DOI: http://dx.doi.org/10.22092/ijrfpbgr.2014.7671

دو فصلنامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران

جلد ۲۲، شماره ۱، صفحه ۷۸-۶۷ (۱۳۹۳)

مطالعه کاریوتیپی برخی جمعیت‌های مختلف گونه‌های از جنس آگروپایرون(*Agropyron*) موجود در بانک ژن منابع طبیعی

حمیده جوادی[1*] و سید محسن حسام زاده حجازی[2]

۱*- نویسنده مسئول مکاتبات، عضو هیات علمی موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور.

پست الکترونیکی: javadi@ rifr-ac.ir

۲- دانشیار و عضو هیات علمی موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۰۵/۲۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۲/۱۰/۱۷

چکیده

به منظور مطالعه کاریوتیپی و تعیین روابط خویشاوندی بین ۱۶ جمعیت مختلف از جنس آگروپایرون، متعلق به ۵ گونه *Agropyron deserterum*، *A. tauri*، *A. repens*، *A. pectiniforme* و *A. imbricatum* (از گونه *A. imbricatum* ۴ جمعیت و بقیه گونه‌ها هر کدام ۳ جمعیت) از سلولهای مریستم ریشه‌چه استفاده شد. برای هر جمعیت چهار صفحه متافازی مناسب (۴ تکرار) که در آنها مورفولوژی کروموزوم‌ها کاملا واضح بود انتخاب و عکس‌برداری شد. در نمونه‌های مورد بررسی عدد پایه کروموزومی (x) برابر با ۷ بود و سطوح پلوئیدی، دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید را نشان دادند. نتایج حاصل از تهیه کاریوتیپ استاندارد و اندازه‌گیری پارامترهای مختلف کروموزومی شامل طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند کروموزوم، طول بازوی کوتاه کروموزوم، نسبت بازوها، شاخص سانترومری، درصد شکل کلی کاریوتیپ، دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها و شاخص تعیین عدم تقارن درون کروموزومی و بین کروموزومی، نشان داد که از لحاظ صفات مذکور در بین جمعیت‌های مختلف ۵ گونه، تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال ۱٪ (برای صفت شکل کلی کاریوتیپ در سطح ۵٪) وجود داشت. اندازه متوسط طول کل کروموزوم‌ها در نمونه‌های مورد بررسی ۱۰/۵ میکرون بود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مشخص گردید که سه مؤلفه اول، دوم و سوم بیش از ۹۰ درصد از کل تنوع حاکم را تعیین کردند. بر اساس مؤلفه اول صفات طول کل کروموزوم، طول بازوی بلند کروموزوم، نسبت بازوها، شاخص سانترومری، شکل کلی کاریوتیپ و شاخص تعیین عدم تقارن درون کروموزومی بیشترین نقش را داشتند. با برش دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ایف جمعیت‌ها از نظر صفات کاریوتیپی به پنج گروه مجزا طبقه‌بندی شدند. کمترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت ۱۵۳۵۷ از گونه *A. deserterum* و جمعیت ۱۱۳۸۹ از گونه *A. imbricatum*، و بیشترین فاصله ژنتیکی بین جمعیت ۶۲۹ از گونه *A. deserterum* و جمعیت ۳۲۷ از گونه *A. tauri* به‌دست آمد. در دندروگرام پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفه اصلی اول کل جمعیت‌ها در پنج گروه قرار گرفتند که با نتایج گروه‌بندی تجزیه خوشه‌ای مطابقت داشت.

کلمات کلیدی: آگروپایرون، کاریوتیپ، کروموزوم و تقارن کاریوتیپی

مقدمه

تیره غلات یا گندم یکی از بزرگترین تیره‌های گیاهی است که از نظر غذایی-مرتعی-صنعتی-دارویی-زینتی و به‌طورکلی از لحاظ تامین مایحتاج غذایی انسان و دام اهمیت بسزایی دارد. این گیاهان حدود ۱/۳ پوشش غالب مراتع را به‌خود اختصاص داده‌اند (Assadi, 1996). یکی از جنس‌های مهم تیره گندم، جنس *Agropyron* است جنس آگروپایرون از گیاهان مهم مرتعی ایران است که متعلق به طایفه Triticeae

می‌باشد. طایفه Triticeae شامل جنس‌های دیگری چون *Elymus*، *Bromus*، *Triticum*، *Hordeum* و *Zea* است(Farshadfar, 1997). منشا گیاه آگروپایرون از آسیای مرکزی و روسیه مرکزی است (Assadi, 1994). از این جنس ۱۵۰ گونه شناخته شده که ۱۰۰ گونه آن در قاره آسیا یافت می‌شود (Elmi, 2009). جنس آگروپایرون تقریبا در کلیه مراتع ایران وجود دارد این گیاه علفی و دایمی بوده و در حدود ۱۸ گونه از آن به‌خصوص در مناطق غربی، مرکزی و شمال–غرب ایران گزارش شده است (Farshadfar, 1997). گیاهان جنس آگروپایرون به شرایط آب و هوایی خشک مدیترانه مشابه ایران سازگاری خوبی دارند(Cerpo, 2000). این گیاهان دگرگشن بوده و با داشتن ریشه‌های به‌طول ۲ متر برای تثبیت خاک و جلوگیری از فرسایش مناسب هستند (Alderson & Sharp, 1995). از لحاظ تولید علوفه سبز و خشک دارای ارزش فراوانی هستند بنابراین به‌صورت کشت مخلوط با سایر نباتات جهت احداث چراگاه مورد استفاده قرار می‌گیرند. تحمل این گیاهان به‌عوامل محیطی بسیار زیاد است (Assadi,1996; Chen *et al.*, 1989).

اولین قدم در شناخت ذخائر ژنتیکی، مطالعه و بررسی سطح پلوئیدی و تنوع ژنتیکی بین و درون گونه‌های مختلف یک جنس است (Farshadfar, 1997). در بین جمعیت‌های مختلف یک جنس نیز این بررسی حائز اهمیت است زیرا جمعیت‌های مختلف یک گونه هریک سازش ژنومی خاص خود را در محیطی که در آن می‌رویند نشان می‌دهند از این رو می‌توان انتظار داشت که در سطح کاریوتیپ و یا تشکیل کیاسما بین کروموزوم‌های هومولوگ نیز چنین پاسخ‌هایی را نشان‌دهند. در نتیجه یکی از اساسی‌ترین اقدامات در یک مطالعه بیوسیستماتیکی، ژنتیکی و اصلاحی بررسی ساختار ژنوم گونه‌های وحشی و جمعیت‌های آنها است برخی دیگر از تاکسونومیست‌ها معتقدند که اختلاف کروموزومی، صفت مورفولوژیکی دیگری است که باید همانند صفات مختلف مورفولوژیک خارجی، مورد استفاده قرار بگیرد علاوه بر این اعتقاد وجود دارد که کروموزوم‌ها تنها عوامل مناسبی می‌باشند که می‌توان با تکیه بر آنها روند تکامل گونه‌ها را شناسائی کرد (Hooshmand, 2007). به‌طورکلی از طریق مطالعه صفات سیتوژنتیکی امکان مقایسه جمعیت‌ها و گیاهان وحشی و بومی فراهم می‌شود وجود اختلاف در شکل، اندازه کروموزوم‌ها در تقسیم میتوز و نیز رفتار آنها در مراحل تقسیم میوز بیانگر وجود تنوع ژنتیکی است این اختلافات در داخل جمعیت‌ها نیز قابل انتظار است و گیاهان متعلق به یک گونه هیچ‌گاه شبیه هم نیستند (Stebbins, 1971).

مطالعات متعددی پیرامون وضعیت کروموزومی و سیتوژنتیکی آگروپایرون‌ها و گونه‌های خویشاوند آن توسط Assadi (1995) انجام شده است. وی با استفاده از تجزیه و تحلیل متافازI میوز، تعداد کروموزوم را در جنس آگروپایرون و الیموس ۲۸، ۱+۲۸، ۴۲، ۵۷ و ۵۶ مشخص کرد. همچنین Chen و همکاران (1980 & 1990) سطوح پلوئیدی تعدادی از گونه‌های جنس آگروپایرون از جمله *A. cristatum*(۲n=۱۴)، *A .mongolicum*(۲n=۱۴)، *A. michnoi*(۲n=۲۸) و *A. deserterum*(۲n=۲۸) را ذکر کردند. نتایج تحقیقات انجام گرفته روی گونه *A. cristatum* در خصوص تنوع در سطوح کروموزومی و اندازه کروموزوم‌ها نشان داد که جمعیت‌های موجود دامنه‌های مختلف از طول کروموزوم‌ها و نسبت بازوها را داشتند که این اختلافات دلیلی بر تغییرات ساختمان کروموزومی است (Ojunsuren *et al.*, 1985). در تحقیقات انجام شده توسط Asay و همکاران (۱۹۸۷) روی تلاقی گراس‌ها تعداد کروموزوم‌ها را در گونه *A. cristatum*، ۱۴ و تعداد کروموزوم‌های گونه *A. repens*، را ۴۲ ذکر کردند. هم چنین تعداد کروموزوم‌های گونه *A. intermedium* توسط Gupta و Fedak(1985)، ۴۲ گزارش شد. با توجه به اهمیت بررسی سطوح تنوع ژنتیکی در این گیاهان در مطالعه حاضر عدد کروموزومی و سطوح پلوئیدی ۱۶ جمعیت متعلق به ۵ گونه آگروپایرون تعیین و جمعیت‌ها از نظر ویژگی‌های کاریوتیپی دسته‌بندی و هم چنین قرابت و خویشاوندی آنها با استفاده از تجزیه خوشه‌ای تعیین گردید.

مواد و روش‌ها

بذر ۱۶ جمعیت متعلق به پنج گونه از جنس آگروپایرون از بانک ژن موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور تهیه گردید (جدول۱). بذور نمونه‌ها پس از ضدعفونی شدن، بر روی کاغذ صافی در داخل پتری دیش کشت شدند. ریشه‌های به‌دست آمده با محلول آلفابرمونفتالین ۱٪ به‌مدت چهار ساعت در دمای ۴ درجه پیش‌تیمار شدند. پس از خارج کردن ریشه‌ها از محلول پیش‌تیمار، بلافاصله با آب مقطر شسته شده و در داخل محلول تثبیت‌کننده لویتسکی (اسید کرومیک۱٪+فرمالین۱۰٪ از هر کدام به حجم مساوی) به‌مدت ۲۴ ساعت در دمای ۴ درجه

نگهداری شدند. سپس ریشه‌ها به‌مدت ۳ ساعت در زیرآب جاری شسته شدند. برای نگهداری ریشه‌ها تا زمان مطالعه می‌توان از الکل ۷۰٪ استفاده کرد. در زمان مطالعه برای هیدرولیز ریشه‌ها از محلول سود سوزآور(NaOH) یک نرمال به‌مدت ۱۰ دقیقه استفاده شد. پس از مرحله هیدرولیز ریشه‌ها با آب مقطر شسته شده و با رنگ استات آیرون هماتوکسیلین رنگ‌آمیزی شدند مدت زمان نگهداری ریشه‌ها در داخل رنگ بسته به دمای محیط بین ۶ تا ۲۴ ساعت متغیر بود. رنگ اضافی نمونه‌ها شسته شده و نمونه میکروسکوپی با استفاده از یک قطره اسید استیک ۴۵٪ در روی لام به‌روش اسکواش تهیه گردید (Hastuti *et al.*, 2009; Lacour, 1941).

نمونه‌های آماده شده با میکروسکوپ نوری و با استفاده از لنز ۱۰۰، با بزرگنمائی × ۱۹۰۸ مورد مطالعه قرار گرفتند. برای هرجمعیت ۴ صفحه متافازی (۴ تکرار) توسط نرم افزار Live 3000، ضبط گردید. اندازه‌گیری طول بازوهای کروموزوم‌ها (بازوی بلند و بازوی کوتاه) درنرم افزار Micromeasure انجام گرفت.

تجزیه‌های آماری_ برای هر تکرار، صفات طول کل کروموزوم(TL)، طول بازوی بلند کروموزوم(LA)، طول بازوی کوتاه کروموزوم(SA)، نسبت بازوی بلند به کوتاه(AR=LA/SA)، شاخص سانترومری(CI=SA/TL)، درصد شکل کلی کاریوتیپ (۱۰۰× مجموع طول کل کروموزوم‌ها / مجموع طول کل بازوهای کوتاه =TF%)، دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها (۱۰۰× طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم _ طول نسبی بلندترین کروموزوم=DRL)، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی(A_1=۱−Σ(SA/LA)/n)، و شاخص عدم تقارن بین کروموزومی (میانگین طول کل کروموزوم‌ها /انحراف استاندارد در طول کل کروموزوم=A_2=SD/X) اندازه‌گیری و تجزیه واریانس در قالب طرح کاملا تصادفی با چهار تکرار، مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن در سطح احتمال ۵٪، برای گروه‌بندی جمعیت‌ها، بر اساس صفات کاریوتیپی، تجزیه کلاستر به روش Ward و برای تعیین سهم هر یک از صفات در واریانس بین جمعیت‌ها، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی انجام گرفت. برای تجزیه آماری از نرم افزارهای SAS و JMP استفاده شد. محاسبه فاکتورهای میانگین، انحراف معیار، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی(A_1)، و شاخص عدم تقارن بین کروموزومی(A_2) درصد شکل کلی کاریوتیپ (TF%)، دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL)، میزان کروماتین نسبی(VRC) و رسم ایدیوگرام‌ها در نرم‌افزار Excel، انجام گرفت (Karadağ, 2003; Javadi *et al.*, 2009).

نتایج

بررسی‌های کاریوتیپی ۱۶ جمعیت متعلق به ۵ گونه، نشان داد که عدد پایه کروموزومی(x) در این جنس ۷، بوده و سطوح پلوئیدی، دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئیدی را نشان دادند. به‌طوریکه جمعیت‌های گونه *A. tauri* با ۱۴ عدد کروموزوم(۲n=۲x=۱۴) دیپلوئید، گونه‌های *A. deserterum*، *A. pectiniforme* و *A. imbricatum*، با ۲۸ عدد کروموزوم(۲n=۴x=۲۸) تتراپلوئید و گونه *A. repens* با ۴۲ عدد کروموزوم(۲n=۶x=۴۲) هگزاپلوئید بودند (جدول ۲ و شکل ۱). در جمعیت‌های دیپلوئید یک جفت، تتراپلوئید دو جفت و هگزاپلوئید سه جفت کروموزوم ماهواره‌دار مشاهده گردید.

از لحاظ کلاس تقارن استبنز(SC)، به استثناء جمعیت‌های *A. repens*(۱۳۱۶۴) و *A. pectiniforme*(۱۱۲۶۳) واقع در کلاس 2B و جمعیت *A. imbricatum*(۳۸)، که در کلاس 3A قرار گرفت، بقیه در کلاس 2A واقع شدند. در بین جمعیت‌ها شاخص رومرو(A_1) که نشان‌دهنده عدم تقارن درون کروموزومی است بیشترین مقدار در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* (۰/۵۲۱) و بیشترین مقدار A_2 (۰/۲۳۲) که نشان‌دهنده عدم تقارن بین کروموزومی است در جمعیت ۱۳۱۶۴ از گونه *A. repens* دیده شد. بنابراین نامتقارن بودن کاریوتیپ در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* ناشی از اختلاف در فرم و شکل کروموزوم‌ها و در جمعیت ۱۳۱۶۴ از گونه *A. repens* ناشی از اختلاف در اندازه و طول کروموزوم‌هاست. کمترین مقدار A_1 در جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* (۰/۳۲۸)، مشاهده شد.

در فرمول کاریوتیپی جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* از ۱۴ جفت کروموزوم، ۱۰ جفت ساب‌متاسانتریک و ۲ جفت ساب‌تلوسانتریک بودند. در حالی که در جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* از ۱۴ جفت کروموزوم، ۹ جفت متاسانتریک بود. عامل TF% نیز نشان‌دهنده تقارن کاریوتیپ است. مقدار TF% در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* ۲۹/۷۶ و در جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* ۳۸/۷۲ بود. هرچه A_1

بیشتر و TF% کمتر تقارن کمتر و هرچه A_1 کمتر و TF% بیشتر تقارن بیشتر است. بنابراین کاریوتیپ در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* نامتقارن و در جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* متقارن‌تر بود (جدول۲).

جدول۱- جمعیت‌های مختلف گونه‌های جنس آگروپایرون مورد مطالعه از بانک ژن منابع طبیعی ایران.

ردیف	گونه	کد بانک ژن	محل جمع آوری
۱	*Agropyron deserterum*	۶۲۹	ایستگاه منابع طبیعی-میانه-آذربایجان شرقی
۲	*Agropyron deserterum*	۸۵۷۲	ایستگاه تولید بذر چقا-شهرستان اراک مرکزی
۳	*Agropyron deserterum*	۱۵۳۵۷	استان همدان
۴	*Agropyron tauri*	۳۲۷	دامنه سبلان- مشکین شهر-اردبیل
۵	*Agropyron tauri*	۵۹۵	مسیر اهر به مشکین شهر-آذربایجان شرقی
۶	*Agropyron tauri*	۸۷۸۲	کیلومتر۱۵ جاده اراک-شهرستان بروجرد-لرستان
۷	*Agropyron repens*	۱۰۵۵۹	روستای باغشاه-تفت-یزد
۸	*Agropyron repens*	۱۳۱۶۴	منطقه علی اباد-تفت-یزد
۹	*Agropyron repens*	۱۵۸۸۰	خرانق اردکان یزد
۱۰	*Agropyron pectiniforme*	۵۴	ایستگاه آبخیزداری خواجه-آذربایجان شرقی
۱۱	*Agropyron pectiniforme*	۱۱۲۶۳	پل زنگوله-شهرستان علمده- مازندران
۱۲	*Agropyron pectiniforme*	۱۱۴۱۳	ارومیه - اذربایجان غربی
۱۳	*Agropyron imbricatum*	۳۸	ارسباران-بالاتر از سه راهی آغداش-آذربایجان شرقی
۱۴	*Agropyron imbricatum*	۴۲	سراب-کوه بزغوش-آذربایجان شرقی
۱۵	*Agropyron imbricatum*	۴۴	اسپیران به ورزقان-تبریز-آذربایجان شرقی
۱۶	*Agropyron imbricatum*	۱۱۳۸۹	تبریز- آذربایجان شرقی

نتایج تجزیه واریانس با طرح پایه کاملا تصادفی با چهار تکرار برای نه ویژگی کاریوتیپی (TL، LA، SA، AR، CI، TF%، DRL، A_1 و A_2)، پس از تبدیل داده برای صفات DRL و A_2 (جذر داده‌ها) نشان داد که بین جمعیت‌ها از لحاظ تمام صفات اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد (به استثنای صفت TF% در سطح احتمال ۵٪) وجود داشت (جدول ۳).

در مقایسه میانگین صفات مورد بررسی به‌روش دانکن، در سطح احتمال ۵٪ (جدول ۴)، نتایج زیر به‌دست آمد.

جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* بیشترین مقدار طول کل کروموزوم (۱۳/۲ میکرن) و طول بازوی بلند کروموزوم(۸/۷) را نشان داد. این در حالی بود که جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* بیشترین مقدار طول بازوی کوتاه کروموزوم (۴/۵ میکرن) را داشت. بنابراین جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* با داشتن بازوی بلند بیشتر، AR بیشتر(۲/۲۱۶) و CI کمتر (۰/۲۹۷) و جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* با داشتن طول بازوی کوتاه زیاد، CI بیشتر(۰/۴) و AR کمتر (۰/۰۲۷) داشت. به‌عبارتی در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* کروموزوم‌ها به‌سوی ساب‌تلوسانتریک و ساب‌متاسانتریک و در جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* کروموزوم‌ها بسوی متاسانتریک پیش می‌روند. فرمول کاریوتیپی جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* و جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* نیز موید آن است (جدول ۲). در نتیجه کاریوتیپ در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* نامتقارن و در جمعیت ۱۱۴۱۳ ازگونه *A. pectiniforme* متقارن است. بیشترین مقدار میانگین طول کل کروموزوم (۱۳/۱۷۷) در جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* و کمترین آن (۶/۳۶۷) در جمعیت ۱۰۵۵۹ از گونه *A. repens* مشاهده شد. به‌عبارتی جمعیت ۳۸ دارای کروموزوم‌های بلند و جمعیت ۱۰۵۵۹ دارای کروموزوم‌های کوتاه است.

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که سه مؤلفه اول، دوم و سوم بیش از ۹۰ درصد از کل تنوع موجود را توجیه کردند. مقادیر بردارهای راکد براساس مؤلفه اول برای صفات

طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند کروموزوم (LA)، نسبت بازوها (AR)، شاخص سانترومری(CI)، درصد شکل کلی کاریوتیپ (TF%)، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی(A_1) و بر اساس مؤلفه دوم برای صفات طول بازوی کوتاه کروموزومی (SA)، شاخص عدم تقارن بین کروموزومی(A_2) و برای مؤلفه سوم، صفت دامنه طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL) معنی‌دار شد. بنابراین گزینش بر اساس اولین، دومین و سومین مؤلفه منجر به گزینش جمعیت‌هایی خواهد شد که از لحاظ صفات مذکور دارای اهمیت هستند (جدول ۵ و شکل ۲).

برای مشخص نمودن جمعیت‌های نزدیک به‌هم از لحاظ صفات کاریوتیپی، از روش تجزیه خوشه‌ای به‌روش Ward استفاده شد. با برش دندروگرام در فاصله متریک ۲/۵۸۴ جمعیت‌ها در پنج گروه طبقه‌بندی شدند.

بحث

در این تحقیق مشخص گردید که در تمام جمعیت‌ها عدد پایه کروموزومی هفت بوده و سطوح مختلف پلوئیدی را نشان دادند. این گزارش با نتایج تحقیقات Asadi(1995)، Limin و Fowler(1990)، Chen و همکاران(1989)، Wang و همکاران(1986) مطابقت دارد. درضمن Asadi، تعداد کروموزوم‌های گونه *A. repens* را ۴۲، Limin و Fowler، Chen و همکاران، Wang و همکاران، تعداد کروموزوم‌های گونه *A. deserterum* را ۲۸ تعیین کردند.

وجود اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌ها از لحاظ صفات مورد بررسی نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی کافی به‌منظور گزینش برای صفات مورد نظر بود (جدول ۳). به‌طورکلی وجود اختلاف معنی‌دار بین گونه‌های یک جنس از نظر طول کل کروموزوم، نقش تغییرات کمی DNA را در روند گونه زائی نشان می‌دهد و اختلاف معنی‌دار این پارامتر در جمعیت‌های یک گونه تغییرات سازشی ژنوم را در ارتباط با محیط محلی بیان می‌کند (Levitsky, 1931).

در گروه‌بندی جمعیت‌ها با استفاده از روش Ward ، کل جمعیت‌ها در پنج گروه واقع شدند. جمعیت‌های واقع در یک گروه در برخی از صفات کاریوتیپی مشابه هم بودند. بنابراین در تلاقی‌های بین گونه‌ای و یا بین جمعیتی می‌توانند استفاده شوند (شکل ۳). گروه اول شامل جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* و جمعیت ۸۵۷۲ از گونه *A. deserterum* است که با توجه به میانگین داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات کاریوتیپی (جدول ۴) با داشتن بیشترین مقدار طول کل کروموزوم (TL)، طول بازوی بلند کروموزوم (LA)، نسبت بازوها (AR)، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی (A_1)، و کمترین مقدار شاخص سانترومری (CI) و درصد شکل کلی کاریوتیپ (TF%)، صفاتی که در مؤلفه اول حائز اهمیت بودند در یک گروه واقع شدند. این دو جمعیت هردو تتراپلوئید (۴x) بودند. جمعیت ۶۲۹ متعلق به گونه *A. deserterum* نیز مقدار TL و LA بیشتر داشت ولی به‌علت داشتن بازوی کوتاه بیشتر و A_2 کمتر (صفاتی که در مؤلفه دوم مهم بودند) از این گروه جدا شده و در گروه ۲ واقع شد.

گروه دوم شامل جمعیت‌های ۶۲۹، ۱۵۳۵۷، ۱۱۳۸۹، ۴۴، ۴۲، ۱۵۸۸۰، ۵۴ و ۱۱۲۶۳ به‌ترتیب متعلق به گونه‌های *A. deserterum* ، *A. imbricatum*، *A. repens* و *A. pectiniforme* ، که با داشتن طول کل کروموزوم (TL) و طول بازوی بلند کروموزوم (LA) و طول بازوی کوتاه کروموزوم (SA) و شاخص سانترومری (CI) نزدیک به‌هم در یک گروه واقع شدند (جدول ۴). این جمعیت‌ها همگی تتراپلوئید بوده (۴x) به استثناء جمعیت ۱۵۸۸۰ که هگزاپلوئید (۶x) بود و به‌دلیل داشتن خصوصیات کاریوتیپی نزدیک به اعضای این گروه، در این گروه واقع شده است.

گروه سوم شامل جمعیت ۱۱۴۱۳ از گونه *A. pectiniforme* است که با داشتن بیشترین مقدار طول بازوی کوتاه، شاخص سانترومری، TF% و کمترین مقدار نسبت بازوها و عدم تقارن درون کروموزومی و بین کروموزومی از گروه دو جدا شده و در گروه جداگانه قرار گرفت (دارای کاریوتیپ متقارن).

گروه چهارم شامل سه جمعیت (۳۲۷، ۸۷۸۲ و ۵۹۵) از گونه *A. tauri* بود که همگی دیپلوئید (۲x) بوده و بیشترین میانگین DRL را داشتند. صفتی که در مؤلفه سوم حائز اهمیت بود و گروه پنجم که شامل دو جمعیت (۱۰۵۵۹ و ۱۳۱۶۴) متعلق به گونه *A.repens* است که هر دو هگزاپلوئید می‌باشند. این دو جمعیت بیشترین مقدار A_2 و کمترین طول کل کروموزوم(TL)، طول بازوی بلند کروموزوم(LA) و طول بازوی کوتاه کروموزوم(SA) را دارند (کمترین مقدار مؤلفه اول و دوم).

جمعیت ۱۱۳۸۹ از گونه *A. imbricatumi* با جمعیت ۱۵۳۵۷ از گونه *A. deserterum* کمترین فاصله ژنتیکی(۰/۵۰۸) و بیشترین تشابه و جمعیت۶۲۹ از گونه *A.*

deserterum با جمعیت ۳۲۷ از گونه *A. tauri* بیشترین فاصله (۶/۵۸۶) و کمترین تشابه را نشان دادند.

نتیجه‌گیری کلی: درمطالعه کاریوتیپی ۱۶ جمعیت مختلف، متعلق به ۵ گونه آگروپایرون (*Agropyron deserterum*، *A. tauri*، *A. repens*، *A. pectiniforme* و *A. imbricatum*) عدد پایه کروموزومی(x) ۷ بوده و سطوح پلوئیدی مختلف را نشان دادند (دیپلوئید، تتراپلوئید، هگزاپلوئید). جمعیت ۳۸ از گونه *A. imbricatum* (ارسباران–بالاتر از سه راهی آغداش–آذربایجان شرقی) دارای کروموزوم‌های بزرگ و کاریوتیپ نامتقارن بود. در بین جمعیت‌ها از لحاظ صفات کاریوتیپی اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱٪ (به استثناء TF% در سطح ۵٪) مشاهده شد. جمعیت ۱۱۳۸۹ از گونه *A. imbricatumi* با جمعیت ۱۵۳۵۷ از گونه *A. deserterum* کمترین فاصله (۰/۵۰۸) و بیشترین تشابه و جمعیت ۶۲۹ از گونه *A. deserterum* با جمعیت ۳۲۷ از گونه *A. tauri* بیشترین فاصله (۶/۶۱۸) و کمترین تشابه را نشان دادند. بنابراین در تلاقی بین گونه‌ای، به‌منظور ایجاد بیشترین تنوع، می‌توان گونه‌هایی که بیشترین فاصله و کمترین تشابه را دارند انتخاب نمود.

جدول ۲– میانگین سطوح پلوئیدی، فاکتورهای A_1، A_2، TF%، DRL و VRC جمعیت‌های مختلف متعلق به پنج گونه از جنس آگروپایرون در نمونه‌های متافاز میتوزی آنها.

گونه	2n	سطح پلوئیدی	SC	A_1	A_2	TF%	DRL	VRC	فرمول کاریوتیپی
A. deserterum(۶۲۹)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۴۴۳	۰/۱۲۷	۳۳/۹۸۵	۲/۹۲۸	/۷۷۸	۶m+۸Sm
A. deserterum(۸۵۷۲)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۵۱۴	۰/۱۹۱	۳۱/۱۱۳	۴/۶۳۶	۱۲/۵۸	۲m + ۱۰Sm+۲St
A. deserterum(۱۵۳۵۷)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۴۴۷	۰/۱۳۸	۳۳/۷۵۷	۳/۴۸۵	/۹۴۰	۴m + ۷Sm+۳St
A. tauri(۳۲۷)	۱۴	دیپلوئید	۲A	۰/۴۲۵	۰/۱۶۰	۳۴/۲۳۹	۶/۴۱۵	۹/۷۸۷	۵m + ۲Sm
A tauri(۵۹۵)	۱۴	دیپلوئید	۲A	۰/۳۷۱	۰/۱۵۹	۳۶/۱۱۴	۶/۰۴۲	۸/۸۹۲	۴m + ۳Sm
A. tauri(۸۷۸۲)	۱۴	دیپلوئید	۲A	۰/۴۵۲	۰/۱۶۸	۳۳/۰۶۳	۶/۶۵۰	۹/۷۵۱	۴m + ۳Sm
A. repens(۱۰۵۵۹)	۴۲	هگزاپلوئید	۲A	۰/۳۹۲	۰/۱۹۲	۳۵/۵۲۵	۳/۱۷۰	۶/۳۶۷	۱۲m +۹ Sm
A. repens(۱۳۱۶۴)	۴۲	هگزاپلوئید	۲B	۰/۳۷۹	۰/۲۳۲	۳۵/۲۱۵	۳/۹۰۸	۷/۵۴۴	۱۲m + ۹Sm
A. repens(۱۵۸۸۰)	۴۲	هگزاپلوئید	۲A	۰/۳۹۶	۰/۱۸۳	۳۴/۶۳۴	۳/۱۸۰	/۷۷۵	۱۳m + ۵Sm+۳St
A. pectiniforme(۵۴)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۳۹۲	۰/۱۴۳	۳۵/۵۴۶	۳/۱۲۲	/۰۷۵	۸m + ۵Sm+۱St
A. pectiniforme(۱۱۲۶۳)	۲۸	تتراپلوئید	۲B	۰/۴۰۷	۰/۱۸۰	۳۴/۹۸۵	۴/۶۸۴	/۲۹۲	۸m + ۶Sm
A. pectiniforme(۱۱۴۱۳)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۳۲۸	۰/۱۴۱	۳۸/۷۲۰	۳/۶۸۵	/۵۳۷	۹m + ۵Sm
A. imbicatum(۳۸)	۲۸	تتراپلوئید	۳A	۰/۵۲۱	۰/۱۱۶	۲۹/۷۵۶	۲/۷۲۶	/۱۷۷	۲m + ۱۰Sm+۲St
A. imbricatum(۴۲)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۴۱۴	۰/۱۲۵	۳۴/۷۱۹	۲/۹۰۸	/۱۸۰	۶m + ۷Sm+۱St
A. imbricatum(۴۴)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۴۳۲	۰/۱۱۳	۳۴/۴۳۴	۳/۱۶۰	/۷۵۵	۶m + ۸Sm
A. imbericatum(۱۱۳۸۹)	۲۸	تتراپلوئید	۲A	۰/۴۳۲	۰/۱۳۱	۳۳/۶۷۷	۳/۰۸۲	/۴۱۸	۷m + ۷Sm

جدول ۳ – میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات کاریوتیپی جمعیت‌های مختلف متعلق به پنج گونه از جنس آگروپایرون در نمونه‌های متافاز میتوزی آنها.

منابع تغییر	درجه آزادی	TL	LA	SA	AR	CI	TF%	DRL	A_1	A_2
بین جمعیت‌ها	۱۵	/۱۴۹** ۱۵	۷/۱۲۶**	۱/۵۳۸**	۰/۱۲۲**	۰/۰۰۱**	۱۶/۱۵۷*	۰/۳۷۴**	۰/۰۰۹**	۰/۰۰۶**
خطا	۴۵	۰/۶۴۲	۰/۳۶۰	۰/۰۸۱	۰/۰۲۲	۰/۰۰۰۲	۲/۹۸۲	۰/۰۴۸	۰/۰۰۲	۰/۰۰۱
CV%		۷/۴۱۷	۹/۰۱۵	۷/۷۴۴	۸/۳۹۸	۵/۰۲۸	۵/۰۲۸	۱۱/۲۵۵	۹/۸۰۶	۸/۳۸۴

** معنی‌دار در سطح احتمال۱٪

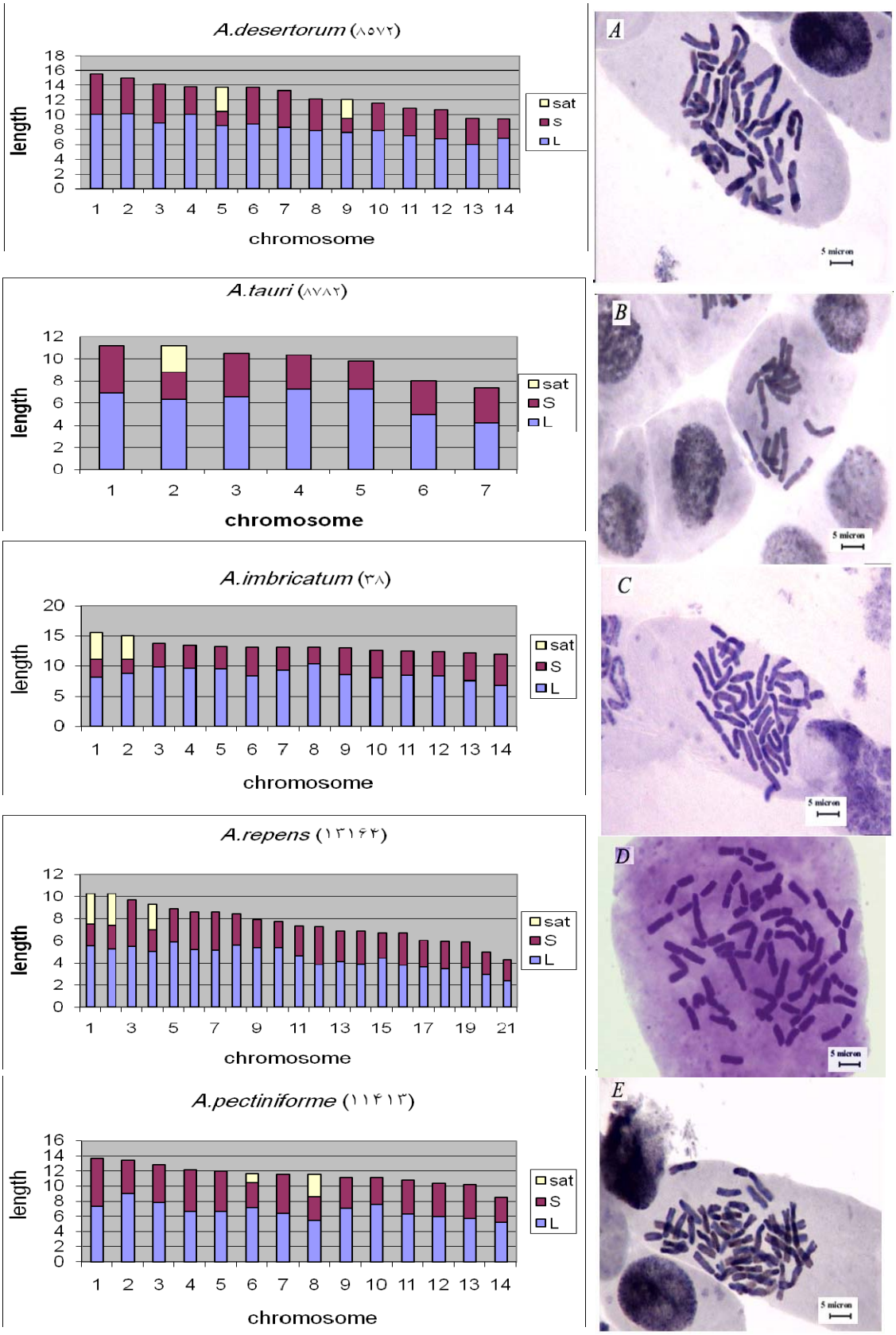
*–معنی‌دار در سطح احتمال۵٪

کروموزومی وکاریوتیپی جمعیت‌های متعلق به پنج گونه از جنس آگروپایرون در نمونه‌های متافاز میتوزی آنها به‌روش دانکن در سطح احتمال۵٪

جمعیت	TL	LA	SA	AR	CI	TF%	D
A. (۶۲۹) *deserterum*	ab ۱۲/۷۷۸±۰/۲۰۴	۱۰۲±۰/۱۸۷abc	ab ۴/۳۳۹±۰/۰۲۹	cd ۱/۸۶۷±۰/۰۴۳	bc ۰/۳۳۹±۰/۰۰۵	bc ۳۳/۹۸۵±۰/۵۱۸	۲/۹
A. (۸۵۷۲) *deserterum*	ab ۱۲/۵۸۰±۰/۶۲۸	ab ۸/۲۴۰±۰/۴۳۸	bcd ۳/۹۱۷±۰/۲۵۴	ab ۲/۱۱۴±۰/۰۹۶	de ۰/۳۱۱±۰/۰۱۰	de ۳۱/۱۱۳±۱/۰۷۲	۴/۶
A. (۱۵۳۵۷) *deserterum*	abcd ۱۱/۹۴۰±۰/۳۳۳	bcd ۷/۵۰۸±۰/۲۰۱	abc ۴/۰۳۱±۰/۱۶۰	cd ۱/۸۶۸±۰/۰۶۹	bcd ۰/۳۳۷±۰/۰۰۸	bcd ۳۳/۷۵۷±۰/۸۴۴	۳/۴
A. tauri(۳۲۷)	fg ۹/۷۸۶±۰/۶۴۴	ef ۶/۰۷۴±۰/۳۷۴	ef ۳/۳۵۷±۰/۲۶۲	cd ۱/۸۱۹±۰/۰۷۰	bc ۰/۳۴۲±۰/۰۰۸	bc ۳۴/۲۳۹±۰/۸۱۴	۶/۴
A tauri(۵۹۵)	g ۸/۸۹۲±۰/۲۳۶	fg ۵/۲۸۸±۰/۲۰۹	f ۳/۲۰۹±۰/۱۱۹	de ۱/۶۵۴±۰/۰۸۶	b ۰/۳۶۱±۰/۰۱۲	b ۳۶/۱۱۴±۱/۲۱۲	۶/۰
A. tauri(۸۷۸۲)	fg ۹/۷۵۱±۰/۷۰۰	ef ۶/۲۰۹±۰/۵۵۴	f ۳/۲۰۲±۰/۱۷۷	bc ۱/۹۳۷±۰/۱۴۰	cd ۰/۳۳۰±۰/۰۱۴	cd ۳۳/۰۶۳±۱/۴۶۱	۶/۶
A. (۱۰۵۵۹) *repens*	i ۶/۳۶۷±۰/۲۲۷	h ۳/۷۵۱±۰/۱۶۰	g ۲/۲۵۸±۰/۰۵۴	de ۱/۶۵۹±۰/۰۴۲	bc ۰/۳۵۵±۰/۰۰۵	bc ۳۵/۵۲۵±۰/۵۷۶	۳/۱
A. (۱۳۱۶۴) *repens*	h ۷/۵۴۳±۰/۲۱۳	gh ۴/۵۰۷±۰/۱۷۶	۲/۶۵۳±/۰۶۸ g	cde ۱۰/۷۰۰±/۰۶۳	bc ۰/۳۵۲±/۰۰۸	bc ۳۵/۲۱۵±۰/۸۲۵	۳/۹
A. (۱۵۸۸۰) *repens*	def ۱۰/۷۷۴±۰/۵۰۹	de ۶/۶۱۲±۰/۴۱۷	cde ۳/۷۲۳±۰/۱۳۶	cd ۱/۷۷۳±۰/۰۷۲	bc ۰/۳۴۶±۰/۰۰۸	bc ۳۴/۶۳۴±۰/۸۳۶	۳/۱
A. (۵۴) *pectiniforme*	cde ۱۱/۰۷۵±۰/۳۵۹	de ۶/۵۹۳±۰/۱۰۶	bcd ۳/۹۴۵±۰/۲۱۷	cde ۱/۶۸۲±۰/۰۷۱	bc ۰/۳۵۵±۰/۰۰۸	bc ۳۵/۵۴۶±۰/۸۵۱	۳/۱
A. (۱۱۲۶۳) *pectiniforme*	abc ۱۲/۲۹۱±۰/۱۲۶	bcd ۷/۳۶۲±۰/۱۸۷	ab ۴/۲۹۷±۰/۰۶۵	cde ۱/۷۱۶±۰/۰۶۵	bc ۰/۳۴۹±۰/۰۰۷	bc ۳۴/۹۸۵±۰/۷۹۸	۴/۶
A. (۱۱۴۱۳) *pectiniforme*	bcd ۱۱/۵۳۷±۰/۱۲۴	de ۶/۷۸۶±۰/۰۸۸	a ۴/۴۶۸±۰/۰۸۸	e ۱/۵۲۰±۰/۰۲۷	a ۰/۳۸۷±۰/۰۰۴	a ۳۸/۷۲۰±۰/۴۵۲	۳/۶
A. (۳۸) *imbicatum*	a ۱۳/۱۷۶±۰/۳۷۸	a ۸/۶۶۱±۰/۴۱۳	bcd ۳/۹۱۰±۰/۰۴۲	a ۲/۲۱۶±۰/۱۱۳	e ۰/۲۹۷±۰/۰۰۹	e ۲۹/۷۵۶±۰/۹۸۶	۲/۷
A. (۴۲) *imbricatum*	ef ۱۰/۱۸۰±۰/۱۰۰	ef ۶/۰۸۵±۰/۰۳۷	def ۳/۵۳۴±۰/۰۵۹	cde ۱/۷۲۲±۰/۰۲۹	bc ۰/۳۴۷±۰/۰۰۳	bc ۳۴/۷۱۹±۰/۳۷۵	۲/۹
A. (۴۴) *imbricatum*	bcd ۱۱/۷۵۴±۰/۱۵۲	cd ۷/۲۴۴±۰/۰۹۶	abc ۴/۰۳۶±۰/۰۷۲	cd ۱/۷۹۱±۰/۰۲۰	bc ۰/۳۴۴±۰/۰۰۲	bc ۳۴/۴۳۴±۰/۲۷۹	۳/۱
A. (۱۱۳۸۹) *imbericatum*	abc ۱۲/۴۱۸±۰/۱۵۲	bcd ۷/۵۰۷±۰/۰۹۶	abc ۴/۱۸۲±۰/۰۷۲	cd ۱/۷۹۵±۰/۰۲۰	bcd ۰/۳۳۶±۰/۰۰۲	bcd ۳۳/۶۷۷±۰/۲۷۹	۳/۰

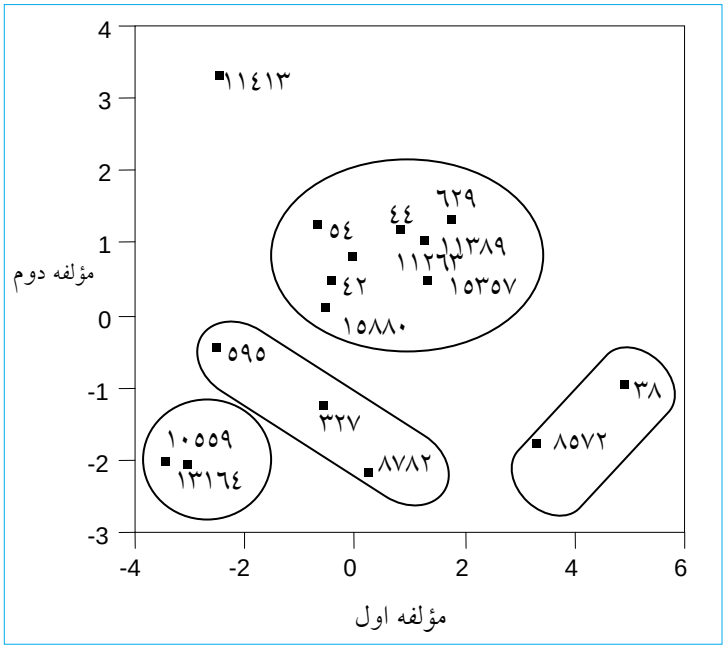
درصد واریانس دو مؤلفه اصلی اول و دوم حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در جمعیت‌های پنج گونه از جنس آگروپایرون در نمونه‌های متافاز میتوزی آنها.

CI	TF%	AR	SA	$A_۲$	DRL	ریشه‌های راکد	درصد واریانس	درصد واریانس تجمعی
-۰/۳۸۰	-۰/۳۸۰	۰/۳۹۳	۰/۲۴۳	-۰/۲۱۲	-۰/۰۹۰	۵/۱۲۸	۵۶/۹۸۳	۵۶/۹۸۳
۰/۳۱۶	۰/۳۱۶	-۰/۲۷۹	۰/۴۹۸	-۰/۳۸۳	-۰/۲۸۰	۲/۴۵۴	۲۷/۲۶۹	۸۴/۲۵۲
۰/۰۹۷	۰/۰۹۷	۰/۰۰۶	۰/۲۵۷	۰/۱۲۸	۰/۹۱۲	۰/۸۷۴	۹/۷۱۱	۹۳/۹۶۳

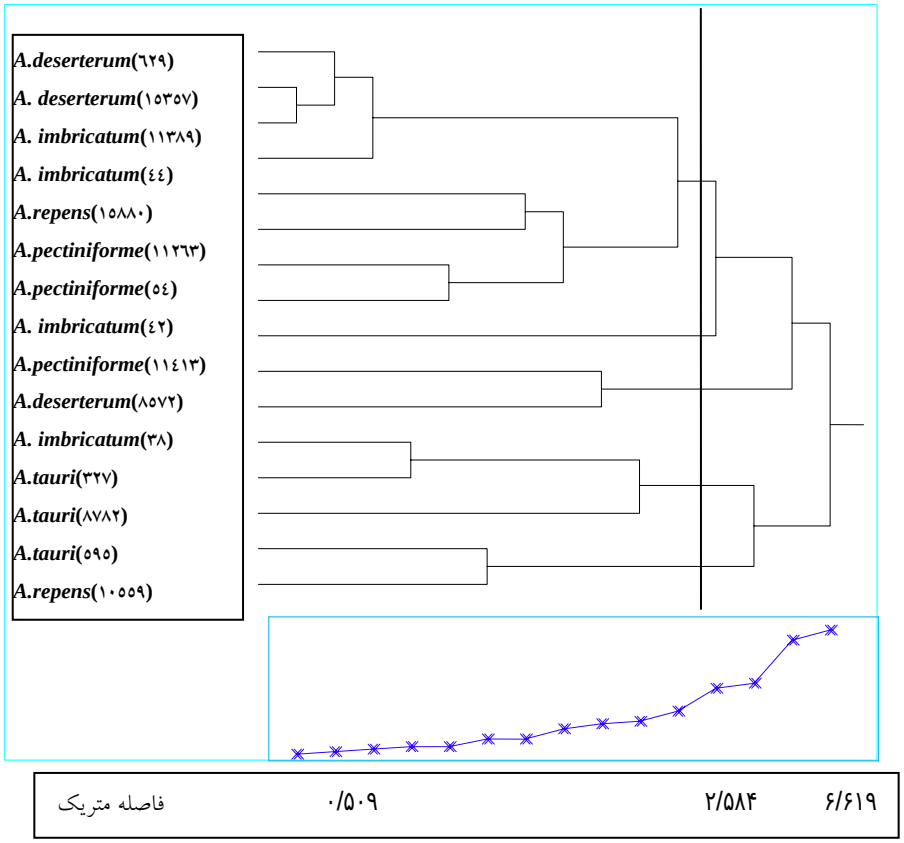


شکل ۱- کروموزوم‌های میتوزی و ایدیوگرام جمعیت‌هایی از پنج گونه آگروپایرون

A:*A. deserterum*(۸۵۷۲), B:*A. tauri*(۸۷۸۲), C:*A. imbricatum*(۳۸), D: *A. repens*(۱۳۱۶۴), E: *A. pectiniforme*(۱۱۴۱۳).



شکل ۲- پراکنش جمعیت‌های مختلف پنج گونه از جنس آگروپایرون در ایران بر اساس دو مؤلفه اول، دوم حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از نظر صفات کاریوتیپی.



شکل ۳- دسته‌بندی جمعیت‌های مختلف پنج گونه از جنس آگروپایرون در ایران بر اساس ویژگی‌های کاریوتیپی به‌روش **Ward**

منابع مورد استفاده

- Alderson, J., Sharp W.C., 1995. Grass varieties in the United State, U.S.D.A. Agric Handb,170, rev.de.(Grass var.USA).
- Asay, K.H., Hasiao, C., Dewey, Dr., 1987. Intergeneric hybris and amphiploids between *Pseudoroegneria spicata* and *Critesion violaceum*. Botanical. Gazett., 148: 123-129.
- Assadi, M., 1994. Crossing experiment in *Elymus transhyrcanus* group. A new subspecies and species. Iran. Journ. Bot., 6:2, 185-195.
- Assadi, M., 1995. Meitotic Configuration and chromosome number in some Iranian species of *Elymus* L. *Agropyron Gaertner* (poaceae: riticeae). Botanical Journal of Linnean Society, 117:159.
- Assadi, M., 1996. A taxonomic revision of *Elymus* Sect.Caespitosae and Sect. Elytrigia (Poaceae, Triticeae) in Iran. Willdenawia, 26:251-271
- Cerpo, D.G., 2000. Man made stress in the grazing resource of the Medeiterranean region. Proceeding of the 19th EUCARPIA fodder crops Section Meeting Portugal. pages 199-206.
- Chen, Y.R., 1980. Abnormal chromosome segregation during microsporogenesis in *Agropyron cristatum*. Taiwani, 25:126-140.
- Chen, Q., Jahier, J., and Cauderon, Y., 1989. Cytogenetical studies on *Agropyron gaerth* species from Inner Mongolia, China. Comptes-Rendus-de 1Academic-des-science. Series, 3, Science-de-1a-via,309:11, 519-525.
- Chen, Q., Jahier, J., and Caudepon, Y., 1990. Intergeneric hybrids between *Triticum aestivum* and three crested wheatirasses: *Agropyron monogolium*, *A. michnoi* and *A. deserturum*, Genome, 33:5, 663-667.
- Elmi, A., 2009. Evaluation for yield quality traits in 17 genotype of *Agropyron elangatum* under conservation and grazing conditions. International conference on Environment, Islamic Azad University, Borojerd Unit. 5-7.
- Farshadfar, M., 1997. Study of genetic diversity and cytogenetic in different species of *Agropyron* for breeding. Final Report of Project. Center of Agriculture and Natural Resources Research center of Kermanshah province.3-7.
- Gupta, P.K., Fedak G., 1985. Hybrids of *Hordeum californicum* and 2x H. brevisubulatum S.L. with *Agropyron caninum*. Canadian Journal of Genetic and Cytogenetic, 27: 380-386.
- Hastuti, D.W.I., and Suranto Setyono, P., 2009. Variation of morphology, karyotype and protein band pattern of adenium (*Adenium obesum*) varieties. Bioscience, 1:2,78-83.
- Hooshmand, S., 2007. Sitogenetics study of *Colutea, Sophora* and *Hodysarum* in Iran. Final Report of Project. Center of Agriculture and Natural Resources Research center of Kermanshah province. 6-14.
- Javadi, H., Hesamzadeh Hejazi, S.M. and Babayev, M.Sh., 2009. Karyotypic Studies of three *Thymus* (Lamiaceae) species and populations in Iran. Caryologia, 62:316-325.
- Karadağ, Y., 2003. Karyotype analysis of *Pisum arvense* L. collected from tokat native vegetation. Tarim Bilimleri Dergisi, 9: 3, 313-315.
- Lacour, L.F., 1941. Improvements in plant cytological technique. II. The Botanical Review, 3:4, 216-240.
- Levitsky G. A., 1931. The morphology of the chromosome, the karyotype in systematic. Bull. Appl. Bot. Genet. P1. Breed, 27:169-173.
- Limin, A.E., and Fowler, D.B., 1990. An interspecific hybrid and amphiploid produced from *Triticum aestivum* crosses with *Agropyron cristatum* and *Agropyron deserturum*. Genome, 33:4, 581-584.
- Ojunsuren, C., Janko, B., and Oyunsuren, C., 1985. Karyotype in vestigations in mogolian *A.cristatum* (L.) Gaertn. Population J. variation of diploidy level and chromosome measurmants. Acta. Botanica Hungarica. 31: 181-188.
- Stebbins, G.L., 1971. Chromosomal Evolution In Higher Plants. Edward Arnold, London. 276p.
- Wang, R.R.C., Dewey, D.R., and Husiao, C., 1986. Genome analysis of the tetraploid *Pseudoregneria tauri*, Crop Science, 26: 723-727.

Karyological studies on different populations of several species of *Agropyron* in natural resources gene bank

H. Javadi[1*] & S.M. Hesamzadeh-Hejazi[2]

1*-Corresponding author, Member of Scientific Board, Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran , I.R.Iran.Email: javadi@ rifr-ac.ir
2- Assoc. Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

Received: 20.08. 2011 Accepted: 07.01. 2014

Abstract

To study karyological and relationship between 16 populations of genus *Agropyron*, namely *Agropyron deserterum*, *A. tauri*, *A. repens*, *A. pectiniforme*, and *A. imbricatum* (3 populations for each species, except for *A. imbricatum)*, root meristem cells were used. Four suitable metaphase plates for each population were selected and photographed. Results showed, the basic chromosome number in all of the populations was x=7 and ploidy levels were 2x, 4x, and 6x. Results of analysis of variance revealed significant differences between the populations based on all karyotypic characteristics (P<%1) except for total form percentage (P<%5). This indicated occurrences of quantitative changes in chromosome size of the studied populations. Average size of the chromosome in the studied populations was 10.518 micrometer. Using principal components analysis (PCA), the first three independent components accounted about %93.96 of total variation. The first component indicated that length of total chromosome, length of long arm, arm ratio, centromeric index, total form percentage, and intra chromosomal asymmetry index were important characters for classification of the populations with about 57% of total variation. By cutting dendrogram resulted from cluster analysis (Ward) in metric distance 2.584, the populations were classified into 5 groups. The lowest metric distance was obtained between two populations, *A. deserterum* (15357), and *A. imbricatum* (11389) and the highest metric distance was obtained between *A.deserterum* (629) and *A.taur* (327), that indicates the least affinity between them. By a diagram of the genotypes dispersion, based on the two first components, the populations were grouped into 5 separated classes, which agreed to the results of cluster analysis.

Key words: *Agropyron*, Karyotype, Chromosome, karyotype symmetry