

وراثت پذیری صفات نهال‌های یک‌ساله بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.)

سهراب الوانی نژاد^۱ مسعود طبری^۲، کامبیز اسپهبدی^{۳*} و منصور تقوائی^۴

۱- استادیار دانشگاه یاسوج^۱

۲- دانشیار دانشکده منابع طبیعی دانشگاه تربیت مدرس، نور.

۳*- نویسنده مسئول مکاتبات، استادیار مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی مازندران ساری، پست الکترونیک: kespahbodi@yahoo.com

۴- استادیار بخش مدیریت مناطق بیابانی دانشکده کشاورزی دانشگاه شیراز.

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۷/۹/۲۸

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۴/۲۱

چکیده

این تحقیق به منظور تخمین میزان وراثت‌پذیری صفات نونهالی جمعیت‌های بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.) انجام شد. برای این منظور، بذور بلوط ایرانی از ۴۰ پایه مادری چهار جمعیت (مبداء) در جنگلهای حوزه زاگرس جنوبی (استان‌های کهگیلویه- بویر احمد، و فارس) در ارتفاعات ۸۵۰، ۱۱۰۰، ۱۵۰۰ و ۲۱۰۰ متر از سطح دریا جمع‌آوری گردید. سپس بذور در نهالستان آب‌باریک استان فارس (۱۷۰۰ متر از سطح دریا) به صورت آشیانه‌ای در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کاشته شدند، طوری که در هر تکرار به ازای هر پایه مادری، ۲۰ عدد بذر بطور تصادفی در هر خط قرار گرفت. در پایان فصل رویش نخست، ضریب تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف، برای صفت شادابی از ۴/۵ تا ۱۵/۷، برای قطر یقه از ۱/۹ تا ۱۱/۴ و برای ارتفاع از ۹/۱۴ تا ۲۳/۷ درصد در نوسان بود. وراثت‌پذیری شادابی در سه جمعیت کمتر از ۰/۰۱ و در یک جمعیت ۰/۲۶ بود. وراثت‌پذیری قطر یقه از ۰/۰۷ تا ۰/۵۰ و وراثت‌پذیری ارتفاع از ۰/۱۵ تا ۰/۶۰ در نوسان بود. نتایج مویید این است که در این مقطع از تحقیق، با توجه به مقدار و دامنه ضریب تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی، ارتفاع نتاج جهت ارزیابی تنوع ژنتیکی قابل توارث و گزینش زود هنگام پایه مادری به منظور تهیه بذر و تولید نهال در نهالستان فوق نسبت به سایر صفات، مناسب‌تر می‌باشد. با توجه به تغییرات ضریب تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری، تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مورد بررسی متفاوت بوده طوری که می‌توان اظهار داشت که تخریب رویشگاه عامل مهم کاهش تنوع ژنتیکی قابل انتقال در برخی از جمعیت‌های مورد بررسی باشد.

واژه‌های کلیدی: آزمون نتاج، بلوط ایرانی، تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری.

مقدمه

ایران است اما در بخشهایی از مناطق جنگلی کشورهای عراق، سوریه، لبنان و ترکیه هم می‌روید (جزیره‌ای و ابراهیمی رستاقی، ۱۳۸۲). در ایران در سطح وسیعی در جنگلهای غرب در مساحتی بالغ ۲,۲۰۰,۰۰۰ هکتار انتشار دارد. بلوط ایرانی در جهات مختلف جغرافیایی،

بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.) یکی از مهم‌ترین گونه درختی منطقه رویشی زاگرس می‌اشد. گونه‌ای دیپلوئید ($2n=2x=24$) است که ارتفاع آن گاهی به ۲۰ متر هم می‌رسد. این گونه درختی بومی

۱- این مقاله از رساله دوره دکترای نویسنده اول در رشته جنگلداری دانشگاه تربیت مدرس استخراج شده است

کاشته شده با شرایط محیطی (Sáenz-Romero و Lindig-Cisneros، ۲۰۰۴)، و نرخ پایین زنده‌مانی آنها (Sáenz-Romero و همکاران، ۲۰۰۳) باید توسط بذر ژنوتیپ‌هایی جنگل‌کاری شود که با شرایط اقلیمی دوره‌های آینده سازگاری داشته باشند. با این وجود تدوین و اجرای برنامه‌های حفاظت از منابع ژنتیکی و جنگل‌کاری با بذر ژنوتیپ‌های سازگار با استرس‌های احتمالی، نیازمند کسب اطلاع از تنوع ژنتیکی بین و درون جمعیت‌ها است (Sáenz-Romero و همکاران، ۲۰۰۶)

تنوع ژنتیکی از روش‌های مختلف، از جمله «آزمون نتاج» که اخیراً به‌طور تلفیقی با آزمایش پرونس^۱، به صورت بررسی همزمان اثر مبداء بذر و اثر پایه‌های مادری با هدف تعیین تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت و نیز انتخاب مبداء و پایه‌های مناسب بذرگیری، در قالب طرح‌های آشیانه‌ای^۲ اجرا می‌شود، قابل بررسی است (Zheng و همکاران، ۱۹۹۴؛ Sebbenn و همکاران، ۲۰۰۳؛ Rochon و همکاران، ۲۰۰۷). تنوع ژنتیکی می‌تواند با استفاده از ویژگی‌های مختلف گونه‌های گیاهی از قبیل ویژگی‌های بذر و میوه (اسپهدی و همکاران، ۱۳۸۲) تا ویژگی‌های رویشی (پورمیدانی و همکاران، ۱۳۸۳) صورت گیرد. مهم‌ترین شاخص مورد بررسی در آزمون نتاج، وراثت‌پذیری است که نوع روش اصلاحی و قدرت به ارث رسیدن صفات در یک گیاه را نشان می‌دهد (Sebbenn و همکاران، ۲۰۰۳). بالا بودن وراثت‌پذیری و پایداری آن طی چند سال، قابلیت انتقال به نسل بعد از نظر صفات مربوطه و به

عموماً بر روی خاک‌هایی با منشأ تشکیلات آهکی و قلیایی فاقد آبشویی استقرار یافته و در مقایسه با سایر گونه‌های بلوط غرب ایران از بردباری بیشتری در مقابل تغییرات خاک و رطوبت برخوردار می‌باشد (جزیره‌ای و ابراهیمی رستاقی ۱۳۸۲). از جنگلهای بلوط غرب و بلوط ایرانی به دلیل ارزشهای زیست محیطی رویشگاههای آن، بهره برداری تجاری نمی‌شود. با اینحال به دلایل مختلف مانند قطع و تبدیل کاربری توسط روستاییان و عشایر (برای تامین چوب ساختمان و سوخت)، چرای دام، فعالیت کشاورزی در جنگل و استفاده از بذر آن به عنوان غذای دام، رویشگاه‌های آن به شدت در حال تخریب است (طالبی و همکاران، ۱۳۸۵). فشار ناشی از تخریب منطقه رویشی زاگرس توسط انسان و دام از یک سو و پدیده گرم شدن زمین که پیش‌بینی می‌شود به خاطر آن طی ۵۰ تا ۱۰۰ سال آینده جمعیت بسیاری از گونه‌های جنگلی در رویشگاه‌های کنونی ضعیف و ضعیفتر شود (Tchebakova و همکاران، ۲۰۰۳؛ Rehfeldt و همکاران، ۲۰۰۴)، آینده جنگل‌های بلوط ایرانی را با مخاطرات جدی مواجه کرده است. همچنین وجود مشکلاتی نظیر کمبود درختان مادری، تناوب سال بذردهی و آفات و امراض، روند احیاء طبیعی جنگل از طریق بذر را نیز با مشکل روبرو نموده است. تدوین برنامه حفاظت از منابع ژنتیکی بلوط ایرانی و توسعه و احیاء جنگل‌های آن از طریق بذرکاری و نهال‌کاری می‌تواند از جمله مهم‌ترین و موثرترین اقدامات احیایی و حفاظتی رویشگاه‌های این گونه باشد.

به طور کلی گزارشات موجود نشان می‌دهد که در بسیاری از موارد به دلیل ناسازگاری ژنتیکی؛ نهال‌های

1 - Provenance test

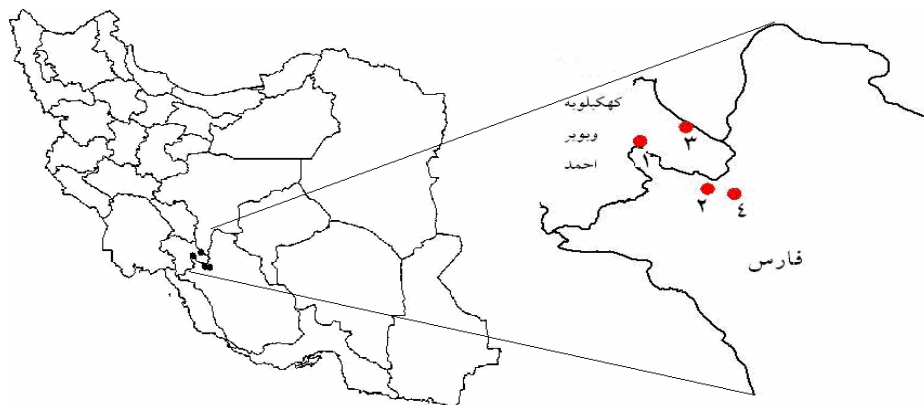
2 - Nested design

طرح بلوکهای کامل تصادفی در سه تکرار و ۴۰ تیمار در نهالستان شهید روستا آب باریک استان فارس (با ارتفاع ۱۷۰۰ متر از سطح دریا) کاشته شد. بدین ترتیب ۴۰ پایه مادری از ۴ رویشگاه به عنوان ۴۰ ژنوتیپ به - طور تصادفی در هر تکرار قرار گرفت و به ازای هر پایه مادری ۲۰ عدد بذر سالم به طور خطی در هر تکرار کاشته شد. در صورت جوانه‌زنی هر دو بذر کنار هم کاشته شده، یکی از آنها حذف گردید تا در هر محل کاشت تنها یک نهال باقی بماند. آنگاه صفات زنده‌مانی، شادابی، قطر یقه و ارتفاع نهال‌ها پس از پایان فصل رویش نخست برای ده نهال موجود در خط اندازه‌گیری گردید. زنده‌مانی نونهال‌ها بصورت رتبه‌ای با در نظر گرفتن رتبه ۲ برای نونهال‌های زنده و رتبه ۱ برای نونهال‌های از بین‌رفته ثبت شد (Cornelius و همکاران، ۱۹۹۶b). برای ثبت شادابی از ۴ رتبه استفاده گردید، برای نهالی که کمتر از ۱۰ درصد برگ‌های آن خشک بود رتبه ۴ و نهالی که بیش از ۹۰ درصد برگ‌های آن خشک بود، رتبه ۱ منظور شد (Baliuckas و همکاران، ۲۰۰۴). قطر یقه با استفاده از کولیس دیجیتال به دقت ۰/۱ میلی‌متر و ارتفاع نهال با استفاده از خط-کش با دقت میلی‌متر اندازه‌گیری گردید. در طی دوره اجرای تحقیق سه بار وجین علف‌های هرز انجام و نونهال‌ها طبق برنامه آبیاری رایج در نهالستان، آبیاری شدند.

علاوه کیفیت تنوع ژنتیکی (افزایشی) را نشان می‌دهد که در این صورت، دست آورد ژنتیکی مناسب از طریق گزینش پایه‌های مادری قابل حصول خواهد بود (Cornelius و همکاران، ۱۹۹۶a). در این تحقیق از طریق انجام آزمون نتاج، اهدافی همچون تعیین میزان وراثت‌پذیری و تعیین تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های بلوط ایرانی دنبال شد تا تدوین برنامه مناسب جهت حفاظت منابع ژنتیکی جنگلهای بلوط ایرانی، تولید نهال، جنگلکاری و احیاء آن با اطمینان بیشتری انجام شود.

روش تحقیق

جهت انجام این تحقیق چهار رویشگاه جنگلی (جمعیت) بلوط ایرانی از ارتفاعات مختلف زاگرس جنوبی واقع در استان‌های کهگیلویه- بویر احمد (رویشگاه‌های باشت و تنگ تامرادی، به ترتیب با ارتفاع ۸۵۰ و ۱۵۰۰ متر از سطح دریا)، و فارس (رویشگاه‌های ممسنی و آب زالو، به ترتیب با ۱۱۰۰ و ۲۱۰۰ متر ارتفاع از سطح دریا) شناسایی شد (شکل ۱). از هر جمعیت ۱۰ درخت مادری دانه‌زاد سالم جهت بذرگیری شناسایی گردید و جهت حذف قرابت‌های ژنتیکی ناشی از تکثیر رویشی، فاصله درختان مادری از یکدیگر حداقل ۱۰۰ متر در نظر گرفته شد. از هر یک از پایه‌های مورد بررسی مقدار کافی بذر سالم تهیه و در کیسه‌های پلاستیکی تا موقع کاشت، در دمای $1^{\circ}\text{C} \pm 4$ ، ذخیره شد. سپس بذور به صورت آشیانه‌ای در قالب



(۱- باشت ۲- ممسنی ۳- تنگ تامرادی ۴- آب زالو)

شکل ۱- موقعیت محل های جمع آوری بذر در دو استان فارس و کهگیلویه و بویر احمد

تجزیه و تحلیل آماری

ابتدا نرمال بودن داده‌ها بررسی و سپس تجزیه و تحلیل داده‌ها از طریق رویه PROC GLM (انسیتو SAS، ۱۹۸۹) انجام شد. ابتدا تفاوت بین جمعیت‌ها و پایه‌های مادری آشیانه شده در جمعیت‌ها از طریق مدل ۱ (برگرفته از روش Rochon و همکاران، ۲۰۰۷) برآورد گردید که در آن μ معرف میانگین کل هریک از صفات، R_i اثر بلوک، L_j اثر جمعیت (رویشگاه)، $G_k(L_j)$ نشان دهنده اثر پایه های مادری آشیانه شده در جمعیتها، $P_l(L_j * G_k)$ نشان دهنده اثر آشیانه ای نتاج در پایه مادری در جمعیت و e_{ijkl} خطای کل مدل می‌باشد، انجام شد.

$$\text{مدل ۱: } Y_{ijkl} = \mu + R_i + L_j + G_k(L_j) + P_l(L_j * G_k) + e_{ijkl}$$

واریانس نسبی مؤلفه های مدل، مطابق با روش Rochon و همکاران (۲۰۰۷)، از تقسیم واریانس هریک از مؤلفه‌ها به مجموع واریانس مدل و واریانس نسبی جمعیت از تقسیم واریانس جمعیت به مجموع واریانس جمعیت و پایه مادری آشیانه شده در جمعیت به دست آمد.

تجزیه واریانس، تفکیک واریانس‌ها و تخمین میزان

وراثت‌پذیری، به طور جداگانه برای هریک از جمعیت‌ها از طریق مدل شماره ۲ که در آن G_i اثر پایه مادری، $P_k(G_j)$ اثر نتاج آشیانه شده در پایه مادری و e_{ijk} اثر خطای کل مدل می باشد انجام شد.

$$\text{مدل ۲: } Y_{ijk} = \mu + R_i + G_j + R_i * G_j + P_k(G_j) + e_{ijk}$$

به دلیل حذف برخی از نتاج، واریانس‌ها از طریق محاسبه امید ریاضی میانگین مربعات مربوط به طرح‌های نامتعادل آشیانه‌ای به اجزای متشکله تفکیک گردید. واریانس افزایشی با استفاده از رابطه شماره ۱ که در آن $\sigma^2 v$ واریانس ژنتیکی افزایشی و $\sigma^2 g$ واریانس فامیل‌های نیمه خواهری (هاف سیب) می‌باشد بدست آمد.

$$\text{رابطه ۱ (واریانس ژنتیکی افزایشی): } \sigma^2 v = 4\sigma^2 g$$

وراثت‌پذیری با استفاده از رابطه ۲ محاسبه گردید که در آن $\sigma^2 p_i$ واریانس فنوتیپی (شامل واریانس تکرار، واریانس پایه مادری، واریانس اثر متقابل تکرار در پایه مادری، واریانس اثر آشیانه‌ای و واریانس خطا)، $\sigma^2 v_i$ واریانس ژنتیکی افزایشی و $h^2 i$ مبین وراثت‌پذیری

خصوصی است (Falconer و Mackay، ۱۹۹۶).

رابطه ۲ (وراثت پذیری خصوصی):

$$h^2_i = \sigma^2_{v_i} / \sigma^2_{p_i}$$

نتایج

- تجزیه واریانس بین جمعیتها:

نتایج تجزیه داده‌ها نشان داد که هر یک از صفات

زنده مانی، شادابی، قطر یقه و ارتفاع نهالها در نهالستان، به طور معنی‌داری متاثر از جمعیت (مبداء بذر) و اثر آشیانه‌ای پایه مادری در جمعیت بودند ($p < 0.01$) (جدول ۲). معنی‌دار شدن اثر آشیانه‌ای پایه مادری در جمعیت آشکار می‌کند که حداقل در یکی از جمعیت‌ها اختلاف بین ده پایه مادری از نظر صفات مورد بررسی معنی‌دار است.

جدول ۲- میانگین مربعات (MS) حاصل از تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده

| منابع تغییرات | زنده مانی | شادابی | قطر یقه (میلی متر) | ارتفاع نهال (سانتی متر) |
|---|-----------|--------|--------------------|-------------------------|
| تکرار | ۱۵۰۸/۳ ns | ۴/۵۳** | ۲/۷۰** | ۶۰/۲۲** |
| جمعیت | ۲۸۶۵۵/۵** | ۱۸/۶** | ۹/۶** | ۵۳۶/۲** |
| اثر آشیانه‌ای پایه مادری در جمعیت | ۵۶۴۰/۷۴** | ۱/۷۸** | ۱/۳۲** | ۲۸۹۸** |
| اثر آشیانه‌ای نتاج در پایه مادری در جمعیت | ۹۴۴/۰** | ۰/۶۷* | ۰/۲۶ ns | ۵/۱۸ ns |
| خطا | ۸۱۴/۹ | ۰/۵۷ | ۰/۳۲ | ۶/۱۳ |
| CV | ۱۵/۱۹ | ۲۲/۸۰ | ۱۵/۴۹ | ۲۴/۲۹ |

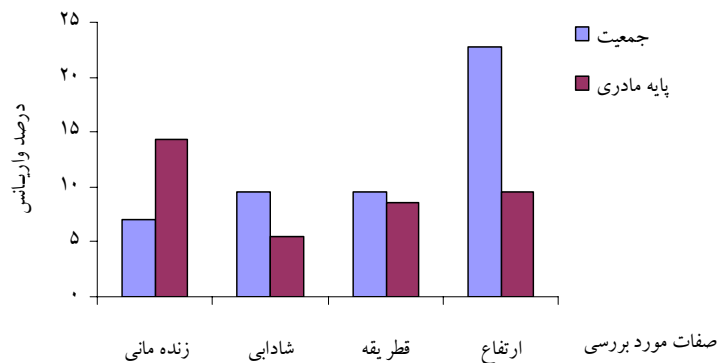
** اختلاف در سطح $p < 0.01$ معنی‌دار شد. * اختلاف در سطح $p < 0.05$ معنی‌دار شد. ns = اختلاف معنی‌دار نشد.

پایه مادری از کل واریانس‌های ایجاد شده در مدل بوده است (شکل ۲). نسبت واریانس بین جمعیتی برای صفت شادابی ۰/۳۲ و برای سایر صفات بیشتر از ۰/۵۰ بود. این نتایج موید آن است که به جز صفت زنده‌مانی نهالها، برای سایر صفات، واریانس‌های ایجاد شده در مدل بیشتر متاثر از تنوع و تفاوت بین جمعیت‌ها بوده تا تفاوت بین پایه‌های مادری در هر جمعیت.

در خصوص صفت زنده مانی، سهم جمعیت در ایجاد واریانس ۷ درصد و سهم درخت مادری ۱۳/۳ درصد از کل واریانس مدل بوده است. اما در خصوص شادابی، سهم جمعیت و پایه مادری به ترتیب ۹/۶ و ۵/۵ درصد و در رابطه با قطر یقه، سهم جمعیت ۹/۶ و سهم پایه مادری ۸/۵ درصد از کل واریانس شد (جدول شماره ۳). در خصوص ارتفاع نتاج، سهم جمعیت ۲۲/۸ درصد و تقریباً ۳ برابر سهم

جدول ۳- اجزاء تشکیل دهنده واریانس صفات و سهم نسبی واریانس‌ها و واریانس نسبی بین جمعیتی

| منبع تغییرات | زنده مانی | شادابی | قطر یقه | ارتفاع |
|--|----------------|----------------|----------------|---------------|
| تکرار | ۱/۷۳ (٪۰/۲) | ۰/۱۷ (٪۰/۳) | ۰/۰۰۷ (٪۰/۱) | ۰/۱۶ (٪۰/۱) |
| جمعیت | ۷۶/۷۲ (٪۰/۷) | ۰/۰۷ (٪۰/۹) | ۰/۰۵ (٪۰/۹) | ۲/۱۳ (٪۰/۲۲) |
| پایه مادری آشیانه شده در جمعیت | ۱۵۶/۵۴ (٪۰/۱۴) | ۰/۰۴ (٪۰/۵) | ۰/۰۴ (٪۰/۸) | ۰/۹ (٪۰/۹) |
| نتاج آشیانه شده در پایه مادری در جمعیت | ۴۳/۱۷ (٪۰/۳) | ۰/۰۳۷ (٪۰/۰/۱) | ۰/۰۰۱ (٪۰/۰/۷) | ۰/۰۱ (٪۰/۰/۱) |
| خطا | ۸۱۴/۹ (٪۰/۷) | ۰/۵۷ (٪۰/۷) | ۰/۳۳ (٪۰/۷) | ۶/۳ (٪۰/۶) |
| نسبت واریانس بین جمعیتی | ۰/۳۲ | ۰/۶۳ | ۰/۵۱ | ۰/۷۱ |



شکل ۲- مقایسه واریانس مؤلفه‌های جمعیت و پایه‌های مادری آشیانه شده در جمعیت

مقدار ضریب تنوع ژنتیکی^۱ صفات در جمعیت داشت از حداقل ۰/۲٪ برای صفت شادابی تا ۱۷٪ برای صفت ارتفاع در نوسان بود (جدول ۵). در جمعیت ممسنی ضریب تنوع ژنتیکی صفات شادابی، قطر یقه و ارتفاع به ترتیب ۴/۵٪، ۱/۹٪ و ۹/۱۴٪ به دست آمد. در جمعیت تنگ تامرادی مقدار ضریب تنوع ژنتیکی صفات کمتر از سایر جمعیتها بود. در جمعیت آب زالو حداکثر ضریب تنوع ژنتیکی به ارتفاع نتاج (۲۳/۷٪) و حداقل آن به صفت قطر یقه (۰/۹٪) متعلق بود. بنابراین در بین صفات مورد بررسی بیشترین مقدار ضریب تنوع ژنتیکی به ترتیب برای صفت ارتفاع و قطر یقه مشاهده شد. در بین چهار رویشگاه بیشترین مقدار ضریب تنوع ژنتیکی به رویشگاه آب زالو و سپس به رویشگاه باشت و کمترین آن به رویشگاه تنگ تامرادی اختصاص یافت.

تجزیه واریانس درون جمعیتی: در جمعیت باشت اختلاف بین پایه های مادری از نظر زنده مانی و شادابی نهالها معنی دار نشد. اما از نظر قطر یقه و ارتفاع نتاج، در سطح احتمال ($p < 0.01$) معنی دار گردید (جدول ۴). در جمعیت ممسنی اختلاف بین پایه های مادری از نظر زنده مانی نهالها معنی دار نشد، اما از نظر شادابی، قطر یقه و ارتفاع نتاج در سطح احتمال ($p < 0.01$) معنی دار گردید. بین پایه های مادری جمعیت تنگ تامرادی از نظر قطر یقه نهالها اختلاف معنی دار در سطح احتمال ($p < 0.05$) و از نظر زنده مانی، شادابی و ارتفاع اختلاف معنی دار در سطح احتمال ($p < 0.01$) دیده شد. در جمعیت آب زالو اختلاف بین پایه های مادری از نظر هر چهار صفت اندازه گیری شده در سطح احتمال ($p < 0.01$) معنی دار شد (جدول ۴).

1 -Genetic variation coefficient

جدول ۴. میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات زنده‌مانی و رشد در جمعیت‌ها

| جمعیت | منبع تغییرات | زنده ماننی (%) | شادابی | قطر یقه (میلی‌متر) | ارتفاع (سانتی‌متر) |
|-------------------|--------------------|----------------|----------|--------------------|--------------------|
| باشت | تکرار | ۶۳۳/۳ ns | ۰/۷۶ ns | ۶/۴۹ ** | ۶۱/۸۵ ** |
| (ارتفاع ۸۵۰ متر) | پایه مادری | ۳۷۴ ns | ۰/۷۲ ns | ۱/۷۹ ** | ۳۸/۶۷ ** |
| | تکرار × پایه مادری | ۴۸۵/۲ ns | ۰/۸۷ ns | ۰/۴۳ ns | ۱۱/۵۳ * |
| | اثر آشیانه ای نتاج | ۵۳۹/۶ * | ۰/۶۹ ns | ۰/۲۵ ns | ۶/۸۷ ns |
| | مقدار خطا | ۳۵۱/۸۵ | ۰/۵۲ | ۰/۲۸ | ۶/۳ |
| ممسنی | تکرار | ۲۰۳۳/۳ * | ۵/۳۴ ** | ۳/۸۳ ** | ۵۶/۸۹ ** |
| (ارتفاع ۱۱۰۰ متر) | پایه مادری | ۷۴۴/۴ ns | ۱/۴۹ ** | ۱/۸۴ ** | ۳۰/۶۸ ** |
| | تکرار × پایه مادری | ۴۷۷/۷ ns | ۱/۲۵ ** | ۰/۴۶ * | ۱۵/۲۲ ** |
| | اثر آشیانه ای نتاج | ۴۴۸/۱۴ ns | ۰/۶ ** | ۰/۲۶ ns | ۶/۱ * |
| | مقدار خطا | ۵۵۹/۲۵ | ۰/۳۴ | ۰/۲۴ | ۳/۹۷ |
| تنگ تامرادی | تکرار | ۷۰۰ ns | ۰/۰۲۷ ns | ۰/۵۳ ns | ۱۴/۴۹ ns |
| (ارتفاع ۱۵۰۰ متر) | پایه مادری | ۱۰۶۲۵/۹ ** | ۱/۵۱ ** | ۰/۶۶ * | ۲۰/۲۶ ** |
| | تکرار × پایه مادری | ۱۲۹۲/۶ ns | ۱/۰۳ ** | ۰/۵۷ * | ۱۴/۰۱ ** |
| | اثر آشیانه ای نتاج | ۷۰۷/۴ ns | ۰/۵۶ * | ۰/۲۴ ns | ۵/۴۵ ns |
| | مقدار خطا | ۸۶۲/۹۶ | ۰/۳۹ | ۰/۲۸ | ۵/۵۷ |
| آب زالو | تکرار | ۱۳۳/۳ ns | ۴/۹۸ ** | ۱/۵۹ ** | ۲۶/۴۵ ** |
| (ارتفاع ۲۱۰۰ متر) | پایه مادری | ۱۰۸۱۸/۵ ** | ۲/۹۶ ** | ۱/۰۹ ** | ۲۴/۲۱ ** |
| | تکرار × پایه مادری | ۱۹۸۵/۱۸ ns | ۱/۱۸ ns | ۰/۶۷ ** | ۷/۴ * |
| | اثر آشیانه ای نتاج | ۲۰۹۲/۵۹ * | ۰/۸۲ ns | ۰/۲۵ ns | ۴/۱۴ ns |
| | مقدار خطا | ۱۳۹۲/۵۹ | ۰/۷۲ | ۰/۲۷ | ۴/۲۸ |

**= اختلاف در سطح $p < 0.01$ معنی‌دار شد. * = اختلاف در سطح $p < 0.05$ معنی‌دار شد. ns = اختلاف معنی‌دار نشد.

جدول ۵- مقدار ضریب تنوع ژنتیکی صفات (%) مطالعه شده در نتاج درون جمعیت‌های مورد مطالعه

| جمعیت | شادابی | قطر یقه | ارتفاع |
|----------------|--------|---------|--------|
| ۱- باشت | ۵/۲ | ۱۱/۴ | ۱۷ |
| ۲- ممسنی | ۴/۵ | ۱/۹ | ۹/۱۴ |
| ۳- تنگ تامرادی | ۵/۸ | ۳/۹ | ۱۰/۲۲ |
| ۴- آب زالو | ۱۵/۷ | ۹ | ۲۳/۷ |

- وراثت پذیری صفات :

ارتفاع نتاج (۰/۱۵) و حداقل آن به قطر یقه (۰/۰۷) اختصاص پیدا کرد. در جمعیت آب زالو حداکثر وراثت پذیری به ارتفاع نتاج (۰/۶۰) و حداقل آن به صفت شادابی (۰/۲۳) متعلق بود. بنابراین در بین صفات مورد بررسی بیشترین مقدار وراثت پذیری به صفت ارتفاع و بعد از آن به قطر یقه مربوط گردید. بیشترین مقدار وراثت پذیری این صفت در رویشگاه آب زالو و سپس در رویشگاه باشت و کمترین آن در رویشگاه تنگ تا مرادی مشاهده شد (جدول ۶).

مقدار وراثت پذیری صفات در جمعیت باشت از حداقل ۰/۰۲ برای صفات شادابی تا حداکثر ۰/۵۰ برای قطر یقه در نوسان بود (جدول ۶). وراثت پذیری صفت ارتفاع نیز ۰/۴۵ محاسبه گردید (جدول ۶). در جمعیت ممسنی وراثت پذیری صفات شادابی، قطر یقه و ارتفاع به ترتیب ۰/۰۴، ۰/۴۱ و ۰/۲۸ برآورد گردید. در جمعیت تنگ تامرادی مقدار وراثت پذیری صفات کمتر از سایر جمعیت ها بود. در این جمعیت حداکثر وراثت پذیری به

جدول ۶- مقدار وراثت پذیری خصوصی صفات نتاج درون جمعیت های مورد مطالعه

| ارتفاع | قطر یقه | شادابی | جمعیت |
|--------|---------|--------|-------------|
| ۰/۴۵ | ۰/۵۰ | ۰/۰۲ | باشت |
| ۰/۲۸ | ۰/۴۱ | ۰/۰۴ | ممسنی |
| ۰/۱۵ | ۰/۰۷ | ۰/۰۸ | تنگ تامرادی |
| ۰/۶۰ | ۰/۲۶ | ۰/۲۳ | آب زالو |

بحث

همکاران، ۲۰۰۲؛ اسپهبدی و همکاران، ۱۳۸۷) هماهنگ است. اصولاً شادابی تحت تاثیر تنش های محیطی مخصوصاً دما و خشکی قرار داشته و حساسیت آن در سال اول استقرار نهال بسیار بالا است. به علاوه، اساساً اندازه گیری صفاتی که رتبه ای ثبت می شوند نسبت به صفات کمی که با ابزار اندازه گیری می شوند دارای خطای بیشتری بوده و باعث افزایش سهم واریانس های محیطی می گردد، به نحوی که اتکا به این صفات برای انتخاب زود هنگام ریسک بزرگی قلمداد می گردد (Magnussen و Yanchuk، ۱۹۹۳).

اما وراثت پذیری قطر یقه از حداقل ۰/۰۷ تا ۰/۵۰ و وراثت پذیری ارتفاع از حداقل ۰/۱۵ تا ۰/۶۰ در نوسان بوده که می توان گفت جزء افزایشی صفت قطر ضعیف تا متوسط و جزء افزایشی صفت ارتفاع متوسط تا قوی بوده است. لذا در بین سه صفت یاد شده، واریانس افزایشی در صفت

نتایج این تحقیق نشان داد که وراثت پذیری صفت شادابی در سه جمعیت کمتر از ۰/۱ و در یک جمعیت ۰/۲۳ بود. در اکثر جمعیت های مورد بررسی، میزان وراثت پذیری شادابی از وراثت پذیری قطر یقه و ارتفاع نتاج کمتر بود که نشان می دهد که از نظر شادابی، بیشتر تنوع موجود، غیر افزایشی (از نوع غلبه یا ایستازی و یا اثرات محیطی) است. از این رو می توان گفت که این صفات کمتر از سایر صفات تحت کنترل ژن قرار دارند (Cornelius، ۱۹۹۶b). این نتیجه با گزارش بسیاری از محققان که معتقدند وراثت پذیری صفاتی که اساساً رتبه ای ثبت می شوند (مثل زندهمانی، شادابی و راستاری تنه) و یا صفاتی که شمارش می شوند (مثل تعداد شاخه)، نسبت به وراثت پذیری صفات کمی (مثل ارتفاع و قطر) کمتر است (Toky و همکاران، ۱۹۹۶؛ Hodges و

بر اساس یک اصل کلی بلوط ایرانی همانند اکثر بلوط‌های دنیا دگرگشن^۱ بوده و گرده افشانی آنها از طریق باد انجام می‌شود (کیانی، ۱۳۸۳). این نوع روش تولید مثل باعث انتشار ژنی^۲ شده که نتیجه آن وجود تنوع ژنتیکی بیشتر در درون جمعیت و تنوع ژنتیکی کمتر در بین جمعیت‌ها می‌گردد (Hamrick و همکاران، ۱۹۹۲). بنابراین انتظار نمی‌رفت که تنوع ژنتیکی بین جمعیتی بلوط ایرانی از تنوع ژنتیکی درون جمعیتی آن بیشتر باشد. شدت تخریب از انواع مختلف حذف پایه‌های مادری، جمع‌آوری بذر برای خوراک دام و انسان، شخم اراضی زیر تاج پوشش درختان و چرای مفرط در چهار رویشگاه مورد بررسی با هم متفاوت است که می‌تواند تا حدود زیادی باعث کاهش کلی تنوع چه در سطح داخلی و چه در سطح بین جمعیتی گردد. اسپهبدی و همکاران (۱۳۸۴) در خصوص بارانک نیز گزارش کردند که رویشگاه‌هایی که کمتر تحت تاثیر حضور انسان و چرای دام قرار داشتند از تنوع ژنتیکی بیشتری برخوردار بودند. بنابراین برای حفظ حداقل تنوع ژنتیکی موجود در رویشگاه‌های بلوط ایرانی لازم است برنامه‌های حفاظت و احیاء در رویشگاه‌های بیشتر تخریب یافته هرچه سریع‌تر تدوین و اجرا گردد.

منابع مورد استفاده

- اسپهبدی، ک.، میرزایی ندوشن، ح.، طبری، م.، اکبری نیا، م. و دهقان شورکی، ی. ۱۳۸۷. مطالعه میزان توارث پذیری برخی از صفات رشد در نهال‌های بارانک. فصلنامه تحقیقات جنگل و صنوبر ایران، جلد ۱۶ (۱): ۱-۱۰.
- اسپهبدی، ک. ۱۳۸۴. بررسی تنوع ژنتیکی و اثرات محیط و

ارتفاع بیشتر از قطر یقه و بقیه صفات بوده است که این نتیجه با نتایجی که قبلاً توسط Cornelius و همکاران (۱۹۹۶b) برای گونه *Alnus acuminata*، و Bogdan و همکاران (۲۰۰۴) برای *Q. robur* گزارش شد هماهنگ است. اساساً حساسیت قطر یقه نسبت به شرایط محیطی بالا است (Campbell و Willson، ۱۹۷۳؛ Duryea، ۱۹۸۴) و از طرف دیگر، ممکن است اندازه‌گیری قطر یقه با مشکلاتی از جمله برابر نبودن اقطار یقه در جهت‌های مختلف و یا قرار نگرفتن کولیس در محل واقعی قطر یقه همراه باشد که باعث بروز خطا در اندازه‌گیری می‌شود. به همین علت، امروزه برای کاهش خطاهای یاد شده برخی از محققین همانند Rochon و همکاران (۲۰۰۷) توصیه می‌کنند که در برخی از گونه‌های بلوط اندازه‌گیری قطر یقه در ۱۰ سانتی‌متری بالای سطح خاک انجام شود. به طور کلی، اگرچه ممکن است در سال‌های آینده تغییراتی در وراثت پذیری صفات، به‌ویژه ارتفاع، بروز نماید اما با عنایت به هماهنگی نتایج این تحقیق با گزارش بسیاری از محققین، وراثت پذیری ارتفاع در خصوص بلوط ایرانی می‌تواند از قابلیت بهتری برای ارزیابی تنوع ژنتیکی نسبت به سایر صفات برخوردار باشد.

نتایج تجزیه واریانس بین جمعیتی مبین وجود اختلاف معنی‌دار بین جمعیت‌ها از نظر صفات مورد بررسی است. این تنوع با عنایت به میزان و دامنه ضریب تنوع ژنتیکی و وراثت پذیری صفات کمی و مخصوصاً صفت ارتفاع، می‌تواند ژنتیکی (از نوع قابل توارث) باشد. نسبت واریانس بین جمعیتی در سه صفت از چهار صفت مورد بررسی بیشتر از ۵۰ درصد بود و که نشان می‌دهد که اختلاف بین جمعیت‌ها بیشتر از اختلاف بین درختان مادری در هر رویشگاه در ایجاد واریانس‌ها نقش داشته است. در نتیجه تنوع بین جمعیتی از تنوع درون جمعیتی بیشتر می‌باشد. اما

1 - Out-crossing

2 - Gene flow

- Junk Publications, pp: 43-164
- Falconer, D. S., and Mackay, T. F. C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics, Longman Group, London, 464 p.
 - Hamrick, J. L., Godt, M. J., Sherman, and Broyles, S. L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New For.*, 6: 95-124.
 - Hodge, G. R., Dvorak, W. S., Uruena, H., and Rosales, L. 2002. Growth, provenance effects and genetic variation of *Bambacopsis quinata* in field test in Venezuela and Colombia. *For. Ecol. Manage.* 158: 273-289.
 - Magnussen, S., and Yanchuk, A. D. 1993. Selection age and risk: Finding the compromise. *Silvae Genetica*, 42: 25-40.
 - Rehfeldt, G. E., Tchebakova, N. M., and Parfenova, E. 2004. Genetic responses to climate and climate change in conifers of the temperate and boreal forests. *Recent Res. Dev. Genet. Breeding* 1: 113-130.
 - Rochon, C. Margolis, H. A. and Weber J. C. 2007. Genetic variation in growth of *Guazuma crinita* (Mart.) trees at an early age in the Peruvian Amazon. *Forest Ecology and Management*, 243: 291-298.
 - Sáenz-Romero, C. Guzman- Reyna, R. R. and Rehfeldt, G. E., 2006. Altitudinal genetic variation among *Pinus oocarpa* populations in Michoacán, Mexico Implications for seed zoning, conservation, tree breeding and global warming. *Forest Ecology and Management*, 229: 340-350.
 - Sáenz-Romero, C., and Lindig-Cisneros, R. 2004. Evaluation y propuestas para el program de reforestacion en Michoacan, Mexico. *Ciencia Nicolaita*, 37: 107-122.
 - Sáenz-Romero, C., Snively, A., and Lindig-Cisneros, R. 2003. Conservation and restoration of pine forest genetic resources in Mexico. *Silvae Genetica* 52: 233-237.
 - SAS Institute., 1989. SAS Users Guide Statistics. Version 6. SAS Institute, Cary, NC, 943 p.
 - Sebbenn, A. M., Pontinha, A. A. S., Giannotti, E., and Kageyama, P. Y. 2003. Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucaria angustifolia* (Bert) O. Ktze. In Sao Paulo, Brazil. *Silvae Genetica*. 52: 181-184.
 - Tchebakova, N.M., Rehfeldt, G. E., and Parfenova, A. I. 2003. Redistribution of vegetation zones and populations of *Larix sibirica* Ledeb. and *Pinus sylvestris* L. in Central Siberia in a Warming climate. *Siberian Ecol. J.*, 10: 677-686. (in Russian).
 - Toky, O. P., Kumar, N., Bisht, P. R. 1996. Variation in growth of 3-year old provenance trial of *Albizia lebbek* (L.) Benth. in arid India. *Silvae Genetica*, 45: 31-33.
 - Zheng, Y. O. Ennos, R. and Wang, H. R., 1994. Provenance variation and genetic parameters in a trial of *Pinus caribaea* Morrelet var. Bahamensis and Golf. *Forest Genetics*, 1: 165-174.
 - ژنوتیپ روی استقرار و رشد نهال بارانک. رساله دکتری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی دانشگاه تربیت مدرس، ۸۶ صفحه.
 - اسپهبدی، ک.، میرزایی ندوشن، ح. طبری، م.، اکبری نیا، م.، ۱۳۸۲. بررسی تنوع ژنتیکی بارانک (*Sorbus torminalis* L. Crantz) از طریق بررسی صفات میوه. تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان جنگلی و مرتعی ایران، ۱۱: ۲۰۱-۲۱۸.
 - پورمیدانی، ع. و میرزایی ندوشن، ح. ۱۳۸۳. بررسی تنوع ژنتیکی و تجزیه کلاستر (خوشه‌ای) ژنوتیپ‌های مختلف ناغ (*Haloxylon*). تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان جنگلی و مرتعی ایران، ۱۲: ۱-۱۵.
 - جزیره‌ای، م. ح. و م. ابراهیمی رستاقی. ۱۳۸۲. جنگل‌شناسی زاگرس. انتشارات دانشگاه تهران، ۵۶۰ صفحه.
 - طالبی، م.، ثاقب طالبی، خ و جهان بازی گوجانی، ح. ۱۳۸۵. بررسی نیاز رویشگاهی و برخی خصوصیات کمی و کیفی بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.) در جنگل‌های استان چهارمحال و بختیاری، فصل نامه تحقیقات جنگل و صنوبر ایران، ۱۴ (۱ پیاپی ۱۳): ۶۷-۷۹.
 - کیانی، ب.، ۱۳۸۳. ژنتیک جنگل (توسعه درخت و جنگل). انتشارات حق شناس. ۲۱۲ صفحه.
 - Baliuckas, V. Lagerstrom, T. Norell, L. and Eriksson G. 2004. Genetic variation among and within populations in Swedish species of *Sorbus aucuparia* l. and *Prunus padus* l. Assessed in a nursery trial. *Silvae Genetica*, 54 : 1-8.
 - Bogdan, S., Katicic-Trupcevic, I., and Kajba, D. 2004. Genetic variation in growth traits in a *Quercus robur* l. open-pollinated progeny test of the Slovenian provenance. *Silvae Genetica*, 53: 198-201.
 - Campbell, R. K. and Wilson, B. C. 1973. Spacing-genotype interaction in Douglas fir. *Silvae Genetica*, 22: 15-20.
 - Cornelius, J., Apedaile, L. and Mesen, F. 1996a. Provenance and family variation in height and diameter growth of *Cupressus Lusitanica* Mill. in Costa Rica. *Silvae Genetica*, 45: 82-85.
 - Cornelius, J., Mesén, F., Corea, E. and Henson, M. 1996b. Variation in growth and form of *Alnus acuminata* Kunth. Grown in Costa Rica. *Silvae Genetica*, 45: 24-30.
 - Duryea, M.L., 1984. Nursery Cultural Practices: Improvement of Seedling Quality. In: Forest Nursery Manual: Production of Bare Root Seedling. C.M.L, Duryea and T. D. Landis, (eds.) Martinus Nijhoff, W.

Heritability of Traits in 1- Year Seedlings of Persian Oak (*Quercus brantii* Lindl.)

S. Alvaninejad¹, M. Tabari², K. Espahbodi^{3*}, M. Taghvaei⁴

1 – Assoc. Prof., Yasooj University, Yasooj, I.R.Iran.

2 – Associ. Prof., Faculty of Natural Resources and Marine Science, University of Tarbiat Modares, Noor, I.R.Iran.

3*- Corresponding Author, Assis. Prof., Research Center of Animal Affairs and Natural Resources of Mazandaran, Sari, I.R.Iran.

Email: kespahbodi@yahoo.com

4- Assis. Prof., Faculty of Agriculture, University of Shiraz, Shiraz, I.R.Iran.

Received: 11.07.2008

Accepted: 18.12.2008

Abstract:

This investigation was conducted to determine the genetic variation and to estimate amount of heritability of several morphological traits of four populations (seed sources) of Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.). For this purpose some acorns were collected from 40 mother trees of 4 populations at elevations of 850, 1100, 1500 and 1400 m a.s.l. located in southern Zagrosian forest regions (Kohkilouye-Bouyer Ahmad, and Fars provinces). To perform the progeny test, 16 seeds were used from each mother tree and planted in a randomized completely block design with three replications in nursery of Ab-barik of Fars (1700 m a.s.l.). Progenies of the forty mother trees were randomly distributed in the replications. At the end of the first growing season, results revealed that genetic variation coefficient in populations varied from 4.5 to 15.7% for vigor, 1.9 to 11.4% for collar diameter and 9.14 to 23.7% for height of progenies. Heritability varied from 0.01 to 0.26, 0.07 to 0.50 and 0.15 to 0.60 for vigor, collar diameter and height of progenies, respectively. Based on rate and range of genetic variation coefficient and heritability of the traits, seedlings height would be the most suitable trait to estimate the genetic variation and early selection of mother trees in order to seed collection and seed sowing in Ab-barik nursery. Regarding to differences in genetic variation indices, it can also be cited that deforestation is main reason in reduction of genetic variation in some of the investigated populations.

Key words: Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.), Progeny test, Heritability, Genetic variation