



ESTUDIO CROMOSOMICO COMPARADO DE LAS VARIEDADES CHINO BLANCO Y NAPURÍ DE *Allium sativum* L. †

[COMPARATIVE CHROMOSOME STUDY OF THE WHITE CHINESE AND NAPURÍ VARIETIES OF *Allium sativum* L.]

Nickolle Calderon-Merma, Loidith Huamani-Taype, Camila Hurtado-Ojeda and Sandro Jhonatan Condori-Pacsi*

Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Calle Santa Catalina N°117
Arequipa – Perú. C.P 04001. E-mail: scondorip@unsa.edu.pe

*Corresponding author

SUMMARY

Background: *Allium sativum* L. belonging to the Amaryllidaceae family is of great nutritional, economic and gastronomic importance. Within the Andean community, Peru is the main producer and exporter of garlic. Among the cultivars of *Allium sativum* L. in Arequipa, the 'Chino Blanco' and 'Napuri' varieties stand out. **Objective:** To characterize cytogenetically two garlic varieties (Chino Blanco and Napuri) planted in the Arequipa region. **Methodology:** Meristematic apices of *Allium sativum* L. of the varieties 'Chino Blanco' and 'Napuri' were used to obtain the chromosome preparations, the samples were treated with 8-Hydroxyquinolinoline solution and fixed in Carnoy's solution, and later acid hydrolysis in 1N HCL and stained with Feulgen dye. **Results:** Both varieties present a number $2n = 16$ with metacentric chromosomes, the total size of the chromosomes of the variety 'Napuri' ranged between 43.36 μm and 28.52 μm while the total size of the chromosomes of the variety 'Chino Blanco' ranged between 59.77 μm and 31.43 μm . When comparing the morphometries of the chromosome pairs of both varieties, highly significant differences ($p < 0.01$) were found in the length of the short arm and long arm and the total length of the first seven chromosome pairs, with the 'Chino Blanco' variety being the one with the largest size. **Implications:** More garlic varieties were unavailable because the most cultivated varieties in the region are 'Chino Blanco' and 'Napuri'. **Conclusions:** The garlic varieties 'Napuri' and "Chino Blanco" of *Allium sativum* L. were cytogenetically characterized, in which they present a chromosomal morphology of metacentric type (m), with the chromosomal formula of '16 m'. There are highly significant differences in the total length of chromosomes from pair 1 to pair 7, with the variety 'Chino Blanco' being the one that presents the greatest chromosome size with respect to the variety 'Napuri'.

Key words: Metaphase; Napuri; Chino Blanco; Cytogenetics; Chromosome.

RESUMEN

Antecedentes: *Allium sativum* L. perteneciente a la familia de las Amaryllidaceae presenta gran importancia, a nivel nutricional, económico y gastronómico. Dentro de la comunidad Andina, el Perú es el principal productor y exportador de ajo. Dentro de los cultivos de *Allium sativum* L. en Arequipa destacan la variedad 'Chino Blanco' y 'Napuri'. **Objetivo:** Caracterizar citogenéticamente dos variedades de ajo (Chino Blanco y Napuri) sembrados en la región Arequipa. **Metodología:** Se utilizaron ápices meristemáticos de *Allium sativum* L. de la variedad "Chino blanco" y "Napuri" para obtener las preparaciones cromosómicas, las muestras fueron tratadas con solución 8-Hidroxiquinolinay fijadas en solución de Carnoy, y posterior hidrólisis ácida en HCL 1N y teñidas con colorante Feulgen. **Resultados:** Ambas variedades presentan un número $2n = 16$ con cromosomas de tipo metacéntrico, el tamaño total de los cromosomas de la variedad 'Napuri' oscilaron entre 43.36 μm y 28.52 μm mientras que el tamaño total de los cromosomas de la variedad 'Chino Blanco' oscilaron entre 59.77 μm y 31.43 μm . Al comparar las morfometrías de los pares cromosómicos de ambas variedades se encontraron diferencias altamente significativas ($p < 0.01$) en la longitud del brazo corto y brazo largo y la longitud total de los siete primeros pares cromosómicos, siendo la variedad Chino Blanco la que presentó mayor tamaño. **Implicaciones:** No se pudo acceder a más variedades de ajo debido a que en la región, las más cultivadas son la variedad 'Chino blanco' y 'Napuri'. **Conclusiones:** Se caracterizó citogenéticamente las variedades de ajos 'Napuri' y "Chino Blanco" de *Allium sativum* L., en el cual, presentan una morfología cromosómica del tipo metacéntrico (m), con fórmula cromosómica de '16 m'. Existiendo diferencias

† Submitted February 5, 2025 – Accepted April 21, 2025. <http://doi.org/10.56369/tsaes.6180>



Copyright © the authors. Work licensed under a CC-BY 4.0 License. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>
ISSN: 1870-0462. (Last update 21/01/2026. Typographical error was corrected in the paper title. In methodology, the concentration of 8-Hidroxiquinolina was corrected to 0.002M).

ORCID = S.J. Condori-Pacsi: <https://orcid.org/0000-0002-6792-5089>

altamente significativas en la longitud total de los cromosomas del par 1 al par 7 siendo la variedad ‘Chino Blanco’ aquel que presenta un mayor tamaño cromosómico respecto a la variedad ‘Napuri’.

Palabras clave: Metafase; Napuri; Chino Blanco; Citogenética; Cromosoma.

INTRODUCCIÓN

Allium sativum L. “ajo” es una especie perteneciente a la familia de las Amaryllidaceae constituido por un bulbo subterráneo y a su vez por un número variable de bulbillos (dientes), que están insertados sobre un eje aplastado. Esta especie presenta gran importancia, a nivel nutricional, económico y gastronómico en el departamento de Arequipa. Es utilizado desde la antigüedad como condimento para las comidas, utilizado en la medicina naturista, como antihipertensivo (disminución de presión arterial), estimula la secreción de insulina, controla los daños causados por arterioesclerosis y reumatismo (Saensouk and Saensouk, 2021). Dentro de la comunidad Andina, el Perú es el principal productor y exportador de ajo, en los últimos años la producción y rendimientos ha alcanzado 10 ton/ha (Ministerio de Agricultura. DGIA., 2008). Arequipa es la región con mayor producción de ajo puesto que participa con un 75% del volumen producido (Ministerio de agricultura. DGIA., 2020). A pesar de presentar una gran importancia económica, no se cuentan con planes de diseño de mejora de producción de *Allium sativum* L. por lo que es necesario generar conocimiento de línea base, la tecnología del cultivo para mantenernos en los primeros lugares en el continente.

Dentro de los cultivos de *Allium sativum* L. en Arequipa se encuentran las variedades: “Chino Morado”, “Chino Blanco”, “Napuri”, “Arequipeño” y “Massone”; de las cuales las variedades “Chino Blanco” y “Napuri” destacan. La variedad “Chino Blanco” presenta cabezas de color blanco, una forma grande, achatada y regular, formado por 10-12 dientes de gran tamaño, con un olor característico al cortarlos y un sabor suave y poco picante; la variedad “Napuri” presenta una coloración violeta marrón, forma ovoide redondeada, compuesta por dientes carnosos entre 12-18 dientes, un olor característico y un fuerte sabor acre. El ajo presenta una reproducción vegetativa, puesto que, por sus anormalidades en la floración, es una planta apomíctica obligada, a pesar de ello, el *Allium sativum* L. presenta una gran variabilidad fenotípica (Tadayuki, Escaff G. and Muñoz S., 1993); es una especie diploide ($2n = 16$) que presenta cromosomas metacéntricos y submetacéntricos de gran tamaño (Mousavizadeh, Khoshhal Sarmast and Mashayekhi, 2021) y en algunos casos, también se han observado cromosomas telocéntricos (Valdez, Pérez and Espino, 2010; Saensouk and Saensouk, 2021). Otros estudios del cariotipo de *Allium sativum* L., revelan una marcada variabilidad cromosómica, estos análisis también pusieron de manifiesto la presencia de

diferentes fórmulas centroméricas, lo que subraya una variación cariotípica significativa (Manzum *et al.*, 2014).

Por tal motivo, el presente trabajo se centra en comparar el cariotipo de dos variedades de ajo sembrados en el departamento de Arequipa. Los hallazgos de esta investigación enriquecerán la información sobre las características citogenéticas, al conocimiento taxonómico y evolutivo que contribuirá al desarrollo de estrategias asociadas al mejoramiento genético de la especie en la región Arequipa.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio y obtención de raíces

El estudio se realizó en el Laboratorio de Genética de la Escuela Profesional de Biología de la Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa. Se utilizaron ápices meristemáticos, de *Allium sativum* L. de la variedad “Chino blanco” y “Napuri” obtenidas de la empresa “White Lion Foods”, se germinaron los dientes en un frasco con agua y se colocaron a temperatura ambiente (Scotto *et al.*, 2020).

Preparaciones cromosómicas

Para la obtención de las preparaciones cromosómicas se siguió el protocolo propuesto por Delgado *et al.* (2010), Michelangeli de Clavijo *et al.* (2006), Acurero (2014) y Küçük y Liman (2018): las raíces se trataron con solución 8-Hidroxiquinolina 0.002M durante 4 horas en oscuridad a temperatura ambiente, se fijaron con solución de Carnoy en proporción 3:1 (etanol 96% y ácido acético glacial) durante 12 horas, la hidrólisis se realizó con HCl 1N a 60 °C por 15 minutos, se utilizó colorante Feulgen durante 5 a 10 minutos, finalmente se realizó el “Squash”. Las láminas se observaron en un microscopio óptico Motic, para la obtención de fotografías se utilizó la cámara del microscopio calibrado con escala en micrómetros con el objetivo 100X. Para el IC se utilizó la clasificación de Levan *et al.* (1964)

Procesamiento de datos

Se tomaron 10 placas metafásicas de cada variedad a una escala de 100 μ m con el software “Motic Images Plus 3.0” incluido en la cámara. Las imágenes fueron procesadas en el software Karyo measure (<https://karyomeasure.uok.ac.ir/>) para la clasificación y caracterización biométrica de cromosomas, como (1)

longitud total, (2) longitud de brazo largo y brazo corto e (3) índice centromérico. Las mediciones cromosómicas fueron analizadas con el test T-student con un nivel de confianza del 99% ($p < 0.01$) y para la comparación de IC se utilizó ANOVA con un nivel de confianza del 99% ($p < 0.01$), utilizando el software Past 4.03 (<https://past.en.lo4d.com/windows>) y STATGRAPHICS Centurion versión XVI.I (<https://www.statgraphics.com/download19>).

RESULTADOS

En la figura 1 se observa el cariograma e idograma de la variedad Chino Blanco y Napuri de *Allium sativum* L., ambas variedades presentan un número diploide, con dieciséis cromosomas ($2n = 16$), con cromosomas

de tipo metacéntrico (m), cuya fórmula cromosómica es “16 m”.

En la tabla 1 se observa la caracterización morfométrica de los cromosomas de las dos variedades de *A. sativum* L., el valor observado representa el promedio de 10 placas metafásicas, el tamaño total de los cromosomas de la variedad Napuri oscilaron entre 43.36 μm y 28.52 μm con una disminución gradual del tamaño de los cromosomas, el tamaño total de los cromosomas de la variedad Chino Blanco oscilaron entre 59.77 μm y 31.43 μm con una disminución gradual del tamaño de los cromosomas. Según la caracterización del software Karyomeasure (<https://karyomeasure.uok.ac.ir/>) los cromosomas presentan una morfología metacéntrica (m) para ambas variedades.

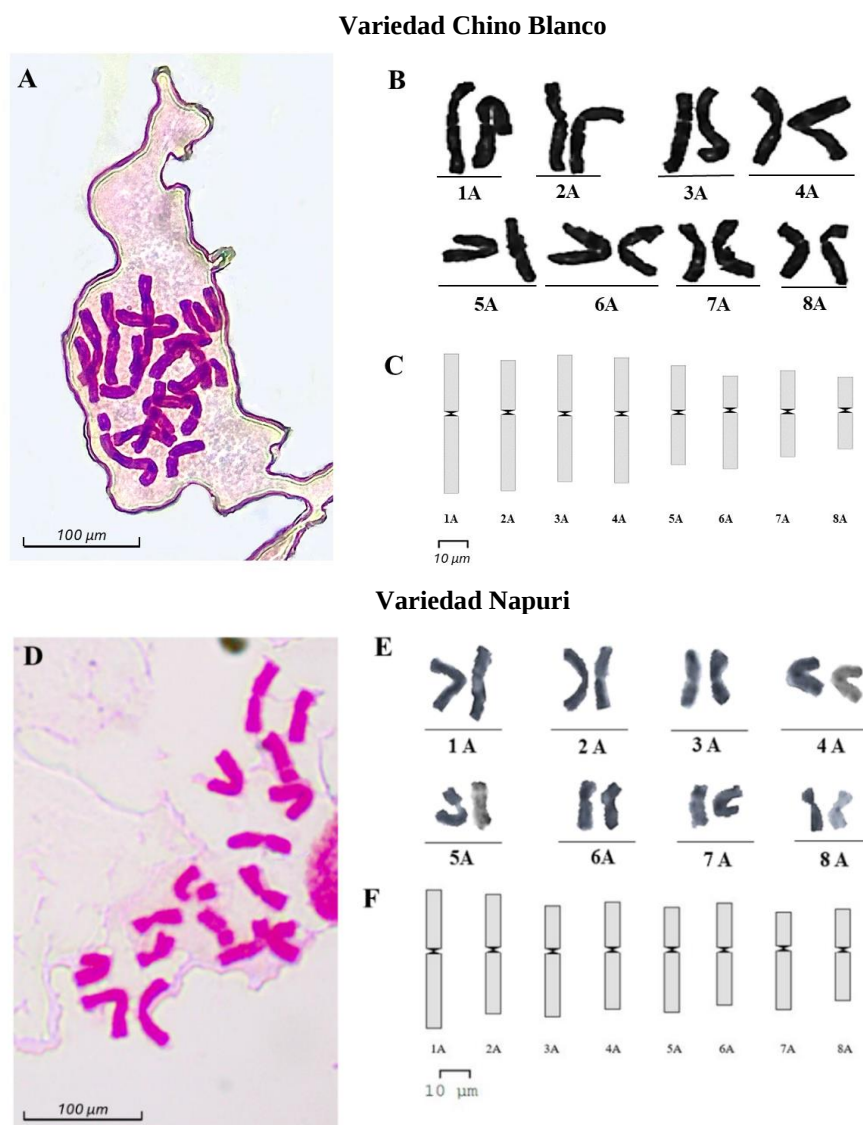


Figura 1. Cariograma e ideograma de *Allium sativum* L., de la variedad ‘Chino Blanco’ y ‘Napuri’. (A-D) Metafase, los cromosomas se observan de color grosella. (B-E) Ordenamiento cromosómico o cariograma de *Allium sativum* L. (C-F) Idiograma

Tabla 1. Análisis morfométrico de los pares cromosómicos de la variedad ‘Napuri’ y ‘Chino Blanco’ de *Allium sativum* L. q: Longitud de brazo largo, p: Longitud de brazo corto, LT: Longitud total (p+q), IC: Índice centromérico, m: metacéntrico.

Variedad	Par de cromosomas	q	p	LT	q/p	IC	Tipo de cromosoma
Napuri	1	25.89±1.35	20.48±2.09	46.36±3.33	1.26±0.08	44.08±1.55	m
	2	22.34±1.66	18.57±1.49	40.91±3.07	1.20±0.04	45.39±0.88	m
	3	22.01±1.44	17.67±1.92	39.68±3.01	1.25±0.10	44.45±2.11	m
	4	21.61±1.71	15.92±1.81	37.53±2.03	1.36±0.22	42.39±3.87	m
	5	20.68±1.11	14.92±1.01	35.60±1.36	1.39±0.14	41.91±2.34	m
	6	19.90±1.21	13.45±1.66	33.35±2.37	1.48±0.21	40.22±3.01	m
	7	18.52±1.67	12.43±1.27	30.95±2.72	1.49±0.12	40.15±1.96	m
	8	17.17±1.90	11.35±1.29	28.52±2.92	1.51±0.14	39.82±2.14	m
Chino Blanco	1	33.01±1.08	26.76±3.27	59.77±3.03	1.23±0.16	44.65±3.29	m
	2	29.92±1.14	23.40±3.11	53.32±2.99	1.28±0.21	43.73±3.76	m
	3	26.75±1.63	20.02±1.73	46.78±2.13	1.34±0.16	42.79±2.86	m
	4	24.24±1.85	19.44±2.21	43.68±3.18	1.25±0.17	44.44±3.16	m
	5	23.52±1.64	17.92±2.70	41.45±3.59	1.31±0.20	43.08±3.57	m
	6	20.85±2.25	16.24±2.36	37.10±3.18	1.28±0.29	43.72±3.31	m
	7	19.60±2.00	15.79±2.85	35.40±3.51	1.24±0.27	44.45±3.26	m
	8	18.15±2.17	13.28±2.74	31.43±3.87	1.37±0.36	42.03±3.53	m

Valor ± = Error estándar de la media.

En la figura 1A se observa la comparación del tamaño total de los cromosomas entre la variedad ‘Napuri’ y ‘Chino Blanco’ el cual los primeros siete pares de la variedad Chino Blanco son significativamente ($p<0.01$) más grandes que la variedad ‘Napuri’. En la Figura 1B se observa la comparación del brazo corto (p) el cual los siete primeros cromosomas de la

variedad ‘Chino Blanco’ son significativamente más grande que ‘Napuri’ y En la figura 1C se observa la comparación del brazo largo (q) entre las dos variedades observándose que los primeros cinco cromosomas de la variedad ‘Chino Blanco’ son significativamente más grande que ‘Napuri’.

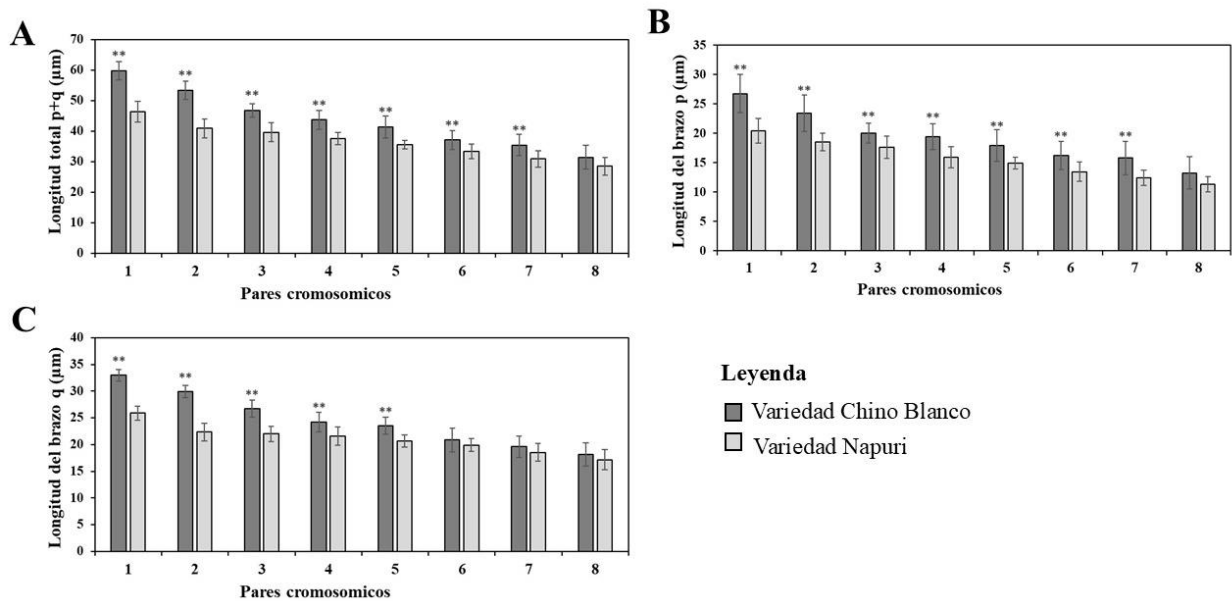


Figura 2. Comparación de longitudes de los cromosomas por pares cromosómicos de la variedad Napuri y Chino Blanco. **A.** Longitud total de los cromosomas. **B.** Longitud del brazo largo q. **C.** Longitud del brazo corto p. Los asteriscos representan las diferencias significancia con $p>0.01$ entre los pares cromosómicos de la variedad Napuri y Chino Blanco. La línea vertical ubicada sobre las barras representa la desviación estándar.

DISCUSIÓN

El número diploide de cromosomas para ambas variedades de *Allium sativum* L., fue de $2n = 16$ concordando con estudios de Akhavan *et al.* (2015) y Arisuryanti *et al.* (2018). Los cromosomas observados de la variedad Napuri y Chino Blanco fueron metacéntricos, estos resultados se corroboran con los estudios de Daniel *et al.* (2022) el cual determina que la mayoría de los cariotipos de *Allium sativum* L. contienen una preponderancia de cromosomas con centrómero en las regiones mediana y submediana, lo que indica que los cariotipos son moderadamente simétricos. sin embargo, Daniel *et al.* (2022) y Mousavizadeh *et al.* (2021) observaron una disposición de cromosomas de metacéntricos a submetacéntricos; Valdez *et al.* (2010) y Saensouk & Saensouk (2021) observaron cromosomas metacéntricos a subtelocéntricos con una fórmula de cariotipo de $2m + 12sm + 2st$. y $10m + 4sm + 2st$ respectivamente (m = metacéntrico, sm = submetacéntrico, st = subtelocéntrico), de manera que hasta el momento no existe un cariotipo estándar para el *Allium sativum* L., y puede ser, debido a la acumulación de reordenamientos cromosómicos estructurales debido a la frecuente de propagación clonal vegetativa como resultado de su naturaleza apomítica como lo propone Anwar and Ata, 2017.

El test de T-Student determinó que existen diferencias altamente significativas entre la longitud total de cromosomas de las variedades Napuri y Chino Blanco de *Allium sativum* L., la longitud total de los cromosomas de los siete primeros pares, la longitud del brazo q de los cinco primeros pares y la longitud del brazo p , de los siete primeros pares, son significativamente más grandes en la variedad Chino Blanco, según los estudios de Brandham (1971), Brandham y Johnson (1977), Adams *et al.* (2000) y Kang *et al.* (2008) afirman que las variaciones en la longitud de los brazos cromosómicos, pueden ser el resultado de translocaciones recíprocas y/o no recíprocas, además de posibles deleciones terminales con pérdida de fragmentos cromosómicos. Los probables reordenamientos cromosómicos que pudieron darse en las dos variedades estudiadas de *Allium sativum* L., puede estar atribuido al tipo de reproducción (reproducción vegetativa) y son las mutaciones cromosómicas unas de las fuentes de variación intraespecífica, esta afirmación esta apoyada en los estudios de Verma & Mittal (1978), por otro lado Ramesh (2015) y Anwar & Ata (2017), demuestran variación en la posición de los organizadores nucleolares (NOR) al comparar variedades de ajos. Es probable que las diferencias fenotípicas y sus propiedades organolépticas pudieran estar correlacionados con la variación en el tamaño de los cromosomas.

CONCLUSIONES

Se caracterizó citogenéticamente las variedades de ajos “Napuri” y “Chino Blanco” de *Allium sativum* L., el cual, presentan una morfología cromosómica del tipo metacéntrico (m), con fórmula cromosómica de “ $16m$ ”. Existiendo diferencias altamente significativas en la longitud total de los siete primeros pares cromosómicos, determinando que los cromosomas de la variedad Chino Blanco presentan un mayor tamaño sobre los cromosomas de la variedad de Napuri.

Agradecimientos

A la Dr. María Valderrama por su orientación en el protocolo de citogenética y al Sr. Alexander por su apoyo en graduar los microscopios para la visualización de los cromosomas.

Funding. The authors declare that the funds used for this article were self-financed.

Conflict of interest. The authors declare that there is no conflict of interest.

Compliance with ethical standards. The nature of the work does not require approval by a (bio)ethical committee.

Data availability. Data are available with Sandro Jhonatan Condori-Pacsi, scondorip@unsa.edu.pe, upon reasonable request.

Author contribution statement (CRediT). **N. Calderon-Merma** – Methodology, Conceptualization, Investigation, Visualization, Writing – original draft. **L. Huamani-Taype** – Methodology, Conceptualization, Investigation, Visualization, Writing – original draft. **C. Hurtado-Ojeda** – Methodology, Conceptualization, Investigation, Visualization, Writing – original draft. **S.J. Condori-Pacsi** – Conceptualization, Investigation, Visualization, Formal analysis, Data curation, Methodology, Project administration, Supervision, Validation, Writing – original draft, Writing – review & editing.

REFERENCES

- Acurero, Á., 2014. Efecto de diferentes concentraciones y tiempos de exposición de la colchicina en plantas de zábila [*Aloe vera* (L.) Burm. f.] in vivo. *Multiciencias*, 14, pp, 382–388.
<https://www.researchgate.net/publication/315694404>
- Adams, S.P., Leitch, I.J., Bennett, M.D. and Leitch, A.R., 2000. *Aloe* L. a second plant family

- without (TTTAGGG)_n telomeres. *Chromosoma*, 109, pp, 201–205. <https://doi.org/10.1007/s004120050429>
- Akhavan, Saeidi, H., Zarre, S. and Rahiminejad, M.R., 2015. chromosome numbers and karyotype features of selected species of *Allium* L. (Amaryllidaceae) sect. *acanthoprason* in Iran. *The Iranian Journal of Botany*, 21, pp,158–164. <https://doi.org/10.22092/ijb.2015.103642>.
- Anwar, G. and Ata, A., 2017. Chromosome associations of two flowering garlic clones. *Indian Journal of Plant Sciences*, 6, pp,52-58.
- Arisuryanti, T., Kurniawati, Z. and Koentjana, J.P., 2018. Karyomorphological study on two local garlic cultivars (*Allium sativum* L.) from central Java, Indonesia. *AIP Conference Proceedings*, 2002, p.020069. <https://doi.org/10.1063/1.5050165>
- Ata, A., A-H, M., Anwar, G., Abdelrahem, A. and Dakhly, O., 2017. Studies of some cytological features of garlic (*Allium sativum* L.) clones cultivated in egypt. *Egyptian Journal of Plant Breeding*, 21, pp, 800–819. <https://doi.org/10.3199/iscb.12.5>
- Brandham, P.E., 1971. The Chromosomes of the Liliaceae: II: Polyploidy and Karyotype Variation in the Aloineae. *Kew Bulletin*, 25, pp, 381. <https://doi.org/10.2307/4103181>
- Brandham, P.E. and Johnson, M.A.T., 1977. Population cytology of structural and numerical chromosome variants in the Aloineae (Liliaceae). *Plant Systematics and Evolution*, 128, pp,105–122. <https://doi.org/10.1007/BF00985175>
- Burba, J., 2008. The garlic varieties groups *Allium sativum* L., contribution for undestanding. *Horticultura Argentina*, 27(62), p,8. <https://www.horticulturaar.com.ar/en/articles/the-garlic-varieties-groups-allium-sativum-l-contribution-for-undestanding.html>
- Daniel, A., Sadiya, B.H., Bansi, N.C. and Ibrahim, M., 2022. Comparative Chromosome Morphology and Karyotype Study in Two Varieties Of (*Alliumcepal*) And Garlic (*Allium Sativum*). *Current Research in Interdisciplinary Studies*, 1(3), pp.9–17. <https://www.jpub.org/article-details.php?article-id=43>
- Delgado, L.M., Lastra, M.U. and Angel, M.L.M., 2010. Estandarización de la técnica citogenética ‘squash’ para conteo de cromosomas mitóticos en *Rubus glaucus* Benth. *Scientia Et Technica*, 17, pp, 74–79. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=84920977013>
- Kang, S.-K., Lee, D.-H., An, H.-J., Park, J.-H., Yun, S.-H., Moon, Y., Bang, J.-W., Hur, Y. and Koo, D.-H., 2008. Extensive chromosomal polymorphism revealed by ribosomal DNA and satellite DNA loci in 13 Citrus species. *Molecules and Cells*, 26, pp, 319–322. [https://doi.org/10.1016/S1016-8478\(23\)14002-7](https://doi.org/10.1016/S1016-8478(23)14002-7)
- Küçük, D. and Liman, R., 2018. Cytogenetic and genotoxic effects of 2-chlorophenol on *Allium cepa* L. root meristem cells. *Environmental Science and Pollution Research*, 25, pp, 36117–36123. <https://doi.org/10.1007/s11356-018-3502-0>
- Levan, A., Fredga, K. and Sandberg, A.A., 1964. Nomenclature for Centromeric Position on Chromosomes. *Hereditas*, 52, pp, 201–220. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1964.tb01953.x>
- Manzum, A.A., Sultana, S.S., Warasy, A.A., Begum, R. and Alam, S.S., 2014. Characterization of Four Specimens of *Allium sativum* L. by Differential Karyotype and RAPD Analysis. *Cytologia*, 79, pp, 419–426. <https://doi.org/10.1508/cytologia.79.419>
- Michelangeli de Clavijo, C., Medina, A., Artioli, P. and Mata, J., 2006. Estudios citogenéticos de estructuras embriogénicas y plántulas regeneradas de onoto. *Agronomía Tropical*, 56, pp, 129–137. https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_art_text&pid=S0002-192X2006000100007
- Ministerio de Agricultura. DGIA., 2008. Situación actual de la producción del ajo. <https://www.midagri.gob.pe/portal/download/pdf/herramientas/boletines/ajo.pdf>
- Ministerio de agricultura. DGIA., 2020. El ajo en el contexto mundial y nacional. https://repositorio.midagri.gob.pe/bitstream/20.500.13036/706/1/el_ajo_en_el_mercado_mundial.pdf
- Mousavizadeh, S.J., Khoshhal Sarmast, M. and Mashayekhi, K., 2021a. Karyotypic Analysis

- of Garlic (*Allium sativum*) Accessions in the North of Iran. *Plant Productions*, 44, pp, 37–50.
<https://doi.org/10.22055/ppd.2019.27338.1661>
- Ramesh, A., 2015. Karyotypic analysis in three species of *Allium* and their some Varieties. *International Research Journal of Biological Sciences*. 4, pp, 1-9.
<https://www.isca.me/IJBS/Archive/v4/i9/1.ISCA-IRJBS-2015-074.pdf>
- Saensouk, S. and Saensouk, P., 2021a. Karyotype analysis of three species of *Allium* (Amaryllidaceae) from Thailand. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 22, pp, 3458-3466.
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d220844>
- Scotto, C., Espino, R., Rondón, R. and Arriola, C., 2020. Xenobióticos contaminantes presentes en el agua del refugio de vida silvestre pantanos de villa (distrito de chorrillos) y en el humedal de ventanilla (distrito de ventanilla) y su efecto sobre el crecimiento radicular y la composición cromosómica del ajo (*Allium sativum*) y de la cebolla (*Allium cepa*) utilizados como bioindicadores. *Ciencia y Desarrollo*, 23, pp, 23–38.
<https://doi.org/10.21503/cyd.v23i1.1862>
- Tadayuki, T., Escaff G., M. and Muñoz S., C., 1993a. Caracterización cariotípica de 34 clones de ajo (*Allium sativum* L.). *Agricultura técnica*, 53, pp, 30-35.
https://oes.chileanjar.cl/files/V53I1A05_es.pdf
- Valdez, L.M.M., Pérez, L.H.M. and Espino, H.S., 2010. ‘San Marqueño’: Una nueva variedad de ajo blanco. *Investigación y Ciencia*, 18, pp, 4–11.
<https://www.redalyc.org/pdf/674/67415178002.pdf>
- Verma, S.C. and Mittal, R.K., 1978. Chromosome Variation in the Common Garlic, *Allium sativum* L. *Cytologia*, 43, pp, 383–396.
<https://doi.org/10.1508/cytologia.43.383>
- Yadav, N., Singh, K., Naidu, A.K. and Nair, B., 2012. Estimation of genetic variability for yield and its components in garlic (*Allium sativum* L.). *Progressive Agriculture*, 12, pp, 26-34.
<https://www.semanticscholar.org/paper/Estimation-of-genetic-variability-for-yield-and-its-Yadav-Singh/d55055b73bd48f34ff0b7030e16ecc945afa6d8f>