

## ساختار ژنتیکی جمعیتی از بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.) بر مبنای ویژگی‌های نونهالی در نتاج

حسین میرزایی ندوشن<sup>۱\*</sup>، جعفر حسین‌زاده<sup>۲</sup>، شهین مهرپور<sup>۳</sup>، پریسا پناهی<sup>۴</sup> و داریوش مهدیفر<sup>۵</sup>

۱- نویسنده مسئول مکاتبات، استاد پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران

پست الکترونیک: Nodoushan2003@yahoo.com

۲- دانشیار، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان ایلام، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ایلام

۳- استادیار، دانشگاه آزاد قم

۴- دانشیار، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران

۵- کارشناس ارشد، مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، لرستان

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۴/۱۷ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۷/۰۲

### چکیده

بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl.) گونه‌ای جنگلی است با عمر نسبتاً طولانی که از نظر اقتصادی، اجتماعی و زیست‌محیطی در کشور ما اهمیت ویژه‌ای دارد. مجموعه عوامل انسانی و غیر انسانی سبب شده است که برخی از جوامع گیاهی این گونه در بعضی از رویشگاه‌های خود در معرض خشکیدگی و فرسایش ژنتیکی شدید قرارگیرند. از این رو ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی این جوامع می‌تواند هدایتگر فعالیت‌های جنگل‌داران و محققان باشد. این پژوهش با هدف ارزیابی تنوع و توانمندی ژنتیکی جمعیتی از گونه بلوط ایرانی واقع در استان لرستان بر اساس ویژگی‌های نونهالی اجرا شد. ابتدا به‌طور تصادفی از ۱۲ پایه بالغ که بذریک تولید کرده بودند بذریک‌گیری شد و به‌منظور آزمون نتاج و ارزیابی پایه‌های بذریک‌گیری شده، بذرها به‌عنوان ۱۲ فامیل تنی و ناتنی در قالب طرح آماری بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کاشته شدند. با استفاده از مدل و روابط طرح آمیزشی آشیانه‌ای، آماره‌های بیومتریکی به آماره‌های ژنتیکی تبدیل شده و اجزاء واریانس و وراثت‌پذیری صفات ارتفاع نهال، تعداد برگ، طول و عرض برگ و قطر یقه تخمین زده شد. فامیل‌ها بین ۶ تا ۹۲ درصد استقرار نشان دادند. تجزیه واریانس نشان داد که از نظر همه ویژگی‌های مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری بین درختان مادری وجود داشت. بخش عمده‌ای از واریانس حاصل متعلق به بین فامیل‌های مورد مطالعه بود که به‌سبب آن وراثت‌پذیری صفات بین ۵۷٪ در قطر یقه تا ۹۵٪ در طول برگ نهال‌ها متغیر بود. جامعه گیاهی مورد مطالعه قابلیت استفاده در انتخاب پایه مناسب برای تشکیل باغ‌بذر و نیز اجرای برنامه‌های اصلاحی را به‌خوبی از خود نشان داد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، ساختار ژنتیکی، بلوط ایرانی، ویژگی‌های نونهالی

### مقدمه

از جنگلهای زاگرس در مناطق شمال‌غرب تا جنوب‌غرب ایران حضور دارد. گونه‌های مختلف بلوط از جمله بلوط ایرانی از نظر اقتصادی، اجتماعی و زیست‌محیطی اهمیت

بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl) با بیش از ۵۵۰۰ سال قدمت (Purhashemi et al., 2004) در بسیاری

تنوع ژنتیکی کافی است که پایداری جوامع گیاهی به ویژه جوامع گیاهی جنگلی را تأمین می‌کند (Zeihe & Müller- Stark, 1991). گونه‌های جنگلی به دلیل عمر نسبتاً طولانی که دارند در طی سال‌ها و دوره‌های مختلف در معرض تنش‌های مختلف محیطی از جمله خشکی و خشکسالی، گرما و سرما و آفات و امراض مختلف قرار می‌گیرند که باید تاب تحمل همه این تنش‌ها را داشته باشند. در غیر این صورت یا دوره زندگی آنها کوتاه خواهد شد یا عرصه گسترش آنها کاهش خواهد یافت و فقط محدود به نقاطی خواهند شد که تنش‌های کمتری در آنها وجود دارد. گونه‌های مختلف بلوط در کشور ما عرصه‌های وسیع و متنوعی را به خود اختصاص داده‌اند که حکایت از تحمل زیاد آنها به تنش‌های گوناگون محیطی دارد. با این حال مجموعه تنش‌هایی که طی چندین سال اخیر در برخی نقاط به گونه‌های گیاهی کشور از جمله بلوط وارد شد از آستانه تحمل گونه‌هایی از درختان جنگلی کشور گذشته است. به طوری که منجر به خشکیدگی درصدی از این درختان در نقاطی از کشور گردید. اتفاقی که در جوامع بلوط گاهی به آن زوال بلوط لقب داده شد. حداقل اثراتی که این پدیده بر جوامع بلوط خواهد گذاشت کاهش تنوع ژنتیکی این گونه‌ها و از دست رفتن بخشی از ظرفیت‌های موجود در آنها است که در مواردی، دیگر قابل تجدید نخواهد بود. البته در سایر نقاط جهان نیز زوال بلوط و از دست رفتن تنوع ژنتیکی در بسیاری از گونه‌های این جنس مورد توجه و هشدار برخی از محققان قرار گرفته است (Sonesson & Drobyshev, 2010; Ahmadi et al., 2014).

در زمینه شیوه مطالعه جمعیت‌های گیاهی از گونه‌های دگرگشن جنگلی لازم به ذکر است که با توجه به دگرگشن بودن بلوط، نهال‌های حاصل از بذرهای جمع‌آوری شده از هر درخت به منزله خواهر و برادران ناتنی یا هاف‌سیب (Half-sib) قلمداد می‌شوند که قابلیت استفاده در طرح‌های آزمایشی موسوم به آزمون نتاج و مطالعات ساختار ژنتیکی جمعیتی را دارند. به نحوی که با استفاده از واریانس حاصل از میانگین فامیل‌های مورد مطالعه که از یک جمعیت گرفته

ویژه‌ای دارند. این گونه‌ها به دلیل دگرگشنی شدیدی که دارند از تنوع درون و بین گونه‌ای زیادی برخوردارند و در بسیاری از مناطق رویشگاهی خود در سایر کشورها نیز منشأ تنوع ژنتیکی زیادی هستند (Hawn et al., 1999; Hokanson et al., 1993). علاوه بر این جنگل‌های بلوط در حفظ تنوع و ترکیب گونه‌ای و نیز حاصلخیزی خاک در اراضی تحت پوشش خود نقش ویژه‌ای ایفا می‌کنند. گفته می‌شود نقش این گونه‌ها در پایداری جنگل‌های تحت پوشش یک نقش کلیدی است، به طوری که بدون حضور آنها اکوسیستم به سرعت پس‌روی می‌کند (Chaubey, 2012; Lorite et al., 2008). با این حال رشد سریع جمعیت انسانی در محدوده جنگل‌های بلوط و افزایش نیاز سرانه به فراورده‌های چوبی و بسیاری از دلایل دیگر موجب استفاده‌های غیر پایدار از این منابع ارزشمند شده است. آثار منفی این اقدامات وقتی به آثار مخرب تغییر اقلیم و خشکسالی‌های طولانی مدت و نیز پدیده‌هایی مانند افزایش ریزگردها، آتش‌سوزی، چرای دام و کشت زیراشکوب این گونه‌های جنگلی افزوده می‌شود چیزی جز تخریب، پس‌روی و کاهش تنوع ژنتیکی این گونه‌های ارزشمند را در پی ندارد (Mirzaie-Nodoushan, 2015). از این رو ارزیابی تنوع و ساختار ژنتیکی جوامع گیاهی بلوط می‌تواند هدایتگر فعالیت‌های جنگل‌داران و به‌نژادگران گونه‌های جنگلی باشد. اگرچه ارزیابی‌هایی که در سطح مولکولی و کاربوتیپی در برخی از گونه‌های بلوط در کشور انجام شده است حکایت از وجود تنوع ژنتیکی کافی در این گونه‌های جنگلی با ارزش است (Alikhani et al., 2014; Tabandeh et al., 2012a; 2012b). ولی ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مختلف این گونه‌ها که می‌تواند علاوه بر ارزیابی تنوع ژنتیکی آنها، ظرفیت‌های قابل استفاده جمعیت‌های مورد مطالعه را نیز ارزیابی کند کمتر مورد توجه قرار گرفته است. در حالی که دانش کافی در زمینه میزان تنوع ژنتیکی در بین جمعیت‌های مختلف گیاهی بلوط و نیز ساختار ژنتیکی تنوع در درون جمعیت‌ها لازمه حفاظت از اکوسیستم‌های جنگلی و مدیریت آنهاست (Redkina et al., 2008). اساساً وجود

استان لرستان قرار دارد از نظر ویژگی‌های نونهالی اجرا شد تا ضمن شناخت بهتر ظرفیت‌های ژنتیکی گونه مذکور از رویشگاه مورد نظر، پایه‌هایی که نسبت به سایر پایه‌ها برتری قابل توجهی دارند نیز شناسایی شوند تا در پروژه‌های اصلاحی آینده از جمله تشکیل باغ بذر این گونه ارزشمند به‌کار گرفته شوند. لازم به‌ذکر است که در مطالعه ساختار ژنتیکی جوامع گیاهی، ضمن اندازه‌گیری میزان تنوع ژنتیکی، اجزاء واریانس هم به تناسب نوع طرح آمیزشی مورد استفاده از هم تفکیک می‌شوند. از این‌رو با توجه به استفاده از ترکیب فول سیبها و هاف سیبها یا خواهر و برادران تنی و ناتنی در این مطالعه، واریانس افزایشی از واریانس کل قابل تفکیک بوده و با استفاده از آن وراثت‌پذیری نیز قابل تخمین می‌باشد.

### مواد و روش‌ها

برای انجام این تحقیق ابتدا یکی از جوامع بلوط، که در منطقه مله‌شبانان واقع در استان لرستان قرار گرفته و از سلامتی نسبی مناسبی برخوردار بود انتخاب شده و به‌طور تصادفی از ۱۲ پایه بالغ بلوط ایرانی که بذر کافی تولید کرده بودند و فاصله‌ای بیش از ۲۰۰ متر از هم داشتند در هفته اول آبان‌ماه بذرگیری شد. رویشگاه انتخابی مله‌شبانان با موقعیت جغرافیایی  $31^{\circ}07'$  طول شرقی و  $48^{\circ}10'40''$  عرض شمالی و در ۲۰ کیلومتری غرب شهرستان خرم‌آباد در مسیر جاده خرم‌آباد به کوه‌دشت واقع شده است (شکل ۱). براساس جدیدترین آمار اقلیمی ایستگاه هواشناسی خرم‌آباد (۱۳۹۳-۱۳۶۴)، بارش سالانه این منطقه ۴۷۴ میلی‌متر و دمای متوسط ماهانه آن ۱۶/۷ درجه سلسیوس است.

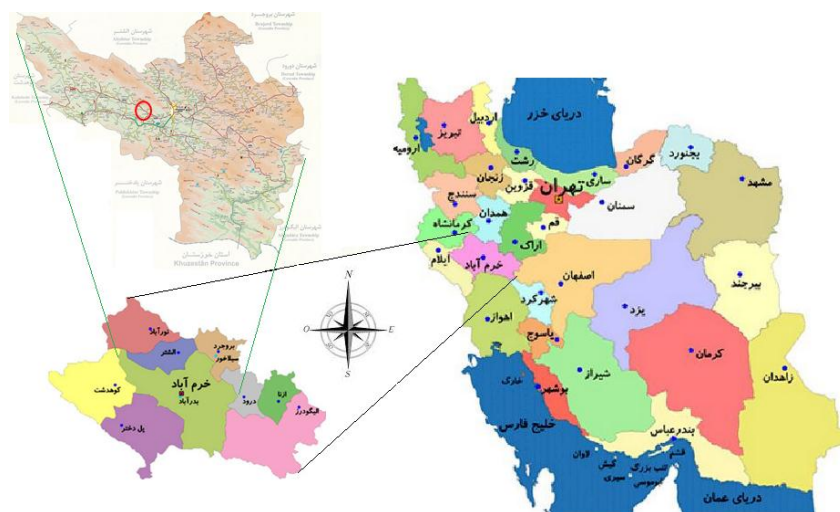
به‌منظور انجام آزمون نتاج و ارزیابی پایه‌های بذرگیری شده از نظر قدرت استقرار و تعدادی از ویژگی‌های نونهالی در نتاج، بذره‌ای جمع‌آوری شده در هفته دوم آبان‌ماه در قالب یک طرح آماری مزرعه‌ای بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور به‌طور مستقیم در خاک کاشته شد. به‌نحوی که هر واحد آزمایشی

شده‌اند می‌توان واریانس افزایشی موجود در آن جمعیت را تخمین زد. این نوع واریانس تعیین‌کننده ظرفیت ژنتیکی موجود در جمعیت‌های گیاهی مورد مطالعه در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی به‌ویژه برنامه‌های مبتنی بر گزینش و تشکیل مخزن ژنی جدید با عناوینی مانند باغ بذر و نظایر اینهاست. البته در گونه‌های درختی جنگلی که فاصله بین درختان زیاد است بیشتر بذری که روی یک درخت تشکیل می‌شود حاصل تلاقی بین دو یا چند درخت مجاور است که حاصل آن فول‌سیب (Full-sib) یا خواهر و برادر تنی بودن بیشتر نهال‌های حاصل از یک درخت خواهد بود. از این‌رو نهال‌های حاصل از یک درخت جنگلی مانند بلوط، ترکیبی از تنی‌ها و ناتنی‌هاست که نسبت این دو را عواملی مانند فاصله بین درختان، تراکم جنگل مربوطه و شدت جریان باد در زمان انجام تلاقی‌ها تعیین می‌کند. البته باید اشاره کرد که بسیاری از مشخصه‌های دموگرافیک در جوامع گیاهی از جمله شیوه تولید مثل، متوسط سن درختان، اندازه جمعیت و شیوه نمونه‌گیری از جامعه گیاهی در تعیین قابلیت‌های یک جامعه گیاهی نقش تعیین‌کننده‌ای دارند (Mirzaie-Nodoushan, 2015). به‌طوری‌که با کوچک شدن جوامع گیاهی، که در اثر عوامل طبیعی یا غیر طبیعی اتفاق می‌افتد، ناگزیر توانمندی ژنتیکی آنها نیز محدود خواهد شد. بنابراین باید تأکید کرد که برای استفاده از طرح آمیزشی آشیانه‌ای برای انجام مطالعات ساختار ژنتیکی فرضیاتی حاکم است که باید رعایت شود تا بتوان از پایه‌های بذرگیری شده به‌عنوان نماینده‌های یک جامعه مندلی در مطالعات ژنتیکی جمعیت استفاده کرد. یکی از این فرضیات این است که والدین منتخب باید از یک منشأ ژنتیکی برخوردار باشند. به‌عبارت دیگر از یک جامعه بزرگ گیاهی که دارای تلاقی‌های تصادفی با یکدیگر هستند و شانس برابر در تلاقی با یکدیگر و همین‌طور خودگشنی دارند گرفته شده باشند. در ضمن اطلاعات و آماره‌های ژنتیکی حاصل از محاسبات فقط قابل تعمیم به‌همان جامعه گیاهی می‌باشد.

این تحقیق با هدف ارزیابی تنوع و توانمندی و ساختار ژنتیکی جمعیتی از گونه بلوط ایرانی که در رویشگاهی در

این شرح مورد اندازه‌گیری قرار گرفتند: ارتفاع هر نهال از سطح خاک تا جوانه انتهایی اندازه‌گیری شد. تعداد برگ هر نهال شمارش شد. از هر نهال طول و عرض ۵ برگ که نماینده مناسبی از برگ‌های آن نهال بودند اندازه‌گیری و میانگین آنها گزارش شد. قطر تنه هر نهال در یک سانتی‌متری از سطح خاک نیز گزارش شد. درصد نهال‌های سبز شده و باقی‌مانده تا زمان اندازه‌گیری‌ها نسبت به تعداد بذر کاشته شده به‌عنوان درصد زنده‌مانی گزارش شد.

در هر تکرار حداقل ۱۰ نهال برای مطالعات مورد نظر و در مجموع آزمایش از هر درخت مادری حداقل ۳۰ نهال باقی‌مانده تا بتوان با استفاده از مدل و روابط طرح آمیزشی آشیانه‌ای (Nested) آماره‌های بیومتریکی را به آماره‌های ژنتیکی تبدیل کرد. البته به دلیل حاصلخیزی مناسب زمین از هیچ‌گونه کودی برای تقویت آن استفاده نشد. ارزیابی صفات در انتهای فصل رویش در اواخر مهرماه انجام شد. در اندازه‌گیری صفات، ده نهال از هر واحد آزمایشی به



شکل ۱- موقعیت رویشگاه بلوط مورد مطالعه در استان لرستان، شهرستان خرم‌آباد (جنگل مله‌شبانان بر روی شکل با دایره مشخص شده است).

استفاده از این روش‌ها در مطالعه جمعیت‌های گیاهی جنگلی، ارزیابی توانمندی ژنتیکی آنها و سنجش قابلیت این جمعیت‌ها در به‌کارگیری آنها در برنامه‌های اصلاحی و نیز تشکیل باغ بذر آنهاست. از این نظر هم تفاوت‌های زیادی در بین توده‌های مختلف این گونه‌ها مشاهده شده است. با مراقبت‌های لازم به‌ویژه در اوایل جوانه‌زنی و شروع رشد رویشی نهال‌های جوان تفاوت‌های موجود بین نهال‌های تولید شده از هر فامیل ناتنی مشخص شد. در انتهای فصل رویش با توجه به اینکه نتاج هر درخت با نتاج سایر درختان متفاوت بود اطلاعات حاصل به‌صورت آشیانه‌ای (Nested) تجزیه و تحلیل شدند، به‌نحوی که واریانس حاصل از عامل نتاج در جدول

مدل آماری طرح مورد استفاده در این تحقیق به‌شرح زیر است:

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

در مدل فوق  $Y_{ijl}$  ارزش فنوتیپی متغیر مورد نظر در  $l$ مین نتاج از پایه مادری  $i$ ام در تکرار  $j$ ام،  $\mu$  میانگین کل،  $\alpha_i$  اثر پایه مادری،  $\beta_j$  اثر بلوک،  $\rho_{l(i)}$  اثر نتاج آشیانه شده در پایه مادری،  $\alpha_i\beta_j$  اثر متقابل بلوک در پایه مادری و  $\varepsilon_{ijl}$  خطای باقیمانده مدل می‌باشد.

از این روش تاکنون در مطالعه توانمندی ژنتیکی و نیز ساختار ژنتیکی جمعیت‌های مختلف از گونه‌های متعدد جنگلی در کشور نیز استفاده شده است (Espahbodi et al., 2008; Tabandeh et al., 2012a; از ویژگی‌های بارز

می‌شوند. از آنجا که واریانس بین فامیل‌های فول‌سیب یا تنی‌ها شامل یک‌دوم واریانس افزایشی و واریانس بین فامیل‌های هاف‌سیب یا ناتنی‌ها شامل یک‌چهارم واریانس افزایشی است، بنابراین توصیه شده است که صورت کسر وراثت‌پذیری معادل سه برابر واریانس ژنتیکی بین فامیل‌ها محاسبه شود. از این‌رو از رابطه زیر که اجزاء آن شرح داده شد، برای محاسبه وراثت‌پذیری استفاده شد:

$$h_n^2 = \frac{3\sigma_f^2}{\sigma_e^2 + \sigma_w^2 + \sigma_f^2}$$

پس از تأیید نرمال بودن داده‌ها، از رویه GLM در نرم‌افزار SAS برای تجزیه و تحلیل آماری استفاده شد. همه اجزاء مدل از جمله اثرات تکرار، والد مادری و نتاج آشیانه شده در والد مادری تصادفی قلمداد شد. بر اساس مدل طرح آشیانه‌ای، از اثر نتاج آشیانه شده در پایه‌های مادری در آزمون مقایسه پایه‌های مادری استفاده شد. در دسته‌بندی میانگین‌های والدین مادری به‌روش دانکن هم از اثر نتاج آشیانه شده در پایه‌های مادری به‌عنوان خطا استفاده شد. در جدول ۱  $\sigma_e^2$  جزء خطای مدل،  $\sigma_{Pro}^2$  جزء نتاج آشیانه شده در والد مادری،  $\sigma_{Tre}^2$  جزء والد مادری،  $\sigma_{Rep*Tre}^2$  اثر متقابل تکرار در والد مادری و  $\sigma_{Rep}^2$  اثر بلوک است. همینطور  $k \times r$  و  $n$  به ترتیب تعداد تکرار، تعداد والد مادری و تعداد نتاج از هر والد مادری در هر تکرار است.

### نتایج

نتایج حاصل از درصد سبز شدن و استقرار نتاج فامیل‌های ناتنی مورد مطالعه نشان داد که از این نظر اختلاف معنی‌داری بین فامیل‌ها وجود داشت، به طوری که فامیل‌ها بین ۶ تا ۹۲ درصد استقرار نشان دادند (جدول ۲). این تفاوت استقرار در تکرارهای مختلف هم به خوبی

تجزیه واریانس به‌عنوان خطای آزمایشی برای سنجش و مقایسه پایه‌های مادری از یکدیگر استفاده شد (Mirzaie-Nodoushan *et al.*, 2012). همه اثرات موجود در جدول تجزیه واریانس تصادفی قلمداد شده و با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌ها (جدول ۱)، اجزاء واریانس تخمین زده شدند. رابطه زیر معمولاً برای محاسبه وراثت‌پذیری صفات با استفاده از هاف‌سیب‌های مستخرج از جوامع دگرگشن گیاهی استفاده می‌شود (Sebbenn *et al.*, 2003):

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

در رابطه فوق  $h_n^2$  وراثت‌پذیری خصوصی و  $\sigma_f^2$  واریانس ژنتیکی بین فامیل‌های ناتنی است که حاصل از بذرگیری از تک‌درختان به صورت مجزا است و برابر است با کواریانس درون فامیل‌های ناتنی و در تخمین برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی ( $\sigma_A^2$ ) مورد استفاده قرار می‌گیرد. به عبارت دیگر  $\sigma_A^2 = 4\sigma_f^2$ . مقادیر  $\sigma_e^2$  و  $\sigma_w^2$  به ترتیب واریانس درون فامیل‌ها و خطاست. لازم به توضیح است با توجه به اینکه بلوط ایرانی دگرگشن بوده و گرده‌افشانی در آن باز می‌باشد، نهال‌های حاصل از بذر یک درخت مادری هاف‌سیب یا خواهر و برادر ناتنی قلمداد شده و واریانس افزایشی در آنها معادل چهار برابر جزء واریانس بین فامیل‌هاست (Falconer & Mackay, 1996). ولی در گونه‌های جنگلی به دلیل فاصله درختان از یکدیگر شانسی تلاقی درختان نزدیک به هم بیشتر است. از این‌رو احتمال تشکیل بیشتر بذرها روی یک درخت از تلاقی با درختان مجاور بیشتر است. به همین دلیل درصد زیادی از بذرهایی که روی یک درخت تشکیل می‌شود حاصل تلاقی بین دو پایه مجاور است که فول‌سیب و بقیه هاف‌سیب قلمداد

شد (جدول ۴). به عبارت دیگر دامنه اختلاف از ۱۰/۹ سانتی متر بین میانگین فامیل‌ها به ۴۹ سانتی متر در درون فامیل‌ها افزایش یافت. دلیل این اختلاف هم قابلیت‌های متفاوت تک‌درختان جنگلی در ویژگی‌های رویشی و حتی انتقال آن به نتاج و نسل آینده است. به همین تناسب در سایر صفات مورد مطالعه هم دامنه تنوع در درون فامیل‌ها به مراتب بیشتر از دامنه تنوع در بین فامیل‌هاست (جدول‌های ۳ و ۴). این اختلاف از نظر تعداد برگ هم قابل توجه است. به نحوی که در برخی از نهالها در آخر فصل رویش تنها ۳ برگ و در برخی دیگر تا ۳۲ برگ هم مشاهده شد. این دو نهال به ترتیب از دو فامیل شماره ۴ و ۱ بودند که از نظر میانگین فامیل در صفاتی مانند تعداد برگ و ارتفاع نهال و درصد زنده‌مانی در دو دسته دو طرف دامنه تنوع قرار داشتند.

نتایج حاصل از تفکیک اجزاء واریانس در جدول شماره ۵ ارائه شده است. با تفکیک اجزاء بیومتریکی واریانس حاصل از تجزیه واریانس به اجزاء ژنتیکی، منابع تغییرات درون جمعیت گیاهی مورد مطالعه از نظر این صفات مشخص گردیدند. از نظر ارتفاع نهال بیشتر تنوع موجود در درون فامیل‌ها مشاهده شد (۶۹٪). با این حال وراثت‌پذیری این صفت قابل توجه بود (۷۵٪). به طوری که توزیع اجزاء واریانس در بین فامیل‌ها و درون آنها در سایر صفات متوازن‌تر بود، به نحوی که وراثت‌پذیری آنها نیز افزایش یافت (جدول ۵).

ضریب همبستگی کلیه ترکیبات دوگانه صفات (جدول ۶) حکایت از همبستگی بالای بیشتر صفات مورد مطالعه با یکدیگر داشت. به طوری که به عنوان نمونه ارتفاع نهال و طول برگ با سایر صفات مورد مطالعه در سطح یک درصد همبستگی نشان دادند. بر اساس این داده‌ها، در مرحله نونهالی عرض برگ با تعداد برگ همبستگی نشان نداد.

خود را نشان داد. به عبارت دیگر از یکی از فامیل‌های ناتنی مورد مطالعه (نتاج حاصل از درخت مادری شماره ۴) تنها ۶ درصد از نتاج استقرار پیدا کردند. در حالی که این مقدار در نتاج والد مادری شماره ۱ به ۹۲ درصد رسید. علاوه بر تفاوت از نظر قدرت استقرار نتاج که اهمیت زیادی در انتخاب پایه‌های مادری دارد، تجزیه واریانس بر اساس مدل آشیانه‌ای نشان داد که درختان مادری از نظر همه ویژگی‌های مورد مطالعه از جمله ارتفاع نهال، تعداد برگ، طول و عرض برگ و قطر یقه در اواخر مه‌ماه تفاوت معنی‌داری داشتند (جدول ۲). این تفاوت بین نتاج حاصل از ۱۲ پایه مادری یا ۱۲ فامیل تنی و ناتنی، میانگین‌های به دست آمده از این فامیل‌ها را در دسته‌های مختلفی قرار داد که با توجه به دامنه تنوع در صفات تعداد دسته‌ها و همپوشانی آنها متفاوت بود (جدول ۳). از نظر ارتفاع نهال فامیل شماره ۱ به اندازه‌ای متفاوت بود که از این نظر در یک دسته جداگانه و بقیه فامیل‌ها در دسته دوم قرار گرفتند (۱۵/۱ سانتی متر در فامیل شماره ۱ در مقابل ۴/۲ سانتی متر در فامیل شماره ۴). دامنه اختلاف بین میانگین‌های فامیل‌های مورد مطالعه از نظر این صفت ۱۰/۹ سانتی متر بود. با این حال از نظر تعداد برگ، فامیل‌ها در سه دسته مختلف قرار گرفتند که فامیل‌های شماره ۱، ۲ و ۱۰ در دسته اول و سایر فامیل‌ها در دو دسته بعدی قرار گرفتند که در مواردی همپوشانی هم نشان دادند. البته تفاوت بین فامیل‌ها از نظر صفت طول برگ متنوع‌تر بود. در همه صفات مطالعه شده فامیل شماره ۱ در دسته اول قرار داشت و برتری غیر قابل انکاری از خود نشان داد. لازم به توضیح است که اختلاف بین تک نهال‌ها در درون فامیل‌ها از نظر صفات مورد مطالعه وسیع‌تر از اختلاف بین فامیل‌هاست. به طوری که از نظر ارتفاع، نهال‌هایی با ارتفاع ۲ و ۵۱ سانتی متر هم در درون فامیل‌ها مشاهده

جدول ۱- امید ریاضی میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات مربوط به **k** والد مادری با **n** نتاج در هریک از **r** تکرار یک طرح آزمایشی بلوک‌های کامل تصادفی

منابع تغییر	امید ریاضی میانگین مربعات (EMS)
تکرار	$\sigma_e^2 + n\sigma_{Rep*Tre}^2 + kn\sigma_{Rep}^2$
والد مادری	$\sigma_e^2 + n\sigma_{Rep*Tre}^2 + r\sigma_{Pro}^2 + rn\sigma_{Tre}^2$
نتاج در والد مادری	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Pro}^2$
اثر متقابل تکرار در والد مادری	$\sigma_e^2 + n\sigma_{Rep*Tre}^2$
خطای مدل	$\sigma_e^2$

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس صفات مربوط به نتاج یکساله از ۱۲ فامیل ناتنی مورد مطالعه از جامعه‌ای از بلوط ایرانی مستقر در لرستان

منابع تغییر	درجه آزادی	ارتفاع نهال	تعداد برگ	طول برگ	عرض برگ	قطر یقه
تکرار	۲	۲/۹۰ <sup>NS</sup>	۱۳/۴ <sup>**</sup>	۰/۴۰ <sup>NS</sup>	۰/۵۸ <sup>NS</sup>	۰/۰۸ <sup>NS</sup>
والد مادری	۱۱	۲۲۰/۲۹ <sup>**</sup>	۱۳۹/۶۳ <sup>**</sup>	۶/۷۱ <sup>**</sup>	۲/۴۸ <sup>**</sup>	۳/۹۱ <sup>**</sup>
نتاج در والد مادری	۱۰۲	۴۹/۹۹ <sup>**</sup>	۱۶/۶۲ <sup>**</sup>	۰/۶۰ <sup>*</sup>	۰/۱۷ <sup>NS</sup>	۰/۸۱ <sup>**</sup>
والد مادری * تکرار	۲۲	۴/۵۰ <sup>**</sup>	۱۵/۴۰ <sup>**</sup>	۰/۵۹ <sup>*</sup>	۰/۰۹ <sup>NS</sup>	۰/۵۴ <sup>**</sup>
خطای باقیمانده مدل	۲۰۱	۱/۷۰	۲/۷۹	۰/۳۴	۰/۲۵	۰/۱۶

\*\* و \*: به مفهوم معنی‌دار در سطح ۱ و ۵ درصد و NS به مفهوم غیر معنی‌دار است.

جدول ۳- میانگین ویژگی‌های مورفولوژیک مورد مطالعه در نتاج یکساله از ۱۲ فامیل تنی و ناتنی حاصل از درختان مادری آزمون نتاج شده از یک جامعه بلوط ایرانی مستقر در لرستان

صفات والدین	ارتفاع نهال (cm)	تعداد برگ	طول برگ (cm)	عرض برگ (cm)	قطر یقه (mm)	زنده‌مانی (%)
۱	۱۵/۱	۱۲/۰۰	۵/۲۳	۳/۰۲	۳/۳	۹۲
۲	۸/۹	۱۱/۶۰	۳/۶۳	۳/۰۰	۲/۸	۶۸
۳	۷/۵	۸/۹۳	۴/۴۵	۳/۱۳	۲/۶	۶۵
۴	۴/۲	۵/۸۹	۳/۵۶	۲/۵۶	۲/۲	۶
۵	۸/۶	۸/۸۷	۳/۸۸	۲/۸۳	۲/۹	۸۵
۶	۶/۴	۶/۷۷	۴/۶۲	۳/۰۲	۲/۷	۷۴
۷	۵/۶	۷/۰۰	۳/۸۸	۲/۸۰	۲/۴	۸۳
۸	۴/۵	۵/۷۰	۳/۵۳	۲/۲۸	۱/۹	۷۵
۹	۶/۲	۷/۵۷	۴/۲۵	۲/۹۰	۲/۴	۷۵
۱۰	۸/۵	۱۱/۸۷	۳/۹۰	۲/۲۵	۲/۹	۷۸
۱۱	۸/۱	۸/۵۳	۳/۹۵	۲/۵۷	۳/۰	۳۰
۱۲	۶/۲	۷/۳۳	۴/۱۲	۲/۹۰	۲/۶	۶۵

\*: میانگین صفاتی که بین درختان مادری دارای حروف مشترک هستند از نظر آماری اختلاف معنی‌داری نداشته و در یک دسته قرار می‌گیرند.

جدول ۴- میانگین عمومی و دامنه صفات بین نتاج در درون فامیل‌های مطالعه شده بلوط ایرانی

صفت	خطای معیار	میانگین کل	حداقل	حداکثر
ارتفاع نهال (cm)	±۴/۸۷	۷/۶۸	۲/۰	۵۱/۰
طول برگ (cm)	±۰/۸۲	۴/۱۱	۲/۵	۸/۰
عرض برگ (cm)	±۰/۵۴	۲/۷۸	۱/۵	۴/۰
تعداد برگ	±۳/۴۹	۸/۶۷	۳/۰	۳۲/۰
قطر یقه (mm)	±۰/۷۱	۲/۶۷	۱/۳	۶/۰

جدول ۵- اجزاء واریانس حاصل از تفکیک اجزاء بیومتریکی واریانس به اجزاء ژنتیکی با استفاده از مدل آشیانه‌ای (مقادیر داخل پرانتز درصد از کل اجزاء واریانس را نشان می‌دهد).

صفت	اجزاء واریانس					وراثت پذیری
	پایه‌های مادری	نتاج در پایه مادری	تکرار	پایه مادری در تکرار	خطا	
ارتفاع نهال	۶/۰۷ (٪۲۶)	۱۶/۲۶ (٪۶۹)	۰/۰۱ (>٪۱)	۰/۳۰ (٪۱)	۱/۰۷ (٪۵)	۰/۷۵
طول برگ	۰/۲۱ (٪۳۱)	۰/۰۹ (٪۱۳)	۰/۰۱ (٪۲)	۰/۰۳ (٪۴)	۰/۳۴ (٪۵۰)	۰/۹۵
عرض برگ	۰/۰۹ (٪۲۶)	۰/۰۰ (٪۰)	۰/۰۱ (٪۳)	۰/۰۰ (٪۰)	۰/۲۵ (٪۷۱)	۰/۸۹
تعداد برگ	۳/۹۸ (٪۳۱)	۴/۶۶ (٪۳۶)	۰/۰۰ (٪۰)	۱/۳۵ (٪۱۱)	۲/۷۹ (٪۲۲)	۰/۹۳
قطر یقه	۰/۱۰ (٪۱۹)	۰/۲۲ (٪۴۲)	۰/۰۰ (٪۰)	۰/۰۴ (٪۸)	۰/۱۶ (٪۳۱)	۰/۵۷

جدول ۶- ضرایب همبستگی دوگانه همه ترکیبات دوگانه صفات مورد مطالعه در نتاج یکساله بلوط ایرانی

صفت	ارتفاع نهال	طول برگ	عرض برگ	تعداد برگ	قطر یقه
ارتفاع نهال	۱/۰۰				
طول برگ	۰/۴۲**	۱/۰۰			
عرض برگ	۰/۱۶**	۰/۵۰**	۱/۰۰		
تعداد برگ	۰/۷۱**	۰/۱۹**	۰/۰۷ <sup>ns</sup>	۱/۰۰	
قطر یقه	۰/۶۸**	۰/۳۱**	۰/۱۶**	۰/۵۹**	۱/۰۰

\*\* به مفهوم معنی‌دار در سطح ۱ درصد و ns به مفهوم غیر معنی‌دار است.

### بحث و نتیجه‌گیری

از جمله تشکیل مخازن ژنی برتر قابل استفاده است. از آنجا که بلوط یک گونه دگرگشن است انتظار وجود تنوع ژنتیکی در درون و بین جمعیت‌های مختلف آن وجود دارد. این تنوع، کم و بیش در مطالعات سایر محققان بر روی گونه‌های

اختلاف معنی‌دار پایه‌های مادری حکایت از وجود تنوع کافی در درون جمعیت مورد مطالعه دارد که بخشی از این تنوع باید تنوع ژنتیکی و در برنامه‌های اصلاحی و ژنتیکی،



در یک فامیل ۶ درصد و در فامیلی دیگر ۹۲ درصد زنده‌مانی مشاهده شد که به دلیل آن بذرگیری تصادفی از درختان بالغ بلوط برای تولید نهال را باید امری غیر منطقی قلمداد کرد. لازم به توضیح است که درختان جنگلی عموماً سال‌های طولانی را باید در عرصه جنگلی بمانند و علاوه بر احتمال مواجه شدن با تنش‌های مختلف محیطی رشد متفاوتی را در ازای دریافت منابع محیطی برابر از خود نشان می‌دهند. بنابراین لازم است در انتخاب درختان منشأ بذر برای تولید نهال ابتدا ارزیابی لازم به صورت آزمون نتایج انجام بشود و بعد به بذرگیری از درختان منتخب اقدام شود. دامنه ۴/۲ تا ۱۵/۱ سانتی‌متری ارتفاع نهال در میانگین فامیل‌ها در سال اول (جدول ۳) به مفهوم ۷۲ درصد اختلاف میانگین ضعیف‌ترین فامیل نسبت به قوی‌ترین فامیل است. این اختلاف وقتی در درون فامیل‌های مورد مطالعه محاسبه شود (۲ در مقابل ۵۱ سانتی‌متر، جدول ۴) اختلاف بین ضعیف‌ترین و قوی‌ترین نتایج در درون فامیل‌ها به بیش از ۹۶٪ خواهد رسید. از نظر سایر صفات هم اختلاف‌های گسترده‌ای بین میانگین‌های نتایج فامیل‌های مطالعه شده مشاهده شد که بیانگر ضرورت بهره‌گیری از توانمندی موجود در درون این جوامع در ایجاد مخازن ژنی غنی‌تر برای تولید نهال و احیاء جنگل‌های مخروطی می‌باشد.

وراثت‌پذیری صفات هم در جمعیت مورد مطالعه بالا بود که به معنی توانمندی بالای این جمعیت گیاهی در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی از نظر ویژگی‌های رویشی مورد مطالعه است. لازم به ذکر است با توجه به اینکه تخمین وراثت‌پذیری بر مبنای فامیل‌های تنی و ناتنی انجام شد، در صورتی که میزان خودگشنی در این جمعیت بیش از مقدار تصادفی در گونه بلوط باشد سبب تولید فامیل‌های نزدیکتر از خواهر و برادرهای تنی و ناتنی می‌شود که به نوبه خود موجب اریبی تخمین‌های وراثت‌پذیری و به عبارتی تخمین بیش از مقدار واقعی آنها خواهد شد. البته عوامل و دلایل دیگری از جمله میزان لینکاژ بین ژنی و اثرات متقابل غیر آلیلی یا ایپستازی نیز در میزان وراثت‌پذیری مؤثر هستند (Falconer & Mackey, 1996). با این حال مقادیر بالای وراثت‌پذیری

مختلف بلوط هم گزارش شده است (Tabandeh *et al.*, 2009; 2012a; Alvaninejad *et al.*, 2009; Zolfaghari *et al.*, 2009). وجود این مقدار تنوع ژنتیکی در یک جمعیت گیاهی نه تنها از قابلیت بالای آن در استفاده در برنامه‌های اصلاحی حکایت دارد بلکه از این جهت نیز نویدبخش است که در صورت بروز تنش‌های ناخواسته محیطی، این جامعه گیاهی قدرت مقابله با تنش را خواهد داشت. به عبارت دیگر قدرت بافری این جامعه گیاهی زیاد است. البته به دلیل دگرگشتن بودن این گونه جنگلی انتظار تنوع ژنتیکی بالا در آن وجود دارد و هرچه یک جامعه گیاهی جنگلی بزرگتر باشد دامنه این تنوع نیز بیشتر خواهد شد. ضمن اینکه در گونه‌های جنگلی همه ظرفیت‌های ژنتیکی یک درخت در سال‌های اولیه رشد بروز پیدا نمی‌کند و بخشی از توانمندی‌ها در سال‌های آینده خود را نشان می‌دهند (Mirzaie-Nodoushan *et al.*, 2015). بر اساس مطالعات White و همکاران (۲۰۰۷) اطلاع کافی از ساختار ژنتیکی و سطح تنوع ژنتیکی در گونه‌های جنگلی لازمه مدیریت و حفاظت بهینه از آنهاست و در صورت وجود تنوع کافی در این گونه جوامع گیاهی است که می‌توان از تولید کافی و پایداری مناسب آنها اطمینان حاصل کرد. به اعتقاد برخی از پژوهشگران علم ژنتیک و اصلاح نباتات، پایداری جوامع گیاهی به ویژه جوامع گیاهی جنگلی مستلزم وجود تنوع ژنتیکی کافی است (Zeihe & Müller-Stark, 1991). به ویژه در مناطقی که در معرض تغییرات اقلیمی، خشکی و خشکسالی‌های مکرر هستند توان ژنتیکی و قدرت بافری گونه‌های جنگلی باید بیش از سایر مناطق باشد، به نحوی که جمعیت‌های گیاهی بتوانند در مقابل این تنش‌های گاه و بیگاه مقاومت کنند. اهمیت این شناخت در مورد گونه‌هایی مانند بلوط ایرانی که یکی از عناصر اصلی جنگل‌های گسترده‌ای است که ضمن اینکه مأمّن و مأوای هزاران گونه از حیات وحش است ارتزاق بخش وسیعی از ساکنان محلی و نیز تعادل اکوسیستم مناطق وسیعی از کشور نیز به آن وابسته است، اهمیت بیشتری پیدا می‌کند. درصد زنده‌مانی نتایج در پایان فصل رویشی نیز قابل توجه است.

اهدافی مانند تشکیل باغ بذر برخوردارند.

### سیاسگزاری

بدین وسیله از همه همکارانی که در گروه زیست‌فناوری مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور به‌نوعی در اجرای این تحقیق ما را یاری کردند صمیمانه تشکر و قدردانی می‌کنیم. همینطور از مسئولان محترم مؤسسه مذکور که امکانات مورد نیاز در اجرای این پژوهش را در اختیار گذاشتند نیز صمیمانه قدردانی می‌کنیم.

### منابع مورد استفاده

- Ahmadi, R., Kiadaliri, H., Mataji, A. and Kafaki, S., 2014. Annual ring analysis of Persian oak (*Quercus brantii*) to determine periods of stress and tensions on Zagros forests (Case study: forests of Ilam county). *Journal of Biodiversity and Environmental Science*, 5: 378-384.
- Alikhani, L., Rahmani, M.S., Shabanian, N. and Badakhshan, H., 2014. Genetic diversity assessment of *Quercus infectoria* and *Q. libani* populations in North-Zagros forests based on ISSR and IRAP markers. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 22: 72-90. (In Persian).
- 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 Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 16: 218-228, (In Persian).
- Chaubey, O. P., 2012. Eco-silvicultural options for sustainable management in Joint forest management – a case study of mixed forests of Madhya Pradesh, India. *International Journal of Bio-Science and Bio-Technology*, 4 (1): 33-48.
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H., Tabari, M. and Akbarinia M., 2003. Investigation of genetic variability of wild service (*Sorbus torminalis* L. Crantz) by using fruit traits in Farim Forest of Mazandaran province. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 11: 201-218. (In persian)
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H., Tabari, M., Akbarinia M., Dehghan-Shuraki, Y. and Jalali, S.G., 2008. Genetic variation in early growth characteristics of two populations of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) and their صفات مورد مطالعه نشان از ظرفیت ژنتیکی قابل استفاده در برنامه‌های اصلاحی مبتنی بر گزینش دارد. لازم به توضیح است با توجه به اینکه وراثت‌پذیری حاصل نسبت جزء واریانس افزایشی به واریانس کل است، زیاد بودن وراثت‌پذیری صفات حکایت از این دارد که بیشتر واریانس و تنوع موجود در این جامعه گیاهی از نوع افزایشی است. بر این اساس این جامعه گیاهی از تنوع مناسبی برخوردار است که به گزینش پایه‌های برتر و ایجاد مخازن ژنی مناسب از جمله باغ بذر به‌خوبی پاسخ می‌دهد. البته این نتیجه‌گیری در مورد جوامع جنگلی کشور با نتیجه‌گیری سایر محققان علوم جنگل هم تطابق دارد (Espahbodi et al., 2003). قطر یقه کمترین میزان وراثت‌پذیری را نشان داد که ممکن است به دلیل حساسیت زیاد این صفت به شرایط متنوع محیطی باشد (Alvaninejad et al., 2009).
- در پژوهشی که Geburek و Tripp-Knowles (۱۹۹۴) با استفاده از تنوع آنزیمی در هفت مقر ژنی پلی‌مورفیک بر روی گونه‌ای از بلوط (*Q. macrocarpa*) انجام دادند مشاهده کردند که بیشتر آللهای مورد مطالعه به‌صورت تصادفی در مکان پراکنش داشتند ولی در دو آلل مورد بررسی فضاهای متفاوتی از نظر پراکنش آلی پیدا کردند که می‌توانست ناشی از جریان ژنی متفاوت و یا سایر عوامل دموگرافیک باشد. البته در مواردی انتخاب‌های متفاوت درختان در برداشت از جنگل هم می‌تواند عامل چنین اتفاقاتی باشد که با توجه به همگنی کافی در جامعه گیاهی مورد مطالعه محققان مورد اشاره، این عامل نمی‌توانست مسبب چنین تفاوت‌هایی در پراکندگی آلی در آن جامعه گیاهی باشد. در هر صورت مجموعه عوامل انسانی و غیر انسانی سبب شده است که برخی از جوامع گیاهی بلوط از جمله گونه *Q. brantii* که پراکنش وسیعتری هم دارد در برخی از رویشگاه‌های خود در معرض خشکیدگی و فرسایش ژنتیکی شدید قرارگیرد. البته جلوگیری از این فرسایش و احیاء این جنگل‌ها در مرحله اول مستلزم ارزیابی وضع موجود و شناسایی رویشگاه‌هایی است که از وضعیت مطلوبی برای تأمین ذخائر ژنتیکی توانمند برای

- genotypes in isolated population of pedunculate oak *Quercus robur* L. (Fagaceae). Russian Journal of Genetics, 44(8): 997-999.
- 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.
  - Sonesson, K. and Drobyshev, I., 2010. Recent advances on Oak decline in Southern Sweden. Ecological Bulletins, 53: 197-207.
  - Tabandeh, A., Tabari M., Mirzaie-Nodoushan H. and Espahbodi, K., 2012a. Variation within and among *Quercus castaneifolia* populations based on their seedling characteristics. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 20(1): 69-82. (In Persian).
  - Tabandeh, A., Tabari M., Mirzaie-Nodoushan H., Espahbodi, K. and Asadicorom, F., 2012b. Karyotypic analysis on *Quercus castaneifolia* of North of Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 20(2): 226-239, (In Persian).
  - White, T.L., Adams, W.T. and Neale, D.B., 2007. Forest Genetics. CABI Publishing, Cambridge, Massachusetts, USA. 682 pp.
  - Ziehe, M. and Müller-Starck, G., 1991. Changes of genetic variation due to associated selection. pp. 175-189. in: Genetics Variation in European Populations of Forest Trees. Eds., Müller-Starck, G., Ziehe, M., Sauerlander, Frankfurt, Germany.
  - Zolfaghari, R., Akbarinia, M., Mardi, M. and Ghanati, F., 2009. Genetic diversity in Persian oak (*Quercus brantii* Lindl) from Kohkiluye and Boyerahmad using SSR. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 16: 172-181, (In Persian).
  - interrelationship. Silvae Genetica, 57: 340-348.
  - Falconer, D.S. and Mackay T.F.C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Longman, London, 464p.
  - Geburek, T. and Tripp-Knowles, P., 1994. Genetic architecture in bur oak, *Quercus macrocarpa* (Fagaceae), inferred by means of spatial autocorrelation analysis. Plant Systematics and Evolution, 189: 63-74.
  - Hawn, K.C., Myung, H. and Shin, B.C., 1999. Species diversity of forest ecosystem in Mt. Jangan, Chollobuk. Journal of Environment and Ecology, 13(3):271-279.
  - Hokanson, S.C., Isebrands, J.G., Jensen, R.G. and Hancock, J.F., 1993. Isozyme variation in Oak of Apostle Islands in Wisconsin: Genetic structure and level of inbreeding in *Quercus rubra* and *Quercus elipsoidalis* (Fagaceae). American Journal of Botany, 30: 1349-1357.
  - Lorite, J., Salazar, C., Penas, J. and Valle, F., 2008. Phytosociological review on the forests of *Quercus pyrenaica* Willd. Acta Botanica Gallica, 155(2):219-233.
  - Mirzaie-Nodoushan, H., 2015. Forests Trees Seed Orchard. University of Tehran Press, Tehran, 297p, (In Persian).
  - Mirzaie-Nodoushan, H., Keneshloo, H., Asadi-Corom, F., Hassani, M. and Achak, M.U., 2012. Genetic architecture of *Moringa peregrina* populations at early growth stage. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 20: 25-38, (In Persian).
  - Purhashemi, M., Mohajer, M.R., Zobeiri, M., Zahedi, A. and Panahi, P., 2004. Identification of forest vegetation units in support of government management objectives in Zagros forests, Iran. Scandinavian Journal of Forest Research, 4: 72-77.
  - Redkina, N.N., Mullagulov, R.Y., Yanbaev, Y.A. and Degen, B., 2008. Fine spatial structure of allozyme

## Genetic architecture of a Persian oak plant population based on progenies seedling characteristics

H. Mirzaie-Nodoushan<sup>1</sup>, J. Hosseinzadeh<sup>2</sup>, S. Mehrpur<sup>3</sup>, P. Panahi<sup>4</sup>, D. Mehdifar<sup>5</sup>

1 – Corresponding author, Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, I.R. Iran. Email: nodoushan2003@yahoo.com

2 – Associ. Prof., Research Center of Agriculture and Natural Resources of Ilam, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, I.R. Iran.

3 – Assist. Prof., Islamic Azad University, Qom, I.R. Iran.

4 – Associ. Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, I.R. Iran.

5 – M.Sc., Research Center of Agriculture and Natural Resources of Lorestan, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, I.R. Iran.

Received: 08.07.2017 Accepted: 24.09.2017

### Abstract

Persian oak (*Quercus brantii* Lindl.) with a vast habitat in Zagros mountain range, has a specific importance in Iran, based on economic, sociologic and environmental aspects. A complex of human and non-human factors caused to show genetic erosion in several plant populations of the species. Therefore, evaluation of genetic variation and architecture of plant population could be informative for forest managers and breeders. The research was performed to evaluate genetic potentials of a plant population of the species located in Lorestan provinces, west of Iran. Seed was collected randomly on twelve single plants to be used in assessment of the parent plants by a progeny test experiment. The seeds were evaluated as twelve half-sib and Full-sib families planted in a completely randomized block design with three replications. Biometric parameters were converted to genetic parameters using nested mating design model, by which genetic variance components and heritability values were estimated. The studied families showed a range of 6 to 92 percent establishment. Analysis of variance revealed significant difference between the parents based on all of the recorded traits. Majority of the variance components was observed between the studied families, for which heritability of the characters was also strong, varying between 57% on collar diameter, to 95% on leaf length. Therefore, the studied oak plant population has the capability to be used for selecting suitable materials for seed orchard establishment as well as performing other breeding projects.

**Keywords:** Genetic structure, genetic variation, *Quercus brantii*, seedling characteristics