

## بررسی تنوع ژنتیکی کلپوره (*Teucrium polium* L.) در رویشگاه های جنوب کرمان با استفاده از صفات مورفولوژی

بتول مهدوی<sup>۱</sup>، سهیلا افکار<sup>۲</sup>

۱- گروه ژنتیک و تولید گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ولی عصر (عج) رفسنجان  
۲- گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران  
\* نویسنده مسئول: b.mahdavi@vru.ac.ir

### نتایج و تحلیل

با توجه به نتایج رگرسیون گام به گام: تعداد گل در بوته، ارتفاع بوته و تعداد شاخه فرعی با ضریب تبیین ۷۸٪ بیشترین تغییرات درصد اسانس را توجیه می کنند.

با در نظر گرفتن درصد اسانس (Y)، تعداد گل در بوته (X1)، ارتفاع بوته (X2) و تعداد شاخه فرعی (X3) معادله زیر بدست آمد:

$$Y = 5/11 - 0/01 * X1 - 0/02 * X2 - 0/123 * X3$$

نتایج حاصل از تجزیه علیت نشان داد که اثر مستقیم تعداد گل در بوته بر درصد اسانس بیشتر از سایر صفات بود. پس از آن صفات ارتفاع بوته و تعداد شاخه فرعی با شدت بسیار کمتر دارای اثر مستقیم منفی بودند (جدول ۱).

صفات	اثرات مستقیم	اثر غیرمستقیم
تعداد گل در بوته	-۰/۵۲۹	-
ارتفاع بوته	-۰/۴۰۹	-۰/۲۳۷
تعداد شاخه فرعی	-۰/۲۶۱	-۰/۲۰۳

در این مطالعه میزان وراثت پذیری برای تمام صفات مورد مطالعه بجز تعداد شاخه فرعی بالای ۸۰ درصد گزارش شد. محاسبه پیشرفت ژنتیکی نشان داد که صفت تعداد گل در بوته بالاترین پیشرفت ژنتیکی را داشته در حالیکه درصد اسانس و تعداد شاخه فرعی کمترین میزان پیشرفت ژنتیکی را نشان دادند (جدول ۲).

صفات	واریانس فنوتیپی	واریانس ژنوتیپی	ضریب تغییرات فنوتیپی	ضریب تغییرات ژنوتیپی	ضریب تغییرات	وراثت پذیری	درصد پیشرفت ژنتیکی
ارتفاع بوته	۱۴۲۰/۹	۱۴۱۵/۴	۶۷/۹	۶۷/۸	۶۷/۸	۹۹٪	۷۷/۴
تعداد شاخه اصلی	۳۰/۵	۲۶/۸	۴۸/۶	۴۵/۵	۴۵/۵	۸۷٪	۱۰
تعداد شاخه فرعی	۶	۴	۴۲/۵	۳۴/۸	۳۴/۸	۶۷٪	۳/۴
تعداد ساقه گلدهنده	۵۶/۴	۵۴/۱	۷۳/۲	۷۱/۸	۷۱/۸	۹۶٪	۱۴/۸
تعداد برگ در بوته	۳۶۱/۶	۳۳۸/۲	۶۹	۶۶/۸	۶۶/۸	۹۳٪	۱۱۶
تعداد گل در بوته	۵۶۲۴/۸	۵۰۳۹/۳	۷۶/۳	۷۲/۳	۷۲/۳	۸۹٪	۱۳۸/۴
درصد اسانس (%)	۲/۵	۲/۵	۶۵/۴	۶۴/۶	۶۴/۶	۹۷٪	۳/۲

صفت تعداد گل در بوته بالاترین پیشرفت ژنتیکی را داشته در حالیکه درصد اسانس و تعداد شاخه فرعی کمترین میزان پیشرفت ژنتیکی را نشان دادند. صفاتی با پیشرفت ژنتیکی پایین به علت اثرات غالبیت ژن های غیرافزایشی و اثرات متقابل بین آلی برای انتخاب مناسب نیستند (Kumar et al., 2014)، پس درصد اسانس در این آزمایش را نمی توان بعنوان شاخص مناسبی برای گزینش پیشنهاد کرد.

### نتیجه گیری

با توجه به نتایج این تحقیق به نظر می رسد که صفت تعداد گل در بوته شاخص مناسبی برای انتخاب به منظور اصلاح مقدار اسانس در کلپوره است.

ارزیابی های بیوشیمیایی و مولکولی این گیاه همراه با مطالعات مورفولوژیکی و زراعی می توانند در تعیین روابط بین گونه ها و اکوتیپ ها و گزینش گیاهان مناسب تر به منظور تولید بیشتر را فراهم نمایند.

### منابع

- Piozzi, F., Bruno, M., Rosselli, S., & Maggio, A. (2005). Advances on the chemistry of furano-diterpenoids from *Teucrium* genus. *Heterocycles*, 65, 1221-1234.
- Pandotra, P., & Gupta, S. (2015). Biotechnological Approaches for Conservation of Plant Genetic Resources and Traditional Knowledge. In *Plant Genetic Resources and Traditional Knowledge for Food Security*, pp. 121- 135.
- Feher, W. I. (1987). Principles of cultivar development. Vol 1. Theory and Technique. Macmillan, New York, USA.
- Falconer, D. S. (1989). Introduction to quantitative genetics. Logman Scientific and technical logman house, Burnt Mill, Harlow, Essex, England.
- Singh, R. K., & Chaudhary, B.D. (1985). Biometrical methods in quantitative analysis. Kalayani Publishers. New Delhi.
- Kumar, B., Mali, H., & Gupta, E. (2014). Genetic variability, character association and path analysis for economic traits in Menthofuran rich half-sib seed progeny of *Mentha piperita*. Hindawi Publishing coporation, 2014, 1-7.

### چکیده

کلپوره گیاهی علفی، پایا و متعلق به تیره نعناع است. با هدف مطالعه تنوع ژنتیکی با استفاده از صفات مورفولوژیک در اکوتیپ های کلپوره آزمایشی در قالب طرح کاملاً تصادفی با ۴ تکرار در ۴ منطقه از جنوب استان کرمان شامل قلعه گنج، دهبکری، دلفارد و فاریاب انجام شد. بالاترین ضریب تغییرات ژنوتیپی، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای تعداد گل در بوته بدست آمد. بر اساس نتایج رگرسیون گام به گام، تجزیه علیت، ضریب تغییرات ژنوتیپی، وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفت تعداد گل در بوته معیار گزینشی مناسبی برای بهبود درصد اسانس در اکوتیپ های کلپوره جمع آوری شده در مناطق مختلف جنوب استان کرمان است. بطور کلی توصیه می شود مارکر مولکولی و بیوشیمیایی برای فراهم کردن ارزیابی دقیق تنوع ژنتیکی اکوتیپ ها در مناطق مورد مطالعه استفاده شود.

کلمات کلیدی: تنوع ژنتیکی، صفات مورفولوژیک، کلپوره، وراثت پذیری

### مقدمه

جنس *Teucrium* متعلق به خانواده نعناعیان بوده و یکی از غنی ترین منابع دی تریپن هاست که دارای ویژگی های دارویی و دفع حشرات می باشد. گونه های *Teucrium* عموماً بعنوان افزایش دهنده ادرار، ضد پیری، ضد عفونی کننده و ضد اسپاسم و برای درمان اختلالات گوارشی و ریوی استفاده می شوند. ارزش دارویی و خاصیت آنتی اکسیدانی گونه *T. polium* عمدتاً به علت حضور دیترپنوئید، فلاونوئیدها و فنولیک اسیدهاست (Piozzi et al. 2005).

از جمله روش های بررسی تنوع ژنتیکی، می توان به روش های مورفولوژیکی، مولکولی و بیوشیمیایی اشاره کرد و صفات مورفولوژیکی ابزار مفیدی در مطالعات تنوع ژنتیکی است. تنوع ژنتیکی بیشتر باعث افزایش سازگاری گیاهان به شرایط نامساعد آب و هوایی می شود. کاهش تنوع ژنتیکی منجر به ایجاد یکنواختی ژنتیکی شده و سبب آسیب پذیری در برابر آفات و بیماری ها و تنش های محیطی می گردد اما بالا بودن تنوع گیاهی نیز منجر به تفاوت در صفات شده و شانس انتخاب مواد گیاهی مناسب جهت اصلاح و اهلی سازی را افزایش می دهد (Pandotra and Gupta 2015).

هدف از این تحقیق بررسی تنوع ژنتیکی اکوتیپ های مختلف کلپوره در ۴ منطقه از جنوب استان کرمان (قلعه گنج، دهبکری، دلفارد و فاریاب) با استفاده از صفات مورفولوژیک است.

### مواد و روش ها

در تیر ماه سال ۱۳۹۷ با هدف شناسایی توده های بومی کلپوره (*T. polium*)، تعیین میزان قرابت آنها با استفاده از صفات مورفولوژیکی و بررسی تنوع بین اکوتیپ ها، جمع آوری نمونه ها در جنوب استان کرمان صورت گرفت. رویشگاه های طبیعی این گونه در جنوب استان کرمان با کمک جهاد کشاورزی و منابع طبیعی جیرفت، شناسایی شد و چهار رویشگاه شامل شهرستان دهبکری، دلفارد، فاریاب و قلعه گنج انتخاب شدند. نام علمی گیاه نیز توسط گیاه شناس مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی جیرفت مورد تایید قرار گرفت. نمونه برداری در زمان گلدهی کامل انجام شد و تعداد چهار گیاه به طور تصادفی از هر منطقه جمع آوری گردید.

محاسبه وراثت پذیری عمومی (Feher 1987)، پیشرفت ژنتیکی (Falconer 1989) و ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی (Singh and Chaudhary 1985) با استفاده از فرمول های زیر انجام شد:

$$h_{b,s}^2 = (VG/VP) \times 100 \quad (1)$$

$$GA = h_{b,s}^2 K \sqrt{Vp} \quad (2)$$

$$GCV = \frac{\sqrt{Vg}}{\mu} \times 100 \quad (3)$$

$$PCV = \frac{\sqrt{VP}}{\mu} \times 100 \quad (4)$$

رگرسیون گام به گام، تجزیه علیت و محاسبه پارامترهای ژنتیکی با استفاده از نرم افزار ۱۶ Minitab و ۱۸ SPSS انجام شد.