

برآورد همبستگی ژنتیکی و وراثت پذیری صفات زردتاغ (*Haloxylon persicum* Bge.) در باغ بذر استان یزد

علی میرحسینی^{۱*}، آفاق تابنده ساروی^۲، کامبیز اسپهبدی^۳ و بابک عنایتی^۴

*۱- نویسنده مسئول، مربی پژوهش، بخش تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان یزد، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، یزد، ایران. پست الکترونیک: mirhosseini.4147@yahoo.com

۲- استادیار، گروه محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی و کوبرشناسی دانشگاه یزد، یزد، ایران

۳- دانشیار، بخش تحقیقات جنگل‌ها و مراتع، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

۴- دانش‌آموخته دکتری ژنتیک و اصلاح دام، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۱۲/۰۶

تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۰۹/۳۰

چکیده

پژوهش پیش‌رو با هدف برآورد صفات ژنتیکی زردتاغ (*Haloxylon persicum* Bge.) مستقر در باغ بذر تاغ استان یزد با استفاده از روش REML انجام شد. از بین توده‌های زردتاغ موجود در رویشگاه‌های مختلف استان یزد، ۶۰ پایه با ظاهر مناسب، کیفیت مطلوب، توازن نسبی بین تاج و تنه، مقاوم به آفات و بیماری‌ها و دارای بذرهای با قوه نامیه زیاد انتخاب شدند. پس از کاشت بذر و تولید نهال، نهال‌ها با حفظ شجره و براساس نقشه روی ردیف‌هایی با فواصل شش متر کاشته شدند. ثبت مستمر صفات نهال‌ها با هدف ارزیابی ژنتیکی ژنوتیپ‌ها طی پنج سال و سالانه در سه نوبت انجام شد. صفات مورد مطالعه شامل صفات رویشی ارتفاع، گسترش تاج، قطر یقه، تعداد شاخه‌های فرعی، شادابی، تولید بذر و آلودگی به سفیدک و پسیل بود. نتایج نشان داد که بیشترین همبستگی ژنتیکی بین قطر تنه و تاج و ارتفاع و آلودگی به سفیدک وجود دارد و این صفات همبستگی محیطی زیادی با هم داشتند. با این حال، در همه موارد همبستگی محیطی کمتر از همبستگی ژنتیکی برآورد شد که بیانگر سهم بیشتر ژنتیک در ایجاد تنوع بین پایه‌ها بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات نیز نشان داد که بیشترین وراثت‌پذیری به صفات ارتفاع و قطر تاج و کمترین آن به مقدار آلودگی به سفیدک مربوط بود، به طوری که مقدار وراثت‌پذیری صفت ارتفاع، قطر تاج، قطر تنه، تعداد شاخه‌های فرعی، آلودگی به سفیدک و شادابی به ترتیب ۰/۶۱۹، ۰/۶۱۶، ۰/۵۰۹، ۰/۳۳۵، ۰/۱۷۰ و ۰/۲۰۰ برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: آزمون نتاج، پارامتر ژنتیکی، تاغ، روش REML.

مقدمه

روان، تعلیف دام، تلطیف هوا و بسیاری جهات دیگر اهمیت به‌سزایی دارند. از سوی دیگر، مشکلات متعددی مانند حساسیت به آفات در تاغ‌زارهای کشور وجود دارد. یکی از راه‌های مقابله با این مشکل، احداث باغ بذر برای تولید

بخش وسیعی از سطح کشور را بوم‌سازگان‌های خشک و گرم دربر می‌گیرد که اغلب پوشیده از تاغ‌زارهای طبیعی و دست‌کاشت هستند که از نظر حفاظت خاک، تثبیت شن‌های

سازش پذیر است که در مناطق مرکزی و خشک کویری ایران که کمتر گونه‌ای قادر به رویش است، پراکنش دارند. زردتاغ در سخت‌ترین شرایط محیطی با بارندگی سالانه ۱۷۰-۳۰ میلی‌متر و نوسان درجه حرارت ۵۰ تا منفی ۲۵ درجه سانتیگراد مستقر شده و رشد مناسبی دارد. این گونه در شرایط فعلی در اغلب نواحی ایران به صورت درختچه‌هایی به ارتفاع حدود ۲ متر دیده می‌شود که به نظر می‌رسد علت عمده آن قطع شدید با هدف استفاده از چوب آن است. زردتاغ به دلیل مقاومت به خشکی و آفات و بیماری‌ها (Mirhosseini *et al.*, 2009) قابلیت گسترش در عرصه‌های وسیعی از بیابان‌های کشور برای جلوگیری از افزایش بیابان‌زایی و همچنین تأمین علوفه مورد نیاز دام را دارد.

از آنجایی که گونه‌های تاغ در تعداد محدودی از کشورها رویش دارند، در پژوهش‌های اندکی به سرشت و ویژگی‌های رویشی آن‌ها اشاره شده است. بنابراین، انجام پژوهش‌هایی برای مطالعه تنوع و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های موجود با هدف اصلاح و گسترش آن‌ها ضروری است. در پژوهش پیش‌رو، برآورد صفات ژنتیکی گونه زردتاغ، مستقر در باغ بذر نسل دوم در استان یزد، با استفاده از روش REML انجام شد تا با شناسایی ساختار، تنوع و پتانسیل ژنتیکی موجود، تصمیم‌گیری برای مدیریت و اصلاح این گونه ارزشمند در منطقه مورد مطالعه صورت گیرد.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد مطالعه

این پژوهش در باغ بذر تاغ ایستگاه تحقیقات آیت‌الله شهید صدوقی شهرستان اشکذر در ۳۰ کیلومتری شهرستان یزد انجام شد. این ایستگاه در ارتفاع ۱۱۶۰ متری از سطح دریا قرار داشته و با بارندگی متوسط سالانه ۷۰ میلی‌متر در سال، دارای متوسط درجه حرارت سالانه ۱۸ درجه سانتیگراد است. گرم‌ترین و سردترین ماه سال، تیرماه با متوسط دمای ۳۰/۳ درجه سانتیگراد و دی‌ماه با متوسط دمای ۴/۷ درجه سانتیگراد است. حداکثر مطلق دما در طول

بذرهایی با توانمندی ژنتیکی است که با نهال‌های به دست آمده از آن‌ها بتوان جنگل‌کاری‌ها را با موفقیت انجام داد.

باغ بذر به مجموعه‌ای از درختان دست‌کاشت با صفات ژنتیکی برتر گفته می‌شود که به منظور کاهش گرده‌افشانی از منابع خارجی نامطلوب (پست‌تر) ژنتیکی ایزوله می‌شود. باغ بذرها بسته به اینکه چند چرخه از برنامه‌های اصلاحی را گذرانده باشند، به باغ بذرهای نسل اول، دوم و سوم تقسیم‌بندی می‌شوند. باغ بذر از طریق استقرار کلن‌ها (پیوند، قلمه و گیاهچه‌های حاصل از کشت بافت) و نهال‌های بذری به دست آمده از درختان منتخب براساس ویژگی‌های مطلوب، ایجاد می‌شود. از نظر ژنتیکی، چندین روش برای جمع‌آوری اطلاعات بذر با کیفیت مطلوب برای برنامه‌های فوری کاشت وجود دارد. این روش‌ها (مانند بذر حاصل از تک‌درختان با فنوتیپ برتر، بذر حاصل از جوامع با ویژگی‌های مطلوب و نواحی تولید بذر) اغلب در طبیعت به طور موقت تا به وجود آمدن باغ بذر دائمی استفاده می‌شوند. بذر به دست آمده از این روش‌ها اغلب بازدهی زیادی ندارد، اما در بعضی موارد استفاده از روش‌های موقت به افزایش قابل ملاحظه کیفیت و مقاومت نهال‌ها در برابر آفات و امراض می‌انجامد که می‌توانند سازگار درختان را در منطقه جنگل‌کاری شده تضمین کنند (Tabaei Aghdai & Jafari, 2000). ایجاد باغ بذر برای گونه‌های انحصاری سابقه‌ای طولانی در دنیا و به ویژه در کشورهای اروپایی دارد. مزیت‌های احداث باغ بذر و استفاده از ژنوتیپ‌های ارزیابی شده در این باغ‌ها به قدری است که همه مدیران جنگل در دنیا را به احداث باغ‌های بذر حتی در صورت صرف هزینه‌های هنگفت ترغیب کرده است. طرح احداث باغ بذر با برآورد صفات ژنتیکی براساس آزمون نتاج، حذف ژنوتیپ‌های ضعیف و شناسایی پایه‌های برتر انجام می‌شود. با احداث باغ بذر می‌توان بذرها و نهال‌هایی تولید کرد که قابلیت رشدونمو بیشتری نسبت به بذرهای دیگر داشته باشند.

گونه زردتاغ (*Haloxylon persicum* Bge.) از خانواده اسفناج (Chenopodiaceae) گیاهی ارزشمند و بسیار

۲) پایه‌های انتخابی دارای کیفیت مطلوب بوده و توازن نسبی بین تاج و تنه برقرار باشد.

۳) پایه‌های انتخابی نسبت به آفات و بیماری‌ها مقاوم بوده و بذر تولیدی پایه‌ها دارای قوه نامیه زیادی باشد.

در اوایل فروردین ۱۳۸۹، بذرهای هر یک از ژنوتیپ‌ها در ۳۶ گلدان نایلونی به ابعاد ۱۲×۲۵ سانتی‌متر کاشته شده و با توجه به رطوبت موجود در خاک، دو یا سه روز یک‌بار با آبیاری شدند. در اواخر شهریورماه همان سال، ۱۵ ژنوتیپ برتر انتخاب و از هر ژنوتیپ ۱۰ نهال منتخب (نهال‌های خوش‌فرم، دارای کیفیت مطلوب، مقاوم به آفات، بیماری‌ها و غیره) با حفظ شجره به عرصه منتقل شده و طبق نقشه چینش روی ردیف‌ها کاشته شدند (شکل ۱). نهال‌ها به‌نحوی کاشته شدند که نهال‌های مجاور هیچ قرابتی از نظر رویشگاه با یکدیگر نداشته باشند و حداقل دو در میان با یکدیگر بیگانه باشند و نهال‌های خویشاوند که از یک ژنوتیپ بودند، بیشترین فاصله را از یکدیگر داشتند. به‌عبارت دیگر، به‌منظور ممانعت از درون‌زادآوری و تلاقی‌های خویشاوندی، بین نهال‌هایی که از یک ژنوتیپ و پایه مادری بودند، حداقل دو نهال فاصله گذاشته شد (شکل ۲). برای جایگزینی ژنوتیپ‌های خشک‌شده، در بخشی از عرصه، هر ساله از ژنوتیپ‌های جدید که بذر آن‌ها جمع‌آوری شده بود، آزمون نتاج انجام شد و پس از انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب به باغ بذر انتقال داده شدند، به‌طوری‌که در هر سال ژنوتیپ‌هایی که در سال پیشین خشک شده بودند، با ژنوتیپ‌های برتر جایگزین شدند. به‌منظور استقرار مناسب نهال‌ها در سال‌های اولیه، آبیاری لازم انجام شد و نسبت به همه عوارض احتمالی از قبیل آفات و امراض نیز مراقبت‌های لازم صورت گرفت. در طول پنج سال از اجرای طرح، صفات نهال‌ها در سه سال اندازه‌گیری شدند (جدول ۱).

سال ۴۵/۵ درجه سانتیگراد و حداقل آن منفی ۱۳/۵ درجه سانتیگراد است. فراوانی جهت‌های باد در منطقه به ترتیب شمال‌غربی، غربی و جنوب‌شرقی است و بیشترین سرعت باد، ۱۲۰ کیلومتر در ساعت به ثبت رسیده است. اقلیم منطقه در سیستم تقسیم‌بندی اقلیمی دومارتن، فراخشک و در تقسیم‌بندی آمبرژه، خشک سرد و در سیستم کوپن در ردیف BWSH قرار می‌گیرد.

روش پژوهش

در سال ۱۳۸۸، عرصه‌ای به وسعت ۱/۵ هکتار با قابلیت‌های مناسب زمین از نظر بافت خاک، شوری خاک، یکنواختی و عدم وجود لایه‌های سخت در سطوح کم‌عمق خاک در ایستگاه تحقیقات آیت‌الله شهید صدوقی انتخاب شد. در عرصه، روی ردیف‌هایی با فاصله شش متر از هم، چاله‌هایی به طول، عرض و عمق یک متر حفر شد. فاصله چاله‌ها از یکدیگر پنج متر بود. خاک سطحی به یک سمت و خاک عمقی به سمت دیگر چاله ریخته شد. ته هر چاله به عمق ۶۰ سانتی‌متر با سرشاخه‌های درخت پر شد. در هر چاله، حدود ۱۰ کیلوگرم کود حیوانی پوسیده روی سرشاخه‌ها ریخته و بقیه چاله‌ها با خاک سطحی پر شد. خاک‌های عمقی نیز در بین ردیف‌ها پخش شدند.

در اواخر پاییز ۱۳۸۸، از بین توده‌های زردتاغ موجود در استان، ۶۰ پایه انتخاب و کلیه بذرهای موجود روی هر پایه جمع‌آوری شد. پس از شماره‌گذاری و ثبت اطلاعات، بذرهای جمع‌آوری شده به آزمایشگاه منتقل شدند تا برای کاشت در فصل بهار سال ۱۳۸۹ حفظ شوند. در زمان جمع‌آوری بذرها موارد زیر برای انتخاب پایه‌ها در عرصه مورد توجه قرار گرفت:

۱) پایه‌های منتخب باید خوش‌فرم بوده تا در انتخاب ژنوتیپ‌های برتر مشکل و محدودیت ایجاد نشود.



شکل ۱- کاشت بذره‌های جمع‌آوری شده در فصل بهار برای انجام آزمون نتاج



شکل ۲- نمای باغ بذر در سال سوم اجرای پژوهش

جدول ۱- صفات نهال‌ها و نحوه اندازه‌گیری آن‌ها

ردیف	صفت	نحوه و واحد اندازه‌گیری
۱	ارتفاع	از پای نهال تا بالاترین ارتفاع آن (cm)
۲	قطر تنه	از زیر محل اولین انشعاب تنه اصلی با استفاده از کولیس (cm)
۳	شادابی	بر اساس شادابی و زنده ماندنی هر نهال به صورت کیفی و از صفر تا پنج (شاداب‌ترین)
۴	قطر تاج	بر اساس میانگین قطر بزرگ و کوچک تاج (cm)
۵	تعداد شاخه	تعداد انشعاب ایجاد شده در اولین انشعاب در تنه اصلی (شمارش)
۶	آلودگی به سفیدک	بر اساس میزان آلودگی به سفیدک تاغ از صفر (بدون آلودگی) تا پنج (آلودگی کامل)

تجزیه و تحلیل داده‌ها

مشخصه‌های برآورد شده در پژوهش پیش‌رو شامل همبستگی ژنتیکی، وراثت‌پذیری خصوصی (h^2) که برابر است با نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واریانس فنوتیپی کل بود. برای محاسبه مشخصه‌های مذکور ابتدا مؤلفه‌های واریانس برآورد شدند. یکی از روش‌های به‌دست آوردن برآوردهای REML که برای تجزیه و تحلیل داده‌های پژوهش پیش‌رو استفاده شد، تکرار فرم‌های درجه دوم

$$R = I\sigma_e^2, G = A\sigma_a^2 \quad \text{رابطه (۱)}$$

$$\delta_e^2 = \frac{y'y - \hat{b}'X'y - \hat{a}'X'y}{N - r(X)} \quad \text{رابطه (۲)}$$

$$\delta_a^2 = \frac{SS_a}{df_a} \quad \text{رابطه (۳)}$$

در رابطه ۱: y بردار مشاهدات صفت، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات تصادفی، X ماتریس طرح ربط‌دهنده رکوردها به بردار b ، Z ماتریس طرح ربط‌دهنده رکوردها به بردار a ، A ماتریس روابط خویشاوندی افزایشی بین افراد، σ_a^2 مؤلفه واریانس افزایشی، σ_e^2 مؤلفه واریانس باقیمانده و I ماتریس واحد است.

در رابطه ۲: N تعداد مشاهدات و $r(X)$ رتبه ماتریس اثرات ثابت یا ماتریس X است.

در رابطه ۳: SS_a مجموع مربعات عامل تصادفی، tr مجموع عناصر قطری، $A^{-1}C$ زیرماتریسی از معکوس کلی ضرایب مدل مختلط که مربوط به اثرات تصادفی است. df_a برابر با تعداد عناصر موجود در بردار a است.

در روش REML، ابتدا برای اثرات ثابت تصحیح انجام شده و سپس حداکثر درست‌نمایی به‌دست می‌آید. پس از استفاده از روش REML، واریانس‌ها باید مثبت و ماتریس

MIVQUE و به‌دست آوردن امیدهای ریاضی آن‌ها بود. از مقادیر به‌دست آمده به‌عنوان پیش‌مقادیر جدید نسبت‌های واریانس استفاده شد و محاسبه برآوردها تکرار شد. این تکرار تا زمان یکسان شدن برآوردها و پیش‌مقادیر ادامه یافت. اگر برآورد مؤلفه‌ها همگی مثبت بود، آنگاه برآوردهای نهایی REML حاصل می‌شد. معادلات درجه دوم MIVQUE به‌شرح رابطه‌های ۱ تا ۳ هستند:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

$$SS_a = \hat{a}'A^{-1}\hat{a} + tr(A^{-1}C)\delta_e^2$$

مؤلفه‌های (کو)واریانس به‌دست آمده باید مثبت قطعی یا حداقل مثبت نیمه‌قطعی باشد. ماتریس همبستگی باید در دامنه ۱ تا منفی ۱ باشد.

در این پژوهش، از رابطه ۴ برای ارزیابی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه و برآورد مشخص‌ها استفاده شد:

$$y = Xb + Za + e \quad \text{رابطه (۴)}$$

که در آن: y بردار مشاهدات، b بردار اثرات ثابت، a بردار اثرات تصادفی ژنوتیپ و e بردار اثرات باقیمانده تصادفی است. X و Z به ترتیب ماتریس‌های ضرایب هستند که رابطه اثرات ثابت، اثرات ژنوتیپ را با رکوردها برقرار می‌کنند و در آن $Var(a) = A\sigma_a^2$ ، $Var(e) = I\sigma_e^2$ و $Var(y) = ZAZ'\sigma_a^2 + I\sigma_e^2$ خواهد بود.

ارزش یک ژنوتیپ همیشه به یک صفت محدود نیست و ممکن است چندین صفت در بهبود ژنتیکی یک جمعیت مؤثر باشد. یک مدل چندصفتی ارتباط بین صفات را در نظر می‌گیرد، زیرا واریانس و کوواریانس ژنتیکی و محیطی را در تخمین ارزش‌های ارثی لحاظ می‌کند. بنابراین، یک کوواریانس دقیق بین صفات ایجاد شده که باعث تخمین بهتر ارزش‌های ارثی می‌شود. اگر وراثت‌پذیری و همبستگی ژنتیکی و محیطی بین دو صفت برابر باشد، ارزش ارثی حاصل‌شده با یک مدل تک‌صفتی و یک مدل چندصفتی برابر خواهد بود. برای استفاده از مدل چندصفتی، بردارها برای چند صفت زیر یکدیگر قرار گرفته و معادلات همزمان حل می‌شوند و برآوردها و پیش‌بینی‌ها انجام می‌شود. مدل چندصفتی مورد استفاده در پژوهش پیش‌رو به صورت رابطه ۵ بود:

$$y_1 = Xb_1 + Za_1 + e_1 \quad \text{رابطه (۵)}$$

$$y_2 = Xb_2 + Za_2 + e_2$$

$$y_n = Xb_n + Za_n + e_n$$

که در آن: n تعداد صفات در آنالیز چندصفتی است که

در این پژوهش برابر با شش بود.

آزمون معنی‌داری اثرات توسط نرم‌افزار R و تجزیه و تحلیل‌ها با استفاده از نرم‌افزار خانواده BLUBF90 انجام شد.

نتایج

صفات اندازه‌گیری‌شده در باغ بذر مورد مطالعه در جدول ۲ ارائه شده است. از بین صفات‌های اندازه‌گیری‌شده، ارتفاع بیشترین انحراف معیار را داشت که دامنه آن بین ۷ تا ۲۷۲ سانتی‌متر متغیر بود. صفات آلودگی به سفیدک و شادابی نیز کمترین انحراف معیار را نشان دادند.

نتایج برآورد واریانس-کوواریانس‌های ژنتیکی و محیطی به ترتیب در جدول‌های ۳ و ۴ ارائه شده است که بیانگر بیشترین واریانس ژنتیکی در صفت ارتفاع و پس از آن در صفت قطر تاج بود. بیشترین واریانس محیطی نیز در صفت ارتفاع و پس از آن در قطر تاج مشاهده شد.

جدول ۲- آماره‌های توصیفی داده‌ها

صفت	تعداد	میانگین	انحراف معیار	کمینه	بیشینه	اشتباه معیار
ارتفاع	۲۸۹	۸۵/۹۰	۴۴/۸۴	۷/۰۰	۲۷۲/۰۰	۲/۶۴
قطر تاج	۲۸۹	۷۲/۴۴	۳۹/۱۳	۷/۵۰	۲۶۸/۰۰	۲/۳۰
قطر تنه	۲۸۹	۲/۰۹	۱/۷۸	۰/۱۰	۱/۳۳	۰/۱۰
تعداد شاخه	۲۸۹	۳/۱۵	۱/۵۲	۱/۰۰	۱۰/۰۰	۰/۰۹
آلودگی به سفیدک	۲۸۹	۰/۰۶	۰/۲۷	۰/۰۰	۲/۰۰	۰/۰۲
شادابی	۲۸۹	۴/۸۰	۰/۳۷	۳/۰۰	۵/۰۰	۰/۰۲

جدول ۳- واریانس (روی قطر) و کوواریانس (زیر قطر) ژنتیکی صفات مورد بررسی

شادابی	آلودگی به سفیدک	تعداد شاخه	قطر تنه	قطر تاج	ارتفاع	صفت
					۵۸۰/۲۰	ارتفاع
				۴۴۹/۰۰	۴۱۸/۹۰	قطر تاج
			۰/۷۹	۱۷/۸۳	۱۸/۵۹	قطر تنه
		۰/۵۱	۰/۱۸	۳/۶۲	-۰/۶۹	تعداد شاخه
	۰/۴۶	-۰/۱۶	۰/۴۲	۱۰/۳۸	۱۵/۱۹	آلودگی به سفیدک
۰/۰۲	۰/۰۳	-۰/۰۱	۰/۰۶	۱/۵۹	۱/۰۴	شادابی

جدول ۴- واریانس (روی قطر) و کوواریانس (زیر قطر) محیطی صفات مورد بررسی

شادابی	آلودگی به سفیدک	تعداد شاخه	قطر تنه	قطر تاج	ارتفاع	صفت
					۳۵۷/۰۰	ارتفاع
				۲۷۹/۴۰	۲۳۰/۲۰	قطر تاج
			۰/۷۷	۱۰/۳۲	۱۰/۸۰	قطر تنه
		۰/۹۳	۰/۱۱	۴/۹۵	۳/۸۳	تعداد شاخه
	۲/۲۵	-۰/۷۵	۰/۲۰	۳/۲۴	۱۰/۱۳	آلودگی به سفیدک
۰/۱۱	-۰/۳۲	۰/۰۲	-۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۷۶	شادابی

جدول ۵ نتایج برآورد صفات ژنتیکی را با استفاده از روش REML نشان می‌دهد که بیانگر وجود بیشترین همبستگی ژنتیکی بین صفات قطر تنه و تاج و ارتفاع و آلودگی به سفیدک بود. همچنین، نتایج بیانگر همبستگی محیطی زیاد در این صفات بودند، اما در همه موارد، مقدار همبستگی محیطی کمتر از همبستگی ژنتیکی برآورد شد که بیانگر سهم بیشتر ژنتیک در ایجاد تنوع بین پایه‌ها بود. بر این اساس، همبستگی ژنتیکی بین صفت ارتفاع و قطر تاج ۰/۸۲۱، ارتفاع و قطر تنه ۰/۸۶۶، قطر تنه با قطر تاج ۰/۹۴۴ و آلودگی به

سفیدک و ارتفاع ۰/۹۲۸ برآورد شد. کمترین همبستگی ژنتیکی نیز بین صفت تعداد شاخه‌های فرعی با صفات دیگر برآورد شد. برآورد وراثت‌پذیری صفات نشان داد که بیشترین وراثت‌پذیری به صفات ارتفاع و قطر تاج و کمترین آن به میزان آلودگی به سفیدک مربوط بود، به طوری که مقدار وراثت‌پذیری صفت ارتفاع، قطر تاج، قطر تنه، تعداد شاخه‌های فرعی، میزان آلودگی به سفیدک و شادابی به ترتیب ۰/۶۱۹، ۰/۶۱۶، ۰/۵۰۹، ۰/۳۳۵، ۰/۱۷۰ و ۰/۲۰۰ برآورد شد.

جدول ۵- همبستگی محیطی (بالای قطر)، همبستگی ژنتیکی (زیر قطر) و وراثت پذیری (روی قطر) صفات مورد بررسی

شادابی	آلودگی به سفیدک	تعداد شاخه	قطر تنه	قطر تاج	ارتفاع	صفت
۰/۱۲۳	۰/۳۵۶	۰/۲۱۰	۰/۶۵۲	۰/۷۲۸	۰/۶۱۹	ارتفاع
۰/۰۰۵	۰/۱۲۹	۰/۳۰۷	۰/۷۰۵	۰/۶۱۶	۰/۸۲۱	قطر تاج
-۰/۰۵۱	۰/۱۵۶	۰/۱۳۲	۰/۵۰۹	۰/۹۴۴	۰/۸۶۶	قطر تنه
۰/۰۷۲	-۰/۵۱۶	۰/۳۳۵	۰/۲۸۲	۰/۲۳۹	-۰/۰۴۰	تعداد شاخه
-۰/۶۵۲	۰/۱۷۰	-۰/۳۲۵	۰/۷۰۳	۰/۷۲۱	۰/۹۲۸	آلودگی به سفیدک
۰/۲۰۰	۰/۲۸۳	-۰/۱۲۴	۰/۴۲۴	۰/۴۵۷	۰/۲۶۳	شادابی

بحث

نتایج پژوهش پیش‌رو بیشترین همبستگی ژنتیکی را بین صفات قطر تنه و تاج و ارتفاع و آلودگی به سفیدک نشان داد و بیانگر همبستگی محیطی زیاد در این صفات بود. به‌طور کلی، معنی‌دار بودن همبستگی بین دو صفت دلایل متفاوتی می‌تواند داشته باشد که مهم‌ترین آن‌ها پیوستگی ژن‌های کنترل‌کننده دو صفت و یا پلیوتروپی است (Makarechian, 2002). در حالت پیوستگی، ژن‌های متفاوتی صفات مورد نظر را کنترل می‌کنند، اما همه آن‌ها روی یک کروموزوم و با فاصله کم نسبت به هم قرار گرفته‌اند. در این صورت، هرچه فاصله بین این ژن‌ها کمتر باشد، همبستگی بیشتر است. در حالت پلیوتروپی، یک ژن ممکن است چند صفت را کنترل کند که در این صورت نیز صفاتی که توسط آن ژن کنترل می‌شوند، همبستگی نشان می‌دهند. شدت همبستگی به طبیعت صفت و تعداد الل‌های آن ژن بستگی دارد. در این پژوهش، همبستگی صفاتی را که در سطح زیاد معنی‌دار شدند می‌توان به پیوستگی ژنی یا پلیوتروپی نسبت داد. همبستگی زیاد بین ارتفاع و قطر یقه از جمله مواردی است که در پژوهش‌های متعددی گزارش شده است (Safavi et al., 2011; Tabandeh Saravi et al., 2008).

برآورد وراثت‌پذیری صفات در پژوهش پیش‌رو نشان داد که بیشترین وراثت‌پذیری به صفات ارتفاع و قطر تاج و کمترین آن به میزان آلودگی به سفیدک مربوط بود. در این

راستا، نتایج Mirzaie-Nodoushan و همکاران (۲۰۰۹) که در مورد ارزیابی ژنتیکی برخی جمعیت‌های گونه سیاه‌تاغ استان‌های یزد، سمنان، سیستان و بلوچستان و قم انجام شد، نشان داد که این گونه تنوع ژنتیکی بین و درون جمعیتی زیادی داشت. این پژوهشگران وراثت‌پذیری صفات ارتفاع، قطر تاج و قطر یقه را زیاد (به ترتیب ۰/۵۹، ۰/۹۶ و ۰/۹۹) و صفت تعداد شاخه‌های فرعی را کم (۰/۱۲) برآورد کردند که با نتایج پژوهش پیش‌رو همخوانی دارد.

از آنجاکه میزان وراثت‌پذیری بیانگر قابلیت انتقال تنوع ژنتیکی موجود به نتاج است، مقادیر زیاد آن در صفات مورد مطالعه امکان اصلاح صفت با استفاده از روش‌هایی نظیر انتخاب را تأیید می‌کند. در این پژوهش، صفاتی نظیر قطر تاج، قطر تنه و ارتفاع دارای تنوع ژنتیکی زیادی بودند. اگر وراثت‌پذیری صفات در سنین اولیه زیاد باشد، این صفات توانمندی لازم برای ارتقاء را دارند (Rochon et al., 2007). نتیجه پژوهش‌های مختلف نیز نشان می‌دهد که در بسیاری موارد وراثت‌پذیری صفت ارتفاع بیشتر از صفات دیگر بوده و برای انتخاب زودهنگام مناسب است (Cornelius et al., 1996; Toky et al., 1996; Hodges et al., 2002; Vargas-Hernandez et al., 2003; Bogdan et al., 2004; Tabandeh Saravi et al., 2008; Safavi et al., 2011).

لازم به توضیح است که وراثت‌پذیری تابع تنوع ژنتیکی است و تنوع ژنتیکی هم به عوامل متعددی مانند نظام

- Press, Shiraz, 573p (In Persian).
- Mirhosseini, A., Zarezadeh, A. and Mirzaie-Nodoushan, H., 2009. Establishment of *Haloxylon* seed orchard by elite genotypes of the species. Final Report of Research Project, Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran (In Persian).
 - Mirzaie-Nodoushan, H., Mirhosseini, A., Maddah-Arefi, H. and Asadi-Corom, F., 2009. Heritability of vegetative characters in black saxaul (*Haloxylon aphyllum*). Pajouhesh and Sazandegi, 80: 129-135.
 - 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(2-3): 291-298.
 - Safavi, S.M., Farshadfar, M., Kahrizi, D. and Safavi, S.A., 2011. Genetic variability of some morphological traits in poplar clones. American Journal of Scientific Research, 13: 113-117.
 - Tabaei Aghdaei, S.R. and Jafari Mofidabadi, A., 2000. Introduction of Breeding of forest trees. Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, 149p (In Persian).
 - Tabandeh Saravi, A., Tabari, M., Espahbodi, K., Mirzaie nodoushan, H. and Enayati, B., 2008. Phenotypic correlation between selected characters of Parent trees and Progenies in Wild Service Tree (*Sorbus torminalis* L. Crantz). Asian Journal of Plant Sciences, 7(6): 579-583.
 - Toky, O.P., Kumar, N. and Bisht, P.R., 1996. Variation in growth of 3-year old provenance trial of *Albizia lebbek* (L.) Benth. in arid India. Silvae Genetica, 45: 31-33.
 - Vargas-Hernandez, J.J., Adams, W.T. and Joyce, D.G., 2003. Quantitative genetic structure of stem, form and branching traits in douglas-fir seedling and implication for early selection. Silvae Genetica, 52(1): 36-44.

تولیدمثل گونه گیاهی بستگی دارد. اگر گونه گیاهی مورد نظر به طور کامل دگرگشن باشد، نوترکیبی و تنوع بیشتری در جمعیت‌های گیاهی آن ایجاد می‌شود. هرچه مقدار خودگشنی در یک گونه گیاهی بیشتر باشد، تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های آن نیز کاهش می‌یابد. تاغ گونه‌ای دگرگشن و بادگرده افشان است و انتظار تنوع ژنتیکی زیاد در آن وجود دارد. وراثت‌پذیری‌های زیاد صفات مورد مطالعه در پژوهش حاضر نشان داد که می‌توان از این تنوع در سطح بسیار مطلوبی در ارتقاء کمی و کیفی این گونه استفاده کرد. بنابراین، به دلیل وراثت‌پذیری بیشتر صفات قطر تاج، قطر تنه و ارتفاع، اگر گزینش پایه‌های مادری در باغ بذر مورد مطالعه براساس آن‌ها انجام شود، می‌توان به دستاوردهای بیشتر و تولید نهال‌های بهتر امیدوار بود.

منابع مورد استفاده

- Bogdan, S., Katicic-Trupcevic, I. and Kajba, D., 2004. Genetic variation in growth traits in a *Quercus robur* L. open-pollinated progeny test of the Slovenian provenance. Silvae Genetica, 53(1-6): 198-201.
- Cornelius, J., Mesén, F., Corea, E. and Henson, M., 1996. Variation in growth and form of *Alnus acuminata* Kunth. grown in Costa Rica. Silvae Genetica, 45(1): 24-30.
- Hodges, G.R., Dvorak, W.S., Uruena, H. and Rosales, L., 2002. Growth, Provenance effects and genetic variation of *Bambacopsis quinata* in field test in Venezuela and Colombia. Forest Ecology and Management, 158(1-3): 273-289.
- Makarechian, M., 2002. Application of Animal Genetics in Animal Production. Shiraz University

Estimation of genetic correlation and heritability of characteristics of *Haloxylon persicum* Bge. in the seed orchard of the Yazd Province, Iran

A. Mirhosseini^{1*}, A. Tabandeh Saravi², K. Espahbodi³ and B. Enayati⁴

1* - Corresponding author, Senior Research Expert, Forests and Rangelands Research Department, Yazd Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Yazd, Iran. E-mail: mirhosseini.4147@yahoo.com

2- Assistant Prof., Department of Environment, Faculty of Natural Resources and Desert Studies, Yazd University, Yazd, Iran

3- Associate. Prof., Forests and Rangelands Research Department, Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Sari, Iran

4- Ph.D. Graduated of Genetic and Animal Breeding, Faculty of Agriculture, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

Received: 21.11.2019

Accepted: 25.02.2020

Abstract

The aim of this study was to estimate the genetic parameters of *Haloxylon persicum* Bge., based on a progeny test in seed orchards of Yazd province using the REML method. For this purpose, 60 trees with good appearance, optimum quality, the relative balance between crown and trunk, resistant to pests and diseases, and with high germination seeds were selected among the *H. persicum* stands in different habitats of Yazd province. After seed planting and seedling production, they were transplanted into the field by preserving the tree and planted on rows with 6 m intervals. The final traits for genetic evaluation of genotypes were continuously recorded during 5 years of project implementation in three times. The studied traits consisted mainly of vegetative traits such as height, crown spreading, trunk diameter, number of branches, freshness, seed production and contamination of powder and psyllium. The results showed the highest genetic correlations between trunk and crown diameter and height and contamination with powder. The results also indicated a high environmental correlation between those traits. However, environmental correlations were estimated to be lower than genetic correlations, which indicated a greater genetic contribution to diversity among the trees. Estimation of heritability of traits also showed that the highest heritability was related to the height and diameter of the crown and the least to powder contamination. Moreover, freshness were estimated to be 0.619, 0.616, 0.509, 0.335, 0.170, and 0.20, respectively.

Keywords: Genetic parameter, *Haloxylon*, progeny test, REML method.