

## Karyological Variation in Different Populations of *Matricaria Recutita* L.

Hamideh Javadi<sup>1,\*</sup> and Parvin Salehi Shanjani<sup>2</sup>

1- Assistant Professor, Department of Natural Resources Gene Bank of Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tehran, Iran

2- Associate Professor, Department of Natural Resources Gene Bank of Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tehran, Iran

\*Corresponding author ✉: [javadi@rifr.ac.ir](mailto:javadi@rifr.ac.ir)

**Citation:** Javadi, H. and Salehi Shanjani, P. (2024). Karyological variation in different populations of *Matricaria Recutita* L. *Plant Genetic Researches*, 10(2): 79-90. <http://dx.doi.org/10.22034/PGR.10.2.6>

(Received: January 8, 2024; Final Revised: February 11, 2024; Accepted: February 21, 2024; Published online: March 17, 2024)

### Extended abstract

#### Introduction

German chamomile, *Matricaria recutita* L., is a medicinal plant belonging to Asteraceae family, which is known as the "star among medicinal species" due to its long history of utilization, dating back to the time of the Egyptian pharaohs. This species is endemic to Iran and its status has been introduced as a low-risk plant (LS). Numerous studies on the chromosome numbers of different species of the genus *Matricaria* have shown that the use of molecular and cytogenetic approaches allows obtaining additional information about the structure and functional organization of its genome to answer questions associated with the classification and evolution of different species and the selection of new *Matricaria* races. Karyotype analysis and comparison of chamomile cultivars and wild species allow us to reveal their species characteristics. In the studies conducted on different cultivars of *M. recutita* species, the chromosomal number of this species was reported as  $2n=4x=36$  and  $2n=2x=18$ . Cytogenetic studies showed that the chromosomes of *M. recutita* have a small size and similar morphology and are metacentric in nature. At the same time, the karyotypes of chamomile species have not been well studied and still need special attention. In this study, the chromosomal numbers of four different populations of *M. recutita* species collected from different regions of Iran were determined and after measuring different chromosomal parameters and karyotype, their cytogenetic traits and the distance and proximity of the populations were determined using the measured traits.

#### Materials and methods

Four populations of *M. recutita* collected from different parts of Iran, were studied for chromosome and karyotypic characteristics. Squash method with Hematoxylin staining was used to prepare microscopic slides. At least four metaphase plates were examined for each population. The chromosomes of each metaphase plate were prepared based on the shape and size of chromosomes, and the length of the chromosome arms was measured using Micro Measure software (Micro Measure 3.3), in each karyotype. The following parameters were measured in each metaphase plate: somatic chromosomes numbers ( $2n$ ), haploid chromosomes numbers ( $n$ ), length of genome ( $\sum LT$ ), Stebbins class (SC), karyotype formula (KF), length of long chromosome arm (LA), length of short chromosome arm (SA), total length of chromosome (TL), arm ration (AR), centromeric index (CI), total form percent (TF%), difference of relative length of chromosomes (DRL), relative length of long and short arm (LA% and SA%), intra and inter chromosome asymmetry index ( $A_1$  and  $A_2$ ). To determine the diversity between populations, a completely randomized design with 4 replications (4 karyotypes for each population) was used and Duncan's method was used to compare the means. Principal Component Analysis (PCA) was subjected to the data



©2023 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

to determine the contribution of each trait in creating diversity and to classify populations based on traits, Ward's cluster analysis. Statistical analyzes were performed using SAS (ver. 6.12), Mini tap (ver. 16) and EXCEL (2007) softwares.

### Results and discussion

Microscopic observations showed the number of somatic chromosomes is  $2n=18$  for all populations. Karyotypic formula analysis showed the predominance of metacentric chromosomes in all populations. Analysis of variance of a completely random design showed that the difference in chromosome length traits, including long arm length, short arm length, total chromosome length, and the percentage of the long chromosomal arm were significant ( $P<0.01$ ), and in other traits, the differences between the populations were not significant. The comparison of the mean values of the traits showed that the value of the total chromosomal length (TL) ranged  $5.559\ \mu\text{m}$  to  $7.266\ \mu\text{m}$ , which indicates the smallness of the chromosomes in this genus. In previous studies, the presence of small chromosomes in the karyotype has been reported. The longest chromosome and genome belonged to population 15123 (Arak). According to Stebbins's classification system, populations were divided in 2 groups (2B and 3B). Karyotype symmetry factors (AR, CI, TF%, DRL,  $A_1$ ,  $A_2$ , LA% and SA%) showed that two populations 15123 (Arak) and 8959 (Borujen) had asymmetric and symmetric karyotypes, respectively. In principal component analysis (PCA), the first three components could explain the entire diversity of populations. The most diversity of populations was for chromosome length traits (first component). The distribution of populations based on the first two components on the X and Y axis showed that populations 15123 (Arak) and 24754 (Qarachaman) are located on the right side of the X axis having long chromosomes, which indicates the highest value of the first component, i.e. the chromosomal length traits (TL, LA and SA). In the grouping of populations by Ward's method, the populations were located in three groups at a genetic distance of 2.32.

### Conclusions

All populations showed  $2n=18$  with  $x=9$ . Population 15123 from Arak region had the longest genome and asymmetric karyotype. Variation among populations was due to the length of chromosomes. In general, the existence of high genetic and cytogenetic diversity indicates the existence of high potential in the improvement of *Matricaria* genus and cross-breeding activities. The data obtained from this research are used in the future breeding programs of *Matricaria* L.

**Keywords:** German chamomile, Cytogenetics, Chromosome, *Matricaria recutita*

**تنوع صفات کاربولوژیکی در جمعیت‌های مختلف بابونه آلمانی *Matricaria recutita* L.**حمیده جوادی<sup>۱\*</sup> و پروین صالحی شانجانی<sup>۲</sup>

۱- استادیار، گروه بانک ژن منابع طبیعی مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران

۲- دانشیار، گروه بانک ژن منابع طبیعی مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۰/۱۸؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۲/۱۱/۲۲؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۰۲؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۲/۱۲/۲۸)

**چکیده**

بابونه آلمانی، *Matricaria recutita* L. گیاهی دارویی از خانواده Asteraceae است که به‌عنوان ستاره در بین گونه‌های دارویی شناخته شده و قدمت استفاده از آن به زمان فراغت مصر می‌رسد. در این مطالعه، چهار جمعیت از گونه *M. recutita* موجود در بانک ژن منابع طبیعی ایران که از نقاط مختلف ایران جمع‌آوری شده بودند جهت تعیین خصوصیات کروموزومی و کاریوتیپی، مورد مطالعه قرار گرفتند. برای تهیه اسلایدهای میکروسکوپی از روش اسکواش همراه با رنگ‌آمیزی با هماتوکسیلین استفاده شد. مشاهدات میکروسکوپی، تعداد کروموزوم‌های سوماتیکی را  $2n=18$  برای تمام جمعیت‌ها نشان داد. صفات طول کروموزومی (LA، SA و TL) و تقارن کاریوتیپی (AR، CI، TF%، DRL، SC و SA%)، همچنین شاخص‌های درون و بین کروموزومی (A<sub>1</sub> و A<sub>2</sub>)، محاسبه شدند. تجزیه و تحلیل کاریوتیپی، غالبیت کروموزوم‌های متاسانتریک را در تمام جمعیت‌ها نشان داد. بر اساس میانگین صفات اندازه‌گیری شده، بلندترین کروموزوم و ژنوم به جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) اختصاص یافت. بر اساس طبقه‌بندی استبینز، جمعیت‌ها در دو گروه طبقه‌بندی شدند. بر اساس شاخص‌های تقارن کاریوتیپی، جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) و جمعیت ۸۹۵۹ (بروجن)، به ترتیب دارای کاریوتیپ نامتقارن و متقارن نسبت به بقیه جمعیت‌ها بودند. همچنین نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که کل تنوع حاکم بر جمعیت‌های مورد بررسی توسط سه مؤلفه اصلی اول توجیه می‌گردد و بیشترین تنوع حاکم بر جمعیت‌ها ناشی از صفات طول کروموزومی بود. در گروه‌بندی جمعیت‌ها به روش Ward جمعیت‌ها را در سه گروه متمایز قرار داد. به‌طور کلی، وجود تنوع بالای ژنتیکی و سیتوژنتیکی، نشان‌دهنده وجود پتانسیل بالا در اصلاح جنس بابونه و فعالیت‌های به‌نژادی است. داده‌های به‌دست آمده از این تحقیق، در برنامه‌های آتی اصلاح جنس بابونه *Matricaria* L. کاربرد دارد.

**واژگان کلیدی:** بابونه آلمانی، سیتوژنتیک، کروموزوم، *Matricaria recutita*

## مقدمه

گیاه بابونه آلمانی یا اروپائی *Matricaria recutita* L. یکی از قدیمی‌ترین گیاهان دارویی است که متعلق به جنس *Matricaria* و خانواده Asteraceae است. بابونه آلمانی گیاهی علفی و یک‌ساله است که در مزارع، باغ‌ها، زمین‌های غیرحاصلخیز و مناطق سایه‌انداز رشد می‌کند. منشأ این گونه گیاهی را می‌توان در شرق نزدیک و همچنین جنوب و شرق اروپا جستجو کرد (Franke and Schilcher, 2005; Lubbe and Verpoorte, 2011). مناطق پراکنش این گیاه در کشور شامل مناطقی از مرکز (تهران)، غرب (لرستان) و جنوب (اندیمشک، شوشتر و ایذه) است. این گونه از نظر وضعیت پراکنش و رشد به‌عنوان یک گیاه با میزان خطر کم انقراض (LS) معرفی شده است (Jalili and Jamzad, 1999). علاوه بر کاربرد در صنایع غذایی، این گیاه دارویی به دلیل دارا بودن ۱۲۰ ترکیب با ارزش دارویی در درمان مؤثر بیماری‌ها نیز مورد استفاده قرار می‌گیرد (Singh et al., 2011; Franz et al., 2007; Tavana et al., 2002; Wagner et al., 2005).

نتایج مطالعات متعدد برای تعیین خصوصیات کروموزومی گونه‌های مختلف جنس *Matricaria* نشان داد که استفاده از رویکردهای مولکولی و سیتوژنتیکی زمینه مناسبی جهت کسب اطلاعات بیشتر در مورد ساختار و سازمان‌دهی عملکردی ژنوم را فراهم می‌سازد که از این اطلاعات می‌توان در پاسخ به ابهاماتی در مورد طبقه‌بندی و تکامل گونه‌های مختلف *Matricaria* استفاده نمود (Abdi El-Twab et al., 2008; Hansen and Christensen, 2009; Inceer and Trabzon, 1974; Peneva et al., 1998; Rauschert, 2010). بنابراین، بررسی روابط ژنومی موجود در گونه‌های بابونه و همچنین تعیین ویژگی‌های ساختاری کاربوتیپی آن‌ها، برای بهبود راندمان برنامه‌های بهنژادی این گونه دارویی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Muravenko et al., 1998a; Samatadze et al., 1997, 1998, 2001, 2014). در بررسی‌های انجام شده روی ارقام مختلف گونه *M. recutita*، عدد کروموزومی این گونه  $2n=4x=36$  و  $2n=2x=18$  گزارش شده است. همچنین نتایج برخی از مطالعات سیتوژنتیکی نشان داد که کروموزوم‌های *M. recutita* اندازه کوچک و مورفولوژی مشابه

داشته و از نوع متاساتریک می‌باشند (Brown et al., 1996; Madhusoodanan and Arora, 1979; Oberprieler and Vogt, 1999). با این حال، با توجه به فقدان اطلاعات کافی در مورد خصوصیات کاربوتیپی گونه‌های بابونه در ایران، انجام مطالعات بیشتر در این زمینه ضرورت دارد. از این‌رو، در مطالعه حاضر، اعداد کروموزومی چهار جمعیت مختلف از گونه *M. recutita* که از مناطق مختلف ایران جمع‌آوری شده‌اند مشخص و پس از محاسبه شاخص‌های مختلف کاربوتیپی، صفات سیتوژنتیکی آن‌ها و قرابت ژنتیکی جمعیت‌ها با استفاده از صفات اندازه‌گیری شده تعیین گردید.

## مواد و روش‌ها

**تهیه متافازهای کروموزومی:** بذره‌های چهار جمعیت از گونه *M. recutita* از بانک ژن منابع طبیعی ایران، تهیه گردید. منشأ و مشخصات جمعیت‌ها در جدول ۱ آورده شده است. برای تهیه نمونه میکروسکوپی از نوک ریشه، از روش اسکواش، استفاده شد. بدین منظور، پس از نمونه‌برداری از نوک ریشه‌ها، نمونه‌ها در محلول آلفا برمونفتالین ۰/۵ درصد، به مدت ۴ ساعت در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد تیمار و سپس در محلول فیکساتیو (اسید کرومیک ۱ درصد + فرمالدئید ۱۰ درصد، v/v)، به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. برای هیدرولیز ریشه‌ها از NaOH یک نرمال به مدت ۵ دقیقه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در داخل بن‌ماری استفاده شد و سپس ریشه‌ها با رنگ همتوکسیلین، رنگ‌آمیزی شدند (Javadi, 2006; Javadi et al., 2009, 2019; Gholamzadeh et al., 2020). اسلایدها با استفاده از میکروسکوپ نوری BX45 (Olympus, Tokyo, Japan)، مطالعه و از متافازهای سلولی عکس تهیه گردید. تصاویر به‌دست آمده با استفاده از نرم‌افزار Adobe Photoshop پردازش شدند. حداقل چهار صفحه متافازی برای هر جمعیت مورد بررسی قرار گرفت. کروموزوم‌های هر صفحه متافازی بر اساس شکل و اندازه مرتب و کاربوتیپ تهیه و با استفاده از نرم‌افزار میکرومیژر (Micro Measure 3.3) طول بازوهای کروموزومی محاسبه شد (Reeves, 2001). استفاده از سیستم تجزیه و تحلیل تصویری کروموزوم‌ها (Micro Measure)، بررسی‌ها را

### نتایج و بحث

در این مطالعه چهار جمعیت از گونه *M. recutita* از نظر صفات کروموزومی (تعداد و مورفولوژی کروموزوم‌ها) و کاریوتیپی (طول کروموزوم‌ها و ژنوم، تقارن کاریوتیپ) مورد مطالعه قرار گرفتند.

**تجزیه و تحلیل صفات کروموزومی:** شکل ۱ صفحات متافازی و کاریوتیپ جمعیت‌های مورد مطالعه و جدول ۱ اطلاعات مربوط به تعداد کروموزوم‌های سوماتیکی ( $2n$ )، تعداد کروموزوم‌های هاپلوئید ( $n$ )، طول ژنوم ( $\sum TL$ ) (مجموع طول کل کروموزوم‌ها)، کلاس تقارن استینز (SC) و فرمول کاریوتیپی (KF) جمعیت‌ها را نشان می‌دهد. مطالعه سینتوزنتیکی جمعیت‌ها، تعداد کروموزوم‌های سوماتیکی را  $2n = 2x = 18$  (۹  $x=$  تعیین کرد. بیشترین طول ژنوم (۵۸/۱۲۸ میکرومتر) به جمعیت ۱۵۱۲۳ از منطقه اراک و کمترین مقدار آن (۴۴/۴۷۲ میکرومتر) به جمعیت ۸۹۵۹ از بروجن تعلق داشت.

در مطالعات سایر پژوهشگران نیز عدد کروموزومی  $2n = 18$  برای قبیله Anthemideae ثبت شده است (Franke and Schilcher, 2007; Javadi et al., 2013, 2022; Ruzicka Mavandi and et al., 2021). در مطالعه مهدوی و ظریفی (Mavandi and Zarifi, 2020)، *M. chamomile* به صورت دیپلوئید  $2x = 18$  معرفی شد و میانگین طول کل کروموزوم‌ها (طول ژنوم) بین ۴۸/۹۷۷ تا ۶۶/۹۰۵ میکرومتر متغیر بود (Kohi and Mavandi and Zarifi, 2020). کوهی و همکاران (Kohi et al., 2012)، تعداد کروموزوم‌ها در هر سه رقم گونه *M. chamomilla* را به صورت  $2n = 2x = 18$  و نوع کروموزوم‌ها را متا، ساب‌متا و اکروسانتریک با غالبیت کروموزوم‌های متا معرفی کردند. در دیگر مطالعه مشابه، گونه *M. recutita* به صورت تتراپلوئید  $4x = 36$  با غالبیت کروموزوم‌های متاسانتریک معرفی شد و اندازه کروموزوم‌ها از ۳/۲ تا ۶/۴ میکرومتر متغیر بود (Samatadzea et al., 2014). با توجه به مطالعه حاضر و سایر پژوهشگران می‌توان گفت که در جنس بابونه آلمانی (*Matricaria*)، عدد پایه کروموزومی  $x = 9$  و با سطوح پلوئیدی متفاوت دیده می‌شود.

**تجزیه و تحلیل خصوصیات کاریوتیپی:** تجزیه واریانس در قالب طرح کاملاً تصادفی نشان داد که اختلاف موجود در

آسان‌تر و حجم نتایج به دست آمده را افزایش می‌دهد (Muravenko et al., 1998ab, 1999, 2000).

**مطالعه صفات کاریوتیپی:** صفات کاریوتیپی شامل تعداد کروموزوم‌های متافازی ( $2n$ )، تعداد کروموزوم‌های هاپلوئید ( $n$ )، تعیین و طول بازوهای بلند (LA) و کوتاه (SA) کروموزوم‌ها اندازه‌گیری و سپس پارامترهای طول کل کروموزوم (TL)، نسبت بازوهای کروموزومی (AR)، شاخص سانترومری (CI)، تفاوت طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL)، درصد طول بازوهای کروموزومی (%LA و %SA)، درصد شکل کلی کاریوتیپ (%TF) (Huziwara, 1962)، شاخص عدم تقارن درون کروموزومی ( $A_1$ ) و بین کروموزومی ( $A_2$ )، با استفاده از روابط ۱ تا ۱۰ در هر صفحه متافازی محاسبه شدند.

$$\text{رابطه ۱)} \quad TL = LA + SA$$

$$\text{رابطه ۲)} \quad AR = LA / SA$$

$$\text{رابطه ۳)} \quad \text{طول نسبی کوتاه‌ترین کروموزوم - طول نسبی بلندترین کروموزوم} = DRL$$

$$\text{رابطه ۴)} \quad 100 \times (\sum TL) / \text{طول کروموزوم} = \text{طول نسبی هر کروموزوم}$$

$$\text{رابطه ۵)} \quad CI = SA / TL$$

$$\text{رابطه ۶)} \quad LA\% = \sum LA / (\sum TL) \times 100$$

$$\text{رابطه ۷)} \quad SA\% = \sum SA / (\sum TL) \times 100$$

$$\text{رابطه ۸)} \quad TF\% = (\sum SA / \sum TL) \times 100$$

$$\text{رابطه ۹)} \quad A_1 = 1 - [\sum (SA/LA) / n]$$

$$\text{رابطه ۱۰)} \quad A_2 = s/x$$

که در این روابط  $s$  و  $x$  به ترتیب میانگین انحراف استاندارد و میانگین طول کروموزوم هستند (Romero, 1986)

فرمول کاریوتیپی (KF) مطابق با روش لوان (Levan et al., 1964) تعیین و از کلاس تقارن استینز (SC) برای تعیین تکامل کاریوتیپ استفاده شد (Stebbins, 1971).

برای تعیین تنوع بین جمعیت‌ها، از طرح کاملاً تصادفی با ۴ تکرار (برای هر جمعیت ۴ کاریوتیپ) و برای آزمون مقایسه میانگین از روش دانکن استفاده شد. از آزمون تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) برای تعیین سهم هر کدام از صفات در ایجاد تنوع و از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) برای گروه‌بندی جمعیت‌ها استفاده شد. تجزیه و تحلیل‌های آماری با استفاده از نرم‌افزارهای SAS (نسخه ۶/۱۲)، Minitab (نسخه ۱۶) و EXCEL (نسخه ۲۰۰۷) انجام شد.

صفات طول کروموزوم از جمله، طول بازوی بلند، طول بازوی کوتاه، طول کل کروموزوم و درصد بازوی بلند کروموزومی در سطح ۰/۵ درصد معنی‌دار بوده و در بقیه صفات اختلاف بین جمعیت‌ها معنی‌دار نیست (جدول ۲). در مطالعه طحانی و همکاران (Tahani et al., 2019) نیز تجزیه واریانس مولکولی در جمعیت‌های بابونه آلمانی، تنوع قابل‌ملاحظه‌ای را در بین جمعیت‌ها نشان داد (Tahani et al., 2019).

مقادیر میانگین طول کروموزومی (بازوها و طول کل کروموزوم)، نسبت بازوها (AR)، شاخص کروموزومی (CI)، درصد شکل‌کلی (TF%)، تفاوت طول نسبی کروموزوم‌ها (DRL)، شاخص‌های عدم تقارن بین و درون کروموزومی ( $A_1$  و  $A_2$ )، درصد طول بازوی بلند و کوتاه ( $LA\%$  و  $SA\%$ ) در جدول ۳ آورده شده است. مقایسه میانگین مقادیر صفات نشان داد که مقدار طول کل کروموزومی (TL) از ۵/۵۵۹ تا ۷/۲۶۶ میکرومتر متغیر بوده که نشان‌دهنده کوچک بودن کروموزوم‌ها در این جنس است. در مطالعات پیشین نیز وجود کروموزوم‌های کوچک در کاربوتیپ به اثبات رسیده است (Galasso et al., 1996; Muravenko et al., 1998ab; 2000; Pierozzi et al., 1999). در بررسی‌های انجام شده روی سه رقم از گونه *M. chamomilla* از نظر طول کروموزومی باهم اختلاف معنادار داشتند. طول کروموزوم‌ها از ۳ تا ۵ میکرومتر متغیر بود (Kohi et al., 2012). بیشترین مقدار طول کروموزوم (۷/۲۶۶ میکرون) متعلق به جمعیت ۱۵۱۲۳ (مرکزی، اراک) است این جمعیت بیشترین مقادیر طول بازوی بلند (۴/۵۴۲ میکرون) و طول بازوی کوتاه (۲/۷۲۴ میکرون) را نیز نشان داد.

در صفت نسبت بازوها (AR)، تفاوت معنی‌داری بین مقادیر ثبت شده وجود نداشت ولی بیشترین مقادیر آن (۱/۸۱۶ و ۱/۸۷۹) متعلق به جمعیت‌های ۱۵۱۲۳ و ۱۷۰۵۲ از اراک و قزوین بود. علاوه بر این دو جمعیت (۱۵۱۲۳ و ۱۷۰۵۲) بیشترین مقادیر صفت  $A_1$  را نیز به خود اختصاص دادند (۰/۳۸۳ و ۰/۳۷۲). همچنین در صفات CI و TF% کمترین مقادیر (CI= ۰/۳۷۳؛ TF%= ۳۷/۷۲۴ و ۳۸/۰۲) در این دو جمعیت دیده شدند. دو صفت DRL و  $A_2$  نشان‌دهنده تفاوت طول کروموزوم‌های کاربوتیپ و یا به بیان دیگر عدم تقارن کاربوتیپ از نظر طول کروموزومی هستند. مقادیر بالای این دو صفت نشان می‌دهد که

کروموزوم‌های یک کاربوتیپ از نظر طول متقارن نیستند. دو جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) و ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن)، بیشترین مقادیر این دو صفت را نشان دادند و جمعیت ۲۴۷۵۴ از منطقه قره‌چمن با داشتن  $DRL= ۷/۵۶۵$  و  $A_2= ۰/۱۹۳$  دارای کاربوتیپ با کروموزوم‌های متفاوت می‌باشد. همچنین نتایج نشان داد که جمعیت ۱۵۱۲۳ و ۲۴۷۵۴ بیشترین  $LA\%$  و کمترین  $SA\%$  را به خود اختصاص داده‌اند.

برای مشخص شدن سهم هر کدام از صفات اندازه‌گیری شده در ایجاد تنوع در بین جمعیت‌ها از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده شد (جدول ۴). مؤلفه اول بیش از ۷۴ درصد، مؤلفه دوم بیش از ۱۹ درصد و مؤلفه سوم بیش از ۵ درصد از تنوع کل را شامل شدند. در کل سه مؤلفه اول توانست کل تنوع (۱۰۰ درصد) را توجیه کنند. در مؤلفه اول صفات TL، LA، SA و  $LA\%$ ، در مؤلفه دوم صفات CI، DRL و  $A_2$  و در مؤلفه سوم صفات AR، TF%،  $A_1$  و  $SA\%$  از اهمیت بیشتری در ایجاد تنوع برخوردار بودند. توزیع جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفه اول بر روی محور X و Y در شکل ۲ نشان داده شده است. بر اساس بای‌پلات مبتنی بر مقادیر PCA، جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) و ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن) به دلیل داشتن کروموزوم‌های بلند در قسمت راست محور X واقع شده‌اند که نشان‌دهنده بیشترین مقدار مؤلفه اول، یعنی صفات طول کروموزومی است (TL، LA و SA).

جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) نسبت به جمعیت ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن) دارای مقادیر زیاد طول کروموزومی، AR و  $A_1$  بوده و به همین دلیل دارای کاربوتیپ نامتقارن از لحاظ طول و شکل کروموزومی است. جمعیت ۱۷۰۵۲ (قزوین) دارای کروموزوم‌های کوتاه با مقادیر AR و  $A_1$  بیشتر می‌باشد، بدین معنی که کروموزوم‌های آن کوتاه ولی بیشتر از نوع ساب‌متا هستند. کاربوتیپ جمعیت ۱۷۰۵۲ (قزوین)، نامتقارن از لحاظ شکل کروموزومی بوده، بنابراین از لحاظ کلاس تقارن استینز در گروه B قرار می‌گیرد. جمعیت ۸۹۵۹ (بروجن) به دلیل داشتن کمترین مقادیر صفات طول کروموزومی (AR و  $A_1$ ) در متتالیه سمت چپ محور X واقع شده است که نشان می‌دهد جمعیت ۸۹۵۹ دارای کروموزوم‌های کوتاه و متقارن می‌باشد.

برای دسته‌بندی جمعیت‌ها بر اساس صفات مورد مطالعه از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده شد (شکل ۳).

جدول ۱- مشخصات جمعیت‌های مورد مطالعه *M. recutita* L. داده‌های کاربولوجیک نشان داده شده‌اند.

Table 1. Characteristics of *M. recutita* L. populations. Karyological data are shown

ردیف Row	جمعیت Population	کد بانک ژن Gene bank code	محل جمع‌آوری Location	ارتفاع از سطح دریا (متر) Altitude (m)	طول جغرافیایی Longitude	عرض جغرافیایی Latitude	داده‌های کاربولوجیک Karyological data				
							2n	x	∑TL	SC	KF
1	<i>M. recutita</i> L.	8959	چهارمجال بختیاری، بروجن Borojen, Chahar Mahale Bakhtiyari	2257	51°06'00" E	31°55'00" N	18	9	48.977	2B	5m+4sm
2	<i>M. recutita</i> L.	15123	مرکزی، اراک Arak, Merkazi	1743	49°07'00" E	34°08'00" N	18	9	66.905	2B	5m+3sm+1st
3	<i>M. recutita</i> L.	17052	قزوین، قزوین Gazvin, Gazvin	2200	49°55'00" E	36°34'00" N	18	9	61.639	3B	4m+4sm+1st
4	<i>M. recutita</i> L.	24754	آذربایجان شرقی، قره‌چمن Ghare Chaman, East Azerbaijan	1711	47°02'18" E	37°39'41" N	18	9	64.230	2B	4m+5sm

2n: تعداد کروموزوم‌های سوماتیک؛ x: تعداد کروموزوم‌های هاپلوئید؛ ∑TL: طول کل ژنوم؛ SC: کلاس استینز؛ KF: فرمول کاربوتیپی

2n: Somatic chromosomes numbers; x: Haploid chromosomes numbers; ∑TL: length of Genome; SC: Stebbins class; KF: Karyotype Formula

جدول ۲- نتایج تجزیه واریانس داده‌های صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های مورد مطالعه *M. recutita*

Table 2. Analysis of variance for karyotypic data in four populations of *M. recutita*

منابع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean of square										
		(TL)	(LA)	(SA)	(AR)	(CI)	(TF%)	(DRL)	(A <sub>1</sub> )	(A <sub>2</sub> )	(LA%)	(SA%)
جمعیت Population	3	2.446*	1.245*	0.315*	0.033 <sup>ns</sup>	5.7E-05 <sup>ns</sup>	0.114 <sup>ns</sup>	0.070 <sup>ns</sup>	0.0006 <sup>ns</sup>	0.0021 <sup>ns</sup>	6.555*	0.114 <sup>ns</sup>
خطا Error	12	1.404	0.672	0.164	0.032	0.0004	5.336	0.158	0.001	0.004	2.868	5.336
ضریب تغییرات (درصد) C.V (%)		17.678	19.810	15.985	10.036	5.473	6.090	14.478	11.814	16.506	2.754	6.090

TL: طول کل کروموزوم، LA: طول بازوی بلند کروموزوم، SA: طول بازوی کوتاه کروموزوم، AR: نسبت بازوها، CI: شاخص سانترومیری، TF%: درصد شکل کلی، DRL: تفاوت طول نسبی، A<sub>1</sub>: شاخص عدم تقارن بین کروموزومی،

A<sub>2</sub>: شاخص عدم تقارن درون کروموزومی، LA%: درصد طول بازوهای بلند، SA%: درصد طول بازوهای کوتاه

TL: Total length; LA: Long arm; SA: Mean of short arm; AR: Arm ratio; CI: Centromeric index; TF%: Total form percentage; DRL: Difference of relative length; A<sub>1</sub>: Intra-chromosome asymmetry index; A<sub>2</sub>: Inter chromosome asymmetry index; LA%: Relative length of long arm; SA%: Relative length of short arm

جدول ۳- مقایسه میانگین مقادیر صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های مختلف گونه *M. recutita*Table 3. Means (comparison) of karyotypic traits in *M. recutita* populations

کد بانک ژن Gene bank code	جمعیت Population	$\overline{TL}$	$\overline{LA}$	$\overline{SA}$	$\overline{AR}$	$\overline{CI}$	$\overline{TF\%}$	$\overline{DRL}$	$\overline{A1}$	$\overline{A2}$	$\overline{LA\%}$	$\overline{SA\%}$
8959	<i>M. recutita</i>	5.559b	3.321b	2.120b	1.664a	0.381a	38.107a	7.394a	0.353a	0.150a	59.581b	38.107a
15123	<i>M. recutita</i>	7.266a	4.542a	2.724a	1.816a	0.373a	37.724a	7.951a	0.383a	0.182a	62.276a	37.724a
17052	<i>M. recutita</i>	6.848ab	4.251ab	2.597a	1.879a	0.373a	38.02a	6.811a	0.372a	0.156a	61.98a	38.02a
24754	<i>M. recutita</i>	7.136ab	4.442ab	2.694a	1.807a	0.378a	37.867a	8.565a	0.364a	0.193a	62.133a	37.867a

$\overline{TL}$ : میانگین طول کل کروموزوم؛  $\overline{LA}$ : میانگین طول بازوی بلند کروموزوم؛  $\overline{SA}$ : میانگین طول بازوی کوتاه کروموزوم؛  $\overline{AR}$ : میانگین نسبت بازوها؛  $\overline{CI}$ : میانگین شاخص سانترومیری؛  $\overline{TF\%}$ : میانگین درصد شکل کلی؛  $\overline{DRL}$ : میانگین

تفاوت طول نسبی؛  $\overline{A1}$ : میانگین عدم تقارن بین کروموزومی؛  $\overline{A2}$ : میانگین عدم تقارن درون کروموزومی؛  $\overline{LA\%}$ : میانگین درصد طول بازوهای بلند کروموزومی؛  $\overline{SA\%}$ : میانگین درصد طول بازوهای کوتاه کروموزومی

$\overline{TL}$ : Mean of total length;  $\overline{LA}$ : Mean of long arm;  $\overline{SA}$ : Mean of short arm;  $\overline{AR}$ : Mean of arm ratio;  $\overline{CI}$ : Mean of centromeric index;  $\overline{TF\%}$ : Mean of total form percentage;  $\overline{DRL}$ : Mean of difference of relative length;  $\overline{A1}$ : Mean of intra chromosome asymmetry index;  $\overline{A2}$ : Mean of inter chromosome asymmetry index;  $\overline{LA\%}$ : Mean of relative length of long arm;  $\overline{SA\%}$ : Mean of relative length of short arm

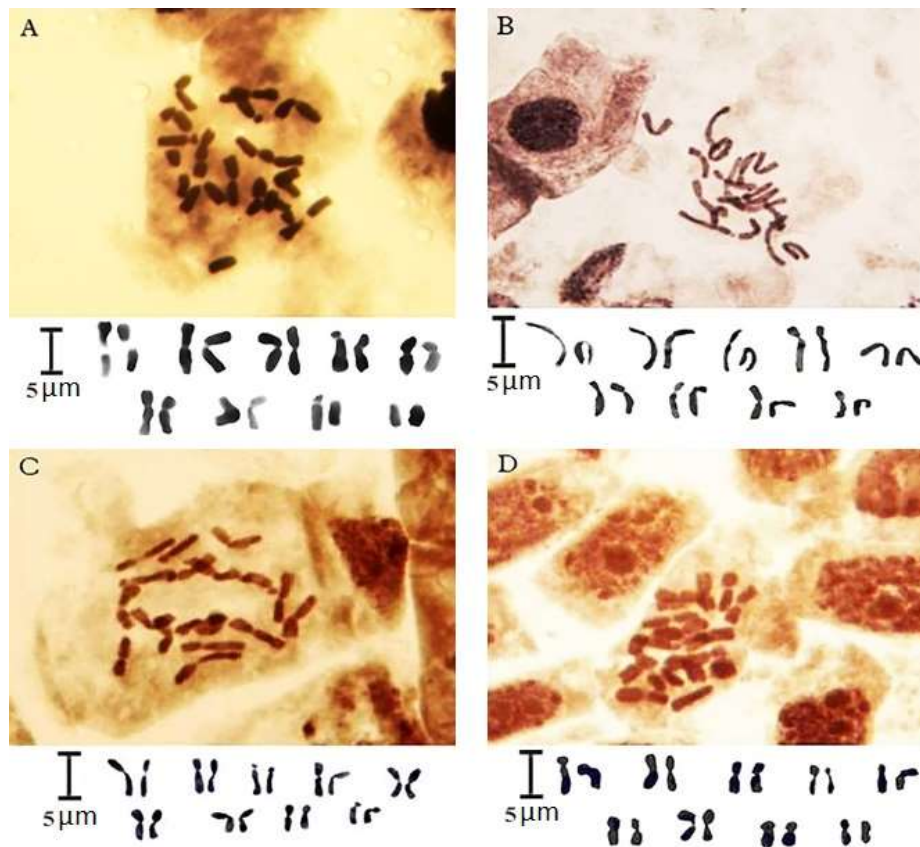
جدول ۴- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی: مقادیر سه مؤلفه اول، دوم و سوم حاصل از تجزیه یازده صفت برای گروه‌بندی جمعیت‌های *M. recutita*Table 4. Eigenvectors based on first three principal components analysis for eleven karyotypic parameters to classify four populations of *M. recutita*

مؤلفه‌ها Components	TL	LA	SA(SA)	AR	CI	TF%	DRL	A <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>	LA%	SA%	E.V.	P.V.	C.P.V.
اولین مؤلفه (F.C)	<u>0.345</u>	<u>0.345</u>	<u>0.343</u>	0.275	-0.262	-0.314	0.151	0.303	0.272	<u>0.338</u>	<u>-0.314</u>	8.224	0.748	0.748
دومین مؤلفه (S.C)	0.015	0.022	0.024	<u>0.348</u>	<u>-0.423</u>	0.199	<u>-0.616</u>	0.24	<u>-0.418</u>	0.091	0.199	2.133	0.194	0.942
سومین مؤلفه (T.C)	0.177	0.176	0.216	0.43	0.287	<u>0.405</u>	0.08	<u>-0.437</u>	0.171	0.264	0.405	0.642	0.058	1

TL: طول کل کروموزوم؛ LA: طول بازوی بلند کروموزوم؛ SA: طول بازوی کوتاه کروموزوم؛ AR: نسبت بازوها؛ CI: شاخص سانترومیری؛ TF%: درصد شکل کلی؛ DRL: تفاوت طول نسبی؛ A<sub>1</sub>: شاخص عدم تقارن بین کروموزومی؛

A<sub>2</sub>: شاخص عدم تقارن درون کروموزومی؛ LA%: درصد طول بازوهای بلند؛ SA%: درصد طول بازوهای کوتاه؛ E.V.: ریشه‌های راکد؛ P.V.: درصد واریانس؛ C.P.V.: درصد واریانس تجمعی

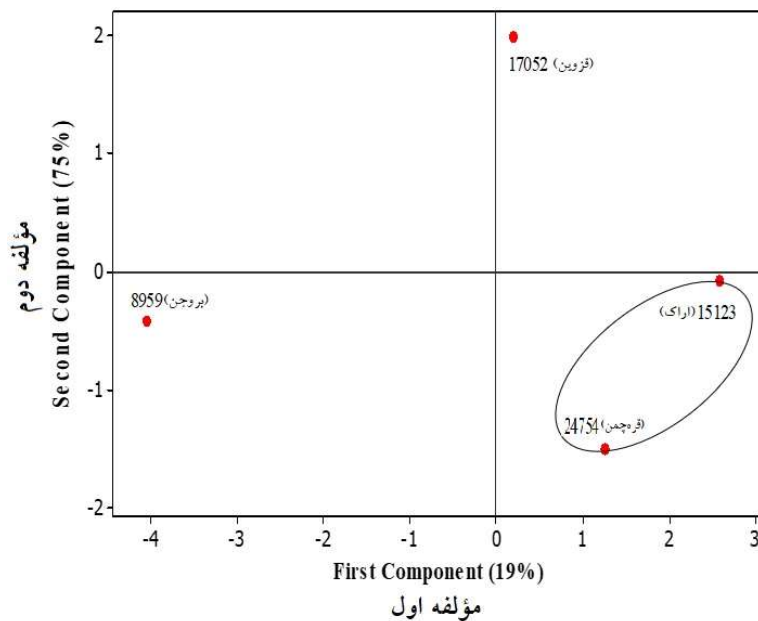
F.C: First component; S.C: Second component; T.C: Third component, E.V: Eigen value; P.V: Percent of variance; C.P.V: Cum percent of variance; TL: Total length; LA: long arm; SA: short arm; AR: Arm ratio; CI: Centromeric index; TF%: Total form percentage; DRL: Difference of relative length; A<sub>1</sub>: Intra chromosome asymmetry index; A<sub>2</sub>: Inter chromosome asymmetry index; LA%: Relative length of long arm; SA%: Relative length of short arm



شکل ۱- صفحات متافازی و کاریوتیپ جمعیت‌های مختلف گونه *M. recutita*

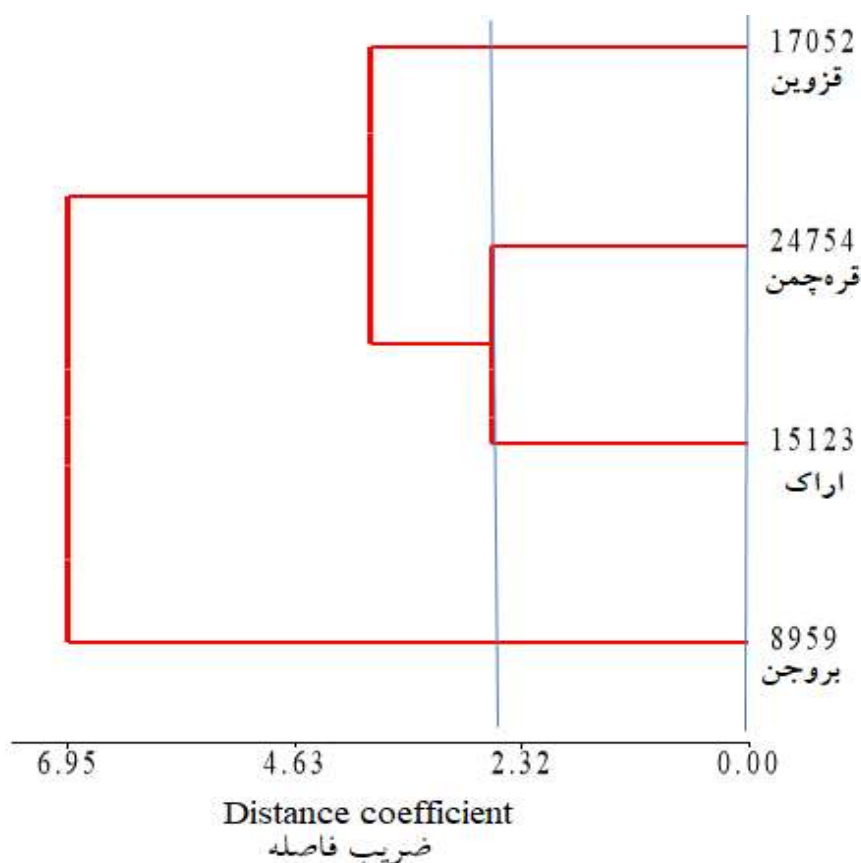
Figure 1. Metaphases plates and karyotypes of *M. recutita* populations:

A: جمعیت ۸۹۵۹ از منطقه چهارمحال و بختیاری-بروجن با  $2n=18$ ، B: جمعیت ۱۵۱۲۳ از منطقه مرکزی-اراک با  $2n=18$ ، C: جمعیت ۱۷۰۵۲ از منطقه قزوین-قزوین با  $2n=18$ ، D: جمعیت ۲۴۷۵۴ از منطقه آذربایجان شرقی-قره‌چمن با  $2n=18$   
 A: Population 8959 (Borojen, Chahar Mahale Bakhtiyari),  $2n=18$ , B: Population 15123 (Arak, Merkazi),  $2n=18$ , C: Population 17052 (Gazvin, Gazvin),  $2n=18$ , D: Population 24754 (Ghare Chaman, East Azerbaijan),  $2n=18$



شکل ۲- پراکنش جمعیت‌های مختلف گونه *M. recutita* بر اساس دو مؤلفه اول و دوم حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

Figure 2. Distribution of *M. recutita* populations based on 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> components of PCA



شکل ۳- نمودار پراکنش جمعیت‌های مختلف *M. recutita* بر اساس تجزیه خوشه‌ای به روش Ward

Figure 3. Distribution of of *M. recutita* populations based on cluster analysis (Ward)

قدیمی‌تر از کروموزوم‌های بزرگ و نامتقارن هستند. بنابراین می‌توان گفت که جمعیت ۸۹۵۹ از منطقه بروجن یک جمعیت قدیمی‌تر نسبت به بقیه بوده و بترتیب جمعیت‌های ۱۷۰۵۲ (قزوین)، ۱۵۱۲۳ (اراک) و ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن) متکامل‌تر هستند.

در تمام جمعیت‌های مورد مطالعه عدد پایه کروموزومی  $x=9$  بوده و سطح پلوئیدی، دیپلوئید ( $2n=18$ ) را نشان دادند. جمعیت ۱۵۱۲۳ از منطقه اراک، بلندترین طول ژنوم و نامتقارن‌ترین کاریوتیپ را نشان داد. مطالعه حاضر نشان داد که تنوع حاکم در بین جمعیت‌های گونه *M. recutita* ناشی از طول کروموزوم‌ها می‌باشد. به طور کلی، وجود تنوع بالای ژنتیکی و سیتوژنتیکی، نشان‌دهنده وجود پتانسیل بالا در اصلاح جنس بابونه و فعالیت‌های به‌نژادی است. داده‌های بدست آمده از این تحقیق، در برنامه‌های آتی اصلاح جنس بابونه *Matricaria L.* کاربرد دارد.

در فاصله ژنتیکی ۲/۳۲ چهار جمعیت مورد مطالعه در سه دسته قرار گرفتند. در گروه یک جمعیت ۱۷۰۵۲ (قزوین)، در گروه ۲، دو جمعیت ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن) و ۱۵۱۲۳ (اراک) و در گروه سوم جمعیت ۸۹۵۹ (بروجن) قرار گرفتند. این گروه‌بندی با پراکنش جمعیت‌ها بر اساس دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) (شکل ۲) مطابقت دارد. با توجه به نتایج مشخص شد که جمعیت ۱۵۱۲۳ (اراک) ژنوم بلند و کاریوتیپ نامتقارن از نظر طول و شکل کروموزومی، جمعیت ۲۴۷۵۴ (قره‌چمن) ژنوم بلند و کاریوتیپ نامتقارن از نظر طول کروموزومی (بیشترین مقادیر DRL و A<sub>2</sub>)، جمعیت ۱۷۰۵۲ (قزوین) طول ژنوم کوتاه ولی کاریوتیپ نامتقارن از نظر شکل کروموزومی و جمعیت ۸۹۵۹ (بروجن) ژنوم کوتاه و کاریوتیپ متقارن دارد. بر اساس نظریه تکامل، سیر تکامل گونه‌ها در جهت افزایش بی‌نظمی و عدم تقارن و ایجاد تنوع بیشتر است. یعنی کروموزوم‌های کوچک و متقارن

## References

- Abdi El-Twab, M.H., Mekawy, A.M. and El-Katatny, M.S.** (2008). Karyomorphological studies of some species of *Chrysanthemum sensulato* in Egypt. *Chromosome Botany*, **3**: 41-47.
- Brown, A.M.G., Lowe, K.C., Davy, M.R. and Power, J.B.** (1996). Feverfew (*Tanacetum parthenium*): Tissue culture and parthenolide Synthesis. *Plant Science*, **116**: 223-232.
- Franke, R. and Schilcher, H.** (2005). *Chamomile: Industrial Profiles*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA.
- Franke, R. and Schilcher, H.** (2007). Relevance and use of chamomile (*Matricaria recutita* L.). *ISHS. Acta Horticulture*, **749**: 29-43.
- Franz, C., Bauer, R., Carle, R., Tedesco, D., Tubaro, A. and Zitterl-Eglseer, K.** (2007). Study on the assessments of plants/herbs, plants/herbs extracts and their naturally or synthetically produced components as additives for use in animal production. *EFSA Supporting Publications*, **4(4)**:155-169.
- Galasso, I., Frediani, M., Maggiani, M., Cremonini, R. and Pignone, D.** (1996). Chromatin characterization by banding techniques, in situ hybridization, and nuclear DNA content in Cicer L. (Leguminosae). *Genome*, **39**: 258-265.
- Gholamzadeh, Z., Javadi, H., Pezhmanmehr, M. and Hatami, M.** (2020). Caryologic study of some species of *Astragalus* spp. in different habitats of Iran. *Plant Genetic Researches*, **7(1)**: 145-160 (In Persian).
- Hansen, H.V. and Christensen, K.I.** (2009). The common chamomilla and the scentless mayweed revisited. *Taxon*, **58(1)**: 261-264.
- Huziwaru Y.** (1962). Karyotype analysis in some genera of Composite. VIII Further studies on the chromosome of Aster. *American Journal of Botany*, **49**: 116-119.
- Inceer, H. and Trabzon, S.** (2010). Chromosome numbers in Tripleurospermum Sch. Bip. (Asteraceae) and closely related genera: relationships between ploidy level and stomatal length. *Plant Systematic Evolution*, **285(3-4)**: 149-157.
- Jalili, A. and Jamzad, Z.** (1999). *Red Data Book of Iran*, 1<sup>st</sup>. Research Institute of Forest and Rangeland publication, Tehran, IR.
- Javadi, H.** (2006). Study of karyotype in three *Astragalus* species. *Pajouhesh and Sazandegi*, **73**: 131-135 (In Persian).
- Javadi, H., Hesamzadeh-Hejazi, S.M. and Babayev, M.SH.** (2009). Karyotypic studies of three *Thymus* (Lamiaceae) species and populations in Iran. *Caryologia*, **62**: 316-325.
- Javadi, H., Alizadeh, M.A., Emami, H. and Salehi Shanjani, P.** (2013). Cytogenetics investigation in different populations of *Anthemis tinctoria* L. (Yellow chamomile) accessions from Iran. *Chromosome Science*, **16**: 43-49.
- Javadi, H., Salehi Shanjani, P. and Savafi, S.R.** (2019). Chromosome counts and karyomorphology of some species of *Astragalus* (Fabaceae) from Iran. *Chromosome Science*, **22(1-4)**: 3-12.
- Javadi, H. and Salehi Shanjani, P.** (2022). Comparative Cytogenetic within *Achillea* genus (Asteraceae) in Iran: I. chromosome number and morphology. *Acta Biologica Szegediensis*, **66(1)**: 1-10.
- Kohi, L., Zakariya Asghari, R., Zareh, N. and Daryani, P.** (2012). Cytogenetics study of three variety of *Matricaria chamomilla*. *12<sup>th</sup> of Genetics Congresses*, Tehran, Iran.
- Levan, A., Fredga, K. and Sandberg, A.A.** (1964). Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas*, **52**: 201-220.
- Lubbe, A. and Verpoorte, R.** (2011). Cultivation of medicinal and aromatic plants for specialty industrial materials. *Industrial Crops and Products*, **34**: 785-801
- Madhusoodanan, K.J. and Arora, O.P.** (1979). Induced autotetraploidy in *Matricaria chamomilla* L. *Cytologia*, **44**: 227-232.
- Mavandi, P. and Zarifi, E.** (2020). Karyomorphological study and its correlation with the quantity and quality of essential oil in Iranian chamomile accessions (*Matricaria chamomilla* L.). *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, **41(2)**: 102320.
- Muravenko, O.V., Samatadze, T.E., Fedotov, A.R. and Zelenin, A.V.** (1998a). New approaches to plant chromosome study and identification: high resolution banding and image analysis. *Cytometry*, **9**: 56-62.
- Muravenko, O.V., Samatadze, T.E. and Zelenin, A.V.** (1998b). Computerized and visual analysis of the Gbanding-like pattern in chamomile. *Molecular Membrane Biology*, **15**: 670-678.

- Muravenko, O.V., Samatadze, T.E. and Zelenin, A.V.** (1999). Image and visual analyses of G-banding patterns of chamomile chromosomes. *Membrane and Cellular Biology*, **12**: 845-855.
- Muravenko, O.V., Samatadze, T.E., Popov, K.V., Amosova, A.V. and Zelenin, A.V.** (2000). Comparative genome analysis in two flax species by C-banding. *Russ. Journal of Genetics*, **37**: 332-335.
- Oberprieler, C. and Vogt, R.** (1999). Notes on some species of Anthemis (Compositae, Anthemideae) in Cyprus. *Bocconeia*, **11**: 89-104.
- Peneva, P.C., Kuzmanov, V.A., Gluh Eva, B.P.** (1998). Morphological and caryological analysis of native populations of chamomile (*Matricaria recutita* L.). *Fitologija*, **34**: 28-42.
- Pierozzi, N.I., Pinto-Maglio, C.A.F. and Cruz, N.D.** (1999). Characterization of somatic chromosomes of two diploid species of Coffea L. with acetic orcein and C-band techniques. *Caryologia*, **52**: 1-8.
- Rauschert, S.** (1974). Nomenklatorische probleme in der gattung *Matricaria* L. *Folia Geobotanica Phytotax*, **9**: 249-260.
- Reeves, A.** (2001). MicroMeasure: A new computer program for the collection and analysis of cytogenetic data. *Genome*, **44**: 439-443.
- Romero, C.** (1986). A new method for estimating karyotype asymmetry. *Taxon*, **35(3)**: 526-530.
- Ruzicka, J., Hacek, M., Novak, J.** (2021). Mitochondrial relationships between various chamomile accessions. *Plant Genetics*, **62**: 73-84.
- Samatadze, T.E., Muravenko, O.V., Klimakhin, G.I. and Zelenin, A.V.** (1997). Intraspecific chromosome polymorphism in *Matricaria chamomilla* L. (syn. *M. recutita* L.) studied by C-banding techniques. *Russian Journal of Genetics*, **33**: 111-113.
- Samatadze, T.E., Muravenko, O.V. and Zelenin, A.V.** (1998). Comparison of C-banded chromosomes in karyotypes of three species of the genus *Matricaria* L. *Russian Journal of Genetics*, **34**: 1469-1473.
- Samatadze, T.E., Muravenko, O.V., Popov, K.V. and Zelenin, A.V.** (2001). Genome comparison of the *Matricaria chamomilla* L. varieties by the chromosome C- and OR-banding patterns. *Caryologia*, **54**: 299-306.
- Samatadze, T.E., Amosova, A.V., Suslina, S.N., Zagumennikova, T.N., Melnikova, N.V., Bykov, V.A., Zelenin, A.V. and Muravenko, O.V.** (2014). Comparative cytogenetic study of the tetraploid *Matricaria chamomilla* L. and *Matricaria inodora* L. *Biology Bulletin*, **41**: 123-132.
- Singh, O., Khanam, Z., Misra, N. and Srivastava, M.K.** (2011). Chamomile (*Matricaria chamomilla* L.): An overview. *Pharmacognosy Reviews*, **5(9)**: 82-95.
- Stebbins, G.L.** (1971). *Chromosomal Evolution in Higher Plants*. Edward Arnold, London, UK.
- Tahani, L., Koohi Dehkordi, M. and Dehghanzade, H.** (2019). Evaluation of genetic diversity among cultivated *matricaria chamomilla* population s in Iran using SCoT markers. *Plant Genetic Researches*, **6(1)**: 87-98 (In Persian).
- Taviana, P., Rosellini, D. and Veronesi, F.** (2002). Variation for agronomic and essential oil traits among wild populations of *Chamomilla recutita* (L.) Rausch from central Italy. *Journal of Herbs, Spices and Medicinal Plants*, **9**: 1049-6475.
- Wagner, C., Friedt, W. Marquard, R.A. and Ordon, F.** (2005). Molecular analyses on the genetic diversity and inheritance of (-)- $\alpha$ -bisabolol and chamazulene content in tetraploid chamomile (*Chamomilla recutita* (L.) Rausch.). *Plant Science*, **169(5)**: 917-927.