

Research Article

Plant Prod., 2021, 44(1), 37-50  
<http://plantproduction.scu.ac.ir//>


ISSN (P): 2588-543X  
ISSN (E): 2588-5979

## Karyotypic Analysis of Garlic (*Allium sativum*) Accessions in the North of Iran

Seyyed Javad Mousavizadeh<sup>1\*</sup>, Mostafa Khoshhal-Sarmast<sup>2</sup>, Kambiz Mashayekhi<sup>3</sup>

- 1- \*Corresponding Author: Assistant Professor, Department of Horticultural Science, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran (mousavizadeh@gau.ac.ir)
- 2- Assistant Professor, Department of Horticultural Science, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran
- 3- Associate Professor, Department of Horticultural Science, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

**Citation:** Mousavizadeh, S.J., Khoshhal-Sarmast, M., Mashayekhi, K. (2021). Karyotypic analysis of garlic (*Allium sativum*) accessions in the north of Iran. *Plant Productions*, 44(1), 37-50.

 10.22055/ppd.2019.27338.1661

Received: 17 October, 2018

Accepted: 06 February, 2019

### Abstract

#### Background and Objectives

*Allium sativum* is one of the most important, mostly used economical vegetable plants in Iran. Chromosome analysis or karyotyping is a test that evaluates the number and structure of chromosomes to study evolution. The present study was carried out to explore the cytological features, including chromosome number and karyotypic characteristics in a local cultivar of *Allium sativum* L., north of Iran (Gorgan, Sari, and Rasht accessions).

#### Materials and Methods

The root tip cells were treated first with 0.002 mol·L<sup>-1</sup> 8-hydroxyquinoline for 4 h at 4°C and then fixed for 24 h in fixative (1:3 glacial acetic acid/absolute alcohol) at 4°C. Finally, the root tips were softened with 1 M hydrochloric acid at room temperature for 8 min and stained for 10 min with aceto orcein 2% before being squashed between a glass slide and a coverslip. Root tip cells photographed at mitosis metaphase, which had well-separated chromosomes and a clear centromere. Long arm, short arm, the ratio of long arm to short arm, and chromosome index of mitotic chromosomes were calculated from metaphase plates. Figures summarized the idiogram for the three garlic accessions, based on the eight pairs of chromosomes' short arm order length.

#### Results

Basic chromosome number was confirmed as  $x = 8$  ( $2n = 2x = 16$ ). All the studied accessions



cytotypes were diploid. The largest chromosome length belonged to Gorgan accession as amount 169.51 micrometers, and the smallest chromosome length was obtained in Rasht accession as amount 136.57 micrometers. The long arm of the chromosome was recorded between 4.85 to 6 micrometers. The short arm of the chromosome was measured between 3.18 to 3.80 micrometers. The Metaphase karyotype analysis revealed that centromeres were mainly located at the middle (metacentric - m) or near the middle (submetacentric - sm) of chromosomes. The chromosomes are arranged in decreasing order for short arm length, and the karyotype formula was obtained  $12m+4sm$  for all accessions. Chromosomes 13 to 16 were submetacentric for both Gorgan and Rasht accessions. Submetacentric Chromosomes were observed on chromosomes number 11-12 and 15-16 for Sari accession. Three of the studied accessions were evolutionary located in one level according to asymmetrical karyotype, the value of TF% and separating to 2B classes based on Stebbins categories.

### Discussion

Regarding asymmetric karyotype and according to interchromosomal asymmetry ( $A_2$ ) as well as difference between the range of relative length (DRL), the most were found in Rasht accession ( $A_2=0.34$ ;  $DRL=6.99$ ).  $A_2$  and DRL are two aspects of karyotype asymmetry related to shifts of the centromere position from the median to terminal or subterminal. The karyological data provide a comprehensive cytogenetic resource useful in cytotaxonomic research and assessment of their role in the evolution of Garlic. This resource can help better understand the taxonomy, evolution, and speciation in the genus *Allium* and identify candidate species for breeding programs.

**Keywords:** Chromosome, Cytogenetic, Diploid, Metacentric, Mitosis

مطالعه کاربوتایی توده‌های سیر (*Allium sativum*) شمال ایرانسید جواد موسوی‌زاده<sup>۱\*</sup>، مصطفی خوشحال سرمست<sup>۲</sup>، کامبیز مشایخی<sup>۳</sup>

۱- \*نویسنده مسئول: استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران  
(mousavizadeh@gau.ac.ir)

۲- استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

۳- دانشیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۱/۱۷

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۰۷/۲۵

## چکیده

ویژگی‌های کاربوتایی توده‌های محلی سیر شمال ایران (سیر سفید گرگان، صورتی ساری و ارغوانی رشت) در سال ۱۳۹۷ در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان مورد بررسی قرار گرفت. برای انجام آزمایش مریستم انتهایی نوک ریشه با ۰/۰۰۲ مول ۸-هیدروکسی کینولین به مدت چهار ساعت در دمای چهار درجه سانتی‌گراد تیمار شد و با استفاده از اورسین دو درصد رنگ آمیزی گردید. سلول‌ها در مرحله متافاز میتوز عکس‌برداری و شاخص‌های کروموزومی محاسبه شدند. تعداد کروموزوم پایه هشت  $(2n=2x=16) x=8$  و دیپلوئید مورد تأیید قرار گرفت. بزرگترین طول کروموزوم (۱۶۹/۵۱ میکرومتر) متعلق به توده گرگان و کوچک‌ترین طول کروموزوم در توده رشت (۱۳۶/۵۷ میکرومتر) ثبت گردیدند. آنالیز کاربوتایپ متافاز نشان داد که سانترومرها به‌طور عمده در وسط (متاستریک) یا نزدیک وسط (ساب‌متاستریک) کروموزوم قرار دارند. کروموزوم‌ها در جهت کاهش طول بازوی کوتاه مرتب شدند و فرمول کاربوتایپ  $12m+4sm$  برای تمام توده‌ها به‌دست آمد. کروموزوم‌های ۱۳ تا ۱۶ برای دو توده گرگان و رشت ساب‌متاستریک بود. کروموزوم‌های ساب‌متاستریک روی کروموزوم‌های شماره ۱۱-۱۲ و ۱۵-۱۶ برای توده ساری مشاهده شد. با توجه شاخص‌های عدم تقارن از نظر تیپ کروموزوم، درصد شکل کلی و قرارگیری در کلاس 2B طبقه‌بندی استیبنز، سه توده مورد بررسی از نظر تکاملی در یک سطح قرار می‌گیرند. داده‌های کاربوتایی، منبع جامع از اطلاعات سیتوژنتیکی فراهم می‌کند که در برنامه‌های اصلاحی برای درک بهتر طبقه‌بندی، تکامل و شکل‌گیری در جنس آلیوم استفاده می‌شود.

کلیدواژه‌ها: دیپلوئید، سیتوژنتیک، کروموزوم، متاستریک، میتوز

## مقدمه

یادآوری این نکته لازم است که مورفولوژی کروموزوم می‌تواند به‌عنوان یکی از مفیدترین معیارها جهت بررسی روابط تاکسونومیکی باشد (Stebbins, 1971). اطلاعات مربوط به تعداد و ساختار کروموزوم‌های سوماتیک یک فرد را کاربوتایپ گویند. بررسی کاربوتایی نقش مهمی

امروزه به خوبی مشخص شده است که در به‌نژادی ژنتیکی گیاهی، داشتن اطلاعات کافی در خصوص سطح پلوئیدی و ویژگی‌های کاربوتایی از مهم‌ترین نیازهای اولیه اصلاح‌گران می‌باشد. در بیان اهمیت مطالعه کاربوتایی

در تعیین قرابت گونه‌ها ایفا می‌کند و می‌تواند به‌عنوان اولین قدم در تجزیه فیلوژنی و تکامل گروه‌های خویشاوند، مطرح باشد (Sheidai et al., 2003 and 2002). به‌طور کلی تحقیقات سیتوتا‌کسونومی، علاوه بر مشخص کردن ارتباط و قرابت بین گونه‌ها، می‌تواند اطلاعات با ارزشی در مورد خزانه‌ژنی موجود در کشور به منظور بهره‌گیری در بانک ژن فراهم آورد (Hesamzadeh-Hejazi and Ziaeinassab, 2007; Chehrazhi et al., 2012). در اصلاح نباتات جهت انجام دستورزی ژنوتیپ‌ها به روش‌ها و اطلاعات کلی یا جزئی سیتوژنتیکی نیاز است. این اطلاعات در خصوص ساختار میکروسکوپی، تعداد و تنوع کروموزوم‌ها و نیز رفتار آن‌ها در درون و یا در بین نسل‌ها است (Omidi et al., 2014). کروموزوم‌های هر سلول حاوی اطلاعات ژنتیکی هستند که ظهور فنوتیپی صفات را باعث می‌شوند و تغییرات در ساختار، سازمان و ردیف بازوها و اندازه کروموزوم‌ها موجب تغییراتی در ژنوم و تنوع ژنتیکی می‌شود (Omidi et al., 2014). در حقیقت اولین قدم در شناخت ژنوم یک گونه، مطالعه تعداد، شکل و رفتار کروموزوم‌های آن است. ارزش این مطالعه‌ها زمانی آشکار می‌شود که امکان مقایسه گونه‌ها و جمعیت‌های آن‌ها از این طریق فراهم شود. چون گونه‌های گیاهی بسته به نوع محیطی که در آن رشد می‌کنند، سازش متفاوتی نشان می‌دهند و در همین راستا است که با افزایش اختلافات، امکان ایجاد واریته‌های جدید و گونه‌زایی در جوامع گیاهی وجود دارد. از کروموزوم‌ها به‌عنوان نشانگر در حل مسائل مربوط به تنوع ژنتیکی ژن‌ها استفاده می‌شود که اطلاعات ژنتیکی مربوط به فنوتیپ گیاه را شامل می‌شوند (Swanson et al., 1981; Zahedi et al., 2018; Safari et al., 2008). سیر گیاهی علفی و دایمی با عدد پایه کروموزومی  $2n=2x=16$  می‌باشد (Ramesh, 2015; Verma and Mittal, 1978; Osman et al., 2007). طول کل کروموزوم‌ها در سیر در محدوده ۱۵۷/۷۶ تا ۲۱۸/۳۸ میکرومتر بیان شده است

(Verma and Mittal, 1978). همچنین گزارش شده که واریته "دشی" (Deshi) سیر دارای چهار جفت کروموزوم متاستریک، سه جفت کروموزوم ساب متاستریک و یک جفت ساب تلوستریک است (Ramesh, 2015). در جایی دیگر کروموزوم‌های سیر را از نوع متاستریک و سابمتاستریک تقسیم‌بندی شده و گزارش گردیده که طول بازوی بلند کروموزوم‌های سیر در محدوده ۴/۵۳ تا ۶/۱۹ میکرومتر می‌باشد (Yuzbasioglu and Unal, 2004). تنوع کاربوتایی پنج جمعیت سیر اصفهان، بم، جیرفت، کرمان و همدان در سلول‌های متافازی بررسی و گزارش شده است که بین جمعیت‌ها از لحاظ صفات طول کروموزوم، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه و طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم اختلاف معنی‌داری در سطح یک درصد و از لحاظ صفات نسبت طول بازوی کوتاه به بازوی بلند اختلاف درصد طول نسبی و کوچک‌ترین کروموزوم شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی، درصد شکل کلی و درصد طول نسبی بازوی بلند اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال پنج درصد وجود دارد که این امر موید وجود تنوع کروموزومی در جمعیت‌های مورد بررسی می‌باشد (Gheyrati et al., 2018). شمارش تعداد کروموزوم‌ها و تهیه کاربوتیپ، برخی توده‌های بومی سیر ایران برای تعیین مرزهای بین جمعیت‌های سیر و وجود تنوع انجام گرفته است و نتایج آن نشان داد که عدد پایه کروموزومی در اکوتیپ سیر بجنورد  $2n=2x=14$  و در سایر اکوتیپ‌ها  $2n=2x=16$  می‌باشد (Yaghoobi and Malekzadeh, 2013).

تحقیقات بسیاری روی تنوع مورفولوژیکی و فیتوشیمیایی گونه‌های مختلف جنس سیر صورت گرفته است ولی به نسبت مطالعه‌های سیتوتا‌کسونومی کمتری روی این سبزی مهم انجام شده است. استان‌های شمالی نیز به‌عنوان مراکز مهم تولید سیر در کشور هستند. اما از جنبه کروموزومی مورد مطالعه قرار نگرفته‌اند. از این‌رو هدف از تحقیق حاضر، بررسی خصوصیات سیتوژنتیکی

پیش تیمار شده مورد آزمون قرار گرفتند (Mousavizadeh et al., 2016 and 2017).

پس از اعمال پیش تیمار، ریشه‌ها به مدت ۵ تا ۱۰ دقیقه با آب مقطر شستشو داده شده و سپس به مدت ۲۴ ساعت به محلول تثبیت کننده (فیکساتور) در دمای چهار درجه سانتی گراد منتقل گردیدند. محلول تثبیت کننده شامل یک قسمت اسید استیک گلاسیال و سه قسمت الکل اتانول ۹۶ درصد (به نسبت ۳:۱) است (Swanson et al., 1981). ریشه‌ها پس خروج از محلول تثبیت کننده ابتدا به مدت ۱۰ دقیقه با آب مقطر شستشو شده و پس از خشک کردن با کاغذ صافی بلافاصله در بطری‌های حاوی الکل ۷۰ درجه قرار داده شدند. سپس بطری‌ها تا هنگام استفاده در دمای ۲ تا ۵ درجه سانتی گراد در یخچال نگهداری شدند.

برای هیدرولیز ریشه‌ها از محلول هیدروکلریک اسید (HCL) یک نرمال به مدت هشت دقیقه در دمای اتاق استفاده شد (Mousavizadeh et al., 2016).

پس از هیدرولیز و شست شوی ریشه‌ها از استوکارمین دو درصد استفاده شد. که به روش زیر تهیه می‌گردد: ابتدا ۴۵ میلی لیتر اسید استیک گلاسیال را حرارت داده تا بجوش آید. سپس مقدار دو گرم پودر استوکارمین به آن اضافه شد. در ادامه ۵۵ میلی لیتر آب مقطر به آن افزوده و هم زده شد. پس از آن از کاغذ صافی عبور داده و در داخل یخچال نگهداری گردید. ریشه‌های هیدرولیز شده پس از شستشو و خشک شدن در داخل ظروف پلاستیکی کوچک قرار داده و یک تا دو میلی لیتر از رنگ به آن اضافه گردید (Mousavizadeh et al., 2016).

جهت اسکواش ریشه، یک قطره اسید استیک گلاسیال ۴۵ درصد روی یک لامل تمیز ریخته، سپس با استفاده از تیغ تیز یا اسکالپل یک یا دو میلی متر نوک ریشه قطع گردیده و روی لام قرار داده و بلافاصله لامل روی نمونه قرار داده شد. جهت جدا و پخش شدن سلول‌ها از هم در زیر لامل، با انتهای خودکار به آرامی به لامل ضربه زده شد تا سلول‌ها از هم جدا شده و در زیر لامل پخش شوند (Mousavizadeh et al., 2017).

لام اسکواش شده در زیر میکروسکوپ نوری با

سیرهای محلی شمال ایران (سیر سفید گرگان، صورتی ساری و ارغوانی رشت) است.

## مواد و روش‌ها

### مواد گیاهی

سه توده مهم سیر بومی شمال ایران (سیر سفید گرگان، صورتی ساری و ارغوانی رشت) از شهرهای مذکور جمع آوری شدند.

### ریشه‌دار کردن سیرچه‌ها

سیرهای انتخاب شده پس از ضد عفونی با هیپوکلریت سدیم یک درصد به مدت ۱۵ دقیقه، در ظروف پتری-دیش استریل حاوی کاغذ صافی مرطوب قرار داده شده و در دمای ۲۴ درجه سانتی گراد در اتاق نگهداری شدند تا ریشه‌دهی انجام شود. سیرهای مورد نظر که حداقل یک سانتی متر از ریشه‌چه آن‌ها نمایان شده بود جهت انجام آزمایش سیتولوژی انتخاب و سپس انتهای ریشه‌چه با اسکالپل جدا گردید.

### پیش تیمار و رنگ آمیزی

جهت مطالعه میتوز در سلول‌های در حال تقسیم، لازم است که فعالیت رشته‌های دوک را مختل کرده تا از حرکت کروموزوم‌ها به قطبین سلول جلوگیری شود. در این صورت کروموزوم‌ها در صفحه متافازی باقی مانده و مناسب ترین شرایط را برای مطالعه خواهند داشت. بدین منظور از ترکیبات شیمیایی مانند کلشی سین (Colchicin)، ۸-هیدروکسی کوئینولین (8-Hydroxyquinolin) و آلفا بروموناتالین (Bromonaphthalene) استفاده می‌شود. در این مطالعه از ترکیب ۸-هیدروکسی کوئینولین به غلظت ۰/۰۰۲ مولار استفاده گردید. به علت افزایش تقسیم میتوز بافت مریستم انتهایی ریشه، گرفتن نوک ریشه از پتری دیش‌های بین ساعت ۸ تا ۱۱:۳۰ صبح انجام شد. ۳ تا ۵ سانتی متر از ریشه‌های مورد نظر از پتری دیش‌ها برداشته شد تا به این ترتیب آسیبی به مریستم انتهایی نرسد. برای نگه داشتن تقسیم سلول در مرحله متافاز و افزایش شاخص متافازی ریشه‌های گرفته شده پس از شستشو با آب مقطر در محلول ۰/۰۰۲ مولار ۸-هیدروکسی کوئینولین به مدت چهار ساعت در درون یخچال با دمای چهار درجه سانتی گراد،

$$A_2 = \frac{Sd}{X} \quad \text{و} \quad A_1 = 1 - \frac{\sum_{i=1}^n \frac{qi}{pi}}{n}$$

برای مقایسه آماری سه توده سیر، از طرح کاملاً تصادفی با چهار تکرار استفاده شد. مقایسه میانگین‌ها نیز با استفاده از آزمون دانکن در سطح احتمال پنج درصد انجام گرفت. نرم‌افزار SAS 9.1 برای محاسبه‌های آماری و نرم‌افزار Excel 2016 برای رسم نمودارها استفاده گردید.

### نتایج و بحث

#### خصوصیات سیتوژنتیکی توده سیر سفید گرگان

تعداد کروموزوم‌های شمارش شده در توده سیر سفید گرگان  $2n=2x=16$  می‌باشد. در این گونه دو جفت کروموزوم همتا (همولوگ) از طریق اندازه کروموزوم‌ها تشخیص داده شد. از کروموزوم‌های شماره ۱۳ تا ۱۶ ساب متاسانتریک و بقیه کروموزوم‌ها متاسانتریک بودند. کوچک‌ترین طول کل کروموزوم ۵/۴۰ میکرومتر، کوچک‌ترین طول بازوی بلند ۳/۷۵ میکرومتر و کوچک‌ترین بازوی کوتاه ۱/۶۰ میکرومتر برآورد گردید. بزرگ‌ترین طول کل کروموزوم ۱۳/۵۰ میکرومتر، بزرگ‌ترین طول بازوی بلند ۸/۱۰ میکرومتر و بزرگ‌ترین بازوی کوتاه ۵/۴۱ میکرومتر برآورد گردید (جدول ۱ و شکل‌های ۱ و ۲). نسبت بازوی کوچک و بزرگ کروموزوم‌ها نشان داده شده است که در محدوده ۱/۵ تا ۲/۳۸ به دست آمده است (جدول ۱). هر چه مقدار این پارامتر به هم نزدیک‌تر شود نشان‌دهنده تفاوت کمتر بین اندازه کروموزوم‌ها و تقارن بیشتر کربوتایپ است.

#### خصوصیات سیتوژنتیکی توده سیر صورتی ساری

تعداد کروموزوم‌های شمارش شده در توده سیر صورتی ساری  $2n=2x=16$  می‌باشد. کوچک‌ترین طول کل کروموزوم ۵/۵۰ میکرومتر، کوچک‌ترین طول بازوی بلند ۳/۲۸ میکرومتر و کوچک‌ترین بازوی کوتاه ۲/۲۲ میکرومتر برآورد گردید. بزرگ‌ترین طول کل کروموزوم ۱۲/۴۹ میکرومتر، بزرگ‌ترین طول بازوی بلند ۷/۳۲ میکرومتر و بزرگ‌ترین بازوی کوتاه ۵/۱۷ میکرومتر برآورد گردید (جدول ۲ و شکل‌های ۳ و ۴).

بزرگنمایی ۱۰ یا ۲۰ (عدسی شیئی ۱۰ یا ۲۰ و چشمی ۱۰) قرار داده شد و پس از رویت متافاز مناسب با بزرگنمایی ۱۰۰ (عدسی شیئی ۱۰۰ و چشمی ۱۰) جهت عکس‌برداری استفاده گردید. در بزرگنمایی ۱۰۰x جهت جلوگیری از شکست نور از مقداری روغن امرسیون استفاده گردید. پس از یافتن سلول‌های مطلوب، اقدام به عکس‌برداری توسط دوربین شد. برای هر نمونه حداقل چهار عکس با صفحه متافازی مناسب گرفته شد.

#### تجزیه و تحلیل کربوتایی

برای تجزیه و تحلیل کربوتایی، عکس‌های متافازی مناسب انتخاب و تحت پسوند bmp ذخیره شدند. سپس با نرم‌افزار Micromesure اندازه‌گیری‌های لازم انجام گردید. از هر توده جهت ارزیابی، صفات کربوتایی شامل طول بزرگ‌ترین بازو (L)، طول کوچک‌ترین بازو (S)، میانگین طول کروموزوم (CL)، طول کل کروموزوم (TCL)، میانگین نسبت بازوی بلند به کوتاه (L/S) و شاخص سانترومیری (CI) که بیانگر نسبت بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم است، اندازه‌گیری گردید. همچنین اختلاف درصد طول نسبی بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین کروموزوم (DRL) محاسبه گردید. برای تعیین نوع کروموزوم‌ها از روش لوان استفاده شد (Levan et al., 1964). با استفاده از جدول دو طرفه استیبینز (Stebbins, 1971) کلاس‌بندی توده‌ها انجام گرفت. شاخص نامتقارن بودن کربوتایپ با فرمول ذیل محاسبه شد (Yaghoobi and Malekzadeh, 2013).

$$Ask\% = \frac{\text{مجموع طول کل بازوهای بلند}}{\text{مجموع طول کل کروموزوم}} * 100$$

درصد شکل کلی کربوتاپ (TF%) با فرمول ذیل محاسبه شد (Huziwarra, 1962).

$$100 \times (\text{مجموع طول کل کروموزوم} / \text{مجموع طول کل بازوهای کوتاه}) = \text{درصد شکل کلی}$$

پارامتر شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A1) و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A2) که توسط فرمول‌های زیر محاسبه شدند (Romero-Zarco, 1986).

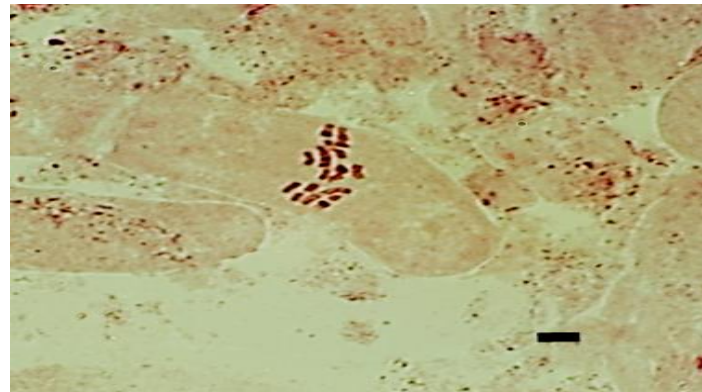
**Table 1. Garlic chromosomes morphology in White variety of Gorgan accession**

Chromosome number	Long arm (μm)	Short arm (μm)	Total length (μm)	Arm ratio	Centromer Index (short/long+short)	Karyotype
1	8.10 ± 0.87	5.41 ± 0.77	13.50 ± 1.24	1.50 ± 0.11	0.40 ± 0.02	m
2	8.36 ± 0.72	5.05 ± 0.79	13.41 ± 1.23	1.66 ± 0.16	0.38 ± 0.03	m
3	7.93 ± 1.05	4.95 ± 0.43	12.88 ± 1.92	1.60 ± 0.05	0.38 ± 0.01	m
4	8.10 ± 1.32	4.88 ± 0.47	12.98 ± 2.47	1.66 ± 0.12	0.38 ± 0.02	m
5	7.28 ± 1.16	4.76 ± 0.51	12.03 ± 2.63	1.53 ± 0.17	0.40 ± 0.03	m
6	7.35 ± 1.03	4.52 ± 0.53	11.87 ± 2.50	1.63 ± 0.14	0.38 ± 0.02	m
7	6.02 ± 0.13	3.98 ± 0.39	10.00 ± 0.79	1.51 ± 0.10	0.40 ± 0.02	m
8	6.08 ± 0.10	3.88 ± 0.42	9.96 ± 0.92	1.57 ± 0.05	0.39 ± 0.01	m
9	5.62 ± 0.29	3.58 ± 0.62	9.21 ± 0.90	1.57 ± 0.20	0.39 ± 0.03	m
10	5.48 ± 0.20	3.54 ± 0.58	9.02 ± 0.56	1.55 ± 0.28	0.39 ± 0.04	m
11	5.36 ± 1.20	3.43 ± 0.84	8.79 ± 1.64	1.56 ± 0.42	0.39 ± 0.06	m
12	5.34 ± 1.37	3.29 ± 0.96	8.63 ± 1.87	1.62 ± 0.51	0.38 ± 0.07	m
13	5.55 ± 1.34	2.92 ± 0.45	8.46 ± 0.90	1.90 ± 0.17	0.34 ± 0.03	sm
14	5.14 ± 0.19	2.85 ± 0.45	7.99 ± 2.27	1.80 ± 0.38	0.36 ± 0.12	sm
15	3.75 ± 0.33	1.65 ± 0.17	5.40 ± 0.48	2.27 ± 0.15	0.31 ± 0.01	sm
16	3.81 ± 0.20	1.60 ± 0.27	5.41 ± 0.46	2.38 ± 0.36	0.30 ± 0.03	sm

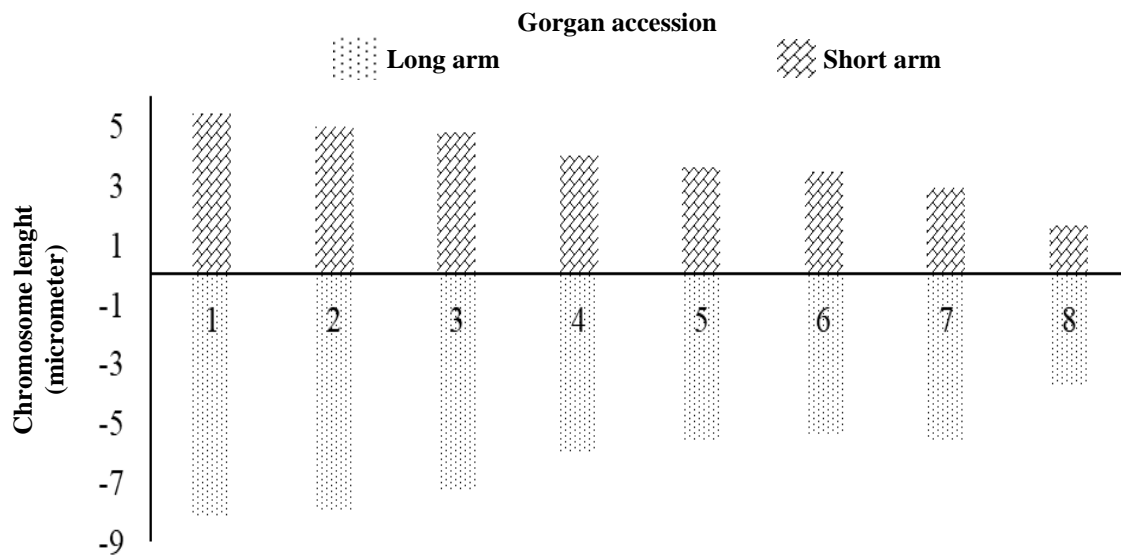
Sub-metacentric = Sm

Metacentric = M

The ± symbol represent the standard deviation of the mean.



**Figure 1. Mitosis of Garlic., Gorgan white accession, at metaphase. Scale Bar = 10 μm**



**Figure 2. Idiograms of hoploid chromosomes of Garlic., Gorgan white accession, at metaphase**

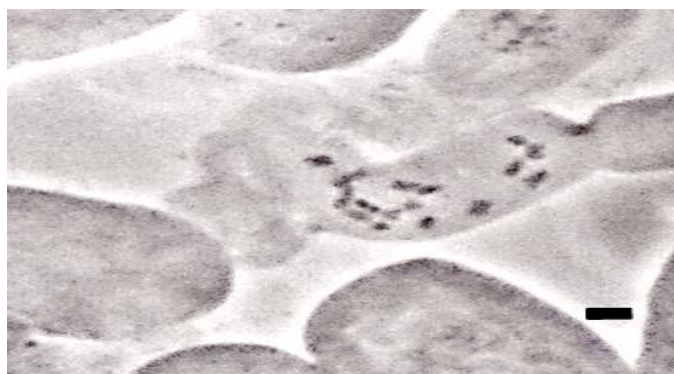
**Table 2. Garlic chromosomes morphology in Pink variety of Sari accession**

Chromosome number	Long arm (µm)	Short arm (µm)	Total length (µm)	Arm ratio	Centromer Index (short/long+short)	Karyotype
1	7.32 ± 0.69	5.17 ± 0.62	12.49 ± 1.28	1.41 ± 0.08	0.41 ± 0.01	m
2	7.01 ± 0.86	5.10 ± 0.60	12.11 ± 1.45	1.38 ± 0.04	0.42 ± 0.01	m
3	6.99 ± 0.49	4.82 ± 0.48	11.81 ± 0.51	1.45 ± 0.21	0.41 ± 0.03	m
4	6.89 ± 0.52	4.74 ± 0.49	11.62 ± 0.64	1.45 ± 0.21	0.41 ± 0.03	m
5	6.00 ± 0.83	4.36 ± 0.54	10.36 ± 0.97	1.38 ± 0.28	0.42 ± 0.05	m
6	6.11 ± 1.09	4.23 ± 0.59	10.34 ± 1.06	1.45 ± 0.42	0.41 ± 0.06	m
7	6.24 ± 0.38	3.76 ± 0.26	10.00 ± 0.60	1.65 ± 0.09	0.37 ± 0.01	m
8	6.17 ± 0.41	3.65 ± 0.27	9.83 ± 0.61	1.68 ± 0.11	0.37 ± 0.02	m
9	5.11 ± 0.33	3.42 ± 0.38	8.53 ± 0.56	1.50 ± 0.16	0.40 ± 0.03	m
10	5.22 ± 0.41	3.36 ± 0.35	8.58 ± 0.54	1.55 ± 0.19	0.39 ± 0.03	m
11	5.39 ± 0.61	3.02 ± 0.06	8.40 ± 0.63	1.78 ± 0.21	0.36 ± 0.03	sm
12	5.38 ± 0.58	3.00 ± 0.07	8.38 ± 0.57	1.80 ± 0.22	0.36 ± 0.03	sm
13	3.98 ± 0.16	2.84 ± 0.17	6.82 ± 0.04	1.40 ± 0.16	0.42 ± 0.02	m
14	3.85 ± 0.19	2.77 ± 0.18	6.62 ± 0.11	1.39 ± 0.17	0.42 ± 0.03	m
15	3.49 ± 0.52	1.95 ± 0.08	5.44 ± 0.45	1.79 ± 0.33	0.35 ± 0.04	sm
16	3.43 ± 0.43	1.91 ± 0.09	5.35 ± 0.35	1.79 ± 0.30	0.35 ± 0.04	sm

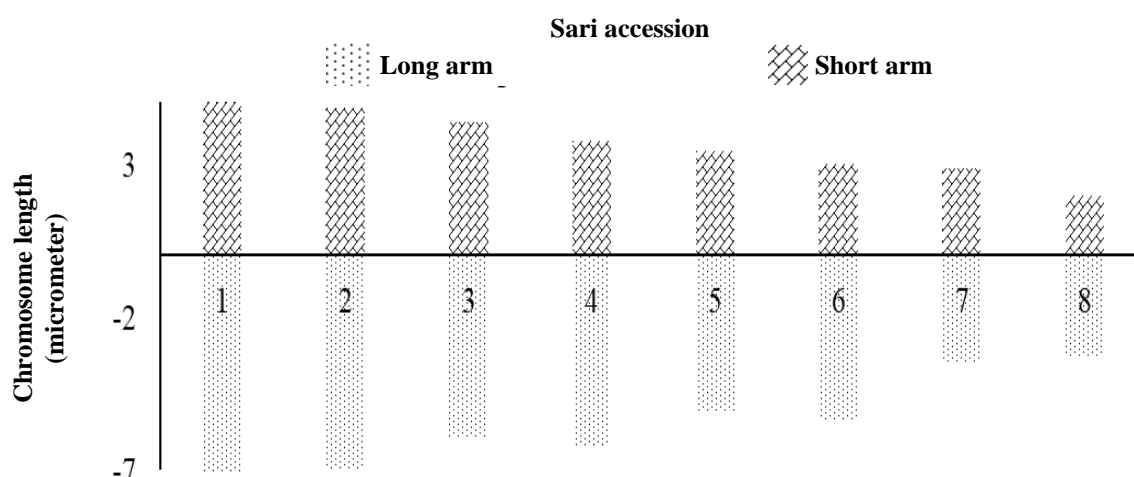
Sub-metacentric = Sm

Metacentric = M

The ± symbol represent the standard deviation of the mean.



**Figure 3. Mitosis of Garlic, Sari pink accession, at metaphase. Scale Bar = 10 µm.**



**Figure 4. Idiograms of hoploid chromosomes of Garlic, Sari pink accession, at metaphase**

کروموزم همتا (همولوگ) از طریق اندازه کروموزوم‌ها تشخیص داده شد. کروموزوم‌های شماره ۱۱ و ۱۲ و

نسبت بازوی کوچک و بزرگ کروموزوم‌ها در محدوده ۱/۳۸ تا ۱/۸۰ به دست آمده است (جدول ۲). جفت



سه توده مورد مطالعه از لحاظ شاخص های کروموزومی مشاهده نشد (جدول ۴). در این مطالعه طول بازوی بلند کروموزوم بین ۴/۸۵ تا ۶ میکرومتر به دست آمد (جدول ۵). (2004) Yuzbasioglu and Unal گزارش کردند که طول بازوی بلند کروموزوم های سیر در محدوده ۴/۵۳ تا ۶/۱۹ میکرومتر می باشد که با نتایج پژوهش حاضر همخوانی دارد. (2018) Gheyrati et al. طول بازوی بلند کروموزوم پنج توده سیر را در محدوده ۸/۲۸ برای توده اصفهان تا ۷ میکرومتر برای توده بم به دست آوردند. به طور کلی، جمعیت های مطالعه شده دیپلوئید بوده و دارای ۱۶ کروموزوم ( $2n=2x=16$ ) هستند و از فرمول کاریوتیپی یکسانی برخوردار می باشند (جدول ۵) که با نتایج سایر پژوهشگرها مطابقت دارد (Gheyrati et al., 2018; Osman et al., 2007;) اما نتایج (Ramesh, 2015 Verma and Mittal, 1978; Yaghoobi and Malekzadeh (2013) نشان داد که عدد پایه کروموزومی در اکوتیپ سیر بجنورد ۷ ( $2n=2x=14$ ) در سایر اکوتیپ ها ۸ ( $2n=2x=16$ ) می باشد. کروموزوم های شمارش شده در این مطالعه ریز بودند به طوری که طول کل کروموزوم بین ۱۳۶/۵۷ تا ۱۶۹/۵۱ میکرومتر به دست آمد (جدول ۶).

همچنین ۱۵ و ۱۶ ساب متاساتریک و بقیه کروموزوم ها متاساتریک بودند (جدول ۲).

**خصوصیات سیتوژنتیکی توده سیر ارغوانی رشت**

تعداد کروموزوم های شمارش شده در توده سیر ارغوانی رشت  $2n=2x=16$  می باشد که ۱۶ کروموزوم در بافت اسپوروفیتیک و ۸ کروموزوم در بافت گامتوفیتیک حضور دارد. کوچک ترین طول کل کروموزوم ۳/۷۲ میکرومتر، کوچک ترین طول بازوی بلند ۲/۵۳ میکرومتر و کوچک ترین بازوی کوتاه ۱/۱۹ میکرومتر برآورد گردید. بزرگ ترین طول کل کروموزوم ۱۲/۷۱ میکرومتر، بزرگ ترین طول بازوی بلند ۷/۱۹ میکرومتر و بزرگ ترین بازوی کوتاه ۵/۵۳ میکرومتر برآورد گردید (جدول ۳ و شکل های ۵ و ۶). نسبت بازوی کوچک و بزرگ کروموزوم ها نشان داده شده است که در محدوده ۱/۲۹ تا ۲/۱۳ به دست آمده است (جدول ۳). جفت کروموزوم همتا (همولوگ) از طریق اندازه کروموزوم ها تشخیص داده شد. کروموزوم های شماره ۱۳ تا ۱۶ ساب متاساتریک و بقیه کروموزوم ها متاساتریک بودند (جدول ۳).

**مقایسه کاریوتیپ توده ها**

بر اساس نتیجه تجزیه واریانس اختلاف معنی داری بین

**Table 3. Garlic chromosomes morphology in Purpel variety of Rasht accession**

Chromosome number	Long arm (μm)	Short arm (μm)	Total length (μm)	Arm ratio	Centromer Index (short/long+short)	Karyotype
1	7.19 ± 0.48	5.53 ± 0.43	12.71 ± 0.81	1.30 ± 0.09	0.43 ± 0.02	m
2	7.02 ± 0.37	5.46 ± 0.42	12.47 ± 0.79	1.29 ± 0.04	0.44 ± 0.01	m
3	5.86 ± 0.41	3.94 ± 0.34	9.80 ± 0.66	1.49 ± 0.11	0.40 ± 0.02	m
4	5.90 ± 0.45	3.92 ± 0.34	9.83 ± 0.71	1.50 ± 0.11	0.40 ± 0.02	m
5	6.38 ± 0.51	3.86 ± 0.38	10.25 ± 0.90	1.65 ± 0.04	0.37 ± 0.005	m
6	6.28 ± 0.47	3.80 ± 0.41	10.09 ± 0.88	1.65 ± 0.08	0.37 ± 0.01	m
7	5.07 ± 0.37	3.26 ± 0.40	8.33 ± 0.22	1.55 ± 0.27	0.39 ± 0.04	m
8	5.08 ± 0.35	3.19 ± 0.38	8.27 ± 0.38	1.59 ± 0.24	0.39 ± 0.04	m
9	4.33 ± 0.27	3.01 ± 0.33	7.33 ± 0.30	1.44 ± 0.20	0.41 ± 0.03	m
10	4.29 ± 0.21	2.97 ± 0.30	7.26 ± 0.14	1.45 ± 0.20	0.41 ± 0.03	m
11	4.00 ± 0.53	2.76 ± 0.43	6.76 ± 0.78	1.45 ± 0.23	0.41 ± 0.04	m
12	4.00 ± 0.59	2.69 ± 0.44	6.70 ± 0.92	1.49 ± 0.20	0.40 ± 0.03	m
13	3.58 ± 0.74	2.07 ± 0.41	5.65 ± 1.15	1.72 ± 0.05	0.37 ± 0.01	sm
14	3.57 ± 0.82	2.01 ± 0.34	5.58 ± 1.16	1.76 ± 0.12	0.36 ± 0.02	sm
15	2.56 ± 0.37	1.22 ± 0.04	3.78 ± 0.36	2.10 ± 0.36	0.32 ± 0.03	sm
16	2.53 ± 0.24	1.19 ± 0.02	3.72 ± 0.22	2.13 ± 0.27	0.32 ± 0.02	sm

Sub-metacentric = Sm

Metacentric = M

The ± symbole represent the standard deviation of the mean.

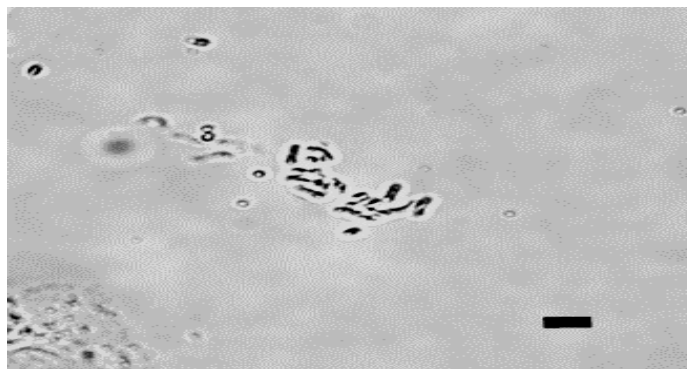


Figure 5. Mitosis of Garlic., Rasht purple accession, at metaphase. Scale Bar = 10 μm

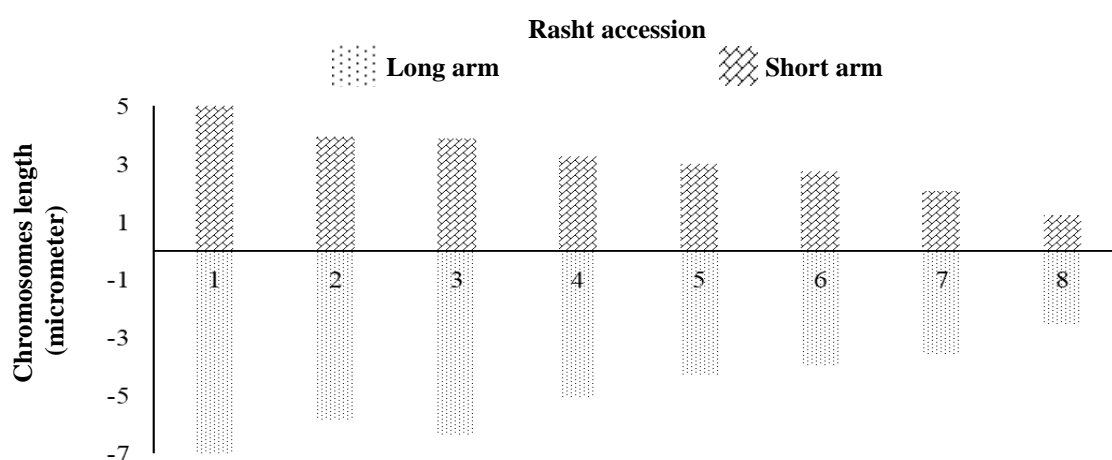


Figure 6. Idiograms of hoploid chromosomes of Garlic., Rasht purple accession, at metaphase

Table 4. Analysis of variance of chromosome characteristics in Garlic accessions

S.O.V.	df	short chromosome length	long chromosome length	chromosome length	long to short arm ratio	Centromer Index (short/long+short)
Accession	2	0.41 **	1.33 **	1.99 <sup>ns</sup>	0.002 **	0.00006 <sup>ns</sup>
Error	9	0.114	0.187	0.574	0.018	0.0003
C.V. (%)	-	9.56	7.93	8.56	8.61	4.83

Non- Significant, \* and \*\*: Significant at 5% and 1% of probability levels, respectively.

Table 5. Mean comparison of chromosome characteristics in Garlic accessions

Accession	short chromosome length (μm)	long chromosome length (μm)	Chromosomes length (μm)	long to short arm ratio	Centromer Index (short/long+short)
Gorgan	3.80 <sup>a</sup>	6.00 <sup>a</sup>	9.32 <sup>a</sup>	1.57 <sup>a</sup>	0.39 <sup>a</sup>
Sari	3.63 <sup>ab</sup>	5.53 <sup>ab</sup>	9.17 <sup>ab</sup>	1.56 <sup>a</sup>	0.39 <sup>a</sup>
Rasht	3.18 <sup>b</sup>	4.85 <sup>b</sup>	8.03 <sup>b</sup>	1.60 <sup>a</sup>	0.38 <sup>a</sup>

Mean in each column and treatment with the same letter are not significantly different at 5% of probability level-using Duncans Multiple Range Test.

محدوده ۶۸/۸۷ برای توده اصفهان تا ۱۰۵/۸۳ میکرومتر برای توده بم گزارش کردند. اختلاف معنی‌داری از نظر نسبت بازوی کوچک به بزرگ کروموزوم‌ها بین توده‌ها وجود نداشت (جدول ۴). میانگین نتایج نسبت بازوی

بر اساس نتایج تحقیق (Verma and Mittal (1978) طول کل کروموزوم‌ها در سیر در محدوده ۱۵۷/۷۶ تا ۲۱۸/۳۸ میکرومتر توسط بیان شده است. Gheyrati et al. (2018) طول کلی کروموزوم پنج توده سیر را در

کوچک به بزرگ کروموزوم‌ها نشان داده شده است (جدول ۵). هر چه مقدار این شاخص به هم نزدیک‌تر شود، نشان‌دهنده تفاوت کمتر بین اندازه کروموزوم‌ها و تقارن بیشتر کاریوتیپ است. نسبت برابر یک به عنوان کروموزوم متاستریک می‌باشد. نتایج تحقیق حاضر نشان می‌دهد که نسبت بازو بین ۱/۵۶ تا ۱/۶۰ هست (جدول ۵) که حضور کروموزوم‌های ساب‌متاستریک را در توده‌ها تأیید می‌کند. از نظر شاخص سانترومری اختلاف معنی‌داری بین توده‌ها مشاهده نشد (جدول ۴). شاخص سانترومری برای گرگان و ساری ۰/۳۹ و برای توده رشت ۰/۳۸ به‌دست آمد که نشان‌دهنده حضور بیشتر کروموزوم‌های متاستریک در این توده‌ها می‌باشد (جدول‌های ۴، ۵). شاخص سانترومری نسبت طول بازوی کوتاه به طول کل کروموزوم را گویند. شاخص سانترومری بین صفر تا ۰/۵ برای هر کروموزوم متغیر است. اگر سانترومرد دقیقاً در وسط دو کروماتید قرار گیرد یعنی بازوی کوتاه کروموزوم و بازوی بلند کروموزوم با هم برابر باشد، آن را متاستریک گویند که شاخص سانترومری در این حالت برابر ۰/۵ است. اگر سانترومرد بین وسط و انتهای کروموزوم قرار داشته باشد آن را ساب‌متاستریک گویند که شاخص سانترومری در این حالت کمتر از ۰/۵ می‌باشد. اگر سانترومرد در انتهای

کروموزوم قرار داشته باشد آن را تلوسانتریک گویند که شاخص سانترومری در این حالت صفر می‌باشد (Swanson et al., 1981).  
بررسی فرمول کاریوتایی نشان می‌دهد که توده‌ها دارای فرمول یکسان 12m + 4Sm می‌باشند. در هیچ کدام از کروموزوم‌ها ماهوارک مشاهده نشد. عدم وجود کروموزوم‌های دیگر نشان می‌دهد که این سه توده از نظر تیپ و نوع کروموزومی نسبتاً یکسان هستند. با توجه به جدول دو طرفه استینز (Stebbins, 1971) هر سه توده در کلاس 2B قرار می‌گیرند (جدول ۷) و از نظر تکاملی با توجه به شاخص عدم تقارن، در یک سطح قرار می‌گیرند. (Gheyrati et al. (2018 گزارش کردند که توده‌های سیر اصفهان و جیرفت در کلاس 3B و توده‌های سیر بم، کرمان و همدان در کلاس 2B قرار دارند. جدول دو طرفه استینز یکی از کارآمدترین روش‌های دسته‌بندی کاریوتایپ‌ها است. این روش ابزار مناسبی برای تعیین جایگاه کاریوتایپ گونه‌ها از لحاظ تکاملی است به طوری که از چپ به راست و از بالا به پایین نامتقارن تر می‌شود (Stebbins, 1971). طبق نتایج به‌دست آمده، در توده رشت مقدار بیشتری از A2 (عدم تقارن بین کروموزومی) برابر با ۰/۳۴ و اختلاف درصد طول نسبی بزرگ‌ترین و کوچک‌ترین کروموزوم (DRL) بالاتری با ۶/۹۹ درصد ثبت شد (جدول ۶).

**Table 6. Characteristics of karyotypes and asymmetry parameters in studied Garlic accessions**

Accession	2n	x	Karyotype formula	Chromosomes total length (µm)	TF%	asymmetrical karyotype%	Intrachromosomal asymmetry index A1	Interchromosomal asymmetry index A2	Difference of Range of Relative Length DRL
Gorgan	16	8	12 m + 4 Sm	169.51	37.78	62.21	0.40	0.26	5.07
Sari	16	8	12 m + 4 Sm	155.91	39.63	60.36	0.34	0.25	4.86
Rasht	16	8	12 m + 4 Sm	136.57	39.59	60.40	0.36	0.33	6.99

Sub-metacentric = Sm  
Metacentric = M

**Table 7. Karyotype symmetric based on Stebbins categories in Garlic accessions**

Shortest chromosome/ longest chromosome	Chromosomes ratio whit L/S more than 2			
	1	0.51-0.99	0.01-0.5	0.00
>4	4A	3A	2A	1A
2-4	4B	3B	2B	1B
<4	4C	3C	2C	1C

(جدول ۶). اطلاعات کروموزومی و اطلاعات کاربوتایی در بررسی جمعیت‌های مختلف دارای اهمیت می‌باشد. به‌طور کلی تحقیقات سیتوتاکسونومی، علاوه بر مشخص کردن ارتباط و قرابت بین گونه‌ها، می‌تواند اطلاعات با ارزشی در مورد خزانه‌زنی موجود در کشور به منظور بهره‌گیری در بانک ژن فراهم آورد. لذا انجام مطالعه‌های سیتوژنتیکی در گونه‌های گیاهی و همچنین جمعیت‌های متعلق به آن‌ها، بخصوص گیاهان وحشی و بومی به دلیل فراهم نمودن اطلاعات روی تاریخچه تکاملی گیاه، تعیین قرابت‌های بین گونه‌ای، تعیین مشخصات کاربولوژیکی و غیره از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است (Hesamzadeh-Hejazi and Ziaenasab 2007).

شاخص‌های A1 و TF% به‌عنوان شاخص‌های متقارن بودن درون کروموزومی هستند که رابطه آن‌ها با هم یک رابطه معکوس است. بر این اساس توده‌گران با داشتن A1 بالاتر و TF% کمتر دارای کاربوتایپ نامتقارن است. روند تغییرات A2 و DRL به‌عنوان فاکتورهای عدم تقارن بین کروموزومی هستند که یک رابطه خطی و مستقیم دارند. در توده رشت A2 و DRL بیشتری نسبت به دو توده‌گران و ساری ثبت گردید که از این نظر نامتقارن می‌باشد. وجود کاربوتایپ‌های نامتقارن بین و درون کروموزومی بیانگر تکامل بالاتر این توده‌ها است. بحث تقارن کاربوتایپ که یکی از فاکتورهای مهم در مطالعه تکامل گونه‌ها است ریشه در انجام مطالعه‌های کروموزومی دارد. به‌منظور درک اهمیت عدم تقارن کاربوتایپ، باید ارتباط بین افزایش یا کاهش عدم تقارن کروموزومی با سایر صفات (صفات سلولی مانند عدد کروموزومی و صفات مورفولوژیکی مانند رشد یکساله یا چندساله و وجود یا عدم وجود ویژگی‌های مشخص مورفولوژیکی) مورد بررسی قرار گیرد (Swanson et al., 1981). اکثر کروموزوم‌های گونه‌های مورد مطالعه در این تحقیق از نوع متاسانتریک و ساب‌متاسانتریک بودند (جدول ۶). Ramesh (2015) گزارش کرد که وارپته "دشی" سیر دارای ۴ جفت کروموزوم متاسانتریک، ۳ جفت کروموزوم ساب‌متاسانتریک و یک جفت

هر چه میزان A2 و DRL بیشتر باشد اختلاف بین اندازه طول کروموزوم‌ها بیشتر بوده و کاربوتایپ نامتقارن‌تر است. توده‌گران مقدار بالاتری از A1 (عدم تقارن درون کروموزومی) برابر با ۰/۴۰ را نشان داد. بنابراین کاربوتایپ به نسبت نامتقارنی دارد و توده‌های ساری و رشت به ترتیب با ۰/۳۴ و ۰/۳۶ از A1 پایین‌تری برخوردار بودند (جدول ۶) و بنابراین کاربوتایپ متقارن‌تری دارند. گزارش شده است که توده‌های سیر ایران A1 از ۰/۲۰ تا ۰/۲۷ دارند (Yaghoobi and Malekzadeh, 2013).

بر اساس نتایج تحقیق حاضر، درصد شکل کلی کروموزوم TF% بین ۳۷ تا ۳۹ درصد و همچنین درصد نامتقارن بودن کاربوتایپ بین ۶۰/۴۰ تا ۶۲/۲۱ درصد بین سه توده سیر به‌دست‌آمد (جدول ۶) که نشان‌دهنده یکسان بودن توده‌ها از نظر تکاملی می‌باشند. (Gheyrati et al., 2018) درصد شکل کلی کروموزوم پنج توده سیر را در محدوده ۳۲/۶۹ درصد برای توده اصفهان تا ۳۹/۵۶ درصد برای توده کرمان گزارش کردند که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. درصد شکل کلی کروموزوم جهت مقایسه و بررسی تقارن کاربوتایپ‌ها، تعیین ارتباط کاربوتایی بین گونه‌ها و جنس‌ها و به‌عنوان شاخص دسته‌بندی کاربوتایپ استفاده می‌شود (Paszko, 2006). این نسبت همبستگی مثبتی با تقارن کاربوتایپ دارد. هر چه TF% به عدد ۵۰ نزدیک‌تر باشد، نشان‌دهنده حضور بیشتر کروموزوم‌های متاسنتریک نسبت به سایر حالات کروموزومی می‌باشد. چنانچه به عدد صفر نزدیک‌تر شود، نشان‌دهنده حضور بیش‌تر کروموزوم‌های آکروسانتریک و تلوسانتریک می‌باشد و نشان‌دهنده نامتقارن بودن کاربوتایپ است. در این آزمایش فاصله جغرافیایی زیاد بین توده‌های سیر عامل محدودکننده جریان ژنی بین توده‌ها و همچنین تمایز بین توده‌ها محسوب نشده است و ارتباط بین اهالی استان‌های شمالی سبب ایجاد جریان ژنی بین توده‌های مختلف گیاهی نیز شده است. از نظر شاخص‌های تقارن کاربوتایی اختلاف زیادی بین توده‌ها وجود نداشت

کمتر) و همچنین تعداد کمتری کروموزوم دارد. دو لپه‌ای‌ها معمولاً در مقایسه با تک‌لپه‌ای‌ها کروموزوم‌های بزرگ‌تری دارند. در هر دو گروه نیز معمولاً گونه‌های ابتدایی‌تر کروموزوم‌های بزرگ‌تری نسبت به گونه‌های پیشرفته‌تر دارند (Omidi et al., 2014; Sheidai et al., 2003).

### نتیجه‌گیری

یکی از روش‌های بررسی ارقام و گونه‌های گیاهی، انجام مطالعه‌های سیتوژنتیکی و کاریوتایی در مرحله متافازی است تا به‌طور دقیق مرزهای بین گونه‌ای در یک جنس و همچنین جمعیت‌های متعلق به آن‌ها، به خصوص گیاهان وحشی و بومی مشخص شود. در آزمایش حاضر تمام توده‌های مورد مطالعه، دیپلوئید با تعداد کروموزوم پایه هشت  $x=8$  ( $2n=2x=16$ ) بودند. آنالیز کاریوتایپ متافاز نشان داد که ساترومرها به‌طور عمده در وسط (متاستریک) یا نزدیک وسط (ساب‌متاستریک) کروموزوم قرار دارند. کروموزوم‌ها در جهت کاهش طول بازو کوتاه مرتب شدند و فرمول کاریوتایپ  $12m+4sm$  برای تمام توده‌ها به‌دست آمد. توده گرگان با داشتن کمترین مقدار  $TF\%$  (۳۷/۷۸ درصد) و بیشترین مقدار  $A1$  (۰/۴۰) به‌عنوان کاریوتایپ نامتقارن‌تر در بین سه توده مورد مطالعه شناخته شد. داده‌های کاریوتایی، منبع جامع از اطلاعات سیتوژنتیکی فراهم می‌کند که می‌تواند برای درک بهتر طبقه‌بندی، تکامل و شکل‌گیری در جنس سیر و شناسایی گونه‌های مناسب برای برنامه‌های اصلاحی استفاده شود.

### سپاس‌گزاری

مقاله حاضر با حمایت مالی و معنوی از طرح تحقیقاتی شماره ۱۰۶-۳۵۴-۹۵ مصوب در دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان به انجام رسیده است که بدین وسیله قدردانی می‌گردد.

ساب‌تولوستریک است. (Yuzbasioglu and Unal (2004). کروموزوم‌های سیر را از نوع متاستریک و ساب‌متاستریک تقسیم‌بندی کردند. (Gheyrati et al. (2018). تنوع کاریوتایی پنج جمعیت سیر را در سلول‌های متافازی بررسی کردند و گزارش کردند که همه جمعیت‌ها دارای سه نوع کروموزوم متاستریک، ساب‌متاستریک و ساب‌تولوستریک (به جز توده اصفهان) هستند. گزارش کردند کروموزوم‌های یک و دو متاستریک هستند و بقیه کروموزوم‌ها ساب‌متاستریک هستند (Wajahatullah and Vahidy, 1990). جمعیت‌های متعلق به یک گونه هر یک سازش ژنومی خاص خود را با محیطی که در آن می‌رویند، نشان می‌دهند با افزایش اختلافات سازشی ممکن است واریته‌های جدید و حتی گونه‌های جدید در رویشگاه‌های گیاهی به وجود آیند بنابراین کروموزوم‌ها عوامل مناسبی هستند که می‌توان بر اساس آن روند تکاملی گیاهان را تعیین نمود (Hesamzadeh-Hejazi and Ziaeinassab 2007). بررسی مقایسه‌ای کاریوتیپ گونه‌ای مختلف یک جنس و حتی جمعیت‌های یک گونه با توجه به اندازه طول کروموزوم‌ها، اهمیت بسیاری را در شناخت تغییرات کمی ماده ژنتیکی ارائه می‌کند. وجود اختلاف معنی‌دار بین گونه‌های یک جنس، نقش تغییرات کمی DNA را در روند گونه‌زایی نشان می‌دهد. از طرفی اختلاف معنی‌دار اندازه کل کروموزوم‌ها در بین جمعیت‌های یک گونه، تغییرات سازشی ژنوم را در ارتباط با محیط محلی بیان می‌کند. شواهد موجود نشان می‌دهد که مقدار DNA، اندازه کروموزوم‌ها و در اکثر مواقع تعداد کروموزوم‌ها با درجه اختصاصی شدن گونه‌ها ارتباط دارد. بدین ترتیب که گونه‌ای با درجه بالاتر اختصاصی شدن، کروموزوم‌های کوچک‌تر (مقدار DNA

## References

- Chehrizi, M., Naderi, R., Shahnejat, A, A., Hasani, M, E., & Zarifi, A. (2012). Evaluation of karyotype and ploidy levels in some endemic and exotic daffodils (*Narcissus* sp.) genotypes. *Plant Productions*, 35(2), 13-27. [In Farsi]
- Gheyrati, L., Naghavi, P., Zeinali, H., & Moradi, S. (2018). Karyotype diversity in 5 varieties of garlic using factor analysis. *Journal of Crop Breeding*, 9(24), 137-143. [In Farsi]
- Hesamzadeh-Hejazi S. M., & Ziaeinassab, M. (2007). Cytogenetic study on some Hedysarum species available in

- the natural resources gene bank of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 15(2), 85-94. [In Farsi]
- Huziwara, Y. (1962). Karyotype analysis in some genera of compositeae. Further studies on the chromosome of Aster. *American Journal of Botany*, 49(2), 116-119.
- Levan, A., Fredga, K., & Sanberge, A. A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2), 201-220.
- Mousavizadeh, S.J., Hassandokht, M. R., & Kashi, A. (2017). *Karyotype analysis in diploid and polyploid species of Iranian wild Asparagus*. International Conference & X National Horticultural Science Congress of Iran (IrHC2017), Tehran, Iran.
- Mousavizadeh, S.J., Hassandokht, M.R., Kashi, A., Gil, J., Cabrera, A., & Moreno, R. (2016). Physical mapping of 5S and 45S rDNA genes and ploidy levels of Iranian *Asparagus* species. *Scientia Horticulturae*, 211(14), 269-276.
- Omidi, M., Alishah, A., & Sasanfar, B. (2014). *Plant cytogenetic*. Tehran: Tehran university press. [In Farsi]
- Osman, S. A. M., Ata, A. M., & Gad, S. N. H. (2007). *Morphological, germination, bolting and cytogenetical characteristics of fourteen promising garlic genotypes*. 8<sup>th</sup> African Crop Science Conference Proceedings, El-Minia, Egypt, 2005-2012.
- Paszko, B. (2006). A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices. *Plant Systematics and Evolution*, 258(1-2), 39-48.
- Ramesh, A. (2015). Karyotypic analysis in three species of *Allium* and some Varieties. *International Research Journal of Biological Sciences*, 4(9), 1-9.
- Romero-Zarco, C. (1986). A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxonomy*, 35(3), 526-530.
- Safari, H., Hesamzadeh-Hejazi, S. M., Jalilian, N., & Ziaeinassab, M. (2008). Study of karyotypic variation on six different populations in three sophora l. species. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 16(1), 27-36. [In Farsi]
- Sheidai, M., Koobaz, P., & Zehzad, B. (2003). Meiotic studies of some *Avena* species and populations in Iran. *Journal of Sciences, Islamic Republic of Iran*, 14(2), 121-131.
- Sheidai, M., Zogagi-far, Sh., Khanafshar, Sh., & Zehzad, B. (2002). Karyotypic study in some Iranian species and populations of *Tulipa L.* (Liliaceae). *Caryologia*, 55(1), 81-89.
- Stebbins, G. L. (1971). *Chromosomal evolution in higher plants*. London: Edward Arnold LTD.
- Swanson, C. P., Merz, T., & Young, W. J. (1981). *Cytogenetics: The chromosome in division, inheritance, and evolution*. Hoboken, New Jersey: Prentice-Hall.
- Verma, S. C., & Mittal, R. K. (1978). Chromosome Variation in the Common Garlic, *Allium sativum L.* *Cytologia*, 43(2), 383-396.
- Wajahatullah, M. K., & Vahidy, A. A. (1990). Karyotyping and localization of nucleolar organizer regions in Garlic, *Allium sativum L.* *Journal of Cytologia*, 55(3), 501-504.
- Yaghoobi, E., & Malekzadeh, S. (2013). Genetic variation of Iranian ecotypes of Garlic (*Allium sp.*) using karyotype analysis. *Modern Genetic*, 4(35), 411-422. [In Farsi]
- Yuzbasioglu, D., & Unal, F. (2004). Karyotyping, C- and NOR Banding of *Allium sativum L.* (Liliaceae) cultivated in Turkey. *Pakistan Journal of Botany*, 36(2), 343-349.
- Zahedi, A., Hosseini, B., & Fattahi, M. (2018). Effect of different concentration of colchicine on some morphological and phytochemical characteristics of dracocephalum kotschyi boiss. *Plant Productions*, 40(4), 31-40. [In Farsi]