتومتری مدل PARTEC PA تجزیه شدند. اندازه‌گیری محتوای DNA نمونه‌های مورد آزمایش با Gain=400 انجام شد (Bagwell et al. 1989). اندازه‌های مربوط به پیک هر نمونه در فایل اکسل وارد و برای مقایسه در هر مورد نسبت پیک نمونه آژیلوپس به پیک شاهد محاسبه و به‌عنوان مبنای مقایسه برای برآورد سطح پلوئیدی نمونه آژیلوپس به‌کار برده شد.

از میان نمونه‌های مورد بررسی شش جمعیت که براساس شاخص فلوسیتومتری، دارای بیش‌ترین و کم‌ترین پیک محتوای DNA بودند، از لحاظ ویژگی‌های کاریوتیپ میتوزی مورد بررسی قرار گرفتند. برای این منظور تعداد ده عدد بذر از هر جمعیت بعد از جدا کردن پوشینه‌ها و استریل، کشت و جوانه دار شدند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]



شکل ۱- نقشه پراکنش نمونه‌های گونه *Ae. triuncialis* مورد بررسی در شمال و شمال غرب ایران

جدول ۱- لیست محل جمع‌آوری و تعداد نمونه مورد بررسی از گونه *Ae. triuncialis* ایران

ردیف	محل جمع‌آوری		تعداد نمونه
	استان	شهر	
۱	اردبیل	اردبیل	۱۱
		خلخال	۱۰
۲	آذربایجان غربی	مهاباد	۱۶
		میاندوآب	۱۰
		ارومیه	٤۰
		سردشت	۸
		ناشناس	٦
		خوی - سلماس	۱٤
۳	آذربایجان شرقی	اهر	۸
		مراغه	٦
		مرند	۱۰
		میانه	۱۱
		تبریز	۲٤
		سراب - هشترود	۵
٤	زنجان	زنجان	۳۰

زمانی که ریشه‌های بذر به حدود ۰/۵ تا ۱/۵ سانتی‌متر رسیدند، از بذرها جدا شده و به مدت سه ساعت در محلول ۸- هیدروکسی کینولئین پیش تیمار شدند. در مرحله تثبیت ریشه‌ها در محلول استواورسئین ۰/۲ درصد به مدت یک هفته و در مرحله رنگ‌آمیزی در محلول استواورسئین ۲ درصد به مدت یک شب در یخچال ٤ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. به‌منظور هیدرولیز، ریشه‌ها در پنج میلی‌لیتر استیک اسید ٤۵ درصد حرارت داده شده و سپس بر روی لام اسکواش شدند (Mujeeb-Kazi and Miranda 1985). اسلایدها در زیر میکروسکوپ بررسی شدند. از هر جمعیت حداقل دو اسلاید و از هر اسلاید حداقل سه سلول متافازی مختلف تهیه و با استفاده از میکروسکوپ دوربین دار ZEISS با بزرگنمایی ۱۰۰۰ عکس تهیه شد. در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه ابتدا تعداد کروموزوم در هسته سلول شمارش شد و پارامترهای کاریوتیپی نظیر طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA)، نسبت بازوها (AR) و شاخص سانترومری (CI) که بیانگر نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم است، توسط نرم‌افزار Micro measure 3.3 برحسب میکرون اندازه‌گیری شدند و جفت کروموزوم‌های مشابه با توجه به صفات طول کروموزوم‌ها و نسبت بازوهای کروموزومی مشخص شدند و سپس از میانگین آن‌ها برای تجزیه ها و محاسبه شاخص‌ها استفاده شد. به‌منظور شناسایی تنوع در تقارن درون کروموزومی، پارامترهای شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2)، اختلاف طول نسبی بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین کروموزوم (DRL)، مقدار نسبی کروماتین (VRC)، درصد شکل کلی (%TF)، شاخص پراکنش کروموزومی (DI) محاسبه شدند (جدول۲) و ایدیوگرام نمونه‌ها بر مبنای میانگین طول بازوی بلند و میانگین طول بازوی کوتاه مربوط به هر گونه با نرم‌افزار Excel رسم شد. برای تعیین نوع کروموزوم‌ها نیز از روش Levan et al. (1964) و برای تعیین وضعیت تکاملی و مطالعه تقارن کاریوتیپی جمعیت‌ها از جدول دو طرفه استبینز استفاده شد (Stebbins 1971).

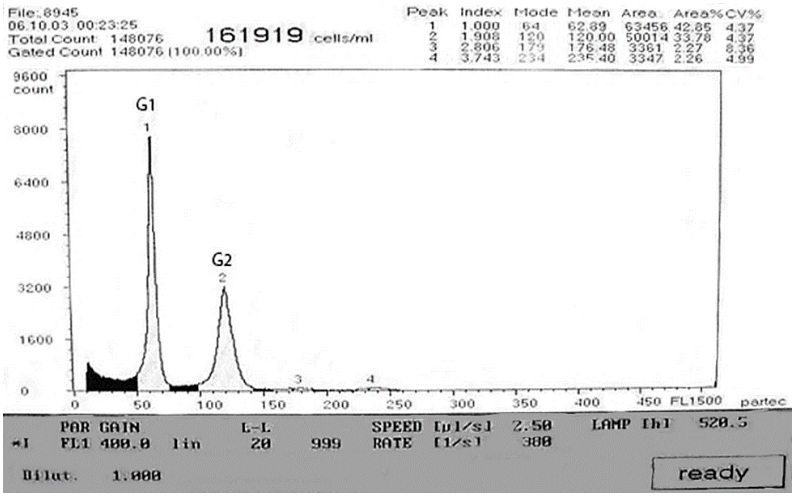
نتایج و بحث

پیک فلوسیتومتری نمونه‌های آژیلوپس مورد بررسی بین ٤۲ تا ۹۵ با میانگین ٦۳/۷٤ و انحراف معیار ۱۱/۸۳ بود. میانگین پیک فلوسیتومتری برای شاهد گندم هگزاپلوئید ۱۲۰/٦۷ با انحراف معیار ۵/٤۰ به‌دست آمد. نسبت محتوای DNA در نمونه‌های آژیلوپس مورد بررسی به نمونه شاهد هگزاپلوئید بین ۰/٤٤ تا ۰/۵۷ با میانگین ۰/۵۳بود (شکل۲).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

جدول ۲- پارامترهای محاسبه شده برای کاریوتیپ‌های مورد مطالعه

پارامتر	علامت	فرمول	نحوه اندازه‌گیری
طول کل کروموزوم[1]	TL	$TL=LA_i+SA_i$	مجموع طول بازوی بلند و کوتاه
نسبت بازوها[2]	AR	$AR=LA_i/SA_i$	نسبت بازوی بلند به کوتاه
شاخص سانترومری[3]	CI	$CI=SA_i/TL_i$	نسبت طول بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم
درصد شکل کلی[4]	%TF	$\%TF=\sum_{i=1}^{n} SA/\sum_{i=1}^{n} TL\times 100$	نسبت مجموع طول کل بازوهای کوچک به مجموع طول کل کروموزوم‌ها ضرب درصد (Huziwara 1962).
اختلاف دامنه طول نسبی[5]	DRL	$DRL=\%RL_{Max}-\%RL_{Min}$	اختلاف بیش‌ترین درصد طول نسبی کروموزوم از کم‌ترین درصد طول نسبی کروموزوم (Soloki 2007).
شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی[6]	A_1	$A_1= 1-\frac{\sum_{i=1}^{n}\frac{S_i}{L_i}}{n}$	n تعداد جفت کروموزوم‌های همولوگ، S_i طول بازوهای کوتاه در هر جفت کروموزومی همولوگ و L_i طول بازوهای بلند در هر جفت کروموزومی همولوگ (Romero-Zarco 1986).
شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی[7]	A_2	$A_2=\frac{\overline{Sd}}{\overline{x}}$	Sd انحراف استاندارد طول کروموزوم‌ها برای هر گونه به میانگین طول کروموزوم‌ها (Romero-Zarco 1986).
شاخص پراکنش کروموزومی	DI	$DI= CV\times CG$	ضریب تنوع CV ضربدر گرادیانت سانترومری CG
مقدار نسبی کروماتین[8]	VRC	$VRC=\sum_{i=1}^{n} TL/n$	میانگین طول کل کروموزوم‌های یک کاریوتیپ (Soloki 2007).



شکل۲- منحنی پیک فلوسیتومتری یکی از نمونه‌های گونه *Ae. triuncialis* ۱- پیک G_1 نمونه *Ae. triuncialis* مورد بررسی، ۲- پیک G_2 نمونه شاهد گندم هگزاپلوئید *Triticum aestivum*. محور افقی: محتوای DNA در هر سلول. محور عمودی: تعداد سلول شمارش شده

[1] Total lengh
[2] ioArm rat
[3] Centromer index
[4] Total form percentage
[5] Difference of range relative lenght
[6] Intrachromosomal asymmetry index
[7] Interchromosomal asymmetry index
[8] Value of relative Chromatine

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

جدول۳- حداقل، حداکثر و میانگین شاخص محتوای DNA در گونه *Ae. triuncialis*

محل جمع‌آوری	تعداد نمونه	دامنه پیک	حداقل پیک	میانگین پیک	حداکثر پیک	انحراف معیار	حداقل نسبت*	میانگین نسبت *	حداکثر نسبت*
اردبیل	۲۱	۲۹	۴۷	۶۱/۵۲	۷۶	۷/۹۲	۰/۵۱	۰/۵۳	۰/۵۶
آذربایجان غربی	۹۴	٤٥	۴۴	۶۳/۱۸	۸۹	۱۱/۲۲	۰/۴۶	۰/۵۳	۰/۵۷
آذربایجان شرقی	۶۴	۵۲	۴۳	۶۵/۰۲	۹۵	۱۳/۳۳	۰/۴۴	۰/۵۳	۰/۵۵
زنجان	۳۰	۵۱	۴۲	۶۴/۳۳	۹۳	۱۲/۷۱	۰/۵۱	۰/۵۳	۰/۵۵
کل	۲۰۹	۵۳	۴۲	٦۳/۷٤	۹۵	۱۱/۸۳	۰/٤٤	۰/۵۳	۰/۵۷

*: نسبت پیک نمونه آژیلوپس به پیک شاهد گندم هگزاپلوئید

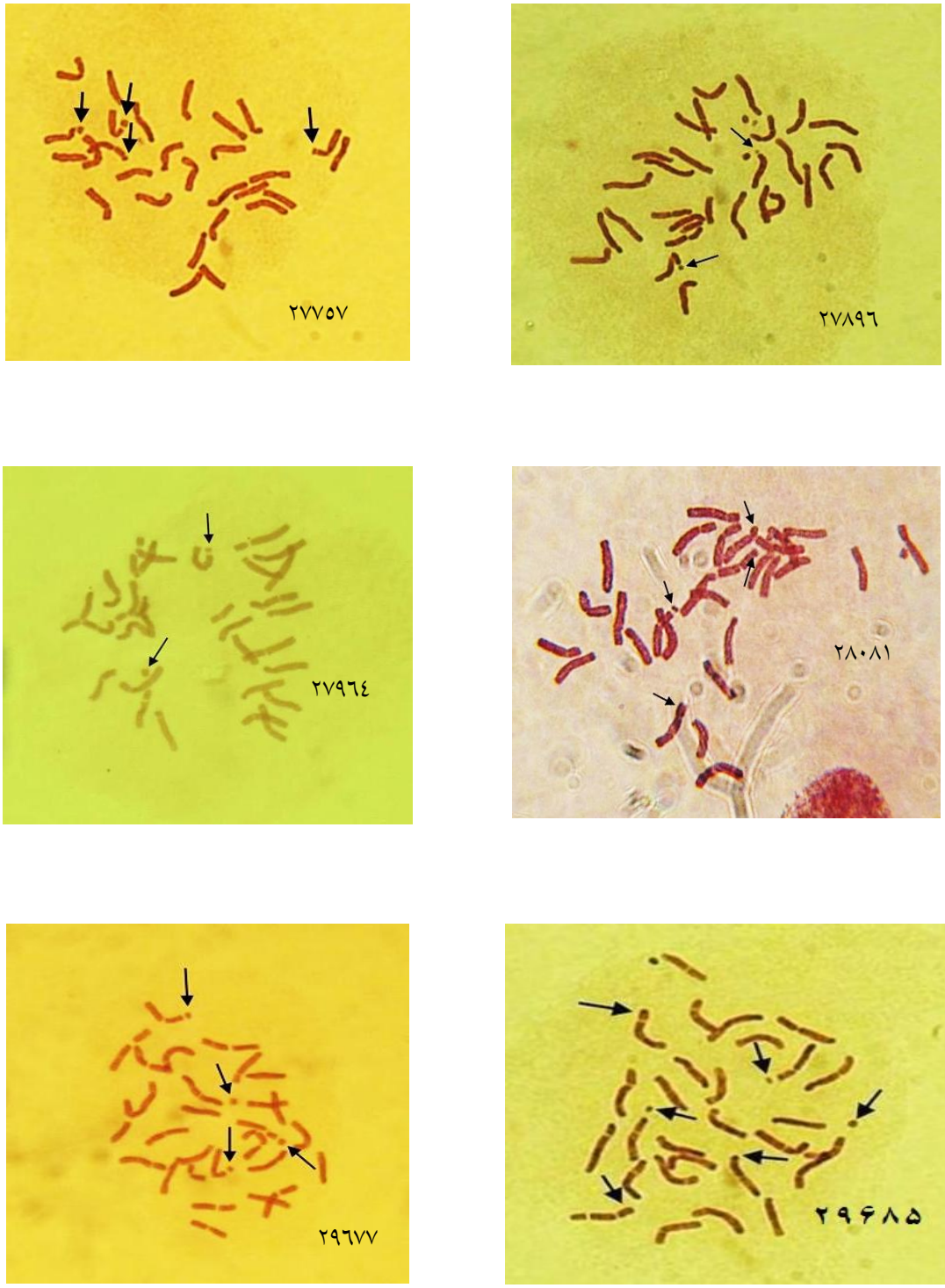
جدول٤ – مشخصات کاریوتایپی برای جمعیت‌های مورد بررسی از گونه *Ae. triuncialis*

محل جمع‌آوری	شماره کلکسیون	سطح پلوئیدی و تعداد کروموزوم	تعداد ساتلیت	فرمول کاریوتیپی (Levan et al. 1964)	دسته‌بندی استبینز (Stebbins 1971)
اردبیل (خلخال)	KC۲۹٦۷۷	۲n=٤x=۲۸	۲	۹m+٥sm	۲A
آذربایجان غربی(ارومیه)	KC۲۷۷٥۷	۲n=٤x=۲۸	۲	٦m+۸sm	۲A
آذربایجان غربی(مهاباد)	KC ۲۷۹٦٤	۲n=٤x=۲۸	۲	٥m+۹sm	۳A
آذربایجان شرقی(تبریز)	KC ۲۸۰۸۱	۲n=٤x=۲۸	۲	۷m+۷ sm	۲A
زنجان(زنجان)	KC۲۹٦۸٥	۲n=٤x=۲۸	۳	۹m+٥sm	۲A
زنجان(زنجان)	KC۲۷۸۹٦	۲n=٤x=۲۸	۳	٤m+۱۰sm	۲A

به این ترتیب سطح پلوئیدی نمونه‌های آژیلوپس مورد بررسی تتراپلوئید برآورد شد. در یک مطالعه دیگر بر روی سی و شش نمونه از این گونه، پیک فلوسیتومتری بین دامنه‌های ۸۵ تا ۱۳٦ با میانگین ۱۰۳ مشاهده شد، که آن‌ها نیز نمونه‌های مورد بررسی را تتراپلوئید برآورد کرده بودند (Jaffaraghaei et al. 2013). نتایج فلوسیتومتری نمونه‌های مورد بررسی نشان داد که کم‌ترین دامنه پیک نمونه‌ها مربوط به استان اردبیل برابر با ۲۹ و بیش‌ترین دامنه مربوط به استان آذربایجان شرقی برابر با ۵۲ بود. بیش‌ترین و کم‌ترین میانگین پیک نمونه به‌ترتیب مربوط به استان‌های آذربایجان شرقی با ٦۵/۰۲ و استان اردبیل ٦۱/۵۲ و هم‌چنین بیش‌ترین و کم‌ترین انحراف معیار به‌ترتیب مربوط به استان‌های آذربایجان شرقی ۱۳/۳۳و استان اردبیل ۷/۹۲ بود. میانگین پیک نمونه‌های آژیلوپس به نمونه شاهد در همه جمعیت‌ها ۰/۵۳ بود (جدول۳).

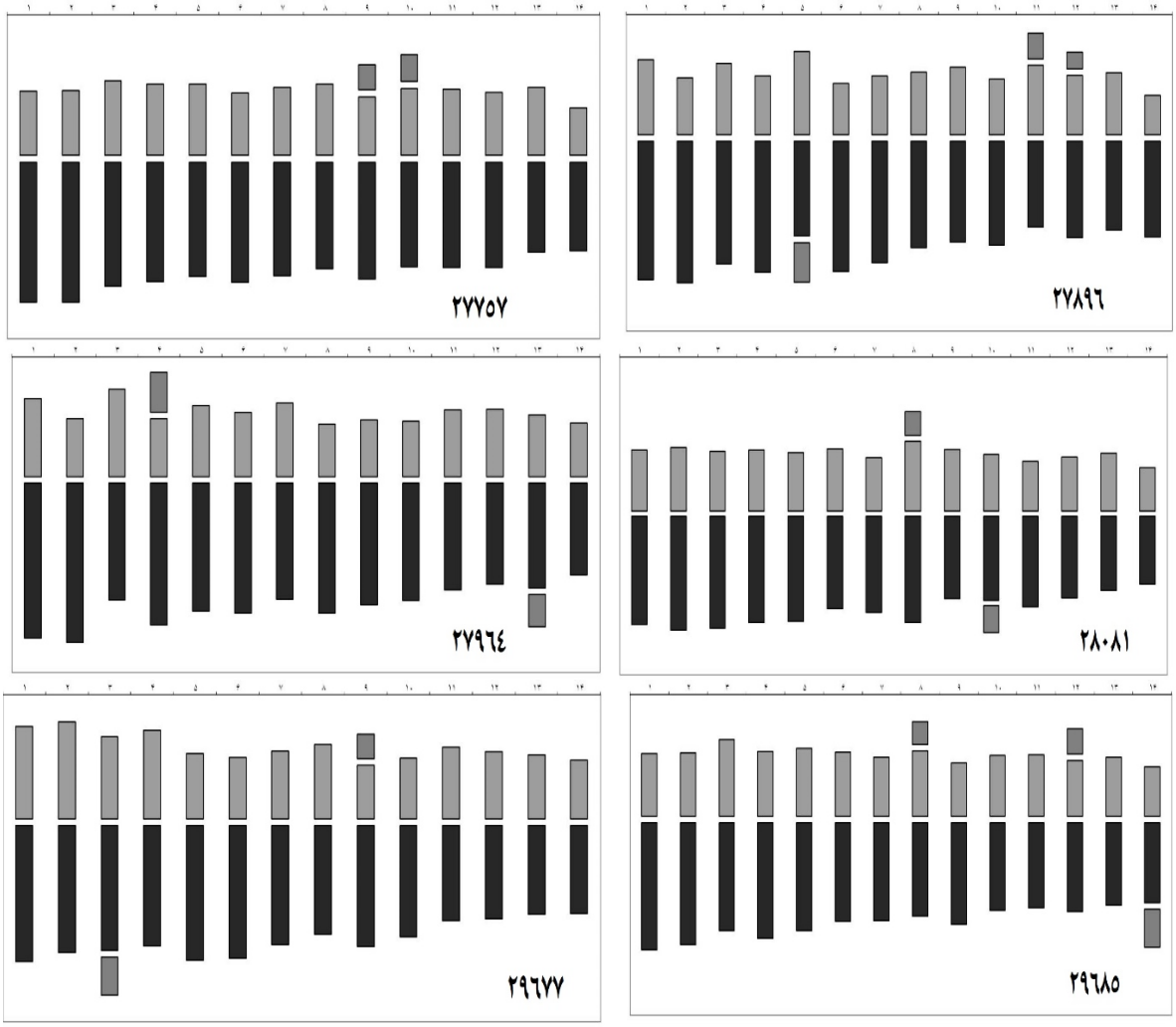
به‌منظور بررسی دقیق‌تر و تائید نتایج فلوسیتومتری با توجه به حدود پیک فلوسیتومتری شش جمعیت که دارای حداکثر و حداقل محتوای DNA بودند (بیش‌ترین دامنه اختلاف) جهت مطالعه کاریوتیپی انتخاب شدند. از هر جمعیت حداقل دو اسلاید و در هر اسلاید حداقل سه سلول با صفحه متافازی مناسب بررسی شد. همه جمعیت‌ها دارای تعداد کروموزوم ۲n=۲۸ بودند. تعداد ساتلیت‌ها از ۲ تا ۳ جفت و طول ساتلیت‌ها از ۱/۷۰ تا ۳/۱۵ میکرون متفاوت بود. کروموزوم‌های گونه *Ae. triuncialis* براساس تقسیم‌بندی Levan et al. (1964) شامل ۵ تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک (sm) و ٤ تا ۹ جفت کروموزوم متاسانتریک (m) بود. تعداد ٦ جمعیت در کلاس ۲A و ۱ جمعیت در کلاس ۳A قرار گرفتند (جدول٤). تنوع کروموزومی در جمعیت‌های مختلف یک گونه می‌تواند در نتیجه تغییرات ساختاری از قبیل حذف و وارونگی ایجاد شود (vijayavalli and Mathew 1990). در یک مطالعه Al-Mashhadani et al.(1980) در گونه *Ae. triuncialis* دو جفت کروموزوم ساتلیت‌دار، چهار جفت متاسانتریک، سه جفت ساب متاسانتریک و پنج جفت ساب تلوسانتریک مشاهده کردند. در یک مطالعه دیگر در بررسی شش نمونه از این گونه، بین ٤ تا ۱۳ جفت کروموزوم متاسانتریک و ۱ تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک مشاهده و نمونه‌های مطالعه شده در کلاس‌های ۱A تا ۱B استبینز گروه‌بندی شدند (Karimzadeh et al. 2010).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]



شکل ۳- سلول متافازی جمعیت‌های مختلف گونه *Ae. triuncialis*. محل ساتلیت‌ها با فلش مشخص شده‌است.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]



شکل ٤ - آیدیوگرام جمعیت‌های مختلف گونه *Ae. triuncialis*

جدول۵- میانگین ویژگی‌های مورفولوژیکی کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده ازگونه *Ae. triuncialis*

شماره	نوع کروموزوم	TL	L	S	AR	CI
۱	sm	۱٦/۹۳	۱۰/۹۹	۵/۹۵	۱/۹۹	۰/۳۵
۲	sm	۱٦/۱٦	۱۰/۷۷	۵/۳۹	۲/۱۵	۰/۳٤
۳	sm	۱۵/۵٤	۹/٦۱	۵/۹٤	۱/۷۵	۰/۳۸
٤	sm	۱۵/۲۷	۹/۸۱	۵/٤٦	۱/۹٦	۰/۳٦
۵	sm	۱٤/۷۵	۹/۱۲	۵/٦۳	۱/۷۳	۰/۳۸
٦	sm	۱٤/۲۸	۹/۲۵	۵/۰۳	۱/۹۵	۰/۳۵
۷	sm	۱۳/۹٦	۸/۸۱	۵/۱۵	۱/۷۹	۰/۳۷
۸	sm	۱۳/٦۹	۸/۸۰	٤/۸۹	۱/۹۳	۰/۳٦
۹	sm	۱۳/۲۹	۸/٦۸	٤/٦۱	۲/۰۳	۰/۳۵
۱۰	sm	۱۲/۹۱	۸/۱۵	٤/۷۷	۱/۸۰	۰/۳۷
۱۱	m	۱۲/۷٦	۷/۵٤	۵/۲۲	۱/۵۹	۰/٤۱
۱۲	m	۱۲/٤٤	۷/۵۳	٤/۹۱	۱/٦۲	۰/۳۹
۱۳	m	۱۲	۷/۰۸	٤/۹۳	۱/٤۸	۰/٤۱
۱٤	sm	۱۰/۷۹	٦/۸۰	۳/۹۹	۱/۸۰	۰/۳۷

CI: شاخص سانترومری، AR: نسبت طول بازوها، S: طول بازوی کوتاه،
L: طول بازوی بلند، TL: طول کل کروموزوم

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

جدول ٦ – میانگین شاخص‌های کاریوتیپی برای هر کدام از جمعیت‌های مورد بررسی ازگونه *Ae. triuncialis*

شماره کلکسیون	DRL	VRC	L	S	AR	TL	CI	TF%	CV	DI	A_1	A_2
KC٢٩٦٧٧	٤٣/٧٩	١/٠٢	٨/٧٢	٥/٥٢	١/٧١	١٤/٢٤	٠/٣٩	٣٨/٧٦	١٥	٢٣/٧٠	٠/٣٦	٠/١٥
KC٢٧٧٥٧	٣٨/٦٤	٠/٨٧	٧/٦٩	٤/٤٢	١/٨٢	١٢/١٢	٠/٣٨	٣٦/٥١	١٣/٦٥	٢٣/٧٣	٠/٤٢	٠/١٤
KC٢٧٩٦٤	٤٦/٧١	١/٠٦	٩/٧٢	٥/١٥	٢/٠٣	١٤/٨٧	٠/٣٥	٣٤/٦٣	١٤/٧٨	٢٧/٨٩	٠/٤٦	٠/١٥
KC٢٨٠٨١	٤٣/٢٦	١/٠٣	٨/٩١	٥/٤٧	١/٧٥	١٤/٣٩	٠/٣٨	٣٨/٠٥	١٩/٨١	٣٢/٢٤	٠/٣٨	٠/٢٠
KC٢٩٦٨٥	٣٧/٣٨	٠/٩٠	٧/٧٥	٤/٨٣	١/٦٦	١٢/٥٩	٠/٣٩	٣٨/٣٩	١٥/٥٢	٢٤/٩٠	٠/٣٧	٠/١٦
KC٢٧٨٩٦	٤٥/٣٣	٠/٩٨	٨/٧٨	٤/٩٥	١/٩٣	١٣/٧٢	٠/٣٦	٣٦/٠٨	٢٣/٥٠	٤١/٦٢	٠/٤٢	٠/٢٣

DRL= اختلاف طول نسبی کروموزوم، VRC= مقدار نسبی کروماتین، CG= گرادیانت سانترومری، Long arm= طول بازوی بلند، Short arm= طول بازوی کوتاه، Arm Ratio (L/S)= نسبت بازوها، ((Cent. Index (S/(L+S)= شاخص سانترومری، Length each= طول کل کروموزوم، TF% = درصد شکل کلی، CV= ضریب تغییرات طولی کروموزوم، DI = شاخص پراکنش کروموزومی، A_1= شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، A_2= شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی

در مطالعه‌ای بر روی ۱۵ جمعیت از آجیلوپس‌های مناطق غرب ایران، جمعیت‌های گونه‌های *Ae. triuncialis* و *Ae. cylindrica* براساس روش دسته‌بندی دو جفت ساتلیت در انتهای بازوهای کوتاه کروموزوم شماره ۸ (۲/۰۹ میکرون) و کروموزوم شماره ۱۲ (۱/۷۰ میکرون) مشاهده شد. کاریوتیپ و ایدیوگرام کروموزوم‌های سلول‌های سوماتیکی نوک ریشه جمعیت‌های مختلف گونه *Ae. triuncialis* در (شکل‌های ۳ و ٤) آورده شده‌است. Jaffaraghaei et al. (2013) با مطالعه بر روی ۳٦ جمعیت از گونه *Ae. triuncialis*، سیزده جفت کروموزوم ساب متاسانتریک و یک جفت کروموزوم ساب تلوسانتریک مشاهده کردند. شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۰٦ و ضریب تغییرات طول کروموزوم ها ۰/۱۳ برآورد شد. دو جفت ساتلیت بر روی بازوهای کوتاه کروموزوم‌های ۱۳و ۱٤ مشاهده شد. شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به‌میزان ۰/٤٦ برای تقارن کروموزومی در جایگاه 2A جدول استبینز قرار گرفت که بیانگر نامتقارن بودن کروموزوم است. ضریب تنوع برابر ۰/٥٤، گرادیانت سانترومری برابر ۰/۷۸ و شاخص پراکنش کروموزومی برابر با ۰/٤۲ مشاهده شد که نشان دهنده نامتقارن بودن کاریوتیپ بود.

بررسی کاریوتایپ‌ها نشان داد میانگین حداکثر و حداقل طول کل کروموزوم در این گونه به‌ترتیب ۱٦/۹۳ و ۱۰/۷۹ میکرومتر، میانگین حداکثر و حداقل نسبت بازوها به‌ترتیب برابر با ۲/۱۵ و ۱/٤۸، میانگین حداکثر و حداقل طول بازوی کوتاه ۵/۹۵ و ۳/۹۹ میکرومتر، میانگین حداکثر و حداقل طول بازوی بلند ۱۰/۹۹ و ٦/۸۰ میکرومتر، و میانگین حداکثر و حداقل شاخص سانترومری ۰/٤۱ و ۰/۳٤ میکرومتر می‌باشد (جدول۵).

از بین جمعیت‌های مورد مطالعه، در نمونه شماره ۲۷۹٦٤ بیش‌ترین اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL)، بیش‌ترین مقدار نسبی کروماتین (VRC)، حداکثر طول بازوی بلند (L)، حداکثر نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه (AR)، بلندترین کروموزوم، حداقل شاخص سانترومری (CI) و حداکثر شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1) مشاهده شد. در نمونه شماره ۲۷۷۵۷ کم‌ترین مقدار نسبی کروماتین (VRC)، حداقل طول بازوی بلند (L) و حداقل طول بازوی کوتاه (S)، کوتاه‌ترین کروموزوم، حداقل شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2) مشاهده شد. در نمونه شماره ۲۹٦۸۵ حداقل اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL)، حداقل نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه (AR) و حداکثر شاخص سانترومری (CI) مشاهده شد. در نمونه شماره ۲۷۸۹٦ حداکثر شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2) مشاهده شد. همچنین حداکثر طول بازوی کوتاه (S)، حداقل شاخص بودن نامتقارن درون کروموزومی (A_1) و حداکثر شاخص سانترومری (CI) در نمونه شماره ۲۹٦۷۷ نیز دیده شد. حداکثر درصد شکل کلی (TF%)، در جمعیت شماره ۲۹٦۷۷، برابر ۳۸/۷٦ و حداقل آن در جمعیت شماره ۲۷۹٦٤، برابر با ۳٤/٦۳ مشاهده شد و این نشان می‌دهد که کروموزوم‌های جمعیت ۲۹٦۷۷ سانترومر میانی یا نسبت میانی بیشتری از سایر جمعیت‌ها دارد. به‌عبارت دیگر کاریوتیپ این جمعیت تقارن بیش‌تری داشته و یک گونه ابتدایی و تکامل نیافته از نظر کاریوتیپی شناخته می شود. بیش‌ترین ضریب تغییرات (CV) در جمعیت شماره

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

۲۷۸۹۶ مشاهده شد (۲۳/۵۰ درصد) که نشان‌دهنده تغییرات بیش‌تر در کروموزوم های این جمعیت می‌باشد و کم‌ترین ضریب تنوع (CV) در جمعیت شماره ۲۷۷۵۷ مشاهده شد (۱۳/٦۵ درصد) که نشان‌دهنده یکنواختی بیش‌تر طول کروموزوم های این جمعیت است. حداکثر شاخص پراکنش کروموزومی (DI) در جمعیت شماره ۲۷۸۹٦، ٤۱/٦۲ بود که نشان‌دهنده تقارن کاریوتیپی بیش‌تر در این جمعیت است. هم‌چنین حداقل (DI) در جمعیت شماره ۲۹٦۷۷، ۲۳/۷۰ مشاهده شد که بیانگر تقارن کاریوتیپی کمتر در این جمعیت می‌باشد. این شاخص تقارن از سایر شاخص‌ها معتبرتر است زیرا در محاسبه آن هر سه معیار مهم کاریوتیپی یعنی تغییرات طولی کروموزوم‌ها، موقعیت سانترومر و اندازه نسبی کروموزوم‌ها منظور می‌شود (جدول٦). در مطالعه ای بر روی ۱۳ جمعیت از گونه *Ae. triuncialis*، حداکثر درصد شکل کلی (TF%) برای جمعیت ٤۰، ۳۳/٦۷ درصد و حداقل آن در جمعیت شماره ٤۲، ۲۵/۳۷ درصد مشاهده شد. همین‌طور بیش‌ترین ضریب تغییرات (CV) در جمعیت ۱۱۰ (۱۷/۱۸درصد) و کم‌ترین ارزش (CV) مربوط به جمعیت شماره ٤۰ (۷/۰۷درصد) مشاهده شد. همچنین شاخص پراکندگی (DI) در جمعیت شماره ٤۰ حداکثر (٤/۷٦) و حداقل مقدار (DI) مربوط به جمعیت شماره ۱۱۰، (۱/٦۹) بود (Ahmadabadi et al. 2005).

نتیجه گیری کلی

گونه *Aegilops triuncialis*. L یک گونه تتراپلوئید با ۲۸ کروموزوم است (۲n=٤x=۲۸). کروموزوم‌های این گونه براساس تقسیم‌بندی Levan et al. (1964) شامل ۵ تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک (sm) و ٤ تا ۹ جفت کروموزوم متاسانتریک (m) و دو تا سه جفت ساتلایت است. بررسی‌های کاریوتیپی، نتایج حاصل از مطالعه فلوسیتومتری را تائید کرد. تنوع قابل توجهی برای خصوصیات فلوسیتومتری و خصوصیات سیتوژنتیکی در میان نمونه‌های مورد بررسی وجود داشت. از لحاظ خصوصیات فلوسیتومتری نمونه‌های استان آذربایجان شرقی از تنوع بیش‌تر و نمونه‌های استان اردبیل از تنوع کمتری برخوردار بودند. بیش‌ترین دامنه، میانگین و انحراف معیار پیک فلوسیتومتری در نمونه‌های جمع‌آوری شده از استان آذربایجان شرقی و کم‌ترین آن در نمونه‌های استان اردبیل مشاهده شد. نمونه‌های جمع‌آوری شده از استان آذربایجان غربی بیش‌ترین تنوع را برای خصوصیات کاریوتایپی نشان می‌دادند. بطوریکه بیش‌ترین و کم‌ترین تنوع از لحاظ طول کل کروموزوم‌ها و هم‌چنین شاخص‌های مربوط به کاریوتایپ نمونه‌های مورد بررسی در میان نمونه‌های این استان و به‌ترتیب در نمونه‌های جمع‌آوری شده از مهاباد و ارومیه مشاهده شد. با توجه به اینکه جمعیت‌های مورد مطالعه از لحاظ خصوصیات کاریوتایپی براساس روش دسته‌بندی استبینز عموما در کلاس‌های 3A (نمونه‌های آذربایجان غربی) و 2A (سایر نمونه‌های مورد بررسی) قرار می‌گرفتند که بیانگر تقارن بالا در کاریوتایپ این گونه است، به‌نظر می‌رسد گونه *Ae. triuncialis* یک گونه جدید با سابقه تکامل کم است.

سپاسگزاری

نگارندگان وظیفه خود می‌دانند از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و بانک ژن گیاهی ملی ایران که امکانات اجرایی جهت انجام این مطالعه را فراهم نمودند سپاسگزاری نمایند.

منابع

Aghaee-Sarbarzeh M, Ferrahi M, Singh S Singh H, Friebe B, Gill BS, Dhaliwal HS (2007) PhI-induced transfer of leaf and stripe rust-resistance genes from Aegilops triuncialis and Ae. geniculata to bread wheat. Euphytica 127: 377-382.

Ahmadabadi M, Ahmadian Tehrani P, Omidi M, and Davodi D (2005) Study of intra-specific Karyotype variation in Aegilops triuncialis at North West of Iran. Iranian Journal of Agricultural Sciences 36:969-977.

Al-Mashhadani AN, Al-Shehbaz IA & Soliman AS (1980) Karyotype analysis for five tetraploid Aegilops species native to Iraq. Caryologia 33: 495-502.

Bagwell CB, Baker D, Whetstone S, Munson M, Hitchcox S, Ault K A and Lovett E J (1989) A simple and rapid method for determining the linearity of a flow cytometer amplification system, Cytometry 10: 689-694.

Bakhshi B, Jaffaraghaei M, Bihamta MR, Darvish F, Zarifi E (2008) Ploidy evaluation in some accessions of Aegilops

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]

cylindrical by Flow Cytometry method. New Genetics J. Special issue for 10th Iranian Genetics congress. (In farssi)
Barashkova EA (1981) Role of the D genome in increasing the frost resistance of winter wheat. Referativnyi Zhurnal 2: 65-124.
Barashkova EA and Vavilov N (1991) Physiological-genetic aspects of frost resistance in winter wheat. Relationship of frost hardiness with genome composition in wheat. In: Proc. International Symposium: Wheat Breeding - Prospects and Future Approaches. Institute for Wheat and Sunflower. Albena, Bulgaria pp. 379-384.
Damania AB, Altunji H. and Dhaliwal HS (1992) Evaluation of Aegilops spp. for drought and frost tolerance. Genetic Resources Unit Annual Report. ICARDA pp. 45-46.
Farooq S. (1994) Wild species germplasm: A vital source for creation of genetic variability. IPGRI WANA Newsletter 4: 1-2.
Farooq S, Niazi MLK, Iqbal N and Shah TM (1989) Salt tolerance potential of wild resources of the tribe Triticeae. II. Screening of species of genus Aegilops. Plant and Soil 119: 255-260.
Gorham J (1990) Salt tolerance in the Triticeae: K/Na discrimination in Aegilops species. Journal of Experimental Botany 41: 615-621.
Hosseini F, Jaffaraghaei M, Khosro shahli M, Vaezi S, Mohamady B (2013) Evaluation of DNA content in some accessions of Aegilops umbellulata. New Genetics Journal Special issue for 10th Iranian Genetics congress. (In farssi)
Huziwara Y (1962). Karyotype analysis in some genera of compositae, VIII Further studies on the chromosome of Aster. American Journal of Botany 49: 116-119.
Jaffaraghaei M, Jaffaraghaei M, Zolali J, Bokaei AS (2012) Evaluation of DNA content and karotipic traits of Iranian Triticum monococcum morphotypes. New Genetics Journal 7: 288-294. (In Farsi).
Jaffaraghaei M, Vaezi S, Ebrahimi MA, Tavakoli M (2013) Evaluation of karyotipic traits in some species form Iranian Aegilops Collection. Iranian Crop science Journal 44: 441-453. (In Farsi).
Karimzadeh GH, Ashkani S, Ahmadi Tehrani P, Davodi D, Myrzaqadry GH. (2010) Cytogenetical study some wild wheat species Iran Aegilops and banding OR. Journal of Plants 41: 313-305. (In Farsi).
Levan A, Fredka K & Sandberg A (1964) Nomeclature for centromic Position on chromosomes. Hereditas 52:201-220.
Limin AE and Fowler DB (1981) Cold hardiness of some wild relatives of hexaploid wheat. Canadian Journal of Botany 59: 572-573.
Martín-Sánchez JA, Gómez-Colmenarejo M, Del Moral J, Sin E, Montes MJ, González-Belinchón C, López-Braña I, Delibes A (2003) A new Hessian fly resistance gene (H30) transferred from the wild grass Aegilops triuncialis to hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics 106:1248-55.
Mujeeb-kazi A and Miranda JL (1985). Enhanced resolution of somatic chromosome constriction as an aid to identifying intergeneric hybrids among some Triticeae. Cytologia 50:701-709.
Murphy jp, Griffey CA, Finney PL, Leath S (1997) Agronomic and grain quality evaluation of Triticum aestivum, Aegilops tauschii backcross. Populations. Crop science 37: 1960-1965.
Naghavi MR, Ranjbar M., Hassani MH and Jaffaraghaei M., Bamneshin M (2013) Characterization of Iranian Accessions of Aegilpos crassa Boiss. Using Flow Cytometry and Protein Analysis. Journal of Agricultural Science and Technology 15: 811-818.
Rajaram s (2000).Inernational wheat breeding: past and present achievements and future directions. Oregon State Univ. Extension Service. Special. Report 1017.
Rekika D, Zaharieva M, Stankova P, Xu X, Souyris I and Monneveux P (1998) Abiotic stress tolerance in Aegilops species. In: Nachit MM, Baum M, Porceddu E, Monneveux P and Picard E (Eds). Durum Wheat Sewana Workshop. ICARDA, Aleppo, Syria. pp. 113-128.
Romero MD, Montes MJ, Sin E, Lopez-Branoa I, Duce A, A. Martı´n-Sanchez J, Andre´s MF, Delibes A (1998) A cereal cyst nematode (Heterodera avenae Woll.) resistance gene transferred from Aegilops triuncialis to hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics 96: 1135-1140.
Romero Zarco C (1986) A new method for estimating karyotype asymmetry. Taxon 35:526-530.
Sheidai M, Arman M, Mphammadi S, Zehzad B (2000) Notes on cytology and seed protein characteristics of Aegilops species in Iran.The Nucleus 43:118-128.
Soloki M, Emamjomeh A, Taheri N, Tahrnzhad Z, Sahebi M (2007) Cytogenetic diversity of masses of Iranian Aegilops. Modern genetics journal 2:51-439. (In Farsi).
Stebbins GL (1971) Chromosomal evolution in higher plants.London: Edward Arnold Publisher Ltd, London.
Tootiaei AS, and Jafaraghaei M (2007) Collection and identification Aegilops of species in Iran, Iranian Journal of Agricultural Science 38: 99-109.
Van Slageren MW (1994) Wild Wheats; a Monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae). Agricultural University Wageningen: the Netherlands; ICARDA: Aleppo, Syria. pp 512.
Vijayavalli B & Mathew PM (1990) Karyomorphology of four morphotypes of Gloriosa superba L., from south India. Cytologia 55: 531-533.
Waines JG, Rafi MM and Ehdaie B (1993) Yield components and transpiration efficiency in wild wheats. In:, Damania AB (Ed.) Biodiversity and Wheat Improvement. John Wiley and Sons, Chichester, UK pp. 173-186.
Wang G, Miyashita NT, and Tsunewaki K, (1997) Plasmon analysses of Triticum (wheat) and Aegilops: PCR-single-strand conformational polymorphism (PCR-SSCR) analyses of organellar DNAs. Proceeding of National Academy Sciences of the USA 94:570-577.
Xu X, Monneveux P, Damania AB and Zaharieva M (1993) Evaluation for salt tolerance in genetic resources of Triticum and Aegilops. Plant Genetic Resources Newsletter 96: 11-16.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-28]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.11.5]