

## بررسی ساختار ژنتیکی جمعیت‌هایی از گز روغنی در مراحل اولیه رشد

حسین میرزایی ندوشن\*<sup>۱</sup>، هاشم کنشلو<sup>۲</sup>، فرشته اسدی‌کرم<sup>۳</sup>، مجید حسینی<sup>۴</sup> و محمدیوسف آچاک<sup>۵</sup>

۱- نویسنده مسئول مکاتبات، استاد پژوهش، موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

۲- مربی پژوهش، موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

۳- کارشناس ارشد، موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

۴- کارشناس ارشد، موسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

۵- کارشناس، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان سیستان و بلوچستان، ایرانشهر

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۰۷/۲۴

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۹/۰۸

### چکیده

گز روغنی (*Moringa peregrina* (Forssk.) Fiori) تنها گونه جنس مورینگاست که به صورت طبیعی در مناطقی از جنوب و جنوب شرقی کشور ما رویش دارد. این گونه علاوه بر ارزش‌های زیست محیطی، ارزش صنعتی و دارویی زیادی دارد و در طبیعت به دلایل مختلف در معرض خطر فرسایش شدید ژنتیکی است. در این تحقیق بذور شش جمعیت از این گونه از رویشگاه‌های آن در مناطق جنوب شرقی کشور از روی تک پایه‌های متعددی جمع‌آوری شده و پس از کاشت و تولید نهال از نظر ویژگی‌های مختلف نونهالی مورد مطالعه و بررسی قرار گرفتند. از آنجا که تک درختان هر جمعیت با سایر جمعیت‌ها متفاوت بوده و نتاج هر تک درخت نیز با نتاج سایر درختان متفاوت بود اطلاعات حاصل به صورت آشیانه‌ای تجزیه و تحلیل شدند. نتایج تجزیه و تحلیل داده‌ها نشان داد که جمعیت‌ها از نظر صفات مورد مطالعه در دوره نونهالی اختلاف چندانی با هم ندارند و بیشتر اختلافات درون جمعیتی است. به عبارتی تنوع درون جمعیتی بیش از تنوع بین جمعیتی بود. با استفاده از امید ریاضی مجموع مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها، واریانس بیومتریکی به اجزاء ژنتیکی تفکیک گردید که این تجزیه واریانس نیز حاکی از این بود که جزء واریانس درخت در جمعیت اهمیت بیشتری از سایر اجزاء داشت. جزء جمعیت از اجزاء واریانس بسیار ناچیز و غیر قابل توجه بود. اگرچه اختلاف از نظر ویژگی‌های رویشی در درختان و درختچه‌ها بیشتر در سنین بالاتر ظاهر می‌شوند، ولی کمبود تنوع ژنتیکی در ویژگی‌های نونهالی در این گونه نیز قابل توجه بوده و می‌تواند حاکی از فرسایش ژنتیکی این گونه ارزشمند باشد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، ساختار ژنتیکی، گز روغنی، ویژگی‌های نونهالی.

### مقدمه

دارد تاکنون در کشور ما کمتر مورد توجه قرار گرفته است. در مقابل، به دلیل ارزش اقتصادی زیاد، بذور آن در جوامع محلی رویشگاه‌های این گونه مورد برداشت‌های

گز روغنی (*Moringa peregrina*) یکی از گونه‌های ارزشمند جنس مورینگاست که به‌رغم اهمیت زیادی که

Mehdinejad *et al.*, و Sanchez-Martin *et al.*, 2010)  
(2009, Bina *et al.*, 2007, Prasad, 2008).

براساس مطالعات انجام شده توسط Hegazy (1992)، بیشترین درصد مرگ و میر در این گونه گیاهی در سنین جوانی اتفاق می‌افتد. به عبارت دیگر نیروهای گزینشی در زیستگاه‌های این گونه بیشتر در مراحل بر این گونه اعمال می‌شوند که بیشترین ظرافت و حساسیت را دارد (Asadi-Corom *et al.*, 2009). در هر صورت به دلایل متعدد اکثر گونه‌های جنس *Moringa* در دنیا در معرض فرسایش و خطر انقراض هستند (Stephenson & Fahey, 2001) که گز روغنی هم از این قاعده مستثنی نیست. به عبارت دیگر در سایر رویشگاه‌های این گونه نیز محققان به این نتیجه رسیده‌اند که جمعیت‌های مختلف گز روغنی در مناطق رویشی این گونه در حال اضمحلال هستند و بقای آنها انحصاراً با دخالت انسان و اقدامات حفاظتی امکان‌پذیر است (Hegazy, *et al.*, 2008). تولید بهینه نهال به روش‌های مختلف می‌تواند در احیاء این گونه ارزشمند کمک شایانی بنماید. تجربه نشان داده است که تولید نهال در این گونه با استفاده از بذر سالم، رسیده و تازه مشکل چندانی ندارد. بلکه مهمترین موضوع، استقرار و بقای نهال‌های تولیدی در شرایط رویشگاهی سخت و خشن این گونه می‌باشد. از این رو شناخت توانمندی‌های موجود در جمعیت‌های مختلف این گونه در رویشگاه‌های آن از نظر ویژگی‌های مختلف رویشی از جمله ویژگی‌های نونهالی اهمیت زیادی دارد. لازم به ذکر است که در گونه‌های درختی و جنگلی به دلیل دوره رشد طولانی جهت ارزیابی توانمندی جمعیت‌های مختلف گیاهان جنگلی ابتدا ویژگی‌های نونهالی از جمله قدرت استقرار و

شدید قرار گرفته و سال‌های سال در معرض فرسایش شدید ژنتیکی است. این گونه به دلیل مقاومت بسیار ناچیز شاخه‌هایش، بسیار شکننده و آسیب‌پذیر است. به طوری که با فشارهای مختصر در زمان برداشت بذر، شاخه‌هایش می‌شکنند. از این رو به صورت طبیعی نیز عاملی در جهت حذف آن به عوامل کننده‌اش اضافه شده است. به طوری که با توجه به دخالت‌های عوامل انسانی این گونه کمتر در مکان‌های قابل دسترس دیده می‌شود و بیشتر به مکان‌های مرتفع و دور از دسترس انسان پناه برده است. اگرچه گریز از شوری این گونه نیز به این امر کمک کرده است. به عبارت دیگر در رویشگاه‌های آن که مناطقی با بارندگی بسیار ناچیز است (Hegazy, *et al.*, 2008) و فقط در ارتفاعات دیده می‌شود. لازم به ذکر است که کاربردهای وسیعی برای گونه‌های مختلف مورینگا از جمله گونه *M. peregrina* ارائه شده است (Mirzaie-Nodoushan & Asadi-Corom 2010). از جمله این کاربردها که در کشور ما هم می‌تواند مورد توجه قرار گیرد، استفاده از پودر حاصل از بذر این گونه در تصفیه آب است. با توجه به گستردگی رسوبات مارنی در رویشگاه‌های این گونه در جنوب شرق کشور، ساکنان محلی در تهیه آب زلال همیشه در زحمت هستند. از این رو با توجه به اینکه یکی از ویژگی‌های پروتئین‌های موجود در بذر این گونه انعقاد ذرات معلق در محلول‌ها و ته‌نشین کردن آنهاست، از این ویژگی در تصفیه آب ساکنان محلی هم می‌تواند استفاده شود. انعقاد مواد معلق و حتی باکتریها در محلول‌هایی نظیر آبهای کدر یا حتی روغن‌های خام، توسط محققانی در ایران و سایر کشورها مطالعه شده و مورد تأیید قرار گرفته است

امروزه مطالعات عملی در مدیریت و حفاظت بهتر اکوسیستم جنگل نیازمند آگاهی از تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها می‌باشد (Epperson, 1992). در واقع تنوع ژنتیکی موجود در گونه‌ها و نیز ترکیب این تنوع ژنتیکی، پایداری اکوسیستم‌ها را تعیین می‌کند (Müller Stark & Zeihe, 1991) و انتخاب جمعیت‌ها یا توده‌هایی که تنوع بالایی دارند برای حفاظت ژنتیکی مناسب می‌باشند (Greet et al., 1998). برخی از گونه‌های جنگلی نظیر بلوط‌ها به علت پراکنش جغرافیایی وسیع، دگرگشن بودن و گرده‌افشانی با باد، دارای تنوع ژنتیکی بالایی در بین گونه‌های درختی یا همه گونه‌های گیاهی می‌باشند (Hokanson et al., 1993). به عبارت دیگر دگرگرده‌افشانی و وجود عوامل مؤثر در دگرگرده‌افشانی موجب افزایش تنوع ژنتیکی در گونه‌های گیاهی می‌گردد و هیبریداسیون زیادی بین گونه‌های آن اتفاق می‌افتد (Samuel, 1999). در خصوص گز روغنی به دلیل شرایط اقلیمی و ویژگی‌های رویشگاهی و عدم حضور مؤثر عوامل دگر گرده‌افشانی ممکن است جریان موسوم به جریان ژنی (Gene Flow) کمتر در درون و بین جمعیت‌های گیاهی این گونه اتفاق بیفتد و تنوع ژنتیکی به تدریج در این گونه مستهلک گردد.

این تحقیق با هدف ارزیابی تنوع و توانمندی ژنتیکی چندین جمعیت از گونه گز روغنی از نظر ویژگی‌های نونهالی به اجرا در آمد. به عبارت دیگر در مطالعه همزمان چند جمعیت گیاهی از گونه گز روغنی ضمن ارزیابی تنوع ژنتیکی این گونه، ساختار ژنتیکی عمومی گونه مورد نظر نیز بررسی شده و جمعیت‌های دارای توانمندی نسبی در تولید نهال مناسب شناسایی شدند.

سرعت رشد اولیه مورد ارزیابی و مطالعه قرار می‌گیرد (Espahbodi et al., 2008).

ارزیابی و استفاده از تنوع بین و درون جمعیتی از جمله اهداف اولیه‌ای است که سال‌هاست سنگ بنای فعالیت‌های به‌نژادگران را تشکیل می‌دهد (Lee et al., 2005). شناسایی تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف گیاهی به‌ویژه در مراحل اولیه رشد در گونه‌های جنگلی و چند ساله می‌تواند به طور غیر مستقیم در اصلاح و افزایش تولید نهایی آن گونه به کار گرفته شود (Dean et al., 2005). مطالعه جامع و کاملی در خصوص تنوع ژنتیکی و توزیع آن در جهان و ایران در هیچ یک از گونه‌های مورینگا صورت نگرفته است. با این حال مطالعات پراکنده‌ای در زمینه تنوع موجود در ویژگی‌های کمی برخی گونه‌های مورینگا در کشورهای نظیر هندوستان و کنیا صورت گرفته است (Muluvi et al., 1999). Ramachandran et al., 1980 که حاکی از وجود تنوع ژنتیکی قابل استفاده در اصلاح این گونه‌ها می‌باشد. البته گونه دیگری از مورینگا به نام *M. oleifera* که به تعداد کمی در مناطق جنوبی کشور ما وارد شده است به‌عنوان مهمترین گونه جنس مورینگا مورد مطالعات زیادی قرار گرفته است. محققان در کشورهایی که این گونه به کشورشان وارد شده است در صدد ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در جمعیت‌های وارداتی و یافتن ارتباط آن با جمعیت‌های اولیه می‌باشند تا ضمن ارزیابی میزان و کیفیت تنوع ژنتیکی موجود در این جمعیت‌ها نیازها و چشم‌اندازهای اصلاحی آنها را نیز ارزیابی نمایند تا در برنامه‌های اصلاحی و حفاظتی آتی ذخائر توارثی این گونه‌ها برنامه‌ریزی نمایند.

## مواد و روشها

نتاج هر تک درخت نیز با نتاج سایر درختان متفاوت بود اطلاعات حاصل به صورت آشیانه‌ای (Nested) تجزیه و تحلیل شدند (Espahbodi *et al.*, 2008). با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها، اجزاء واریانس تخمین زده شدند تا نسبت اجزاء واریانس درون و بین جمعیت‌ها با یکدیگر مقایسه گردد. با در نظر گرفتن این موضوع که هر جمعیت مورد مطالعه در یک گستره جغرافیایی نسبتاً وسیعی پراکنش داشته و مانعی در تلاقی‌های درون جمعیتی دیده نشد و شرایط طبیعی موجود در منطقه اطلاق یک جمعیت مندلی با همه مشخصه‌هایش را به هر یک از جمعیت‌های مورد مطالعه را ممکن نمود، جهت تخمین میزان وراثت‌پذیری، اطلاعات جمعیت‌های منتخب که دارای نماینده بیشتری از جمعیت مربوطه بودند به تفکیک مورد تجزیه واریانس قرار گرفته و با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات حاصل از این تجزیه واریانس نیز اجزاء ژنتیکی واریانس هر جمعیت تفکیک گردید. با بدست آمدن واریانس خانواده‌های ناتنی از رابطه زیر جهت تخمین میزان وراثت‌پذیری بر مبنای واحد تک درخت در جمعیت‌های مختلف استفاده شد (Sebbennet *et al.*, 2003).

$$h_n^2 = \frac{4\sigma_f^2}{\sigma_e^2 + \sigma_w^2 + \sigma_f^2}$$

لازم به ذکر است که  $\sigma_f^2$  در این رابطه واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی است که برابر است با کواریانس درون خانواده‌های ناتنی و در تخمین برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی ( $\sigma_A^2$ ) مورد استفاده قرار می‌گیرد. به عبارت دیگر  $\sigma_A^2 = 4\sigma_f^2$ . همین‌طور  $\sigma_w^2$  و  $\sigma_e^2$  به ترتیب واریانس درون خانواده‌ها و خطاست. در استفاده از این طرح آمیزشی باید اشاره کرد که بر مبنای

بذر شش جمعیت از گز روغنی که از رویشگاه‌های آن در مناطق جنوب‌شرقی کشور (جدول ۱) جمع‌آوری شده بود در این تحقیق به کار گرفته شد. لازم به ذکر است که بذر گز روغنی نسبتاً درشت بوده و وزن هر دانه بذر خشک حدود ۰/۴۸ گرم است. ولی گاهی وزن بذرهای درشت آن تا ۰/۹۸ گرم نیز می‌رسد (Mirzaie-Nodoushan & Asadi-Corom, 2010). جهت رویاندن هماهنگ بذرهای جمع‌آوری شده ابتدا به مدت ۲۴ ساعت بذرها در معرض جریان آب جاری قرار گرفتند. در ادامه بذرها به مدت ۳۰ دقیقه در محلول قارچ‌کش بنومیل قرار داده شدند. از آنجا که تجربه نشان داده بود که درصد زیادی از بذرها ممکن است جوانه نزنند ابتدا بذرهای ضد عفونی شده در پتری دیش کاشته شدند تا بذرهای غیر طبیعی و یا فاقد قوه نامیه حذف شوند. از این رو جهت تشخیص بذرهای سالم در هر پتری‌دیش تعداد سی عدد بذر روی کاغذ صافی مرطوب کاشته شدند. تا زمان جوانه‌زدن بذرها، رطوبت لازم به صورت روزانه تأمین گردید و پس از جوانه‌زدن آنها به بستر کاشت در گلدان‌های حاوی مخلوطی از خاک زراعی و کود دامی به نسبت ۳ به ۱ در شرایط گلخانه کاشته شدند. مراقبت‌های روزمره و آبیاری روزانه تا زمان استقرار کامل نهال‌ها انجام شد. در زمان آشکار شدن اختلافات بین نهالها، از ویژگی‌های رویشی جمعیت‌ها از جمله تعداد برگ و برگچه، طول برگ و ساقه، ارتفاع نهال، قطر یقه، شادابی نهال، عرض و طول و سطح برگچه‌ها یادداشت‌برداری گردید. به عبارت دیگر ۳۱۰ نهال از شش جمعیت در این بررسی مورد ارزیابی‌های ویژگی‌های رویشی قرار گرفتند. از آنجا که تک درختان هر جمعیت با تک درختان سایر جمعیت‌ها متفاوت بوده و

دیگر اینکه تلاقی در پایه‌هایی که بذرگیری می‌شوند باید به صورت تصادفی با یکدیگر آمیزش داشته باشند که این شامل خودگشنی نیز می‌شود. نکته آخر اینکه اطلاعات و آماره‌های ژنتیکی حاصل از محاسبات فقط قابل تعمیم به همان جامعه گیاهی می‌باشد.

فرضیات این طرح پایه‌هایی که به‌عنوان والدین استفاده می‌شوند باید از یک مبدأ ژنتیکی حاصل شده باشند از این رو پایه‌ها و تک درختان مورد مطالعه در این تحقیق از چند جمعیت مختلف گرفته شد و اطلاعات مربوط به هر جمعیت مستقل مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. نکته

جدول ۱- مشخصات جغرافیایی جمعیت‌های گز روغنی مورد مطالعه در استان سیستان و بلوچستان

شماره جمعیت	محل جمع‌آوری	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی
۱	نیکو جهان	۶۰° ۱۲' ۱۰"	۲۵° ۵۵' ۰۵"
۲	کشیک	۶۰° ۲۲' ۱۳"	۲۶° ۱۹' ۱۸"
۳	آشکی	۶۰° ۰۹' ۱۰"	۲۶° ۰۵' ۳۲"
۴	کنشکی	۶۰° ۰۹' ۴۶"	۲۶° ۱۹' ۰۹"
۵	کلچات	۵۹° ۳۸' ۱۲"	۲۶° ۲۲' ۵۰"
۶	چانف	۶۰° ۱۹' ۲۷"	۲۶° ۱۴' ۴۷"

## نتایج

شده از تک درختان مورد مطالعه ارائه نشده است. اختلاف بین تک درختان از حیث صفات مورد مطالعه در این میانگین‌ها وسیع‌تر از اختلاف بین جمعیت‌هاست. نتیجه حاصل از تفکیک اجزاء واریانس در جدول شماره ۴ ارائه شده است. به عبارت دیگر با تفکیک اجزاء بیومتریکی واریانس حاصل از تجزیه واریانس به اجزاء ژنتیکی، منابع تغییرات درون و بین جمعیتی از نظر این صفات مشخص‌تر گردیدند.

در تجزیه واریانس داده‌های جمعیت‌های منتخب به صورت جداگانه نیز اختلاف درون جمعیتی آشکار گردید (جدول ۵). به نحوی که در هر سه جمعیت پایه‌های درختی مورد مطالعه از نظر برخی صفات در سطوح یک و پنج درصد با یکدیگر اختلاف معنی‌داری از خود نشان دادند. از این جهت تفکیک اجزاء واریانس انجام شد که نتایج آن در جدول شماره ۷ ارائه شده است.

تجزیه واریانس براساس مدل آشیانه‌ای نشان داد که بین جمعیت‌های مختلف نمونه‌گیری شده از نظر صفات مورد ارزیابی اختلافی وجود نداشت. تنها از نظر طول برگ، جمعیت‌های مورد مطالعه در سطح ده درصد با یکدیگر اختلاف داشتند. با این حال منبع تغییر درخت در داخل جمعیت از نظر همه صفات مورد مطالعه در سطوح پنج و یک درصد با یکدیگر اختلاف داشتند (جدول ۲). به عبارت دیگر بخش عمده‌ای از اختلاف‌های موجود بین نهال‌ها در درون جمعیت‌ها نهفته است. به‌رغم معنی‌دار نشدن اختلاف بین جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر صفات نونهالی، میانگین‌های صفات در این جمعیت‌ها تفاوت‌های زیادی نشان دادند (جدول ۳). لازم به ذکر است که بسیاری از این میانگین‌ها حاصل مطالعه و ارزیابی بیش از ۶۰ نهال است. میانگین صفات نتایج مطالعه

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌های مربوط به ۶ جمعیت مختلف از گز روغنی بر پایه مدل آشیانه‌ای

منابع تغییر	DF	تعداد برگ	تعداد برگچه	طول برگ	طول ساقه	ارتفاع نهال	امید ریاضی میانگین مربعات (EMS)
جمعیت	۵	۱۵/۱۰ ns	۴/۷ ns	۱۸۶۸/۶۸(*)	۱۲۶/۴۸ ns	۲۶۷۵/۴۷ ns	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2 + rn\sigma_{Tre}^2 + rnt\sigma_{Pop}^2$
درخت در جمعیت	۱۵	۱۸/۲۴**	۲/۳۲*	۸۵۱/۲۳**	۸۶۰/۵**	۳۰۲۱/۸۴**	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2 + rn\sigma_{Tre}^2$
نتاج در درخت در جمعیت	۸۹	۶/۰۱ ns	۰/۹۳ ns	۲۰۳/۸۴ ns	۱۶۹/۷۲ ns	۴۶۷/۹۱ ns	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2$
خطا	۱۹۵	۶/۶۸	۱/۰۸	۲۲۳/۷۱	۱۶۷/۸۱	۵۷۵/۰۱	$\sigma_e^2$
منابع تغییر	DF	شادابی	قطر یقه	عرض برگچه	طول برگچه	سطح برگچه	امید ریاضی میانگین مربعات (EMS)
جمعیت	۵	۲/۹۸ ns	۰/۳۴ ns	۲۲/۱۸ ns	۵/۳۹ ns	۴۴۳۱/۴۱ ns	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2 + rn\sigma_{Tre}^2 + rnt\sigma_{Pop}^2$
درخت در جمعیت	۱۵	۴/۹۵**	۲/۰۲**	۲۵/۴۳**	۲۵/۱۱**	۷۸۳۲/۶۰**	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2 + rn\sigma_{Tre}^2$
نتاج در درخت در جمعیت	۸۹	۰/۸۴ ns	۰/۵۲ ns	۹/۵۱ ns	۱۱/۷۷ ns	۳۹۲۴/۷۰ ns	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2$
خطا	۱۹۵	۱/۰۹	۰/۴۳	۷/۱۳	۱۰/۸۳	۳۱۷۲/۶۳	$\sigma_e^2$

در جدول فوق  $\sigma_e^2$  جزء خطای واریانس،  $\sigma_{Pro}^2$  جزء نتاج آشیانه شده در درخت در جمعیت،  $\sigma_{Tre}^2$  جزء درخت آشیانه شده در جمعیت و  $\sigma_{Pop}^2$  جزء جمعیت است. همچنین  $t$ ،  $n$ ،  $r$  و  $t$  به ترتیب تعداد تکرار، تعداد نتاج در هر درخت و تعداد درخت در هر جمعیت است.

(\*)، \*\* و \*\*\* به ترتیب به مفهوم معنی‌دار در سطوح ۱۰، ۵ و ۱ درصد و ns به مفهوم غیر معنی‌دار است.

جدول ۳- میانگین ویژگی‌های مورفولوژیک مورد مطالعه از ۶ جمعیت گز روغنی موجود در استان سیستان و بلوچستان

جمعیت	تعداد برگ	تعداد برگچه	طول برگ (mm)	طول ساقه (mm)	ارتفاع نهال (mm)	شادابی (رتبه ۱ تا ۶)	قطر یقه (mm)	عرض برگچه (mm)	طول برگچه (mm)	سطح برگچه (mm <sup>۲</sup> )
نیکو جهان	۸/۰۰ a	۴/۵۱ a	۴۲/۰ b	۳۳/۶ a	۸۰/۰ a	۴/۱۵ a	۳/۰۰ a	۱۳/۰ a	۱۴/۲ a	۱۵۱/۳ a
کشیک	۸/۷۸ a	۵/۳۷ a	۶۱/۳ a	۳۶/۷ a	۱۰۰/۶ a	۴/۵۲ a	۲/۸۴ a	۱۰/۴ a	۱۵/۰ a	۱۲۸/۵ a
آبشکی	۸/۳۴ a	۴/۸۲ a	۴۱/۲ b	۳۰/۲ a	۸۲/۰ a	۴/۳۰ a	۳/۰۰ a	۱۰/۳ a	۱۵/۰ a	۱۲۴/۷ a
کنشکی	۸/۲۲ a	۵/۲۷ a	۴۵/۳ b	۳۴/۶ a	۹۴/۸ a	۴/۳۸ a	۲/۹۴ a	۱۰/۲ a	۱۴/۶ a	۱۲۲/۵ a
کلچات	۷/۱۶ a	۵/۰۷ a	۴۵/۷ b	۳۲/۹ a	۹۳/۲ a	۳/۸۹ a	۲/۸۴ a	۱۱/۳ a	۱۵/۶ a	۱۴۴/۲ a
چانف	۷/۲۶ a	۴/۹۵ a	۴۱/۳ b	۳۴/۰ a	۷۷/۴ a	۴/۲۷ a	۲/۸۳ a	۱۰/۱ a	۱۴/۶ a	۱۲۳/۰ a

میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک هستند از نظر آماری اختلاف معنی‌داری نداشته و در یک دسته قرار می‌گیرند.

جدول ۴- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس جداگانه داده‌های مربوط به سه جمعیت از گز روغنی بر پایه مدل آشیانه‌ای

منابع تغییر	DF	تعداد برگ	تعداد برگچه	طول برگ	طول ساقه	ارتفاع نهال	شادابی	قطر یقه	عرض برگچه	طول برگچه	سطح برگچه
<b>جمعیت کشیک</b>											
درخت	۳	۷/۷۸ ns	۲۵/۲ ns	۱۵۵۱/۶**	۳۶۲/۲ ns	۱۶۷۸/۳**	۳/۸۳**	۱/۱۷*	۳۲/۰۲**	۲۱/۲۶*	۹۸۱۶/۵*
نتاج در درخت	۱۷	۵/۳۵ns	۱/۱۹*	۱۲۳/۲ ns	۲۰۷/۹(*)	۲۴۶/۱ ns	۰/۴۳ ns	۰/۲۶ ns	۵/۳۸ ns	۷/۳۳ ns	۲۲۲۷/۰ ns
خطا	۳۴	۷/۳۲	۰/۵۴	۲۹۹/۷	۱۱۲/۱	۵۵۴/۸	۰/۸۰	۰/۲۲	۶/۴۸	۷/۴۸	۲۸۱۲/۲
<b>جمعیت کنشکی</b>											
درخت	۳	۳۰/۴۸**	۱/۲۵ ns	۴۵۷/۴*	۲۶۱۹/۱**	۸۳۶۵/۲**	۵/۲۵**	۴/۵۸**	۶/۷۲ ns	۱۴/۱۶ ns	۳۱۰۰/۴ ns
نتاج در درخت	۱۷	۵/۵۴ ns	۱/۰۶ ns	۱۷۹/۵ ns	۱۶۹/۶ ns	۷۲۹/۹ ns	۱/۱۴ ns	۰/۶۲ ns	۸/۶۹*	۱۰/۵۵ ns	۳۶۰۰/۸(*)
خطا	۳۴	۵/۷۴	۱/۰۱	۲۱۶/۷	۱۶۷/۸	۷۰۰/۳	۱/۰۷	۰/۵۱	۵/۴۴	۷/۶۴	۲۴۲۶/۲
<b>جمعیت کلچات</b>											
درخت	۳	۶/۴۵ ns	۲/۹(*)	۱۴۵۱/۱*	۲۶۹/۹ ns	۱۱۴۶/۴ ns	۴/۸**	۱/۴ ns	۲۱/۲ *	۲۸/۴(*)	۹۰۳۷/۴ ns
نتاج در درخت	۱۷	۵/۵۳ ns	۱/۲ ns	۴۲۹/۱ *	۱۸۴/۱ ns	۵۶۲/۸ ns	۰/۶ ns	۰/۶ ns	۱۱/۰ ns	۱۰/۵ ns	۵۱۹۴/۸ ns
خطا	۳۴	۷/۰۴	۱/۳	۲۶۵/۷	۲۵۶/۷	۴۹۰/۲	۰/۹	۰/۷	۸/۶	۱۷/۶	۴۱۲۷/۵

امید ریاضی منبع تغییر درخت در این جدول برابر است با:  $\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2 + m\sigma_{Tre}^2$ ، امید ریاضی نتاج در درخت برابر است با:  $\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2$ ، و امید ریاضی خطا هم برابر است با:  $\sigma_e^2$  که در آنها I و II به ترتیب تعداد تکرار در آزمایش و تعداد نتاج در هر درخت می‌باشند.

(\*)، \*\* و \*\*\* به مفهوم معنی‌دار در سطح ۱۰، ۵ و ۱ درصد و ns به مفهوم غیر معنی‌دار است.



جدول ۵- اجزاء واریانس حاصل از تفکیک اجزاء بیومتریکی واریانس به اجزاء ژنتیکی با استفاده از مدل آشیانه‌ای

خطا	نتاج در درخت	درخت در جمعیت	جمعیت	اجزاء واریانس	صفات
۶/۶۸	-۰/۲۴۴	۰/۹۵۰	-۰/۰۳۷۶		تعداد برگ
۱/۰۸	-۰/۰۵۵	۰/۱۰۷	۰/۰۶۶۲		تعداد برگچه
۲۲۳/۷۱	-۷/۲۲۵	۵۰/۴۰۲	۲۸/۵۲۷۸		طول برگ
۱۶۷/۸۱	۰/۶۹۵	۵۳/۹۳۸	۱۶/۴۴۲۸		طول ساقه
۵۷۵/۰۱	۳۸/۹۴۵	۱۹۸/۶۴۰	۰/۱۴۵۷		ارتفاع نهال
۱/۰۹	-۰/۰۹۱	۰/۳۱۹	-۰/۰۳۶۲		شادابی
۰/۴۳	۰/۰۳۳	۰/۱۱۸	-۰/۰۳۷۹		قطر یقه
۷/۱۳	۰/۸۶۵	۱/۲۵۹	-۰/۰۲۵۱		عرض برگچه
۱۰/۸۳	۰/۳۴۲	۱/۰۴۸	-۰/۴۵۹۸		طول برگچه
۳۱۷۲/۶۲	۲۷۳/۴۸۴	۳۱۰/۱۹۰	۷۳/۱۴۷۲		سطح برگچه

جدول ۶- اجزاء ژنتیکی واریانس و وراثت‌پذیری موجود در درون و بین جمعیت‌هایی از گز روغنی

وراثت‌پذیری	خطا	نتاج در درخت	درخت	اجزاء واریانس	صفات
<b>جمعیت کشیک</b>					
۰/۰۲	۷/۳	-۰/۶۹	۰/۲		تعداد برگ
۰/۴۸	۰/۵	۰/۲۳	۰/۱		تعداد برگچه
۱/۰	۲۹۹/۷	-۶۲/۳۸	۱۳۳/۸		طول برگ
۰/۳۹	۱۱۲/۱	۳۳/۸۵	۱۵/۸		طول ساقه
۰/۶۴	۵۵۴/۸	-۱۰۹/۱۰	۱۳۲/۶		ارتفاع نهال
۱/۰	۰/۸	-۰/۱۳	۰/۳		شادابی
۱/۰	۰/۲	۰/۰۱	۰/۰		قطر یقه
۱/۰	۶/۴	-۰/۳۸	۲/۵		عرض برگچه
۰/۶۰	۷/۴	-۰/۰۵	۱/۳		طول برگچه
۰/۷۷	۲۸۱۲/۲	۲۰۶/۸۰	۷۱۵/۰		سطح برگچه
<b>جمعیت کنشکی</b>					
۰/۷۴	۵/۷	-۰/۰	۱/۳۰		تعداد برگ
۰/۰۳	۱/۰	۰/۰	۰/۰۱		تعداد برگچه
۰/۲۲	۲۱۶/۷	-۱۳/۰	۱۴/۴۷		طول برگ
۱/۷۲	۱۶۷/۸	۰/۶	۱۲۸/۱۷		طول ساقه
۱/۴۳	۷۰۰/۳	۱۰/۴	۳۹۹/۵۸		ارتفاع نهال
۰/۶۵	۱/۳	۰/۰	۰/۲۱		شادابی
۱/۰۹	۰/۵	۰/۰	۰/۲۰		قطر یقه
۰/۰	۵/۴	۱/۱	-۰/۰۹		عرض برگچه
۰/۰۸	۷/۶	۱/۰	۰/۱۹		طول برگچه
۰/۰	۲۴۲۶/۲	۴۱۲/۵	-۲۳/۹۶		سطح برگچه
<b>جمعیت کلچات</b>					
۰/۰۳	۷/۰	-۰/۵	۰/۰		تعداد برگ
۰/۴۰	۱/۲	-۰/۰	۰/۱		تعداد برگچه
۰/۸۸	۲۶۵/۷	۶۱/۵	۹۳/۳		طول برگ
۰/۱۰	۲۵۶/۷	-۲۷/۳	۶/۳		طول ساقه
۰/۳۷	۴۹۰/۱	۲۷/۳	۵۲/۹		ارتفاع نهال
۱/۰	۰/۹	-۰/۱	۰/۳		شادابی
۰/۳۱	۰/۷	-۰/۰	۰/۰		قطر یقه
۰/۳۳	۸/۶	۰/۰	۰/۸		عرض برگچه
۰/۲۱	۱۷/۵	-۲/۶	۱/۴		طول برگچه
۰/۳۰	۴۱۲۷/۵	۴۰۲/۰	۳۶۱/۸		سطح برگچه

## بحث

جمعیت‌های مورد مطالعه تفاوت زیادی با یکدیگر نشان ندادند. به عبارت دیگر اختلاف موجود بین جمعیت‌ها بر مبنای صفات مورد مطالعه معنی‌دار نبود. این می‌تواند به نوعی حکایت از کمبود تنوع در سطح جمعیتی باشد. اگرچه براساس منابع موجود مطالعه دیگری در این زمینه بر روی گز روغنی گزارش نشده است ولی مطالعات متعددی نشان می‌دهد که بیشتر گونه‌های مورینگا، از جمله گونه‌های *M. ruspoliana* *M. longituba* *M. borziana* *M. aroborea* و *M. rivae* در معرض فرسایش ژنتیکی گسترده‌ای هستند (Steinitz et al., 2009). تنوع ژنتیکی اساس برنامه‌ریزی در اصلاح و بهره‌برداری از گونه‌های مختلف گیاهی است و در بسیاری از گونه‌ها جمعیت‌های مختلف گیاهی از این نظر مورد ارزیابی قرار گرفته‌اند. با این وجود گونه‌های درختی و جنگلی به دلیل طول دوره زندگی و نیز مشکلات فنی موجود کمتر از گونه‌های زراعی مورد ارزیابی از نظر تنوع و ساختار ژنتیکی قرار می‌گیرند. در خصوص گونه‌ای نظیر گز روغنی به‌رغم اهمیت زیادی که دارد به دلیل ویژگی‌های رویشگاهی و نیز گستره پراکنش آن، تاکنون براساس اطلاعات ما از منابع، هیچ گونه مطالعه‌ای از نظر ویژگی‌های مورفولوژیک در آن انجام نشده است. در منابع بین‌المللی موجود نیز بیشتر تأکید بر بررسی ویژگی‌های زیست‌شناسی و نیز مطالعه کاربردهای غذایی، صنعتی، بهداشتی و دارویی این گونه می‌باشد. در کشور ما اگرچه بررسی‌هایی در سایر ویژگی‌های این گونه به‌ویژه قابلیت‌های جمعیت‌های مختلف در کالوس‌زایی و ریزازدیادی صورت گرفته است که حاکی از تنوع ژنتیکی مناسب در درون و بین جمعیت‌های این گونه است (Mirzaie-Nodoushan et al., 2009, Asadi-Corom et al., 2010). ولی تفاوت‌ها و قابلیت‌های جمعیت‌های مختلف این گونه از نظر ویژگی‌های رویشی

به‌ویژه در استقرار اولیه و ویژگی‌های نونهالی تحقیقی در این گونه انجام نشده است. موفقیت در گسترش و احیاء یک گونه گیاهی در گرو استفاده از منابع ژنتیکی توانمند و با قابلیت‌های رویشی و استقرار مناسب می‌باشد. بسیاری از گونه‌های گیاهی در بدو رویش دچار مشکل هستند و انتخاب ژنوتیپ‌هایی با قابلیت استقرار و رویش مناسب می‌تواند بر این مشکل فائق آید. در همین مطالعه جمعیت‌های مختلف مورد مطالعه از نظر درصد زنده‌مانی و استقرار در مراحل اولیه رشد اختلاف زیادی داشتند که حاکی از تفاوت توانمندی جمعیت‌های گیاهی این گونه از نظر صفات مورد مطالعه است.

عدم اختلاف جمعیت‌های مورد مطالعه از نظر ویژگی‌های نونهالی، حاکی از کمبود تنوع بین جمعیتی است که در تفکیک واریانس بیومتریکی به اجزاء ژنتیکی نیز تأیید گردید (جدول ۳). ولی با این حال در گونه‌های درختی و درختچه‌ای بخش عمده‌ای از اختلافات بین جمعیتی در سنین بالا ظاهر می‌شود (Espahbodi et al., 2008). لازم به توضیح است که در مدل آشیانه‌ای، منبع تغییر جمعیت در هر صفت با منبع تغییر درخت در جمعیت به‌عنوان معیار سنجش جهت محاسبه میزان F مقایسه می‌شود نه با آخرین جزء مدل یا خطای آزمایشی. به عبارت دیگر معیار سنجش این منبع تغییر از نظر اندازه و مقدار به مراتب بیش از خطای آزمایشی است. از این رو تنها صفاتی اختلافشان بین جمعیت‌ها معنی‌دار می‌شود که میانگین مربعات تجزیه واریانس در آنها به اندازه کافی زیاد باشد.

اختلاف معنی‌دار بین تک درختان در درون جمعیت‌ها نیز در بیشتر صفات حاکی از تنوع درون جمعیتی وسیع‌تر این گونه است. چنانکه در جدول شماره ۳ مشاهده می‌شود در صفتی نظیر تعداد برگ، دامنه این صفت در جمعیت‌ها بین ۷/۱۶ تا ۸/۷۸ عدد متغیر بود، در حالی که

فامیل‌های نزدیکتر از ناتی می‌شود که سبب اریب شدن تخمین‌های وراثت‌پذیری و به عبارتی تخمین بیش از مقدار واقعی آنها خواهد شد. در رویشگاه‌های این گونه در کشور، پراکندگی زیاد تک‌درختان و فاصله زیاد بین آنها می‌تواند دلیلی بر خوگشنی بیشتر از میزان تصادفی گردد. به همین دلیل وراثت‌پذیری می‌تواند تا اندازه‌ای بیشتر از مقدار واقعی تخمین زده شده باشد. البته عوامل و دلایل دیگری از جمله میزان لینکاژ بین ژنی و اثرات متقابل غیر آلی، یا اپیستازی نیز در میزان وراثت‌پذیری مؤثر هستند. اگرچه این مطالعه منجر به تأیید تنوع ژنتیکی در درون جمعیت‌هایی از گز روغنی گردید که می‌تواند در راستای انتخاب ژنوتیپ‌های مناسب مورد استفاده قرار گیرد ولی توصیه می‌شود در تکمیل این بررسی سطح وسیعتری از جمعیت‌ها و تک‌درختان در درون هر جمعیت مورد بررسی قرار گیرند. و انتخاب والدین برتر به منظور استفاده در پروژه‌های به‌نژادی بر مبنای دامنه وسیعتری از ژرم‌پلاسم این گونه صورت گیرد. بنا بر مشاهدات مؤلفان، اعتقاد بر این است که اگر پایه‌های مناسبی از درون جمعیت‌های این گونه در کشور انتخاب شوند که از نظر ویژگی‌های مختلف رویشی، استقرار، سرعت رشد و تولید بذر از بخش مناسبی از توانمندی‌های ژنتیکی جمعیت‌های موجود این گونه استفاده شود، ایجاد باغ‌ها و رویشگاه‌های مصنوعی در عرصه‌های مناسب این گونه در کشور می‌تواند منشاء گسترش وسیع آن و اشتغال گردد.

### سیاسگزاری

بدین وسیله از همه همکارانی که به نوعی در اجرای این تحقیق ما را یاری کردند صمیمانه تشکر و قدردانی می‌نماییم. از مسئولان محترم و همکاران مرکز تحقیقات

همین صفت در میانگین نتاج تک درختان بین ۵ تا ۱۰/۵ متغیر بود (اطلاعات ارائه نشده است). همین‌طور از نظر صفاتی نظیر ارتفاع نهال، دامنه صفت بین جمعیت‌ها ۸۰ تا ۱۰۰/۶ میلی‌متر متغیر است، در حالی که این صفت در بین تک درختان بین ۶۶ تا ۱۳۴ میلی‌متر تغییر می‌کند. در سایر صفات نیز تغییرات به همین صورت در درون جمعیت‌ها پوشیده می‌شود و بیشتر تنوع متعلق به درون جمعیت‌هاست تا بین جمعیت‌ها.

از نظر اجزاء ژنتیکی واریانس نیز جمعیت‌ها از نظر بیشتر صفات فاقد تنوع ژنتیکی مناسبی بودند (جدول ۵). مقادیر ناچیز و منفی در این خصوص معادل صفر قلمداد می‌گردند. با این حال مطابق مقادیر میانگین مربعات در جدول تجزیه واریانس (جدول ۲) که حاکی از اختلاف وسیع بین تک درختان بود در این خصوص نیز مقادیر واریانس ژنتیکی، قابل توجه می‌باشند. در هر صورت وجود تنوع ژنتیکی درون جمعیتی نیز قابل توجه بوده و نوید قابلیت استفاده از این تک پایه‌ها در رسیدن به اهداف اصلاحی را دارد.

در تخمین وراثت‌پذیری با استفاده از اطلاعات جمعیت‌های منتخب مشاهده می‌شود که وراثت‌پذیری صفات در جمعیت‌های مختلف متفاوت است. با این حال برخی جمعیت‌ها نظیر کشیک و کنشکی از نظر ویژگی‌هایی نظیر ارتفاع نهال هم دارای میانگین بالایی هستند (جدول ۳) و هم وراثت‌پذیری بالایی دارند (جدول ۶). این به مفهوم توانمندی این توده‌ها در ارتقاء جمعیتی این گونه از نظر ویژگی‌های رویشی است. لازم به ذکر است که منفی شدن برخی از اجزاء واریانس به مفهوم صفر بودن آن جزء از واریانس می‌باشد. ضمناً با توجه به اینکه تخمین وراثت‌پذیری بر مبنای فامیل‌های ناتی صورت گرفته است در صورتی که میزان خودگشنی بیش از مقدار تصادفی در این گونه صورت گیرد موجب

- Mehdinejad, M.H., Bina, B., Nikaeen, M. and Movahedian-Attar, H., 2009. Effectiveness of *Moringa Oleifera* Coagulant Protein and Chitosan as natural coagulant aids in removal of colloidal particles and bacteria from turbid waters. *Journal of Gorgan University of Medical Science*, 11: 66-69.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Asadi-Corom, F., 2010. *Moringa* Miracle of The Nature. Forests and Rangelands Research Institute, Tehran, 211 pp.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Asadi-Corom, F., Emam, M., Bakhshi-Khaniki, G.R., Keneshloo, H., and Achak, U., 2009. Genetic potential on callus induction and immature embryo growth in populations of *Moringa peregrina*. 17:29-37.
- Muluvi, G.M., Sprent, J.I., Soranzo, N., Provan, J., Odee, D., Folkard, G., McNicol, J.W. and Powell, W., 1999. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis of genetic variation in *Moringa oleifera* Lam. *Molecular Ecology*, 8: 463-470.
- Prasad., R.K., 2008. Color removal from distillery spent wash through coagulation using *Moringa oleifera* seeds: Use of optimum response surface methodology. *Journal of Hazardous Materials*, 165: 804-811.
- Ramachandran, C., Peter, K.V. and Gopalakrishnana, P.K., 1980. Drumstick (*Moringa oleifera*): a multipurpose Indian vegetable. *Economic Botany*, 34: 276-283.
- Samuel, R., 1999. Identification of hybrids between of *Quercus petraea* and *Quercus robur* (Fagaceae): Results obtained of RAPD marker confirm allozyme studies based on Got-2 locus. *Plt. Syst. Evol.*, 217: 137-146.
- Sanchez-Martin, J., Ghebremichael, K. and Beltrn-Heredia, J., 2010. Comparison of single-step and two-step purified coagulants from *Moringa oleifera* seed for turbidity and DOC removal. *Bioresource Technology*, 101: 6259–6261.
- Sebbenn, A.M., Pontinha, A.A.S. Giannotti, E. and Kageyama, P.Y., 2003. Genetic variation in provenance-progeny test of *Araucari angustifolia* (Bert.) O. Ktze. In Sao Paulo, Brazil. *Silvae Genetica*, 52: 181–184.
- Steinitz, B., Tabib, Y., Gaba, V., Gefenand T. and Vaknin, Y., 2009. Vegetative micro-cloning to sustain biodiversity of threatened *Moringa* species. *In Vitro cellular and Developmental Biology-Plant*, 45: 65-71.
- Stephenson K.K. and Fahey, J.W., 2001. Development of tissue culture methods for the rescue and propagation of endangered *Moringa* spp. *Germplasm. Economic Botany*, 58: 116-124.
- Ziehe, M., Müller-Starck, G., 1991. Changes of genetic variation due to associated selection. pp. 175-189. in: *Genetics Variation in European Populations of Forest Tress*. Eds., Müller-Starck, G., Ziehe, M., Sauerländer, Frankfurt, Germany.
- کشاورزی و منابع طبیعی استان سیستان و بلوچستان که ما را در جمع آوری بذرها از رویشگاه‌های کوهستانی و صعب‌العبور آن یاری نمودند تشکر و قدردانی می‌نماییم.

### منابع مورد استفاده

- Asadi-Corom, F., Mirzaie-Nodoushan, H., Bakhshi-Khaniki, G.R., and Keneshloo, H., 2009. Seed germination and differences in seedling potentials on two *Moringa* species. *Pajooresh and Sazandegi*, 21: 139-145.
- Bina, B. Shasavan, A. Asghari, G.R., and Hasanzadeh, A., 2007. Comparison of water turbidity removal efficiencies of *Moringa oleifera* seed extract and poly-aluminum chloride., *Water and Wastewater*, 18: 24-33.
- Dean, C.A., Cotterill, P.P. and Burdon, R.D., 2005. Early selection of *Radiata* pine. I. Trends over time in additive and dominance genetic variances and covariances of growth traits. *Silvae Genetica*, 55: 182-191.
- Epperson, B.K., 1992. Spatial structure of genetic variation within populations of forest trees. *New For.*, 6: 257-278.
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H., Tabari, M., Akbarinia, M., Dehghan-Shuraki, Y., Jalali, S.G., 2008. Genetic variation in early growth characteristics of two populations of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) and their interrelationship. *Silvae Genetica*, 57: 340-348.
- Greet, B.D., Triest, L., Cuyper, B.D. and Slyckens, J.V., 1998. Assessment of intra-specific variation in half-sibs of *Quercus petraea* (Matt) Liebl. 'plus' trees. *Heredity*, 81: 284-290.
- Hegazy A.K., Hammouda, O., Lovett-Doust, J. and Gomaa, N.H., 2008. Population dynamics of *Moringa peregrina* along altitudinal gradient in the northwestern sector of the Red Sea. *Journal of Arid Environments*, 72; 1537-1551.
- Hegazy, A.K., 1992. Age-specific survival, mortality and reproduction, and prospects for conservation of *Limonium delicatulum*. *Journal of Applied Ecology*, 29: 549–557.
- Hokanson, S.C., Isebrands, J.G., Jensen, R.G. and Hancock, J.F., 1993. Isozyme variation in Oak of Apostel Islands in Wisconsin: Genetic structure and level of inbreeding in *Quercus rubra* and *Quercus elipsoidalis* (Fagaceae). *Am. J. Bot.*, 30: 1349-1357.
- Lee, S.J., Woolliams, J., Samuel, C.J.A. and Malcolm, D.C., 2005. A study of population variation and inheritance in sitka spruce. IV: Correlated response in the progeny population based on selection in the parental population. *Silvae Genetica*, 56: 36-44.

## Genetic architecture of *Moringa peregrina* populations at early growth stage

H. Mirzaie-Nodoushan<sup>1</sup>, H. Keneshloo<sup>2</sup>, F. Asadi-Corom<sup>3</sup>, M. Hassani<sup>4</sup> and M.U. Achak<sup>5</sup>

1\* – Corresponding author, Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

E-Mail: nodoushan2003@yahoo.com

2– M.Sc., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

3– M.Sc., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

4– M.Sc., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran.

5- B.Sc., Sistan and Baluchestan Agriculture and Natural Resources Research Center, Iranshahr, I.R.Iran.

Received: 28.11.2010

Accepted: 14.9.2011

### Abstract

*Moringa peregrina* is the only species of the *Moringa* genus, which is growing naturally, in Southeast part of Iran. The species has industrial and medicinal values as well as environmental importance, which is suffering genetic erosion in the nature. Seeds were sampled on single plants of six plant populations in the habitats of the species in the country. The seeds were sown and several early growth stage characteristics were recorded on the seedlings based on a statistical design. Since the single trees of each plant population were not the same also the progenies of each single mother plants were not the same, the collected data were analyzed based on a nested model. Results of the analysis revealed that the plant populations were not significantly different based on the studied seedling characteristics and the majority of the differences belonged to within populations rather than between populations. Using expected mean squares, the results of analysis of variance were divided to their components. The analysis also showed that trees within population component of variance were stronger than the other components and the population component was not remarkable. Although the growth characteristics of the tree species would be more visible on higher ages of the trees, but the negligible genetic variation of the characteristics on the valuable species may be due to genetic erosion.

**Key words:** Genetic structure, Genetic variation, *Moringa peregrina*, Seedling characteristics.