Archive of SID

ژنتیک نوین
دوره یازدهم، شماره ۳، پاییز ۱۳۹۵
صفحه ٤٤٨ - ٤٣٧

تنوع سیتوژنتیکی و مرفولوژیکی در گندم‌های وحشی

Cytogenetical and morphological diversity of wild types of wheat

ناصحه کریمی‌افشار[۱]، حسین دشتی*[۱]، علی‌اکبر محمدی‌میریک[۱]، محبوبه عرب‌بیگی[۲]

۱- به‌ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد، دانشیار، استادیار، گروه بیوتکنولوژی و بهنژادی، دانشگاه ولی عصر (عج)، رفسنجان
۲- دانشجوی سابق دکتری اصلاح نباتات، دانشگاه صنعتی اصفهان

Karimiafshar N[1], Dashti H[*1], Mohamadi Mirik AA[1], Arab bagi M[2]

1-MSc Student, Associate Professor, Assistant Professor, Department of Breeding and Biotechnology, Vali-e- Asr University, Rafsanjan
2-Former PhD Student of Plant breeding, Industrial University of Esfahan

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: dashti@vru.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۵/۱/۲۹ - تاریخ پذیرش: ۹۵/٦/۲۹)

چکیده

در این تحقیق کاریوتیپ ۱۸ نمونه از اجداد دیپلوئید و تتراپلوئید وحشی گندم که شامل چهار نمونه متعلق به *T. boeoticum*، شش نمونه متعلق به *Ae. tauschii*، چهار نمونه متعلق به *Ae. triuncialis*، یک نمونه متعلق به *Ae. cylindrica* و دو نمونه که از نظر سطح پلوئیدی و ژنوم نامشخص بودند، مورد بررسی قرار گرفت. ویژگی‌های کروموزومی شامل طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه اندازه‌گیری شد. سپس ویژگی‌های دیگر شامل نسبت بازوی بلند به کوتاه، شاخص سانترومری و درصد طول نسبی کروموزوم‌ها، درصد شکل کلی و مقدار نسبی کروماتین برای نمونه‌ها محاسبه شد و نمونه‌ها از نظر خصوصیات کروموزمی مقایسه شدند. تجزیه خوشه‌ای براساس خصوصیات کروموزمی نمونه‌ها را در فاصله ۱۲/۹۹به دو گروه تقسیم نمود و گونه‌های دیپلوئید ازگونه‌های تتراپلوئید تفکیک شدند. شمارش کروموزمی دو نمونه نامشخص نشان داد که این نمونه‌ها دیپلوئید بودند. گروه گندم‌های تتراپلوئید کاریوتیپ نامتقارن‌تری نسبت به گروه گندم‌های دیپلوئید داشتند. به‌منظور بررسی تنوع مورفولوژیکی نمونه‌های گندم وحشی، ژنوتیپ‌های دو گونه دیپلوئید *Ae. tauschii* و *T. boeoticum*، از نظر صفات زراعی در مزرعه نیز مورد ارزیابی قرار گرفتند. تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات زراعی این دو گونه را در گروه‌های مجزایی طبقه‌بندی نمود در حالی‌که در دسته‌بندی نمونه‌ها بر اساس خصوصیات کاریوتیپی گونه‌های *Ae. tauschii* و *T. boeoticum*، به‌خوبی از هم تفکیک نشدند. دلیل احتمالی این موضوع می‌تواند این باشد که خصوصیات زراعی حاصل بیان ژن‌ها بوده ولی خصوصیات کاریوتیپی حاصل تفاوت‌ها و تشابهات کروموزومی می‌باشند که ضرورتاً موجب تشابه ژنی و فنوتیپی نخواهد بود.

واژه‌های کلیدی

تتراپلوئید
تقارن کروموزومی
دیپلوئید
سیتوژنتیک
کاریوتیپ
گندم

Archive of SID

مقدمه

گندم به‌طور گسترده در سراسر نوار مدیترانه‌ای و قسمت‌های نیمه گرمسیری از هر دو نیمکره کشت می‌شود (Zohary and Hopf 1993). پراکنش اجیلوپس‌ها در انتهای دوره ترشیاری اتفاق افتاده است. اجیلوپس‌ها بومی نواحی نیمه خشک غرب و مرکز آسیا هستند و گسترش وسیعی در ایران دارند و به خوبی به تنش‌های زنده و غیرزنده آن نواحی و تغییرات دوره‌ای و اقلیمی آن سازگار شده‌اند (Van Slageren 1994). گونه اجیلوپس تاوشی به عنوان منشا ژنوم D گندم نان معرفی شده‌است (Kihara 1944; McFadden and Sears 1946). ژنوم گونه *Triticum boeoticum* از بیش‌ترین شباهت به ژنوم A گندم نان برخودار می‌باشد (Kimber and Sears 1987). خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی به‌صورت انکارناپذیری در غنای خزانه ژنی برای به‌نژادگران مفید هستند (Aghaee Sarbarze 2010). ژنوتیپ‌های بومی و خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی خزانه‌ای از تنوع ژنتیکی را تشکیل می‌دهند که برای برنامه‌های هدفمند اصلاحی ضروری می‌باشند. بخش عمده‌ای از غنای تنوع زیستی گیاهان، به دلیل معرفی ارقام جدید پر محصول فرسایش یافته و یا به سرعت در حال فرسایش است (Routray et al. 2007). نوار جنوبی سواحل دریای خزر زیستگاه اولیه و افغانستان، عراق و ترکیه زیستگاه ثانویه اجیلوپس تاوشی می‌باشد (Zohary et al. 1969) مطالعه کاریوتیپ پنج‌گونه تتراپلوئید از آجیلوپس‌های بومی عراق نشان داد که تعداد کروموزوم‌های یک گونه در نواحی مختلف ژئوگرافیکی متفاوت است (Al- Mashhadani et al.1980). وجود صفات مهمی مانند سازگاری بالا و مقاومت به بیماری‌ها در برخی از ارقام بومی، این خزانه ژنی را به منبع ارزشمندی از تنوع ژنتیکی در گندم تبدیل نموده‌است (Hosseini et al. 2013). گونه *Ae. umbellulata* منبع ژن مقاومت به زنگ برگ Lr9 می‌باشد که از طریق تیمار با اشعه x به گندم معمولی انتقال یافته است. ژن‌های مقاومت به سفیدک سطحی، مگس گندم و شته سبز گندم در این گونه وجود دارد (Gill et al. 1985). با بررسی تنوع سیتوژنتیکی و کاریوتیپ ۱۵ نمونه اجیلوپس بومی مناطق مختلف ایران مشخص شد که نمونه‌های دیپلوئید از لحاظ پارامترهای طول بازوهای بلند و کوتاه، طول کروموزوم و نسبت طول بازوی کوتاه به بلند در مقایسه با نمونه‌های تتراپلوئید اختلاف معنی‌داری دارند (Karimzadeh et al. 2010). با استفاده از روش‌های نواربندی و FISH روی گونه‌های اجیلوپس با سطوح مختلف پلوئیدی مشاهده شد که ژنوم D در بعضی از گونه‌ها بسیار شبیه یکدیگر بوده و می‌تواند در رده‌بندی تاکسونومیکی گونه‌های جنس آجیلوپس استفاده شود (Badaeva 2002). مطالعه ویژگی‌های کاریوتیپ و مناطق سازمان دهنده هستک در ۲۱ نمونه گندم اهلی، وحشی و مصنوعی، کارایی شاخص‌های تقارن کاریوتیپ جهت گروه‌بندی گندم‌های با وضعیت تکاملی متفاوت را تایید کرد. همچنین دو باند Ag- NOR را روی بازوی بلند کروموزوم همولوگ ۱B و ٦B گندم‌های تتراپلوئید آشکار نمود (Arabbeigi et al. 2011). بر اساس مطالعه‌ای درگونه‌های دیپلوئید سانترومر انتهایی یا نسبتا انتهایی وجود ندارد (Vojdani 1996). بررسی کاریوتیپی نقش مهمی در تعیین قرابت گونه‌ها از جمله در گندم، برنج و گیاهان مرتعی ایفا می‌کند که می‌تواند به‌عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گروه‌های خویشاوند مطرح باشد (Sheidai et al. 1996). تجزیه کاریوتیپ و مطالعه سیتوژنتیک مولکولی نشان داده است که همه گندم‌ها، گراس‌ها و خویشاوندان وحشی آن‌ها دارای سطوح پلوئیدی از دیپلوئید تا هگزاپلوئید هستند (Karimzadeh et al. 2010). با وجود این‌که بسیاری از نژادهای بومی و خویشاوندان وحشی گندم از جمله گونه اجیلوپس جمع‌آوری شده و قابل استفاده در برنامه‌های اصلاحی می‌باشند اما هنوز تعداد زیادی از این گونه در ایران ناشناخته باقی مانده است (Skovomand et al. 2002). این مطالعه با اهداف مطالعه کاریوتیپ گونه‌ها، بررسی ساختار و اختلافات کروموزومی در اجداد گندم و تعیین فاصله ژنتیکی بین گونه‌های *Ae. cylindrica*، *Ae. triuncialis*، *Ae. tauschii* و *T. boeoticum* انجام شده‌است. نتایج این پژوهش در کمک به شناخت روابط تکاملی گونه‌های آجیلوپس به‌منظور انتقال صفات برتر و انتخاب والدینی که از لحاظ صفات ژنتیکی مفید هستند، می‌تواند مفید باشد.

www.SID.ir

Archive of SID

مواد و روش‌ها

دراین مطالعه ۱۲ نمونه دیپلوئید و تتراپلوئید آجیلوپس، چهار نمونه *T. boeoticum* و دو نمونه نامشخص مورد بررسی قرارگرفتند (جدول ۱). بذرها بعد از جدا کردن پوشینه‌ها و شستشو، کشت شدند. سپس ریشه‌هایی که طول آن‌ها یک تا دو سانتی‌متر بود به تیوب حاوی محلول کاری آلفابرومونفتالین به مدت ۵/۵ ساعت در دمای چهار درجه منتقل شدند. پس از شستشو با آب مقطر نمونه‌ها در محلول تثبیت لویتسکی به‌مدت ۳۶ ساعت در دمای چهار درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند. سپس نمونه‌ها در محلول اتانول ۷۰ درصد در دمای یخچال نگهداری شدند. در مرحله بعد نمونه‌ها از اتانول خارج و پس از شستشو، در محلول هیدروکسید سدیم یک نرمال در دمای ۶۰ درجه و به‌مدت ۱۰ دقیقه هیدرولیزشدند. سپس ریشه‌ها به محلول رنگ-آمیزی استو آهن هماتوکسیلین به‌مدت چهار ساعت منتقل شدند. نوک ریشه‌ها جدا شده و روی لام همراه با یک قطره اسید استیک اسکواش شد. کلیه اندازه‌گیری‌ها در سه تکرار انجام شد. پس از مشاهده نمونه‌های متافازی و انتخاب مناسب‌ترین آن‌ها، به منظور شناسایی تنوع در تقارن درون کروموزومی، پارامترهای شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی(A۱)، اختلاف طول نسبی بزرگ‌ترین کروموزوم (DRL)، مقدار نسبی کروماتین (VRC)، شاخص تقارن (S%)، مجموع طول کروموزوم‌های کاریوتیپ (TCL) و درصد شکل کلی (TF%) محاسبه شد (جدول ۸).

عکس‌برداری توسط دوربین متصل به میکروسکوپ صورت گرفت. پارامترهای طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه توسط نرم‌افزار Micromeasur 3.3 اندازه‌گیری و پارامترهای کاریوتایپی محاسبه شد (جدول ۲). ایدیوگرام نمونه بر مبنای میانگین طول بازوی بلند و میانگین طول بازوی کوتاه رسم شد. تجزیه و تحلیل آماری توسط نرم‌افزارهای آماری Minitab و SAS انجام گرفت. تجزیه واریانس داده‌ها بر اساس طرح پایه کاملاً تصادفی برای سطوح پلوئیدی مختلف انجام شد. برای تعیین تقارن کاریوتیپ از روش‌های دسته‌بندی Stebbins (1971) و Romerozarco (1986) استفاده شد.

جدول ۱- نام و مشخصات نمونه‌های مورد بررسی

ردیف	نام نمونه	فرمول ژنومی	محل جمع‌آوری	وضعیت تکاملی
۱	*T. boeoticum*(۲۸)	AA	کرج بعد از منطقه ۸	وحشی
۲	*T. boeoticum*(۵۸)	AA	الشتر	وحشی
۳	*T. boeoticum*(۶۱)	AA	دوراهی جوانرود	وحشی
٤	*T. boeoticum*(۷٤)	AA	بین گوزران وکرمانشاه	وحشی
۵	*Ae. tauschii*(۸)	DD	ایران	وحشی
٦	*Ae. tauschii*(۱۲)	DD	ایران	وحشی
۷	*Ae. tauschii*(۳۵)	DD	ایران	وحشی
۸	*Ae. tauschii*(٤٤)	DD	تاجیکستان	وحشی
۹	*Ae. tauschii*(۵۰)	DD	ایران	وحشی
۰	*Ae. tauschii*(۷٤)	DD	ایران	وحشی
۱۱	*Ae. tauschii*(۵۱)	DD	ایران	وحشی
۱۲	نامشخص(۵۸)	-	ایران	وحشی
۱۳	نامشخص(۱۵۱)	-	ایران	وحشی
۱٤	*Ae. triuncialis*(۳۳)	UC	فیروزآباد	وحشی
۱۵	*Ae. triuncialis*(۳۷)	UC	سرعین	وحشی
۱٦	*Ae. triuncialis*(۷٦)	UC	ایران	وحشی
۱۷	*Ae. triuncialis*(٤۲)	UC	گرمی	وحشی
۱۸	*Ae. cylindrica*(۹)	CD	پلیس‌راه اردبیل به مشکین شهر	وحشی

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۲- پارامترهای محاسبه شده برای کاریوتیپ‌های مورد مطالعه

پارامتر	علامت اختصاری	فرمول	نحوه اندازه‌گیری
طول کل کروموزوم	TL	$TL=LA_i+SA_i$	مجموع طول بازوی بلند و کوتاه
نسبت بازوها	AR	$AR=LA_i/SA_i$	نسبت بازوی بلند به کوتاه
شاخص سانترومری	CI	$CI=SA_i/TL_i$	نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم
درصد طول نسبی کروموزوم	%RL	$\%RL=TL_i/\sum_{i-1}^{n} TL \times 100$	درصد نسبت طول کل کروموزوم مورد نظر به مجموع طول کل کروموزوم‌های یک کاریوتیپ (Gennur et al, 1988).
درصد شکل کلی	%TF	$\%TF=\sum_{i=1}^{n} SA / \sum_{i=1}^{n} TL \times 100$	نسبت مجموع طول کل بازوهای کوچک به مجموع طول کل کروموزوم‌ها ضرب درصد (Huziwara, 1962).
اختلاف طول نسبی	DRL	$DRL=\%RL_{Max}-\%RL_{Min}$	اختلاف بیشترین درصد طول نسبی کروموزوم از کمترین درصد طول نسبی کروموزوم (Soloki 2007).
مقدار نسبی کروماتین	VRC	$VRC=\sum_{i=1}^{n} TL / n$	میانگین طول کل کروموزوم‌های یک کاریوتیپ (Soloki 2007).
شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی	A۱	$A=1-\sum_{i=1}^{n} S / L \div n$ [1]	اختلاف طول نسبی کروموزوم و درصد شکل کلی محاسبه می‌شود و n تعداد جفت کروموزوم‌های همولوگ می‌باشند (Romero-Zarco 1986).
شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی	A۲	$A2=\frac{Sx}{\bar{x}}$	مستقل از اندازه و تعداد کروموزوم است .S انحراف معیار طول کروموزوم برای هر توده به میانگین طول کروموزوم ها می باشد (Romero-Zarco 1986).
شاخص تقارن	%S	%S=طول بلندترین /طول کوتاه‌ترین کروموزوم کروموزوم	نسبت طول کوتاه‌ترین کروموزوم به طول بلندترین کروموزوم ضرب در صد (Gennur et al, 1988).

تجزیه به مولفه‌های اصلی و تجزیه کلاستر برای گروه‌بندی نمونه‌های مختلف انجام شد. اشکال مختلف کروموزوم‌ها نیز بر اساس روش Levan (1964) تعیین شدند.

چهار نمونه ازگونه *T. boeoticum* و هفت نمونه از گونه *Ae. tauschii*، هر کدام در یک خط نیم متری (بدلیل کمبود بذر) در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه ولیعصر رفسنجان کشت شدند و صفات زراعی شامل تعداد پنجه، طول خوشه، تعداد روز تا سبز شدن، تعداد روز تا خوشه دهی، تعداد روز تا رسیدگی، وزن بیولوژیکی و عملکرد دانه در سه بوته یادداشت‌برداری و تجزیه خوشه‌ای بر اساس میانگین این صفات انجام شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس نمونه‌های دیپلوئید (جدول ۳) بر اساس طرح آشیانه‌ای برای صفات مورد اندازه گیری انجام شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین گونه‌ها از نظرخصوصیات کروموزومی اختلاف معنی‌داری وجود نداشت. در داخل گونه‌ها ازلحاظ خصوصیات طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و کوتاه در سطح احتمال ۰/۱ درصد و برای صفت نسبت بازوها در سطح احتمال پنج درصد اختلاف معنی‌داری وجود داشت که با نتایج Karimzadeh et al. (2010) که کاریوتیپ ۱۵ آجیلوپس مناطق مختلف ایران شامل آجیلوپس‌های دیپلوییدو تتراپلوئید را مطالعه کردند مطابقت دارد. آن‌ها تفاوت‌های معنی‌داری را در طول بازوی بلند بدست آوردند و سه آجیلوپس دیپلوئید را در دو گروه و ۱۲ آجیلوپس تتراپلوئید را در هفت گروه طبقه‌بندی کردند. در این پژوهش ژنوتیپ‌های گروه آجیلوپس تائوشی (DD) و تریتیکوم بوئیتیکم (AA) به‌ترتیب در دو و سه گروه گروه‌بندی شدند. این نتایج با نتایج Sorami et al. (2012) مطابقت می‌کند. یکی از دلایل تغییرات ویا تفاوت در طول کروموزوم‌ها در داخل یک گونه، علاوه برعدم امکان کاربرد با دقت بالا می‌تواند به‌علت تفاوت در محتوای DNA باشد. Hosseini et al. (2013)، تنوع ۹۶ نمونه از گونه *Ae.umblulata* با ژنوم UU را از نظر کاریوتیپی و محتوای DNA مورد مطالعه قرار دادند و همبستگی معنی‌داری (r = 0.896) را بین طول کروموزم با میانگین پیک فلوسیتومتری[1] به‌دست آوردند که نشان داد با افزایش محتوای DNA میانگین

[1] Flow cytometry

www.SID.ir

Archive of SID

طول کروموزوم افزایش یافته است. اما در صفت شاخص سانترومری و درصد طول نسبی کروموزوم اختلاف معنی‌داری وجود نداشت. با توجه به این‌که درصد طول نسبی کروموزوم، نسبتی از کل ژنوم است، عدم وجود اختلاف معنی‌دار بین نمونه‌ها از نظر این خصوصیت، می‌تواند حاکی از تشابه طول ژنوم نمونه‌ها و احتمالاً عدم ایجاد تنوع در طی تکامل آن‌ها باشد. مقایسه میانگین خصوصیات کروموزومی در گندم‌های دیپلوئید ژنوم DD (جدول ٤) و گندم‌های دیپلوئید ژنوم AA (جدول ٥) بر اساس روش دانکن انجام شد. بین گونه‌های تتراپلوئید درصفات طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند و کوتاه، نسبت بازوها و درصد طول نسبی کروموزوم اختلاف معنی‌داری مشاهده نشد اما از نظر شاخص سانترومری در سطح احتمال پنج درصد اختلاف معنی‌دار وجود داشت (جدول ٦). مقایسه میانگین خصوصیات کروموزومی گندم‌های تتراپلوئید برای شاخص سانترومری نشان داد که گونه *Ae. Cylindrica* دارای بیش‌ترین مقدار شاخص سانترومری است.

جدول ۳- نتایج تجزیه واریانس خصوصیات کروموزومی اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های گندم دیپلوئید وحشی در قالب طرح کاملاً تصادفی

		میانگین مربعات					
منابع تغییر	درجه آزادی	طول کروموزوم (µm)	طول بازوی بلند (µm)	طول بازوی کوتاه(µm)	نسبت بازوی بلند به کوتاه	شاخص سانترومری	درصد طول نسبی کروموزوم(µm)
ژنوم	۲	۱/۱۹ ^{ns}	۰/۷۰ ^{ns}	۰/۰۳^{ns}	۰/۱۳ ^{ns}	۰/۰۰۰۹ ^{ns}	۰/۰۳^{ns}
ژنوتیپ در داخل ژنوم	۱۰	۵/۲۵***	۱/۷۳***	۱/۱۰***	۰/۰۳*	۰/۰۰۰۷ ^{ns}	۰/۰٦ ^{ns}
خطا	۲۳	۰/۹۱	۰/۳۲	۰/۱۷	۰/۰۱	۰/۰۰۰٤	۰/۰۷
%cv		۱۰/۰۷	۹/۹۳	۱۰/۹۱	۸/۱٤	۵	۱/۸۹

ns، * و ***: به ترتیب غیرمعنی‌دار، معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۰/۱ درصد

جدول ٤- مقایسه میانگین گندم‌های دیپلوئید (ژنوم DD) از نظر خصوصیات کروموزومی

ژنوتیپ	طول کروموزوم(µm)	طول بازوی بلند(µm)	طول بازوی کوتاه (µm)	نسبت بازوی بلند به کوتاه	شاخص سانترومری	درصد طول نسبی کروموزوم (µm)
Ae. tauschii(۸)	۱۰/۱۷٤^{a}	٦/۲۱۱^{a}	٤/۲۷۲^{a}	۱/۵۳۸^{ab}	۰/٤۱٦^{ba}	۱٤/۲۸۵^{a}
Ae. tauschii(۱۲)	۹/۷٦۵^{a}	۵/۷۹۰^{a}	۳/۹۷۵^{a}	۱/۵۲٤^{ba}	۰/٤۰۳^{ba}	۱٤/٤۸٤^{a}
Ae. tauschii(۳۵)	۱۰/۱۸۵^{a}	٦/۰۰۳^{a}	٤/۱۳۵^{a}	۱/۵۰۹^{ba}	۰/٤۰٤^{ba}	۱٤/۲۸۵^{a}
Ae. tauschii(٤٤)	۹/٦۱۳^{a}	۵/۵۰۹^{a}	٤/۱۱۳^{a}	۱/۳۷۵^{b}	۰/٤۲۷^{a}	۱٤/۷۷٦^{a}
Ae. tauschii(۵۰)	۹/۳۳۲^{a}	۵/۷٤٦^{a}	۳/۵٦٤^{ab}	۱/٦۹۷^{a}	۰/۳۷٦^{b}	۱٤/۲۸۵^{a}
Ae. tauschii(۷٤)	۹/٦۱۷^{a}	۵/۹۱۸^{a}	۳/۷٤۳^{ab}	۱/۷٤۷^{a}	۰/۳۸۱^{b}	۱٤/۲۱۷^{a}

میانگین‌هایی که حداقل در یک حرف مشترکند تفاوت معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ ندارند

جدول ۵- مقایسه میانگین خصوصیات کروموزومی گندم‌های دیپلوئید (ژنوم AA)

ژنوتیپ	طول کروموزوم(µm)	طول بازوی بلند(µm)	طول بازوی کوتاه (µm)	نسبت بازوی بلند به کوتاه	شاخص سانترومری	درصد طول نسبی کروموزوم(µm)
T.boeoticum(۲۸)	۱۲/۰٤۱^{a}	۷/۲۱۱^{a}	٤/۸٦۳^{a}	۱/۵۱۵^{a}	۰/٤۰۳^{a}	۱٤/۲۸۵^{a}
T.boeoticum(۵۸)	۸/۹۱۵^{bc}	۵/۳۰۲^{b}	۳/٤٤٤^{bc}	۱/۵۷۳^{a}	۰/۳۷۹^{a}	۱٤/۲۸۵^{a}
T.boeoticum(٦۱)	۸/۵٤۵^{c}	۵/۳۳۳^{b}	۳/۲۲٤^{c}	۱/۷۵۳^{a}	۰/۳۷۵^{a}	۱٤/۲۸۵^{a}
T.boeoticum(۷٤)	۹/۸۵۸^{b}	۵/۸۹٤^{b}	۳/۹۸۱^{b}	۱/۵۳۵^{a}	۰/٤۰٤^{a}	۱٤/۲۸۵^{a}

میانگین‌هایی که حداقل در یک حرف مشترکند تفاوت معنی‌دار در سطح ۰/۰۵ ندارند

www.SID.ir

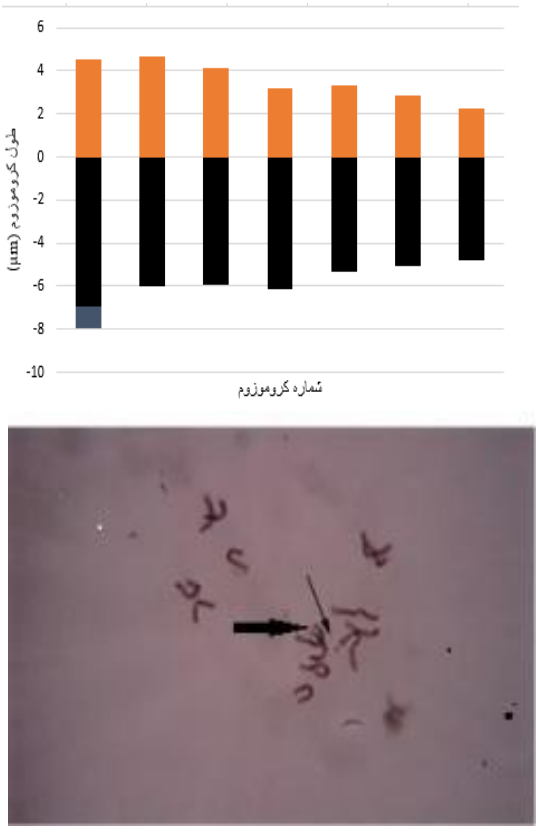
Archive of SID

جدول ٦- نتایج تجزیه واریانس خصوصیات کروموزومی اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های گندم تتراپلوئید وحشی

		میانگین مربعات						
منابع تغییر	درجه آزادی	طول کروموزوم	طول بازوی بلند(µm)	طول بازوی کوتاه(µm)	نسبت بازوی بلند به کوتاه	شاخص سانترومری	درصد طول نسبی کروموزوم(µm)
بین ژنوتیپ‌ها	٤	١/٠٧٤ ns	٠/٨٠٩ ns	٠/٠٣٦ ns	٠/١١٤ ns	٠/٠٠١١ *	٠/٠٠٠٠٨ ns
داخل ژنوتیپ‌ها (خطا)	٩	١/١٠٧	٠/٦٤٩	٠/٠٨٠	٠/٠٤٢	٠/٠٠٠٢	٠/٠٠٠٠٨
% cv		١٣/٢٨١	١٥/٣٣٠	١٠/٦٦١	٩/٧٩٦	٤/١٧١	٠/١٢٥

ns، *و**: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد

ازمیان هفت نمونه *Ae. tauschii*، پنج نمونه در کلاس تقارنی ١A استبینز و دو نمونه در کلاس تقارنی ٢A قرار داشتند (جدول ٧). Karimzadeh et al. (2010) سه جمعیت از آجیلوپس‌های دیپلوئید را در کلاس 1A و هفت جمعیت را در کلاس 2A قراردادند که نتایج این تحقیق از این نظر با نتایج آن‌ها مشابه است. این مجموعه از لحاظ فرمول کاریوتیپی دارای پنج تا هفت کروموزوم متاسنتریک و یک تا سه کروموزوم ساب متاسنتریک و یک جفت کروموزوم ماهواره‌دار بودند (جدول ٨ و شکل ١) که با نتایج Karimzadeh et al. (2010) مطابقت دارد. آن‌ها اکثر کروموزوم‌های اجیلوپس‌ها را، متاسنتریک گزارش کرده‌اند. چهار نمونه *Ae. triuncialis* مورد بررسی در کلاس تقارنی ٢A و ٣A قرار گرفتند و دارای فرمول کاریوتیپی بین یک تا سه کروموزوم متاسنتریک و ١١ تا ١٣ کروموزوم ساب متاسنتریک بودند (جدول ٨). همچنین ١ تا ٢ جفت کروموزوم آن‌ها دارای ماهواره بود (شکل ٢). Sheidai et al. (2000) نیز در مطالعه‌ای روی ١٥ جمعیت از آجیلوپس‌های مناطق غرب ایران، جمعیت‌های گونه-های *Ae.triuncialis* و *Ae.cylindrica* را به‌ترتیب در کلاس‌های ٢A و ٣A استبینز قرار دادند. از چهار نمونه *T. boeoticum*، سه نمونه در کلاس تقارنی ١A و یک نمونه در کلاس تقارنی ٢A استبینز قرار گرفت. فرمول کاریوتیپی آن‌ها شامل بین شش تا سه جفت کروموزوم متاسنتریک و چهار تا یک جفت کروموزوم ساب متاسنتریک بود (جدول ٨) و فاقد ماهواره بودند (شکل ٣). نمونه *Ae. cylindrica* در کلاس تقارنی ٢B قرار گرفت و دارای هشت جفت کروموزوم متاسنتریک و شش جفت کروموزوم ساب متاسنتریک بود (جدول ٧). هم‌چنین فاقد ماهواره بودند (شکل ٤). بررسی‌های کاریوتیپ دو نمونه نامشخص نشان داد که این دو نمونه دیپلوئید بوده و در کلاس تقارنی ١A استبینز قرار دارند و دارای شش کروموزوم متاسنتریک و یک کروموزوم ساب متاسنتریک می‌باشند (جدول ٨). سه جفت کروموزوم نمونه نامشخص ١٥١ ماهواره‌دار بود (شکل ٥) اما نمونه نامشخص ٥٨ فاقد ماهواره بود (شکل ٦). با توجه به رابطه ١A با درصد TF که شاخصی برای بیان وضعیت تقارن کاریوتیپی است، هر چه درصد TF به ٥٠ نزدیک‌تر باشد دلیل بر قرار گرفتن سانترومر در وسط کروموزوم و کاریوتیپ متقارن است و هر چه از ٥٠ کمتر باشد نشان دهنده وجود کروموزوم‌هایی با سانترومرهای انتهایی و کاریوتیپ نامتقارن خواهد بود (Huziwara 1962).



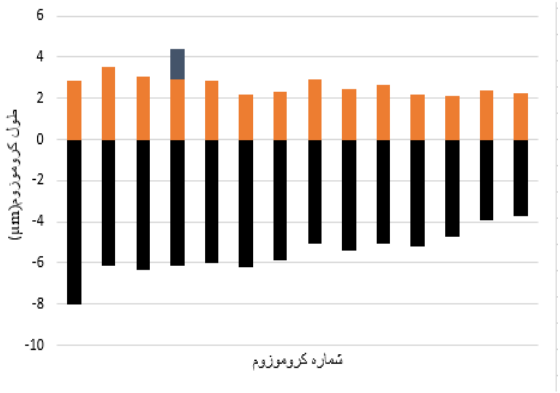
شکل١- ایدیوگرام و کروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه (٥٠) *Ae.tauschii*

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۷ ـمقایسه میانگین گندم‌های تتراپلوئید از نظر خصوصیت کروموزومی شاخص سانترومری

ژنوتیپ	شاخص سانترومری
Ae. triuncialis (۳۳)	۰/۳۱^{a}
Ae. triuncialis (۳۷)	۰/۳۵^{ab}
Ae. triuncialis (۷۶)	۰/۳۲^{bc}
Ae. triuncialis (۴۲)	۰/۳۳^{c}
Ae. cylindrica (۹)	۰/۳۶^{c}



شکل۲- ایدیوگرام وکروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه (۷۶) *Ae. triuncialis*

نامتقارن بودن کاریوتیپ توسط درصد شاخص تقارن نیز مشخص می‌شود. هر چه درصد S کمتر باشد تقارن کاریوتیپ کمتر است (Gennur et al. 1988). کاریوتیپ‌های متقارن ابتدایی‌تر از انواع نامتقارن می‌باشند (Razik kamel 2006). شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی و درصد شکل کلی نمونه شماره ۳۳ گونه *Ae. triuncialis*، کروموزوم‌های نامتقارن‌تری نسبت به بقیه نمونه‌ها داشت و از نظر تکاملی با توجه به این پارامترها در درجه تکاملی بالاتری قرار گرفت. نمونه شماره ٤٥ از گونه *Ae. tauschii*، متقارن‌ترین کروموزوم‌ها را داشت. در کل، گونه‌های *Ae. triuncialis* و *Ae. cylindrica* از نظر تکاملی در درجه بالاتری قرار داشتند. درون گونه‌ها برای این شاخص‌ها تنوع مشاهده شد. بر اساس شاخص DRL در بین نمونه‌های گونه *Ae. tauschii*، نمونه ٧٤ بیش‌ترین اختلاف طول نسبی کروموزوم را داشت و کم‌ترین مقدار آن متعلق به نمونه ۳۵ بود (جدول ۷). در بین نمونه‌های *Ae. triuncialis*، نمونه ۳۷ بیش‌ترین اختلاف طول نسبی کروموزوم و نمونه ۳۳ کمترین مقدار را داشت. همچنین در چهار نمونه گونه *T. boeoticum*، نمونه ٦١ بیش‌ترین مقدار DRL و نمونه ۵۸ کم‌ترین مقدار را دارا بودند (جدول ۷). در کل، بیش-ترین مقدار اختلاف طول نسبی کروموزوم مربوط به نمونه ٧٤ *Ae. tauschii* و کم‌ترین آن متعلق به *Ae. cylindrica* بود. بیش-ترین مقدار نسبی کروماتین (VRC) مربوط به نمونه شماره ۲۸ از گونه *T. boeoticum* و کم‌ترین مقدار آن مربوط به نمونه *Ae. cylindrica* بود (جدول ۷). در تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های مورد مطالعه بر اساس داده‌های حاصل از خصوصیات کروموزومی در فاصله ۱۲/۹۹ دو گروه بدست آمد که دیپلوئیدها از تتراپلوییدها جدا شدند. بر اساس تجزیه خوشه‌ای در فاصله ٦/٥٠ سه گروه حاصل شد (شکل ۷). بررسی پارامترهای تقارن کاریوتیپ نشان داد که میانگین شاخص تقارن (%S) در گروه سوم نسبت به دو گروه دیگر مقدار کمتری بود (جدول ۹) که نشان‌دهنده تکامل یافته‌تر بودن افراد این گروه است. همچنین از نظر موقعیت سانترومر مقدار درصد شکل کلی در گروه اول بیش‌تر از دو گروه دیگر و نزدیک‌تر به ۰/۵ بود که نشان دهنده تقارن کروموزومی بیش‌تر در این گروه است (جدول ۹). میانگین شاخص تقارن درون کروموزومی (A_1) نشان داد که گروه سوم کاریوتیپ نامتقارن‌تری نسبت به دو گروه دیگر دارد (جدول ۷). شاخص نامتقارنی بین کروموزومی (A_2) نشان داد که گروه سوم از نظر طول کروموزوم‌ها نیز کاریوتیپ نامتقارن‌تری نسبت به دو گروه دیگر دارد (جدول ۷). با توجه به پارامترهای تعیین تقارن کاریوتیپ می‌توان گفت که گروه سوم کاریوتیپ نامتقارن‌تری نسبت به دو گروه دیگر داشت در نتیجه از نظر وضعیت تکاملی نسبت به دو گروه دیگر پیشرفته‌تر است.

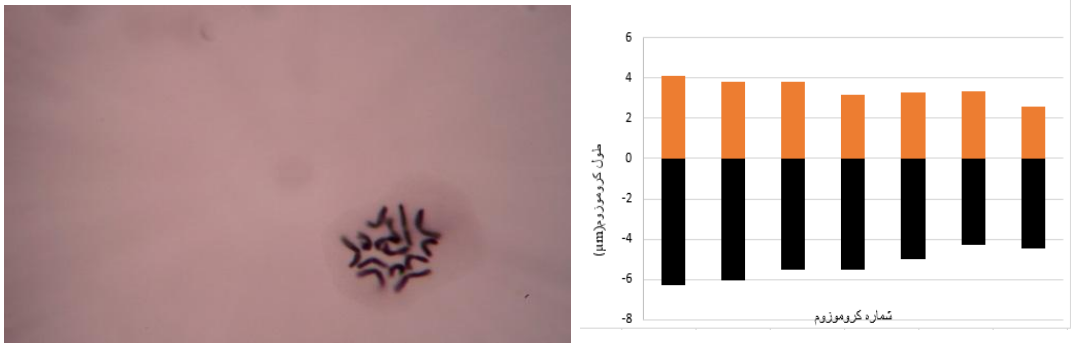
www.SID.ir

Archive of SID

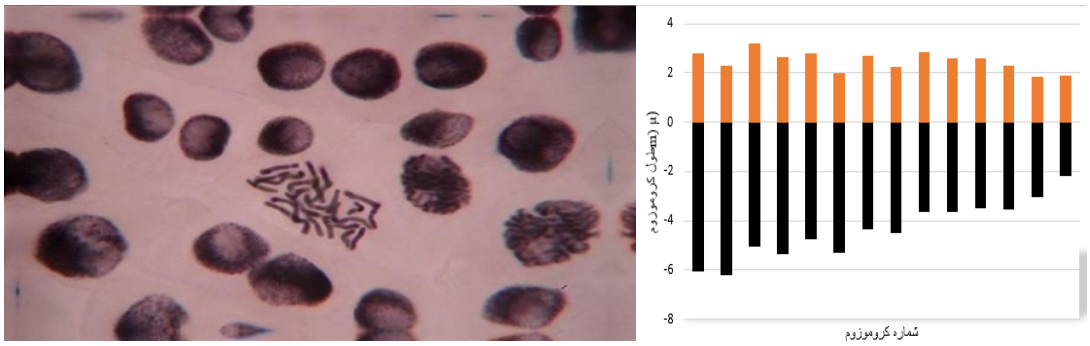
جدول ۸- مشخصات کاریولوژیکی ژنوتیپ‌های گونه‌های دیپلوئید و تتراپلوئید وحشی

گونه	فرمول کاریوتیپی	کلاس تقارنی	%S	A۱	A۲	TCL	%TF	DRL	VRC
T.boeoticum(۲۸)	*٦m+۱sm	۱A	٦۰/۸٤	۰/۳۲	۰/۱٥	۸٤/۲۹	٤۰/۳۸	٦/۷۹	۱۲/۰٤
T.boeoticum(٥۸)	٥m+۲sm	۱A	٦۹/٥۳	۰/۳٤	۰/۱٤	٦۲/٤۰	۳۸/٦۳	٥/۱٥	۸/۹۱
T.boeoticum(٦۱)	۳m+٤sm	۲A	٥۸/۲۸	۰/۳۹	۰/۲۰	٥۹/۸۱	۳۷/۷۲	۷/٤٤	۸/٥٤
T.boeoticum(۷٤)	٥m+۲sm	۱A	٦۷/۳٦	۰/۳۲	۰/۱۸	٦۹/۰۱	٤۰/۳۷	٥/٤۹	۹/۸٥
Ae.tauschii(۸)	٥m+۲sm	۱A	٦۲/۲۷	۰/۳۱	۰/۱۷	۷۱/۲۲	٤۱/۹۹	٦/۸٤	۱۰/۱۷
Ae.tauschii(۱۲)	٥m+۲sm	۱A	٦٦/٦۷	۰/۳۱	۰/۲۰	٦۸/۳۹	٤۰/۷۱	٦/۰٥	۹/۷٦
Ae.tauschii(۳٥)	٥m+۲sm	۱A	٦۹/۸۹	۰/۳۱	۰/۱٤	۷۱/۲۹	٤۰/٦۰	٥/۱٥	۱۰/۱۸
Ae.tauschii (٤٤)	٥m+۲sm	۱A	٥۳/۲۳	۰/۲٤	۰/۲۲	٦۷/۲۹	٤۲/۷۸	۹/۱۷	۹/٦۱
Ae.tauschii (٥۰)	٤m+۳sm	۲A	٦۱/۰۰	۰/۳۸	۰/۲۲	٦٥/۳۲	۳۸/۱۹	٦/۹٦	۹/۳۳
Ae.tauschii (۷٤)	٤m+۳sm	۲A	٤۹/۷۷	۰/۳۷	۰/۲۲	٦۷/۳۱	۳۸/۹۲	۹/٤۱	۹/٦۱
Ae.tauschii (٥۱)	۷m	۱A	٦٥/۲۸	۰/۳۱	۰/۱٤	٥٤/٥٦	٤۰/٥٥	٥/۸۸	۷/۷۹
ناشناخته(٥۸)	٦m+۱sm	۱A	٦۳/٥۷	۰/۳۲	۰/۱۳	٤۸/٤۲	٤۰/٦۰	٦/۳۷	٦/۹۱
ناشناخته(۱٥۱)	٦m+۱sm	۱A	۷۷/۲٥	۰/۲٦	۰/۰۸	۷۷/٥۸	٤۲/۱۲	۳/٦۳	۱۱/۰۸
Ae.triuncialis(۳۳)	۱m+۱۳sm	۳A	٥۷/۱۱	۰/٥۲	۰/۱٤	۱۱٦/٦۳	۳۱/٦۰	۳/۸۲	۸/۳۳
Ae.triuncialis(۳۷)	۳m+۱۱sm	۲A	٥۰/۰۹	۰/٤٥	۰/۱۹	۱۰۷/۷۷	۳٥/٤٦	٥/۰۳	۷/٦۹
Ae.triuncialis(٦)	۱m+۱۳sm	۳A	٥٤/۹۲	۰/٥۱	۰/۱٦	۱۱٤/٤٤	۳۲/۱۱	٤/۲٥	۸/۱۷
Ae.triuncialis(٤۲)	۱m+۱۳sm	۲A	٥۷/٥۰	۰/٥۰	۰/۲٥	۱۱۹/۸۷	۳۲/۷۰	۳/۸٦	۸/٥٦
Ae.cylindrica(۹)	۸m+٦sm	۲B	٤٦/۰۷	۰/٤۰	۰/۲۲	۹٥/۸۷	۳٦/۱۸	٥/۰٤	٦/۸٤

*m متاسنتریک، sm ساب متاسنتریک



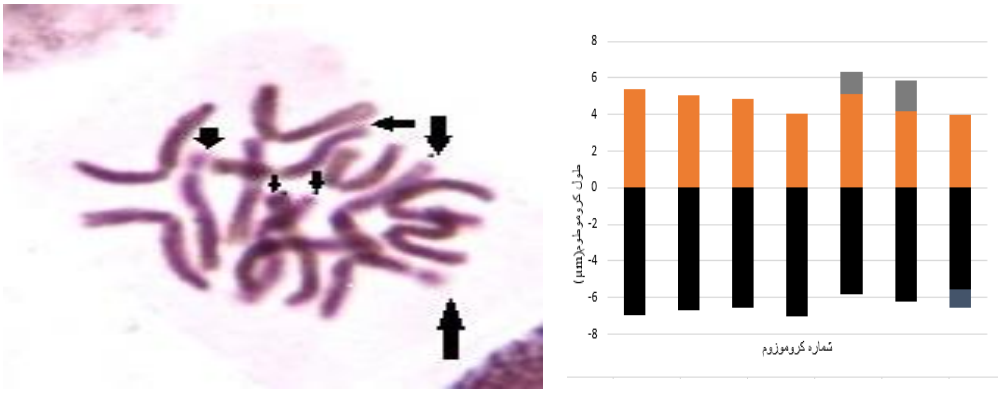
شکل۳- ایدیوگرام وکروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه (٥۸) *T. boeoticum*



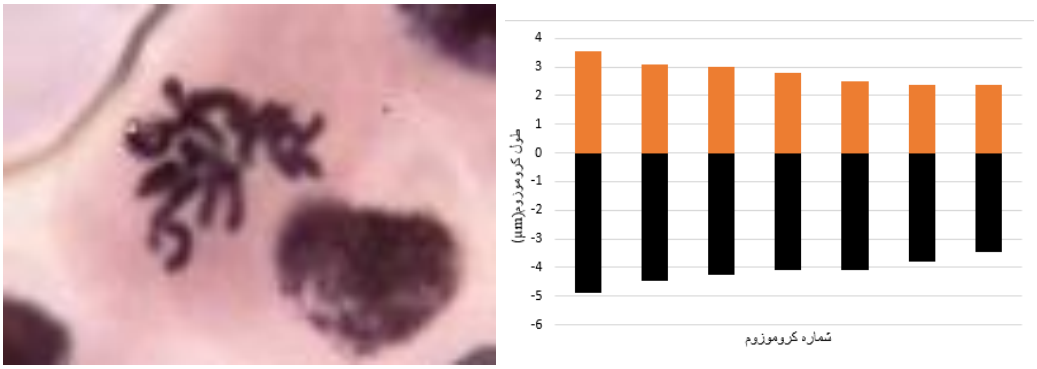
شکل٤- ایدیوگرام و کروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه(۹) *Ae. Cylindrica*

www.SID.ir

Archive of SID



شکل۵- ایدیوگرام وکروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه نامشخص (۱۵۱)



شکل٦- ایدیوگرام وکروموزوم‌ها در مرحله متافاز میتوز در نمونه نامشخص (۵۸)

جدول ۹- میانگین مشخصات کاریولوژیکی ژنوتیپ‌های گونه‌های دیپلوئید و تتراپلوئید وحشی بر اساس گروه‌های تجزیه کلاستر

گروه	A۱	A۲	S%	%TF
۱	۰/۲۹	۰/۱۷	٦۵/۳۵	٤۱/۲۷
۲	۰/۳۵	۰/۱۷	٦۱/۲۳	۳۹/۱۰
۳	۰/٤۷	۰/۱۹	۵۳/۱۳	۳۳/٦۱

جدول ۱۰- ضرایب بردارهای ویژه، درصد تجمعی واریانس و درصد واریانس جزء مربوط به صفات مورد مطالعه در تجزیه به مولفه‌های اصلی

صفات	مولفه اول	مولفه دوم
طول کل کروموزوم	-۰/٤۱۰	-۰/٤۲۸
طول بازوی بلند	-۰/۳۰۵	-۰/٦۲٦
طول بازوی کوتاه	-۰/٤۷۱	-۰/۱۷۲
نسبت بازوها	۰/٤۱۲	-۰/٤۰۸
شاخص سانترومری	-۰/٤۱۵	۰/۳۸۵
درصد طول نسبی کروموزوم	-۰/٤۱۸	۰/۲۸٦
درصد تجمعی واریانس	۰/۷۱۱	۰/۹٦۲
درصد واریانس جزء	۰/۷۱۱	۰/۲۵۵

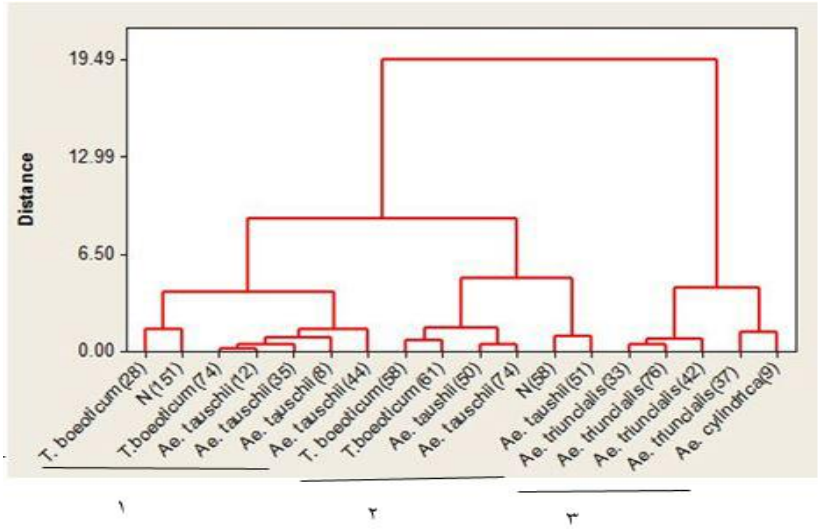
شمارش کروموزومی نشان داد که نمونه‌های نامشخص ۱۵۱ و ۵۸ دیپلوییید بودند (شکل‌های ۵ و ٦). قرار گرفتن نمونه ۱۵۱ در کنار نمونه شماره ۲۸ از گونه *T. boeoticum* و نمونه ۵۸ در کنار نمونه شماره ۵۱ از گونه *Ae.tauschii* در فاصله ۰/۵ نشان دهنده این است که احتمالا نمونه نامشخص ۱۵۱ از گونه *T. boeoticum* و نمونه ۵۸ از گونه *Ae.tauschii* باشد (شکل۷). تجزیه به مولفه‌های اصلی روی ٦ صفت نشان داد مولفه اول و دوم به‌ترتیب ۷۱/۱ و ۲۵/۵ درصد و مجموعاً ۹٦ /۷ درصد از کل واریانس را توجیه می‌نمایند (جدول ۱۰). گروهبندی نمونه‌های مورد مطالعه بر اساس دو مولفه اول و دوم با گروهبندی آن‌ها در تجزیه خوشه‌ای در فاصله ۱۲/۹۹ مطابقت داشت (شکل ۸).

به‌منظور بررسی تنوع فنوتیپی نمونه های گندم‌های وحشی، دو گونه *Ae.tauschii* و *T. boeoticum* که از مناطق مختلف جمع‌آوری شده بودند در مزرعه مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج

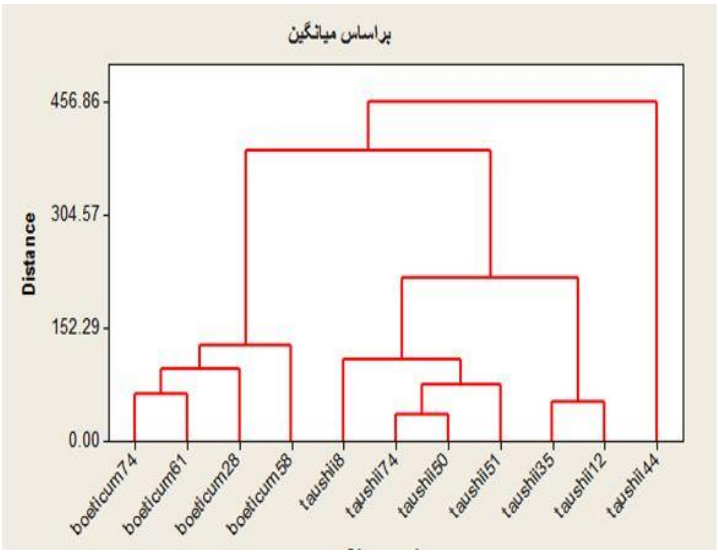
www.SID.ir

Archive of SID

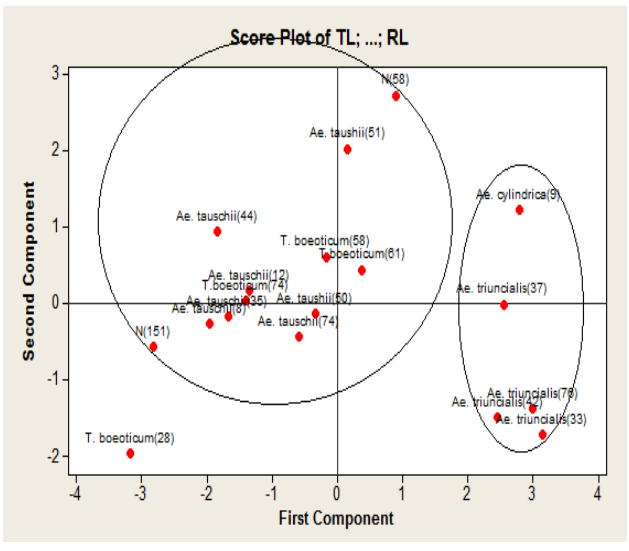
تجزیه کلاستر نشان داد که در فاصله ٤٥٦ نمونه ٤٤ از گونه *Ae. tauschii* در یک گروه جداگانه قرار گرفته و با بقیه تفاوت‌های زیادی دارد. شاید این موضوع به این دلیل باشد که این نمونه از کشور تاجیکستان است و فاصله جغرافیایی زیادی با سایر نمونه‌ها که در ایران جمع آوری شده‌اند دارد. لذا از نظر ژنتیکی و خصوصیات زراعی موتاسیون‌های متفاوتی را تجربه کرده که در جهت سازگاری ژنوتیپ‌ها به منطقه جغرافیایی متفاوت بوده است. در فاصله ٣٠٤ سه گروه ایجاد شد که در این گروه‌بندی گونه‌ها به خوبی از هم تفکیک شدند اما نمونه شماره ٤٤ از گونه *Ae. tauschii* به‌صورت منفرد گروهبندی شد (شکل ٩). در گروه‌بندی دیپلوئیدها بر اساس خصوصیات کاریوتیپی گونه‌های *T. boeoticum* و *Ae. tauschii* از یکدیگر تفکیک نشدند (شکل ٧). علت این عدم تفکیک را می‌توان این‌طور بیان نمود که خصوصیات زراعی حاصل بیان ژن‌ها بوده ولی خصوصیات کاریوتیپی حاصل تفاوت‌ها و تشابهات کروموزومی می‌باشند که ضرورتاً موجب تشابه ژنی و فنوتیپی نخواهد شد.



شکل ٧– دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای براساس خصوصیات کاریوتیپی گندم‌های مورد مطالعه به روش Ward و فاصله اقلیدسی



شکل ٨– دندروگرام تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های گونه‌های دیپلوئید بر اساس میانگین خصوصیات زراعی به‌روش Ward و فاصله اقلیدسی



شکل ٩– موقعیت ژنوتیپ‌های گندم وحشی در دیاگرام دو بعدی بر اساس مولفه‌های اول و دوم

www.SID.ir

Archive of SID

نتیجه‌گیری

نتایج فوق بیانگر وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ‌های مختلف گندم از نظر خصوصیات کروموزومی بود. از این تنوع می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری برای ارتقای پایه ژنتیکی گندم نان استفاده کرد. بر اساس نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای، نمونه نامشخص شماره ۱۵۱ با گونه *T. boeoticum* شباهت زیادی دارد و احتمالا از این گونه می‌باشد که نتایج شمارش کروموزومی نیز دیپلوئید بودن آن را تائید کرد. همچنین نمونه نامشخص شماره ۵۸ به دلیل شباهت زیاد با گونه *Ae.tauschii* احتمالاً از این گونه است.

منابع

Aghaee Sarbarze M (1389) Importance Enrich the gene pool of wild species of crops using: limits and methods of overcoming obstacles. Iranian Journal of Crop Sciences 12: 1-58. (In Farsi).

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

Arabbeigi M , Arzani A and Saeidi G (2011) Study of karyotype and Nucleolar Organizer Regions (NORs) in wild, synthetic and cultivated wheats Emir. Journal Food Agriculture 23: 196-203.

Badaeva ED (2002) Evaluation of phylogenetic relationships between five *Aegilops* L. species of the U-genome cluster by means of chromosome analysis. Russian Journal of Genetics 38: 664-675.

Chennaveeraiah MS (1960) Karyomorphologic and cytotaxonomic studies in *Aegilops*. Acta Hort. Gotburg 23: 85-178.

Gennur MN, Kadapa SN, Habit AF, Goud GV (1988) Karyomorphologycal studies in Asiatic cotton II Karyotypic analysis of species and races of Asiatic cottons based on nucleolar chromosome and symmetry of karyotoype. Cytologia 53: 107-114.

Gill BS, Shama HC, Raupp WJ, Browder LE, Hatchett JH, Harvey TL, Moseman JG, Waines JG 1985. Evaluation of *Aegilops* species for resistance to wheat powdery mildew, wheat leaf rust, hessian fly and greenbug. Plant Dis. 69:314-316.

Hosseini F, Jafar Aghee M, Vaezi Sh, Khosrowshahli M. (1392) Karyotypic diversity in *Aegilops umbellulata* collection of Iran. Iranian Journal of Rangland and forests plant breeding and genetic Research 21: 140-149. (In Farsi).

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

Jafar Aghee M, Zolala J, Jafar Aghee M (1392) Genetic diversity of wild wheat *Trriticum boeoticum* Iran, according to allelic loci A3-Glu and A1-Glu. Journal of Agricultural Biotechnology 5: 70-57. (In Farsi).

Karimzadeh GH, Ashkani S, Ahmadi Tehrani P, Davodi D, Myrzaqadry GH (1389) Cytogenetical study some wild wheat species Iran *Aegilops* and banding OR. Journal of Plants 41: 313-305. (In Farsi).

Kihara H (1944) Discovery of DD analyzer. One of the ancestors of T vulgare. Agriculture and Horticulture 19 889-890.

Kimber G, Sears R (1987) Evolution in the genus *Triticum* and the origion of cultivated wheat. American Soceity of Aronomy Modision 2: 154-164.

Levan A, Fredga k, Sandberg A (1964) Nomenclature for centromeric position on chromosome Hereditas 52: 201-220.

McFadden ES, Sears ER (1946) The origin of *Triticum* spelta and its free- threshing hexaploid relatives. Journal of Heredity 37: 107- 116.

Ranjbar M, Naghavi MR, Zali AA, Jaffaraghaei M, ZArifi E (2010) Identification of *Aegilops* cytotypes from Iran and Evaluation their discrimental morphological traits. Iranian Agricultural Science 41: 225-234. (In Farsi).

Razik Kamel EA (2006) Karyotype characterization and polyploidy variation in analysis of cytogenetic data. Genome 44: 439-443.

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

-Routray P, Basha O, Garg M, Singh NK, Dhaliwal HS. (2007) Genetic diversity of landraces of -wheat (*Triticum aestivum* L.) from hilly areas Uttaranchal, India. Genetic Resource Crop Evolution 54: 1315- 1326.

Sheidai M, Arman M, Mphammadi S, Zehzad B (2000) Notes on cytology and seed protein characteristics of Aegilops species in Iran.The Nucleus, 43:118-128.

Soloki M, Emamjomeh A, Taheri N, Tahrnzhad Z, Sahebi M (2007) Cytogenetic diversity of masses of Iranian *Aegilops*. Moder n genetics journal 2:51-439. (In Farsi).

Sheidai M, Vojdani p, Alishah O (1996) Karyotype studies in *Gossypium herbaceum* cultivars of Iran. Cytologia 61: 365-374.

Skovmand B, Rajaram S, Ribaunt JM, Hede AR (2002) Wheat genetic resources. In: B. Curtis, S. - Rajaram, and H. Gomez Macpherson (Eds): Bread wheat: Improvement and protection. FAO Plant Production and Protection Series.

Stebbins GL (1971) Chromosomal evolution in higher plants. Ltd, London, UK.

Van-Slagran MW (1994) Wild wheats; a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Joub and Spach) Eig (Poaceae). Agricultural University Press 1356 94-97.

Vojdani P (1375) The importance of protecting natural habitat and its role in conservation and utilization of plant genetic resources. Fourth Crop Science Congress of Iran, Isfahan University, 573-554. (In Farsi).

www.SID.ir

Archive of SID

Zohary D and Hopf M (1993) Domestication of plants in the old world. Oxford University press.

Zohary D, Harlan JR, Vard A (1969) The wild diploid progenitors of wheat and their breeding value. Euphytica 18: 58-65.

www.SID.ir

Archive of SID

Modern Genetics Journal
Vol 11, Number 3, Autumn 2016, Quaternary

Cytogenetical and morphological diversity of wild types of wheat

Karimiafshar N[1], Dashti H[*1], Mohamadi mirik AA[1], Arab bagi M[2]

1. MSc Student, Associate Professor, Assistant Professor, Department of Breeding and Biotechnology, Vali-e- Asr University, Rafsanjan
2. Former PhD Student of Plant breeding, Industrial University of Esfahan
* Corresponding Author, Email: dashti@vru.ac.ir

A B S T R A C T

In this study, karyotype of 18 samples of wild diploid and tetraploid of wheat ancestors were examined which includes four samples of the *T. Boeoticum*, six samples of *Ae.taushii*, four samples of *Ae triuncialis*, one sample of *Ae cylindrical* and also two unknown samples.Chromosomal characteristics such as total length of chromosomes, long arm and short arm length were measured . Thereafter the other characteristics including the ratio of long to short arm, centromere index and chromosome relative length percentage was calculated and the samples were compared on the base of chromosomal characteristics. In cluster analysis on the base of chromosomes characteristics, the samples are divided into two groups (diploids and tetraploids) by Euclidean distance. Two unknown samples were diploid that have showed by chromosomal counting. Tetraploid wheats had more asymmetric karyotype than diploids.
In order to evaluate the morphological diversity two diploid wild wheat (*Ae.tauschi* and *T. Boeoticum)* in terms of agronomic traits were also evaluated in the field. Cluster analysis showed three groups and species are well-separated except *Ae. Tauschii* (44) which was grouped individually. But In grouping process on the basis of karyotype characteristic, diploid species were not separated from each other that might be because of agronomical properties which were the result of genes expression while karyotype characteristics were due to chromosomal differences and similarities that necessarily doesn't lead to genetic and phenotypic similarity.

Key Words

Chromosomal cymmetry, Cytogenetic, karyotype, diploid, tetraploid, wheat

www.SID.ir