

## Genetic architecture of two populations of *Nepeta racemosa* in Iran

Fereshteh Asadi-Corom<sup>1</sup>, Abdolhadi HoseinZadeh<sup>\*1</sup>, Hosein Mirzaie-Nodoushan<sup>2</sup>,  
MohammadReza Bihamta<sup>1</sup>

1. Agronomy and Plant Breeding Department, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran.  
2. Research Institute of Forests and Rangeland, Agricultural Research, Education and Extension Organization

(AREEO), Tehran, Iran.

(Received: January 16, 2021 - Accepted: July 5, 2021)

### ABSTRACT

*Nepeta racemosa* Lam. (family Lamiaceae) is considered for its valuable medicinal compounds such as nepetalactone and is growing in several parts of Iran. In order to study existing genetic variation within and between populations for the first time, this research was performed on two populations of this species to investigate the genetic architecture of existing variation of the two populations. In this regard, at full maturity, open-pollinated seeds were collected based on single plants from two habitats of the species, during 2018, to be investigated as the half-sib families. Field experiment was performed in a randomized complete block design with three replications, in which eight morphologic characters were recorded on 277 single plants from 20 half-sib families of the two populations. Genetic variance components were estimated using biometrical variance components of the two populations, so that heritability of the characters were also estimated. Results of analysis of variance showed that family effect component was highly significant for majority of the studied traits of two populations. Based on the genetic variance components, the family component of variance was more effective than progeny component for the first population in plant height, crown diameter and biomass yield traits. Almost the same situation with minor differences was observed on the second population. In spite of small size of the studied populations, high heritability values of several traits indicated their suitable genetic potential. Although significant genetic variation and high heritability values were observed in the most studied traits, low heritability values of some other traits indicated the necessity of reconsidering the management on the natural populations. Constituting artificial gene pools, using the families with high performances could be a dual purposes strategy, in order to conserve the valuable gene pool as well as utilizing their potentials in breeding programs.

**Keywords:** *Nepeta racemosa*, genetic variation, heritability, morphologic.

## ساختار ژنتیکی دو جمعیت از گونه داروئی پونه‌سای خوشه‌ای (*Nepeta racemosa*) در ایران

فرشته اسدی‌کوم<sup>۱</sup>، عبدالهادی حسین‌زاده<sup>\*۱</sup>، حسین میرزایی ندوشن<sup>۲</sup>، محمدرضا بی‌همتا<sup>۱</sup>

۱. دانش آموخته، دانشیار و استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، کرج

۲. استاد پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران.

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۰/۲۷ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۴/۱۴)

### چکیده

پونه‌سای خوشه‌ای با نام علمی *Nepeta racemosa* Lam. از خانواده نعنائیان، به دلیل داشتن ترکیبات دارویی با ارزشی همچون نپتالاکتون مورد توجه می‌باشد و به صورت پراکنده در مناطقی از کشور ما رویش دارد. این تحقیق برای نخستین بار به منظور تعیین ساختار ژنتیکی دو جمعیت آزادگرده افشان از این گونه ارزشمند براساس ویژگی‌های مورفولوژیک انجام شد تا تنوع بین و درون جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر سهم نسبی اثرات محیط و ژنتیک در بروز صفات مورد مطالعه بررسی شود. به این منظور در سال ۱۳۹۶ بذره‌های حاصل از آزادگرده‌افشانی از دو رویشگاه، از تک‌بوته‌های متعدد به صورت جداگانه جمع‌آوری شدند تا به‌عنوان فامیل‌های ناتنی (Half-sib) مطالعه شوند. آزمایشی در قالب طرح مزرعه‌ای بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار اجرا شد که در آن، ۲۷۷ تک‌گیاه از مجموع ۲۰ فامیل از دو جمعیت از نظر تعدادی از ویژگی‌های مورفولوژیکی مطالعه شدند. اجزای ژنتیکی واریانس دو جمعیت مورد مطالعه محاسبه و بر اساس این اجزا، وراثت‌پذیری تنوع موجود در صفات نیز تخمین زده شد. نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که اثر فامیل در هر دو جمعیت برای بیشتر صفات مورد مطالعه در سطح یک درصد معنی‌دار بود. با تجزیه واریانس فنوتیپی به اجزای ژنتیکی مشخص شد که در جمعیت اول در بیشتر صفات از جمله ارتفاع گیاه، قطر تاج پوشش و عملکرد خشک، جزء فامیل در مقایسه با جزء نتاج در فامیل نقش بیشتری در تنوع داشت. در جمعیت دوم هم تقریباً همین ترکیب از اجزای واریانس

\* Corresponding author E-mail: ahzadeh@ut.ac.ir

حاکم بود. زیاد بودن وراثت‌پذیری در صفاتی چون ارتفاع گیاه، عملکرد خشک، قطر تاج پوشش (جمعیت اول) و طول برگ، عملکرد خشک و قطر تاج پوشش (جمعیت دوم)، حکایت از ظرفیت مناسب این دو جمعیت در برنامه‌های اصلاحی براساس گزینش دارد که با ابعاد کوچک جمعیتی و تخریب آن‌ها، قابل توجه است. ایجاد مخازن ژنتیکی مصنوعی با استفاده از فامیل‌هایی که برتری خاصی از نظر اکثر صفات مورد مطالعه از خود نشان دادند می‌تواند دو منظوره باشد تا هم از ذخائر ارزشمند ژنتیکی این گونه حفاظت شود و هم از توانمندی آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی استفاده شود.

**واژه‌های کلیدی:** پونه‌سای خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری، مورفولوژی.

## مقدمه

می‌دهد. درجه این شباهت را می‌توان با اندازه‌گیری‌های تقریباً ساده تعیین کرد و از آن برای برآورد مقدار واریانس افزایشی استفاده نمود. نسبت واریانس افزایشی به واریانس کل (وراثت‌پذیری)، عاملی است که برای تعیین بهترین روش اصلاحی در گیاهان مورد استفاده قرار می‌گیرد (Falconer & MacKay, 1996). درجه شباهت بین خویشاوندان، متکی بر تجزیه واریانس فنوتیپی بر اساس گروه‌بندی افراد به صورت خانواده (تنی یا ناتنی) است. برادر-خواهران ناتنی، یک والد مشترک و یک والد متفاوت دارند؛ بنابراین خواهر-برادران ناتنی، نتاج فردی هستند که به‌طور تصادفی با چند فرد دیگر آمیزش می‌یابد (Falconer & MacKay, 1996). با استفاده از این روش می‌توان ضمن ارزیابی توانمندی ژنتیکی جمعیت‌های مختلف از یک یا چند گونه گیاهی در راستای به‌کارگیری آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی، آن‌ها را از نظر این قابلیت‌ها با همدیگر مقایسه کرد و اثرات احتمالی محیط و ابعاد جمعیتی را بر توانمندی این جمعیت‌ها مطالعه کرد (Sebbenn, 2003).

جنس نپتا یا نعناى گربه (*Nepeta*) در بخش‌های وسیعی از اروپا، آسیا و بخش‌هایی از آفریقا توزیع شده است (Karaman & Comlekciogolu, 2007). این جنس در ایران ۸۰ گونه دارد که ۴۳ گونه آن انحصاری هستند. از بین گونه‌های موجود در کشور، ۱۲ گونه با نام پونه‌سا شناخته می‌شوند (Jamzad, 2012). پونه‌سای خوشه‌ای با نام علمی *Nepeta racemosa* دارای پراکنش جهانی است که در کشور ما در مناطقی از شمال، شمال غرب و مرکز کشور رویش دارد. این گونه، فرم رویشی علفی دارد و دائمی است و تا ارتفاع ۷۵ سانتی‌متر هم رشد می‌کند. گونه‌های

خشکسالی‌های گسترده و متعددی که در سال‌های اخیر در کشور ما اتفاق افتاد، نشان داد که گونه‌های گیاهی موجود در طبیعت باید از تنوع ژنتیکی زیادی برخوردار باشند تا بتوانند در مقابل این تغییرات گسترده شرایط اقلیمی از جمله میزان رطوبت دریافتی، پایداری لازم را از خود نشان دهند. شناخت این تنوع در گونه‌های گیاهی ارزشمندی نظیر گونه‌های مختلف جنس نپتا که روز به روز بر ارزش داروئی آن‌ها افزوده می‌شود، اهمیت زیادی دارد تا ضمن استفاده از توانمندی‌های موجود در آن‌ها، در پی رفع نقائص احتمالی آن‌ها هم بود. تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌های گیاهان مختلف از جمله گیاهان داروئی، می‌تواند یکی از منابع اصلی تنوع در متابولیت‌های ثانویه آن‌ها باشد. به‌عبارت دیگر، این تنوع به‌میزان زیادی مقدار و نوع مواد مؤثره را بین تک‌بوته‌های یک گونه گیاهی تعیین می‌کند (Poulev et al., 2003). تنوع ژنتیکی درون جمعیتی در توده‌های وحشی گونه‌های گیاهی، تعیین‌کننده توانمندی این گونه‌ها در مقابله با شرایط مختلف محیطی و اکولوژیکی است که ممکن است طی دوره‌های مختلف بر این گونه‌ها در شرایط طبیعی اتفاق افتد. شناخت عوامل مؤثر بر فرسایش ژنتیکی و در معرض خطر قرار گرفتن گونه‌های گیاهی ارزشمند از جمله گونه‌های داروئی، از جمله اهداف مورد نظر محققین در ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی گونه‌های گیاهی است.

صفات مورفولوژیک، به‌طور وسیع برای تعیین میزان تنوع ژنتیکی در گیاهان مورد استفاده قرار می‌گیرند. درک عوامل شباهت بین خویشاوندان، اساس مطالعه صفات کمی و کاربرد آن در اصلاح گیاه را تشکیل

ویژگی‌های جمعیتی و تنوع ژنتیکی آن بستگی دارد (Arzate-Fernandez *et al.*, 2005)، باید برنامه مدونی برای تقویت و حفاظت از رویشگاه‌های آن‌ها تدوین و به مورد اجرا گذاشته شود. مشاهدات نشان داد که در برخی از مناطق، تغییر کاربری اراضی طبیعی و چرای دام، منجر به حذف بوته‌ها در رویشگاه‌های آن‌ها شده است. به همین دلیل و با توجه به نبود اطلاعات درخصوص ساختار ژنتیکی گونه‌های مختلف جنس نعنای گربه از جمله *N. racemosa* در بررسی منابع، مطالعه تنوع درون جمعیتی و درون‌گونه‌ای در این گونه ارزشمند در دستور کار قرار گرفت. این تحقیق در طول سال‌های ۱۳۹۶ و ۱۳۹۷ بر روی فامیل‌های متعددی از دو جمعیت از گونه مذکور صورت گرفت تا هم ساختار تنوع ژنتیکی هر یک از جمعیت‌ها براساس ویژگی‌های مورفولوژیک بررسی شود و هم میزان تفاوت دو جمعیت از این گونه مشخص شود تا بتوان بر اساس ویژگی‌های مورد مطالعه، امکان اصلاح و بهره‌برداری از افراد برتر را مورد ارزیابی قرار داد.

### مواد و روش‌ها

در طول سال ۱۳۹۶ و در پایان فصل رویش و در زمان تکمیل دوره زایشی، از دو جمعیت آزادگرده افشان (که به‌طور کامل از یکدیگر مجزا بودند) در استان البرز از دو منطقه، ۱- بالای تونل کندوان با ارتفاع ۲۸۷۴ با مختصات جغرافیایی ۳۶ درجه و نه دقیقه و چهار ثانیه شمالی و ۵۱ درجه و ۱۷ دقیقه و ۲۴/۳ ثانیه شرقی شرقی و ۲- منطقه پیست اسکی دیزین با ارتفاع ۳۲۹۳ متری و با مختصات ۳۶ درجه و یک دقیقه و ۸،۵۹ ثانیه شمالی و ۵۱ درجه و ۲۵ دقیقه و ۵۲/۱ ثانیه شرقی، بذر ۳۰ تک گیاه به‌صورت جداگانه و تصادفی جمع‌آوری شد. در جمعیت‌های آزادگرده افشان، به دلیل این‌که بذره‌های هر بوته حاصل تلاقی تصادفی گل‌های بوته مادری با گرده گل‌های سایر بوته‌ها در جمعیت هستند و تنها در یکی از والدین مشترک می‌باشند، افراد حاصل از آن بوته، به‌عنوان خواهر-برادر ناتنی (Half-sib) در نظر گرفته می‌شوند.

جنس نپتا در طب سنتی مورد استفاده قرار می‌گیرند و دارای خواص متعددی از جمله ضد التهابی، ضد باکتریایی، ضد قارچی، ضد ویروسی و آنتی اکسیدانی بالا هستند (Narimani *et al.*, 2017). وجود ترکیبات دارویی با ارزشی چون انواع ایزومرهای نپتالاکتون و ۸،۱- سینئول در پونه‌سای خوشه‌ای گزارش شده است (Dabiri & Sefidkon, 2003). از بین گونه‌های نپتای موجود در ایران (Jamzad, 2012; Narimani *et al.*, 2017)، برخی به‌عنوان ادویه استفاده می‌شوند، ولی عمده‌ترین کاربری بیشتر گونه‌های آن دارویی است (Rustaiyan *et al.*, 2000). به دلیل دارا بودن ترکیبات با ارزش دارویی، مطالعات مختلفی بر روی کمیت و کیفیت اسانس گونه‌های مختلف این جنس و عوامل تأثیرگذار بر روی این ویژگی‌ها از جمله خشکی صورت گرفت است (Baser *et al.*, 1993; Asgharpanah *et al.*, 2016; Hadi, *et al.*, 2013). عمده مطالعات جمعیتی که بر روی گونه‌های این جنس انجام شده است، در رابطه با تنوع فیتوشیمیایی بوده است و مطالعات معدودی نیز درخصوص بررسی تنوع ژنتیکی براساس ویژگی‌های مورفولوژیک و مولکولی بر روی گونه‌های جنس نپتا صورت گرفته است. از جمله، جمعیت‌های مختلف سه گونه *N. racemosa*، *N. cataria* L. و *menthoides* Boiss. & Buhse از نظر برخی از ویژگی‌های مورفولوژیک، درصد و بازده اسانس مورد مقایسه قرار گرفته‌اند (Bahrami, *et al.*, 2018). در تحقیقی دیگر، ۱۵ جمعیت مختلف از گونه *N. cataria* با استفاده از نشانگرهای RAPD و فیتوشیمیایی ارزیابی شدند که براساس دسته‌بندی خوشه‌ای انجام شده بر روی داده‌ها، جمعیت‌ها در چند گروه قرار گرفتند (Baghizadeh, *et al.*, 2018). تنوع درون و بین جمعیتی ۲۱ جمعیت از گونه *N. kotschy* نیز با استفاده از نشانگر RAPD مورد ارزیابی قرار گرفته است که نتایج نشان داد که ۳۲ درصد از تنوع مشاهده شده درون جمعیتی و ۶۸ درصد از تنوع بین جمعیتی بوده است (Hadi, *et al.*, 2020).

با توجه به این‌که مدیریت موفق در نگهداری گونه‌ها و جمعیت‌های گیاهی نادر یا در معرض خطر فرسایش و انقراض، به درک و شناخت صحیح آن گونه به‌ویژه

### جوانه‌زنی بذر و تولید نشا

برای بررسی جوانه‌زنی، بذرهای هر خانواده نانتی به صورت جداگانه با قارچ‌کش کاربوکسین تیرام دو در هزار به مدت ۴ دقیقه ضد عفونی و در پتری‌دیش و بر روی کاغذ صافی مرطوب قرار داده شدند. با توجه به کافی نبودن بذرهای برای انجام آزمایشات مربوط به جوانه‌زنی در قالب طرح‌های آماری، پس از بررسی منابع، از تیمارهای گفته شده برای شکستن خواب بذر از جمله سرمادهی، استفاده شد. به دلیل مؤثر نبودن دستورالعمل‌های ذکر شده، برای شناسایی و انتخاب بذرهای دارای قوه نامیه بالا جهت کاشت در سینی‌های نشا، از روش غوطه‌ورسازی بذرهای در آب استفاده شد. بذرهای دارای قوه نامیه بالا به دلیل پر بودن دانه و سنگین‌تر بودنشان، به زیر آب رفتند و سه تا چهار روز بعد از کشت در پتری‌دیش، تا ۱۰۰ درصد جوانه زدند، ولی بذرهایی که روی سطح آب قرار گرفتند، با وجود ظاهری درشت و سالم، درصد جوانه‌زنی بسیار کمی نشان دادند. بذرهای در ۲۵ درجه سانتی‌گراد و در شرایط محیط آزمایشگاه قرار داده شدند تا جوانه زنند. بذر تعدادی از تک‌بوته‌ها یا به عبارت دیگر بذر برخی از فامیل‌های نانتی، تندش کافی نداشتند و به ناچار از آزمایش حذف شدند. بذر خانواده‌هایی که به مقدار کافی جوانه زده بودند، به صورت جداگانه در سینی کشت که با مخلوط پیت ماس و پرلیت به نسبت شش به یک به عنوان بستر کاشت پر شده بود، به صورت سطحی کاشته شدند. سینی‌های کشت در گلخانه با شرایط دمائی تقریبی ۲۰ و ۲۴ درجه سانتی‌گراد در شب و روز قرار داده شدند و آبیاری روزانه نیز به صورت مه‌پاش انجام شد.

### انتقال به مزرعه

پس از ۱۰ هفته رویش گیاهان در شرایط گلخانه، گیاهان باقیمانده در بهار سال ۱۳۹۷ در قالب آزمایش بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار به مزرعه‌ای واقع در ایستگاه تحقیقاتی البرز واقع در کرج (با ارتفاع ۱۳۲۱ متر از سطح دریا) منتقل شدند. هر بلوک شامل ۲۰ پلات و هر پلات شامل یک ردیف با هفت بوته با فواصل ۵۰ و ۴۵ سانتی‌متر به ترتیب بین بوته‌ها

در روی ردیف و بین ردیف‌ها بود. با وجود این‌که درصد بالایی از بذرهای تک بوته‌ها فاقد قوه نامیه بودند و با توجه به تغییر رویشگاه گیاهان مورد مطالعه، تعداد ۲۷۷ تک‌گیاه از مجموع ۲۰ فامیل در مزرعه سازگار شدند و پس از استقرار به بلوغ کامل رسیدند. گیاهان تولید شده از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی مانند ارتفاع بلندترین شاخه (سانتی‌متر)، قطر تاج پوشش (سانتی‌متر)، طول گل آذین (سانتی‌متر)، قطر گل آذین (میلی‌متر)، طول و عرض برگ (میلی‌متر)، تعداد شاخه فرعی (تا ارتفاع پنج سانتی‌متری از سطح خاک) و عملکرد خشک تک بوته (گرم) مطالعه شدند تا با تخمین اجزای بیومتریکی واریانس (واریانس فنوتیپی) موجود در دو جمعیت مورد مطالعه، اجزای ژنتیکی واریانس هم محاسبه شوند و براساس این اجزا، وراثت‌پذیری تنوع موجود در صفات مورد مطالعه نیز تخمین زده شود. با توجه به این‌که افراد هر فامیل نانتی با افراد سایر فامیل‌ها در هر جمعیت متفاوت بودند، از مدل آشیانه‌ای (Nested) با مدل آماری زیر برای تجزیه داده‌ها استفاده شد (رابطه ۱):

$$Y_{ijl} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \rho_{l(i)} + \varepsilon_{ijl} \quad \text{رابطه ۱}$$

در این مدل،  $Y_{ijl}$ : ارزش فنوتیپی صفت مورد تجزیه بر روی نتاج لام از فامیل نانتی نام در تکرار لام،  $\mu$ : میانگین عمومی صفت،  $\alpha_i$ : اثر فامیل نام،  $\beta_j$ : اثر تکرار نام،  $\rho_{l(i)}$ : اثر لامین نتاج آشیانه شده در لامین والد مادری و در نهایت  $\varepsilon_{ijl}$ : اثر باقیمانده یا خطای مدل است. باید اشاره کرد که برای محاسبه وراثت‌پذیری در استفاده از این طرح و مدل آماری، بر مبنای فرضیات این طرح، بوته‌هایی که به عنوان والدین استفاده می‌شوند باید از یک مبدأ ژنتیکی باشند؛ از این رو پایه‌ها و تک بوته‌های مورد مطالعه از هر جمعیت به صورت مستقل مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند (Mirzaie-Nodoushan *et al.*, 2012).

تجزیه واریانس داده‌ها با استفاده از فرمان GLM از نرم افزار SAS صورت گرفت (SAS Institute Inc., 1989) که در آن همه اثرات موجود در مدل، تصادفی قلمداد شدند و با توجه به آشیانه‌ای بودن مدل آماری

با استفاده از روش دانکن دسته‌بندی شدند. برای محاسبه وراثت‌پذیری بر اساس میانگین خانواده و تک بوته، اجزای واریانس فنوتیپی با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات (جدول ۱) به اجزای ژنتیکی واریانس تفکیک شدند.

مورد استفاده، از اثر نتاج به‌عنوان خطای آزمایشی برای سنجش و ارزیابی اثر والدین مادری (یا اثر فامیل) استفاده شد و سایر اثرات موجود در جدول تجزیه واریانس با استفاده از خطای آزمایشی ارزیابی شدند (Mirzaei-Nodoushan *et al.*, 2012). میانگین صفات مورد مطالعه در هر جمعیت به‌صورت جداگانه و

جدول ۱- امید ریاضی میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات مربوط به  $k$  والد مادری با  $n$  نتاج در هر یک از  $r$  تکرار در یک طرح آزمایشی بلوک کامل تصادفی بر پایه مدل آشیانه‌ای

Table 1. Expected mean square (EMS) resulting from analysis of variance of  $k$  female parents, each with  $n$  progenies, studied based on an experimental design with  $r$  replications, and analyzed by a nested model

Source	D.F.	Expected mean squares
blocks	$r-1$	$\sigma_e^2 + kn\sigma_b^2$
Half-sib families	$k-1$	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2 + m\sigma_f^2$
Progenies nested in families	$k(n-1)$	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Error	$(Kn-1)(r-1)$	$\sigma_e^2$

$\sigma_f^2 = 4\sigma_A^2$  (Sebbenn *et al.*, 2003)، ولی به دلایلی همچون وجود تنوع در میزان بذر تولیدی از طریق خودگشنی بین بوته‌ها در این گونه (بررسی‌های منتشر نشده نویسندگان)، تکثیر بوته‌ها از طریق ساقه زیرزمینی تا شعاع حدود یک ونیم متری (مشاهده شده) و تراکم کم بوته‌ها در رویشگاه‌های مورد مطالعه و احتمال تلاقی بوته‌ها با یکدیگر، احتمال زیادی وجود داشت که تعدادی از بذرهای حاصل از یک بوته، خواهر و برادر تنی باشند. در این حالت، واریانس بین فامیل‌ها،  $1/2$  واریانس افزایشی خواهد بود ( $\sigma_f^2 = 2\sigma_A^2$ ) (Falconer & MacKay, 1996). از این رو در این رابطه، جزء فامیل در عدد سه ضرب شد تا خانواده‌های مورد مطالعه حد واسط تنی و ناتنی قلمداد شوند (Mirzaei-Nodoushan *et al.*, 2018).

برای تعیین تنوع بین و درون جمعیت‌ها و شاخص‌های سهم در تنوع، از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA) بر مبنای همبستگی استفاده شد. همچنین گروه‌بندی جمعیت‌ها نیز به‌وسیله تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و با استفاده از نرم‌افزار JMP (13.2.0) انجام شد.

## نتایج و بحث

مشخص شد که بسیاری از بذرهای تولیدی در این گونه، به دلیل ریزش زود هنگام قبل از پر شدن دانه،

پس از محاسبه اجزای واریانس ژنتیکی فامیل‌های ناتنی و نتاج درون فامیل‌ها، طبق روابط زیر، وراثت‌پذیری خصوصی صفات مورد مطالعه بر مبنای میانگین خانواده و تک بوته تخمین زده شد (رابطه ۲، Sebbenn *et al.*, 2003، رابطه ۳، Fehr, 1991; Sebbenn *et al.*, 2003):

$$\text{رابطه ۲} \quad h^2_f = \sigma_f^2 / (\sigma_f^2 + \sigma_p^2 / nb + \sigma_e^2 / b)$$

$$\text{رابطه ۳} \quad h^2_i = 3\sigma_f^2 / (3\sigma_f^2 + \sigma_b^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2)$$

در این روابط،  $\sigma_f^2$ : جزء واریانس فامیل یا خانواده‌های ناتنی است که برابر با واریانس ژنتیکی می‌باشد،  $\sigma_b^2$ : جزء واریانس بلوک،  $\sigma_p^2$ : جزء واریانس درون فامیل‌ها و  $\sigma_e^2$ : واریانس خطای آزمایشی،  $k$ : تعداد فامیل،  $n$ : تعداد نتاج در هر فامیل و  $b$ : تعداد بلوک است (Sebbenn *et al.*, 2003). از رابطه ۳ زمانی استفاده می‌شود که عملکرد بوته‌های داخل یک بلوک با توجه به عملکرد سایر بوته‌ها در بلوک‌های دیگر مورد بررسی قرار می‌گیرد (Fehr, 1987; Sebbenn *et al.*, 2003).

با توجه به این که واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی با کواریانس درون خانواده‌های ناتنی برابر است، در تخمین برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی ( $\sigma_A^2$ ) مورد استفاده قرار می‌گیرد (Falconer & MacKay, 1996). در محاسبه وراثت‌پذیری خصوصی بر مبنای تک بوته، با توجه به این که فامیل‌های مورد مطالعه ناتنی هستند، باید جزء  $\sigma_f^2$  در چهار ضرب شود

تا ۶۳/۵ سانتی‌متر قرار داشت. در این جمعیت، با وجود این‌که اختلاف طول گل‌آذین بین فامیل‌ها از نظر آماری معنی‌دار نشد، ولی دامنه میانگین‌ها بین ۹/۶ تا ۱۵/۷ سانتی‌متر بود. لازم به‌ذکر است که این اعداد، میانگین همه بوته‌های هر فامیل در هر سه تکرار آزمایش است. به‌عبارت دیگر در سطح تک‌بوته، اختلاف بین تک‌بوته‌ها در درون فامیل‌ها، بیشتر از اختلاف بین فامیل‌هاست که با توجه به نحوه گرده‌افشانی و دگرگشتن بودن این گونه قابل توجیه می‌باشد. به‌عنوان مثال، ارتفاع گیاه بین تک‌بوته‌ها در جمعیت اول بین ۱۹ و ۷۹ سانتی‌متر (اطلاعات تک‌بوته‌ها ارائه نشده است) و طول گل‌آذین در همان جمعیت بین ۵/۵ تا ۱۹/۷ سانتی‌متر متغیر بود. از نظر تعداد شاخه جانبی، بین فامیل‌های جمعیت اول اختلافی در سطح یک درصد مشاهده شد، درحالی‌که در جمعیت دوم، بین فامیل‌ها از نظر این صفت اختلافی مشاهده نشد. فامیل‌های جمعیت دوم هیچ اختلاف معنی‌داری با یکدیگر نداشتند، درحالی‌که بین نتاج فامیل‌های جمعیت اول از نظر ارتفاع گیاه اختلاف معنی‌دار یک درصد مشاهده شد.

فاقد قوه نامیه هستند که با توجه به شرایط موجود در طبیعت از قبیل خشکی‌های دوره‌ای و عدم بارش و تأمین رطوبت کافی در زمان پر شدن دانه قابل توجیه می‌باشد. در تحقیقی برای شکستن خواب بذرهای نپتا، اثر یک تا دو ماه تیمار سرمادهی بر جوانه‌زنی بذر ۱۰ گونه از این جنس مطالعه و تأثیر مثبت آن گزارش شده است. (Asgari *et al.*, 2015). در مطالعه‌ای دیگر، اثر بستر کاشت، تیمارهای سرمادهی، گرمادهی و طول دوره روشنایی در جوانه‌زنی بذر چهار گونه از نپتا مطالعه شد که درصد پایین جوانه‌زنی در گونه‌های مورد مطالعه گزارش شده است (Padure, 2006)، ولی بررسی حاضر، مغایر با یافته‌های قبلی بود و نشان داد که بذر این گونه فاقد خواب است. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اثر فامیل در هر دو جمعیت برای صفات طول برگ، قطر تاج پوشش و عملکرد تک بوته در سطح یک‌درصد معنی‌دار بود (جدول ۲)، درحالی‌که در هر دو جمعیت، فامیل‌های مورد مطالعه از نظر قطر گل‌آذین با هم اختلاف معنی‌داری نداشتند. اختلاف بین فامیل‌ها در درون هر جمعیت در جدول ۳ به‌خوبی نمایان است. در جمعیت اول در صفت ارتفاع گیاه، میانگین فامیل‌ها بین ۳۱/۵

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌های مربوط به مطالعه ویژگی‌های مورفولوژیک تعدادی از خانواده‌های ناتنی از دو جمعیت طبیعی گونه‌ای از پونه‌سای خوشه‌ای (*N. racemosa*) بر مبنای مدل آشیانه‌ای

Table 2. Mean squares of nested model analysis of variance of the morphological characteristic data of several half-sib families of two natural populations of *N. racemosa*.

Sources of variation	df	Plant Height	Crown Diameter	Leaf Length	Leaf Width	Inflorescence Length	Inflorescence Width	Lateral Branches	Biomass Yield
number 1 (Above Kandovan tunnel) Population									
Replication	2	1456.6**	9496.3**	4.11 <sup>ns</sup>	17.99**	45.38*	26.4*	2.36*	395.58**
Family	13	879.0**	4164.2**	11.66**	5.82**	33.51**	11.53 <sup>ns</sup>	2.43**	439.18**
Plant W.F.	70	87.0**	531.9 <sup>ns</sup>	4.04 <sup>ns</sup>	2.00 <sup>ns</sup>	13.11 <sup>ns</sup>	7.83*	0.74 <sup>ns</sup>	21.32 <sup>ns</sup>
Error	109	48.2	439.7	3.93	1.86	11.16	5.70	0.57	35.06
%CV		14.62	19.27	13.04	11.8	29.34	26.14	24.4	37.15
number 2 (Dizin ski resort) Population									
Replication	2	218.3 <sup>ns</sup>	4720.3**	13.4*	15.6**	53.9**	5.1 <sup>ns</sup>	5.1**	212.9*
Family	5	364.9*	1923.2**	22.8**	9.2*	18.9*	7.3 <sup>ns</sup>	0.8 <sup>ns</sup>	166.6**
Plant W.F.	29	123.6 <sup>ns</sup>	425.3 <sup>ns</sup>	4.4 <sup>ns</sup>	3.0 <sup>ns</sup>	8.1 <sup>ns</sup>	6.0 <sup>ns</sup>	0.6 <sup>ns</sup>	34.88 <sup>ns</sup>
Error	45	105.9	344.4	3.9	2.7	10.2	7.1	0.6	46.48
%CV		26.5	19.13	13.67	15.65	28.34	30.65	22.98	41.99

\*, \*\* و ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح پنج و یک درصد و غیر معنی‌دار.

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

در صفات مطالعه شده و نیز میزان خطای آزمایشی حاصل از تجزیه واریانس، تعداد دسته‌ها و مقدار همپوشانی این دسته‌ها متفاوت بود (جدول ۳). در

اختلاف بین میانگین فامیل‌ها در هر دو جمعیت به میزانی بود که دسته‌بندی به‌روش دانکن، آن‌ها را در دسته‌جات مختلفی قرار داد که با توجه به دامنه تنوع

و R24 از نظر بیشتر صفات، برتری خاصی نسبت به سایر فامیل‌ها از خود نشان دادند. در مطالعه‌ای که بر روی سه جمعیت از گونه *N. racemosa* واقع در استان قزوین انجام شد، گیاهان مورد مطالعه در صفاتی چون ارتفاع، قطر تاج پوشش و تعداد گل در بوته تنوع بالایی نشان دادند ( Bahrami, et al., 2018).

صفات نظیر ارتفاع، قطر تاج پوشش، عملکرد خشک و تعداد شاخه جانبی، فامیل R113 به‌تنهایی در یک دسته (a) قرار گرفت و سایر فامیل‌ها همگی در دسته‌های بعدی قرار گرفتند. به‌طور کلی برترین فامیل جمعیت اول از نظر صفات مهمی چون عملکرد خشک و تعداد شاخه جانبی، فامیل R113 و در جمعیت دوم، فامیل R24 بود. البته فامیل‌های R113

جدول ۳- دسته‌بندی میانگین ویژگی‌های مورفولوژیک تعدادی از خانواده‌های ناتنی از دو جمعیت طبیعی گونه‌ای از پونه‌سای

خوشه‌ای (*N. racemosa*)

Table 3. Means classification of morphological characteristics of several half-sib families of two natural populations of *N. racemosa*

Families	Plant Height )cm(	Crown Diameter )cm(	Leaf Length )mm(	Leaf Width )mm(	Inflorescence Length )cm(	Inflorescence Width )mm(	Lateral Branches	Biomass Yield )gr(
Population number 1 (Above Kandovan tunnel)								
R11	51.7 cd	116.5 cd	15.3 b	11.9 abc	11.6 bcd	9.1 bc	3.2 bcd	21.0 bcd
R12	42.0 f	105.3 de	15.3 b	11.8 bcd	10.6 bcd	8.1 c	2.6 d	12.9 ef
R13	42.1 f	104.4de	15.6 b	11.6 bcd	9.6 d	8.9 c	3.1 bcd	16.8 de
R14	60.6 ab	133.0 abc	14.5 b	11.7 bcd	13.6 ab	9.1 bc	3.0 bcd	22.2 abc
R15	43.2 f	96.8 e	16.0 b	12.0 abc	10.0 d	7.7 bc	2.8 bcd	9.5 f
R16	41.8 f	96.2 e	14.5 b	11.0 bcd	10.7 bcd	9.7 bc	3.1 bcd	12.6 ef
R17	47.5 ef	93.1 ef	15.1 b	12.1 ab	10.3 cd	8.8 bc	2.8 bcd	13.3 ef
R18	46.2 def	115.9 dc	15.5 b	13.1 a	10.9 bcd	8.4 bc	2.9 bcd	15.5 e
R19	45.0 ef	101.9 de	15.2 b	11.3 bcd	11.5 bcd	9.4 bc	3.4 b	9.2 f
R110	57.2 bc	136.3 ab	14.2 b	10.7 cd	13.3 abc	9.1 bc	3.3 bc	25.5 ab
R111	50.2 de	118.5 bcd	14.5 b	11.3 bcd	12.4 bcd	10.8 ab	2.7 cd	17.8 cde
R112	31.5 g	76.1 f	14.5 b	11.4 bcd	10.7 bcd	8.6 bc	3.1 bcd	10.0 f
R113	63.5 a	139.4 a	17.8 a	11.7 bcd	15.7 a	11.8 a	4.2 a	27.2 a
R114	58.4 ab	117.1 cd	14.9 b	10.5 d	10.7 bcd	9.3 bc	2.7 cd	15.7 de
Population number 2 (Dizin ski resort)								
R21	32.3 bc	82.9 b	13.8 b	10.2 b	9.4 a	8.0 a	2.9 a	10.7 c
R22	40.9 ab	94.8 b	16.9 a	12.1 a	10.7 a	7.8 a	3.5 a	18.1 ab
R23	27.5 c	84.0 b	13.8 b	9.4 b	12.0 a	7.7 a	3.0 a	12.7 bc
R24	49.0 a	124.0 a	14.9 ab	10.4 b	12.4 a	9.8 a	3.6 a	20.5 a
R25	38.1 abc	92.8 b	14.1 b	10.0 b	12.1 a	9.5 a	3.5 a	15.4 abc
R26	37.1 bc	90.6 b	13.2 b	9.9 b	11.5 a	8.4 a	3.3 a	16.7 abc

میانگین‌های دارای حروف مشابه هر ستون، از نظر آماری در سطح پنج درصد با هم اختلافی ندارند.

Means with the same letter(s) in the same column are not significantly different at 5% of probability level.

در فامیل، نقش بیشتری در تنوع داشت. از نظر صفات عملکرد خشک، ارتفاع گیاه و قطر تاج پوشش، جزء فامیل به‌ترتیب ۴۴، ۴۱ و ۳۱ درصد سهم داشت. به‌جز قطر گل‌آذین که جزء نتاج در فامیل نقش بیشتری در تنوع داشت تا جزء فامیل (۱۳ درصد در مقابل چهار درصد)، درصد واریانس فامیل در بقیه موارد، چندین برابر درصد واریانس نتاج درون فامیل بود. خطای آزمایشی هم بخش قابل توجهی از واریانس موجود در داده‌ها را تشکیل می‌داد که به‌دلیل دگرگشتن بودن این گونه گیاهی و تفاوت تمامی تک‌بوته‌های موجود در یک فامیل با یکدیگر، این موضوع قابل تبیین است.

تفاوت معنی‌دار بین پایه‌های مادری مورد مطالعه، حکایت از وجود تنوع زیاد در هر دو جمعیت داشت و ضرورت تجزیه و تحلیل نتایج بیومتریکی تجزیه واریانس به اجزای ژنتیکی را مشخص می‌کرد. بدیهی است که بخشی از این تنوع ژنتیکی است و می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاح نژادی گونه مورد نظر از جمله تشکیل مخازن ژنی با غنای ژنتیکی کافی استفاده کرد. با تفکیک اجزای واریانس فنوتیپی به اجزای ژنتیکی، کم و کیف منابع تغییرات درون جمعیتی مشخص شد (جدول ۴). در جمعیت اول در بیشتر صفات مورد مطالعه، جزء فامیل در مقایسه با جزء نتاج

نمونه‌برداری در برآوردها و ضعف طرح آزمایشی باشد (Ismaili, 2005). ولی یکی از دلایل اصلی در مطالعه گیاهان دگرگشن، وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین بوته‌های مختلفی است که در یک پلات قرار دارند. این تفاوت‌ها، قابل تفکیک از خطای آزمایشی نیستند و به ناچار به عنوان خطای آزمایشی قلمداد می‌شوند و در سایر اجزای منابع تغییر در جدول تجزیه واریانس هم ادغام شده‌اند.

در جمعیت دوم هم تقریباً همین ترکیب از اجزای واریانس حاکم بود، با این تفاوت که مقدار واریانس نتاج در فامیل در برخی صفات مورد مطالعه از جمله ابعاد گل‌آذین، تعداد شاخه‌های جانبی و عملکرد زیست‌توده، یا بسیار ناچیز یا منفی بود که در هر دو صورت، صفر منظور شد (جدول ۴). وجود واریانس منفی می‌تواند دلایل متعددی داشته باشد؛ از جمله می‌تواند ناشی از عدم کفایت مدل آماری و ژنتیکی، عدم کفایت نمونه‌برداری از جمعیت مرجع، خطای

جدول ۴- اجزای واریانس و وراثت‌پذیری خصوصی ویژگی‌های مورفولوژیک حاصل از تجزیه واریانس داده‌های مبتنی بر خانواده‌های ناتنی از دو جمعیت طبیعی گونه‌ای از پونه‌سای خوشه‌ای (*N. racemosa*).

Table 4. Variance components and narrow sense heritability resulted from analysis of variance of the morphological characteristic data of half-sib families of two natural populations of *N. racemosa*

Sources of variation	Plant Height	Crown Diameter	Leaf Length	Leaf Width	Inflorescence Length	Inflorescence Width	Lateral Branches	Biomass Yield
Population 1 (Above Kandovan tunnel)								
Replication	25.4 (17)	163.2 (17)	0.003 (0)	0.29 (11)	0.62 (4)	0.37 (5)	0.03 (4)	6.50 (9)
Family	63.8 (41)	291.7 (31)	0.61 (13)	0.31 (12)	1.65 (12)	0.31 (4)	0.14 (17)	33.36 (44)
Plant W.F.	16.9 (11)	40.2 (5)	0.05 (1)	0.06 (3)	0.85 (6)	0.93 (13)	0.08 (9)	0.00 (0)
Error	48.2 (31)	439.7 (47)	3.93 (86)	1.86 (74)	11.2 (78)	5.70 (78)	0.57 (70)	1.35 (47)
H <sup>2</sup> <sub>f</sub>	0.790	0.662	0.317	0.329	0.304	0.138	0.412	0.740
H <sup>2</sup> <sub>i</sub>	0.633	0.576	0.315	0.293	0.281	0.118	0.375	0.706
Population 2 (Dizin ski resort)								
Replication	4.8 (3)	186.2 (27)	0.40 (7)	0.55 (14)	1.86 (14)	0.00 (0)	0.19 (23)	4.13 (8)
Family	20.7 (15)	127.8 (8)	1.56 (26)	0.52 (13)	0.88 (7)	0.09 (1)	0.02 (3)	9.96 (20)
Plant W.F.	7.6 (6)	34.66 (5)	0.23 (4)	0.17 (5)	0.00 (0)	0.00 (0)	0.00 (0)	0.00 (0)
Error	105.9 (76)	344.45 (50)	3.89 (63)	2.66 (68)	10.20 (79)	7.12 (99)	0.59 (74)	37.02 (72)
H <sup>2</sup> <sub>f</sub>	0.366	0.523	0.544	0.369	0.205	0.037	0.106	0.413
H <sup>2</sup> <sub>i</sub>	0.343	0.404	0.509	0.317	0.179	0.037	0.082	0.379

اعداد داخل پرانتز، درصد جزء واریانس مربوطه نسبت به کل واریانس است.

Numbers in the parenthesis are percentage of the variance components.

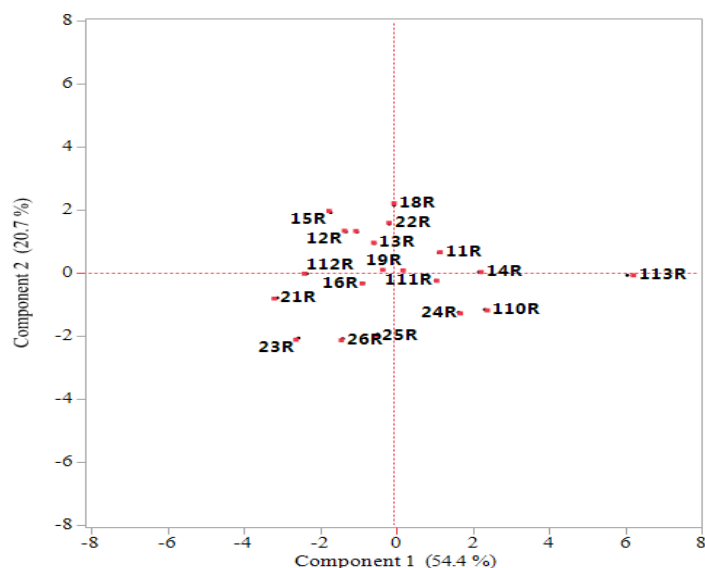
صفت تعداد شاخه فرعی و قطر گل‌آذین، نقشی در تنوع نداشتند. در نمودار پراکنش خانواده‌ها نیز بجز خانواده R22، سایر خانواده‌های جمعیت دوم در فاصله کمی از خانواده‌های جمعیت اول قرار گرفتند. همچنین خانواده R113 به تنهایی و دور از سایر خانواده‌های هر دو جمعیت قرار گرفت که نشان‌دهنده تنوع درون و بین جمعیت‌های گونه مورد مطالعه بود (شکل ۱). بررسی فاصله ژنتیکی موجود بین خانواده‌ها

بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول حدود ۷۵ درصد از تنوع بین خانواده‌های دو جمعیت را توجیه کردند. براساس مقادیر بردار ویژه، بیشترین سهم تنوع مربوط به مؤلفه اول (۵۴/۴ درصد) بود که شامل صفات ارتفاع بلندترین شاخه، قطر تاج پوشش، طول گل‌آذین و عملکرد بود. پس از آن، مؤلفه دوم با ۲۰/۷ درصد، در تنوع موجود سهیم بود که در برگیرنده صفات طول و عرض برگ بود و دو



خانواده قرار گرفتند که به غیز از خانواده R112، بقیه به جمعیت دوم تعلق داشتند. در گروه سوم، سه خانواده قرار گرفتند و در گروه چهارم نیز تنها خانواده R113 که از نظر کلیه صفات مورد نظر دارای بیشترین مقدار بود، قرار گرفت (شکل ۲) که نشان‌دهنده تطابق نتایج تجزیه‌ای خوشه‌ای با نمودار پراکنش خانواده‌ها براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی است.

بر اساس صفات مورفولوژیک، با استفاده از تجزیه خوشه‌ای انجام شد. نتایج تجزیه خوشه‌ای بر اساس خط برش پیشنهادی، چهار گروه فنوتیپی را نشان داد که در آن‌ها خانواده‌های دو جمعیت به‌طور نسبی از یکدیگر جدا شده‌اند. به این‌صورت که در گروه اول، ۱۱ خانواده قرار گرفتند که تنها یکی از آن‌ها مربوط به جمعیت دوم با کد R22 بود. در گروه دوم، پنج



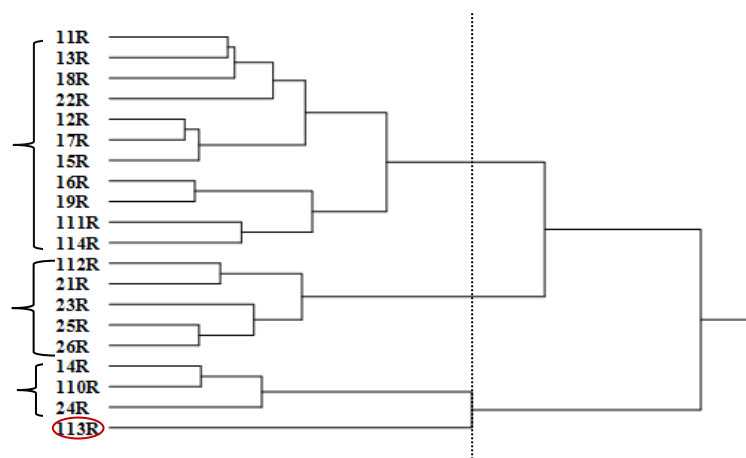
شکل ۱- پراکنندگی فامیل‌های ناتنی دو جمعیت مورد مطالعه بر اساس دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی  
Figure 1. Scatter plot of half-sib families of two populations based on the first two principal components

تراکم بوته‌ها در رویشگاه‌های مورد مطالعه، کم بودن اثرات فامیل (جدول ۴) در برخی از صفات که به کاهش وراثت‌پذیری آن‌ها منجر شده است نیز قابل توجیه است. نظر به این‌که وراثت‌پذیری خصوصی، حاصل نسبت واریانس افزایشی جامعه به واریانس کل می‌باشد، زیاد بودن آن به این مفهوم است که بیشتر تنوع موجود در آن جامعه از نوع افزایشی است و در صورتی که هدف از برنامه‌های اصلاحی بر روی گونه، ارتقای میزان آن صفت باشد، روش‌های مبتنی بر گزینش می‌توانند به‌خوبی پاسخگو باشند. همچنین با توجه به این‌که وراثت‌پذیری خصوصی محاسبه شده بر اساس میانگین خانواده‌ها، بالاتر از وراثت‌پذیری بر مبنای تک بوته برآورد شد، نشان می‌دهد که در برنامه‌های اصلاحی، گزینش بر اساس میانگین خانواده‌ها، مؤثرتر از گزینش توده‌ای است (Sebbenn *et al.*, 2003). به عبارت دیگر، گزینش

از آن‌جا که وراثت‌پذیری، تحت تأثیر عوامل مختلفی از جمله ابعاد جمعیت، تعداد والدین، تنوع ژنتیکی صفات بین والدین و مقدار خودگرده‌افشانی (Fehr, 1991) قرار می‌گیرد، در این مطالعه نیز مشخص شد که به‌ترتیب در جمعیت اول، صفات ارتفاع بلندترین شاخه، عملکرد و قطر تاج پوشش و در جمعیت دوم، طول برگ، قطر تاج پوشش و عملکرد، بالاترین میزان وراثت‌پذیری را داشتند. وراثت‌پذیری بالای این صفات به معنی توانمندی بالای این جمعیت‌ها در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی از نظر صفات مورد مطالعه است؛ همچنین ظرفیت مناسب جمعیت‌های مورد مطالعه را نشان می‌دهد که با وجود ابعاد کوچک جمعیتی و تخریب آن‌ها، قابل توجه می‌باشد. در گونه‌های دگرگشنی چون *N. racemosa* انتظار تنوع ژنتیکی زیاد وجود دارد، ولی با توجه به کاهش دامنه جغرافیائی حضور این گونه و کم‌شدن

عبارت دیگر، یابد. به‌شوند، افزایش می‌گانه مقایسه می‌گیری دلیل خطای نمونه‌بخشی از خطای آزمایش به دلیل تنوع ژنتیکی غیر قابل تفکیک در نیست، بلکه به‌های مختلف است؛ این تنوع ناشی از بین افراد تکرار درصد بالای دگرگشتی در این گونه می‌باشد. تنوع‌های مختلف گیاهی داروئی، ژنتیکی موجود در گونه بیشتر با استفاده از نشانگرهای ملکولی بررسی شده (که در ارزیابی Youssef & Mahgoub, 2015 است) این تنوع، اثرات خطای آزمایشی برخی از منابع تغییر ای وجود دارد، در این نوع که در آزمایش مزرعه کند. از این رو در بیشتر مطالعات اختلالی ایجاد نمی‌مطالعاتی که بر مبنای نشانگرهای ملکولی تنوع‌های مختلف ژنتیکی موجود در درون و بین جمعیت‌های گیاهی از جمله گیاهان داروئی که در گیاهی گونه‌اند مطالعه شده است، معرض فرسایش ژنتیکی هم بوده تنوع در سطح گسترده گزارش شده است (Sahana et al., 2019).

پایه‌ها و فامیل‌های برتر نظیر فامیل R113 و R24 و ایجاد مخازن ژنی و جمعیت‌های حاصل از تعداد مناسب این فامیل‌ها می‌تواند راهگشا باشد. پائین بودن وراثت‌پذیری صفاتی چون ابعاد گل‌آذین در هر دو جمعیت می‌تواند به دلیل حساسیت زیاد این صفات به عوامل محیطی و ایجاد خطای آزمایشی زیاد باشد. وراثت‌پذیری بیشتر صفات در جمعیت دوم از جمعیت اول کمتر بود و دلیل آن تخریب بیشتر جمعیت مورد مطالعه بود که هم از نظر وسعت رویشگاه و هم از نظر تراکم بوته در جامعه وضعیت نامطلوبی داشت. دار نشدن اثرات نتاج در بیشتر صفات مورد معنی مطالعه در هر دو جمعیت، همیشه به دلیل نبود تنوع ای نیست. همانطور که گفته شد، بوته‌های خانواده درون تکرارهای سه‌گانه یک فامیل با یکدیگر متفاوت بودند. می‌توان گفت که خطای آزمایشی که در ارزیابی نتاج دلیل تفاوت گیرد، گاهی به‌مورد استفاده قرار می‌های درون یک فامیل که در تکرارهای سه-ژنتیکی بوته



شکل ۲- دسته‌بندی فامیل‌های ناتنی دو جمعیت مورد مطالعه با استفاده از تجزیه‌خوشه‌ای به روش Ward بر مبنای تمام متغیرهای مورد مطالعه

Figure 2. Cluster analysis of half-sib families of two populations based on morphological traits by Ward method

اصلاحی آن گونه مورد استفاده قرار گیرد و هم نشان‌دهنده قدرت بافری بالای آن گونه در مقابله با تنش‌های ناخواسته محیطی طی دوره‌های طولانی است. ایجاد مخازن ژنتیک مصنوعی با استفاده از فامیل‌هایی که برتری خاصی از خود نشان دادند، می‌تواند دو منظور باشد تا هم مخازن ژنتیکی غنی ایجاد شود و هم از توانمندی آن‌ها در ایجاد توده‌های

### نتیجه‌گیری کلی

مطالعه حاضر نشان داد که بین اکثر صفات مورد مطالعه در هر دو جمعیت، تنوع کافی وجود دارد. وجود تنوع ژنتیکی معنی‌دار در یک جمعیت گیاهی به‌ویژه جمعیتی که دارای فرسایش ژنتیکی است و ابعاد جمعیتی آن به‌شدت کاهش یافته است، از این جهت نوید بخش است که هم می‌تواند در برنامه‌های

مخازن ژنتیکی مؤثر واقع شود. لازم به توضیح است که در طبیعت و در رویشگاه‌های طبیعی این گونه، گیاهان هم در معرض تنش‌های محیطی از جمله خشکی هستند و هم در معرض تخریب توسط دام و عوامل انسانی که سبب شده است که زادآوری از طریق بذر و استقرار بوته‌های جدید بذری، به ندرت صورت گیرد؛ از این رو قرق کردن رویشگاه‌های طبیعی و همچنین ایجاد مخازن ژنتیکی می‌تواند بسیار راهگشا باشد.

برتر استفاده شود. در خصوص این دو جمعیت از گونه *N. racemosa* اگرچه تنوع مناسبی در بیشتر صفات مشاهده شد، ولی کم بودن وراثت‌پذیری در برخی صفات که نشان‌دهنده اثر بالای محیط در تظاهر آن‌ها می‌باشد، به‌ویژه در جمعیت دوم، ضرورت بازنگری در شیوه مدیریت این جوامع طبیعی را نشان می‌دهد. گزینش افراد برتر در جمعیت‌های طبیعی با توجه به صفاتی چون ارتفاع گیاه و قطر تاج پوشش که وراثت‌پذیری بالایی نشان دادند، می‌تواند در ایجاد

## REFERENCES

1. Arzate-Fernandez, A. M., Miwa, M., Shimada, T. & Yonekura, T. (2005). Genetic diversity of miyama-sukashi-yuri (*Lilium maculatum* Thunb. var. *Bukosanense*), an endemic endangered species at Mount Buko, Saitama, Japan. *Plant Species Biology*, 20, 57-65.
2. Asgari, M., Nasiri, M., Jafari, A. A. & Flah Hoseini L. (2015). Investigation of chilling effects on characteristics of seed germination, vigor and seedling growth of *Nepeta* Species. *Journal of Rangeland Science*, 5(4), 313-324.
3. Asgharpanah, J., Sarabian, S. & Ziarati, P. (2013). Essential oil of *Nepeta* genus (Lamiaceae) from Iran: a review. *Journal of Essential Oil Research*, 26(1), 1-12.
4. Baghizadeh, A., Mashayekhi, Z. & Ebrahimi, M. A. (2018) Investigation of genetic and phytochemical diversity of some catnip (*Nepeta cataria* L.) populations by RAPD molecular marker and GC/MS method. *Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants*, 34(5) , 836-848. (In Persian)
5. Bahrami, M., Alizadeh, M. A. & Nasiri, M. (2018). Evaluation of morphological traits, shoot yields and essential oil yield of some populations of three species of *Nepeta*. *Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants*, 34(2), 206-217 (In Persian)
6. Baser, K. H. C., Ozek, T., Akgul, A. & Tumen, G. (1993). Composition of the essential oil of *Nepeta racemosa* Lam. *Journal of Essential Oil Research*, 5, 215-217.
7. Dabiri, M. & Sefidkon, F. (2003). Chemical composition of the essential oil of *Nepeta racemosa* from Iran. *Flavour and Fragrance Journal*, 18, 157-158.
8. Falconer, D. S. & Mackay T. F. C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman.
9. Fehr, W. (1991). *Principles of cultivar development*. Macmillian Publishing Company.
10. Hadi, N., Sefidkon, F., Shojaeiyan, A. & Jafari, A. A. (2016). Essential oil diversity of 21 populations from Iranian endemic species *Nepeta kotschyi* Boiss. *Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants*, 32, 189-202. (In Persian)
11. Hadi, N., Shojaeiyan, A., Sefidkon, F., Jafari, A. A., Misic, D., Banjanac, T. & Siler, B. (2020). Assessment of infraspecific genetic diversity in *Nepeta kotschyi* Boiss., a native Iranian medicinal plant. *JAST*, 22(5), 1327-1334.
12. Ismaili, A., Dehghani, H., Khavari Khorasani, S. & Nodoushan, H. (2005). Estimation of combinability and gene effects in early-mature maize inbred lines using line× tester analysis. *Iranian Journal of Agriculture Science*, 36(4), 917-929. (In Persian)
13. Jamzad, Z. (2012). *Flora of Iran, Lamiaceae*. Research Institute of Forests and Rangelands. (In Persian)
14. Karaman, S. & Comlekciogolu, N. (2007). Essential oil composition of *Nepeta cilicia* Boiss. Apud Bent and *Phlomis viscosa* Poiret from Turkey. *International Journal of Botany*, 3, 122-124.
15. Mirzaie-Nodoushan, H., Keneshloo, H., Asadi-Corom, F., Hassani, M. & Achak, M. U. (2012). Genetic architecture of *Moringa peregrina* populations at early growth stage. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 20, 25-38. (In Persian)
16. Mirzaie-Nodoushan, H., Hosseinzadeh, J., Mehrpur, S., Panahi, P. & Mehdifar, D. (2018). Genetic architecture of a Persian oak plant population based on progenies seedling characteristics. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 26(1), 32-43. (In Persian)

17. Narimani, R., Moghaddam, M., Ghasemi Pirbalouti, A. & Mojarab, S. (2017). Essential oil composition of seven populations belonging to two *Nepeta* species from Northwestern Iran. *International Journal of Food Properties*, 20(S2), S2272-S2279.
18. Padure, I. M. (2006). Seed germination and morpho-anatomical studies of the seedlings in genus *Nepeta* (lamiaceae, nepetoideae) in Romania. *Acta Horti Botanici Bucurestiensis*, 33, 63-70.
19. Poulev, A., Neal, J. M. O., Logendra, S., Pouleva, R. B., Timeva, V., Gar-vey, A. S., Gleba, D., Jenkins, I. S. B. T., Halpern, Kneer, R., Cragg G. M. & Raskin, I. (2003). Elicitation, a new window into plant chemodiversity and phytochemical drug discovery. *Journal of Medicinal Chemistry*, 5, 2542-2547.
20. Rustaiyan, A., Khosravi, M., Larijany, K. & Masoudi, S. (2000). Composition of the essential oil of *Nepeta racemosa* Lam. from Iran. *Journal of Essential Oil Research*, 12, 151-152.
21. Sahana, K. S., Gnanam, R., Rajesh, S. & Rajamani, K. (2019). Evaluation of genetic diversity in *Gloriosa superb* L. an endangered medicinal plant using molecular marker. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 8, 2125-2134.
22. SAS Institute Inc. 1989. *SAS user's guide: statistics*. 5th edition. SAS Institute. USA.
23. Sebbenn, A. M., Pontinha, A. A. S. Giannotti, E. & Kageyama, P. Y. (2003). Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucari angustifolia* (Bert.) O. Ktze. In Sao Paulo, Brazil. *Silvae Genetica*, 52, 181-184.
24. Youssef, M. A. H. & Mahgoub, H. A. M. (2015). Phytochemical and molecular analysis of some medicinal plants of *Labiatae* family growing at different altitudes on Saint Katherine Mountain, South Sinai, Egypt. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 44, 331-356.