ژنتیک نوین
دوره پانزدهم ، شماره ٤، زمستان ۱۳۹۹
صفحه ۳٤۹ - ۳۳۷

بررسی روابط تکاملی در گندم زراعی و خویشاوندان وحشی آن با استفاده از تحلیل کاریوتایپ

Evaluation of evolutionary relationships incultivated wheat and its wild relatives (*Aegilops* L. and *Triticum* L.) using karyotype analysis

زینب صفری*[۱]، علی‌اشرف مهرابی[۱]

۱- به‌ترتیب دانش‌آموخته دکتری، دانشیار، اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام

Safari Z*[1], Mehrabi AA[1]

1- PhD, Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Ilam

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: zsafari_89@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۷/۱۵ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۹/۱۸)

چکیده

در این مطالعه، روابط فیلوژنی و تکاملی بین گونه‌های وحشی و زراعی جنس‌های *Triticum* L. و *Aegilops* L.، با استفاده از بررسی کاریوتیپ مورد مطالعه قرار گرفتند. برای هر جمعیت، کاریوتیپ سه سلول متافازی تهیه و صفات کاریوتیپی محاسبه شد. برای تمامی صفات مورد ارزیابی اختلاف معنی‌داری بین گونه‌ها مشاهده شد. گونه‌های *Triticum* L. و *Ae. speltoides* دارای کروموزوم‌های بلندتری نسبت به سایر گونه‌ها بودند. بیش‌ترین مقادیر برای صفت نسبت بازوها و کم‌ترین شاخص سانترومری به گونه *Ae. umbllulata* اختصاص داشت. تجزیه خوشه‌ای گونه‌ها بر اساس صفات کاریوتیپی به‌خوبی توانست گونه‌های دو جنس *Aegilops* L. و *Triticum* L. را از یکدیگر تفکیک نماید. هر چند که گونه *Ae. speltoides* در کلاستر *Triticum* L. قرار گرفت. گونه‌های مورد بررسی بر اساس ژنوم تشکیل دهنده خود در زیرگروه‌های مختلف تفکیک شدند. بر اساس نتایج تابع تشخیص، جمعیت‌های گونه‌های *Ae. tauschii*، *Ae. umbllulata*، *Ae. triuncialis*، *Ae. cylindrica*، *T. aestivum* و *T. turgidum* کاملاً تفکیک شدند. به‌طورکلی گونه‌های *Aegilops* کاریوتیپ‌های متکامل‌تری داشتند.

واژه‌های کلیدی

تکامل
کاریوتیپ
کروموزوم
Aegilops
Triticum

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

مقدمه

جنس‌های *Aegilops* L. و *Triticum* L. متعلق به قبیله Triticae در زیر خانواده Pooideae خانواده Poaceae علفی هستند. گونه‌های وحشی *Aegilops* در تکامل و اهلی‌سازی گندم از طریق فرایند هیبریداسیون طبیعی نقش اساسی دارند. دورگ‌گیری و آلوپلی‌پلوئیدی، بین گندم و نزدیک‌ترین خویشاوند آن *Aegilops*، نقش کلیدی در ایجاد گونه‌های گندم هگزاپلوئید ایفا کرده است (Golovnina et al. 2007). از سوی دیگر، به‌دلیل شناسایی آلل‌های مطلوب در خویشاوندان وحشی گندم و انتقال آن‌ها به گندم نان، علاقه زیادی به بررسی روابط فیلوژنتیک و تکامل در Triticeae وجود دارد. با این حال، به‌ویژه روابط درون و بین گونه *Aegilops* و*Triticum* مورد بحث و بررسی مداوم هستند (Kilian et al. 2011). کروموزوم‌های گونه‌های مختلف خانواده تریتیسه از نظر تعداد و اندازه بسیار متنوع می‌باشد، اما تعداد کروموزوم‌های پایه در این خانواده یکسان و برابر با ۷ می‌باشد (Hilu 2004). اتوپلوئیدی، آلوپلوئیدی و انیوپلوئیدی سبب ایجاد تنوع بالا در داخل این خانواده شده است (Sliai and Amer 2011, Kharazian 2008).

گونه‌های گندم در سه گروه شامل دیپلوئیدها، تتراپلوییدها و هگزاپلوئید طبقه‌بندی می‌شوند. ساختار ژنومی گونه‌های گندم شامل چهار ژنوم اساسی، A، B، D و G می‌باشد (Linnaeus 1753). در حالی که ژنوم‌های‌گونه‌های آژیلوپس را می‌توان در هفت ژنوم پایه طبقه‌بندی نمود: C، D، M، N، S، T و U (Sasanuma 2004). این گونه‌ها شامل ۱۱ گونه دیپلوئید (۲n=۲x=۱٤)، ۱۰ گونه تتراپلوئید (۲n=٤x=۲۸) و ۲ گونه هگزاپلوئید (۲n=٦x=٤۲) می‌باشند (Van-Slageren 1994). در یک برنامه به‌نژادی آگاهی از روابط خویشاوندی می‌تواند به برنامه سرعت بیشتری بدهد. مطالعات کاریوتیپی به‌منظور مقایسه اختلافات موجود بین افراد یک گروه و آشکار شدن سیر تکاملی تغییرات در کروموزوم‌های تشکیل دهنده‌ی ژنوم انجام می‌گیرند. بنابراین یک به نژادگر با اطلاعات سیتوژنتیکی به‌راحتی تصمیم می‌گیرد که در یک برنامه تلاقی بین گونه‌ای از کدام گونه‌ها استفاده نماید تا نتاج بارور تولید کند (Stebbins 1971). وجود اختلاف در شکل و اندازه کروموزوم‌ها در تقسیم میتوز می‌تواند بیانگر وجود تنوع ژنتیکی باشد. بنابراین مطالعات کاریوتایپی به‌منظور طبقه‌بندی گیاهان و کمک به حل مسائل و مشکلات تاکسونومی کلاسیک و تعیین قرابت گونه‌ها خصوصاً گیاهان وحشی و بومی می‌تواند مفید واقع شود به‌نحوی که به‌عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گونه‌های خویشاوند مطرح است (Borem and Fritch-neto 2014).

مطالعات متعددی در زمینه بررسی خصوصیات کاریوتیپی گونه‌های گندم و آژیلوپس انجام شده است. Feridooni et al (2017) ۳۰ جمعیت از ٦ گونه دیپلوئید گندم و آژیلوپس را مورد ارزیابی سیتوژنتیکی قرار دادند. جمعیت‌های مورد بررسی دارای کاریوتیپ تقریباً متقارنی بودند. تجزیه خوشه‌ای نتوانست گونه‌های دو جنس *Triticum* و *Aegilops* را کاملاً از یکدیگر تفکیک نماید. تنوع بین گونه‌ای بیشتر بر اساس عدم تقارن درون کروموزومی و میزان کروماتین بود. مطالعه کاریولوژیکی *Ae. cylindrica* و *T. monococcum* نشان داد که گونه *T.monococcum* دارای کروموزوم‌های متقارن و *Ae. cylindrica* دارای کروموزوم‌های ساب متاسانتریک و ساب تلوسانتریک می‌باشد (Ghorbani-Sini and Arzani 2015). Ehtemam et al. (2014) گونه‌های گندم دارای ژنوم A را مورد ارزیابی کاریوتیپی قرار دادند. گونه‌ها بر اساس دو شاخص A1 و A2 در سه کلاستر طبقه‌بندی شدند. نتایج به‌دست آمده نشان داد که *T. durum* ابتدایی‌تر از *T. turgidum* و *T. monoccocum* اهدا کننده‌ی ژنوم A به *T. durum* و *T. aestivum* می‌باشد. در یک مطالعه دیگر، همولوژی کروموزومی بین سه گونه *Aegilops* حامل ژنوم D (*Ae. tauschii*، *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica*) را با گندم نان به‌منظور بررسی امکان انتقال ژن از گونه‌های *Aegilops* به گندم ارزیابی شد. نتایج نشان داد که امکان تهیه هیبریدهای بین این گونه‌ها حداقل با استفاده از تکنیک نجات جنین وجود دارد (Jaffar_Aghaei et al. 2007). Solouli et al. (2007) تنوع کاریوتایپی دو گونه *Ae. tauschii* و *Ae. strangulate* را مورد بررسی قراردادند. نتایج نشان‌دهنده عدم تفاوت کروموزومی این گونه‌ها بود. در یک مطالعه دیگر پس از بررسی سیتوژنتیکی گونه‌های آژیلوپس با استفاده از نواربندی C مشخص شد که کرموزوم‌های ژنوم D گونه *Ae. ventricosa* شباهت بیشتری به

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

کروموزوم‌های *Ae. crassa* دارند (Bedava et al. 2012). بررسی کاریوتیپی گندم‌های وحشی نشان دادند که خصوصیات کاریوتیپی قادر به تفکیک دو گونه‌ی *Ae .tauschii* و *T .boeticum* نبودند (Karimiafshar et al. 2016).

مواد و روش‌ها

در این مطالعه به‌منظور ارزیابی روابط فیلوژنی بین گونه‌های مختلف جنس‌های *Triticum* L. و *Aegilops* L. با استفاده از شاخص‌های سیتوژنتیکی، ۷۱ جمعیت مربوط به ۱۲ گونه‌ی وحشی و زراعی از بانک ژن دانشگاه ایلام، انتخاب شدند (جدول ۱). به‌منظور جوانه‌دار کردن بذور و تهیه نمونه‌های ریشه، بذور هر کدام از جمعیت‌های مورد بررسی درون ظروف پتری دیش و روی کاغذ واتمن مرطوب در دمای اتاق کشت شدند. به‌منظور متوقف کردن سلول‌های مریستمی در مرحله متافاز، بذور دارای ریشه‌های ۱-۰/۵ سانتی‌متری به مدت ۳ ساعت در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد توسط کلشی سین ۰/۰۵ پیش تیمار شدند. ریشه‌ها پس از شستشو در محلول لویتسکی[1] (شامل تری اکسید کروم یک درصد و محلول فرمالدئید ۱۰٪ با نسبت حجمی ۱:۱) به مدت ۳٦-۲٤ ساعت در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد تثبیت شدند. پس از شستشوی مجدد، ریشه‌ها در محلول NaOH یک نرمال و در دمای ٦۳ درجه سانتی‌گراد (درون دستگاه آون) به مدت ۸ دقیقه هیدرولیز شدند. سپس نمونه‌ها با کاغذ صافی خشک شده و به مدت ۳ ساعت در محلول هماتوکسیلین رنگ‌آمیزی شدند. عکس‌برداری از سلول‌های متافازی با استفاده از میکروسکوپ دوربین دار زایس انجام شد.

در نهایت سه تکرار (صفحه متافازی مناسب) انتخاب و با استفاده از نرم‌افزار Micro Measure تجزیه و تحلیل شدند و پارامترهای طول بازوی کوتاه (SA[2])، طول بازوی بلند (LA[3])، طول کل کروموزوم (TL[4])، نسبت بازوها (AR[5])، شاخص سانترومری (CI[6])، اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL[7])، مقدار نسبی کروماتین (VRC[8])، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1[9]) و ضریب پراکندگی پیرسون (A_2) (Romero-Zarco 1986) اندازه‌گیری شدند. برای تعیین نوع کروموزوم‌ها نیز از روش لوان استفاده شد (Levan et al. 1964).

[1] levitsky

[2] Short arm
[3] Long arm
[4] Total length
[5] Arm ratio
[6] Centromer index
[7] Difference of relative length
[8] Value of relative chromatin
[9] Romero Zarcor

جدول ۱- مشخصات جمعیت‌های مورد استفاده در تحقیق.

کد	گونه	ژنوم		منطقه جمع‌آوری
1	*T. aestivum*	BA^uD	6x	آذربایجان‌غربی، نقده
2	*T. aestivum*	BA^uD	6x	گلستان، گنبد
3	*T. aestivum*	BA^uD	6x	قزوین
4	*T. aestivum*	BA^uD	6x	اصفهان، شهرضا
5	*T. aestivum*	BA^uD	6x	خوزستان، ایذه
6	*T. aestivum*	BA^uD	6x	ایلام، مهران
7	*T. boeticum*	A^b	2x	لرستان، سپیددشت
8	*T. boeticum*	A^b	2x	البرز، طالقان
9	*T. boeticum*	A^b	2x	کرمانشاه، جوانرود
10	*T. boeticum*	A^b	2x	آذربایجان‌غربی، اشنویه
11	*T. boeticum*	A^b	2x	ایلام، سرابله
12	*T. turgidum*	BA^u	4x	خوزستان، اهواز
13	*T. turgidum*	BA^u	4x	اردبیل
14	*T. turgidum*	BA^u	4x	کهگیلویه و بویر احمد، یاسوج
15	*T. turgidum*	BA^u	4x	کردستان
16	*T. turgidum*	BA^u	4x	خراسان رضوی، مشهد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

17	*T. turgidum*	BA^u	4x	ایلام، مهران
18	*T. urartu*	A^u	2x	کرمانشاه، کرند
19	*T. urartu*	A^u	2x	کردستان، سقز
20	*T. urartu*	A^u	2x	کردستان، مریوان۱
21	*T. urartu*	A^u	2x	کهگیلویه و بویر احمد، سی‌سخت
22	*T. urartu*	A^u	2x	چهارمحال و بختیاری، فرخ شهر
23	*T. urartu*	A^u	2x	کرمانشاه، سنقر
24	*T. urartu*	A^u	2x	کرمانشاه، بیستون
25	*T. urartu*	A^u	2x	کرمانشاه
26	*T. urartu*	A^u	2x	کردستان، مریوان۲
27	*Ae. triaristata*	UM	4x	خوزستان، اندیمشک
28	*Ae. triaristata*	UM	4x	لرستان، ویسیان
29	*Ae. triaristata*	UM	4x	ایلام، دره‌شهر
30	*Ae. triaristata*	UM	4x	لرستان، افرینه
31	*Ae. triaristata*	UM	4x	ایلام، بانگنجاب
32	*Ae. crassa*	DM	4x	فارس، سپیدان
33	*Ae. crassa*	DM	4x	آذربایجان‌شرقی، آذرشهر
34	*Ae. crassa*	DM	4x	کرمانشاه، سنقر
35	*Ae. crassa*	DM	4x	چهارمحال و بختیاری، بروجن
36	*Ae. crassa*	DM	4x	ایلام
37	*Ae. crassa*	DM	4x	کرمانشاه، هرسین
38	*Ae. cylindrica*	CD	4x	کردستان
39	*Ae. cylindrica*	CD	4x	کرمانشاه، هرسین
40	*Ae. cylindrica*	CD	4x	اردبیل، مشگین‌شهر
41	*Ae. cylindrica*	CD	4x	زنجان
42	*Ae. cylindrica*	CD	4x	گیلان، آستارا
43	*Ae. ovata*	UM	4x	اردبیل، مشگین‌شهر
44	*Ae. ovata*	UM	4x	ایلام، ایوان
45	*Ae. ovata*	UM	4x	کرمانشاه، اسلام‌آباد غرب
46	*Ae. ovata*	UM	4x	آذربایجان‌غربی، اهر
47	*Ae. ovata*	UM	4x	ایلام، سرابله
48	*Ae. ovata*	UM	4x	اردبیل، مشگین‌شهر
49	*Ae. speltoides*	S	2x	کرمانشاه، قصر شیرین
50	*Ae. speltoides*	S	2x	ایران
51	*Ae. speltoides*	S	2x	ایران
52	*Ae. speltoides*	S	2x	ایلام، دره‌شهر
53	*Ae. speltoides*	S	2x	ایلام، دره‌شهر
54	*Ae. speltoides*	S	2x	ایلام، آبدانان
55	*Ae. tauschii*	D	2x	گیلان
56	*Ae. tauschii*	D	2x	اردبیل
57	*Ae. tauschii*	D	2x	آذربایجان غربی، اهر
58	*Ae. tauschii*	D	2x	مازندران، رامسر
59	*Ae. tauschii*	D	2x	زنجان
60	*Ae. tauschii*	D	2x	گلستان، علی‌آباد کتول،
61	*Ae. triuncialis*	UC	4x	ایران
62	*Ae. triuncialis*	UC	4x	کردستان، دیواندره
63	*Ae. triuncialis*	UC	4x	لرستان
64	*Ae. triuncialis*	UC	4x	گیلان، آستارا، حیران
65	*Ae. triuncialis*	UC	4x	خوزستان، ایذه
66	*Ae. triuncialis*	UC	4x	چهار محال و بختیاری، بروجن
67	*Ae. umbllulata*	U	2x	ایلام، سرابله

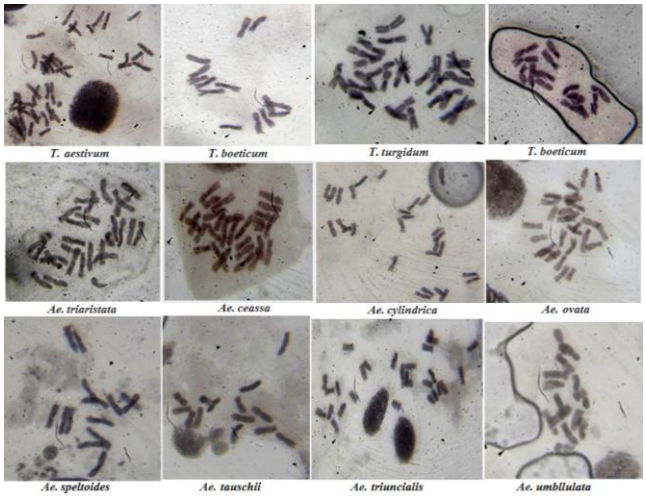
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

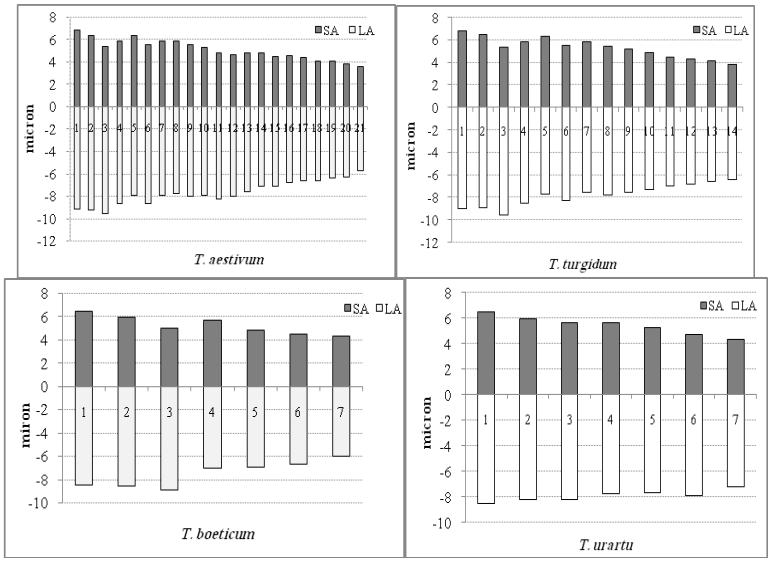
68	*Ae. umbllulata*	U	2x	کرمانشاه، اسلام‌آباد غرب
69	*Ae. umbllulata*	U	2x	فارس، سپیدان
70	*Ae. umbllulata*	U	2x	ایلام، دهلران، میمه
71	*Ae. umbllulata*	U	2x	لرستان، کوه‌دشت

نتایج و بحث

در شکل ۱ نمونه‌ای از تصویر سلول متافازی (سیتوتیپ) گونه‌های مورد بررسی و در شکل‌های ۲ و ۳ به‌ترتیب آیدیوگرام گونه‌های *Triticum* و *Aegilops* ارائه شده است. مشخصات کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی در جدول ۲ آورده شده است. مطابق نتایج به‌دست آمده، کاریوتیپ گونه‌های*Triticum* در کلاس ۱A و ۲A قرار داشتند. از میان گونه‌های *Aegilops* نیز، جمعیت‌های دو گونه‌ی *Ae. speltoides* و *Ae. cylindrica* به‌ترتیب در کلاس‌های ۱A+۲A و ۲A قرار داشتند. Ahmadabadi et al. (2005) نیز نشان دادند که کاریوتیپ *Ae. cylindrica* در کلاس ۲A قرار دارد. بنابراین دو گونه‌ی مذکور به‌همراه گونه‌های *Triticum* دارای کمترین عدم تقارن کروموزومی و بیشترین میزان کروماتین بودند. کاریوتیپ جمعیت‌های گونه *Ae. tauschii* نیز اگرچه در کلاس‌های ۱A و ۲A قرار داشت اما میزان کروماتین نسبی آن به اندازه گونه‌های فوق نبود. از سوی دیگر، کاریوتیپ سایر گونه‌های *Aegilops* در کلاس‌های B و C قرار داشت، بنابراین عدم تقارن بیشتر و میزان کروماتین نسبی داشتند. در میان آن‌ها، گونه *Ae. triuncialis* بیشترین عدم تقارن کاریوتیپی را نشان داد.

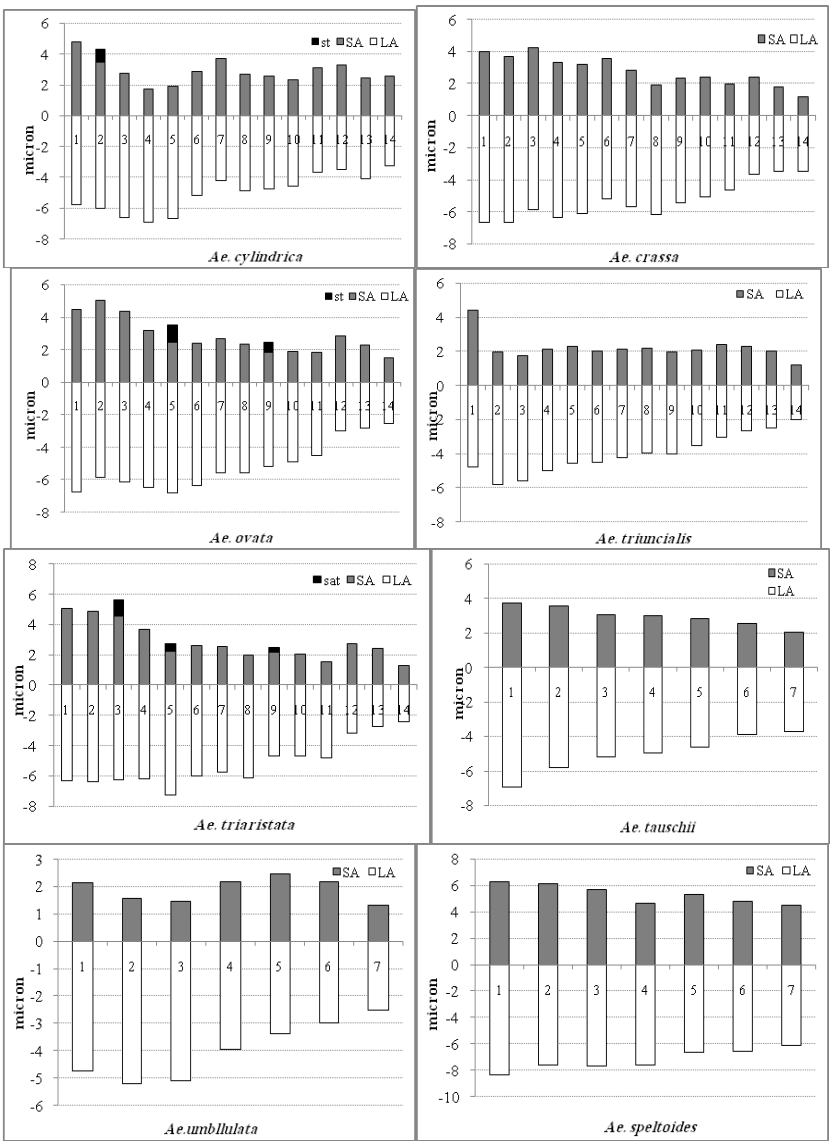


شکل ۱- گستره متافازی گونه‌های مورد بررسی



شکل۲- آیدیوگرام کروموزوم‌های متافازی گونه‌های .*Triticum* L

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]



شکل ۳- آیدیوگرام کروموزوم‌های متافازی گونه‌های *Aegilops* L.

شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1) نیز به‌طور متوسط در گونه‌های *Aegilops* بیشتر از گونه‌های *Triticum* بود (به‌استثنای *Ae. speltoides*)، بنابراین گونه‌های گندم دارای تقارن بیشتری بودند. کمترین میزان شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2) مربوط به‌گونه *T. urartu* بود، بنابراین این گونه دارای تقارن بین کروموزومی بیشتری نسبت به سایر گونه‌ها بود و درجه تکامل کمتری نسبت به آن‌ها دارد.

جمعیت‌های *Ae. tauschii* در کلاس‌های ۲A و ۱A قرار گرفتند و سه مورد از آن‌ها دارای فرمول کاریوتیپی 5m+2sm بودند. Jafar-Aghaei et al. (2013) نشان دادند که جمعیت‌های *Ae. tauschii* دارای فرمول کاریوتیپی 5m+2sm هستند و در کلاس ۱A قرار گرفتند. Karimzadeh et al. (2008) نیز جمعیت‌های این گونه را در کلاس ۱A قرار دادند. نتایج تحقیقات این محققین برای *Ae. speltoides* نیز با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. در هر دو مطالعه جمعیت‌های این گونه در کلاس ۱A قرار گرفتند. از میان گونه‌های مورد بررسی، گونه‌های *Aegilops* به استثنای *Ae. tauschii* و *Ae. speltoides* دارای بیشترین کروموزوم‌های sm بودند. بنابراین نامتقارن‌ترین کاریوتیپ مربوط به این گونه‌ها بود. تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی شامل طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA)، طول کل کروموزوم (TL)، نسبت بازوها (AR) و شاخص سانترومری (CI) در قالب طرح کاملاً تصادفی در بین گونه‌های مورد مطالعه انجام شد (جدول ۳).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

جدول ۲- خصوصیات کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی گونه

گونه	جمعیت	VRC	DRL	%TF	A1	A2	SC	کروموزوم‌های دارای ماهواره	فرمول
T. aestivum	۱	۱۲/۵۹	۲/۶۲	۴۰/۱۲	۰/۳۳	۰/۱۶	۲A	-	17m+4sm
	۲	۱۲/۵۹	۲/۹۶	۴۰/۱۰	۰/۳۳	۰/۱۶	۱A	-	16m+5sm
	۳	۱۲/۵۶	۲/۶۷	۴۰/۶۷	۰/۳۱	۰/۱۶	۱A	-	17m+4sm
	۴	۱۲/۸۲	۲/۳۴	۴۰/۱۵	۰/۳۲	۰/۱۴	۲A	-	16m+5sm
	۵	۱۲/۹۸	۲/۲۰	۳۹/۳۵	۰/۳۵	۰/۱۳	۲A	-	13m+8sm
	۶	۱۳/۰۹	۲/۲۹	۳۹/۳۷	۰/۳۵	۰/۱۴	۲A	-	13m+8sm
T. boeticum	۷	۱۲/۴۲	۵/۷۳	۳۹/۹۷	۰/۳۲	۰/۱۵	۲A	-	6m+1sm
	۸	۱۲/۵۶	۶/۸۷	۴۱/۱۷	۰/۳۰	۰/۱۷	۲A	-	6m+1sm
	۹	۱۲/۶۴	۵/۴۸	۴۲/۲۳	۰/۲۷	۰/۱۵	۱A	-	7m
	۱۰	۱۲/۷۴	۴/۹۱	۴۲/۱۹	۰/۲۷	۰/۱۵	۱A	-	7m
	۱۱	۱۳/۴۴	۳/۲۱	۴۰/۱۹	۰/۳۲	۰/۰۹	۱A	-	7m
T. turgidum	۱۲	۱۳/۰۹	۳/۰۱	۴۱/۹۸	۰/۲۷	۰/۱۴	۱A	-	13m+1Sm
	۱۳	۱۲/۹۹	۲/۷۹	۳۹/۳۷	۰/۳۵	۰/۱۲	۱A	-	11m+3Sm
	۱۴	۱۲/۷۸	۳/۱۱	۴۰/۳۸	۰/۳۲	۰/۱۶	۱A	-	11m+3Sm
	۱۵	۱۳/۲۷	۲/۴۱	۴۰/۲۴	۰/۳۲	۰/۱۲	۲A	-	11m+3Sm
	۱۶	۱۳/۰۱	۳/۲۹	۴۰/۴۲	۰/۳۲	۰/۱۴	۲A	-	10m+4Sm
	۱۷	۱۳/۳۵	۳/۳۷	۴۰/۳۶	۰/۳۳	۰/۱۴	۲A	-	9m+5Sm
T. urartu	۱۸	۱۳/۴۶	۳/۵۶	۴۱/۲۳	۰/۳۰	۰/۰۸	۱A	-	4m+3sm
	۱۹	۱۳/۶۳	۳/۴۲	۴۱/۶۲	۰/۲۹	۰/۰۸	۱A	-	6m+1sm
	۲۰	۱۴/۱۲	۳/۵۳	۴۱/۷۷	۰/۲۸	۰/۰۹	۱A	-	6m+1sm
	۲۱	۱۳/۳۹	۲/۸۵	۴۰/۸۲	۰/۳۱	۰/۰۷	۱A	-	5m+2sm
	۲۲	۱۳/۳۱	۳/۸۴	۴۰/۲۲	۰/۳۳	۰/۰۹	۱A	-	4m+3sm
	۲۳	۱۱/۸۱	۵/۳۸	۳۴/۸۸	۰/۴۶	۰/۱۳	۲A	-	2m+5sm
	۲۴	۱۳/۴۲	۳/۴۷	۴۰/۹۵	۰/۳۱	۰/۰۸	۱A	-	4m+3sm
	۲۵	۱۳/۴۹	۳/۳۳	۴۱/۴۴	۰/۲۹	۰/۰۷	۲A	-	6m+1sm
	۲۶	۱۳/۴۴	۴/۰۶	۴۰/۷۲	۰/۳۱	۰/۰۹	۱A	-	4m+3sm
Ae. triaristata	۲۷	۷/۹۱	۶/۷۷	۳۴/۶۲	۰/۴۴	۰/۲۹	۳B	-	6m+6sm+2st
	۲۸	۸/۰۴	۶/۷۸	۳۳/۰۰	۰/۴۹	۰/۲۹	۳B	۱	4m+8sm+2st
	۲۹	۷/۹۵	۶/۸۹	۳۶/۶۴	۰/۴۰	۰/۳۰	۲B	-	7m+5sm+2st
	۳۰	۷/۹۶	۶/۹۲	۳۵/۵۰	۰/۴۳	۰/۳۰	۲B	۲	6m+6sm+2st
	۳۱	۸/۲۳	۶/۷۰	۳۶/۸۸	۰/۳۸	۰/۳۰	۲B	-	8m+3sm+3st
Ae. crassa	۳۲	۸/۱۲	۵/۰۸	۳۴/۸۳	۰/۴۶	۰/۲۱	۲B	-	6m+7sm+1st
	۳۳	۸/۱۶	۴/۲۴	۳۲/۶۸	۰/۵۱	۰/۱۹	۲A	-	4m+8sm+2st
	۳۴	۷/۸۴	۵/۹۷	۳۴/۰۳	۰/۴۸	۰/۲۹	۲B	-	5m+6sm+3st
	۳۵	۸/۲۰	۵/۱۷	۳۴/۲۲	۰/۴۷	۰/۲۲	۲B	-	6m+5sm+3st
	۳۶	۷/۸۴	۶/۱۰	۳۴/۲۶	۰/۴۷	۰/۲۷	۲B	-	5m+6sm+3st
	۳۷	۸/۲۹	۵/۳۲	۳۵/۰۱	۰/۴۵	۰/۲۵	۲B	-	6m+6sm+2st
Ae. cylindrica	۳۸	۸/۱۴	۴/۳۵	۳۷/۰۶	۰/۳۷	۰/۱۷	۲A	-	6m+6sm+2st
	۳۹	۷/۵۸	۴/۷۴	۳۸/۲۲	۰/۳۳	۰/۱۸	۲A	-	10m+2sm+2st
	۴۰	۷/۷۵	۴/۲۵	۳۶/۱۳	۰/۴۰	۰/۱۷	۲A	-	5m+7sm+2st
	۴۱	۷/۹۴	۳/۵۸	۳۶/۲۳	۰/۴۰	۰/۱۵	۲A	۱	7m+7sm
	۴۲	۷/۹۶	۴/۱۷	۳۵/۳۸	۰/۴۲	۰/۱۶	۲A	-	5m+7sm+2st
Ae. ovata	۴۳	۸/۰۴	۵/۷۴	۳۶/۳۰	۰/۳۹	۰/۲۷	۲B	-	7m+5sm+2st
	۴۴	۸/۱۰	۶/۴۵	۳۴/۲۶	۰/۴۵	۰/۲۸	۲B	۲	5m+6sm+3st
	۴۵	۸/۲۰	۶/۵۷	۳۵/۰۷	۰/۴۴	۰/۲۸	۲B	-	6m+6sm+2st
	۴۶	۷/۸۰	۶/۶۹	۳۴/۶۳	۰/۴۵	۰/۲۹	۲B	-	6m+5sm+3st
	۴۷	۷/۹۵	۶/۳۸	۳۵/۳۶	۰/۴۳	۰/۲۷	۲B	۱	5m+7sm+2st
	۴۸	۷/۸۰	۶/۷۵	۳۴/۳۹	۰/۴۵	۰/۳۰	۲B	-	6m+6sm+2st

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

Ae. speltoides	٤٩	١٢/٥٧	٥/٦٣	٤٤/١٣	٠/٢١	٠/١٣	١A	-	7m
	٥٠	١٢/٦٩	٥/١٧	٤١/٨٧	٠/٢٨	٠/١٣	١A	-	7m+1sm
	٥١	١٢/٩٣	٤/٠٤	٤١/٢٨	٠/٣٠	٠/١٠	١A	-	7m
	٥٢	١٢/٠٢	٥/٤٠	٤٢/٦٧	٠/٢٦	٠/١٣	١A	-	7m
	٥٣	١٢/٧٤	٣/٦٥	٤٢/٨٧	٠/٢٤	٠/١٠	٢A	-	7m+1sm
	٥٤	١٢/٤٩	٣/٧٤	٤٢/١٦	٠/٢٧	٠/١٠	١A		7m+1sm
Ae. tauschii	٥٥	٨/٠٨	٨/٣٨	٣٧/٣٩	٠/٤٠	٠/١٨	٢A	-	5m+2sm
	٥٦	٨/٠٣	٧/٦٠	٣٧/٨٣	٠/٣٩	٠/١٩	١A	-	5m+2sm
	٥٧	٧/٨٣	٨/٥٧	٣٨/٤٠	٠/٣٤	٠/٢٣	١A	-	4m+3sm
	٥٨	٧/٩٢	٩/٢٢	٣٧/٢٠	٠/٤١	٠/٢٢	٢A	-	4m+3sm
	٥٩	٧/٩٣	٩/٥٧	٣٥/٨٩	٠/٤٣	٠/٢٢	٢A	-	3m+4sm
	٦٠	٨/١١	٩/٠٠	٣٦/٨٧	٠/٤١	٠/٢٢	٢A	-	5m+2sm
Ae. triuncialis	٦١	٦/٣٢	٧/١٢	٣٥/٤٢	٠/٤٢	٠/٢٤	٢B	-	4m+8sm+2st
	٦٢	٦/٣٤	٦/٠٥	٣٥/١٦	٠/٤٢	٠/٢١	٢B	-	6m+6sm+2st
	٦٣	٦/٢٨	٦/٠٨	٣٤/٣٣	٠/٤٤	٠/٢٠	٢B	-	4m+8sm+2st
	٦٤	٦/٣٣	٦/١٥	٣٥/٠٦	٠/٤١	٠/٢٣	٢B	-	5m+8sm+1st
	٦٥	٦/٠٥	٨/١٧	٣٦/٦٦	٠/٣٥	٠/٢٩	٢C	-	7m+4sm+3st
	٦٦	٦/٠٤	٧/٦٩	٣٥/٤٢	٠/٤١	٠/٢٧	٢B	-	5m+8sm+1st
Ae. umbllulata	٦٧	٦/١٣	٧/١١	٣٢/٥٥	٠/٤٨	٠/١٨	٣A	-	2m+4sm+1st
	٦٨	٦/٢١	٦/٨٧	٣٣/٠٠	٠/٤٧	٠/١٧	٣A	-	2m+4sm+1st
	٦٩	٦/١٥	٥/١٠	٣١/٤٤	٠/٤٨	٠/١٣	٣A	-	3m+2sm+2st
	٧٠	٥/٥٠	٨/٦٠	٣٣/٨٧	٠/٤١	٠/٢١	٢A	-	4m+1sm+2st
	٧١	٥/٤٤	٩/٤٢	٢٩/٨٥	٠/٥٣	٠/٢٣	٣B	-	2m+2sm+3st

جدول ٣- میانگین مربعات تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی بر اساس گونه‌های مورد بررسی

منابع تغییرات	درجه آزادی	LA	SA	TL	AR	CI
گونه	١١	٦/٨٩**	٥/٨٩**	٢٣/٣٧**	٠/١٧٢**	٠/٠٠٣**
خطا	٢٤	٠/١٠٥	٠/٠٦٨	٠/٣٣٤	٠/٠٠٦	٠/٠٠٠٠٨
درصد ضریب تغییرات	--	٥/٤١	٦/٩٨	٥/٩٤	٤/٥٤	٢/٣٥

**وجود اختلاف معنی‌دار در سطح ٠/٠١

برای تمامی صفات مورد ارزیابی اختلاف معنی‌داری در سطح ٠/٠١ در بین گونه‌های مورد مطالعه مشاهده شد. ضریب تغییرات به‌دست آمده بین ٢/٣٥ تا ٦/٩٨ درصد بود. وجود اختلاف معنی‌دار در بین گونه‌های آژیلوپس در مطالعات گذشته نیز مشاهده شده است (Karimzadeh et al. 2008).

نتایج مقایسه میانگین بین گونه‌ها برای صفات کاریوتیپی با استفاده از روش دانکن در سطح ٠/٠٥ (جدول ٤) نشان داد که گروه‌بندی متفاوتی در بین گونه‌ها برای صفات کاریوتیپی وجود دارد. گونه *T. urartu* دارای بیشترین مقدار برای شاخص طول کل کروموزوم بود. که با گونه‌های *T. turgidum*، *T. aestivum*، *T. boeticum* و *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌داری در سطح ٠/٠٥ نشان نداد. کمترین طول کروموزوم مربوط به گونه *Ae. umbllulata* بود که با گونه *Ae. triuncialis* اختلاف معنی‌داری در سطح ٠/٠٥ نشان نداد. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که ژنوم‌های A، B و S دارای بلندترین کروموزوم‌ها و ژنوم U دارای کوتاه‌ترین کروموزوم‌ها بودند. در مطالعات گذشته نیز ژنوم‌های A و S دارای بلندترین کروموزوم‌ها و ژنوم‌های U و D دارای کوتاه‌ترین کروموزوم‌ها بوده‌اند (Feridooni et al. 2017). در یک بررسی دیگر نیز گونه *Ae. speltoides* دارای کروموزوم‌های بلندتری نسبت به *Ae. umbllulata* بودند و متوسط طول کروموزوم‌های *Ae. umbllulata* برابر با ٥/٢١ میکرون بود که با نتایج تحقیق حاضر (٥/٨٨ میکرون) مطابقت دارد (Al-Mashhadani et al. 1978).

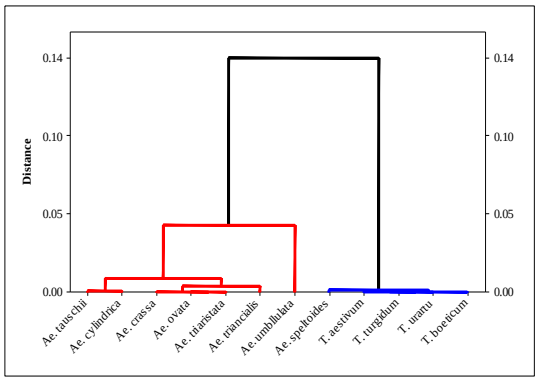
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

شاخص‌های طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه نیز نتایج مشابهی را با طول کروموزوم نشان دادند. برای این صفات نیز گونه *T. urartu* دارای بیشترین مقادیر بود. که با گونه‌های *T. turgidum*، *T. aestivum*، *T. boeticum* و *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌داری در سطح ۰/۰۵ نشان ندادند. کمترین مقادیر برای این دو شاخص نیز همانند صفت طول کل کروموزوم مربوط به گونه *Ae. umbllulata* بود که با گونه *Ae. triuncialis* اختلاف معنی‌داری در سطح ۰/۰۵ نشان نداد.

گونه‌های *Ae. tauschii*، *Ae. triaristata*، *Ae. crassa*، *Ae. cylindrical* و *Ae. ovate* دارای مقادیر متوسطی برای سه شاخص طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه بودند. بنابراین به طور کلی می‌توان گفت که ژنوم‌های A، B و S دارای بلندترین کروموزوم‌ها و ژنوم‌های U و ترکیب آن با ژنوم C (UC) دارای کوتاه‌ترین کروموزوم‌ها بودند. در حالی‌که سایر ژنوم یعنی D، M و C و نیز ترکیبات ژنومی آن‌ها با یکدیگر و با سایر ژنوم‌ها دارای مقادیر متوسطی برای طول کروموزوم بودند (جدول ٤).

بیشترین مقادیر برای صفت نسبت بازوها به گونه *Ae. umbllulata* اختصاص داشت که با سایر گونه‌ها دارای اختلاف معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ بود. کمترین میزان آن نیز در گونه *Ae. speltoides* مشاهده شد که با گونه‌های جنس *Triticum* در یک گروه قرار گرفته و اختلاف معنی‌داری با آن‌ها نشان نداد. بیشترین شاخص سانترومری مربوط به گونه‌های جنس *Triticum* و *Ae. speltoides* بود. در مطالعه Ehtemam et al. (2014) نیز بیشترین شاخص سانترومری مربوط به گونه‌های گندم اینکورن بود. کمترین میزان این شاخص نیز در گونه *Ae. umbllulata* مشاهده شد. مطابق این نتایج ژنوم U دارای کمترین شاخص سانترومری بود. بنابراین بیشترین عدم تقارن درون کروموزومی و متکامل‌ترین کاریوتیپ مربوط به این گونه بود. از سوی دیگر گونه‌های جنس *Triticum* و *Ae. speltoides* کمترین تکامل کاریوتیپی را به‌خود اختصاص دادند. سایر گونه‌های مورد بررسی نیز در رده متوسطی قرار گرفتند.



شکل ٤- تجزیه کلاستر گونه‌های *Aegilops* L. و *Truiticum* L. بر اساس خصوصیات کاریوتیپی با روش Ward

جدول ٤- مقایسه میانگین گونه‌های مورد بررسی بر اساس صفات کاریوتیپی

گونه	TL	LA	SA	AR	CI
T. aestivum	۱۲/۷۷ a	۷/٦۷ ab	٥/۱۰ a	۱/٥۰ e	۰/٤۰ b
T. turgidum	۱۳/۰۸ a	۷/۷۹ ab	٥/۲۹ a	۱/٤۷ ef	۰/٤۰ b
T. urartu	۱۳/۳٤ a	۷/۹٤ a	٥/٤۰ a	۱/٤۷ ef	۰/٤۰ b
T. boeticum	۱۲/۷٦ a	۷/٥۱ ab	٥/۲٥ a	۱/٤۳ ef	۰/٤۱ ab
Ae. tauschii	۷/۹۸ b	٥/۰۰ c	۲/۹۷ b	۱/٦۸ d	۰/۳۷ c
Ae. triuncialis	٦/۲۳ c	٤/۰۲ d	۲/۲۰ c	۱/۸٤ bc	۰/۳٥ de
Ae. triaristata	۸/۰۳ b	٥/۱۸ c	۲/۸٤ b	۱/۸٤ bc	۰/۳٥ de
Ae. umbllulata	٥/۸۸ c	۳/۹۹ d	۱/۸۹ c	۲/۱۳ a	۰/۳۲ f
Ae. crassa	۸/۰۷ b	٥/۳۱ c	۲/۷٦ b	۱/۹۳ b	۰/۳٤ e
Ae. cylindrica	۷/۸۸ b	٤/۹۹ c	۲/۸۹ b	۱/۷۳ cd	۰/۳٦ cd
Ae. ovata	۷/۹۸ b	٥/۱۹ c	۲/۸۰ b	۱/۸٦ bc	۰/۳٥ e
Ae. speltoides	۱۲/٥۷ a	۷/۲۳ b	٥/۳٤ a	۱/۳٥ f	۰/٤۳ a

با توجه به نتایج تجزیه کلاستر گونه‌ها در دو کلاستر اصلی گروه‌بندی شدند (شکل ٤). نتایج به‌دست آمده به‌خوبی توانست دو جنس *Triticum* و *Aegilops* را از هم تفکیک نماید. به جز گونه *Ae. speltoides* که الگوی متفاوتی را نسبت به سایر گونه‌های *Aegilops* نشان داد و در دندروگرام در کنار گونه‌های *Triticum* قرار گرفت. این یافته می‌تواند تأیید کننده‌ی این گونه به‌عنوان دهنده‌ی ژنوم B باشد.

دندروگرام به‌دست آمده به‌خوبی تأیید کننده روابط ژنومی و تکاملی بود. به‌نحوی که گونه‌های گندم اینکورن (*T. urartu* و *T. boeticum*) در یک زیرگروه و گندم‌های پلی‌پلوئید (*T. turgidum* و *T. aestivum*) به‌همراه *Ae. speltoides* در زیرگروه دوم کلاستر اول قرار گرفتند. همان‌طور که مشخص است ژنوم‌های A و B به شکل مناسبی در کنار یکدیگر قرار گرفته و از سایر ژنوم‌ها تفکیک شدند. نتایج مطالعه حاضر بیانگر ارتباط نزدیک دو ژنوم

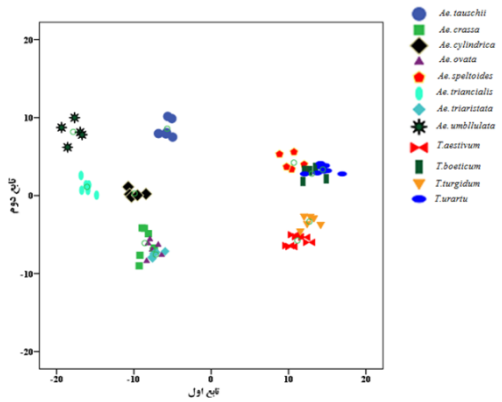
[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

A و S بود به‌نحوی که ژنوم A بیشترین همولوژی را به ژنوم S نشان داد. مطالعات سیتوپلاسمی و مورفولوژیکی نیز شباهت گونه‌های گندم به *Ae. speltoides* را تصدیق نموده‌اند (Baum et al. 2009; Sasanuma et al. 2004).

در کلاستر دوم نیز گونه‌ها بر اساس ژنوم‌شان در زیرگروه‌های متفاوتی قرار گرفتند. در این کلاستر گونه‌های *Ae. tauschii* (D) و *Ae. cylindrica* (CD) با همدیگر یک زیر گروه تشکیل دادند. گونه‌های دارای UM ژنوم (*Ae.ovata* و *Ae.triaristata*) به‌همراه *Ae. crassa* (DM) که در ژنوم M با دو گونه فوق مشترک است، تشکیل یک زیرگروه دادند و همگی آن‌ها با *Ae. triuncialis* (UC) تشکیل یک زیرگروه بزرگ‌تر دادند که این ارتباط نیز به مشترک بودن ژنوم U در گونه‌های *Ae. triuncialis*، *Ae. ovate* و *Ae. triaristata* برمی‌گردد. گونه‌ی *Ae. umbllulata* نیز الگوی متفاوتی را نسبت به سایر گونه‌های *Aegilops* نشان داد و اگرچه در کلاستر *Aegilops* قرار گرفت اما به‌صورت مجزا در یک زیر گروه قرار گرفت. این نتیجه با نتایج Feridooni et al. (2017) هم‌خوانی داشت که در آن نیز جمعیت‌های گونه *Ae. umbllulata* کاملاً از سایر گونه‌های *Aegilops* مورد بررسی تفکیک شدند و در یک گروه مجزا قرار گرفتند.

به‌منظور بررسی بیشتر روابط بین و درون گونه‌ای جمعیت‌های گونه‌های مورد مطالعه از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. چهار تابع اول دارای مقادیر ویژه بالای یک بودند که به‌ترتیب ۷۹/۲، ۱۶/۵، ۲/۵ و ۱ درصد از واریانس را توجیه کردند و در مجموع ۹۹/۳ از واریانس با این سه تابع توجیه شد. نمودار پراکنش جمعیت‌های گونه‌های مورد مطالعه که بر اساس دو تابع اول که مجموعاً ۹۵/۸ درصد از واریانس را توجیه نمودند ترسیم شده است، در شکل ۵ نشان داده شده است. هم‌چنان که ملاحظه می‌شود، جمعیت‌های گونه‌های *Ae. tauschii*، *Ae. cylindrica*، *Ae. triuncialis* و *Ae. umbllulata* کاملاً از یکدیگر و سایر گونه‌ها تفکیک شدند. از سوی دیگر، برای گونه‌های *Ae. ovata*، *Ae. triaristata* و *Ae. crassa* تفکیکی مشاهده نشد و جمعیت‌های آن‌ها به‌صورت مخلوط و در کنار یکدیگر قرار گرفتند. در سمت دیگر نمودار نیز گونه‌های جنس *Triticum* بر اساس ژنوم و سطح پلوئیدی‌شان از یکدیگر تفکیک شدند.

به‌نحوی که جمعیت‌های گونه‌های *Ae. urartu* و *Ae. boeoticum* که هر دو دارای ژنوم A هستند، بسیار نزدیک به یکدیگر قرار گرفتند. در مورد گندم‌های پلی‌پلوئید نیز همین گونه بود و جمعیت‌های *T. aestivum* و *T. turgidum* در موقعیتی نزدیک به یکدیگر قرار گرفتند. هر چند که جمعیت‌های این دو گونه به‌صورت مجزا از یکدیگر قرار داشتند.



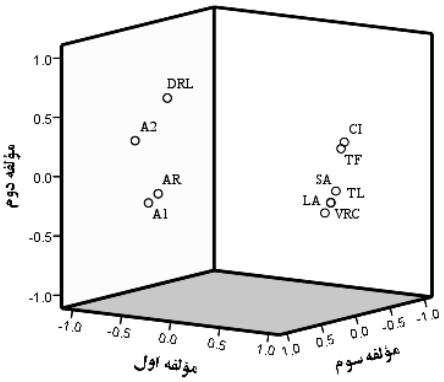
شکل ۵- نمودار پراکنش جمعیت‌های گونه‌های مورد مطالعه بر اساس توابع اول و دوم حاصل از تجزیه تابع تشخیص صفات کاریوتیپی

بررسی روابط تبارزایی گندم‌های دارای ژنوم A با استفاده از ویژگی‌های کاریوتیپی توسط Ehtemam et al. (2014) نیز مؤید همین مطلب بود. در این بررسی گندم‌های اینکورن (*T. monococcum*، *T. boeticum* و *T. urartu*) در یک گروه و گندم‌های پلی‌پلوئید (*T. turgidum*، *T. turgidum* و *T. aestivum*) در یک گروه مستقل دیگر قرار گرفتند. جمعیت‌های *Ae. speltoides*، نیز اگرچه از سایر گونه‌ها تفکیک شدند اما نزدیک به گونه‌های گندم اینکورن نمایان شدند. آنالیزهای پلاسمون نیز اشاره می‌کند که *Ae. speltoides* اهدا کننده‌ی ژنوم B است. مطابق این نتایج در بین پلاسمون‌های گونه‌های دیپلوئید آژیلوپس، پلاسمون S گونه‌ی *Ae. speltoides* بیشترین ارتباط و نزدیکی را با پلاسمون‌های B و G دارد (Zhang et al. 2002). در مجموع ۷۹/۲ درصد از جمعیت‌ها بر اساس صفات کاریوتیپی با توجه به تجزیه تابع تشخیص در گروه‌های مربوط به‌خود قرار گرفتند و یا به‌عبارتی به‌طور صحیح گروه‌بندی شدند. این تابع بیشتر در تفکیک تنوع بین گونه‌ای نقش داشته و با توجه به این‌که ۷۹/۲ درصد از واریانس را توجیه نموده، می‌توان استنباط کرد که

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

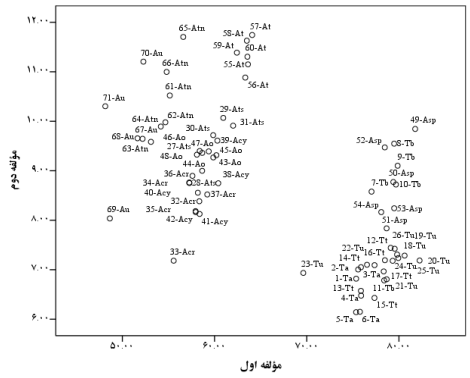
تنوع بین گونه‌ای نسبت به تنوع درون گونه‌ای نقش بیشتری داشته است. همین تنوع بین گونه‌ای بالا منجر به تفکیک مناسب گونه‌ها شده است.

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شامل ضرایب بردارهای ویژه، مقادیر ویژه، درصد از کل واریانس و درصد واریانس تجمعی برای سه مؤلفه استخراج شد (جدول ۵). سه مؤلفه استخراج شده، به‌ترتیب ۸٤/۳۵، ۸/۵۲ و ۳/۵۹ درصد از کل واریانس موجود بر اساس صفات کاریوتیپی را بیان نمودند و در مجموع ۹٦/٤٦ درصد از تنوع موجود بین جمعیت‌های مورد مطالعه با این سه مؤلفه بیان شد. مقادیر ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات SA، TL، VRC، TF، LA و CI به‌ترتیب بیشترین نقش مثبت و صفات AR و A_1 بیشترین نقش منفی را در تشکیل این مؤلفه داشتند. در مؤلفه دوم و سوم به‌ترتیب DRL و A_2 دارای بیشترین نقش مثبت بودند. در واقع در این مؤلفه، تمامی صفات به‌جز DRL و در مجموع با توجه به سه مؤلفه اول تمامی صفات در ایجاد تنوع بین جمعیت‌ها نقش داشتند (شکل ٦).



شکل ٦- نمودار سه بعدی پراکنش متغیرها نسبت به مؤلفه‌های استخراج شده

نمودار پراکنش جمعیت‌های مورد بررسی بر اساس دو مؤلفه اول و دوم، آن‌ها را به‌صورت گروه تفکیک نمود. یک گروه شامل جمعیت‌های *Triticum* و گونه *Ae. speltoides* بود که در سمت راست نمودار تجمع یافتند و گروه دیگر شامل گونه‌های *Aegilops* بود که در سمت چپ قرار گرفتند. مطابق این نتایج، تفکیک گونه‌ها بیشتر از طریق مؤلفه اول صورت گرفت. گونه‌های *Aegilops* دارای کمترین میزان مقادیر طول بازوها، شاخص سانترومری، میزان کروماتین و میزان شکل درصد کلی کروموزوم و بیشترین میزان نسبت بازوها و A_1 بودند. از سوی دیگر، گونه‌های *Triticum* به‌همراه *Ae. speltoides* دارای بیشترین مقادیر طول بازوها، شاخص سانترومری، میزان کروماتین و میزان شکل درصد کلی کروموزوم و کمترین میزان نسبت بازوها و A_1 بودند. پراکنش جمعیت‌ها نشان می‌دهد که گونه‌های *Ae. tauschii* و *Ae. tiuncialis* بیشترین مقادیر DRL و گونه‌های *Triticum* کمترین مقادیر این شاخص را به‌خود اختصاص دادند. به‌طور کلی می‌توان گفت گونه‌های *Aegilops* دارای بیشترین عدم تقارن درون کروموزومی بودند و در نتیجه کاریوتیپ‌های متکامل‌تری داشتند (شکل ۷).



شکل ۷- نمودار پراکنش جمعیت‌های گونه‌های مورد مطالعه بر اساس مؤلفه‌های اول و دوم

جدول ۵- ضرایب بردارهای ویژه، مقادیر ویژه، درصد واریانس و درصد واریانس تجمعی سه مؤلفه اصلی اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
LA	۰/۹٤٤	−۰/۲۲۸	۰/۲۱۱
SA	۰/۹۸۸	−۰/۰٥٤	۰/۱۱٤
TL	۰/۹۷۱	−۰/۱٤٥	۰/۱٦٥
AR	−۰/۹۲۱	−۰/۲۸۹	−۰/۰۲٤
CI	۰/۹۳۷	۰/۳۲٦	−۰/۰۸۲
TF	۰/۹٥٥	۰/۲۸٤	−۰/۰۰۹
DRL	−۰/۷۳۸	۰/٥٥٥	۰/۱۰٤
VRC	۰/۹۷۱	−۰/۱٤٥	۰/۱٦٥
A1	−۰/۹۱٤	−۰/۳٤۳	۰/۱۲۷
A2	−۰/۸۱٥	۰/۲٤۰	۰/٤٦۲
مقادیر ویژه	۸/٤۳٥	۰/۸٥۲	۰/۳٥۹
درصد واریانس	۸٤/۳٥	۸/٥۲	۳/٥۹
درصد واریانس تجمعی	۸٤/۳٥	۹۲/۸۷	۹٦/٤٦

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

نتیجه‌گیری کلی

مقایسه میانگین صفات کاریوتیپی نشان داد که روند تغییرات صفات در گونه‌های مورد بررسی یکسان بود و اکثر صفات با یک روند خاص گونه‌ها را تفکیک نمودند. مطابق نتایج به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای، گونه‌های مورد بررسی در دو کلاستر اصلی *Aegilops* L. و *Triticum* L. و نیز بر اساس شباهت‌های ژنوم تشکیل دهنده‌شان در زیرگروه‌های مختلف تفکیک شدند. از سوی دیگر، بر اساس نتایج تابع تشخیص، جمعیت‌های گونه‌های *Ae. tauschii*، *Ae. umbllulata*، *Ae. triuncialis*، *Ae. cylindrica*، *T. aestivum* و *T. turgidum* کاملاً تفکیک شدند. به‌طور کلی، تجزیه تابع تشخیص در تشخیص تنوع درون گونه‌ای نتایج بهتری را نسبت به تجزیه خوشه‌ای ارائه نمود.

منابع

Ahmadian M, Ahmadian-Tehrani P, Omidi M, Davoudi D (2005) Study of intra-specific karyotype variation in Aegilops triuncialis at northwest of Iran. Iranian Journal of Agricultural Science 36: 969-977 (In Farsi).

Al-Mashhadani AN, Solimana AS, Al- Shehbaza IA (1978) Karyotype Analysis of Some Diploid Aegilops Species Native to Iraq. Caryologia 31: 299-303.

Badaevaa ED, Dedkovab OS, Pukhalskiyb VA andZelenina AV (2012) Cytogenetic comparison ofN_Genome *Aegilops* L. Species. Russian Journal of Genetics 48: 522-531.

Baum BR, Edwards T, Johnson DA (2009) Phylogenetic relationships among diploid *Aegilops* species inferred from 5S rDNA units. Molecular Phylogenetics and Evolution 53: 34-44.

Borem A, Fritch-neto R (2014) Biotechnologye and plant breeding. Academic Press is an imprint of Elsevier Pp19-45.

Ehtemam MH, Rahiminejad MR, Saeidi H,Ebrahim F (2014) Phylogenetic comparison of the A genome using karyotype analysis in some *Triticum* species. Taxonomy and Biosystematics 21: 11-20.

Feridooni L, Mehrabi AA, Safari H (2017) Study of karyotypic relationships of D, S and U genomes of *Aegilops* with A genome of *Triticum*. Journal of Genetics 3: 397-409 (In Farsi).

Golovnina KA, Glushkov SA, Blinov AG, Mayoro VI, Adkison LR Goncharov NP (2007) Molecular phylogeny of the genus *Triticum* L. Plant Systematics and Evolution 264: 195-216.

Ghorbani-Sini F, Arzani A (2015) Karyological studies in Triticum monococcum subsp. aegilopoides and Aegilops cylindrica species grown wild pairwise in west Iran. Rostaniha 16: 164-173 (In Farsi).

Hilu KW(2004) Phylogenetics and chromosomal evolution in the Poaceae (Grasses). Australian Journal of Botany 52: 13-22

Jaffar_Aghaei M, Naghavi MR, Talaeei AR, Omidi M, Mozafari J (2007) A study of chromosome homology between three Iranian *Aegilops* species with D genome and bread wheat (*T. aestivum*). Iranian Journal of Rangelands Forests Plant Breeding and Genetic Research 2: 95-112 (In Farsi).

Jafar-Aghaei M, Vaezi Sh, Ebrahimi MA, Tavakoli M (2013) Karyotype characteristics in some species from Iranian Agilops collection. Iranian Journal of Field Crop Science 44: 441-453 (In Farsi).

Karimiafshar N, Dashti H, Mohamadi mirik AA, Arab bagi M (2015) Cytogenetical and morphological diversity of wild types of wheat. Modern Genetics Journal 11: 437-448 (In Farsi).

Karimzadeh Gh, Ashkani S, Ahmadian-Tehrani P, Davoudi D, Mirza-Ghaderi Gh (2008) Cytogenetic studies of some Iranian wild wheat species (*Aegilops*) and OR banding. Iranian Journal of Field Crop Science 2: 305-313 (In Farsi).

Kharazian N (2008) Chemotaxonomics studies on *Aegilops* L. (Poaceae) in Iran. Pakistan Journal of Biological Sciences 11: 1204-1211.

Kilian B, Mammen K, Millet E, Sharma ., Graner A, Salamini F, Hammer KOzkan H (2011) *Aegilops*, Wild Crop Relatives, Genomic and Breeding Resources, Cereals. Springer 1-76.

Levan A, Fedga K, Sandberg AA (1964) Nomenclature for centrometric position on chromosomes. Hereditas 52: 201.

Linnaeus C (1753) *Species plantarum*, exhibentes plantas rite cognitas, ad genera relatas, cum differentiis specificis, nominibus trivialibus, synonymis selectis, locis natalibus, secundum systema sexuale digestas 2: 561-1200.

Romero-Zarco C (1986) A new method for estimating karyotype asymmetry. Taxon 35: 526-530.

Sasanuma T, Chabane K, Endo TR, Valkoun J (2004) Characterization of genetic variation in and phylogenetic relationships among diploid *Aegilops* species by AFLP, incongruity of chloroplastand nuclear data. Theoretical and Applied Genetics 108: 612-618.

Sliai AM,Amer SAM (2011) Contribution of chloroplast DNA in the biodiversity of some *Aegilops* species. African Journal of Biotechnology 10: 2212-2215.

Solouki M, Emam Jomeh AA,Taheri N, Tahernezhad Z, Sahebi M (2007) Determination of genetic diversity in populations of Iranian Aegilops tauschii using karyotypic studying. Modern Genetics Journal 2: 43-51.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]

Stebbins GL (1971) Chromosomal evoloution in higher plants. Edward Arnold Publisher, London 216 p

Van-Slageren MW (1994) Wild wheats, a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. &Spach) Eig (Poaceae). Joint publication of ICARDA, Aleppo, Syria and Wageningen Agricultural University, The Netherlands.

Zhang W, Qu LJ, Gu H, Gao W, Liu M, Chen J, Chen Z (2002) Studies on the origin and evolution of tetraploid wheats based on the internal transcribed spacer (ITS) sequences of nuclear ribosomal DNA. Theoretical and Applied Genetics 104: 1099-1106.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-26]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1399.15.4.3.0]