University of Tehran

Journal of Forest and Wood Products

Online ISSN: 2383-0530

Home Page: https://jfwp.ut.ac.ir

Exploring chromosome numbers and evaluation of some karyotypic characteristics of selected woody species from the Hyrcanian forests

Parisa Panahi[1] | Maryam Hasaninejad[2] | Maedeh Fadaei Khojasteh[3] | Fereshteh Asadi-Corom[4] | Adel Jalili[5]

1. Corresponding Author, Botany Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, AREEO, Tehran, Iran. E-mail: panahi@rifr-ac.ir
2. Botany Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, AREEO, Tehran, Iran. E-mail: hasaninejad@rifr-ac.ir
3. Botany Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, AREEO, Tehran, Iran. E-mail: fadaei@rifr-ac.ir
4. Biotechnology Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, AREEO, Tehran, Iran. E-mail: asadi344@rifr-ac.ir
5. Botany Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, AREEO, Tehran, Iran. E-mail: jalili@rifr-ac.ir

ARTICLE INFO

Article type:
Research Article

Article History:
Received: 28 December 2023
Revised: 16 February 2024
Accepted: 02 May 2024
Published online: 04 June 2024

Keywords:
Chromosome number,
Forest trees,
Hyrcanian forests,
Karyotype.

ABSTRACT

Cytogenetic investigations in plant species, particularly wild and native plants, are crucial for understanding their evolutionary history, establishing species relationships, and determining karyological features. This study delves into chromosome counting and evaluation of karyotypic characteristics of five woody species belonging to three families: Ulmaceae, Cornaceae, and Rhamnaceae within the Hyrcanian Forests. Root tip meristem was used for chromosomal studies by classical methods. The results revealed that all studied species were diploid. The chromosome numbers of three species, *Cornus australis* (2n=2x=22), *Rhamnus sintenisii* (2n=2x=26), and *Zelkova carpinifolia* (2n=2x=28) were documented for the first time in the world. Additionally, two species of *Ulmus glabra* and *U. minor* with a chromosomal number (2n=2x=28) were reported for the first time in Iran. Concerning chromosomal length, *R. sintenisii* displayed the smallest chromosome length (0.9 µm), while *U. glabra* exhibited the largest (2.34 µm). The chromosomes in three species, *R. sintenisii*, *U. glabra*, and *Z. carpinifolia* were of the metacentric and sub-metacentric types. *U. minor* presented sub-telocentric chromosomes in addition to the mentioned types, and *C. australis* displayed metacentric chromosomes in two forms, M and m. Regarding symmetry, chromosomes in three species, *R. sintenisii*, *U. minor*, and *Z. carpinifolia* were classified as 2A, *C. australis* as 1A, and *U. minor* as 3A. Given the scarcity of similar studies on forest species, this research significantly contributes to identifying the cytogenetic characteristics of the examined species.

Cite this article: Panahi, P., Hasaninejad, M., Fadaei Khojasteh, M., Asadi-Corom, F., Jalili, A. (2024). Exploring chromosome numbers and evaluation of some karyotypic characteristics of selected woody species from the Hyrcanian forests. *Journal of Forest and Wood Products*, 77 (1), 23-33. DOI: http//doi.org/10.22059/jfwp.2024.370296.1275

© The Author(s) **Publisher:** The University of Tehran Press.
DOI: http//doi.org/10.22059/jfwp.2024.370296.1275

دانشگاه تهران

نشریهٔ جنگل و فرآورده‌های چوب

سایت نشریه: https://jfwp.ut.ac.ir

شاپا الکترونیکی: ۰۵۳۰-۲۳۸۳

مطالعهٔ شمارش کروموزومی و ارزیابی برخی ویژگی‌های کاریوتایپی تعدادی ازگونه‌های چوبی جنگل‌های هیرکانی

پریسا پناهی[1*] | مریم حسنی‌نژاد [2] | مائده فدایی خجسته[3] | فرشته اسدی کرم[4] | عادل جلیلی[5]

۱. نویسنده مسئول، بخش تحقیقات گیاه‌شناسی، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. رایانامه: panahi@rifr-ac.ir

۲. بخش تحقیقات گیاه‌شناسی، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران.
رایانامه: hasaninejad@rifr-ac.ir

۳. بخش تحقیقات گیاه‌شناسی، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. رایانامه: fadaei@rifr-ac.ir

۴. بخش تحقیقات زیست‌فناوری، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران.
رایانامه: asadi344@rifr-ac.ir

۵. بخش تحقیقات گیاه‌شناسی، مؤسسهٔ تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. رایانامه: jalili@rifr-ac.ir

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
پژوهشی

تاریخ‌های مقاله:
تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۰/۰۷
تاریخ بازنگری: ۱۴۰۲/۱۱/۲۷
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۲/۱۳
تاریخ انتشار: ۱۴۰۳/۰۳/۱۵

کلیدواژه:
جنگل‌های هیرکانی،
درختان جنگلی،
عدد کروموزومی،
کاریوتایپ.

چکیده

انجام مطالعات سیتوژنتیکی در گونه‌های گیاهی و همچنین جمعیت‌های متعلق به آنها، به‌ویژه گیاهان وحشی و بومی، به‌دلیل فراهم کردن اطلاعات کمی درمورد تاریخچهٔ تکاملی گیاه، تعیین قرابت‌های بین گونه‌ها، تعیین مشخصات کاریولوژیکی و غیره از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است. در این پژوهش، شمارش کروموزومی و ارزیابی ویژگی‌های کاریوتایپی پنج گونهٔ چوبی متعلق به سه خانوادهٔ Ulmaceae، Cornaceae و Rhamnacae در جنگل‌های هیرکانی مطالعه شد. مطالعات کروموزومی با استفاده از مریستم نوک ریشه به روش کلاسیک انجام شد. براساس نتایج، تمام گونه‌های مورد مطالعه دیپلوئید بودند. اعداد کروموزومی سه گونهٔ سیاه‌ال (*Cornus australis*) (2n=2x=22)، تنگرس (*Rhamnus sintenisii*) (2n=2x=26) و آزاد (*Zelkova carpinifolia*) (2n=2x=28) برای اولین بار از جهان گزارش می‌شوند. همچنین، دو گونهٔ ملج (*Ulmus glabra*) و اوجا (*U. minor*) با عدد کروموزومی (2n=2x=28) برای اولین بار از فلور ایران گزارش می‌شوند. از نظر طول کروموزومی، کوچک‌ترین طول کروموزوم (۰/۹ میکرومتر) در تنگرس و بزرگ‌ترین آن (۲/۳۴ میکرومتر) در ملج مشاهده شد. کروموزوم‌ها در سه گونهٔ تنگرس، ملج و آزاد از نوع متاسانتریک و ساب‌متاسانتریک بودند. در اوجا، علاوه بر کروموزوم‌های فوق، کروموزوم‌های ساب-تلوسانتریک نیز مشاهده شدند. سیاه‌ال نیز دارای کروموزوم‌های متاسانتریک به دو فرم M و m بود. از نظر تقارن، کروموزوم‌های سه گونهٔ تنگرس، اوجا و آزاد در طبقهٔ 2A، سیاه‌ال در طبقهٔ 1A و اوجا در طبقهٔ 3A قرار داشتند. با توجه به محدودیت مطالعات مشابه در گونه‌های جنگلی، انجام این پژوهش در شناسایی ویژگی‌های سیتوژنتیکی گونه‌های مورد مطالعه نقش مهمی ایفا می‌کند.

استناد: پناهی، پریسا؛ حسنی‌نژاد، مریم؛ فدایی خجسته، مائده؛ اسدی کرم، فرشته؛ جلیلی، عادل (۱۴۰۳). مطالعهٔ شمارش کروموزومی و ارزیابی برخی ویژگی‌های کاریوتایپی تعدادی ازگونه‌های چوبی جنگل‌های هیرکانی. *نشریهٔ جنگل و فرآورده‌های چوب*، ۷۷ (۱)، ۳۳-۲۳. DOI:http//doi.org/10.22059/jfwp.2024.370296.1275

© نویسندگان.
ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.
DOI: http//doi.org/10.22059/jfwp.2024.370296.1275

۱. مقدمه

جنگل‌های هیرکانی، به‌طور عمده متشکل از جنگل‌های خزان‌کنندهٔ معتدله در دامنه‌های شمالی رشته‌کوه البرز هستند که در امتداد مرزهای جنوبی دریای خزر قرار دارند. بخش اعظم این جنگل‌ها در سه استان گیلان، مازندران و گلستان، از آستارا در شمال غرب تا منطقهٔ گلی‌داغی در شمال شرق ایران گسترش یافته‌اند. جنگل‌های هیرکانی دارای طولی در حدود ۸۰۰ کیلومتر، عرضی در حدود ۱۱۰ کیلومتر و مساحتی حدود ۲ میلیون هکتار هستند [۱]. شهرت جهانی زیستگاه‌های جنگلی و غیرجنگلی منطقهٔ هیرکانی به‌دلیل تنوع غنی و بومی بودن پوشش گیاهی آن است، به‌طوری‌که ۴۴ درصد کل گونه‌های آوندی شناخته‌شده در ایران (۳۲۳۴ گونه از ۷۳۰۰ گونه) از این منطقه گزارش شده است [۲]. جنگل‌های هیرکانی که دورهٔ یخبندان کواترنری را پشت سر گذرانده‌اند، یک منطقهٔ بکر و مهم از درختان پهن‌برگ معتدله هستند که سهم عمده‌ای در تنوع زیستی ایران دارند [۳].

گوناگونی ترکیب ژنی افراد متعلق به یک گونه و اطلاعات نهفته در این ژن‌ها، تنوع ژنتیکی نامیده می‌شود [۴]. تنوع ژنتیکی پایه و اساس تغییرات تکاملی در موجودات زنده است و ضامن بقا و تاب‌آوری گونه‌ها در مقابل شرایط سخت محیطی، تغییر اقلیم، تغییر در زیستگاه و اثرپذیری از عوامل زنده از قبیل بیماری‌های نوظهور است. همچنین، تنوع ژنتیکی نقش مهمی را در تاب‌آوری اکوسیستم‌ها و حفظ تنوع گونه‌ای ایفا می‌کند. این سطح از تنوع به حفظ کارکرد، ثبات و خدمات اکوسیستمی کمک قابل توجهی کرده و هم‌تراز با تنوع گونه‌ای، بر ساختار اجتماع و فرآیندهای اکوسیستم تأثیر می‌گذارد. ذخایر ژنتیکی و تنوع زیستی فلات ایران و کشور ایران که بخش اعظم این فلات است، استثنایی بوده و ارزش فوق‌العاده‌ای دارد. وجود اقلیم‌های متفاوت در این فلات با وجود دامنهٔ متفاوت ارتفاعی، پوشش گیاهی و نوع خاک، موجودات متفاوت و متعددی را در خود جای داده است [۳].

سیتوژنتیک، علمی است که از تلفیق دو علم سیتولوژی (شناخت سلول) و ژنتیک (مطالعه وراثت) به‌وجود آمده است. این علم به مطالعهٔ تعداد، ساختار، عمل و حرکت کروموزوم و ناهنجاری‌های کروموزومی می‌پردازد [۵]. وجود اختلاف در تعداد، شکل، اندازه (ساختار کاریوتیپی) و رفتار کروموزوم‌ها هنگام تقسیم سلولی می‌تواند بیانگر اختلاف ژنتیکی باشد. انجام مطالعات سیتوژنتیکی در گونه‌های گیاهی و همچنین جمعیت‌های متعلق به آنها، به‌ویژه گیاهان وحشی و بومی، به‌دلیل فراهم کردن اطلاعات کمی درمورد تاریخچهٔ تکاملی گیاه، تعیین قرابت‌های بین گونه‌ها، تعیین مشخصات کاریولوژیکی و غیره از اهمیت فوق‌العاده‌ای برخوردار است [۶، ۷]. نتایج این مطالعات، علاوه بر مشخص کردن ارتباط و قرابت بین جمعیت‌ها و تنوع بین آنها، می‌تواند اطلاعات با ارزشی درمورد خزانهٔ ژنی موجود در کشور به‌منظور بهره‌گیری در بانک ژن فراهم آورد [۸]. بررسی تفاوت تعداد کروموزوم‌ها و سطح پلوئیدی از نقطه‌نظر بررسی امکان تلاقی بین گونه‌ای و یا دورگه‌سازی سوماتیکی اهمیت دارد [۹]. ریخت کروموزوم نیز به‌عنوان یکی از مفیدترین معیارها برای بررسی روابط آرایه‌شناسی است [۱۰]. همچنین، در پژوهش‌های به‌نژادی انجام مطالعات سیتوژنتیک از اقدامات اولیه است، زیرا تعداد کروموزوم‌ها در انتخاب روش اصلاحی مهم است [۱۱].

به‌رغم آنکه درختان به‌عنوان اجزای اصلی اکوسیستم‌های جنگلی در صف اول مطالعات سیتوژنتیک در دنیا قرار دارند، با وجود انتشار نتایج مطالعات متعدد سیتوژنتیکی درمورد گیاهان ایران، درختان بومی جنگلی به‌ندرت مورد مطالعه قرار گرفته‌اند [۵]. ازجمله پژوهش‌های داخلی درمورد گونه‌های چوبی می‌توان به شمارش کروموزومی گونه‌های پده (2n=38) [۱۲]، جنس عناب (2n=96) [۱۳]، سه گونهٔ گلابی وحشی (2n=34) [۱۴]، زیتون (2n=46) [۱۵]، چهار گونه بادام وحشی (2n=16) [۱۶]، زغال‌اخته (2n=18) [۱۷]، هفت گونه بید (2n=38,76,114) [۱۸]، ۱۸ گونه گز (2n=24, n=12) [۱۹]، بلندمازو (2n=12) [۲۰]، مورینگا (2n=28) [۲۱]، دو گونه از جنس ارغوان (2n=14) [۲۲] و جنس شمشاد (2n= 28) [۲۳] اشاره کرد. در پژوهش‌های خارجی، در جنس‌های خانوادهٔ Ulmaceae، شمارش کروموزومی برخی از گونه‌ها انجام شده که به‌ترتیب برای گونه‌های *Ulmus americana* L. (2n=3x=42) و *U. elongata* L.K.Fu & C.S.Ding، *U. castaneifolia* Hemsl.، *U. chenmoui* W.C.Cheng، *U. davidiana* Planch.، *U. lamellosa* C.Wang & S.L.Chang و *U. macrocarpa* Hance؛ (2n=2x=28) گزارش شده است [۲۴]. در جنس *Zelkova*، عدد کروموزومی در مطالعات متعددی برای گونه‌های مختلف از جمله *Zelkova schneideriana* Hand.-Mazz.، *Z. serrata* (Thunb.) Makino، *Z. sinica* C.K.Schneid.، *Z. abelicea* (Lam.) Boiss. و *Z. sicula* Di Pasq., Garfi & Quézel به‌صورت دیپلوئید (2n=2x=28) گزارش شده است [۲۸-۲۵]. لازم به‌ذکر است که Nakagawa و

همکاران (۱۹۹۸) در ارتباط با *Z. sicula*، بدون ذکر عدد کروموزومی، این گونه را تریپلوئید گزارش کردند [۲۷]. در مورد خانوادهٔ Cornaceae، دو گونه از جنس *Cornus* L.، با کروموزوم‌های دیپلوئید مورد مطالعه قرار گرفتند [۲۹، ۳۰] که عدد کروموزومی در گونهٔ *C. mas* L.، 2n=18 و در گونهٔ *C. sanguinea* L.، 2n=22 شمارش شد. در خانوادهٔ Rhamnaceae، عدد کروموزومی *Rhamnus ilicifolia* Kellogg، 2n=12 [۳۱] و برای گونهٔ *R. oleoides* subsp. *graeca* (Boiss. & Reut.) Holmboe، 2n=24 گزارش شد [۳۲].

با توجه به توضیحات فوق، در پژوهش حاضر، در راستای ارتقای دانش سیتوژنتیک گیاهی در جنگل‌های ایران، کاریوتیپ و شمارش کروموزومی پنج گونه از سه خانوادهٔ اصلی درختی/درختچه‌ای جنگل‌های هیرکانی براساس دستورالعمل IPCN (Index to plant Chromosome Number, www.tropicos.org/Project/IPCN) انجام شد.

۲. روش‌شناسی پژوهش

این پژوهش درمورد پنج گونهٔ چوبی جنگل‌های هیرکانی به‌اجرا درآمد (جدول ۱). بذرها از جنگل‌های هیرکانی جمع‌آوری شدند و سپس در رویشگاه هیرکانی باغ گیاه‌شناسی ملی ایران کاشته شدند. نمونه‌های هرباریومی گونه‌های مورد مطالعه در هرباریوم مؤسسهٔ تحقیقات جنگلها و مراتع ایران (TARI) و مجموعهٔ باغ گیاه‌شناسی ملی ایران نگهداری می‌شوند.

جدول ۱. مشخصات گونه‌های مورد مطالعه

خانواده	نام علمی	نام فارسی	مشخصات هرباریومی
Cornaceae	*Cornus australis* C.A.Mey	سیاه‌ال	استان تهران، باغ گیاه‌شناسی ملی ایران، رویشگاه هیرکانی، ۱۳۲۰ متر، حکیمی، ۱۸۵۳، (TARI) (مجموعهٔ باغ گیاه‌شناسی)
Rhamnaceae	*Rhamnus sintenisii* Rech. f.	تنگرس	استان گلستان، پارک ملی گلستان، ۱۴۰۰ متر، میرکاظمی، ۱۰۷۲، (TARI) (مجموعهٔ باغ گیاه‌شناسی)
Ulmaceae	*Ulmus glabra* Huds.	ملج	استان تهران، باغ گیاه‌شناسی ملی ایران، رویشگاه هیرکانی، ۱۳۲۰ متر، حسنی‌نژاد، ۱۵۱۴، (TARI) (مجموعهٔ باغ گیاه‌شناسی)
	Ulmus minor Mill.	اوجا	استان تهران، باغ گیاه‌شناسی ملی ایران، باغ سیستماتیک، ۱۳۲۰ متر، آزادی، ۱۸۷۳، (TARI) (مجموعهٔ باغ گیاه‌شناسی)
	Zelkova carpinifolia (Pall.) Dippel	آزاد	استان تهران، باغ گیاه‌شناسی ملی ایران، رویشگاه هیرکانی، ۱۳۲۰ متر، پناهی، ۶۳۹، (TARI) (مجموعه باغ گیاه‌شناسی)

خانواده Cornaceae شامل ۱۵ جنس در جهان است که *Cornus* مهم‌ترین آنها است. این جنس دارای تقریباً ۶۵ گونه است که به‌دلیل داشتن ارزش غذایی و دارویی فراوان و وجود آنتوسیانین با خواص آنتی‌اکسیدانی و ضد التهابی، دارای اهمیت است [۳۳]. این جنس در ایران دارای سه گونه است که در جنگل‌های هیرکانی، زاگرس و ارسباران پراکنده هستند [۳۴]. خانوادهٔ Ulmaceae نیز در جهان دارای ۷–۶ جنس و حدود ۴۵ گونه درخت و درختچه است که به‌طور عمده در مناطق معتدل پراکنش دارند. تعدادی از اعضای این خانواده به‌عنوان گیاهان زینتی کشت می‌شوند و برخی از آنها چوب ارزشمندی دارند. جنس *Ulmus* در ایران دارای سه گونه است که در جنگل‌های مرطوب و نواحی استپی می‌روید. جنس *Zelkova* هم در ایران یک گونه دارد که در تمام جنگل‌های شمال از آستارا تا گلی‌داغی و جنگل‌های بجنورد مشاهده می‌شود. به‌طور کلی، مخصوص نواحی جلگه‌ای و کم‌ارتفاع و میان‌بند شمال است ولی تا ارتفاعات زیاد هم بالا می‌رود. خانوادهٔ Rhamnaceae در جهان دارای ۵۲ جنس و بیش از ۹۰۰ گونه درخت و درختچه است. در ایران یازده گونه دارد که در نقاط مختلف کشور پراکنش دارند.

۲–۱. روش پژوهش

نهال‌هایی که از نوک مریستمی ریشهٔ آنها برای تجزیهٔ کروموزوم استفاده شد، با جوانه‌زنی بذر مربوطه به‌دست آمدند. مریستم‌های نوک ریشه با آلفا–بروم نفتالین اشباع شده ۰/۵ درصد در دمای ۴ درجهٔ سانتی‌گراد به‌مدت یک ساعت پیش‌تیمار

شدند. پس از تیمار پیش تثبیت، نوک ریشه سه تا چهار بار در آب مقطر شسته شد و سپس در محلول تثبیت ۱ به ۳ اسید استیک گلاسیال و اتانول (محلول carnoy) در دمای ۴ درجهٔ سانتی‌گراد قرار داده شدند. نوک ریشه‌ها شستشو داده شد. سپس، به‌مدت ۲۰ دقیقه در اسیدکلریدریک ۱ نرمال و در حمام آب گرم (دمای ۶۰ درجهٔ سانتی‌گراد)، قرار داده شدند و با هماتوکسیلین استوآهن به‌مدت ۵ ساعت در حمام آب گرم رنگ‌آمیزی شد. پس از له کردن و تهیهٔ لام، اسلایدها با میکروسکوپ نوری (دوربین فیلمبرداری دیجیتال رنگی مکمل BX53 Olympus) با بزرگنمایی ۱۰۰× مشاهده شدند. سه سلول با بهترین صفحات مرحلهٔ متافاز، انتخاب شده و با نرم‌افزار Idokar 1.2 (2015) اندازه‌گیری شدند. در هر سلول ابعاد کروموزومی از جمله طول بازوی کوتاه (SA: the shortest arm of chromosome)، طول بازوی بلند (LA: the longest arm of chromosome) ، طول کل کروموزوم (TL: the total chromosome length)، نسبت بازوی بلند به کوتاه (AR: LA/SA)، شاخص سانترومری (CI: mean centromere index)، شاخص تقارن (S%: symmetry index)، درصد شکل کلی (TF%: total form percentage of chromosome) اندازه‌گیری و محاسبه شدند. نام‌گذاری کروموزوم‌ها به روش Levan و همکاران انجام شد [۳۵]. سپس براساس نوع کروموزوم‌ها، فرمول کاریوتیپی (KF: karyotypic formula) برای هر گونه تعیین شد. تعیین تقارن کاریوتیپ‌ها نیز با استفاده از شاخص‌های عدم تقارن درون و بین کروموزومی زارکو و جدول دوطرفهٔ استیبنز انجام شد [۱۰ و ۳۶].

۳. یافته‌های پژوهش

ویژگی‌های کاریوتایپی گونه‌های مورد مطالعه به‌شرح زیر است (جدول ۲ و شکل ۱):

Cornus australis

2n=2x=22

فرمول کاریوتایپی سیاه‌ال 4M+7m است (شکل ۱–الف). کروموزوم‌های این گونه از نظر تقارن در گروه 1A قرار می‌گیرند. دامنهٔ تغییرات اندازهٔ بازوی بلند کروموزوم از ۲/۸۴–۱/۳۲ میکرومتر، اندازهٔ بازوی کوتاه کروموزوم بین ۱/۶۵–۰/۷۸ و طول کل کروموزوم بین ۴/۴۵–۲/۱۰ متغیر است (جدول ۲). لازم به‌ذکر است که یک جفت کروموزوم از بقیهٔ کروموزوم‌ها بزرگ‌تر است.

Rhamnus sintenisii

2n=2x=26

فرمول کاریوتایپی تنگرس 10m+3sm است (شکل ۱–ب). کروموزوم‌های این گونه از نظر تقارن در گروه 2A قرار می‌گیرند. دامنهٔ تغییرات اندازهٔ بازوی بلند کروموزوم بین ۲/۸۶–۱/۲۳ میکرومتر، اندازهٔ بازوی کوتاه کروموزوم بین ۱/۷۹–۰/۸ و طول کل کروموزوم نیز بین ۴/۶۵–۲/۰۳ متغیر است (جدول ۲).

Ulmus glabra

2n=2x=28

فرمول کاریوتایپی ملج 5m+9sm است (شکل ۱–ج). کروموزوم‌های این گونه از نظر تقارن در گروه 3A قرار می‌گیرند. دامنهٔ تغییرات اندازهٔ بازوی بلند کروموزوم بین ۳/۲۵–۱/۵۵ میکرومتر، اندازهٔ بازوی کوتاه کروموزوم بین ۱/۷۳–۰/۸۵ و طول کل کروموزوم بین ۴/۹۸–۲/۴۰ میکرومتر نوسان دارد (جدول ۲).

Ulmus minor

2n=28

فرمول کاریوتایپی اوجا 7m+6sm+1st است (شکل ۱–د). کروموزوم‌های این گونه از نظر تقارن در گروه 2A قرار می‌گیرند، دامنهٔ تغییرات اندازهٔ بازوی بلند کروموزوم بین ۲/۴۷–۱/۴۶ میکرومتر، اندازهٔ بازوی کوتاه کروموزوم بین ۱/۵۳–۰/۷۹ میکرومتر و طول کل کروموزوم نیز بین ۴/۴۰–۲/۲۵ میکرومتر متغیر است (جدول ۲).

Zelkova carpinifolia

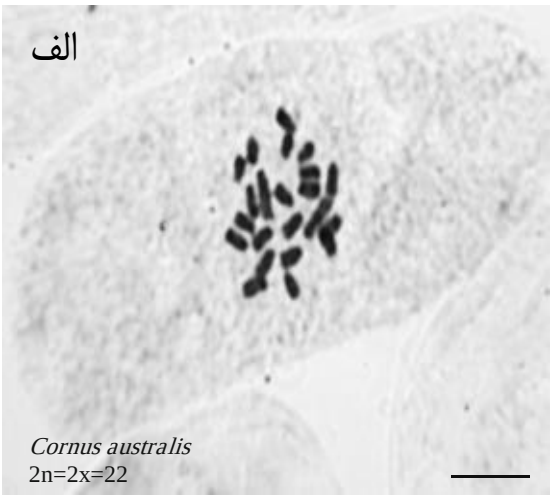
2n=2x=28

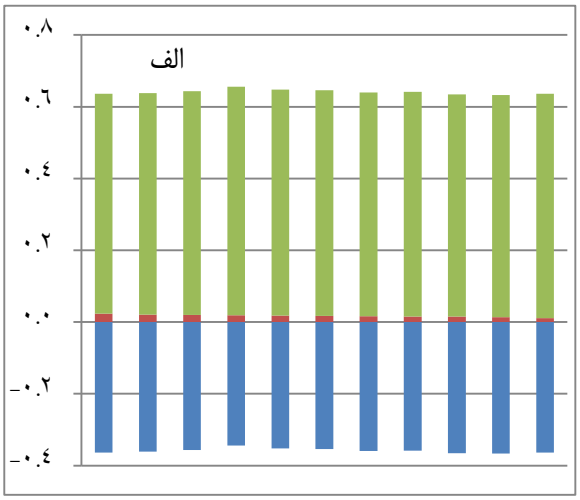
فرمول کاریوتایپی آزاد 10m+4sm است (شکل ۱–ه). کروموزوم‌های این گونه از نظر تقارن در گروه 2A قرار می‌گیرند. دامنهٔ تغییرات اندازهٔ بازوی بلند کروموزوم از ۱/۸۷–۰/۹۷ میکرومتر، اندازهٔ بازوی کوتاه کروموزوم از ۱/۲۲–۰/۶۱ میکرومتر و طول کل کروموزوم نیز از ۳/۰۹–۱/۵۷ میکرومتر نوسان دارد (جدول ۲).

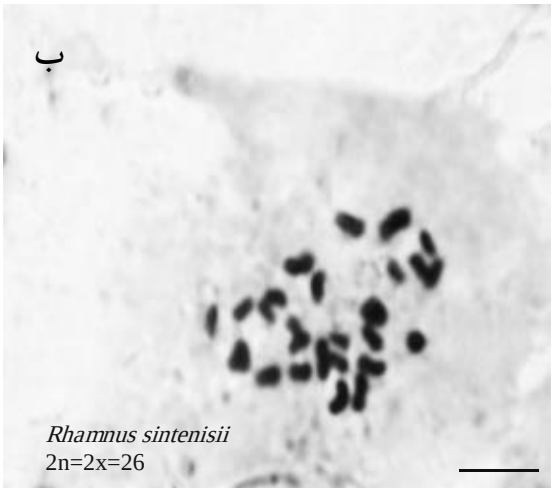
جدول ۲. عدد کروموزومی، میانگین ابعاد کروموزومی و پارامترهای کاریوتایپی پنج گونهٔ مورد مطالعه در جنگل‌های هیرکانی

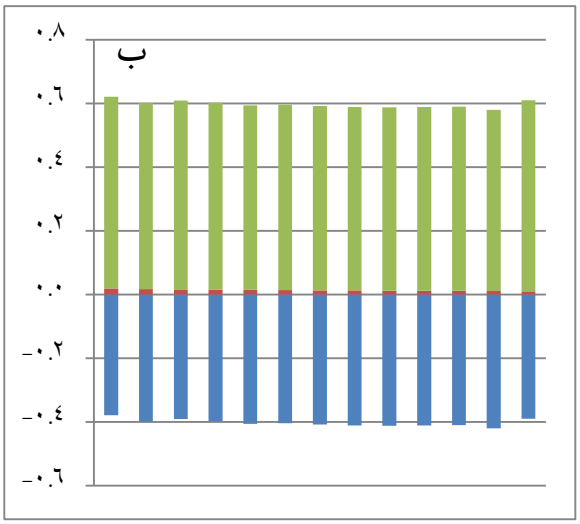
گونه	عدد کروموزومی	سطح پلوئیدی	LA	SA	TL	KF	AR میکرومتر	CI میکرومتر	TF میکرومتر	S% میکرومتر	A_1 میکرومتر	A_2 میکرومتر
Cornus australis C.A.Mey.	۲۲	دیپلوئید	۱/۸۹	۱/۰۹	۲/۹۷	4M+7m	۱	۰/۳۴	۳۶/۵۳	۲۶/۲۶	۰/۹۵	1A
Rhamnus sintenisii Rech.f.	۲۶	دیپلوئید	۱/۳	۰/۹	۲/۲۱	10m+3sm	۱/۴۹	۰/۴۱	۴۰/۹۴	۲۷/۴۹	۰/۹۵	2A
Ulmus glabra Huds.	۲۸	دیپلوئید	۲/۳۴	۱/۲۱	۳/۵۵	5m+9sm	۲	۰/۳۴	۳۴/۰۸	۲۳/۹۱	۰/۹۶	3A
Ulmus minor Mill.	۲۸	دیپلوئید	۲/۰۶	۱/۱۴	۳/۲۰	7m+6sm+1st	۱/۹	۰/۳۶	۳۵/۵۸	۲۴/۵۶	۰/۹۶	2A
Zelkova carpinifolia (Pall.) Dippel	۲۸	دیپلوئید	۱/۸۶	۱/۲۳	۳/۱۰	10m+4sm	۱/۵۵	۰/۴	۳۹/۸۸	۲۵/۸۶	۰/۹۵	2A

LA: بازوی بلند؛ SA: بازوی کوتاه؛ TL: طول کل کروموزوم؛ KF: فرمول کاریوتیپی؛ AR: نسبت بازوی بلند به کوتاه؛ CI: شاخص سانترومریک؛ TF%: درصد فرم کل؛ S٪: شاخص تقارن؛ A_1: درصد شاخص عدم تقارن درون‌کروموزومی و A_2: شاخص عدم تقارن بین کروموزومی

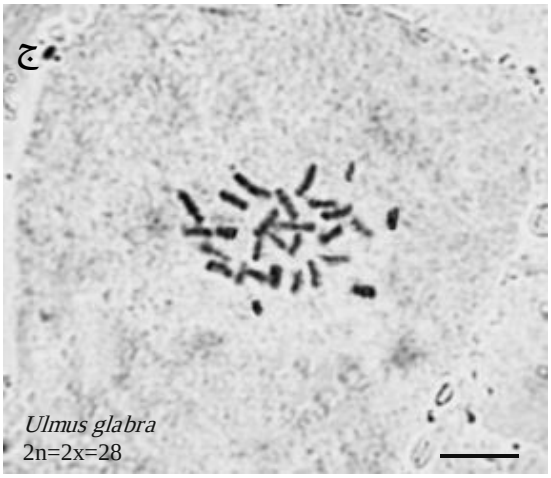


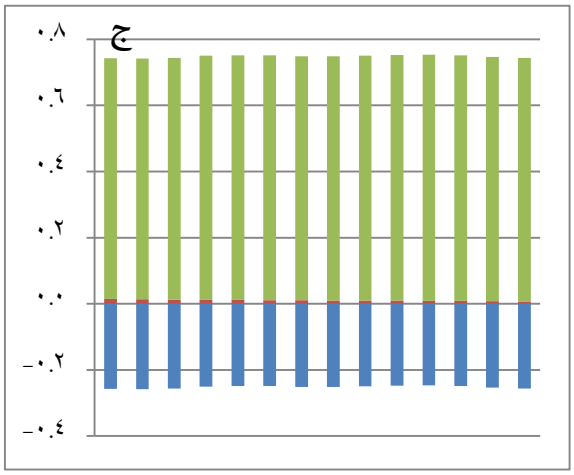


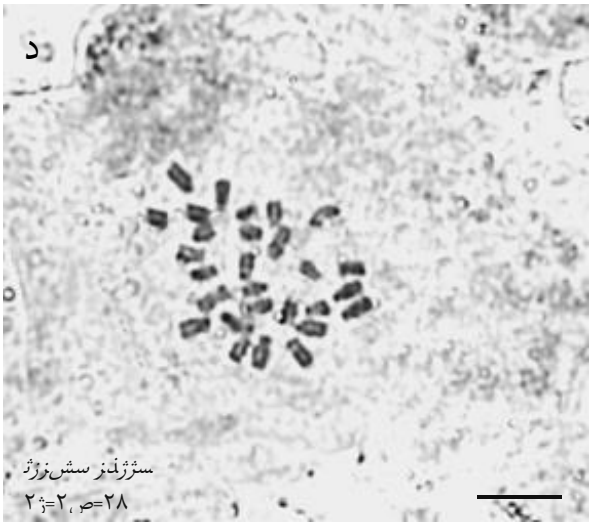


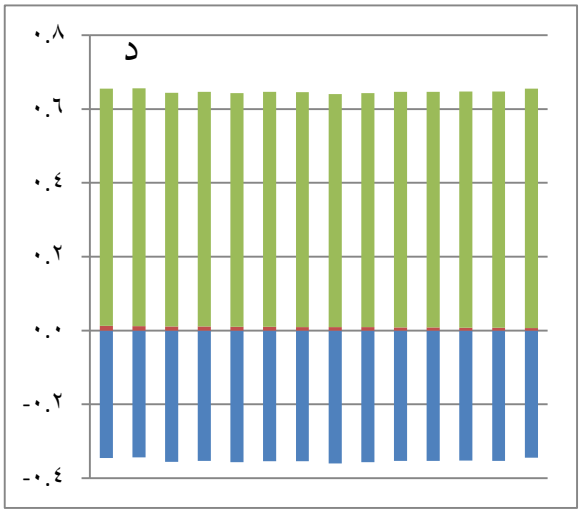


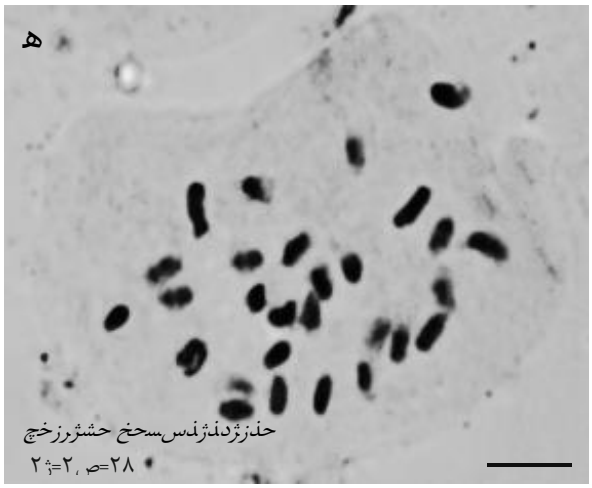
شکل ۱. (الف– هـ): تصویر کروموزوم و ایدئوگرام گونه‌های مورد مطالعه؛ الف، *Cornus australis*؛ ب، *Rhamnus sintenisii*؛ ج، *Ulmus glabra*؛ د، *Ulmus minor*؛ هـ *Zelkova carpinifolia*؛ مقیاس=۱۰ میکرومتر

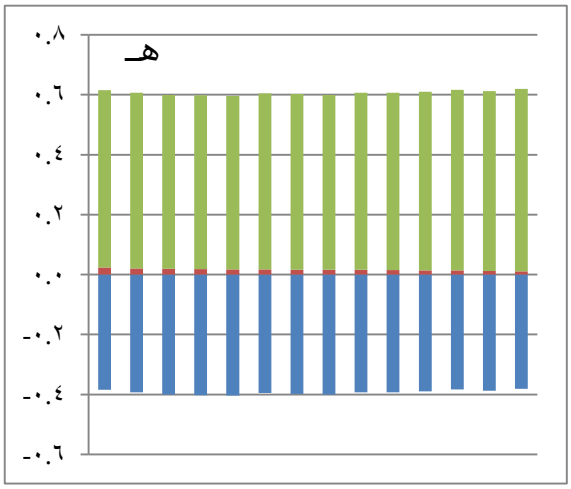












ادامهٔ شکل ۱

۴. بحث

براساس نتایج پژوهش حاضر، تمام گونه‌های مورد مطالعه دیپلوئید بودند. همچنین، عدد کروموزومی سه گونهٔ سیاه‌ال (2x=2n=22)، تنگرس (2x=2n=26) و آزاد (2x=2n=28) برای اولین بار از جهان گزارش می‌شوند. در پژوهش‌های پیشین، عدد

کروموزومی در چهار گونه از جنس *Cornus* [۲۹]، یک گونه دیگر از همین جنس [۳۰] برابر با 2n=2x=22 و برای زغال‌اخته ۱۸ و ۵۴ گزارش شده است. در مطالعات سیتولوژی در جنس *Cornus*، عدد پایهٔ کروموزومی x=10 و x=11 [۳۷-۴۰] بوده است که پژوهش پیش‌رو نیز این عدد را تأیید می‌کند. عدد کروموزومی به‌دست آمده برای تنگرس در پژوهش حاضر (2n=2x=26)، با عدد کروموزومی ذکرشده در پژوهش‌های پیشین برای گونه‌های *R. ilicifolia* (2n=12) [۳۱]، *R. oleoides* subsp. *graeca* (2n=24) [۳۲] و *R. saxatilis* Jacq (2n=24) [۴۱] متفاوت است.

سه گونهٔ آزاد، ملج و اوجا که متعلق به خانوادهٔ Ulmaceae هستند، دارای عدد کروموزومی 2n=28 و عدد پایه x=14 می‌باشند. عدد کروموزومی گونهٔ آزاد برای اولین بار در جهان گزارش شد. البته گونه‌های دیگر این جنس شامل *Z. abelicea* [۲۶]، دو گونهٔ *Z. sicula* و *Z. schneideriana* [۲۵] و سه گونهٔ *Z. sinica*، *Z. serrata* و *Z. schneideriana* [۲۸] پیش از این مطالعه شده و عدد کروموزومی 2n=28 گزارش شده است. بنابراین، نتایج پژوهش پیش‌رو با نتایج پژوهش‌های مذکور مطابقت دارد. البته لازم به‌ذکر است که در پژوهشی درمورد گونهٔ *Z. sicula*، بدون ذکر عدد کروموزومی، گزارش شده که این گونه تریپلوئید است [۲۷].

عدد کروموزومی دو گونهٔ اوجا (2x=2n=28) و ملج (2x=2n=28) برای اولین بار از ایران گزارش می‌شوند. عدد کروموزومی گزارش‌شده برای گونهٔ اوجا در پژوهش‌های پیشین [۴۳ و ۴۲] 2n= 28 است که همسو با نتایج پژوهش حاضر است. در مورد ملج نیز عدد کروموزومی گزارش‌شده در پژوهش‌های پیشین [۴۵ و ۴۴] 2n=28 بود که با نتایج پژوهش حاضر همخوانی دارد. به‌طور کلی، در جهان به غیر از دو گونهٔ مورد مطالعه، در مورد هفت گونهٔ دیگر این جنس (*U. americana, U. elongate, U. castaneifolia, U. chenmoui, U. davidiana, U. lamellosa, U. macrocarpa*) بررسی‌هایی انجام شده و عدد کروموزومی دیپلوئید 2n=2x=28 تا تریپلوئید 2n=3x=42 گزارش شده است [۴۶] که با نتایج پژوهش حاضر تطابق دارد. همچنین، مطالعات تعداد و ساختار کروموزوم، واگرایی ژنومی بسیار محدودی را در این گروه پیدا کرده است. همهٔ اعضای این دو جنس (*Ulmus* و *Zelkova*) دارای اعداد کروموزومی براساس x=14 بدون تغییر آنیوپلوئیدی هستند [۴۷]. پلی‌پلوئیدی در این جنس نادر است و تنها در یک گونهٔ *U. americana* با عدد کروموزومی تتراپلوئیدی 2n=56 [۴۸] و همچنین دیپلوئید 2n=28 [۴۹] شناخته شده است. در این پژوهش که در مورد دو گونه از جنس *Ulmus* و یک گونه از جنس *Zelkova* انجام شد، هر سه گونه دیپلوئید بودند که منطبق با پژوهش‌های پیشین است.

براساس شاخص‌های عدم تقارن [۳۶] و انواع تقارن [۱۰]، کاریوتایپ همهٔ گونه‌های مورد مطالعه در طبقهٔ "A" قرار دارد. گونهٔ سیاه‌ال در طبقهٔ 1A، گونهٔ ملج در طبقهٔ 3A و گونه‌های اوجا، آزاد و تنگرس در طبقهٔ 2A قرار گرفتند. بیشترین طول کل کروموزوم مربوط به گونهٔ آزاد (۴/۶۵ میکرومتر) و کمترین آن مربوطه به گونهٔ تنگرس (۱/۵۷ میکرومتر) بود. همچنین، بیشترین شاخص ایندکس کروموزوم به گونهٔ تنگرس (۰/۴۱ میکرومتر) و کمترین آن به گونه‌های سیاه‌ال و ملج (۰/۳۴ میکرومتر) تعلق داشت. فرمول کاریوتایپی در سه گونهٔ تنگرس، آزاد و ملج، متاسانتریک و ساب‌متاساتریک بود، اما در اوجا علاوه بر متاسانتریک و ساب‌متاساتریک، یک جفت کروموزوم ساب‌تلوسانتریک وجود داشت و سیاه‌ال دارای فرمول کاریوتایپی متاسانتریک به دو فرم M و m بود.

۵. نتیجه‌گیری و پیشنهادها

نتایج پژوهش حاضر در مورد پنج گونهٔ درختی و درختچه‌ای جنگل‌های هیرکانی منجر به معرفی عدد کروموزومی سه گونه برای اولین بار در جهان و دو گونه برای اولین بار از ایران شد. این گونه مطالعات، پایه‌ای‌ترین اطلاعات ژنتیکی برای شناخت جوامع اکولوژیکی هستند. با توجه به اینکه از یک‌سو مطالعات سیتوژنتیک در مورد گونه‌های درختی و درختچه‌ای بومی ایران کمتر انجام شده است و از سوی دیگر در جنگل‌های هیرکانی، زاگرس، صحارا–سندی و ایرانی–تورانی گونه‌های متنوعی از درختان و درختچه‌ها رویش دارند، پیشنهاد می‌شود این پژوهش‌ها ادامه یافته و با تعیین عدد کروموزومی، روند تکاملی این گونه‌ها نیز مطالعه شود.

۶. منابع

[1] Sagheb Talebi, Kh., Sajedi, T., & Pourhashemi, M. (2014). *Forests of Iran; A Treasure from the Past, a Hope for the Future*, Springer.

[2] Moser, M., Towhidifar, M., Ghadirian, T., & Micheal, S. (2015). Handbook for the protection of biodiversity in the Hyrcanian forests- The multi-purpose management project of the Hyrcanian forests, UNDP, Tehran. (In Persian)

[3] Zand, E., Soufizadeh, S., & Seyyed Raoufi, R. (2021). Iran's Biodiversity at a glance, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tehran. (In Persian)

[4] Hoban, S., Bruford, M., D'Urban Jackson, J., Lopes-Fernandes, M., Heuertz, M., Hohenlohe, P.A., Paz-Vinas, I., Sjögren-Gulve, P., Segelbacher, G., Vernesi, C., Aitken, S., Bertola, L.D., Bloomer, P., Breed, M., Rodríguez-Correa, H., Chris Funk, W., Grueber, C.E., Hunter, M.E., Jaffe, R., Liggins, L., Mergeay, J., Moharrek, F., O'Brien, D., Ogden, R., Palma-Silva, C., Pierson, J., Ramakrishnan, U., Simo-Droissart, M., Tani, N., Waits, L., & Laikre, L. (2020). Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biological Conservation*, 248, 108654.

[5] Rahimi Nasab, A., Tabandeh Saravi, A., Iran Nezhad Parizi, M.H., & Moshtaghioun, M. (2015). A review of cytogenetic studies of forest trees in Iran. In: The First International Research, Science and Technology Conference, Turkey. (In Persian)

[6] Sheidai, M., Zogagi-Far, S., Khanafshar, S., & Zehzad, B. (2002). Karyotypic study in some Iranian species and populations of *Tulipa* L. (Liliaceae). *Caryology-Fierenze*, 25, 81-89.

[7] Hesamzadeh Hejazi, S.M., & Ziaii Nasab, M. (2007). Cytogenetic investigation of some populations of diploid *Hedysarum* genus species available in the gene bank of Iran's natural resources. *Genetic Research and Improvement of Pasture and Forest Plants of Iran,* 16(2), 158-171.

[8] Hesamzadeh Hejazi, S.M., & Ziaei Nasab, M. (2009). Color Chromosome Atlas of Legumes Collected in the Natural Resources Gene Bank of Iran, Research Institute of Forest and Rangelands, Tehran.

[9] Bauchan, G.R., & Hossain, M.A. (1998). Karyotypic analysis of N-banded chromosomes of diploid alfalfa: *Medicago sativus* ssp. *Caeruleo* ssp. *Palcata and their hybrid Journal of Heredhty*, 98, 191-193.

[10] Stebbins, G.L. (1971). Chromosome evolution in higher plants, Edward Arnold Publisher, London.

[11] Javadi, H., Razban Haghighi, A., & Hesamzadeh Hejazi, S.M. (2007). Karyotype studies of three species of the genus *Astragalus. Research and Construction*, 73, 131-135.

[12] Jafari Mofidabady, A., Jourabchi, E., & Mohmoodi Kordi, F. (2001). New genotypes development of *Populous euphratica* Oliv. by gametoclonal variation. *Research and Construction*, 52, 87-91

[13] Ghaffari, S.M. (2008). Chromosome reports for some plant species from Iran. *Iranian Journal of Botany*, 14(1), 39-46.

[14] Zamani, J., Riasat, M., Saadat, Y.A., & Hatami, A. (2009). Karyotypic study of wild pear species of Fars province, Iran. *Fruits*, 64, 91-97.

[15] Sheidai, M., Noormohammadi, Z., Hoshiar-Parsian, H. & Chegini, F. (2009). Cyto-Morphology and molecular study of wild olive in Iran. *Cytologia*, 74, 369-377.

[16] Yousefzadeh, K., Houshmand, S., Madani, B. & Gomez, P.M. (2010). Karyotypic studies in Iranian wild almond species. *Caryologia*, 2, 117-123.

[17] Ghanavati, F. (2011). Cytogenetical survey of *Cornus mas* populations in Iran. *New Cellular and Molecular Biotechnology Journal*, 1(4), 71-78.

[18] Khalili, Z., Mirzaie-Nodoushan, H., Ghahremaninejad, F., & Maassoumi, A.A. (2012). Chromosome number and meiosis behavior in several *Salix* species of Iran. *Caryologia*, 65(4), 258-262.

[19] Samadi, N., Ghaffari, S.M., & Akhani, H. (2013). Meiotic behaviour, karyotype analyses and pollen viability in species of *Tamarix* (Tamaricaceae). *Willdenowia*, 43(1), 195-203

[20] Tabandeh, A., Tabari, M., Mirzaie-Nodoushan, H., Espahbodi, K., & Asadicorom, F. (2012). Karyotypic analysis on *Quercus castaneifolia* of north of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic*, 20, 226-239.

[21] Nazari, Z., Mirzaie-Nodoushan, H., Bakhshi-Khaniki, Gh., & Asadicorom, F. (2012). Karyotypic characteristics of *Moringa peregrina* (Forssk.) Fiori in Iran. *Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants Research*, 27(4), 635-646.

[22] Sadeghian, S., & Hatami, A. (2017): Chromosome number report and karyotype analysis of seven species from the flora of Iran. *Iranian Journal of Botany*, 28(2), 165-169.

[23] Ghasemi, E., & Hesamzadeh Hejazi, S.M. (2018). Karyological studies in different populations of *Buxus hyrcana* (Buxaceae) in Iran. *Iranian Journal of Botany*, 24(2), 156-162.

[24] Whittemore, A.T., & Xia, Zh. L. (2017). Genome Size variation in elms (*Ulmus* spp.) and related genera. *HortScience*, 52(4), 547-553.

[25] Huang, S.F., Zhao, Z.F., Chen, Z.Y., Chen, S.J., &. Huang, X.X. (1989). Chromosome counts on one hundred species and infraspecific taxa. *Acta Botanica Austro Sinica*, 5, 161-176.

[26] Bocconea, E. (1997). A project for the preservation of *Zelkova abelicea* (Ulmaceae), a threatened endemie tree species from the mountains of Crete. *Bernhard Egli*, 5(2), 505-510.

[27] Nakagawa, T., Garfi, G., Reille, M., & Verlague, R. (1998). Pollen morphology of *Zelkova sicula* (Ulmaceae), a recently discovered relic species of the European Tertiary flora: description, chromosomal relevance, and palaeobotanical significance. *Review of Palaeobotany and Palynology*, 100(1-2), 27-37.

[28] Ping, H.E., & Xiao-Ling, J. (2005). Chromosome numbers and karyotypes of three *Zelkova* species. *Plant Diversity*, 27(05), 534-538.

[29] Truta, E., Capraru, G., Maria Rosu, C., Surdu, S., Giorghita, G. & Ionel Rati, V. (2009). Preliminary studies concerning chromosome constitution of some *Cornus mas* L. genotypes (Bacau district). Analele Stiinţifice Ale Universităţii Alexandru ioan Cuza Din Iaşi, sectiunea ii a, Genetica Si Biologie Moleculara.

[30] Ivanova, D., Dimitrova, D., & Vladimirov, V. (2006). Chromosome numbers of selected woody species from the Bulgarian flora. *Phytologia Balcanica*, 12(1), 79-84.

[31] Raven, P., Kyhos, D.W., & Hill, A.J. (1965). Chromosome numbers of spermatophytes, mostly Californian. *A Journal of Systematic and Floristic Botany*, 6(1), 105-113.

[32] Kamari, G., Felber, F., & Garbari, F. (ed.). (1994). Mediterranean chromosome number reports- 4. *Flora Mediterranea*, 4, 233-301.

[33] Seeram, N.P., Schutzki, R., Chandra, A. & Nair, M.G. (2002). Characterization, quantification, and bioactivities of anthocyanins in *Cornus* species. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 50, 2519-2523.

[34] Sabeti, H. (2017). Forests, Trees and Shrubs of Iran, Yazd University Press, Yazd.

[35] Levan, A., Fredgak, K., & Sandberg, A.A. (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, 52, 201-220.

[36] Romero Zarco, C. (1986). A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, 36, 526-530.

[37] Xiang, J.Q., & Eyde, R.H. (1995). Chromosome number of *Cornus sessilis* (Cornaceae): Phylogenetic affinity and evolution of chromosome numbers in *Cornus*. *Sida*, 16, 765-768

[38] Goldblatt, P. (1978). A contribution to cytology in Cornales. *The Annals of the Missouri Botanical Garden*, 65, 650-655.

[39] Dermen, H. (1932). Cytological studies of *Cornus*. *Journal of the Arnold Arboretum*, 13, 410-417.

[40] Xiang, J.Q., Thomas, D.T., Zhang, W.H., Manchester, S.R., & Murrell, Z. (2006). Species level phylogeny of the dogwood genus *Cornus* (Cornaceae) based on molecular and morphological evidence. Implication in taxonomy and Tertiary intercontinental migration. *Taxon*, 55, 9-30.

[41] Ivanova. D., & Vladimirov, V. (2007). Chromosome numbers of some woody species from the Bulgarian flora. *Phytologia Balcanica*, 13(2), 205-207.

[42] Sánchez Anta, M. Martín, A.F.G., & Andrés, F.N. (1987). Datos cariológicos de algunas plantas salmantinas. Student. *Botany University Salamanca*, 6, 169-171.

[43] Petrova, A. (2006). Mediterranean chromosome number reports 16 (1584-1603). *Flora Mediterranea*, 16, 431-442.

[44] Dobea, C., Hahn, B., & Morawetz, W. (1997). Chromosomenzahlen zur Gefässpflanzen-Flora Österreichs. *Linzer Biologische Beitrage*, 29(1), 5-43.

[45] Montgomery, L., Khalaf, M., Bailey, J.P., & Gornal, K.J. (1997). Contributions to a cytological catalogue of the British and Irish flora, 5. *Watsonia*, 21, 365-368.

[46] Whittemore, A.T. & Xia, Zh.L. (2017). Genome Size Variation in Elms (*Ulmus* spp.) and Related Genera. *HortScience*, 52(4), 547-553.

[47] Goldblatt, P., & Johnson, D.E. (eds.). (1979). Ulmaceae. In: Index to Plant Chromosome Numbers, Missouri Botanical Garden, St. Louis.

[48] Karrfalt, R.P., & Karnosky, D.F. (1975). Meiotic pairing and chromosome morphology in American elm. *Forest Science*, 21, 123-127.

[49] Whittemore, A.T., & Olsen, R. (2011). *Ulmus americana* (Ulmaceae) is a polyploid complex. *American Journal of Botany*, 98, 754-760.