



ارزیابی تنوع مورفولوژیکی برخی ژنوتیپ‌های چای در شمال ایران با استفاده از روش‌های آماری حیدر بابائی سیاهکلرودی^۱، امیر صحرارو^۲، شاهین جهانگیرزاده خیابی^{۳*}، داود بخشی^۴، معظم حسن پور اصیل^۵

۱- گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

۲- استادیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

۳- استادیار، پژوهشکده چای، مؤسسه تحقیقات علوم باغبانی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، لاهیجان، ایران.

۴- دانشیار، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

۵- استاد، گروه علوم باغبانی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۱/۱۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۶/۳۰

چکیده

گیاه چای (*Camellia sinensis* L.) یکی از مهم‌ترین محصولات کشاورزی مناطق شمالی ایران است. حفاظت و بهره‌برداری پایدار از ژرم پلاسما چای، نیازمند شناخت دقیق تنوع ژنتیکی آن است. بنابراین در پژوهش حاضر، تنوع مورفولوژیکی ۲۵ ژنوتیپ چای شامل نمونه‌های منشأ دارجیلینگ، کلون‌های انتخابی، نوع آسامی و بوته‌های بذری، تحت شرایط کنترل شده و با استفاده از توصیف‌گرهای مؤسسه بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی بررسی شد. ارزیابی‌ها بر پایه پنج صفت کمی و ۱۵ صفت کیفی انجام گرفت و داده‌های به‌دست‌آمده با استفاده از روش‌های آماری چندمتغیره، تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) و خوشه‌بندی با ضریب فاصله گاور و روش اتصال همسایگی/شاخه نهایی، پردازش شدند. نتایج PCA نشان داد چهار مؤلفه اصلی با مقادیر ویژه بیش از یک، در مجموع ۹۹/۸۵ درصد از کل واریانس را توجیه می‌کنند. در خوشه‌بندی، نمونه‌ها به دو گروه اصلی و شش زیرگروه تقسیم شدند، اما الگوی مشخصی در پراکنش ژنوتیپ‌ها مشاهده نشد که این امر می‌تواند ناشی از منبع ژنتیکی محدود و غالباً چینی‌تبار در ژرم پلاسما ایران باشد. ویژگی‌های مورفولوژیکی برگ به‌عنوان شاخص‌های اصلی در تشخیص تنوع، عملکرد قابل‌قبولی نشان دادند و توانستند اختلافات فنوتیپی نسبی را آشکار کنند. با این حال، تأثیرپذیری این صفات از شرایط محیطی و مدیریتی، محدودیت‌هایی را در دقت نتایج ایجاد می‌کند. نتایج این تحقیق ضمن فراهم کردن یک بانک اطلاعاتی اولیه از تنوع فنوتیپی، نقش مهمی در طراحی برنامه‌های به‌نژادی، مدیریت منابع ژنتیکی و حفاظت از ژرم پلاسما دارد. استفاده از چنین رویکرد تلفیقی نه تنها در شناسایی تنوع پنهان مؤثر خواهد بود بلکه امکان طبقه‌بندی دقیق‌تر ژنوتیپ‌ها و بهبود کارایی پروژه‌های اصلاحی را فراهم می‌سازد.

واژگان کلیدی: بی‌پلات، تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA)، خوشه، ژنوتیپ، نشانگرهای مورفولوژیکی.

Evaluation of the morphological diversity of some tea genotypes in Northern Iran using statistical methods

Heidar Babayi siyahkalroudi¹, Amir Sahrarou², Shahin Jahangirzadeh Khiavi^{3*}, Davod Bakhsi⁴, Moazzam Hassanpour Asil⁵

1- Department of Horticultural Science, University of Guilan, Rasht, Iran

2- Assistant Professor, Department of Horticultural Science, University of Guilan, Rasht, Iran.

3- Assistant Professor, Tea Research Center, Horticultural Sciences Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Lahijan, Iran.

4 - Associate Professor, Department of Horticultural Science, University of Guilan, Rasht, Iran.

5- Professor, Department of Horticultural Science, University of Guilan, Rasht, Iran.

Received: April 2026

Accepted: September 2026

Abstract

The tea plant (*Camellia sinensis* (L.)) is one of the most important agricultural crops in the northern regions of Iran. The conservation and sustainable utilization of tea germplasm require a precise understanding of its genetic diversity. Therefore, in the present study, the morphological diversity of 25 tea genotypes, including samples of Darjeeling origin, selected clones, Assam-type, and seedling bushes, was investigated under controlled conditions using descriptors from the International Plant Genetic Resources Institute. Evaluations were based on 5 quantitative and 15 qualitative traits, and the obtained data were analyzed using multivariate statistical methods, including principal component analysis (PCA) and clustering with the Gower distance coefficient and the neighbor-joining/ final branch method. The PCA results showed that four principal components with eigenvalues greater than one accounted for 85.99% of the total variance. In the clustering analysis, the samples were divided into two main groups and six subgroups, although no clear pattern was observed in the distribution of genotypes, which may be due to the limited genetic base and predominantly Chinese origin of the Iranian germplasm. Leaf morphological characteristics showed acceptable performance as key indicators for detecting diversity and were able to reveal relative phenotypic differences. However, the influence of environmental and management conditions on these traits imposes certain limitations on the accuracy of the results. The findings of this study, while providing a preliminary database of phenotypic diversity, play an important role in designing breeding programs, managing genetic resources, and conserving germplasm. The use of such an integrated approach will not only be effective in identifying hidden diversity but also will enable more precise classification of genotypes and improvement of the efficiency of breeding projects.

Keywords: Bi-plot, Principal Component Analysis (PCA), Cluster, Genotype, Morphological Markers.

۱- مقدمه

از نظر مورفولوژیکی و برای شناسایی ساده ارقام قابل تشخیص از نظر فنوتیپی (Martinez et al., 2003).

بررسی ویژگی‌های مورفولوژیکی در گیاه چای برای اهداف متعددی، ارزیابی تنوع ژنتیکی (Wickramaratna, 1981; Toyao and Takeda, 1999; Khiavi et al., 2020; Gunasekare et al., 2001; Piyasundara et al., 2006; Chen et al., 2007) و طبقه‌بندی کلون‌ها و ژنوتیپ‌ها (Su et al., 2007; Vo et al., 2007; Piyasundara et al., 2005; Erxu et al., 2009) مورد استفاده قرار گرفته‌اند.

ژنوتیپ‌های *C. sinensis* که در بانک ژرمپلاس چای پژوهشکده چای ایران (TRC) نگهداری می‌شوند، به‌جز در چند ارزیابی توسط خیای و همکاران (خیای و همکاران، ۱۳۹۶؛ خیای و همکاران، ۱۳۹۶b؛ خیای و همکاران، ۱۳۹۸؛ Khiavi et al., 2018a)، به‌طور کافی از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی توصیف نشده‌اند. مطالعات مولکولی نیز در این زمینه محدود بوده است (خیای و همکاران، ۱۳۹۸؛ Falakro and Khiavi, 2020; Khiavi et al., 2020b; Chaeikar et al., 2020; Dargah et al., 2023). علاوه بر این، با در نظر گرفتن ژرمپلاس جهانی چای، مطالعات کافی برای توصیف ژرمپلاس چای با استفاده از توصیف‌گرهای مورفولوژیکی و تفسیر داده‌ها بر اساس روش‌های بیومتریک برای شناسایی الگوهای تغییر گزارش نشده است.

از آنجایی که برگ‌ها به‌صورت انعطاف‌پذیر به عوامل محیطی پاسخ می‌دهند، ویژگی‌های آن‌ها معمولاً در مطالعات تاکسونومیک استفاده شده‌اند. همچنین، در توصیف‌گرهای موسسه بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی (IPGRI)^۱ برای چای، ویژگی‌های مهمی برای برگ و شاخساره‌ها وجود دارد. برای حل این مسئله، پژوهشگران از مواد گیاهی که در شرایط محیطی و شیوه‌های کشاورزی مشابه، به‌ویژه در بانک ژن خارج از محل (*ex-situ*) کشت شده‌اند، استفاده کرده‌اند. با در نظر گرفتن این نکات، ویژگی‌های برگ می‌توانند به‌راحتی در مطالعات مورفولوژیکی مورد استفاده قرار گیرند. دو نوع اصلی از تکنیک‌ها برای بررسی ساختار تاکسونومیک تحلیل خوشه‌ای و تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) استفاده می‌شوند

گیاه چای (*Camellia sinensis* (L.) O Kuntze) متعلق به خانواده Theaceae است که به‌عنوان قدیمی‌ترین نوشیدنی غیرالکلی حاوی کافئین در جهان شناخته می‌شود. این گیاه بیش از ۲۰۰۰ سال در چین شناخته شده و به‌صورت طبیعی در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری آسیا، آفریقا و اروپا پراکنده است. در ایران، کشت گیاه چای تنها در مناطق شمالی (استان‌های گیلان و مازندران) انجام می‌شود و حدود ۲۹،۰۰۰ هکتار زمین زیر کشت این محصول قرار دارد. گونه‌های کشت‌شده شامل سه هیبرید طبیعی اصلی هستند: نوع چینی (*C. sinensis* (L.) O. Kuntze) با کوچک‌ترین برگ‌ها، نوع آسامی (*C. assamica* (Masters) با بزرگ‌ترین برگ‌ها و نوع کامبودی یا جنوبی (*C. assamica* subspecies *lasiocalyx*) که اندازه برگ‌های آن بین نوع چینی و آسامی است (Sharma and Venkataramani, 1974; Visser 1976). اکثر کلون‌های چای دیپلوئید هستند (Roy 2006) ($n = 2x = 30$). گیاهان چای کشت‌شده در منطقه دارجیلینگ به گونه *C. sinensis* تعلق دارند. برای تولید چای به‌عنوان نوشیدنی، چندین کلون چای با ویژگی‌های مورفولوژیکی متنوع، از نوع چینی تا نوع آسامی، کشت می‌شوند (Chen et al., 2000). بر اساس گزارش‌های قبلی، گیاهان چای ایرانی منشأ گرفته از نوع چینی هستند (Khiavi et al., 2020).

ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین کلون‌های چای، به‌ویژه از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی و ژنتیکی، از اهمیت بسزایی برخوردار است. مورفولوژی برگ نقش مهمی در شناسایی گونه‌ها ایفا می‌کند، به‌ویژه در مواردی که ساختارهای گل‌دار تنوع اطلاعاتی محدودی دارند یا فصل گل‌دهی کوتاه است (Meade and Parnell, 2003). استفاده از ویژگی‌های مورفولوژیکی در مقایسه با نشانگرهای بیوشیمیایی و مولکولی، از نظر هزینه مقرون‌به‌صرفه است، به‌خصوص برای توصیف اولیه تعداد زیادی از افراد به‌منظور شناسایی گروه‌های مشابه

¹ International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)

(Rajanna *et al.*, 2011). درک تنوع و تمایز مورفولوژیکی گونه‌های چای برای برنامه‌های اصلاحی و حفظ ژرمپلاسِم مفید است.

با توجه به موارد ذکرشده، پژوهش حاضر با اهداف زیر انجام شد: (الف) برآورد تنوع فنوتیپی ورودی‌های ژرمپلاسِم با استفاده از توصیف‌گرهای مورفولوژیکی، (ب) شناسایی سهم ویژگی‌های مختلف در کل تنوع، و (ج) دسته‌بندی مجموعه‌های ژرمپلاسِم خارج از محل (*ex-situ*) برای استفاده منطقی در برنامه‌های اصلاحی.

۲- مواد و روش‌ها

داده‌ها بر اساس توصیف‌گرهای چای توسعه‌یافته توسط مؤسسه بین‌المللی منابع ژنتیکی گیاهی (IPGRI, 2000)

ثبت شدند. این قالب مورد توافق بین‌المللی به بهره‌برداری بهتر از اطلاعات کمک خواهد کرد.

در این مطالعه، ۲۵ ژنوتیپ گیاه چای بررسی شدند که شامل ۱۷ نمونه منتسب به چای دارجیلینگ، چهار نمونه از گیاهان انتخاب‌شده از منطقه مرکزی کشت چای، یک نمونه از نوع آسامی و سه نمونه از باغ‌های نهال (زیرا می‌توان گفت اکثر باغ‌های چای در ایران از نوع نهال هستند) بودند (جدول ۱). هشت نمونه آخر به‌عنوان شاهد به مطالعه اضافه شدند. این نمونه‌ها در نهالستان منابع ژرمپلاسِم چای پژوهشکده چای ایران کشت و نگهداری شدند و با استفاده از پنج ویژگی مورفولوژیکی کمی و ۱۶ ویژگی مورفولوژیکی کیفی در سال ۱۳۹۹ مورد آزمایش قرار گرفتند. جدول ۱ اطلاعات گیاهان ارزیابی‌شده را نشان می‌دهد.

جدول ۱- نمونه‌های چای استفاده شده در بررسی مورفولوژی.

کد گیاه*	محل	کد گیاه	محل
D1	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	D14	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D2	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	D15	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D3	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	D16	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D4	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	D17	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D5	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	C1	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D6	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	C2	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D7	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	C3	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D8	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	C4	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر
D9	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	A1	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای شهید اسلامی
D10	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	S1	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای شهید اسلامی
D11	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	S2	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای شهید اسلامی
D12	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر	S3	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای شهید اسلامی
D13	ژرمپلاسِم ایستگاه تحقیقات چای فجر		

* کدها: D برای دارجیلینگ، C برای گیاه انتخاب‌شده، A برای آسامی، S برای بوته‌های بذری

شاخساره‌های جوان هر گیاه همراه با برگ‌ها و جوانه‌هایی که کاملاً در معرض نور خورشید بودند، جمع‌آوری و از نظر مورفولوژیکی توصیف شدند. بیست ویژگی مهم ساقه، پنجمین برگ زیر جوانه انتهایی و شاخساره‌های جوان از نظر کیفیت و تعداد بر اساس دستورالعمل‌های IPGRI (Anonymous,)

1997) تحلیل شدند. جدول ۲ ویژگی‌های مورفولوژیکی بررسی‌شده را نشان می‌دهد. پس از ثبت ویژگی‌ها، داده‌ها تحلیل شدند. برای تحلیل خوشه‌ای از نرم‌افزار PAST 4.03 استفاده شد.

جدول ۲- ویژگی‌های مورفولوژیکی بررسی شده.

ردیف	ویژگی‌ها	ردیف	ویژگی‌ها
۱	طول میانگره	۱۲	طول به عرض برگ بالغ
۲	رنگدانه برگ در برگ‌های جوان (در فصل رشد)	۱۳	طول برگ بالغ (mm)
۳	رنگدانه برگ در برگ‌های جوان (در فصل رکود)	۱۴	عرض برگ بالغ (mm)
۴	رنگ برگ نابالغ	۱۵	زاویه برگ
۵	رنگ برگ بالغ	۱۶	رگه بندی
۶	شکل برگ	۱۷	طرز قرار گیری برگ روی گیاه (زاویه)
۷	سطح فوقانی برگ	۱۸	واکسی بودن برگ
۸	شکل انتهایی (نوک برگ)	۱۹	رنگی بودن برگچه
۹	عادت رشد انتهایی برگ (نوک برگ)	۲۰	طول دم‌برگ برگ بالغ (mm)
۱۰	شکل پایه برگ	۲۱	رنگ شاخه جوان
۱۱	حاشیه برگ		

نمونه‌های انتخاب شده بر اساس توصیف‌نامه IPGRI برای مورفولوژی برگ نمونه‌های چای شناسایی شدند. تکنیک‌های آماری چندمتغیره مانند تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) و تحلیل خوشه‌ای، روش‌های متداولی برای توصیف و ارزیابی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاس‌م هستند و می‌توانند دقت تفسیر اطلاعات تولیدشده در مطالعات توصیفی را افزایش دهند (Piyasundara et al., 2008).

مقادیر ویژه ماتریس همبستگی به‌دست‌آمده از PCA برای ۲۰ توصیف‌گر مورفولوژیکی در جدول ۳ ارائه شده است. مقادیر ویژه چهار مؤلفه اصلی اول بزرگ‌تر از یک بودند (شکل ۱)، که نشان می‌دهد این چهار مؤلفه به‌طور قابل‌توجهی به تنوع موجود در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه کمک کرده‌اند. علاوه بر این، چهار مؤلفه اصلی اول تقریباً ۹۹/۸۵ درصد از کل تنوع را توضیح می‌دهند.

برای هر نمونه، اندازه‌گیری‌های دوگانه میانگین‌گیری شدند و ماتریس داده‌ای از شباهت‌های دوبه‌دو بین ژنوتیپ‌ها طراحی شد. تفاوت با استفاده از ضریب گاور (Gower coefficient) اندازه‌گیری شد، زیرا این ضریب بهترین نتایج را پس از آزمون کوفنتیک نشان داد (Mantel, 1967). تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) برای نمایش روابط غیرسلسله‌مراتبی بین نمونه‌ها استفاده شد. مقادیر ویژه (Eigen values) و بردارهای ویژه (Eigen vectors) با استفاده از نرم‌افزار SAS 8.1 محاسبه شدند و خوشه‌بندی دوبعدی (Bi-plot) با نرم‌افزار Multivariate Statistical Package (MVSP) طراحی شد.

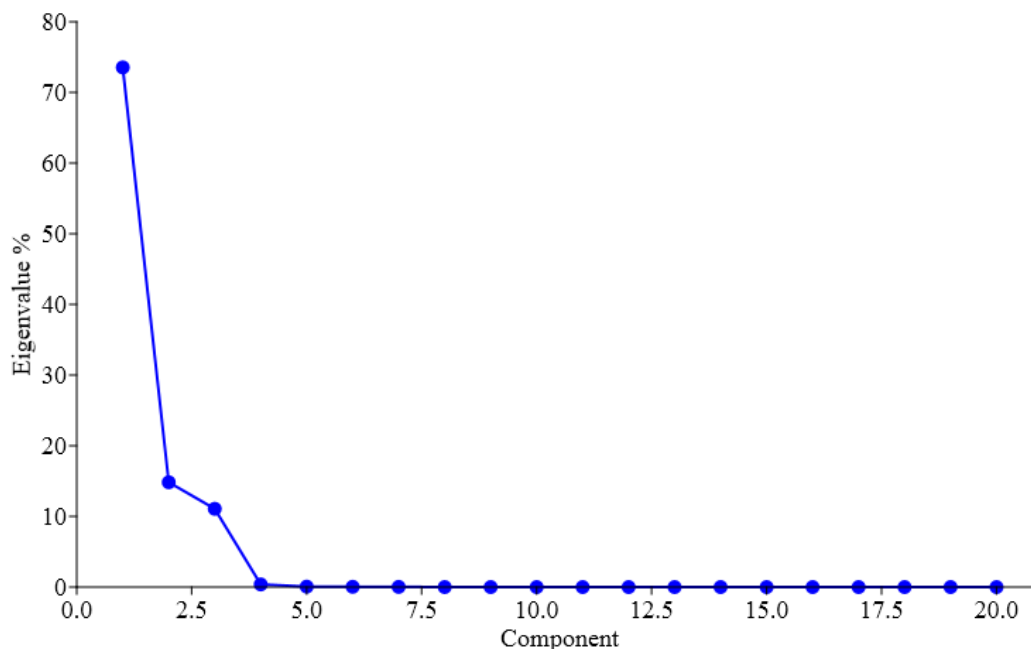
۳- نتایج و بحث

۳-۱- تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) و تحلیل‌های

دو بعدی (Bi-plot)

جدول ۳- مقادیر ویژه ماتریس همبستگی بر اساس تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) برای ۲۰ ویژگی مورفولوژیکی.

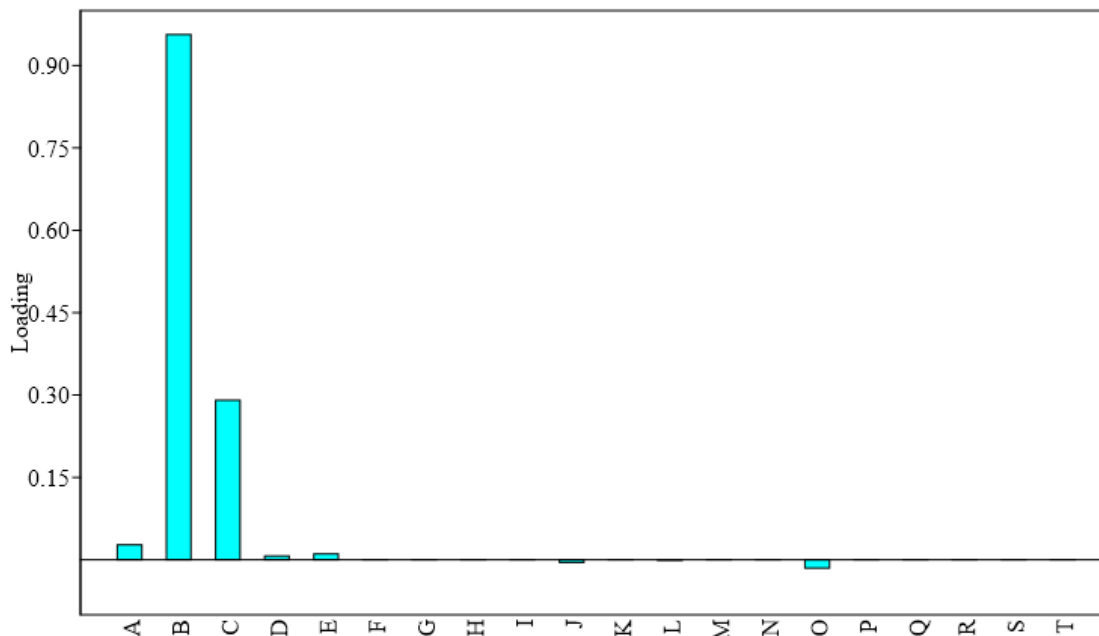
درصد تجمعی	درصد	مقادیر ویژه	عامل
۷۳/۵۵	۷۳/۵۵	۲۵۶/۱۶	۱
۸۸/۳۹	۱۴/۸۴	۵۱/۶۸	۲
۹۹/۴۶	۱۱/۰۸	۳۸/۵۸	۳
۹۹/۸۵	۰/۳۸	۱/۳۳	۴



شکل ۱- نمودار scree تولیدشده بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی ۲۵ نمونه چای.

درصد را تشکیل می‌داد، مرتبط بودند. مؤلفه اصلی چهارم که حدود ۰/۳۸ درصد از کل تنوع را شامل می‌شد، عمدتاً با طول دم‌برگ برگ بالغ (۰/۹۹) و شکل برگ (۰/۱۳) مرتبط بود. بر این اساس، از ۲۰ توصیف‌گر بررسی‌شده، تنها پنج توصیف‌گر به‌طور قابل‌توجهی به کل تنوع موجود در مجموعه ژرم‌پلاسما کمک کردند (شکل ۲).

مؤلفه اصلی اول که حدود ۷۳/۵۵ درصد از کل تنوع را تشکیل می‌داد، عمدتاً با طول برگ بالغ (۰/۹۶) و عرض برگ بالغ (۰/۲۹) مرتبط بود. مؤلفه اصلی دوم که ۱۴/۳۹ درصد از کل تنوع را شامل می‌شد، با عرض برگ بالغ (۰/۹۹) و طول میان‌گره با بار منفی (۰/۱۰-) مرتبط بود. طول برگ بالغ با بار منفی (۰/۲۹-)، عرض برگ بالغ (۰/۹۵) و طول میان‌گره (۰/۱۰) به‌طور قابل‌توجهی با مؤلفه اصلی سوم که تنها ۱۱/۰۸



شکل ۲- نمودار بارگذاری تولیدشده بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی ۲۵ نمونه چای.

راجانا و همکاران (Rajanna *et al.*, 2011) ۱۲ رقم چای متعلق به *Camellia sinensis* (نوع چین)، *C. assamica* (نوع آسام) و *C. assamica* subsp. *lasiocalyx* (نوع کامبود) را بررسی کردند. در مطالعه آن‌ها، نتایج PCA نشان داد که مؤلفه‌های اول و دوم به ترتیب ۲۹/۸۴ و ۱۴/۹۳ درصد از کل واریانس را توضیح می‌دهند. در مطالعه دیگر، پیاسوندارا و همکاران (Piyasundara *et al.*, 2008) ۲۰۳ نمونه ژرم پلاسما چای را بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی ارزیابی کردند. مؤلفه‌های اول و دوم محاسبه‌شده در مطالعه آن‌ها به ترتیب ۱۹/۸۳ و ۱۴/۳۶ درصد از کل واریانس را نشان دادند. مجموع این دو مؤلفه (۳۴/۱۹ درصد) بخش عمده‌ای از کل واریانس را شامل می‌شد، در حالی که در مطالعه ما دو مؤلفه اول ۸۸/۳۹ درصد از کل واریانس محاسبه شده در بررسی ۲۵ نمونه چای را نشان دادند. در هر دو مطالعه فوق (Rajanna *et al.*, 2011; Piyasundara *et al.*, 2008)، مهم‌ترین ویژگی‌هایی که بیشترین نقش را در ایجاد تفاوت در دو مؤلفه اول داشتند، ویژگی‌های مرتبط با برگ بودند که با نتایج ما مشابهت دارند. نتایج مطالعه ما نشان داد که ویژگی‌های کمی و کیفی با بارگذاری بالای مؤلفه‌ها هماهنگی دارند.

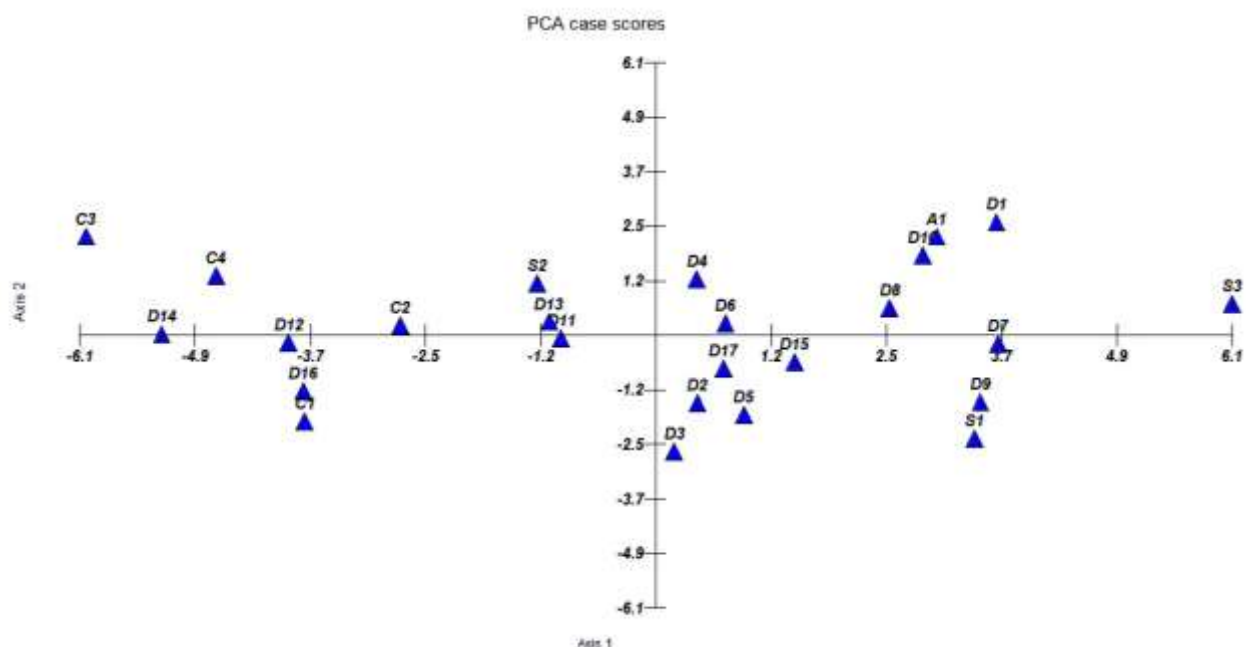
همان‌طور که در شکل ۲ مشاهده می‌شود، علاوه بر پنج ویژگی که به‌طور قابل‌توجهی به کل تنوع کمک می‌کنند، یعنی طول میان‌گره، شکل برگ، طول برگ بالغ، طول دم‌برگ برگ بالغ و عرض برگ بالغ، دو ویژگی دیگر، حاشیه برگ و نسبت طوی به عرض برگ بالغ، نیز بر تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تأثیر دارند، اما حداکثر اثر این دو ویژگی بر مؤلفه‌های ششم و هفتم (PC6 و PC7) برای حاشیه برگ و مؤلفه دهم (PC10) برای نسبت طول به عرض (L/W) برگ بالغ است. این دو ویژگی تأثیر بسیار کمی بر تجزیه مؤلفه‌های اصلی دارند.

یکی از روش‌های مفید و سریع برای شناسایی گونه‌ها، تحلیل مورفومتریک مورفولوژی برگ است (Er Xu *et al.*, 2009). مطالعات مورفومتریک روی جنس *Taxus* (تیره Taxaceae)، که یک جنس پیچیده تاکسونومیک با نمونه‌های عقیم فراوان مانند *Camellia* است، نشان داده است که ویژگی‌های برگ می‌توانند ابزار قدرتمندی برای جداسازی و شناسایی مورفولوژیکی گونه‌ها در این گروه گیاهی باشند (Moeller *et al.*, 2007; Shah *et al.*, 2008). در مطالعه ما، نتایج تحلیل مؤلفه‌های اصلی مشابه نتایج مطالعات آنها بود.

C. sinensis var. *assamica*, var. *sinensis* و *C. sinensis* var. *formosensis* استفاده کرد. با توجه به همه این موارد، می‌توان گفت که کاربرد ویژگی‌های مورد استفاده در پژوهش حاضر کاملاً مطلوب بوده و انتخاب آن‌ها صحیح است.

نمودار دوبعدی (2D plot) تولیدشده از PCA هیچ گروه خاصی را نشان نداد. همان‌طور که در شکل ۳ مشاهده می‌شود، توزیع نمونه‌ها بر اساس دو مؤلفه اول تقریباً یکسان است. این موضوع را می‌توان به منشأ اولیه و منبع چای‌های کشت‌شده در ایران نسبت داد (Khiavi et al., 2020).

سو و همکاران (Su et al., 2007) ویژگی‌های مورفولوژیکی *Camellia sinensis* (formosensis) و دو تاکسون نزدیک به گیاهان چای وحشی بومی تایوان را با استفاده از روش‌های عددی مقایسه کردند. در مطالعات آنها، ویژگی‌هایی با بارگذاری بالا شامل کرک‌دار بودن جوانه، کرک‌دار بودن شاخه‌های جوان، کرک‌دار بودن رگبرگ میانی سطح زیرین برگ و کرک‌دار بودن دم‌برگ بودند (بیش از ۰/۷). بنابراین، بارگذاری‌های مؤلفه‌های مورد بررسی در مطالعه ما با یافته‌های آنها همخوانی دارد. به‌طور مشابه، هو (Hu, 2004) از ۱۵ ویژگی برگ در مجموعه ژرم‌پلاس چای تایوان برای ارزیابی تفاوت‌های بین تاکسونی بین *C. sinensis*



شکل ۳- نمودار دو بعدی تولیدشده بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی ۲۵ نمونه چای.

دارجیلینگ، چهار نمونه از گیاهان انتخاب‌شده، یک نمونه از نوع آسام و سه نمونه از باغ بذری (تنوع اندکی را نشان داد. تفاوت‌ها در برخی از ویژگی‌های بررسی‌شده ممکن است به دلیل تکثیر جنسی در گذشته و روش‌های گرده‌افشانی باشد (Zandkarimi et al., 2011).

بر اساس گزارش چن و همکاران (Chen et al., 2005)، استفاده از ویژگی‌های برگ و ساقه برای مطالعه تنوع ژنتیکی گیاه چای با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیکی کافی است،

۳-۲- تنوع مورفولوژیکی و تحلیل خوشه‌ای

همه نمونه‌های چای انتخاب‌شده از نظر مورفولوژیکی مشابه بودند، اگرچه برخی در ویژگی‌هایی مانند رنگ برگ بالغ، شکل برگ، سطح فوقانی برگ، شکل نوک برگ، وضعیت نوک برگ، شکل پایه برگ، حاشیه برگ، طول برگ بالغ، عرض برگ بالغ و زاویه برگ تفاوت‌های جزئی داشتند، اما به‌طور کلی رابطه قوی‌ای بین آنها مشاهده نشد. تحلیل مقایسه‌ای روی ۲۵ نمونه گیاه چای (شامل ۱۷ نمونه منتسب به چای

زیرا این ویژگی‌ها تفاوت‌های قابل توجهی دارند. آن‌ها همچنین گزارش کردند که ویژگی‌های میوه به دلیل نبود تفاوت‌های معنی‌دار برای مطالعه مناسب نیستند، بنابراین در این پژوهش بررسی نشدند.

ماتریس تفاوت دوبه‌دو بین نمونه‌ها بر اساس ضریب فاصله گاوس محاسبه شد. این ضریب بالاترین ضریب کوفنتیک محاسبه‌شده (۰/۸۳) را در مقایسه با سایر ضرایب مورد استفاده داشت. این ضریب نشان‌دهنده میزان تطابق بین نمودار به‌دست‌آمده و ماتریس تفاوت محاسبه‌شده است. این ماتریس (جدول ۴) تفاوت اندکی را نشان داد. تفاوت دوبه‌دو بین نمونه‌ها بر اساس داده‌های مورفومتریکی از ۰/۰۳ تا ۰/۶۱ با میانگین ۰/۲۲ متغیر بود. بالاترین تفاوت (۰/۶۱) بین دو نمونه C3 و S3، یک ژنوتیپ از کلون‌های انتخاب‌شده و دیگری از باغ بذری، مشاهده شد، در حالی که کمترین تفاوت

(۰/۰۳) بین دو نمونه منتسب به چای دارجیلینگ (D11-D13) یافت شد. همان‌طور که انتظار می‌رفت، تفاوت‌های ناچیزی بین نمونه‌های مرتبط با دارجیلینگ مشاهده شد. در مطالعات قبلی روی ژرم‌پلاس چای، تفاوت‌های مورفولوژیکی محدودی گزارش شده است (خیای و همکاران، ۱۳۹۶b؛ Kafkas *et al.*, 2009; Ramakrishnan *et al.*, 2009; Khiavi *et al.*, 2020). از آنجا که این مطالعه روی نمونه‌های منتسب به چای دارجیلینگ متمرکز است، ماتریس تفاوت نمونه‌ها به‌صورت جداگانه نیز تحلیل شد. حداکثر و حداقل تفاوت معنی‌دار بین این نمونه‌ها به‌ترتیب ۰/۴۶ بین دو نمونه D1-D14 و ۰/۰۳ بین دو نمونه D11-D13 با میانگین ۰/۱۷ بود. همان‌طور که از ماتریس تفاوت مشخص است، درجه شباهت بین نمونه‌های موسوم به دارجیلینگ بسیار نزدیک به یکدیگر است که این امر رابطه بالای بین این نمونه‌ها را تأیید می‌کند.

ارزیابی تنوع مورفولوژیکی برخی ژنوتیپ‌های چای در شمال ایران با استفاده از روش‌های آماری

جدول ۴- ماتریس تفاوت بر اساس داده‌های مورفولوژی توسط ضریب تفاوت گاور.

	D1	D2	D3	D4	D5	D6	D7	D8	D9	D10	D11	D12	D13	D14	D15
D1	0														
D2	0.26	0													
D3	0.31	0.07	0												
D4	0.17	0.15	0.19	0											
D5	0.26	0.04	0.06	0.15	0										
D6	0.19	0.1	0.15	0.06	0.1	0									
D7	0.15	0.17	0.21	0.18	0.16	0.15	0								
D8	0.12	0.15	0.19	0.11	0.14	0.09	0.07	0							
D9	0.2	0.16	0.17	0.2	0.13	0.16	0.08	0.12	0						
D10	0.06	0.21	0.25	0.12	0.2	0.13	0.11	0.06	0.16	0					
D11	0.27	0.1	0.14	0.1	0.13	0.09	0.23	0.18	0.23	0.21	0				
D12	0.4	0.22	0.24	0.23	0.25	0.23	0.37	0.32	0.37	0.35	0.14	0			
D13	0.26	0.12	0.16	0.09	0.15	0.09	0.24	0.18	0.24	0.21	0.03	0.14	0		
D14	0.46	0.31	0.31	0.3	0.33	0.31	0.45	0.39	0.44	0.41	0.23	0.14	0.22	0	
D15	0.19	0.09	0.12	0.11	0.07	0.06	0.12	0.08	0.11	0.14	0.13	0.27	0.14	0.34	0
D16	0.41	0.24	0.22	0.25	0.25	0.25	0.39	0.33	0.36	0.36	0.19	0.14	0.18	0.1	0.27
D17	0.22	0.04	0.1	0.11	0.06	0.06	0.15	0.11	0.15	0.17	0.09	0.23	0.11	0.31	0.06
C1	0.42	0.22	0.2	0.26	0.23	0.25	0.38	0.33	0.35	0.37	0.17	0.11	0.17	0.14	0.26
C2	0.33	0.2	0.21	0.17	0.21	0.18	0.32	0.26	0.32	0.29	0.11	0.11	0.1	0.13	0.21
C3	0.48	0.37	0.39	0.32	0.4	0.35	0.49	0.43	0.5	0.44	0.28	0.17	0.26	0.13	0.4
C4	0.41	0.3	0.31	0.25	0.32	0.28	0.42	0.36	0.42	0.37	0.2	0.12	0.19	0.08	0.32
A1	0.06	0.23	0.27	0.14	0.22	0.15	0.13	0.09	0.18	0.04	0.23	0.36	0.22	0.43	0.16
S1	0.29	0.28	0.26	0.3	0.26	0.29	0.26	0.26	0.2	0.28	0.33	0.45	0.33	0.46	0.24
S2	0.29	0.26	0.27	0.19	0.27	0.22	0.32	0.26	0.31	0.26	0.21	0.26	0.19	0.22	0.24
S3	0.16	0.33	0.35	0.29	0.3	0.29	0.18	0.21	0.19	0.19	0.37	0.51	0.37	0.56	0.26

ادامه جدول ۴- ماتریس تفاوت بر اساس داده‌های مورفولوژی توسط ضریب تفاوت گاوور.

	D16	D17	C1	C2	C3	C4	A1	S1	S2	S3
D16	0									
D17	0.25	0								
C1	0.08	0.23	0							
C2	0.1	0.19	0.12	0						
C3	0.22	0.37	0.23	0.19	0					
C4	0.15	0.29	0.17	0.11	0.08	0				
A1	0.38	0.19	0.39	0.3	0.44	0.38	0			
S1	0.37	0.27	0.4	0.36	0.55	0.46	0.3	0		
S2	0.19	0.24	0.25	0.16	0.29	0.22	0.28	0.29	0	
S3	0.49	0.3	0.51	0.44	0.61	0.53	0.2	0.23	0.37	0

اصلی تقریباً متعادل بود. گروه اصلی اول (A) و دوم (B) به‌ترتیب شامل ۱۴ و ۱۱ نمونه بودند (به جدول ۱ مراجعه شود که شامل نمونه‌هایی مانند D1 تا D17 از ژرم‌پلاسما ایستگاه تحقیقات چای فجر، A1 از ژرم‌پلاسما ایستگاه تحقیقات چای شهید اسلامی، و S1 تا S3 از بوته‌های بذری است).

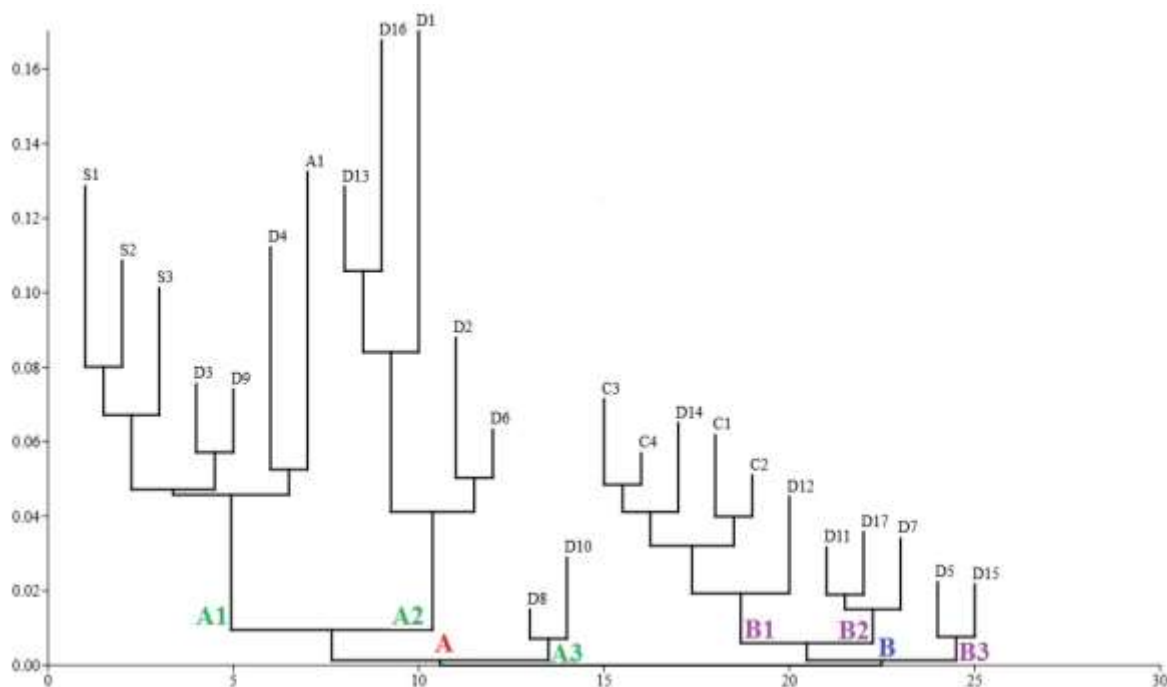
گروه اصلی اول (A) به سه زیرگروه (A1، A2 و A3) با هفت، پنج و دو عضو به‌ترتیب تقسیم شد. همان‌طور که از نمودار مشخص است، فاصله بین اعضای این زیرگروه‌ها بیشتر از فاصله بین اعضای گروه اصلی دوم است. همچنین، گروه اصلی دوم (B) به سه زیرگروه (B1، B2 و B3) با شش، سه و دو عضو به‌ترتیب تقسیم شد.

همان‌طور که از گروه‌بندی مشخص است، توزیع نمونه‌های بررسی‌شده الگوی خاصی را دنبال نمی‌کند. مطالعات روی مورفولوژی گیاه چای در مناطق مختلف کشت چای در ایران (خیای و همکاران، ۱۳۹۶b؛ Khiavi *et al.*, 2018a; Khiavi *et al.*, 2018b; Khiavi *et al.*, 2020) نیز نشان می‌دهد که توزیع نمونه‌ها الگوی خاصی ندارد، که دلیل اصلی آن منابع اولیه محدود گیاه چای وارداتی است.

خیای و همکاران (۱۳۹۶b) در بررسی تنوع گیاه چای در منطقه لاهیجان و اطراف آن به‌عنوان مرکز چای ایران، تفاوت محدودی بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی برگ گزارش کردند که می‌تواند به دلیل محدوده نمونه‌برداری محدود و تعداد کمتر ویژگی‌های بررسی‌شده در مطالعه آنها باشد. خیای و همکاران (Khiavi *et al.*, 2020) در مطالعه دیگری روی گیاه چای، از نشانگرهای مورفولوژیکی و مولکولی برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین آنها استفاده کردند. آنها گزارش کردند که هنگام استفاده از ویژگی‌های مورفولوژیکی، تنوع متوسطی و دامنه محدودی از تفاوت مشاهده شد. بر اساس نتایج مطالعه قبلی و نتایج به‌دست‌آمده در این مطالعه، می‌توان بیان کرد که میزان تفاوت به‌دست‌آمده در مجموعه داده‌های این مطالعه قابل قبول است.

همان‌طور که ذکر شد، ضریب فاصله گاور و روش همسایگی/شاخه‌نهایی برای طراحی خوشه با استفاده از نرم‌افزار PAST 4.03 به کار گرفته شد. همان‌طور که از دندروگرام (شکل ۴) مشاهده می‌شود، نمونه‌های بررسی‌شده به دو گروه اصلی (A و B) و شش زیرگروه (A1، A2، A3، B1، B2 و B3) تقسیم شدند. توزیع نمونه‌ها بین دو گروه

ارزیابی تنوع مورفولوژیکی برخی ژنوتیپ‌های چای در شمال ایران با استفاده از روش‌های آماری



شکل ۴- دندروگرام ۲۵ نمونه چای بر اساس فاصله‌های گاور ویژگی‌های مورفولوژیکی.

داده‌ها همچنین نشان می‌دهند که برخی از نمونه‌ها در هر گروه دارای تنوع‌های منحصربه‌فردی هستند و می‌توانند برای شناسایی ویژگی‌های استثنایی لازم برای تمایز نمونه‌ها استفاده شوند.

۴- نتیجه‌گیری کلی

بر اساس گزارش‌های قبلی و نتایج این مطالعه، می‌توان بیان کرد که بر اساس داده‌های مورفولوژیکی در ژرم پلاسما ایران، شناسایی نمونه‌ها با استفاده از این نشانگرها امکان‌پذیر است. بنابراین، اطلاعات مربوط به تنوع مورفولوژیکی باید برای برنامه‌های اصلاحی آینده و همچنین برای حفاظت مناسب از تنوع ژنتیکی در ژرم پلاسما سازگار شده مفید باشد. اگرچه برای تشخیص دقیق‌تر، ابزارهای دقیق‌تری مانند نشانگرهای مولکولی مورد نیاز است.

اگرچه تحلیل‌های مورفولوژیکی لزوماً تنوع ژنتیکی ژرم پلاسما چای را همان‌طور که توسط نشانگرهای بیوشیمیایی یا مولکولی نشان داده شده است، منعکس نمی‌کنند (Liyanage *et al.*, 2003)، تحلیل‌های حاضر از ویژگی‌های مورفولوژیکی مبنایی برای دسته‌بندی گسترده ژرم پلاسما چای فراهم می‌کند. تحلیل مؤلفه‌های اصلی (PCA) متغیرهایی را که بیشترین مشارکت را در تنوع فنوتیپی دارند شناسایی می‌کند، در حالی که خوشه‌بندی به گروه‌بندی نمونه‌ها بر اساس درجه رابطه آن‌ها با یکدیگر کمک می‌کند.

توصیف ژرم پلاسما بر اساس توصیف‌گرهای مورفولوژیکی همچنین می‌تواند برای ایجاد یک مجموعه هسته‌ای نماینده استفاده شود. تعداد نمونه‌های انتخاب‌شده برای هر خوشه ممکن است بر اساس وجود ویژگی‌های منحصربه‌فرد باشد که امکان حفظ ۱۰۰ درصد تنوع مورفولوژیکی شناخته‌شده در مجموعه هسته‌ای را فراهم می‌کند (Zewdie *et al.*, 2004).

تضاد و تعارض منافع - نویسندگان هر گونه تعارض و تضاد منافع اعم از تجاری و غیر تجاری و شخصی را که در ارتباط مستقیم یا غیر مستقیم با اثر منتشر شده است رد می‌نمایند.

فهرست منابع

- خیاوی، ش. ج.، آزادی گنبد، ر.، فلکرو، ک. و س. نصراله زاده. (۱۳۹۶a). بررسی تنوع ژنتیکی برخی ژنوتیپ‌های جمع آوری شده چای غرب مازندران با استفاده از نشانگرهای مورفولوژی، نخستین همایش ملی تولیدات گیاهان زراعی و باغی، گنبد کاووس، ایران، ۵ بهمن ۱۳۹۶.
- خیاوی، ش. ج.، پیشداد، آ.، محقق منتظری، م. و س. مظفری. (۱۳۹۶b). ارزیابی گوناگونی ژنتیکی در بین برخی ژنوتیپ‌های چای منطقه لاهیجان با استفاده از نشانگرهای مورفولوژی. نخستین کنفرانس بین المللی و دهمین کنفرانس کنگره ی ملی علوم باغبانی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران، ۱۳-۱۶ شهریور ۱۳۹۶.
- خیاوی، ش. ج.، فلکرو، ک.، چائی کار، ص.، رمزی، س. و الف. کهنه. (۱۳۹۸). کاربرد نشانگرهای مورفولوژی و ISSR جهت شناسایی برخی ژنوتیپ‌های چای. نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی، ۲۶ (۴)، ۱۴۷-۱۳۱.
- خیاوی، ش. ج.، فلکرو، ک. و و. ر. شادمند. (۱۳۹۷). گوناگونی ژنتیکی در بین برخی ژنوتیپ‌های چای ایران با استفاده از نشانگرهای مورفولوژی، اولین همایش ملی ایده‌های نوین در کشاورزی و منابع طبیعی، مغان، ایران، ۲۳ آبان ۱۳۹۷.
- Anonymous. (1997). Descriptors for Tea (*Camellia sinensis*), International Plant Genetic Resource Institute, Rome, Italy.
- Chaeikar, S.S., Falakro, K., Rahimi, M., Jahangirzadeh Khiavi, S., & Ashourpour, M. (2020). The investigation of genetic diversity based on SCoT markers, morphological, and chemical characters in tea (*Camellia sinensis* L.) clones. *Journal of Horticulture and Postharvest Research*, 3(2), 269-284.
- Chen LiAng, C. L., Yu FuLian, Y. F., & Tong QiQing, T. Q. (2000). Discussions on phylogenetic classification and evolution of Sect. *Thea*. 20(2), 89-94
- Chen, J., Wang, P., Xia, Y., Xu, M., & Pei, S. (2005). Genetic diversity and differentiation of *Camellia sinensis* L. (cultivated tea) and its wild relatives in Yunnan province of China, revealed by morphology, biochemistry and allozyme studies. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52(1), 41-52.
- Er Xu, P. I., Qiufa, P., Hongfei, L., Jingbo, S., Yueqiang, D., Feilai, H., & Hui, H. (2009). Leaf morphology and anatomy of *Camellia* section *Camellia* (Theaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 159(3), 456-476.
- Falakro, K., & Khiavi, S.J. (2020). Assessment of genetic diversity and relationships among tea genotypes in Iran based on RAPD and ISSR markers. *Journal of Horticulture and Postharvest Research*, 3(2), 209-220.
- Gunasekare, M. T. K., Arachchi, J. D. K., Mudalige, A. K., & Peiris, T. U. S. (2001). Morphological diversity of tea (*Camellia sinensis* L.) genotypes in Sri Lanka. *Proceedings of the 57th Annual Session of the Sri Lanka Association for the Advancement of Science (SLAAS)*, Sri Lanka, 83.
- Hu, C. Y., & Lin, S. F. (2004). Studies on the variations in leaf characters and DNA sequences of tea germplasm in Taiwan. Taipei, Taiwan: Master thesis, *National Taiwan University*.
- Kafkas, S., Ercişli, S., Doğan, Y., Ertürk, Y., Haznedar, A., & Sekban, R. (2009). Polymorphism and genetic relationships among tea genotypes from Turkey revealed by amplified fragment length polymorphism markers. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 134(4), 428-434.
- Khiavi, S. J., Hamidoghli, Y. O. U. S. E. F., Golein, B. E. H. R. O. Z., & Sabouri, A. T. E. F. E. H. (2016). Assessment of lime genetic diversity in three regions of Iran using morphological and ISSR markers. *Agricultural Communications*, 4(3), 18-29.
- Khiavi, S.J., Azadi Gonbad, R.O, & Falakro, K. (2020b). Identification of genetic diversity and relationships of some Iranian tea genotypes using SRAP markers. *Journal of Horticulture and Postharvest Research*, 3(1), 25-34.
- Liyanage, A. C., Sathyapala, S. K., & Gunsekera, M. T. K. (2003). Application of biotechnology for improvement of the tea crop in Sri Lanka. *Twentieth Century Tea Research in Sri Lanka. TRI, Sri Lanka*, 49-54.
- Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer research*, 27(2), 209-220.
- Martínez, L., Cavagnaro, P., Masuelli, R., & Rodríguez, J. (2003). Evaluation of diversity among Argentine grapevine (*Vitis vinifera* L.) varieties using morphological data and AFLP markers. *Electronic Journal of Biotechnology*, 6(3), 244-253.
- Meade, C., & Parnell, J. (2003). Multivariate analysis of leaf shape patterns in Asian species of the Uvaria group (Annonaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 143(3), 231-242.
- Moeller, M., Gao, L. M., Mill, R. R., Li, D. Z., Hollingsworth, M. L., & Gibby, M. (2007). Morphometric analysis of the *Taxus wallichiana* complex (Taxaceae) based on herbarium material. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 155(3), 307-335.

- Piyasundara, J. H. N., Gunasekare, M. T. K., & Wickramasinghe, I. P. (2008). Identification of discriminating morphological descriptors for characterization of tea (*Camellia sinensis* L.) germplasm in Sri Lanka.
- Piyasundara, J. H. N., Gunasekare, M. T. K., Peiris, T. U. S., & Wickramasinghe, I. P. (2006). Phenotypic diversity of Sri Lankan tea (*Camellia sinensis* L.) germplasm based on morphological descriptors.
- Plotze, R. D. O., Falvo, M., Pádua, J. G., Bernacci, L. C., Vieira, M. L. C., Oliveira, G. C. X., & Bruno, O. M. (2005). Leaf shape analysis using the multiscale Minkowski fractal dimension, a new morphometric method: a study with *Passiflora* (Passifloraceae). *Canadian Journal of Botany*, 83(3), 287-301.
- Rajanna, L., Ramakrishnan, M., & Simon, L. (2011). Evaluation of morphological diversity in South Indian tea clones using statistical methods. *Maejo International Journal of Science and Technology*, 5(1), 1-12.
- Ramakrishnan, M., Rajanna, L., Narayanaswamy, P., & Simon, L. (2009). Assessment of genetic relationship and hybrid evaluation studies in tea (*Camellia* sp.) by RAPD. *International Journal of Plant Breeding*, 3, 144-148.
- Rohlf, F.J. (2000). NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. version 2.1. Exceter Software. New York, USA. 75p.
- Roy, S. C. (2006). Karyotype analysis in three cultivated varieties of tea [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] for their characterization. *Journal of Phytological Research*, 19(2), 203-207.
- Shah, A., Li, D. Z., Möller, M., Gao, L. M., Hollingsworth, M. L., & Gibby, M. (2008). Delimitation of *Taxus* fuana Nan Li & RR Mill (Taxaceae) based on morphological and molecular data. *Taxon*, 57(1), 211-222.
- Sharma, V. S., & Venkataramani, K. S. (1974) The tea complex. I. Taxonomy of tea clones. In *Proceedings/Indian Academy of Sciences*, 80(4), 178-187.
- Su, M. H., Tsou, C. H., & Hsieh, C. F. (2007). Morphological comparisons of Taiwan native wild tea plant (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze forma *formosensis* Kitamura) and two closely related taxa using numerical methods. *Taiwania*, 52(1), 70-83.
- Toyao, T., & Takeda, Y. (1999). Studies on geographical diversity of floral morphology of tea plant (*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze) using the method of numerical taxonomy. *Chagyo Kenkyu Hokoku (Tea Research Journal)*, 1999(87), 39-57.
- Visser, T. (1976) Tea. In: Simmonds NW (ed) *Evolution of crop plants*. Longman, England
- Vo, T. D. (2007). Assessing genetic diversity in Vietnam tea [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] using morphology, inter-simple sequence repeat (ISSR) and microsatellite (SSR) markers. Georg-August University Goettingen. Department of Crop Science. 141 pp.
- Wickramaratne, M. R. T. (1981). Variation in some leaf characteristics in tea (*Camellia sinensis* L.) and their use in the identification of clones. *Tea Quarterly*, 50(4), 183-198.
- Zandkarimi, H., Talaie, A., Fatahi, R., Jaime, A., & da Silva, T. (2011). Evaluation of some lime and lemon accessions by using morphological characterization in hormozgan province (Iran). *Fresh Produce*, 5(1), 69-76.
- Zewdie, Y., Tong, N., & Bosland, P. (2004). Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51(2), 147-151.