دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۲۰، شمارهٔ ۲، صفحهٔ ۲۱۲-۲۰۲ (۱۳۹۱)

بررسی ویژگی‌های کاریولوژیکی در چند جمعیت از گونه *Aegilops biuncialis* مناطق مختلف شمال‌غرب ایران

فاطمه احمدپور[۱]، رسول اصغری‌زکریا[۲*] و حسین شهبازی[۳]

۱- کارشناس‌ارشد، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل

۲*- نویسنده مسئول مکاتبات، عضو هیئت علمی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل

پست‌الکترونیک: rrasghari@yahoo.com

۳- عضو هیئت علمی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اردبیل، اردبیل

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۱۰/۱۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۰۸/۲۱

چکیده

گونه‌های *Aegilops* از مهمترین خویشاوندان وحشی گندم و یکی از غنی‌ترین منابع ژنتیکی در اصلاح گندم به‌شمار می‌روند. گونه *Ae. biuncialis* گونه‌ای تتراپلوئید با ۲۸ کروموزوم می‌باشد که از اجداد دیپلوئید *Ae. umbellulata* و *Ae. comosa* اشتقاق یافته است. این تحقیق به‌منظور مطالعه ویژگی‌های کاریوتیپی کروموزوم‌های ده جمعیت از گونه *Ae. biuncialis* انجام شد. کاریوگرام هر جمعیت، حداقل در ۱۲ فرد با استفاده از رنگ‌آمیزی استو-فریک-هماتوکسیلین تهیه و ویژگی‌های کروموزومی شامل طول بازوی کوچک و بزرگ، طول کل کروموزوم، شاخص نسبت بازو و طول نسبی آن تعیین گردیدند. نتایج نشان داد که در مجموعه کروموزومی این گونه به غیر از یک جمعیت سه جفت کروموزوم دارای فرورفتگی ثانویه و ماهواره موجود می‌باشد. بلندترین کروموزوم ماهواره‌دار، کروموزوم شماره ۱ بود که اندازه ناحیه ماهواره آن کوچکتر از اندازه ماهواره در دو کروموزوم ماهواره‌دار دیگر بود. تجزیه واریانس طول نسبی و شاخص نسبت بازوی هر یک از کروموزوم‌ها نشان داد که از لحاظ طول نسبی همه کروموزوم‌ها غیر از جفت کروموزوم‌های ۱۰ و ۱۳ بین جمعیت‌ها اختلاف معنی‌داری باهم دارند. از لحاظ شاخص نسبت بازو نیز در جفت کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ٦، ۹، ۱۰ و ۱۳ اختلاف معنی‌داری بین جمعیت‌ها مشاهده شد. از نظر درجه تقارن استبینز جمعیت‌های ورزقان، اردبیل و TN-01-293 در دسته ۲A و بقیه جمعیت‌ها در دسته ۳A قرار گرفتند که نشانگر متقارن بودن کاریوتیپ جمعیت‌های مورد مطالعه است. همچنین گروه‌بندی ۱۰ جمعیت مورد بررسی بر اساس دو مؤلفه اصلی در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای، آنها را در چهار گروه قرار داد که از فاصله جغرافیایی تبعیت می‌کردند.

واژه‌های کلیدی: آژیلوپس، کاریوتیپ، تتراپلوئید.

مقدمه

گندم از مهمترین منابع غذایی بشر محسوب می‌گردد و تلاش‌های بسیاری در زمینه جمع‌آوری، حفظ و بهره‌برداری از تنوع ژنتیکی آن صورت می‌گیرد تا در برنامه‌های به‌نژادی و افزایش سطح تولید آن استفاده شود (Hoisington *et al.*, 1999). گونه‌های خویشاوند

Archive of SID

www.SID.ir

و اجداد وحشی گندم منبع ژنی مفیدی برای ایجاد لاین‌های مقاوم به تنش‌های غیرزیستی و زیستی بوده و همچنین منبع ژنتیکی مهمی برای صفات مختلف زراعی، عملکرد و پروتئین‌های مؤثر در کیفیت آن می‌باشند (Nevo, 1998).

جنس *Aegilops* شامل ۲۲ گونه (۱۱ گونه دیپلوئید، ۱۰ گونه تتراپلوئید و ۲ گونه هگزاپلوئید) می‌باشد (Van Slageren, 1994) که تقریباً در تمام نقاط دنیا، بجز در مناطقی با یخبندان‌های دائمی و برخی از مناطق بیابانی در نقاطی با بارندگی از ۲۲۵ تا ۸۰۰ میلی‌متر و در ارتفاع ۰ تا ۱۷۵۰ متر از سطح دریا و حتی در مناطق مرتفع در کشورهای مدیترانه‌ای، غرب آسیا، جنوب‌شرقی اروپا و شمال افریقا می‌روید (Van Slageren, 1994). گونه‌های آژیلوپس در تکامل گندم و توسعه تنوع ژنتیکی گندم نان نقش مهمی داشته‌اند (McFadden & Sears, 1946). گونه *Aegilops biuncialis* یا *Ae. lorentii* (معادل *Triticum macrochaetum*) گونه‌ای تتراپلوئید ($U^bU^bM^bM^b$ و ٤x=٢n=٢٨) می‌باشد که ژنوم U^b را از گونه دیپلوئید *Ae. umbellalata* (UU و ٢n=٢x=١٤) و ژنوم M^b را از گونه *Ae. comosa* (MM و ٢n=٢x=١٤) دریافت نموده است (Badaeva, 2002 و Badaeva *et al.*, 2004).

با مطالعه روابط فیلوژنی گونه‌های پلی‌پلوئید آژیلوپس دارنده ژنوم U با استفاده از تجزیه و تحلیل الگوهای نواربندی C و FISH اعلام کردند که اجداد دیپلوئید گونه *Ae. biuncialis* (U^bM^b)، گونه‌های *Ae. umbellulata* و *Ae. comosa* می‌باشند (Badaeva *et al.*, 2004). ژنوم M این گونه بر اثر گزینش، حذف و توزیع مجدد توالی‌های تکراری DNA و نوآرایی کروموزومی تغییر یافته است. وجود ژنوم M تغییریافته در *Ae. biuncialis* توسط مطالعات میوزی، سیتوژنتیکی و مولکولی مورد تأیید قرار گرفته است (Kihara, 1954؛ Talbert *et al.*, 1993 و Resta *et al.*, 1996).

مطالعات کروموزومی، در مطالعات مربوط به سیستماتیک گیاهی و تعیین تنوع ژنتیکی نقش مهمی دارد (Palmer *et al.*, 2003). با توجه به اینکه مطالعات محدودی در مورد ویژگی‌های کاریولوژیکی گونه‌های آژیلوپس ایران به‌ویژه در مورد گونه *Ae. biuncialis* وجود دارد، در این مطالعه ویژگی‌های کروموزومی تعدادی از جمعیت‌ها یگونه *Ae. biuncialis* شامل تعداد، اندازه و شکل کروموزوم‌ها، شاخص نسبت بازو، تعداد کروموزوم‌های ماهواره‌دار آن به‌منظور شناسایی تنوع کروموزومی بین جمعیت‌های مختلف این گونه مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق بذر ۱۰ جمعیت مختلف از گونه *Ae. biuncialis* از مناطق مختلف شمال‌غرب کشور جمع‌آوری و یک نمونه از بانک ژن مؤسسه تحقیقات اصلاح نهال و بذر کرج تهیه گردید (جدول ۱).

برای تهیه کاریوتیپ ابتدا بذرهای مورد مطالعه در ظروف پتری بر روی کاغذ صافی خیس برای جوانه‌زنی و ظهور ریشه‌ها قرار داده شدند. زمانی‌که نوک ریشه‌ها به ۱-۱/۵ سانتی‌متر رسید در محلول کلشی‌سین ۰/۰۵درصد به مدت سه ساعت در دمای اتاق پیش‌تیمار شدند. ریشه‌ها بلافاصله به محلول تثبیت‌کننده لویتسکی (نسبت حجمی ۱:۱ از محلول اسید کرومیک ۱٪ و فرمالدئید ۱۰٪) منتقل گردیدند.

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۱- نام و محل جمع‌آوری جمعیت‌های مورد مطالعه از گونه *Ae. biuncialis*

شماره جمعیت	محل جمع‌آوری
۱	استان آذربایجان‌شرقی، مرند، کیلومتر پنج جاده مرند به تبریز
۲	استان آذربایجان‌شرقی، مرند، کیلومتر هشتاد و پنج جاده مرند به ماکو
۳	استان اردبیل، گرمی، کیلومتر پنج جاده گرمی به بیله سوار
٤	استان اردبیل، پارس‌آباد، کیلومتر پانزده جاده پارس‌آباد به اردبیل
٥	استان آذربایجان‌شرقی، ورزقان، کیلومتر سی و پنج جاده ورزقان به اهر
٦	استان آذربایجان‌شرقی، اهر، کیلومتر بیست و پنج جاده اهر به مشکین‌شهر
۷	استان آذربایجان‌شرقی، شبستر، روستای خواجه مرجان
۸	استان اردبیل، مشکین‌شهر، سی‌وپنج کیلومتری مشکین‌شهر به طرف اردبیل
۹	استان اردبیل، اردبیل، شهرک کوثر
۱۰	مؤسسه تحقیقات اصلاح نهال و بذر کرج ، بانک ژن گیاهی به شماره توده TN-01-293

پس از ۳٦-۲٤ ساعت تثبیت در دمای چهار درجه سانتی‌گراد در زیر جریان آب معمولی به مدت سه ساعت شسته و در الکل ۷۰٪ در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. بعد از ۲٤ ساعت با استفاده از هیدروکسیدسدیم یک نرمال به مدت ۷ دقیقه در حمام آب‌گرم در دمای ٦۰°C هیدرولیز و در نهایت در محلول استو-فریک-هماتوکسیلین به مدت یک شب رنگ‌آمیزی شدند. لام‌ها به روش اسکواش تهیه شدند. در ۱۲ گستره متافازی خوب از هر جمعیت، کروموزوم‌ها بر اساس محل سانترومر، شاخص نسبت بازوها و وجود یا عدم وجود ماهواره از بزرگ به کوچک چیده شده و کاریوگرام تهیه گردید. ویژگی‌های مورفولوژیکی کروموزوم، طول بازوی کوچک و بزرگ، طول کروموزوم، شاخص نسبت بازوها (نسبت بازوی بزرگ به کوچک) و شاخص طول نسبی کروموزوم‌ها (نسبت طول هر کروموزوم به مجموع طول کروموزوم‌ها × ۱۰۰) توسط نرم‌افزار Micromeasure اندازه‌گیری شد. نامگذاری کروموزوم‌ها به‌روش Levan و همکاران (۱۹٦٤) انجام شد. شاخص‌های تقارن کاریوتیپ به‌منظور مقایسه تقارن کاریوتیپ جمعیت‌ها محاسبه شد و درجه تقارن کاریوتیپ آنها به روش Stebbins (1971) برای جمعیت‌های مورد مطالعه تعیین شد. تجزیه واریانس از لحاظ طول نسبی و شاخص نسبت بازوی هر یک از کروموزوم‌ها که کمتر تحت تأثیر فشردگی متفاوت کروموزوم‌ها در مرحله پیش‌تیمار قرار می‌گیرند، بین جمعیت‌ها انجام شد. همچنین به‌منظور گروه‌بندی جمعیت‌ها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، صفاتی نظیر شاخص نسبت بازو و طول نسبی کروموزوم‌ها، میانگین طول کروموزوم، میانگین طول بازوی بزرگ و کوچک، میانگین شاخص نسبت بازو، میانگین طول ماهواره، مجموع طول کل کروموزوم‌ها، دامنه طول نسبی و درصد شکل کلی کاریوتیپ جمعیت‌ها در نظر گرفته شد.

نتایج

بررسی کروموزومی ۱۰ جمعیت مورد مطالعه در این گونه بر اساس ۱۲ گستره متافازی مختلف نشان داد که

Archive of SID

www.SID.ir

تمامی این جمعیت‌ها تتراپلوئید و دارای ١٤ جفت کروموزوم می‌باشند (شکل ۱ و ۲). فرمول کروموزومی جمعیت‌ها نشان داد که تفاوتهایی در نوع کروموزوم بین جمعیت‌ها وجود دارد، به‌طوری که بیشترین تعداد کروموزومساب‌متاسانتریک در جمعیت مشکین‌شهرو بیشترین تعداد کروموزوم ساب‌تلوسانتریکدر جمعیت اهر مشاهده شد اما از نظر کروموزوم متاسانتریک بجز در جمعیت مشکین‌شهر که کمترین تعداد متاسانتریک را داشت، در بقیه جمعیت‌ها یکسان بود. در همه جمعیت‌ها کروموزوم‌های شماره ۱، ۸ و ۱۲ دارای فرورفتگی ثانویه بودند، بجز جمعیت شبستر که در کروموزوم شماره ۸ فاقد فرورفتگی ثانویه و ماهواره بود.

با توجه به میانگین کل در جمعیت‌های مورد بررسی، در گونه *Ae. biuncialis* بلندترین کروموزوم با ۹/۵۲ میکرون، کروموزوم شماره ۱ و کوتاه‌ترین آنها با ۷/۵۷ میکرون کروموزوم شماره ١٤ بود (جدول ۲). تجزیه واریانس طول نسبی و شاخص نسبت بازوی هر یک از کروموزوم‌ها نشان داد که از لحاظ طول نسبی همه کروموزوم‌ها غیر از جفت کروموزوم‌های ۱۰ و ۱۳ بین جمعیت‌ها اختلاف معنی‌داری وجود داشت. از لحاظ شاخص نسبت بازو نیز در جفت کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳، ٦، ۹، ۱۰ و ۱۳ اختلاف معنی‌داری بین جمعیت‌ها مشاهده شد. این نتایج نشان می‌دهد که تنوع قابل ملاحظه‌ای بین جمعیت‌ها از لحاظ ویژگی‌های کروموزومی وجود دارد و کروموزوم‌های این گونه دستخوش تغییراتی قرار گرفته است که باعث ایجاد تغییرات در بین جمعیت‌های مختلف شده است. سایر ویژگی‌های کروموزومی مانند طول بازوهای کروموزومی و طول کروموزوم‌ها به‌دلیل اینکه کروموزوم‌ها در هنگام پیش‌تیمار تحت تأثیر فشردگی متفاوت قرار می‌گیرند، جهت مقایسه جمعیت‌ها مورد استفاده قرار نگرفتند.

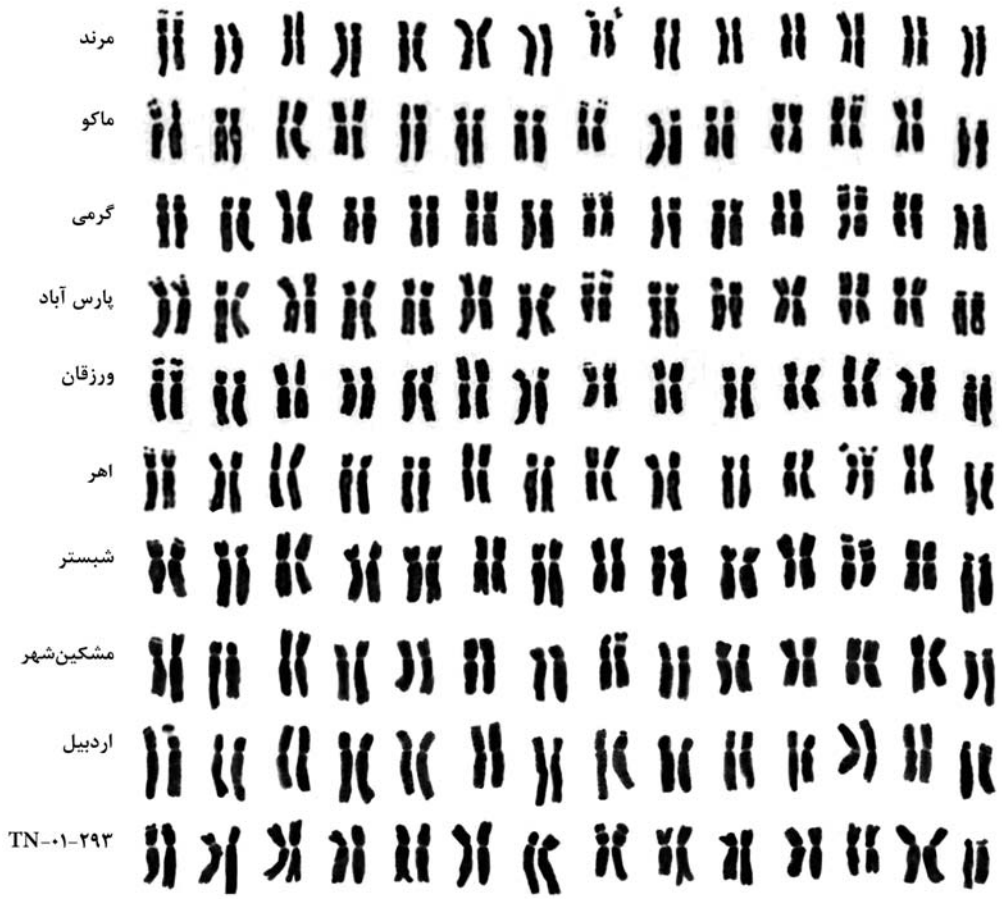
با توجه به جدول شاخص‌های مختلف تقارن (جدول ۳)، در ۱۰ جمعیت مورد مطالعه از نظر درجه تقارن (بر اساس روش Stebbins، ۱۹۷۱)، جمعیت‌های ورزقان، اردبیل و TN-01-293 در دسته ۲A و بقیه جمعیت‌ها در دسته ۳A قرار گرفتند. بنابراین، جمعیت‌های ورزقان و اردبیل و توده TN-01-293 کاریوتیپ متقارن‌تری از بقیه جمعیت‌ها داشتند. از لحاظ شاخص طول نسبی کوتاهترین، کروموزوم بیشترین مقدار مربوط به جمعیت گرمی و کمترین آن مربوط به توده TN-01-293 بود. بیشترین مقدار دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها در توده TN-01-293 و کمترین آن در جمعیت اردبیل مشاهده شد. هرچه شاخص درصد شکل کلی (%TF) به ۵۰ درصد نزدیک‌تر باشد نشانگر متقارن بودن کاریوتیپ است. بنابراین، از این نظر جمعیت‌های مشکین‌شهر و اهر با ۳۷/۲۲ و ۳۳/٦٦ درصد به‌ترتیب بیشترین و کمترین مقدار را به خود اختصاص دادند. در کل تفاوت قابل ملاحظه‌ای از نظر شاخص‌های تقارن بین جمعیت‌ها وجود نداشت.

Archive of SID

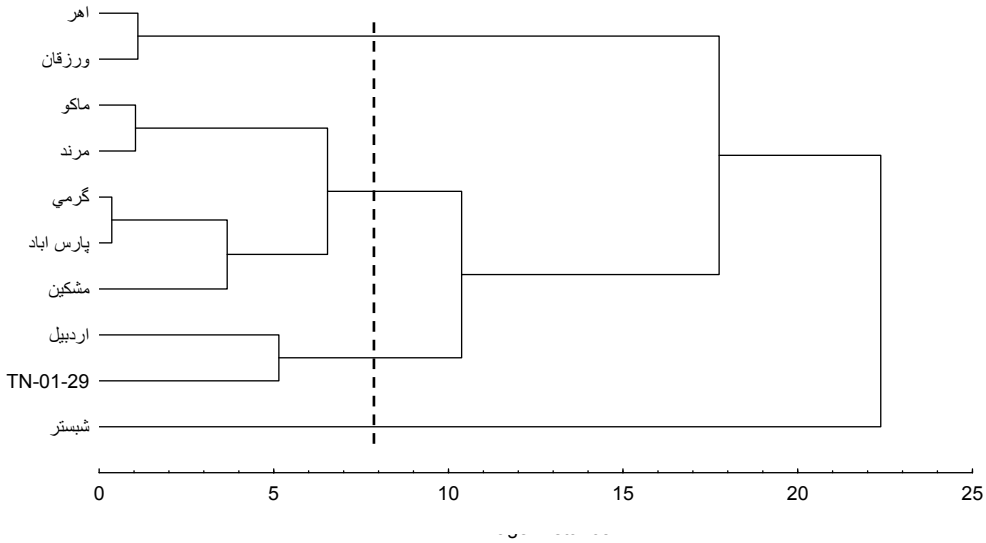
www.SID.ir

شکل ۱- گستره‌های متافازی در ۱۰ جمعیت مورد مطالعه از گونه *Ae. Biuncialis*

www.SID.ir



شکل ۲- کاریوگرام ۱۰ جمعیت مورد مطالعه از گونه *Ae. biuncialis*



شکل ۳- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای داده‌های کاریوتیپی در ۱۰ جمعیت از گونه *Ae. biuncialis*

www.SID.ir

جدول ۲- میانگین ویژگی‌های کروموزومی ۱۰ جمعیت مورد مطالعه از گونه *Ae. biuncialis*

شماره کروموزوم	نوع کروموزوم	طول کروموزوم (µm)	طول نسبی کروموزوم (٪)	طول بازوی کوتاه (µm)	طول بازوی بلند (µm)	نسبت بازوها	طول ماهواره (µm)
۱*	sm	۹/۵۲ ± ۰/۳۶	۸/۰۱ ± ۰/۱۹	۳/٤۹ ± ۰/۲۸	٦/۰۳ ± ۰/۳۱	۱/۷۳ ± ۰/۱٦	۱/۰٦ ± ۰/۰٦
۲	st	۹/٤٤ ± ۰/۲۷	۷/۹۷ ± ۰/۱۹	۲/۳٤ ± ۰/۲٤	۷/۰۱ ± ۰/۲۳	۳/۰۳ ± ۰/۱۰	
۳	m	۹/۳۵ ± ۰/۲۵	۷/۸۹ ± ۰/۲۰	۳/۹۲ ± ۰/۲۸	۵/٤۲ ± ۰/۳۰	۱/۳۸ ± ۰/۰۹	
٤	sm	۸/۸٦ ± ۰/۲۷	۷/٤۸ ± ۰/۱٤	۲/٦۰ ± ۰/۳۵	٦/۲٦ ± ۰/۲۰	۲/٤۱ ± ۰/۰٦	
۵	sm	۸/۷۳ ± ۰/۳۲	۷/۳٦ ± ۰/۱۹	۲/٤٦ ± ۰/۲۸	٦/۲۷ ± ۰/۲٦	۲/٦۰ ± ۰/۱۸	
٦	m	۸/۵۸ ± ۰/۳۵	۷/۲۲ ± ۰/۲۲	۳/٤۹ ± ۰/۲۰	۵/۰۸ ± ۰/۲۳	۱/۵۰ ± ۰/۲۱	
۷	sm	۸/٤۷ ± ۰/۲۷	۷/۱۵ ± ۰/۱۲	۲/۱۹ ± ۰/۳٤	٦/۲۸ ± ۰/۲۸	۲/۹۰ ± ۰/۱۷	
۸*	m	۸/۲۱ ± ۰/۲٦	٦/۹۳ ± ۰/۱۷	۳/٦٤ ± ۰/۱٦	٤/۵۷ ± ۰/۲۷	۱/۲۷ ± ۰/۲۵	۱/۳٦ ± ۰/۱۵
۹	sm	۸/۰۸ ± ۰/۲۲	٦/۸۳ ± ۰/۲۰	۲/٤۸ ± ۰/۳۵	۵/٦۰ ± ۰/۲٦	۲/۲۸ ± ۰/۱۰	
۱۰	sm	۸/۰٤ ± ۰/۲۷	٦/۷۸ ± ۰/۱۲	۲/٤۹ ± ۰/۲٦	۵/۵۵ ± ۰/۲۰	۲/۲٤ ± ۰/۰۳	
۱۱	m	۸/۰۲ ± ۰/۲۲	٦/۷۷ ± ۰/۲۱	۳/۳۳ ± ۰/۱۵	٤/٦۹ ± ۰/۲٤	۱/٤۳ ± ۰/۱۹	
۱۲*	m	۷/۸٤ ± ۰/۲۳	٦/٦۱ ± ۰/۲۰	۳/٦۵ ± ۰/۱۱	٤/۱۹ ± ۰/۲٤	۱/۱٦ ± ۰/۲۱	۱/۳٤ ± ۰/۰۷
۱۳	m	۷/۸۳ ± ۰/۲۲	٦/٦۱ ± ۰/۱۹	۳/۲۳ ± ۰/۱۸	٤/٦۰ ± ۰/۲۷	۱/٤۳ ± ۰/۱٤	
۱٤	st	۷/۵۷ ± ۰/۲۳	٦/۳۹ ± ۰/۱۸	۱/۱۵ ± ۰/٤۹	٦/٤۱ ± ۰/۲۱	۵/٦٤ ± ۰/۱٦	

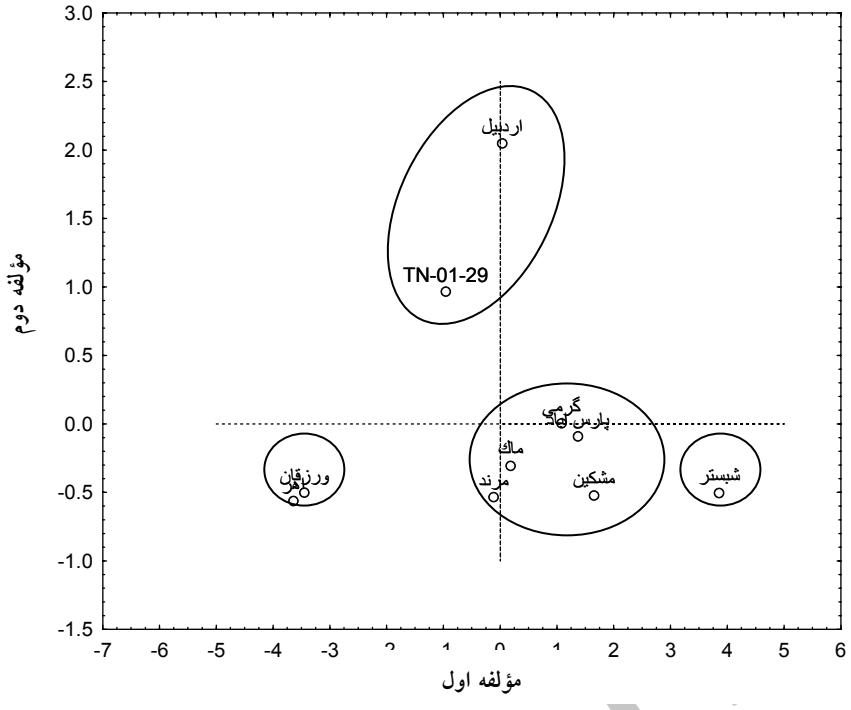
*کروموزوم با فرورفتگی ثانویه، sm کروموزوم ساب‌متاسانتریک، m کروموزوم متاسانتریک، st کروموزوم ساب تلوسانتریک

جدول ۳- شاخص‌های تقارن و برخی ویژگی‌های کروموزومی در ۱۰ جمعیت از گونه *Ae. biuncialis*

جمعیت	فرمول کروموزومی	میانگین طول کروموزوم	میانگین طول بازوی بزرگ	میانگین طول بازوی کوچک	میانگین شاخص نسبت بازو	میانگین طول ماهواره	جمع کل طول کروموزوم	دامنه طول نسبی	درجه تقارن استبینز	درصد شکل کلی
مرند	٦m:٦sm:۲st	۸/٤۵	۵/۵۷	۲/۸۸	۲/۲۸	۱/۲۲	۱۱۸/۲۹	۲/۳۷	۳A	۳٤/۱۲
ماکو	٦m:٦sm:۲st	۸/۳۹	۵/۵۲	۲/۸۷	۲/۲٦	۱/۱۷	۱۱۷/٤۵	۱/۹۵	۳A	۳٤/۱۷
گرمی	٦m:٦sm:۲st	۸/۰۳	۵/۲۸	۲/۷۵	۲/۲۲	۱/۲۲	۱۱۲/٤۷	۱/٦۷	۳A	۳٤/۲۵
پارس‌آباد	٦m:۵sm:۳st	۸/۰٤	۵/۲۹	۲/۷۵	۲/۲۳	۱/۰۳	۱۱۲/۵۱	۱/۸۳	۳A	۳٤/۱۷
ورزقان	٦m:۵sm:۳st	۹/۵۵	٦/۳۳	۳/۲۲	۲/۳۳	۱/٦۰	۱۳۳/۷۳	۱/۸۸	۲A	۳۳/۷۳
اهر	٦m:٤sm:٤st	۹/٦۳	٦/۳۹	۳/۲٤	۲/۳٤	۱/۵۰	۱۳٤/۷۹	۱/۸۹	۳A	۳۳/٦٦
شبستر	٦m:۵sm:۳st	۷/۰۵	٤/٦۲	۲/٤۳	۲/۲۰	۰/۹۳	۹۸/٦۸	۱/٦۸	۳A	۳٤/٤٤
مشکین‌شهر	۵m:۷sm:۲st	۷/۸۵	۵/۱٦	۲/٦۹	۲/۲۵	۱/۰۵	۱۰۹/۹۷	۲/۱۲	۳A	۳۷/۲۲
اردبیل	٦m:۵sm:۳st	۸/۷٤	۵/۷٦	۲/۹۸	۲/۱۲	۱/۱٦	۱۲۲/۳۸	۱/۰۵	۲A	۳٤/۰۹
TN-01-293	٦m:۵sm:۳st	۸/۹۳	۵/۸۵	۳/۰۸	۲/۲۰	۱/۲٦	۱۲٤/۹۵	۲/٤۳	۲A	۳٤/٤۸

Archive of SID

www.SID.ir



شکل ٤- گروه‌بندی ۱۰ جمعیت مورد بررسی بر اساس دو مؤلفه اصلی اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

بحث

در مجموعه کروموزومی این گونه سه کروموزوم ماهواره‌دار با فرورفتگی ثانویه مشاهده گردید (کروموزوم‌های شماره ۱، ۸ و ۱۲) که تقریباً در تمامی گستره‌های متافازی براحتی قابل تشخیص و مشاهده بودند، غیر از جمعیت شبستر که فقط در دو کروموزوم (کروموزوم‌های شماره ۱ و ۱۲)، ماهواره مشاهده شد. این نتایج با یافته‌های محققان زیادی همخوانی دارد (Cermeno *et al.*, 1984، Chennaveeraiah, 1960, Yamamoto, 1992, Badaeva, 2002, Badaeva *et al.*, 2004). در کروموزوم‌های شماره ۱ ($5U^b$) و ۱۲ ($1U^b$) ناحیه NOR و فرورفتگی ثانویه در بازوی کوچک قرار داشت ولی در کروموزوم ۸ ($1M^b$) ناحیه NOR در بازوی بزرگ قرار داشت که با یافته‌های Badaeva و همکاران (۲۰۰٤) همخوانی دارد. جمعیت‌های مورد مطالعه در این تحقیق، جزو گروه II می‌باشند که طبق تقسیم‌بندی Badaeva و همکاران (۲۰۰٤) دارای ۳ جفت کروموزوم ماهواره‌دار هستند. حال آنکه در گروه نرمال فقط دو جفت کروموزوم ماهواره‌دار به‌طور کامل قابل مشاهده بود. با توجه به اینکه ژنوم M و ژنوم U هر کدام دارای دو کروموزوم ماهواره‌دار در گونه‌های اجدادی خود می‌باشند، به نظر می‌رسد که یکی از کروموزوم‌های ماهواره‌دار (کروموزوم $5M^b$) در ژنوم M^b گونه *Ae. biuncialis* به جهت پدیده آمفی‌پلاستی غیرفعال شده است (Cermeno *et al.*, 1984) که این امر توسط Badaeva. و همکاران (۲۰۰٤) نیز مورد تأیید قرار گرفته است.

بلندترین کروموزوم ماهواره‌دار، کروموزوم شماره ۱ بود که اندازه ناحیه ماهواره آن کوچکتر از اندازه ماهواره در دو کروموزوم ماهواره‌دار دیگر بود. همچنین Badaeva (۲۰۰۲) اعلام کرد که فعالیت هستکی کروموزوم شماره ۸

Archive of SID

www.SID.ir

($1M^b$) خیلی کم است. درحالی‌که در این مطالعه در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه غیر از جمعیت شبستر، محل فرورفتگی ثانویه و ماهواره این کروموزوم تقریباً در تمامی گستره‌های متافازی براحتی قابل تشخیص و مشاهده بودند. در جمعیت شبستر کروموزوم شماره ۸ فاقد ناحیه فرورفتگی ثانویه و ماهواره بود که طبق تقسیم‌بندی Badaeva. و همکاران (۲۰۰٤) در گروه نرمال قرار می‌گیرد و اختلاف معنی‌داری با سایر جمعیت‌های مورد بررسی در این تحقیق داشت. در این خصوص Badaeva (۲۰۰۲) اعلام کرد که محل ماهواره کروموزوم شماره ۸ در طی تکامل گونه از جد خود در نتیجه پدیده ترانسلوکاسیون و نوآرایی کروموزوم‌ها از دست رفته است.

در ضمن Badaeva (۲۰۰۲) و نیز Badaeva و همکاران (۲۰۰٤) با استفاده از تکنیک FISH نشان دادند که کروموزوم $5U^b$ (کروموزوم شماره ۱) در اندازه بلندترین کروموزوم ماهواره‌دار نسبت به کروموزوم‌های $1U^b$ (کروموزوم شماره ۱۲) و $1M^b$ (کروموزوم شماره ۸) می‌باشد. کروموزوم $1M^b$ یکی از دو کروموزوم ماهواره‌دار در گونه *Ae. comosa* اجدادی است که یکی از کروموزوم‌های حفاظت شده در طول تکامل گونه‌های مختلف پلی‌پلوئید ازجمله *Ae.biuncialis* بوده و تنها با تغییرات اندکی در الگوهای نواربندی C و FISH همراه می‌باشد (Badaeva *et al*., 2004). کروموزوم شماره ۱٤ بجز در جمعیت‌های شبستر و اردبیل کروموزوم آکروسانتریک بود که بدون هیچ ابهامی قابل شناسایی است و این امر توسط Schneider و همکاران (۲۰۰۸) و نیز Badaeva و همکاران (۲۰۰٤) نیز بیان شده است.

با توجه به تجزیه و تحلیل داده‌های کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی در این گونه به روش تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌های اهر و ورزقان در یک گروه و جمعیت‌های ماکو، مرند، گرمی، پارس‌آباد و مشکین‌شهر در دسته دوم، جمعیت‌های اردبیل و TN-01-293 در گروه سوم و جمعیت شبستر در یک گروه مجزا قرار گرفت (شکل ۳). این گروه‌ها با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تأیید شد و واریانس‌ها در چهار گروه توجیه شد. همچنین گروه‌بندی ۱۰ جمعیت مورد بررسی بر اساس دو مؤلفه اصلی در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که جمعیت‌ها در چهار گروه قرار می‌گیرند و نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای مورد تائید قرار گرفت (شکل ٤).

منابع مورد استفاده

- Badaeva, E.D. 2002. Evaluation of phylogenetic relationships between five polyploid *Aegilops* L. species of the U-genome cluster by means of chromosome analysis. Russian J. Genetics, 38: 664–675.
- Badaeva, E.D., Amosova, A.V., Samatadze, T.E., Zoshchuk, S.A., Shostak, N.G., Chikida, N.N., Zelenin, A.V., Raupp, W.J., Friebe, B. and Gill, B.S. 2004. Genome differentiation in *Aegilops*. 4. Evolution of the U-genome cluster. Plant Syst. Evol., 246: 45–76.
- Cermeno, M.C., Orellana, J., Santos, J.L. and Lacadena, J.R. 1984. Nucleolar activity and competition (Amphiplasty) in the genus *Aegilops*, Heredity, 52: 603–611.
- Chennaveeraiah, M.S. 1960. Karyomorphologic and cytotaxonomic studies in *Aegilops*. Acta Horti. Gotoburgensis, 23: 85-186.
- Hoisington, D., Khairallah, M., Reeves, T., Ribaut, J.M., Skovmand, B., Taba, S. and Warburton, M. 1999. Plant genetic resources: What can they contribute toward increased crop productivity? Proceeding of National Academic Science, 99: 5937-5943.
- Kihara, H. 1954. Considerations on the evolution and distribution of *Aegilops* species based on the analyser-method. Cytologia, 19: 336-357.

Archive of SID

www.SID.ir

– Sears, E.R. 1956. The transfer of leaf rust resistance from *Aegilops umbellulata* to wheat. Brookhaven Symposium on Boilogy, 9: 1-22.
– Stebbins, G.L. 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants. Edward Arnold Pub., London.
– Talbert, L.E., Kimber, G., Magyar, G.M. and Buchanan, C.B. 1993. Repetitive DNA variation and pivotal-differential evolution of wild wheats. Genome, 36: 14-20.
– Van Slageren, M.W. 1994. Wild wheats: a monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. and Spach) Eig (Poaceae). Agricultural University Papers 94-7, Wageningen.
– Yamamoto, M. 1992. Detection of ribosomal RNA genes in *Aegilops* by *In Situ* hybridization, Bull. Osaka Private College Association, 29: 77-82.
– Levan, A., Fredgam, K. and Sandberg, A. 1964. Nomenclature for centrometric position of chromosomes. Hereditas, 52: 201-220.
– McFadden, E.S. and Sears, E.R. 1946. The origin of *Triticum spelta* and its free-threshing hexaploid relatives. J. Hered, 37: 81-89, 107-116.
– Nevo, E. 1998. Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their brearing on conservation ex situ and in situ. Gen. Res. Crop Evol., 45: 355-370.
– Palmer, J.D., Shan, F., Galwey, N. and Van, G. 2003. New methods for comparsion of chromosomes within and between species. Caryologia, 56: 223-227.
– Resta, P., Zhang, H.B., Dubcovsky J. and Dvora, K. J. 1996. The origin of the genomes of *Triticum biunciale*, *T. ovatum*, *T. neglectum*, *T. columnare*, and *T. rectum* based on variation in repeated nucleotide sequences. Amer. J. Bot., 83: 1556–1565.
– Schneider, A., Molnár, I. and Molnár-Láng, M. 2008. Utilisation of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. Euphytica, 163: 1-19.

Archive of SID

www.SID.ir

Investigation of karyological characteristics in several populations of *Aegilops biuncialis*

F. Ahmadpoor[1] , R. Asghari-Zakaria[*2] and H. Shahbazi[3]

1- M.Sc., Faculty of Agricultre, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, I.R.Iran
2[*]- Corresponding author, Department of Agronomy and Plant Breeding, Islamic Azad University, Ardabil Branch, Ardabil, I.R.Iran, E-mail: rrasghari@yahoo.com
3- Department of Agronomy and Plant Breeding, Islamic Azad University, Ardabil Branch, Ardabil, I.R.Iran

Received: 30.12.2010 Accepted: 11.11.2012

Abstract

Aegilops species are one of the most important wild relatives of wheat and the richest genetic resources in wheat breeding. *Ae. biuncialis* is a tetraploid species with 28 chromosomes derived from diploid ancestors of *Ae. umbellulata* and *Ae. comosa*. The aim of this study was investigation of karyological characteristics of ten populations of *Aegilops biuncialis*. The karyogram was prepared from at least 12 plants of each population using aceto-iron-hematoxilin staining, and chromosomal characteristics including length of long and short arms, total chromosome length, arm ratio index and relative length were measured. Result showed that there were three pairs of satellited chromosomes with a secondary constriction in the chromosome complement of this species. Significant differences were observed among the populations for the relative length of all chromosomes except for chromosomes 10 and 13 and for arm ratio index of chromosomes 1, 2, 3, 6, 10 and 13. According to the Stebbin's classes of karyotype asymmetry, Varzqan, Ardabil and TN-01-293 populations allocated to 2A and other populations to 3A categories which show the studied populations have symmetric karyotypes. Clustering of the populations based on two first principle components and cluster analysis separated them to four distinct groups followed from their geographical distances.

Key words: *Aegilops biuncialis*, Karyotype, Tetraploid.

Archive of SID

www.SID.ir