ژنتیک نوین
دوره دوازدهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۶
صفحه ۴۰۹ - ۳۹۷

بررسی روابط کاریوتیپی بین ژنوم‌های D، S، U در آژیلوپس با ژنوم A در گندم

Study of karyotypic relationships of D, S and U genomes of Aegilops with A genome of Triticum

لیدا فریدونی[۱]، علی اشرف مهرابی*[۱]، هوشمند صفری[۲]

۱- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ایلام، ایران

۲- بخش تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه، ایران

Feridooni L[1], Mehrabi AA[*1], Safari H[2]

1- MSc Student, Associate Professor, College of Agriculture, Ilam University, Iran
2- Research Department of Forests and Rangelands, Kermanshah Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Kermanshah, Iran

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

(تاریخ دریافت: ۹۵/۹/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳۱)

چکیده

روابط بین چهار ژنوم D، S، U و A با استفاده از ۳۰ جمعیت از شش گونه دیپلوئید گندم و آژیلوپس بر اساس خصوصیات کاریوتیپی مورد بررسی قرار گرفت. برای هر جمعیت، کاریوتیپ پنج سلول متافازی تهیه و صفات کاریوتیپی ارزیابی شد. ژنوتیپ‌های مورد بررسی دارای کاریوتیپ تقریبا متقارنی بودند. صفات کاریوتیپی به‌خوبی تنوع بین گونه‌ای را نشان دادند. تنوع درون گونه‌ای در بین جمعیت‌های هر گونه مشاهده شد. تجزیه خوشه‌ای برای گونه‌ها نشان داد که گونه‌ها تفکیک شدند، اما گونه‌های جنس *Triticum* از جنس *Aegilops* کاملا تفکیک نشد و گونه *Ae. umbellulata* فاصله زیادتری با دیگر گونه‌های جنس *Aegilops* نشان داد، هم‌چنین در نمودار تجزیه خوشه‌ای دو گونه جنس *Triticum* با گونه *Ae. speltoides* در فاصله نزدیک‌تری تفکیک شدند، تجزیه به مولفه‌ها نشان داد که تنوع بین گونه‌ای بیش‌تر بر اساس عدم تقارن درون کروموزومی و میزان کروماتین بود که بر این اساس گونه *Ae. umbellulata* دارای بیش‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و کم‌ترین میزان کروماتین بود. از طرف دیگر گونه‌های *Ae. speltoides*، *T. urartu* و *T. boeticum* دارای کم‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و بیش‌ترین میزان کروماتین بودند. طول کل کروموزوم و عدم تقارن بین کروموزومی عامل تنوع درون گونه‌ای بودند. در مجموع بر اساس خصوصیات کاریوتیپی ژنوم U دارای بیش‌ترین فاصله با ژنوم A و ژنوم S دارای بیش‌ترین شباهت با ژنوم A بودند ژنوم D نیز شباهت متوسطی با ژنوم A نشان داد.

واژه‌های کلیدی

ژنوم
سیتوژنتیک
گندم
گندم نیای وحشی

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

مقدمه

خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی بخش مهمی از نمونه‌های گیاهی ارزنده فلور هر کشور را تشکیل می‌دهند و معمولا به‌عنوان منابع و مخازن ژنی محسوب می‌شوند (Omid Bakhsh Fard et al. 2009). آژیلوپس‌ها از خویشاوندان نزدیک گندم بوده و از اجداد وحشی گندم محسوب می‌شوند. این منابع ژنتیکی برای اصلاح گندم دارای اهمیت بوده و بهره‌برداری از آن‌ها در اصلاح نباتات موجب بهبود کمیت و کیفیت ارقام زراعی خواهد شد (Hosseini et al. 2013).

در جنس آژیلوپس با انجام تلاقی‌های بین گونه‌ای، تعداد نه گونه‌ی دیپلوئید با ۲n=۲x=۱٤ کروموزوم به‌عنوان شناساگر[1] شناسایی شده‌اند (Gale and Miller 1987). این نه گونه در سه گروه دسته‌بندی شده‌اند. گروه اول با ژنوم C شامل گونه‌های *Ae. caudate* و *Ae. umbellulata* به‌ترتیب دارای ژنوم‌های CC و C^uC^u می‌باشند. بعدا ثابت شد، ژنوم C از C^u جدا بوده و به همین دلیل نشانه ژنومی U برای *Ae. umbellulata* به‌کار برده شد. گروه دوم حاوی ژنوم M بودند که شامل گونه‌های *Ae. comosum*، *Ae. uniaristata*، *Ae. mutica* و *Ae. squarrosa* به‌ترتیب با فرمول ژنومی MM، M^uM^u، M_tM_t و DD می‌باشند، که در مراحل بعد به‌جای M_t از نماد S و M^u از نماد N استفاده شد. گروه سوم حاوی ژنوم S بودند و شامل گونه‌های *Ae. speltoides*، *Ae.bicornis* و *Ae. longissima* به‌ترتیب با ژنوم SS، S^bS^b و S^cS^c می‌باشند (Kimber and Feldman 1987). در هر حال این جنس دارای تاکسون‌های دیپلوئید و پلی‌پلوئید بوده که شامل ژنوم‌های D، S، C، N، U، M و ترکیباتی از آن‌ها می‌باشد و بر اساس ترکیب ژنومی و اطلاعات مورفولوژیکی در حال حاضر به شش بخش تقسیم می‌شوند (Cabi 2010).

کشور ایران از نظر موقعیت جغرافیایی در منطقه بسیار مناسبی قرار دارد و یکی از مناطق مهم تنوع ژنتیکی است. بخش مهمی از قسمت‌های غرب و شمال غرب کشور در یکی از هشت مرکز مهم پیدایش گیاهان مهم که توسط وایلوف کشف و معرفی شد، قرار دارد (Vojdany 2003). به‌عبارتی ایران به دلیل دارا بودن تنوع ژئومورفولوژیکی, توپوگرافی و آب وهوایی به عنوان یکی از مراکز اصلی پیدایش و تنوع گیاهان زراعی از جمله گندم مطرح است (Arzani et al. 2005).

در یک برنامه به‌نژادی، آگاهی از روابط خویشاوندی می‌تواند به برنامه سرعت بیش‌تری بدهد (Borem and Fritch-neto 2014). در بررسی روابط فیلوژنتیکی تعیین الگوهای تنوع موجود بین نمونه‌های مورد بررسی، می‌تواند موثر واقع شود. در واقع شناخت الگوهای تنوع باعث پی‌بردن به ماهیت آن‌ها می‌شود. به‌منظور تعیین تنوع ژنتیکی انواع مختلفی از سیستم‌های نشانگری توسط به‌نژادگران گیاهی استفاده می‌شود که از جمله آن‌ها می‌توان به نشانگرهای مورفولوژیکی، سیتوژنتیکی و مولکولی شامل بیوشیمیائی و DNA اشاره کرد (Solimani et al. 2002).

اطلاعات کروموزومی در سیتوتاگزونومی با دو روش مشخص، قابل استفاده می‌باشند که شامل اطلاعات کاریوتیپی و رفتار جفت شدن کروموزم‌ها در میوز می‌باشند (Skula and Misra 1994). وجود اختلاف در شکل و اندازه کروموزوم‌ها در تقسیم میتوز می‌تواند بیانگر وجود تنوع ژنتیکی باشد. چنین اختلافاتی مورد انتظار است، زیرا مشخص شده که جمعیت‌های یک گونه هر یک سازش خاص خود را در محیطی که در آن می‌رویند نشان می‌دهند. این نوع سازش‌ها در سطح ژنوم نیز مطرح است. از این رو در سطح کاریوتایپ نیز می‌توان چنین واکنش‌هایی را مشاهده نمود. همچنین مطالعات کاریوتیپی به‌منظور طبقه‌بندی گیاهان و کمک به حل مسائل و مشکلات تاکسونومی کلاسیک می‌تواند مفید واقع شود و البته این مطالعات زمانی ارزش خواهند داشت که در کنار آن از سایر داده‌های سیستماتیکی نیز استفاده شود و این مطالعات را تائید نمایند (Masoumi and Khosravi 1994). در مجموع پژوهش‌های سیتوژنتیکی نقش مهمی در تعیین قرابت گونه‌ها خصوصا گیاهان وحشی و بومی ایفا می‌کند و به‌عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گونه‌های خویشاوند مطرح است (Hosseini et al. 2013). یکی از مباحث مهم در مطالعات سیتوژنتیکی، بحث تکامل کاریوتیپی است، فاکتورهای اندازه طول کل کروموزوم، تعداد کروموزوم و شکل کروموزوم به‌عنوان سه فاکتور مهم در بررسی تکامل محسوب می‌شوند. اندازه طول کل کروموزوم به‌عنوان اولین فاکتور، بیانگر مقدار DNA موجود در هسته می‌باشد (Stebbins 1971). اختلاف در شکل کروموزوم‌ها

[1] Analyser

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

و به عبارت دیگر بحث تقارن کاریوتیپ یکی از فاکتورهای مهم در مطالعه تکامل کاریوتیپ است. مقایسه کاریوتیپ در بین گونه‌های یک جنس و یا جمعیت‌های یک گونه از طریق مقایسه تقارن آن‌ها انجام می‌شود (Levitsky 1931). تمایل اصلی در تغییر و تکامل کاریوتیپ، تغییر از حالت متقارن بسوی نامتقارن است، جابه‌جایی نابرابر قطعات کروموزومی، واژگونی‌های پری‌سانتریک و اضافه شدن قطعات تغییر یافته اصلی از عواملی هستند که در تغییر تقارن کروموزم‌های کاریوتیپی مؤثر هستند (Mesicek and Sojak 1992).

تحقیقات متعددی در زمینه بررسی خصوصیات کاریوتیپی خویشاوندان وحشی گندم انجام شده‌است. در بررسی کاریولوژی گونه‌های *Ae. cylindrica* و *Triticum monococcum* subsp. *aegilopoides* گزارش شد، اینکورن وحشی به‌دلیل داشتن کروموزوم‌های متقارن یک گونه‌ی ابتدایی بوده و در مقابل گونه‌ی *Ae. cylindrica* با داشتن کروموزوم‌های ساب متاسنتریک و ساب تلوسانتریک یک گونه‌ی پیشرفته به‌شمار می‌رود (Ghorbani Sini and Arzani 2015). هم‌چنین در بررسی تنوع سیتوژنتیکی دو گونه‌ی *Ae. tauschii* و *Ae. strangulate* بیان شد که از لحاظ کروموزومی دو گونه تفاوتی نداشتند (Solouki et al. 2007). در گزارش دیگر در زمینه بررسی تنوع سیتوژنتیکی گندم‌های وحشی گزارش شد که دو گونه‌ی *Ae. tauschii* و *T. boeticum* بر اساس خصوصیات کاریوتیپی به‌خوبی از همدیگر تفکیک نشدند (Karimiafshar et al. 2016). در بررسی سیتوژنتیکی گونه‌های جنس گندم‌نیای وحشی با استفاده از نواربندی C گزارش شد که کروموزوم‌های ژنوم D گونه‌ی *Ae. Ventricosa* نسبت به *Ae. Tauschii* بیشتر شبیه به کروموزوم‌های گونه‌ی *Ae. Crassa* بود (Badaeva et al. 2012). در هر حال استفاده از خصوصیات سیتوژنتیکی خصوصاً سیتوژنتیک مولکولی، مانند کاربرد FISH[1] و GISH[2] به‌همراه استفاده از نشانگرهای مولکولی در مشخص کردن امکان استفاده از کروموزوم‌های گونه‌های جنس آجیلوپس در برنامه‌های اصلاحی گندم به‌ویژه اصلاح برای مقاومت به بیماری‌ها در تحقیقات اخیر بیشتر مورد توجه قرار گرفته است (Kwiatek et al. 2013; Wang et al. 2016). با توجه به آنچه بیان شد در این تحقیق روابط بین ژنوم‌های D، S، U و A برای چهار گونه دیپلوئید جنس آژیلوپس به همراه دو گونه دیپلوئید جنس Triticum با استفاده از خصوصیات کاریوتیپی ارزیابی شد.

مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی روابط بین ژنوم‌های D، S، U و A با استفاده از شاخص‌های سیتوژنتیکی تعداد ۳۰ جمعیت از شش گونه‌ی گندم‌نیای وحشی موجود در بانک ژن دانشگاه ایلام انتخاب شد. مشخصات مواد ژنتیکی مورد مطالعه، با ذکر کد بانک ژن، منشاء و کد جمعیت در جدول ۱ نشان داده شده‌است.

ضدعفونی بذرها با محلول هیپوکلریت سدیم ۲۰ درصد انجام شد و داخل پتری دیش در شرایط استریل در دمای اتاق کشت شدند. از ریشه‌چه‌های با طول ۱-۰/۵ سانتی‌متر برای تهیه سلول‌های متافازی استفاده شد. به‌همین منظور پیش تیمار (به مدت ٤ ساعت و در دمای چهار درجه سانتی‌گراد با محلول ۰/۵ درصد آلفابرمونفتالین)، تثبیت (با محلول لویتسکی[3] به مدت ١٦ ساعت در دمای ٤ درجه سانتی‌گراد)، هیدرولیز (با سود یک نرمال در دمای ٦٠ درجه و به مدت ۸ دقیقه) و در ادامه رنگ‌آمیزی با استفاده از هماتوکسیلین انجام شد (Safari et al. 2008).

از منطقه مریستمی ریشه تصاویر سلول‌های متافازی با استفاده از سیستم تجزیه تصویری و با بزرگنمایی ۲۷۷۵ برابر تهیه شد. پنج سلول متافازی انتخاب و صفات طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA) شاخص سانترومری (CI) و نسبت بازوها (AR) با نرم‌افزار Micro-measure اندازه‌گیری شد. محتوای نسبی کروماتین (VRC) محاسبه شد و در ادامه به‌منظور مطالعه تقارن کاریوتیپی از جدول دوطرفه استبینز استفاده شد (Stebbins 1971). هم‌چنین عامل اختلاف درصد طول نسبی بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین کروموزوم (DRL)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A_1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A_2)(Romero-Zarco 1986) و درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) (Huziwara 1962) محاسبه شد.

[1] Fluorescence In Situ Hybridization
[2] Genomic In Situ Hybridization
[3] Levitsky

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

برای تعیین نوع کروموزوم‌ها نیز از روش لوان[1] استفاده شد (Levan et al. 1964).

تجزیه واریانس برای صفات کاریوتیپی گونه‌ها و جمعیت‌های هر گونه با ۵ تکرار، به‌عمل آمد. مقایسه میانگین بین گونه‌ها با روش دانکن در سطح پنج درصد و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای خصوصیات کاریوتیپی گونه‌ها و رسم بای‌پلات با استفاده از نرم‌افزار $SPSS_{18}$ انجام شد. در نهایت تجزیه خوشه‌ای با روش UPGMA بر اساس فاصله اقلیدوسی برای گونه‌های مورد مطالعه با توجه به خصوصیات کاریوتیپی با نرم‌افزار $Minitab_{16}$ انجام شد. تهیه تصویر سلول‌های متافازی با نرم‌افزار فتوشاپ و رسم آیدیوگرام با نرم‌افزار Microsoft office 2013 و در محیط Excel انجام شد.

نتایج

بررسی سیتوژنتیکی گونه‌های مورد مطالعه نشان داد که تمام گونه‌ها دیپلویید با ۱٤= ۲x =۲n کروموزوم می‌باشند. بنابراین از نظر سطح پلوییدی گونه‌ها در یک سطح قرار داشتند. در شکل شماره ۱ نمونه‌ای از سلول‌های متافازی هر گونه ارائه شده‌است. برخی از خصوصیات کاریوتیپی برای جمعیت‌ها و متوسط این خصوصیات برای گونه‌های مورد بررسی در جدول شماره ۲ ارائه شده است. در اکثر جمعیت‌ها (به استثنا دو جمعیت Bo_{368} و Bo_{18} از گونه‌ی *T. boeticum* که فاقد ماهواره بودند) یک تا سه ماهواره مشاهده شد که در بین گونه‌ها و درون گونه‌ها از نظر تعداد و محل قرار گرفتن ماهواره بر روی کروموزوم تنوع وجود داشت. اما در تمام جمعیت‌ها بر روی کروموزوم‌های شماره ۵ و ۷ ماهواره وجود نداشت. فرمول کاریوتیپی متفاوتی در جمعیت‌های مختلف هر گونه مشاهده شد. برای جمعیت‌های مختلف گونه‌های *Ae. strangulata*، *Ae. speltoides*، *T. urartu* و *T.boeticum* فرمول کاریوتیپی بین ۷m تا ۵m+۲sm متغیر بود. برای جمعیت‌های گونه‌ی *Ae. umbellulata* فرمول‌های کاریوتیپی ۷sm، ۵sm+۲st، ٦sm+۱st و ۱m+٤sm+۲st به‌دست آمد و برای جمعیت‌های گونه‌ی *Ae. tauschii* فرمول‌های کاریوتیپی ٦m+۱sm تا ۲m+۵sm مشاهده شد.

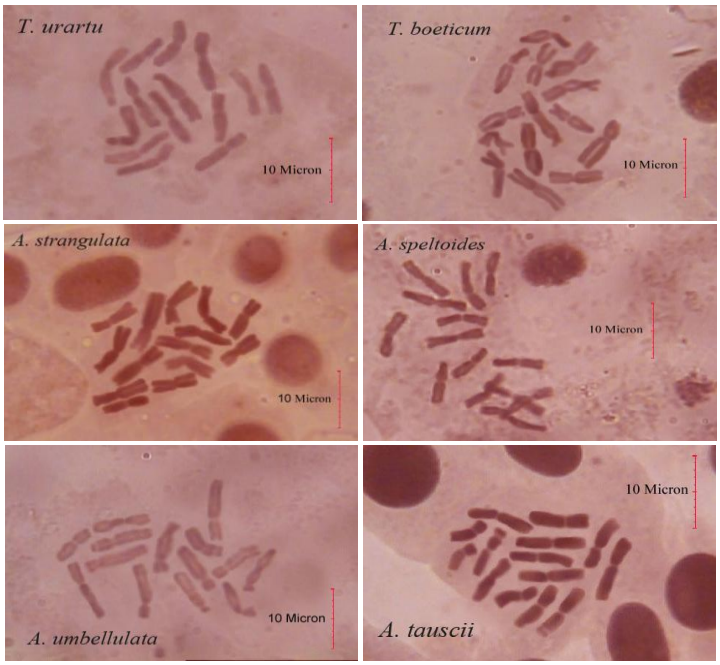
[1] Levan

جدول ۱- گونه‌ها و جمعیت‌های مورد بررسی

کد جمعیت	گونه	منشاء	کد بانک ژن	کد جمعیت	گونه	منشاء	کد بانک ژن
St_{51}	*Ae. strangulata*	آذربایجان	IUGB-00051	Sp_{1057}	*Ae. speltoides*	ایلام	IUGB-01057
St_{213}	*Ae. strangulata*	مازندران	IUGB-00213	Sp_{416}	*Ae. speltoides*	ایران	IUGB-00416
St_{276}	*Ae. strangulata*	بوشهر	IUGB-00276	Sp_{83}	*Ae. speltoides*	کرمانشاه	IUGB-00083
St_{306}	*Ae. strangulata*	تاجیکستان	IUGB-00306	Sp_{25}	*Ae. speltoides*	کرمانشاه	IUGB-00025
St_{233}	*Ae. strangulata*	گرگان	IUGB-00233	Sp_{963}	*Ae. speltoides*	ایلام	IUGB-00963
Um_{1429}	*Ae. umbellulata*	ایلام	IUGB-01429	Bo_{19}	*T. boeticum*	کرمانشاه	IUGB-00019
Um_{360}	*Ae. umbellulata*	ایلام	IUGB-00360	Bo_{368}	*T. boeticum*	ایلام	IUGB-00368
Um_{234}	*Ae. umbellulata*	شیراز	IUGB-00234	Bo_{155}	*T. boeticum*	خرم آباد	IUGB-00155
Um_{887}	*Ae. umbellulata*	ایلام	IUGB-00887	Bo_{18}	*T. boeticum*	خرم آباد	IUGB-00018
Um_{103}	*Ae. umbellulata*	کرمانشاه	IUGB-00103	Bo_{10}	*T. boeticum*	کردستان	IUGB-00010
Ta_{375}	*Ae. tauschii*	اردبیل	IUGB-00375	Ur_{77}	*T. urartu*	کرمانشاه	IUGB-00077
Ta_{374}	*Ae. tauschii*	گیلان	IUGB-00374	Ur_{154}	*T. urartu*	کهگیلویه	IUGB-00154
Ta_{108}	*Ae. tauschii*	ایران	IUGB-00108	Ur_{165}	*T. urartu*	کرمانشاه	IUGB-00165
Ta_{198}	*Ae. tauschii*	زنجان	IUGB-00198	Ur_{206}	*T. urartu*	کرمانشاه	IUGB-00206
Ta_{205}	*Ae. tauschii*	اردبیل	IUGB-00205	Ur_{162}	*T. urartu*	چهارمحال	IUGB-00162

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]



شکل ۱- نمونه‌ای از سیتوتیپ گونه‌های مورد بررسی

براساس عامل تقارن کاریوتیپی استبینز مشاهده شد که درون جمعیت‌های گونه‌ها تنوع وجود نداشت و تنها جمعیت Ur_{77} با دیگر جمعیت‌های گونه‌ی *T. urartu* کلاس تقارن متفاوتی داشت (۲A) اما دیگر جمعیت‌های این گونه در کلاس ۱A قرار گرفتند، هم‌چنین از طرف دیگر تنها جمعیت‌های گونه‌ی *Ae.umbellulata* در کلاس تقارن کاریوتیپی ۳A قرار داشتند و دیگر جمعیت‌های مورد بررسی در سایر گونه‌ها در کلاس تقارن ۱A قرار داشتند. جمعیت‌های Bo_{10}، Um_{1429} و Um_{103} دارای کم‌ترین مقدار عدم تقارن بین کروموزومی بر اساس شاخص A_2 و DRL بودند و از طرفی بیشترین عدم تقارن بین کروموزومی به جمعیت‌های Um_{887}، Ur_{206} و St_{276} اختصاص داشت. براساس شاخص عدم تقارن درون کروموزومی A_1 و TF% جمعیت‌های Bo_{368}، Ur_{165} و Sp_{416} دارای کم‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی بودند و در مقابل جمعیت‌های گونه‌ی *Ae. umbellulata* بیش‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی را داشتند.

نتایج خصوصیات کاریوتیپی برای گونه‌ها نشان داد که در گونه‌های *Ae. umbellulata* و *T. urartu* سه ماهواره و در دیگر گونه‌ها دو ماهواره مشاهده شد. براساس عامل تقارن کاریوتیپی استبینز مشاهده شد که تمام گونه‌ها به استثنا گونه‌ی *Ae. umbellulata* در کلاس ۱A قرار داشتند و برای گونه‌ی *Ae. umbellulata* کلاس ۳A مشاهده شد. گونه‌ی *Ae. umbellulata* دارای بیش‌ترین عدم تقارن درون و بین کروموزومی بر اساس شاخص‌های A_1، TF%، A_2 و DRL بود و در مقابل گونه‌ی *T. boeticum* دارای کم‌ترین عدم تقارن درون و بین کروموزومی بودند.

تجزیه واریانس برای صفات کاریوتیپی در قالب طرح کاملا تصادفی آشیانه‌ای انجام شد (جدول ۳). اختلاف معنی‌داری بین گونه‌ها برای صفات طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، شاخص سانترومری و نسبت بازوها مشاهده شد. جمعیت درون گونه نیز اختلاف معنی‌داری در صفات طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و شاخص سانترومری داشتند. اما برای صفت طول بازوی کوتاه در بین جمعیت‌های درون گونه اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد. ضریب تغییرات به‌دست آمده بین ٤/٦٠ تا ٨/٢٢ درصد بود.

نتایج مقایسه میانگین بین گونه‌ها برای صفات کاریوتیپی (جدول ٤) نشان داد که گونه *T.urartu* با متوسط طول کل کروموزومی ١٠/٨٦ میکرون دارای بیش‌ترین طول کل کروموزومی بود که با گونه‌های *Ae. Speltoides* و *T. boeticum* اختلاف معنی‌دار

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

نداشت. کم‌ترین طول کل کروموزوم به گونه *Ae. umbellulata* با متوسط طول کل ۹/۷۶ میکرون اختصاص داشت، که با گونه‌های *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* اختلاف معنی‌دار نداشت.

بیش‌ترین طول بازوی بلند به *Ae. umbellulata* با متوسط طول ۶/۶۱ میکرون اختصاص داشت که با گونه‌های *Ae. speltoides* و *T.urartu* اختلاف معنی‌دار نداشت. کوتاه‌ترین طول بازوی بلند به گونه *Ae. strangulata* با متوسط ۵/۹۵ میکرون اختصاص داشت که با گونه‌های *Ae. tauschii*، *T. boeticum* و *Ae. speltoides* فاقد اختلاف معنی‌دار بود.

جدول۲- خصوصیات کاریوتیپی جمعیت‌ها و میانگین خصوصیات کاریوتیپی در گونه‌های مورد بررسی

جمعیت	VRC	DRL	TF%	A_1	A_2	SC	کروموزوم ماهواره‌دار	فرمول کاریوتیپی
ST_{51}	۹/۰۹۸	۵/۹۳	۳۹/۰۹۶	۰/۳۵۸	۰/۱۴۴	۱A	۲	5m+2sm
ST_{213}	۹/۶۴۴	۵/۷۳	۳۸/۹۹۳	۰/۳۶۲	۰/۱۳۶	۱A	۲	7m
ST_{276}	۱۰/۰۳۲	۷/۰۱	۳۷/۷۴۳	۰/۳۸۹	۰/۱۶۱	۱A	۲	6m+1sm
ST_{306}	۹/۷۶۸	۵/۷۹	۳۸/۵۵۵	۰/۳۷۱	۰/۱۳۵	۱A	۲،۴	5m+2sm
ST_{233}	۱۰/۱۳۷	۵/۱۲	۳۹/۸۶۵	۰/۳۳۷	۰/۱۲۴	۱A	۲،۴	5m+2sm
Um_{1429}	۹/۲۱۳	۴/۰۷	۳۰/۳۳۹	۰/۵۵۶	۰/۲۳۳	۳A	۱،۳،۶	7sm
Um_{360}	۸/۸۵۱	۵/۴۳	۲۹/۶۵۵	۰/۵۶۶	۰/۱۶۱	۳A	۳،۶	5sm+2st
Um_{234}	۹/۹۲۶	۶/۲۹	۲۸/۶۶۵	۰/۵۹۷	۰/۱۷۱	۳A	۳،۶	5sm+2st
Um_{887}	۹/۷۲۰	۷/۴۴	۳۲/۰۴۰	۰/۵۲۸	۰/۱۹۳	۳A	۳،۶	6sm+1st
Um_{10}	۹/۵۲۷	۴/۰۲	۲۳/۵۳۴	۰/۵۶۵	۰/۱۲۵	۳A	۳،۶	1m+4sm+2st
Ta_{375}	۹/۳۸۲	۵/۰۹	۳۹/۱۷۰	۰/۳۵۴	۰/۱۳۷	۱A	۱،۳	6m+1sm
Ta_{374}	۱۰/۸۲۴	۶/۱۸	۳۷/۱۵۷	۰/۴۰۷	۰/۱۶۵	۱A	۱،۳	3m+4sm
Ta_{108}	۹/۴۵۶	۵/۶۳	۳۹/۸۰۸	۰/۳۳۶	۰/۱۴۸	۱A	۱،۳	5m+2sm
Ta_{198}	۱۰/۲۰۱	۶/۱۴	۳۸/۹۷۹	۰/۳۶۲	۰/۱۴۵	۱A	۳	5m+2sm
Ta_{205}	۹/۸۹۰	۴/۷۷	۳۷/۶۲۶	۰/۳۹۵	۰/۱۳۷	۱A	۱،۳	2m+5sm
Sp_{1057}	۱۰/۱۹۸	۴/۹۴	۳۹/۸۲۴	۰/۳۴۰	۰/۱۳۳	۱A	۴،۶	5m+2sm
Sp_{416}	۱۰/۴۶۱	۴/۹۷	۴۲/۱۷۲	۰/۲۷۶	۰/۱۵۳	۱A	۴،۶	7m
Sp_{83}	۱۰/۴۳۶	۵/۷۳	۴۰/۲۴۵	۰/۳۳۲	۰/۱۵۲	۱A	۴،۶	5m+2sm
Sp_{25}	۱۰/۷۵۲	۴/۹۷	۴۱/۵۷۹	۰/۲۹۳	۰/۱۵۹	۱A	۴،۶	5m+2sm
Sp_{963}	۱۰/۶۴۸	۵/۹۹	۴۰/۳۶۳	۰/۳۳۰	۰/۱۵۷	۱A	۴،۶	6m+1sm
Ur_{77}	۱۱/۱۹۱	۵/۲۴	۴۰/۹۳۱	۰/۳۰۹	۰/۱۵۳	۲A	۱،۳	6m+1sm
Ur_{154}	۱۱/۰۶۳	۴/۷۳	۴۰/۱۰۳	۰/۳۳۲	۰/۱۳۵	۱A	۶	6m+1sm
Ur_{165}	۱۰/۳۸۵	۵/۴۸	۴۱/۹۷۷	۰/۲۷۵	۰/۱۳۸	۱A	۶	7m
Ur_{206}	۱۰/۵۲۴	۶/۳۷	۳۸/۳۸۶	۰/۳۷۸	۰/۱۵۳	۱A	۶	6m+1sm
Ur_{162}	۱۰/۷۴۸	۴/۸۸	۴۱/۷۳۴	۰/۲۸۱	۰/۱۲۲	۱A	۶	7m
Bo_{19}	۱۰/۲۸۰	۶/۰۳	۴۱/۹۲۶	۰/۲۷۹	۰/۱۴۷	۱A	۳	7m
Bo_{368}	۱۰/۱۳۳	۴/۹۰	۴۲/۴۵۲	۰/۲۶۲	۰/۱۲۵	۱A	۰	7m
Bo_{155}	۱۱/۰۱۵	۵/۸۹	۴۰/۹۳۶	۰/۳۰۸	۰/۱۵۴	۱A	۳،۶	7m
Bo_{18}	۱۰/۷۱۲	۵/۲۱	۴۰/۵۱۵	۰/۳۱۷	۰/۱۳۶	۱A	۰	5m+2sm
Bo_{10}	۱۰/۴۵۳	۴/۵۲	۴۰/۷۲۶	۰/۳۱۱	۰/۱۱۹	۱A	۳	5m+2sm
Ae. strangulata	۹/۷۳۶	۵/۹۱	۳۸/۸۵	۰/۱۴۰	۰/۳۶۳	۱A	۲،۴	متغیر در بین جمعیت‌ها
Ae. umbellulata	۹/۴۴۷	۵/۴۵	۳۰/۰۵	۰/۱۵۷	۰/۵۶۴	۳A	۱،۳،۶	متغیر در بین جمعیت‌ها
Ae. tauschii	۹/۹۵۰	۵/۵۶	۳۸/۵۵	۰/۱۴۷	۰/۳۷۱	۱A	۱،۳	متغیر در بین جمعیت‌ها
Ae. speltoides	۱۰/۴۹۹	۵/۳۲	۴۰/۸۴	۰/۱۵۱	۰/۳۱۴	۱A	۴،۶	متغیر در بین جمعیت‌ها
T. urartu	۱۰/۷۷۷	۵/۳۴	۴۰/۶۳	۰/۱۴۰	۰/۳۱۵	۱A	۱،۳،۶	متغیر در بین جمعیت‌ها
T. boeticum	۱۰/۵۱۹	۵/۳۱	۴۱/۳۱	۰/۱۳۶	۰/۲۹۶	۱A	۳،۶	متغیر در بین جمعیت‌ها

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

جدول ۳- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس آشیانه‌ای صفات کاریوتیپی

منابع تغییرات	درجه آزادی	طول کل کروموزوم	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	شاخص سانترومری	نسبت بازوی بلند به کوتاه
گونه	۵	۵/۷۸**	۱/۳۱٤*	۸/٦۰۳**	۰/۰٤۷۷**	۳/۸۸۳**
گونه/ جمعیت	۲٤	۰/۸۹۵**	۰/٤۵۲*	۰/۱۳۷ns	۰/۰۰۰۵*	۰/۰٤۲**
خطا	۱۲۰	۰/۵۷۷	۰/۲٦۰	۰/۱۰۳	۰/۰۰۰۳	۰/۰۱۹
ضریب تغییرات (CV%)		٪۷/۳٤	٪۸/۱٦	٪۸/۲۲	٪٤/٦۰	٪۸/۲۱

** معنی‌دار در سطح یک درصد؛ * معنی‌دار در سطح پنج درصد؛ ns غیرمعنی‌دار

بیش‌ترین طول بازوی کوتاه به گونه *T.urartu* با متوسط ٤/۳۸ میکرون اختصاص داشت که نسبت به گونه‌های *T. boeticum* و *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌دار نشان نداد. کوتاه‌ترین طول بازوی کوتاه به گونه *Ae. umbellulata* با متوسط ۲/۸٤ میکرون اختصاص داشت. گونه‌های *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* با داشتن طول بازوی کوتاه متوسط نسبت به دو گروه دیگر به تنهایی در یک گروه قرار داشتند.

بیش‌ترین شاخص سانترومری به گونه *T. boeticum* به میزان ۰/٤۱۰ اختصاص داشت که با گونه *T.urartu* اختلاف معنی‌داری نشان نداد. کمترین شاخص سانترومری به گونه *Ae. umbellulata* با میزان ۰/۲۸٤ اختصاص داشت که با دیگر گونه‌ها اختلاف معنی‌دار در سطح پنج درصد نشان داد. گونه‌های *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* با داشتن شاخص سانترومری به‌ترتیب به میزان ۰/۳۸٤ و ۰/۳۷۹ در یک گروه قرار داشتند، که با گونه *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌دار نشان ندادند.

برای صفت نسبت بازوها نیز مشاهده شد که بیش‌ترین مقدار به گونه *Ae. umbellulata* با میزان ۲/٤۸٦ اختصاص داشت که با دیگر گونه‌ها اختلاف معنی‌دار در سطح پنج درصد نشان داد. کم‌ترین میزان نسبت بازوها به گونه *T. boeticum* اختصاص داشت که با گونه‌های *T.urartu* و *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌دار نشان نداد. گونه‌های *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* برای نسبت بازوها مقدار متوسطی داشتند و در یک گروه قرار گرفتند که با گونه‌های *T.urartu* و *Ae. speltoides* اختلاف معنی‌دار نشان ندادند. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر گونه‌ها بر اساس صفات کاریوتیپی و با روش Ward (شکل ۲) نشان داد که گونه‌ها در فاصله‌ی اقلیدوسی ۲/۰۱ در چهار گروه قرار گرفتند. گروه اول شامل گونه‌های *T. urartu* و *T. boeticum* بود که بیش‌ترین شباهت را با همدیگر داشتند. گروه دوم شامل گونه‌های *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* بود. گروه سوم شامل گونه *Ae. speltoides* بود که به تنهایی در یک گروه قرار داشت و در گروه چهارم گونه *Ae. umbellulata* قرار داشت که در فاصله بالایی با دیگر گونه‌ها هم گروه شد.

هم‌چنین تجزیه کلاستر بر اساس خصوصیات کاریوتیپی برای جمعیت‌ها با روش Ward انجام شد که دندروگرام حاصل در شکل ۳ ارائه شده است. بر این اساس گونه‌ها کاملا بر اساس خصوصیات کاریوتیپی تفکیک نشدند و جمعیت‌های گونه‌ها در مواردی با همدیگر در یک گروه قرار داشتند تنها در خصوص گونه *Ae. umbellulata* مشاهده شد که جمعیت‌های این گونه کاملا تفکیک شد و در یک گروه مجزا قرار گرفتند. در هر حال برای دیگر جمعیت‌ها نیز مشاهده شد که گونه‌ها تا حدودی از همدیگر تفکیک شدند. در مجموع پنج گروه قابل توجه بود. گروه اول جمعیت‌های گونه *Ae. umbellulata* که فاصله زیادی با جمعیت‌های دیگر گونه‌ها داشتند. گروه دوم شامل جمعیت‌های ۵۱، ۲۱۳ و ۳۰٦ از گونه *Ae. strangulate* و جمعیت‌های ۳۷۵، ۱۰۸ و ۲۰۵ از گونه *Ae. tauschii* بود. گروه سوم نیز شامل دو جمعیت ۳۷٤ و ۱۹۸ از گونه *Ae. tauschii* و جمعیت ۲۷٦ از گونه *Ae. strangulate* به‌همراه جمعیت ۲۰٦ از گونه *T. urartu* بود. گروه چهارم شامل جمعیت‌های ۱۰، ۱۸، ۱۹ و ۳٦۸ از گونه *T. boeticum* و جمعیت‌های ۱٦۲ و ۱٦۵ از گونه *T. urartu* به‌همراه جمعیت ۱۰۵۷ از گونه *Ae. speltoides* و جمعیت ۲۳۳ از گونه *Ae. strangulate* بود. هم‌چنین گروه پنجم شامل جمعیت‌های ٤۱٦، ۲۵، ۸۳ و ۹٦۳ از گونه *Ae. speltoides* و جمعیت‌های ۷۷ و ۱۵٤ از گونه *T. urartu* به‌همراه جمعیت ۱۵۵ از گونه *T. boeticum* بود.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

جدول ٤- مقایسه میانگین گونه‌های مورد مطالعه بر اساس صفات کاریوتیپی باروش دانکن درسطح پنج درصد

گونه	طول کل کروموزوم		طول بازوی بلند		طول بازوی کوتاه		شاخص سانترومری		نسبت بازوها	
Ae. strangulata	٩/٨٧	c	٥/٩٥	c	٣/٧٨	b	٠/٣٨٤	c	١/٦٠٤	b
Ae. umbellulata	٩/٧٦	c	٦/٦١	a	٢/٨٤	c	٠/٢٩١	d	٢/٤٨٦	a
Ae. tauschii	١٠/١٤	bc	٦/١٢	bc	٣/٨٣	b	٠/٣٧٩	c	١/٦٢٣	b
Ae. speltoides	١٠/٨١	a	٦/٢١	abc	٤/٢٩	a	٠/٣٩٤	bc	١/٥٠٥	bc
T. urartu	١٠/٨٦	a	٦/٤٠	ab	٤/٣٨	a	٠/٤٠٣	ab	١/٤٩٤	bc
T. boeticum	١٠/٥٨	ab	٦/١٨	bc	٤/٣٤	a	٠/٤١٠	a	١/٤٤٧	c

نتایج حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی شامل مقادیر ویژه، درصد از کل واریانس، درصد واریانس تجمعی و ضرایب بردارهای ویژه برای سه مؤلفه استخراج شده، در جدول ٥ نشان داده شده‌است. این سه مؤلفه به‌ترتیب ٥٩/٦٧، ٢٣/٤٩ و ١٤/٥٩ درصد از کل واریانس موجود بر اساس صفات کاریوتیپی در بین ژنوتیپ‌ها را بیان نمودند. در مجموع ٩٧/٧٦ درصد از تنوع موجود بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با سه مؤلفه اول بیان شد. ضرایب بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات SA، CI، VRC و TF%، بیش‌ترین نقش مثبت و AR و A_1 بیش‌ترین نقش منفی را در تشکیل این مؤلفه داشتند. در مؤلفه دوم صفات TL، LA و A_2 بیش‌ترین سهم مثبت را دارا بودند و در مولفه سوم DRL دارای بیش‌ترین سهم مثبت بود. در مجموع با توجه به دو مؤلفه استخراج شده تمام صفات به استثنا DRL در ایجاد تنوع بین ژنوتیپ‌ها نقش داشتند. بنابراین مولفه اول تحت عنوان مولفه عدم تقارن درون کروموزومی و طول بازوی کوتاه و میزان کروماتین و مولفه دوم تحت عنوان مولفه عدم تقارن بین کروموزومی و طول کل و بازوی بلند نامگذاری شدند. باتوجه به اینکه مولفه اول و دوم عدم تقارن درون و بین کروموزومی و طول کروموزومی را بیان نمودند، بنابراین به منظور تفسیر تکامل کاریوتیپی ژنوتیپ‌ها نمودار بای پلات اولین و دومین مولفه در شکل ٤ ارائه شد. با توجه به بای پلات ملاحظه می‌شود که تنها جمعیت‌های گونه *Ae. umbellulata* از دیگر جمعیت‌ها تفکیک شدند و تفکیک آن نیز از طریق مولفه اول بود، بنابراین می‌توان بیان داشت که جمعیت‌های گونه *Ae. umbellulata* دارای بیش‌ترین میزان A1 و نسبت بازوها و کم‌ترین میزان درصد شکل کلی کروموزوم و شاخص سانترومری بودند و در نتیجه بیش‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و تکامل کاریوتیپی را باتوجه به عدم تقارن درون کروموزومی داشتند. از طرف دیگر کم‌ترین طول بازوی کوتاه و میزان کروماتین نیز به جمعیت‌های این گونه اختصاص داشت. تمام جمعیت‌های سه گونه *Ae. speltoides*، *T. urartu* و *T. boeticum* به استثنا دو جمعیت Sp_{1057} و Ur_{206} باتوجه به نمودار دارای کمترین عدم تقارن درون کروموزومی بودند و برای میزان کروماتین و طول بازوی کوتاه بیش‌ترین مقدار را داشتند. دو گونه *Ae. strangulata* و *Ae. tauschii* به‌همراه دو جمعیت Sp_{1057} و Ur206 در بین دو گروه قبلی قرار داشتند و برای عدم تقارن درون کروموزومی و میزان کروماتین و طول بازوی کوتاه مقادیر متوسطی داشتند.

از طرف دیگر ملاحظه شد که عامل اصلی در تفکیک جمعیت‌های هر گونه مولفه دوم بود. بنابراین می‌توان بیان داشت که عدم تقارن بین کروموزومی و طول کل و طول بازوی بلند عامل ایجاد تنوع درون گونه‌ای برای جمعیت‌های مورد مطالعه بودند. بر همین اساس برای جمعیت‌های گونه *Ae. umbellulata* مشاهده شد که جمعیت‌های Um_{234} و Um_{887} دارای بیش‌ترین عدم تقارن بین کروموزومی، طول کل و طول بازوی بلند بودند و بیش‌ترین تکامل کاریوتیپی را نشان دادند. جمعیت‌های Um_{103}، Um_{1429} و Um_{360} با کم‌ترین عدم تقارن بین کروموزومی و کم‌ترین طول کل و بازوی بلند دارای کم‌ترین تکامل کاریوتیپی بودند.

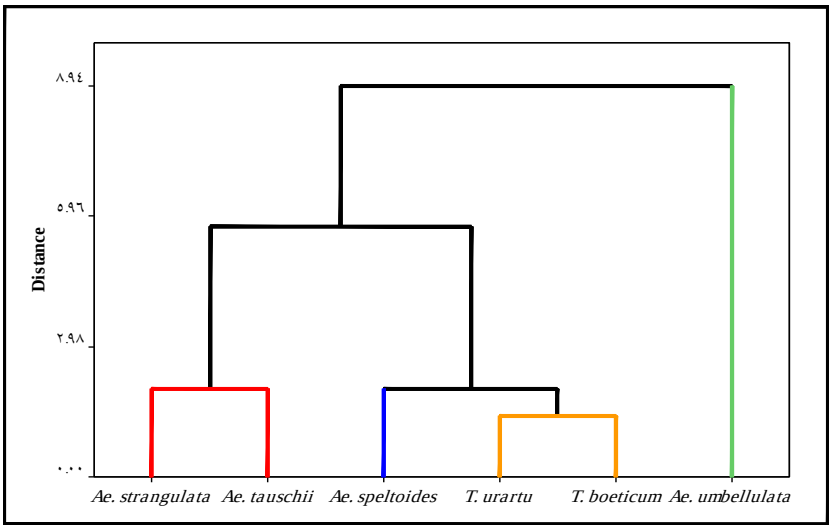
برای گونه *Ae. tauschii* نیز مشاهده شد که جمعیت Ta_{375} دارای بیش‌ترین عدم تقارن بین کروموزومی، طول کل و طول بازوی

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]

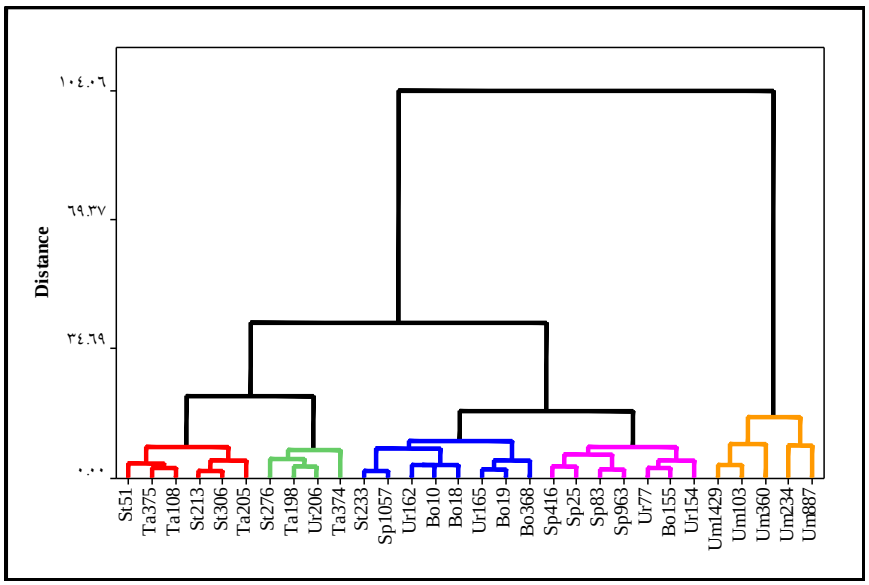
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

بلند بود و بیش‌ترین تکامل کاریوتیپی را داشت. جمعیت‌های Ta_{205}، Ta_{108} و Ta_{23} کم‌ترین عدم تقارن بین کروموزومی، کمترین طول کروموزومی و کمترین تکامل کاریوتیپی را بر این اساس داشتند و جمعیت Ta_{198} در بین این دو گروه قرار گرفت. برای جمعیت‌های *Ae. strangulata* نیز مشاهده شد که جمعیت St_{276} دارای تکامل کاریوتیپی بالاتری نسبت به سایر جمعیت‌های این گونه بود. برای جمعیت‌های گونه *Ae. speltoides* نیز جمعیت‌های Sp_{963}، Sp_{83} و Sp_{25} تکامل کاریوتیپی بالاتری نسبت به دو جمعیت دیگر داشتند.

در مورد گونه *T. boeticum* نیز مشاهده شد که جمعیت Bo_{18} بالاترین تکامل کاریوتیپی و جمعیت Bo_{368} پایین‌ترین تکامل کاریوتیپی را دارا می‌باشد. در گونه *T. urartu* نیز جمعیت‌های Ur_{77}، Ur_{206} و Ur_{156} دارای تکامل کاریوتیپی بالاتری نسبت به دو جمعیت دیگر بودند.



شکل ۲- تجزیه کلاستر گونه‌ها بر اساس خصوصیات کاریوتیپی با روش Ward



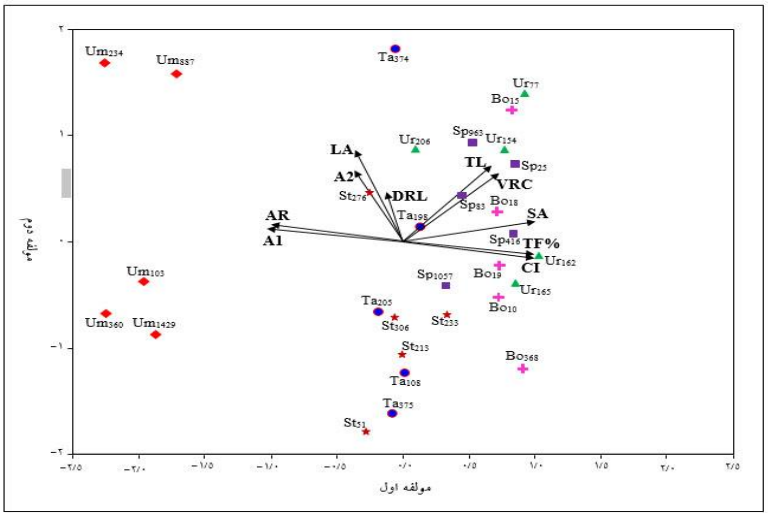
شکل ۳- تجزیه کلاستر جمعیت‌ها بر اساس خصوصیات کاریوتیپی با روش Ward

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

جدول ٤- مقادیر ویژه , درصد واریانس، درصد واریانس تجمعی و ضرایب بردارهای ویژه دو مولفه اصلی اول حاصل از تجزیه به مؤلفه های اصلی

صفات	مؤلفه۱	مؤلفه۲	مؤلفه۳
TL	۰/٦٤٧*	۰/۷۰۳	-۰/۲۷۳
LA	-۰/۳٤٦	۰/۸٤۱	-۰/۳۹۷
SA	۰/۹۸۱	۰/۱۸٦	-۰/۰۱۸
CI	۰/۹۷۷	-۰/۱۳۹	۰/۱٤۰
AR	-۰/۹٦٦	۰/۱٦۰	-۰/۱٦۸
VRC	۰/۷۱٥	۰/٦٥۲	-۰/۲٤۳
DRL	-۰/۱۱۸	۰/٤٤۰	۰/۸٥۰
%TF	۰/۹۸۳	-۰/۱۱۷	۰/۱۳٥
A1	-۰/۹۸۲	۰/۱۳۲	-۰/۱۱۳
A2	-۰/۳٤۹	۰/٦٤٥	۰/٦۰٦
مقادیر ویژه	٥/۹٦۷	۲/۳٤۹	۱/٤٥۹
درصد واریانس	٥۹/٦۷٤	۲۳/٤۹۳	۱٤/٥۹۲
درصد واریانس تجمعی	٥۹/٦۷٤	۸۳/۱٦۷	۹۷/۷٦۰

*اعدادی که در زیر آن‌ها خط کشیده شده‌است ارزش بیش‌تری در مؤلفه‌های اصلی دارند



شکل ٤- بای‌پلات مولفه اول و دوم حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی صفات کاریوتیپی

بحث

گونه‌های مورد بررسی دارای کاریوتیپ تقریبا متقارنی بودند. وجود کاریوتیپ متقارن برای گونه‌های جنس آژیلوپس و تریتیکوم در مطالعات متعدد گزارش شده‌است (Ehtemam et al. 2014; Aghaei et al. 2013; Ahmadabadi et al. 2005). در بررسی تنوع کاریوتیپی سه گونه *A. tauschii*، *A. truncialis* و *A. cylindrica* بیان شد که از لحاظ تقارن کاریوتیپی بر اساس روش استبینز ده جمعیت در کلاس ۱A و پنج جمعیت در کلاس ۱B قرار گرفتند (Karimzade et al. 2010). هرچند کاریوتیپ متقارنی برای گونه‌ها و جمعیت‌ها مشاهده شد اما در بین و درون گونه‌ها فرمول کاریوتیپی متفاوتی وجود داشت، در بررسی کاریوتیپی سه گونه دیپلوئید *A. umbellulata*، *A. speltoides* و *A. ligustica* بیان شد که سه گونه در تعداد کروموزم‌های متاسنتریک، ساب متاسنتریک و ساب تلوسنتریک با همدیگر اختلاف داشتند (Al-

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

Mashhadani et al. 1978)، که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت.

در بین گونه‌ها تنوع معنی‌دار برای صفات کاریوتیپی وجود داشت، بنابراین صفات کاریوتیپی به‌خوبی تنوع بین گونه‌ای را نشان دادند. وجود اختلاف معنی‌دار در بین گونه‌ها برای خصوصیات کاریوتیپی بیانگر تنوع کروموزومی در بین ژنوم گونه‌های مورد بررسی می‌باشند (Safari et al. 2008). تنوع درون گونه‌ای نیز در بین جمعیت‌های گونه‌ها مشاهده شد. وجود تنوع بین جمعیتی برای خصوصیات سیتوژنتیکی نشانگر سابقه تنوع و تکامل این گونه در ایران است (Hosseini et al. 2013). در بررسی تنوع کاریوتیپی گونه *A. triancialis* بیان شد که می‌توان از تنوع موجود در برنامه‌های اصلاحی گندم‌های پلی‌پلوئید اهلی و همچنین برای توسعه‌ی تنوع ژنتیکی در خزانه ژنی استفاده نمود (Ahmadabadi et al. 2005). در بررسی سیتوژنتیکی سه گونه از جنس آژیلوپس، تنوع معنی‌دار در بین جمعیت‌های دیپلوئید و تتراپلوئید برای خصوصیات کاریوتیپی با استفاده از تجزیه واریانس گزارش شد (Karimzade et al. 2010).

مشاهده شد که گونه‌های *Ae. speltoides*، *T. urartu* و *T. boeticum* طول کروموزومی بلندتری نسبت به سه گونه دیگر داشتند و عدم تقارن درون کروموزومی کمتری داشتند. به‌عبارتی ژنوم S و A از لحاظ طول کروموزوم بلندتر از سایر ژنوم‌ها بودند. بنابراین می‌توان بیان داشت که ژنوم A و S دارای بلندترین کروموزوم‌ها بودند و از طرف دیگر ژنوم‌های D و U دارای کروموزوم‌های کوتاه‌تری بودند. این نتیجه با نتایج Al- Mashhadani et al.(1978) مطابقت داشت زیرا در گزارش آن‌ها نیز گونه *Ae. Speltoides* دارای طول کل کروموزومی بلندتری نسبت به گونه *Ae. umbellulata* بود. در گزارش (1978) Al-Mashhadani et al. متوسط طول کل کروموزوم‌های گونه *Ae. Speltoides* برابر با ۱۰/۷۹ میکرون گزارش شد که با نتایج به‌دست آمده از این تحقیق (۱۰/۸۱ میکرون) مطابقت داشت، اما برای گونه *Ae. umbellulata* متوسط طول کل ۵/۲۱ میکرون گزارش کردند که با نتایج این تحقیق (۹/۷۶ میکرون) مطابقت نشان نداد. اما نتایج این تحقیق با گزارش ارائه شده توسط Hosseini et al. (2013) که طول کل ۹/۳۳ میکرون را برای گونه *Ae. umbellulata* گزارش کردند، مطابقت داشت. البته لازم به ذکر است که طول کروموزوم تحت شرایط متفاوت پیش‌تیمار و هم‌چنین شرایط متفاوت جوانه‌زنی متغیر می‌باشد و مدت زمان، دما و غلظت پیش‌تیمار بر روی افزایش یا کاهش طول کروموزوم موثر بوده، هم‌چنین شرایط رشد از قبیل دما، رطوبت، سرعت تقسیم و غیره نیز بر طول کروموزوم تاثیر دارد (Gupta 1995). به این دلیل در گزارشات متعدد، طول‌های متفاوتی بستگی به شرایط آزمایشگاهی مطالعه مشاهد می‌شود.

برای طول بازوی بلند ژنوم U همراه با ژنوم‌های S و A دارای بیش‌ترین مقدار بودند و ژنوم D مقادیر کم‌تری نسبت به دیگر ژنوم‌ها داشت. Hosseini et al (2013) طول بازوی بلند به میزان ۵/۶۸ میکرون را برای گونه *Ae. umbellulata* گزارش کردند، که با نتایج این تحقیق مطابقت زیادی نداشت. در بررسی صفات کاریوتیپی گونه‌های کلکسیون آژیلوپس در ایران گزارش شد که طول بازوی بلند گونه *Ae. umbellulata* نسبت به گونه *Ae. tauschii* بزرگ‌تر است (Aghaei et al. 2013)، که با نتایج تحقیق مطابقت نشان داد. از طرفی ژنوم A و S دارای بیش‌ترین طول بازوی کوتاه بودند و ژنوم U طول بازوی کوتاه کم‌تری نسبت به دیگر ژنوم‌ها داشت و ژنوم D در رده متوسطی برای طول بازوی کوتاه قرار گرفت.

ژنوم U چون کم‌ترین شاخص سانترومری را داشت بنابراین بیش‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و متکامل‌ترین کاریوتیپ را براساس این شاخص نشان داد. این نتیجه دیگر گزارشات مطابقت داشت (Aghaei et al. 2013). از طرف دیگر بیش‌ترین شاخص سانترومری به ژنوم A اختصاص یافت که با نتیجه Ehtemam et al. (2014) مطابقت داشت. بنابراین می‌توان بیان داشت که کم‌ترین تکامل کاریوتیپی به گونه‌های جنس Triticum اختصاص داشت. ژنوم‌های D و S نیز در رده متوسطی قرار گرفتند. نتایج به‌دست آمده برای نسبت بازوها با نتایج شاخص سانترومری تطابق داشت و بیش‌ترین میزان نسبت بازوها، بیش‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و بیش‌ترین تکامل کاریوتیپی به گونه دارای ژنوم U اختصاص داشت و از طرف دیگر گونه‌های جنس Triticum کم‌ترین نسبت بازوها و کم‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی را بر این اساس داشتند.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

گونه‌های جنس Triticum از جنس Aegilops کاملا تفکیک نشدند و مشاهده شد که در نمودار تجزیه خوشه‌ای دو گونه جنس Triticum با گونه *Ae. speltoides* در فاصله نزدیک‌تری تفکیک شده و از طرف دیگر گونه‌ی *Ae. umbellulata* دارای بیش‌ترین فاصله با دیگر گونه‌های جنس Aegilops بود. هم‌چنین مشاهده شد دو گونه حاوی ژنوم D و دو گونه دارای ژنوم A در یک گروه قرار گرفتند و به‌عبارتی ژنوم‌های مختلف تفکیک مناسبی داشتند، به این شرح که ژنوم A شباهت بالاتری با ژنوم S داشت و در مرتبه بعدی با ژنوم D هم گروه شدند و در نهایت با بیش‌ترین فاصله با ژنوم U چهار ژنوم به هم پیوستند. روابط فیلوژنتیکی بین گندم نان و گندم نیای وحشی به‌منظور یافتن منشا ژنوم A، B و D در گندم با استفاده از مارکر مولکولی مورد ارزیابی قرار گرفت و نتایج نشان داد که منشا ژنوم D از *Aegilops tauschii* و ژنوم B از *A. Speltoides* منشا گرفته است (Peterson et al. 2006).

برای جمعیت‌ها نیز مشاهده شد بر اساس خصوصیات کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی به‌صورت صددرصد تفکیک نشدند البته هرچند مشاهده شد جمعیت‌های حامل ژنوم U کاملا تفکیک شد و از طرف دیگر نیز جمعیت‌های دارای ژنوم D به استثنا جمعیت St_{233} نیز تفکیک شدند و تنها جمعیت Ur_{206} با جمعیت‌های دارای ژنوم D هم گروه شد و در نهایت عدم تفکیک جمعیت‌های دارای ژنوم S و A مشاهده شد که بیانگر شباهت مورفولوژی کروموزومی این دو ژنوم به یکدیگر است. در گزارشی شباهت ژنوم S گونه *A.speltoides* با ژنوم B از نظر همولوژی کروموزومی گزارش شد (Friebe et al. 2011).

همولوژی کروموزومی بین سه گونه از جنس گندم نیای وحشی ایرانی (*Aegilops tauschii*، *A. crassa* و *A. cylindrica*) حامل ژنوم D با گندم نان جهت بررسی امکان انتقال ژن از این گونه‌ها به گندم زراعی مورد ارزیابی قرار گرفت و گزارش شد که امکان تهیه هیبریدهای بین این گونه‌ها حداقل با استفاده از روش‌های نجات جنین وجود دارد (Aghaei et al. 2007).

تفکیک بین ژنوم‌ها بیش‌تر بر اساس عدم تقارن درون کروموزومی، طول بازوی کوتاه و میزان کروماتین بود و ژنوم U دارای بیش‌ترین تکامل کاریوتیپی بر اساس عدم تقارن درون کروموزومی بود، ولی از طرف دیگر میزان کروماتین این ژنوم کم‌تر از دیگر گونه‌ها بود. ژنوم‌های S و A دارای کم‌ترین عدم تقارن درون کروموزومی و کم‌ترین تکامل کاریوتیپی بر این اساس بودند. هم‌چنین بیش‌ترین میزان کروماتین به گونه‌های دارای ژنوم S و A اختصاص داشت. گونه‌های حاوی ژنوم D برای خصوصیات عدم تقارن درون کروموزومی و میزان کروماتین مقادیر متوسطی داشتند و بر همین اساس تکامل کاریوتیپی متوسطی نشان دادند. نکته جالب توجه روند متفاوت میزان کروماتین و عدم تقارن درون کروموزومی بود به‌عبارت دیگر هرچه عدم تقارن درون کروموزومی بیشتر می‌شد، میزان کروماتین کاهش داشت و به‌همین دلیل گونه‌ای با کروماتین بالا و عدم تقارن درون کروموزومی بالا قابل شناسایی نشد. از طرف دیگر مشاهده شد که عامل عدم تقارن بین کروموزومی و طول کل کروموزوم عامل تنوع درون گونه‌ای بوده و جمعیت‌های هر گونه از نظر تفاوت در طول بین کروموزوم‌ها و متوسط طول کل کروموزوم تفرق پیدا کردند.

منابع

Ahmadabadi M, Ahmadian Tehrarani P, Omidi M, Davoudi D (2005) Study of intra-specific karyotype variation in Aegilops triuncialis at northwest of Iran. Iranian Journal of Agricultural Sciences 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.

Arzani A, Kaligi MR, Shiran B, Kharazian N (2005) Evaluation of diversity in wild relatives of wheat. Czech Journal of Genetic and Plant Breading 41: 112-117.

Aghaei MJ, Naghavi MR, Taleei 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 and Forests Plant Breeding and Genetic Research 15: 95-112. (In Farsi).

Aghaei MJ, 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).

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

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

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

Cabi E (2010) Taxonomic revision of the tribe *Triticeae* Dumortier (Poaceae) in Turkey. Doctor of Philosophy in Biological Sciences Thesis**,** Middle East Technical University Turkey. 387 p.

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.

Friebe B, Qi LL, Liu BC, Gill, BS (2011) Genetic compensation abilities of *Aegilops speltoides* chromosomes for homoeologous B-genome chromosomes of polyploid Wheat in disomic S(B) chromosome substitution lines**.** Cytogenetic and Genome Research 134: 144-150.

Gale MD, Miller TE (1987) The introduction of alien genetic variation into wheat**.** In: Wheat Breeding - Its Scientijic Basis (ed FGH Lufton), Chapman and Hall p. 173-210.

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.

Gupta PK (1995) Cytogenetic. Rastogiand company. Maruat India.

Hosseini F, Aghaei MJ, Vaezi Sh, Shahli MK (2013) Karyotypic diversity in *Aegilops umbellulata* collection of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research 21: 140-149. (In Farsi).

Huziwara Y (1962) Karyotype analysis in some genera of compositeae. VIII Further studies on the chromosome of Aster. American Journal of Botany 49: 116-119.

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).

Karimzade GH, Ashkani S, Ahmadian Tehrarani P, Davoudi D, Mirzaghaderi GH (2010) Cytogenetic studies of some Iranian wild wheat species (*Aegilops*) and OR banding faculty of agriculture. Iranian Journal of Field Crop Science (Iranian Journal of Agricultural Sciences) 41: 305-313. (In Farsi).

Kimber G, Feldman M (1987) Wild wheat, an introduction. College of Agriculture University of Missouri, Columbia 142 P.

Levan A, Fredga K, Sandbery A (1964) Nomencleature for centromeric position on chromosome. Heriditas 52: 201-220.

Levitsky GA (1931) The morphology of the chromosome, The karyotype in systematic. Bull. Appl. Bot. Genet. Pl Breed 27: 19-173.

Masoumi AA, Khosravi AR (1994) Chromosomal evolution of higher plants, modern biology and taxonomic basics. Research Institute of Forests and Rangelands (RIFR) Press, Tehran, Iran. (In Farsi).

Mesicek J and Sojak J (1992) Chromosome numbers of Mongolia angiosperms. I. Preslia 64: 193-206.

Omid Bakhsh Fard MA, Naghavi MR, Mardi M, Bihamta MR, Kazemi M, Pirseyedi SM (2009) A Study of Genetic Diversity in Durum Wheat (*Triticum turgidum*) using Microsatellite Markers. Iranian Journal of Field Crop Science 40: 75-83. (In Farsi).

Peterson G, Seberg O, Yde M, Berthelsen K (2006) Phylogenetic relationships of *Triticum* and *Aegilops* and evidence for the origin of the A, B, and D genomes of common wheat (*Triticum aestivum*). Molecular Phylogenetics and Evolution 39: 70-82.

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

Safari H, Hesamzadeh Hejazi SM, Jalilian N, Ziaeinasab M (2008) Study of karyotypic variation on six different populations in three *Sophora* L. species. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research 16: 27-36. (In Farsi).

Skula P, Misra SP (1994) An introduction to taxonomy of Angiosperms. Vikas publishing house pub**.** Ltd. New Dehli.

Solimani VD, Baum BR, Jahason DA (2002) AFLP and pedigree based genetic diversity estimates cultivars of durum wheat (*Triticum turgidum* L.). Theoretical and Applied Genetics 104: 350-357.

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. (In Farsi).

Stebbins GL (1971) Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold, London.

Vojdany P (2003) The rule of genebank and plant genetical materials in crop products increasing. In: Proceedings of 1st Iranian agronomy and plant breeding congress. Karaj, Iran.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1396.12.3.8.2] [Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-02-12]