مجله علوم گیاهان زراعی ایران
دوره ۴۴، شماره ۳، ۱۳۹۲ (۴۵۳-۴۴۱)

بررسی صفات کاریوتایپی در برخی گونه‌های کلکسیون آژیلوپس ایران

محمد جعفرآقایی[1*]، شاهین واعظی[1]، محمد علی ابراهیمی[2] و مقداد توکلی[3]
۱، استادیار عضو هیت علمی بانک ژن گیاهی ملی ایران، ۲، استادیار عضو هیئت علمی دانشگاه پیام نور،
۳، دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه پیام نور واحد کرج
(تاریخ دریافت:۹۰/۶/۶ - تاریخ تصویب:۹۲/۶/۶)

چکیده

جنس آژیلوپس *Aegilops L.* یکی از خویشاوندان وحشی گندم نان بوده و پراکنش وسیعی در خاور میانه و غرب آسیا دارد که ایران بخش وسیعی از این منطقه را در بر می گیرد. گونه‌های این جنس در تکامل گندم هگزاپلوئید نقش به سزایی داشته و به طور مستقیم و غیرمستقیم بخشنده ژنوم‌های D و B به این گندم می‌باشند. به منظور شناسایی و تعیین سطح پلوئیدی تعدادی از نمونه‌های آژیلوپس بومی ایران، ۱۰۳ نمونه متعلق به ۸ گونه که از نقاط مختلف ایران جمع‌آوری شده بودند، با دو روش فلوسیتومتری و سیتوژنتیکی مورد بررسی قرار گرفتند. سطوح پلوئیدی نمونه‌ها با مقایسه نمودار پیک فلوسیتومتری هر نمونه با پیک مشابه در نمونه‌های شاهد گندم هگزاپلوئید و جو دیپلوئید برآورد گردید و برای تائید برآوردها دو نمونه از هرگونه مورد بررسی کاریوتایپ میتوزی قرار گرفت. مطالعات کاریوتایپی نمونه‌ها، برآورد سطوح پلوئیدی نمونه‌ها با استفاده از روش فلوسیتومتری را تأیید کرد اما این روش برای شناسایی ناهنجاری‌های سیتوژنتیکی مناسب نبود. اغلب نمونه‌های مورد بررسی از تقارن کروموزومی زیادی برخوردار بودند و تنها نمونه‌های گونه *Ae. triuncialis* با اندکی انحراف در کلاس ۲A استبینز قرار گرفتند. بیشترین تغییرات برای گرادیانت سانترومری و پراکنش کروموزومی در نمونه‌های گونه *Ae. speltoeides* مشاهده گردید که یکی از قدیمیترین گونه‌های آژیلوپس بوده و والد احتمالی ژنوم B در گندم‌های زراعی است.

واژه های کلیدی: آژیلوپس، تنوع ژنتیکی، فلوسیتومتری، سیتوژنتیک

مقدمه

آژیلوپس‌ها از نزدیکترین خویشاوندان گندم، بومی نواحی نیمه خشک غرب و مرکز آسیا هستند و گسترش وسیعی در ایران دارند(Van slageren, 1994)، این گیاهان به خوبی به تنش‌های زنده و غیر زنده آن نواحی و تغییرات دوره‌ای و سال به سال شرایط اقلیمی آن سازگار شده‌اند و تنوع بزرگی از ژن‌های تحمل به تنش‌ها و سازگاری را ذخیره کرده‌اند که می‌تواند در توسعه سازگاری‌ها و تنوع ژنتیکی گندم بکار برده شوند (جعفرآقایی و همکاران ۱۳۸۶، Schneider et al, 2008).

آژیلوپس‌ها در سطوح پلوئیدی دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید یافت می‌شوند و نشان داده شده است که گونه‌های پلی‌پلوئید، آمفی‌پلوئیدهایی حاصل از ترکیبات مختلف ژنوم گونه‌های دیپلوئید هستند (Kimber & Feldman1987) که در طول تکامل این گونه‌ها شکل گرفته‌اند. سه ژنوم اساس A، D و U در مجموعه گندم/آژیلوپس‌ها شناخته شده هستند.

همه گندم‌های دیپلوئید و پلی‌پلوئید در خوشه ژنوم A قرار دارند. خوشه ژنوم D شامل گونه دیپلوئید *Ae. tauschii* Cosson و پنج گونه پلی‌پلوئید

* نویسنده مسئول: محمد جعفرآقایی تلفن: ۰۹۱۲۲۶۳۰۵۹۱ E-mail: mjaghaei@spii.com

از بخش *Vertebrata* Zhuk. emend. Kihara از جمله *Ae. crassa* Boiss. و بخش *Cylindropyrum* (Jaub. & Spach) Zhuk. از جمله *Ae. cylindrica* Host. است. خوشه ژنوم U شامل گونه دیپلوئید *Ae. umbellulata* Zhuk و هفت گونه پلی‌پلوئید از بخش *Aegilops* L. از جمله *Ae. columnaris* Zhuk و *Ae. neglecta* Req. ex Bertol. و *Ae. triuncialis* (L.) Á. Löve است (Morris and Sears 1967, Kimber and Feldman 1987).. علاوه بر این سه ژنوم اساسی ژنوم‌های فرعی دیگری نیز در این مجموعه یافت می‌شوند که بنظر می‌رسد از ژنوم‌های اصلی مشتق شده‌اند از جمله ژنوم S که در گونه دیپلوئید *Ae. speltoides* Tausch و چهار گونه پلی‌پلوئید بخش *Sitopsis* (Jaub. & Spach) Zhuk. یافت می‌شوند (Kimber & Sears 1987). برخی از آمفی‌پلوئیدها با وجود تفاوت‌های ژنومی از چنان شباهتی با یکدیگر برخوردار هستند که تشخیص آنها تنها با استفاده از خصوصیات مورفولوژیکی مشکل بوده (رنجبر و همکاران ۱۳۸۹) و استفاده از خصوصیات سیتوژنتیکی برای تفکیک صحیح گونه‌ها از یکدیگر ضرورت دارد. همچنین بررسی کاریوتایپی نقش مهمی در تعیین قرابت گونه ها ایفا می‌کند و می‌تواند به عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گروه‌های خویشاوند، مطرح باشد که از آن جمله در گندم، برنج و گیاهان مرتعی از اهمیت بالایی برخوردار است (Sheidai et al., 1996). از طرف دیگر با توجه به حجم زیاد نمونه‌های موجود در مراکز نگهداری ژرم‌پلاسم توجه به روشهای غیرمستقیم برآورد وضعیت پلوئیدی مانند بررسی وضعیت و تعداد کلروپلاست در سلول‌های روزنه (قنواتی و اسکندری ۱۳۹۰) و همچنین استفاده از روش فلوسیتومتری جلب گردیده است (Bakhshi et al, 2010). در روش فلوسیتومتری با استفاده از رنگ فلئوروسنت DAPI (4,6-Di Amino 2-Phenil Indol) که بصورت کمپلکس در نواحی باز A-T باند شده و بوسیله نور ماوراء بنفش در ۳۵۰ نانومتر تحریک می‌شود محتوای DNA سلول برآورد می‌گردد (Godelle *et al.*, 1993). محتوای DNA برآورد شده بصورت هیستوگرام نشان داده می‌شود که با مقدار DNA موجود در سلول رابطه نزدیکی دارد. اگرچه محاسبه مقدار DNA نیازمند استفاده از شاهدهای مرجع استاندارد است.

مطالعه حاضر به منظور مطالعه کاریوتایپ گونه‌ها و بررسی وضعیت پلوئیدی در میان بخشی از کلکسیون آژیلوپس بانک ژن گیاهی ملی ایران که اخیرا احیا و شناسایی شده بودند انجام گرفته است.

مواد و روش ها

مواد گیاهی

در این تحقیق ۱۰۲ نمونه گیاهی از هشت گونه آژیلوپس بومی ایران که در بانک ژن ملی گیاهی ایران نگهداری می‌شوند و اخیرا احیا و شناسایی شده بودند مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۱).

جدول ۱- لیست گونه‌های مورد بررسی، محل جمع‌آوری و تعداد نمونه در هر کدام از گونه‌ها

گونه	محل جمع آوری	تعداد
Ae. collumnaris	آذربایجان غربی، آذربایجان شرقی، فارس، ایلام	۱۲
Ae. crassa	چارمحال بختیاری، فارس، همدان، ایلام، کرمانشاه، خراسان، مرکزی، زنجان	۱۵
Ae. cylindrica	آذربایجان غربی، ایلام، کرمانشاه، خراسان، کردستان، مرکزی، زنجان	۱۹
Ae. neglecta	هرمزگان، ایلام، کرمانشاه	۳
Ae. speltoeides	ایلام	۳
Ae. tauschii	آذربایجان غربی، لرستان، مازندران، زنجان	۱۱
Ae. triuncialis	آذربایجان غربی، بوشهر، چارمحال بختیاری، فارس، ایلام، کرمانشاه، خوزسان، مازندران، زنجان	۳۶
Ae. umbellulata	آذربایجان غربی، همدان	۳

مطالعه سطوح پلوئیدی با استفاده از روش فلوسایتومتری

تعداد دو برگ جوان را بریده و مقدار ۱۶۰۰ میکرو لیتر از بافر DAPIبر روی برگها ریخته شد و با استفاده از تیغ کاملاً خرد شدند. سوسپانسیون حاصله، از فیلتر مخصوص دستگاه عبور داده شد و بوسیله دستگاه فلوسیتومتری (ساخت کشور آلمان) آنالیز شدند. اندازه‌گیری محتوای DNA نمونه‌های مورد آزمایش با Gain۳۷۵ انجام شد و نمونه‌هایی که دارای پیک مناسب بودند جهت مطالعات کاریوتایپی مورد استفاده قرار گرفتند (Bagwell et al., 1989). یک نمونه گندم

هگزاپلوئید و یک نمونه جو دیپلوئید به عنوان شاهد مورد استفاده قرار گرفتند.

مطالعه کاریوتایپ میتوزی

با توجه به نتایج فلوسیتومتری از هر گونه دو نمونه که دارای بیشترین و کمترین پیک محتوای DNA در میان گونه خود بودند و در مجموع ۱۶ نمونه جهت مطالعه کاریوتایپی انتخاب شدند. ده عدد بذر از هر نمونه منتخب جوانه دار شدند. ریشه‌ها به مدت سه ساعت در محلول ۸- هیدروکسی کینولئین پیش تیمار شدند. سپس برای مدت یک هفته در محلول استو اورسئین ۰/۲درصد تثبیت شدند. برای رنگ آمیزی از محلول استوارسئین ۲ درصد استفاده شد. برای هیدرولیز، ریشه ها در پنج میلی لیتر اسید استیک ۴۵ درصد و حرارت داده شده و سپس برروی لام اسکواش شدند(Mujeebkazi & Miranda 1985). اسلایدها در زیر میکروسکوپ بررسی شده و از صفحات متافازی مناسب با استفاده از میکروسکوپ دوربین دار زایس و بزرگنمایی ۱۰۰۰ عکس تهیه شد. از هر نمونه سه تا پنج صفحه متافازی مناسب انتخاب و با استفاده از نرم افزار Micro measure تجزیه و تحلیل شدند و خصوصیات طول کل کروموزوم(TL)، طول بازوی بلند(LA) ، طول بازوی کوتاه(SA)، نسبت بازوها (AR:L/S)، ضریب تغییرات نمونه‌ها (CV)،شاخص سانترومری (CI) که بیانگر نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم است وشاخص پراکنش کروموزومی (DI) اندازه گیری شد. در هر گونه در میان دو نمونه مورد بررسی و صفحات متافازی انتخابی از هر نمونه برای خصوصیات کروموزوم‌ها میانگین و انحراف معیار محاسبه شد (Reeves, 2001). برای نامگذاری کروموزوم‌ها از روش لوان (۱۹۶۴) و برای تعیین وضعیت تقارن کاریوتیپی نمونه ها از روش استبینز (۱۹۷۱) استفاده شد.

نتایج

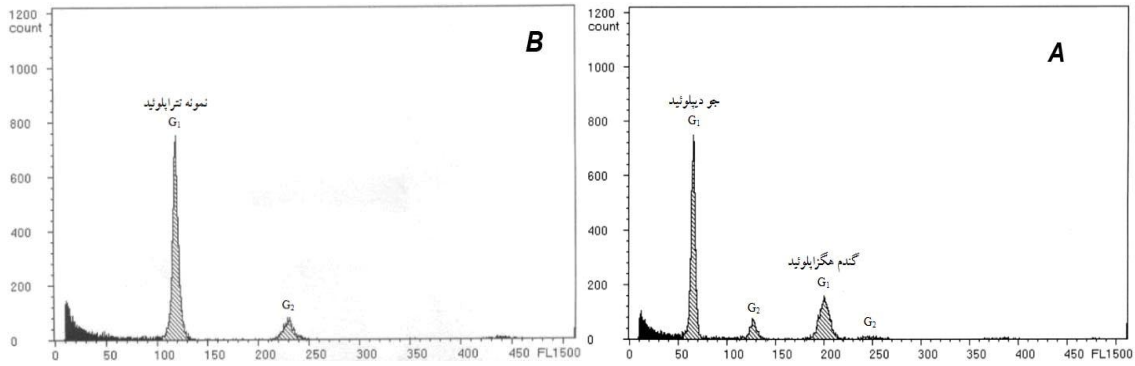
ارزیابی محتوای DNA گونه ها با استفاده از فلوسیتومتری

پیک فلوسیتومتری برای گیاه جو دیپلوئید در دامنه‌ای بین ۵۶ تا ۷۸ و میانگین ۶۷ و برای گندم هگزاپلوئید در دامنه ۱۸۵ تا ۲۳۸ با میانگین ۲۰۹ مشاهده گردید (جدول۲).

بنابراین سطح پلوئیدی گونه‌های *Ae. tauschii, Ae. speltoides, Ae. umbellulata* که دارای پیک فلوسیتومتری در محدوده ۵۸ تا ۶۵ بودند که تقریبا یک سوم پیک گندم هگزاپلوئید و برابر جو تتراپلوئید هستند بعنوان گیاهان دیپلوئید و گونه‌های *Ae. crassa, Ae. triuncialis, Ae. columnaris, Ae. neglacta* که دارای پیک فلوسیتومتری در محدوده ۱۰۳ تا ۱۳۸ بودند که تقریبا دوبرابر پیک جو دیپلوئید و دو سوم گندم هگزاپلوئید است بعنوان گیاهان تتراپلوئید برآورد شدند (شکل۱). از طرف دیگر هم درون گونه‌ها هم در بین گونه‌ها تنوع زیادی برای محتوای DNA مشاهده می‌گردد که می‌تواند ناشی از تفاوت ذاتی در اندازه کروموزم‌های گونه‌های مختلف، تنوع در اندازه کروموزوم‌ها در درون یک گونه و همچنین خطای اندازه‌گیری باشد. بنابراین برای بررسی بیشتر از هر گونه نمونه‌هایی که دارای بیشترین و کمترین پیک فلوسیتومتری بودند انتخاب و برای خصوصیات کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند.

جدول ۲ – میانگین و انحراف معیار پیک فلوسیتومتری برای نمونه‌های مورد بررسی، شاهد جو و شاهد گندم

گونه	پیک نمونه	نسبت پیک نمونه به پیک جو دیپلوئید	نسبت پیک نمونه به پیک گندم هگزاپلوئید
Ae. tauschii	۵۸/۵±۵/۷	۰/۸۹ ±۰/۰۹	۰/۲۸±۰/۰۳
Ae. speltoides	۶۴/۳±۴/۲	۰/۹۴±۰/۰۶	۰/۳±۰/۰۱
Ae. umbellulata	۶۳/۷±۳/۲	۰/۹۱±۰/۰۲	۰/۲۹±۰/۰۱
Ae. crassa	۱۳۷/۸±۱۹/۱	۲/۰۷±۰/۲۴	۰/۶۶±۰/۰۸
Ae. triuncialis	۱۰۳/۹±۹/۶	۱/۵۶±۰/۱۴	۰/۵±۰/۰۴
Ae. columnaris	۱۲۰/۷±۱۰/۶	۱/۷۹±۰/۱۵	۰/۵۷±۰/۰۵
Ae. neglecta	۱۲۴/۷±۶/۷	۱/۸۲±۰/۰۸	۰/۵۹±۰/۰۲



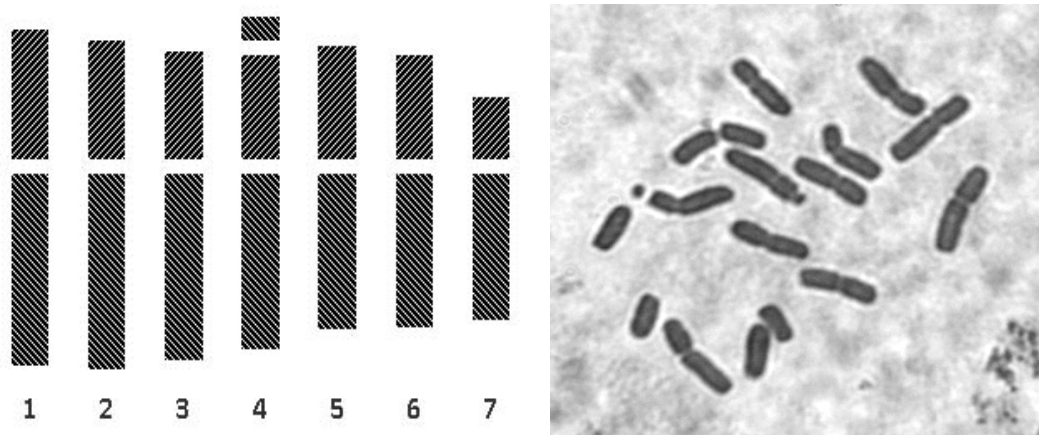
b a

شکل ۱ - پیک فلوسیتومتری برای A- شاهدهای جو دیپلوئید و گندم هگزاپلوئید، B- یک نمونه از گونه تتراپلوئید *Ae. columnaris*، محور افقی نشانگر محتوای DNA سلول‌ها و محور عمودی تعداد هسته‌های شمارش شده. G1 و G2 فازهای ۱ و ۲ تقسیم سلولی.

(Ranjbar et al., 2007) و (Bakhshi et al., 2010) به ترتیب کلکسیون های *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica* ایران را به روشی مشابه مورد ارزیابی قرار داده و ضمن تعیین وضعیت پلوئیدی نمونه‌ها موفق به یافتن نمونه های هگزاپلوئید جدید در این کلکسیون‌ها شدند.

گونه Ae. tauschii

در میان یازده نمونه *Ae. tauschii* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری نمونه بین ۵۰ تا ۷۱ و میانگین پیک ۵۸ بود (جدول۲). از میان این یازده نمونه بررسی شده نمونه دارای پیک ۵۰ از استان مازندران و نمونه دارای پیک ۷۱ از آدربایجان غربی برای کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند. هر دو نمونه دیپلوئید با N=2X=14۲ کروموزوم و فرمول کروموزومی M+2SM۵ بودند (جدول۳). یک میکروستلایت در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۴ مشاهده گردید(شکل۲). ضریب تغییرات طول کروموزوم ها ۰/۲۰ و شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه ۰/۱۲ محاسبه شد. کروموزم های این گونه به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه ۱A جدول استبینز قرار گرفتند (جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در مطالعه سه جمعیت *Ae. tauschii* هفت جفت کروموزوم متاسانتریک مشاهده کردند و آنها را در کلاس ۱A استبینز قرار دادند. اغلب محققین این گونه را والد ژنوم D در گندم‌های زراعی معرفی کرده‌اند (Aghaei et al., 2008). آقایی و همکاران (۱۳۸۶) با مشاهده متوسط ۱۲ کیاسما در هیبریدهای بین این گونه و گندم زراعی نتیجه گیری کردند که این گونه دارای نزدیکترین ژنوم D به گندم زراعی است.



b a

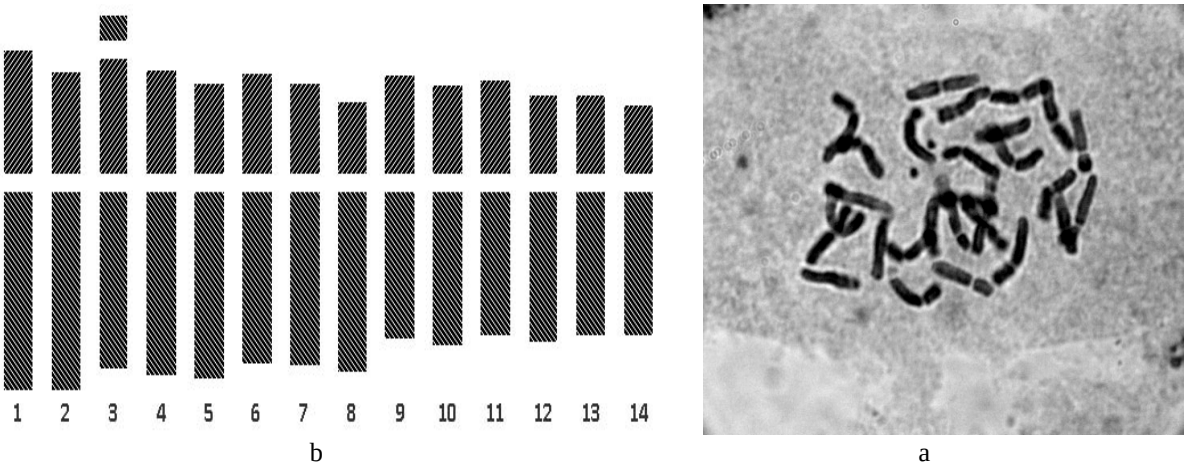
شکل ۲ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. tauschii*

جدول ۳ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. tauschii*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۳/۸۵±۲۲/۱۴	۱/۷۱±۱۳/۲۴	۲/۹۵±۸/۹	۱/۵	۰/۴۰
۲	M	۳/۹۴±۲۱/۵۷	۳/۳۹±۱۳/۳۷	۱/۱۳±۸/۲	۱/۶	۰/۳۸
۳	SM	۳/۷۴±۲۰/۲۵	۱/۷۷±۱۲/۷۷	۲/۶۳±۷/۴۹	۱/۷	۰/۳۷
۴	M	۲/۸۸±۱۹/۲۶	۳/۰۵±۱۲	۱/۱۵±۷/۲۷	۱/۶	۰/۳۸
۵	M	۲/۹±۱۸/۴۹	۱/۶۴±۱۰/۶۵	۱/۴۸±۷/۸۴	۱/۴	۰/۴۲
۶	M	۲/۷۸±۱۷/۸۶	۲/۹۹±۱۰/۵۸	۱/۶۹±۷/۲۸	۱/۴	۰/۴۱
۷	SM	۰/۲۳±۱۴/۳۴	۱/۱۹±۱۰	۱/۲۲±۴/۳۴	۲/۳	۰/۳

گونه Ae. cylindrica

نوزده نمونه *Ae. cylindrica* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۹۱ تا ۱۲۵ با میانگین ۱۰۵ نشان می دادند (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۹۱ و ۱۲۵ از آذربایجان غربی برای کاریوتایپ میتوزی بررسی شدند. بررسی کاریوتایپ میتوزی نمونه ها نشان داد که نمونه‌ها تتراپلوئید و شامل ۴ جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک می باشد (جدول۴). شاخص سانترومری ۰/۰۷ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۱۳ بود. یک جفت میکروستلایت نیز در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم‌های شماره ۳ مشاهده گردید(شکل۳). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۵ و جایگاه آن در جدول استبینز ۱A است(جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی پنج نمونه از این گونه، ۸ تا ۱۴ جفت کروموزوم متاسانتریک و تا ۶ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک مشاهده کردند. آنها نمونه‌های این گونه را در کلاسهای ۱A تا ۱B استبینز قرار داده‌اند. (Bakhshi et al., 2010) در مطالعه کلکسیون *Ae. cylindrica* ایران پیک فلوسیتومتری بین ۹۶ تا ۱۳۸ با میانگین ۱۱۸ را برای نمونه‌های این کلکسیون مشاهده کردند. آنها دریافتند که نمونه‌های قرار گرفته در این دامنه پیک فلوسیتومتری تتراپلوئید با ۱۴ جفت کروموزوم بودند که شامل ۴-۱ جفت کروموزم متاسانتریک، ۱۲-۶ جفت ساب متاسانتریک و ۵-۱ جفت کروموزوم ساب‌تلوسنتریک بودند. این گونه دارای ژنوم CD است که ژنوم D را از گونه *Ae. tauschii* و ژنوم C را از گونه *Ae. caudata* به ارث برده است (Gandhi et al., 2005). آقایی و همکاران (۱۳۸۶) با مشاهده میانگین حدود ۷ کیاسما در هیبریدهای بین گونه‌ای این گونه و گندم زراعی نشان دادند که شباهت زیادی بین ژنوم D این گونه و گندم زراعی وجود دارد.



b a

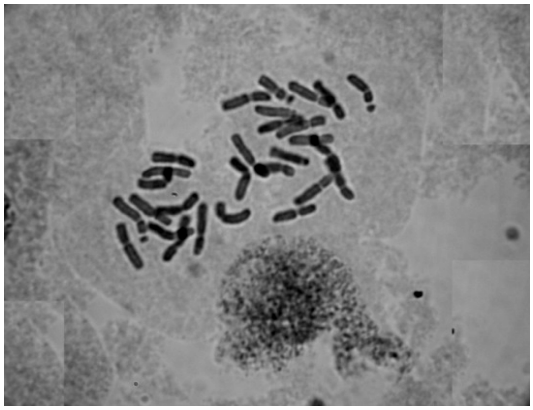
شکل ۳ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. cylindrica*

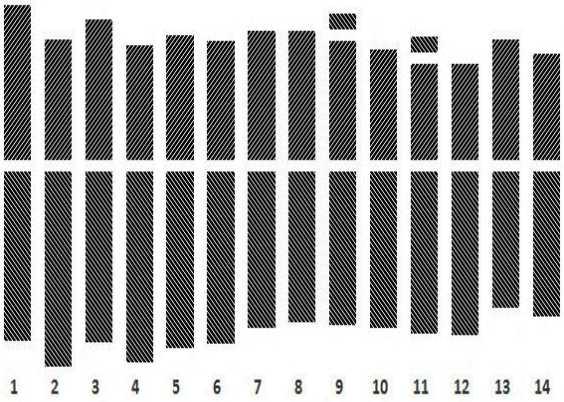
جدول ۴ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. cylindrica*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۰/۹۹±۱۸/۸۹	۲/۰۹±۱۱/۷	۱/۶۵±۷/۲	۱/۶	۰/۳۸
۲	SM	۱/۲±۱۷/۶۱	۲/۶±۱۱/۶۵	۱/۷۴±۵/۹۶	۱/۹	۰/۳۴
۳	M	۱/۰۱±۱۷/۱۳	۱/۷۴±۱۰/۳۷	۱/۱۵±۶/۷۶	۱/۵	۰/۳۹
۴	SM	۱/۱۳±۱۶/۷۵	۱/۵۱±۱۰/۷۴	۱/۹±۶/۰۱	۱/۸	۰/۳۶
۵	SM	۱/۰۱±۱۶/۱۴	۱/۲۹±۱۰/۹۳	۱/۲۸±۵/۲۲	۲/۱	۰/۳۲
۶	SM	۰/۹±۱۵/۸۹	۱/۰۲±۱۰/۰۳	۱/۱۱±۵/۸۶	۱/۷	۰/۳۷
۷	SM	۰/۹۱±۱۵/۳۶	۲/۱۳±۱۰/۱۲	۱/۶۴±۵/۲۴	۱/۹	۰/۳۴
۸	SM	۰/۶۶±۱۴/۷۲	۱/۷۶±۱۰/۵۴	۱/۳۲±۴/۱۸	۲/۵	۰/۲۸
۹	M	۰/۷۱±۱۴/۴۴	۱/۲۳±۸/۶۸	۱/۱۲±۵/۷۶	۱/۵	۰/۴
۱۰	SM	۰/۶۹±۱۴/۰۷	۱/۳±۹/۰۱	۱/۱۷±۵/۰۷	۱/۸	۰/۳۶
۱۱	M	۰/۶۸±۱۳/۸۱	۰/۶۸±۸/۴۱	۰/۹۳±۵/۴	۱/۶	۰/۳۹
۱۲	SM	۰/۶۷±۱۳/۳۷	۱/۶۲±۸/۸	۱/۱±۴/۵۷	۱/۹	۰/۳۴
۱۳	SM	۰/۶۹±۱۳/۱۱	۰/۸۹±۸/۴۸	۱/۰۹±۴/۶۳	۱/۸	۰/۳۵
۱۴	SM	۰/۴۴±۱۲/۴۸	۱/۱۹±۸/۴۸	۱/۰۲±۴	۲/۱	۰/۳۲

گونه Ae. crassa

در این تحقیق ۱۵ نمونه *Ae. crassa* مورد بررسی قرار گرفتند. نمونه‌های مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۱۲۳ تا ۲۰۱ نشان دادند که دامنه بسیار وسیعی را شامل می گردد. اما میانگین پیک فلوسیتومتری برای این گونه ۱۳۸ بود (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۱۲۳ از زنجان و ۲۰۱ از خراسان برای وضعیت کاریوتایپ میتوزی بررسی شدند. نمونه زنجان یک نمونه تتراپلوئید با یازده جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود. اما نمونه خراسان یک نمونه هگزاپلوئید با ۱۸ جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود، و به همین دلیل پیک فلوسیتومتری در این نمونه بیشتر از سایر نمونه های این گونه بود. (Naghavi et al., 2013) نمونه‌های مشابه‌ای را در کلکسیون *Ae. crassa* ایران شناسایی کردند که پیک فلوسیتومتری در ناحیه ۱۹۵ نشان می‌دادند. آنها نتیجه گرفته‌اند که این نمونه‌ها سیتوتیپ هگزاپلوئید از گونه *Ae. crassa* هستند. با اینحال در زمان انجام این تحقیق تردیدهایی در مورد شناسایی گیاهشناسی این نمونه وجود داشته و احتمال تعلق این نمونه‌ها به گونه *Ae. vavilovi* نیز مطرح بود بنابراین در ادامه از نمونه های مورد بررسی حذف گردید. نمونه تتراپلوئید زنجان دارای شاخص سانترومری ۰/۱۰ و ضریب تغییرات طول کروموزم ها ۰/۱۴ بود (جدول). این نمونه دارای دو ماهوارک برروی بازوهای کوتاه کروموزوم های ۹ و یازده بود. شاخص پراکنش کروموزومی برای آن ۰/۷۴ و در جایگاه 1A از جدول استبینز قرار می‌گرفت. در یک تحقیق مشابه برروی نمونه‌های *Ae. crassa* تتراپلوئید ۱۲ جفت کروموزوم متاسانتریک و دو جفت کروموزوم ساب متاسانتریک مشاهده کردند. آنها یک جفت ماهوارک برروی کروموزم‌های متاسانتریک و یک جفت ماهوارک برروی کروموزوم‌های ساب‌متاسانتریک یافته‌اند (رنجبر و همکاران، ۱۳۸۹). (Hatami-Maleki 2010) در بررسی کاریوتایپ ۱۰ نمونه *Ae. crassa* ایران مشاهده کردند که همه نمونه‌ها تتراپلوئید با ۱۳جفت کروموزوم متاسانتریک و یک جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند. آنها یک جفت ماهوارک بر روی جفت کروموزوم شماره ۹ گزارش کرده‌اند. سیتوتیپ تتراپلوئید این گونه دارای ژنوم DM بوده و ژنوم D خود را از گونه *Ae. tauschii* به ارث برده است (Kimber & Feldman., 1987).





a B

شکل ۴ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. crassa*

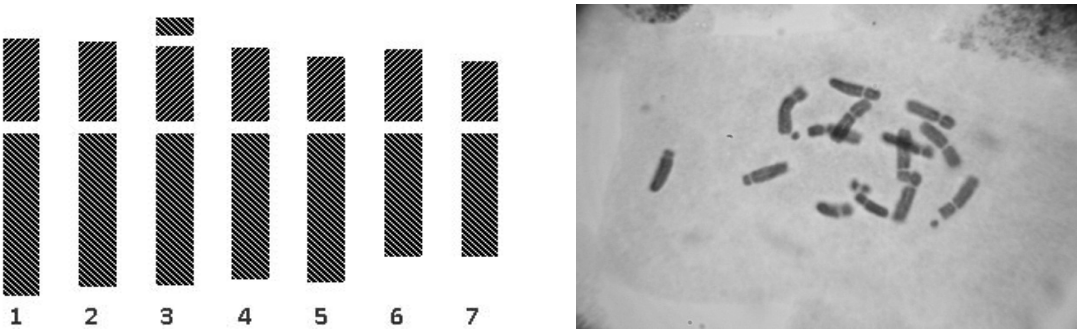
جدول ۵ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. crassa*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۰/۷۸±۲۹/۸۴	۱/۰۲±۱۵/۵۸	۰/۷±۱۴/۲۶	۱/۱	۰/۴۸
۲	M	۰/۸۷±۲۸/۹۹	۰/۲۳±۱۷/۹۵	۰/۹۶±۱۱/۰۵	۱/۶	۰/۳۸
۳	M	۰/۵۲±۲۸/۵۸	۰/۵۹±۱۵/۶۹	۰/۷۵±۱۲/۸۸	۱/۲	۰/۴۵
۴	SM	۰/۸۲±۲۸/۰۲	۳/۶±۱۷/۵۲	۳/۵۱±۱۰/۴۹	۱/۷	۰/۳۷
۵	M	۰/۱۸±۲۷/۷۶	۱/۱±۱۶/۲۲	۱/۰۹±۱۱/۵۴	۱/۴	۰/۴۲
۶	M	۰/۴۶±۲۶/۸۷	۲/۴۲±۱۵/۸۶	۲/۷۳±۱۱/۰۱	۱/۴	۰/۴۱
۷	M	۰/۵±۲۶/۳۳	۰/۶۸±۱۴/۴۵	۱/۰۸±۱۱/۸۸	۱/۲	۰/۴۵
۸	M	۰/۴۱±۲۵/۷۴	۰/۳±۱۳/۸۵	۰/۵۶±۱۱/۸۸	۱/۲	۰/۴۶
۹	M	۰/۱۷±۲۵/۰۸	۰/۹۹±۱۴/۱	۱/۱۵±۱۰/۹۹	۱/۳	۰/۴۴
۱۰	M	۰/۲۶±۲۴/۶۴	۲/۲۱±۱۴/۴۷	۲/۳۹±۱۰/۱۸	۱/۴	۰/۴۱
۱۱	SM	۱/۲۴±۲۳/۸	۲/۲۵±۱۴/۹۳	۲/۷۹±۸/۸۸	۱/۷	۰/۳۷
۱۲	SM	۰/۸۵±۲۳/۹۶	۰/۸۷±۱۵/۱۲	۰/۴۹±۸/۸۴	۱/۷	۰/۳۷
۱۳	M	۰/۸±۲۳/۶۸	۰/۶۲±۱۲/۶۲	۰/۵۶±۱۱/۰۶	۱/۱	۰/۴۷
۱۴	M	۰/۱۴±۲۳/۰۳	۱/۶۲±۱۳/۳۳	۱/۵۷±۹/۷	۱/۴	۰/۴۲

گونه Ae. umbellulata

سه نمونه از این گونه در تحقیق موجود بودند که پیک فلوسیتومتری آنها دامنه ای بین ۶۰ تا ۶۶ را نشان می داد (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۶۰ از همدان و ۶۶ از آذربایجان غربی برای بررسی کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند. نمونه های مورد بررسی این گونه دیپلوئید و شامل هفت جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود(جدول۶). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۱۰ و ضریب تغییرات کروموزومی ۰/۲۱ بود. یک جفت ماهوارک نیز در انتهای بازوهای کوتاه کروموزوم شماره ۳ مشاهده گردید(شکل۵). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۱ و برای تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می گرفت. (جدول۱۱). حسینی و همکاران (۱۳۹۱) پیک فلوسیتومتری برای نمونه‌های گونه *Ae. umbellulata* را بین ۶۵ تا ۱۰۰ گزارش کرده‌اند که در حدود ۰/۳ پیک

شاهد گندم هگزاپلوئید بود. این گونه دارای ژنوم U است، و سایر گونه های پلی پلوئید آژیلوپس ژنوم U خود را از این گونه به ارث برده اند (Badaeva, 2004).



B a

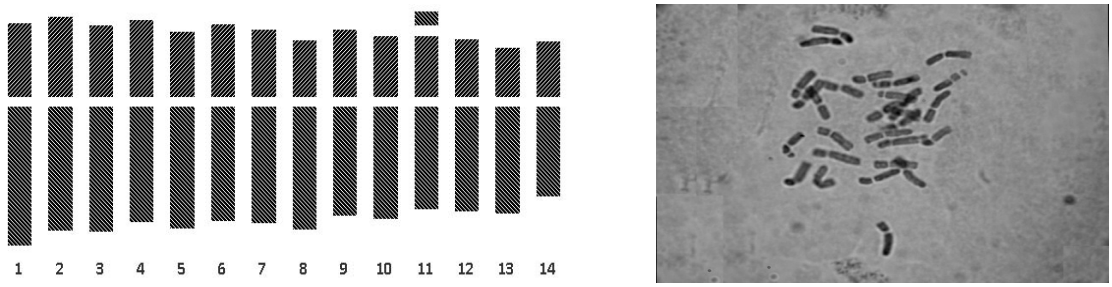
شکل ۵ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. umbellulata*

جدول ۶ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. umbellulata*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۳/۶±۲۰/۲۹	۳/۳۷±۱۳/۴	۱/۴۲±۶/۸۹	۱/۹۵	۰/۳۴
۲	SM	۳/۵۳±۱۹/۲۸	۲/۶±۱۲/۶۳	۲/۲۵±۶/۶۴	۱/۹۰	۰/۳۴
۳	SM	۳/۶۳±۱۸/۷۵	۳/۳±۱۲/۵۶	۲/۰۴±۶/۲	۲/۲۱	۰/۳۳
۴	SM	۳/۵۴±۱۸/۱۸	۲/۱۷±۱۲/۰۷	۱/۸±۶/۱۱	۲/۰۳	۰/۳۴
۵	SM	۳/۵۴±۱۷/۵۹	۲/۷۷±۱۲/۲۷	۱/۶۲±۵/۳۲	۱/۹۸	۰/۳
۶	SM	۳/۱۶±۱۶/۱۶	۳/۲۵±۱۰/۱۸	۲/۲۵±۵/۹۹	۲/۳۱	۰/۳۷
۷	SM	۳/۲۳±۱۵/۲۸	۳/۱۳±۱۰/۲۱	۱/۷±۵/۰۷	۱/۷۰	۰/۳۳

گونه Ae. columnaris

در میان ۱۲ نمونه مورد بررسی از گونه *Ae. columnaris* پیک فلوسیتومتری بین ۹۸ تا ۱۳۸ با میانگین ۱۲۰ بود (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۱۲۷ و ۱۳۸ از آذربایان غربی برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. نمونه های این گونه تتراپلوئید و شامل سه جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۱ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند (جدول۷). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۰۸ و ضریب تغییرات کروموزومی ۰/۱۵ بود. یک جفت ماهوارک در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۱۱ مشاهده گردید(شکل۶). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه ۰/۵۷ و به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می گرفت (جدول۱۱). این گونه دارای ژنوم UM است، و ژنوم U خود را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است(Damania, 1997).



b a

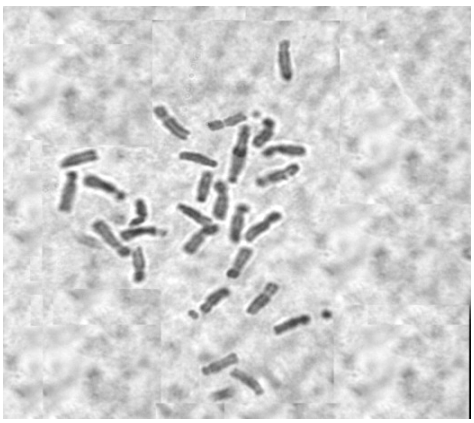
شکل ۶ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. columnaris*

جدول ۷ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. columnaris*

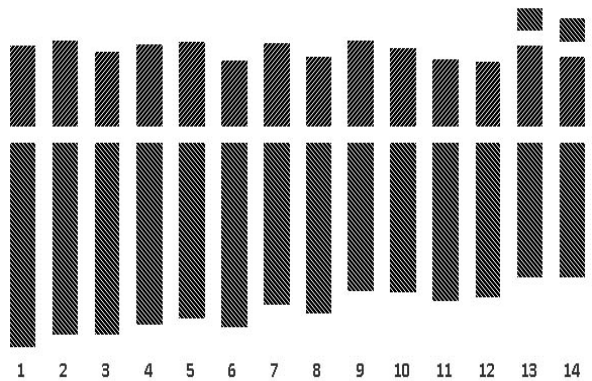
شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۱/۹۵±۲۲/۴	۱/۹۴±۱۴/۶۷	۱/۳۱±۷/۷۳	۱/۹۰	۰/۳۵
۲	M	۲/۷۷±۲۱/۶۸	۲/۳±۱۳/۱۴	۱/۲±۸/۵۴	۱/۵۴	۰/۳۹
۳	SM	۲/۱۴±۲۰/۸۹	۱/۸۶±۱۳/۳	۰/۹۴±۷/۵۹	۱/۷۵	۰/۳۶
۴	M	۲/۲۸±۲۰/۳۹	۱/۳۲±۱۲/۲۵	۱/۴۳±۸/۱۳	۱/۵۱	۰/۴
۵	SM	۱/۹۷±۱۹/۸۴	۱/۴۵±۱۳	۱/۹۸±۶/۸۴	۱/۹۰	۰/۳۴
۶	M	۲/۳±۱۹/۷۴	۱/۷۶±۱۲/۰۸	۱/۱۳±۷/۶۶	۱/۵۸	۰/۳۹
۷	SM	۲/۱۴±۱۹/۳۹	۱/۷۳±۱۲/۳۳	۱/۰۸±۷/۰۶	۱/۷۵	۰/۳۶
۸	SM	۲/۰۵±۱۹/۰۸	۱/۸۲±۱۳/۰۵	۱/۰۲±۶/۰۳	۲/۱۷	۰/۳۲
۹	SM	۲/۱۳±۱۸/۶۷	۱/۱۲±۱۱/۵۸	۲/۰۴±۷/۱	۱/۶۳	۰/۳۷
۱۰	SM	۱/۹۱±۱۸/۳۵	۲/۰۳±۱۱/۹۲	۰/۵۳±۶/۴۴	۱/۸۵	۰/۳۶
۱۱	SM	۱/۹۱±۱۷/۴۷	۱/۵۵±۱۰/۹۵	۱/۳۴±۶/۵۳	۱/۶۸	۰/۳۷
۱۲	SM	۱/۹۶±۱۷/۱۵	۱/۷۳±۱۱/۰۴	۱/۲۳±۶/۱۱	۱/۸۱	۰/۳۱
۱۳	SM	۱/۷۱±۱۶/۴۶	۲/۵۷±۱۱/۲۹	۱/۹۱±۵/۱۷	۲/۱۸	۰/۳۸
۱۴	SM	۲/۴۱±۱۵/۳۷	۲±۹/۵۲	۱/۴۸±۵/۸۵	۱/۷۶	۰/۳۶

گونه Ae. triuncialis

سی و شش نمونه *Ae. triuncialis* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۸۵ تا ۱۳۶ با میانگین ۱۰۳ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۸۵ و ۱۲۶ از آذربایجان غربی برای بررسی کاریوتایپی انتخاب شدند. نمونه‌های بررسی شده این گونه تتراپلوئید و شامل سیزده جفت کروموزوم ساب متاسانتریک و یک جفت کروموزوم ساب تلوسانتریک بود (جدول۸). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۰۶ و ضریب تغییرات طول کروموزم‌ها ۰/۱۳ برآورد گردید. دو جفت ماهوارک بر روی بازوهای کوتاه کروموزوم های شماره ۱۳ و ۱۴ مشاهده گردید (شکل۷). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۴۶ برای تقارن کروموزومی در جایگاه 2A جدول استبینز قرار گرفت که دارای نامتقارن ترین کروموزوم‌ها در میان گونه‌های مورد بررسی است (جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی شش نمونه از این گونه، بین ۴ تا ۱۳ جفت کروموزوم متاسانتریک و ۱ تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسامتریک مشاهده کرده و نمونه‌ها مطالعه شده را در کلاس‌های 1A تا 1B استبینز گروهبندی کردند. این گونه دارای ژنوم UC می‌باشد، و ژنوم U خود را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است(Badaeva et al., 2004).



a



b

شکل ۷ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. triuncialis*

جدول ۸ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. triuncialis*

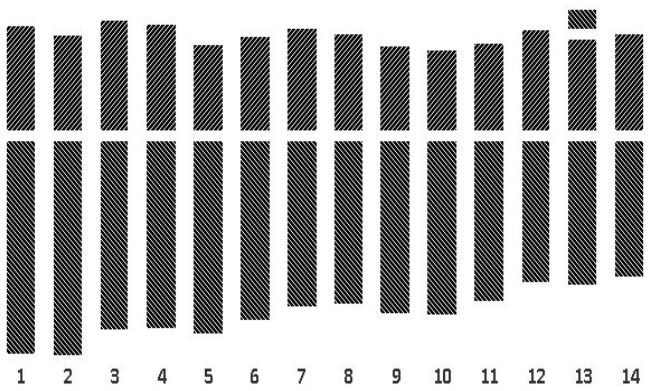
شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۱/۴۵±۱۸/۵۸	۲/۴۵±۱۳/۳	۱/۸±۵/۲۸	۲/۵۲	۰/۲۹
۲	SM	۱/۶۳±۱۸/۱۴	۲/۱۵±۱۲/۵۴	۱±۵/۶	۲/۲۴	۰/۳۱
۳	SM	۱/۸±۱۷/۴۲	۱/۴۵±۱۲/۵۳	۱/۷±۴/۸۹	۲/۵۶	۰/۲۸
۴	SM	۱/۷۳±۱۷/۲۸	۱/۹۵±۱۱/۹۱	۱/۰۶±۵/۳۷	۲/۲۲	۰/۳۱
۵	SM	۱/۷±۱۶/۹۵	۱/۷۲±۱۱/۴۳	۰/۹±۵/۵۲	۲/۰۷	۰/۳۳
۶	ST	۱/۵۲±۱۶/۳۳	۱/۴۴±۱۲/۰۹	۱/۴۵±۴/۲۴	۲/۸۵	۰/۲۶
۷	SM	۱/۴۳±۱۶/۰۹	۱/۷۷±۱۰/۶۱	۱/۲۲±۵/۴۸	۱/۹۴	۰/۳۴
۸	SM	۱/۴±۱۵/۷	۱/۶۷±۱۱/۱۳	۰/۹۶±۴/۵۷	۲/۴۳	۰/۲۹
۹	SM	۱/۴۶±۱۵/۲۹	۱/۴±۹/۶۶	۱/۴۳±۵/۶۳	۱/۷۲	۰/۳۷
۱۰	SM	۱/۲۷±۱۴/۸۹	۱/۸۱±۹/۸	۱/۲۹±۵/۰۹	۱/۹۲	۰/۳۴
۱۱	SM	۱/۲۵±۱۴/۷۹	۱/۰۵±۱۰/۳۹	۰/۸۳±۴/۴۱	۲/۳۶	۰/۳
۱۲	SM	۱/۰۸±۱۴/۳۵	۱/۲۵±۱۰/۱۵	۱/۵±۴/۲	۲/۴۲	۰/۲۹
۱۳	SM	۱/۰۱±۱۴	۱/۲۲±۸/۷۵	۰/۸۵±۵/۲۵	۱/۶۶	۰/۳۸
۱۴	SM	۱/۱±۱۳/۲۹	۱/۳±۸/۷۴	۱/۱۱±۴/۵۴	۱/۹۳	۰/۳۴

گونه Ae. neglecta

سه نمونه گونه *Ae. neglecta* پیک فلوسیتومتری بین ۱۱۷ تا ۱۲۹ با میانگین ۱۲۴ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۱۱۷ از ایلام و ۱۲۹ از کرمانشاه برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. نمونه‌های این گونه تتراپلوئید و شامل دو جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۲ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک است (جدول۹). شاخص سانترومری ۰/۰۷ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۱۳ بود. یک جفت ماهوارک برروی بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۱۳ مشاهده گردید(شکل۸). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۴ و به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار گرفته است (جدول۱۱).

این گونه دارای ژنوم UM بوده و ژنوم U را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است (Badaeva et al., 2004) .

a



b

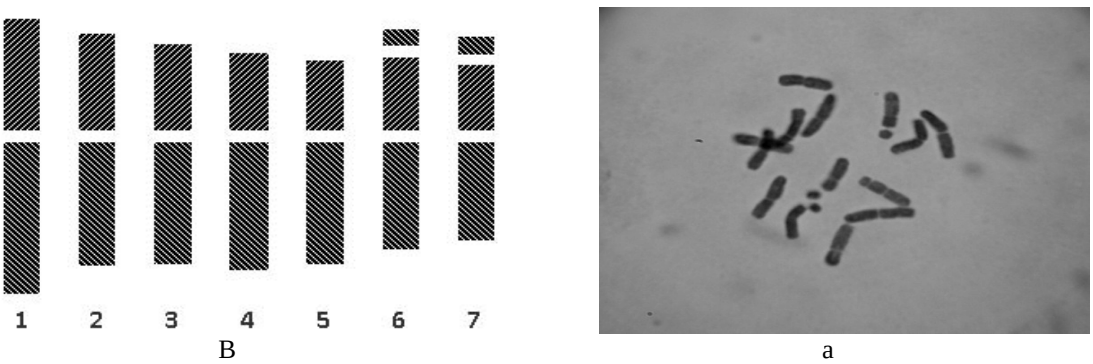
شکل ۸ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. neglecta*

جدول ۹ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. neglecta*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۲/۱۵±۲۶/۴۹	۲/۳۷±۱۷/۸	۲/۷±۸/۶۹	۲/۰۵	۰/۳۳
۲	SM	۲/۴۳±۲۵/۷۸	۳/۴۴±۱۷/۹۳	۱/۵±۷/۸۵	۲/۲۸	۰/۳۰
۳	SM	۲/۴۳±۲۵/۰۲	۱/۳۲±۱۵/۸	۲/۴۸±۹/۲۲	۱/۷۱	۰/۳۷
۴	SM	۲/۸۱±۲۴/۳۹	۳/۱۶±۱۵/۶۲	۱/۹۷±۸/۷۸	۱/۷۸	۰/۳۶
۵	SM	۱/۹±۲۳/۲	۱/۲۲±۱۶/۱۲	۱/۴۹±۷/۰۹	۲/۲۷	۰/۳۱
۶	SM	۱/۵۱±۲۲/۶۶	۱/۸۲±۱۴/۹۵	۲/۱۸±۷/۷۱	۱/۹۴	۰/۳۴
۷	SM	۱/۲۳±۲۲/۲۸	۲/۷۶±۱۳/۸۵	۱/۹۳±۸/۴۳	۱/۶۴	۰/۳۸
۸	SM	۱/۴۴±۲۱/۶۳	۲/۶۵±۱۳/۵۹	۱/۹۲±۸/۰۴	۱/۶۹	۰/۳۷
۹	SM	۱/۴۳±۲۱/۲۶	۲/۰۳±۱۴/۲۹	۲/۳۶±۶/۹۶	۲/۰۵	۰/۳۳
۱۰	SM	۱/۶۸±۲۱/۰۱	۲/۴۲±۱۴/۴۸	۱/۵۶±۶/۵۳	۲/۲۲	۰/۳۱
۱۱	SM	۱/۷±۲۰/۵۵	۱/۹۳±۱۳/۳۶	۲/۲۹±۷/۱۹	۱/۸۶	۰/۳۵
۱۲	M	۱/۶۴±۲۰/۰۸	۲/۰۸±۱۱/۷۵	۱/۱۴±۸/۳۲	۱/۴۱	۰/۴۱
۱۳	SM	۱/۸۴±۱۹/۴۶	۱/۹۵±۱۱/۹۹	۱/۶۵±۷/۴۷	۱/۶۰	۰/۳۸
۱۴	M	۱/۷۶±۱۹/۲۱	۱/۵±۱۱/۲۲	۱/۴۳±۷/۹۸	۱/۴۱	۰/۴۲

گونه Ae. speltoeides

سه نمونه *Ae. speltoeides* مورد بررسی از ایلام جمع‌آوری شده و پیک فلوسیتومتری بین ۶۱ تا ۶۹ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۶۱ و ۶۹ برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. این نمونه‌ها دیپلوئید و شامل چهار جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند (جدول۱۰). شاخص سانترومری در این گونه ۰/۲۱ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۳۰ بود. دو جفت ماهوارک برروی بازوهای کوتاه کروموزوم های شماره ۶ و۷ نیز مشاهده گردید(شکل۹). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۶۸ از نظر تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می‌گیرد (جدول۱۱). ژنوم این گونه S می‌باشد که به عقیده بسیاری از دانشمندان منشأ احتمالی ژنوم B گندم زراعی است(Multani et al., 1998).



شکل ۹ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. speltoeides*

جدول ۱۰ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. speltoeides*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۶/۳۲±۲۲/۲۴	۴/۴۲±۱۲/۸۳	۲/۲۶±۹/۴۱	۱/۳۶	۰/۴۲
۲	M	۵/۱۴±۱۸/۷۱	۲/۷۳±۱۰/۵	۲/۶۵±۸/۲۱	۱/۲۸	۰/۴۴
۳	M	۴/۷۶±۱۷/۶	۳/۰۵±۱۰/۳	۱/۷۷±۷/۳	۱/۴۱	۰/۴۱
۴	SM	۴/۹±۱۷/۴	۱/۹۹±۱۰/۷۷	۳/۴۵±۶/۶۳	۱/۶۳	۰/۳۸
۵	SM	۳/۷۲±۱۶/۱۸	۲/۱۶±۱۰/۲۷	۱/۹۹±۵/۹	۱/۷۴	۰/۳۶
۶	SM	۴/۳۲±۱۵/۱۸	۱/۴۲±۸/۹۸	۳/۱۹±۶/۲	۱/۴۵	۰/۴۱
۷	M	۳/۳۸±۱۳/۷۱	۱/۹۴±۸/۲۴	۱/۹۶±۵/۴۷	۱/۵۱	۰/۴۰

بحث و نتیجه گیری

بررسی کاریوتایپی گونه‌ها

مورفوتیپ های مورد مطالعه از هر هشت گونه مورد بررسی ، شاخص فلوسیتومتری را در محدوده مورد انتظار برای گندم های دیپلوئید و تتراپلوئید نشان دادند. و نتایج مطالعه کاریوتایپ ها نیز وضعیت پلوئیدی گونه‌ها را تائید کرد. ولی دامنه وسیع پیک فلوسیتومتری در میان نمونه‌های مورد بررسی با سطح پلوئیدی مشابه

نشان داد که ابزار فلوسیتومتری با استفاده از رنگ DAPI بیشتر می‌تواند برای تعیین سطوح پلوئیدی و نه ناهنجاری‌های کروموزومی بکار برده شود. هرچند وجود گونه‌ها و سیتوتیپ‌های متفاوت با موفولوژی مشابه نیاز به کاربرد یک روش سریع برای تعیین سطح پلوئیدی نمونه‌ها را ایجاب می‌نماید. بیشترین تغییرات برای گرادیانت سانترومری و پراکنش کروموزومی در نمونه‌های گونه *Ae. speltoeides* مشاهده گردید که بنظر می‌سد یکی از قدیمیترین گونه‌های آژیلوپس بوده و والد احتمالی ژنوم B در گندم‌های زراعی است که تاکنون ناشناخته مانده است. به لحاظ تقارن کروموزومی گونه‌های مورد بررسی از بیشترین تقارن کروموزمی برخوردار بوده و بجز گونه *Ae. triuncialis* بقیه در کلاس ۱A جدول استبینز قرار گرفته اند. تفاوت‌های درون گونه‌ای هم برای خصوصیات کاریوتایپی و هم برای محتوای DNAمشاهده می‌گردید اما به لحاظ اندک بودن تعداد نمونه‌های مورد بررسی برای برخی از نمونه‌ها تائید وجود تفاوت‌های معنی دار در درون گونه‌ها مستلزم بررسی تعداد بیشتری نمونه از هر گونه است.

جدول۱۱- شاخص پراکنش کروموزومی، ژنوم و جایگاه گونه ها در جدول استبینز

گونه	ژنوم	گرادیانت سانترومری	پراکنش کروموزومی	جایگاه در جدول استبینز
Ae. speltoeides	S	۰/۶۸	۰/۲۱	A۱
Ae. tauschii	D	۰/۶۲	۰/۱۲	A۱
Ae. umbellulata	U	۰/۵۱	۰/۱۰	A۱
Ae. cylindrical	CD	۰/۵۵	۰/۰۷	A۱
Ae. crassa	DM	۰/۷۴	۰/۱۰	A۱
Ae. columnaris	UM	۰/۵۷	۰/۰۸	A۱
Ae. neglecta	UM	۰/۵۴	۰/۰۷	A۱
Ae. triuncialis	UC	۰/۴۶	۰/۰۶	A۲

سپاسگزاری

نگارندگان وظیفه خود می‌دانند از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و بانک ژن گیاهی ملی ایران که امکانات اجرایی جهت انجام این مطالعه را فراهم نمودند سپاسگذاری نمایند.

REFERENCES

1. Aghaei, M.J., J. Mozafari, A.R. Taleei, M.R. Naghavi, M. Omidi. (2008). Distribution and diversity of *Aegilops tauschii* in Iran. *Genet Resour Crop Evol*, 55, 341-349.
2. 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., Gill B.S. (2004). Genome differentiation in Aegilops. 4. Evolution of the U-genome cluster. *Plant Syst. Evol*, 246, 45–76.
3. Bagwell, C. B., Baker, D., Whetstone, S., Munson, M., Hitchcox, S., Ault, K. A. & Lovett, E. J. (1989). A simple and rapid method for determining the linearity of a flow cytometer amplification system, *Cytometry*, 10, 689-694.
4. Bakhshi B., M.J. Aghaei, M. Bihamta, R., Darvish, F. & Zarifi, E. (2010). Ploidy determination of *Aegilops cylindrica* host accessions of iran by using flow cytometry and chromosome counting. *Iran. J. Bot*, 16 (2), 258-266.
5. Damania. A,B. (1997). *Domestication and insitu comservation of cereal wild Progenitors in the near East*. C/O Genetics Resources Units, ICARDA, Aleppo, Syria.
6. Gandhi H.T., Vales M.I., Watson C.J.W., Mallory-Smith C.A., Mori N., Rehman M., Zemetra R.S., Riera-Lizarazu O. (2005). Chloroplast and nuclear microsatellite analysis of *Aegilops cylindrica*. *Theor Appl Genet*, 111, 561–572
7. Ghanavati F., Eskandari H. (2011). Relationsheep between coloroplat numbers in stomatal gard cells, Flowcytometry and ploidy level in Onobrychiss species. *Seed and Plant Imrovement Journal*, 27(1), 427-439. (In Farsi)

8. Godelle, B., Cartier, D., Marie, D., Brown, S.C., & Siljak-ya-kovlev, S. (1993). Heterochromatin study demonstrating the non-linearity of fluorometry useful for calculating genomic base composition. *Cytometry*, 14, 618-626.
9. Hatami-Maleki H., Samizadeh., H., Asghari-Zakaria R., Moshtaghi N., Fazeli-Sangari E. (2010). A comparative study of chromosome morphology among some accessions of *Aegilops crassa*. *African Journal of Biotechnology*, 9(7), 996-1000
10. Hosseini, F., Jaffaraghaei, M., Khosroshahli, M., Vaezi., S, Mohammadi, B. (2012). Evaluation of DNA content is accessions of *Aegilops umbellulata* collection. *New Genetics Journal*. Special Issue for 12th Iranian Genetic Congerss. (In Farsi).
11. Jaffaraghaei., M., Naghavi., M.R., Omidi, M. (2007). Importace of D genome in adaptability improvement of bread wheat. *Genetics in 3rd melinium*. 5(3), 1134-1142. (In Farsi)
12. Karimzadeh G., Ashkani S., Ahmadian-Tehrani P., Davoodi D., Mirzaghaderi G. (2010). Cytogenetical evaluation in some Iranian Wild wheats and Aegilops species and OR banding. *Iranian Crop Science Journal*. 41(2), 305-313 (In Farsi)
13. Kimber., G., Feldman., M. (1987). *Wild wheat, an introduction*. College of Agriculture University of Missouri, Columbia. 142 pp.
14. Kimber., G., Zhao., Y.H. (1983). The D genome of the Triticeae. *Can. J. Genet. Cytol.* 25, 581-589.
15. Levan., A., Fredka., K. & Sandberg., A. (1964). Nomeclature for centromic Position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2)201-220.
16. Morris, R., Sears, E. R. (1967). The cytogenetics of wheat and its relatives. In: Quisenberry K. S., Reitz L. P. (eds.) Wheat and wheat improvement. Am. Soc. Agrom. Monographs, Madison, Wisconsin, pp. 9–87.
17. Mujeeb-Kazi A., Miranda, J.L. (1985). Enhanced resolution of somatic chromosome constriction as an aid to identifying intergeneric hybrids among some Triticeae. *Cytologia*, 50, 701-709.
18. Multani, D.S., Dhaliwal, H.S. Singh, P. & Gill, K.S. (1988). Synthetic amphiploids of wheat as a source of resistance to karnal bunt (*Neovossia indica*). *Plant Breed*, 101,122–125.
19. Naghavi, M.R., Ranjbar, M., Hassani, M.H., Aghaei, M.J. & Bamneshin, M. (2013). Characterization of Iranian Accessions of *Aegilpos crassa* Boiss. Using Flow Cytometry and Protein Analysis. *J. Agr. Sci. Tech*, 15, 4, 811-818
20. Ranjbar M., Naghavi M.R., Zali A.A., Jaffaraghaei M., ZArifi E. (2010). Identification of Aegilops cytotypes from Iran and Evaluation their discrimental morphological traits. *Iranian Agricultural Science*, 41(2), 225-234. (In Farsi)
21. Ranjbar, M., Naghavi, M.R. Zali, A. Aghaei M.J. (2007). Multivariate analysis of morphological variation in accessions of *Aegilops crassa* from Iran. *Pakistan J. of Bio. Sci*, 10(7), 1126-1129.
22. Reeves, A. (2001). MicroMeasure: A new computer program for the collection and analysis of cytogenetic data. *Genome*, 44, 439–443
23. Schneider, A., Molnár, I., Molnár-Láng, M. (2008). Utilisation of Aegilops (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. *Euphytica*, 163, 1–19
24. Sheidai, M., Ahmadian, P. Poorseyedi, S.h. (1996). Cytogenetical studies in Iran Zira three genera: *Bunium*, *Carum* and *Cuminium. Cytologia*, 61, 19-25.
25. Stebbins, G.L. (1971). *Chromosomal evolution in higher plants*.London:Edward Arnold Publisher Ltd, London.
26. Van-Slageren, M.W. (1994). *Wild Wheats; a Monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae)*. Agricultural University Wageningen: the Netherlands; ICARDA: Aleppo, Syria. pp 512.

مجله علوم گیاهان زراعی ایران
دوره ۴۴، شماره ۳، ۱۳۹۲ (۴۵۳-۴۴۱)

بررسی صفات کاریوتایپی در برخی گونه‌های کلکسیون آژیلوپس ایران

محمد جعفرآقایی[1*]، شاهین واعظی[1]، محمد علی ابراهیمی[2] و مقداد توکلی[3]
۱، استادیار عضو هیت علمی بانک ژن گیاهی ملی ایران، ۲، استادیار عضو هیئت علمی دانشگاه پیام نور،
۳، دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه پیام نور واحد کرج
(تاریخ دریافت:۹۰/۶/۶ - تاریخ تصویب:۹۲/۶/۶)

چکیده

جنس آژیلوپس *Aegilops L.* یکی از خویشاوندان وحشی گندم نان بوده و پراکنش وسیعی در خاور میانه و غرب آسیا دارد که ایران بخش وسیعی از این منطقه را در بر می گیرد. گونه‌های این جنس در تکامل گندم هگزاپلوئید نقش به سزایی داشته و به طور مستقیم و غیرمستقیم بخشنده ژنوم‌های D و B به این گندم می‌باشند. به منظور شناسایی و تعیین سطح پلوئیدی تعدادی از نمونه‌های آژیلوپس بومی ایران، ۱۰۳ نمونه متعلق به ۸ گونه که از نقاط مختلف ایران جمع‌آوری شده بودند، با دو روش فلوسیتومتری و سیتوژنتیکی مورد بررسی قرار گرفتند. سطوح پلوئیدی نمونه‌ها با مقایسه نمودار پیک فلوسیتومتری هر نمونه با پیک مشابه در نمونه‌های شاهد گندم هگزاپلوئید و جو دیپلوئید برآورد گردید و برای تائید برآوردها دو نمونه از هرگونه مورد بررسی کاریوتایپ میتوزی قرار گرفت. مطالعات کاریوتایپی نمونه‌ها، برآورد سطوح پلوئیدی نمونه‌ها با استفاده از روش فلوسیتومتری را تأیید کرد اما این روش برای شناسایی ناهنجاری‌های سیتوژنتیکی مناسب نبود. اغلب نمونه‌های مورد بررسی از تقارن کروموزومی زیادی برخوردار بودند و تنها نمونه‌های گونه *Ae. triuncialis* با اندکی انحراف در کلاس ۲A استبینز قرار گرفتند. بیشترین تغییرات برای گرادیانت سانترومری و پراکنش کروموزومی در نمونه‌های گونه *Ae. speltoeides* مشاهده گردید که یکی از قدیمیترین گونه‌های آژیلوپس بوده و والد احتمالی ژنوم B در گندم‌های زراعی است.

واژه های کلیدی: آژیلوپس، تنوع ژنتیکی، فلوسیتومتری، سیتوژنتیک

مقدمه

آژیلوپس‌ها از نزدیکترین خویشاوندان گندم، بومی نواحی نیمه خشک غرب و مرکز آسیا هستند و گسترش وسیعی در ایران دارند(Van slageren, 1994)، این گیاهان به خوبی به تنش‌های زنده و غیر زنده آن نواحی و تغییرات دوره‌ای و سال به سال شرایط اقلیمی آن سازگار شده‌اند و تنوع بزرگی از ژن‌های تحمل به تنش‌ها و سازگاری را ذخیره کرده‌اند که می‌تواند در توسعه سازگاری‌ها و تنوع ژنتیکی گندم بکار برده شوند (جعفرآقایی و همکاران ۱۳۸۶، Schneider et al, 2008).

آژیلوپس‌ها در سطوح پلوئیدی دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید یافت می‌شوند و نشان داده شده است که گونه‌های پلی‌پلوئید، آمفی‌پلوئیدهایی حاصل از ترکیبات مختلف ژنوم گونه‌های دیپلوئید هستند (Kimber & Feldman1987) که در طول تکامل این گونه‌ها شکل گرفته‌اند. سه ژنوم اساس A، D و U در مجموعه گندم/آژیلوپس‌ها شناخته شده هستند.

همه گندم‌های دیپلوئید و پلی‌پلوئید در خوشه ژنوم A قرار دارند. خوشه ژنوم D شامل گونه دیپلوئید *Ae. tauschii* Cosson و پنج گونه پلی‌پلوئید

* نویسنده مسئول: محمد جعفرآقایی تلفن: ۰۹۱۲۲۶۳۰۵۹۱ E-mail: mjaghaei@spii.com

از بخش *Vertebrata* Zhuk. emend. Kihara از جمله *Ae. crassa* Boiss. و بخش *Cylindropyrum* (Jaub. & Spach) Zhuk. از جمله *Ae. cylindrica* Host. است. خوشه ژنوم U شامل گونه دیپلوئید *Ae. umbellulata* Zhuk و هفت گونه پلی‌پلوئید از بخش *Aegilops* L. از جمله *Ae. columnaris* Zhuk و *Ae. neglecta* Req. ex Bertol. و *Ae. triuncialis* (L.) Á. Löve است (Morris and Sears 1967, Kimber and Feldman 1987).. علاوه بر این سه ژنوم اساسی ژنوم‌های فرعی دیگری نیز در این مجموعه یافت می‌شوند که بنظر می‌رسد از ژنوم‌های اصلی مشتق شده‌اند از جمله ژنوم S که در گونه دیپلوئید *Ae. speltoides* Tausch و چهار گونه پلی‌پلوئید بخش *Sitopsis* (Jaub. & Spach) Zhuk. یافت می‌شوند (Kimber & Sears 1987). برخی از آمفی‌پلوئیدها با وجود تفاوت‌های ژنومی از چنان شباهتی با یکدیگر برخوردار هستند که تشخیص آنها تنها با استفاده از خصوصیات مورفولوژیکی مشکل بوده (رنجبر و همکاران ۱۳۸۹) و استفاده از خصوصیات سیتوژنتیکی برای تفکیک صحیح گونه‌ها از یکدیگر ضرورت دارد. همچنین بررسی کاریوتایپی نقش مهمی در تعیین قرابت گونه ها ایفا می‌کند و می‌تواند به عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گروه‌های خویشاوند، مطرح باشد که از آن جمله در گندم، برنج و گیاهان مرتعی از اهمیت بالایی برخوردار است (Sheidai et al., 1996). از طرف دیگر با توجه به حجم زیاد نمونه‌های موجود در مراکز نگهداری ژرم‌پلاسم توجه به روشهای غیرمستقیم برآورد وضعیت پلوئیدی مانند بررسی وضعیت و تعداد کلروپلاست در سلول‌های روزنه (قنواتی و اسکندری ۱۳۹۰) و همچنین استفاده از روش فلوسیتومتری جلب گردیده است (Bakhshi et al, 2010). در روش فلوسیتومتری با استفاده از رنگ فلئوروسنت DAPI (4,6-Di Amino 2-Phenil Indol) که بصورت کمپلکس در نواحی باز A-T باند شده و بوسیله نور ماوراء بنفش در ۳۵۰ نانومتر تحریک می‌شود محتوای DNA سلول برآورد می‌گردد (Godelle *et al.*, 1993). محتوای DNA برآورد شده بصورت هیستوگرام نشان داده می‌شود که با مقدار DNA موجود در سلول رابطه نزدیکی دارد. اگرچه محاسبه مقدار DNA نیازمند استفاده از شاهدهای مرجع استاندارد است.

مطالعه حاضر به منظور مطالعه کاریوتایپ گونه‌ها و بررسی وضعیت پلوئیدی در میان بخشی از کلکسیون آژیلوپس بانک ژن گیاهی ملی ایران که اخیرا احیا و شناسایی شده بودند انجام گرفته است.

مواد و روش ها

مواد گیاهی

در این تحقیق ۱۰۲ نمونه گیاهی از هشت گونه آژیلوپس بومی ایران که در بانک ژن ملی گیاهی ایران نگهداری می‌شوند و اخیرا احیا و شناسایی شده بودند مورد بررسی قرار گرفتند (جدول ۱).

جدول ۱- لیست گونه‌های مورد بررسی، محل جمع‌آوری و تعداد نمونه در هر کدام از گونه‌ها

گونه	محل جمع آوری	تعداد
Ae. collumnaris	آذربایجان غربی، آذربایجان شرقی، فارس، ایلام	۱۲
Ae. crassa	چارمحال بختیاری، فارس، همدان، ایلام، کرمانشاه، خراسان، مرکزی، زنجان	۱۵
Ae. cylindrica	آذربایجان غربی، ایلام، کرمانشاه، خراسان، کردستان، مرکزی، زنجان	۱۹
Ae. neglecta	هرمزگان، ایلام، کرمانشاه	۳
Ae. speltoeides	ایلام	۳
Ae. tauschii	آذربایجان غربی، لرستان، مازندران، زنجان	۱۱
Ae. triuncialis	آذربایجان غربی، بوشهر، چارمحال بختیاری، فارس، ایلام، کرمانشاه، خوزسان، مازندران، زنجان	۳۶
Ae. umbellulata	آذربایجان غربی، همدان	۳

مطالعه سطوح پلوئیدی با استفاده از روش فلوسایتومتری

تعداد دو برگ جوان را بریده و مقدار ۱۶۰۰ میکرو لیتر از بافر DAPIبر روی برگها ریخته شد و با استفاده از تیغ کاملاً خرد شدند. سوسپانسیون حاصله، از فیلتر مخصوص دستگاه عبور داده شد و بوسیله دستگاه فلوسیتومتری (ساخت کشور آلمان) آنالیز شدند. اندازه‌گیری محتوای DNA نمونه‌های مورد آزمایش با Gain۳۷۵ انجام شد و نمونه‌هایی که دارای پیک مناسب بودند جهت مطالعات کاریوتایپی مورد استفاده قرار گرفتند (Bagwell et al., 1989). یک نمونه گندم

هگزاپلوئید و یک نمونه جو دیپلوئید به عنوان شاهد مورد استفاده قرار گرفتند.

مطالعه کاریوتایپ میتوزی

با توجه به نتایج فلوسیتومتری از هر گونه دو نمونه که دارای بیشترین و کمترین پیک محتوای DNA در میان گونه خود بودند و در مجموع ۱۶ نمونه جهت مطالعه کاریوتایپی انتخاب شدند. ده عدد بذر از هر نمونه منتخب جوانه دار شدند. ریشه‌ها به مدت سه ساعت در محلول ۸- هیدروکسی کینولئین پیش تیمار شدند. سپس برای مدت یک هفته در محلول استو اورسئین ۰/۲درصد تثبیت شدند. برای رنگ آمیزی از محلول استوارسئین ۲ درصد استفاده شد. برای هیدرولیز، ریشه ها در پنج میلی لیتر اسید استیک ۴۵ درصد و حرارت داده شده و سپس برروی لام اسکواش شدند(Mujeebkazi & Miranda 1985). اسلایدها در زیر میکروسکوپ بررسی شده و از صفحات متافازی مناسب با استفاده از میکروسکوپ دوربین دار زایس و بزرگنمایی ۱۰۰۰ عکس تهیه شد. از هر نمونه سه تا پنج صفحه متافازی مناسب انتخاب و با استفاده از نرم افزار Micro measure تجزیه و تحلیل شدند و خصوصیات طول کل کروموزوم(TL)، طول بازوی بلند(LA) ، طول بازوی کوتاه(SA)، نسبت بازوها (AR:L/S)، ضریب تغییرات نمونه‌ها (CV)،شاخص سانترومری (CI) که بیانگر نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم است وشاخص پراکنش کروموزومی (DI) اندازه گیری شد. در هر گونه در میان دو نمونه مورد بررسی و صفحات متافازی انتخابی از هر نمونه برای خصوصیات کروموزوم‌ها میانگین و انحراف معیار محاسبه شد (Reeves, 2001). برای نامگذاری کروموزوم‌ها از روش لوان (۱۹۶۴) و برای تعیین وضعیت تقارن کاریوتیپی نمونه ها از روش استبینز (۱۹۷۱) استفاده شد.

نتایج

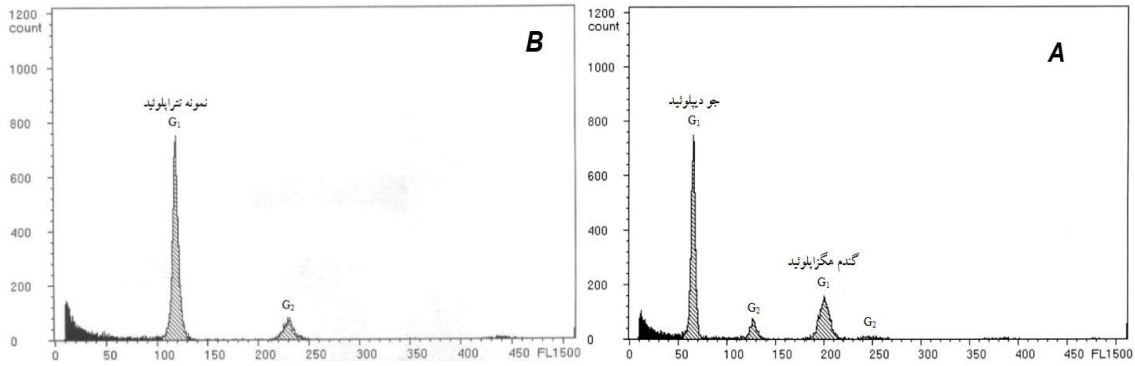
ارزیابی محتوای DNA گونه ها با استفاده از فلوسیتومتری

پیک فلوسیتومتری برای گیاه جو دیپلوئید در دامنه‌ای بین ۵۶ تا ۷۸ و میانگین ۶۷ و برای گندم هگزاپلوئید در دامنه ۱۸۵ تا ۲۳۸ با میانگین ۲۰۹ مشاهده گردید (جدول۲).

بنابراین سطح پلوئیدی گونه‌های *Ae. tauschii, Ae. speltoides, Ae. umbellulata* که دارای پیک فلوسیتومتری در محدوده ۵۸ تا ۶۵ بودند که تقریبا یک سوم پیک گندم هگزاپلوئید و برابر جو تتراپلوئید هستند بعنوان گیاهان دیپلوئید و گونه‌های *Ae. crassa, Ae. triuncialis, Ae. columnaris, Ae. neglacta* که دارای پیک فلوسیتومتری در محدوده ۱۰۳ تا ۱۳۸ بودند که تقریبا دوبرابر پیک جو دیپلوئید و دو سوم گندم هگزاپلوئید است بعنوان گیاهان تتراپلوئید برآورد شدند (شکل۱). از طرف دیگر هم درون گونه‌ها هم در بین گونه‌ها تنوع زیادی برای محتوای DNA مشاهده می‌گردد که می‌تواند ناشی از تفاوت ذاتی در اندازه کروموزم‌های گونه‌های مختلف، تنوع در اندازه کروموزوم‌ها در درون یک گونه و همچنین خطای اندازه‌گیری باشد. بنابراین برای بررسی بیشتر از هر گونه نمونه‌هایی که دارای بیشترین و کمترین پیک فلوسیتومتری بودند انتخاب و برای خصوصیات کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند.

جدول ۲ – میانگین و انحراف معیار پیک فلوسیتومتری برای نمونه‌های مورد بررسی، شاهد جو و شاهد گندم

گونه	پیک نمونه	نسبت پیک نمونه به پیک جو دیپلوئید	نسبت پیک نمونه به پیک گندم هگزاپلوئید
Ae. tauschii	۵۸/۵±۵/۷	۰/۸۹ ±۰/۰۹	۰/۲۸±۰/۰۳
Ae. speltoides	۶۴/۳±۴/۲	۰/۹۴±۰/۰۶	۰/۳±۰/۰۱
Ae. umbellulata	۶۳/۷±۳/۲	۰/۹۱±۰/۰۲	۰/۲۹±۰/۰۱
Ae. crassa	۱۳۷/۸±۱۹/۱	۲/۰۷±۰/۲۴	۰/۶۶±۰/۰۸
Ae. triuncialis	۱۰۳/۹±۹/۶	۱/۵۶±۰/۱۴	۰/۵±۰/۰۴
Ae. columnaris	۱۲۰/۷±۱۰/۶	۱/۷۹±۰/۱۵	۰/۵۷±۰/۰۵
Ae. neglecta	۱۲۴/۷±۶/۷	۱/۸۲±۰/۰۸	۰/۵۹±۰/۰۲



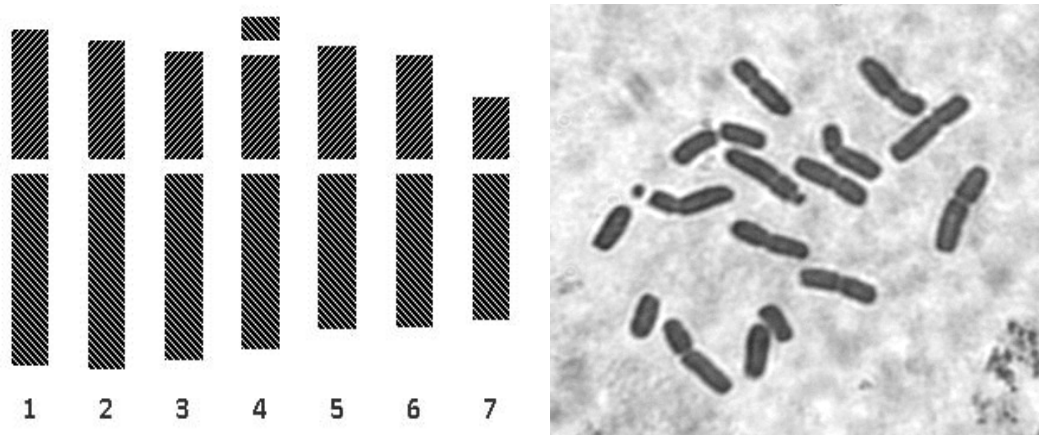
b a

شکل ۱ - پیک فلوسیتومتری برای A- شاهدهای جو دیپلوئید و گندم هگزاپلوئید، B- یک نمونه از گونه تتراپلوئید *Ae. columnaris*، محور افقی نشانگر محتوای DNA سلول‌ها و محور عمودی تعداد هسته‌های شمارش شده. G1 و G2 فازهای ۱ و ۲ تقسیم سلولی.

(Ranjbar et al., 2007) و (Bakhshi et al., 2010) به ترتیب کلکسیون های *Ae. crassa* و *Ae. cylindrica* ایران را به روشی مشابه مورد ارزیابی قرار داده و ضمن تعیین وضعیت پلوئیدی نمونه‌ها موفق به یافتن نمونه های هگزاپلوئید جدید در این کلکسیون‌ها شدند.

گونه Ae. tauschii

در میان یازده نمونه *Ae. tauschii* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری نمونه بین ۵۰ تا ۷۱ و میانگین پیک ۵۸ بود (جدول۲). از میان این یازده نمونه بررسی شده نمونه دارای پیک ۵۰ از استان مازندران و نمونه دارای پیک ۷۱ از آدربایجان غربی برای کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند. هر دو نمونه دیپلوئید با N=2X=14۲ کروموزوم و فرمول کروموزومی M+2SM۵ بودند (جدول۳). یک میکروستلایت در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۴ مشاهده گردید(شکل۲). ضریب تغییرات طول کروموزوم ها ۰/۲۰ و شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه ۰/۱۲ محاسبه شد. کروموزم های این گونه به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه ۱A جدول استبینز قرار گرفتند (جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در مطالعه سه جمعیت *Ae. tauschii* هفت جفت کروموزوم متاسانتریک مشاهده کردند و آنها را در کلاس ۱A استبینز قرار دادند. اغلب محققین این گونه را والد ژنوم D در گندم‌های زراعی معرفی کرده‌اند (Aghaei et al., 2008). آقایی و همکاران (۱۳۸۶) با مشاهده متوسط ۱۲ کیاسما در هیبریدهای بین این گونه و گندم زراعی نتیجه گیری کردند که این گونه دارای نزدیکترین ژنوم D به گندم زراعی است.



b a

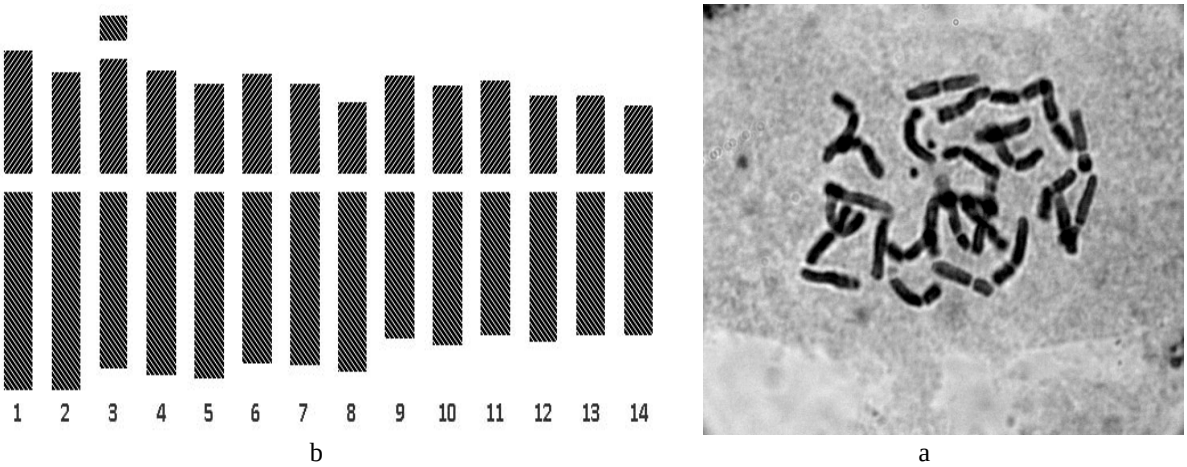
شکل ۲ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. tauschii*

جدول ۳ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. tauschii*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۳/۸۵±۲۲/۱۴	۱/۷۱±۱۳/۲۴	۲/۹۵±۸/۹	۱/۵	۰/۴۰
۲	M	۳/۹۴±۲۱/۵۷	۳/۳۹±۱۳/۳۷	۱/۱۳±۸/۲	۱/۶	۰/۳۸
۳	SM	۳/۷۴±۲۰/۲۵	۱/۷۷±۱۲/۷۷	۲/۶۳±۷/۴۹	۱/۷	۰/۳۷
۴	M	۲/۸۸±۱۹/۲۶	۳/۰۵±۱۲	۱/۱۵±۷/۲۷	۱/۶	۰/۳۸
۵	M	۲/۹±۱۸/۴۹	۱/۶۴±۱۰/۶۵	۱/۴۸±۷/۸۴	۱/۴	۰/۴۲
۶	M	۲/۷۸±۱۷/۸۶	۲/۹۹±۱۰/۵۸	۱/۶۹±۷/۲۸	۱/۴	۰/۴۱
۷	SM	۰/۲۳±۱۴/۳۴	۱/۱۹±۱۰	۱/۲۲±۴/۳۴	۲/۳	۰/۳

گونه Ae. cylindrica

نوزده نمونه *Ae. cylindrica* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۹۱ تا ۱۲۵ با میانگین ۱۰۵ نشان می دادند (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۹۱ و ۱۲۵ از آذربایجان غربی برای کاریوتایپ میتوزی بررسی شدند. بررسی کاریوتایپ میتوزی نمونه ها نشان داد که نمونه‌ها تتراپلوئید و شامل ۴ جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک می باشد (جدول۴). شاخص سانترومری ۰/۰۷ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۱۳ بود. یک جفت میکروستلایت نیز در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم‌های شماره ۳ مشاهده گردید(شکل۳). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۵ و جایگاه آن در جدول استبینز ۱A است(جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی پنج نمونه از این گونه، ۸ تا ۱۴ جفت کروموزوم متاسانتریک و تا ۶ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک مشاهده کردند. آنها نمونه‌های این گونه را در کلاسهای ۱A تا ۱B استبینز قرار داده‌اند. (Bakhshi et al., 2010) در مطالعه کلکسیون *Ae. cylindrica* ایران پیک فلوسیتومتری بین ۹۶ تا ۱۳۸ با میانگین ۱۱۸ را برای نمونه‌های این کلکسیون مشاهده کردند. آنها دریافتند که نمونه‌های قرار گرفته در این دامنه پیک فلوسیتومتری تتراپلوئید با ۱۴ جفت کروموزوم بودند که شامل ۴-۱ جفت کروموزم متاسانتریک، ۱۲-۶ جفت ساب متاسانتریک و ۵-۱ جفت کروموزوم ساب‌تلوسنتریک بودند. این گونه دارای ژنوم CD است که ژنوم D را از گونه *Ae. tauschii* و ژنوم C را از گونه *Ae. caudata* به ارث برده است (Gandhi et al., 2005). آقایی و همکاران (۱۳۸۶) با مشاهده میانگین حدود ۷ کیاسما در هیبریدهای بین گونه‌ای این گونه و گندم زراعی نشان دادند که شباهت زیادی بین ژنوم D این گونه و گندم زراعی وجود دارد.



b a

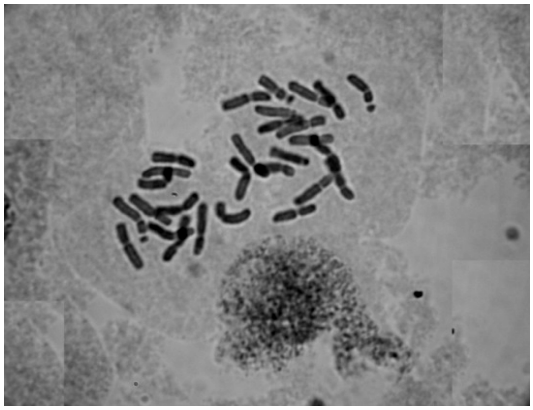
شکل ۳ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. cylindrica*

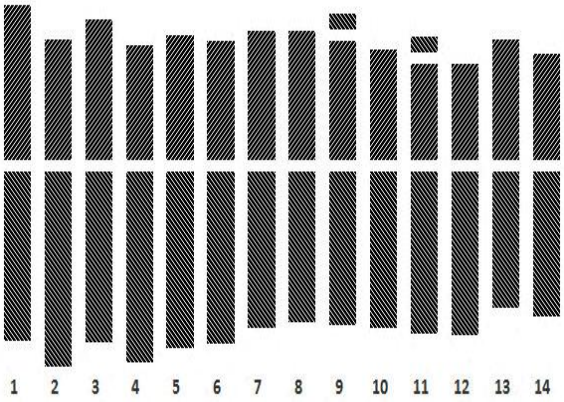
جدول ۴ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. cylindrica*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۰/۹۹±۱۸/۸۹	۲/۰۹±۱۱/۷	۱/۶۵±۷/۲	۱/۶	۰/۳۸
۲	SM	۱/۲±۱۷/۶۱	۲/۶±۱۱/۶۵	۱/۷۴±۵/۹۶	۱/۹	۰/۳۴
۳	M	۱/۰۱±۱۷/۱۳	۱/۷۴±۱۰/۳۷	۱/۱۵±۶/۷۶	۱/۵	۰/۳۹
۴	SM	۱/۱۳±۱۶/۷۵	۱/۵۱±۱۰/۷۴	۱/۹±۶/۰۱	۱/۸	۰/۳۶
۵	SM	۱/۰۱±۱۶/۱۴	۱/۲۹±۱۰/۹۳	۱/۲۸±۵/۲۲	۲/۱	۰/۳۲
۶	SM	۰/۹±۱۵/۸۹	۱/۰۲±۱۰/۰۳	۱/۱۱±۵/۸۶	۱/۷	۰/۳۷
۷	SM	۰/۹۱±۱۵/۳۶	۲/۱۳±۱۰/۱۲	۱/۶۴±۵/۲۴	۱/۹	۰/۳۴
۸	SM	۰/۶۶±۱۴/۷۲	۱/۷۶±۱۰/۵۴	۱/۳۲±۴/۱۸	۲/۵	۰/۲۸
۹	M	۰/۷۱±۱۴/۴۴	۱/۲۳±۸/۶۸	۱/۱۲±۵/۷۶	۱/۵	۰/۴
۱۰	SM	۰/۶۹±۱۴/۰۷	۱/۳±۹/۰۱	۱/۱۷±۵/۰۷	۱/۸	۰/۳۶
۱۱	M	۰/۶۸±۱۳/۸۱	۰/۶۸±۸/۴۱	۰/۹۳±۵/۴	۱/۶	۰/۳۹
۱۲	SM	۰/۶۷±۱۳/۳۷	۱/۶۲±۸/۸	۱/۱±۴/۵۷	۱/۹	۰/۳۴
۱۳	SM	۰/۶۹±۱۳/۱۱	۰/۸۹±۸/۴۸	۱/۰۹±۴/۶۳	۱/۸	۰/۳۵
۱۴	SM	۰/۴۴±۱۲/۴۸	۱/۱۹±۸/۴۸	۱/۰۲±۴	۲/۱	۰/۳۲

گونه Ae. crassa

در این تحقیق ۱۵ نمونه *Ae. crassa* مورد بررسی قرار گرفتند. نمونه‌های مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۱۲۳ تا ۲۰۱ نشان دادند که دامنه بسیار وسیعی را شامل می گردد. اما میانگین پیک فلوسیتومتری برای این گونه ۱۳۸ بود (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۱۲۳ از زنجان و ۲۰۱ از خراسان برای وضعیت کاریوتایپ میتوزی بررسی شدند. نمونه زنجان یک نمونه تتراپلوئید با یازده جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود. اما نمونه خراسان یک نمونه هگزاپلوئید با ۱۸ جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود، و به همین دلیل پیک فلوسیتومتری در این نمونه بیشتر از سایر نمونه های این گونه بود. (Naghavi et al., 2013) نمونه‌های مشابه‌ای را در کلکسیون *Ae. crassa* ایران شناسایی کردند که پیک فلوسیتومتری در ناحیه ۱۹۵ نشان می‌دادند. آنها نتیجه گرفته‌اند که این نمونه‌ها سیتوتیپ هگزاپلوئید از گونه *Ae. crassa* هستند. با اینحال در زمان انجام این تحقیق تردیدهایی در مورد شناسایی گیاهشناسی این نمونه وجود داشته و احتمال تعلق این نمونه‌ها به گونه *Ae. vavilovi* نیز مطرح بود بنابراین در ادامه از نمونه های مورد بررسی حذف گردید. نمونه تتراپلوئید زنجان دارای شاخص سانترومری ۰/۱۰ و ضریب تغییرات طول کروموزم ها ۰/۱۴ بود (جدول). این نمونه دارای دو ماهوارک برروی بازوهای کوتاه کروموزوم های ۹ و یازده بود. شاخص پراکنش کروموزومی برای آن ۰/۷۴ و در جایگاه 1A از جدول استبینز قرار می‌گرفت. در یک تحقیق مشابه برروی نمونه‌های *Ae. crassa* تتراپلوئید ۱۲ جفت کروموزوم متاسانتریک و دو جفت کروموزوم ساب متاسانتریک مشاهده کردند. آنها یک جفت ماهوارک برروی کروموزم‌های متاسانتریک و یک جفت ماهوارک برروی کروموزوم‌های ساب‌متاسانتریک یافته‌اند (رنجبر و همکاران، ۱۳۸۹). (Hatami-Maleki 2010) در بررسی کاریوتایپ ۱۰ نمونه *Ae. crassa* ایران مشاهده کردند که همه نمونه‌ها تتراپلوئید با ۱۳جفت کروموزوم متاسانتریک و یک جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند. آنها یک جفت ماهوارک بر روی جفت کروموزوم شماره ۹ گزارش کرده‌اند. سیتوتیپ تتراپلوئید این گونه دارای ژنوم DM بوده و ژنوم D خود را از گونه *Ae. tauschii* به ارث برده است (Kimber & Feldman., 1987).





a B

شکل ۴ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. crassa*

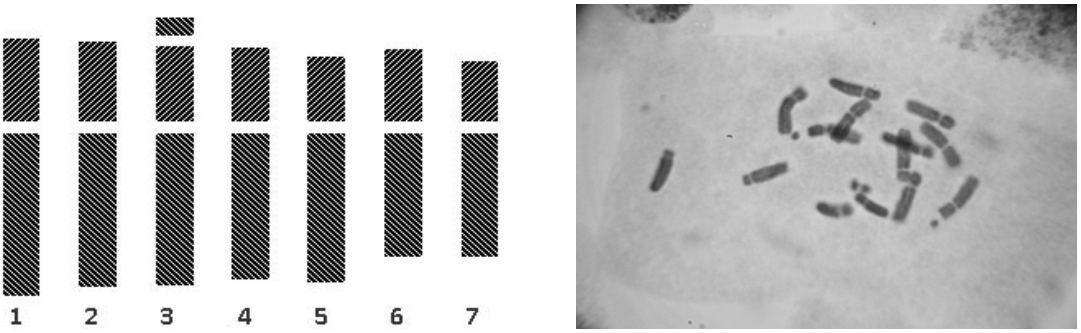
جدول ۵ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. crassa*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۰/۷۸±۲۹/۸۴	۱/۰۲±۱۵/۵۸	۰/۷±۱۴/۲۶	۱/۱	۰/۴۸
۲	M	۰/۸۷±۲۸/۹۹	۰/۲۳±۱۷/۹۵	۰/۹۶±۱۱/۰۵	۱/۶	۰/۳۸
۳	M	۰/۵۲±۲۸/۵۸	۰/۵۹±۱۵/۶۹	۰/۷۵±۱۲/۸۸	۱/۲	۰/۴۵
۴	SM	۰/۸۲±۲۸/۰۲	۳/۶±۱۷/۵۲	۳/۵۱±۱۰/۴۹	۱/۷	۰/۳۷
۵	M	۰/۱۸±۲۷/۷۶	۱/۱±۱۶/۲۲	۱/۰۹±۱۱/۵۴	۱/۴	۰/۴۲
۶	M	۰/۴۶±۲۶/۸۷	۲/۴۲±۱۵/۸۶	۲/۷۳±۱۱/۰۱	۱/۴	۰/۴۱
۷	M	۰/۵±۲۶/۳۳	۰/۶۸±۱۴/۴۵	۱/۰۸±۱۱/۸۸	۱/۲	۰/۴۵
۸	M	۰/۴۱±۲۵/۷۴	۰/۳±۱۳/۸۵	۰/۵۶±۱۱/۸۸	۱/۲	۰/۴۶
۹	M	۰/۱۷±۲۵/۰۸	۰/۹۹±۱۴/۱	۱/۱۵±۱۰/۹۹	۱/۳	۰/۴۴
۱۰	M	۰/۲۶±۲۴/۶۴	۲/۲۱±۱۴/۴۷	۲/۳۹±۱۰/۱۸	۱/۴	۰/۴۱
۱۱	SM	۱/۲۴±۲۳/۸	۲/۲۵±۱۴/۹۳	۲/۷۹±۸/۸۸	۱/۷	۰/۳۷
۱۲	SM	۰/۸۵±۲۳/۹۶	۰/۸۷±۱۵/۱۲	۰/۴۹±۸/۸۴	۱/۷	۰/۳۷
۱۳	M	۰/۸±۲۳/۶۸	۰/۶۲±۱۲/۶۲	۰/۵۶±۱۱/۰۶	۱/۱	۰/۴۷
۱۴	M	۰/۱۴±۲۳/۰۳	۱/۶۲±۱۳/۳۳	۱/۵۷±۹/۷	۱/۴	۰/۴۲

گونه Ae. umbellulata

سه نمونه از این گونه در تحقیق موجود بودند که پیک فلوسیتومتری آنها دامنه ای بین ۶۰ تا ۶۶ را نشان می داد (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۶۰ از همدان و ۶۶ از آذربایجان غربی برای بررسی کاریوتایپ میتوزی مطالعه شدند. نمونه های مورد بررسی این گونه دیپلوئید و شامل هفت جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بود(جدول۶). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۱۰ و ضریب تغییرات کروموزومی ۰/۲۱ بود. یک جفت ماهوارک نیز در انتهای بازوهای کوتاه کروموزوم شماره ۳ مشاهده گردید(شکل۵). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۱ و برای تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می گرفت. (جدول۱۱). حسینی و همکاران (۱۳۹۱) پیک فلوسیتومتری برای نمونه‌های گونه *Ae. umbellulata* را بین ۶۵ تا ۱۰۰ گزارش کرده‌اند که در حدود ۰/۳ پیک

شاهد گندم هگزاپلوئید بود. این گونه دارای ژنوم U است، و سایر گونه های پلی پلوئید آژیلوپس ژنوم U خود را از این گونه به ارث برده اند (Badaeva, 2004).



B a

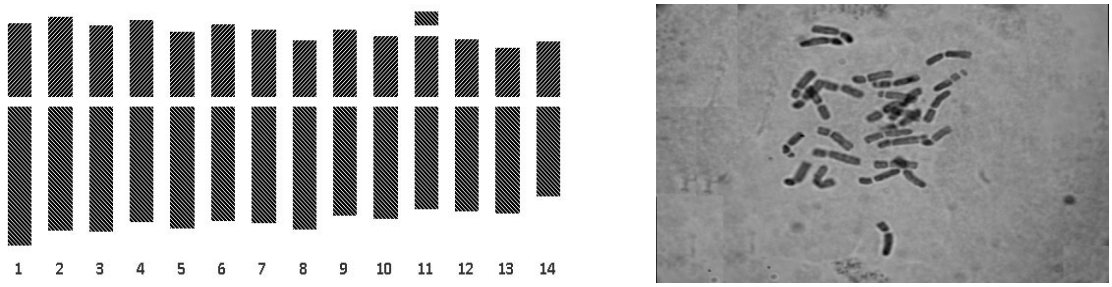
شکل ۵ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. umbellulata*

جدول ۶ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. umbellulata*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۳/۶±۲۰/۲۹	۳/۳۷±۱۳/۴	۱/۴۲±۶/۸۹	۱/۹۵	۰/۳۴
۲	SM	۳/۵۳±۱۹/۲۸	۲/۶±۱۲/۶۳	۲/۲۵±۶/۶۴	۱/۹۰	۰/۳۴
۳	SM	۳/۶۳±۱۸/۷۵	۳/۳±۱۲/۵۶	۲/۰۴±۶/۲	۲/۲۱	۰/۳۳
۴	SM	۳/۵۴±۱۸/۱۸	۲/۱۷±۱۲/۰۷	۱/۸±۶/۱۱	۲/۰۳	۰/۳۴
۵	SM	۳/۵۴±۱۷/۵۹	۲/۷۷±۱۲/۲۷	۱/۶۲±۵/۳۲	۱/۹۸	۰/۳
۶	SM	۳/۱۶±۱۶/۱۶	۳/۲۵±۱۰/۱۸	۲/۲۵±۵/۹۹	۲/۳۱	۰/۳۷
۷	SM	۳/۲۳±۱۵/۲۸	۳/۱۳±۱۰/۲۱	۱/۷±۵/۰۷	۱/۷۰	۰/۳۳

گونه Ae. columnaris

در میان ۱۲ نمونه مورد بررسی از گونه *Ae. columnaris* پیک فلوسیتومتری بین ۹۸ تا ۱۳۸ با میانگین ۱۲۰ بود (جدول۲). نمونه های دارای پیک ۱۲۷ و ۱۳۸ از آذربایان غربی برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. نمونه های این گونه تتراپلوئید و شامل سه جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۱ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند (جدول۷). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۰۸ و ضریب تغییرات کروموزومی ۰/۱۵ بود. یک جفت ماهوارک در انتهای بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۱۱ مشاهده گردید(شکل۶). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه ۰/۵۷ و به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می گرفت (جدول۱۱). این گونه دارای ژنوم UM است، و ژنوم U خود را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است(Damania, 1997).



b a

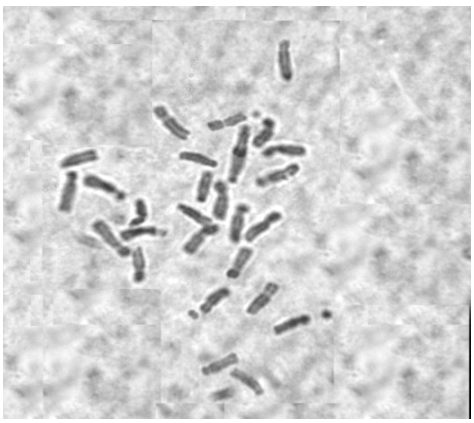
شکل ۶ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. columnaris*

جدول ۷ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. columnaris*

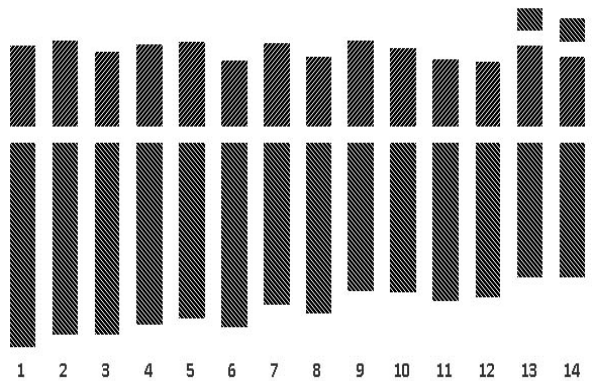
شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۱/۹۵±۲۲/۴	۱/۹۴±۱۴/۶۷	۱/۳۱±۷/۷۳	۱/۹۰	۰/۳۵
۲	M	۲/۷۷±۲۱/۶۸	۲/۳±۱۳/۱۴	۱/۲±۸/۵۴	۱/۵۴	۰/۳۹
۳	SM	۲/۱۴±۲۰/۸۹	۱/۸۶±۱۳/۳	۰/۹۴±۷/۵۹	۱/۷۵	۰/۳۶
۴	M	۲/۲۸±۲۰/۳۹	۱/۳۲±۱۲/۲۵	۱/۴۳±۸/۱۳	۱/۵۱	۰/۴
۵	SM	۱/۹۷±۱۹/۸۴	۱/۴۵±۱۳	۱/۹۸±۶/۸۴	۱/۹۰	۰/۳۴
۶	M	۲/۳±۱۹/۷۴	۱/۷۶±۱۲/۰۸	۱/۱۳±۷/۶۶	۱/۵۸	۰/۳۹
۷	SM	۲/۱۴±۱۹/۳۹	۱/۷۳±۱۲/۳۳	۱/۰۸±۷/۰۶	۱/۷۵	۰/۳۶
۸	SM	۲/۰۵±۱۹/۰۸	۱/۸۲±۱۳/۰۵	۱/۰۲±۶/۰۳	۲/۱۷	۰/۳۲
۹	SM	۲/۱۳±۱۸/۶۷	۱/۱۲±۱۱/۵۸	۲/۰۴±۷/۱	۱/۶۳	۰/۳۷
۱۰	SM	۱/۹۱±۱۸/۳۵	۲/۰۳±۱۱/۹۲	۰/۵۳±۶/۴۴	۱/۸۵	۰/۳۶
۱۱	SM	۱/۹۱±۱۷/۴۷	۱/۵۵±۱۰/۹۵	۱/۳۴±۶/۵۳	۱/۶۸	۰/۳۷
۱۲	SM	۱/۹۶±۱۷/۱۵	۱/۷۳±۱۱/۰۴	۱/۲۳±۶/۱۱	۱/۸۱	۰/۳۱
۱۳	SM	۱/۷۱±۱۶/۴۶	۲/۵۷±۱۱/۲۹	۱/۹۱±۵/۱۷	۲/۱۸	۰/۳۸
۱۴	SM	۲/۴۱±۱۵/۳۷	۲±۹/۵۲	۱/۴۸±۵/۸۵	۱/۷۶	۰/۳۶

گونه Ae. triuncialis

سی و شش نمونه *Ae. triuncialis* مورد بررسی پیک فلوسیتومتری بین ۸۵ تا ۱۳۶ با میانگین ۱۰۳ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۸۵ و ۱۲۶ از آذربایجان غربی برای بررسی کاریوتایپی انتخاب شدند. نمونه‌های بررسی شده این گونه تتراپلوئید و شامل سیزده جفت کروموزوم ساب متاسانتریک و یک جفت کروموزوم ساب تلوسانتریک بود (جدول۸). شاخص سانترومری برای این گونه ۰/۰۶ و ضریب تغییرات طول کروموزم‌ها ۰/۱۳ برآورد گردید. دو جفت ماهوارک بر روی بازوهای کوتاه کروموزوم های شماره ۱۳ و ۱۴ مشاهده گردید (شکل۷). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۴۶ برای تقارن کروموزومی در جایگاه 2A جدول استبینز قرار گرفت که دارای نامتقارن ترین کروموزوم‌ها در میان گونه‌های مورد بررسی است (جدول۱۱). کریم زاده و همکاران (۱۳۸۹) در بررسی شش نمونه از این گونه، بین ۴ تا ۱۳ جفت کروموزوم متاسانتریک و ۱ تا ۱۰ جفت کروموزوم ساب متاسامتریک مشاهده کرده و نمونه‌ها مطالعه شده را در کلاس‌های 1A تا 1B استبینز گروهبندی کردند. این گونه دارای ژنوم UC می‌باشد، و ژنوم U خود را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است(Badaeva et al., 2004).



a



b

شکل ۷ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. triuncialis*

جدول ۸ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. triuncialis*

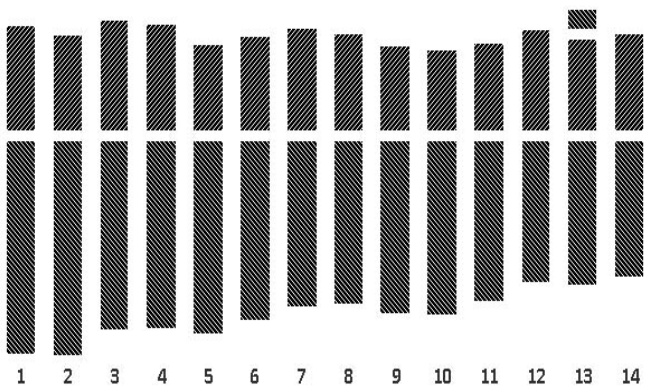
شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۱/۴۵±۱۸/۵۸	۲/۴۵±۱۳/۳	۱/۸±۵/۲۸	۲/۵۲	۰/۲۹
۲	SM	۱/۶۳±۱۸/۱۴	۲/۱۵±۱۲/۵۴	۱±۵/۶	۲/۲۴	۰/۳۱
۳	SM	۱/۸±۱۷/۴۲	۱/۴۵±۱۲/۵۳	۱/۷±۴/۸۹	۲/۵۶	۰/۲۸
۴	SM	۱/۷۳±۱۷/۲۸	۱/۹۵±۱۱/۹۱	۱/۰۶±۵/۳۷	۲/۲۲	۰/۳۱
۵	SM	۱/۷±۱۶/۹۵	۱/۷۲±۱۱/۴۳	۰/۹±۵/۵۲	۲/۰۷	۰/۳۳
۶	ST	۱/۵۲±۱۶/۳۳	۱/۴۴±۱۲/۰۹	۱/۴۵±۴/۲۴	۲/۸۵	۰/۲۶
۷	SM	۱/۴۳±۱۶/۰۹	۱/۷۷±۱۰/۶۱	۱/۲۲±۵/۴۸	۱/۹۴	۰/۳۴
۸	SM	۱/۴±۱۵/۷	۱/۶۷±۱۱/۱۳	۰/۹۶±۴/۵۷	۲/۴۳	۰/۲۹
۹	SM	۱/۴۶±۱۵/۲۹	۱/۴±۹/۶۶	۱/۴۳±۵/۶۳	۱/۷۲	۰/۳۷
۱۰	SM	۱/۲۷±۱۴/۸۹	۱/۸۱±۹/۸	۱/۲۹±۵/۰۹	۱/۹۲	۰/۳۴
۱۱	SM	۱/۲۵±۱۴/۷۹	۱/۰۵±۱۰/۳۹	۰/۸۳±۴/۴۱	۲/۳۶	۰/۳
۱۲	SM	۱/۰۸±۱۴/۳۵	۱/۲۵±۱۰/۱۵	۱/۵±۴/۲	۲/۴۲	۰/۲۹
۱۳	SM	۱/۰۱±۱۴	۱/۲۲±۸/۷۵	۰/۸۵±۵/۲۵	۱/۶۶	۰/۳۸
۱۴	SM	۱/۱±۱۳/۲۹	۱/۳±۸/۷۴	۱/۱۱±۴/۵۴	۱/۹۳	۰/۳۴

گونه Ae. neglecta

سه نمونه گونه *Ae. neglecta* پیک فلوسیتومتری بین ۱۱۷ تا ۱۲۹ با میانگین ۱۲۴ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۱۱۷ از ایلام و ۱۲۹ از کرمانشاه برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. نمونه‌های این گونه تتراپلوئید و شامل دو جفت کروموزوم متاسانتریک، ۱۲ جفت کروموزوم ساب متاسانتریک است (جدول۹). شاخص سانترومری ۰/۰۷ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۱۳ بود. یک جفت ماهوارک برروی بازوی کوتاه کروموزوم شماره ۱۳ مشاهده گردید(شکل۸). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۵۴ و به لحاظ تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار گرفته است (جدول۱۱).

این گونه دارای ژنوم UM بوده و ژنوم U را از گونه *Ae. umbellulata* به ارث برده است (Badaeva et al., 2004) .

a



b

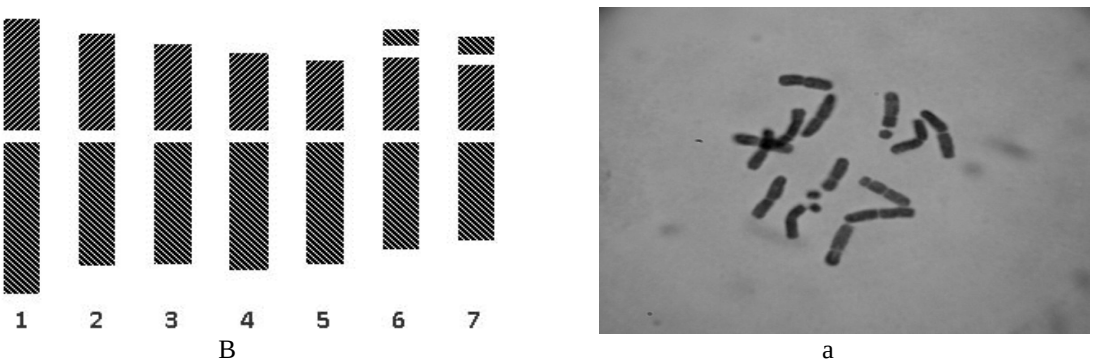
شکل ۸ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. neglecta*

جدول ۹ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. neglecta*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	SM	۲/۱۵±۲۶/۴۹	۲/۳۷±۱۷/۸	۲/۷±۸/۶۹	۲/۰۵	۰/۳۳
۲	SM	۲/۴۳±۲۵/۷۸	۳/۴۴±۱۷/۹۳	۱/۵±۷/۸۵	۲/۲۸	۰/۳۰
۳	SM	۲/۴۳±۲۵/۰۲	۱/۳۲±۱۵/۸	۲/۴۸±۹/۲۲	۱/۷۱	۰/۳۷
۴	SM	۲/۸۱±۲۴/۳۹	۳/۱۶±۱۵/۶۲	۱/۹۷±۸/۷۸	۱/۷۸	۰/۳۶
۵	SM	۱/۹±۲۳/۲	۱/۲۲±۱۶/۱۲	۱/۴۹±۷/۰۹	۲/۲۷	۰/۳۱
۶	SM	۱/۵۱±۲۲/۶۶	۱/۸۲±۱۴/۹۵	۲/۱۸±۷/۷۱	۱/۹۴	۰/۳۴
۷	SM	۱/۲۳±۲۲/۲۸	۲/۷۶±۱۳/۸۵	۱/۹۳±۸/۴۳	۱/۶۴	۰/۳۸
۸	SM	۱/۴۴±۲۱/۶۳	۲/۶۵±۱۳/۵۹	۱/۹۲±۸/۰۴	۱/۶۹	۰/۳۷
۹	SM	۱/۴۳±۲۱/۲۶	۲/۰۳±۱۴/۲۹	۲/۳۶±۶/۹۶	۲/۰۵	۰/۳۳
۱۰	SM	۱/۶۸±۲۱/۰۱	۲/۴۲±۱۴/۴۸	۱/۵۶±۶/۵۳	۲/۲۲	۰/۳۱
۱۱	SM	۱/۷±۲۰/۵۵	۱/۹۳±۱۳/۳۶	۲/۲۹±۷/۱۹	۱/۸۶	۰/۳۵
۱۲	M	۱/۶۴±۲۰/۰۸	۲/۰۸±۱۱/۷۵	۱/۱۴±۸/۳۲	۱/۴۱	۰/۴۱
۱۳	SM	۱/۸۴±۱۹/۴۶	۱/۹۵±۱۱/۹۹	۱/۶۵±۷/۴۷	۱/۶۰	۰/۳۸
۱۴	M	۱/۷۶±۱۹/۲۱	۱/۵±۱۱/۲۲	۱/۴۳±۷/۹۸	۱/۴۱	۰/۴۲

گونه Ae. speltoeides

سه نمونه *Ae. speltoeides* مورد بررسی از ایلام جمع‌آوری شده و پیک فلوسیتومتری بین ۶۱ تا ۶۹ نشان دادند (جدول۲). نمونه‌های دارای پیک ۶۱ و ۶۹ برای خصوصیات کاریوتایپی بررسی شدند. این نمونه‌ها دیپلوئید و شامل چهار جفت کروموزوم متاسانتریک و سه جفت کروموزوم ساب متاسانتریک بودند (جدول۱۰). شاخص سانترومری در این گونه ۰/۲۱ و ضریب تغییرات برای طول کروموزوم‌ها ۰/۳۰ بود. دو جفت ماهوارک برروی بازوهای کوتاه کروموزوم های شماره ۶ و۷ نیز مشاهده گردید(شکل۹). شاخص پراکنش کروموزومی برای این گونه به میزان ۰/۶۸ از نظر تقارن کروموزومی در جایگاه 1A جدول استبینز قرار می‌گیرد (جدول۱۱). ژنوم این گونه S می‌باشد که به عقیده بسیاری از دانشمندان منشأ احتمالی ژنوم B گندم زراعی است(Multani et al., 1998).



شکل ۹ - a تصویر کروموزوم های متافازی میتوز و b: آیدیوگرام کروموزوم‌ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. speltoeides*

جدول ۱۰ - میانگین ویژگی های مورفولوژیکی کروموزوم ها در نمونه‌های بررسی شده از گونه *Ae. speltoeides*

شماره	نوع کروموزوم	طول کل	طول بازوی بلند	طول بازوی کوتاه	نسبت طول بازوها	شاخص سانترومری
۱	M	۶/۳۲±۲۲/۲۴	۴/۴۲±۱۲/۸۳	۲/۲۶±۹/۴۱	۱/۳۶	۰/۴۲
۲	M	۵/۱۴±۱۸/۷۱	۲/۷۳±۱۰/۵	۲/۶۵±۸/۲۱	۱/۲۸	۰/۴۴
۳	M	۴/۷۶±۱۷/۶	۳/۰۵±۱۰/۳	۱/۷۷±۷/۳	۱/۴۱	۰/۴۱
۴	SM	۴/۹±۱۷/۴	۱/۹۹±۱۰/۷۷	۳/۴۵±۶/۶۳	۱/۶۳	۰/۳۸
۵	SM	۳/۷۲±۱۶/۱۸	۲/۱۶±۱۰/۲۷	۱/۹۹±۵/۹	۱/۷۴	۰/۳۶
۶	SM	۴/۳۲±۱۵/۱۸	۱/۴۲±۸/۹۸	۳/۱۹±۶/۲	۱/۴۵	۰/۴۱
۷	M	۳/۳۸±۱۳/۷۱	۱/۹۴±۸/۲۴	۱/۹۶±۵/۴۷	۱/۵۱	۰/۴۰

بحث و نتیجه گیری

بررسی کاریوتایپی گونه‌ها

مورفوتیپ های مورد مطالعه از هر هشت گونه مورد بررسی ، شاخص فلوسیتومتری را در محدوده مورد انتظار برای گندم های دیپلوئید و تتراپلوئید نشان دادند. و نتایج مطالعه کاریوتایپ ها نیز وضعیت پلوئیدی گونه‌ها را تائید کرد. ولی دامنه وسیع پیک فلوسیتومتری در میان نمونه‌های مورد بررسی با سطح پلوئیدی مشابه

نشان داد که ابزار فلوسیتومتری با استفاده از رنگ DAPI بیشتر می‌تواند برای تعیین سطوح پلوئیدی و نه ناهنجاری‌های کروموزومی بکار برده شود. هرچند وجود گونه‌ها و سیتوتیپ‌های متفاوت با موفولوژی مشابه نیاز به کاربرد یک روش سریع برای تعیین سطح پلوئیدی نمونه‌ها را ایجاب می‌نماید. بیشترین تغییرات برای گرادیانت سانترومری و پراکنش کروموزومی در نمونه‌های گونه *Ae. speltoeides* مشاهده گردید که بنظر می‌سد یکی از قدیمیترین گونه‌های آژیلوپس بوده و والد احتمالی ژنوم B در گندم‌های زراعی است که تاکنون ناشناخته مانده است. به لحاظ تقارن کروموزومی گونه‌های مورد بررسی از بیشترین تقارن کروموزمی برخوردار بوده و بجز گونه *Ae. triuncialis* بقیه در کلاس ۱A جدول استبینز قرار گرفته اند. تفاوت‌های درون گونه‌ای هم برای خصوصیات کاریوتایپی و هم برای محتوای DNA مشاهده می‌گردید اما به لحاظ اندک بودن تعداد نمونه‌های مورد بررسی برای برخی از نمونه‌ها تائید وجود تفاوت‌های معنی دار در درون گونه‌ها مستلزم بررسی تعداد بیشتری نمونه از هر گونه است.

جدول۱۱- شاخص پراکنش کروموزومی، ژنوم و جایگاه گونه ها در جدول استبینز

گونه	ژنوم	گرادیانت سانترومری	پراکنش کروموزومی	جایگاه در جدول استبینز
Ae. speltoeides	S	۰/۶۸	۰/۲۱	A۱
Ae. tauschii	D	۰/۶۲	۰/۱۲	A۱
Ae. umbellulata	U	۰/۵۱	۰/۱۰	A۱
Ae. cylindrical	CD	۰/۵۵	۰/۰۷	A۱
Ae. crassa	DM	۰/۷۴	۰/۱۰	A۱
Ae. columnaris	UM	۰/۵۷	۰/۰۸	A۱
Ae. neglecta	UM	۰/۵۴	۰/۰۷	A۱
Ae. triuncialis	UC	۰/۴۶	۰/۰۶	A۲

سپاسگزاری

نگارندگان وظیفه خود می‌دانند از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و بانک ژن گیاهی ملی ایران که امکانات اجرایی جهت انجام این مطالعه را فراهم نمودند سپاسگذاری نمایند.

REFERENCES

1. Aghaei, M.J., J. Mozafari, A.R. Taleei, M.R. Naghavi, M. Omidi. (2008). Distribution and diversity of *Aegilops tauschii* in Iran. *Genet Resour Crop Evol*, 55, 341-349.
2. 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., Gill B.S. (2004). Genome differentiation in Aegilops. 4. Evolution of the U-genome cluster. *Plant Syst. Evol*, 246, 45–76.
3. Bagwell, C. B., Baker, D., Whetstone, S., Munson, M., Hitchcox, S., Ault, K. A. & Lovett, E. J. (1989). A simple and rapid method for determining the linearity of a flow cytometer amplification system, *Cytometry*, 10, 689-694.
4. Bakhshi B., M.J. Aghaei, M. Bihamta, R., Darvish, F. & Zarifi, E. (2010). Ploidy determination of *Aegilops cylindrica* host accessions of iran by using flow cytometry and chromosome counting. *Iran. J. Bot*, 16 (2), 258-266.
5. Damania. A,B. (1997). *Domestication and insitu comservation of cereal wild Progenitors in the near East*. C/O Genetics Resources Units, ICARDA, Aleppo, Syria.
6. Gandhi H.T., Vales M.I., Watson C.J.W., Mallory-Smith C.A., Mori N., Rehman M., Zemetra R.S., Riera-Lizarazu O. (2005). Chloroplast and nuclear microsatellite analysis of *Aegilops cylindrica*. *Theor Appl Genet*, 111, 561–572
7. Ghanavati F., Eskandari H. (2011). Relationsheep between coloroplat numbers in stomatal gard cells, Flowcytometry and ploidy level in Onobrychiss species. *Seed and Plant Imrovement Journal*, 27(1), 427-439. (In Farsi)

8. Godelle, B., Cartier, D., Marie, D., Brown, S.C., & Siljak-ya-kovlev, S. (1993). Heterochromatin study demonstrating the non-linearity of fluorometry useful for calculating genomic base composition. *Cytometry*, 14, 618-626.
9. Hatami-Maleki H., Samizadeh., H., Asghari-Zakaria R., Moshtaghi N., Fazeli-Sangari E. (2010). A comparative study of chromosome morphology among some accessions of *Aegilops crassa*. *African Journal of Biotechnology*, 9(7), 996-1000
10. Hosseini, F., Jaffaraghaei, M., Khosroshahli, M., Vaezi., S, Mohammadi, B. (2012). Evaluation of DNA content is accessions of *Aegilops umbellulata* collection. *New Genetics Journal*. Special Issue for 12th Iranian Genetic Congerss. (In Farsi).
11. Jaffaraghaei., M., Naghavi., M.R., Omidi, M. (2007). Importace of D genome in adaptability improvement of bread wheat. *Genetics in 3rd melinium*. 5(3), 1134-1142. (In Farsi)
12. Karimzadeh G., Ashkani S., Ahmadian-Tehrani P., Davoodi D., Mirzaghaderi G. (2010). Cytogenetical evaluation in some Iranian Wild wheats and Aegilops species and OR banding. *Iranian Crop Science Journal*. 41(2), 305-313 (In Farsi)
13. Kimber., G., Feldman., M. (1987). *Wild wheat, an introduction*. College of Agriculture University of Missouri, Columbia. 142 pp.
14. Kimber., G., Zhao., Y.H. (1983). The D genome of the Triticeae. *Can. J. Genet. Cytol.* 25, 581-589.
15. Levan., A., Fredka., K. & Sandberg., A. (1964). Nomeclature for centromic Position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2)201-220.
16. Morris, R., Sears, E. R. (1967). The cytogenetics of wheat and its relatives. In: Quisenberry K. S., Reitz L. P. (eds.) Wheat and wheat improvement. Am. Soc. Agrom. Monographs, Madison, Wisconsin, pp. 9–87.
17. Mujeeb-Kazi A., Miranda, J.L. (1985). Enhanced resolution of somatic chromosome constriction as an aid to identifying intergeneric hybrids among some Triticeae. *Cytologia*, 50, 701-709.
18. Multani, D.S., Dhaliwal, H.S. Singh, P. & Gill, K.S. (1988). Synthetic amphiploids of wheat as a source of resistance to karnal bunt (*Neovossia indica*). *Plant Breed*, 101,122–125.
19. Naghavi, M.R., Ranjbar, M., Hassani, M.H., Aghaei, M.J. & Bamneshin, M. (2013). Characterization of Iranian Accessions of *Aegilpos crassa* Boiss. Using Flow Cytometry and Protein Analysis. *J. Agr. Sci. Tech*, 15, 4, 811-818
20. Ranjbar M., Naghavi M.R., Zali A.A., Jaffaraghaei M., ZArifi E. (2010). Identification of Aegilops cytotypes from Iran and Evaluation their discrimental morphological traits. *Iranian Agricultural Science*, 41(2), 225-234. (In Farsi)
21. Ranjbar, M., Naghavi, M.R. Zali, A. Aghaei M.J. (2007). Multivariate analysis of morphological variation in accessions of *Aegilops crassa* from Iran. *Pakistan J. of Bio. Sci*, 10(7), 1126-1129.
22. Reeves, A. (2001). MicroMeasure: A new computer program for the collection and analysis of cytogenetic data. *Genome*, 44, 439–443
23. Schneider, A., Molnár, I., Molnár-Láng, M. (2008). Utilisation of Aegilops (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat. *Euphytica*, 163, 1–19
24. Sheidai, M., Ahmadian, P. Poorseyedi, S.h. (1996). Cytogenetical studies in Iran Zira three genera: *Bunium*, *Carum* and *Cuminium. Cytologia*, 61, 19-25.
25. Stebbins, G.L. (1971). *Chromosomal evolution in higher plants*.London:Edward Arnold Publisher Ltd, London.
26. Van-Slageren, M.W. (1994). *Wild Wheats; a Monograph of Aegilops L. and Amblyopyrum (Jaub. & Spach) Eig (Poaceae)*. Agricultural University Wageningen: the Netherlands; ICARDA: Aleppo, Syria. pp 512.