

Cytogenetic study of some populations of the genera *Alyssum* L. and *Malva* L.

Gholami^{1*}, H. Javadi² and A. Kordenaeej³

1*- Corresponding author, M.Sc. graduate, Faculty of Agriculture, Shahed University, Tehran, I.R. Iran

Email: amenegholami4@gmail.com

2- Assoc. Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, ARREO, Tehran, Iran

3- Assist. Prof., Dept. Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Shahed University, Tehran, Iran

Received: 27/12/2025

Revised: 15/01/2026

Accepted: 12/02/2026

Abstract

Background and Objectives: The genera *Alyssum* L. and *Malva* L., belonging to the Brassicaceae and Malvaceae families, respectively, comprise annual and perennial plant species with considerable medicinal and ecological importance. These genera are widely distributed throughout Iran and have long been used in traditional medicine because of their expectorant, antitussive, and laxative properties. However, cytogenetic information regarding the chromosome number, ploidy level, and karyotype characteristics of native populations remains limited or incomplete. Therefore, the present study aimed to determine the somatic chromosome number, assess ploidy diversity, and characterize the karyotypic features of selected populations of *Alyssum* and *Malva* in order to provide fundamental cytogenetic information for taxonomic studies, conservation, and future breeding programs.

Materials and Methods: Seeds of eight populations representing *Alyssum stapfii*, *A. hirsutum*, *Malva sylvestris*, and *M. parviflora* (two populations of each species) were obtained from the Gene Bank of Natural Resources of Iran and grown under controlled conditions following appropriate seed germination treatments. Root-tip meristems were collected for chromosome preparation using the squash technique after pretreatment, fixation, hydrolysis, and hematoxylin staining. Chromosome observations were performed using an Olympus BX40 light microscope, and high-quality metaphase plates were photographed for subsequent analyses. Chromosomal parameters, including long arm length (LA), short arm length (SA), and total chromosome length (TL), were measured using Micro-Measure software. Cytogenetic indices, including the centromeric index (CI), intrachromosomal and interchromosomal asymmetry indices (A1 and A2), total form percentage (TF%), arm ratio (AR), difference in relative chromosome length (DRL), symmetry index (SI), centromeric gradient (CG), and dispersion index (DI), were calculated using Microsoft Excel and standard cytogenetic formulas. Karyotype symmetry was classified according to the systems proposed by Stebbins and Levan. Statistical analyses were performed using SAS software.

Results: In the genus *Alyssum*, the basic chromosome numbers were $x=7$ and $x=8$, with tetraploid ($2n=4x=32$) and hexaploid ($2n=6x=42$ and 48) cytotypes identified among



the studied populations. According to Stebbins' karyotype classification, all *Alyssum* populations were assigned to symmetry class 1C, with metacentric chromosomes predominating. Analysis of variance revealed that only the centromeric gradient (CG) differed significantly among populations ($P \leq 0.01$), whereas the remaining cytogenetic parameters showed no significant differences. Based on the values of A1, A2, TF%, SI, and the karyotypic formula, population 30546 (Khalkhal) of *A. stapfii* exhibited the most symmetrical karyotype. Mean comparison indicated that the greatest total chromosome length (1.31 μm) was recorded in population 23372 (Taft) of *A. stapfii*. In the genus *Malva*, the basic chromosome numbers were $x=7$ and $x=14$, with hexaploid chromosome complements of $2n=42$ and $2n=84$ observed among the populations. The *Malva* populations were classified into Stebbins' symmetry classes 1B, 1C, and 2C, with metacentric chromosomes predominating in all populations. Significant differences were detected among populations for DRL, A2, and DI ($P \leq 0.01$). Among the evaluated populations, population 012 (Tangestan) of *M. parviflora* exhibited the greatest total chromosome length (1.22 μm).

Conclusion: The results of this study demonstrate substantial cytogenetic diversity among the evaluated populations of *Alyssum* and *Malva*, particularly with respect to chromosome number, ploidy level, and karyotype structure. Such diversity is likely associated with adaptation to the diverse ecological conditions of their natural habitats. The cytogenetic information generated in this study provides a valuable foundation for taxonomic revision, evolutionary and phylogenetic investigations, germplasm conservation, and the development of breeding programs for these medicinally important genera.

Keywords: Ploidy levels, *Malva*, *Alyssum*, karyotype.

مطالعه سیتوژنتیکی برخی جمعیت‌های جنس‌های قدومه (*Alyssum L.*) و پنیرک (*Malva L.*)

آمنه غلامی^{۱*}، حمیده جوادی^۲ و علاءالدین کردنائیج^۳

^{۱*} - نویسنده مسئول، دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

پست الکترونیک: amenegholami4@gmail.com

^۲ - دانشیار، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

^۳ - استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۰/۰۶

تاریخ اصلاح نهایی: ۱۴۰۴/۱۰/۲۵

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۱/۲۳

چکیده

سابقه و هدف: گیاهان جنس‌های قدومه (*Alyssum*) و پنیرک (*Malva*) گیاهانی یکساله و چند ساله از خانواده Brassicaceae و Malvaceae هستند، که خاصیت دارویی دارند. این دو جنس پراکنش گسترده‌ای در ایران دارند و در سال‌های اخیر به دلیل اثرهای مفید دارویی، به عنوان نرم‌کننده سینه، برطرف‌کننده سرفه و ملین استفاده می‌شوند. اطلاعات سیتوژنتیکی این گیاهان به‌ویژه در سطح پلوئیدی و ویژگی‌های کاریوتیپی جمعیت‌های بومی آنها، ناشناخته یا ناقص است. هدف از این مطالعه، تعیین تعداد کروموزوم‌های سوماتیکی، تنوع پلوئیدی و اندازه‌گیری پارامترهای مختلف کروموزومی در این گونه‌ها می‌باشد تا داده‌های پایه برای مطالعات اصلاحی و رده‌بندی دقیق‌تر فراهم گردد.

مواد و روش‌ها: بذرهای ۸ جمعیت از چهار گونه قدومه شیرازی (*Alyssum stapfii*)، قدومه کرکدار (*A. hirsutum*)، پنیرک گل‌ریز (*Malva sylvestris*) و پنیرک قرمز (*M. parviflora*) (هر گونه ۲ جمعیت) از بانک ژن منابع طبیعی ایران تهیه و پس از تیمارهای جوانه‌زنی، در شرایط کنترل‌شده کشت شدند. نمونه‌های میکروسکوپی از نوک ریشه، با استفاده از تکنیک اسکواش و رنگ‌آمیزی هماتوکسیلین، پس از مراحل پیش‌تیمار، تثبیت و هیدرولیز آماده شدند. نمونه‌ها با میکروسکوپ نوری BX40 مطالعه و از صفحات متافازی سلولی عکس‌برداری شد. اندازه‌گیری پارامترهای طولی کروموزوم‌ها، شامل طول بازوی بلند (LA)، بازوی کوتاه (SA) و طول کل کروموزوم (TL) با نرم‌افزار میکرومیژر (Micro measure) انجام شد. همچنین شاخص‌های سانترومری (CI)، عدم تقارن درون کروموزومی (A₁) و عدم تقارن بین کروموزومی (A₂)، درصد شکل کلی کاریوتیپ (TF%)، نسبت بازوها (AR)، تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم (DRL)، شاخص تقارن (SI)، گرادیان سانترومری (CG) و شاخص پراکندگی (DI) با استفاده از نرم‌افزار اکسل (Excel) و فرمول‌های مربوطه محاسبه شدند. برای طبقه‌بندی تقارن کاریوتیپ‌ها و تعیین نوع کروموزوم‌ها از روش‌های استبنز (Stebbins) و لوان (Levan) استفاده شد. برای رسم نمودارها و تجزیه آماری داده‌ها از نرم‌افزارهای Excel و SAS استفاده گردید.

نتایج: در جنس قدومه (*Alyssum*) عدد پایه کروموزومی در جمعیت‌ها، $x=7$ و $x=8$ به دست آمد. سطوح پلوئیدی شامل تتراپلوئید ($2n=4x=32$) و هگزاپلوئید ($2n=6x=48$) بود. براساس جدول دوطرفه Stebbins، تمامی جمعیت‌ها در کلاس تقارن ۱C قرار داشتند و کروموزوم‌های متاسانتریک غالب بودند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که تنها صفت گرادیان سانترومری (CG) در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شد و سایر صفات اختلافات معنی‌داری نداشتند. براساس شاخص‌های عدم تقارن کروموزومی A₁، A₂، TF%

SC و فرمول کاریوتیپی مشخص شد که جمعیت خلخال (۳۰۵۴۶) از گونه *Alyssum stapfii* دارای کاریوتیپ متقارن تری است. مقایسه میانگین صفات نشان داد که بیشترین طول کل کروموزوم (۱/۳۱ میکرومتر) در جمعیت تفت (۲۳۳۷۲) از گونه *A. stapfii* بدست آمد. در جنس پنیرک (*Malva*)، عدد پایه کروموزومی $x=7$ و $x=14$ سطوح پلوئیدی هگزاپلوئید (۸۴ و $2n=6x=42$) در جمعیت‌ها دیده شد. جمعیت‌های پنیرک در کلاس تقارن ۱C، ۲C و ۱B قرار گرفتند و در تمام آن‌ها کروموزوم‌های متاساتریک غالب بودند. براساس نتایج تجزیه واریانس، جمعیت‌ها از نظر صفات تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL، عدم تقارن درون A2 و شاخص پراکندگی DI اختلاف معنی‌داری را در سطح احتمال ۱ درصد نشان دادند. در مقایسه میانگین صفات، جمعیت تنگستان (۱۲۰) از گونه *M. parviflora* بیش‌ترین مقدار طول کل کروموزوم (۱/۲۲ میکرومتر) را داشت.

نتیجه‌گیری نهایی: یافته‌های این مطالعه وجود تنوع سیتوژنتیکی قابل توجهی را به‌ویژه در سطح پلوئیدی و ریخت‌شناسی کروموزوم‌ها در جمعیت‌های گونه‌های مورد بررسی تأیید کرد. به نظر می‌رسد این تنوع، بازتابی از سازگاری این گونه‌ها با شرایط اکولوژیک متنوع زیستگاه‌های آن‌ها باشد. نتایج این پژوهش اطلاعات پایه ارزشمندی را برای برنامه‌ریزی‌های حفاظتی، مطالعات فیلوژنتیکی و برنامه‌های به‌نژادی در گونه‌های دو جنس *Alyssum* و *Malva* فراهم می‌کند.

واژه‌های کلیدی: سطوح پلوئیدی، پنیرک، قدومه، کاریوتیپ

مقدمه

تیره شب‌بو (Brassicaceae)، تیره بزرگی از گیاهان گلدار جداگلب‌برگ است. این تیره گسترش فراوانی در مناطق سرد معتدله نیمکره شمالی دارد و بیش‌ترین پراکنش آن در آسیا و منطقه مدیترانه است. در فلور ایران براساس شباهت در ساختار، فرم رویشی و گل‌آذین، تیره شب‌بو در ۲۵ قبیله قرار می‌گیرد. جنس قدومه (*Alyssum*)، با بیش از ۱۵۰ گونه، یکی از مهمترین جنس‌های این تیره به‌شمار می‌رود. گیاهان این جنس یکساله، دوساله یا چند ساله هستند. دارای کرک بوده، برگ‌های آن‌ها ساده و گل‌هایشان به رنگ سفید، ارغوانی یا زرد است. میوه در این جنس به‌شکل خورجین یا خورجینک با دانه‌های بالدار یا بدون بال است براساس مطالعات فلور ایران، بیش از ۵۰ گونه از این جنس در ایران گزارش شده‌اند که برخی از آن‌ها انحصاری این منطقه هستند (*Asadi et al., 2018*). این جنس به‌عنوان گیاه دارویی، گیاه زینتی و تجمع‌دهنده فلزات سنگین استفاده شده است (*Al-Shehbaz et al., 2006*). بیش‌ترین تعداد گونه‌های تجمع‌کننده یا پیش‌انباشته‌گر نیکل متعلق به جنس *Alyssum* است (*Mengoni*

(*Cecchi et al., 2010; et al., 2003*). برخی گونه‌های این

جنس دارای ترکیبات متابولیتی ثانویه با خواص دارویی هستند و در طب سنتی برای درمان التهاب، گلودرد و به عنوان پادزهر در درمان بیماری‌های هاری کاربرد دارند (*Raza et al., 2016; Ozay and Mammadov, 2022*).

تیره پنیرک (Malvaceae) تیره‌ای نسبتاً بزرگ از گیاهان گلدار جداگلب‌برگ است. این تیره گسترش جهانی دارد، اما بیش‌ترین تنوع آن در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری است (*Heywood et al., 2007*). جنس پنیرک (*Malva*)، با حدود ۲۵ تا ۳۰ گونه، یکی از شناخته‌شده‌ترین جنس‌های این تیره در ایران و جهان به‌شمار می‌رود. گیاهان این جنس یکساله تا چندساله هستند و قاعده چوبی دارند. آن‌ها دارای کرک بوده، برگ‌هایشان متناوب، ساده و اغلب لوب‌دار یا منقسم است. گل‌ها منظم و پنج‌قسمتی با پرچم‌های فراوان و لوله پرچمی مشخص هستند. رنگ گل‌ها اغلب سفید، صورتی، بنفش یا آبی و میوه از نوع شیزوکارب است (*Pakravan, 2008*). این جنس به عنوان گیاه دارویی، زینتی و گاهی به عنوان گیاه پالاینده خاک مورد استفاده قرار گرفته است (*Heywood et*

(Vaezi et al., 2014). در جنس پنیرک (*Malva*) نیز عدد پایه کروموزومی ($x=7$) و سطوح پلوئیدی گوناگون (دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید) گزارش شده است (Davenport, 1938). همچنین گونه‌های مختلف *Malva* دارای تعداد کروموزوم‌های متفاوتی در محدوده ۱۲۰-۴۲۲n هستند (Jedrzejszyk and Rewers, 2022). این مطالعه، با هدف مستندسازی تعداد کروموزوم و سطح پلوئیدی در ۸ جمعیت از گونه‌های قدومه شیرازی (*Alyssum stapfii*)، قدومه کرکدار (*A. hirsutum*)، پنیرک گل‌ریز (*Malva sylvestris*) و پنیرک قرمز (*M. parviflora*) انجام شد. همچنین تجزیه و تحلیل ویژگی‌های کاربوتیپی و ارزیابی تنوع سیتوژنتیکی با استفاده از روش‌های آماری از دیگر اهداف این پژوهش بود.

مواد و روش‌ها

تهیه مواد گیاهی: بذر ۸ جمعیت از گونه‌های قدومه شیرازی (*Alyssum stapfii*)، قدومه کرکدار (*A. hirsutum*)، پنیرک گل‌ریز (*Malva sylvestris*) و پنیرک قرمز (*M. parviflora*) از بانک ژن منابع طبیعی ایران تهیه گردید. مشخصات و محل جمع‌آوری بذرها در جدول ۱ آورده شده است.

(al., 2007). برخی گونه‌ها دارای ترکیبات موسیلاژی، فلاونوئیدها و آنتوسیانین‌ها با خواص ضدالتهابی، ضدمیکروبی و آنتی‌اکسیدانی هستند. گونه *Malva sylvestris* در طب سنتی ایران برای درمان التهاب، سرفه، گلودرد، التهابات گوارشی و بهبود زخم کاربرد داشته است (Mousavi et al., 2021). این گیاهان به دلیل تنوع مورفولوژیکی و سازگاری با شرایط مختلف اکولوژیکی، نمونه‌های ارزشمندی به‌شمار می‌روند. این ویژگی‌ها آن‌ها را برای مطالعات سیستماتیک، فیزیولوژیک و سیتوژنتیک مناسب نموده است. مطالعات سیتوژنتیک اولین گام در مدیریت و بهره‌برداری مؤثر از منابع ژنتیکی محسوب می‌شود، زیرا دانش تعداد کروموزوم‌ها در انتخاب روش اصلاح مؤثر است. بررسی عدد کروموزومی، سطح پلوئیدی و ویژگی‌های کاربوتیپی نه تنها در روشن‌سازی روابط تاکسونومیکی و فیلوژنتیکی کمک می‌کند، بلکه می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی و حفاظت از ذخایر ژنتیکی نیز مورد استفاده قرار گیرد (Vaezi et al., 2014). در جنس قدومه گزارش‌های پیشین حکایت از وجود اعداد پایه کروموزومی متفاوت (۷ و ۸) ($x=7$) و سطوح پلوئیدی گوناگون (دیپلوئید، تتراپلوئید و هگزاپلوئید) در گونه‌های مختلف دارد (Sirin et al., 2020).

جدول ۱- مشخصات و محل جمع‌آوری بذر جمعیت‌های مختلف جنس *Alyssum* و *Malva*

Table 1- Name and origin of seed populations of the genus *Alyssum* & *Malva*

Species	Gene bank code	Collection site	Altitude (m)	Longitude	Latitude
<i>A. stapfii</i>	30546	Ardabil - Khalkhal	2030	48°26'50"	37°30'26"
<i>A. stapfii</i>	23372	Yazd - Taft	2496	54°6'42"	31°36'9"
<i>A. hirsutum</i>	37247	Yazd - Taft	2518	54°7'41"	31°37'13"
<i>A. hirsutum</i>	30218	Ardabil	1365	47°59'95"	39°4'48"
<i>M. sylvestris</i>	011	North Khorasan - Faruj	1137	58°10'45"	37°16'54"
<i>M. sylvestris</i>	014	North Khorasan - Bojnurd	1545	57°37'22"	37°28'27"
<i>M. parviflora</i>	012	Bushehr - Tangestan	50	56°46'40"	33°26'24"
<i>M. parviflora</i>	013	Bushehr - Dashtestan	70	57°25'03"	34°24'08"

درصد و خراشدهی مکانیکی با سمباده بر روی بذرهای اعمال شد. بذرهای درون پتری‌دیش‌های حاوی کاغذ صافی مرطوب کشت و در ژرمیناتور با دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و رطوبت نسبی ۶۵ درصد قرار داده شدند. مدت زمان جوانه‌زنی بین دو

کشت بذرها: بذرهای ابتدا با محلول قارچ‌کش تیرام (دو در هزار) به مدت ۲ دقیقه ضدعفونی شدند. سپس برای شکستن خواب بذر، تیمارهای مختلف جوانه‌زنی شامل دو هفته سرمادهی (۴ درجه سانتی‌گراد)، آبدهی با نترات پتاسیم ۰/۲

روز تا یک هفته متغیر بود. پس از رشد ریشه‌ها به طول مناسب (حدود ۱ تا ۱/۵ سانتی‌متر)، نوک ریشه برای تهیه نمونه‌های میکروسکوپی برداشت شد.

گرادیان سانترومی

$$CG = (medinSA/medinLA) \times 100$$

شاخص پراکندگی $DI = A2 \times CG$

درصد بازوی بلند کروموزومی $LA\% = LA/TL \times 100$

درصد بازوی کوتاه کروموزومی $SA\% = SA/TL \times 100$

در برنامه اکسل (Excel) محاسبه شدند (Javadi & Salehi, 2024). برای تعیین نوع کروموزوم‌ها نیز از روش Levan استفاده شد (Levan et al., 1964).

تجزیه آماری صفات کروموزومی: تجزیه واریانس در قالب طرح کاملاً تصادفی (با سه تکرار) و مقایسه میانگین با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن (در سطح احتمال ۱٪) انجام شد. برای رسم نمودارها و تجزیه آماری داده‌ها از نرم‌افزارهای Excel و SAS استفاده شد.

نتایج

الف) قدمه

در این پژوهش، مطالعه کاریولوژیکی براساس شکل، اندازه و تعداد کروموزوم‌ها انجام شد (جدول ۲). تصاویر متافاز میتوزی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام جمعیت‌ها در شکل‌های ۱ و ۲ ارائه شده است.

در گونه *Alyssum stapfii* دو سطح پلوئیدی متفاوت با عدد پایه کروموزومی یکسان ($x=8$) دیده شد، جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) هگزاپلوئید ($2n=6x=48$) و جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) تتراپلوئید ($2n=4x=32$) بود (جدول ۲ و شکل ۱).

در گونه *A. hirsutum* دو جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) ($2n=6x=42$) و ۳۰۲۱۸ (اردبیل) ($2n=6x=42$) با دو سطح پلوئیدی یکسان (هگزاپلوئیدی) و عدد پایه کروموزومی متفاوت ($x=7$ و $x=8$) مشاهده شدند (جدول ۲ و شکل ۲).

تهیه نمونه میکروسکوپی: بعد از جوانه‌زنی و ظهور ریشه‌چه به اندازه ۱ تا ۱/۵ سانتی‌متر، به ترتیب مراحل پیش‌تیمار (با محلول ۱٪ آلفا بروموفتالین)، تثبیت (با مخلوط محلول اسید کرومیک ۱٪ و فرمالین ۱۰٪ به نسبت ۱:۱ به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد)، هیدرولیز (با سدیم هیدروکسید یک نرمال در داخل بن‌ماری با دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ تا ۱۰ دقیقه) و رنگ‌آمیزی (با رنگ هماتوکسیلین)، روی ریشه‌ها اعمال شد و نمونه میکروسکوپی از انتهای نوک ریشه به روش اسکواش تهیه گردید. نمونه‌های میکروسکوپی با استفاده از میکروسکوپ الپوس (Olympus BX40)، مطالعه و از صفحات متافازی عکس تهیه شد. برای هر جمعیت سه کاریوتیپ (سه تکرار) با نرم‌افزار Adobe Photoshop تهیه گردید.

اندازه‌گیری صفات کاریوتیپی: در کاریوتیپ‌های تهیه‌شده با استفاده از نرم‌افزار میکرومیژر (Micro measure)، پارامترهای طولی کروموزوم‌ها: طول کل کروموزوم ($TL = LA + SA$ ، طول بازوی بلند (LA)، طول بازوی کوتاه (SA)، نسبت طول بازوها ($AR = LA/SA$) و شاخص سانترومی ($CI = SA/TL$)، محاسبه شدند. برای تعیین وضعیت تکاملی و مطالعه تقارن کاریوتیپی جمعیت‌های مورد مطالعه، از جدول دو طرفه Stebbins استفاده شد (Stebbins, 1971).

شاخص‌های اختلاف طول نسبی بزرگترین و کوچکترین کروموزوم ($DRL = RL\% Max - RL\% Min$).

شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی

$$A1 = 1 - \sum(SA/LA)/n$$

شاخص نامتقارن بین کروموزومی $A2 = SD/X$

درصد شکل کلی کاریوتیپ $TF\% = (\frac{\sum SA}{\sum TL}) \times 100$

شاخص سانترومی $CI = SA/TL$

شاخص تقارن $SI = (TLmin/TLmax) \times 100$

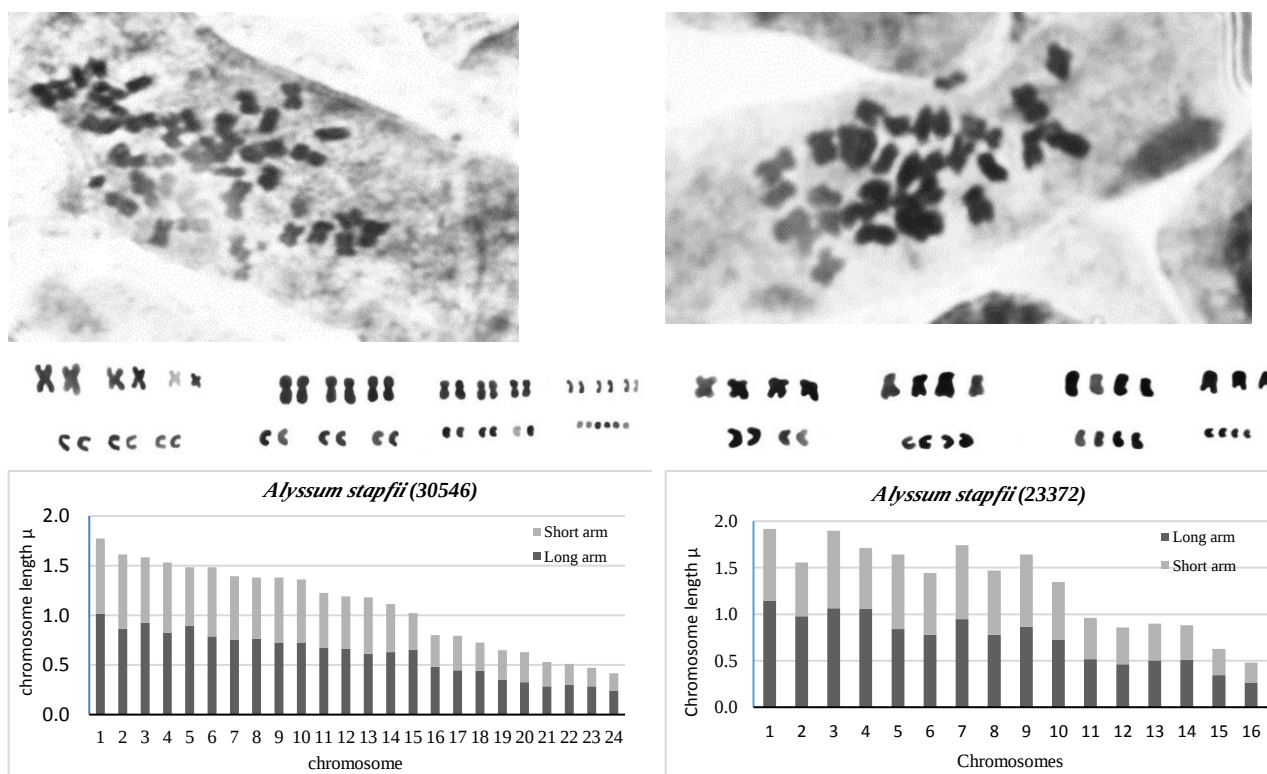
جدول ۲- خلاصه تشریح و مقایسه خصوصیات کاریوتیپی در جمعیت‌های دو گونه قدومه شیرازی (*Alyssum stapfii*) و قدومه کرکدار (*A. hirsutum*)

Table 2. Descriptive summary and comparison of karyotypic characteristics in populations of *Alyssum hirsutum* and *A. stapfii* species

Species	Population	Origin	Somatic chromosome number (x)	Basic chromosome number (x)	Ploidy level	Σ TL#	Stebbins symmetry class	Karyotype formula
<i>A. stapfii</i>	30546	Khalkhal	2n=48	8	6	26.24	1C	22m+2sm
	23372	Taft	2n=32	8	4	21.07	1C	14m+2sm
<i>A. hirsutum</i>	37247	Taft	2n=48	8	6	24.87	1C	22m+2sm
	30218	Ardabil	2n=42	7	6	22.59	1C	20m+1sm

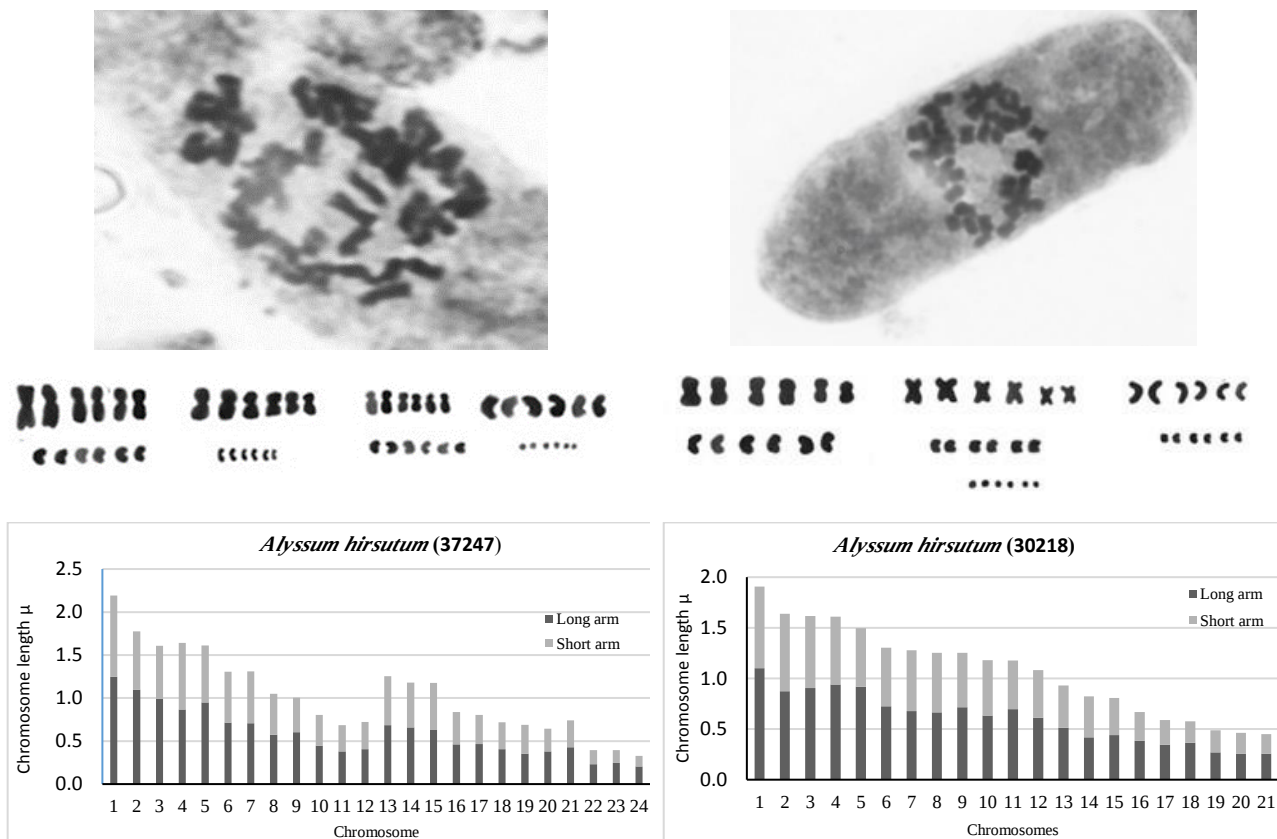
Σ TL = Total chromosome length (Total genome length),

C= Karyotype symmetry (Stebbins karyotype comparison criteria)



شکل ۱. صفحات متافازی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام دو جمعیت خلخال (۳۰۵۴۶) و تفت (۲۳۳۷۲) در گونه *Alyssum stapfii* (قدومه شیرازی)

Figure 1. Metaphase plates, karyotype, and ideogram of populations of Khalkhal (30546) and Taft (23372) of *Alyssum stapfii*



شکل ۲. صفحات متافازی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام دو جمعیت تفت (۳۷۲۴۷) و اردبیل (۳۰۲۱۸) در گونه *Alyssum hirsutum* (قدومه کرکدار)

Figure 2. Metaphase plates, karyotype, and ideogram of populations of Taft (37247) and Ardabi (30218) of *Alyssum hirsutum*

($1/31\mu\text{m}$) (TL)، طول کل کروموزوم (CI) ($0/438\mu\text{m}$)، شاخص شاخص سانترومری (A₁) ($0/21\mu\text{m}$)، شاخص نامتقارن بودن درون کروموزومی (A₂) ($0/061\mu\text{m}$)، گرادیان نامتقارن بودن بین کروموزومی (CG) ($81/6\mu\text{m}$) و شاخص پراکندگی (DI) ($4/98\mu\text{m}$) را داشت. در جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) از همین گونه بیشترین مقادیر نسبت بازوها (AR) ($1/33\mu\text{m}$)، درصد شکل کلی کاریوتاوپ (TF%) ($44/05\mu\text{m}$) و تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاهترین کروموزوم (DRL) ($5/89\mu\text{m}$) مشاهده شد (جدول ۳).

در گونه قدومه کرکدار *A. hirsutum* جمعیت ۳۰۲۱۸ (اردبیل) بیشترین مقادیر طول کل کروموزوم TL

نتایج حاصل از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌های کاریوتیپی جمعیت‌های مورد بررسی در جنس قدومه در جدول ۳ ارائه شده است. براساس تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری ۱۴ صفت، نشان داد که تفاوت بین جمعیت‌های جنس قدومه تنها صفت گرادیان سانترومر (CG) در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار بود و سایر صفات اختلافات معنی‌داری نشان ندادند. این عدم معنی‌داری نشان‌دهنده عدم تنوع بین جمعیت‌ها از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده است (جدول ۳).

نتایج مقایسات میانگین صفات کاریوتیپی نشان داد که جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) از گونه *A. stapfii* بیشترین مقادیر طول بازوی بلند (LA) ($0/73\mu\text{m}$)، طول بازوی کوتاه (SA)

(۱/۰۷ μ m)، طول بازوی بلند LA (۰/۶ μ m)، طول بازوی کوتاه SA (۰/۴۷ μ m)، شاخص سانترومری CI (۰/۴۳۶ μ m)، درصد شکل کلی کاریوتیپ TF% (۴۳/۷۶ μ m)، عدم تقارن بین کروموزومی A₂ (۰/۰۶۶ μ m)، شاخص تقارن SI (۷۷/۹ μ m) و شاخص پراکندگی DI (۵/۰۴ μ m) را داشت و جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از بالاترین مقادیر نسبت بازوها AR (۱/۳۵ μ m)، تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL (۷/۵۴ μ m)، نامتقارن بودن درون کروموزومی A₁ (۰/۲۲ μ m) و گرادیان سانترومری CG (۷۸/۶ μ m) برخوردار بود (جدول ۳).

جدول ۳- میانگین مربعات و مقایسه میانگین مشخصات کاریوتیپی در جمعیت‌های دو گونه قدومه شیرازی (*Alyssum stapfii*) و

قدومه کرکدار (*A. hirsutum*)

Table 3. Mean squares and comparison of means of karyotype characteristics in populations of *Alyssum hirsutum* and *A. stapfii* species

Traits name	Abbrev.	MS	MS	CV	Mean			
		Population (DF=3)	Error (DF=8)		<i>A.stapfii</i> 23372	<i>A.stapfii</i> 30546	<i>A.hirsutum</i> 30218	<i>A.hirsutum</i> 37247
Chromosome length	TL	1.62 ^{ns}	0.006	7.41	1.31 a	1.09 a	1.07 a	1.03 a
Long arm length	LA	1.35 ^{ns}	0.003	7.83	0.73 a	0.61 a	0.60 a	0.58 a
Short arm length	SA	1.95 ^{ns}	0.002	7.10	0.58 a	0.48 a	0.47 a	0.44 a
Arm ratio	AR	0.11 ^{ns}	0.001	3.39	1.31 a	1.33 a	1.32 a	1.35 a
Centromeric index	CI	0.15 ^{ns}	0.0001	1.54	0.438 a	0.436 a	0.436 a	0.431 a
Karyotype form %e	%TF	0.15 ^{ns}	0.001	1.44	43.98 a	44.05 a	43.76 a	43.43 a
*DRL	DRL	0.98 ^{ns}	0.071	10.25	7.59 a	5.89 a	6.53 a	7.54 a
Intra-chromosomal asymmetry index	A ₁	0.20 ^{ns}	0.001	9.32	0.210 a	0.203 a	0.212 a	0.227 a
Inter-chromosomal asymmetry index	A ₂	0.34 ^{ns}	0.004	8.97	0.061 a	0.054 a	0.066 a	0.063 a
Symmetry index	SI	0.14 ^{ns}	0.051	2.56	78.58 a	78.74 a	77.90 a	76.87 a
Centromeric gradient	CG	2.24 ^{**}	0.021	1.65	81.60 a	78.86ab	76.08 b	78.60ab
Dispersion index	DI	0.25 ^{ns}	0.035	8.52	4.98 a	4.51 a	5.04 a	4.98a

*DRL = Difference in relative length between the longest and shortest chromosome ns and ** = non-significant and significant at 1% probability, levels respectively

Means followed by the same letters in each row have no significant differences.

ns و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

میانگین صفات در هر ردیف با حروف مشابه اختلاف معنی‌دار ندارند.

ب) پنیرک

کروموزومی (x=۱۴) یکسان مشاهده شدند (۲n=۶x=۸۴)

(شکل ۳ و جدول ۴).

در گونه *M. parviflora* دو جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) و ۰۱۳

(دشتستان) با سطح پلوئیدی (هگزاپلوئیدی) و عدد پایه

کروموزومی (x=۷) یکسان وجود داشتند (۲n=۶x=۴۲)

(شکل ۴ و جدول ۴).

در گونه‌های جنس پنیرک مطالعه کاریولوژیکی براساس

شکل، اندازه و تعداد کروموزوم‌ها انجام شد (جدول ۴).

تصاویر متافاز میتوزی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام

جمعیت‌ها در شکل‌های ۳ و ۴ ارائه شده است.

در گونه *Malva sylvestris* دو جمعیت ۰۱۱ (فاروج) و ۰۱۴

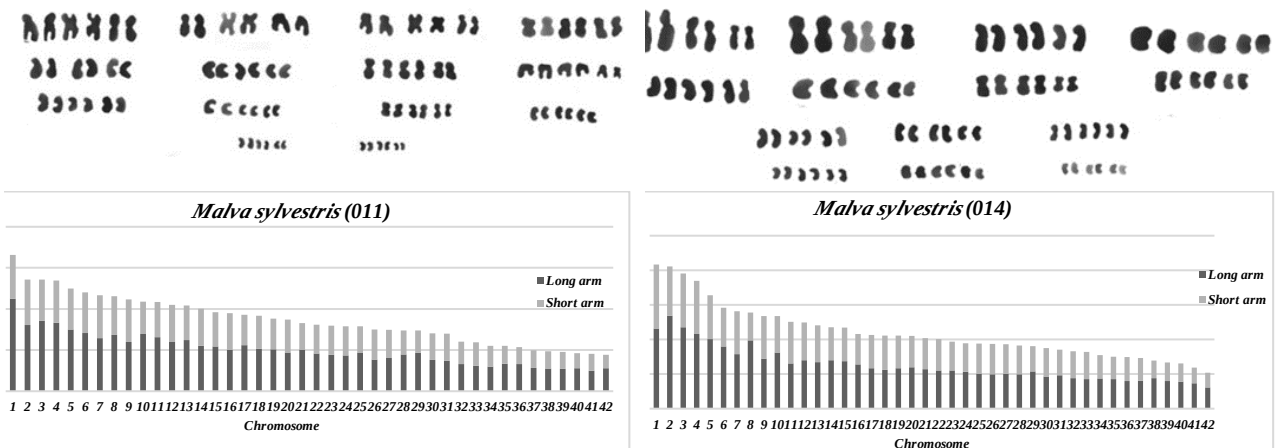
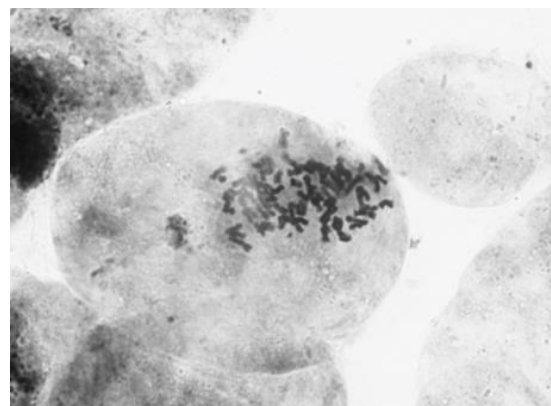
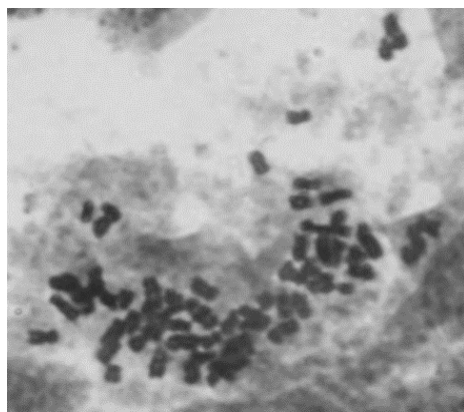
(بجنورد) با سطح پلوئیدی (هگزاپلوئیدی) و عدد پایه

جدول ۴- خلاصه تشریح و مقایسه خصوصیات کاریوتیپی در جمعیت‌های دو گونه پنیرک گل‌ریز (*Malva sylvestris*) و پنیرک قرمز (*M. parviflora*)

Table 4. . Descriptive summary and comparison of karyotypic characteristics of populations of *Malva sylvestris* and *M. parviflora* species

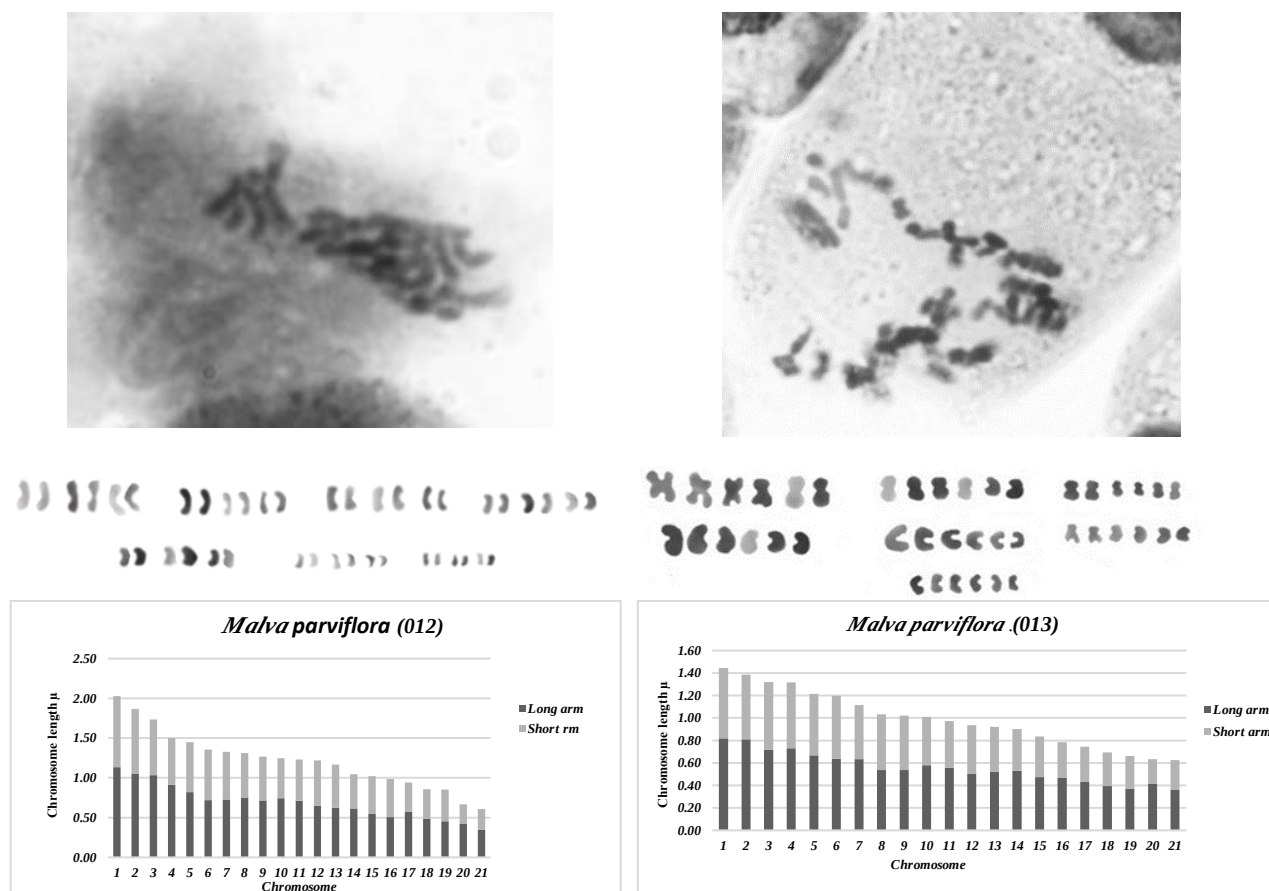
Species	Population	Origin	Somatic Chromosome number	Basic Chromosome number (x)	Ploidy level	$\Sigma TL\#$	Stebbins symmetry class	Karyotype formula
<i>M. sylvestris</i>	011	North Khorasan-Faruj	2n=84	14	6	36.44	2C	36m+6sm
	014	North Khorasan-Bojnurd	2n=84	14	6	45.96	1C	39m+3sm
<i>M. parviflora</i>	012	Bushehr-Tangestan	2n=42	7	6	25.68	1B	20m+1sm
	013	Bushehr-Dashtestan	2n=42	7	6	20.76	1B	19m+2sm

ΣTL = Total chromosome length (Total genome length), C= Karyotype symmetry (Stebbins karyotype comparison criteria)



شکل ۳- صفحات متافازی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام در جمعیت‌های فاروج (۰۱۱) و بجنورد (۰۱۴) در گونه *Malva sylvestris* (پنیرک گل‌ریز)

Figure 3. Metaphase plates, karyotype, and ideogram of populations of Faruj (011) and Bojnurd (014) of *Malva sylvestris*



شکل ۴- صفحات متافازی، کاریوتیپ و نمودار ایدیوگرام در جمعیت‌های تنگستان (۰۱۲) و دشتستان (۰۱۳) گونه *Malva parviflora* (پنیرک قرمز)

Figure 4. Metaphase plates, karyotype, and ideogram in population of Tangestan (012) and Dashtestan (013) of *Malva parviflora*

کروموزومی (A₁) (۰/۲۵μm)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی (A₂) (۰/۰۲۹μm)، گرادیان سانترومری (CG) (۷۸/۵۹μm) و شاخص پراکندگی (DI) (۲/۳۲μm) را داشت. جمعیت ۰۱۱ (فاروج) از همین گونه بیشترین مقادیر نسبت بازوها (AR) (۱/۴۰۴μm)، شاخص سانترومری (CI) (۰/۴۲۴μm)، درصد شکل کلی کاریوتایپ (TF%) (۴۲/۱۹μm)، تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم (DRL) (۳/۷۳μm) و شاخص تقارن SI (۷۳/۱۳μm) را دارا بود (جدول ۵).

جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) از گونه *M. parviflora* بیشترین مقادیر طول کل کروموزوم TL (۱/۲۲μm)، طول بازوی بلند

نتایج حاصل از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین داده‌های کاریوتیپی جمعیت‌های جنس پنیرک *Malva* در جدول ۵ ارائه شده است. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد صفات شاخص نامتقارنی بین کروموزومی (A₂)، تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم (DRL) و شاخص پراکندگی (DI) در سطح ۱٪ معنی‌دار است و سایر صفات تفاوت معنی‌داری را نشان ندادند. نتایج مقایسات میانگین صفات کاریوتیپی نشان داد که جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) از گونه *M. sylvestris* بیشترین مقادیر طول بازوی بلند (LA) (۰/۶۳μm)، طول بازوی کوتاه (SA) (۰/۴۵μm)، طول کل کروموزوم (TL) (۱/۰۹μm)، شاخص نامتقارن بودن درون

LA (۰/۶۹ μ m)، طول بازوی کوتاه SA (۰/۵۲ μ m)، تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL (۵/۸۹ μ m)، نامتقارن بودن درون کروموزومی A₁ (۰/۲۳ μ m)، شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی A₂ (۰/۰۵ μ m)، گرادیان سانترومری CG (۷۸/۸۵ μ m) و شاخص پراکندگی DI (۴/۳۳ μ m) را داشت. در حالی که جمعیت ۰۱۳ (دشتستان) از همین گونه بیش‌ترین مقادیر AR (۱/۳۷ μ m)، شاخص سانترومری CI (۰/۴۳ μ m)، درصد شکل کلی کاریوتیپ TF% (۴۳/۴۵ μ m) و شاخص تقارن SI (۷۷/۰۳ μ m) را نشان داد (جدول ۵).

جدول ۵- میانگین مربعات و مقایسه میانگین مشخصات کاریوتیپی در جمعیت‌های دو گونه پنیرک گل‌ریز (*Malva sylvestris*) و

پنیرک قرمز (*M. parviflora*)

Table 3. Mean squares and comparison of means of karyotype characteristics in populations of *Malva sylvestris* and *M. parviflora* species

Traits name	Abbrev.	MS Population (DF=3)	MS Error (DF=8)	CV%	Mean			
					<i>Malva Sylvestris</i> (011)	<i>Malva Sylvestris</i> (014)	<i>Malva Parviflora</i> (012)	<i>Malva Parviflora</i> (013)
Chromosome length	TL	1.37 ^{ns}	0.013	11.58	0.86a	1.09a	1.22a	0.98a
Long arm length	LA	1.2 ^{ns}	0.008	11.99	0.5a	0.63a	0.69a	0.55a
Short arm length	SA	1.6 ^{ns}	0.005	11.31	0.36a	0.45a	0.52a	0.43a
Arm ratio	AR	0.2 ^{ns}	0.001	3.78	1.404a	1.402a	1.34a	1.37a
Centromeric index	CI	0.27 ^{ns}	0.0001	1.81	0.424a	0.422a	0.429a	0.43a
Karyotype form %	%TF	0.58 ^{ns}	0.017	2.02	42.19a	41.97a	43.32a	43.45a
*DRL	DRL	3.13 ^{**}	0.058	11.46	3.73b	3.66b	5.89a	4.99ab
Intra-chromosomal asymmetry index	A ₁	0.31 ^{ns}	0.001	8.89	0.24a	0.25a	0.23a	0.22a
Inter-chromosomal asymmetry index	A ₂	8.56 ^{**}	0.0005	11.85	0.022c	0.029bc	0.05a	0.04ab
Symmetry index	SI	0.59 ^{ns}	0.091	3.5	73.13a	72.42a	76.43a	77.03a
Centromeric gradient	CG	0.16 ^{ns}	0.023	5.52	78.49a	78.59a	78.85a	74.76a
Dispersion index	DI	10.19 ^{**}	0.032	10.81	1.72c	2.32bc	4.33a	3.22ab

*DRL = Difference in relative length between the longest and shortest chromosome

^{ns} and ^{**} = non-significant and significant at 1% probability, levels respectively

Means followed by the same letters in each row have no significant differences.

^{ns} و ^{**}: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

میانگین صفات در هر ردیف با حروف مشابه اختلاف معنی‌دار ندارند.

بحث

الف) قدمه

وجود سطوح مختلف پلوئیدی در داخل یک گونه، که به آن پلی‌پلوئیدی درون‌گونه‌ای (Intraspecific Polyploidy) (Fehlberg & Ferguson, 2012) می‌گویند، موضوعی نسبتاً رایج است و این تنوع در پلوئیدی، لزوم مطالعات بیشتر در زمینه تفاوت‌های ریخت‌شناسی و شیمیایی (به‌ویژه متابولیت‌های ثانویه) بین این دو جمعیت را برجسته می‌سازد. در قدمه کرکدار *A. hirsutum* جمعیت ۳۰۲۱۸ (اردبیل) با عدد پایه کروموزومی $x=7$ و سطح پلوئیدی هگزاپلوئید ($2n=6x=42$) و جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت)، با $x=8$ و هگزاپلوئید ($2n=6x=48$) بودند و این دو جمعیت، عدد پایه

وجود پایه‌های کروموزومی متفاوت دلیل بر تنوع بین گونه‌ها بوده و این موضوع قبلاً نیز به اثبات رسیده است (Hesamzadeh Hejazi & Ziaei Nassab, 2007). در جمعیت‌های مورد مطالعه از گونه قدمه شیرازی *A. stapfii* جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) با عدد پایه کروموزومی $x=8$ و سطح پلوئیدی هگزاپلوئید ($2n=6x=48$) و جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) با $x=8$ و سطح پلوئیدی تتراپلوئید ($2n=4x=32$) دو سطح پلوئیدی متفاوتی را نشان دادند. در علم گیاه‌شناسی،

۶۱/۴۳ درصد متقارن‌ترین و جمعیت تبریز با ۲۱/۳۶ درصد نامتقارن‌ترین جمعیت‌ها بودند (Abdi & Keshtkar, 2016). بیش‌ترین میانگین نسبت طول بازوهای AR ($1/35 \mu m$) متعلق به جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. Hirsutum* و کمترین مقدار ($1/31$) متعلق به جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) از گونه *A. stapfii* بود. از لحاظ شاخص کروموزومی، جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) از گونه *A. stapfii* و جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. hirsutum* به ترتیب با ۰/۴۳۸ و ۰/۴۳۱ دارای بیش‌ترین و کمترین شاخص سانترومری بودند. از لحاظ فرم کاریوتیپ جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) از گونه *A. stapfii* و جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. hirsutum* به ترتیب با درصد شکل کلی کاریوتیپ %TF (۴۴/۰۵) و (۴۳/۴۳) دارای بیش‌ترین و کمترین مقدار بودند. از لحاظ تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL، جمعیت‌های ۲۳۳۷۲ (تفت) و ۳۰۵۴۶ (خلخال) در قدومه شیرازی به ترتیب با ۷/۵۹ و ۵/۸۹ دارای بیش‌ترین و کمترین میانگین DRL بودند. از لحاظ گرادیان سانترومری جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) از گونه قدومه شیرازی دارای بیش‌ترین (۸۱/۶) و جمعیت ۳۰۲۱۸ از گونه *A. hirsutum* (اردبیل) دارای کمترین گرادیان سانترومری (۷۶/۰۸) بودند. در دو جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت) و ۳۰۵۴۶ (خلخال) از گونه *A. stapfii* و دو جمعیت ۳۰۲۱۸ (اردبیل) و ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. hirsutum* به جز شاخص CG، از لحاظ تمام شاخص‌ها در یک گروه قرار گرفتند و اختلاف معنی‌داری باهم نداشتند. مشابه این تحقیق، [Dehdari \(۲۰۱۳\)](#) گزارش کرد خردل‌های مدیترانه‌ای نیز تنوع کروموزومی کمی دارند. البته تأثیر عوامل محیط بر تنوع کروموزومی متفاوت است. [Dehshiri و همکاران \(۲۰۲۰\)](#) در بررسی تنوع زیستی گونه‌های گیاهی تیره شب‌بو نشان دادند که ارتفاع از سطح دریا بر تنوع گونه‌ای تأثیری نداشته، اما بر غنا تأثیر معنی‌داری داشت. همچنین زمان رویش بر تنوع و غنای گونه‌ای تأثیر معنی‌داری داشت. بیش‌ترین میزان غنا در طبقه ارتفاعات پایین‌تر و بیش‌ترین تنوع و غنا در ماه‌های اسفند و اردیبهشت مشاهده شد.

کروموزومی متفاوت ولی سطح پلوئیدی یکسانی را نشان دادند. در بررسی‌های انجام شده بر روی تعداد کروموزوم‌های پنج گونه مختلف از جنس قدومه در ترکیه (Sirin, 2020)، برای گونه‌های *A. aizoides* و *A. baumgartnerianum* سطوح پلوئیدی تتراپلوئید ($2n=4x=32$) و گونه‌های *A. constellatum*، *A. xanthocarpum* و *A. aureum* دیپلوئید ($2n=2x=16$) گزارش کردند. در مطالعه دیگری بر روی چهار گونه قدومه در ایران، [Vaezi و همکاران \(۲۰۱۴\)](#) نشان دادند که گونه‌های *A. turkestanicum* و *A. desertorum* با ۳۲ کروموزوم $2n=4x=32$ تتراپلوئید، گونه *A. meniocoides* با ۱۶ کروموزوم $2n=2x=16$ دیپلوئید و گونه *A. stapfii* با ۴۸ کروموزوم $2n=6x=48$ هگزاپلوئید بودند. بنابراین عدد پایه کروموزومی همه گونه‌ها $x=8$ بوده و سه سطح پلوئیدی متفاوت (تتراپلوئید، هگزاپلوئید و دیپلوئید)، را نشان دادند ([Vaezi et al., 2014](#)). مطالعات انجام شده بر روی شش گونه مختلف از تیره Brassicaceae (شب‌بو) اعداد پایه کروموزومی متفاوتی ($x=8, 7, 6$) را گزارش کرده‌اند ([Akhavan et al., 2023](#)).

نتایج مقایسه بین جمعیت‌های گونه (*A. stapfii*) نشان داد که جمعیت ۲۳۳۷۲ (تفت)، بیش‌ترین طول بازوی بلند (۰/۷۳) میکرومتر، طول بازوی کوتاه (۰/۵۸) میکرومتر و بیش‌ترین طول کل کروموزوم (۱/۳۱) میکرومتر را داشت. بنابراین، این جمعیت، کروموزوم‌های بلندتری نسبت به سایر جمعیت‌ها داشت. براساس جدول دو طرفه استبنز همه جمعیت‌ها در کلاس ۱C، طبقه‌بندی شدند. در هر دو جمعیت این گونه کروموزوم‌های متاسانتریک غالب بودند که این موضوع دلالت بر متقارن بودن کاریوتیپ جمعیت‌ها از لحاظ شکل کروموزومی است. [Sheidai \(۲۰۱۴\)](#) در مطالعه سیتولوژیک بر روی گونه‌های جنس *Clypeola* از خانواده Brassicaceae نشان داد که گونه‌های این جنس در کلاس‌های ۲A، ۱B، ۲B و ۱C از تقارن کاریوتیپی استبنز پیروی کردند که این سیستم نسبتاً ابتدایی محسوب می‌شود و گونه‌های مورد مطالعه *Clypeola* دارای کاریوتیپ‌های متقارن بودند. در مطالعه دیگری، در قدومه شهری جمعیت پارس‌آباد با

بنابراین براساس صفات اندازه‌گیری شده، جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. hirsutum* با توجه به کم بودن مقدار درصد شکل کلی کاربوتیپ %TF و شاخص سانترومری CI و بیش‌ترین شاخص نامتقارن درون کروموزومی A_1 ، نامتقارن‌ترین ژنوتیپ از نظر این شاخص‌ها می‌باشد. جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) از گونه *A. stapfii* با توجه به کمتر بودن میانگین تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی A_2 و شاخص سانترومری DI، متقارن‌ترین و ابتدایی‌ترین براساس این معیارها محسوب می‌شود.

ب) پنیرک

در مورد مطالعه جمعیت‌های گونه *M. Sylvestris*، جمعیت ۰۱۱ (فاروج) و ۰۱۴ (بجنورد) با عدد پایه کروموزومی $x=14$ و سطح پلوئیدی هگزاپلوئید ($2n=6x=84$) بودند. همچنین دو جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) و ۰۱۳ (دشتستان) از گونه *M. parviflora* با $x=7$ و هگزاپلوئید ($2n=6x=42$) مشاهده شدند. این نتایج با [Skovsted \(۱۹۳۵\)](#) همخوانی دارد، به‌طوری‌که در مطالعه بر روی تعداد کروموزوم‌های حدود ۱۲۰ گونه از ۲۵ جنس از خانواده Malvaceae، تعداد کروموزوم‌های متفاوتی را گزارش کرد. همچنین این یافته‌ها با تحقیقات [Jedrzejczyk و Rewers \(۲۰۲۲\)](#) روی گونه‌های مختلف جنس پنیرک، تعداد کروموزوم‌های متفاوتی در محدوده ۱۲۰-۴۲ $2n$ را نشان دادند و تعداد کروموزوم‌های $2n=21$ یا $2n=42$ برای گونه‌های *M. oxyloba*، *M. Sylvestris* و *M. rotundifolia* گزارش کردند. این نتایج با $2n=42$ و عدد پایه کروموزومی $x=7$ با این تحقیق در *M. parviflora* همخوانی دارد.

جمعیت ۰۱۲ (تنگستان)، از گونه *M. parviflora* بیش‌ترین طول بازوی بلند (۰/۶۹ میکرومتر)، طول بازوی کوتاه (۰/۵۲ میکرومتر) و بیش‌ترین طول کل کروموزوم (۱/۲۲ میکرومتر) را داشت. بنابراین این جمعیت، کروموزوم‌های بلندتری نسبت به سایر جمعیت‌ها داشت. براساس جدول دو طرفه استنبز، جمعیت‌های گونه *M. Sylvestris* جمعیت ۰۱۱ (فاروج) در کلاس ۲C، جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) در کلاس ۱C

و دو جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) و ۰۱۳ (دشتستان)، از گونه *M. parviflora* در کلاس ۱B، طبقه‌بندی شدند. در تمام جمعیت‌ها، کروموزوم‌های متاساتریک غالب بودند که این موضوع دلالت بر متقارن بودن کاربوتیپ جمعیت‌ها از لحاظ شکل کروموزومی دارد. در گونه *M. Sylvestris*، جمعیت ۰۱۱ (فاروج) با فرمول کاربوتیپی $36m+6sm$ ، نامتقارن‌تر از جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) با فرمول کاربوتیپی $39m+3sm$ بود (هرچه تعداد کروموزوم‌های متاساتریک بیش‌تر باشد، تقارن بیش‌تر است). در گونه *M. parviflora*، جمعیت ۰۱۳ (دشتستان) با فرمول کاربوتیپی $19m+2sm$ ، نامتقارن‌تر از جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) با فرمول کاربوتیپی $20m+1sm$ بود. این نتایج با مطالعه [Deeno و همکاران \(۲۰۲۰\)](#) بر روی گونه *Hibiscus sabdariffa* از خانواده Malvaceae همخوانی دارد. در بررسی فرمول‌های کاربوتیپ دو گونه *H. mutabilis* و *H. syriacus* از خانواده Malvaceae به‌ترتیب $2n=2x=92=86m+6sm$ و $2n=4x=56=32m+16sm+8st$ (Li et al., 2015). در گزارش تحلیلی [Schneider \(۲۰۱۰\)](#) پلی‌پلوئیدی بر روی ۱۲ گونه از جنس Palaua از خانواده Malvaceae، پلی‌پلوئیدها را در یک گونه کاملاً تتراپلوئید *P. triseptala* و در چهار گونه ژنوتیپ‌های دیپلوئید و تتراپلوئید *P. dissecta*، *P. tomentosa*، *P. moschata* و *P. mollendoensis*، بصورت مختلط مشاهده شدند. کاربوتیپ‌های دیپلوئید و تتراپلوئید همگی یکنواخت و متقارن بودند. از لحاظ میانگین نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه، AR، بیش‌ترین میانگین ($1/40.4\mu m$) متعلق به جمعیت ۰۱۱ (فاروج) از گونه *M. Sylvestris* و کمترین مقدار ($1/34$) متعلق به جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) از گونه *M. parviflora* است. در مطالعه تحلیل کاربوتیپی گونه‌های مختلف (*Sida*)، *(S. glutinosa)*، *(S. acuta)*، *(S. spinosa)*، *(S. rhombifolia)* و *(S. cordata)* از خانواده Malvaceae توسط [Venkatesh, 2019](#) طول کروموزوم‌های سوماتیک بین ۰/۹۵ تا ۳/۲۳ میکرومتر متغیر بوده و نسبت بازوها بین ۰/۲۲ تا ۰/۹۱ متغیر بودند.

تفاوت در طول کروموزوم‌های سوماتیک بین ۱/۴۳ تا ۲/۶۱ میکرومتر و نسبت بازوها بین ۰/۴۱ تا ۱ متغیر بود. از لحاظ شاخص کروموزومی جمعیت ۰۱۳ (دشتستان) از گونه *M. parviflora* دارای بیش‌ترین شاخص سانترومیری CI (۰/۴۳) و جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) از گونه *M. Sylvestris* دارای کمترین شاخص سانترومیری (۰/۴۲۲) بودند.

مقادیر عدم تقارن درون کروموزومی A_1 از ۰/۲۲ تا ۰/۲۵ متغیر بود. مقادیر این فاکتور نشان‌دهنده نامتقارن بودن کاریوتیپ از لحاظ شکل کروموزومی است که رابطه معکوسی را با مقادیر درصد شکل کلی کاریوتیپ %TF دارد. بنابراین جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) از گونه *M. Sylvestris* با داشتن بیش‌ترین مقادیر A_1 (۰/۲۵) و کمترین مقدار درصد شکل کلی کاریوتیپ %TF (۴۱/۹۷) و جمعیت ۰۱۳ (دشتستان)، از گونه *M. parviflora* با کمترین مقدار A_1 (۰/۲۲) و بیش‌ترین مقدار درصد شکل کلی کاریوتیپ %TF (۴۳/۴۵) را داشتند. دو پارامتر تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی A_2 نشان‌دهنده میزان تقارن کاریوتیپ از لحاظ طول کروموزومی هستند (هرچه این مقادیر بیشتر باشد اختلاف کروموزوم‌ها از لحاظ طول در داخل یک کاریوتیپ بیش‌تر است). مقدار تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL از ۳/۶۶ در جمعیت ۰۱۴ (بجنورد) از گونه *M. Sylvestris* تا ۵/۸۹ در جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) از گونه *M. parviflora* متغیر بود. جمعیت ۰۱۲ (تنگستان)، از گونه *M. parviflora* با داشتن بیش‌ترین مقادیر تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL (۵/۸۹) و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی A_2 (۰/۰۵)، دارای کاریوتیپ نامتقارن از لحاظ طول کروموزومی بود. جمعیت ۰۱۱ (فاروج) از گونه *M. Sylvestris* دارای کمترین مقدار شاخص

پراکندگی DI (۱/۷۲) و جمعیت ۰۱۲ (تنگستان) از گونه *M. parviflora* دارای بیش‌ترین مقدار شاخص پراکندگی DI (۴/۳۳) می‌باشد. جمعیت ۰۱۳ (دشتستان) از گونه *M. parviflora* دارای بیش‌ترین مقدار شاخص تقارن SI (۷۷/۰۳) و جمعیت ۰۱۴ از گونه *M. Sylvestris* (بجنورد) دارای کمترین مقدار شاخص تقارن SI (۷۲/۴۲) است. در بررسی اندازه ژنوم و تنوع ژنتیکی گونه‌های مختلف پنیرک (*Malva*) با استفاده از فلوسایتومتری و نشانگرهای مولکولی ISSR تنوع ژنتیکی قابل ملاحظه‌ای بین گونه‌ها مشاهده شد (Jedrzejczyk and Rewers, 2020).

نتیجه‌گیری

براساس صفات اندازه‌گیری شده جمعیت ۳۷۲۴۷ (تفت) از گونه *A. hirsutum* با توجه به کم بودن مقدار درصد شکل کلی کاریوتیپ %TF و شاخص سانترومیری CI و بیش‌ترین میانگین A_1 نامتقارن‌ترین ژنوتیپ از نظر این شاخص‌ها می‌باشد. جمعیت ۳۰۵۴۶ (خلخال) از گونه *A. stapfii* با توجه به کمتر بودن میانگین تفاوت طول نسبی بلندترین و کوتاه‌ترین کروموزوم DRL و شاخص نامتقارن بودن بین کروموزومی A_2 و DI، متقارن‌ترین و ابتدایی‌ترین ژنوتیپ براساس این معیارها محسوب می‌شود.

یافته‌های این مطالعه وجود تنوع سیتوژنتیکی قابل توجهی را به‌ویژه در سطح پلوئیدی و ریخت‌شناسی کروموزوم‌ها در جمعیت‌های گونه‌های مورد بررسی تأیید کرد. به نظر می‌رسد این تنوع، بازتابی از سازگاری این گونه‌ها با شرایط اکولوژیک متنوع زیستگاه‌های آن‌ها باشد. نتایج این پژوهش اطلاعات پایه ارزشمندی را برای برنامه‌ریزی‌های حفاظتی، مطالعات فیلوژنتیکی و برنامه‌های به‌نژادی در دو جنس *Alyssum* و *Malva* فراهم می‌کند.

Reference

- Abdi, M., & Keshtkar, A. H. 2016. Karyotypic study of populations of the medicinal plant *Lepidium perfoliatum* L. 1-8. (In Persian).
- Akhavan Roofgar, A., Asadi Karam, F. and Jalili, A., 2023. Study of chromosome number and karyotypic analysis of six species of Brassicaceae in Iran. *Taxonomy and Biosystematics*, 15(55): 79-88. (In Persian).
- AL-Shehbaz, I.A., Beilstein, M.A. and Kellogg, E.A., 2006. Systematics and phylogeny of the Brassicaceae: an overview. *Plant Systematics and Evolution*, 259: 89-120. DOI: [10.1007/s00606-006-0415-z](https://doi.org/10.1007/s00606-006-0415-z).
- Asadi, M., Sajedi, S., Fakhr Ranjbar, H., Mirzadeh Vaghfi, S., Moazzeni, H., Khodashnas, M., Khosravi, A., Hatami, A., Mehrnia, M., Kaffash, Sh., Heidarnia, N., Shidai, M., Heidari Rikan, M., Kavousi, K., Sanboli, A., Vays Karami, Gh. and Aminian, F., 2018. *Flora of Iran: Brassicaceae*. Research Institute of Forests and Rangelands Press, No. 143, 954p. (In Persian)
- Cecchi, L., Gabbriellini, R., Arnetoli, M., Gonnelli, C., Hasko, A. and Selvi, F., 2010. Evolutionary lineages of nickel hyperaccumulation and systematics in European Alyseae (Brassicaceae): evidence from nrDNA sequence data. *Annals of Botany*, 106(5): 751-767. doi.org/10.1093/aob/mcq162.
- Davenport, C. B. 1938. Chromosome numbers in the Malvaceae. *Journal of the Arnold Arboretum*, 19(2): 159-168.
- Deepo Deen, M., Islam, M. D. M., Tapce, C. A., Kim, H. Y., & Lim, K. B. 2020. Phenotypic characteristics and karyotype analysis of *Hibiscus sabdariffa* var. *sabdariffa* by fluorescence in situ hybridization (FISH). *Horticultural Science and Technology*, 38(5): 695-704. doi.org/10.7235/HORT.20200063.
- Dehdari, A., 2013. Cytogenetic evaluation of rapeseed cultivars and two wild species of the genus *Brassica*. *Journal of Cellular and Molecular Researches (Iranian Journal of Biology)*, 26(4): 446-455. (In Persian).
- Dehshiri, M.M., Sajedi, S. and Asari, Y., 2020. Investigation of the biodiversity of Brassicaceae plant species along the Khorramabad-Andimeshk highway. *Applied Ecology*, 9(2): 31-44. (In Persian).
- Fehlberg, S.D. & Ferguson, C.J., 2012. Intraspecific cytotypic variation and complicated genetic structure in the *Phlox amabilis*-*P. woodhousei* (Polemoniaceae) complex. *American Journal of Botany*, 99(5): 865-878. doi.org/10.3732/ajb.1100540.
- Hesamzadeh Hejazi, S.M. and Ziaei Nasab, M., 2007. Cytogenetic study on several species of *Hedysarum* in the natural gene bank of Iran. *Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research*, 15: 85-94. (In Persian).
- Heywood, V. H., Brummitt, R. K., Culham, A., & Seberg, O. 2007. *Flowering plant families of the world*. Richmond Hill, Ontario: Firefly Books.
- Javadi, H. and Salehi Shanjani, P., 2024. Karyomorphological Studies in Genus *Anthemis* spp. (Anthemideae). *Journal of Cell and Molecular Research*, 15(2): 63-76. DOI: [10.22067/jcmr.2024.85966.1084](https://doi.org/10.22067/jcmr.2024.85966.1084).
- Jedrzejczyk, I. & Rewers, M. 2020. Identification and genetic diversity analysis of edible and medicinal *Malva* species using flow cytometry and ISSR molecular markers. *Agronomy*, 10(5): 650. DOI: [10.3390/agronomy10050650](https://doi.org/10.3390/agronomy10050650).
- Levan, A., Fredga, K. & Sandberg, A.A., 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52(2): 201-220. doi.org/10.1111/j.1601-5223.1964.tb01953.x.
- Li, Y.P., Miao, S.X. and Luo, F.X., 2015. Chromosome and Karyotype Analysis of *Hibiscus syriacus*. *Applied Mechanics and Materials*, 737: 340-344. DOI: [10.4028/www.scientific.net/AMM.737.340](https://doi.org/10.4028/www.scientific.net/AMM.737.340).
- Mengoni, A., Baker, A.J.M., Bazzicalupo, M., Reeves, R.D., Adiguzel, N., Chianni, E. et al., 2003. Evolutionary dynamics of nickel hyperaccumulation in *Alyssum* revealed by ITS nrDNA analysis. *New Phytologist*, 159: 691-699. doi.org/10.1046/j.1469-8137.2003.00837.x.
- Mousavi, S. M., Hashemi, S. A., Behbudi, G., Mazraeadoost, S., Omidifar, N., Gholami, A., Chiang, W. H., Babapoor, A., & Rumjit, N. P. 2021. A review on the health benefits of *Malva sylvestris* L. nutritional compounds for metabolites, antioxidants, and anti-inflammatory, anticancer, and antimicrobial applications. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2021, Article 5548404. DOI: [10.1155/2021/5548404](https://doi.org/10.1155/2021/5548404).
- Ozay, C. and Mammadov, R. 2016. Assessment of some biological activities of *Alyssum* L., known as madwort. *Acta Poloniae Pharmaceutica*, 73(5): 1213-1220. DOI: [10.1556/018.68.2017.3.8](https://doi.org/10.1556/018.68.2017.3.8).
- Pakravan, M. 2008. *Flora of Iran, No. 58: Malvaceae*. Research Institute of Forests and Rangelands Press. Tehran, Iran (In Persian).
- Raza, A., Salehi, H., Rahman, M.A., Zahid, Z., Haghjou, M.M., Najafi-Kakavand, S., Charagh, S., Osman, H.S., Albaqami, M., Zhuang, Y., Siddique, K.H.M., & Zhuang, W. 2022. Plant hormones and neurotransmitter interactions mediate antioxidant defenses under induced oxidative stress in plants, *Frontiers in Plant Science*, 13: 961872. DOI: [10.3389/fpls.2022.961872](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.961872).
- Schneider, J. V., & Huertas, M. L. 2010. Karyotype analysis and polyploidy in *Palaua* and a comparison with its sister group, *Fuertesimalva* (Malvaceae). *Journal of Systematics*

- and *Evolution*, 48(3): 175-182.
doi.org/10.1111/j.1759-6831.2010.00074.x.
- Sheidai, M., 2014. *Molecular Cytogenetics*. Nashr-e Nay publication, 280p. Tehran, Iran. (In Persian).
- Sirin, E., Ertugrul, K. and Uysal, T., 2020. New chromosome counts in five *Alyssum* species from Turkey. *Cytologia*, 85(2): 127-129. DOI:[10.1508/cytologia.85.127](https://doi.org/10.1508/cytologia.85.127)
- Skovsted, A., 1935. Chromosome numbers in the Malvaceae. I. *Journal of Genetics*, 31(2): 263-296.
- Stebbins, G. L. 1971. *Chromosomal evolution in higher plants*. London: Edward Arnold.
- Vaezi, J., Amiri Moghaddam, D. and Rahimi, B., 2014. Chromosome number and its taxonomic importance in four species of *Alyssum* L. in Iran. *Abstracts of the Second National Conference on Sustainable Agriculture and Natural Resources*, Tehran, 12-13 Mar. 2014: 1-8. (In Persian).
- Venkatesh, G., 2019. Karyotype and Meiotic Analysis of *Sida* L. (*Malvaceae*). Master's Thesis, University of Calicut. India.