ژنتیک نوین
دوره پنجم، شماره ٤، زمستان ١٣٨٩
صفحه ٣٧-٣١

مطالعه سیتولوژیکی برخی از گونه‌های زیر جنس بادام (*Amygdalus* spp.)

رضا توکلی‌بنیزی[1]*، عیسی ظریفی[2]، علی ایمانی[3]، موسی رسولی[4]، محمد جعفرآقایی[5]

١- دانشجوی دکترای اصلاح نباتات دانشگاه آزاد اسلامی واحد علوم تحقیقات تهران
٢،٣و٥- اعضای هیئت علمی بخش تحقیقات باغبانی مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر
٣- دانشجوی دکترای باغبانی دانشگاه تهران
٥- استادیار و عضو هیات علمی دانشگاه آزاد اسلامی واحد کرج
* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: rtavakoli61@gmail.com

(تاریخ دریافت: - تاریخ پذیرش:)

چکیده

به منظور بررسی روابط خویشاوندی چهار گونه از زیر جنس بادام (*Amygdalus* spp)، [*A. eleaegnifolia* Spach و *A. corduchorum* Bornm, *A. orientalis* Duh, *Amygdalus communis* L.] مطالعات کاریوسیستماتیکی با استفاده از سلول‌های مریستم ریشه چه انجام شد. در هر نمونه ده صفحه متافازی مناسب که مورفولوژی کروموزم‌ها کاملاً واضح بود انتخاب و عکسبرداری شد. کاریوتیپ استاندارد برای گونه‌ها و جمعیت‌ها به‌طور جداگانه تهیه و پارامترهای کروموزمی شامل طول کروموزم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، نسبت بازوها، نسبت کروموزم‌ها اندازه‌گیری شد. تمامی صفات در گونه‌های مختلف تفاوت معنی‌داری نشان دادند. تمام گونه‌های مورد مطالعه دیپلوئید، تعداد کروموزم‌ها در تمام گونه‌ها ٢n=١٦ و عدد پایه کروموزمی در آنها X=8 بودند. اندازه متوسط طول کروموزم‌ها در گونه‌های مورد مطالعه ٢/٢٣±٠/٠٤ میکرومتر بود. در تمامی گونه‌ها، بین کروموزم‌های مختلف از نظر صفات سیتولوژی اندازه‌گیری شده تفاوت معنی‌دار وجود داشت. در ارزیابی تشابه گونه‌ها بر اساس صفات سیتولوژیک گونه اهلی *A. communis* L. با گونه *A. orientalis* Duh بیشترین شباهت را داشت. این در حالی بود که دو گونه *A. eleaegnifolia* Spach و *A. corduchorum* Bornm نیز با یکدیگر بیشترین شباهت را دارا بودند. در نهایت گونه‌ها از نظر سیتولوژیکی در دو گروه طبقه‌بندی شدند.

واژه‌های کلیدی

بادام،
سیتوژنتیک،
کروموزم،
کاریوتیپ

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]

مقدمه

بادام از خانواده گل سرخ[1]، زیر خانواده Prunoideae، جنس *Prunus* و زیر جنس *Amygdalus* می‌باشد که تاکنون بیش از ۳۰ گونه آن در چهار ناحیه جغرافیایی شناسایی شده‌اند (ثابتی، ۱۳۸۲). جنس *Prunus* دارای سه زیر جنس *Amygdalus* (بادام و هلو)، *phoronopora* (آلو و زردآلو) و *Cerasus* (گیلاس و آلبالو) است. (مظفریان، ۱۳۸۴. ثابتی، ۱۳۸۲). سیر تکاملی این گونه‌ها بیشتر در نواحی نیمه خشک و استپی بوده است (Grigorian, 1972). استفاده از پایه‌های وحشی در مقایسه با پایه‌های اهلی با توجه به سازگاری بالای آنها به خصوص در شرایط نامساعد محیطی مورد توجه می‌باشد (ایمانی، ۱۳۷۹). تحقیقات سیتوتاکسونومیکی، علاوه بر مشخص کردن قرابت و ارتباط بین گونه‌ها، می‌تواند اطلاعات با ارزشی در مورد خزانه ژنی موجود در کشور به منظور بهره‌گیری در بانک ژن فراهم آورد (بخشی خانیکی، ۱۳۸۳; Lewis, 1980). کروموزم‌ها عوامل مناسبی در روند تکاملی گیاهان محسوب می‌شوند (احمدیان تهرانی، ۱۳۷۶). به کمک اطلاعات کروموزمی امکان مقایسه گونه‌ها و جمعیت‌های آنها فراهم می‌گردد. تفاوت کروموزمی با اختلافات مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و اکولوژیکی متفاوت است زیرا این اختلافات نشان دهنده تفاوت در محصولات عمل ژن است که در اثر عوامل محیطی تغییر می‌کند، در حالی‌که اختلافات کروموزمی کم و بیش ناشی از محتویات ژنتیکی افراد می‌باشد. اختلاف در اندازه کروموزم می‌تواند بیانگر تفاوت‌های موجود در محصولات ژنی یا پروتئین‌هایی می‌باشد که فرد تولید می‌کند یا می‌تواند نشان دهنده مضاعف شدن ژن‌هایی باشد که می‌تواند روی میزان سنتز انواع پروتئین‌ها اثر بگذارد. تفاوت‌های موجود در مورفولوژی کاریوتیپ نشان دهنده اختلافات در آرایش ژن است که می‌تواند به‌طور موثر بر روی روشی که ژن در وراثت مندلی تفرق و نوترکیبی حاصل می‌کند اثر بگذارد (بخشی خانیکی، ۱۳۸۳ ; Stebbins ,1971 ; Stuessy ,1990). مطالعات کروموزمی بر روی گونه‌های مختلف جنس *Prunus* نشان داد که تعداد کروموزم در آنها ۲n=۲x=۱۶ می‌باشد (توکلی و همکاران، ۱۳۸۸ ;Tavakoli *et al*. 2009; Hoshmand *et al*. 2009; Kliphuis and Barkoudah, 1977; Gomez *et al*. 2005 Singh *et al*. 1984; Soodan *et al*., 1988; Yamamoto *et al*., 1984). مطالعه گومز و همکاران (۲۰۰۵) بر روی *A. communis* L.، تعداد کروموزم‌ها را ۲n=۱۶ تعیین کردند. همچنین کروموزم‌های مطالعه شده به‌صورت متقارن و متاسانتریک گزارش گردید. نتایج مطالعه توکلی وهمکاران (توکلی و همکاران، ۱۳۸۸ ;Tavakoli *et al*. 2009) از مطالعه بر روی سه گونه بادام [*A. lycioides* spach , *A. communis* L.] و *A. trichamygdalus* woronow] و یک گونه هلو [*A. persica* L.] نشان داد که تمامی گونه‌های مطالعه شده دارای ۲n=۲x=۱۶ کروموزم بودند و به لحاظ تشابه کاریوتیپیکی دو گونه *A. communis* L. و *A. lycioides* spach در یک مجموعه و دو گونه *A. trichamygdalus* woronow و *P. persica* L. در مجموعه دیگر کلاستر شدند. هوشمند و همکاران (۲۰۰۹) گزارش کوتاهی از مطالعه کاریوتیپیکی گونه *A. scoparia* spach که تعداد کروموزم‌های آن ۲n=۱۶ ارایه کردند. وضعیت کاریوتیپی کروموزم‌های این‌گونه به‌صورت چهار کروموزم متاسانتریک، دو کروموزم ساب متاسانتریک، یک کروموزم تلوسانتریک و یک کروموزم دارای ماهواره گزارش گردید. سرخه و همکاران (۲۰۰۷)، آزمایشی جهت تعیین وارزیابی درجه شباهت ژنتیکی بر روی ۴۵ رقم از بادام به همراه ۹ گونه وحشی بادام، بر اساس صفات زمان گلدهی، زمان رسیدگی و خودناسازگاری با استفاده از مارکر AFLP انجام دادند. نتایج به‌دست آمده نشان داد که سه گونه *A. communis* L.، *A. orientalis* Duh، و *A. scoparia* spach نسبت به سایر گونه‌ها نزدیکتر بودند.

مواد و روش‌ها

چهار گونه گیاهی بادام جمع‌آوری شده از نواحی مختلف ایران مورد استفاده قرار گرفت و از هر گونه ۱۰ نمونه جهت انجام مطالعات سیتولوژی انتخاب گردید (جدول۱).

[1] Rosaceae

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]

جدول۱- اسامی گونه‌های مورد مطالعه در تحقیق حاضر

محل جمع آوری	نام محلی	نام علمی
فریدون شهر	بادام شیرین،بادام معمولی	*Amygdalus communis* L.
کرج- ارتفاعات البرز	بادام شرقی ، بخورک	*A. orientalis* Duh
استان اصفهان	بادام رواندوزی ، چغالک	*A. corduchorum* Bornm
کرج	بادام کرمانی ، بادام برگ سنجدی	*A. eleaegnifolia* Spach

ابتدا بذور در آب مقطر به مدت ۲۴ ساعت خیسانده و سپس در داخل گلدان‌هایی دو طبقه (به صورت تو در تو و گلدان بالایی فاقد انتها) جهت تسهیل در نمونه‌برداری نوک مریستم ریشه کاشته شدند. از هر گونه، ۱۰ نمونه جهت بالا بردن دقت انتخاب گردید. پس از تهیه مریستم‌های نوک ریشه، ریشه‌ها با محلول ۰/۰۰۲ M ۸- هیدروکسی کینولین[2] به مدت سه ساعت در درون یخچال (٤ ^{0}C) پیش تیمار شدند. پس از خارج کردن ریشه چه‌ها از محلول پیش تیمار، این ریشه چه‌ها بلافاصله به مدت نیم ساعت با آب مقطر شستشو داده شده و سپس در محلول لویتسکی (یک قسمت اسید کرومیک ۱٪ و یک قسمت فرمالدئید ۱۰٪) به مدت ٤٨-٣٦ ساعت در شرایط یخچال (٤ ^{0}C) نگه داشته شدند تا کروموزم‌ها تثبیت شوند. سپس ریشه‌ها به مدت ۳ ساعت در زیر آب جاری شستشو داده شدند. در زمان مطالعه، برای هیدرولیز ریشه‌چه‌ها از محلول هیدروکسید سدیم یک نرمال به مدت ۱۰ دقیقه در دمای اتاق استفاده شد. پس از پایان این مدت ریشه چه‌ها به مدت نیم ساعت با آب مقطر شستشو داده شدند. پس ازمرحله هیدرولیز، ریشه چه‌ها با استفاده از استوایرون هماتوکسیلین[3] مطابق روش آقایف (Agayev,2002; Agayev, 1998) رنگ‌آمیزی شدند. سپس نمونه‌ها در دمای ۳۵-۳۰ درجه سانتیگراد به مدت ١٦ ساعت نگهداری شدند. برای حل شدن دیواره سلول‌ها از آنزیم سیتاز بمدت دو ساعت در دمای اتاق استفاده شد. در مرحله اسکواش برای تهیه نمونه، اسید استیک ٤٥٪ روی یک لام ریخته و لامل روی آن گذاشته شد. سپس برای دایمی‌کردن نمونه‌ها از ازت مایع به مدت ۵-۳ دقیقه استفاده شد. پس از بیرون آوردن لام از ازت مایع وجدا کردن لامل از لام چند قطره چسب انتلان روی لام ریخته و سپس لامل تمیزی روی نمونه قرار داده شد و نمونه‌ها جهت عکسبرداری آماده گردید. اندازه‌گیری کروموزم‌های بدست آمده از عکسبرداری با استفاده از نرم‌افزار میکرومیژر و اکسل صورت گرفت. تجزیه پارامترهای بدست آمده از کروموزم‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای مینی تب و SPSS انجام شد ودر نهایت طراحی کاریوگرام کروموزم‌ها با استفاده از اکسل صورت گرفت.

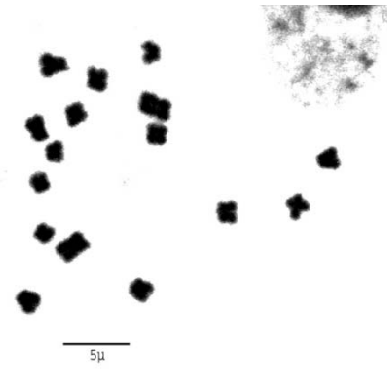
[2] 8-Hydroxyquinolin
[3] Aceto-Iron-Hematoxline

نتایج و بحث

نوع کروموزم‌ها از لحاظ محل سانترمر و همچنین تعداد ماهواره‌ها در گونه‌های مطالعاتی به‌عنوان یک کلید جهت تمایز گونه‌ها از هم استفاده شده است. بررسی‌های سیتولوژیکی نشان داد که ۴ گونه زیرجنس بادام *A. corduchorum* Bornm, *A. communis* L. و *A. orientalis* Duh, *A. eleaegnifolia* Spach همگی دیپلوئید و دارای 2n=2x=16 کروموزم بودند (شکل۱) که موافق با گزارش‌های قبلی (توکلی و همکاران، ۱۳۸۸ Tavakoli *et al.* 2009; Gomez *et al.*, 2005; Hoshmand *et al.*, 2009;) است. نتایج حاصل ازبررسی‌های کروموزمی گونه‌های مورد مطالعه در جداول ۲ و ۳ و شکل‌های ۱ و ۲ ارایه شده است. در مطالعه کاریوتیپی گونه *A. communis* L. از مجموع ۸ کروموزم (جفتی)، یک کروموزم بزرگ مشاهده گردید. ماهواره‌ها فقط بر روی کروموزم شماره ۲ واقع در انتهای بازوی کوتاه مشاهده گردید (شکل۲). کروموزم‌های شماره ۴ و ۷ به صورت ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزم‌ها به صورت متاسانتریک دیده شدند (جدول۲). نتایج به دست آمده با نتایج گومز و همکاران به لحاظ تعداد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]

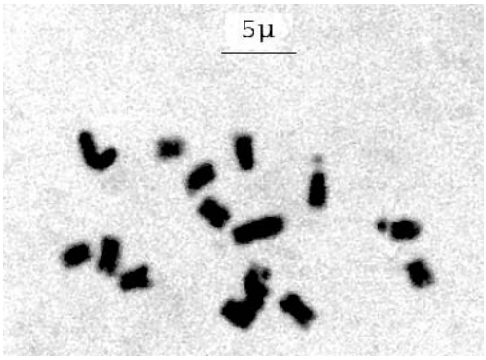
کروموزم‌ها (۲n=۱۶) مطابقت داشته ولی به لحاظ تقارن کاریوتیپی متفاوت می‌باشد (Gomez *et al*., 2005). دامنه اندازه کروموزم‌ها از ۲/۶۸–۱/۵۱ میکرومتر متغیر بود. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۱/۹۲ میکرومتر و میانگین نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۳۹ میکرومتر برآورد گردید (جدول۳). در مطالعه گونه *A. orientalis* Duh از مجموع هشت کروموزم، یک ماهواره (کروموزم شماره ۲) و یک کروموزم ساب‌متاسانتریک (واقع در کروموزم شماره ۵) مشاهده شد و بقیه کروموزم‌ها متاسانتریک بودند (جدول۲ و شکل۲). در این گونه کروموزم شماره یک دارای کروموزم‌های بزرگ‌تری نسبت به سایر کروموزم‌های آن می‌باشند. دامنه اندازه کروموزم‌ها بین ۲/۹۲–۱/۴۲ میکرومتر متغیر بود. میانگین طول کروموزم‌ها ۲/۰۳ میکرومتر و میانگین نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این‌گونه ۱/۲٤ میکرومتر برآورد گردید (جدول۳). در مطالعه گونه *A. eleaegnifolia* Spach از مجموع ۸ کروموزم، دو ماهواره بر روی کروموزم‌های شماره ۲ و ۳ مشاهده گردید و تمامی کروموزم‌های آن متاسانتریک بودند (جدول۲ و شکل۲). دامنه اندازه کروموزم‌ها بین ۳/٦۷–۱/۵ میکرومتر متغیر بود. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۲/۳۷ میکرومتر و میانگین نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۵۶ میکرومتر برآورد گردید (جدول۳). در مطالعه گونه *A. corduchoum* Bornm ماهواره‌ها بر روی دو کروموزم (بر روی جفت کروموزم‌های شماره ۲ و ۳ واقع در انتهای بازوی کوتاه) قرار داشتند (شکل۲). همچنین کروموزم شماره ۶ به صورت ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزم‌ها به‌صورت متاسانتریک بودند (جدول۲). دامنه اندازه کروموزم‌ها از ۳/۷۳–۱/۸۶ میکرومتر متغیر بود. میانگین طول کروموزم‌های ۲/۵۸ میکرومتر و میانگین نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این‌گونه ۱/۳۷ میکرومتر برآورد گردید (جدول۳).



A. communis L.

A. corduchorum Bornm

A. eleaegnifolia Spach

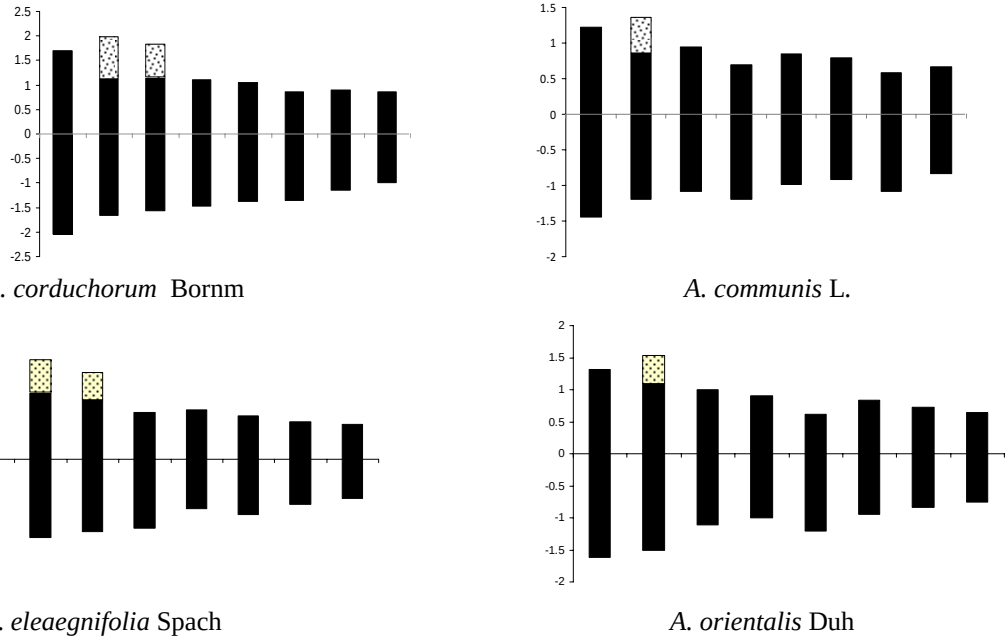


A. orientalis Duh

شکل۱– متافازهای میتوز مربوط به گونه‌های جنس بادام (*Amygdalus* spp.)

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]



A. corduchorum Bornm

A. communis L.

A. eleaegnifolia Spach

A. orientalis Duh

شکل۲- ایدیوگرام متافاز میتوزی و محل قرارگیری ماهواره در گونه‌های جنس بادام (*Amygdalus* spp.)

جدول۲- تعداد کروموزم و تشریح کاریوتیپ بر اساس دسته بندی لوان[1] (Levan *et al*. 1964) در چهار گونه از زیر جنس *Amygdalus* spp.

گونه	تعداد کروموزم	کاریوتیپ	دامنه طول(میکرومتر)
A. communis L.	۱٦x=۲n=۲	sm۲m(sc[2])+۱m+۵	۲/٦۸-۱/۵۱
A. corduchorum Bornm	۱٦x=۲n=۲	sm۱m(sc)+۲m+۵	۳/۷۳-۱/۸۶
A. eleaegnifolia Spach	۱٦x=۲n=۲	m(sc)۲m+۶	۳/۶۷-۱/۵
A. orientalis Duh	۱٦x=۲n=۲	sm۱m(sc)+۱m+٦	۲/۹۲-۱/۴۲

۱- بر اساس روش لوان هر گاه نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه بالاتر از ۱/۷ باشد نوع کروموزم ساب متاسانتریک و در صورتیکه نسبت کمتر از ۱/۷ باشد نوع کروموزوم متاسانتریک می‌باشد

۲- secondry constriction

جدول۳- صفات سیتولوژیکی اندازه‌گیری شده در برخی از گونه‌های زیر جنس *Amygdalus* spp.

گونه	مجموع اندازه کروموزم‌ها (هاپلوئید)(میکرومتر)	بازوی بلند (میکرومتر)	بازوی کوتاه (میکرومتر)	نسبت بازو (L/S) (میکرومتر)	شاخص سانترومری CI (میکرومتر)	درصد بازوی بلند L% (میکرومتر)	درصد بازوی کوتاه S% (میکرومتر)
A. communis L.	۱۵/۳٦±۰/٤۸	۱/۹۲±۰/۰۳	۱/۰۹±۰/۰۳	۱/۳۹±۰/۰۲	٤۲/۸۲±۰/٦۹	۵٦/۷۷±۰/۵٤	٤۳/۲±۰/٤۵
A. eleaegnifolia Spach	۲۰/٦٤±۰/٦٤	۱/۲۹±۰/۰۴	۱/۰۸±۰/۰۴	۱/۵٦±۰/۰۵	٤۱/۰۵±۰/۶۴	۵٤/۲±۰/۵۱	٤۵/۷±۰/۵۱
A. orientalis Duh	۱٦/۲٤±۰/۷۱	۱/۰۸±۰/۰۵	۰/۹٦±۰/۰۴	۱/۲٤±۰/۰۴	٤۵/۳۲±۰/۵۵	۵۳/۲±۰/۵۶	٤٦/۸±۰/۴۸
A. corduchorum Bornm	۲۰/٦٤±۰/۵۶	۲/۵۸±۰/۰۴	۱/٤۵±۰/۰۳	۱/۳۷±۰/۰۴	٤۲/٦±۰/۴۵	۵٤/۰٦±۰/۴۸	٤۵/۹٤±۰/۵۳

L/S= نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزم ; CI=(S/L+S ×100) ; L%, S% = L/ (L+S) ×100 شاخص‌هایی جهت تعیین سهم هر بازوی کروموزم به طول کروموزم نشان می‌دهد.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]

برای گروه‌بندی گونه‌های مورد مطالعه، بر اساس آنالیز صفات مورد بررسی (طول کروموزم، بازوی بلند، بازوی کوتاه، نسبت بازوها و شاخص کروموزمی) از روش تجزیه خوشه‌ای (کلاستر) استفاده شده است (شکل۴). گونه‌های مورد بررسی با توجه به تجزیه خوشه‌ای و مقایسه میانگین‌های صفات مورد بررسی در دو گروه مجزا تقسیم شدند (جدول٤). در گروه اول گونه‌های *A. communis* L. و *A. orientalis* Duh و در گروه دوم گونه‌های *A. corduchorum* Bornm و *A. eleaegnifolia* Spach قرار گرفتند.

گونه‌های *A. communis* L. و *A. orientalis* Duh از نظر طول کروموزم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و شاخص سانترومری در یک زیر گروه قرار گرفتند و در صفت نسبت بازوها نزدیک به هم هستند (جدول۴). همچنین، *A. communis* L. که یک گونه اهلی می‌باشد این احتمال می‌رود که اجداد آن *A. orientalis* Duh باشد یا اینکه دارای خاستگاه مشترک باشند. نتایج به‌دست آمده در مقایسه با نتایج پیشین (توکلی و همکاران، ۱۳۸۸) که بر روی سه گونه بادام *Amygdalus lycioides* Spach, *A. communis*L., *A. trichamygdalus* Woronow , و هلو *Prunus persica* L. صورت گرفت که طی آن *A. lycioides* Spach در صفاتی نظیر شاخص سانترومری و بازوی نسبی با گونه اهلی (*A. communis* L.) در یک مجموعه قرار گرفتند در حالی‌که در این مطالعه *A. orientalis* Duh در تمامی صفات کروموزمی (طول کروموزم، بازوی بلند، بازوی کوتاه، نسبت بازوها و شاخص کروموزمی) با گونه اهلی در یک زیر گروه قرار گرفته و تجزیه کلاستر به‌دست آمده قرابت نزدیکتری بین این دو گونه (*A. orientalis* Duh و *A. communis* L.) نسبت به *A. lycioides* Spach, *A. communis*L. نشان می‌دهد. به نظر می‌رسد با توجه به اینکه تحقیقات سیتوتاکسونومیکی، می‌تواند کلیدی جهت مشخص کردن قرابت و ارتباط بین گونه‌ها باشد و با توجه به اهمیت پایه‌های بادام برای پیوند با گونه‌های اهلی، تشابه کروموزمی دو گونه یاد شده ممکن است بیانگر تشابهات ژنی آنها نیز باشد. نتایج به‌دست آمده با نتایج سرخه و همکاران (Sorkheh *et al.*,2007) مطابقت دارد. از این رو استفاده از *A. orientalis* Duh نسبت به *A. lycioides* Spach به عنوان یک پایه، جهت پیوند با گونه اهلی (*A. communis* L.) می‌تواند مناسب‌تر باشد. از طرف دیگر تجزیه خوشه‌ای بیانگر قرابت گونه‌های *A .corduchorum* Bornm و *A. eleaegnifolia* Spach می‌باشد، به‌طوری که از نظر طول بازوی کوتاه در یک زیر گروه قرار می‌گیرند و از نظر طول کروموزم و طول بازوی بلند نزدیک به هم هستند (جدول۴). با افزایش اختلافات سازشی ممکن است گونه‌های جدید در رویشگاه‌های گیاهی به‌وجود آیند. با توجه به دو کلاس به‌دست آمده، از تلاقی گونه‌های گروه اول (*A.communis* L. و *A. orientalis* Duh) با گونه‌های موجود در کلاس دوم (*A .corduchorum* Bornm و *A. eleaegnifolia* Spach)، از تنوع و هتروزیس ایجاد شده در برنامه‌های اصلاحی و تولید گونه‌هایی با خصوصیات جدید استفاده کرد (شکل۴).

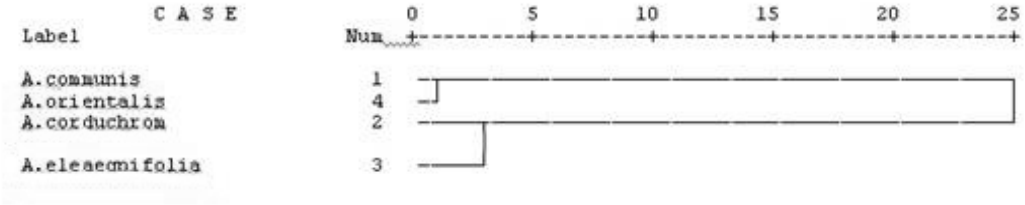
جدول٤- مقایسه میانگین صفات کروموزمی در برخی از گونه‌های زیر جنس بادام(*Amygdalus* spp.)

گونه	طول کل کروموزم (میکرومتر)	بازوی بلند (میکرومتر)	بازوی کوتاه (میکرومتر)	نسبت بازوها (میکرومتر)	شاخص سانترومری (میکرومتر)
A. communis L.	a۱/۹۲±۰/۰٦	a۱/۹۲±۰/۰۳	a۱/۰۹±۰/۰۳	ab۱/۳۹±۰/۰۲	a۴۲/۸۲±۰/۶۹
A. orientalis Duh	a۲/۰۳±۰/۰۹	a۱/۰۸±۰/۰۵	a۰/۹٦±۰/۰۴	a۱/۲٤±۰/۰۴	a۴۵/۳۲±۰/۵۵
A. eleaegnifolia Spach	b **۲/۳٦**±۰/۰۸	b۱/۲۹±۰/۰۴	b۱/۰۸±۰/۰۴	c۱/۵٦±۰/۰۵	a٤۱/۰۵±۰/۶۴
A.corduchorum Bornm	c**۲/۵۸**±۰/۰۷	c۱/٤۵±۰/۰۴	c۱/۰۹±۰/۰۳	ab**۱/۳۷**±۰/۰۴	a٤۲/٦±۰/۴۵

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]

شکل٤- دندروگرام گونه‌های مطالعاتی بادام بر اساس روش وارد



منابع

۱. احمدیان تهرانی، پ. ۱۳۷۶. سیتوژنتیک کروموزم در حال تقسیم، توارث و تکامل. انتشارات دانشگاه تهران. صفحه ۴۱۵.

۲. ایمانی، ع. ۱۳۷۹. اصلاح بادام. انتشارات فرهنگ معاصر. صفحه۱۵۸-۱۶۱.

۳. توکلی بنیزی، ر. ایمانی، ع. ظریفی، ع. جعفرآقایی، م. محمدی، ع. ۱۳۸۸. مطالعه کاریوتیپی چهار گونه از زیر جنس بادام. دو فصلنامه علمی- پژوهشی ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی وجنگلی ایران. جلد ۱۷، شماره۲، صفحه ۳۰۴-۳۱۲.

۴. ثابتی ، ح. ۱۳۸۲. جنگل‌ها و درختچه‌های ایران. مرکز انتشارات دانشگاه علوم و صنعت ایران. صفحه۵۰۱-۵۰۶.

۵. بخشی خانیکی، غ. ۱۳۸۳. سیتوژنتیک گیاهی. انتشارات پیام نور. صفحه ۳۱۳-۳۱۷.

۶. مظفریان، و. ۱۳۸۴. درختان و درختچه‌های ایران. انتشارات فرهنگ معاصر. صفحه۶۴۴.

7. Agayev, Y .M., 1998 . Advanced squash methods for investigation of plant chromosomes .Fourth Iranian Congress on Crop Production and Breeding Science , Isfahan University of Technology , Isfahan ,Iran ,PP. 1-20.

8. Agayev, Y.M., 2002. New features in karyotype structure and origin of saffron , *Crocus sativus* L. Cytologia , 67 : 245-252 .

9. Gomez, M.R., Sanchez-Perez, Y., Vaknin, F., Dicenta, T.M., Gradziel, A., 2005.Short Communication Improved technique for counting chromosome in Almond. Scientia Horticuturae 105:139-143.

10. Grigorian,V., 1972. L'embryogenèse chez l'Amandier (*Prunus amygdalus* Batsch) étude comparé de la dormances des graines et de la dormances des bourgerons végétatifs. Ph.D. Dissertation. University of Bourdeaux,Bourdeaux, France, 144 pp.

11. Houshmand, S., Yousefzadeh, K., Madani, B., 2009. Karyotype Analysis in Wild Almond (*Prunus scoparia*). V International Symposium on Pistachios and almonds. Sanliurfa-Turkey (Abst.).

12. Kliphuis, E., Barkoudah, Y.I., 1977. Chromosome number in some syrian angiosperms. Acta Bot. Neerland 26,239–249.

13. Leaven, A., Fredga, K., Sandberg, A., 1964. Nomeclature for centromic Position on chromosomes .Hereditase.52(2)201-220.

14. Lewis, H.L., 1980. Polyploidy in species. In: W.H. Lewis (ed). Polyploidy. Basic Life Science .PP:43-45.

15. Singh, R., Singh, A., Koul, A.K.,Wafai, B.A., 1984. Chromosome inventory of some Rosaceous fruits cultivars of Kashmir Valley. Chrom. Inform. Serv. 36, 7–9.

16. Soodan, A.S., Koul, A.K.,Wafai, B.A., 1988. Assessment of the germplasm of Rosaceous fruits under cultivation in Kashmir Valley II. Meiotic system and pollen production in almond, peach and their hybrids. Cytologia 53, 665–670.

17. Sorkheh, K., Shiran, B. M., Gradzie, T.l., Epperson,B. K., Gómez, P.M., Asadi E., 2007. Amplified fragment length polymorphism as a tool for molecular characterization of almond germplasm. Springer Netherlands.156:327-344

18. Stebbins, G.L., 1971. Chromosomal evolution in higher plants. Edward Arnold,London. PP: 121-124.

19. Stuessy, T.F., 1990. Cytology, Genetics and cytogenetics in plant taxonomy. Cloumbia University press, New York. PP:184-189.

20. Tavakoli, R., Zarifi, E., Imani, A., Jafaraghaee, M., 2009. Investigation of cytogenetic in some of almond species and peach in Iran. V International Symposium on Pistachios and almonds. Sanliurfa-Turkey (Abst.).

21. Yamamoto, M., Haji, T., Yamaguchi, Y.H., Sanada, T., Kurdo, K., Mase, N.,1999. Fluorescent banding pattern of peach [*A. persica* (L.) Batsch] chromosomes. J. Jpn. Soc. Hort. Sci. 68: 471–475.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2025-07-02]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1389.5.4.5.2]