



## Cytogenetic Diversity of Genotypes of *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi.

Hooman Shirvani<sup>1\*</sup>, Alireza Etminan<sup>2</sup>, Hosmand Safari<sup>3</sup>

1 Corresponding author, Ph.D. graduated in Plant Breeding, Young Researchers and Elite Club, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran. Email: hooman.sh1366@yahoo.com.

2 Department of Genetics and Plant Breeding, Kermanshah Branch, Islamic Azad University, Kermanshah, Iran.

3 Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Kermanshah, Iran.

Received: 01/06/2025

Revised: 02/07/2025

Accepted: 12/07/2025

### Abstract

**Background and Objective:** *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi is a key forage grass species with moderate nutritional value and notable resistance to environmental stresses. Investigating the cytogenetic diversity of this species can improve understanding of its genetic structure and support its effective utilization in breeding programs. The aim of this study was to evaluate the karyotypic diversity of 24 different genotypes from various regions of Iran by analyzing chromosomal traits and karyotypic indices.

**Materials and Methods:** Twenty-four genotypes of *E. hispidus* var. *villosus*, collected from diverse regions of Iran and preserved in the National Natural Resources Gene Bank, were provided. Seeds were sown in Petri dishes and prepared for cytogenetic evaluation at the Agricultural and Natural Resources Research Center of Kermanshah Province, Iran. Metaphase chromosomes were prepared from young root cells using conventional staining and observed under a light microscope. Chromosomal parameters, including total chromosome length (CL), long arm length (LA), short arm length (SA), and 19 additional karyotypic indices, were measured. Data were analyzed using analysis of variance (ANOVA) to assess significant differences among genotypes, followed by correlation analysis and hierarchical clustering. Karyotype symmetry indices and Stebbins' classification system were used to determine the degree of evolutionary advancement and structural symmetry among genotypes.

**Results:** All studied genotypes were hexaploid ( $2n=6x=42$ ), but exhibited considerable variation in karyotypic formula. Genotype 19 had the highest total form percentage (TF%) and the lowest intrachromosomal asymmetry index (A1), indicating a more symmetrical karyotype and lower evolutionary advancement, whereas genotype 14 showed greater asymmetry and a higher degree of chromosomal evolution. ANOVA revealed significant differences ( $p < 0.01$ ) among genotypes for all chromosomal traits. The longest chromosomes were observed in genotypes 23 and 10, while genotypes 6 and 7 had the shortest chromosomes. Cluster analysis grouped the genotypes into three distinct clusters, which corresponded with patterns observed in A1, A2 (interchromosomal asymmetry), coefficient of variation of chromosome length (CVcl), centromeric index variation (CVci), and Stebbins' classification. Significant positive correlations were observed between total chromosome length, arm lengths, and indices such as relative chromatin value (VRC), difference in



relative chromosome length (DRL), and karyotype asymmetry index (AI), suggesting high genetic potential and breeding capacity within these genotypes.

**Conclusion:** This study demonstrated substantial cytogenetic and karyotypic diversity within *E. hispidus* var. *villosus*, highlighting its value as a genetic resource for breeding and genetic improvement programs. Significant variation in chromosomal indices, including chromosome length, arm proportions, and symmetry metrics, reflects a high degree of structural diversity. Such diversity can be exploited to select genotypes with superior forage yield and quality. Utilizing intraspecific diversity, particularly through crosses between genotypes with high genetic distance (based on cluster analysis), can lead to heterosis and improve both quantitative and qualitative traits. These genotypes can be effectively used in intraspecific crossing programs to develop new varieties with higher tolerance to environmental stresses, enhanced forage yield, and increased sustainability of rangeland exploitation.

**Keywords:** Genetic diversity; Karyotype; Chromosome; *Elymus hispidus* var. *villosus*.

## بررسی تنوع سیتوژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گونه *Elymus hispidus* var. *villosus* (Hackel) Assadi

هومن شیروانی<sup>۱\*</sup>، علیرضا اطمینان<sup>۲</sup> و هوشمند صفری<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> نویسنده مسئول، دکتری اصلاح نباتات، باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرمانشاه، ایران

پست الکترونیک: [hooman.sh1366@yahoo.com](mailto:hooman.sh1366@yahoo.com)

<sup>۲</sup> گروه ژنتیک و به‌زادی گیاهی، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

<sup>۳</sup> استادیار، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، کرمانشاه، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۴/۲۱

تاریخ اصلاح نهایی: ۱۴۰۴/۰۴/۱۱

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۳/۱۱

### چکیده

سابقه و هدف: گونه *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi یکی از گراس‌های مهم علوفه‌ای است که به دلیل ارزش تغذیه‌ای بالا، مقاومت به تنش‌های محیطی، اهمیت ویژه‌ای در اصلاح گیاهان علوفه‌ای و احیا مراتع مخروبه دارد. بررسی تنوع سیتوژنتیکی این گونه می‌تواند به شناخت بهتر ساختار ژنتیکی و بهره‌برداری مناسب‌تر در برنامه‌های اصلاحی کمک کند. هدف این پژوهش، ارزیابی تنوع کاریوتیپی ۲۴ ژنوتیپ مختلف از مناطق مختلف ایران بود تا از طریق تحلیل صفات کروموزومی و شاخص‌های کاریوتیپی، تنوع سیتوژنتیکی آنها تعیین شود.

مواد و روش‌ها: در این مطالعه، بذر ۲۴ ژنوتیپ از گونه *E. hispidus* var. *villosus* که از مناطق مختلف ایران جمع‌آوری شده بودند، از بانک ژن منابع طبیعی دریافت شدند. بذر نمونه‌ها در آزمایشگاه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه کشت و آماده‌سازی شدند و صفات کاریوتیپی آنها بررسی شد. کروموزوم‌های متافازی سلول‌های جوان ریشه با رنگ آمیزی متداول تهیه شده و زیر میکروسکوپ نوری مشاهده شدند. صفات کروموزومی شامل طول کل کروموزوم (CL)، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA) و ۱۹ شاخص کروموزومی مختلف اندازه‌گیری و ثبت شدند. به منظور بررسی تفاوت معنی‌دار بین اکوتیپ‌ها، داده‌های به دست آمده تجزیه واریانس گردیدند. میانگین داده‌ها مورد تجزیه همبستگی و تجزیه خوشه‌ای قرار گرفتند. همچنین، از شاخص‌های تقارن کاریوتیپی و کلاس‌های استیمینز برای تعیین درجه تکامل و تقارن کاریوتیپ‌ها استفاده شد.

نتایج: نتایج نشان داد تمامی ژنوتیپ‌های مطالعه شده هگزاپلوئید ( $n=6x=42$ ) بودند، اما از نظر فرمول کاریوتیپی تنوع قابل توجهی مشاهده شد. ژنوتیپ شماره ۱۹ با بیشترین درصد شکل کلی کروموزوم (شاخص TF%) و کمترین مقدار شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)، کاریوتیپ متقارن‌تری داشت که نشان‌دهنده سطح تکامل پایین‌تر این ژنوتیپ بود، در حالی که در ژنوتیپ شماره ۱۴ کروموزوم‌های نامتقارن‌تر و درجه تکامل بالاتری داشتند. نتایج تجزیه واریانس اختلافات معنی‌داری را در تمامی صفات کروموزومی (در سطح احتمال ۱ درصد) بین ژنوتیپ‌ها نشان داد. بیشترین طول کل کروموزوم در ژنوتیپ‌های شماره ۲۳ و ۱۰ و کمترین طول کل کروموزوم در ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ مشاهده شد. تحلیل خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را در سه گروه متمایز دسته‌بندی کرد که با نتایج گروه‌بندی مقادیر شاخص‌های نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)، نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2)، ضریب تغییرات طول کروموزوم (CVcl) و ضریب تغییرات موقعیت سانترومر (CVci) و طبقه‌بندی Stebbins تطابق داشت. همبستگی مثبت و معنی‌دار بین طول کل کروموزوم، طول بازوها و شاخص‌های ارزش نسبی کروماتین (VRC)، اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL) و شاخص ناهمگنی کاریوتیپ (AI) مشاهده شد.

نتیجه‌گیری: این مطالعه نشان داد که گونه *Elymus hispidus* var. *villosus* دارای تنوع سیتوژنتیکی و کاریوتیپی قابل توجهی است که می‌تواند منبعی ارزشمند برای اصلاح و بهبود این گونه در برنامه‌های اصلاح نباتات باشد. تفاوت‌های معنادار در شاخص‌های کروموزومی مانند طول کروموزوم‌ها، طول بازوهای بلند و کوتاه و شاخص‌های تقارن، بیانگر وجود تنوع ساختاری بالا در سطح ژنتیکی است. این تنوع می‌تواند در جهت انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب با عملکرد و کیفیت علوفه مطلوب استفاده شود. استفاده از تنوع درون‌گونه‌ای، به‌ویژه از طریق تلاقی بین ژنوتیپ‌های با فاصله ژنتیکی زیاد (براساس تحلیل خوشه‌ای)، می‌تواند منجر به بروز پدیده هتروزیس و ارتقاء صفات کمی و

کیفی شود. به‌کارگیری این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های تلاقی درون‌گونه‌ای، راهکاری مؤثر برای توسعه ارقام جدید با تحمل بالاتر به تنش‌های محیطی، بهبود عملکرد علوفه و افزایش پایداری بهره‌برداری از مراتع خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، کاریوتیپ، کروموزوم، *Elymus hispidus* var. *villosus*

## مقدمه

گیاهان علوفه‌ای منابعی غنی از پروتئین، کربوهیدرات و ویتامین هستند که برای سلامت و بهره‌وری دام نقش بنیادی ایفا می‌کنند و بهبود رشد وزنی، افزایش تولید شیر و ارتقای موفقیت تولیدمنلی را به همراه دارند (Distel et al., 2020). فراتر از بُعد تغذیه‌ای، به‌کارگیری سامانه‌های علوفه‌ای متنوع، کارکردهای زیست‌بومی ارزنده‌ای را مانند ارتقای پایداری اکوسیستم، بهبود ساختار خاک و تقویت زیستگاه حیات‌وحش فراهم می‌کند و به غنای تنوع زیستی کمک می‌نماید (Lugić et al., 2025). از منظر اقتصادی نیز کشت علوفه می‌تواند با تأمین خوراک با کیفیت و پایدار، هزینه‌های تغذیه را کاهش داده و سودآوری واحدهای دامپروری را افزایش دهد (Mammadli et al., 2024). افزون بر این، گرامینه‌های مرتعی با حفظ کیفیت تغذیه‌ای خود در شرایط محیطی متغیر، ابزار مؤثری برای تاب‌آوری سامانه‌های دامداری در مقابله با پیامدهای تغییر اقلیم محسوب می‌شوند (Lee et al., 2017).

گونه *Agropyron trichophorum* که در منابع با نام *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi شناخته می‌شود (Assadi, 1995)، به‌دلیل ارزش تغذیه‌ای بالا، به‌ویژه در مرحله رویشی یکی از بهترین گونه‌های گراس‌ها برای چرا و تغذیه دام به‌شمار می‌آید و می‌تواند جیره‌ای سرشار از مواد مغذی فراهم کند (Arzani et al., 2004). افزون بر بُعد غذایی، این گونه با افزایش کربن آلی خاک، به بهبود ساختمان و حاصل‌خیزی خاک کمک می‌کند و بدین‌سان در پایداری سامانه‌های کشاورزی نقشی کلیدی ایفا می‌نماید (Bremer et al., 2002). از جنبه بوم‌شناختی، *E. hispidus* var. *villosus* به مقاومت بالای خود در برابر چرا و تنش ناشی از برداشت برگ شناخته شده است؛ قابلیت‌هایی که امکان تداوم تولید علوفه تحت فشار چرای را فراهم می‌کند (Boskabadi et al., 2018). در مطالعات کروموزومی Assadi

(۱۹۹۵) با مطالعه آرایش میوزی و شمار کروموزومی گونه‌های ایرانی متعلق به تیره گندمیان، نشان داد که جنس *Agropyron* از *Elymus* تفکیک شده و در مقابل، جنس‌هایی مانند *Pseudoroegneria Elytrigia*

*Thinopyrum*، *Lophopyrum* و *Trichopyrum* در *Elymus* ادغام شده‌اند. بر این اساس، نام علمی صحیح گونه مورد مطالعه *Elymus hispidus* (Opiz) Melderis var. *villosus* (Hackel) Assadi می‌باشد که در منابع معتبر گیاه‌شناسی مانند فلور ایران و فلور ترکیه نیز مورد تأیید قرار گرفته است. استفاده از طبقه‌بندی صحیح، به‌ویژه در مطالعات ژنتیکی و اصلاحی، اهمیت ویژه‌ای در تفسیر صحیح داده‌ها و نتایج دارد.

تنوع ژنتیکی بنیان تاب‌آوری و کارآمدی نظام‌های زیستی است؛ زیرا با فراهم کردن دامنه‌ای از پاسخ‌های فیزیولوژیک و فنوتیپی، توان جمعیت‌های گیاهی را برای سازگاری با شرایط متغیر محیطی تغییر اقلیم، آفات و بیماری‌ها افزایش می‌دهد (Jump & Peñuelas, 2005). این تنوع نه تنها بقا را در سطح جمعیت تضمین می‌کند، بلکه فرایندهای اکوسیستمی مانند تولید اولیه، چرخه مواد غذایی و ساختار جامعه را نیز تحت تأثیر قرار داده و سلامت کلی زیست‌بوم را ارتقا می‌دهد (Hughes et al., 2008). در حوزه احیاء و حفاظت، وجود خزانه ژنی گسترده شرط موفقیت بازسازی زیستگاه‌های تخریب‌شده و بقا و زادآوری گونه‌های در خطر است (Schäfer et al., 2020). در کشاورزی نیز تنوع ژنتیکی درون گونه‌ای زیربنای برنامه‌های به‌نژادی است که به تولید ارقام مقاوم در برابر بیماری‌ها و نوسان‌های آب‌وهوایی می‌انجامد و بدین‌ترتیب امنیت غذایی را تقویت می‌کند (Korpelainen, 2023). افزون بر این، تنوع ژنی با تأثیر بر ترکیب و فراوانی گونه‌های همراه، از جمله علف‌خواران و گرده‌افشان‌ها پویایی جوامع زیستی و تنوع زیستی کلی را شکل می‌دهد (Crawford & Rudgers, 2013).

برنامه‌های حفاظت ژنتیکی و مدیریت پایدار منابع علوفه‌ای فراهم کند.

### مواد و روش‌ها

به منظور ارزیابی تنوع خصوصیات کاربوتیپی، تعداد ۲۴ ژنوتیپ از گونه *E. hispidus* var. *villosus* انتخاب شدند. بذر این ژنوتیپ‌ها از بانک ژن منابع طبیعی ایران در موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع دریافت شدند. مشخصات کامل مواد ژنتیکی مورد مطالعه، شامل کد ژنوتیپ و منشأ جمع‌آوری نمونه‌ها، در جدول ۱ ارائه شده است. ارزیابی صفات کاربوتیپی این ژنوتیپ‌ها در آزمایشگاه مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه انجام شد (جدول ۲) و داده‌های حاصل برای تحلیل تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفت.

### روش تحقیق

در ابتدا بذرها با محلول هیپوکلریت سدیم ۱۰٪ ضدعفونی شده و تحت شرایط استریل، داخل پتری‌دیش و روی کاغذ صافی کشت شدند. بذرها تحت شرایط کنترل شده، رطوبت ۷۰ درصد، دمای ۲۰ درجه سانتی‌گراد و ۱۲ ساعت نور ۱۲ ساعت تاریکی در ژرمیناتور قرار گرفتند. پس از ۴۸ ساعت ریشه آنها به اندازه مناسب برای نمونه‌گیری رسید. در مورد گونه مورد مطالعه، با توجه به شرایط کنترل شده، مریستم ریشه‌ها در فواصل زمانی ۱۱-۱۰ صبح دارای بیشترین تعداد سلول‌های متافازی بودند. به منظور عمل پیش‌تیمار، ریشه‌ها در محلول آلفا برومونتالین ۰/۰۵٪ به مدت ۴ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. به منظور تثبیت، ریشه‌ها به مدت ۱۸ ساعت در محلول لویتسکی (محلول A: ۱ گرم کرومیوم تری اکسید و ۱۰۰ میلی‌لیتر آب مقطر و محلول B: ۲۵ میلی‌لیتر فرمالدئید ۳۶٪ و ۷۵ میلی‌لیتر آب مقطر) قرار گرفتند.

سیتوژنتیک گیاهی، شاخه‌ای از علم ژنتیک است که با تمرکز بر مطالعه کروموزوم‌ها، به تبیین وراثت، ساختار و عملکرد ژنوم و نیز فرایندهای تکاملی در گیاهان می‌پردازد. در این حوزه، روش‌های سیتوژنتیک نوین همراه با میکروسکوپی پیشرفته امکان تصویربرداری و تحلیل دقیق کروموزوم‌ها را فراهم می‌کند (*Schwarzacher et al., 2023*). این تکنیک‌ها برای ارزیابی پیامدهای ژنتیکی ناشی از تیمارهای موتاژنی و بررسی ژنوتوکسیسیتی در گیاهان ضرورت دارند (*Borowska-Zuchowska et al., 2022*) و افزون بر این، با رصد تغییرات اندازه ژنوم، تعداد ریخت‌شناسی کروموزوم‌ها و نیز محتوای توالی‌های تکراری، می‌توان مسیر تکامل ژنوم‌های گیاهی را رهگیری کرد (*Kwasniewska & Bara, 2022*). رشد چشمگیر منابع منتشر شده در سال‌های اخیر به شکل‌گیری پایگاه‌های داده، مخازن آنلاین و ابزارهای تحلیلی منجر شده است که دسترسی یکپارچه به داده‌های پراکنده سیتوژنتیکی و ژنومی را فراهم می‌کنند و بدین‌وسیله بهره‌وری پژوهشگران در این عرصه را به‌طور قابل‌ملاحظه‌ای افزایش داده‌اند (*Gutiérrez et al., 2023*).  
تحلیل تنوع سیتوژنتیکی در ژنوتیپ‌های مختلف *E. hispidus* var. *villosus* نه تنها شناخت عمیق‌تری از ساختار کروموزومی این گونه فراهم می‌کند، بلکه اطلاعات ارزشمندی را برای برنامه‌های اصلاح نباتات در جهت بهبود کیفیت و عملکرد علوفه ارائه می‌دهد. تنوع کروموزومی موجود می‌تواند منبع غنی از صفات ژنتیکی موردنیاز برای افزایش مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی باشد و زمینه‌ساز تولید ارقام مقاوم و پایدارتر شود. هدف این پژوهش، بررسی تنوع سیتوژنتیکی در ژنوتیپ‌های مختلف کروموزومی این گونه است. نتایج این مطالعه می‌تواند توسعه برنامه‌های اصلاح نباتات را در جهت ارتقای

جدول ۱- فهرست و مشخصات ۲۴ ژنوتیپ انتخاب شده از بانک ژن منابع طبیعی برای مطالعات سیتوژنتیکی

**Table 1. List of 24 genotypes from the Natural Resources Gene Bank for cytogenetic studies**

Genotype number	Accession code	Origin		
		Province	County	location
1	6-10	Chaharmahal & Bakhtiari	Shahrekord	ChaharTagh
2	13-13	Kohkiluyeh & Boyer Ahmad	Yasuj	Patavah
3	4007	Isfahan	Fariden	Fariden
4	13-3	Isfahan	Semirom	Qalaeh Arzoomand
5	7-10	Chaharmahal & Bakhtiari	Lordgand	Sabzkuh
6	13-6	Alborz	Karaj	Karaj
7	Bijar1	Kurdistan	Bijar	KuhNasar
8	8-10	Chaharmahal & Bakhtiari	Borjen	BidGhatar
9	5-7	Fars	Eqlid	Dajkord
10	13-12	Isfahan	Semirom	Semirom
11	13-14	Isfahan	Semirom	CheshmeKhooni
12	4-11	Lorestan	KhoramAbad	Rimleh
13	Qochi2	West Azerbaijan	Salmas	Gardneh Qochi
14	13-1	Isfahan	Semirom	Qalaeh Arzoomand
15	13-2	Isfahan	Semirom	Qalaeh Arzoomand
16	13-8	Isfahan	Semirom	Hana research farm
17	4-8	Kohkiluyeh & Boyer Ahmad	Yasuj	Meimand
18	8-6	Kohkiluyeh & Boyer Ahmad	Yasuj	Firozabad
19	7-8	Fars	Eqlid	Bidsobhan
20	7-6	Fars	Eqlid	Pasalki
21	316	Alborz	Karaj	Dizin
22	168	Isfahan	Isfahan	Isfahan
23	313	Mazandaran	Nur	Balade
24	314	Golestan	Gorgan	KhoshYilagh

استفاده شد. تصاویر کروموزومی از طریق Color Video Camera که بر روی میکروسکوپ نوری نصب شده بود به مانیتور منتقل شده و ذخیره گردید. کروموزوم‌های هر سلول را در نرم‌افزار Photoshop برش زده و در یک فایل جداگانه مرتب شدند. با استفاده از نرم‌افزار Micro Measure و از طریق مشخص کردن ابتدا و انتهای کروموزوم و محل سانترومر آنها، یکسری از ویژگی‌های کروموزومی مانند طول بازوی کوتاه (SA)، بلند (LA)، طول کل کروموزوم (CL)، طول نسبی کروموزوم (AR) و شاخص سانترومری (CI) محاسبه و در محیط Excel ذخیره شدند. یادآوری می‌شود که بزرگنمایی تصاویر حاصل از لنز X100 و با استفاده از CCD موجود در سیستم مانیتورینگ تقریباً ۲۷۷۵ برابر بود.

در این پژوهش، از هر لام پنج سلول متافازی متعلق به پنج ریشه (تکرار) انتخاب و شاخص‌های کروموزومی آنها اندازه‌گیری شد (جدول ۲). شاخص‌های کاربوتیبی بر پایه

برای نگهداری طولانی ریشه‌ها را پس از خروج از محلول تثبیت و بعد از شستشو بلافاصله در الکل اتیلیک ۷۰٪ در دمای ۴ تا ۵ درجه سانتی‌گراد در یخچال نگهداری کردند. پس از خارج کردن ریشه‌ها از محلول الکل اتیلیک ۷۰ درصد و شستشوی آنها به مدت ۳۰ دقیقه با آب جاری در ماده هیدرولیز کننده (NaOH ۱ نرمال) و در درجه حرارت ۶۲ درجه سانتی-گراد، به مدت ۸ دقیقه در آون قرار دادند. رنگ‌آمیزی کروموزوم‌ها با محلول رنگ همتوکسیلین (۴ گرم همتوکسیلین در ۱۰۰ میلی‌لیتر اسد استیک ۴۵٪) به مدت ۳/۳۰ ساعت در نظر گرفته شد. قسمت انتهایی نوک ریشه‌ها (منطقه مریستمی) با استفاده از تیغ مخصوص برش داده شدند. سپس یک قطره محلول حاوی اسید استیک ۴۵٪ روی نمونه ریخته و لامل روی آن گذاشته شد، با وارد کردن ضربات آهسته بر روی نمونه سلول‌های ریشه پخش شدند. به منظور عکس‌برداری از سلول‌های متافازی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، از سیستم مانیتورینگ

کلاس 1B: کاریوتیپ‌های نامتقارن با تنوع متوسط در اندازه‌ها؛

کلاس 2B: کاریوتیپ‌های نامتقارن با بالاترین میزان تنوع و تغییرات در اندازه کروموزوم‌ها و بازوها.

این طبقه‌بندی نشان‌دهنده درجه تکامل کاریوتیپی و میزان پیچیدگی ساختار کروموزومی است که می‌تواند به درک بهتر تنوع ژنتیکی و تکاملی ژنوتیپ‌ها کمک کند.

شاخص‌های و پارامترهای کروموزومی و اختصارات آنها در جدول ۲ و فرمول محاسبه پارامترهای کروموزومی و شاخص‌های تقارن کاریوتیپی همراه با رفرنس در جدول ۳ آمده است.

روابط ارائه‌شده در جدول ۳ محاسبه گردید. شکل کروموزوم‌ها براساس معیار Levan و همکاران (Levan et al., 1964) تعیین شد.

برای مقایسه تقارن کاریوتیپی بین ژنوتیپ‌ها از روش طبقه‌بندی Stebbins (1971) استفاده شد. این روش براساس نسبت طول بازوهای کروموزوم (تقارن کاریوتیپی) و میزان تغییرات در اندازه کروموزوم‌ها، ژنوتیپ‌ها را به چهار کلاس اصلی تقسیم می‌کند.

کلاس 1A: کاریوتیپ‌های بسیار متقارن با کمترین تنوع در اندازه کروموزوم‌ها و بازوها؛

کلاس 2A: کاریوتیپ‌های متقارن با تنوع کمتری در اندازه‌ها؛

جدول ۲- صفات و پارامترهای کروموزومی و اختصارات آنها

Table 2. Chromosomal parameters, and their abbreviations

Name if traits	abbreviations	نام صفت
Long arm length	LA	طول بازوی بلند
Short arm length	CL	طول کل کروموزوم
Total chromosome length	SA	طول بازوی کوتاه
Interchromosomal asymmetry index	A2	شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی.
Difference of relative chromosome length	DRL	اختلاف طول نسبی کروموزوم.
Haploid chromosome length index	HCL	شاخص طول کروموزوم‌های هاپلوئید.
Dispersion index	DI	شاخص پراکندگی.
Chromosome size similarity index	rec	شاخص تشابه اندازه کروموزوم.
Relative chromatin value	VRC	شاخص ارزش نسبی کروماتین.
Karyotype asymmetry index	AI	شاخص ناهمگنی کاریوتیپ.
Coefficient of variation of chromosome length	CVcl	ضریب تغییرات طول کروموزوم.
Coefficient of variation of centromeric index	CVci	ضریب تغییرات موقعیت سانترومر.
Arm form percentage	F%	درصد فرم بازو.
Arano's karyotype asymmetry index	ASK%	شاخص ناهمگنی کاریوتیپ آرانو.
Long-to-short arm ratio	r-value	نسبت بازوی بلند به کوتاه
Karyotype symmetry index	S%	شاخص تقارن کاریوتیپ.
Mean centromeric index	Xci	میانگین شاخص سانترومر.
Mean centromeric asymmetry	Xca	میانگین ناهمگنی سانترومر.
Overall karyotype symmetry index	syi	شاخص تقارن کلی کاریوتیپ.
Arm ratio	AR	نسبت بازوها.
Centromeric index	CI.	شاخص سانترومری.

جدول ۲- فرمول‌ها، پارامترهای کروموزومی و شاخص‌های تقارن کاریوتیپی

Table 2. Karyotypic formulas, chromosomal parameters, and symmetry indices

	Chromosomal parameter or asymmetry index	Formula	Reference
Chromosomal parameters	Arm ratio	$AR = LA/SA$	-
	Chromosome length	$CL = LA + SA$	-
	r-value	$SA/LA$	-
	Relative length of chromosome	$RL\% = (CL/\Sigma CL) \times 100$	-
	Centromeric index	$CI = SA/CL$	-
	Chromosome type	Defined terms in Levan	(Levan et al., 1964)
Karyotypic parameters or asymmetry indices	Form percentage of chromosome	$F\% = (SA/\Sigma CL) \times 100$	-
	Total chromosome length of the haploid	$HCL = \Sigma CL$	-
	Total form percentage	$TF\% = (\Sigma SA/\Sigma CL) \times 100$	(Huziwara, 1962)
	S. class asymmetry index	A-C, 1-4	(Stebbins, 1971)
	Arano index of karyotype asymmetry	$AsK\% = (\Sigma LA/\Sigma CL) \times 100$	(Arano, 1963)
	Intrachromosomal asymmetry index	$A1 = 1 - [\Sigma ni = (Si/Li)/n]$	(Zarco, 1986)
	Interchromosomal asymmetry index	$A2 = SCL/XCL$	(Zarco, 1986)
	Symmetry index	$S\% = (CLmin/CLmax) \times 100$	-
	Mean centromeric index	$XCI = \Sigma CI/n$	-
	Degree of karyotype asymmetry	$A = (\Sigma pi - qi/pi + qi)/n$	(Watanabe et al., 1999)
	Mean centromeric asymmetry	$XCA = A \times 100$	-
	Relative CV of chromosome length	$CVcl = (SCL/XCL) \times 100 = A2 \times 100$	(Paszko, 2006)
	Relative CV of centromeric index	$CVci = (SCI/XCI) \times 100$	(Paszko, 2006)
	Asymmetry index	$AI = (CVCL \times CVCI)/100$	(Arano, 1980)
	Difference of relative length	$DRL = [RL\%Max - RL\%Min]$	(Huziwara, 1962)
	Value of relative chromatin	$VRC = \Sigma CLi/n$	-
	Index of chromosome size resemblance	$Rec = (\Sigma i = 1 CLi/LC/n) \times 100$	(Greilhuber & Speta, 1976)
	Centromeric gradient	$CG\% = (\frac{Short\ arm\ length}{Chromosome\ length}) \times 100$	-
Dispersion index	$DI = (CG\% \times CV)/100$	(Lavania & Srivastava, 1999)	
Index of karyotype symmetry	$Syi = (\frac{short\ arm\ length}{long\ arm\ length}) \times 100$	(Greilhuber & Speta, 1976)	
CV of chromosome length	$CV = (SD/ Mean) \times 100$	-	

LA: طول بازوی بلند، CL: طول کل کروموزوم، SA: طول بازوی کوتاه، i: شماره گروه همولوگ، S: انحراف معیار، x: میانگین، n: تعداد کروموزوم هاپلوئید ژنوتیپ  
 LA = Long arm length; SA = Short arm length; CL = Total chromosome length; i = Homologous group number; x = Mean; S = Standard deviation; n = Number of haploid chromosomes in the genotype.

## تجزیه آماری

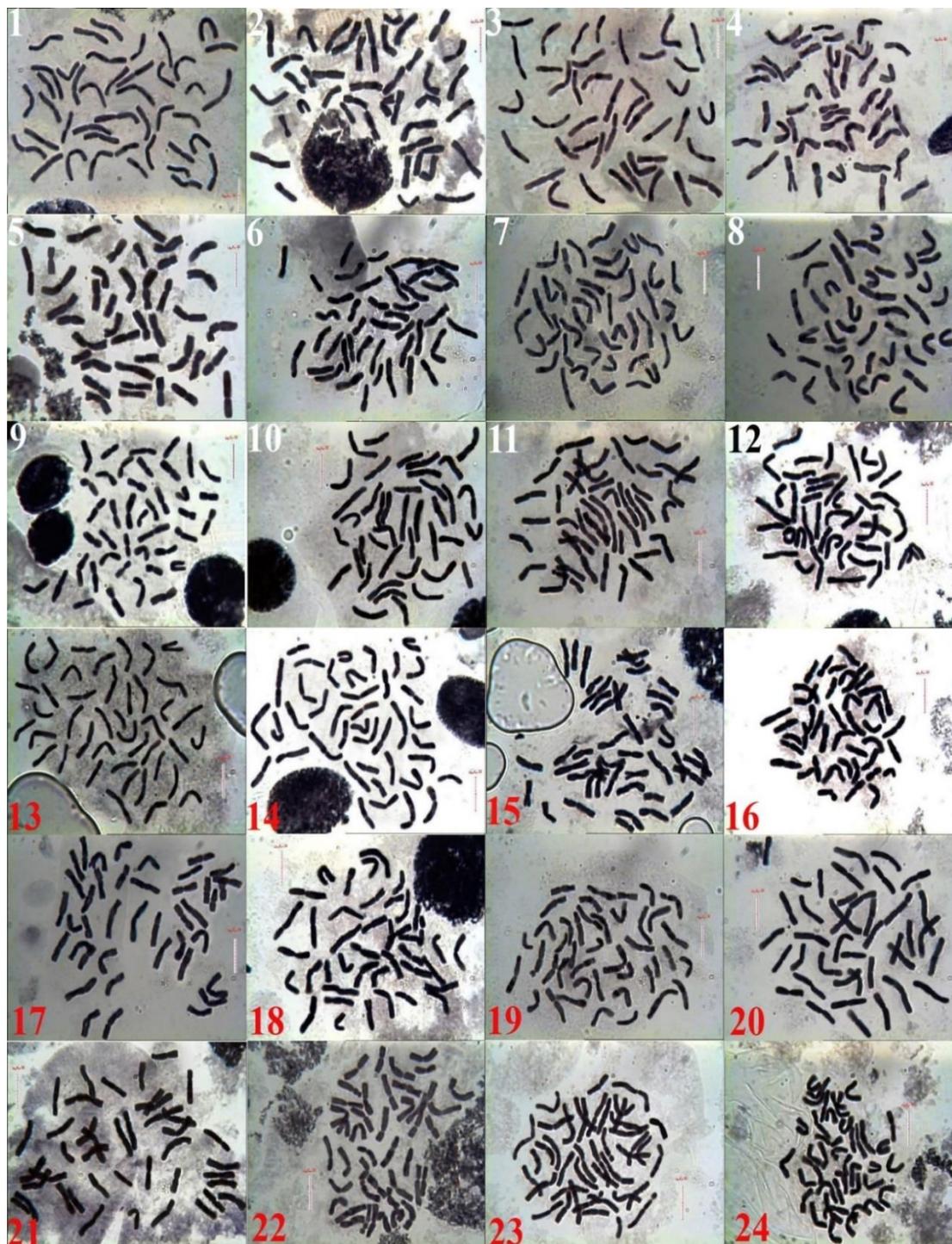
عدد پایه کروموزومی اختلافی دیده نمی‌شود و تمامی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، هگزاپلوئید، با تعداد کروموزوم پایه (X=8) بودند (شکل ۱) و تنها از نظر فرمول کاریوتیپی (Karyotypic Formula; K.F)، در بین ژنوتیپ‌ها تنوع وجود داشت (جدول ۴). فرمول کاریوتیپی در ژنوتیپ‌های ۱، ۴، ۸ و ۲۱ به صورت  $19m + 2sm$  بود. همچنین ژنوتیپ‌های ۲، ۹ و ۱۴ فرمول کاریوتیپی  $17m + 4sm$  و ژنوتیپ‌های ۳، ۱۰، ۱۱ و ۱۸ دارای فرمول  $20m + 1sm$  بودند. در ژنوتیپ‌های ۵، ۶، ۱۵، ۱۷ و ۲۰ فرمول کاریوتیپی به صورت  $18m + 3sm$  گزارش شد. ژنوتیپ‌های ۷، ۱۳، ۲۲ و ۲۳ فرمول  $17m + 7sm$  و ژنوتیپ‌های ۱۶ و ۲۴ فرمول  $16m + 5sm$  داشتند. نهایتاً

تجزیه واریانس داده‌های مربوط به ویژگی‌های کاریوتیپی با استفاده از نرم‌افزار SAS و در قالب پنج تکرار انجام شد. همچنین، برای بررسی روابط بین صفات کاریوتیپی، تحلیل همبستگی و خوشه‌بندی به روش وارد (Ward) با استفاده از نرم‌افزارهای 8 GraphPad Prism و ClustVis انجام شد. تمامی نمودارها نیز با بهره‌گیری از نرم‌افزار XLSTAT ترسیم گردیدند.

## نتایج

نتایج نشان داد در بین ژنوتیپ‌ها از نظر سطح پلوئیدی و

ژنوتیپ‌های ۱۲ و ۱۹ دارای فرمول کاریوتیپی 21m بودند. براساس طبقه‌بندی جدول دوطرفه [Stebbins \(1971\)](#) گرفتند که نتایج آن در جدول ۴ ارائه شده است. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در کلاس‌های تقارن مختلف قرار



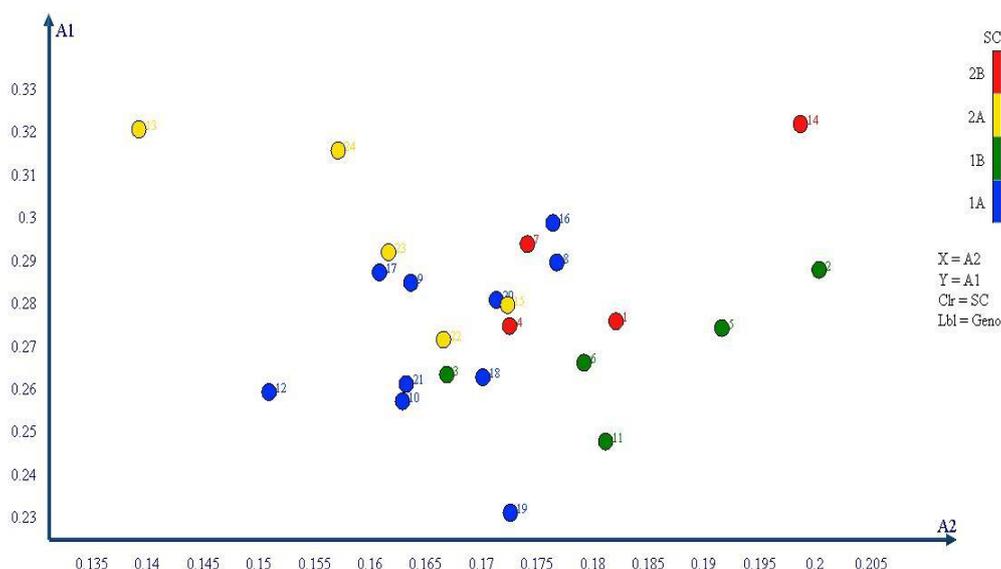
شکل ۱- کاریوتیپ سلول‌های متافازی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گونه *Elymus hispidus* var. *villosus*

Figure 1. Representative metaphase karyotypes of the studied *Elymus hispidus* var. *villosus* genotypes  
 The codes and origins of the genotypes are provided in Table 1. کد و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.

پایین‌ترین درجه تکامل قرار گرفت.

دیاگرام حاصل از پراکنش ژنوتیپ‌ها براساس مقادیر A1 و A2 نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی در گروه‌های کاملاً مجزا از یکدیگر قرار نگرفتند (شکل ۲). ژنوتیپ‌های متعلق به کلاس 1A با مقادیر پایین‌تر در شاخص‌های A1 و A2 در نواحی پایین‌تر و چپ‌تر گراف متمایز شدند که بیانگر ساختارهای کروموزومی متقارن‌تر می‌باشند. ژنوتیپ‌های کلاس 1B، با قرارگیری در موقعیت‌های میانی‌تر گراف، ساختار نسبتاً متقارنی را نشان دادند. در کلاس 2A، مشاهده شد که مقادیر بالاتری در شاخص A1 دارند و از نظر ساختاری در مرحله‌ای بین تقارن و عدم تقارن هستند. نهایتاً، ژنوتیپ‌های کلاس 2B، در نواحی بالاتر و راست‌تر نمودار پراکنش یافته و بیشترین میزان عدم تقارن ساختار کروموزومی را نشان دادند.

ژنوتیپ‌های ۸، ۹، ۱۰، ۱۲، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۱۹، ۲۰ و ۲۱ در کلاس 1A، ژنوتیپ‌های ۱۳، ۱۵، ۲۲، ۲۳ و ۲۴ در کلاس 2A، ژنوتیپ‌های ۲، ۳، ۵، ۶ و ۱۱ در کلاس 1B و ژنوتیپ‌های ۱، ۴ و ۷ در کلاس 2B قرار گرفتند. براساس پارامترهای کاریوتیپی، ژنوتیپ ۱۹ بیشترین درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) را دارا بود و کمترین مقدار شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1) را نشان داد که این موضوع بیانگر قرارگیری این ژنوتیپ در سطح پایین‌تری از تکامل کاریوتیپی است. در مقابل، ژنوتیپ ۱۴ کروموزوم‌هایی با نامتقارنی بیشتر و درجه بالاتری از تکامل را نشان داد. همچنین شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2) و اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۲ داشت که نشانگر سطح بالاتری از عدم تقارن و تکامل است، در حالی که ژنوتیپ ۱۳ کمترین مقدار این شاخص‌ها را دارا بود و در



شکل ۲- پراکنش ژنوتیپ‌های *E. hispidus var. villosus* براساس مقادیر شاخص نامتقارن بودن درون و بین کروموزومی (A1 و A2)

**Figure 2. Distribution of *E. hispidus var. villosus* genotypes based on the values of intrachromosomal and interchromosomal asymmetry indices (A1 and A2).**

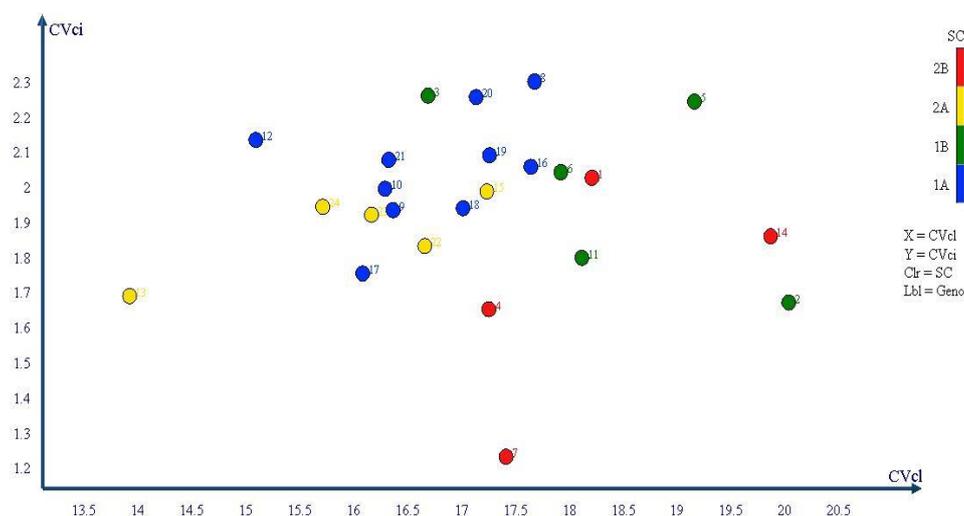
The codes and origins of the genotypes are provided in Table1. کد و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.

کروموزوم (rec) در ژنوتیپ ۱۳ بیشترین و در ژنوتیپ ۱۱ کمترین مقدار را دارا بود. از سوی دیگر، شاخص ارزش نسبی کروماتین (VRC) در ژنوتیپ ۱۹ بیشترین مقدار را نشان داد، در حالی که ژنوتیپ ۶ کمترین مقدار را داشت.

شاخص طول کروموزوم‌های هاپلوئید (HCL) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۲۲ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۵ داشت. شاخص پراکندگی (DI) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۱۴ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۱۰ نشان داد. شاخص تشابه اندازه

پراکنش دوبعدی شاخص‌های سیتوژنتیکی CVcl (ضریب تغییرات طول کروموزوم‌ها) و CVci (ضریب تغییرات شاخص سانترومیری)، ژنوتیپ‌های متعلق به کلاس 1A دارای مقادیر پایین‌تر CVci و CVcl بوده و از نظر ساختاری متقارن‌تر و احتمالاً ابتدایی‌تر هستند. ژنوتیپ‌های کلاس 1B نمایانگر تعادل نسبی بین تقارن و عدم تقارن کروموزومی‌اند. ژنوتیپ‌های کلاس 2A مقادیر متوسطی از CVci و CVcl را دارا بوده و احتمالاً بیانگر مراحل میانی در تکامل ساختار کروموزومی هستند. در نهایت، ژنوتیپ‌های کلاس 2B با بیشترین مقادیر CVci و CVcl بیشترین میزان ناهمگنی و عدم تقارن کروموزومی را نشان دادند که می‌تواند بازتابی از فرایندهای تکاملی پیشرفته‌تر یا سازگاری‌های ساختاری به شرایط محیطی باشد.

شاخص ناهمگنی کاریوتیپ (AI) در ژنوتیپ ۱۸ بیشترین مقدار و در ژنوتیپ ۲ کمترین مقدار را نشان داد. همچنین ضریب تغییرات طول کروموزوم (CVcl) در ژنوتیپ ۱۲ بیشترین تنوع را نشان داد و ژنوتیپ ۱ کمترین مقدار را داشت. ضریب تغییرات موقعیت سانترومر (CVci) نیز بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۲۴ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۸ دارا بود. بنابر نظر [Paszko \(۲۰۰۶\)](#) برای روشن‌تر شدن عدم تقارن کاریوتیپ‌ها براساس شاخص عدم تقارن (AI)، بایستی نمودار ضریب تغییرات طول کروموزومی (CVcl) در برابر ضریب تغییرات شاخص سانترومیری (CVci) که در محاسبه AI مورد استفاده قرار گرفته‌اند، رسم گردد تا براساس آن دید بهتری نسبت به تقارن کاریوتیپ‌ها بدست آورد. بنابراین نمودار ضریب تغییرات شاخص سانترومیری در برابر ضریب تغییرات طول کروموزومی رسم گردید (شکل ۳). براساس تحلیل نمودار



شکل ۳- پراکنش ژنوتیپ‌های *E. hispidus var. villosus* براساس مقادیر ضریب تغییرات طول کروموزومی (CVcl) و ضریب تغییرات موقعیت سانترومر (CVci). کدها و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ ارائه شده‌اند.

**Figure 3. Distribution of *E. hispidus var. villosus* genotypes based on the values of Coefficient of Variation of Chromosome Length (CVcl) and Coefficient of Variation of Centromeric Index (CVci). The codes and origins of the genotypes are provided in Table 1.**

مقدار را در ژنوتیپ ۸ دارا بود. شاخص تقارن کاریوتیپ (S%) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۹ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۱۹ داشت.

در نهایت، میانگین شاخص سانترومر (Xci) و میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca) بیشترین مقدار را به ترتیب در

درصد فرم بازو (F%) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۱۷ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۱ داشت. شاخص ناهمگنی کاریوتیپ آرانو (ASK%) بالاترین مقدار را در ژنوتیپ ۲۳ و پایین‌ترین مقدار را در ژنوتیپ ۶ نشان داد. نسبت بازوی بلند به کوتاه (r-value) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۴ و کمترین

میزان را داشت، همچنین برای شاخص سانترومری (CI)، در ژنوتیپ ۱۹ بیشترین و ژنوتیپ ۱۳ کمترین مقدار مشاهده شد (جدول ۴).

ژنوتیپ‌های ۲۰ و ۲۴ نشان دادند. همچنین شاخص تقارن کلی کاربوتیپ (syi) بیشترین مقدار را در ژنوتیپ ۳ و کمترین مقدار را در ژنوتیپ ۱۱ دارا بود. ژنوتیپ‌های ۱۴ و ۱۳ از نظر نسبت بازوها (AR) بیشترین میزان را داشتند و ژنوتیپ ۱۹ کمترین

جدول ۴- اطلاعات کاربوتیپی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه *E. hispidus* var. *villosus*

Table 3. Karyotypic information of the studied *E. hispidus* var. *villosus* genotypes

Genotype	SC	K.F	VRC	DRL	TF%	A1	A2	CVcl	CVci	Ai	HCL
1	2B	19m+2sm	11.401	3.391	41.845	0.275	0.182	18.207	2.024	0.369	239.431
2	1B	17m+4sm	10.615	3.810	41.527	0.287	0.200	20.032	1.669	0.334	222.919
3	1B	20m+1sm	11.202	3.018	42.193	0.263	0.167	16.687	2.258	0.377	235.246
4	2B	19m+2sm	11.115	2.875	41.721	0.274	0.173	17.251	1.650	0.285	233.407
5	1B	18m+3sm	11.114	3.661	41.893	0.274	0.192	19.158	2.242	0.429	233.388
6	1B	18m+3sm	10.033	3.383	42.040	0.266	0.179	17.919	2.040	0.366	210.686
7	2B	14m+7sm	11.049	3.334	40.798	0.293	0.174	17.411	1.229	0.214	232.026
8	1A	19m+2sm	11.424	3.196	41.302	0.289	0.177	17.676	2.298	0.406	239.909
9	1A	17m+4sm	10.223	2.824	41.438	0.284	0.164	16.363	1.932	0.316	214.686
10	1A	20m+1sm	11.398	2.835	42.544	0.257	0.163	16.289	1.993	0.325	239.353
11	1B	20m+1sm	11.250	3.433	42.731	0.247	0.181	18.114	1.796	0.325	236.257
12	1A	21m	10.134	2.700	42.382	0.259	0.151	15.090	2.132	0.322	212.816
13	2A	14m+7sm	10.855	2.457	39.995	0.320	0.139	13.921	1.687	0.235	227.950
14	2B	17m+4sm	11.160	3.630	39.872	0.321	0.199	19.864	1.857	0.369	234.355
15	2A	18m+3sm	11.112	3.086	41.612	0.279	0.172	17.233	1.985	0.342	233.344
16	1A	16m+5sm	10.297	3.336	40.888	0.298	0.176	17.641	2.056	0.363	216.238
17	1A	18m+3sm	10.605	3.018	41.273	0.287	0.161	16.082	1.751	0.282	222.701
18	1A	20m+1sm	10.694	2.980	42.226	0.262	0.170	17.012	1.938	0.330	224.578
19	1A	21m	10.407	2.955	43.293	0.231	0.173	17.258	2.088	0.360	218.543
20	1A	18m+3sm	12.164	3.113	41.742	0.280	0.171	17.133	2.254	0.386	255.434
21	1A	19m+2sm	10.808	3.111	42.310	0.261	0.163	16.323	2.075	0.339	226.967
22	2A	14m+7sm	10.320	3.120	41.841	0.271	0.167	16.658	1.830	0.305	216.711
23	2A	14m+7sm	11.837	2.726	41.054	0.292	0.162	16.163	1.919	0.310	248.583
24	2A	16m+5sm	10.756	2.959	40.451	0.315	0.157	15.711	1.942	0.305	225.873
Mean			10.916	3.123	41.624	0.279	0.171	17.133	1.944	0.333	229.230
StDev			0.538	0.327	0.831	0.022	0.014	1.388	0.241	0.049	11.310
SEM			0.110	0.067	0.170	0.004	0.003	0.283	0.049	0.010	2.310

ادامه جدول ۴

Continuation of Table 3.

Genotype	DI	rec	F%	ASK%	r-value	S%	Xci	Xca	syi	CI	AR
1	3.824	73.074	1.993	57.890	0.725	47.967	0.416	49.341	138.344	0.416	1.442
2	2.291	68.521	1.977	58.188	0.713	45.174	0.412	51.752	140.120	0.412	1.445
3	4.672	73.771	2.009	57.537	0.737	53.251	0.422	46.640	136.368	0.418	1.393
4	1.465	75.322	1.987	58.007	0.726	54.520	0.417	49.262	139.036	0.417	1.423
5	2.255	69.714	1.995	57.835	0.726	46.405	0.418	48.684	138.055	0.416	1.415
6	2.149	70.476	2.002	57.659	0.734	49.936	0.419	47.524	137.154	0.420	1.411
7	1.830	70.190	1.943	58.929	0.707	50.862	0.408	54.436	144.441	0.426	1.325
8	2.698	72.479	1.967	58.433	0.711	51.357	0.413	51.682	141.479	0.414	1.439
9	3.751	75.202	1.973	58.266	0.716	55.407	0.414	51.108	140.610	0.413	1.441
10	1.789	75.154	2.026	57.191	0.743	55.250	0.424	44.765	134.428	0.426	1.325
11	2.642	70.404	2.035	57.000	0.753	49.238	0.427	43.220	133.392	0.426	1.356
12	2.291	75.962	2.018	57.320	0.741	56.932	0.424	44.965	135.248	0.422	1.367
13	2.004	79.531	1.905	59.727	0.680	58.960	0.401	58.946	149.336	0.399	1.532

Genotype	DI	rec	F%	ASK%	r-value	S%	Xci	Xca	syi	CI	AR
14	3.470	70.266	1.899	59.858	0.679	46.433	0.401	58.770	150.126	0.400	1.522
15	2.113	73.195	1.982	58.116	0.721	52.572	0.415	50.440	139.662	0.414	1.443
16	2.789	72.909	1.947	58.818	0.702	48.926	0.410	53.626	143.852	0.410	1.461
17	1.232	72.845	1.965	58.442	0.713	53.827	0.413	51.332	141.600	0.413	1.439
18	1.704	73.941	2.011	57.491	0.738	53.729	0.421	46.460	136.150	0.420	1.395
19	2.820	74.726	2.062	56.416	0.769	53.635	0.432	39.941	130.313	0.429	1.331
20	2.722	73.568	1.988	58.010	0.720	51.905	0.417	49.840	138.972	0.403	1.428
21	2.783	73.113	2.015	57.410	0.739	52.236	0.422	46.213	135.689	0.421	1.399
22	1.485	71.775	1.992	57.866	0.729	52.980	0.416	49.673	138.299	0.415	1.449
23	3.574	76.696	1.955	58.690	0.708	56.101	0.412	52.575	142.957	0.410	1.431
24	2.060	75.927	1.926	59.268	0.685	52.816	0.403	57.404	146.520	0.401	1.512
Mean	2.517	73.282	1.982	58.099	0.721	52.101	0.416	49.942	139.670	0.415	1.422
StDev	0.851	2.576	0.040	0.833	0.022	3.481	0.008	4.696	4.820	0.008	0.056
SEM	0.174	0.526	0.008	0.170	0.004	0.710	0.002	0.959	0.985	0.002	0.011

The codes and origins of the genotypes are provided in Table 1

کد و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.

Karyotypic information of the abbreviation are provided in Table 2

نام کامل مخفف های کاربوتیبی در جدول ۲ آمده است

جدول ۴- میانگین مربعات، میانگین و اماره های توصیفی صفات کاربوتیبی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه *E. hispidus var. villosus*

Table 4. Mean squares, means, and descriptive statistics of karyotypic traits in the studied genotypes of *E. hispidus var. villosus*.

Genotypes	Chromosome length (CL) (μm)	Long arm length (LA) (μm)	Short arm length (SA) (μm)
1	11.40	6.60	4.77
2	10.63	6.17	4.40
3	11.28	6.46	4.74
4	11.12	6.45	4.63
5	11.11	6.43	4.65
6	10.02	5.78	4.21
7	10.12	5.77	4.35
8	11.40	6.67	4.72
9	10.20	5.95	4.23
10	11.69	6.81	4.84
11	11.25	6.41	4.80
12	10.17	5.80	4.29
13	10.89	6.48	4.37
14	11.17	6.68	4.44
15	11.17	6.45	4.62
16	10.29	6.05	4.21
17	10.28	6.19	4.37
18	10.63	6.17	4.52
19	10.39	5.87	4.50
20	11.24	6.48	4.52
21	10.88	6.23	4.57
22	10.32	5.97	4.31
23	11.86	6.96	4.86
24	10.76	6.37	4.35
Mean Square	0.272**	0.57**	1.496**
Mean	10.85	6.30	4.51
StDev	0.532	0.334	0.207
SEM	0.109	0.068	0.042

\*\* : Significant at the 1% level

\*\* : در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار است

The codes and origins of the genotypes are provided in Table1

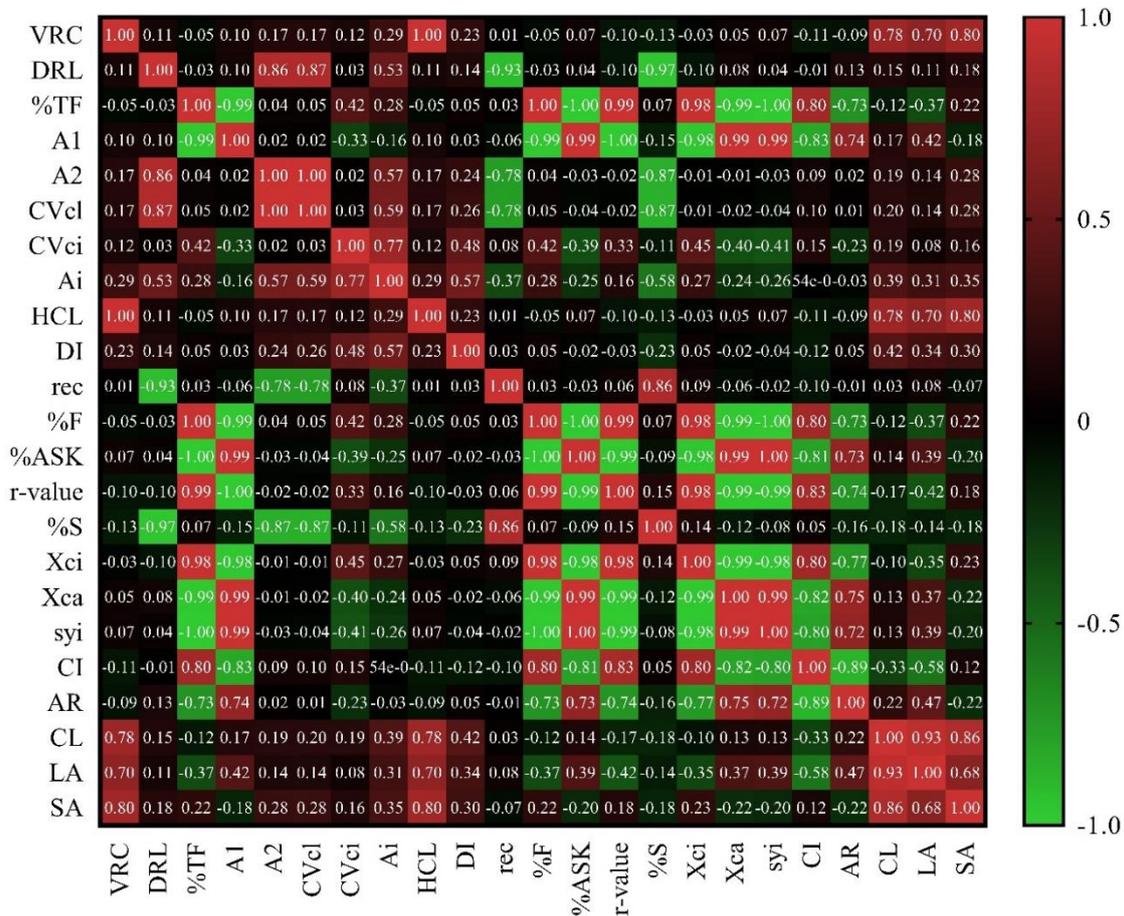
کد و منشأ ژنوتیب‌ها در جدول ۱ آمده است.

کروماتین (VRC) و میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca) همبستگی مثبت داشته و با متغیرهایی مانند درصد شکل کلی کروموزوم (TF%)، شاخص تشابه اندازه کروموزوم (rec) و نسبت بازوی بلند به کوتاه (r-value) همبستگی منفی مشاهده گردید. از سوی دیگر، طول بازوی کوتاه (SA) نیز با شاخص ارزش نسبی کروماتین (VRC) و برخی متغیرهای ساختاری مانند شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2)، شاخص سانترومری (CI)، نسبت بازوها (AR) و طول بازوی بلند (LA) همبستگی مثبت نشان داد، در حالی که با شاخص‌هایی مانند میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca)، میانگین شاخص سانترومر (Xci)، درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) و نسبت بازوی بلند به کوتاه (r-value) همبستگی منفی وجود داشت. نتایج همبستگی، نمایی جامع از روابط میان متغیرهای متعدد از جمله با شاخص ارزش نسبی کروماتین (VRC)، اختلاف طول نسبی کروموزوم (DRL)، درصد شکل کلی کروموزوم (TF%)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2)، ضریب تغییرات طول کروموزوم (CVcl)، ضریب تغییرات موقعیت سانترومر (CVci)، شاخص ناهمگنی کاریوتیپ (AI)، شاخص طول کروموزوم‌های هاپلوئید (HCL)، شاخص پراکندگی (DI)، شاخص تشابه اندازه کروموزوم (rec)، درصد فرم بازو (F%)، شاخص ناهمگنی کاریوتیپ آرانو (ASK%)، نسبت بازوی بلند به کوتاه (r-value)، شاخص تقارن کاریوتیپ (S%)، میانگین شاخص سانترومر (Xci)، میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca)، شاخص تقارن کلی کاریوتیپ (syi)، شاخص سانترومری (CI)، نسبت بازوها (AR)، طول کل کروموزوم (CL)، طول بازوی بلند (LA) و طول بازوی کوتاه (SA) را ارائه می‌دهد. همبستگی کامل مثبت میان شاخص ارزش نسبی کروماتین (VRC) و شاخص طول کروموزوم‌های هاپلوئید (HCL) و نیز همبستگی منفی کامل میان شاخص ناهمگنی کاریوتیپ آرانو (ASK%) و نسبت بازوی بلند به کوتاه (r-value) مشاهده شد. همچنین، متغیرهای درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) و درصد فرم بازو (F%) با شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1)

به منظور تعیین وجود یا عدم وجود تنوع در بین ژنوتیپ‌ها از طرح کاملاً تصادفی با ۵ تکرار استفاده گردید (جدول ۴). براساس تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌ها از نظر تمامی صفات کروموزومی اندازه‌گیری شده اختلاف معنی‌داری در سطح ۱ درصد وجود داشت، بنابراین برای صفات اندازه‌گیری شده تنوع معنی‌داری در بین ژرم‌پلاسماهای مورد بررسی وجود دارد (جدول ۴). نتایج نشان داد برای صفت طول کل کروموزوم (CL)، ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۱۰ با میانگین‌های ۱۱/۸۶ و ۱۱/۶۹ میکرون بیشترین طول کروموزومی و ژنوتیپ‌های ۶ و ۷ کمترین میانگین طول کروموزومی را داشتند. برای طول بازوی بلند (LA)، ژنوتیپ‌های ۲۳ و ۱۰ به ترتیب با ۶/۹۶ و ۶/۸۱ میکرون بیشترین مقدار و ژنوتیپ ۷ کمترین مقدار (۵/۷۷ میکرون) را نشان دادند. همچنین در طول بازوی کوتاه (SA)، ژنوتیپ‌های ۱۰ و ۲۳ بیشترین میانگین طول بازوی کوتاه و ژنوتیپ‌های ۶ و ۱۶ کمترین میانگین را داشتند. همانطور که ملاحظه می‌گردد روند میانگین‌ها برای سه صفت CL، LA و SA تقریباً شبیه به هم می‌باشد (جدول ۴).

ماتریس همبستگی روابط میان تمامی متغیرها، به‌ویژه سه صفت کلیدی طول کل کروموزوم (CL)، طول بازوی بلند (LA) و طول بازوی کوتاه (SA) را با بقیه متغیرها بخوبی نشان می‌دهد. نتایج حکایت از آن دارد که بین طول کل کروموزوم (CL) و طول بازوی بلند (LA) و نیز بین طول کل کروموزوم (CL) و طول بازوی کوتاه (SA)، همبستگی مثبت معنی‌داری وجود دارد. همچنین، همبستگی میان طول بازوی بلند (LA) و طول بازوی کوتاه (SA) نیز مثبت و قابل توجه است که بیانگر ارتباط ساختاری میان این سه شاخص مهم می‌باشد. بررسی همبستگی طول کل کروموزوم (CL) با سایر متغیرها، الگوهای متنوعی از همبستگی‌های مثبت و منفی را نشان می‌دهد. طول کل کروموزوم (CL) بیشترین همبستگی مثبت را با شاخص‌هایی مانند شاخص ارزش نسبی کروماتین (VRC)، شاخص سانترومری (CI) و شاخص تقارن کاریوتیپ (S%) دارد، در حالی که با برخی شاخص‌ها مانند درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) و درصد فرم بازو (F%)، همبستگی منفی مشاهده شد. طول بازوی بلند (LA) نیز با شاخص ارزش نسبی

و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2) همبستگی مثبت بالایی داشته و متغیرهای میانگین شاخص سانترومر (Xci) و میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca) نیز همبستگی منفی قابل توجهی با یکدیگر نشان دادند (شکل ۴).



شکل ۴- همبستگی صفات کاربوتیپی مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های *E. hispidus* var. *villosus* (شدت رنگ نشان‌دهنده مقدار ضریب همبستگی پیرسون است).

Figure 4. Correlation of studied karyotypic traits in *E. hispidus* var. *villosus* genotypes. The intensity of the color indicates the value of the Pearson correlation coefficient.

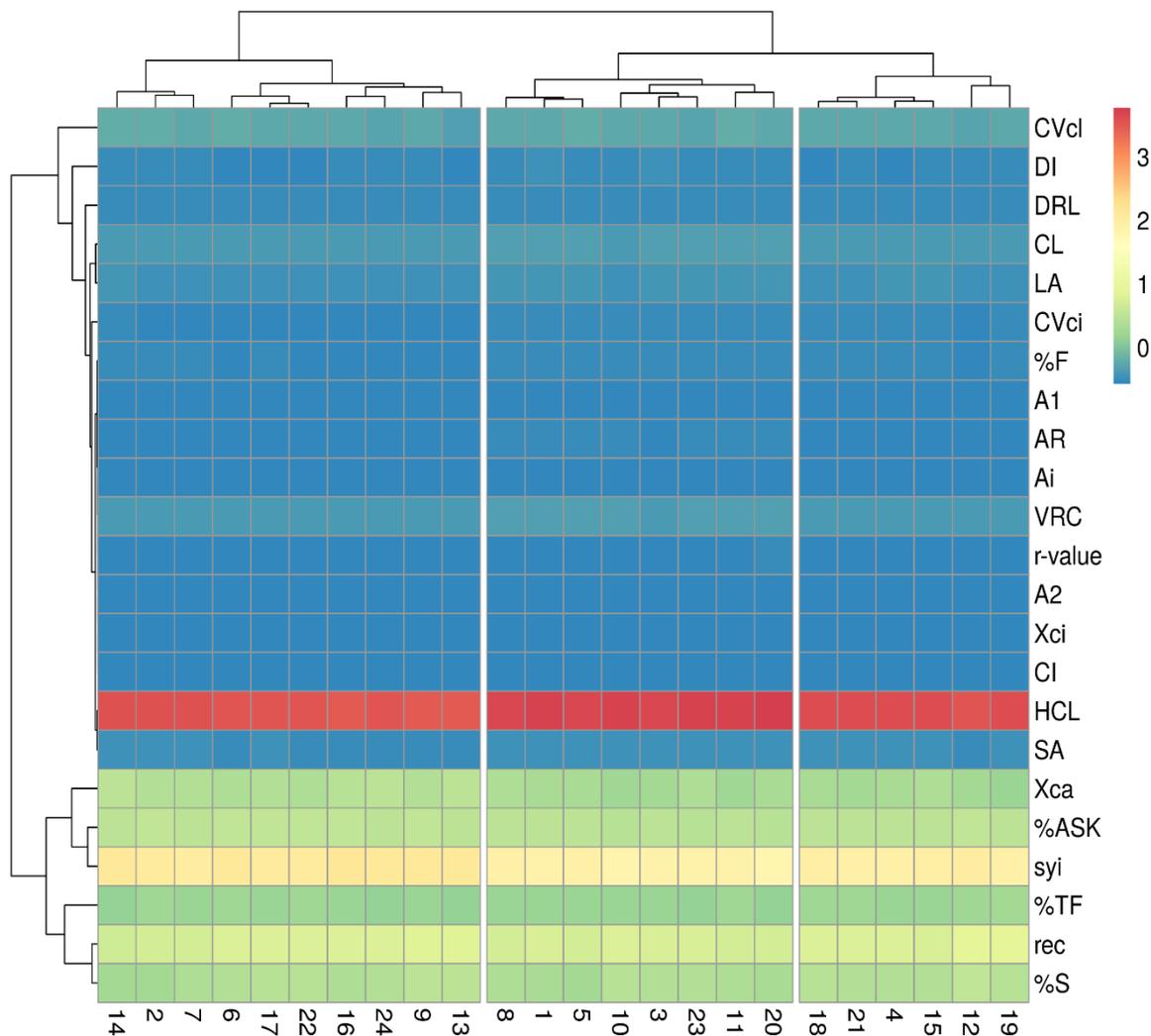
The codes and origins of the genotypes are provided in Table 1  
Karyotypic information (The abbreviation are provided in Table 2)

کد و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.  
نام کامل مخفف‌های کاربوتیپی در جدول ۲ آمده است

شاخص طول کروموزوم‌های هاپلوئید (HCL) و شاخص سانترومری (CI) بودند و بیانگر ساختارهای کروموزومی نسبتاً متقارن و پایدار می‌باشند. خوشه دوم شامل ژنوتیپ‌های ۳، ۲۳، ۱۱ و ۶ بوده که در بیشتر شاخص‌ها دارای مقادیر متوسط بودند. خوشه سوم، ژنوتیپ‌های ۱۴، ۲، ۷، ۹، ۲۲، ۱۶، ۲۴، ۱۷ و ۱۳ را دربر می‌گیرد که برخی از آنها (مانند ژنوتیپ‌های

نتایج تجزیه خوشه‌ای مبتنی بر ۱۹ شاخص سیتوژنتیکی و ساختاری با استفاده از نقشه حرارتی (Heatmap) و دندروگرام، تنوع قابل توجهی را میان ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نشان داد. ۲۴ ژنوتیپ مورد بررسی به سه خوشه اصلی تقسیم شدند. خوشه اول شامل ژنوتیپ‌های ۱، ۵، ۱۰، ۸، ۱۵، ۴، ۲۱، ۱۸ و ۲۰ است که عمدتاً دارای مقادیر بالاتر شاخص‌هایی مانند

۱۴ و ۲۴) دارای مقادیر نسبتاً بالاتری در شاخص‌های ساختاری مانند میانگین ناهمگنی سانترومر (Xca)، طول بازوی کوتاه (SA)، شاخص ناهمگنی کاریوتیپ آرانو (ASK%) و درصد شکل کلی کروموزوم (TF%) بودند (شکل ۵).



شکل ۵- دندروگرام تحلیل خوشه‌ای صفات سیتوژنتیکی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه *E. hispidus var. villosus* با استفاده از روش Ward

Figure 5. Dendrogram of cluster analysis of cytogenetic traits for the studied *E. hispidus var. villosus* genotypes using Ward's method

The codes and origins of the genotypes are provided in Table 1  
Karyotypic information (The abbreviation are provided in Table 2)

کد و منشأ ژنوتیپ‌ها در جدول ۱ آمده است.  
نام کامل مخفف‌های کاریوتیپی در جدول ۲ آمده است

### بحث

سانترومرها تقریباً در نقاط میانی کروموزوم‌ها قرار گرفته‌اند. آنالیز کاریوتیپی انجام شده روی ژنوتیپ‌های مختلف این گونه نشان‌دهنده تنوع معنادار در صفات کروموزومی بود. با وجود یکنواختی در سطح پلوئیدی (هگزاپلوئید با فرمول کروموزومی  $2n=6x=42$ )، نتایج نشان دادند که بین ژنوتیپ‌ها تفاوت‌های

تحلیل کاریوتیپی ژنوتیپ‌های مختلف *E. hispidus var. villosus* دیدگاه‌های مهمی درباره معماری کروموزومی و وضعیت تکاملی این ژنوتیپ‌ها ارائه داد. نتایج نشان داد که بیشتر ژنوتیپ‌ها دارای کروموزوم‌های متقارن بوده و

در این گونه دیده شدند، بیشتر تری‌والنت بودند و تعداد یونی‌والنت‌ها کم بوده که این الگو بیانگر پیچیدگی تقسیمات کروموزومی در این نوع از آگروپرون می‌باشد.

مقادیر شاخص‌های تقارن بین کروموزومی (A1)، درون کروموزومی (A2) و شاخص‌های دیگر مانند DRL و TF تفاوت معناداری بین ژنوتیپ‌ها نشان دادند. ژنوتیپ‌هایی مانند ۱۴ و ۲ با بالاترین مقادیر A1 و A2، ساختارهای غیرمقارن تری داشتند که آنها را در رده ژنوتیپ‌های با ساختارهای پیشرفته‌تر قرار می‌دهد. در مقابل، ژنوتیپ‌های ۱۳ و ۱۹ با شاخص‌های پایین‌تر، ساختاری مقارن‌تر و احتمالاً ابتدایی‌تر دارند که می‌تواند برای مطالعات فیلوژنتیکی یا شناسایی منابع ژنی اولیه مورد استفاده قرار بگیرند. شاخص‌هایی مانند HCL, rec, VRC و AR نیز به‌طور موفقیت‌آمیزی در تمایز ژنوتیپ‌ها از نظر ویژگی‌های کروموزومی استفاده شدند و نشان دادند که ژنوتیپ‌های ۲۲، ۱۳ و ۱۹ از نظر طول کل کروموزوم، شباهت اندازه، ارزش نسبی کروماتین و نسبت بازوها با یکدیگر تفاوت دارند. این ویژگی‌ها می‌تواند در تعیین ظرفیت‌های ژنتیکی و فیلوژنتیکی مورد استفاده قرار بگیرند. [Cai و Jones \(۱۹۹۷\)](#) در آنالیز ژنومی *Ag. elongatum* و *Ag. intermedium*، این دو گونه را به عنوان منابع ژنتیکی مناسب برای بهبود گندم معرفی کردند (در منابع جدید به ترتیب با نام‌های *Elymus elongatus* و *Thynopyrum intermedium* شناخته می‌شوند). براساس این پژوهش‌ها، *Ag. elongatum* تا آلودکا پلوئید ( $2n=70$ ) و *Ag. intermedium* آلودکا پلوئید ( $2n=42$ ) طبقه‌بندی شده‌اند که این موضوع بیانگر پیچیدگی و اهمیت ژنتیکی این گونه‌ها در اصلاح نباتات است. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌های *E. hispidus* var. *villosus* از نظر تمامی صفات کاربوتیپی اندازه‌گیری شده تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد وجود دارد. این اختلاف معنادار بیانگر وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در ساختار کروموزومی ژنوتیپ‌ها است و نشان می‌دهد که ژرم پلاسما‌های مورد مطالعه از نظر ویژگی‌های کروموزومی کاملاً متمایز هستند. وجود این تفاوت معنی‌دار در صفات مختلف، امکان تحلیل دقیق‌تر و تفکیک ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌کند و نشان‌دهنده اهمیت انتخاب معیارهای کاربوتیپی

قابل توجهی از نظر ویژگی‌های کاربوتیپی، شاخص‌های تقارن و ساختار کروموزومی وجود دارد. این یافته نشان می‌دهد اگرچه سطح پلوئیدی می‌تواند بیانگر شباهت ظاهری ژنومی باشد، اما ساختار داخلی کروموزوم‌ها ممکن است در نتیجه رویدادهای تکاملی، سازگاری‌های محیطی و فشار انتخابی متنوع، به صورت مستقل دچار تغییرات و تنوع شده باشد. فرمول‌های کاربوتیپی متنوع حکایت از تنوع ساختاری در کروموزوم‌ها دارند که ممکن است در بروز تفاوت‌های عملکردی و فیزیولوژیکی میان ژنوتیپ‌ها نقش ایفا کنند. این تنوع به‌ویژه در گونه‌های گراس‌های چندساله مرتعی که تحت تأثیر شرایط زیستی متنوع قرار دارند، اهمیت بیشتری دارد. مطالعات متعددی در زمینه سیتوژنتیک و تنوع کروموزومی گونه‌های مختلف آگروپرون انجام شده است که هر یک به نحوی تنوع و ساختار ژنتیکی این جنس گیاهی را روشن نموده‌اند. [Chen و همکاران \(۱۹۹۰\)](#) در بررسی‌های خود سطوح کروموزومی چند گونه آگروپرون را گزارش کردند؛ به‌طوری‌که *Ag. mongolicum* دارای سطح دیپلوئید ۱۴ کروموزومی ( $2n=14$ ) و *Ag. michnoi* و *Ag. deserturum* هر دو دارای ۲۸ کروموزوم ( $2n=28$ ) بودند. این نتایج بیانگر وجود تنوع عدد کروموزومی در گونه‌های مختلف این جنس می‌باشد.

براساس طبقه‌بندی Stebbins، ژنوتیپ‌های مورد بررسی در کلاس‌های 1A، 2A، 1B و 2B توزیع شدند. غالب بودن کلاس‌های 1A و 2A بیانگر ساختارهای مقارن‌تر و احتمالاً ابتدایی‌تر است، در حالی که کلاس 2B با تقارن کمتر و پیچیدگی بیشتر، ممکن است نمایانگر فرایندهای تکاملی پیشرفته‌تر و سازگاری‌های خاص محیطی باشد. چنین تنوعی در تقارن کروموزومی می‌تواند نتیجه فرایندهای تکاملی مستقل در جمعیت‌های محلی *E. hispidus* var. *villosus* باشد که با ویژگی‌های اکولوژیکی خاص مناطق رویشگاه خود هماهنگ شده‌اند. [Muramatsu \(۱۹۹۰\)](#) نیز در مطالعه سیتوژنتیکی *Ag. elongatum* که دیکاپلوئید ( $2n=70$ ) است (در منابع جدید با نام *Elymus elongatus* شناخته می‌شود)، فراوانی تشکیل دکاوالنت‌ها را بررسی کرد و متذکر شد که مولتی‌والنت‌هایی که

صفت مورفولوژیکی منفرد قابل اعتمادی برای تفکیک این دو گونه وجود ندارد و براساس این یافته پیشنهاد داد که *Ag. elongatiforme* به عنوان زیرگونه‌ای از *Ag. repens* طبقه‌بندی شود.

تحلیل خوشه‌بندی براساس شاخص‌های کاربوتیبی توانست ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به سه گروه مجزا تفکیک کند. این گروه‌بندی با طبقه‌بندی Stebbins و نتایج شاخص‌های آماری مانند AI، CVci و CVcl مطابقت داشت و نشان‌دهنده تنوع ساختاری معنی‌دار در بین ژنوتیپ‌ها بود. ژنوتیپ‌های گروه اول عمدتاً دارای کاربوتیب‌های متقارن و ساده‌تر بودند، در حالی که ژنوتیپ‌های گروه سوم دارای شاخص‌های بالاتری از عدم تقارن و پیچیدگی بودند. این طبقه‌بندی می‌تواند پایه مناسبی برای انتخاب والدین متنوع ژنتیکی در برنامه‌های اصلاحی باشد. اگرچه انتظار می‌رود شباهت یا تفاوت ژنتیکی تا حدی با فاصله یا نزدیکی جغرافیایی محل جمع‌آوری ژنوتیپ‌ها تطابق داشته باشد، اما نتایج این پژوهش نشان داد که در بسیاری از موارد، تنوع ساختاری کروموزومی با پراکنش جغرافیایی همخوانی نداشت. برخی از ژنوتیپ‌هایی که از مناطق نزدیک جمع‌آوری شده‌اند، در گروه‌های متفاوت خوشه‌بندی قرار گرفتند و از سوی دیگر، ژنوتیپ‌هایی از مناطق جغرافیایی دور در یک خوشه طبقه‌بندی شدند. این پدیده می‌تواند ناشی از عواملی مانند فشار انتخاب طبیعی، جریان ژنی بین جمعیت‌ها یا سازگاری مستقل ساختار کروموزومی به شرایط محیطی مشابه باشد. بر این اساس، می‌توان نتیجه گرفت که تنوع ژنتیکی و کاربوتیبی موجود در این گونه، بیشتر تحت تأثیر سازوکارهای درون‌گونه‌ای و تکاملی است و فاصله جغرافیایی نقش چندانی در این تنوع ندارد. این عدم تطابق، لزوم انجام مطالعات تکمیلی در سطوح مولکولی را برای ردیابی دقیق‌تر منشأ و مسیر تنوع ژنتیکی در گونه *E. hispidus var. villosus* نشان می‌دهد. [Farshadfar و Farshadfar \(۲۰۰۲\)](#) در مطالعه‌ای بر روی تنوع ژنتیکی برخی گونه‌های آگروپیرون براساس صفات کاربوتیبی، جمعیت‌ها را براساس سطح پلوئیدی به چهار دسته تقسیم کردند و برای جمعیت‌های تتراپلوئید بیشترین تنوع را در تغییرات کروموزومی گزارش نمودند.

برای ارزیابی تنوع ژنتیکی در این گونه است. نتایج میانگین صفات نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر صفات طول کل کروموزوم (CL)، طول بازوی بلند (LA) و طول بازوی کوتاه (SA) با یکدیگر تفاوت دارند. این نتایج نشان می‌دهد که صفات اندازه کروموزومی به خوبی قادر به تفکیک ژنوتیپ‌ها هستند و بیانگر توزیع نامتوازن این صفات در میان ژنوتیپ‌ها می‌باشند. روند مشابه تفاوت‌ها در سه صفت CL، LA و SA حکایت از ارتباط نزدیک و تأثیر متقابل این صفات در تنوع ساختاری کروموزوم‌ها دارد. [Rafezi و همکاران \(۲۰۰۹\)](#) با بررسی تنوع درون‌گونه‌ای ۱۷ اکسشن *Ag. elongatum* (در منابع جدید با نام *Elymus elongatus* شناخته می‌شود)، اختلاف معنی‌داری در صفات کاربوتیبی مشاهده کردند و به‌ویژه بر تنوع بالا در صفاتی مانند دامنه نسبی طول کل کروموزوم‌ها و میانگین طول کل کروموزومی تأکید داشتند که نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی قابل توجه در این گونه است. همچنین [Gorji \(۱۹۸۸\)](#) با ارزیابی تنوع سیتوژنتیکی میان پنج گونه آگروپیرون، تنوع گسترده‌ای در صفاتی مانند طول کل کروموزوم، طول بازوی کوتاه و طول بازوی بلند مشاهده کرد و برای گونه *Ag. trichophorum* (در منابع جدید با نام *E. hispidus var. villosus* شناخته می‌شود) نیز تنوع معنی‌داری در صفات کاربوتیبی گزارش نمود که نشان‌دهنده تفاوت‌های قابل توجه کروموزومی در این گونه می‌باشد.

بررسی همبستگی صفات نشان داد که شاخص‌های طول کروموزوم (CL) و نسبت بازویی (AR) همبستگی معناداری با شاخص‌های تقارن A1 و A2 داشتند که نشان می‌دهد افزایش طول یا نامتقارنی کروموزوم‌ها می‌تواند به تغییر در سطح پیچیدگی کاربوتیب منجر شود. به‌ویژه همبستگی مثبت بین A1 و A2 نشان‌دهنده این است که افزایش در یکی از ابعاد تقارن معمولاً با افزایش در بعد دیگر همراه است که می‌تواند در انتخاب نشانگرهای کاربوتیبی مؤثر برای مطالعات فیلوژنتیکی و اصلاحی مورد توجه قرار بگیرد. [Dewey \(۱۹۸۰\)](#) در پژوهشی روی خویشاوندی تاکسونومیک، سیتولوژیک و مورفولوژیک دو گونه *Ag. repens* (2n=42) و *Ag. elongatiforme* (2n=52-56) در ایران، نشان داد که هیچ

## نتیجه‌گیری

این مطالعه نشان داد که گونه *Elymus hispidus* var. villosus دارای تنوع سیتوژنتیکی و کاربوتیپی قابل توجهی است که می‌تواند منبعی ارزشمند برای اصلاح و بهبود این گونه در برنامه‌های اصلاح نباتات باشد. تفاوت‌های معنادار در شاخص‌های کروموزومی مانند طول کروموزوم‌ها، طول بازوهای بلند و کوتاه و شاخص‌های تقارن، بیانگر وجود تنوع ساختاری بالا در سطح ژنتیکی است. این تنوع می‌تواند در

جهت انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب با عملکرد و کیفیت علوفه مطلوب استفاده شود. استفاده از تنوع درون‌گونه‌ای، به‌ویژه از طریق تلاقی بین ژنوتیپ‌هایی با فاصله ژنتیکی زیاد (براساس تحلیل خوشه‌ای)، می‌تواند منجر به بروز پدیده هتروزیس و ارتقاء صفات کمی و کیفی شود. به‌کارگیری این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های تلاقی درون‌گونه‌ای، راهکاری مؤثر برای توسعه ارقام جدید با تحمل بالاتر به تنش‌های محیطی، بهبود عملکرد علوفه و افزایش پایداری بهره‌برداری از مراتع خواهد بود.

## References

- Arano, H., 1963. Cytological studies in subfamily Carduoideae (Compositae) of Japan IX. Botanic Magazine (Tokyo), 76: 32-39.
- Arano, H., 1980. Cytological studies in family Umbelliferae. 5. Karyotypes of seven species in subtribe Seselinae. La Kromosoma, 2: 471-480.
- Arzani, H., Zohdi, M., Fish, E., Amiri, G.Z., Nikkhah, A. and Wester, D., 2004. Phenological effects on forage quality of five grass species. Journal of Range Management, 57(6): 624-629.
- Assadi, M., 1995. Meiotic configuration and chromosome number in some Iranian species of *Elymus* L. and *Agropyron* Gaertner (Poaceae: Triticeae). Botanical Journal of the Linnean Society, 117(2): 159-168. doi.org/10.1006/boj.1995.0013
- Borowska-Zuchowska, N., Senderowicz, M., Trunova, D. and Kolano, B., 2022. Tracing the evolution of the angiosperm genome from the cytogenetic point of view. Plants, 11(6): 784.
- Boskabadi, Z., Naseri, K. and Mesdaghi, M., 2018. Effects of Time and Frequency of Clipping on Production and Regrowth of *Agropyron trichophorum* (Link) Richt in Emam Gholi Summer Rangelands, Ghochan, Iran. Journal of Rangeland Science, 8(4): 394-402.
- Bremer, E., Janzen, H.H. and McKenzie, R.H., 2002. Short-term impact of fallow frequency and perennial grass on soil organic carbon in a Brown Chernozem in southern Alberta. Canadian Journal of Soil Science, 82(4): 481-488.
- Cai, X., & Jones, S. S. 1997. Direct evidence for a high level of autosyndetic pairing in hybrids of *Thinopyrum intermedium* and *Th. ponicum* with *Triticum aestivum*. *Theoretical and applied genetics*, 95, 568-572.
- Chen, Q., Jahier, J. and Cauderron, Y., 1990. Intergeneric hybrids between *Triticum aestivum* and three crested wheatgrasses: *Agropyron mongolicum*, *A. michnoi*, and *A. desertorum*. Genome, 33(5): 663-667.
- Crawford, K.M. and Rudgers, J.A., 2013. Genetic diversity within a dominant plant outweighs plant species diversity in structuring an arthropod community. Ecology, 94(5): 1025-1035.
- Dewey, D.R., 1980. Morphological, cytological, and taxonomic relationships between *Agropyron repens* and *A. elongatiforme* (Gramineae). Systematic Botany, 5(1): 61-70.
- Distel, R.A., Arroquy, J.I., Lagrange, S. and Villalba, J.J., 2020. Designing diverse agricultural pastures for improving ruminant production systems. Frontiers in Sustainable Food Systems, 4: 596869.
- Farshadfar, M., & Farshadfar, A. 2002. Study of cytogenetic diversity of some *Agropyron* species in Iran. Pajouhesh va Sazandegi (Agriculture and Horticulture), (number), 14-18. (In Persian)
- Gorji, A. 1998. Study of genetic diversity of *Agropyron* species from cytogenetic and seed storage protein perspectives (Master's thesis). Faculty of Agriculture, University of Tehran. (In Persian)
- Greilhuber, J. and Speta, F., 1976. C-banded karyotypes in the *Scilla hohenackeri* group, *S. persica*, and *Puschkinia* (Liliaceae). Plant Systematics and Evolution, 126: 149-188.
- Gutiérrez, M.L., Rodríguez-González, R., Pascual-Díaz, J.P., Fuentes, I. and Garcia, S., 2023. Online Resources Useful for Plant Cytogenetics and Cytogenomics Research. In: Plant Cytogenetics and Cytogenomics: Methods and Protocols, pp. 549-560.
- Hughes, A.R., Inouye, B.D., Johnson, M.T., Underwood, N. and Vellend, M., 2008. Ecological

- consequences of genetic diversity. *Ecology Letters*, 11(6): 609-623.
- Huziwara, Y., 1962. Karyotype analysis in some genera of Compositae. VIII. Further studies on the chromosomes of Aster. *American Journal of Botany*, 49(2): 116-119.
  - Jump, A.S. and Peñuelas, J., 2005. Running to stand still: adaptation and the response of plants to rapid climate change. *Ecology Letters*, 8(9): 1010-1020.
  - Korpelainen, H., 2023. The role of home gardens in promoting biodiversity and food security. *Plants*, 12(13): 2473.
  - Kwasniewska, J. and Bara, A.W. 2022. Plant cytogenetics in the micronuclei investigation—the past, current status, and perspectives. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(3): 1306.
  - Lavania, U. and Srivastava, S., 1999. Quantitative delineation of karyotype variation in *Papaver* as a measure of phylogenetic differentiation and origin. *Current Science*: 429-435.
  - Lee, M.A., Davis, A.P., Chagunda, M.G. and Manning, P., 2017. Forage quality declines with rising temperatures, with implications for livestock production and methane emissions. *Biogeosciences*, 14(6): 1403-1417.
  - Levan, A., Fredga, K. and Sandberg, A.A., 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes.
  - Lugić, Z., Zornić, V., Petrović, M., Lazarević, Đ., Racić, N., Mandić, V. and Babić, S., 2025. Climate change and ecological sustainability in agriculture and food production in Serbia, the region and Southeastern Europe. *Proceedings*, pp. 115-127.
  - Mammadli, T., Babayeva, S. and Bayramov, B., 2024. Scientific bases for the use of some fodder plants disseminated in high mountainous areas in Nakhchivan. *Бюллетень науки и практики (Bulletin of Science and Practice)*, 10(8): 108-114.
  - Muramatsu, M., 1990. Cytogenetics of decaploid *Agropyron elongatum* (2n=70). I. Frequency of decavalent formation. *Genome*, 33(6): 811-817.
  - Paszko, B., 2006. A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices. *Plant Systematics and Evolution*, 258: 39-48.
  - Rafezi, A., Farshadfar, M., & Farshadfar, A. 2009. Intraspecific karyotypic variation of 17 genotypes of *Agropyron elongatum*. *Scientific-Research Biannual Journal of Genetics and Breeding of Rangeland and Forest Plants of Iran*, 17(1), 61–69. (In Persian).
  - Schäfer, D., Vincent, H., Fischer, M. and Kempel, A., 2020. The importance of genetic diversity for the translocation of eight threatened plant species into the wild. *Global Ecology and Conservation*, 24: e01240.
  - Schwarzacher, T., Liu, Q. and Heslop-Harrison, J., 2023. *Plant Cytogenetics: From Chromosomes to Cytogenomics*. In: *Plant Cytogenetics and Cytogenomics: Methods and Protocols*, pp. 3-21. Springer.
  - Stebbins, G.L., 1971. *Chromosomal evolution in higher plants*. London: Edward Arnold, 216 pages
  - Watanabe, K., Yahara, T., Denda, T. and Kosuge, K., 1999. Chromosomal evolution in the genus *Brachyscome* (Asteraceae, Astereae): statistical tests regarding correlation between changes in karyotype and habit using phylogenetic information. *Journal of Plant Research*, 112: 145-161.
  - Zarco, C.R., 1986. A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, 35(3): 526-530.