

## بررسی تنوع ریخت‌شناسی جمعیت‌های طبیعی گیاه دارویی مورتلخ (*Salvia mirzayanii*)

صفیه بی‌نوا<sup>۱</sup>، علیرضا یآوری<sup>۲\*</sup> و مجید شکرپور<sup>۳</sup>

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه علوم و مهندسی باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس

۲- نویسنده مسئول مکاتبات، استادیار، گروه علوم و مهندسی باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس

پست الکترونیک: yavari@hormozgan.ac.ir

۳- دانشیار، گروه علوم و مهندسی باغبانی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۱/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۲/۱۱

### چکیده

گیاه مورتلخ (*Salvia mirzayanii*) یکی از گونه‌های دارویی تیره نعناع می‌باشد که تنها در ایران به صورت خودرو رشد می‌کند. در این پژوهش، به منظور بررسی تنوع ژنتیکی برخی از جمعیت‌های طبیعی گیاه دارویی مورتلخ با استفاده از نشانگرهای ریخت‌شناسی، تعداد ۱۳۲ تک‌بوته متعلق به شش جمعیت از این گیاه در عرصه‌های منابع طبیعی استان‌های هرمزگان و فارس در مرحله گلدهی جمع‌آوری شدند. برای بررسی صفات ظاهری، ۱۵ صفت مهم از نظر اصلاحی از قبیل ارتفاع گیاه، طول و عرض برگ، وزن خشک، تعداد انشعاب از قاعده و تعداد برگ در گره بررسی شد. داده‌های شش جمعیت در قالب طرح آشیانه‌ای تجزیه واریانس شدند. تفاوت بین جمعیت‌ها، از نظر کلیه صفات معنی‌دار ( $P < 0.05$  و  $P < 0.01$ ) بود. شاخص‌های تنوع ژنتیکی برای تخمین تنوع درون جمعیت شامل مارگالف، شانون-وینر و سیمپسون نشان داد که هر شش جمعیت از تنوع درون جمعیتی بالایی برخوردار بودند. در تجزیه به عامل‌ها با استفاده از روش چرخش وریماکس، چهار عامل اصلی شناسایی شد که این چهار عامل ۹۶/۳۴ درصد از کل تغییرات موجود را بین ۱۳۲ ژنوتیپ توجیه کردند. تجزیه خوشه‌ای به روش Ward، شش جمعیت را به چهار گروه مستقل تقسیم کرد؛ به طوری که دو جمعیت بستک و سیرمند در گروه یک، جمعیت‌های تنگ‌زاغ و سرچاهان در گروه دو و دو جمعیت دق‌فینو و خنج به ترتیب در گروه‌های سه و چهار قرار گرفتند. ارزیابی تنوع فنوتیپی موجود، می‌تواند اطلاعات ارزشمندی را در مدیریت ژرم‌پلاسم مورتلخ فراهم نماید و در شناسایی جمعیت‌های مطلوب برای اهداف اصلاحی مختلف در این گونه مفید باشد.

واژه‌های کلیدی: مورتلخ، جمعیت طبیعی، تنوع ژنتیکی، تجزیه خوشه‌ای، اهلی‌سازی.

### مقدمه

این جنس دارای تنوع بسیار بالایی در جهان می‌باشد؛ به طوری که ۶۴ گونه گیاه علفی یکساله و چندساله را شامل می‌شود که در سراسر کشور پراکنده بوده و ۱۷ گونه آن انحصاری ایران است (Jamzad, 2012; Mozaffarian, 2007). نسبت گونه‌های اندمیک جنس مریم‌گلی در ایران ۲۷ درصد می‌باشد. به تازگی علاقه به گونه‌های مختلف این جنس

جنس مریم‌گلی (*Salvia*) یکی از مهمترین جنس‌های تیره نعناع (Lamiaceae) می‌باشد که بیش از ۱۰۰۰ گونه در دنیا دارد (Resetnik et al., 2016). پراکندگی و گونه‌زایی عمده این جنس در ۳ ناحیه از جهان شامل آمریکای جنوبی و مرکزی، آسیای مرکزی - مدیترانه و آسیای شرقی می‌باشد.

گیاهان ارائه می‌دهد (Eghlim *et al.*, 2018). در تحقیقی Raiesi Monfared و همکاران (۲۰۲۰) اقدام به بررسی تنوع ریخت‌شناسی ۱۲۰ ژنوتیپ متعلق به ۴ اکوتیپ مختلف از مریم-گلی خلیجی (*S. santolinifolia*) با استفاده از ۲۰ صفت رویشی و زایشی کردند. نتایج آنان نشان داد در بین ۱۲۰ ژنوتیپ مورد بررسی، تعداد انشعاب از قاعده، قطر تاج پوشش (سانتی‌متر)، تعداد انشعابات گلدار، وزن خشک (گرم) و وزن تر (گرم) به ترتیب با مقادیر ۵۸/۲۵، ۵۰/۱۱، ۴۹/۶۴، ۴۸/۵۴ و ۴۷/۴۳ درصد دارای بیشترین تنوع بودند (Raiesi Monfared *et al.*, 2020). در مطالعه Saadatjou و همکاران (۲۰۱۵) روی ۲۵ اکوتیپ از ۴ گونه مختلف مریم‌گلی شامل *S. syriaca*، *S. reuterana virgata* و *S. multicaulis* با استفاده از ۱۰ صفت ریخت‌شناسی، مشخص شد که اکوتیپ‌های مختلف از نظر ویژگی‌های طول برگ، ارتفاع گیاه، طول گلبرگ، طول و قطر نهنج که صفت‌های تأثیرگذار بر عملکرد کمی و کیفی محصول به‌شمار می‌آیند، از تنوع بالایی برخوردارند (Saadatjou *et al.*, 2015). در پژوهش دیگری، با استفاده از ۱۸ ویژگی ریخت-شناسی روی ۱۹ تاکسون از جنس مریم‌گلی (*Salvia sp.*) شامل ۱۰ گونه مختلف از آن و ۹ نمونه از گونه *S. miltiorrhiza* که از نقاط مختلف کشور چین جمع‌آوری شده بودند، مشخص شد که درصد ضریب تغییرات (% CV) صفات بررسی شده از ۱۷/۵۶ تا ۱۱۵/۰۴ می‌باشد؛ به طوری که بیشترین و کمترین درصد ضریب تغییرات به ترتیب مربوط به دارا بودن دانه گرده در پرچم و طول کاسبرگ گزارش گردید. از این گذشته، این تحقیق نشان داد که نشانگرهای ریخت‌شناسی از کارایی لازم برای تفکیک گونه‌ها و نمونه‌های مختلف از یکدیگر برخوردارند (Wang *et al.*, 2011).

در مورد تنوع ویژگی‌های ظاهری جمعیت‌های طبیعی مورتلخ، مطالعه جامعی انجام نشده و باید بیش از پیش در بهره‌برداری از این ذخایر ژنتیکی همت گماشت. با توجه به اهمیت گیاه دارویی مورتلخ از نظر خصوصیات دارویی، اقتصادی و نیز خشکسالی‌های چند سال گذشته و برداشت بی‌رویه از طبیعت، هدف از این پژوهش، بررسی تنوع ژنتیکی برخی از جمعیت‌های طبیعی *S. mirzayanii* با استفاده از

به دلیل خواص دارویی و معطر برگ‌های آنها، نقش این گونه‌ها در صنایع غذایی و کاربرد آنها به‌عنوان گیاهان زینتی افزایش یافته است (Bahadori *et al.*, 2016).

گونه *Salvia mirzayanii* Rech. F. & Esfand. یکی از گونه‌های اندمیک و در حال انقراض این جنس می‌باشد که از نظر خصوصیات ظاهری، گیاهی درختچه‌ای کوتاه به ارتفاع ۲۰ تا ۵۰ سانتی‌متر با ساقه افراشته، منشعب و پوشیده از کرک‌های غده‌دار در قسمت‌های پایینی می‌باشد که در دامنه‌های سنگی - صخره‌ای منطقه ایرانی تورانی در نواحی جنوب و مرکز ایران شامل استان‌های سیستان و بلوچستان، کرمان، هرمزگان، فارس، بوشهر و خوزستان رویش دارد (Jamzad, 2012). این گونه در طب سنتی به نام‌های مورتلخ، مروتلخ، مورپرزو، شیرغنم، مریم‌گلی کارواندری و مریم‌گلی ایرانی شناخته می‌شود که از آن برای بیماری‌های گوارشی مانند سوزش معده، اسهال، شکم درد، مسمومیت، درد مفاصل، سردرد، التیام زخم، کاهش چربی و قند خون استفاده می‌شود. برگ مورتلخ به صورت جوشانده، بودر و دم‌کرده نیز توسط مردم محلی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Soltanipoor, 2004; 2007; Binava *et al.*, 2020).

از آنجا که جمعیت‌های طبیعی مربوط به یک گونه دارویی برای مدت طولانی در معرض عوامل حاد محیطی قرار گرفته‌اند، قدرت سازش و پایداری آنها زیاد می‌باشد. این پایداری می‌تواند ناشی از توزیع جغرافیایی محدود جمعیت‌های طبیعی و یا وجود تنوع ژنتیکی گسترده در آنها باشد (Yavari *et al.*, 2010). ارزیابی و تعیین میزان تنوع ژنتیکی، یکی از شاخص‌های مهم برای انتخاب والدین در برنامه‌های به‌نژادی است. فاصله ژنتیکی براساس ترکیب ژنتیکی جمعیت‌های زیستی می‌تواند به وسیله فراوانی ژنوتیپی (فاصله ژنوتیپی) و یا فراوانی آلل‌های مختلف در مکان ژنی مورد نظر (فاصله ژن) ارائه شود (Azarkish *et al.*, 2017).

یکی از قدیمی‌ترین روش‌های مطالعه تنوع ژنتیکی، مطالعه براساس صفات ریخت‌شناسی می‌باشد (Azarkish *et al.*, 2020). شناسایی تنوع ریختی نه تنها در مدیریت ژرم‌پلاسم‌های گیاهی مفید می‌باشد، بلکه ایده خوبی را به محققان برای اصلاح

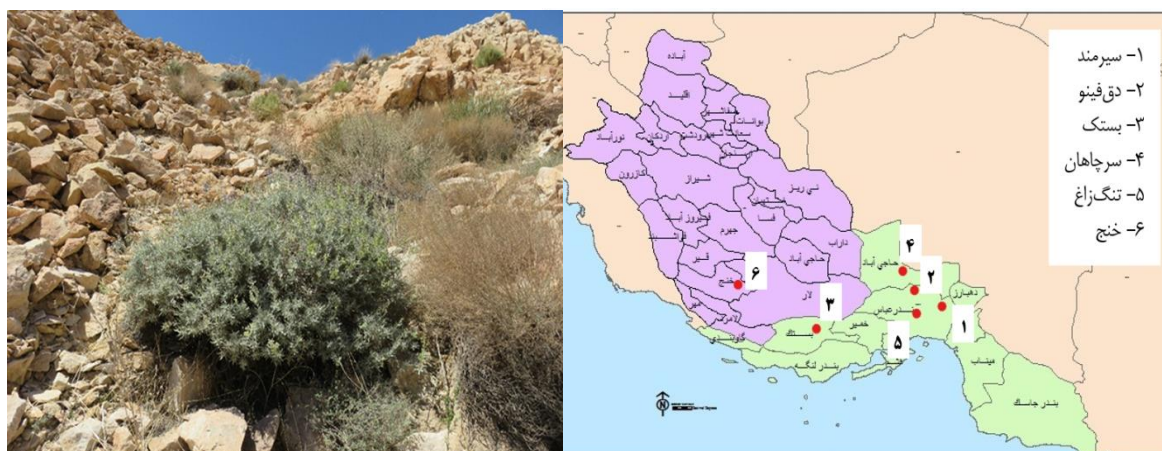
استان هرمزگان شامل سیرمند، دق‌فینو، بستک، سرچاهان و تنگ‌زاغ و یک منطقه در استان فارس به نام خنج، جمع‌آوری و براساس آن، زمان گلدهی کامل گیاه تعیین شد. سپس در مرحله گلدهی کامل از سه رویشگاه تنگ‌زاغ، دق‌فینو و سرچاهان در اسفند سال ۱۳۹۶، دو رویشگاه سیرمند و بستک در فروردین و رویشگاه خنج در اوایل اردیبهشت سال ۱۳۹۷ تعداد ۲۲ بوته کامل از هر رویشگاه براساس روش پیشنهادی برای انتخاب (Selection) گیاهان دگرگشن جمع‌آوری گردید (Carena et al., 2010; Bos and Caligari, 2008); در مجموع ۱۳۲ بوته کامل به آزمایشگاه فناوری گیاهان دارویی دانشگاه هرمزگان انتقال یافتند. یک نمونه هرباریومی برای تأیید شناسایی، تهیه و به بخش تحقیقات گیاه‌شناسی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان هرمزگان ارسال شد و نمونه هرباریومی این گیاه با کد هرباریومی ۴۴۹۳۱ ثبت گردید.

ویژگی‌های ریخت‌شناسی و بررسی ارتباط بین صفات و انتخاب جمعیت(های) برتر به منظور تدوین برنامه‌های اهلی-سازی و در ادامه کشت و پرورش این گونه می‌باشد تا فراخور بخش‌های مختلف صنعت و نیز هدف اصلاحی به‌نژادگران بخش مورد نظر مورد استفاده قرار گیرد.

## مواد و روش‌ها

برای تعیین نقاط پراکنش، ابتدا محدوده رویشگاه‌های طبیعی مورتلخ با استفاده از منابع اولیه موجود از جمله فلور ایران-تیره نعناع (Jamzad, 2012)، بررسی منابع علمی، گزارش-های کارشناسی و مصاحبه با کارشناسان مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان هرمزگان و مشاهده مستقیم مشخص گردید (شکل ۱).

پس از شناسایی رویشگاه‌های طبیعی *S. mizayanii* در استان‌های هرمزگان و فارس و مشاهده مستقیم تک بوته‌های مختلف مورتلخ، اطلاعات فنولوژیکی پنج منطقه مختلف در



شکل ۱- مناطق جمع‌آوری و گیاه مورتلخ (*Salvia mirzayanii*) در رویشگاه سیرمند استان هرمزگان

نیز متوسط بارندگی سالیانه از ایستگاه‌های هواشناسی منطقه جمع‌آوری گردید. در مواردی که ایستگاه‌های هواشناسی مربوط به منطقه نمونه‌برداری وجود نداشت، داده‌های اشاره شده از نزدیک‌ترین ایستگاه هواشناسی با اولویت ایستگاه‌های سینوپتیک استخراج شد (جدول ۱).

اطلاعات رویشگاهی هر منطقه شامل طول و عرض جغرافیایی و ارتفاع از سطح دریا با استفاده از دستگاه مکان‌یاب جهانی (GPS) (مدل Garmin eTrex 30x GPS) مشخص شد. داده‌های اقلیمی مربوط به ۱۸ سال گذشته هر رویشگاه از جمله متوسط دمای سالیانه، کمینه و بیشینه دما و

جدول ۱- برخی از ویژگی‌های رویشگاه‌های جمع‌آوری جمعیت‌های طبیعی مورتلخ (*S. mirzayanii*)

ردیف	رویشگاه	نام استان	ارتفاع از سطح دریا (متر)	طول جغرافیایی (شرقی)	عرض جغرافیایی (شمالی)
۱	سیرمند	هرمزگان	۳	۵۶°۲۲'۰۶".۷"	۲۷°۱۲'۳۴".۱"
۲	دق‌فینو	هرمزگان	۷۷	۵۶°۱۰'۳۴".۰"	۲۷°۱۹'۰۸".۷"
۳	بستک	هرمزگان	۶۴	۵۶°۱۶'۴۹".۹"	۲۷°۱۹'۲۲".۵"
۴	سرچاهان	هرمزگان	۷	۵۶°۱۴'۰۲".۳"	۲۷°۰۹'۴۰".۸"
۵	تنگ‌زاغ	هرمزگان	۹۳۳	۵۵°۵۴'۰۷".۴"	۲۷°۱۸'۴۳".۲"
۶	خنج	فارس	۸۷۵	۵۵°۱۵'۲۰".۰"	۲۸°۱۱'۰۶".۵"

جدول ۲- ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در ۱۳۲ تک‌بوته مورتلخ، نشانه‌های اختصاری و واحد اندازه‌گیری

واحد	مخفف	نام صفت به انگلیسی	نام صفت به فارسی
-	NBB	Number of branches from base	تعداد انشعاب از قاعده
سانتی‌متر	PH	Plant height	ارتفاع گیاه
میلی‌متر	LL	Leaf length	طول برگ
میلی‌متر	LW	Leaf width	عرض برگ
-	NLN	Number of leaves in node	تعداد برگ در گره
میلی‌متر	IL	Internode length	طول میانگره
میلی‌متر	MSD	Main stem diameter	قطر ساقه اصلی
میلی‌متر	PL	Petiole length	طول دم‌برگ
-	BN	Branches number	تعداد انشعاب فرعی
سانتی‌متر	BL	Branches length	طول انشعاب فرعی
-	NNS	Number of nodes per stem	تعداد گره در ساقه
نسبت	LS	Leaf shape	شکل برگ
گرم	FW	Fresh weight	وزن تر
گرم	DW	Dried weight	وزن خشک
درصد	DWP	Dry weight percentage	درصد وزن خشک

گیاهی اندازه‌گیری و ثبت شد (در جدول ۲ دیده می‌شود). برای اندازه‌گیری قطر ساقه اصلی از یک سانتی‌متری بالای طوقه و قبل از شروع انشعاب‌های اصلی استفاده شد. تعداد انشعاب فرعی و طول انشعاب فرعی با انتخاب پنج انشعاب از قاعده و شماره انشعاب موجود روی آن و نیز اندازه‌گیری

تعداد ۱۵ ویژگی ریخت‌شناسی و عملکردی شاخص که در اصلاح سایر گونه‌های مختلف جنس *Salvia* توسط محققان مورد بررسی قرار گرفته است (Yousefi, Azarkhanian et al., 2016; Mossi et al., 2011). ارتفاع گیاه و قطر تاج‌پوشش هر بوته از بالاترین نقطه سطح پوشش

طول آنها و در نهایت با ثبت میانگین برای بوته انجام شد. یک شاخه اصلی نیز از هر بوته انتخاب و تعداد گره، متوسط فاصله میانگره (طول ساقه تقسیم بر تعداد گره‌ها)، متوسط طول و عرض برگ‌ها، متوسط طول گل‌آذین‌ها، متوسط فاصله چرخه گل (طول گل‌آذین تقسیم بر تعداد بندهای آن)، متوسط تعداد چرخه گل، طول و عرض کاسبرگ و نیز طول گل محاسبه گردید. اندازه‌گیری صفات با استفاده از خط‌کش میلی‌متری، کولیس دیجیتالی و ترازوی دیجیتالی با دقت ۰/۰۱ گرم انجام شد.

داده‌های حاصل از صفات اندازه‌گیری شده برای تجزیه واریانس در قالب طرح آشیانه‌ای و مقایسه میانگین صفات به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال ۱ درصد، با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS ver. 9.4 مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. برای تعیین ارتباط بین صفات از همبستگی ساده پیرسون، گروه‌بندی جمعیت‌ها از طریق تجزیه خوشه‌ای (براساس روش Ward) استفاده شد. همچنین از تجزیه عاملی با استفاده از روش چرخش وریماکس به منظور کاهش ابعاد داده‌ها استفاده گردید. در هر عامل اصلی و مستقل، ضرایب عاملی ۰/۶۶ به بالا معنی‌دار در نظر گرفته شد.

برای بررسی تنوع درون جمعیت‌های طبیعی، از شاخص‌های تنوع مارگالف (Margalef, 1958)، شانون-وینر (Shannon and Weaner, 1963) و سیمپسون (Simpson, 1949) با استفاده از نرم‌افزار R ver. 3.1.2 استفاده گردید. فرمول‌های مربوط به شاخص‌های تنوع درون جمعیتی در زیر آمده است.

$$1- \text{ شاخص تنوع مارگالف:}$$

۲-

$$D_{Mg} = \frac{(S - 1)}{\ln(N)}$$

که در آن S به عنوان تعداد جمعیت بوده و N به عنوان تعداد کل تک بوته در نمونه می‌باشد. مقدار آن مساوی یا بزرگتر از صفر بوده و بالاتر بودن آن، نشان‌دهنده بالا بودن میزان تنوع

است.

۲- شاخص تنوع شانون-وینر:

$$H' = - \sum_{i=1}^S p_i (\ln p_i)$$

که در آن  $p_i$  عبارت است از نسبت تک بوته‌های متعلق به جمعیت و S عبارت است از تعداد کل جمعیت‌های طبیعی. مقادیر این شاخص بین ۳/۵ - ۱/۵ می‌باشد.

۳- شاخص تنوع سیمپسون:

$$\lambda = \sum_{i=1}^S p_i^2$$

که در آن  $p_i$  عبارت است از نسبت تک بوته‌های متعلق به جمعیت طبیعی و S عبارت است از تعداد کل جمعیت‌های طبیعی. مقدار این شاخص بین صفر و یک می‌باشد.

### نتایج

تجزیه واریانس بین جمعیت‌ها و تنوع ژنتیکی درون جمعیتی نتایج حاصل از تجزیه واریانس تفاوت بین شش اکوتیپ مورتلخ، به جز درصد وزن خشک، از نظر کلیه صفات دیگر در سطح یک درصد و پنج درصد اختلاف معنی‌داری را نشان داد (جدول ۳). از نظر صفات مهم از جمله ارتفاع گیاه، تعداد انشعاب از قاعده، طول برگ، عرض برگ، تعداد برگ در گره، طول میانگره، میانگین طول دم‌برگ، تعداد انشعاب فرعی، طول انشعاب فرعی، تعداد گره در ساقه، میانگین طول به عرض برگ، وزن تر و وزن خشک در سطح یک درصد و صفت قطر ساقه در سطح پنج درصد تفاوت معنی‌داری نشان دادند. از نظر ضریب تغییرات (CV)، در بین ۱۳۲ تک‌بوته مورد بررسی، وزن تر و خشک، تعداد انشعاب از قاعده و تعداد گره در ساقه به ترتیب با مقادیر ۳۷/۸۱، ۳۵/۹۲، ۳۳/۱۲ و ۲۷/۷۹ درصد دارای بیشترین تنوع بودند (جدول ۳).

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات ریخت‌شناسی جمعیت‌های مورتلخ (*S. mirzayani*)

MS							درجه	منابع تغییرات
قطر ساقه	طول میانگره	تعداد برگ در میانگره	عرض برگ	طول برگ	ارتفاع گیاه	تعداد انشعاب از قاعده	آزادی	
۷/۵۱*	۴/۱۴**	۲۴۲/۱**	۱۶/۲**	۲۵۱/۷**	۴۷۴۱/۳**	۲۴۸/۸**	۵	جمعیت
۱/۵۱	۰/۴۶	۱۹/۰۱	۱/۲۹	۱۹/۱۸	۹۶/۳۱	۱۸/۲۵	۲۱	ژنوتیپ در جمعیت
۲/۴۱	۰/۳۱	۲۶/۳۲	۱/۱۶	۲۱/۵۵	۸۹/۸۲	۱۰/۲۰	۱۰۵	خطای آزمایش
۱۵/۹۷	۲۲/۴۵	۲۲/۳۴	۲۳/۷۳	۱۹/۴۷	۱۹/۹۵	۳۳/۱۲		ضریب تغییرات (%)

ns, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

ادامه جدول ۳-

MS							درجه	منابع تغییرات
درصد وزن خشک	وزن خشک	وزن تر	شکل برگ	تعداد گره در ساقه	طول انشعاب فرعی	تعداد انشعاب فرعی	طول دم‌برگ	آزادی
۷۹/۶۹ <sup>ns</sup>	۱۵۳۹/۰۳**	۷۵۴۹/۲۲**	۳/۱۴**	۵۶/۸۳**	۲۸/۶۴**	۱۰۹۹/۶۱**	۱۱/۴۶**	۵
۷۵/۴۵	۱۲۶/۵۱	۶۶۵/۰۷	۰/۸۹	۱۱/۶۴	۳/۱۶	۱۲/۳۲	۱/۰۵	۲۱
۷۰/۴۶	۸۶/۱۶	۴۸۹/۹۲	۰/۷۴	۱۲/۲۷	۲/۹۶	۱۱/۸۳	۱/۲۴	۱۰۵
۱۸/۶۴	۳۵/۹۲	۳۷/۸۱	۱۶/۰۱	۲۷/۷۹	۲۰/۷۵	۲۴/۵۲	۲۲/۰۳	ضریب تغییرات (%)

ns, \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪

شاخص‌های تنوع شانون- وینر ( $H'$ ) و سیمپسون ( $\lambda$ )  
بیشترین و کمترین تنوع ژنوتیپ درون جمعیت به ترتیب متعلق  
به جمعیت خنج ( $H' = ۲/۴۴۴$  و  $\lambda = ۰/۸۸۲۱$ ) و سرچاهان  
( $H' = ۲/۳۰۹$  و  $\lambda = ۰/۸۶۲۰$ ) بود (جدول ۴).

از نظر شاخص‌های تنوع درون جمعیتی، بیشترین و  
کمترین میزان تنوع درون جمعیت‌ها براساس شاخص تنوع  
مارگالف به ترتیب در جمعیت سیرمند ( $D_{Mg} = ۲/۵۴۷$ ) و  
سرچاهان ( $D_{Mg} = ۲/۴۱۰$ ) مشاهده شد. در حالی که براساس

جدول ۴- شاخص‌های تنوع ژنتیکی برای تخمین تنوع درون جمعیت‌های مورتلخ (*S. mirzayani*)

خنج	تنگ‌زاغ	سرچاهان	بستک	دق‌فینو	سیرمند	شاخص تنوع
۲/۴۹۱	۲/۴۲۲	۲/۴۱۰	۲/۴۹۱	۲/۴۸۵	۲/۵۴۷	مارگالف ( $D_{Mg}$ )
۰/۸۸۲۱	۰/۸۶۷۱	۰/۸۶۲۰	۰/۸۷۷۱	۰/۸۸۰۵	۰/۸۷۱۸	شانون-وینر ( $H'$ )
۲/۴۴۴	۲/۳۴۱	۲/۳۰۹	۲/۳۷۶	۲/۴۲۱	۲/۳۷۶	سیمپسون ( $\lambda$ )

مقایسه میانگین بین صفات جمعیت‌ها

مقایسه میانگین برای صفات مورد مطالعه به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح یک درصد انجام شد. نتایج حاصل از مقایسه میانگین مشخصه‌های ریخت‌شناسی مربوط به جمعیت‌های طبیعی *S. mirzayanii* در جدول ۵ آمده است. مقایسه میانگین‌ها نشان داد که بیشترین تعداد انشعاب از قاعده در جمعیت دق‌فینو (۱۴/۹۵) و کمترین تعداد انشعاب از قاعده را سه جمعیت سیرمند، بستک و سرچاهان (به ترتیب با تعداد ۵/۸۱، ۷/۳۶ و ۷/۶۸) داشتند. از نظر بیشترین میزان ارتفاع گیاه، چهار جمعیت سرچاهان، تنگ‌زاغ، سیرمند و خنج (به ترتیب ۵۷/۶۱، ۵۵/۹۴، ۵۱/۷۶ و ۵۱/۷۰ سانتی‌متر) و

کمترین میزان ارتفاع گیاه را جمعیت دق‌فینو با میانگین ۱۸/۱۲ سانتی‌متر داشتند.

مقایسه میانگین صفت طول و عرض برگ نشان داد که جمعیت خنج دارای بیشترین مقدار (به ترتیب ۳۰/۵۴ و ۶/۲۴ میلی‌متر) و پنج جمعیت دیگر کمترین مقدار در این ویژگی بودند. بررسی مقایسه میانگین ویژگی تعداد برگ در گره نشان داد که بیشترین تعداد در جمعیت‌های طبیعی سرچاهان و بستک (به ترتیب با تعداد ۲۷/۶۴ و ۲۵/۱۸) حاصل شد؛ این در حالی است که کمترین تعداد برگ در گره، در جمعیت طبیعی سیرمند با تعداد ۱۸/۴۱ به دست آمد.

جدول ۵- مقایسه میانگین صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های مورتلخ (*S. mirzayanii*)

نام جمعیت‌ها	تعداد انشعاب از قاعده	ارتفاع گیاه سانتی‌متر	طول برگ میلی‌متر	عرض برگ میلی‌متر	تعداد برگ در گره	طول میانگره میلی‌متر	قطر ساقه میلی‌متر
سیرمند	۵/۸۱ <sup>c</sup>	۵۱/۷۶ <sup>ab</sup>	۲۱/۲۹ <sup>b</sup>	۴/۱۸ <sup>b</sup>	۱۸/۴۱ <sup>d</sup>	۲/۱۲ <sup>c</sup>	۹/۴۴ <sup>bc</sup>
دق‌فینو	۱۴/۹۵ <sup>a</sup>	۱۸/۱۲ <sup>c</sup>	۲۳/۲۶ <sup>b</sup>	۴/۱۰ <sup>b</sup>	۲۰/۳۲ <sup>dc</sup>	۲/۷۶ <sup>b</sup>	۹/۱۷ <sup>c</sup>
بستک	۷/۳۶ <sup>c</sup>	۴۹/۷۷ <sup>b</sup>	۲۳/۱۴ <sup>b</sup>	۴/۳۹ <sup>b</sup>	۲۵/۱۸ <sup>ab</sup>	۲/۲۳ <sup>c</sup>	۱۰/۲۴ <sup>ab</sup>
سرچاهان	۷/۶۸ <sup>c</sup>	۵۷/۶۱ <sup>a</sup>	۲۳/۱۵ <sup>b</sup>	۴/۴۷ <sup>b</sup>	۲۷/۶۴ <sup>a</sup>	۲/۲۲ <sup>c</sup>	۹/۱۵ <sup>c</sup>
تنگ‌زاغ	۱۰/۳۶ <sup>b</sup>	۵۵/۹۴ <sup>a</sup>	۲۱/۷۱ <sup>b</sup>	۳/۸۶ <sup>b</sup>	۲۳/۵۲ <sup>bc</sup>	۳/۲۵ <sup>a</sup>	۱۰/۵۷ <sup>a</sup>
خنج	۱۱/۶۸ <sup>b</sup>	۵۱/۷۰ <sup>ab</sup>	۳۰/۵۴ <sup>a</sup>	۶/۲۴ <sup>a</sup>	۲۲/۶۸ <sup>bc</sup>	۲/۳۷ <sup>c</sup>	۹/۸۴ <sup>abc</sup>

\*: در هر ستون، میانگین‌های با حداقل یک حرف مشابه اختلاف معنی‌داری با یکدیگر ندارند.

ادامه جدول ۵-

نام جمعیت‌ها	طول دم‌برگ میلی‌متر	تعداد انشعاب فرعی	طول انشعاب فرعی	تعداد گره در ساقه	شکل برگ	وزن تر گرم در بوته	وزن خشک گرم در بوته
سیرمند	۴/۲۴ <sup>c</sup>	۹/۸۲ <sup>c</sup>	۹/۲۵ <sup>a</sup>	۱۰/۱۸ <sup>c</sup>	۵/۱۱ <sup>c</sup>	۳۵/۴۶ <sup>d</sup>	۱۶/۰۹ <sup>d</sup>
دق‌فینو	۵/۱۲ <sup>b</sup>	۲۸/۰۹ <sup>a</sup>	۷/۴۰ <sup>b</sup>	۱۲/۲۳ <sup>abc</sup>	۵/۹۵ <sup>a</sup>	۶۳/۹۶ <sup>b</sup>	۲۷/۲۷ <sup>b</sup>
بستک	۴/۷۴ <sup>bc</sup>	۱۰/۱۴ <sup>c</sup>	۷/۶۸ <sup>b</sup>	۱۱/۵۵ <sup>bc</sup>	۵/۳۴ <sup>bc</sup>	۵۰/۱۴ <sup>c</sup>	۲۳/۰۹ <sup>bc</sup>
سرچاهان	۴/۷۰ <sup>bc</sup>	۱۳/۷۷ <sup>b</sup>	۹/۵۰ <sup>a</sup>	۱۳/۲۲ <sup>ab</sup>	۵/۲۳ <sup>bc</sup>	۸۲/۹۱ <sup>a</sup>	۳۵/۵۹ <sup>a</sup>
تنگ‌زاغ	۵/۲۶ <sup>b</sup>	۹/۹۶ <sup>c</sup>	۹/۱۶ <sup>a</sup>	۱۴/۴۶ <sup>a</sup>	۵/۷۵ <sup>ab</sup>	۷۵/۰۰ <sup>ab</sup>	۳۵/۱۴ <sup>a</sup>
خنج	۶/۳۵ <sup>a</sup>	۱۲/۴۱ <sup>b</sup>	۶/۸۱ <sup>b</sup>	۱۴/۰۰ <sup>a</sup>	۴/۹۸ <sup>c</sup>	۴۳/۷۷ <sup>cd</sup>	۱۷/۸۶ <sup>cd</sup>

\*: در هر ستون، میانگین‌های با حداقل یک حرف مشابه اختلاف معنی‌داری با یکدیگر ندارند.

دو صفت عرض برگ (۰/۹۷) و طول دمبرگ (۰/۸۸) در سطح احتمال ۱ درصد و دو صفت درصد وزن خشک (۰/۵۵) و تعداد گره در ساقه (۰/۴۴) در سطح احتمال ۵ درصد با ویژگی طول برگ رابطه مثبت و معنی‌دار داشتند؛ ولی همبستگی بین طول برگ با صفت‌های طول انشعاب فرعی (۰/۷۳) و شکل برگ (۰/۴۷) منفی و معنی‌دار بود. مشخصه تعداد گره در ساقه نیز با ویژگی‌های طول دمبرگ (۰/۷۳) و طول میانگره (۰/۶۲) در سطح احتمال ۱ درصد و با ویژگی تعداد برگ در گره (۰/۵۰) در سطح احتمال ۵ درصد همبستگی مثبت و معنی‌دار نشان داد.

صفات قطر ساقه اصلی (۰/۷۱)، عرض برگ (۰/۴۹) و طول انشعاب فرعی (۰/۴۲) با صفت درصد وزن خشک همبستگی مثبت و معنی‌دار داشتند. این در حالی است که صفت تعداد انشعاب فرعی (۰/۶۵) با صفت درصد وزن خشک در سطح احتمال ۱ درصد همبستگی منفی بالایی را نشان داد.

#### تجزیه عاملی

قبل از تجزیه به عامل‌ها، آزمون KMO و بارتلت (KMO and Bartlett's Test) انجام شد. در شرایط این آزمایش نشان داد که عدد KMO بزرگتر از ۰/۵ بوده (۰/۵۹۲) و آزمون کرویت بارتلت معنی‌دار شد ( $p < 0.01$ ) که نشان‌دهنده کافی بودن مقادیر همبستگی متغیرهای اولیه برای تجزیه عاملی می‌باشد. با در نظر گرفتن ریشه‌های بزرگ‌تر از یک در این پژوهش، چهار عامل اصلی استخراج شد. واریانس هر یک از عامل‌های چهارگانه، ضریب ویژه، درصد واریانس نسبی و درصد واریانس تجمعی در جدول ۷ آمده است.

ارزیابی مقایسه میانگین صفت تعداد انشعاب فرعی بیانگر آن بود که این ویژگی در جمعیت طبیعی دق فینو دارای بیشترین تعداد (۲۸/۰۹) و در جمعیت‌های طبیعی سیرمند، تنگ‌زاغ و بستک (به ترتیب ۹/۸۲، ۹/۹۶ و ۱۰/۱۴) دارای کمترین تعداد می‌باشند. بیشترین تعداد گره در ساقه با میانگین ۱۴/۴۶ و ۱۴ به ترتیب متعلق به جمعیت‌های تنگ‌زاغ و خنج و کمترین آن با میانگین ۱۰/۱۸ به جمعیت سیرمند تعلق داشت.

#### ضرایب همبستگی بین صفات

ضرایب همبستگی ساده پیرسون صفات اندازه‌گیری شده روی جمعیت‌های طبیعی مورتلخ مورد مطالعه در جدول ۶ آمده است. نتایج نشان داد که تعداد انشعاب از قاعده بالاترین همبستگی مثبت را با تعداد انشعاب فرعی (۰/۷۹) داشت. همبستگی تعداد انشعاب از قاعده با طول دمبرگ (۰/۶۳)، نسبت طول به عرض برگ (۰/۶۱)، طول میانگره (۰/۵۹) و تعداد گره در ساقه (۰/۴۷) مثبت و معنی‌دار بود. از سوی دیگر، سه صفت ارتفاع گیاه (۰/۷۴)، طول انشعاب فرعی (۰/۶۱) و درصد وزن خشک (۰/۵۲) با صفت تعداد انشعاب از قاعده همبستگی منفی و معنی‌دار داشتند. تعداد انشعاب فرعی (۰/۹۳) و شکل برگ (۰/۶۵) در سطح احتمال ۱ درصد همبستگی منفی بالایی با صفت ارتفاع گیاه نشان دادند؛ این در حالی است که صفات طول انشعاب فرعی (۰/۵۰)، تعداد برگ در گره (۰/۴۷)، قطر ساقه اصلی (۰/۴۲) و درصد وزن خشک (۰/۴۲) در سطح احتمال ۵ درصد با صفت ارتفاع گیاه رابطه مستقیم و معنی‌دار داشتند.



جدول ۶- ضرایب همبستگی دوگانه بین صفات اندازه‌گیری شده<sup>۱</sup> در جمعیت‌های طبیعی مورتلخ (*S. mirzayani*)

صفات	NBB	PH	LL	LW	NLN	IL	MSD	PL	BN	BL	NNS	LS	FW	DW	DWP
NBB	-														
PH	-۰/۷۴ <sup>**</sup>														
LL	۰/۳۸	۰/۰۳													
LW	۰/۱۷	۰/۱۸	۰/۹۷ <sup>**</sup>												
NLN	-۰/۲۰	۰/۴۷ <sup>*</sup>	۰/۰۹	۰/۰۹											
IL	۰/۵۹ <sup>*</sup>	-۰/۲۱	-۰/۱۷	-۰/۳۴	-۰/۰۵										
MSD	-۰/۱۰	۰/۴۲ <sup>*</sup>	۰/۰۹	-۰/۰۲	۰/۱۷	۰/۴۸ <sup>*</sup>									
PL	۰/۶۳ <sup>**</sup>	-۰/۰۵	۰/۸۸ <sup>**</sup>	۰/۷۷ <sup>**</sup>	۰/۰۸	۰/۳۲	۰/۲۷								
BN	۰/۷۹ <sup>**</sup>	-۰/۹۳ <sup>**</sup>	۰/۰۳	-۰/۱۳	-۰/۲۵	۰/۲۳	۰/۵۸ <sup>*</sup>	۰/۱۱							
BL	-۰/۶۱ <sup>**</sup>	۰/۵۰ <sup>*</sup>	-۰/۷۳ <sup>**</sup>	-۰/۶۲ <sup>**</sup>	۰/۱۷	۰/۰۳	-۰/۰۷	-۰/۶۸ <sup>**</sup>	-۰/۳۹						
NNS	۰/۴۷ <sup>*</sup>	۰/۲۲	۰/۴۴ <sup>*</sup>	۰/۳۳	۰/۵۰ <sup>*</sup>	۰/۶۲ <sup>**</sup>	۰/۳۷	۰/۷۳ <sup>**</sup>	-۰/۰۲	-۰/۱۱					
LS	۰/۶۱ <sup>**</sup>	-۰/۶۵ <sup>**</sup>	-۰/۴۷ <sup>*</sup>	-۰/۶۶ <sup>**</sup>	-۰/۱۲	۰/۷۷ <sup>**</sup>	۰/۰۹	-۰/۰۹	۰/۶۳ <sup>**</sup>	-۰/۰۱	۰/۱۶				
FW	۰/۲۲	۰/۰۳	۰/۲۸	۰/۳۹	۰/۶۵ <sup>**</sup>	۰/۵۰ <sup>*</sup>	-۰/۰۵	-۰/۰۴	۰/۲۴	۰/۴۱ <sup>*</sup>	۰/۵۹ <sup>*</sup>	۰/۵۱ <sup>*</sup>			
DW	۰/۱۶	۰/۰۹	۰/۳۸	۰/۴۸ <sup>*</sup>	۰/۶۳ <sup>**</sup>	۰/۵۶ <sup>*</sup>	۰/۰۸	-۰/۱۰	۰/۱۵	۰/۴۸ <sup>*</sup>	۰/۵۷ <sup>*</sup>	۰/۵۵ <sup>*</sup>	۰/۹۹ <sup>**</sup>		
DWP	-۰/۵۲ <sup>*</sup>	۰/۴۲ <sup>*</sup>	۰/۵۵ <sup>*</sup>	۰/۴۹ <sup>*</sup>	-۰/۱۹	۰/۲۴	۰/۷۱ <sup>**</sup>	-۰/۳۹	-۰/۶۵ <sup>**</sup>	۰/۴۲ <sup>*</sup>	-۰/۲۲	۰/۰۷	-۰/۲۲	-۰/۰۶	-

ns، \* و \*\*: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ درصد و ۱ درصد

۱- اسامی صفات در جدول آورده شده است.

انشعاب فرعی و شکل برگ با ضریب بالای مثبت (به ترتیب با ضرایب عاملی ۰/۸۴، ۰/۸۸ و ۰/۸۵) و متغیر ارتفاع گیاه با ضریب منفی (۰/۹۱-) بود. عامل سوم شامل چهار متغیر تعداد برگ در گره، تعداد گره در ساقه، وزن تر و وزن خشک با ضریب مثبت (به ترتیب با ضرایب عاملی ۰/۷۹، ۰/۷۳، ۰/۹۵ و ۰/۹۴) و مقدار ۲۲/۳۰ درصد از واریانس کل را توجیه کرد. در نهایت، متغیرهای طول میانگره، قطر ساقه و درصد وزن خشک در عامل چهارم، ۱۴/۱۱ درصد از واریانس کل را توجیه کردند.

عامل‌های چهارگانه در مجموع ۹۶/۳۴ درصد از کل تغییرات موجود را بین ۱۳۲ تک‌بوته مورتلخ توجیه کردند. در هر عامل اصلی ضرایب عاملی بزرگ‌تر از ۰/۶۶ صرف‌نظر از علامت مربوطه، معنی‌دار در نظر گرفته شدند (Moghaddam et al., 2012). عامل اول ۳۰/۸۶ درصد از واریانس کل را توجیه کرد و متغیرهای دخیل در آن شامل طول برگ، عرض برگ، طول دم‌برگ و طول انشعاب فرعی بود. عامل دوم ۲۹/۰۷ درصد از واریانس کل را بیان کرد. این عامل دربرگیرنده سه متغیر تعداد انشعاب از قاعده، تعداد

جدول ۷- تجزیه عاملی در جمعیت‌های مورتلخ (*S. mirzayanii*)

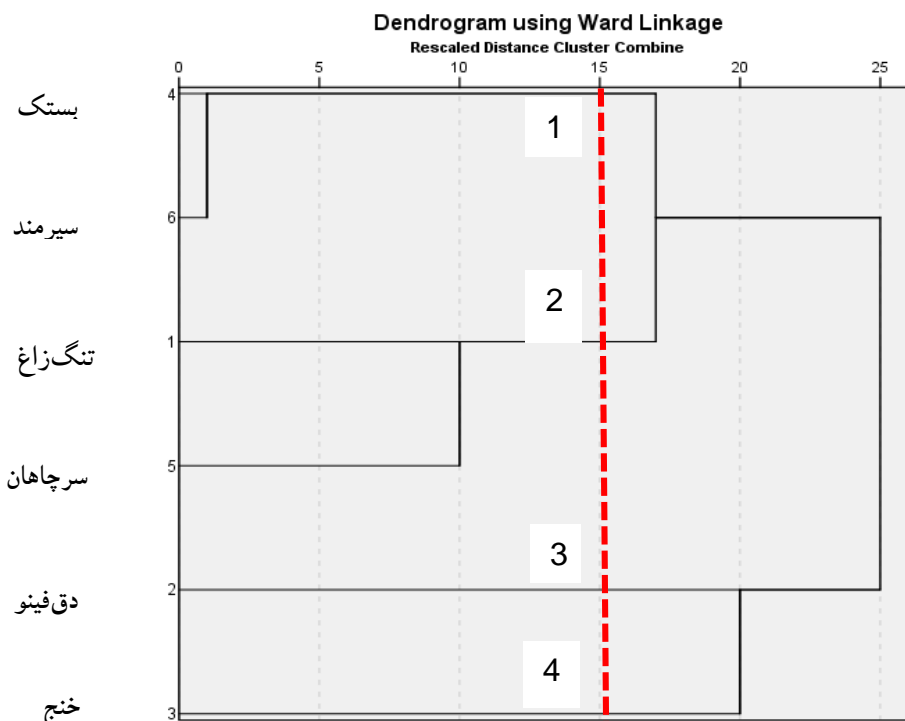
عامل ۴	عامل ۳	عامل ۲	عامل ۱	نام صفات
-۰/۱۲	-۰/۰۷	-۰/۰۹	۰/۹۸	طول برگ
-۰/۱۸	-۰/۱۵	-۰/۲۹	۰/۹۳	عرض برگ
۰/۲۲	۰/۱۳	۰/۱۸	۰/۹۵	طول دم‌برگ
۰/۰۴	۰/۳۶	-۰/۳۸	-۰/۷۶	طول انشعاب فرعی
۰/۲۹	۰/۲۵	-۰/۹۱	۰/۰۱	ارتفاع گیاه
۰/۰۱	۰/۱۵	۰/۸۴	۰/۴۸	تعداد انشعاب از قاعده
-۰/۴۶	۰/۰۴	۰/۸۸	۰/۵۲	تعداد انشعاب فرعی
۰/۲۶	۰/۲۸	۰/۸۵	-۰/۳۴	شکل برگ
-۰/۰۹	۰/۷۹	-۰/۴۰	۰/۱۲	تعداد برگ در گره
۰/۳۴	۰/۷۳	۰/۱۰	۰/۵۶	تعداد گره در ساقه
-۰/۰۴	۰/۹۵	۰/۲۱	-۰/۲۰	وزن تر
۰/۰۹	۰/۹۴	۰/۱۹	-۰/۲۹	وزن خشک
۰/۶۶	۰/۴۲	۰/۵۹	-۰/۰۱	طول میانگره
۰/۹۳	۰/۰۷	-۰/۱۹	۰/۱۳	قطر ساقه اصلی
۰/۷۸	-۰/۲۴	-۰/۲۸	-۰/۵۰	درصد وزن خشک
۲/۱۲	۳/۳۴	۴/۳۶	۴/۶۳	ضریب ویژه
۱۴/۱۱	۲۲/۳۰	۲۹/۰۷	۳۰/۸۶	درصد واریانس نسبی
۹۶/۳۴	۸۲/۲۳	۵۹/۹۲	۳۰/۸۵	درصد تجمعی واریانس

اعدادی که زیر آنها خط کشیده شده دارای ضرایب بردارهای ویژه معنی‌داری در عامل‌های مورد نظر دارند.

## تجزیه خوشه‌ای

به منظور گروه‌بندی جمعیت‌های مورتلخ مورد مطالعه، تجزیه خوشه‌ای انجام شد که در آن ترسیم دندروگرام به روش حداقل واریانس Ward و فواصل بین ژنوتیپ‌ها به وسیله مربع فاصله اقلیدسی برآورد شد. با برش دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای از محل‌های مختلف، ۳، ۴ و ۵ گروه ایجاد گردید (شکل ۲). برای انتخاب یکی از این حالت‌ها، از تجزیه واریانس چند متغیره بر مبنای طرح کاملاً تصادفی ناقص استفاده گردید. در حالت‌های مختلف برش دندروگرام، گروه-بندی انجام شد که در حالت برشی منجر به ایجاد ۴ گروه، بیشترین مقدار  $F$  به دست آمد ( $F = 21/4$ ). به عبارت دیگر، در این حالت اختلاف بین گروه‌ها به طور معنی‌داری بیشتر از اختلاف درون گروه‌ها بوده و گروه‌بندی صحیح‌تری انجام شده است. بر این اساس، در خوشه ۱ جمعیت‌های بستک و سیرمند قرار گرفتند. این دو جمعیت با داشتن صفات مشترکی مثل

ارتفاع گیاه، عرض برگ، طول میانگره، درصد وزن خشک، طول دم‌برگ و نسبت طول به عرض برگ بیشترین شباهت را در بین جمعیت‌های مورد مطالعه داشتند. خوشه ۲ دربرگیرنده دو جمعیت تنگ‌زاغ و سرچاهان بود. این دو جمعیت صفات مشابهی مانند ارتفاع گیاه، نسبت طول به عرض برگ، وزن خشک، درصد وزن خشک و طول انشعاب فرعی را داشتند. خوشه ۳ شامل جمعیت دق‌فینو بود. در این جمعیت، ویژگی‌های تعداد انشعاب از قاعده، قطر ساقه و نسبت طول به عرض برگ بالاترین میزان و سه صفت ارتفاع گیاه، عرض برگ و درصد ماده خشک کمترین میزان را در بین جمعیت‌های مورد مطالعه داشتند. در خوشه ۴ جمعیت خنج قرار داشت. این جمعیت از نظر صفات‌های طول برگ، عرض برگ و طول دم‌برگ بالاترین میزان و از نظر مشخصه‌های طول انشعاب فرعی و نسبت طول به عرض برگ کمترین مقدار را در بین جمعیت‌های مورد بررسی دارا بود.



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های مورد مطالعه مورتلخ (*Salvia mirzayanii*)

## بحث

آگاهی از سطح تنوع ژنتیکی و برآورد دقیق آن در ژرم‌پلاسم‌های گیاهی و تعیین روابط ژنتیکی بین مواد اصلاحی، پایه و اساس بسیاری از برنامه‌های اصلاحی است. کسب اطلاع از فاصله ژنتیکی در بین افراد یا جمعیت‌ها و آگاهی از روابط خویشاوندی گونه‌های مورد نظر در برنامه اصلاحی، امکان سازمان‌دهی ذخایر توارثی و نمونه‌گیری مؤثر از ژنوتیپ‌ها و بهره‌برداری بهتر از تنوع را در برنامه‌های اصلاحی فراهم می‌نماید (Govindaraj *et al.*, 2015).

در این پژوهش، وجود اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌های مورتلخ برای کلیه صفات، به جز درصد وزن خشک، در سطح احتمال یک و پنج درصد نشان می‌دهد که بین جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر این صفات تنوع زیادی وجود دارد. البته دامنه تغییرات گسترده صفات مورد بررسی نیز این مطلب را تأیید می‌کند. همچنین صفاتی که ضریب تغییرات (CV) بالاتری دارند، دارای محدوده وسیع‌تری از کمیّت صفت می‌باشند که دامنه انتخاب وسیع‌تری برای آن صفت محسوب می‌شود (Esmailpour *et al.*, 2014). از این گذشته، با توجه به هتروزیگوسیتی زیاد و دگرگونی قابل توجه در جنس *Salvia* تنوع زیاد صفات مورد انتظار بود (Radosavljević *et al.*, 2019). در بین صفات مورد بررسی، سه صفت وزن تر، وزن خشک و تعداد انشعاب از قاعده دارای بیشترین ضریب تغییرات و صفت قطر ساقه کمترین ضریب تغییرات را داشتند. مطالعه انجام شده روی مریم‌گلی خلیجی (*Salvia santolinifolia*) نشان داد که صفات تعداد انشعاب از قاعده، قطر تاج پوشش، تعداد انشعاب گلدار، وزن خشک و وزن تر دارای بیشترین ضریب تغییرات می‌باشند؛ بنابراین احتمالاً این ویژگی‌ها مشارکت بیشتری در ایجاد تنوع ظاهری گونه‌های مختلف جنس مریم‌گلی داشته باشند (Raeisi *et al.*, 2020).

از نظر تنوع ژنتیکی درون جمعیت‌های مورتلخ، نتایج حاصل از ارزیابی شاخص‌های تنوع ژنتیکی برای تخمین تنوع درون جمعیتی نشان داد هر شش جمعیت مورد مطالعه از تنوع بالایی برخوردارند. بیشترین و کمترین میزان تنوع

درون جمعیتی براساس شاخص‌های به‌کار برده شده، به ترتیب در ژنوتیپ‌های درون جمعیت‌های طبیعی خنج و سرچاهان مشاهده شد. وجود تفاوت آماری معنی‌دار ویژگی‌های مورفولوژیکی مورد مطالعه در این تحقیق بیان‌کننده آن است که جمعیت‌های طبیعی مورد بررسی از تنوع ژنتیکی کافی برای صفات مختلف برخوردار بودند. از این رو می‌توان از میان آنها، جمعیت‌های طبیعی با صفات شاخص را انتخاب و در پروژه‌های اصلاحی استفاده کرد (Raeisi Monfared *et al.*, 2020; Travlos *et al.*, 2018).

بررسی نتایج حاصل از مقایسه میانگین ویژگی‌های ظاهری مربوط به جمعیت‌های طبیعی *S. mirzayanii* نشان داد که بیشترین تعداد انشعاب از قاعده و بالاترین ارتفاع گیاه در جمعیت‌های دق‌فینو، سرچاهان، تنگ‌زاغ و خنج مشاهده گردید. اهمیت تعداد انشعاب گیاه از قاعده و ارتفاع آن به نوع محصول و سیستم کشاورزی بستگی دارد (Allard and Bradshaw, 1964). در مورد گونه‌های مختلف جنس مریم‌گلی که عمدتاً توسط کشاورزان به صورت تک محصولی کشت می‌شود، داشتن ارقام با ارتفاع مطلوب که امکان برداشت مکانیزه را فراهم می‌کند بسیار حائز اهمیت می‌باشد. از سوی دیگر، برخوردارگی گیاهان از تعداد انشعاب از قاعده گیاه بیشتر، به دلیل سایه‌اندازی ایجاد شده در بخش پیرامونی گیاه، سبب کاهش تعداد علف‌های هرز و در نتیجه کاهش هزینه مرحله داشت و تولید خواهد شد. همچنین در سیستم‌های تولید کشاورزی در مقیاس صنعتی، گونه‌های با ارتفاع گیاه کم (کوئوله)، به دلیل عملکرد کمی و کیفی پایین متابولیتی توسط کشاورزان رد می‌شوند؛ بنابراین اصلاح‌گران گونه‌های مختلف جنس مریم‌گلی با در نظر گرفتن خواسته‌های تولیدکنندگان، ارقام متناسب با نیاز آنان که از ارتفاع و تعداد انشعاب از قاعده مناسب برخوردار باشند در اولویت کارهای اصلاحی قرار دهند تا افزایش عملکرد را حاصل نمایند (Barrionuevo, 2021; Habibi *et al.*, 2019; Sui, 2019).

از نظر میانگین ابعاد برگ (طول و عرض)، بیشترین مقدار این صفت در جمعیت طبیعی خنج حاصل شد؛ پنج جمعیت

جنس مریم‌گلی به‌عنوان یکی از عمده محل‌های انباشت اسانس می‌باشد (Anačkov *et al.*, 2009)؛ بنابراین یکی از اهداف اصلاحی برای افزایش حداکثری عملکرد اسانس در این گیاه، می‌تواند صفات‌های تعداد و سطح برگ، تعداد برگ در گره، تعداد گره در ساقه، تعداد و طول انشعاب فرعی باشد که افزایش میزان آنها باید مورد توجه اصلاح‌گران قرار گیرد. نتایج به‌دست آمده از بررسی همبستگی دوگانه بین ویژگی‌های مورد مطالعه نشان داد که بالا بودن میزان ویژگی مهم وزن ماده خشک در جمعیت‌های طبیعی ارزیابی شده گیاه مورتلخ بستگی به بالا بودن مقادیر ویژگی‌هایی مانند ارتفاع گیاه، طول و عرض برگ، قطر ساقه اصلی و طول انشعاب فرعی دارد. برخورداری از ارتفاع گیاه بیشتر سبب می‌شود تا برگ‌های گیاه نور بیشتری را دریافت کنند، در نتیجه فتوسنتز بیشتر انجام داده و تعداد جوانه‌های بیشتری شکل می‌گیرد که در ادامه منجر به افزایش عملکرد نهایی محصول خواهد شد. از آنجایی که یکی از مهمترین اهداف به‌نژادی برای به‌نژادگران، گزینش گیاهانی با ارتفاع بیشتر برای سهولت در برداشت مکانیزه است، وجود این همبستگی گزینش گیاهان مطلوب را آسان‌تر می‌کند (Yavari *et al.*, 2011). همچنین با توجه به اینکه برگ محل انجام فتوسنتز و تولید مواد کربوهیدراتی لازم برای رشد و نمو گیاه است، در نتیجه سطح برگ بیشتر موجب افزایش میزان فتوسنتز و تولید ترکیب‌های اولیه لازم برای رشد رویشی و زایشی را فراهم خواهد کرد. از این گذشته، فراهم بودن بیشتر فرآورده‌های حاصل از فتوسنتز در گیاهان دارویی مانند مورتلخ این امکان را به گیاه می‌دهد تا ترکیب (های) ثانویه بیشتری را تولید کند (Khare *et al.*, 2020). همچنین تولید ترکیبات اولیه بیشتر علاوه بر تأثیری که در افزایش عملکرد گیاه دارد، سبب افزایش مقاومت آن نسبت به آفات و بیماری‌ها می‌شود. تأثیر منفی آسیب‌های ناشی از آفات و بیماری‌ها از جمله مهمترین عامل‌های تهدیدکننده عملکرد است و استفاده از سموم شیمیایی در مبارزه با آنها نیز تهدیدی جدی برای سلامت انسان و طبیعت به‌شمار می‌رود. بنابراین انتخاب جمعیت‌هایی که به‌طور طبیعی تحمل بیشتری به آسیب آفات و بیماری‌ها

مورد بررسی دیگر، همگی در یک سطح قرار داشتند. یکی از اندام‌های مهم در گیاهان، برگ‌ها هستند. برگ‌ها به‌دلیل نقشی که در زمینه فتوسنتز و نگهداری ترکیبات حاصل از این پدیده ایفا می‌کنند، از اهمیت حیاتی در تداوم وجود گیاهان برخوردارند. کربوهیدرات‌ها به‌عنوان محصول شناخته شده عمل فتوسنتز به‌عنوان پیش‌ساز برای استفاده در تولید ترکیبات ثانویه در گیاهان دارویی به‌کار برده می‌شوند. بنابراین هر چه ابعاد برگ یک گیاه بزرگتر باشد، در نتیجه این امکان برای آن فراهم خواهد شد تا نور آفتاب بیشتری را در واحد سطح دریافت و با توجه به سطح برگ بزرگتر موجود و تعداد سلول‌های مزوفیلی حاوی کلروپلاست بیشتر، میزان کربوهیدرات بیشتری به‌دلیل عمل فتوسنتز تولید و در ادامه امکان تولید ترکیب (های) ثانویه بیشتر فراهم خواهد شد (Verma and Shukla, 2015).

از دیگر صفات مهم در اصلاح گونه‌های اسانس‌دار مانند مورتلخ می‌توان به مشخصه‌های تعداد برگ در گره، تعداد گره در ساقه، تعداد و طول انشعاب فرعی اشاره نمود که با توجه به نتایج حاصل از مقایسه میانگین‌ها، جمعیت‌های دق‌فینو، خنج و سرچاهان در بین جمعیت‌های مورد بررسی برتر بودند. بررسی‌ها نشان داده که علاوه بر نقش عوامل ژنتیکی و محیطی در تولید و تنوع کمی و کیفی ترکیب‌های اسانس، عامل دیگری تحت عنوان اندام‌های مختلف گیاه و مرحله نموی که گیاه در آن قرار دارد، بسیار تأثیرگذار می‌باشد. اندام‌های مختلف گیاهان معطر از توان متفاوتی برای تولید اسانس برخوردارند و برای رسیدن به عملکرد حداکثری اسانس، اطلاع یافتن از اندام گیاهی با درصد اسانس بالا ضروری می‌باشد (Barra, 2009). این موضوع می‌تواند از یکسو مورد توجه به‌نژادگران گیاهان دارویی به‌عنوان یک هدف اصلاحی در عملکرد ماده خشک اندام و از سوی دیگر برای استفاده در صنایع دارویی، غذایی و آرایشی-بهداشتی مورد توجه قرار گیرد (Noormand Moaied *et al.*, 2020; Nematollahi *et al.*, 2017). با توجه به اینکه گیاه مورتلخ از نظر ظاهری، در اندام‌های مختلف، پوشیده از کرک‌های ترش‌می‌باشد و نیز مشخص شده که کرک‌های ترش‌می در

(*al.*, 2017).

از آنجایی که جمعیت‌های مورتلخ مشاهده شده در هر یک از خوشه‌ها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به جمعیت‌های موجود در خوشه دیگر هستند، بنابراین در صورت نیاز به دورگ‌گیری، می‌توان با توجه به جمعیت‌های موجود در گروه‌های مختلف، برای بهره‌وری بیشتر از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز استفاده کرد. در کارهای به‌نژادی، معمولاً برای ایجاد تنوع ژنتیکی یا انتقال صفات مطلوب از یک والد به والد دیگر و به‌عبارت دیگر، بهبود بخشیدن و اصلاح یک گیاه از تلاقی بین دو یا چند والد مختلف استفاده می‌شود. بنابراین هر چه افرادی که تشابه کمتری دارند با یکدیگر تلاقی داده شوند، صفات متنوع‌تری بدست خواهد آمد. همچنین برای استفاده از پدیده هتروزیس باید از افرادی استفاده کرد که از نظر ژنتیکی فاصله بیشتری با هم دارند. تجزیه خوشه‌ای این امکان را فراهم می‌نماید که افراد براساس صفات مختلف طوری گروه‌بندی شوند که افراد با شباهت بیشتر در گروه‌های نزدیک به هم و افراد با شباهت کمتر با فاصله بیشتر در گروه‌های دور از هم قرار گیرند و براساس آن می‌توان برای اهداف مورد نظر افراد مناسب را برای تلاقی یا سایر کارهای اصلاحی انتخاب کرد (Jaynes *et al.*, 2003).

به‌طورکلی براساس نتایج حاصل از این پژوهش، تنوع ژنتیکی گسترده‌ای بین و درون جمعیت‌های طبیعی گونه *S. mirzayanii* از نظر ویژگی‌های ظاهری مورد بررسی وجود دارد که حکایت از ارزشمند بودن این ذخایر و لزوم توجه بیشتر در حفظ، نگهداری، ارزیابی و شناسایی آنهاست. انتخاب نیازمند تنوع است و با بالا رفتن تنوع ژنتیکی در یک جامعه توانایی انتخاب ژنوتیپ‌های برتر افزایش می‌یابد. اطلاع داشتن از جنبه‌های مختلف ریخت‌شناسی، ما را در تعیین راهبردهای بهره‌برداری، اصلاح و اهلی‌سازی یاری می‌کند. به‌طور مسلم استفاده از نشانگرهای مولکولی مختلف و ارزیابی تنوع فیتوشیمیایی اسانس همراه با نشانگرهای ریختی برای شناسایی چنین تنوعی در ژرم‌پلاسم مورتلخ، به‌طور مؤثر و کاراتری می‌تواند در مدیریت مناسب برای

داشته باشند می‌تواند تا حدود زیادی از مشکلات بکاهد (Raeisi Monfared *et al.*, 2020).

تجزیه عاملی، به‌طور معمول پیش از تجزیه خوشه‌ای انجام می‌شود تا اهمیت نسبی متغیرهایی که در گروه‌بندی خوشه‌ها ایفای نقش می‌کنند، روشن گردد (Jackson, 1991). نتایج حاصل از تجزیه به عامل‌ها منجر به استخراج چهار عامل گردید که با توجه به تأثیرپذیری متغیرها، گزینش براساس عامل اول منجر به برخورداری از جمعیت‌هایی با ویژگی‌هایی خواهند شد که می‌تواند در تولید و انباشت ماده مؤثره بیشتر نقش داشته باشند. اگر گزینش براساس عامل دوم انجام شود، جمعیت‌های انتخابی از عملکرد متابولیتی بالاتر و قابلیت برداشت مکانیزه برخوردار خواهند بود. در نهایت، گزینش براساس عامل‌های سوم و چهارم منجر به برخورداری از جمعیت‌هایی با عملکرد بالا خواهد شد. در پژوهشی نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۲۰ صفت کمی در گیاه مریم‌گلی خلیجی را در شش گروه قرار داد و ۶۸/۴۴ درصد از واریانس کل را توجیه کرد. مؤلفه اول با بیشترین سهم در توجیه تغییرات داده‌ها (۱۸/۱۲٪) صفات‌های وزن تر، وزن خشک، ارتفاع گیاه، قطر تاج پوشش و تعداد انشعاب گلدار را با ضرایب مثبت بیشتر از ۰/۴۳ شامل شد (Raeisi Monfared *et al.*, 2020). در مطالعه‌ای دیگر روی جمعیت‌های زیره سیاه ایرانی (*Bunium persicum*) تجزیه به مؤلفه‌ها نشان داد که ۴ مؤلفه اصلی توانستند ۹۳/۸۱ درصد از کل واریانس صفات را توجیه نمایند که مؤلفه اول با بیشترین سهم (۵۲/۰۸ درصد) شامل صفات ارتفاع بوته، تعداد چتر در بوته، تعداد چترک در چتر اصلی، طول برگ، طول و عرض گل‌آذین و تعداد بذر در بوته بود (Talebi *et al.*, 2019).

جمعیت‌های مورتلخ در نتیجه تجزیه خوشه‌ای در چهار خوشه قرار گرفتند که جمعیت‌های با صفات ریخت‌شناسی تقریباً مشابه در گروه‌های یکسان قرار گرفتند. در پژوهشی با انجام تجزیه خوشه‌ای به‌روش Ward، ۳۵ اکوتیپ پونه در فاصله ۹ اقلیدسی به چهار گروه مجزا تقسیم شدند. نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای تا حدی مطابقت صفات مورفولوژیکی را با منشأ جغرافیایی نشان داد (Azarkish *et*

- اهداف اصلاحی مختلف در این گونه از مریم‌گلی مفید باشند. در نهایت، در حال حاضر براساس نتایج تنوع ژنتیکی این جمعیت‌ها با استفاده از نشانگرهای ریخت‌شناسی، جمعیت‌های طبیعی برتر مورتلخ شامل خنج، دق‌فینو و سرچاهان در پروژه‌های اصلاحی به‌منظور اهلی‌سازی و ایجاد ارقام مرغوب و مطلوب متناسب با نیاز صنایع مختلف، قابل توصیه برای استفاده هستند.
- منابع مورد استفاده**
- Bos, I. and Caligari, P., 2008. Selection Methods in Plant Breeding. Springer Publication, 465 p.
  - Carena, M.J., Hallauer, A.R., and Miranda Filho, J.B., 2010. Quantitative Genetics in Maize Breeding. doi:10.1007/978-1-4419-0766-0
  - Eghlim, G.H., Hadian, J., and Motallb Azar, A.R., 2018. Survey on Diversity of Morphological and Biological Production Traits of *Satureja rechingeri* Jamzad Clones in Dezfood Climate. Plant Production, 40(4): 41-53.
  - Esmailpour, M., Taheri Abkenar, K., Aalami, A. and Bonyad, A., 2014. The pattern of intrapopulational and interpopulational changes of *Betula pendula* in Iran, based on leaf morphological traits. Taxonomy and Biosystematics Journal, 18(6): 33-44.
  - Govindaraj, M., Vetriventhan, M. and Srinivasan, M. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. Genetics Research International, 431487, 1-14.
  - Habibi, N., Nemat, S.H., Azizi Arani, M. and Aroiee, H., 2019. Investigation and selection among native populations of Flixweed (*Descurainia sophia*) of Khorasan Razavi province for yield and yield components under greenhouse condition. Applied Field Crops Research, 32: 2. 60-75.
  - Jackson, J.E., 1991. A user's guide to principal components. Wiley, New York.
  - Jamzad, Z., 2012. Flora of Iran (Vol. 76): Lamiaceae. Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, Iran.
  - Jaynes, D.B., T.C. Kaspar, Colvin, T.S. and James, D.E., 2003. Cluster analysis of spatio temporal corn yield (atterns in a Iowa field). Agronomy Journal, 95: 574-586.
  - Khare, Sh., Singh, N.B., Singh, A., Hussain, I., Niharika, K., Yadav, V., Bano, Ch., Yadav, R.K. and Amist, N., 2020. Plant secondary metabolites synthesis and their regulations under biotic and abiotic constraints. Journal of Plant Biology, 63: 203-216.
  - Margalef, R. 1958. Information theory in ecology. General Systems, 3: 36-71.
  - Moghaddam, M., Mohammadi, S.A. and Aghaee Sarbarzeh., 2012. Multivariate statistical methods, A primer. Parivar publications, Tabriz, Iran.
  - Mossi, A.J., Cansian, R.L., Paroul, N., Toniazzo, G., Oliveira, J.V., Pierozan, M.K., Pauletti, G., Rota, L., Santos, A.C.A. and Serafini, L.A., 2011. Morphological characterization and agronomical parameters of different species of *Salvia* sp. (Lamiaceae). Brazilian Journal of Biology, 71(1): 121-129.
  - Mozaffarian, V., 2007. A Dictionary of Iranian Plants Names. Farhang Moaser, Tehran, Iran.
  - Allard, R.W. and Bradshaw, A.D., 1964. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. Crop Science, 4(5): 503-508.
  - Anačkov, G., Božin, B., Zorić, L., Vukov, D., Mimica-Dukić, N., Merkulov, L., Igić, R., Jovanović, M. and Boža, P., 2009. Chemical composition of essential oil and leaf anatomy of *Salvia bertolonii* Vis. and *Salvia pratensis* L. (Sect. Plethiosphace, Lamiaceae). Molecules, 14:1-9.
  - Azarkish, P., Moghdam, M., Vaeze, J., Peirbalote. A.GH. and Davarenzhad. GH.H., 2017. Genetic diversity of ecotypes of Horse Mint (*Mentha longifolia*) in southwest of Iran using morphological traits. Seed and Plant Improvement Journal, 32(3): 311-329.
  - Azarkish, P., Moghaddam, M., Khakdan, F. and Ghasemi Pirbalouti, A., 2020. Effect of altitude on morphological diversity and essential oil constituents of *Prangos ferulacea* (L.) Lindl. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 28(1): 132-148.
  - Bahadori, S., Sonboli, A. and Jamzad, Z., 2016. Anatomical and morphological characteristics of *Salvia candidissima* vahl. ssp. *candidissima* (Lamiaceae) as a new record from Iran. Iranian Journal of Botany, 22(2): 104-111.
  - Barra, A., 2009. Factors affecting chemical variability of essential oils: A Review of recent developments. Natural Product Communications, 4(8): 1147-1154.
  - Barrionuevo, C.N., Benitez-Vieyra, S. and Sazatornil, F., 2021. Floral biology of *Salvia stachydifolia*, a species visited by bees and birds: connecting sexual phases, nectar dynamics and breeding system to visitors' behavior. Journal of Plant Ecology, rtab012, <https://doi.org/10.1093/jpe/rtab012>
  - Binava S., Yavari, A. and Shokrpour, M., 2020. A study on the quality and quantity of essential oil from different plant organs of *Salvia mirzayanii* Rech.f. & Esfand. Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants, 35(6): 914-924.

- Simpson, E.H., 1949. Measurement of diversity. *Nature*, 163: 688. doi: 10.1038/163688a0
- Soltanipoor, M.A., 2004. Phenological study of *Salvia mirzayanii* Rech.f. & Esfand in different height regions of Hormozgan province. *Pajoush and Sazandegi*, 17(4): 34-38.
- Sui, C., 2019. *Salvia miltiorrhiza* Resources, Cultivation, and Breeding. In: Lu S. (eds) *The Salvia miltiorrhiza Genome*. Compendium of Plant Genomes. Springer, Cham. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-24716-4\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-030-24716-4_2)
- Talebi, M., Moghaddam, M. and Ghasemi Pirbalouti, A., 2019. Evaluation of morphological diversity of some populations of *Bunium persicum* in the Khorasan province of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 27(1): 152-163.
- Travlos, I.S., Cheimona, N., Roussis, I. and Bilalis, D.J., 2018. Weed-species abundance and diversity indices in relation to tillage systems and fertilization. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 6. doi:10.3389/fenvs.2018.00011
- Verma, N. and Shukla, S., 2015. Impact of various factors responsible for fluctuation in plant secondary metabolites. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 2(4): 105-113.
- Wang, M., Li, J., Zhang, L., Yang, R.W., Ding, C.B., Zhou, Y.H. and Yin, Z.Q., 2011. Genetic diversity among *Salvia miltiorrhiza* Bunge and related species using morphological traits and RAPD markers. *Journal of Medicinal Plants Research*, 5 (13): 2687-2694.
- Yavari, A., Nazeri, V., Sefidkon, F. and Hassani, M.E., 2010. Influence of some environmental factors on the essential oil variability of *Thymus migricus*. *Natural product communications*, 5(6), 943-948.
- Yousefi Azarkhanian, M., Asghari, A., Ahmadi, J. and Ashraf Jafari, A., 2016. Investigation of morphological variation among some *Salvia* L. species and ecotypes by multivariate statistical analysis. *Journal of Crop Breeding*, 20(8): 133-141.
- Nematollahi, A., Mirjalili, M.H., Hadian, J. and Yousefzadi, M., 2017. Chemical diversity among the essential oils of natural *Salvia mirzayanii* (Lamiaceae) populations from Iran. *Plant Production Technology*, 9(1): 1-16.
- Noormand Moaied, F., Bihanta, M.R., Tabaei-Aghdaei, S.R. and Naghavi, M.R., 2020. Study of morphological and phytochemical diversity among six (*Satureja* spp.) in East Azerbaijan province. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 27(2): 252-266.
- Radosavljević, I., Bogdanović, S., Celep, F., Filipović, M., Satovic, Z., Surina, B. and Liber, Z., 2019. Morphological, genetic and epigenetic aspects of homoploid hybridization between *Salvia officinalis* L. and *Salvia fruticosa* Mill.. *Scientific Reports*, 9(1): 3276. doi:10.1038/s41598-019-40080-0
- Raeisi Monfared, A., Yavari, A., Moradi, N., 2020. Evaluation of morphological diversity of *Salvia santolinifolia* Boiss. ecotypes growing in Hormozgan province. *Journal of Plant Product Research*, 27(3): 279-296.
- Resetnik, I., Baricevic, D., Batîr Rusu, D., Carovic´-Stanko, K., Chatzopoulou, P., Dajic´-Stevanovic´, Z., Goncariuc, M., Grdis`a, M., Greguras`, D, Ibraliu, A., Jug-Dujakovic´, M., Krasniqi, E., Liber, Z., Murtic´, S., Pec´anac, D., Radosavljevic´, I., Stefkov, G., Stes`evic´, D., Sos`taric, I., Varbanova, K. and Satovic, Z., 2016. Genetic diversity and demographic history of wild and cultivated/naturalised plant populations: evidence from Dalmatian sage (*Salvia officinalis* L., Lamiaceae). *PLoS One*, 11:1-23.
- Saadatjou, B., Mohammad Khani, A.R., Saedi, K, and Sharmardi H.A., 2015. Evaluation of morphological diversity and essential oil content of different species ecotypes *Salvia* in southwestern Iran. *Journal of Applied Crop Breeding*, 3(1): 125-135.
- Shannon, C.E. and Weaver, W., 1963. *The Mathematical Theory of Communication*. Urbana, IL: University of Illinois Press.



## Study on morphological variation of *Salvia mirzayanii* natural populations

S. Binava<sup>1</sup>, A. Yavari<sup>2\*</sup> and M. Shokrpour<sup>3</sup>

1- M.Sc. Graduated, Dept. Horticulture Science and Engineering, College of Agriculture & Natural Resources, University of Hormozgan, Bandar Abbas, I.R. Iran

2\*-Corresponding author Assist. Prof. Dept. Horticulture Science and Engineering, College of Agriculture & Natural Resources, University of Hormozagan, Bandar Abbas, I.R. Iran, Email: yavari@hormozgan.ac.ir

3- Assoc. Prof., Dept. Horticultural Sciences, Faculty of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran, Karaj, I.R. Iran

Received: 06.04.2021

Accepted: 01.05.2021

### Abstract

*Salvia mirzayanii* Rech. F. & Esfand. is an endemic medicinal species to Iran belonging to the Lamiaceae family. In order to study the genetic diversity of some natural populations of *S. mirzayanii* using morphological markers, 132 individual plants belonging to the six populations were collected at the flowering stage in their natural habitat of Hormozgan and Fars provinces. To evaluate the morphological traits, 15 characteristics such as plant height, leaf length and width, plant dry weight, number of branches and number of leaves per node were investigated. Data belonging to the six populations were analyzed based on Nested ANOVA. There were significant differences among the populations in terms of all traits ( $P < 0.01, 0.05$ ). Genetic diversity indices such as Margalef, Shannon-Weiner, and Simpson, revealed that all the six populations had high intra-population diversity. Using factor analysis based on verimax rotation method, four main factors were identified that explained 96.34% of the total variation among 132 genotypes. Based on Ward's cluster analysis, the six natural populations were divided into four independent groups. The two populations of Bastak and Sirmand were placed in cluster1, Tang-e-Zagh and Sarchahan populations were placed in cluster2, and two other populations of DaghFino and Khonj were placed in clusters 3 and 4, respectively. Evaluation of existing phenotypic diversity can provide valuable information in term of management of *S. mirzayanii* germplasm and can be useful in identifying suitable populations for breeding improve varieties of this species.

**Keywords:** *Salvia mirzayanii*, Natural population, Genetic diversity, Cluster analysis, Domestication.