Research Article

Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants Research

DOI: 10.22092/IJMAPR.2026.372388.3618

Vol. 42, No. 3, Page 474-496 (2026)

Ex situ phenological diversity and rate of reproductive part formation in 21 *Nepeta kotschyi* Boiss. populations

Najmeh Hadi[1*], Faezaeh Daryaei[2], Mahdi Yahyazadeh[2] and Samaneh Asadi-Sanam[2]

1*. Corresponding author, Medicinal Plants Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran, E-mail: n.hadi@rifr-ac.ir

2. Medicinal Plants Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran.

Received: 25/02/2026 Revised: 29/06/2026 Accepted: 10/08/2026

Abstract

Background and Objectives: Phenological studies are essential for developing agronomic management practices, production strategies, and plant breeding programs. *Nepeta* L. is one of the largest genera in the family Lamiaceae, and Iran is one of its major centers of origin and diversity. Given the importance of this genus and the reported biological activities of its specialized metabolites, investigating national germplasm collections is important for their future use in breeding and crop management programs. The present study investigates phenological diversity and the timing and rate of reproductive structure formation under *ex situ* conditions in 21 populations of *N. kotschyi* Boiss. This species was selected for potential breeding and cultivation based on previous research by the first author, which evaluated flowering shoot production in terms of rate and frequency, as well as the quantity and quality of its phytochemical compounds, including essential oil and phenolic compounds. The present study contributes to the broader research needed to support the future breeding and cultivation of this species.

Methodology: Twenty-one populations of *Nepeta kotschyi*, representing two varieties, var. *kotschyi* and var. *persica*, were cultivated in a field in western Tehran to minimize environmental effects on the evaluations. Phenological observations were conducted during the second year of cultivation, following the onset of growth in early March. The phenological stages assessed included vegetative growth, budding, three successive stages of bud development, and flowering. To quantify the rate of formation and development of reproductive structures, measurements were taken at two time points: Phase 1, 40 days after the onset of growth, and Phase 2, at the stage when more than 75% of the plants were flowering. The timing of Phase 2 was determined by recording the number of days elapsed since the onset of growth. At both phases, the average plant area and height were measured, and plant volume was estimated by multiplying these two measurements. The proportions of total plant volume occupied by vegetative and reproductive structures were then calculated for each phase. The rate of reproductive structure formation and development was calculated as the change in the proportion of reproductive structures between Phase 1 and Phase 2, divided by the number of days elapsed between the two phases. The resulting rate was expressed as a percentage per day (% day^{-1}). Cluster analysis was performed to identify the contributions of individual phenological traits to variation among populations, while principal component analysis (PCA) was used to characterize and group the populations based on their phenological traits.

Results: The results revealed significant differences among populations in the timing of growth and developmental stages, allowing them to be classified into three flowering groups: early-, intermediate-, and late-flowering populations. Although all populations were cultivated under the same environmental conditions, their distinct growth patterns suggest a substantial genetic contribution to the regulation of phenological development. The Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad (Kb and K), Ardakan 2, and Ardakan 3 populations were identified as the most promising

Copyright: © 2026 by the authors. This is an open access, peer-reviewed article published by Research Institute of Forests and Rangelands (http://ijmapr.areeo.ac.ir/) and distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (http://creativecommons.org/licenses/by/4.0), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

populations in terms of reproductive development, exhibiting the highest flowering percentages within the shortest periods. The occurrence of plants with markedly different flower colors and developmental stages within the same population, as observed in the Bafgh and Ardakan 3 populations, suggests the presence of considerable within-population diversity that could provide valuable genetic resources for future breeding programs. Cluster analysis classified the populations into four groups based on their phenotypic and phenological characteristics. Bootstrap analysis (100 replicates) supported the separation of the Isfahan and Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad populations from those originating from Yazd, Khorasan, and Chaharmahal and Bakhtiari. Populations in Groups 1 and 2 were characterized by early flowering, whereas Group 3 consisted of late-flowering populations. Group 4, which contained the largest number of populations, encompassed all three flowering patterns, with intermediate-flowering populations being the most prevalent. The results of principal component analysis (PCA) were consistent with those of cluster analysis. The first two principal components explained 82.49% of the total variation among the studied populations.

Conclusion: This study revealed structured variation in the growth patterns of *N. kotschyi* populations and provided a valuable basis for the systematic use of this diversity in agricultural, medicinal, and conservation programs. These findings can support the selection of superior genotypes for developing improved cultivars, the sustainable management and conservation of genetic resources, and the enhancement of cultivation productivity for this valuable medicinal plant.

Keywords: *Nepeta kotschyi*, cultivation, diversity, phenology, *ex situ*.

تنوع فنولوژیک و سرعت تشکیل بخش زایشی برون‌رویشگاهی ۲۱ جمعیت پونه‌سا (*Nepeta kotschyi* Boiss.)

نجمه هادی[۱*]، فائزه دریایی[۲]، مهدی یحیی‌زاده[۲] و سمانه اسدی‌صنم[۲]

۱*- نویسنده مسئول، استادیار، بخش تحقیقات گیاهان دارویی، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران، پست‌الکترونیک: n.hadi@rifr-ac.ir

۲- استادیار، بخش تحقیقات گیاهان دارویی، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۱۲/۰۶ تاریخ اصلاح نهایی: ۱۴۰۵/۰۴/۰۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۵/۱۹

چکیده

سابقه و هدف: مطالعه فنولوژی برای تنظیم برنامه‌های مدیریتی به‌زراعی، تولید و به‌نژادی گیاهان حائز اهمیت فراوان است. پونه‌سا (*Nepeta* L.) یکی از بزرگ‌ترین جنس‌های تیره نعناع و ایران یکی از خواستگاه‌های اصلی آن است. باتوجه به اهمیت این جنس و فعالیت‌های بیولوژیک گزارش‌شده از متابولیت‌های ثانویه آن، مطالعات مختلف روی موجودی ژرم‌پلاسم کشور از این جنس به‌منظور کاربرد آینده در برنامه‌های به‌نژادی و به‌زراعی آن مهم است. این پژوهش به بررسی تنوع فنولوژیک و سرعت تشکیل بخش زایشی برون‌رویشگاهی ۲۱ جمعیت از گونه *N. kotschyi*، گونه منتخب برای اصلاح و کشت براساس میزان و دفعات تولید سرشاخه گل‌دار و کمیت و کیفیت ترکیبات فیتوشیمیایی (اسانس و ترکیبات فنولیک)، می‌پردازد.

مواد و روش‌ها: ۲۱ جمعیت از گونه *N. kotschyi* از دو واریته var. *kotschyi* و var. *persica* در مزرعه‌ای در غرب تهران به‌منظور حذف اثر محیط در ارزیابی‌ها، کشت شدند. بررسی فنولوژی در سال دوم کشت، بعد از شروع رشد از اوایل اسفند انجام شد. مراحل مورد بررسی شامل مرحله رویشی و مرحله شروع غنچه‌دهی بود که غنچه‌ها در سه مرحله مختلف رشدی و شکوفایی بودند. برای اندازه‌گیری سرعت شکل‌گیری و توسعه بخش زایشی در فاصله زمانی شروع داده‌برداری (فاز۱: ۴۰ روز بعد از شروع رشد) و زمان برداشت (فاز۲: مرحله بالاتر از ۷۵ درصد گل‌دهی که با واحد تعداد روز بعد از شروع رشد مشخص شد)، میانگین سطح و ارتفاع گیاه در هر دو فاز ۱ و ۲ اندازه‌گیری شد. با ضرب کردن سطح و ارتفاع گیاه، حجم گیاه به‌دست آمد. سپس، اینکه چند درصد از حجم کل گیاه، رویشی و چند درصد زایشی است نیز در هر دو فاز محاسبه شد. در پایان، با مشخص شدن درصد زایشی از فاز۱ به فاز۲ و در نظر گرفتن تعداد روز بین دو فاز، سرعت شکل‌گیری و توسعه بخش زایشی گیاه در جمعیت‌ها (درصد در روز) به‌دست آمد. تجزیه خوشه‌ای برای تعیین نقش هریک از صفات فنولوژیک در ایجاد تنوع بین جمعیت‌ها و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای گروه‌بندی جمعیت‌ها از نظر صفات فنولوژیک استفاده شدند.

نتایج: یافته‌ها نشان داد، تفاوت‌های معناداری در زمان‌بندی مراحل رشدونمو بین جمعیت‌ها وجود دارد، به‌طوری‌که می‌توان آن‌ها را از نظر گل‌دهی به سه گروه زودرس، میان‌رس و دیررس طبقه‌بندی کرد. اگرچه تمامی جمعیت‌ها تحت شرایط یکسان کشت شدند، اما تفاوت در الگوی رشد آن‌ها نشان‌دهنده نقش پررنگ ژنتیک در تعیین ساعت بیولوژیکی گیاه است. جمعیت‌های *کهگیلویه و بویراحمد* (Kb و K)، *اردکان۲* و *اردکان۳* به‌عنوان کارآمدترین جمعیت‌ها شناسایی شدند، زیرا در کمترین زمان، به بالاترین درصد گل‌دهی رسیدند. وجود بوته‌هایی با رنگ و مرحله رشدی کاملاً متفاوت در درون یک جمعیت (مانند جمعیت‌های *بافق* و *اردکان۳*)، از وجود یک ذخیره ژنتیکی غنی و پنهان خبر داد که می‌تواند موتور محرکه برنامه‌های آینده اصلاح این گونه باشد. تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌ها را در چهار گروه ژنوتیپی قرار داد. با حمایت بوت‌استرپ ۱۰۰، جمعیت‌های *اصفهان* و *کهگیلویه و بویراحمد* از جمعیت‌های *یزد*، *خراسان* و *چهارمحال و بختیاری* جدا شدند. جمعیت‌های گروه‌های ژنوتیپی ۱ و ۲، زودرس و گروه ۳، دیررس بودند، اما در گروه ۴ که بیشترین تعداد جمعیت‌ها را داشت، از هر سه الگوی رشدی زودرس، دیررس و میان‌رس حضور داشت. جمعیت‌های میان‌رس بیشترین تعداد جمعیت در گروه ۴ را به خود اختصاص دادند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای یکدیگر را حمایت کردند. براساس

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول در مجموع ۸۲/۴۹ درصد تنوع موجود بین جمعیت‌های مورد بررسی را توجیه نمودند. **نتیجه‌گیری:** این مطالعه نه‌تنها تنوع ذاتی و ساختاریافته در الگوی رشد جمعیت‌های *N. kotschyi* را اثبات کرد، بلکه ابزار ارزشمندی برای بهره‌برداری هوشمند از این تنوع در برنامه‌های کشاورزی، دارویی و حفاظتی را فراهم آورد. استفاده از این داده‌ها می‌تواند به انتخاب ژنوتیپ‌های برتر برای توسعه ارقام بهبودیافته، مدیریت پایدار منابع ژنتیکی و افزایش بهره‌وری کشت این گیاه دارویی ارزشمند منجر شود.

واژه‌های کلیدی: پونه‌سای کوه‌دلو، کشت، تنوع، فنولوژی، برون‌رویشگاهی.

مقدمه

پونه‌سا (*Nepeta* L.)، یکی از بزرگ‌ترین جنس‌های تیره نعناع، متعلق به زیرتیره نپتوئیده (Nepetoideae) و طایفه منته (Mentheae) است (Pojarkova, 1954). این جنس به‌طور تقریبی ۴۰۰ گونه علفی چندساله و به‌ندرت یکساله دارد که بیشتر آن‌ها در بخش بزرگ‌تر اروپای مرکزی و جنوبی، خاور نزدیک، آسیای مرکزی و جنوبی و بعضی مناطق آفریقا گسترش دارند (نقل از Miceli, 2005). بیشترین تنوع و غنای گونه‌ها در دو منطقه آسیای جنوب‌غربی شامل ترکیه و ایران و رشته‌کوه‌های هیمالیای غربی شامل هیندوکوش وجود دارد. ایران به‌طور ویژه، یکی از خاستگاه‌های اصلی آن است (Pojarkova, 1954). این جنس در ایران دارای ۷۹ گونه است (Jamzad, 2013) که تعداد زیادی از آن‌ها (حدود ۷۷ درصد گونه‌ها) انحصاری هستند (Mozaffarian, 1998؛ Mozaffarian, 2013).

نپتالاکتون‌ها، فلاونوئیدها (Formisano *et al*., 2011) و اسیدهای فنولیک (Mišić *et al*., 2014) به‌عنوان متابولیت‌های ثانویه اصلی گونه‌های پونه‌سا و عامل اصلی ارزش دارویی و فعالیت‌های بیولوژیک آن‌ها گزارش شده‌اند. از گونه‌های پونه‌سا، بیشترین مطالعات روی *N. cataria* انجام شده است (Formisano *et al*., 2011). از آثار مهم درمانی این گونه می‌توان به ضدآلزایمر، ضدالتهاب مفاصل، ضدسرطان، ضدتشنج، ضدسرفه، توهم‌زا و مسکن اشاره کرد (Mozaffarian, 2013). گزارش‌های متعددی درباره بررسی فعالیت‌های بیولوژیک متابولیت‌های ثانویه جنس پونه‌سا وجود دارد که نشان‌دهنده اهمیت این جنس است. ازجمله فعالیت‌های بیولوژیک گزارش‌شده می‌توان به فعالیت روی سیستم عصبی مرکزی، فعالیت ضدباکتریایی، ضدقارچی، ضدویروسی، ضددرد، ضدالتهاب، آنتی‌اکسیدانی، سیتوتوکسیک، فیتوتوکسیک، ضد تصلب‌الشرائین، آرام‌بخشی اعصاب و جذب‌کنندگی گربه‌سانان و دورکنندگی حشرات اشاره نمود (Formisano *et al*., 2011).

عواملی که ممکن است کمیت و کیفیت متابولیت‌های ثانویه در یک گیاه دارویی را تحت تأثیر قرار دهند شامل گونه مورد استفاده، قسمت مورد استفاده گیاه، مراحل مختلف فنولوژیک، شرایط رشدی و عملیات مدیریتی کشت‌وکار، زمان برداشت، عملیات پس از برداشت و روش استخراج مواد مؤثره می‌باشد. مشخص کردن مراحل مختلف حیاتی گیاهان برای تنظیم برنامه‌های بهره‌برداری و استفاده صحیح از گیاهان دارویی حائز اهمیت فراوانی است (مؤلف).

تاب‌پذیری سازگاری مراحل زندگی یک گیاه در محیط جدید زندگی (برون‌رویشگاهی) موضوعی اجتناب‌ناپذیر است. زیرا تاب‌آوری و سازگاری یک گونه گیاهی دارویی هنگام انتقال از محیط طبیعی به مزرعه، اهلی‌سازی و کشت برون‌رویشگاهی، فرایندی پیچیده است که به عوامل ژنتیکی، اکولوژیکی و مدیریت کشت بستگی دارد. در این فرایند، گیاه باید با تغییرات محیطی (مانند خاک، آب، دما و رقابت با علف‌های هرز) سازگار شود تا بتواند رشد مطلوب و تولید متابولیت‌های ثانویه (مانند اسانس‌ها) را حفظ کند (مؤلف). به‌عنوان نمونه، پژوهشی در ایران (Rahimmalek *et al*., 2009) نشان داد که ژنوتیپ‌های مختلف پونه واکنش متفاوتی به شرایط کشت مزرعه‌ای دارند و برخی از آنها به‌طور ذاتی سازگاری بهتری نشان می‌دهند.

تغییر اقلیم (افزایش دما، تغییر الگوی بارش، افزایش CO_2 و گرمایش جهانی) می‌تواند مراحل فنولوژیک گیاهان دارویی

را تحت تأثیر قرار دهد و باعث تسریع یا تأخیر در جوانه‌زنی، گل‌دهی، میوه‌دهی و حتی تغییر ترکیبات مؤثره شود. در نتیجه، تغییرات مراحل فنولوژیک ممکن است نشانگر خوبی برای تغییرات اقلیمی باشند. برای نمونه، تسریع گل‌دهی به‌سبب افزایش دمای متوسط به‌میزان ۱/۵ تا ۲ درجه سانتی‌گراد در دهه گذشته، کوتاه‌تر شدن دوره رشد رویشی به‌دلیل کاهش بارش‌ها، تسریع مرحله زایشی به‌علت گرمایش زودرس بهاره، کاهش بذردهی به‌موجب کاهش رطوبت خاک و کاهش تیمول (تا ۲۰ درصد) و افزایش کارواکرول اسانس تحت تنش گرمایی و خشکی ازجمله تأثیرات تغییر اقلیم روی گیاه آویشن هستند (Sharifi Ashourabadi *et al*., 2018).

تغییرات فنولوژیک بر ترکیبات اسانس تأثیر می‌گذارد که برای اهداف دارویی یا صنعتی (مانند عطرسازی) حیاتی است. مراحل مختلف رشد گیاه (فنولوژی) مانند رشد رویشی، گل‌دهی و بذردهی می‌توانند تأثیر چشمگیری بر کمیت و کیفیت مواد مؤثره در گیاهان دارویی به‌ویژه در خانواده نعناعیان، داشته باشند. این تغییرات به‌ویژه در ترپنوئیدها مانند منتول، کارواکرول و تیمول مشهود است. در همین راستا، نتایج تحقیق Mahdavi و همکاران (۲۰۱۴) بر روی گیاه کاکوتی کوهی نشان داد که در مرحله قبل از گل‌دهی، ۱۳ ترکیب، ۹۴/۲ درصد حجم اسانس و در مرحله بعد از گل‌دهی، ۲۶ ترکیب، ۹۶/۳ درصد حجم اسانس را تشکیل دادند. بازده اسانس در مرحله قبل از گل‌دهی، ۰/۲۷ درصد و در مرحله گل‌دهی، ۰/۳۲ درصد به‌دست آمد. پولگون به‌عنوان ترکیب اصلی، در مرحله بعد از گل‌دهی افزایش یافت و ترکیبات مشترک و شاخص این گیاه در دو مرحله رشد، پی منتا ۳ ان–۸ اُل، ۱و۸–سینئول، نئومنتول، آلفاپینن و سابینن بودند.

با توجه به اهمیت جنس پونه‌سا و متابولیت‌های ثانویه آن، پژوهشی به‌منظور ارزیابی فیتوشیمیایی و مولکولی برخی جمعیت‌های این جنس در ایران، به‌منظور کاربردهای آینده در برنامه‌های به‌نژادی و برنامه‌های کشت و اهلی‌سازی، انجام شد (Hadi, 2015). در بخش اول پژوهش Hadi (۲۰۱۵)، تنوع اسانس ۳۱ جمعیت از گونه‌های *Nepeta kotschyi*، *N. cataria*، *N. menthoides* و دو جمعیت از گونه *N. crassifolia* ارزیابی شد. جمعیت‌های *N. kotschyi* شامل دو واریته *N. kotschyi* var. *persica* و *N. kotschyi* var. *kotschyi* بودند. جمعیت‌ها تحت شرایط زراعی مشابه کشت شدند. بیشترین و کمترین درصد اسانس به‌ترتیب در *N. cataria* و *N. kotschyi* به‌دست آمد. جمعیت‌های *مرکزی* از *N. cataria* (۲/۵٪)، *بویراحمد۲* و *بویراحمد۱* از *N. kotschyi* var. *kotschyi* (۰/۷٪–۰/۵)، *بهاباد*، *اردکان۳*، *یزد۲* و *یزد۱* از *N. kotschyi* var. *persica* (۰/۵٪–۰/۴)، *بروجن* از *N. menthoides* (۱/۱٪) و *گیلان* از *N. crassifolia* (۰/۷٪)، بیشترین بازده اسانس را نسبت به سایر جمعیت‌ها در هر گونه داشتند. براساس ترکیب(های) غالب اسانس، در جمعیت‌های *N. kotschyi*، سه کموتایپ اصلی **a**: حاوی نپتالاکتون I (۴a–آلفا، ۷–آلفا، ۷a–آلفا نپتالاکتون)، **b**: حاوی نپتالاکتون II (۴a–آلفا، ۷–آلفا، ۷a–بتا نپتالاکتون) و کوبنول و **c**: حاوی ژرانیل استات و کوبنول، شناسایی شدند. جمعیت‌های *سمیرم* و *تفت۵* در کموتایپ b، *تفت۴* در کموتایپ c و بقیه جمعیت‌ها در کموتایپ a قرار گرفتند. در *N. cataria*، نپتالاکتون II، در *N. menthoides*، دو جزء ۸،۱–سینئول و نپتالاکتون II و در *N. crassifolia*، سه جزء نپتالاکتون I، ۸،۱–سینئول و نپتالاکتون II، ترکیب(های) غالب اسانس را تشکیل دادند. بیشترین میزان نپتالاکتون در اسانس، در *N. cataria* (۹۹/۱٪–۹۷/۸) و *N. kotschyi* var. *kotschyi* (۹۴/۳٪–۹۳/۵) به‌دست آمد. در تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌های *N. kotschyi* var. *persica* از جمعیت‌های *N. kotschyi* var. *kotschyi* متمایز شدند. همچنین، سه جمعیت کموتایپ‌های b و c در یک گروه مجزا از جمعیت‌های کموتایپ a جای گرفتند. نتایج، کارآمدی ترکیبات اسانس در تمایز گونه‌ها، تعیین روابط درون و بین گونه‌ها و نیز تفکیک واریته‌های *N. kotschyi* را به اثبات رساند (Hadi *et al*., 2016; 2018).

در بخش دوم پژوهش Hadi (۲۰۱۵)، برای اولین‌بار تجزیه کمّی ۱۰ ترکیب فنولی هدف با استفاده از روش UHPLC/-HESI-MS/MS در عصاره متانولی جمعیت‌ها انجام شد. آپیجنین، فلاونوئید غالب در *N. kotschyi*، *N. menthoides* و *N. crassifolia* به‌دست آمد، در حالی

که لوتئولین، فلاونوئید عمده در *N. cataria* بود. اسید رزمارینیک در *N. cataria*، *N. menthoides* و *N. crassifolia* و اسیدهای کلروجنیک ۱ و ۲ و مشتق ناشناخته اسید کافئیک در *N. kotschyi*، اسید(های) فنولیک غالب عصاره‌ها بودند. *N. kotschyi* و *N. menthoides* پروفایل‌های ترکیبات فنولی منحصربه‌فردی را نشان دادند و به‌ترتیب محتوی بیشترین سطح اسیدهای فنولیک یا فلاونوئیدها بودند. نتایج، کارآمدی ترکیبات فنولی هدف در تمایز گونه‌ها و تعیین روابط درون و بین گونه‌ها را نشان داد (Hadi *et al*., 2017). همچنین، بررسی خواص ضدباکتری و ضدقارچی عصاره متانولی این گونه‌ها نشان داد، گونه *N. kotschyi* به‌دلیل پروفایل منحصربه‌فرد ترکیبات فنولی، در بین گونه‌ها برتر است. نتایج این بررسی حکایت از اثر ضدمیکروبی قوی و امیدوارکننده عصاره متانولی این گونه‌ها به‌ویژه *N. kotschyi* بود که می‌توانند به‌عنوان گزینه‌ای طبیعی و ایمن در مبارزه با میکروارگانیسم‌های بیماری‌زا مورد توجه قرار گیرند (Hadi *et al*., 2023). در بخش سوم پژوهش Hadi (۲۰۱۵)، بررسی تنوع ژنتیک بین- و درون‌جمعیتی در *N. kotschyi* با استفاده از ۱۱ آغازگر رپید با الگوی نواربندی و چندشکلی مناسب انجام شد. در تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌های واریته کوتسچی از جمعیت‌های واریته پرسیکا جدا شدند. ۳۲ درصد از کل تنوع، به بین جمعیت‌ها و ۶۸ درصد به درون جمعیت‌ها تعلق گرفت. نتایج حکایت از کارایی خوب نشانگرهای رپید در گروه‌بندی و ارزیابی تنوع بین و درون جمعیت‌ها و تفکیک واریته‌های *N. kotschyi* داشت (Hadi *et al*., 2020). آزمون منتل، همبستگی ماتریس فاصله اجزای اسانس و ترکیبات فنولی و همبستگی ماتریس فاصله ترکیبات فنولی و نشانگرهای رپید *N. kotschyi* را معنی‌دار نشان داد. در کل، با توجه به نتایج پژوهش Hadi (۲۰۱۵)، *N. kotschyi* با در نظر گرفتن کمیت و کیفیت اسانس و ترکیبات فنولی، اولویت اول اصلاحی را در بین گونه‌های مورد مطالعه به‌خود اختصاص داد. در این گونه، جمعیت‌های *یزد۱*، *یزد۲* و *بهاباد* از واریته پرسیکا و *بویراحمد۱* و *بویراحمد۲* از واریته کوتسچی نسبت به سایر جمعیت‌ها برتر بودند. ارزیابی مولکولی با استفاده از نشانگر رپید، جمعیت‌های *یزد۱*، *یزد۲* و *بهاباد* را در یک گروه ژنوتیپی قرار داد.

در ادامه بررسی‌ها، در این پژوهش، تنوع برون‌رویشگاهی ۲۱ جمعیت از *N. kotschyi* به‌عنوان گونه منتخب اصلاحی پژوهش Hadi (۲۰۱۵)، با استفاده از نشانگر فنولوژی گزارش می‌شود. همچنین، سرعت شکل‌گیری و توسعه بخش زایشی گیاه در جمعیت‌ها در منطقه کشت مورد مقایسه قرار می‌گیرد. در این پژوهش، بررسی فنولوژی با هدف ارزیابی تفاوت جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر زمان تکمیل رشد رویشی و شروع رشد زایشی، سرعت پیشرفت رشد زایشی از شروع تشکیل غنچه تا زمان آماده شدن برای برداشت سرشاخه‌های گل‌دار و زمان شروع دوباره رشد رویشی در سال دوم و بررسی تفاوت زمانی مراحل فنولوژی گیاه در سال دوم نسبت به سال اول انجام شد. دانستن این اطلاعات، افزون بر اینکه تفاوت جمعیت‌ها نسبت به یکدیگر را آشکار می‌سازد، به کشاورز و به‌نژادگر امکان مدیریت بهینه و به‌موقع عملیات کاشت، داشت و برداشت را می‌دهد. برای نمونه، تعیین بهترین زمان(های) حذف علف‌های هرز، آبیاری یا عدم آبیاری، برداشت و گرده‌افشانی‌های هدفمند در دورگ‌گیری‌های اصلاحی امکان‌پذیر می‌شود. بررسی فنولوژی گونه‌های گیاهی ابعاد مختلفی دارد و امروزه به‌عنوان یک شاخه علمی مهم مطرح است. ارتباط آن با اکولوژی، درک اکولوژی، مقابله با تغییرات اقلیمی و شرایط آب‌وهوایی، پیش‌بینی مراحل تولید در محیط‌های زندگی جدید برای گیاه از جنبه‌های مختلف قابل بررسی در علم فنولوژی هستند. اما آنچه مدنظر این پژوهش بوده، جمع‌آوری بخش مهمی از اطلاعات جمعیت‌های گونه گیاهی مورد بررسی، به‌عنوان یکی از گونه‌های منتخب جنس نپتا برای ورود به برنامه‌های اصلاح و کشت و اهلی‌سازی این جنس در ایران بوده است.

مواد و روش‌ها

بذر ۲۱ جمعیت از گونه *N. kotschyi* (جدول ۱) از دو واریته var. *kotschyi* و var. *persica* (شکل ۱) از بانک ژن

مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور تهیه شد. به‌منظور حذف اثر محیط در ارزیابی‌ها، جمعیت‌های مورد مطالعه، در مزرعه‌ای در غرب تهران (جدول‌های ۲ و ۳) کشت شدند. برای تولید دانهال، بذرها در بستر ۶۰ درصد پیت‌ماس و ۴۰ درصد پرلیت در گلخانه کشت گردیدند. دو هفته قبل از انتقال دانهال‌ها به مزرعه، گلدان‌ها به بیرون از گلخانه منتقل شدند تا به‌تدریج به شرایط آب‌وهوایی بیرون از گلخانه سازگار شوند. نقشه کشت دانهال‌ها در مزرعه در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه بلوک اجرا شد. دانهال‌ها با فاصله ۵۰ (بین گیاه‌ها روی ردیف) در ۸۰ (بین ردیف‌های کشت) سانتی‌متر و فاصله بین بلوک‌ها یک متر بود. آبیاری به‌صورت جوی و پشته‌ای و حذف علف‌های هرز، دستی انجام شد. در هر بلوک از هر جمعیت ۲۱ گیاه کشت شد و دو گیاه ابتدا و انتهای ردیف کشت در ارزیابی‌ها استفاده نشدند.

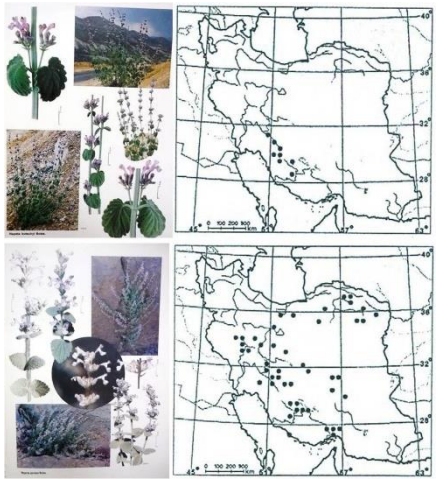
بررسی فنولوژی در سال دوم کشت، بعد از شروع رشد از اوایل اسفند انجام گردید. فازهای مورد بررسی شامل ۱- رویشی، ۲- شروع غنچه‌دهی (غنچه‌ها در مرحله آغازین دیده شدن)، ۳- غنچه‌ها در مرحله متوسط رشدی، ۴- غنچه‌ها در مرحله متوسط کمی متمایل به مرحله پیشرفته رشدی، ۵- غنچه‌ها در مرحله پیشرفته یعنی زمانی که کاملاً متورم شده‌اند و اندکی رنگ گلبرگ‌ها قابل مشاهده است و نزدیک به مرحله شکوفایی هستند و ۶- مرحله دیده شدن گل و شکوفایی بودند (شکل ۲). سطح بوته به چهار قسمت تقسیم شد (شکل ۳) و درصدها به‌صورت چشمی توسط یک بازدیدکننده یادداشت شد (بیش از ۷۵ درصد بوته‌ها در یک جمعیت و بیش از ۷۵ درصد حجم گیاه در بوته در درصد فنولوژی ثبت شده بودند = درصد غالب). به این صورت که چند درصد از ساقه‌های برآمده بر روی گیاه (یا در گیاه) در فاز رشدی موردنظر هستند. این ریزکردن فازها می‌تواند گویای تفاوت فازهای رشدی جمعیت‌ها باشد.

جدول ۱- اطلاعات جمعیت‌های گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) مورد مطالعه (تهیه‌شده از بانک ژن منابع طبیعی، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، تهران، ایران)

Table 1. Information of studied *Nepeta kotschyi* populations obtained from Gene Bank of Natural Resources, Research Institute of Forests and Rangelands (RIFR), Tehran, Iran

Species	Population origin	Population code
N. kotschyi Boiss. var. *persica*	15908, Ardakan, Yazd, Iran	Ya1
	15857, Ardakan, Yazd, Iran	Ya2
	13040, Ardakan, Yazd, Iran	Ya3
	15852, Ardakan, Yazd, Iran	Ya4
	15853, Taft, Yazd, Iran	Yt1
	13061, Taft, Yazd, Iran	Yt2
	15827, Taft, Yazd, Iran	Yt3
	10350, Taft, Yazd, Iran	Yt4
	21048, Taft, Yazd, Iran	Yt5
	15828, Taft, Yazd, Iran	Yt6
	15850, Mehriz, Yazd, Iran	Ym
	21027, Saduq, Yazd, Iran	Ys
	21035, Bafq, Yazd, Iran	Ybaf
	21039, Behabad, Yazd, Iran	Ybeh
	18697, Yazd, Yazd, Iran	Yy1
	18695, Yazd, Yazd, Iran	Yy2
	28272, Semirom, Isfahan, Iran	Is
	25740, Khorasan, Khorasan, Iran	KH
	29556, Chelgard, Chaharmahal and Bakhtiari, Iran	CHc
N. kotschyi Boiss. var. *kotschyi*	31955, Buyer-ahmad, Kohgiluyeh and Buyer-ahmad, Iran	Kb
	29231, Buyer-ahmad, Kohgiluyeh and Buyer-ahmad, Iran	K

Botanical certification of the plant materials was performed by National Herbarium (TARI) of RIFR.



شکل ۱- مشخصات ظاهری (Ghahreman, 1996) و انتشار جغرافیایی گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*) (Jamzad, 2013)؛ واریته ***kotschyi*** (تصویر ردیف اول) و واریته ***persica*** (تصویر ردیف دوم)

Figure 1. Morphological characteristics (Ghahreman, 1996) and geographic distribution of *Nepeta kotschyi* (Jamzad, 2013); var. *kotschyi* (first row image) and var. *persica* (second row image)

جدول ۲- خصوصیات محل کشت و استقرار جمعیت‌های گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) مورد مطالعه

Table 2. Characteristics of cultivation and establishment field location of studied *Nepeta kotschyi* populations

Location	Longitude (E)	Latitude (N)	Altitude (m)	Annual mean temperature (°C)	Annual mean humidity (%)	Annual precipitations (mm)	Annual mean number of sunny hours
Western Tehran	51° 08'	35° 43'	1215	18.1	36.4	132.4	254.3

جدول ۳- خصوصیات فیزیکی و شیمیایی خاک محل کشت و استقرار جمعیت‌های گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) مورد مطالعه

Table 3. Chemophysical characteristics of cultivation and establishment field soil of studied *Nepeta kotschyi* populations

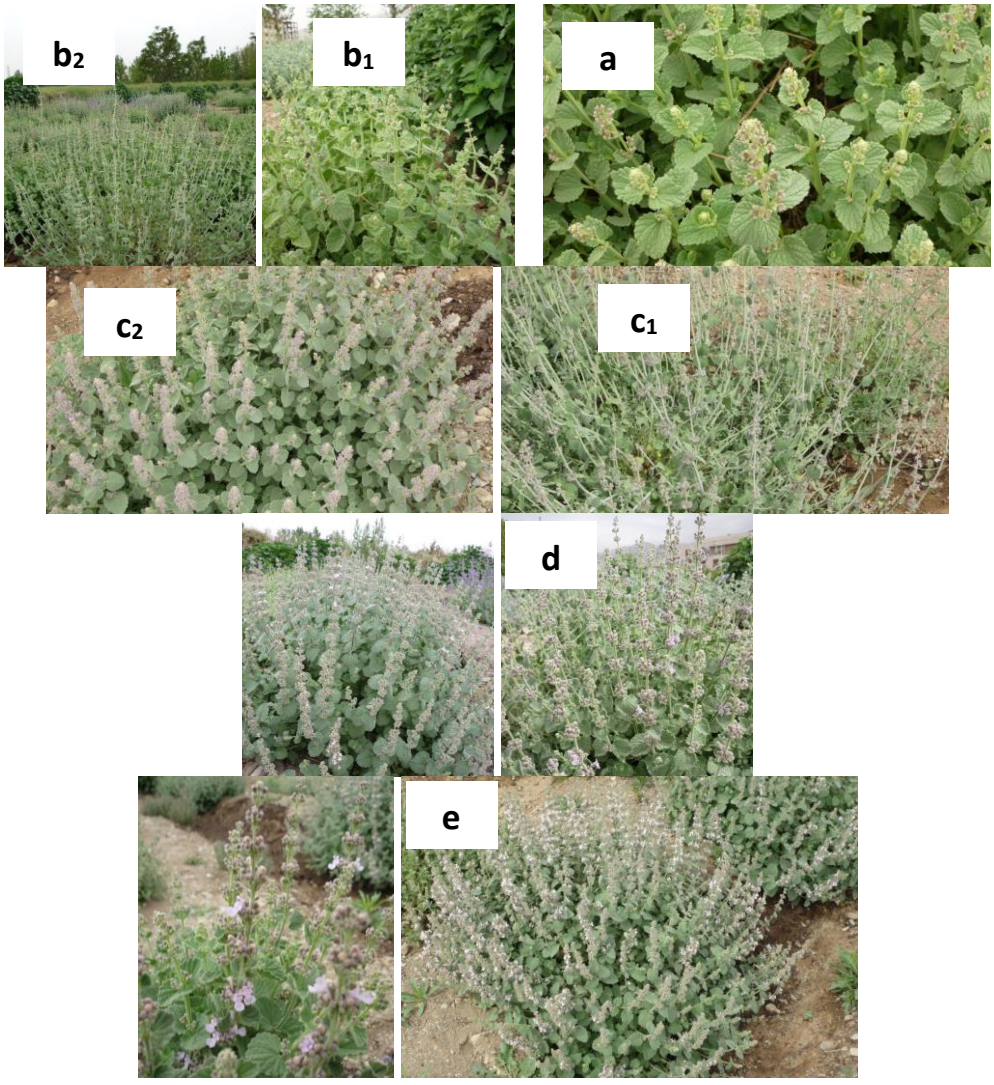
Soil sample	Texture	Organic carbon (%)	Organic matter (%)	pH	EC	N (%)	P (ppm)	K (ppm)	Fe (ppm)	Mn (ppm)	Cu (ppm)	Mg (ppm)	Zn (ppm)
Soil from	Sandy Loamy	1.6	2.7	7.9	0.6	0.2	53	478	4.5	10.2	0.9	344	1.4
Soil from	Loamy Sandy	1.6	2.8	7.9	0.6	0.2	48	504	5.4	12.1	0.4	348	1.4

Physical and chemical characteristics of the soil were analysed by Babol Edaphology Laboratory (Iran).

برای اندازه‌گیری سرعت شکل‌گیری و توسعه بخش زایشی در فاصله زمانی شروع داده‌برداری مراحل فنولوژیک و زمان برداشت، میانگین سطح (سطح مستطیلی = طول در عرض) و ارتفاع گیاه برای جمعیت‌ها در هر دو فاز ۱ (**ph1**: شروع داده‌برداری مراحل فنولوژیک که ۴۰ روز بعد از شروع رشد در سال دوم کشت بود) و ۲ (**har2**: زمان برداشت در مرحله بالاتر از ۷۵ درصد گل‌دهی در سال دوم کشت که با واحد تعداد روز بعد از شروع رشد مشخص شد) در سال دوم کشت محاسبه شد. ارتفاع گیاه در دو حالت اندازه‌گیری شد: ۱- ارتفاع بخش رویشی و ۲- ارتفاع کل گیاه با در نظر گرفتن گل‌آذین‌های برآمده از حجم رویشی گیاه. با ضرب کردن سطح و ارتفاع گیاه در جمعیت‌ها، حجم گیاه در دو حالت ۱- حجم کل گیاه و ۲- حجم رویشی گیاه به‌دست آمد. سپس، اینکه چند درصد از حجم کل گیاه، رویشی است و چند درصد از حجم کل گیاه، زایشی است نیز در هر دو فاز محاسبه شدند. در پایان، با مشخص شدن درصد

زایشی از فاز ۱ به فاز ۲ و در نظر گرفتن تعداد روز بین دو فاز، سرعت شکل‌گیری و توسعه بخش زایشی گیاه در جمعیت‌ها در فاصله فازهای ۱ و ۲ (درصد در روز) به‌دست آمد.

تجزیه خوشه‌ای برای تعیین نقش هریک از صفات فنولوژیک در ایجاد تنوع بین جمعیت‌ها و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای گروه‌بندی جمعیت‌ها از نظر صفات فنولوژیک استفاده شدند. به‌منظور تعیین قابل‌اعتماد بودن خوشه‌بندی، تجزیه بوت‌استرپ با ۱۰۰۰ تکرار با محاسبه مقدار عددی ضریب بوت‌استرپ انجام گردید. تجزیه آماری داده‌ها با نرم‌افزار PAST (v.1.89) (Hammer *et al*., 2001) انجام شد. داده‌های مورد استفاده برای تجزیه‌های چندمتغیره، کدهای اختصاص داده‌شده به دامنه‌های عددی درصد مراحل فنولوژیک شامل کدهای ۰، ۱ (۱۰-۱ درصد)، ۲ (۲۰-۱۱ درصد)، ۳ (۳۰-۲۱ درصد)، ۴ (۴۰-۳۱ درصد)، ۵ (۵۰-۴۱ درصد)، ۶ (۶۰-۵۱ درصد)، ۷ (۷۰-۶۱ درصد)، ۸ (۸۰-۷۱ درصد)، ۹ (۹۰-۸۱ درصد) و ۱۰ (۱۰۰-۹۱ درصد) بودند.



شکل ۲- تقسیم‌بندی مراحل فنولوژیک از غنچه تا گل در گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***)

Figure 2. Division of phenological stages from bud to flower in *Nepeta kotschyi* species

a: flower bud at the initial growth stage, b: flower bud at the middle growth stage (b_1: var. *persica* and b_2: var. *kotschyi*), c: flower bud at the middle toward advanced growth stage (c_1: var. *kotschyi* and c_2: var. *persica*), d: flower bud at the advanced growth stage when they are fully swollen and a little color of the petals is visible and they are close to the blooming stage, and e: flower.



شکل ۳- تقسیم سطح بوته در گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*) به چهار قسمت برای ثبت درصد فازهای فنولوژیک
Figure 3. Division of plant surface in *Nepeta kotschyi* into four parts to record phenological phases percentage

نتایج

جدول ۴ تنوع فنولوژی ۲۱ جمعیت گیاه دارویی پونه‌سای کوه‌دلو (*N. kotschyi*) را خارج از رویشگاه‌های طبیعی در یک مزرعه (یک محل کشت) نشان می‌دهد. براساس داده‌های این جدول جمعیت‌ها را می‌توان به‌شرح زیر طبقه‌بندی کرد.

۱. جمعیت‌های زودرس: این جمعیت‌ها سریع‌تر از فاز رویشی خارج شده و به مراحل زایشی (غنچه و گل) رسیدند. در تاریخ اول، درصد کمی از گیاهان این جمعیت‌ها در فاز رویشی بودند و در تاریخ دوم، درصد بالایی از آنها در مراحل پیشرفته غنچه یا گل‌دهی قرار داشتند. جمعیت‌های شاخص این گروه، Ybaf (**ph2**: ۷۱/۷٪Budad + ۱۷/۲٪Flo)، CHc (**ph2**: ۵۸/۸٪Budad + ۴۱/۳٪Flo)، K (**ph2**: ۱۰۰٪Budad)، Is (**ph2**: ۱۰۰٪Budad) و Ya3 (**ph2**: ۸۰٪Budad + ۳/۳٪Flo) هستند.

۲. جمعیت‌های دیررس: این جمعیت‌ها کندتر از فاز رویشی خارج شده و مدت بیشتری در مراحل اولیه رشد زایشی باقی ماندند. در تاریخ اول، درصد بالایی از گیاهان این جمعیت‌ها در فاز رویشی بودند و در تاریخ دوم، درصد قابل‌توجهی از آنها هنوز در مراحل اولیه غنچه (Budstart و Budmed) قرار داشتند. جمعیت‌های شاخص این دسته به شرح ذیل هستند.

KH: در ph1، ۱۰۰ درصد در فاز رویشی بود که نشان‌دهنده تأخیر زیاد در ورود به فاز زایشی است. پیشرفت مرحله زایشی در این جمعیت در ph2 بسیار نامتعادل بود، به این صورت که ۳۳/۸ درصد در مرحله Budstart، ۳۳/۳ درصد در مرحله Budmedad و ۲۹/۲ درصد در مرحله Budad بود. این موضوع می‌تواند نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی درون خود این جمعیت باشد.

Yt4: در ph1، ۹۶/۷ درصد در فاز رویشی و در ph2، ۵۲/۹ درصد در مرحله Budmed و ۲۷/۲ درصد در مرحله Budstart بود. این جمعیت در ph2، ۱/۱ درصد نیز گل‌دهی داشت.

Ym: در ph1، ۹۳/۱ درصد در فاز رویشی و در ph2، ۷۸/۹ درصد در مرحله Budad بود. این جمعیت در ph2، ۱/۲ درصد نیز گل‌دهی داشت.

Ya1: در ph1، ۹۸/۶ درصد در فاز رویشی و در ph2، ۴۹/۷ درصد در مرحله Budstart و ۴۲/۳ درصد در مرحله Budmed بود. این جمعیت در ph2، ۰/۴ درصد نیز گل‌دهی داشت.

Ybeh: در ph1، ۹۱/۳ درصد در فاز رویشی و در ph2، ۶۶/۳ درصد در مرحله Budad بود. این جمعیت در ph2، ۰/۶ درصد نیز گل‌دهی داشت.

Yy2: در ph1، ۹۵/۷ درصد در فاز رویشی و در ph2، ۶۱/۹ درصد در مرحله Budad و ۲۶/۵ درصد در مرحله Budmed بود. این جمعیت در ph2، ۰/۲ درصد نیز گل‌دهی داشت.

۳. جمعیت‌های میان‌رس: این جمعیت‌ها با الگوی رشد

متوسط بین دو گروه زودرس و دیررس قرار گرفتند: در تاریخ اول، ترکیبی از فاز رویشی و مراحل اولیه غنچه نشان دادند و در تاریخ دوم، پیشرفت قابل‌توجهی به سمت مراحل پیشرفته غنچه داشتند. جمعیت‌های شاخص این دسته، Yt1 (**ph1**: ۵۱/۹٪Veg؛ **ph2**: ۶۴/۶٪Budad + ۱۶/۷٪Flo)، Yt3 (**ph1**: ۳۳/۹٪Veg؛ **ph2**: ۶۴/۸٪Budad + ۸٪Flo)، Ys (**ph1**: ۷۱/۹٪Veg؛ **ph2**: ۸۴/۲٪Budad + ۱۴/۲٪Flo) و Yy1 (**ph1**: ۶۷/۸٪Veg؛ **ph2**: ۸۲/۹٪Budad + ۳/۸٪Flo) هستند.

جدول ۴- درصد مراحل فنولوژیک برون‌رویشگاهی در ۲۱ جمعیت گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) در دو تاریخ داده‌برداری

Table 4. *Ex situ* phenological stages percentage in 21 *Nepeta kotschyi* populations on two dates of data collection

Population	Veg ph1	Veg	Budstart	Budstart	Budmed	Budmed	Budmedad	Budmedad	Budad	Budad	Flo ph	Flo ph
Ya1	98.6	0.0	1.5	49.7	0.0	42.3	0.0	4.3	0.0	3.4	0.0	0.4
Ya2	83.3	12.	16.7	3.2	0.0	25.2	0.0	10.9	0.0	48.3	0.0	0.0
Ya3	29.1	0.0	53.6	1.3	13.6	15.3	0.0	0.0	3.8	80.0	0.0	3.3
Ya4	50.6	5.6	22.3	7.2	16.1	23.4	0.0	5.0	0.0	43.4	0.0	4.5
Yt1	51.9	0.0	31.4	8.7	14.7	10.1	0.4	0.0	1.8	64.6	0.0	16.
Yt2	59.2	0.0	35.6	18.9	5.3	9.7	0.1	59.7	0.0	7.3	0.0	4.5
Yt3	33.9	0.0	57.2	5.9	8.8	17.0	0.0	4.5	0.3	64.8	0.0	8.0
Yt4	96.7	0.9	3.1	27.2	0.3	52.9	0.0	8.4	0.0	9.7	0.0	1.1
Yt5	72.1	0.0	21.6	4.0	6.4	15.8	0.0	1.6	0.0	75.4	0.0	3.5
Yt6	65.1	0.0	5.0	8.1	11.5	19.6	6.0	23.4	12.5	41.7	0.0	7.5
Ym	93.1	0.0	7.0	4.0	0.0	16.0	0.0	0.0	0.0	78.9	0.0	1.2
Ys	71.9	0.0	24.2	0.4	3.9	1.4	0.0	0.0	0.0	84.2	0.0	14.
Ybaf	16.7	0.0	44.5	0.0	27.8	0.0	0.0	0.0	0.0	71.7	0.0	17.
Ybeh	91.3	5.6	8.8	12.2	0.0	15.3	0.0	0.0	0.0	66.3	0.0	0.6
Yy1	67.8	0.0	19.2	4.3	10.3	9.0	0.0	0.0	2.8	82.9	0.0	3.8
Yy2	95.7	2.2	4.3	9.3	0.0	26.5	0.0	0.0	0.0	61.9	0.0	0.2
Is	50.0	0.0	50.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
KH	100.	0.0	0.0	33.8	0.0	3.8	0.0	33.3	0.0	29.2	0.0	0.0
CHc	4.7	0.0	76.6	0.0	4.2	0.0	2.1	0.0	12.5	58.8	0.0	41.
Kb	85.3	0.0	11.5	0.0	0.0	0.0	3.4	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0
K	0.0	0.0	63.9	0.0	2.8	0.0	33.3	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0

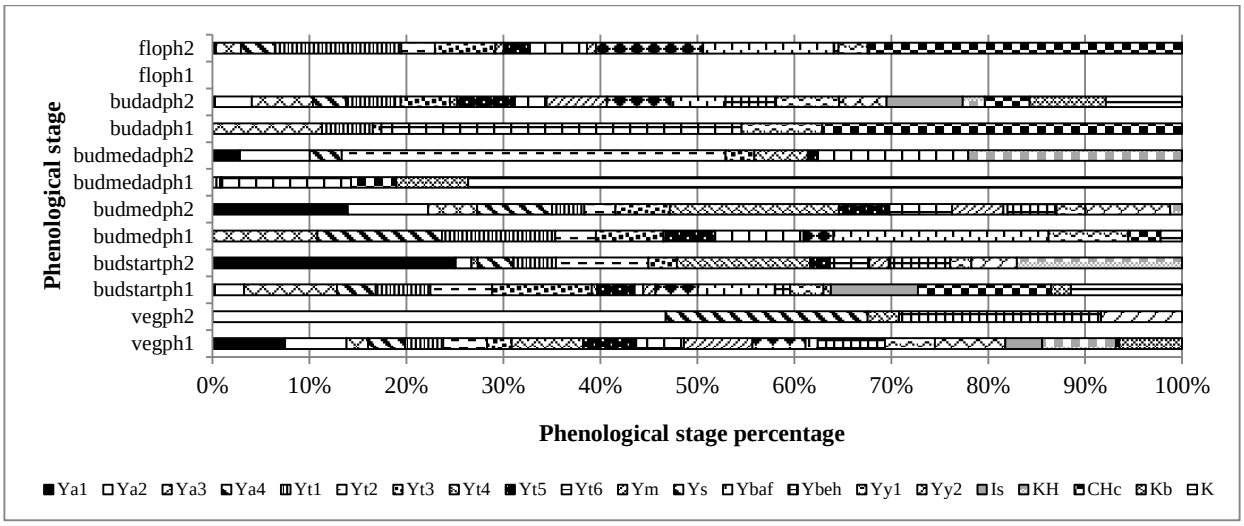
ph_1: start of phenology data collecting (40 days after the start of growth) at the second cultivation year, ph_2: the second time for phenology data collecting (54 days after the start of growth) at the second cultivation year, veg: vegetative part (%), budstart: flower bud at the initial growth stage (%), budmed: flower bud at the middle growth stage (%), budmedad: flower bud at the middle toward advanced growth stage (%), budad: flower bud at the advanced growth stage (%) when they are fully swollen and a little color of the petals is visible and they are close to the blooming stage, flo: flower (%).

شکل ۴ یک نمودار میله‌ای انباشته است که داده‌های جدول ۴ را به‌صورت گرافیکی و بسیار گویا نمایش می‌دهد. این نمودار درصد هریک از مراحل فنولوژیک (رویشی، غنچه اولیه، غنچه متوسط، غنچه پیشرفته و گل) را برای هر ۲۱ جمعیت، در دو تاریخ مختلف نمونه‌برداری (ph1 و ph2) نشان می‌دهد. این نمودار به‌طور بصری تأیید می‌کند که تنوع فنولوژیک بسیار بالایی بین جمعیت‌های مختلف تحت شرایط کشت یکسان وجود دارد. الگوی مراحل رشد برای هر جمعیت تقریباً منحصربه‌فرد است.

در نمودار شکل ۴، برای هر جمعیت، دو میله مجاور وجود دارد که مربوط به دو تاریخ داده‌برداری است. با مقایسه این دو میله برای یک جمعیت می‌توان سرعت پیشرفت آن جمعیت را در بازه ۱۴ روزه مشاهده کرد (شیب پیشرفت). درصد بسیار بالایی از گیاهان جمعیت‌های زودرس مانند Ybaf، CHc، K و Is، در تاریخ ph2 به مراحل پیشرفته غنچه یا حتی گل‌دهی کامل رسیده‌اند. بخش عمده‌ای از گیاهان جمعیت‌های دیررس مانند KH، Yt4، Ya1 و Ybeh، حتی در تاریخ ph2 نیز هنوز در مراحل اولیه (Budstart) یا میانی (Budmed) غنچه هستند و بخش رویشی قابل‌توجهی دارند.

همانطور که در نمودار شکل ۴ مشاهده می‌شود، الگوهای رشدی متمایز در تطابق با جدول ۴، به‌صورت بصری نمایش داده شده است. جمعیت‌های الگوی رشدی زودرس، در ph2،

علاوه‌بر درصد بالای Budad، درصد قابل‌توجهی نیز به مرحله Flo (گل‌دهی) رسیده‌اند. در الگوی رشدی دیررس، در ph1، درصد غالب (بالای ۹۰ درصد) در فاز رویشی هستند و در ph2، پیشرفت آنها کند است و هنوز در مراحل اولیه و میانی غنچه (Budstart و Budmed) باقی مانده‌اند. در الگوی رشدی میان‌رس، در ph1 ترکیبی از فاز رویشی و مراحل اولیه غنچه مشاهده می‌شود و در ph2، پیشرفت واضحی به‌سمت Budad دیده می‌شود، اما درصد گل‌دهی آنها معمولاً کمتر از گروه زودرس است. این جمعیت‌ها قلب طیف رشد را تشکیل می‌دهند.



شکل ۴- تغییرات در درصد مراحل فنولوژیک برون‌رویشگاهی در ۲۱ جمعیت گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*) در دو تاریخ داده‌برداری

Figure 4. Changes in *ex situ* phenological stages percentage in 21 *Nepeta kotschyi* populations on two dates of data collection

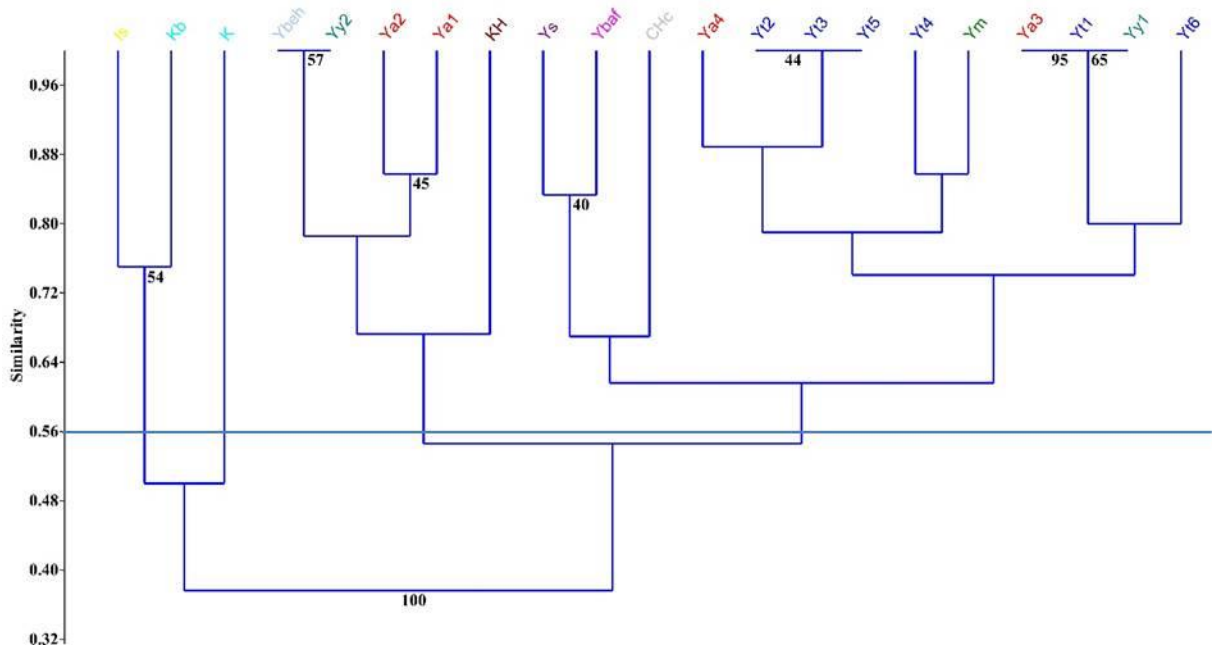
ph_1: start of phenology data collecting (40 days after the start of growth) at the second cultivation year, ph_2: the second time for phenology data collecting (54 days after the start of growth) at the second cultivation year, veg: vegetative part (%), budstart: flower bud at the initial growth stage (%), budmed: flower bud at the middle growth stage (%), budmedad: flower bud at the middle toward advanced growth stage (%), budad: flower bud at the advanced growth stage (%) when they are fully swollen and a little color of the petals is visible and they are close to the blooming stage, flo: flower (%).

در شکل ۵، تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های پونه‌سای کوه‌دلو بر اساس داده‌های فنولوژیک کددهی‌شده از صفر تا ۱۰ مربوط به دو تاریخ داده‌برداری ارائه شده است. مقادیر بوت‌استرپ (اعداد روی گره‌ها در درخت‌واره) مهم‌ترین بخش نمودار از نظر اعتبار آماری را نشان می‌دهند. این اعداد نشان‌دهنده درصد پشتیبانی از آن گره (خوشه) هستند (فقط مقادیر مساوی و بالاتر از ۴۰ روی گره‌ها نشان داده شده‌اند.). همچنین، ضریب کوفنتیک اعتبار کل درخت‌واره را نشان می‌دهد. این ضریب بین ۰ تا ۱ است. عدد ۰/۸۴ (شکل ۵) نشان می‌دهد که این درخت، شباهت‌های واقعی بین داده‌ها را به‌خوبی و با دقت بسیار بالا منعکس کرده است.

تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌ها را بر اساس شباهت فنولوژیک، با در نظر گرفتن خط برش در سطح تشابه ۰/۵۶ در چهار گروه ژنوتیپی قرار داد (شکل ۵ و جدول ۵).

با حمایت بوت‌استرپ ۱۰۰، جمعیت‌های *اصفهان* و *کهگیلویه و بویراحمد* از جمعیت‌های *یزد*، *خراسان* و *چهارمحال و بختیاری* جدا شدند.

با توجه به جدول ۵، جمعیت‌های گروه‌های ژنوتیپی ۱ و ۲، زودرس و جمعیت‌های گروه ژنوتیپی ۳، دیررس هستند، اما در گروه ژنوتیپی ۴ که بیشترین تعداد جمعیت‌ها را دارد، از هر سه الگوی رشدی زودرس، دیررس و میان‌رس حضور دارد. جمعیت‌های میان‌رس همگی در گروه ژنوتیپی ۴ جای گرفته‌اند و بیشترین تعداد جمعیت در این گروه را به خود اختصاص داده‌اند.



شکل ۵- تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) بر اساس داده‌های فنولوژیک در دو تاریخ (**UPGMA**، ضریب تشابه **Jaccard**، ضریب کوفنتیک = ۰/۸۴)

Figure 5. Cluster analysis of *Nepeta kotschyi* populations based on phenological data of two dates (UPGMA, Jaccard similarity coefficient, Coph. Corr. 0.84)
Bootstrap values (1000 replicates) equal/above 40 are presented at each node.

جدول ۵- گروه‌های ژنوتیپی در ۲۱ جمعیت گونه پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس نشانگرهای فنولوژی (درصد مراحل فنولوژیک برون‌رویشگاهی در دو تاریخ داده‌برداری)

Table 5. Genotype groups in 21 *Nepeta kotschyi* populations derived from cluster analysis based on phenology markers (*Ex situ* phenological stages percentage on two dates of data collection)

Population	Genotype group
Kb, Is	**G1**
K	**G2**
Ybeh, Yy2, Ya1-2, KH	**G3**
Ys, Ybaf, CHc, Ya3-4, Yt1-2-3-4-5-6, Ym, Yy1	**G4**

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (شکل ۶) و تجزیه خوشه‌ای یکدیگر را حمایت کردند و معنی‌دار بودن نتایج حاصل در گروه‌بندی مواد گیاهی را تأیید نمودند.

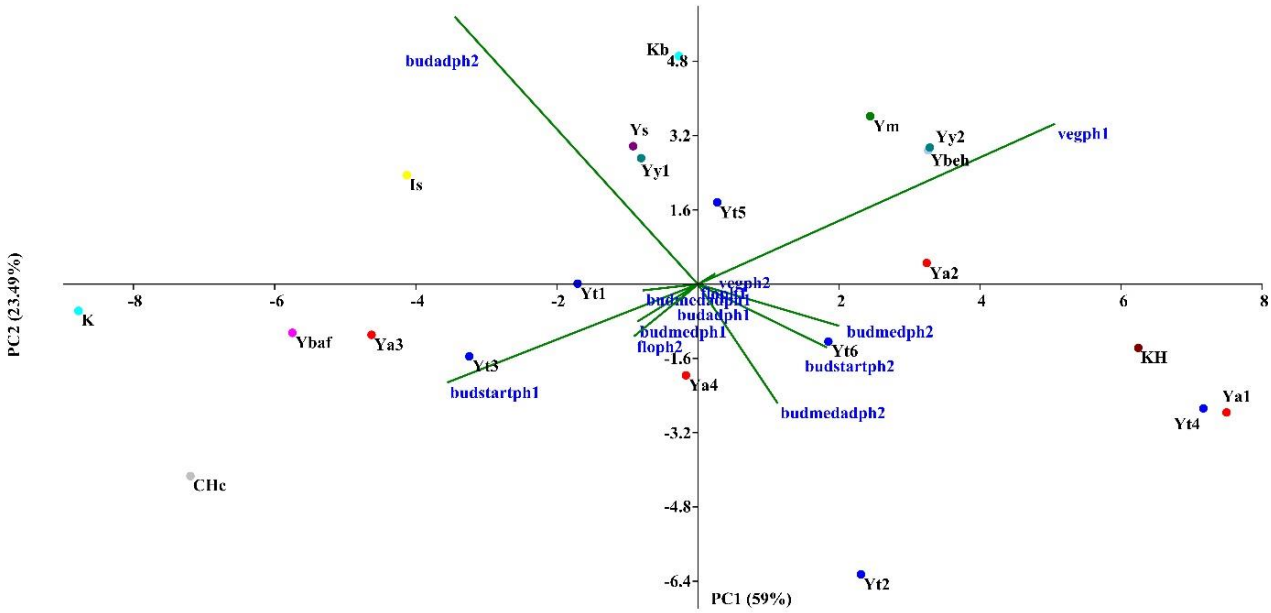
بر اساس نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، دو مؤلفه اول در مجموع ۸۲/۴۹ درصد تنوع موجود بین جمعیت‌های مورد بررسی را توجیه نمودند. در مؤلفه اول (۵۹ درصد از تغییرات)، صفت vegph1 با ضریب مثبت و صفات budstartph1 و budadph2 با ضریب منفی و در مؤلفه دوم (۲۳/۴۹ درصد از تغییرات)، صفات vegph1 و budadph2 با ضریب مثبت، ضرایب بردارهای بیشتری داشتند (جدول ۶).

جدول ۶- مقدار ویژه، واریانس و ضریب بردارهای ویژه دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جمعیت‌های پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) بر اساس داده‌های فنولوژیک در دو تاریخ

Table 6. Eigenvalue, variance, and coefficients of the first two eigenvectors resulting from principal component analysis of *Nepeta kotschyi* populations based on phenological data at two dates

PC2	PC1	Trait
0.44	0.65	vegph1
0.03	0.03	vegph2
-0.27	-0.46	budstartph1
-0.17	0.23	budstartph2
-0.10	-0.11	budmedph1
-0.12	0.26	budmedph2
-0.02	-0.10	budmedadph1
-0.33	0.15	budmedadph2
-0.06	-0.04	budadph1
0.74	-0.44	budadph2
$2.60E^{-28}$	$-2.68E^{-32}$	floph1
-0.14	-0.12	floph2
8.13	20.43	Eigenvalue
23.49	59.00	Variance (%)

ph$_1$: start of phenology data collecting (40 days after the start of growth) at the second cultivation year, **ph$_2$**: the second time for phenology data collecting (54 days after the start of growth) at the second cultivation year, **veg**: vegetative part (%), **budstart**: flower bud at the initial growth stage (%), **budmed**: flower bud at the middle growth stage (%), **budmedad**: flower bud at the middle toward advanced growth stage (%), **budad**: flower bud at the advanced growth stage (%) when they are fully swollen and a little color of the petals is visible and they are close to the blooming stage, **flo**: flower (%).



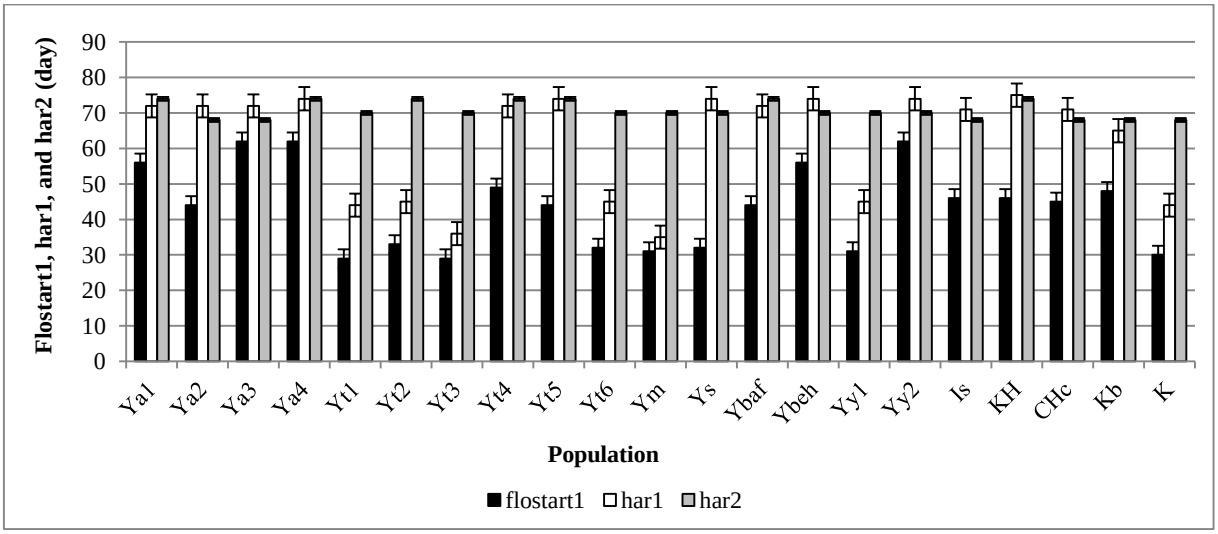
شکل ۶- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جمعیت‌های پونه‌سای کوه‌دلو (***Nepeta kotschyi***) بر اساس داده‌های فنولوژیک در دو تاریخ

Figure 6. Principal component analysis of *Nepeta kotschyi* populations based on phenological data of two dates

ph$_1$: start of phenology data collecting (40 days after the start of growth) at the second cultivation year, ph$_2$: the second time for phenology data collecting (54 days after the start of growth) at the second cultivation year, veg: vegetative part (%), budstart: flower bud at the initial growth stage (%), budmed: flower bud at the middle growth stage (%), budmedad: flower bud at the middle toward advanced growth stage (%), budad: flower bud at the advanced growth stage (%) when they are fully swollen and a little color of the petals is visible and they are close to the blooming stage, flo: flower (%).

زمان شروع گل‌دهی در سال اول و زمان برداشت سرشاخه‌های گل‌دار در سال اول و دوم برای ۲۱ جمعیت مورد مطالعه در شکل ۷ نمایش داده شده است. همان‌طورکه در این شکل مشاهده می‌شود، زمان شروع گل‌دهی جمعیت‌ها در سال اول با هم تفاوت فاحش دارند، برخی اولین آثار گل‌دهی را زودتر و برخی دیرتر نشان دادند. این امر می‌تواند بازتابی از میزان تفاوت شرایط خاکی و آب و هوایی رویشگاه‌های اصلی جمعیت‌ها با محیط کشت جدیدشان در مزرعه و به‌دنبال آن میزان تنشی که به جمعیت‌ها در محیط کشت جدید به‌واسطه این تفاوت رویشگاه و مزرعه وارد شده است، باشد. در سال اول، جمعیت‌ها برای سازگار شدن با محیط جدید، رفتارهای مختلف نشان داده‌اند، اما در سال دوم، عکس‌العمل رشدی جمعیت‌ها قابل اعتمادتر و حاکی از سازگاری آنها در محیط جدید (مزرعه) است.

همچنین، تفاوت زمان برداشت جمعیت‌های مختلف در سال اول بیشتر از سال دوم است. در سال دوم وضعیت نظام‌مندتری برای زمان برداشت ایجاد شده است. در سال اول، گیاه چندساله انرژی خود را صرف استقرار سیستم ریشه و توسعه ساختارهای اولیه (رویشی) می‌کند. اما در سال دوم، با داشتن یک سیستم ریشه‌ای قوی و ذخایر کافی، بلافاصله رشد خود را آغاز کرده و سریع‌تر به مرحله زایشی و گل‌دهی می‌رسد.



شکل ۷- تغییرات در مراحل شروع گل‌دهی و زمان برداشت برون‌رویشگاهی در ۲۱ جمعیت گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*)

Figure 7. Changes in *ex situ* flowering start and harvest time stages in 21 *Nepeta kotschyi* populations

$flostart_1$: date of data collecting (days after transferring the greenhouse seedlings to the farm) = start of flowering at the first year, har_1: harvesting time (above 75% flowering) (days after transferring the greenhouse seedlings to the farm) at the first cultivation year, har_2: harvesting time (above 75% flowering) (days after the start of growth) at the second cultivation year.

شکل ۸ به‌طور مستقیم به این سؤال پاسخ می‌دهد: "کدام جمعیت نه‌تنها زودرس است، بلکه در دوره منتهی به برداشت، با چه سرعتی گل‌ها را توسعه می‌دهد؟" به بیان واضح‌تر یعنی، سرعت گسترش رشد زایشی چقدر است و در هر روز، چند درصد به سهم بخش زایشی از حجم کل گیاه افزوده می‌شود.

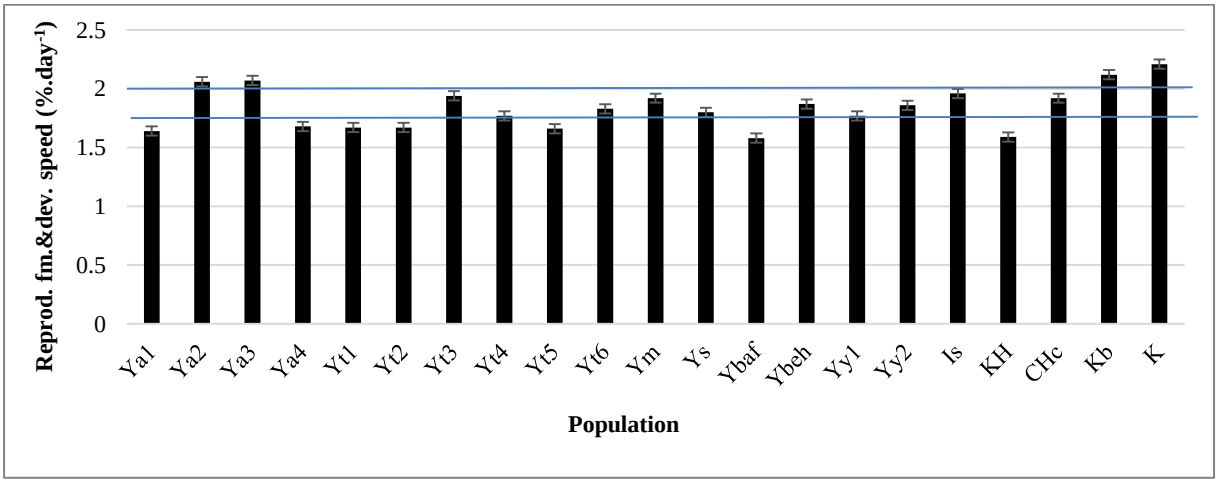
برای تحلیل شکل ۸ می‌توان از داده har_2 در شکل ۷ (زودرسی/دیررسی) کمک گرفت و گروه‌بندی جمعیت‌ها در شکل ۸ را به‌صورت گروه‌های عملکردی با ویژگی‌های بارز به شرح ذیل انجام داد.

۱. گروه کارآمد: مشخصات این دسته، داشتن سرعت توسعه گل‌دهی بالا (بیشتر از ۲ درصد در روز؛ شکل ۸) و زمان رسیدن کوتاه (کمتر از ۷۰ روز؛ شکل ۷) می‌باشد. جمعیت‌های این گروه شامل Kb، K، Ya2 و Ya3 هستند. این جمعیت‌ها مطلوب‌ترین الگو را دارند. هم زود به گل می‌نشینند و هم سرعت گل‌دهی بالایی دارند. برای کشت تجاری فشرده و بهره‌وری بالا در زمان کم، مناسب هستند.

۲. گروه زودرس با توسعه پایدار: این گروه، زمان رسیدن کوتاه (تا ۷۰ روز؛ شکل ۷) اما سرعت توسعه گل‌دهی متوسط (مثلاً ۱/۶ تا ۱/۹ درصد در روز؛ شکل ۸) دارند. اعضای این دسته شامل Yt1، Yt3، Yt6، Ym، Ys، Ybeh، Yy1، Yy2، Is و CHc هستند. این گروه نیز زودرس هستند، اما فرآیند گل‌دهی در آن‌ها ملایم‌تر و ممکن است پایدارتر باشد.

۳. گروه دیررس با توسعه سریع: ویژگی خاص این گروه، داشتن زمان رسیدن طولانی (بیشتر از ۷۰ روز؛ شکل ۷) اما سرعت توسعه گل‌دهی متوسط (تا ۱/۷۵ درصد در روز؛ شکل ۸) است. جمعیت‌های Ya4، Yt2، Yt4 و Yt5 در این دسته قرار دارند. این روند رشدی یک الگوی رشدی قابل ملاحظه است که گیاه ابتدا مدت طولانی‌تری را در فاز رویشی می‌گذراند، اما به‌محض آغاز گل‌دهی، با سرعت مطلوبی پیشرفت می‌کند. چنین الگوی رشدی می‌تواند یک راهبرد اجتناب از تنش‌های محیطی را برای گیاه فراهم کند زیرا گیاه به‌سبب داشتن رشد رویشی مطلوب، با بنیه قوی تولید می‌شود.

۴. گروه دیررس با توسعه کند: دارای زمان رسیدن طولانی (بیشتر از ۷۰ روز؛ شکل ۷) و سرعت توسعه گل‌دهی پایین (کمتر از ۱/۷۵ درصد در روز؛ شکل ۸) هستند. این گروه شامل جمعیت‌های KH، Ybaf و Ya1 است. این جمعیت‌ها کم‌بازده‌ترین الگو را نشان می‌دهند. هم دیر گل می‌دهند و هم روند گل‌دهی در آن‌ها کند است. احتمالاً برای کشت تجاری مقرون‌به‌صرفه نیستند، اما ممکن است از نظر داشتن صفتی خاص در ذخایر ژنتیکی ارزشمند باشند.



شکل ۸- تغییرات در سرعت تشکیل و توسعه بخش زایشی برون‌رویشگاهی در ۲۱ جمعیت گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*) در سال دوم کشت

Figure 8. Changes in *ex situ* formation and development speed of reproductive parts in 21 *Nepeta kotschyi* populations at the second cultivation year

Showing populations differences based on speed of preparation for harvesting flowering branches at above 75% full flowering stage.
The error bars on the columns are based on the standard error (SE).

شکل ۹، دو جمعیت (Ybaf و Ya3) از ۲۱ جمعیت مورد مطالعه از گونه *N. kotschyi* را نشان می‌دهد که در آن‌ها تفاوت چشم‌گیری بین افراد (بوته‌های) درون همان جمعیت مشاهده شده است. در هر دو جمعیت *بافق* و *اردکان۳*، به‌طور همزمان بوته‌هایی با دو حالت کاملاً متمایز دیده می‌شود؛ بوته‌هایی با گل‌های صورتی‌کم‌رنگ و رنگ خاکستری در برگ و ساقه و بوته‌های با گل‌های سفید و رنگ سبز شفاف‌تر در برگ و ساقه. همبستگی فنوتیپی (رنگ) با مرحله فنولوژیک، یکی از نشانه‌های بارز تفرق صفات و تنوع ژنتیکی است. این تفاوت ظاهری تنها به رنگ محدود نمی‌شود. این دو نوع بوته حتی از نظر مرحله رشدی نیز با یکدیگر تفاوت داشتند. زمانی‌که بوته‌های با گل صورتی در

مرحله غنچه‌پیشرفته بودند، بوته‌های با گل سفید در مرحله غنچه‌متوسط و یا متوسط رو به پیشرفته قرار داشتند. در نتیجه، گل صورتی‌ها از نظر رشدی، حدود یک مرحله از گل سفیدها جلوتر بودند.



شکل ۹- دو جمعیت از ۲۱ جمعیت مطالعه شده گونه پونه‌سای کوه‌دلو (*Nepeta kotschyi*) با تنوع درون‌جمعیتی چشم‌گیر (a: جمعیت Ybaf و b: جمعیت Ya3)

Figure 9. Two populations out of 21 studied populations of *Nepeta kotschyi* with extreme intra-population diversity (a: population Ybaf and b: population Ya3)

بحث

در پژوهش حاضر، تنوع ذاتی الگوی رشد در جمعیت‌ها مشاهده گردید. یعنی حتی تحت شرایط یکسان کشت، تفاوت‌های چشم‌گیر در زمان‌بندی مراحل فنولوژیک مشاهده شد. این تفاوت‌ها عمدتاً ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی بین جمعیت‌هاست. جمعیت‌های زودرس برای مناطق با فصل رشد کوتاه مناسب‌ترند. جمعیت‌های دیررس ممکن است برای تولید زیست‌توده بیشتر یا مدیریت برداشت تدریجی مفید باشند. برخی جمعیت‌ها مانند Is و Kb چنان الگوی رشدی یکنواخت درون‌جمعیتی داشتند که در ph2 کاملاً همگن بودند (۱۰۰ درصد در یک مرحله). همگنی گیاهان این جمعیت‌ها می‌تواند نشان‌دهنده سازگاری بسیار قوی و یکنواخت آنها باشد. برخی دیگر مانند KH یا Yt6 پراکندگی زیادی در مراحل رشد نشان دادند که احتمالاً بیان‌کننده تنوع درون‌جمعیتی آنها است.

اطلاعات جدول ۴ امکان برنامه‌ریزی برای برداشت سرشاخه‌های گل‌دار و جمع‌آوری بذر را در زمان مناسب میسر می‌کند. برای مثال، جمعیت‌های زودرس را می‌توان زودتر برداشت کرد. جدول ۴ به‌وضوح نشان می‌دهد که ساعت بیولوژیکی هر جمعیت از پونه‌سا منحصربه‌فرد است و این ویژگی می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی، کشت و حفاظت این گونه ارزشمند دارویی مورد استفاده قرار گیرد.

دانستن زمان‌های مراحل فنولوژیک گیاه برای داشتن درصد اسانس بالا و کیفیت مطلوب اسانس، کمک شایانی به پژوهشگر می‌کند چراکه برداشت سرشاخه‌های گل‌دار در خانواده نعناع در مرحله فنولوژیک خاص می‌تواند تضمین‌کننده کمیت و بالاخص کیفیت مدنظر اسانس باشد.

برنامه‌ریزی برای گرده‌افشانی در برنامه‌های به‌نژادی برای انجام تلاقی‌های کنترل‌شده، ضروری است. دانستن زمان‌های مراحل فنولوژیک گیاه می‌تواند به به‌نژادگر در اصلاح گیاه کمک کند.

شناسایی جمعیت‌ها با ویژگی‌های منحصربه‌فرد (مثلاً خیلی زودرس یا خیلی دیررس) برای حفاظت از تنوع ژنتیکی گونه گیاهی و همچنین برای مدیریت کشت و تولید گیاه بسیار مهم است.

جدول ۴ به‌روشنی نشان می‌دهد که اگرچه همه گیاهان از یک گونه هستند، اما هر جمعیت به‌دلیل تفاوت در ژنتیک و سازگاری با رویشگاه طبیعی خود، "ساعت داخلی" متفاوتی

دارد. این تنوع یک موهبت طبیعی برای انعطاف‌پذیری این گونه در برابر تغییرات محیطی (مانند تغییر اقلیم) است و همچنین ابزار ارزشمندی در اختیار محققان و متخصصان کشاورزی برای انتخاب بهترین جمعیت به منظور نیل به اهداف خاص می‌گذارد.

با توجه به اینکه در پژوهش حاضر تمامی بذرها در یک محل کشت شده‌اند و در سال دوم یعنی بعد از سازگار شدن گیاهان به شرایط آب و هوایی محل کشت در سال اول، به بررسی فنولوژی و شرایط رشدی جمعیت‌ها پرداخته شده است، بنابراین استنباط می‌شود که تفاوت‌های مشاهده‌شده بین جمعیت‌ها بیشتر تحت تأثیر ژنتیک گیاهان نسبت به محیط قرار داشته باشد. با این وجود، بسته به ژنتیک گیاه و شرایط محیطی و خاکی رویشگاه‌های اصلی آنها، این امکان وجود دارد که تحت شرایط محیطی مشابه، جمعیت‌ها به‌دلیل عملکردهای متنوع ژنتیکی که برخاسته از ژن‌های عملکردی گیاه است و در فنوتیپ تظاهر می‌کند، عکس‌العمل‌های مختلف از خود نشان داده باشند. به‌طور مثال ممکن است یک جمعیت در اسیدیته خاک مزرعه رشد بهتری نسبت به سایر جمعیت‌ها داشته باشد چراکه ممکن است از لحاظ ژنتیکی ذاتاً اسیدی‌دوست‌تر باشد. این تنوع عمدتاً ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی (از جمله چندشکلی‌های ژنی، سازگاری‌های محلی و اپی‌ژنتیک) است که بر نحوه پاسخ گیاه به عوامل محیطی (مانند اسیدیته خاک، خشکی و یا دما) تأثیر می‌گذارد.

با نگاه به شکل ۴ می‌توان اذعان کرد که جمعیت‌های میان‌رس، مناسب کاشت برای منطقه مزبور که در آن کشت شده‌اند، هستند. یعنی با کمترین تنش زیستی از امکانات موجود در مزرعه خود استفاده کرده و با اطمینان از اینکه نهاده‌های رشد برای آن‌ها فراهم است، به آرامی به رشد رویشی و زایشی خود ادامه داده‌اند.

همچنین، وجود الگوهای پیچیده یا نامتعارف نیز در بین جمعیت‌ها تأیید می‌شود. به‌طور مثال، جمعیت Yt6 در ph2 به‌طور هم‌زمان در چندین مرحله غنچه پراکنده شده است که ممکن است نشان‌دهنده تنوع درون‌جمعیتی بالا یا توسعه ناهمگون باشد. جمعیت Ya2 نیز در ph1 رویشی غالب نیست (۸۳/۳ درصد)، اما در ph2 پیشرفت سریعی به‌سمت Budad دارد (۴۸/۳ درصد)، اگرچه هنوز ۱۲/۵ درصد رویشی باقی مانده است. این چنین رشدی یک الگوی تأخیری-سریع است.

نمودار شکل ۴ می‌تواند ابزاری بصری برای انتخاب والدین در برنامه‌های دورگ‌گیری باشد. برای مثال، می‌توان والدینی را انتخاب کرد که از نظر الگوی رشد در دو انتهای طیف قرار دارند تا حداکثر تنوع ژنتیکی در نسل بعد ایجاد شود. الگوی مراحل رشد در هر جمعیت کاملاً بی‌همتاست که از آن می‌توان به‌عنوان "امضای فنولوژیک" هر جمعیت، یاد کرد.

با این تفاسیر، شکل ۴ یک نمای گرافیکی قدرتمند و گویا از هسته اصلی پژوهش است که نشان می‌دهد ساعت درونی رشد و نمو در هر یک از ۲۱ جمعیت این گونه گیاهی، حتی در محیط یکسان، با سرعت کاملاً متفاوتی تنظیم شده است. این یافته، پایه و اساس علمی برای تمام تصمیم‌گیری‌های بعدی در زمینه کشت، اهلی‌سازی و اصلاح این گیاه دارویی ارزشمند می‌باشد.

درصد نیتروژن خاک مزرعه در پژوهش حاضر ۰/۲ درصد است (جدول ۳). این مقدار نیتروژن هرچند اندک است، اما نسبت به نیتروژن خاک مراتع که رویشگاه اصلی این گیاه است، به‌میزان قابل‌ملاحظه‌ای بالاتر است و همین امر سبب می‌شود تا این گیاه در این پژوهش شرایط رشدی مساعدتری داشته باشد. در تحقیق Goldansaz و همکاران (۲۰۱۹) میزان نیتروژن خاک هشت رویشگاه مختلف گونه پونه‌سای کرک ستاره‌ای (*N. asterotricha*) از استان یزد بین ۰/۰۳۴ تا ۰/۰۶۹ درصد گزارش شده است.

جمعیت‌هایی که در ph1 درصد رشد رویشی بالا (۹۰ درصد یا بالاتر) داشتند (جدول ۴)، انرژی و نیتروژن بیشتری را صرف رشد رویشی کرده‌اند و شروع مرحله غنچه‌دهی در ph1 برای آنها دیرتر اتفاق افتاده است (جدول ۴). دلیل این امر می‌تواند به‌سبب کاهش ذخیره نیتروژن خاک به‌علت جذب و مصرف نیتروژن در مرحله رویشی گیاه باشد. چراکه میزان نیتروژن در مرحله زایشی که اوج نیاز گیاه به نیتروژن است، در محدودیت قرار می‌گیرد.

طبق یافته‌های Goldansaz و همکاران (۲۰۱۹) بیشترین میزان تاج‌پوشش گیاه پونه‌سا از منطقه ده‌بالا از استان یزد که میزان نیتروژن خاک بالاتر و میزان بارندگی بیشتر نسبت به دیگر مناطق مورد مطالعه در آن تحقیق را داشت، به‌دست آمد که با نتیجه تحقیق حاضر مطابقت دارد. در پژوهش حاضر، یک دلیل دیگر که برخی جمعیت‌ها در ph1 سریع‌تر از سایرین وارد فاز زایشی شده‌اند را می‌توان به پاسخ آنها بر اساس ژنتیک و ویژگی‌های رویشگاه اصلی‌شان، همچنین میزان فسفر خاک مزرعه و یا توانمندی بیشتر در جذب فسفر خاک نسبت داد. در خاک‌هایی با فسفر بالاتر و یا در شرایط جذب بیشتر فسفر خاک، گیاه تمایل دارد سریع‌تر وارد فاز زایشی شود (Zadeh Bagheri *et al.*, 2011). فسفر خاک مزرعه در پژوهش حاضر ۵۳-۴۸ پی‌پی‌ام است که برای این تغییرات کافی است. اثر متقابل ویژگی‌های خاک و تفاوت‌های ژنتیکی جمعیت‌ها که به‌وضوح در سرعت و نحوه رشد مراحل فنولوژیک گیاه تأثیر گذاشته، مشهود است.

بر اساس پژوهش Hadi و همکاران (۲۰۱۶) بر روی ژرم‌پلاسم مشابه گونه *N. kotschyi* در پژوهش حاضر، دو جمعیت استان کهگیلویه و بویراحمد (K و Kb) بر اساس ترکیبات اسانس از سایر جمعیت‌های این گونه با حمایت بوت‌استرپ ۱۰۰ جدا شدند و در خوشه مجزایی در درخت‌واره حاصل از تجزیه خوشه‌ای قرار گرفتند. در پژوهش آنها همچنین، جمعیت‌های *بهاباد*، *یزد۲*، *اردکان۱ و ۲* از استان یزد و جمعیت *خراسان* در یک گروه ژنوتیپی قرار گرفتند. این نتایج با نتایج تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات فنولوژی در پژوهش حاضر مطابقت دارد. در پژوهش حاضر نیز جمعیت‌های K و Kb از سایر جمعیت‌های این گونه با حمایت بوت‌استرپ ۱۰۰ جدا شدند و در خوشه مجزایی قرار گرفتند. همچنین، جمعیت‌های Ybeh، Yy2، Ya1-2 و KH در گروه ژنوتیپی مشابه قرار گرفتند.

تجزیه خوشه‌ای ژرم‌پلاسم مشابه گونه *N. kotschyi* در پژوهش حاضر بر اساس داده‌های مولکولی (DNA؛ نشانگر RAPD) نیز حاکی از جدایی ژنتیکی جمعیت‌های *بویراحمد۱ و ۲* و *سمیرم* از سایر جمعیت‌های این گونه است. اگرچه جمعیت *سمیرم* از جمعیت‌های *بویراحمد۱ و ۲* نیز جدا بود و در گروه‌های ژنوتیپی مجزا قرار گرفتند (Hadi *et al.*, 2020). بر اساس داده‌های RAPD همچنین، جمعیت‌های *تفت۱ تا ۶*، *مهریز* و *اردکان۴* در یک گروه ژنوتیپی قرار گرفتند که در تطابق با نتایج تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات فنولوژی در پژوهش حاضر است.

به‌طورکلی، در مطالعات Hadi و همکاران، گروه‌بندی‌های مشاهده‌شده در تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های موردمطالعه از گونه *N. kotschyi* بر اساس ترکیبات اسانس (Hadi *et al.*, 2016)، ترکیبات فنولیک (Hadi *et al.*, 2017) و مولکولی (Hadi *et al.*, 2020) حاکی از مطابقت‌های کم و زیادی با گروه‌بندی‌های مشاهده‌شده در پژوهش حاضر بر اساس صفات فنولوژی است.

میزان تطابق یا عدم تطابق گروه‌بندی ژنوتیپی ژرم‌پلاسم گیاهی بر اساس نشانگرهای مختلف از جمله نشانگرهای مولکولی (بر اساس توالی DNA)، فیتوشیمیایی (اسانس و ترکیبات فنولیک)، مورفولوژی و فنولوژی به عوامل مختلف بستگی دارد. اینکه گیاه در رویشگاه اصلی خود حضور دارد یا اینکه خارج از رویشگاه خود در مزرعه کشت شده باشد، شرایط خاکی و آب و هوایی مزرعه‌ای که در آن کشت شده تا چه اندازه مشابه با شرایط رویشگاه اصلی گیاه باشد، خصوصیات ژنتیکی و میزان واکنش گیاه به تغییرات محیطی چگونه باشد، از عواملی هستند که در میزان تطابق و عدم تطابق صفات مورفولوژی، فنولوژی و فیتوشیمیایی با صفات مولکولی (DNA) تأثیرگذار هستند. در مطالعه Devi و همکاران (۲۰۲۲) نقش عوامل محیطی و ژنتیکی در تنوع جمعیت‌های مختلف گونه *Mentha longifolia* با استفاده از صفات مورفولوژیک و نشانگرهای مولکولی مورد ارزیابی قرار گرفت. طبق گزارش آنها، همبستگی بین داده‌های ریختی و مولکولی وجود داشت. جمعیت‌هایی که از نظر جغرافیایی به هم نزدیک‌تر بودند یا شرایط زیستگاهی مشابه داشتند، در تجزیه خوشه‌ای اغلب در یک گروه قرار گرفتند. همچنین، Devi و همکاران با استفاده از آزمون مانتل، همبستگی (انطباق) مثبت و معنی‌دار ماتریس‌های فاصله حاصل از

داده‌های مورفولوژیکی و مولکولی را گزارش کردند. به بیان ساده آنها نشان دادند که جمعیت‌های نزدیک از نظر ژنتیکی، معمولاً از نظر صفات ظاهری نیز به هم شبیه‌تر هستند و درنتیجه می‌توان با اطمینان نسبی، از صفات مورفولوژیکی که اندازه‌گیری آن‌ها ساده‌تر و کم‌هزینه‌تر است، به‌عنوان شاخصی غیرمستقیم برای تخمین تنوع ژنتیکی در برنامه‌های اولیه غربال‌گری این گیاه استفاده کرد. در مطالعه دیگری، Moshrefi-Araghi و همکاران (۲۰۲۱) در بررسی تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم خودرو گونه *M. longifolia* در ایران با استفاده از نشانگرهای فنوتیپی، بیوشیمیایی و مولکولی گزارش کردند که آزمون مانتل یک همبستگی مثبت، قوی و معنی‌دار بین تنوع مولکولی و بیوشیمیایی این گیاه را تأیید کرد. در پژوهش آنها همچنین، همبستگی متوسط تا ضعیف‌تر بین ساختار مولکولی و مورفولوژیکی گزارش شد. این امر حاکی از آن است که اگرچه پایه ژنتیکی بر صفات مورفولوژیکی نأثیرگذار است، اما عوامل محیطی (خاک، اقلیم، ارتفاع) سهم قابل‌توجهی در تغییرپذیری ظاهری گیاهان دارند. بنابراین، شباهت ژنتیکی همیشه به معنای شباهت ظاهری کامل نیست. همبستگی ساختار بیوشیمیایی و مورفولوژیکی نیز معنی‌دار بود، اما شدت آن کمتر از همبستگی مولکولی–بیوشیمیایی بود. صفات ظاهری خاص ممکن است با تولید برخی ترکیبات شیمیایی مرتبط باشند، اما این رابطه می‌تواند پیچیده و تحت تأثیر محیط باشد. صفات مورفولوژیکی به‌تنهایی شاخص کاملاً قابل اطمینانی برای پیش‌بینی دقیق پیشینه ژنتیکی یا پروفایل شیمیایی نیستند، زیرا به میزان بیشتری تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند. در پژوهش مورد اشاره، الگوی همبستگی تأیید می‌کند که تنوع در سطح مولکولی، بیوشیمیایی و مورفولوژیکی لزوماً بر یکدیگر منطبق نیستند و هر کدام جنبه متفاوتی از سازگاری و ذخیره ژنتیکی جمعیت‌های خودرو را نشان می‌دهند.

در پژوهش حاضر، وجود تنوع ژنتیکی سازمان‌یافته بیان می‌کند که تنوع فنولوژیک بین جمعیت‌ها تصادفی نیست. جمعیت‌ها به شکل ساختاریافته و معنی‌داری در گروه‌های متمایز قرار می‌گیرند. این امر احتمالاً به‌دلیل سازگاری محلی است، جایی که هر جمعیت در طول زمان با شرایط خاص زیستگاه خود (مانند ارتفاع، دما و طول روز) سازگار شده است.

تحلیل حاضر یک مبنای علمی قوی برای انتخاب جمعیت‌ها برای اهداف مختلف فراهم می‌کند. در مجموع، شکل ۵ نشان می‌دهد که الگوی رشد در *N. kotschyi* یک صفت ژنتیکی قوی و قابل طبقه‌بندی است و می‌توان جمعیت‌ها را بر این اساس به گروه‌های مختلف تقسیم کرد. مطالعات متعددی در سال‌های اخیر به مدل‌سازی مراحل فنولوژیک گیاهان دارویی پرداخته‌اند تا به کشاورزان و اصلاح‌گران کمک کنند زمان دقیق غنچه‌دهی، گل‌دهی و اوج تولید متابولیت‌های ثانویه را پیش‌بینی کنند. این مدل‌ها بر اساس دما، نور و رطوبت تنظیم شده‌اند و می‌توانند برای مدیریت گرده‌افشانی، تغذیه و برداشت بهینه استفاده شوند (Joneidi & Bahmannejad, 2024).

از نمودار شکل ۷ می‌توان برای برنامه‌ریزی دقیق برداشت گیاه استفاده کرد. یک کشاورز می‌تواند مخلوطی از بذرهای جمعیت‌های زودرس و دیررس را در یک زمان بکارد و بدین‌ترتیب، فصل برداشت خود را به‌طور طبیعی افزایش می‌دهد. همچنین، انتخاب جمعیت بر اساس اقلیم با نمودار شکل ۷ فراهم می‌شود. در مناطق با فصل رشد کوتاه، باید از جمعیت‌های زودرس استفاده شود تا محصول قبل از فرارسیدن سرمای پاییز برداشت شود و در مناطق با فصل رشد طولانی، می‌توان از جمعیت‌های دیررس استفاده کرد تا خطر آسیب سرمازدگی بهاره به گل‌ها کاهش یابد.

برخی جمعیت‌ها، به‌طور مثال جمعیت‌های *تفت۳* و *مهریز*، فاصله زمانی شروع گل‌دهی با برداشت سرشاخه‌های گل‌دارشان (زمان بهینه برداشت) در سال اول کوتاه‌تر از سایر جمعیت‌ها است (شکل ۷) که نشان از همگنی بالا و انتقال سریع به مرحله گل‌دهی کامل دارد. در برخی دیگر مانند *اردکان۲* این فاصله بیشتر است (شکل ۷)، که می‌تواند نشان‌دهنده تنوع درون‌جمعیتی یا توسعه ناهمگون گل‌ها باشد.

شکل ۸ مکمل ضروری و پیشرفته‌ای برای شکل ۷ است. یک جمعیت ایده‌آل باید دو ویژگی داشته باشد: ۱– زودرس

باشد (زمان har_2 کم) و ۲- در دور نهایی رشد، شتاب (سرعت) بالای رسیدگی داشته باشد. این تحلیل به به‌نژادگر و کشاورز کمک می‌کند تا نه‌تنها بر اساس زمان، که بر اساس کارایی فیزیولوژیک نیز انتخاب بهینه داشته باشد. نتایج کاربردی و راهگشای شکل ۸ از جنبه‌های مختلفی قابل تعمیم‌دهی به بخش‌های گوناگون تولید و صنعت است. یک کشاورز که نیاز به پر کردن سریع خط تولید در یک بازه زمانی کوتاه دارد، باید به سراغ جمعیت‌های "گروه کارآمد" در تقسیم‌بندی بالا برود. یک فیزیولوژیست با نگاه به این شکل می‌تواند بفهمد که تفاوت ژنتیکی بین جمعیت‌ها فقط روی زمان‌بندی تأثیر ندارد، بلکه بر میزان واکنش‌های فیزیولوژیک در مرحله حساس گل‌دهی نیز مؤثر است.

تفاوت در سرعت گل‌دهی ممکن است نشان‌دهنده پاسخ به عوامل محیطی مانند دما، نور و یا طول روز باشد که در شرایط کشت برون‌رویشگاهی یکسان اعمال شده‌اند. این موضوع می‌تواند انعطاف‌پذیری اکولوژیک گونه را نشان دهد. اگر هدف، برداشت گل و اسانس باشد (مصارف دارویی)، انتخاب جمعیت‌های با سرعت بالاتر در تشکیل بخش زایشی می‌تواند بازده اقتصادی را افزایش دهد. همچنین این داده‌ها می‌توانند در برنامه‌های حفاظت از تنوع ژنتیکی گونه مورد استفاده قرار گیرند. در نهایت باید اذعان کرد که جمعیت‌های برتر مانند Kb، K، Ya2 و Ya3 پیشروان سرعت (زودرسی) و همچنین شتاب (سرعت توسعه) گل‌دهی می‌باشند. این ویژگی نادر، آن‌ها را به گزینه‌های درجه یک برای کشت تجاری تبدیل می‌کند.

مراحل فنولوژیک گیاهان تابعی از تعامل عوامل ژنتیکی (مانند ژن‌های کنترل‌کننده رشد) و عوامل محیطی (مانند دما، نور و رطوبت) است. این تعامل، تعیین‌کننده زمان‌بندی رویدادهای حیاتی مانند جوانه‌زنی، گل‌دهی و رسیدگی بذرها می‌باشد (Assareh, 2006). این بدان معناست که حتی درون یک جمعیت، تفاوت‌های قابل‌توجهی در مراحل فنولوژیک وجود دارد. این تنوع می‌تواند ناشی از تفاوت‌های ژنتیکی یا تأثیرات محیطی باشد. این سطح از تنوع درون‌جمعیتی، یک گنجینه ژنتیکی برای به‌نژادگران محسوب می‌شود. به‌نژادگر می‌تواند از بین این افراد متنوع درون یک جمعیت، ژنوتیپ‌های برتر را انتخاب کند، به‌طور مثال بوته‌هایی که هم زودرس‌تر هستند و هم رنگ و عطر مطلوب‌تری دارند. این امر اساس انتخاب توده‌ای در برنامه‌های اهلی‌سازی و اصلاح گیاهان دارویی است.

توضیح احتمالی برای چنین رفتارهای پیچیده در بین گیاهان ممکن است این گونه عنوان شود که وجود چنین تنوعی می‌تواند دلیلی بر الگوهای پیچیده‌ای باشد که در برخی جمعیت‌ها در خروجی تجزیه خوشه‌ای و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (شکل‌های ۵ و ۶) مشاهده شد. وقتی یک جمعیت از ژنوتیپ‌های بسیار مختلف تشکیل شده باشد، رفتار میانگین آن می‌تواند پیچیده و گاهی متناقض به‌نظر برسد.

بر اساس نتایج پژوهش Hadi و همکاران (۲۰۲۰) بر روی مواد گیاهی مشابه پژوهش حاضر، الگوی تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگر مولکولی RAPD با الگوی پراکنش جغرافیایی جمعیت‌ها همخوانی داشت. به‌طور مثال جمعیت‌های *تفت* و *مهریز* در یک گروه ژنوتیپی قرار گرفتند و این درحالی است که شهرستان‌های تفت و مهریز بر روی نقشه استان یزد کنار هم جای گرفته‌اند. عوامل محیطی مانند بادهای شدید، پستی و بلندی‌های کوچک و بزرگی همچون کوهستان‌ها و بیابان‌ها باعث ایجاد ریزاقلیم‌های متنوع و در نتیجه الگوی پیچیده‌ای از تنوع ژنتیکی جمعیت‌ها شده‌اند. در پژوهش Hadi و همکاران (۲۰۲۰)، ۶۸ درصد از تنوع کل، درون جمعیت‌ها و ۳۲ درصد بین جمعیت‌ها توزیع شده بود که نشان‌دهنده جریان ژن قابل‌توجه و تنوع بالای درون‌جمعیتی است. آنها بیشترین و کمترین درصد چندشکلی و تنوع ژنی را به‌ترتیب در جمعیت‌های *صدوق* و *اردکان۴* گزارش کردند و نتیجه گرفتند که تنوع ژنتیکی بالا در گونه *N. kotschyi*، پایه‌ای غنی برای برنامه‌های حفاظتی و به‌نژادی فراهم می‌کند.

نتیجه‌گیری نهایی

یکی از مباحث گسترده علم اکولوژی، فنولوژی است. فنولوژی به مطالعه زمان وقوع رخدادهای تکرارپذیر زندگی گیاهان در رابطه با عوامل زنده و غیرزنده می‌پردازد. مطالعه

فنولوژی گیاهان به فهم و درک زیست گیاهی گونه‌ها، روابط متقابل گونه–اقلیم و اثرات متقابل گونه‌ها در جوامع کمک می‌نماید. توسعه و توزیع حوادث زندگی گیاهان در طول زمان از قبیل رشد رویشی، ظهور و ریزش برگ، گل‌دهی، بذردهی و ریزش بذر می‌تواند در درازمدت سازگاری‌های فردی و جمعی گونه‌ها و بقای آنها را تحت‌تأثیر قرار دهد (Malayeri *et al*., 2018). تغییرات فصلی آب و هوا و رقابت بین گونه‌ها باعث ایجاد تنوع فنولوژیکی در گیاهان می‌شود.

پژوهش حاضر به بررسی تنوع فنولوژیک ۲۱ جمعیت از گونه دارویی *N. kotschyi* تحت شرایط کشت برون‌رویشگاهی پرداخت. یافته‌ها به‌وضوح نشان داد که تفاوت‌های معناداری در زمان‌بندی مراحل رشد و نمو بین جمعیت‌ها وجود دارد، به‌طوری‌که می‌توان آن‌ها را به سه گروه اصلی زودرس، میان‌رس و دیررس طبقه‌بندی کرد. عامل اصلی این تفاوت‌ها، عوامل ژنتیکی ناشی از سازگاری محلی هر جمعیت با شرایط اکولوژیک رویشگاه اصلی آن‌ها (مانند ارتفاع، دما، طول روز و ویژگی‌های خاک) است. اگرچه تمامی جمعیت‌ها تحت شرایط یکسان کشت شدند، اما تفاوت در الگوی رشد آن‌ها نشان‌دهنده نقش پررنگ ژنتیک در تعیین ساعت بیولوژیکی گیاه است. این تنوع فنولوژیک کاربردهای عملی مهمی در مدیریت کشت، برنامه‌ریزی برداشت، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر برای اهداف دارویی، و برنامه‌های حفاظتی دارد.

نتایج همچنین نشان داد که کدام جمعیت‌ها نه‌تنها زودرس هستند، بلکه منابع را به‌طور بهینه به تولید بخش زایشی (گل) اختصاص می‌دهند. جمعیت‌هایی مانند Kb، K، Ya2 و Ya3 به‌عنوان کارآمدترین جمعیت‌ها شناسایی شدند، چراکه در کمترین زمان، به بالاترین درصد گل‌دهی رسیدند.

وجود بوته‌هایی با رنگ و مرحله رشدی کاملاً متفاوت در درون یک جمعیت (مانند جمعیت‌های Ybaf و Ya3)، از وجود یک ذخیره ژنتیکی غنی و پنهان خبر می‌دهد که می‌تواند موتور محرکه برنامه‌های آینده اصلاح گونه گیاهی باشد.

این پژوهش یک مجموعه ژنتیکی غنی از گونه *N. kotschyi* را معرفی کرد که برای انعطاف‌پذیری گونه در برابر تغییرات اقلیمی ضروری بوده و باید حفظ شوند.

این مطالعه نه‌تنها تنوع ذاتی و ساختاریافته در الگوی رشد جمعیت‌های *N. kotschyi* را به‌صورت علمی اثبات می‌کند، بلکه ابزار ارزشمندی برای بهره‌برداری هوشمند از این تنوع در برنامه‌های کشاورزی، دارویی و حفاظتی را فراهم می‌آورد. استفاده از این داده‌ها می‌تواند به توسعه ارقام بهبودیافته، مدیریت پایدار منابع ژنتیکی و افزایش بهره‌وری در کشت این گیاه دارویی ارزشمند منجر شود.

در نهایت، پژوهش حاضر نشان می‌دهد که چگونه درک عمیق از فیزیولوژی و ژنتیک یک گیاه دارویی می‌تواند پلی بین حفاظت از منابع طبیعی و استفاده پایدار و اقتصادی از آن‌ها ایجاد کند.

References

- Assareh, M.H., 2006. Plant Diversity of Iran. Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, 471p. https://docibox.ir/book/5682109
- Devi, A., Iqbal, T., Wani, I.A., Sharma, G., Verma, S., Noureldeen, A. and Darwish, H., 2022. Assessment of variability among morphological and molecular characters in wild populations of mint (*Mentha longifolia* (L.) L.) germplasm. Saudi Journal of Biological Sciences, 29(5): 3528-3538. https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2022.02.013
- Formisano, C., Rigano, D. and Senatore, F., 2011. Chemical constituents and biological activities of *Nepeta* species. Chemistry and Biodiversity, 8(10): 1783-1818. https://doi.org/10.1002/cbdv.201000191
- Ghahreman, A., 1996. Flora Iranica (Vol. 16, 18, and 21). Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran. https://docibox.ir/book/5757014
- Goldansaz, M., Jafarian Jeloudar, Z., Safaeian, R. and Sonboli, A., 2019. Investigation of some ecological and functional characteristics of *Nepeta asterotricha* Retch. f. in Yazd province. Journal of Plant Ecosystem Conservation, 7(14): 137-150. (In Persian) https://sid.ir/paper/259610/fa
- Hadi, N., 2015. The phytochemical and molecular diversity evaluation of some accessions of *Nepeta* spp. in Iran. Ph.D. thesis, Physiology and Breeding of Medicinal Plants, Department of Horticulture, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, 154p. https://ganj.irandoc.ac.ir/#/articles/db59695bae7c56032f96ddee86c5c95e
- Hadi, N., Nikolić, M., Sefidkon, F., Shojaeiyan, A., Šiler, B., Mišić, D. and Yahyazadeh, M., 2023. Native and endemic Iranian *Nepeta* spp.: powerful antimicrobial agents. Cellular and

Molecular Biology, 69(10): 129-135. https://doi.org/10.14715/cmb/2023.69.10.18
- Hadi, N., Sefidkon, F., Shojaeiyan, A. and Jafari, A.A., 2016. Essential oil diversity of 21 populations from Iranian endemic species *Nepeta kotschyi* Boiss. Iranian Journal of Medicinal and Aromatic Plants Research, 32(2): 189-202. https://doi.10.22092/ijmapr.2016.106555
- Hadi, N., Sefidkon, F., Shojaeiyan, A., Šiler, B., Jafari, A.A., Aničić, N. and Mišić, D., 2017. Phenolics' composition in four endemic *Nepeta* species from Iran cultivated under experimental field conditions: the possibility of the exploitation of *Nepeta* germplasm. Industrial Crops and Products, 95: 475-484. https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2016.10.059
- Hadi, N., Shojaeiyan, A., Sefidkon, F. and Jafari, A.A., 2018. Quantitative and qualitative study of essential oil in some accessions of *Nepeta* spp. and determination of essential oil components capability in intra and inter-specific relationships analysis. Iranian Journal of Horticultural Science, 49(3): 601-612. https://doi.10.22059/ijhs.2018.209518.1028
- Hadi, N., Shojaeiyan, A., Sefidkon, F., Jafari, A.A., Mišić, D., Banjanac, T. and Šiler, B., 2020. Assessment of infraspecific genetic diversity in *Nepeta kotschyi* Boiss., a native Iranian medicinal plant. Journal of Agricultural Science and Technology, 22(5): 1327-1342. https://jast.modares.ac.ir/article_16485.html
- Hammer, Ø., Harper, D.A.T. and Ryan, P.D., 2001. PAST: palaeontological statistics software package for education and data analysis. Palaeontologia Electronica, 4: 9p. https://palaeo-electronica.org/2001_1/past/past.pdf
- Jamzad, Z., 2013. Flora of Iran, No. 76: Lamiaceae Family. Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, 1072p. https://www.gisoom.com/book/1875124
- Joneidi, H. and Bahmannejad, M., 2024. The effect of phenological stages on the quantity and quality of essential oil in *Camphorosma monspeliaca* in Qorveh region of Kurdistan province. Journal of Rangeland, 18(2): 326-341. http://rangelandsrm.ir/article-1-1252-fa.html
- Mahdavi, Kh., Valizadeh, S. and Mahmoudi, J., 2014. Investigation of phenological stages effects on *Ziziphora clinopodioides* L. essential oil quantity and quality (Case study: Ghasemlou Valley, Urmia). Journal of Rangeland Management, 1(4): 70-83. (In Persian) https://jrm.gau.ac.ir/article_2308.html
- Malayeri, F., Ashourloo, D., Shakiba, A., Motkan, A.A. and Aghighi, H., 2018. Investigating the effects of climate change on vegetation phenology using AVHRR time series data. Journal of Agroecology, 8(2): 98-117. https://www.sid.ir/paper/389071/fa
- Miceli, N., Taviano, M.F., Giuffrida, D., Trovato, A., Tzakou, O. and Galati, E.M., 2005. Anti-inflammatory activity of extract and fractions from *Nepeta sibthorpii* Bentham. Journal of Ethnopharmacology, 97(2): 261-266. https://doi.org/10.1016/j.jep.2004.11.024
- Mišić, D., Šiler, B., Gašić, U., Avramov, S., Živković, S., Nestorović Živković, J., Milutinović, M. and Tešić, Ž., 2014. Simultaneous UHPLC/DAD/±HESI-MS/MS analysis of phenolic acids and nepetalactones in methanol extracts of *Nepeta* species: A possible application in chemotaxonomic studies. Phytochemical Analysis, 26(1): 72-85. https://doi.org/10.1002/pca.2538
- Moshrefi-Araghi, A., Nemati, H., Azizi, M., Moshtaghi, N. and Shoor, M., 2021. Association of genetic structure and diversity in Iranian wild germplasms of *Mentha longifolia* L. based on phenotypical, biochemical, and molecular markers. Chemistry and Biodiversity, 18: e2001044. https://doi.10.1002/cbdv.202001044
- Mozaffarian, V., 2009. Dictionary of Iranian Plant Names. Farhang Moaser, Tehran. 740p. https://www.gisoom.com/book/1135080
- Mozaffarian, V., 2013. Identification of Medicinal and Aromatic Plants of Iran. Farhang Moaser, Tehran. 1444p. https://www.gisoom.com/book/11413259
- Pojarkova, A.I., 1954. *Nepeta*. In: Flora of the USSR. Academy of Science of the U.S.S.R., Moskva-Leningrad, Vol. 20, 191-292. https://ia801606.us.archive.org/3/items/floraofussr28bota/floraofussr28bota.pdf
- Rahimmalek, M., Bahreininejad, B., Khorrami, M. and Tabatabaei, B.E., 2009. Genetic variability and geographic differentiation in *Thymus daenensis* subsp. *Daenensis*: An endangered medicinal plant, as revealed by inter simple sequence repeat (ISSR) markers. Biochemical Genetics, 47(11-12): 831-842. https://doi.10.1007/s10528-009-9281-z
- Sharifi Ashourabadi, E., Jamzad, Z., Lebaschy, M.H., Akbari Nia, A., Safaei, L., Larti, M., Habibi, R., Garivani, G.M., Safari, S., Samady Asl, V. and Mackizadeh Tafti, M., 2018. Applying thermal index to predict the phonological stages of *Thymus* growth in natural habitats. Journal of Iran Nature, 2(6): 34-44. https://doi.10.22092/IRN.2018.115187
- Zadeh Bagheri, M., Sohrab Nezhad, A., Aboutalebi Jahromi, A. and Sharafzadeh, Sh., 2011. The effects of nitrogen and phosphorus on some physicochemical characteristics and postharvest shelf life of daffodils. Modern Agricultural Findings, 6(1): 39-51. (In Persian) https://journals.iau.ir/article_516383.html