

## بررسی تنوع بین و درون جمعیت‌های بلندمازو با استفاده از ویژگی‌های نونهالی آنها

آفاق تابنده ساروی<sup>۱</sup>، مسعود طبری<sup>۲\*</sup>، حسین میرزایی ندوشن<sup>۳</sup> و کامبیز اسپهبدی<sup>۴</sup>

۱- کارشناس ارشد، جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس، نور

۲- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشیار، جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس، نور

پست الکترونیک: masoudtabari@yahoo.com

۳- استاد، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، تهران

۴- استادیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، ساری

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۰/۰۷/۲۴

تاریخ دریافت: ۱۳۹۰/۰۴/۲۵

### چکیده

جهت بررسی تنوع بین و درون جمعیت‌های بلندمازو و تأثیر مبدأ بذر بر برخی از صفات نونهالی‌های بلندمازو، همین‌طور بررسی پایه‌های مادری هر مبدأ، بذر لازم از ۳۴ پایه مادری مشخص از رویشگاه‌های چمستان، لایح (حوزه شهرستان نور)، کوهسارکنده و خرم‌چماز (حوزه شهرستان بهشهر) (به‌ترتیب با متوسط ارتفاع از سطح دریا ۱۲۵، ۵۰۰، ۱۵۰، ۶۳۰ متر) جمع‌آوری و در ایستگاه تحقیقات پاسند بهشهر (ارتفاع از سطح دریا ۲۶ متر) کاشته شد. در پایان فصل رویش سال اول، تأثیر مبدأ بذر روی صفات زنده‌مانی، قطر یقه، ارتفاع کل، طول و حداکثر عرض پهنک، سطح و شکل برگ بررسی، و برترین و ضعیف‌ترین پایه‌ها در هر مبدأ تعیین شد. نتایج نشان داد که بین مبدأها تنوع معنی‌داری از نظر صفات مورد بررسی وجود دارد. در واقع نونهالی‌های پایه‌های مادری رویشگاه چمستان و سپس خرم‌چماز در مقایسه با مبدأهای دیگر از وضعیت مطلوب‌تری برخوردار بودند. به علاوه اختلاف بین پایه‌های مادری در هر رویشگاه نیز از نظر اکثر صفات مورد بررسی نونهالی‌های آنها در سطح ۱ درصد معنی‌دار شد که نشان‌دهنده تنوع درون جمعیتی مناسب این گونه در رویشگاه‌های مورد مطالعه است. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که صفات سطح برگ، طول و حداکثر عرض پهنک، قطر یقه و ارتفاع در تشکیل مؤلفه اول که ۷۰ درصد از واریانس کل را پوشش می‌دهد، نقش بیشتری داشتند. تجزیه خوشه‌ای نیز ژنوتیپ‌ها را در ۶ گروه تفکیک نمود.

واژه‌های کلیدی: بلندمازو، پایه مادری، تنوع ژنتیکی، مبدأ بذر، ویژگی‌های نونهالی.

### مقدمه

مبدأ بذر و محل کاشت آن دارد (Mossadegh, 1996). اما در هر صورت برای گونه‌هایی که تولید نهال و جنگلکاری آنها همه ساله در برنامه‌های سازمان جنگل‌ها وجود دارد، اولاً ممکن است امکان تهیه همه ساله بذر از رویشگاه‌های نزدیک به خزانه به دلایلی همچون تناوب بذردهی کلی به

اثر مبدأ جمع‌آوری بذر روی موفقیت تولید نهال و جنگلکاری بر کسی پوشیده نیست. در حقیقت، تولید نهال مناسب از نقطه نظر ارزش‌های کمی و کیفی در یک نقطه خاص اغلب بستگی به وضعیت مناسب اداکیکی و اقلیمی

2004 روی *Quercus robur*; Cecil & Fare, 2004 روی *Q. shumardii* و *Q. Phellos* و در ایران نیز روی گونه بلوط ایرانی (Alvaninejad *et al.*, 2009) و جنس‌های دیگر مثل بارانک (Espahbodi, 2005; Tabandeh, 2006) و پلت (Yosefzadeh *et al.*, 2007) اشاره کرد.

برگ‌ها نیز به دلیل نقش مهم در فتوسنتز و کربن‌گیری از اهمیت ویژه‌ای در رشد و تولید مثل درختان برخوردار می‌باشند و تاکنون پژوهشگران متعددی بررسی‌های اولیه تنوع ژنتیکی را با استفاده از صفات مورفولوژیکی برگ بر روی گونه‌های مختلف انجام داده‌اند (Babac, 2003; Borazan & Bruschi *et al.*, 2003; Neouphytous *et al.*, 2007; Kanalas *et al.*, 2008). در همین خصوص Reisi و همکاران (2009) نیز در بررسی تنوع گونه بلندمازو با استفاده از صفات برگ به این نتیجه رسیدند که صفات مساحت برگ، حداکثر پهنای برگ تعداد دندانه سمت راست و تعداد جفت رگبرگ اصلی برگ، طول دمبرگ و طول کل برگ بیشترین نقش را در ایجاد تنوع داشتند. در تحقیق اخیر و در اکثر این قبیل مطالعات نشان داده شد که با توجه به متفاوت بودن شرایط اقلیمی و ادافیکی رویشگاه‌های مختلف و اثر رویشگاه روی برخی از خصوصیات برگ، تفکیک این که کدام یک از صفات برگ کمتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد تا حدودی مشکل می‌باشد. بدیهی است که اگر این مطالعه در شرایط محیطی یکسان انجام شود، تغییرات مشاهده شده تفاوت‌های ژنتیکی بین پایه‌ها را بیشتر نشان خواهند داد که این مهم از طریق جمع‌آوری بذر از پایه‌های مختلف، تولید نهال (نتاج) و کاشت آن‌ها در یک نهالستان ممکن است. در این شرایط به دلیل یکسان بودن شرایط محیط برای نتاج، تفاوت بین آنها بهتر می‌تواند وجود تنوع ژنتیکی را نشان دهد. این

ویژه در مورد بلوط، همچنین آفات و امراض فراهم نباشد. دوم اینکه ممکن است این پایه‌ها از تنوع ژنتیکی بالایی برخوردار نباشند که در نهایت سبب فرسایش ژنتیکی و عدم سازگاری گونه با تغییرات اقلیمی آینده خواهد شد (Espahbodi, 2005; Alvaninejad *et al.*, 2009). از این رو عدم دقت در انتخاب پایه‌های مادری مطلوب و برخوردار از تنوع مناسب و نیز محدود نمودن رویشگاه‌های جمع‌آوری بذر ممکن است باعث خالص‌سازی ژنتیکی و آسیب‌پذیری آنها گردد. بنابراین لزوم بررسی تنوع و شناسایی برترین پایه‌های مبدأهای مختلف و استفاده از آنها در تولید نهال مشخص می‌گردد. این در حالی است که اجرای برنامه‌های اصلاحی و حفاظتی و توسعه جنگلکاری با ژنوتیپ‌های پایدار نیازمند آگاهی از تنوع ژنتیکی بین و درون جمعیت‌هاست (Saenz-Romero, 2006). آزمون‌های توام پروونانس-نتاج با هدف تعیین تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌ها و انتخاب مبدأ مناسب برای بذرگیری و نیز انتخاب برترین پایه‌ها در هر مبدأ در قالب طرح‌های آشیانه‌ای اجرا می‌گردد (Sebenn *et al.*, 2003; Rochon 2007). در واقع آزمون نتاج با حذف اثرات محیطی و قضاوت براساس ویژگی‌های مورفولوژیک نونهال‌های رویانده شده در شرایط محیطی یکسان، امکان مناسبی را برای بررسی تنوع ناشی از اثرات ژنتیکی فراهم می‌سازد و بنابراین پایه‌های مادری که توانسته‌اند نهال‌های مطلوبتری تولید کنند و در واقع توانایی خود را به نسل بعد منتقل نمایند، انتخاب می‌شوند. از میان صفات مورفولوژیک قطر یقه، ارتفاع و زنده‌مانی از صفات کلیدی و اقتصادی محسوب می‌شود که در اکثر تحقیقاتی از این دست مورد بررسی قرار گرفته‌اند. در این ارتباط می‌توان به مطالعات انجام شده روی گونه‌های جنس بلوط (Bogdan *et al.*,

مازندران، شناسایی گردید (جدول ۱). در هر رویشگاه تعدادی پایه مادری سالم به طور تصادفی انتخاب و از آنها بذر جمع‌آوری شد. جهت حذف قرابت‌های ژنتیکی ناشی از تکثیر رویشی، فاصله درختان مادری از یکدیگر حداقل ۱۰۰ متر منظور شد. بذر جمع‌آوری شده در آبان ماه سال ۱۳۸۸ در ایستگاه تحقیقات پاسند در ۵ کیلومتری شهرستان بهشهر، کاشته شدند (جدول ۱).

تحقیق با هدف بررسی تنوع ژنتیکی و معرفی بهترین مبدأ بذر گونه بلندمازو (*Quercus castaneifolia*) (C.A.Meyer) و شناسایی پایه‌های مادری تولید بذر با برتری نسبی در مبدأهای مورد بررسی از طریق آزمون توام پرووانس-نتاج، سعی در حفظ و توسعه این گونه دارد.

## مواد و روشها

### مبدأهای جمع‌آوری بذر و تولید نهال: برای انجام

این تحقیق، چهار رویشگاه از این گونه در استان

جدول ۱- اطلاعات جغرافیایی مبدأهای جمع‌آوری بذر و محل کاشت

عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی	ارتفاع از سطح دریا (متر)	رویشگاه
۳۶° ۲۸'	۵۲° ۰۴'	۱۲۵	چمستان
۳۶° ۲۵'	۵۲° ۰۵'	۵۰۰	لاویج
۳۶° ۳۵'	۵۳° ۱۹'	۱۵۰	کوهسارکنده
۳۶° ۳۳'	۵۳° ۳۱'	۶۳۰	خرم چماز
۳۶° ۴۲'	۵۳° ۳۵'	۲۶	ایستگاه پاسند
۳۶° ۴۲'	۵۳° ۳۵'	۲۶	

برگ به سانتیمتر مربع، طول و حداکثر عرض پهنک به سانتیمتر و شکل برگ با استفاده از نسبت طول به حداکثر عرض پهنک، زنده‌مانی، قطر یقه به میلیمتر و ارتفاع کل به سانتیمتر) اندازه‌گیری و ثبت شد.

داده‌ها با مدل آشیانه‌ای و در قالب طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی تجزیه و تحلیل شد (Sebbenn et al., 2003). برای بررسی اثر جمعیت و ژنوتیپ (پایه مادری) در هر یک از جمعیت‌ها و برای کلیه صفات مورد بررسی، با استفاده از رویه GLM (SAS Institute, 1989) تجزیه واریانس صورت گرفت که مدل آماری آن برای بررسی اثر جمعیت به

روش تحقیق: تعداد ۱۰ پایه مادری از رویشگاه چمستان، ۱۰ پایه از رویشگاه کوهسارکنده، ۸ پایه از رویشگاه خرم‌چماز و ۶ پایه از رویشگاه لاویج به طور تصادفی انتخاب شد که به عنوان تیمارهای این تحقیق قلمداد شدند و به ازای هر یک از پایه‌های مادری ۱۰ اصله نهال مورد بررسی قرار گرفت. بذر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار کاشته شدند به نحوی که در هر پلات حد اقل ده نهال از هر ژنوتیپ مورد مطالعه قرار گرفت. در طول سال نهال‌ها مورد مراقبت (آبیاری و وجین علف‌های هرز) قرار گرفتند. در پایان فصل رویش سال اول صفات مختلف نهال‌ها (سطح

صورت مدل شماره ۱ و جهت بررسی اثر ژنوتیپ در هر جمعیت از مدل شماره ۲ استفاده شد:

$$Y_{ijkl} = \mu + \eta_k + \alpha_{i(k)} + \beta_j + \rho_{l(i)} + \alpha_{i(k)}\beta_j + \varepsilon_{ijkl}$$

مدل شماره ۱

$$Y_{ijl} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \rho_{l(i)} + \alpha_i\beta_j + \varepsilon_{ijl}$$

مدل شماره ۲

نرم افزار SAS و جهت انجام تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار JMP استفاده شد.

### نتایج

#### ۱- تجزیه واریانس و مقایسات میانگین بین مبداهای:

نتایج تجزیه و تحلیل واریانس نشان داد که تفاوت میان مبداهای از نظر کلیه صفات مورد بررسی به غیر از شکل برگ در سطح درصد معنی دار بود (جدول ۲). مقایسات میانگین صفات بین مبداهای مورد مطالعه مشخص نمود که به طور کلی مبدای چمستان دارای بالاترین میانگین‌ها از نظر کلیه صفات بود و پس از آن میانگین صفات در مبدای خرم‌چماز مقادیر بالاتری را به خود اختصاص داد. مبدای کوهسارکنده و لایوچ نیز به ترتیب در مکان‌های بعدی قرار گرفتند (جدول ۳).

که در آن،  $\mu$  میانگین کل،  $\alpha_i$  اثر ژنوتیپ،  $\beta_j$  اثر بلوک،  $\rho_{l(i)}$  اثر نتاج که در ژنوتیپ آشیانه شده،  $\alpha_i\beta_j$  اثر متقابل بلوک در ژنوتیپ،  $\eta_k$  اثر جمعیت،  $\alpha_{i(k)}$  اثر ژنوتیپ، آشیانه شده در جمعیت،  $\rho_{l(i)}$  اثر نتاج آشیانه شده در ژنوتیپ و جمعیت و  $\varepsilon_{ijl}$  خطای کل مدل می‌باشد. آنگاه از طریق آزمون دانکن، میانگین‌ها گروه‌بندی شدند. کلیه تجزیه تحلیل‌ها توسط نرم‌افزار SAS (SAS Institute, 1989) صورت گرفت.

تجزیه و تحلیل‌های چند متغیره امکان بررسی همزمان همه صفات را در تنوع بین و درون جمعیت‌ها فراهم می‌سازد (Neouphytou *et al.*, 2007). تجزیه به مؤلفه‌های اصلی PCA در بررسی تنوع مورفولوژی بیشتر مورد استفاده قرار گرفته است (Backhans *et al.*, 2000; Neouphytou *et al.*, 2007). جهت انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی از

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس بین مبداهای مختلف

خطا	نتاج (ژنوتیپ مبدای)	تکرار*ژنوتیپ (مبدای)	تکرار	ژنوتیپ (مبدای)	مبدای	صفات
۲۲/۶۴	۲۳/۰۴	۳۹/۲۰	۵/۸۶	۱۶۳/۹۶	۱۱۲۳/۶۱**	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )
۱/۳۸	۱/۴۸	۲/۷۱	۰/۷۵	۱۷/۶۴	۱۰۴/۲۶**	طول پهنک (cm)
۰/۲۸	۰/۲۹	۰/۴۸	۰/۲۴	۱/۶۲	۱۱/۷۹**	حداکثر عرض پهنک (cm)
۰/۱۰	۰/۱۰	۰/۱۲	۰/۰۳	۰/۹۳	۱/۰۲ns	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)
۲۳۲/۶۰	۲۱۹/۰۴	۵۰۱/۸۷	۱۶۰/۸۱	۴۴۳۰/۲۹	۵۳۹۱۹/۱۸**	ارتفاع کل (cm)
۳/۱۹	۳/۴۴	۵/۴۷	۰/۳۹	۵۲/۵۰	۲۹۹/۶۸**	قطر یقه (mm)
۰/۰۰	-	-	۰/۰۰	۴۹۷/۰۰	۷۲۵۶/۴۷**	زنده‌مانی (درصد)

\*\* معنی‌دار در سطح درصد و ns غیر معنی‌دار

جدول ۳- دسته‌بندی میانگین مبداهای مختلف براساس روش دانکن

مبدأها	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	طول پهنک (cm)	حداکثر عرض پهنک (cm)	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	ارتفاع کل (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (درصد)
چمستان	۱۸/۶۷ a	۸/۹۷ a	۳/۲۰ a	۲/۸۳ a	۵۸/۶۷ a	۱۰/۵۳ a	۹۸ a
کوهسارکنده	۱۵/۲۹ b	۷/۸۰ b	۲/۹۳ b	۲/۷۰ a	۲۶/۱۱ c	۸/۲۶ b	۹۷ a
لاویج	۱۴/۸۸ b	۷/۸۸ b	۲/۷۷ b	۲/۸۶ a	۳۷/۸۷ bc	۸/۶۳ b	۶۰ b
خرم‌چماز	۱۸/۷۹ a	۸/۸۵ a	۳/۲۷ a	۲/۷۳ a	۴۷/۰۲ab	۹/۷۵ ab	۱۰۰ a

حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین مبداهای مختلف می‌باشد.

جدول ۴- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس بین پایه‌های مادری در هر مبدأ

صفات	چمستان	کوهسارکنده	لاویج	خرم‌چماز
سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	۱۳۸/۵۰**	۱۴۱/۱۰ns	۲۴۴/۳۷ns	۱۶۸/۶۴**
طول پهنک (cm)	۱۵/۴۴**	۱۷/۲۸**	۲۵/۲۰ns	۱۵/۵۴**
حداکثر عرض پهنک (cm)	۱/۳۷ ns	۱/۲۵ ns	۱/۷۶ns	۲/۳۳**
شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	۰/۸۶**	۰/۸۶**	۰/۷۶**	۱/۲۴**
ارتفاع کل (cm)	۷۷۳۶/۵۶**	۱۳۹۵/۳۵**	۳۷۵۴/۰۷**	۴۵۶۴/۴۳**
قطر یقه (mm)	۰/۰۸**	۰/۰۷**	۰/۰۷**	۰/۰۹**
زنده‌مانی (درصد)	۱۲۰/۰۰**	۲۷۰/۰۰**	۲۲۸۰/۰۰**	۰/۰۰ns

\*.معنی‌دار در سطح ۱درصد، \*.معنی‌دار در سطح ۵درصد و ns: غیر معنی‌دار

## ۲- تجزیه واریانس و مقایسات درون هر مبدأ: نتایج

تجزیه واریانس نشان داد که تفاوت میان ژنوتیپ‌ها در هر مبدأ، از نظر اکثر صفات مورد بررسی معنی‌دار بود (جدول ۴).

مقایسه میانگین‌های صفات بین ژنوتیپ‌های هر مبدأ مشخص نمود که در مبدأ چمستان به طور کلی پایه‌های شماره ۱۰، ۹ و ۵ به ترتیب دارای بالاترین میانگین‌ها از نظر کلیه صفات بودند و پایه‌های شماره ۸، ۱ و ۳ به ترتیب میانگین‌های پایین‌تری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشتند (جدول ۵). در مبدأ کوهسارکنده، پایه‌های شماره ۸ و ۵

به ترتیب دارای بالاترین میانگین‌ها و پایه‌های شماره ۲، ۳، ۹ و ۱۰ میانگین‌های پایین‌تری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشتند (جدول ۶). در مبدأ لاویج نیز پایه‌های شماره ۴ و ۶ دارای بالاترین میانگین‌ها از نظر کلیه صفات بودند. پایه شماره ۲ نیز میانگین‌های پایین‌تری نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشت (جدول ۷) و در مبدأ خرم‌چماز پایه شماره ۵ دارای بالاترین میانگین‌ها و پایه‌های شماره ۶ و ۸ پایین‌ترین میانگین‌ها را از نظر کلیه صفات نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها داشتند (جدول ۸).

جدول ۵- نتایج مقایسه میانگین‌ها و گروه بندی پایه‌های مادری در مبدأ چمستان

شماره ژنوتیپ	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	طول پهنک (cm)	حداکثر عرض پهنک (cm)	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	ارتفاع کل (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (درصد)
۱	۱۷/۸۸ ab	۸/۳۰ bc	۳/۱۵ a	۲/۶۶ c	۳۹/۲۳ cd	۹/۵۷ b	۱۰۰ a
۲	۱۸/۲۱ ab	۸/۹۹ a-c	۸/۹۹ a	۲/۹۵ ab	۵۲/۵۲ b-d	۹/۷۲ b	۱۰۰ a
۳	۱۸/۲۸ ab	۸/۵۰ a-c	۸/۵۰ a	۲/۵۹ c	۴۰/۲۸ cd	۹/۸۵ b	۱۰۰ a
۴	۲۱/۰۲ a	۹/۵۷ ab	۹/۵۷ a	۲/۷۷ bc	۶۴/۰۳ a-c	۱۱/۸۴ a	۱۰۰ a
۵	۲۰/۲۷ ab	۹/۳۱ ab	۹/۳۱ a	۲/۷۸ bc	۷۴/۹۰ ab	۱۱/۹۸ a	۱۰۰ a
۶	۱۸/۵۴ ab	۸/۹۸ a-c	۸/۹۸ a	۲/۷۹ bc	۶۷/۳۷ ab	۱۱/۰۷ ab	۱۰۰ a
۷	۱۶/۷۶ ab	۸/۷۰ a-c	۸/۷۰ a	۲/۹۸ ab	۶۱/۱۰ a-c	۱۰/۵۸ ab	۱۰۰ a
۸	۱۳/۵۸ b	۷/۴۰ c	۷/۴۰ a	۲/۶۷ c	۳۱/۶۹ d	۷/۲۷ c	۸۰ b
۹	۲۰/۰۴ ab	۹/۷۷ ab	۹/۷۷ a	۳/۱۴ a	۶۹/۱۳ ab	۱۰/۹۶ ab	۱۰۰ a
۱۰	۲۱/۱۶ a	۹/۸۷ a	۹/۸۷ a	۲/۹۲ ab	۸۱/۰۷ a	۱۱/۸۴ a	۱۰۰ a

حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

جدول ۶- نتایج مقایسه میانگین‌ها و گروه بندی پایه‌های مادری در مبدأ کوهسارکنده

شماره ژنوتیپ	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	طول پهنک (cm)	حداکثر عرض پهنک (cm)	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	ارتفاع کل (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (درصد)
۱	۱۵/۸۶ a	۷/۶۳ a-e	۳/۰۵ a	۲/۵۷ bc	۲۷/۰۸ a-c	۹/۱۷ ab	۱۰۰ a
۲	۱۲/۶۳ a	۷/۲۰ c-e	۲/۶۱ a	۲/۷۶ a-c	۱۷/۷۵ cd	۶/۵۲ de	۱۰۰ a
۳	۱۲/۹۶ a	۷/۳۹ b-e	۲/۶۹ a	۲/۷۵ a-c	۱۴/۹۲ d	۶/۰۳ e	۱۰۰ a
۴	۱۸/۶۴ a	۸/۸۸ a	۲/۲۳ a	۲/۷۸ a-c	۲۶/۷۸ a-c	۸/۱۹ a-d	۱۰۰ a
۵	۱۸/۱۲ a	۸/۷۱ ab	۳/۱۲ a	۲/۸۳ ab	۳۵/۶۵ a	۹/۷۹ a	۱۰۰ a
۶	۱۶/۷۱ a	۸/۱۸ a-d	۳/۰۹ a	۲/۶۹ ab	۲۵/۹۳ a-d	۸/۶۹ a-c	۱۰۰ a
۷	۱۴/۳۴ a	۷/۷۲ a-e	۲/۸۸ a	۲/۷۰ a-c	۲۹/۷۰ ab	۸/۸۹ a-c	۱۰۰ a
۸	۱۶/۲۰ a	۸/۵۱ a-c	۲/۹۲ a	۲/۹۹ a	۳۶/۲۲ a	۹/۶۷ a	۱۰۰ a
۹	۱۲/۷۵ a	۶/۷۱ e	۲/۶۷ a	۲/۵۴ bc	۲۲/۳۸ b-d	۷/۴۹ c-e	۷۰ b
۱۰	۱۳/۹۰ a	۶/۷۳ de	۲/۹۴ a	۲/۳۶ c	۲۳/۶۲ b-d	۷/۹۴ b-d	۱۰۰ a

حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

جدول ۷- نتایج مقایسه میانگین‌ها و گروه‌بندی پایه‌های مادری در مبدأ لاویج

شماره ژنوتیپ	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	طول پهنک (cm)	حداکثر عرض پهنک (cm)	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	ارتفاع کل (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (درصد)
۱	۹/۵۸ a	۶/۴۱ a	۲/۳۱ a	۲/۷۷ a-c	۱۸/۷۵ b	۶/۵۸ cd	۴۰ d
۲	۹/۹۷ a	۶/۳۲ a	۲/۴۵ a	۲/۵۹ c	۱۶/۵۶ b	۶/۰۴ d	۳۰ e
۳	۱۰/۶۹ a	۶/۵۶ a	۲/۳۴ a	۲/۷۹ a-c	۲۷/۵۰ b	۶/۹۰ b-d	۴۰ d
۴	۱۸/۹۵ a	۹/۲۲ a	۳/۱۰ a	۲/۹۹ ab	۵۸/۲۹ a	۱۰/۴۶ a	۷۰ c
۵	۱۵/۸۰ a	۷/۸۰ a	۲/۹۲ a	۲/۶۹ bc	۴۰/۰۲ ab	۹/۰۲ a-c	۱۰۰ a
۶	۱۶/۷۵ a	۸/۷۸ a	۲/۸۵ a	۳/۱۴ a	۴۰/۰۴ ab	۹/۴۰ ab	۸۰ b

حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

جدول ۸- نتایج مقایسه میانگین‌ها و گروه‌بندی پایه‌های مادری در مبدأ خرم‌چماز

شماره ژنوتیپ	سطح برگ (cm <sup>2</sup> )	طول پهنک (cm)	حداکثر عرض پهنک (cm)	شکل برگ (طول/حداکثر عرض پهنک)	ارتفاع کل (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (درصد)
۱	۱۹/۴۵ ac	۹/۳۳ a	۶/۳۶ ab	۲/۸۱ dc	۵۲/۹۷ ab	۱۰/۳۷ b	۱۰۰ a
۲	۱۷/۰۰ ac	۸/۶۸ a-c	۳/۰۴ bc	۲/۸۶ b	۴۳/۹۵ bc	۹/۳۲ c	۱۰۰ a
۳	۱۹/۷۱ ab	۹/۳۹ a	۳/۳۷ ab	۲/۸۰ d	۴۹/۵۷ b	۱۰/۴۲ b	۱۰۰ a
۴	۲۰/۶۵ ab	۹/۵۳ a	۳/۴۰ ab	۲/۸۲ c	۴۸/۴۳ b	۹/۳۵ c	۱۰۰ a
۵	۲۱/۵۸ a	۹/۳۰ a	۳/۶۳ a	۲/۵۸ f	۶۷/۵۳ a	۱۲/۳۳ a	۱۰۰ a
۶	۱۶/۸۴ bc	۷/۵۳ c	۳/۳۷ ab	۲/۳۱ g	۲۸/۳۲ d	۷/۸۱ d	۱۰۰ a
۷	۲۰/۴۱ ab	۸/۹۸ ab	۳/۳۲ ab	۲/۷۴ e	۵۲/۷۸ ab	۱۰/۰۹ bc	۱۰۰ a
۸	۱۴/۶۵ c	۸/۰۴ bc	۲/۷۰ c	۲/۹۶ a	۳۲/۶۰ cd	۸/۳۰ d	۱۰۰ a

حروف متفاوت نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

### ۳- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که مؤلفه اول ۷۰ درصد و مؤلفه دوم ۱۸ درصد از کل واریانس را پوشش دادند. این تجزیه در واقع سهم هر مؤلفه را از واریانس کل داده‌ها نشان می‌دهد (جدول ۹). نتایج همین‌طور نشان داد که در تشکیل مؤلفه اول، صفات طول پهنک، سطح

برگ، و قطر یقه اهمیت بیشتری داشتند. در تبیین مؤلفه دوم، شکل برگ و زنده‌مانی نقش مهمتری نسبت به سایر صفات داشتند (جدول ۹). چون مؤلفه اول حدود ۷۰ درصد از واریانس کل را پوشش می‌دهد، می‌توان نتیجه گرفت که صفات طول پهنک، سطح برگ و قطر یقه بیشترین تأثیر را در ایجاد تنوع داشته باشند.

جدول ۹- ریشه‌های مخفی صفات مورد بررسی در چهار مؤلفه اول

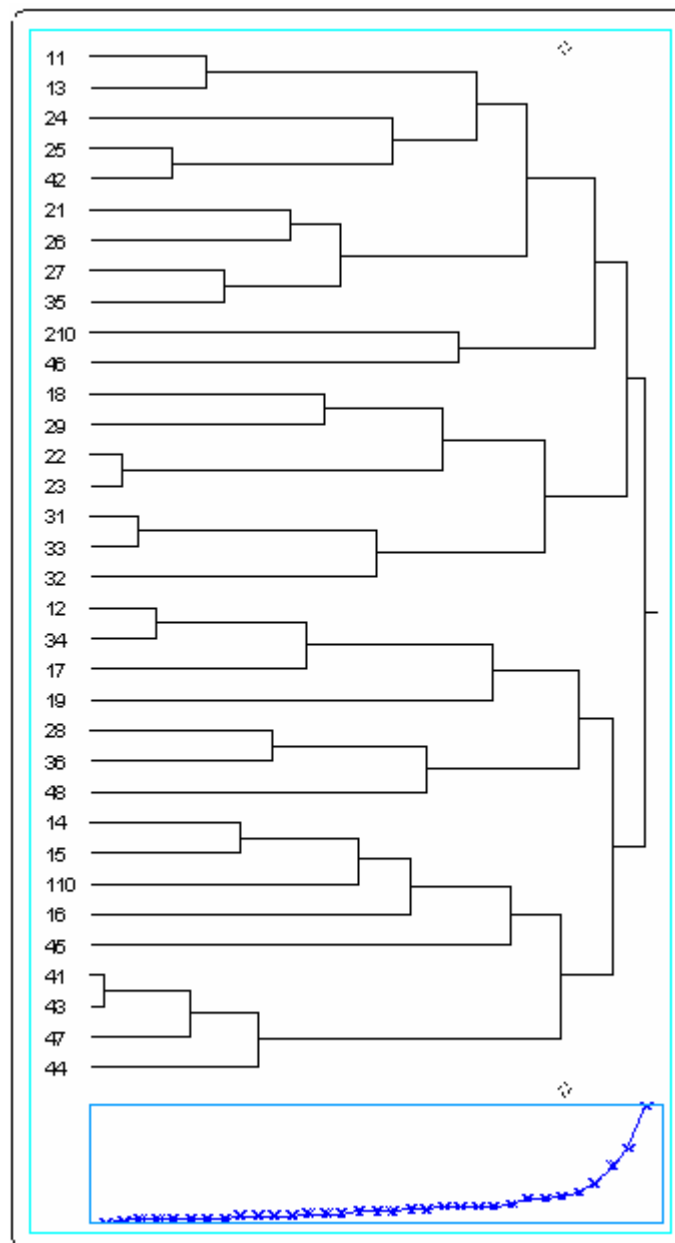
صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم	مؤلفه چهارم
زنده‌مانی	۰/۲۸۵	-۰/۴۴۸	۰/۷۳۴	۰/۴۱۹
طول پهنک	۰/۴۳۷	۰/۱۴۶	۰/۱۱۵	-۰/۳۵۵
سطح برگ	۰/۴۴۱	-۰/۰۹۸	۰/۰۳۳	-۰/۳۶۸
عرض پهنک	۰/۴۰۴	-۰/۳۵۰	-۰/۱۴۹	-۰/۳۸۰
شکل برگ	۰/۱۶۴	۰/۷۶۷	۰/۴۶۸	-۰/۰۹۷
ارتفاع کل	۰/۴۰۱	۰/۲۲۵	-۰/۳۶۱	۰/۵۱۲
قطر یقه	۰/۴۲۶	۰/۰۷۷	-۰/۲۷۳	۰/۳۸۲
واریانس تجمعی	۰/۷۰	۰/۸۸	۰/۹۶	۰/۹۹

## ۴- تجزیه خوشه‌ای

نتایج تجزیه خوشه‌ای با استفاده از کلیه صفات مورد مطالعه به روش Wards انجام شد و نشان داد که با توجه به تغییرات واریانس تشکیل خوشه‌ها (منحنی رسم شده در پایین شکل ۱)، پایه‌های مادری ۴ جمعیت در ۶ خوشه مجزا گروه‌بندی شدند (شکل ۱). در گروه اول، پایه‌های شماره ۱ و ۳ از جمعیت چمستان، ۵ از لایوچ، ۲ از خرم‌چماز و ۱، ۴، ۵، ۶ و ۷ از کوهسارکنده قرار گرفتند. در خوشه دوم، پایه‌های شماره ۱۰ از کوهسارکنده و ۶ از خرم‌چماز و در خوشه سوم، پایه شماره ۸ از چمستان، ۲، ۳ و ۹ از کوهسارکنده و ۱، ۲ و ۳ از لایوچ و در خوشه چهارم درختان شماره ۲، ۷ و ۹ از چمستان و ۴ از لایوچ و در خوشه پنجم، پایه‌های شماره ۸ از کوهسارکنده، ۶ از لایوچ و ۸ از خرم‌چماز

و در خوشه ششم ۴، ۵، ۶ و ۱۰ از چمستان و ۱، ۳، ۴، ۵ و ۷ از خرم‌چماز در یک گروه قرار گرفتند. نتایج همین‌طور نشان داد که بیشترین فاصله ژنتیکی مربوط به پایه‌های شماره ۱ و ۲ از جمعیت چمستان می‌باشد. سپس پایه‌های ۱ و ۸ همین‌طور ۲ و ۴ از همین جمعیت بیشترین فاصله را از هم داشتند که نشان‌دهنده تنوع بالا در این جمعیت می‌باشد. همین‌طور فاصله ژنتیکی برخی از پایه‌های جمعیت چمستان (۱، ۲، ۴ و ۸) با برخی از پایه‌های سایر جمعیت‌ها نیز بالا بود (جدول ۱۰) که نشان می‌دهد این جمعیت علیرغم تنوع درون جمعیتی بالا، دارای تنوع بین جمعیتی خوبی نیز با سایر جمعیت‌های مورد مطالعه است.





شکل ۱- خوشه بندی ۳۴ پایه مورد بررسی از ۴ جمعیت براساس کلیه صفات

اعداد سمت چپ شماره جمعیتها (۱: چمستان، ۲: کوهسارکنده، ۳: لایبج و ۴: خرمچماز) و اعداد بعدی شماره پایهها در هر جمعیت می باشد.

جدول ۱۰- فاصله ژنتیکی بین پایه‌های مورد مطالعه

شماره خوشه	فاصله ژنتیکی	اتصال‌ها
۳۳	۰/۱۵۵	۴۱
۳۲	۰/۳۲۶	۲۲
۳۱	۰/۴۴۸	۳۱
۳۰	۰/۴۶۳	۲۵
۲۹	۰/۴۷۷	۱۲
۲۸	۰/۴۹۴	۴۱
۲۷	۰/۵۰۷	۱۱
۲۶	۰/۵۱۹	۲۷
۲۵	۰/۵۷۰	۱۴
۲۴	۰/۶۲۸	۴۱
۲۳	۰/۶۵۵	۲۸
۲۲	۰/۶۶۰	۲۱
۲۱	۰/۷۶۲	۱۲
۲۰	۰/۸۲۱	۱۸
۱۹	۰/۸۶۶	۲۱
۱۸	۰/۹۰۱	۱۴
۱۷	۰/۹۹۴	۳۱
۱۶	۱/۰۴۳	۲۴
۱۵	۱/۰۶۱	۱۴
۱۴	۱/۰۹۸	۲۸
۱۳	۱/۲۳۰	۱۸
۱۲	۱/۲۶۷	۲۱۰
۱۱	۱/۳۶۷	۱۲
۱۰	۱/۳۸۶	۱۱
۹	۱/۴۱۳	۱۴
۸	۱/۹۸۴	۱۱
۷	۱/۹۸۹	۱۸
۶	۲/۲۶۴	۱۴
۵	۲/۵۹۲	۱۲
۴	۳/۱۹۹	۱۱
۳	۴/۶۱۱	۱۲
۲	۶/۰۱۳	۱۱
۱	۹/۵۵۵	۱۱

در ستون اتصال‌ها، رقم سمت چپ شماره جمعیت‌ها و رقم یا ارقام بعدی شماره پایه‌ها در هر جمعیت می‌باشد.

## بحث

استان گیلان انجام دادند، به این نتیجه رسیدند که رشد و زنده‌مانی در نهال‌های حاصل از مبدأ بذری بالاتر، بیشتر بوده‌است. آنها دلیل این مسئله را وجود سرمای دیررس در منطقه مربوط دانسته و عنوان نمودند که چون پروونانس‌های مناطق بالاتر دیرتر جوانه می‌زنند، در مقابل سرمای دیررس مقاومت‌ترند.

نتایج این تحقیق نشان داد که به طور کلی در مقایسه بین چمستان و کوهسارکنده (هر دو از رویشگاه‌های میان‌بند) مبدأ دورتر از محل تولید نهال (چمستان) بهتر بوده‌است. دلیل آن می‌تواند این نکته باشد که مبدأ چمستان رویشگاه تپیک و خالص بلوط است در حالیکه رویشگاه کوهسارکنده در مجاورت کارخانه سیمان قرار گرفته و فشار ناشی از آن باعث کاهش تنوع و عملکرد ژنوتیپ‌ها شده‌است.

اما بین لایوچ و خرم‌چماز (هر دو از جنگل‌های میان‌بند) مبدأ نزدیکتر به محل تولید نهال (خرم‌چماز) بهتر بوده‌است. در تعداد زیادی از منابع گزارش شده که پروونانس‌های بومی در مقایسه با پروونانس‌های با فاصله دورتر از محل کاشت از اولویت بیشتری برای نهالکاری برخوردارند (Schoenike, 2002؛ Espahbodi, 2005؛ Tabandeh, 2006). دلیل آن ممکن است سازگاری‌های ژنتیکی نهال‌های تولید شده از بذر بومی با تغییرات اقلیمی منطقه مورد نظر باشد. اما به هر حال و با تکیه بر نتایج این مطالعه در جنگل‌های پایین‌بند می‌توان گفت که ممکن است همیشه بذر بومی بهترین بذر برای تولید نهال در منطقه نباشد و این مسئله را می‌توان به کم بودن تنوع ژنتیکی و عدم وجود الل‌های مرغوب در منطقه نزدیکتر مربوط دانست. بنابراین استفاده از سایر مبدأها که عملکرد مناسبی در منطقه نشان دادند می‌تواند علاوه بر افزایش تنوع ژنتیکی به افزایش سطح کمی و کیفی جمعیت بومی کمک نماید.

نتایج این تحقیق نشان داد که خصوصیات نهال‌ها تحت تأثیر مبدأهای مختلف بذر متفاوت می‌باشد. به نحوی که اثر مبدأ بذر روی صفات مختلف برگ و همین‌طور رویش قطری و ارتفاعی نهال‌ها معنی‌دار شد. مطالعات ثابت کرده است که اختلاف موجود بین پروونانس‌ها به موقعیت اکولوژیکی آنها و ویژگی‌های رویشگاه مانند طول و عرض جغرافیایی و ارتفاع از سطح دریا مربوط است (Court-Picon et al., 2004؛ Nielsen & Jorgensen, 2003).

نتایج این تحقیق در مبدأهای حوزه جنگل‌های واز (چمستان و لایوچ) نشان داد که میانگین صفات برگ و رویش قطری و ارتفاعی نهال‌های حاصل از بذر مبدأ با ارتفاع از سطح دریای پایین‌تر و نزدیکتر به ارتفاع از سطح دریای نهالستان (چمستان) بیشتر از مشخصه‌های یاد شده در نهال‌های حاصل از منابع بذری دورتر و مرتفع‌تر از عرصه تولید نهال (لایوچ) بود. نتایج این تحقیق نشان داد که در مقایسه مبدأهای حوزه جنگل‌های نکا (کوهسارکنده و خرم-چماز) میانگین صفات برگ و رویش قطری و ارتفاعی نهال‌های حاصل از بذر مبدأ با ارتفاع از سطح دریای پایین‌تر و نزدیکتر به ارتفاع از سطح دریای نهالستان (کوهسارکنده) کمتر از صفات یاد شده در نهال‌های حاصل از منابع بذری دورتر و مرتفع‌تر از عرصه تولید نهال (خرم‌چماز) بود.

مطالعات متعدد نشان داده‌است که پروونانس‌های ارتفاعات بالاتر دارای رشد کندتری نسبت به ارتفاعات پایین‌تر می‌باشند (Saenz-Romero, 2006؛ Yosefzadeh et al., 2005؛ Tabandeh, 2006). با وجود اینکه در خصوص بلوط نیز این مسئله ثابت شد (Cecil & Fare, 2004)، اما در تحقیقی که Naghshi و همکاران (۲۰۰۷) بر روی ۹ مبدأ جغرافیایی بلندمازو در

انتظار می‌رفت که تنوع درون جمعیت‌ها از تنوع بین جمعیت‌ها بیشتر باشد اما نتایج تجزیه خوشه‌ای نشان داد که به‌رغم وجود تنوع مناسب در اکثر جمعیت‌ها، تنوع مناسبی نیز بین جمعیت‌های مختلف این گونه وجود دارد.

در مجموع مبدأ بذر چمستان مناسب‌تر از سایر مبدأها برای تولید نهال در منطقه مورد بررسی می‌باشند. ولی همه پایه‌های مادری این مبدأ نمی‌توانند برای بذرگیری کاندید شوند و در بین سایر مبدأها نیز پایه‌هایی وجود دارند که نهال‌های حاصل از بذر آنها در منطقه مورد بررسی وضعیت خوبی از نظر صفات مورد بررسی داشتند و تنوع زیادی نیز با پایه‌های مبدأ چمستان نشان می‌دهند. این نتیجه همچنین اهمیت بررسی‌های درون جمعیتی را نشان می‌دهد. از این‌رو گسترده نمودن دامنه مناطق بذرگیری می‌تواند به حفاظت از تنوع ژنتیکی بلندمازو کمک نماید.

بنابراین با تکیه بر نتایج این تحقیق برای کاهش نگرانی‌های ناشی از فرسایش ژنتیکی، همینطور کمبود بذر در سال‌های بذردهی کم، پیشنهاد می‌شود، علاوه بر پایه‌های مادری رویشگاه چمستان، پایه‌های مادری سایر رویشگاه‌ها که نتایج آنها وضعیت مناسبی از نظر صفات مختلف نشان دادند، بذر تهیه شود. البته در خصوص مطالعات درون جمعیتی و معرفی پایه‌های برتر شاید در این سن نتوان با اطمینان سخن گفت. ولی مطابق با نظر Wu (1998) و Danuesvičius و Lindgren (2003) حداقل می‌توان ژنوتیپ‌های بسیار ضعیف را شناسایی و حذف نمود که این خود ضمن افزایش دست‌آورد در سال‌های آینده، باعث کاهش هزینه‌های کاشت، داشت و تهیه عرصه برای تولید نهال خواهد شد.

### سپاسگزاری

بدین وسیله از کارکنان محترم مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران به‌ویژه آقای مهندس خورانکه که

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که صفات طول و عرض پهنک، سطح برگ، ارتفاع کل و قطر یقه در تبیین مؤلفه اول که حدود ۷۰ درصد از واریانس کل را پوشش می‌دهد، نقش بیشتری داشتند. بنابراین می‌توان نتیجه گرفت که صفات طول و حداکثر عرض پهنک، سطح برگ، ارتفاع کل و قطر یقه بیشترین تأثیر را در تنوع داشتند. طبیعتاً صفاتی که در ایجاد واریانس‌ها بیشترین نقش را دارند کمتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرند و بیشتر تحت تأثیر خصوصیات ژنتیکی‌اند. بنابراین، اگر این صفات تحت کنترل ژن باشند، ترتیب و ترکیب ژن‌های کنترل‌کننده آنها در پایه‌های مختلف متفاوت خواهند بود (Espahbodi, 2005; Tabandeh, 2006). همینطور Reisi و همکاران (۲۰۰۹) در بررسی تنوع گونه بلندمازو با استفاده از صفات برگ به این نتیجه رسیدند که صفات مساحت برگ، حداکثر پهنای برگ، تعداد دندانه سمت راست و تعداد جفت رگبرگ اصلی برگ، طول دم‌برگ و طول کل برگ بیشترین نقش را در تبیین سه مؤلفه اول داشتند. در مطالعه مذکور با توجه به متفاوت بودن شرایط اقلیمی و ادافیکی رویشگاه‌های مختلف و اثر رویشگاه روی برخی از خصوصیات برگ، تفکیک این که کدام یک از صفات برگ کمتر تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد تا حدودی مشکل می‌باشد. مطالعه حاضر از طریق جمع‌آوری بذر از پایه‌های مختلف، تولید نهال و کاشت آنها در یک نهالستان (شرایط محیطی یکسان)، این اشکال را مرتفع نموده و بنابراین تغییرات مشاهده شده، تنوع ژنتیکی بین پایه‌ها را بیشتر نشان داد و نیز علاوه بر صفات برگ، سایر صفات کلیدی مانند زنده‌مانی، قطر یقه و ارتفاع را بررسی نمود.

از آنجا که بلندمازو گونه‌ای دگرگشن و بادگرده‌افشان است (Hokanson et al., 1993; Kiani, 2004) لذا امکان انتقال مناسب ژن بین جمعیت‌ها فراهم می‌باشد. بنابراین

- Kiani, B., 2004. Forest Genetics [Improvement of Tree and Stand]. Haghshenass Publication, Rasht, 212 p.
- Mossadegh, A., 1996. Silviculture. Tehran University Publication, Tehran, 481p.
- Naghshi, S., Rostami-Shahraji, T., Amanzadeh, ., Dastmalchi, M., Siahipoor, Z., Hemmati, A., 2007. Investigation of yield potentials of *Quercus castaneifolia* geographic origins in West of Gilan. Iranian Forests and Poplar Research, 15: 268-277.
- Neophytou, C.H., Palli, G., Dounavi, A. and Aravanopoulos, F.A., 2007. Morphological differentiation and hybridization between *Quercus alnifolia* Poech and *Quercus coccifera* L. (Fagaceae) in Cyprus. *Silvae Genetica*, 56: 271-277.
- Nielsen, C.N. and Jorgensen, F.V., 2003. Phenology and diameter increment in seedlings of European beech (*Fagus sylvatica* L.) as affected by different soil water contents: Variation between and within provenance. *Forest Ecology and Management*, 147: 233-249.
- Reisi, S., Jalali, S.G., Espahbodi, K., 2010, Investigation of morphologic and isosime variation on *Quercus castaneifolia* at two elevation gradients of Noor and Neka of Mazandaran province. M.Sc. Thesis, Natural Resources and Marine Science of Noor, Iran.
- 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.
- Saenz-Romero, C., Guzman-Reyna, R.R. and Rehfeldt, G.E., 2006. Altitudinal genetic variation among *Pinus oocarpa* population in Michoacan, Mexico. *Forest Ecology and Management*, 229: 340-350.
- SAS Institute, 1989. SAS Users Guide Statistics. Version 9.1, SAS Institute Inc, Cary, N.C., USA.
- Schoenike, E. R., 2002. Effect of variety and seed source on survival of Arizona Cypress planted in South Carolina. *Forest Ecology and Management*, 158: 273-289.
- 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.
- Tabandeh Saravi, A., 2006. Progeny test of wild service tree (*Sorbus torminalis* L. Crantz) third year after planting. M.Sc. thesis, Faculty of Natural Resources and Marine Sciences, Tarbiat Modarres University, Iran, 87 p.
- Wu, H.X., 1998. Study of early selection in tree breeding, 1- Advantage of early selection through increase of selection intensity and reduction of field test size. *Silvae Genetica*, 47: 146-154.
- Yosefzadeh, H., Tabari, M., Jalali, S.G. and K., Espahbodi, 2007. Influence of seed source on germination, growth, and survival of *Acer velutinum* Boiss. planted at a mountainous nursery in Sangdeh (North of Iran). *Iranian Journal of Natural Resources*, 60: 963-970.
- در مراحل اجرایی این تحقیق نگارندگان را یاری نمودند، تشکر و قدردانی می گردد.

### منابع مورد استفاده

- Alvaninejad, S., Tabari, M., Espahbodi, K. and Taghvaei, M., 2009. Heritability of traits in 1-year seedlings of Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.). *Iranian Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research*, 16: 218-228.
- Bogdan, S., Katicic-Trupevic, I. and Kajba, D., 2004. Genetic variation in growth traits in a *Quercus robur* L. open-pollinated progeny test of the slavian provenance. *Silvae Genetica*, 53: 198-201.
- Borazan, A. and Babac, M.T., 2003. Morphometric leaf variation in oaks (*Quercus*) of Bolu. *Turkey-Ann. Botany Fennici.*, 40:233-242.
- Bruschi, P., Grossoni, P. and Bussotti, F., 2003. Within and among tree variation in leaf morphology of *Quercus petraea* (Matt) Liebl. *Natural Population Trees*, 17: 164-172.
- Cecil, P. and Fare, D., 2004. Provenance and production location affects growth and quality of *Quercus phellos* and *Q. shumardii* seedlings. *Journal of Environmental Hort.*, 22:202–208.
- Court-Picon, M., Gadbin-Henry, C., Guibal, F. and Roux, M., 2004. Dendrometry and morphometry of *Pinus pinea* L. in lower province (France): adaptability and variability of provenances. *Forest Ecology and Management*, 194: 319-333.
- Danuesvičius, D. and Lindgren, D., 2003. Progeny testing preceded by phenotypic pre-selection- timing considerations. *Silvae Genetica*, 53: 20-26.
- Espahbodi, K., 2005. Genetic variation and the effects of genotype and habitat on growth and seedling survival in wild service tree (*Sorbus torminalis* L. Crantz). Ph.D. thesis, Faculty of Natural Resources and Marine Sciences, Tarbiat Modarres University, Iran, 250 p.
- 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). *American Journal of Botany*, 30: 1349-1357.
- Joyce, D.G., Lu, P. and Sirvelair, R.W., 2001. Genetic variation in height growth among population of eastern white pine (*Pinus strobus* L.) in Ontario. *Silvae Genetica*, 51: 136-142.
- Kanalas, P., Szollosi, E., Olah, V., Borovics, A. and Ilona, M., 2008. Small-scale variability in phenological, leaf morphological properties and isoenzyme pattern of sessile Oak complex (*Lepidobalanus* sub-genus) in a sessile Oak-Turkey oak forest stand. *Acta Biologica Szeged*, 52: 221- 223.

## Variation within and among *Quercus castaneifolia* populations based on their seedling characteristics

A. Tabandeh Saravi<sup>1</sup>, M. Tabari<sup>\*2</sup>, H. Mirzaie-Nodoushan<sup>3</sup> and K. Espahbodi<sup>4</sup>

1- M.Sc., College of Natural Resources, Tarbiat Modarres University of Noor, I.R.Iran

2<sup>\*</sup>-Corresponding author, Assoc. Prof., College of Natural Resources, Tarbiat Modarres University of Noor, I.R.Iran,  
Email: masoudtabari@yahoo.com

3- Prof., Forests and Rangelands Research Institute of Tehran, I.R.Iran

4- Assist. Prof., Research Center of Agriculture and Natural Resources of Mazandaran, Noor, I.R.Iran

Received: 15.07.2011

Accepted: 14.9.2011

### Abstract

In order to investigate variation within and among *Quercus castaneifolia* populations, seed source effects and their parent trees on several seedling characteristics, seeds were collected from 34 mother plants originated from the habitats named Chamestan, Lavich (located in Noor), Koohsar-Kandeh and Khorram-Chamaz (located in Behshahr) (125, 450, 150 and 630 m above sea level, respectively). The seeds were sown at Pasand research station (26 m above sea level). At the end of the first year growing season, seed origin effects were investigated on survival, collar diameter, seedling height, leaf length, leaf width, leaf shape and leaf area. The strongest and weakest seedlings on the different origins were also specified based on the studied characteristics. Results indicated that the variations among the populations were statistically significant. The seedlings originated from the mother plants of Chamestan and Khorram-Chamaz were in better conditions than the seedlings of other locations. Moreover, difference between the mother plants of each location was also significant at 1% level of probability, based on the most of the recorded characters that indicated suitable variation within all populations. PCA analysis reveals that collar diameter, seedling height, leaf length, leaf width, and leaf area described 70% of the variance. Cluster analysis classified the genotypes into six groups.

**Key words:** Genetic variation, Mother plant, *Quercus castaneifolia*, Seed origin, Seedling characters.