ژنتیک نوین
دوره نهم، شماره ۱، بهار ۱۳۹۳
صفحه ۵۶- ۴۹

بررسی سیتوژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های داخلی و خارجی گردوی ایرانی

Evaluation of the cytogenetic diversity in exotic and domestic Persian walnut cultivars

مریم مسی‌وند[۱]، محمد جعفرآقایی*[۲]، وحیده پیام‌نور[۱]، داراب حسنی[۲] و سجاد بکایی[۲]

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد و استادیار، دانشگاه منابع طبیعی گرگان
۲- به ترتیب دانشیار، استادیار و کارشناسی‌ارشد، موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر

Mosivand M[1], Jaffaraghaei M[*2] , Payamnour V[1], Hassani D[2], Bokaee S[2]

1.MSc Student and Assistant Professor, Natural Resources of Gorgan University
2. Associate Professor, Assistant Professor and MSc Student, Seed and Plant Improvement Institute, Karaj

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mjaghaei@spii.ir

(تاریخ دریافت: ۹۲/۴/۸- تاریخ پذیرش: ۹۲/۷/۳۰)

چکیده

به منظور بررسی تنوع سیتوژنتیکی و تعیین روابط خویشاوندی شش ژنوتیپ منتخب داخلی و خارجی گردوی ایرانی، کاریوتیپ نمونه های مورد مطالعه شامل ارقام Z63، Pedro، Z30، Serr، و ژنوتیپ‌های B21 و K72 با استفاده از یاخته‌های ریشه حاصل از کشت بذور مورد بررسی قرار گرفت. ده صفحه متافازی مناسب از هر نمونه انتخاب و تعداد کروموزوم‌ها و کاریوتیپ استاندارد برای جمعیت‌ها به طور جداگانه تهیه و پارامترهای کروموزوم‌ها شامل طول کروموزوم، بازوی بلند، بازوی کوتاه، نسبت بازوی کوتاه به کل، نسبت بازوی بلند به کوتاه و شاخص کروموزومی اندازه‌گیری شد. در نمونه‌های دیپلوئید، تعداد کروموزوم‌ها برابر ۲n=۳۲ و عدد پایه کروموزومی در آنها n=۱۶ بوده و تیپ کروموزوم‌ها از نوع متاسانتریک، ساب متاسانتریک و به ندرت تلوسانتریک و بدون ماهواره بودند. اندازه متوسط کروموزوم‌ها در ارقام این جنس ۸ میکرون محاسبه شد. با ا ستفاده از تجزیه کلاستر به روش "وارد" نمونه‌ها براساس خصوصیات کاریوتایپی به سه گروه مجزا تقسیم شدند به طوری‌که در گروه اول رقم‌های Z30, Z63, Pedro و K72 در گروه دوم ژنوتیپ B21 و در گروه سوم نیز Serr به تنهایی قرار گرفت.

واژه‌های کلیدی

تنوع ژنتیکی
کاریوتایپ
کروموزوم
دیپلوئید
گردوی ایرانی

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]

مقدمه

گردو گیاهی یک پایه متعلق به خانواده *Juglandace*ae است. این خانواده دارای ۶۰ گونه بوده که ۲۰ گونه آن در جنس *Juglans* قرارمی‌گیرد (Osman 1974; Mitra et al. 2002). این گیاه نیازمند مناطق معتدله مرطوب، خاکهای عمیق، حاصلخیز، لومی و زهکشی شده می‌باشد. رویشگاه آن از کوه‌های کارپات از شرق اروپا آغاز شده و با عبور از کشورهای ترکیه، عراق، ایران، افغانستان و جنوب کشور روسیه به سمت هیمالیا کشیده می‌شود (Arulsekar et al. 1986). در فلات ایران گردو از مناطق پست تا ارتفاع ۲۵۰۰ متری از سطح دریا، به صورت اهلی یا وحشی در مناطق شمال، غرب و مرکز شمال یافت می‌شود (Vahdati and Zareie 2006). در میان گونه‌های این جنس گردوی ایرانی (*J. regia*)، گونه‌ای چند منظوره و از نظر اقتصادی بسیار پراهمیت محسوب می‌شود. چوب پر نقش و نگار، استفاده از مغز و دانه و اهمیت آن در پارک سازی موید این مطلب هستند .طبق آمار (FAO 2010) ایران با تولید ۲۷۰۳۰۰ تن مقام سوم جهان را به خود اختصاص داده است. در این میان چین با تولید ۱۰۶۰۶۰۰ تن در مقام اول، آمریکا با تولید ۴۵۸۰۰۰ تن در مقام دوم و ترکیه با تولید ۱۷۸۱۴۲ تن در مقام چهارم جهان جای دارد. نقش عمومی سیتوژنتیک فراهم آوردن اطلاعات کمی روی تاریخچه تکاملی گیاه، بررسی سیتولوژیکی و تعیین مشخصات آن، قرابت گونه‌ها و از این قبیل موارد است. برخی از این اطلاعات جهت دسترسی به اهداف اصلاحی و تعیین استراتژی مناسب ضروری است و وجود اختلاف در شکل و اندازه کروموزوم‌ها می‌تواند بیانگر اختلاف ژنتیکی باشد (Sheidai et al. 2002) لذا بررسی‌های کروموزومی برای مطالعات ژنتیکی و اصلاحی در گیاهان مختلف از اهمیت بالایی برخوردار هستند. بررسی تفاوت تعداد کروموزوم ها و سطح پلوئیدی از نقطه نظر بررسی امکان تلاقی بین گونه‌ای و یا دورگه‌سازی سوماتیکی اهمیت دارد (Bauchan 1998). مورفولوژی کروموزوم می‌تواند به عنوان یکی از مفیدترین معیارها جهت بررسی روابط تاکسونومیکی باشد (Stebbins 1971). با توجه به اینکه مطالعات کروموزومی در گونه مورد نظر محدود است. Tulecke et al. (2003) اقدام به تکثیر گونه ایرانی (*J. regia*) در شرایط درون شیشه‌ای با استفاده از بافت‌های آندوسپرمی بذور کرده سپس مطالعات کروموزومی بر روی گیاهچه‌ی حاصله انجام دادند. Yajima et al. (1997) خصوصیات کروموزوم‌های گردو (*J. regia*) را بررسی کرده‌اند. در ایران (Hosseiny 1388) نیز تجزیه کروموزومی گردوی ایرانی (رقم هارتلی) را انجام داده و آنرا دیپلوئید دانسته است. هدف از انجام این تحقیق بررسی سیتوژنتیکی برخی ارقام خارجی و داخلی گردوی ایرانی (*J. regia*) و طبقه‌بندی نمونه‌های بررسی شده جهت استفاده در مطالعات به‌نژادی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های مورد بررسی شامل: ارقام و ژنوتیپ‌های گردوی ایرانی (*J. regia*)، از بخش تحقیقات باغبانی موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه و در آزمایشگاه سیتوژنتیک بانک ژن گیاهی ملی ایران، مورد مطالعه قرار گرفتند. از نمونه‌های فوق دو رقم Pedro و Serr از ارقام خارجی گردوی ایرانی هستند (جدول۱).

از هر نمونه ۴۰ عدد بذر انتخاب و برای شکستن خواب در کیسه های پلاستیکی محتوی پرلیت مرطوب، به مدت ۳ ماه در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد نگهداری و مرتب هوادهی شد. پس از حذف خواب، بذور در گلدان‌های دو طبقه کاشته شدند تا امکان برداشت ریشه‌های تازه از فاصله میان دو گلدان فراهم شود. ریشه ها با محلول ۰/۰۰۲ مولار ۸- هیدروکسی کینولین[1] به مدت سه ساعت در یخچال با دمای چهار درجه سانتی‌گراد، پیش‌تیمار شدند. جهت تثبیت کروموزوم‌ها، ریشه‌های شسته شده به مدت ۳۶ تا ۴۸ ساعت، در محلول لویتسکی (یک قسمت محلول اکسید کرومیک ۰/۱ و یک قسمت فرمالدهید ۰/۱۰) در دمای چهار درجه سانتی‌گراد قرار داده شده و سپس به مدت ۳ ساعت در جریان آب روان قرار گرفتند. جهت هیدرولیز ریشه‌ها از محلول هیدروکسید سدیم یک نرمال به مدت ۱۷ دقیقه استفاده و سپس شستشو به مدت ۱۵ دقیقه با آب مقطر انجام شد. رنگ‌آمیزی با

[1] Hydroxy quinolin-8

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]

جدول۱- مشخصات و مبدا جمع آوری نمونه های مورد مطالعه

مبدا جمع آوری شده	*(J. regia)* ژنوتیپ‌های گردوی ایرانی	ردیف	مبدا جمع آوری شده	*(J. regia)* ارقام گردوی ایرانی	ردیف
ایران	B21	۱	آمریکا	Serr	۱
ایران	k72	۲	آمریکا	Pedro	۲
-	-		ایران	Z30 (دماوند)	۳
-	-		ایران	Z63 (جمال)	۴

استفاده از استوآیرون هماتوکسلین[1] با روش (Agayave 1998 2002) انجام و پس از آن نمونه‌ها در دمای ۳۵-۳۰ درجه سانتی گراد به مدت ۱۶ ساعت نگهداری شدند. برای حل شدن دیواره یاخته‌ها از آنزیم سیتاز به مدت ۲۴ ساعت در دمای چهار درجه سانتی‌گراد استفاده شد. اسکواش با استفاده از استیک اسید ۴۵ درصد و دائمی کردن نمونه‌ها با فاز گازی نیتروژن مایع به مدت ۵-۳ دقیقه انجام شده و نمونه‌ها عکسبرداری شدند. ویژگی‌های سیتولوژیکی شامل طول کروموزوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، نسبت بازوی کوتاه به کل، بازوی نسبی (نسبت بازوی بلند به کوتاه) و شاخص کروموزومی به عنوان شاخص تمایز نمونه‌ها استفاده شد. کروموزوم‌ها بر اساس روش (Leaven et al. 1964) و با توجه به مکان سانترومر نامگذاری شدند. جهت اندازه‌گیری و تجزیه پارامترهای سیتوژنتیکی و کاریوگرام از نرم‌افزارهای Micro Measure, Exell و SPSS استفاده شد.

نتایج و بحث

بررسی‌های سیتولوژیکی نشان داد که چهار رقم Z30, Z63 (Pedro، Serr) و دو ژنوتیپ K72, B21 از گردوی ایرانی، همگی دیپلوئید و دارای ۳۲ کروموزوم و فاقد ماهواره هستند (جدول۲). تعداد کروموزوم و تشریح کاریوتیپ مربوط به ارقام و ژنوتیپ های مورد مطالعه در (جدول۳) و میانگین و انحراف معیار به دست آمده از صفات اندازه‌گیری شده از نمونه‌های مختلف در (جدول۴) نشان داده شده است.

در رقم سر (Serr) از مجموع ۱۶ جفت کروموزوم ۱۳ جفت کروموزوم بزرگ و ۳ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد (کروموزوم‌هایی که طول آنها بیشتر از ۱/۷ میکرون اندازه‌گیری شدند بزرگ، کروموزوم‌های کمتر از ۱/۷ میکرون کوچک نامیده شدند). کروموزوم‌های همولوگ شماره ۱، ۴، ۸ ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها به صورت متاسانتریک هستند. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۸/۸۳ میکرون و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۴۹ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۷/۵۰ تا ۵/۵۱ متغیر اندازه گیری شد. طول بازوی کوتاه ۳/۵۵ میکرون و بازوی بلند ۵/۲۷ میکرون اندازه‌گیری شد. در رقم دماوند (Z30) ۱۲ جفت کروموزوم بزرگ و ۴ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد. کروموزوم‌های همولوگ شماره ۱، ۵، ۷، ۹، ۱۰، ۱۳ و ۱۴ ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها به صورت متاسانتریک دیده شدند. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۷/۲۸ میکرون و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۶۲ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۸/۸۷ تا ۶/۴۳ میکرون متغیر اندازه‌گیری شد. طول بازوی کوتاه ۲/۸۸ میکرون و بازوی بلند ۴/۴ میکرون اندازه‌گیری شد. در رقم جمال (Z63)۴ جفت کروموزوم بزرگ و ۱۲ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد. کروموزوم‌های همولوگ شماره ۱، ۵، ۴، ۶، ۷، ۱۲، ۱۴، ۵ متاسانتریک، هفت جفت ساب متاسانتریک و یک جفت آکروسانتریک دیده شد. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۷/۰۴ و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۳۶ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۵/۳۰ تا ۷/۴۳

[2] Aceto- Iron-Hematoxline

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]

جدول۲- نام‌گذاری کروموزوم بر اساس نسبت بازوها (Leaven et al. 1964)

نوع کروموزوم		نسبت بازوها	مکان سانترومر
متاسنتریک	m	۱/۰	نقطه میانی
متاسنتریک	m	۱/۷	منطقه میانی
ساب- متاسنتریک	s. m	۳/۰	نیمه میانی
آکروسنتریک	a	≥۷/۰	منطقه انتهایی
تلوسنتریک	t	∞	نقطه انتهایی

جدول۳- تعداد کروموزوم و تشریح کاریوتیپ مربوط به ارقام و ژنوتیپ‌های گردو

گونه	تعداد کروموزوم ها	کاریوتیپ	دامنه اندازه (µm)
serr	۲n=۲x=۳۲	۱۳m+۳sm	۵/۵۱ – ۷/۵۰
Z30	۲n=۲x=۳۲	۱M+۸m+۷ sm	۶/۴۳ – ۸/۸۷
Z63	۲n=۲x=۳۲	۱M+۷m+۷ sm+۱a	۵/۳۰ – ۷/۴۳
Pedro	۲n=۲x=۳۲	۱M+۱۰m+۵ sm	۵/۰۴ – ۹/۲۴
K72	۲n=۲x=۳۲	۱۳m+۳ sm	۵/۸۱ – ۸/۰۷
B21	۲n=۲x=۳۲	۱M+۹m+۶ sm	۵/۵۱ – ۷/۵۰

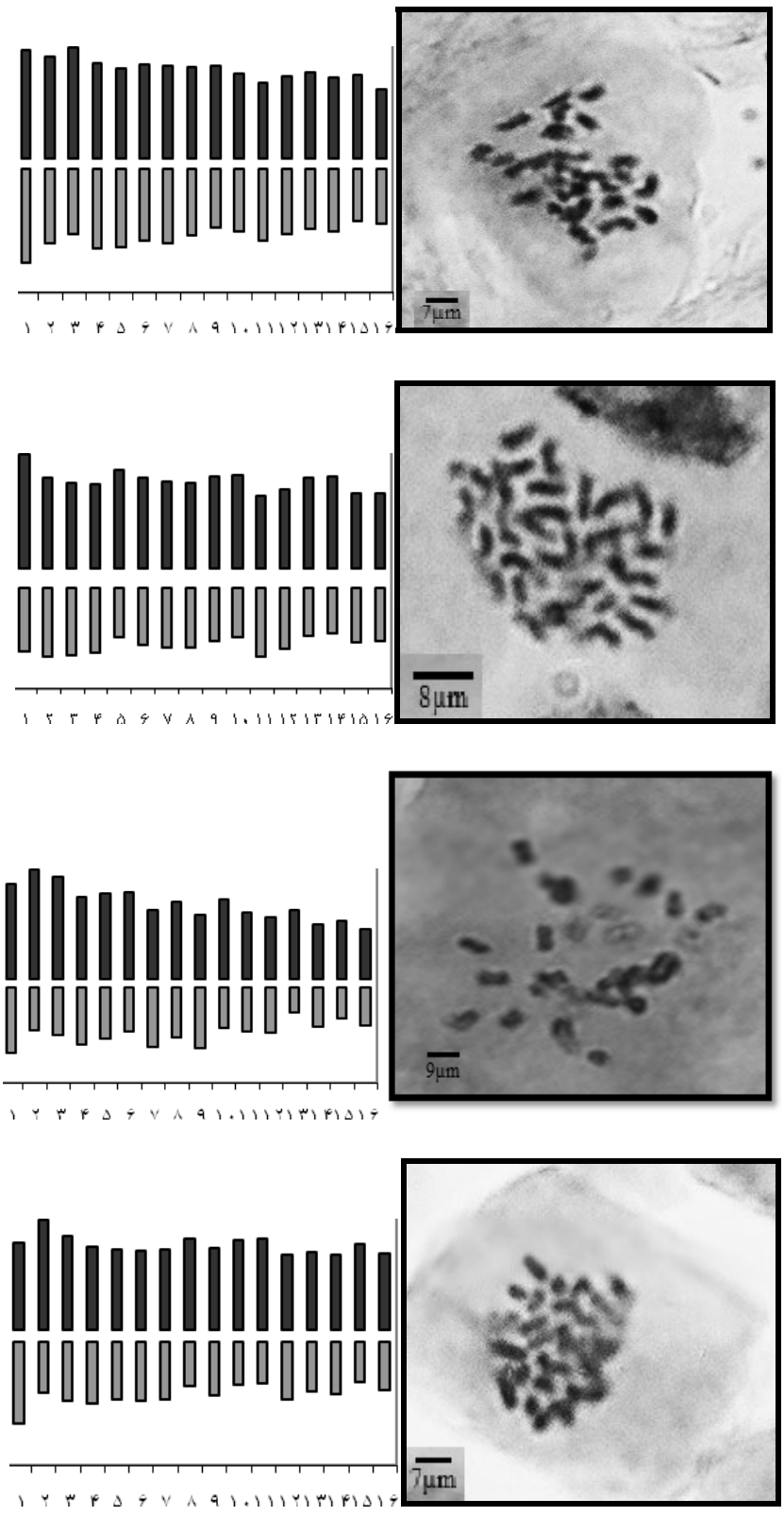
جدول۴- میانگین و انحراف معیار به دست آمده از صفات اندازه گیری شده از نمونه‌های مختلف

گونه	طول کل کروموزوم‌ها (هاپلوئید)	میانگین بازوی بلند	میانگین بازوی کوتاه	% of set	(L/S) بازوی نسبی	CI
serr	۸/۸۳±۱/۶۶	۵/۲۷±۱/۱۴	۳/۵۵±۰/۶۷	۰/۰۳۲±۰/۰۵۳	۱/۴۹±۰/۲۰	۰/۴۱±۰/۰۳
Z30	۷/۲۸±۱/۱۷	۴/۴±۰/۸۰	۲/۸۸±۰/۶۱	۰/۰۳۱±۰/۰۴۷	۱/۶۲±۰/۳۲	۰/۳۹±۰/۰۴
Z63	۷/۰۴±۰/۸۳	۳/۱±۰/۵۵	۳±۰/۴۲	۰/۰۳۱±۰/۰۳۷	۱/۳۶±۰/۱۹	۰/۴۳±۰/۰۳
Pedro	۷/۰۶±۰/۵۳	۴/۳۸±۰/۳۸	۲/۶۷±۰/۲۳	۰/۰۳۱±۰/۰۲۴	۱/۶۸±۰/۰۳	۰/۳۸±۰/۰۰۳
K72	۶/۷۱±۱/۳۷	۳/۹۸±۰/۸۸	۲/۷۲±۰/۶۷	۰/۰۳۱±۰/۰۵۲	۱/۵۷±۰/۳۹	۰/۴۲±۰/۰۹
B21	۶/۱۵±۱/۰۳	۳/۷۱±۰/۷۴	۲/۳۸±۰/۴۸	۰/۰۳۱±۰/۰۵۳	۱/۶۶±۰/۳۷	۰/۳۹±۰/۰۴

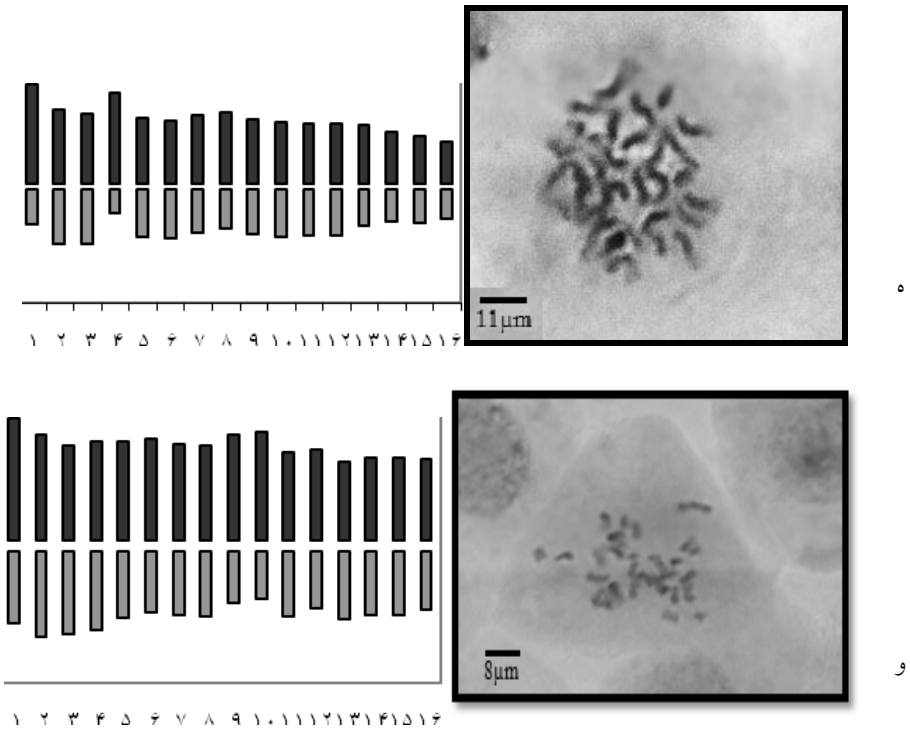
(L/S) = میانگین نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه کروموزوم؛ (100 ×S/L+S) = % of Set ; CI میانگین نسبت بازوهای کوتاه به کل

میکرون متغیر بود. طول بازوی کوتاه سه میکرون و بازوی بلند ۱/۳ میکرون اندازه‌گیری شد. در رقم (Pedro) دو جفت کروموزوم بزرگ و ۱۴ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد. کروموزوم‌های همولوگ شماره ۳، ۲، ۱۳،۱۰،۱۵ ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها به صورت متاسانتریک دیده شد. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۷/۰۶ میکرون و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این رقم ۱/۶۸ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۹/۲۴ تا ۵/۰۴ میکرون متغیر اندازه‌گیری شد. طول بازوی کوتاه ۲/۶۷ میکرون و بازوی بلند ۴/۳۸ میکرون اندازه-گیری شد. در رقم K72، از مجموع ۱۶ جفت کروموزوم، ۴ جفت

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]



[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]



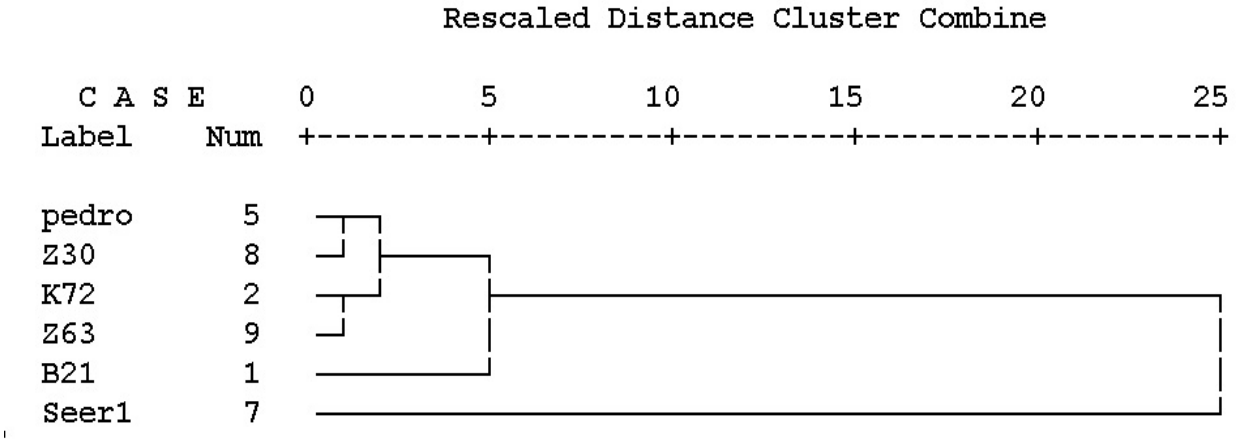
شکل ۱- نمایش کاریوتایپ و ایدیوگرام گردو. الف) رقم جمال؛ ب) رقم دماوند؛ ج) رقم Pedro؛ د) رقم B21؛ ه) رقم serr؛ و) رقم K72. محور افقی ایدوگرام شماره کروموزوم‌ها و محور عمودی بیانگر طول نسبی کروموزوم‌ها است.

کروموزوم بزرگ و ۱۲ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد. کروموزوم‌های همولوگ شماره ۱، ۴، ۸ ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها به صورت متاسانتریک دیده شدند. میانگین طول کروموزم‌های هاپلوئید ۶/۷۱ میکرون و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۵۷ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۸/۰۷ تا ۵/۸۱ میکرون متغیر اندازه‌گیری شد. طول بازوی کوتاه ۲/۷۲ میکرون و بازوی بلند ۳/۹۸ میکرون اندازه-گیری شد. در ژنوتیپ (B21) دو جفت کروموزوم بزرگ و ۱۴ جفت کروموزوم کوچک مشاهده شد. کروموزوم‌های همولوگ شماره ۳، ۲، ۸، ۱۵،۱۰،۱۱ ساب‌متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها به صورت متاسانتریک دیده شد. میانگین طول کروموزم‌های هاپلویید ۶/۱۵ میکرون و میانگین طول بازوی بلند به بازوی کوتاه در این گونه ۱/۶۶ میکرون برآورد شد. طول کروموزوم‌ها از ۷/۵۰ تا ۵/۵۱ میکرون متغیر اندازه‌گیری شد. طول بازوی کوتاه ۲/۳۸ میکرون و بازوی بلند ۳/۷۱ میکرون اندازه‌گیری شد. (شکل۱) کروموزوم‌ها، ایدیوگرام کروموزوم‌های هاپلویید مربوط به نمونه های مورد بررسی را نشان می‌دهد. چنانچه مشاهده می‌شود ماهواره در هیچکدام از نمونه‌های مورد مطالعه در سطح کروموزوم‌ها مشاهده نشد. تجزیه کلاستر حاصل از ۶ ژنوتیپ/رقم در (شکل۲) نشان داده شده است. دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر به دست آمده با استفاده از روش وارد[1] می‌باشد. این دندروگرام به نوعی برگرفته از میانگین کلی از صفات مورد نظر (طول کروموزوم، بازوی بلند، بازوی کوتاه، نسبت بازوی کوتاه به کل، نسبت بازوی بلند به کوتاه و شاخص کروموزومی) به عنوان متغیر، بر روی نمونه‌های مورد ارزیابی قرار گرفته می-باشد. نمونه‌های مورد بررسی در سه گروه مجزا تقسیم شدند. در گروه اول رقم‌های Pedro, Z63, Z30, K72 قرار گرفتند و در گروه دوم ژنوتیپ B21 و در خوشه سوم نیز رقم گردوی ایرانی Serr به تنهایی قرار گرفت. بنابراین تصور می‌شود سه دسته زیرمجموعه به لحاظ تنوع سیتولوژیکی وجود دارد.

در ارزیابی تنوع سیتوژنتیکی ارقام و ژنوتیپ‌های داخلی و خارجی گردوی ایرانی مشخص شد Hosseini (1388) و (2003) Yajima et al. نیز به چنین نتایجی دست یافته و کروموزوم‌ها را

[1] Ward

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]



شکل ۲- دندروگرام نمونه‌های گردوی ایرانی مورد مطالعه براساس روش وارد

دیپلویید و تعدادشان را در گردوی ایرانی ۳۲ عدد گزارش کردند، ولی (Tulecke et al. 2003) در منطقه مورد مطالعه کروموزوم‌ها را تریپلویید و برابر ۴۸= ۳x= ۲n گزارش کردند. نتایج به‌دست آمده به لحاظ کاریوتیپیک با نتایج (Hosseiny 1388) مبنی بر اینکه اکثر کروموزوم‌ها از نوع متاسانتریک، ساب متاسانتریک و به ندرت تلوسانتریک و بدون ماهواره بوده مطابقت دارد. Pogosyan et al. (1976) گزارش کردند، تفاوت معناداری در مورفولوژی کروموزوم‌های گردو دیده نشده که شامل ۱۰ کروموزوم متاسنتریک و ۲۲ کروموزوم آکروسنتریک بودند که مغایر با نتایج حاصل از این تحقیق است. طول کلی کروموزوم‌ها در تحقیق حاضر بین ۹/۲۴ تا ۵/۰۴ میکرون اندازه‌گیری شد که با نتایج حاصل از (Zakhar'eva et al. 1982)، بزرگترین طول کروموزوم در همه نمونه‌ها کمتر از ۱/۷ میکرومتر و کوچکترین آن ۰/۸ میکرومتر بود و همچنین (Hosseiny 1388) اندازه ۳۲ کروموزوم از۱/۴ تا ۳/۷۷ میکرومتر متفاوت بود مغایرت دارد. اگرچه نمونه-های مورد مطالعه در این تحقیق همگی دیپلویید و ۲n=۳۲ شمارش شدند و تیپ اکثر کروموزوم نمونه‌های بدست آمده در این تحقیق بر طبق روش Leaven et al. (1964) از نوع متاسانتریک و ساب‌متاسانتریک مشاهده شد، ولی وجود تفاوت در صفات مورد بررسی از جمله (طول کلی کروموزوم‌ها، میانگین بازوی بلند و میانگین بازوی کوتاه و..) باعث شد که تجزیه کلاستر نمونه‌ها را به سه دسته مجزا تقسیم کند. با توجه به اینکه طول کروموزوم در رقم Serr بیشتر از سایر نمونه‌ها به دست آمد این رقم در خوشه‌ای جداگانه قرار گرفت. همچنین ژنوتیپ B21 نیز دارای کمترین طول کروموزوم در میان نمونه‌های مورد بررسی است که در خوشه‌ای جداگانه قرار گرفته است (شکل۲).

منابع

Agayave YM (1998) Advanced squash for investigation of plants. Chromosomes. fourth Iranian Congress on crop production and Breeding Science, Isfahan University Technology, Isfahan , Iran 1-20 (In Farsi).

Agayave YM (2002) New feutures in karyotype structure and origin of saffron, *Rcous sativus* L. Cytologia 67: 245-252 (In Farsi).

Arulsekar S, MC Granahan GH, Parfitt DE (1986) Inheritance of hosphoglucomutase and esterase isozymes in Persian walnut, Journal of Heredity 77: 220-221.

Bauchan GR, Hossain MA (1998) Karyotypic analysis of N-banded chromosomes of diploid alfalfa: Medicago sativus ssp. Caeruleo and ssp. Palcata and their hybrid. Journal of Heredity 98: 191-193.

FAO (2010) FAOSTAT. Food and agriculture commodities production. Available at http:// faostat. fao. org/site /339/default .aspx. FAO,Rome, Italy.

Hosseiny M, Lotfi M, Vahdati K, Hasani D (2009) Haploiydy Induction in Walnut by pollen. Proceeding of Sixth Iranian Horticultural Science Congress.Rasht Iran (In Farsi).

Leaven A, Fredga K, Sandberg A (1964) Nomeclature for centromic Position on choromosemes. Hereditas 52:201-220.

Mitra SK, Rathor DS, Bose Tk (1991) Temprate Friuts. Horticulture and Allied Pub. India 646 p.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]

Osman AM, Reuther A, Erickson LC (1974) Xenia and metaxenia studies in the date palm phoenix dactylifera L. date Growers Institute Report. electrophoretic and ecological analysis of Quercus acrocarpa population in Black hill of South 51: 6-7.

Pogosyan AI, Kartelev VGA (1976) Comparative caryological analysis of two natural botanical varieties of walnut (*Juglans* regia L.). Institut botanik, Armenia SSR. Biologicheskii Zhurnal Armenii (Hayastani Kensabanakan Handes) 4: 89-91.

Sheidai M, Zogagi-far S, Khanafshar S, Zehzad B (2002) Karyotypic study in some Iranian species and populations of Tulipa L. (Liliaceae). CARYOLOGIA-FIRENZE- 55: 81-89.

Stebbins GL (1971) Chromosomal evolution in higher plants. Chromosomal evolution in higher plantsContemporary biologySeries of student texts in contemporary biology, London: the University of Michigan, Edward Arnold Publisher Ltd, London 216 page.

Tulecke W, McGranahan G, Ahmadi H (2003) Regeneration by somatic embryogenesis of triploid plants from endosperm of walnut, Juglans regia L. cv Manregian. Antioch Coll., Yellow Springs, OH 45387, USA Journal. Plant Cell Reports 1988 5: 301-304.

Vahdati K, Zareie N (2006) Evaluation of side-stub and hypocotyle grafting efficiency for walnut propagation in Iran. Acta Horticulturae, Juglans regia walnuts 705:175-179.

Yajima M, Watanabe Y, Yanagisawa K, Shomura S, Chino S, Oyamada S, Sato S, Torra-Reventos M, Yamaura I, Yamanaka S (2003) Faculty of Textile Science and Technology, Shinshu University, 3-15-1, Tokida, Ueda, Nagano 386-8567, Japan. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science 2: 134-140.

Yajima M, Nakamura H, Takahashi K, Watanabe Y, Saito S, Yokozawa Y (1997) Somatic chromosome numbers of colchicine-treated Shinano walnut (*Juglans regia* L.) and its F1 seedlings. Faculty of Textile Science and Technology, Shinshu University, Ueda, Nagano 386, Japan. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science 1997 4: 677-683.

Zakhareva OI, Ketrits LM, Duskabilov TD (1982) Karyological study of Tajikistan forms of walnut (*Juglans regia* L.). Zonal'naya opytnaya stantsiya, Faizabad, Tajik SSR. Ahboroti Akademijai Fanoi RSS Tocikiston, Subai Fanoi Biology 4:82-85.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1393.9.1.7.6]