دو فصلنامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۲۵، شماره ۲، صفحه ۳۳۶-۳۲۴ (۱۳۹۶)

# تجزیه‌وتحلیل کروموزومی بلوط دارمازو (*Quercus infectoria* G. Oliver)

فهیمه قاسمی پیربلوطی[۱]، آفاق تابنده ساروی[۲*] و اصغر مصلح آرانی[۳]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، جنگل‌شناسی و اکولوژی جنگل، دانشکده منابع طبیعی و کویرشناسی، دانشگاه یزد

۲*- نویسنده مسئول مکاتبات، استادیار، جنگل‌داری، دانشکده منابع طبیعی و کویرشناسی، دانشگاه یزد

پست الکترونیک: tabandeh@yazd.ac.ir

۳- دانشیار، محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی و کویرشناسی، دانشگاه یزد

تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۱۱/۰۶ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۲/۲۵

## چکیده

دارمازو (*Quercus infectoria* G.Oliver) یکی از گونه‌های با ارزش و اصلی جنگل‌های زاگرس است و از نظر زیست‌محیطی، اقتصادی، ژنتیکی و دارویی حائز اهمیت است. انجام مطالعات سیتوژنتیکی در گونه‌ها و جمعیت‌های گیاهی به‌دلیل فراهم کردن اطلاعات کمی روی تاریخچه تکاملی گیاه، تعیین قرابت‌های بین گونه‌ای و مشخصات کاریولوژیکی، اهمیت فوق‌العاده‌ای دارد. این مطالعه با هدف تعیین کاریوتیپ و ساختار کروموزومی گونه دارمازو و تنوع کاریوتیپی میان چهار جمعیت آن در غرب ایران (سردشت، مریوان، شینه‌قلایی و کاکاشرف) با استفاده از مریستم ریشه و سیستم تجزیه تصویری انجام شد. پس از اجرای مراحل پیش‌تیمار، تثبیت، هیدرولیز و رنگ‌آمیزی، نمونه‌های میکروسکوپی تهیه و خصوصیات کاریوتیپی تعیین شدند. نتایج نشان داد که تعداد کروموزوم‌های بیشتر سلول‌های مورد مطالعه $۲n = ۲x = ۲۴$ بود اما $۲n = ۲x = ۲۵$ و $۲n = ۲x = ۲۶$ و تریپلوئیدی نیز در برخی از سلول‌ها مشاهده شد. تجزیه‌وتحلیل واریانس و مقایسه میانگین بر روی سه تا ده سلول ۲۴ کروموزومی از سه تا هفت پایه مختلف در هر جمعیت انجام شد. تفاوت معنی‌دار بین جمعیت‌های مورد بررسی از نظر صفات طول کروموزوم، طول بازوی بلند و کوتاه مشاهده شد. شاخص‌های تقارن، تقارن نسبی کاریوتیپ را در جمعیت‌های مورد بررسی نشان دادند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که طول کروموزوم، طول بازوی بلند و کوتاه بیشترین نقش را در ایجاد واریانس داشتند. تجزیه خوشه‌ای نیز جمعیت‌های مورد مطالعه را در دو خوشه مجزا طبقه‌بندی کرد. به‌طوری‌که دو جمعیت کاکاشرف و شینه قلایی در یک خوشه و دو جمعیت سردشت و مریوان در خوشه دیگر قرار گرفتند.

**واژه‌های کلیدی:** بلوط دارمازو، تنوع ژنتیکی، سیتوژنتیک، شاخص تقارن کاریوتیپ، کروموزوم.

## مقدمه

بلوط دارمازو (*Quercus infectoria* Oliv) از خانواده راشیان (Fagaceae) و از گونه‌های معرف منطقه رویشی زاگرس است (Sabeti, 2002). جنس بلوط (*Quercus*) از لحاظ تعداد گونه، پراکنش، اهمیت اکولوژیک، جایگاه زیست‌محیطی و اقتصادی یکی از مهمترین جنس‌های این خانواده است. این جنس با حدود ۶۰۰ گونه یکی از گسترده ترین جنس‌های خانواده مذکور است (Mabberley, 1993).

در نیمکره شمالی حدود ۵۰۰ گونه از جنس بلوط به‌صورت درختی و درختچه‌ای رویش دارند (Nixon, 1993) که از گونه‌های بسیار مهم اکوسیستم‌های جنگلی نیمکره شمالی هستند و در مناطق نزدیک به استوا تا اقلیم‌های معتدل، خشک و نسبتاً سرد رشد می‌کنند. در کشور ما دامنه پراکنش گونه‌های جنس بلوط (*Quercus*) از شمالی‌ترین قسمت آذربایجان‌شرقی در حاشیه جنوبی رود ارس تا جنوب رشته‌کوه‌های زاگرس و مناطق شمالی رشته‌کوه البرز، گسترش دارد. رویش گونه‌های جنس بلوط در ایران تحت تأثیر عرض جغرافیایی، سازندهای زمین‌شناسی، میزان بارندگی، شرایط دمایی و سایر عوامل محیطی است. با توجه به پراکندگی گونه‌های جنس بلوط در سطح وسیعی از کشور و حضور آنها در اقلیم‌ها و شرایط آب و هوایی مختلف، گونه‌های این جنس از اهمیت خاصی برخوردار هستند (Naderi Shahab, 2013).

از میان گونه‌های بلوط بومی کشور، گونه دارمازو یکی از گونه‌های با ارزش و اصلی جنگل‌های زاگرس است که در استان‌های آذربایجان‌غربی، کردستان، کرمانشاه و لرستان رشد می‌کند. این گونه در استان لرستان از گونه‌های کمیاب و نادری محسوب می‌شود که از نظر زیست‌محیطی، اقتصادی، ژنتیکی و دارویی حائز اهمیت است. متأسفانه جنگل‌های زاگرس به‌دلیل وجود چرای مفرط دام، تخریب عرصه، خشکی اقلیم، از بین رفتن خاک و بهره‌برداری بیش از حد با تهدید جدی و مشکلات عمده‌ای مواجه‌اند (Heydari *et al*., 2011).

دارمازو گونه‌ای نورپسند است و در جبهه‌های مختلف جغرافیایی رشد می‌کند. اسیدیته خاک‌های رویشگاه دارمازو بین ۷/۴ و ۸ نوسان داشته و درصد ماده آلی آنها نسبتاً خوب است. خاک این رویشگاه‌ها کلاً کم عمق تا عمیق و دارای بافت لومی تا رسی هستند. ارتفاع متوسط این گونه کمتر از ۱۰ متر است ولی به حداکثر ۱۸ متر هم می‌رسد، تاج آن پهن و گرد و کشیده، پوست تنه در جوانی صاف و در سنین بالا ترک‌خورده و شیاردار و به‌رنگ خاکستری است (Jazirehi & Ebrahimi Rostaghi, 2003).

در حال حاضر مباحث سیستماتیک و تکاملی جنس بلوط کمتر مورد توجه قرار گرفته، اما نظر قطعی در زمینه تعداد گونه‌های جنس بلوط در کشور وجود ندارد. به‌طوری‌که Rechinger (۱۹۹۷) در فلور ایرانیکا تعداد گونه‌های جنس بلوط در ایران را هفت گونه، سه زیرگونه و سه واریته اعلام کرد که برای گونه *Q. infectoria* یک واریته ادعا کرد. این تقسیم‌بندی عمدتاً بر مبنای شکل برگ و سایر صفات مورفولوژیک می‌باشد. تعداد گونه‌ها و واریته‌های جنس بلوط در ایران توسط Djavanchir-Khoie (۱۹۶۷)، ۲۸ گونه، هفت زیرگونه و هفت واریته گزارش شد که از این تعداد دو واریته مربوط به گونه *Q. infectoria* است و اساس شناسایی، صفات مورفولوژیک برگ، جوانه، میوه، پیاله میوه، فلس پیاله و در بعضی موارد مورفولوژی گل‌های ماده و گل‌های نر بوده است. در گزارشی دیگر، Sabeti (۲۰۰۲) تعداد گونه‌های جنس بلوط در ایران را ۱۶ گونه، پنج زیرگونه و دو واریته و برای گونه *Q. infectoria* سه زیرگونه اعلام کرد. پایه و اساس شناسایی را مورفولوژی برگ، شکل پیاله میوه، شکل فلس‌های پیاله و پاره‌ای صفات مورفولوژیک معرفی کرد. همچنین Mozafarian (۲۰۰۴) تعداد گونه‌های جنس بلوط در ایران را هشت گونه، سه زیرگونه و سه واریته اعلام کرد که از گونه *Q. infectoria* یک زیر گونه معرفی شد. وی اساس شناسایی را به‌طور عمده صفات مرتبط با مورفولوژی برگ، اندام جنسی و میوه قرار داد. از طرفی گستره بعضی از بررسی‌های عرصه‌ای کامل نبوده و سطح محدودی از کشور را پوشش می‌دهد. از این‌رو با توجه به نبود نظر قطعی در سیستماتیک کلاسیک، استفاده از سیستماتیک مولکولی در کنار سیستماتیک کلاسیک باعث شفاف‌سازی وضعیت گونه‌های بلوط ایران خواهد شد (Naderi Shahab, 2013).

گونه‌های جنس بلوط به‌طور کلی دیپلوئید (۲n=۲x=۲۴) و دارای ۲۴ کروموزوم هستند (Zoldos *et al*., 1999; Aykut *et al*., 2011; Stairs, 1964; Kurokawa & Yonezawa, 2004). طول کروموزوم‌ها در گونه‌های جنس بلوط تا حدودی متفاوت و در *Quercus*

*infectoria* بین µm ۲/۱۶۹–۰/۹۱ گزارش شده است (Barreneche *et al*., 1998; Aykut *et al*., 2008).

در تحقیقات به‌نژادی انجام مطالعات سیتوژنتیک از اقدامات اولیه است. زیرا تعداد کروموزوم‌ها در انتخاب روش اصلاحی مهم است (Javadi *et al*., 2006). همچنین بررسی خصوصیات کروموزومی و مطالعات سیتوژنتیکی علاوه بر شناخت ساختار کاریوتیپی گونه گیاهی، روش مناسبی برای بررسی تنوع بین جمعیت‌های مختلف یک گونه است. از آنجا که ژنوم افراد حاوی اطلاعات ژنتیکی است و نتیجه بیان ژن‌ها بروز صفات ژنتیکی است، بنابراین تغییر در ساختمان و اندازه کروموزوم‌ها که حامل ژن‌ها هستند صفات فنوتیپی متفاوتی را بروز می‌دهد. مطالعات کاریوتیپی در داخل جمعیت‌های یک گونه از این نظر حائز اهمیت است که جمعیت‌های مختلف یک گونه هریک سازش ژنومی خاص خود را با محیطی که در آن می‌رویند نشان می‌دهند (Sheidai *et al*., 1996). بنابراین انجام مطالعات سیتوژنتیکی در گونه‌های گیاهی و همچنین جمعیت‌های متعلق به آنها، به‌ویژه گیاهان وحشی و بومی، به‌دلیل فراهم کردن اطلاعات کمی روی تاریخچه تکاملی گیاه، تعیین قرابت‌های بین گونه‌ای، تعیین مشخصات کاریولوژیکی و غیره، از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است (Hesamzadeh Hejazi & Ziaei Nasab, 2007).

در این تحقیق سعی شد علاوه بر بررسی سطح پلوئیدی و تعیین کاریوتیپ جمعیت‌های مختلف گونه بلوط دارمازو، با کمی کردن اطلاعات سیتوژنتیکی، تشخیص تنوع و تفکیک برخی از جمعیت‌های این گونه دقیق‌تر انجام شود.

## مواد و روش‌ها

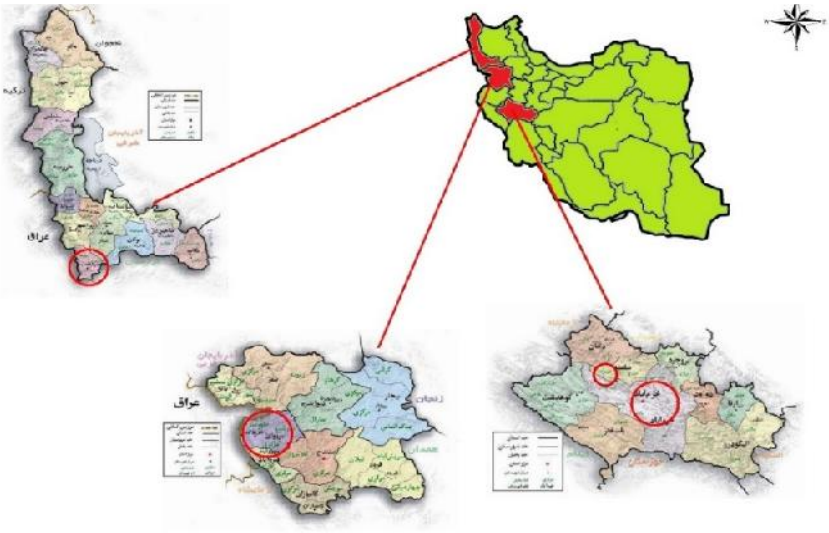
برای جمع‌آوری نمونه گیاهی مورد نیاز این تحقیق، چهار رویشگاه از کل دامنه پراکنش دارمازو در جنگل‌های زاگرس (سردشت، مریوان، شینه‌قلایی و کاکاشرف) انتخاب شد (جدول ۱ و شکل ۱).

جدول ۱– مشخصات جغرافیایی مبدأهای جمع‌آوری بذر دارمازو

| رویشگاه | استان | ارتفاع از سطح دریا (متر) | طول جغرافیایی | عرض جغرافیایی |
|---|---|---|---|---|
| سردشت | آذربایجان‌غربی | ۱۵۵۰ | ۴۵°۱۶′ | ۳۶°۱۵′ |
| مریوان | کردستان | ۲۰۱۰ | ۴۶°۱۸′ | ۳۵°۳۲′ |
| شینه‌قلایی | لرستان | ۱۵۵۰ | ۴۷°۵۴′ | ۳۲°۴۷′ |
| کاکاشرف | لرستان | ۱۴۴۳ | ۴۸°۳۱′ | ۳۳°۲۱′ |

پس از جمع‌آوری بذرها و انتقال آنها به آزمایشگاه، ابتدا بذرها به‌مدت ۲۴ ساعت در آب معمولی خیس شدند. سپس به‌مدت ۳ دقیقه در محلول ضدعفونی کننده هیپوکلریت سدیم یک درصد قرار گرفتند و پس از شستشو در ژرمیناتور کشت داده شدند (Adebola & Morakinyo, 2005; Cardemil & Perry, 2007).

برای آماده‌سازی سلول‌ها و قابل رؤیت‌کردن کروموزوم-های متافازی از دستورالعمل بهینه‌سازی شده توسط Tabandeh Saravi و همکاران (۲۰۱۲) برای بلوط بلندمازو استفاده شد که به‌صورت آلفابرومونفتالین نیم درصد به‌مدت ۲ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد به‌عنوان پیش‌تیمار، محلول فارمر به‌مدت ۳ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد برای تثبیت، اسیدکلریدریک به‌مدت ۶ دقیقه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در حمام آب گرم برای هیدرولیز و هماتوکسیلین به‌مدت ۱ ساعت در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در حمام آب گرم برای رنگ‌آمیزی بود.



**شکل ۱- موقعیت رویشگاه‌های مورد مطالعه (سردشت، مریوان، شینه‌قلایی و کاکاشرف)**

پس از رنگ‌آمیزی، ریشه را با پنس بر روی لام گذاشته و یک میلی‌متر نوک آن را که قسمت مریستمی انتهایی ریشه است با تیغ جدا کرده و با نوک سنجاق تا جای ممکن خرد شد و در ادامه یک قطره اسید استیک ۴۵ درصد به آن اضافه شد. در ادامه لامل را به‌طوری که حباب هوا در زیر آن تشکیل نشود، به آرامی بر روی نمونه قرار داده و با فشار انگشت شست و وارد کردن ضربات ملایم عمل اسکواش یا له کردن ریشه انجام شد تا سلول‌های مریستمی کاملاً پخش شده و در یک سطح قرار گیرند. در پایان برای جلوگیری از نفوذ هوا به زیر لامل، اطراف آن با لاک بی‌رنگ ناخن پوشانده شد. به این ترتیب نمونه‌ها برای مشاهده در زیر میکروسکوپ آماده شدند (Tabandeh Saravi *et al.*, 2012).

نمونه‌ها توسط میکروسکوپ با بزرگنمایی ۲۷۰۰ بررسی شده و پس از مشاهده سلول‌های متافازی مناسب (سلول-هایی که کروموزوم‌های آن خوب پخش و رنگ‌آمیزی شده و قابل اندازه‌گیری باشند) از آنها به‌صورت دیژیتال عکس‌برداری و با استفاده از نرم‌افزار Photoshop کروموزوم‌ها بر اساس طولشان مرتب شدند. تعداد کروموزوم‌ها، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، طول کل کروموزوم، طول نسبی کروموزوم (نسبت طول کروموزوم به‌طول کل کروموزوم‌ها ضرب در ۱۰۰)، نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه و شاخص سانترومری (CI) با استفاده از نسبت بازوی کوتاه به مجموع طول بازوها توسط نرم‌افزار Micromeasure اندازه‌گیری و ثبت شد.

از هر جمعیت سه تا ده سلول از سلول‌های ۲۴ کروموزومی به‌عنوان تکرارهای تحقیق بررسی شدند. تکرارهای جمعیت‌های سردشت، کاکاشرف و شینه قلایی از سه ژنوتیپ مجزا و تکرارهای مربوط به جمعیت مریوان مربوط به هفت پایه مجزا بود. لازم به‌ذکر است که پایه‌های بیشتری از هر جمعیت مورد شمارش کروموزومی قرار گرفت که به‌علت عدد کروموزومی متفاوت از ۲۴ و یا وضوح کم در تشخیص سانترومر، در تجزیه‌وتحلیل شرکت داده نشدند.

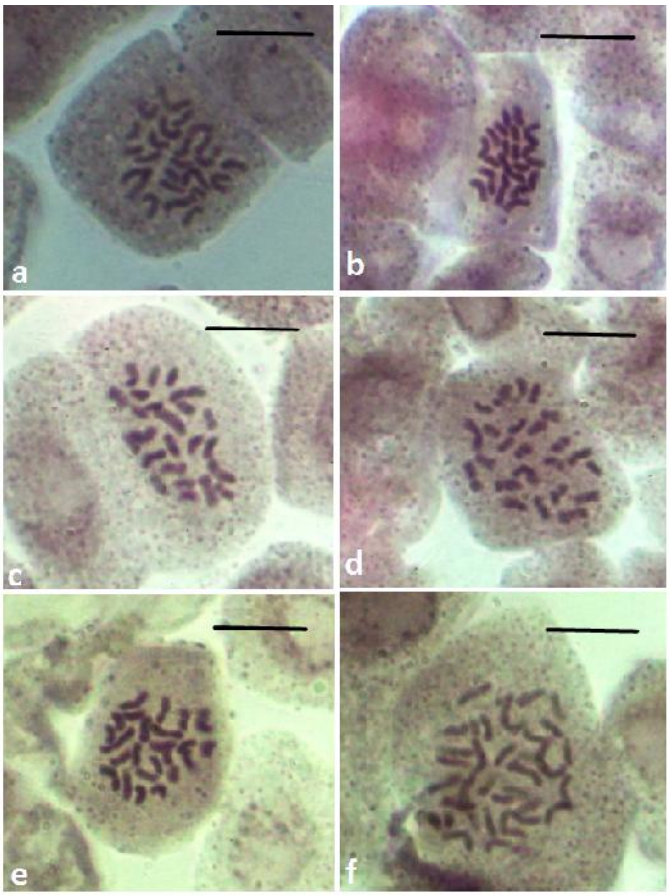
پس از اندازه‌گیری کروموزوم‌ها، ابتدا میانگین طول بازوهای بلند و کوتاه هر کروموزوم در جمعیت محاسبه و توسط نرم‌افزار Excel ایدیوگرام کلیه جمعیت‌های مورد مطالعه بر اساس طول بازوی کوتاه و بلند رسم شد. ترتیب قرار گرفتن کروموزوم‌ها در ایدیوگرام، از چپ به راست و از بزرگترین کروموزوم به کوچکترین کروموزوم در نظر گرفته شد.

به‌منظور بررسی و تشخیص تفاوت بین جمعیت‌ها از نظر صفات مورفولوژی کروموزوم‌ها، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA)، طول کروموزوم (TL)، نسبت

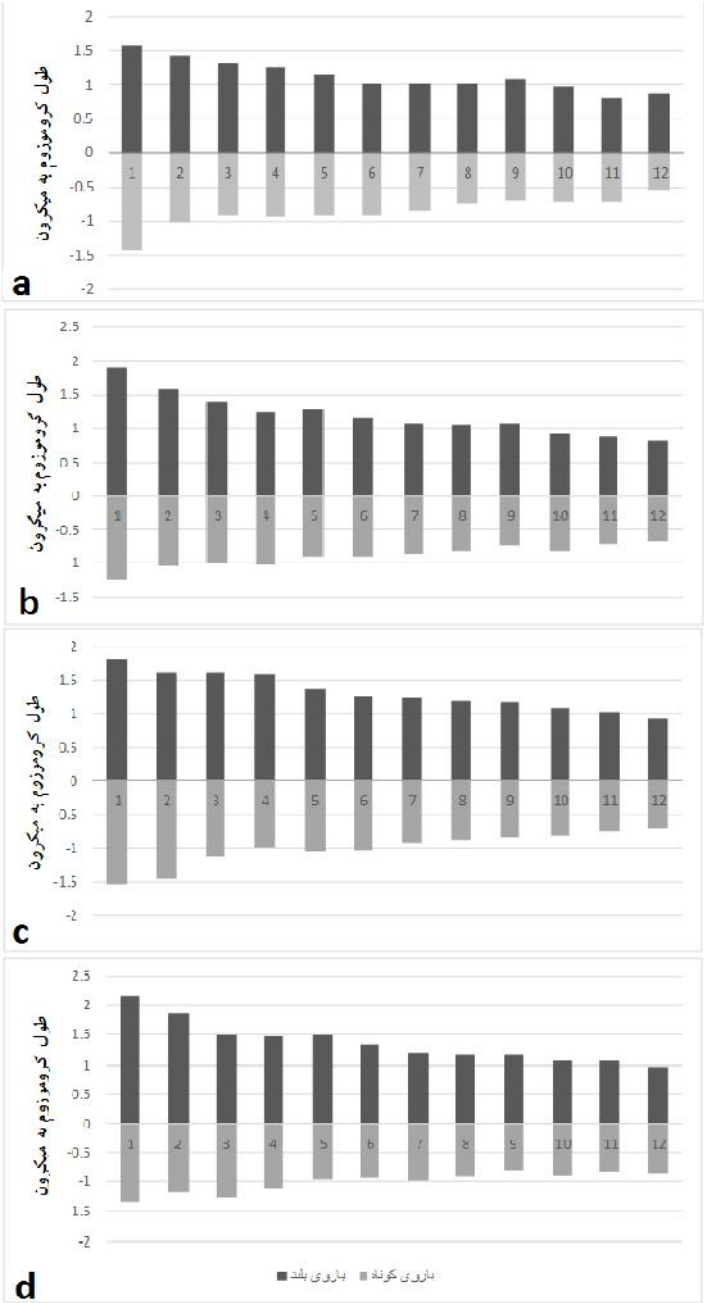
بازوی بلند به بازوی کوتاه (AR) و شاخص سانترومری (CI) در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تا ده تکرار از سلول‌های ۲۴ کروموزومی مورد تجزیه‌وتحلیل واریانس قرار گرفته و در نهایت دسته‌بندی میانگین‌ها به‌روش دانکن با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام شد.

برای بررسی تقارن کاریوتیپی نیز طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم (S%)، دامنه طول نسبی کروموزوم (DRL)، فرمول کاریوتیپی Levan و همکاران (۱۹۶۴)، کلاسه‌بندی کاریوتیپ با روش Stebbins (۱۹۷۱)، شاخص $A_1$ و $A_2$ و درصد شکل کلی (TF%) تعیین شد.

در نهایت برای بررسی تنوع از نظر کلیه پارامترهای مورفولوژیکی و تقارن کاریوتیپ از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای استفاده شد. برای تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از نرم‌افزار SAS و برای انجام تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار PC-ORD استفاده شد.




**شکل ۲**– سلول‌های متافازی میتوز مورد مطالعه از چهار جمعیت گیاهی بلوط دارمازو: **a**– سلول ۲۶ کروموزومی از جمعیت گیاهی سردشت، **b**– سلول ۲۴ کروموزومی از جمعیت بلوط دارمازوی مریوان، **c** و **d**– سلول‌های ۲۴ و ۲۵ کروموزومی از جمعیت بلوط دارمازوی شینه‌قلایی، **e** و **f**– سلول‌های ۳۶ و ۲۴ کروموزومی از جمعیت گیاهی بلوط دارمازوی کاکاشرف (مقیاس‌های روی شکل برابر با ۵ میکرومتر است).




**شکل ۳– ایدیوگرام حاصل از مطالعه سلول‌های متافازی میتوز از چهار جمعیت گیاهی بلوط دارمازو، a– جمعیت گیاهی بلوط دارمازو از سردشت، b– جمعیت گیاهی بلوط دارمازو از مریوان، c– جمعیت گیاهی بلوط دارمازو از شینه‌قلایی، d– جمعیت گیاهی بلوط دارمازو از کاکاشرف.**

## نتایج

**شمارش کروموزوم‌ها و ترسیم ایدیوگرام:**

نتایج شمارش کروموزومی نشان داد که عدد کروموزومی بیشتر سلول‌های مورد بررسی از این گونه ۲۴ بود ولی در جمعیت‌های شینه‌قلایی، مریوان و سردشت سلول‌های ۲۵ کروموزومی نیز مشاهده شد. در جمعیت سردشت سلول ۲۶ کروموزومی نیز دیده شد. همچنین در جمعیت کاکاشرف تری‌پلوئیدی مشاهده شد (شکل ۲). سپس با استفاده از میانگین طول بازوی بلند و کوتاه در هر جمعیت ایدیوگرام کروموزومی مربوط به سلول‌های دیپلوئید

با ۲۴ کروموزوم در هر جمعیت رسم شد (شکل ۳).

تجزیه‌وتحلیل واریانس و مقایسات میانگین صفات مورفولوژی کاریوتیپ

نتایج حاصل از تجزیه‌وتحلیل واریانس داده‌های حاصل از سلول‌های ۲۴ کروموزومی جمعیت‌های مورد بررسی نشان داد که این جمعیت‌ها از نظر صفات طول کروموزوم، طول بازوی بلند و کوتاه در سطح یک درصد تفاوت معنی-دار داشتند. اما از نظر نسبت بازوها و شاخص سانترومری تفاوت معنی‌دار مشاهده نشد (نتایج تجزیه واریانس ارائه نشده است).

گروه‌بندی میانگین جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر ویژگی‌های مورفولوژی کاریوتیپ توسط آزمون دانکن، نشان داد که جمعیت‌های سردشت و مریوان از نظر طول ژنوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و نسبت طول بازوها میانگین کمتری را نسبت به جمعیت‌های شینه‌قلایی و کاکاشرف به‌خود اختصاص دادند (جدول ۲). نتایج همچنین نشان داد که جمعیت سردشت با میانگین ۱/۹۸ میکرون و جمعیت کاکاشرف با میانگین ۲/۳۹ میکرون به‌ترتیب کمترین و بیشترین طول کروموزوم را داشتند. جمعیت سردشت با میانگین ۱/۱۱ میکرون و جمعیت کاکاشرف با میانگین ۱/۳۸ میکرون به‌ترتیب کمترین و بیشترین طول بازوی بلند را به‌خود اختصاص دادند. همچنین جمعیت سردشت با میانگین ۰/۸۶ میکرون کمترین طول بازوی کوتاه و جمعیت شینه‌قلایی و کاکاشرف هر دو با میانگین ۱/۰۱ میکرون بیشترین طول بازوی کوتاه را داشتند (جدول ۲). البته اندازه کروموزوم‌ها و طول بازوها ممکن است تحت تأثیر فشردگی متفاوت کروموزوم‌ها در مرحله پیش‌تیمار قرار گیرد. طبق نتایج تجزیه داده‌ها، جمعیت‌های مورد بررسی از لحاظ شاخص سانترومری و نسبت بازوها تفاوت معنی‌داری نداشتند. ویژگی‌های مورفولوژی تک‌تک کروموزوم‌ها در هر جمعیت در جدول ۳ ارائه شده است.

**شاخص‌های تقارن کاریوتیپ و فرمول کاریوتیپی جمعیت-های گیاهی بلوط دارمازو:**

در ادامه شاخص‌های تقارن کاریوتیپ شامل طول دامنه نسبی کروموزوم (DRL)، طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم (S%)، درصد شکل کروموزوم (TF%)، شاخص‌های $A_1$ و $A_2$، فرمول کاریوتیپی Levan و کلاس تقارن Stebbins، همچنین طول کل ژنوم در هر جمعیت محاسبه شد (جدول ۴).

**جدول ۲- گروه‌بندی جمعیت‌های گیاهی مورد مطالعه بلوط دارمازو از نظر ویژگی‌های مورفولوژی کروموزوم با روش دانکن**

| جمعیت‌ها | طول کل کروموزوم (میکرون) | طول بازوی بلند (میکرون) | طول بازوی کوتاه (میکرون) | نسبت بازوی بلند به کوتاه | شاخص سانترومری |
|---|---|---|---|---|---|
| سردشت | ۱/۹۸ c | ۱/۱۱ c | ۰/۸۶ b | ۱/۳۱ a | ۰/۴۴ a |
| مریوان | ۲/۱۰ b | ۱/۱۹ b | ۰/۹۰ b | ۱/۳۴ a | ۰/۴۳ a |
| شینه‌قلایی | ۲/۳۳ a | ۱/۳۳ a | ۱/۰۱ a | ۱/۳۵ a | ۰/۴۳ a |
| کاکاشرف | ۲/۳۹ a | ۱/۳۸ a | ۱/۰۱ a | ۱/۳۷ a | ۰/۴۲ a |

حروف متفاوت در ستون نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌های مختلف می‌باشد.

**جدول ۳- ویژگی‌های مورفولوژی کروموزومی جمعیت‌های گیاهی بلوط دارمازو برای هر کروموزوم**

| جمعیت | صفات | شماره کروموزوم | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | ۱ | ۲ | ۳ | ۴ | ۵ | ۶ | ۷ | ۸ | ۹ | ۱۰ | ۱۱ | ۱۲ |
| سردشت | TL | ۳/۰۱ | ۲/۴۵ | ۲/۲۴ | ۲/۱۸ | ۲/۰۸ | ۱/۹۴ | ۱/۸۵ | ۱/۷۶ | ۱/۷۹ | ۱/۷۰ | ۱/۵۱ | ۱/۴۲ |
| | LA | ۱/۵۹ | ۱/۴۴ | ۱/۳۲ | ۱/۲۵ | ۱/۱۵ | ۱/۰۲ | ۱/۰۱ | ۱/۰۱ | ۱/۰۹ | ۰/۹۸ | ۱/۸۰ | ۰/۸۸ |
| | SA | ۱/۴۱ | ۱/۰۱ | ۰/۹۲ | ۰/۹۳ | ۰/۹۲ | ۰/۹۲ | ۰/۸۴ | ۰/۷۵ | ۰/۶۹ | ۰/۷۱ | ۰/۷۰ | ۰/۵۳ |
| | AR | ۱/۱۲ | ۱/۴۳ | ۱/۴۳ | ۱/۳۴ | ۱/۲۵ | ۱/۱۱ | ۱/۲۱ | ۱/۳۴ | ۱/۵۷ | ۱/۳۷ | ۱/۱۵ | ۱/۶۶ |
| | CI | ۰/۴۷ | ۰/۴۱ | ۰/۴۱ | ۰/۴۲ | ۰/۴۴ | ۰/۴۷ | ۰/۴۵ | ۰/۴۲ | ۰/۳۸ | ۰/۴۲ | ۰/۴۶ | ۰/۳۷ |
| مریوان | TL | ۳/۱۴ | ۲/۶۳ | ۲/۴۱ | ۲/۲۸ | ۲/۱۹ | ۲/۰۸ | ۱/۹۴ | ۱/۸۶ | ۱/۸۰ | ۱/۷۳ | ۱/۶۰ | ۱/۴۹ |
| | LA | ۱/۹۰ | ۱/۵۸ | ۱/۳۹ | ۱/۲۵ | ۱/۲۷ | ۱/۱۶ | ۱/۰۷ | ۱/۰۴ | ۱/۰۷ | ۰/۹۱ | ۰/۸۸ | ۰/۸۱ |
| | SA | ۱/۲۴ | ۱/۰۵ | ۱/۰۱ | ۱/۰۳ | ۰/۹۲ | ۰/۹۲ | ۰/۸۷ | ۰/۸۱ | ۰/۷۳ | ۰/۸۱ | ۰/۷۱ | ۰/۶۷ |
| | AR | ۱/۵۳ | ۱/۵۰ | ۱/۳۷ | ۱/۲۰ | ۱/۳۸ | ۱/۲۶ | ۱/۲۳ | ۱/۲۷ | ۱/۴۴ | ۱/۱۳ | ۱/۲۲ | ۱/۱۹ |
| | CI | ۰/۳۹ | ۰/۳۹ | ۰/۴۲ | ۰/۴۵ | ۰/۴۱ | ۰/۴۴ | ۰/۴۴ | ۰/۴۳ | ۰/۴۰ | ۰/۴۶ | ۰/۴۴ | ۰/۴۵ |
| شینه‌قلایی | TL | ۳/۳۶ | ۳/۰۵ | ۲/۷۳ | ۲/۵۶ | ۲/۴۱ | ۲/۲۷ | ۲/۱۷ | ۲/۰۸ | ۲/۰۲ | ۱/۹۰ | ۱/۷۸ | ۱/۶۴ |
| | LA | ۱/۸۲ | ۱/۶۱ | ۱/۶۱ | ۱/۵۸ | ۱/۳۷ | ۱/۲۵ | ۱/۲۳ | ۱/۱۹ | ۱/۱۸ | ۱/۰۸ | ۱/۰۳ | ۰/۹۴ |
| | SA | ۱/۵۳ | ۱/۴۴ | ۱/۱۲ | ۰/۹۸ | ۱/۰۳ | ۱/۰۲ | ۰/۹۳ | ۰/۸۸ | ۰/۸۴ | ۰/۸۱ | ۰/۷۵ | ۰/۷۰ |
| | AR | ۱/۱۹ | ۱/۱۱ | ۱/۴۳ | ۱/۶۰ | ۱/۳۲ | ۱/۲۲ | ۱/۳۲ | ۱/۳۵ | ۱/۴۰ | ۱/۳۲ | ۱/۳۸ | ۱/۳۳ |
| | CI | ۰/۴۵ | ۰/۴۷ | ۰/۴۱ | ۰/۳۸ | ۰/۴۳ | ۰/۴۵ | ۰/۴۳ | ۰/۴۲ | ۰/۴۱ | ۰/۴۲ | ۰/۴۱ | ۰/۴۲ |
| کاکاشرف | TL | ۳/۵۱ | ۳/۰۵ | ۲/۷۶ | ۲/۵۹ | ۲/۴۴ | ۲/۲۹ | ۲/۱۹ | ۲/۱۱ | ۲/۰۱ | ۱/۹۶ | ۱/۹۰ | ۱/۸۴ |
| | LA | ۲/۱۶ | ۱/۸۵ | ۱/۴۹ | ۱/۴۶ | ۱/۴۸ | ۱/۳۵ | ۱/۲۱ | ۱/۲۰ | ۱/۲۰ | ۱/۰۷ | ۱/۰۷ | ۰/۹۹ |
| | SA | ۱/۳۴ | ۱/۱۹ | ۱/۲۶ | ۱/۱۳ | ۰/۹۶ | ۰/۹۳ | ۰/۹۷ | ۰/۹۱ | ۰/۸۱ | ۰/۸۹ | ۰/۸۳ | ۰/۸۵ |
| | AR | ۱/۶۰ | ۱/۵۴ | ۱/۱۸ | ۱/۲۹ | ۱/۵۲ | ۱/۴۴ | ۱/۲۴ | ۱/۳۲ | ۱/۴۸ | ۱/۲۰ | ۱/۲۸ | ۱/۱۶ |
| | CI | ۰/۳۸ | ۰/۳۹ | ۰/۴۵ | ۰/۴۳ | ۰/۳۹ | ۰/۴۰ | ۰/۴۴ | ۰/۴۳ | ۰/۴۰ | ۰/۴۵ | ۰/۴۳ | ۰/۴۶ |

**جدول ۴- شاخص‌های سنجش تقارن کاریوتیپ جمعیت‌های گیاهی مورد مطالعه از بلوط دارمازو**

| جمعیت | SA | طول ژنوم | TF% | $A_1$ | $A_2$ | DRL | فرمول Levan | دسته‌بندی Stebbins |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| سردشت | ۶/۰۰ | ۲۳/۷۳ | ۴۳/۸۴ | ۰/۲۱ | ۰/۲۳ | ۶/۷۵ | ۸m+۴sm<br>۱۲m | ۲B و ۱B |
| مریوان | ۵/۹۲ | ۲۵/۱۹ | ۴۳/۰۵ | ۰/۲۲ | ۰/۲۳ | ۶/۵۷ | ۱۰m+۲sm<br>۱۱m+۱sm | ۲B و ۱A |
| شینه قلایی | ۵/۸۹ | ۲۸/۰۱ | ۴۳/۱۴ | ۰/۲۳ | ۰/۲۲ | ۶/۱۲ | ۱M+۱۰m+۱sm<br>۱۰m+۲sm<br>۱۲m | ۱B و ۱A |
| کاکاشرف | ۶/۴۱ | ۲۸/۷۱ | ۴۲/۲۴ | ۰/۲۴ | ۰/۲۱ | ۵/۸۶ | ۱۰m+۲sm<br>۱۱m+۱sm | ۲B و ۱A |

**تجزیه به مؤلفه‌های اصلی**

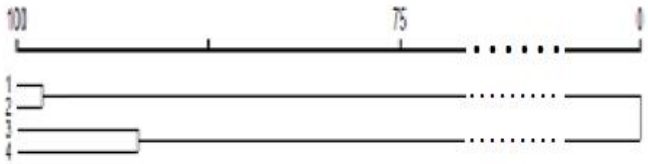
در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، مؤلفه اول به‌تنهایی ۷۵ درصد از واریانس کل را پوشش داد (جدول ۵). نتایج همین‌طور نشان داد که در تشکیل مؤلفه اول، صفات طول کروموزوم، طول بازوی بلند و طول بازوی کوتاه اهمیت بیشتری داشتند.

**جدول ۵- ریشه‌های مخفی و واریانس تجمعی در صفات مورد بررسی در چهار مؤلفه اول در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ویژگی‌های کاریوتیپی چهار جمعیت گیاهی بلوط دارمازو**

| صفات | مؤلفه اول | مؤلفه دوم | مؤلفه سوم | مؤلفه چهارم |
|---|---|---|---|---|
| طول کروموزوم | ۰/۳۴۴ | -۰/۰۰۳ | ۰/۱۴۸ | -۰/۱۴۹ |
| طول بازوی بلند | ۰/۳۴۴ | ۰/۰۴۳ | ۰/۱۳۵ | ۰/۹۲۷ |
| طول بازوی کوتاه | ۰/۳۴۲ | -۰/۰۷۶ | ۰/۱۶۷ | -۰/۱۴۷ |
| نسبت طول بازوها | ۰/۲۴۱ | ۰/۵۰۱ | -۰/۰۷۲ | -۰/۱۰۲ |
| شاخص سانترومری | -۰/۲۴۱ | -۰/۵۰۰ | ۰/۰۷۷ | ۰/۱۰۲ |
| طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم | -۰/۲۵۳ | -۰/۰۲۰ | ۰/۸۲۹ | -۰/۰۲۵ |
| طول ژنوم | -۰/۳۱۳ | ۰/۲۶۰ | -۰/۲۶۶ | ۰/۱۴۲ |
| دامنه طول نسبی کروموزوم | ۰/۳۲۹ | -۰/۲۱۳ | ۰/۱۰۳ | -۰/۱۲۷ |
| شاخص $A_1$ | -۰/۳۲۳ | ۰/۲۵۲ | -۰/۰۵۷ | ۰/۱۱۶ |
| شاخص $A_2$ | ۰/۲۹۱ | ۰/۳۶۹ | ۰/۱۵۸ | -۰/۱۴۸ |
| درصد شکل کلی | ۰/۲۵۹ | -۰/۴۱۹ | -۰/۳۵۰ | -۰/۰۲۵ |
| واریانس تجمعی | ۰/۷۵۲ | ۰/۹۳۸ | ۱/۰۰۰ | ۱/۰۰۰ |

**تجزیه خوشه‌ای**

نتایج تجزیه خوشه‌ای که با استفاده از صفات مورد مطالعه به‌روش Wards انجام شد، نشان داد که با توجه به تغییرات واریانس تشکیل خوشه‌ها، جمعیت‌های مورد مطالعه در دو خوشه مجزا گروه‌بندی شدند (شکل۴). جمعیت‌های مربوط به سردشت و مریوان در یک خوشه و جمعیت‌های شینه‌قلایی و کاکاشرف در خوشه دیگر قرار گرفتند.




**شکل ۴- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای چهار جمعیت گیاهی بلوط دارمازو بر اساس کلیه صفات (اعداد ۱ تا ۴ به‌ترتیب جمعیت‌های سردشت، مریوان، شینه قلایی و کاکاشرف هستند)**

## بحث

عدد کروموزومی گونه بلوط دارمازو در پایه‌های مختلف جمعیت‌های مورد مطالعه متفاوت بود. این نتایج با نتایج Tabandeh Saravi و همکاران (۲۰۱۲) بر روی شش جمعیت از بلوط بلندمازو که دارای عدد کروموزومی ۲n=۲۴ بودند و همچنین مطالعات انجام شده روی گونه‌های دیگر بلوط که همگی عدد کروموزومی این جنس را ۲۴ گزارش کردند (Demerico *et al*., 1995 and 2000; Aykut *et al*., Chokchaichamnankit *et al*., 2007; 2008)؛ مغایرت داشت که می‌تواند بیانگر روند تکاملی متفاوت این گونه در جنگل‌های زاگرس نسبت به سایر گونه‌های بلوط و نیز همین گونه در اروپا باشد.

در این مطالعه پایه‌های مختلف جمعیت‌های بلوط دارمازو فرمول‌های کاریوتیپی متفاوت داشتند که حکایت از بالا بودن تنوع در داخل جمعیت‌هاست. در حالیکه جمعیت-های مختلف بلوط بلندمازو در شمال کشور که توسط Tabandeh Saravi و همکاران (۲۰۱۲) مطالعه شد، دارای فرمول کاریوتیپی یکسانی بودند. همچنین مطالعه کاریوتیپ هشت گونه بلوط اروپا نشان داد که تشابه مورفولوژیکی زیادی بین کاریوتیپ این هشت گونه وجود دارد (Demerico *et al*., 1995). کروموزوم‌های گونه‌های بررسی شده همگی کوچک و میانگین طول‌های کروموزومی دامنه-ای از ۳/۷۵-۰/۹۷ میکرون داشتند. تحلیل‌ها نشان داد که کاریوتیپ گونه‌های بررسی شده مشابه بودند و فقط گونه-های منفرد مقداری تفاوت در شاخص‌های تقارن بین و درون کروموزومی نشان دادند که نتیجه آرایش دوباره در تکامل است. بیشتر گونه‌های بلوط بررسی شده کاریوتیپ‌هایی با برتری کروموزوم‌های متاسانتریک داشتند، به‌طوری‌که کلیه کروموزوم‌ها در گونه‌های مختلف متاسانتریک وساب‌متاسانتریک بودند و در این بررسی‌ها کروموزوم تلوسانتریک یافت نشد که با نتایج این تحقیق همخوانی دارد.

طبق یافته‌های این مطالعه پلی‌پلوئیدی در این گونه نادر بود که با نتایج تحقیقات گذشته بر روی جنس بلوط مطابقت دارد (Demerico *et al*., 1995; Demerico *et al*., 2000; Chokchaichamnankit *et al*., 2007; Aykut *et al*., 2008; Butorina *et al*., 1993; Naujoks *et al*., 1995; Dzialuk *et al*., 2007).

بررسی کاریوتیپ ۱۸ گونه از سه جنس خانواده Fagaceae ازجمله جنس بلوط در شمال تایلند (Chokchaichamnankit *et al*., 2007) نیز نشان داد که کروموزوم‌های متافازی نسبتاً کوچک بودند و همگی متاسنتریک و ساب‌متاسنتریک بودند. نسبت بازوهای اندازه-گیری شده وجود تفاوت بین گونه‌های مورد بررسی را آشکار کرد. ایشان در پایان اعلام کردند که کاریوتیپ گونه-های بلوط آزمایش شده به‌طورکلی از گونه‌های اروپایی متفاوت بودند. به‌طوری‌که گونه‌های اروپایی به‌طور آشکاری تعداد بیشتری کروموزوم ساب‌متاسنتریک داشتند. در نهایت اعلام کردند که این تفاوت بین کاریوتیپ بلوط‌های تروپیکال و معتدله منشأ تکاملی دارد. همین‌طور کاریوتیپ چهار گونه بلوط در ترکیه (*Q. infectoria*, *Q. petraea*, *Q.coccifera*, *Q. libani*) نیز نشان داد که کاریوتیپ همه گونه‌ها فقط شامل جفت کروموزوم‌های متاسنتریک بود. البته طول کروموزوم‌ها در تحقیق مذکور بین ۰/۸۱ تا ۲/۱۸ متغیر بود (Aykut *et al*., 2008). بر اساس این تحقیقات، بلوط‌های مناطق تروپیکال نسبت به بلوط‌های اروپا متقارن‌تر بوده و بلوط‌های ترکیه متقارن‌تر از هر دو موارد قبلی گزارش شدند که این محققان علت را به‌روند تکامل مربوط دانستند.

بر اساس نتایج این تحقیق بیشتر سلول‌های بررسی شده در جمعیت‌های مورد مطالعه گونه دارمازو ۲۴ کروموزومی بودند اما اعداد کروموزومی متفاوتی نیز در این جمعیت‌ها مشاهده شد. با توجه به اینکه عدد کروموزومی از تفاوت-های گونه‌ای محسوب می‌شود و تمام افراد یک گونه دارای عدد کروموزومی ثابت هستند، می‌توان نتیجه‌گیری کرد که جمعیت‌های مورد مطالعه در این تحقیق شامل گونه‌ها و زیر گونه‌های مختلف بلوط دارمازو هستند که تقسیم‌بندی گیاه‌شناسانی را اثبات می‌کند که تفاوت‌های مورفولوژیکی مشاهده شده که منجر به رده‌بندی‌های مختلفی از بلوط

دارمازو و معرفی چندین زیرگونه و واریته توسط گیاه‌شناسان مختلف شده است، اساس ژنتیکی دارد. تفاوت در عدد کروموزومی گونه بلوط دارمازو طبق نتایج این تحقیق نشان می‌دهد که این گونه طی تکامل دچار گونه‌زایی شده و این روند تکاملی احتمالا در اثر دورگ‌سازی یا سازگاری با تنش‌ها و شرایط متفاوت اقلیمی ایجاد شده است. در نهایت پیشنهاد می‌شود در مطالعات آینده ارتباط بین خصوصیات مورفولوژیکی اندام‌های مختلف به‌ویژه میوه و برگ با خصوصیات کاریولوژیکی به‌خصوص عدد کروموزومی در تعداد نمونه‌های بیشتر از هر جمعیت بررسی شود تا رده‌بندی بلوط دارمازو به‌صورت دقیق‌تر انجام شود.

## منابع مورد استفاده

-Adebola, P.O. and Morakinyo, J.A., 2005. Chromosome numbers of four Nigerian species of Cola Schott and Endlicher (Sterculiaceae). Silvae Genetica, 54: 42-44.

-Aykut, Y., Uslu, E. and TekinBabac, M., 2008. Karyological studies of four *Quercuse* L. species in Turkey, Caryologia, 61: 397-401.

-Aykut, Y., Uslu, E. and Tekin Babac, M., 2011. Cytogenetic studies on *Quercus* L. (Fagaceae). species belonging to *Ilex* and *Cerris* section in Turkey. Caryologia, 64 (3): 297-301.

-Barreneche, T., Bodenes, C., Lexer, C., Trontin, J.F., Fluch, S., Streiff, R., Plomion, C., Roussel, G., Steinkellner, H., Burg, K., Favre, J.M., Glossl, J. and Kremer, A., 1998. A Genetic linkage map of *Quercus robur* L. (pedunculate oak) based on RAPD, SCAR, microsatellite, minisatellite, isozyme and 5S rDNA markers. Theroetical and Applied Genetics, 97: 1090-1103.

-Butorina, A.K., 1993. Cytogenetic study of diploid and spontaneous triploid oaks, *Quercus robur* L. Annales Dea Sciences Forestieres, 50: 144-150.

-Cardemil, J.E. and Perry, C.B., 2007. Comparative analysis of Karyotypes from the strezelecki ranges race of the complex *Eucalyptus globulus* Labill. ssp. *globulus* and a population in Central-Southern Chile. Silvae Genetica, 56: 158-162.

-Chokchaichamnankit, P., Chulalakul, W., Phengklai, C. and Anamthawat-Jonsson, K., 2007. Karyotypes of some species of Castnopsis, *Lithocarpus* and *Quercus.* (Fagaceae) from Khun Mae Kuong forest in Chiang Mai province, northern Thailand, Thal. For Bul. (Bot.), 35: 38-44.

-Demerico, S., Bianco, P. and Schirone, B., 1995. Karyotype analysis in *Quercus* Spp. Sivilica Genetica, 44: 66-70.

-Demerico, S., Paciolia, C. and Tommasi, F., 2000. Contribution to the Karyomorphology of some species of the genus *Quercus.* Silvae Genetica, 49 (6): 243-245.

-Djavanchir-Khoie, K., 1976. Les chenes de 1 Iran. These. Universite de Montpellier, France.

-Dzialuk, A., Chybichi, I., Welc, M., Sliwinska, E. and Burczyk, J., 2007. Presence of triploids among Oak species. Annals of Botany, 99: 956-964.

-Hesamzadeh Hejazi, S.M. and Ziaei Nasab, M., 2007. Cytogenetic study on several species of *Hedysarum* in natural gene bank of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research, 15(2):85-94.

-Heydari, A., Mattaji, A., Kia-daliri, H. and Shabanian, N., 2011. Effect of planting depth and time on seeds germination of Manna oak (*Quercus brantii* LindI.). Iranian Journal of Forest and Popolar Research, 19(1):128-140.

-Javadi, H., Razban Haghighi, A. and Hesamzadeh Hejazi, S.M., 2006, Study of karyotype in three *Astragalus* species. Pajouhesh & Sazandegi, 73:131-135.

-Jazirehi, M.H. and Ebrahimi Rostaghi, M., 2003. Silviculture in Zagros. Tehran University Press, 560 pp.

-Kurokawa, Y. and Yonezawa, Y., 2004. Karyotype analysis of fifteen species of *Quercus* L. (Fagaceae) in Japan. Chromosome Science, 8(4): 209.

-Levan, A., Fredga K. and Sandberg, A.A., 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas, 52: 201-220.

-Mabberley, D.J., 1993. The plant-book. A Portable Dictionary of Higher Plants. Cambridge: Cambridge University Press.

-Mozafarian, V., 2004. Trees and Shrubs of Iran. Farhang e Moaser press, 1003 pp.

-Naderi Shahab, M.A., 2013. Oaks of Iran, Azad-Peyma Press, Tehran, Iran. 272 pp.

-Naujoks, G., Hertel, H. and Ewald, D., 1995. Characterization and propagation of an adult triploid pedunculata Oak (*Quercus robur* L.). Silvae Genetica, 44: 282-286.

-Nixon, K.C., 1993. Intrageneric classification of *Quercus* (Fagaceae) and typification of sectional names. Ann. Sci. For. Suppl. 1(Paris) 50: 25s-34s.

-Rechinger K.H., 1977. Flora Iranica. Akademich Druck-und Verlagsanstalt, Graz, Austria.

-Sabeti, H., 2002. Forests, trees and shrubs of Iran, Yazd University Press, Yazd, Iran. 806 pp.

-Sheidai, M., Masoumii, A.R. and Pakravan, M., 1996. Karyological studies of some *Astragalus* taxa. The Nucleus, 39: 111-113.

-Stairs, G.R. 1964. Microsporogenesis and embryogenesis in *Quercus*. Botanical Gazette, 125(2): 115-121.

-Stebbins, G.L., 1971. Chromosome Evolution in Higher Plants. Edward Arnold Publisher. L.T.D.London, pp 216.

-Tabandeh Saravi, A., Tabari, M., Espahbodi, K., Mirzaie Nodoushan, H. and Asadi-corom, F., 2012. Karyotypic analysis on *Quercus castaneifolia* of north of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 20(2):226-239.

-Zoldos, V., Papes, D., Cerbah, M., Panaud, O., Besendorfer, V. and Siljak-Yakovlev S., 1999. Molecular – cytogenetic studies of ribosomal genes and heterochromatin reveal conserved genome organization among 11 *Quercus* species. Theoretical and Applied Genetics, 99: 969-977.

# Karyotypic analysis of *Quercus infectoria* G.Oliver

**F. Ghasemi Pirbaluti[1] A. Tabandeh Saravi[2*] and A. Mosleh Arani [3]**

1- M.Sc., College of Natural Resources, Yazd University, Yazd, I.R. Iran
2*- Corresponding author, Assist. Prof., College of Natural Resources, Yazd University, Yazd, I.R. Iran, Email: tabandeh@yazd.ac.ir
3- Assoc. Prof., College of Natural Resources, Yazd University, Yazd, I.R. Iran

Received: 26.01.2017 Accepted: 15.05.2017

## Abstract

*Quercus infectoria* G. Oliver is one of the valuable and main species of Zagros forests of Iran. The species is important in environmental, economic, genetic and medicinal aspects. Cytogenetic studies on plant species and their populations provide quantitative information on evolution history and determine relationships between the species and karyological characteristics. Our study aimed to determine karyotypic and chromosomal constitution of *Quercus infectoria* and its karyological diversity among four populations of the species in western Iran (Sardasht, Marivan, Shine-Ghalaei and Kakasharaf) using root meristem and visual analyses. After pretreatment, stabilization, hydrolysis and staining, microscopic stages were performed and karyotypic parameters were investigated. Results showed that chromosome number of most the observed cells were 2n =2x= 24 but 2n=2x=25 and 2n=2x=26 and triploidy were also observed in several cells. Analysis of variance and mean comparisons were performed on 3 to 10 cells of 3 to 7 genotype of each population. Results showed significant differences among the studied populations in properties such as chromosome length, long and short arm length. Symmetric karyotype indices are indicative of the relative asymmetry of chromosomes in the studied populations. Principal components analysis based on karyotypic parameters showed that chromosome length, long arm length and short arm length, played the most important role in the first component. The first component contained more than 75% of total karyotypic variation. Cluster analysis classified the populations into two classes. Shine-Ghalaei and Kakasharaf was assigned to one cluster and Marivan and Sardasht, allocated to the second one.

**Keywords:** Chromosome, Cytogenetic, Genetic diversity, *Quercus infectoria*, Symmetric karyotype indices.