

تنوع ژنتیکی و وراثت پذیری جمعیت‌های بادامک (*Amygdalus scoparia* spach.) استان فارس

مسعود باباییان^۱، داود آزادفر^{۲*}، محمد هادی پهلوانی^۳، زهره سعیدی^۴ و محمد حسین ارزانش^۵

۱- دانشجوی دکترای جنگل‌شناسی و اکولوژی جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی، گرگان

۲- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

پست الکترونیک: azadfar.d@gmail.com

۳- دانشیار، اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

۴- دانش‌آموخته دکترای علوم جنگل، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

۵- استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۲/۲۲ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۰۵/۲۹

چکیده

بادامک (*Amygdalus scoparia* spach.) گونه‌ای چند منظوره است که در بیشتر نواحی رویشی ایران پراکنش دارد. آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری پیش‌نیاز و لازمه حفاظت، توسعه جنگل‌کاری و بهره‌برداری پایدار از گونه‌های جنگلی است. پارامترهای ژنتیکی مراحل اولیه رشد جمعیت‌هایی از بادامک در استان فارس در آزمون توأم پروونانس و نتاج بررسی شد. آزمون به‌طور آشیانه‌ای با استفاده از طرح بلوک کامل تصادفی با هفت جمعیت، ده درخت مادری در هر جمعیت و زیر پلات‌های هفت درختی با سه تکرار در نهالستان کهمره سرخی شیراز واقع در استان فارس (۱۶۶۰ متر ارتفاع از سطح دریا) انجام شد. برای همه صفت مورد مطالعه تفاوت‌های معنی‌دار میان جمعیت‌ها وجود داشت. به‌جز طول ریشه اصلی در بقیه صفات درختان مادری درون جمعیت‌ها نیز تفاوت‌های معنی‌داری مشاهده شد. ارزیابی اجزاء واریانس نشان داد که سهم واریانس جمعیت‌ها (دامنه ۵/۹ درصد تا ۳۴/۲ درصد) از میزان کل واریانس، بیشتر از سهم واریانس درختان مادری درون جمعیت‌ها (دامنه ۱/۸ درصد تا ۱۱/۱ درصد) بود. ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی از صفر تا ۵۸/۶ در نوسان بود. در مجموع جمعیت‌های خنج و کوار از عملکرد رویشی بهتری برخوردار بودند. میزان وراثت‌پذیری صفات تعداد ساقه و شاخه جمعیت داراب بالاتر بود. وراثت‌پذیری برخی از صفات در بعضی از جمعیت‌ها پایین و هنوز از وضعیت پایداری برخوردار نبود. از این‌رو باید گزینش به‌زمانی که وراثت‌پذیری به مقادیر بالاتر و پایداری می‌رسد موکول شود.

واژه‌های کلیدی: آزمون پروونس نتاج، بادامک، صفات نونهالی، وراثت‌پذیری

مقدمه

۱۲/۴ میلیون هکتار، اراضی جنگلی است. از این میزان جنگل، ۳۷/۵ درصد در ناحیه رویشی زاگرس، ۴۵/۵ درصد در ناحیه رویشی ایران و تورانی و ۱۷ درصد در

استان فارس دارای پهناورترین پهنه جنگلی در ایران است. ۱۸ درصد از مساحت این استان با مساحتی در حدود

در اواخر فصل زمستان و به محض گرم شدن هوا سریع گل می دهد. در اغلب موارد بروز سرماهای دیررس زمستانه و نبود گرده افشان ها سبب از بین رفتن گل ها و عدم تولید بذر در رویشگاه های این گونه می شود. از سوی دیگر در زمان بذردهی مناسب، بذرهای این گونه به عنوان یکی از محصولات فرعی درآمدزا توسط ساکنان بومی و به منظور تولید تنقلات و سایر مصارف جمع آوری می شود. از این رو به علت کمبود بذر محلی، بذرهای مورد نیاز برای تولید نهال و عملیات احیایی از سایر رویشگاه های دارای بذر و یا شرکت های تولیدکننده بذر تهیه می شود. این موضوع سبب می شود که به علت سازگاری نامناسب و بذرهای بی کیفیت اغلب اوقات تولید نهال و عملیات احیایی با این گونه هم در دوره های زمانی کوتاه مدت و هم در بلندمدت با عدم موفقیت روبرو شود. از این رو انتخاب مبدأ بذر یا درختان مادری مناسب برای تولید نهال های سازگار و متناسب با شرایط مناطق احیایی مختلف استان از اهمیت بالایی برخوردار است.

مطالعات متعدد نشان داده است که همبستگی نزدیکی بین دامنه پراکنش جغرافیایی و تنوع ژنتیکی درون جمعیت های گونه های درختی وجود دارد. آگاهی از گستره جغرافیایی تنوع ژنتیکی و عوامل محیطی که موجب افتراق های سازشی در درون گونه ها می شود، سبب تضمین موفقیت منابع بذر به کار رفته در عملیات احیایی خواهد شد (Morgenstern, 1996). ترکیب ژنتیکی مواد تولیدمثلی به طور معنی داری بر موفقیت عملیات احیایی در دوره های زمانی کوتاه و بلندمدت تأثیرگذار است و جمعیت های درختی برای بقاء، رشد خوب و زنده ماندن در درازمدت به تنوع ژنتیکی نیازمند هستند. تنوع ژنتیکی مقاومت جمعیت ها را در برابر عوامل تنش زای حاد و مزمنی مانند آفات و بیماری ها و اثرهای گرمایش جهانی تقویت می نماید. البته کافی نبودن ملاحظات مربوط به منابع ژنتیکی مواد کاشت اغلب منجر به شکست پروژه های احیایی می شود (Thomas et al., 2014).

سطح و توزیع تنوع ژنتیکی درون گونه ها، با توجه به

ناحیه رویشی خلیج و عمانی واقع شده است (Bordbar et al., 2010). بادامک (*Amygdalus scoparia* Spach.) درختی کوچک و یا درختچه ای خزان کننده است که در مناطق نیمه خشک نواحی رویشی زاگرس، ایران و تورانی و ارتفاعات خلیج و عمانی ایران پراکنش دارد (Rahemi, 2015). بخش گسترده ای از دامنه پراکنش جغرافیایی گونه بادامک و سایر گونه های جنس بادام در استان فارس واقع شده است. توده های خالص و آمیخته این گونه همراه با گونه های شاخصی مانند بلوط، بنه و سایر گونه های بادام وحشی بیشترین مساحت چشم اندازهای جنگلی استان را تشکیل می دهد (Montazeri et al., 2015).

گرمایش جهانی، خشکسالی، زادآوری طبیعی نامناسب، چرای مفرط، آتش سوزی، قطع درختان، بروز آفات، امراض و آلودگی ها و توسعه نامتوازن بخش های مختلف موجب افزایش روزافزون سطح عرصه های تخریبی در جنگل های مناطق رویشی زاگرس و ایران و تورانی می شود. در احیای این عرصه های تخریبی، امکان کاشت مستقیم گونه های درختی کلیماکسی مانند بلوط و بنه وجود ندارد و استفاده از گونه های درختچه ای پیشاهنگی مانند بادامک از مناسب ترین گزینه های پیش رو است. این گونه با نرمش اکولوژیک بی نظیر خود در ایجاد پوشش و احیای جنگل های طبیعی مناطق شیب دار و خاک های فقیر به فراوانی مورد استفاده قرار گرفته است. همچنین در احیاء رویشگاه های جنگلی تخریب یافته استان فارس و سایر نقاط کشور نقش عمده ای بر عهده داشته و هنوز به عنوان یکی از گونه های بومی چند منظوره نویدبخش با ارزش های اکولوژیک، خوراکی، دارویی و اقتصادی - اجتماعی بی شمار به منظور احیاء جنگل ها و مراتع تخریب شده خشکبوم های ایران مورد توجه کارشناسان اجرایی است (Iranmanesh and Jahanbazi, 2007).

بادامک گیاهی یک پایه با گل های دو جنسی و خود ناسازگار است (Sorkheh et al., 2009). گرده افشانی در این گونه توسط حشرات مختلف از جمله زنبور عسل انجام می شود. نیازهای گرمایی این گونه برای گلدهی اندک بوده و

(2008a)، گز روغنی (Mirzaie-Nodoushan *et al.*, 2011) و بنه (Seyedi *et al.*, 2012) انجام شده است. در چندین مطالعه، تنوع ژنتیکی گونه بادامک از طریق روش‌های مولکولی بررسی شده است. Mehdigholi و همکاران (2013) در بررسی تنوع ژنتیکی شش جمعیت *A. scoparia* از قسمت‌های مختلف دامنه پراکنش این گونه در کشور با استفاده از نشانگرهای هسته‌ای SSR، بالاترین تعداد آلل‌ها را در جمعیت‌های فارس و لرستان گزارش کردند. در این مطالعه رابطه معنی‌دار بین پارامترهای تنوع ژنتیکی و ارتفاع از سطح دریا یا مکان جمعیت‌های مورد مطالعه، مشاهده نشده است. در ضمن Noormohammadi و همکاران (2013) جدایی ژنتیکی جمعیت‌های بادامک را با استفاده از نشانگرهای ISSR بررسی کردند. این جمعیت‌ها از نظر خصوصیات مولکولی، پلی‌مرفیسم آلی و هتروزیگوستی به‌طور معنی‌داری با یکدیگر تفاوت داشته و توسط مسافت از یکدیگر قابل تفکیک بودند. در این تحقیق ۴۸ درصد از کل تنوع ژنتیکی ناشی از تنوع بین جمعیت‌ها و ۵۲ درصد مربوط به تنوع درون جمعیت‌ها گزارش شده است.

حفاظت، مدیریت و استفاده از منابع ژنتیکی مناسب به‌منظور عملیات احیایی نیازمند به آگاهی از میزان و نوع تنوع است. از این‌رو هدف این مطالعه بررسی توزیع تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها و پایه‌های مادری درون جمعیت‌های بادامک به‌منظور دستیابی به منابع ژرم‌پلاسمی است که در تولید نهال، جنگل‌کاری و عملیات احیایی از ظرفیت ژنتیکی، صفات نونهالی خوب و وراثت‌پذیری بالایی برخوردار باشند، همچنین محاسبه میزان وراثت‌پذیری صفات مختلف بادامک به‌منظور شناسایی صفاتی با وراثت-پذیری بالا و پایداری بیشتر برای تمرکز مطالعات بعدی بر روی این صفات می‌باشد.

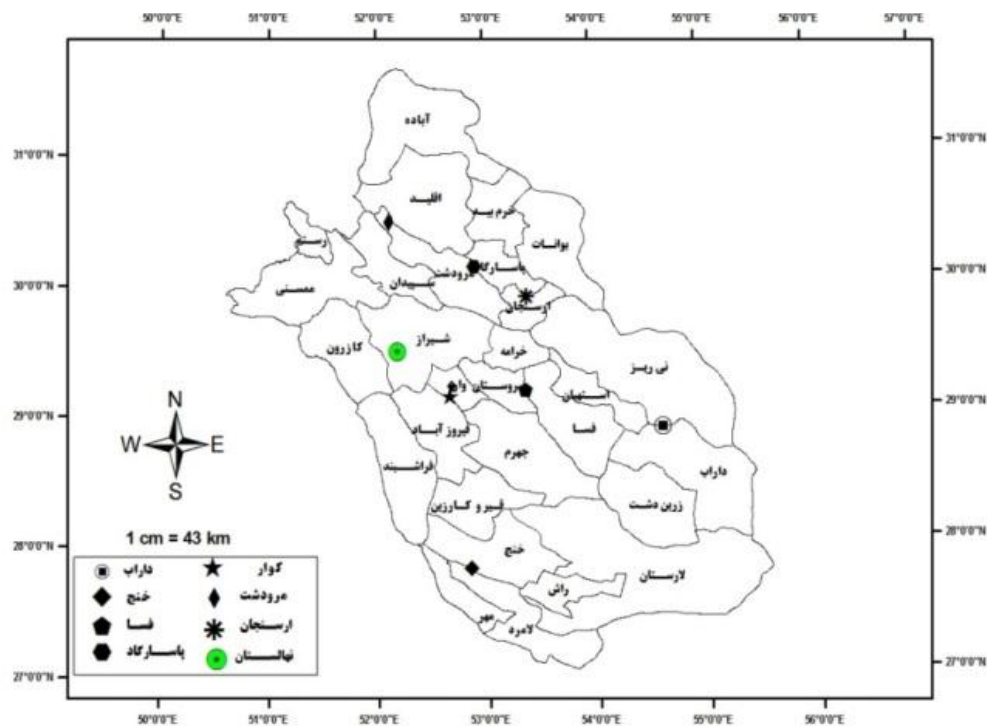
مواد و روش‌ها

در خرداد و تیرماه سال ۱۳۹۴ از هفت جمعیت طبیعی بادامک مطابق (جدول ۱) نمونه‌برداری شد. مناطق مورد مطالعه در نواحی رویشی زاگرس، ایران و تورانی و خلیج و

تکنیک‌های مختلف استفاده شده برای شناسایی آن، به‌طور قابل ملاحظه‌ای متفاوت هستند. نشانگرهای مولکولی مانند آلوزیم‌ها، AFLP، RFLP و ریزماهواره‌ها ابزارهای قدرتمندی را برای شناسایی تنوع بین و درون جمعیت‌ها فراهم می‌کنند. اما مطالعات مختلفی نشان داده‌اند که این نشانگرها برای بررسی تنوع صفات مربوط به سازگاری پیش‌بینی‌کننده‌های ضعیفی هستند. از آنجا که موفقیت جمعیت احیایی به زنده‌مانی، رشد و تولید مثل افراد بستگی دارد ملاحظات مربوط به تنوع سازشی بسیار با اهمیت هستند. به‌منظور ارزیابی تنوع سازشی در درون دامنه پراکنش یک گونه به اندازه‌گیری وراثت‌پذیری صفات با اهمیت اکولوژیک در گیاهان جمعیت‌های با مبداهای مختلف نیاز است که به‌منظور کنترل محیط به‌عنوان یکی از دلایل تنوع فنوتیپی در مکانی مشترک کاشته شده‌اند (Obrien *et al.*, 2007). آزمون توأم پروونانس و نتاج با هدف تعیین تنوع ژنتیکی درون و بین جمعیت‌ها و انتخاب مبدأ مناسب برای بذرگیری و نیز انتخاب بهترین پایه‌ها در هر مبدأ در قالب طرح‌های آشیانه‌ای اجرا می‌شود. این آزمون با حذف اثرهای محیطی و قضاوت بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیک نونهال‌های رویانده شده در شرایط محیطی یکسان، شرایط مناسبی را برای بررسی تنوع ناشی از اثرهای ژنتیکی فراهم می‌سازد. با توجه به طولانی بودن دوره رشد درختان جنگلی، ارزیابی توانمندی‌ها و ویژگی‌های گیاه از جمله قدرت استقرار و سرعت رشد اولیه در مرحله نونهالی مورد ارزیابی قرار می‌گیرد (Espahbodi *et al.*, 2008b). مهمترین شاخص مورد بررسی در آزمون نتاج، وراثت‌پذیری خصوصی است. این شاخص نشان‌دهنده مقدار نسبی کنترل ژنتیکی یک صفت خاص در جامعه است و بالا بودن و پایداری آن طی چندین سال از جمله علائق اصلاح‌گران جنگل می‌باشد. در بررسی منابع سابقه‌ای در مورد انجام آزمون‌های پروونانس و نتاج در گونه‌های بادام وحشی از جمله بادامک مشاهده نشد. اما مطالعات در این زمینه بر روی گونه‌های دیگری مانند بلوط ایرانی (Alvaninejad *et al.*, 2008)، بارانک (Espahbodi *et al.*)

ساعت در آب غوطه‌ور شده و در نهالستان کهمره سرخی در ۵۵ کیلومتری غرب شیراز در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار کاشته شد. بدین ترتیب که ۷۰ پایه مادری از هفت رویشگاه به‌عنوان ۷۰ ژنوتیپ به‌طور تصادفی در هر تکرار قرار گرفت و به‌ازای هر پایه مادری هفت بذر در گلدان‌های پلی‌اتیلنی حاوی خاک زراعی و کود دامی به‌نسبت سه به یک که به‌طور خطی قرار گرفته بودند، کاشته شد.

عمانی استان فارس قرار دارند (شکل ۱). در هر جمعیت ۱۰ درختچه با گرده‌افشانی آزاد با سیمای ظاهری و بذردهی مناسب که با فاصله تقریبی ۱۰۰ متر از یکدیگر قرار داشتند انتخاب و مختصات UTM آنها توسط دستگاه موقعیت‌یاب جهانی ثبت شد. بذره‌های هر درختچه به‌طور جداگانه در ظرف‌های برچسب‌دار جمع‌آوری و تا زمان کاشت این تفکیک هویتی حفظ گردید. در بهمن سال ۱۳۹۴ بذره‌هایی که از قبل تحت تیمار سرما و رطوبت قرار گرفته بودند، ۴۸



شکل ۱- پراکنش جغرافیایی جمعیت‌های بادامک مورد مطالعه در استان فارس و موقعیت نهالستان

اصلی نهال‌ها، با خط‌کش با دقت میلی‌متر اندازه‌گیری شد. قطر یقه با کولیس با دقت ۰/۱ میلی‌متر و تعداد برگ، تعداد ساقه و تعداد شاخه هر نهال شمارش شد. وزن تر ساقه و ریشه و وزن خشک آنها بعد از قرار گرفتن در آون ۱۱۰ سانتی‌گراد به‌مدت ۴۸ ساعت با ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۰۱ اندازه‌گیری شد.

مراقبت‌های روزمره و آبیاری تا زمان استقرار کامل نهال‌ها انجام شد. در تابستان شدت نور توسط توری‌های سایبان به ۵۰ درصد میزان اولیه تقلیل یافت. نهال‌ها در مهرماه با دقت و شستشوی ریشه از خاک خارج و نهال‌ها از محل یقه قطع و از آن محل تا نوک ساقه به‌عنوان ارتفاع و از آن محل تا انتهای ریشه به‌عنوان طول ریشه

جدول ۱- مشخصات جغرافیایی جمعیت‌های بادامک مورد مطالعه و محل نهالستان در استان فارس

رتبه	جمعیت	عرض جغرافیایی (N)	طول جغرافیایی (E)	ارتفاع از سطح دریا (m)
۱	چم ریز مرودشت	۳۰°۲۹'۱۷"	۵۲°۰۶'۲۶"	۱۹۶۰
۲	کوه خرسی پاسارگاد	۳۰°۰۷'۳۶"	۵۲°۵۴'۳۳"	۱۸۱۵
۳	دره اهر و ارسنجان	۲۹°۵۴'۲۴"	۵۳°۲۲'۴۵"	۱۶۷۰
۴	میانجنگل فسا	۲۹°۱۱'۳۳"	۵۲°۲۱'۳۷"	۱۸۲۰
۵	شاه بهرامی کوار	۲۹°۰۹'۵۴"	۵۲°۳۹'۲۶"	۱۸۰۵
۶	گردنه بالش داراب	۲۸°۵۰'۰۱"	۵۴°۳۷'۰۴"	۲۲۰۰
۷	کوه هوا خنج	۲۷°۴۹'۵۴"	۵۲°۵۰'۵۱"	۱۴۷۰
۸	نهالستان کهمره سرخی	۲۹°۲۹'۵۳"	۵۲°۱۱'۰۸"	۱۶۶۰

مدل می‌باشد. مفروضات مدل توسط آزمون باقیمانده‌ها بررسی گردید. پس از برآورد اجزای واریانس مدل، اجزاء واریانس که منفی بود در محاسبات به صفر تبدیل شدند. نسبت واریانس بین جمعیتی با استفاده از رابطه (۱) برگرفته از (Rochon et al., 2007) محاسبه شد.

رابطه ۱

$$G_{ST} = \sigma_{pop}^2 / (\sigma_{pop}^2 + \sigma_{mt(pop)}^2)$$

که در این رابطه G_{ST} واریانس نسبی بین جمعیتی، σ_{pop}^2 واریانس جمعیت و $\sigma_{mt(pop)}^2$ واریانس پایه‌های مادری آشیان شده در جمعیت است. تجزیه واریانس، تفکیک واریانس‌ها و تخمین میزان وراثت‌پذیری خصوصی برای هریک از جمعیت‌ها به‌طور جداگانه از طریق مدل ۲

مدل ۲

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + G_j + R_i \times G_j + P_k(G_j) + e_{ijk}$$

که در آن G_j اثر پایه مادری، $R_i \times G_j$ اثر متقابل پایه

تجزیه واریانس با استفاده از رویه PROC GLM و بر مبنای مدل‌های خطی انجام شد. به دلیل حذف تعداد محدودی از نتایج، تجزیه و تحلیل واریانس و اجزاء آن با استفاده از امید ریاضی اجزاء معمول مقدور نشد. از این رو واریانس‌ها از طریق محاسبه امید ریاضی میانگین مربعات مربوط به طرح‌های نامتعادل آشیانه‌ای با استفاده از رویه PROC VARCOMP نرم‌افزار SAS نگارش ۹.۱ به اجزاء مختلف تفکیک گردید. با استفاده از مدل یک برگرفته از (Rochon et al., 2007) تفاوت بین جمعیت‌ها و پایه‌های مادری آشیانه شده در جمعیت‌ها برآورد شد.

مدل ۱

$$Y_{ijkl} = \mu + R_i + L_j + G_k(L_j) + P_l(L_j \times G_k) + e_{ijkl}$$

که در این مدل، μ معرف میانگین کل مدل، R_i اثر بلوک، L_j اثر جمعیت، $G_k(L_j)$ اثر پایه‌های مادری آشیان شده در جمعیت‌ها، $P_l(L_j \times G_k)$ نشان‌دهنده اثر آشیانه‌ای نتایج در پایه‌های مادری در جمعیت و e_{ijkl} خطای کل

آشپانه‌ای نتاج در پایه مادری در جمعیت روی هیچ‌یک از صفات مورد بررسی معنی‌دار نشد (جدول ۲). معنی‌داری شدن اثر پایه‌های مادری در جمعیت نشان از آن دارد که حداقل در یکی از جمعیت‌ها تفاوت‌ها بین ده پایه مادری از نظر صفات مورد بررسی معنی‌دار است. نسبت واریانس بین جمعیتی برای کلیه صفات مورد مطالعه بیشتر از ۵۰ درصد است. به عبارت دیگر سهم مؤلفه‌های واریانس مربوط به خانواده‌های درون جمعیت‌ها پایین‌تر از سهم واریانس میان جمعیت‌هاست. به طور نمونه در مورد تعداد شاخه سهم جمعیت بیش از چهار برابر سهم درختان مادری از کل واریانس‌های ایجاد شده در مدل می‌باشد. در بین صفات مورد مطالعه بیشترین سهم واریانس جمعیت متعلق به صفت‌های نسبت ساقه به ریشه (۳۴/۲ درصد) و وزن تر ریشه (۱۳/۲ درصد) و کمترین آن متعلق به قطر یقه نونهال‌ها (۵/۹ درصد) است. در مورد سهم واریانس درختان مادری درون جمعیت‌ها نیز بیشترین سهم مربوط به تعداد ساقه (۱۱/۱ درصد) و کمترین سهم مربوط به طول ریشه (۱/۸ درصد) است (جدول ۳).

میانگین‌های صفات در جمعیت‌های مورد مطالعه تفاوت‌های زیادی را نشان دادند. حداکثر ارتفاع مربوط به جمعیت‌های خنج و کوار و حداقل مربوط به جمعیت‌های ارسنجان و داراب بود. حداکثر قطر یقه مربوط به جمعیت‌های فسا، مرودشت و کوار بود. از نظر تعداد ساقه و شاخه جمعیت‌های خنج، ارسنجان و فسا و از نظر وزن تر و خشک ریشه جمعیت مرودشت و از نظر وزن تر و خشک ساقه و تعداد برگ، جمعیت‌های خنج و کوار حائز بالاترین رتبه‌ها بودند (جدول ۴). به جز طول ریشه اصلی، تفاوت بین کلیه صفات درختان مادری درون جمعیت‌ها معنی‌دار بود.

مادری در بلوک، $P_k(G_j)$ اثر نتاج آشپان شده در پایه مادری و e_{ijk} خطای کل مدل می‌باشد، به دست آمد. با فرض نتاج هر درخت مادری به عنوان خانواده‌های ناتنی (هاف سیب)، واریانس ژنتیکی افزایشی (σ^2A) بر مبنای رابطه ($\sigma^2A = 4\sigma^2f$) برآورد شد که σ^2f واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی است. وراثت‌پذیری خصوصی بر مبنای تک درخت (h^2n) در جمعیت‌های مورد مطالعه با استفاده از رابطه (۲) و با استفاده از اجزای واریانس برآورد شد (Sebbenn *et al.*, 2003).

رابطه ۲

$$h^2n = \frac{4\sigma^2f}{\sigma^2e + \sigma^2w + \sigma^2f}$$

که در این رابطه σ^2e و σ^2w به ترتیب واریانس درون پایه‌های مادری و واریانس خطاست. ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی صفات بر اساس رابطه (۳) محاسبه شد.

رابطه ۳

$$CV_A = \sigma_A / x \times 100\%$$

که در این رابطه CV_A ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی و σ_A جذر واریانس ژنتیکی افزایشی برای یک صفت و x میانگین صفت می‌باشد.

نتایج

تجزیه واریانس بر اساس مدل آشپانه‌ای نشان داد که هر یک از صفات ارتفاع، قطر یقه، تعداد ساقه، طول ریشه اصلی، تعداد شاخه، وزن تر ساقه، وزن تر ریشه، تعداد برگ، وزن خشک ساقه، وزن خشک ریشه و نسبت ساقه به ریشه به طور معنی‌داری متأثر از جمعیت (مبدأ بذر) هستند. همچنین به جز طول ریشه اصلی، بقیه صفات متأثر از اثر آشپانه‌ای پایه‌های مادری در جمعیت بود. اثر

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌های مربوط به هفت جمعیت مختلف از بادامک بر پایه مدل آشیانه‌ای

منابع تغییر	ارتفاع نهال (سانتی متر)	قطر یقه (میلی متر)	طول ریشه		وزن تر ساقه وزن تر ریشه		تعداد برگ	وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
			تعداد ساقه	اصلی (سانتی متر)	(گرم)	(گرم)		ریشه (گرم)	ساقه (گرم)	
تکرار	۸۰۸۵/۴۳**	۱۴/۶۷۳**	۹۵/۹۷**	۱۹۵۵/۷۰**	۱۰۸/۴۰**	۸/۳۱**	۴۶۴۶۹۰/۳۷**	۰/۴۳**	۸/۱۶۲**	۳۰/۱۷**
جمعیت	۲۳/۵۷**	۲/۰۲۶**	۵۶/۱۲**	۱۷۴۷/۷۸**	۶۴/۷۹**	۱۳/۰۴۹**	۳۸۵۴۴/۶۰**	۰/۱۴**	۰/۷۹**	۴۵/۵۴**
پایه مادری در جمعیت	۱۵۳/۶۰**	۰/۲۷**	۵/۵۸**	۱۲۹/۵۵ ^{ns}	۲/۴۴**	۰/۶۴**	۱۶۷۵/۷۷**	۰/۰۱۱**	۰/۰۵۱**	۱/۰۴۷**
نتاج در پایه مادری در جمعیت	۶۱/۸۰ ^{ns}	۰/۱۲۶ ^{ns}	۱/۲۴ ^{ns}	۷۹/۲۶ ^{ns}	۱/۰۵ ^{ns}	۰/۳۳ ^{ns}	۶۰۳/۴۸ ^{ns}	۰/۰۰۴ ^{ns}	۰/۰۲۴ ^{ns}	۰/۲۶ ^{ns}
خطا	۷۰/۷۷	۰/۱۳	۱/۵۱۶	۱۰۱/۶۳	۱/۴۲	۰/۳۶	۸۸۲/۸۱	۰/۰۰۵	۰/۰۲۸	۰/۳۵

** تفاوت‌ها در سطح ۰/۰۱ معنی دار، * تفاوت‌ها در سطح ۰/۰۵ معنی دار و ns: عدم معنی داری تفاوت‌ها

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

نسبت واریانس بین جمعیتی	خطا	نتاج در پایه مادری در جمعیت	پایه مادری در جمعیت	جمعیت	تکرار	صفت
۰/۶۲	۷۰/۷ (%۷۰/۱)	-۱/۴(۰)	۵/۱ (%۵/۱)	۸/۳۵ (%۸/۴)	۱۷/۸۴ (%۱۷/۸)	ارتفاع نهال
۰/۵۷	۰/۱۳۲ (%۷۰/۳)	-۰/۰۰۰۱(۰)	۰/۰۰۸ (%۴/۵)	۰/۰۱۱ (%۵/۹)	۰/۰۳۶ (%۱۹/۲)	قطر یقه
۰/۵۳	۱/۵۲ (%۶۶/۲)	-۰/۱۰ (۰)	۰/۲۵ (%۱۱/۱)	۰/۲۹ (%۱۳/۱)	۰/۲۲ (%۹/۶)	تعداد ساقه
۰/۸۲	۹۹/۹ (%۸۵/۳)	-۵/۹ (۰)	۲/۱ (%۱/۸)	۹/۹ (%۸/۵)	۵/۲ (%۴/۵)	طول ریشه اصلی
۰/۸۰	۱/۴ (%۷۲/۶)	-۰/۱(۰)	۰/۰۸ (%۴/۴)	۰/۳۴ (%۱۷/۲)	۰/۱۲ (%۵/۹)	تعداد شاخه
۰/۸۲	۰/۳۶ (%۵۲/۱)	-۰/۰۰۱(۰)	۰/۰۱۵ (%۲/۲)	۰/۰۷ (%۱۰)	۲/۲۵ (%۳۵/۷)	وزن تر ساقه
۰/۸۴	۰/۱۱ (%۷۰/۷)	-۰/۰۰۰۸(۰)	۰/۰۰۴ (%۳/۱)	۰/۰۲۲ (%۱۳/۲)	۰/۰۲۱ (%۱۳/۱)	وزن تر ریشه
۰/۷۸	۸۳۴/۴۶ (%۳۸/۳)	-۶۷/۲۷(۰)	۵۹/۸۷ (%۲/۷)	۲۲۱/۰۴ (%۱۰/۱)	۱۰۶۴/۷ (%۴۸/۸)	تعداد برگ
۰/۶۳	۰/۰۰۵ (%۷۲/۷۹)	-۰/۰۰۰۵(۰)	۰/۰۰۰۴ (%۴/۹)	۰/۰۰۰۷ (%۹/۸)	۰/۰۰۱ (%۱۲/۴)	وزن خشک ریشه
۰/۸۰	۰/۰۲۹ (%۵۴/۵)	-۰/۰۰۱(۰)	۰/۰۰۱ (%۲/۴)	۰/۰۰۴ (%۷/۸)	۰/۰۱۸ (%۳۵/۳)	وزن خشک ساقه
۰/۸۵	۰/۳۷ (%۵۱/۶)	-۰/۰۰۹(۰)	۰/۰۰۴ (%۶/۲)	۰/۲۴ (%۳۴/۲)	۰/۰۵ (%۸/۱)	نسبت ساقه به ریشه

اعداد داخل پرانتز سهم نسبی واریانس‌ها به درصد می‌باشد.

جدول ۴- میانگین ویژگی‌های مورفولوژیک مورد مطالعه هفت جمعیت بادامک در استان فارس

نسبت ساقه به ریشه	وزن خشک ساقه (گرم)	وزن خشک ریشه (گرم)	تعداد شاخه	وزن تر			طول ریشه			ارتفاع (سانتی متر)	صفت
				وزن تر ساقه (گرم)	وزن تر ریشه (گرم)	تعداد برگ	اصلی (سانتی متر)	تعداد ساقه	قطر یقه (میلی متر)		
۲/۷ ^a	۰/۴۷ ^a	۰/۲۱ ^d	۲/۱۷ ^a	۰/۶۹ ^e	۱/۷ ^a	۸۸/۲ ^a	۱۳/۶ ^e	۲/۶ ^a	۲/۶۸ ^b	۲۳/۴ ^a	خنج
۱/۲ ^{cd}	۰/۲۹ ^c	۰/۲۳ ^{cd}	۰/۳۲ ^c	۰/۹۶ ^{cd}	۱/۱ ^c	۵۴/۳ ^{cd}	۲۲/۳ ^a	۱/۹ ^c	۲/۶۸ ^b	۱۶/۹ ^c	داراب
۱/۳ ^c	۰/۳۱ ^c	۰/۲۰ ^d	۰/۶۵ ^{ab}	۰/۸۶ ^d	۱/۱۳ ^c	۶۴ ^{bc}	۲۰/۳ ^{ab}	۲/۴ ^{ab}	۲/۷۱ ^b	۱۵/۷ ^c	ارسنجان
۱/۱ ^d	۰/۳۳ ^{bc}	۰/۲۶ ^{ab}	۰/۲۱ ^d	۱/۱ ^{ab}	۱/۲ ^c	۵۱/۴ ^d	۲۱/۱ ^{ab}	۱/۳ ^d	۲/۷۴ ^b	۲۱/۴ ^{ab}	پاسارگاد
۱/۵ ^b	۰/۴۵ ^a	۰/۲۴ ^{bc}	۰/۴۰ ^{bc}	۱/۷ ^{ab}	۱/۶ ^{ab}	۷۰ ^b	۱۸/۳ ^{bc}	۲/۱ ^{bc}	۲/۸۶ ^a	۲۳/۲ ^a	کوار
۱/۵ ^b	۰/۳۹ ^b	۰/۲۷ ^a	۰/۶۱ ^{ab}	۱/۵ ^{bc}	۱/۵ ^b	۶۷/۹ ^b	۱۷/۱ ^{cd}	۲/۴ ^{ab}	۲/۹۷ ^a	۱۹/۸ ^b	فسا
۱/۱ ^d	۰/۳۲ ^c	۰/۲۸ ^a	۰/۳۱ ^d	۱/۲ ^a	۱/۲ ^c	۳۶/۷ ^e	۱۴/۶ ^{de}	۱/۱ ^d	۲/۸۸ ^a	۲۲/۴ ^{ab}	مروذشت

میانگین‌های هر ستون که دارای حروف مشترک هستند از نظر آماری اختلاف معنی‌داری ندارند.

جدول ۵- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس جداگانه داده‌های مربوط به هفت جمعیت از بادامک بر پایه مدل آشیانه‌ای

نسبت ساقه به ریشه	وزن خشک ساقه	وزن خشک ریشه	تعداد برگ	وزن تر			تعداد شاخه	طول ریشه اصلی	تعداد ساقه	قطر یقه	ارتفاع	صفت منابع تغییر
				وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ						
۰/۶۶**	۰/۵۲*	۰/۰۰۶**	۲۷۱۴/۶**	۰/۱۸**	۰/۴۹*	۰/۸۷ ns	۹۸/۸۵ ns	۱۰/۳۷**	۰/۳۱۱**	۶۷/۳۹ ns	ارسنجان	
۰/۱۳ ns	۰/۰۱ ns	۰/۰۱۱**	۷۴۳/۷۴ ns	۰/۰۹ ns	۰/۰۷۲ ns	۲/۵**	۱۵۸/۵۰ ns	۷/۹۲**	۰/۰۷ ns	۲۳۹/۰۴**	داراب	
۰/۷۹**	۰/۰۳۴ ns	۰/۰۰۷ ns	۲۰۶۸/۵**	۰/۱۹*	۰/۲۵ ns	۱/۵۶ ns	۱۳۴/۹۶*	۸/۵**	۰/۱۹۳*	۱۳۸/۴۱**	فسا	
۰/۷۳**	۰/۱۰**	۰/۰۲۶**	۲۵۳۰/۳۰**	۰/۳۶**	۱/۸۲**	۰/۸۵۲ ns	۱۳۷/۶۲ ns	۴/۲۳*	۰/۳۶**	۲۲۸/۲۱**	کوار	
۳/۷**	۰/۰۶۱*	۰/۰۰۶۷*	۱۸۳۴/۲۹ ns	۰/۱۳*	۰/۷۲ ns	۱۵/۳**	۱۲۳/۵**	۴/۷۹*	۰/۳۸**	۲۱۵/۶**	خنج	
۰/۵۲**	۰/۰۳۷*	۰/۰۰۵ ns	۵۴۲/۲**	۰/۲۷۷ ns	۰/۶۷**	۱/۷۳**	۷۲ ns	۰/۳۰*	۰/۲۷۲ ns	۶۲/۰۹ ns	مروذشت	
۰/۲۷ ns	۰/۰۴ ns	۰/۰۱۰*	۸۴۱/۶۶ ns	۰/۱۶ ns	۰/۵۵	۰/۷۸*	۸۳/۰۵ ns	۱/۳۰*	۰/۳۲**	۹۳/۰۷ ns	پاسارگاد	

** تفاوت‌ها در سطح ۰/۰۱ معنی‌دار، * تفاوت‌ها در سطح ۰/۰۵ معنی‌دار و ns: عدم معنی‌داری تفاوت‌ها

دار داشته و در بعضی از صفات تفاوت‌های آماری معنی‌دار نبود (جدول ۵). از این جهت تفکیک اجزاء بیومتریکی واریانس صفات انجام شد که نتایج آن در (جدول ۶) ارائه شده است.

در تجزیه واریانس داده‌های جمعیت‌ها به صورت جداگانه نیز اختلاف درون جمعیتی آشکار شد. به نحوی که در هر هفت جمعیت، پایه‌های مادری مورد مطالعه از نظر برخی صفات در سطوح یک و پنج درصد با یکدیگر اختلاف معنی-

جدول ۶- اجزاء تشکیل‌دهنده واریانس صفات به تفکیک در هفت جمعیت بادامک

جمعیت ارسنجان												
منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه اصلی	تعداد شاخه	وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ	وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
										وزن خشک ریشه	وزن خشک ساقه	
تکرار	۱/۲۹	۰/۰۲۹	۰/۲۳	۳/۱۰	۱/۵۴	۰/۱۵	۰/۰۰۸	۱۵۲۶/۸	۰/۰۰۰۱۲	۰/۰۱۱	۰/۱۵	
پایه مادری	-۳/۴۳	۰/۰۰۹	۰/۴۴	-۰/۲۸	۰/۰۵۷	۰/۰۰۷	۰/۰۰۳	۷۰/۲۰	۰/۰۰۰۱۱	۰/۰۰۱۵	۰/۰۱	
تکرار × پایه مادری	۷/۴۸	۰/۰۱۲	۰/۰۴۵	۲/۰۲	-۰/۰۶	-۰/۰۰۴	۰/۰۰۵	-۳۰/۹۷	۰/۰۰۰۲۶	-۰/۰۰۰۵	۰/۰۱۲	
درختان در پایه مادری	۱۳/۳۳	۰/۰۰۹	۰/۲۰	۱/۸۳	-۰/۱۴۳	۰/۰۰۳	۰/۰۰۲	۷۷/۹۷	۰/۰۰۰۱۲	۰/۰۰۰۰۲	۰/۰۰۱۹	
خطا	۷۷/۰۴	۰/۰۸۹	۱/۸۹	۹۴/۸	۱۱/۱۳	۰/۲۶	۰/۰۶۷	۶۸۴/۸۰	۰/۰۰۰۲۶	۰/۰۲۲	۰/۱۷۱	

جمعیت داراب												
منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه اصلی	تعداد شاخه	وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ	وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
										وزن خشک ریشه	وزن خشک ساقه	
تکرار	۲۶/۹	۰/۰۵	۰/۰۴۶	-۱/۰۸	۰/۸۹۳	۰/۱۶۲	۰/۰۳۵	۵۲۰/۱۲	۰/۰۰۵	۰/۰۱۵	۰/۰۳۹	
پایه مادری	۶/۳	-۰/۰۰۶	۰/۳۱۰	-۶/۰۸	۰/۷۶	-۰/۰۰۶	-۰/۰۰۶	۲/۶۳	-۰/۰۰۰۰۵	-۰/۰۰۰۱۹	-۰/۰۰۰۶	
تکرار × پایه مادری	۸/۳	۰/۰۲۱	۰/۰۶۳	۲۳/۴۰	۰/۳۱	۰/۰۰۲	۰/۰۱۶	۵۰/۹۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰۲	۰/۰۱۶	
درختان در پایه مادری	۴/۰	-۰/۰۰۶۶	-۰/۰۴	۷/۸۲	-۰/۴۳	۰/۰۰۱	۰/۰۱۸	-۲۷/۰۵	۰/۰۰۰۳	۰/۰۰۰۱	۰/۰۰۰۸	
خطا	۳۷/۹۶	۰/۰۹۹	۱/۴۶	۹۱/۳۴	۶/۰۸	۰/۱۸	۰/۰۵۱	۴۱۱/۷۹	۰/۰۰۰۳۲	۰/۰۱۵	۰/۱۴۵	

جمعیت فسا												
منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه اصلی	تعداد شاخه	وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ	وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
										وزن خشک ریشه	وزن خشک ساقه	
تکرار	۲۳/۴۴	۰/۰۰۷	۰/۴۶۵	۳۰/۲۳	۳/۱۵	۰/۲۸	۰/۰۲۲	۱۱۷۸/۸	۰/۰۰۴	۰/۰۱	۰/۱۸۸	
پایه مادری	۷/۰۵	-۰/۰۰۷	۰/۲۷۱	۴/۳۲	-۰/۴۳	-۰/۰۰۷	۰/۰۰۱	۱۳/۸۳	-۰/۰۰۰۰۷	۰/۰۰۰۳	۰/۰۲۴	
تکرار × پایه مادری	-۳/۲	۰/۰۱۸	۰/۲۷۶	۰/۲۰	۱/۴	۰/۰۰۹	۰/۰۰۸	۱۳۳/۴۰	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۰/۰۰۹۷	
درختان در پایه مادری	-۶/۳	۰/۰۲۲	۰/۰۳۹	-۱/۴۳	-۰/۴۱	۰/۰۰۳	۰/۰۱۱	۳/۴۷	-۰/۰۰۰۰۴	-۰/۰۰۱	۰/۰۰۵	
خطا	۵۳/۰۱	۰/۱۱۸	۱/۵۲	۶۱/۲۴	۸/۹۶	۰/۲۴	۰/۰۷	۵۸۷/۷	۰/۰۰۴	۰/۰۲	۰/۲۲	

جمعیت کوار

منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه		تعداد شاخه	وزن تر		وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
					اصلی	تعداد ساقه		ریشه	ساقه	تعداد برگ	ریشه	
تکرار	۴۶/۷	۰/۰۶	۰/۷۰۶	۲۴/۱۲	۱/۷۴	۰/۷۴۷	۰/۰۶۲	۲۲۹۶/۸	۰/۰۰۰۴۴	۰/۰۵۴	۰/۱۳۴	
پایه مادری	۹/۱	۰/۰۰۷	۰/۱۴۰	-۱/۶۶	۰/۰۰۷۹	۰/۰۴۶	۰/۰۰۶۳	۷۴/۸۰	۰/۰۰۰۷۵	۰/۰۰۳۳	۰/۰۰۶۱	
تکرار × پایه مادری	-۱/۲	۰/۰۰۱	۰/۲۲۰	۱۵/۸۶	۰/۴۶	۰/۰۴۰	۰/۰۱۳	۸۲/۰۲	۰/۰۰۱۰	۰/۰۰۰۳۰	۰/۰۰۶۳	
درختان در پایه مادری	-۱/۷	/۰۱	-۰/۱۰۷	-۰/۸۵۷	۰/۰۱۳	۰/۰۷۶	۰/۰۱۳	۴۴	۰/۰۰۰۴	۰/۰۰۳۰	۰/۰۱۵	
خطا	۷۰/۷	۰/۱۰	۱/۶۷۵	۷۵/۳۷	۶/۵۹	۰/۴۹۸	۰/۱۲	۷۶۱	۰/۰۰۴۱	۰/۰۳۸	۰/۲۶	

جمعیت خنج

منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه		تعداد شاخه	وزن تر		وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
					اصلی	تعداد ساقه		وزن تر ریشه	ساقه	تعداد برگ	ریشه	
تکرار	۳۹/۹	۰/۰۶۵	۰/۸۱	۳/۱۲	۱/۹۱	۰/۵۱	۰/۰۴۹	۲۷۵۰/۱	۰/۰۰۰۱۷	۰/۰۳۹	۰/۰۵۶	
پایه مادری	۱۱/۱۱	۰/۰۳۱۱	۰/۲۱	۳/۶۷	۰/۳۰۲	۰/۰۱۷	۰/۰۰۷۶	-۴/۷۵	۰/۰۰۰۱۳	۰/۰۰۲۲	۰/۱۹۶	
تکرار × پایه مادری	۰/۲۷	-۰/۰۰۹۸	۰/۲۹	۱۰/۹۴	۰/۶۳	۰/۰۰۸۷	-۰/۰۰۳۶	۲۵۸/۳۴	۰/۰۰۰۰۵	-۰/۰۰۰۴۲	۰/۲۷۶	
درختان در پایه مادری	۴/۸۶	۰/۰۰۵۷	-۰/۱۴	-۰/۶۳	۰/۴۰	۰/۰۴۴	۰/۰۰۷۷	-۱۷/۵۷	۰/۰۰۰۰۳	۰/۰۰۲۰	-۰/۰۶۶	
خطا	۶۶/۹۷	۰/۱۰۴	۱/۶۶	۴۵/۱۷	۱۲/۰۵	۰/۰۴۱	۰/۰۵۵	۹۸۱/۵۴	۰/۰۰۳۲	۰/۰۳۱	۰/۹۰۸	

جمعیت مرودشت

منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه		تعداد شاخه	وزن تر		وزن خشک		نسبت ساقه به ریشه
					اصلی	تعداد ساقه		وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ	ریشه	
تکرار	-۱/۱۹۵	۰/۰۱۳	۰/۰۰۴۴	۲۴/۸	۱/۴۰	۰/۰۳۰	-۰/۰۰۰۲	۴۰/۸۳	۰/۰۰۲۶	۰/۰۲۱	۰/۰۱۸	
پایه مادری	-۱/۲۷	-۰/۰۱۴	۰/۰۰۰۳۹	-۱/۶	۰/۶۶	-۰/۰۰۸	۰/۰۰۶	۸/۸۹	-۰/۰۰۰۰۵	-۰/۰۰۰۰۶	۰/۰۰۷	
تکرار × پایه مادری	۷/۲	۰/۰۵۶	۰/۰۰۹۵	۳/۷	۰/۵۲	۰/۰۸	۰/۰۰۴	۱۸/۳۱	۰/۰۰۰۴۷	۰/۰۰۰۴	۰/۰۳۸	
درختان در پایه مادری	۵/۹	۰/۰۰۹	۰/۰۰۶	-۱/۴	-۰/۴۵	۰/۰۱۵	-۰/۰۰۵	۱/۴۹	-۰/۰۰۰۷۳	۰/۰۰۱۷	-۰/۰۰۷	
خطا	۳۱/۹	۰/۱۴	۰/۱۴۴	۷۱/۲	۱۲/۰۵	۰/۱۹	۰/۱۶	۱۲۲/۷۹	۰/۰۰۷	۰/۰۱۴	۰/۱۴۵	

جمعیت پاسارگارد

منابع تغییر	صفت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه		تعداد شاخه	وزن تر ساقه و وزن تر ریشه			تعداد برگ	وزن خشک و وزن خشک نسبت ساقه به ریشه			
					اصلی	ساقه		وزن تر	وزن خشک	نسبت		ساقه	ریشه		
تکرار	۴۱/۱۱	۰/۰۵۲	۰/۰۳۴	۶۱/۴۹	۰/۱۲	۰/۲۲۸	۰/۰۳۱۲	۸۲۷/۷۲	۰/۰۰۰۱۶	۰/۰۲۵	۰/۱۲۸	۰/۰۰۰۰۵	۰/۰۰۰۰۳۸	۰/۰۰۰۰۰۵	۰/۰۰۰۰۰۰۵
پایه مادری	-۳/۱۹	۰/۰۰۶۷	۰/۰۰۶۸	۱/۵۵	۰/۰۹	۰/۰۰۶	-۰/۰۰۱۷	-۶	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	-۰/۰۰۰۰۰۰۰۰
تکرار × پایه مادری	۱۱/۹۶	۰/۰۱۵	۰/۱۲۹	-۱/۶۴	۰/۴۶	۰/۰۳۷	۰/۰۰۰۹	۱۱۴/۶۵	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰
درختان در پایه مادری	-۲/۳۱	-۰/۰۰۳۷	-۰/۰۰۸۴	-۰/۱۱۵	۰/۸۱	-۰/۰۱۵	-۰/۰۰۳۵	۴۶۷/۰۴	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰
خطا	۷۲/۳	۰/۱۰۵	۰/۶۱۵	۹۱/۲۷	۴/۴۱	۰/۲۹۴	۰/۱۱	۴۶۷/۰۴	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰	۰/۰۰۰۰۰۰۰۰

وراثت پذیری خصوصی و واریانس ژنتیکی افزایشی صفات نتایج نشان از تفاوت میزان وراثت پذیری صفات در جمعیت‌های مختلف داشت. بیشترین میزان وراثت‌پذیری مربوط به صفات ارتفاع، قطر یقه، وزن تر ریشه، وزن تر ساقه و نسبت ساقه به ریشه در جمعیت خنج و میزان وراثت‌پذیری صفات در این جمعیت از صفر تا ۰/۸۸ در نوسان بود. میزان وراثت‌پذیری بعضی از صفات در برخی از جمعیت‌های صفر بود (جدول ۷). لازم به ذکر است که منفی شدن برخی از اجزاء واریانس به مفهوم صفر بودن آن جزء از واریانس می‌باشد. ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی

اندازه استاندارد شده واریانس ژنتیکی افزایشی را نسبت به میانگین صفت ارائه می‌نماید. هر چقدر میزان این ضریب بالاتر باشد تنوع نسبی آن بالاتر است. در این تحقیق واریانس ژنتیکی افزایشی از حداقل صفر تا حداکثر ۵۸ درصد برای تعداد ساقه در نوسان بود. حداکثر ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی مربوط به صفات تعداد شاخه و ساقه و حداقل آن به صفت قطر یقه تعلق داشت. در میان هفت جمعیت مورد مطالعه ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی جمعیت خنج و کمترین آن به جمعیت داراب مربوط بود (جدول ۸).

جدول ۷- مقدار وراثت‌پذیری خصوصی صفات نتاج درون جمعیت‌های مورد مطالعه

صفت جمعیت	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه		تعداد شاخه	وزن تر		تعداد برگ	وزن خشک ریشه	وزن خشک ساقه	نسبت ساقه به ریشه
				اصلی	ریشه		وزن تر ساقه	وزن تر ریشه				
خنج	۰/۵۳	۰/۸۸	۰/۳۹	۰/۲۵	۰/۱۵	۰/۶۱	۰/۴۳	۰	۰/۱۴	۰/۲۵	۰/۵۷	
کوار	۰/۴۶	۰/۲۴	۰/۲۸	۰	۰/۰۲	۰/۲۸	۰/۱۷	۰/۳۱	۰/۴۸	۰/۳۰	۰/۰۷	
فسا	۰/۴۷	۰	۰/۵۱	۰/۲۶	۰	۰	۰/۰۴	۰/۰۷	۰	۰/۰۶	۰/۳۷	
داراب	۰/۴۵	۰	۰/۶۸	۰	۰/۴۳	۰	۰	۰/۰۲	۰	۰	۰	
پاسارگارد	۰	۰/۲۱	۰/۰۴	۰/۰۷	۰/۰۶	۰/۰۷	۰	۰	۰/۰۳	۰	۰/۰۷	
ارسنجان	۰	۰/۳۲	۰/۶۸	۰/۰۱	۰/۰۲	۰/۱۱	۰/۱۶	۰/۳۴	۰/۱۴	۰/۲۶	۰/۲۱	
مروودشت	۰	۰	۰/۰۱	۰	۰/۳۴	۰	۰/۱۴	۰/۲۳	۰	۰	۰/۱۵	

جدول ۸- مقدار ضریب تنوع ژنتیکی افزایشی صفات به درصد در نتاج درون جمعیت‌های مورد مطالعه

صفت پروونس	ارتفاع	قطر یقه	تعداد ساقه	طول ریشه اصلی	تعداد شاخه	وزن تر ساقه	وزن تر ریشه	تعداد برگ	وزن خشک ریشه	وزن خشک ساقه	نسبت ساقه به ریشه
خنج	۲۸/۴	۱۳/۱	۳۵/۲	۲۸/۱	۵۰/۶	۱۵/۳	۲۵/۹	-	۱۰/۸	۱۹/۹	۳۲/۷
داراب	۲۹/۷	-	۵۸/۶	-	۳۲	-	-	۵/۹	۱/۹	-	-
ارسنجان	-	۷	۵۵/۲	۵/۲	۵۵	۱۴/۸	۱۲/۷	۲۶/۱	۱۰/۴	۲۴/۹	۱۵/۴
پاسارگاد	-	۵/۹	۱۲/۶	۱۱/۸	۲۱	۱۲/۹	-	-	۴/۷	-	-
کوار	۲۶	۵/۸	۳۵/۶	-	۴۴	۲۶/۸	۹/۳	۲۴/۷	۲۲/۸	۳۴/۷	۱۰/۴
فسا	۲۶/۸	-	۴۳/۳	۲۴/۳	-	-	۴/۲	۱۰/۹	-	۸/۸	۲۰/۶
مرودشت	-	-	۳/۶	-	۳۱	-	۱۲/۹	۱۶/۲	-	-	۱۵/۲

بحث

صفات مورد مطالعه در جمعیت‌ها و پایه‌های مادری درون جمعیت‌ها تنوع معنی‌داری را نشان دادند. الگوهای تنوع در صفات مورد مطالعه در جمعیت‌ها و پایه‌های مادری درون جمعیت متفاوت است. نسبت واریانس بین جمعیتی (جدول ۳) در کلیه صفات مورد بررسی بیشتر از ۵۰ درصد است و نشان می‌دهد که تفاوت بین جمعیت‌ها از تفاوت بین درختان مادری در هر جمعیت، نقش بیشتری در ایجاد واریانس‌ها داشته است. در نتیجه تنوع بین جمعیتی از تنوع درون جمعیتی بیشتر است. بالاتر بودن مقادیر تنوع بین جمعیت‌ها نسبت به پایه‌های مادری درون جمعیت‌ها نشان‌دهنده آن است که جمعیت‌ها از یکدیگر ایزوله بوده و جریان ژن برای هم‌پوشانی اثر انتخاب طبیعی و یا رانش ژنتیکی کافی نیست (Sudrajat et al., 2015). بزرگتر بودن میزان سهم واریانس جمعیت‌ها نسبت به سهم واریانس پایه‌های مادری درون جمعیت‌ها در آزمون‌های توأم پروونس و نتاج توسط (Alvaninejad et al., 2009) برای *Quercus brantti* (Li et al., 1993) در گونه *Picea glauca* در کانادا و (Zeng

et al., 1994) برای *Pinus caribaea* در چین و (Sebbenn 2003) برای گونه *Araucaria angustifolia* در برزیل گزارش شده است. از نظر اجزاء ژنتیکی واریانس، جمعیت‌ها از تنوع ژنتیکی مناسبی برخوردار هستند و وجود تنوع ژنتیکی درون جمعیتی نیز قابل توجه است. از این رو گزینش به منظور اهداف اصلاحی امکان‌پذیر است.

پراکنش مکانی، فنولوژی گلدهی، مکانیسم‌های ناسازگاری و الگوهای پراکنش دانه و گرده همگی در ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها دخیل هستند. وضعیت ژنتیکی جمعیت در هر لحظه و میزان تغییرات آن برآیندی از ترکیب همه این عوامل خواهد بود (Murillo & Roeha., 1999). بادامک به علت خود ناسازگاری گامتوفیتی یک گونه دگر لقاح اجباری است که این موضوع سبب می‌شود که هر جمعیت بادامک بسیار ناهمگون بوده و هر ژنوتیپ نیز دارای سطوح بالایی از هتروزیگوسیتی (ناخالصی) باشد (Zeinalabedini et al., 2007). در این زمینه Zohary و Hofe (2000) تنوع ژنوتیپ‌های وحشی بادام را ناشی از خود

استقرار مناسب است. تخمین وراثت‌پذیری جمعیت‌های مورد مطالعه نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری صفات در جمعیت‌های مختلف متفاوت است. با این حال برخی جمعیت‌ها مانند خنج و کوار دارای نهال‌های با میانگین ارتفاع، قطر یقه، وزن تر و خشک ساقه بالاتر و میزان وراثت‌پذیری بیشتری را برای این صفت نشان می‌دهند (جدول ۷). جمعیت‌های مانند ارسنجان و فسا از نظر تعداد شاخه از میانگین بالایی برخوردار بوده (جدول ۴) و وراثت‌پذیری بالایی داشتند (جدول ۷). گزینش این صفات به علت کمتر بودن اثرهای محیطی مؤثر و کارآمدتر خواهد بود و می‌توان این صفات رویشی را در این جمعیت‌ها ارتقاء بخشید. تفاوت میزان وراثت‌پذیری بین جمعیت‌های طبیعی امری طبیعی است، زیرا وراثت‌پذیری یک صفت به فراوانی آلل مربوط به آن صفت در جمعیت، عوامل محیطی و اثر متقابل ژن و عوامل محیطی بستگی دارد. وراثت‌پذیری صفر در بعضی از صفات در جمعیت‌های مختلف بدین معنا است که واریانس افزایشی در آن جمعیت و محیط وجود ندارد، به طوری که واریانس فنوتیپی کاملاً محیطی و ژنتیک غیرافزایشی است. البته پایین بودن میزان وراثت‌پذیری یک صفت می‌تواند ناشی از کم بودن آلل مرغوب، تثبیت یک آلل در اثر انتخاب طبیعی، تنوع ژنتیکی کم درختان مادری و تأثیرپذیری صفت از محیط باشد (Zolfaghari et al., 2013). به جز موارد یاد شده، کم بودن میزان وراثت‌پذیری بعضی از صفات مورد مطالعه مانند طول ریشه اصلی در اغلب جمعیت‌ها احتمالاً به علت سن کم گیاهان این آزمون است و نشان می‌دهد که کنترل ژنتیکی این پارامترها هنوز ضعیف است و محیط بر بیان فنوتیپی این صفات سهم قوی‌تری دارد و گزینش این صفات در این بازه زمانی مطالعه کارآمد نیست (Sudrajat et al., 2016). بنابراین ضرورت دارد که میزان وراثت‌پذیری این صفات در آزمون‌های با سنین بالاتر تعیین و مشخص شود که آیا این میزان افزایش، کاهش و یا نسبتاً باثبات باقی می‌ماند (Rochon et al., 2007). در این زمینه Zobel و Talbert

ناسازگاری و امکان گرده‌افشانی و لقاح آزاد بین و داخل گونه‌های مختلف بادام دانسته‌اند. این نوع گرده‌افشانی، سبب هتروزیگوسیتی و تنوع مورفولوژیکی بالایی در ژنوتیپ‌های بادام می‌شود، به گونه‌ای که حتی کار طبقه‌بندی آنها را مشکل می‌کند. با مطالعه نشانگرهای هسته‌ای SSR تنوع گسترده‌ای در جمعیت‌های بادامک ایران توسط Mehdiigholi و همکاران (2013) گزارش شد. این محققان تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌های بادامک را ناشی از سازگاری با شرایط محلی در جمعیت‌هایی که در فواصل زیادی از هم قرار دارند، دانسته‌اند. در بررسی جدایی جمعیت‌های بادامک Noormohammadi و همکاران (2013) با استفاده از نشانگرهای ISSR، ۴۸٪ از کل تنوع ژنتیکی را ناشی از تنوع بین جمعیت‌ها و ۵۲٪ را ناشی از تنوع درون جمعیت‌ها گزارش کردند که با نتایج حاصل از این تحقیق مطابقت ندارد. از آنجا که صفات کمی همیشه همان روندهای ساختار ژنتیکی نشانگرهای ژنتیکی را نشان نمی‌دهند محققان زیادی ترکیب تنوع فنوتیپی و تنوع نشانگرهای ژنتیکی را به منظور تعیین ساختار ژنتیکی جمعیت‌ها توصیه نموده‌اند (Zhang et al., 2015). پارامترهای همانند اندازه و مکان توده‌ها ممکن است در شکل دادن تنوع ژنتیکی درون توده‌ها نقش داشته باشند. توده‌های با اندازه کوچک ممکن است در نهایت توسط رانش تصادفی متمایز شوند. جمعیت‌های مانند جمعیت مرودشت که در بالاترین حد گسترش شمالی این گونه در استان فارس قرار دارد و جمعیت‌های بادامک شرق فارس مانند داراب و ارسنجان که در مجاورت کویر قرار دارند به علت پیکربندی کم و بیش خطی و به علت حضور کویر در یک سمت، ژن‌های بیرونی کمتری را از طریق مهاجرت ژنی دریافت می‌کنند و احتمالاً از میزان تنوع ژنتیکی کمتری برخوردار هستند (Harfouche et al., 2003).

موفقیت در گسترش و احیاء یک گونه گیاهی نیازمند استفاده از منابع ژنتیکی توانمند و با قابلیت‌های رویشی و

اطمینان در مورد پایه‌های برتر سخن گفت اما می‌توان حداقل پایه‌های مادری ضعیف را که در جریان آزمون از بین رفته و یا عملکرد ضعیفی داشته‌اند را شناسایی و حذف کرد که این موضوع سبب افزایش دستاورد در سال‌های آینده و کاهش هزینه‌های کاشت و تولید نهال در نهالستان خواهد شد.

سیاسگزاری

بدین وسیله از زحمات مهندس کرمی، مهندس بهمن شهبازی، مهندس سلمان رافعی، آقایان شکبیا، فرخ عباسپور، علی‌رضا منوچهری، نواب شاکری و دیگر دوستانی که در امر عزیمت و جمع‌آوری بذرها مساعدت لازم مبذول داشته‌اند و آقای مهندس رضایی (مسئول نهالستان کهمره سرخی) و کلیه کارکنان آن نهالستان که در اجرای این تحقیق از هیچ‌گونه کمکی دریغ نکردند صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود.

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 (In Persian).
- Bihamta, M.R., Shabaniyan, N., Rahmani, M.Sh. and Vafaei, T., 2014. Forest Genetics (translation). University of Tehran Press, 861p. (In Persian).
- Bordbar, K., Sagheh-Talebi, Kh., Hamzhepour, M., Joukar, L., Pakparvar, M. and Abbasi, A.R., 2010. Impact of environmental factor on distribution and some quantitative characteristics of Manna oak in Fars province. Iranian Journal of Forest and Poplar Research, 18: 390–404 (In Persian).
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H., Tabari, M., Akbarinia, M., Dehghan-Shuraki, Y. and Jalali, S.G., 2008b. Genetic variation in early growth characteristics of two populations of wild service tree *Sorbus torminalis* (L.) rantz and their inter relationship. Silvae Genetica, 57: 340–348.
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H., Tabari, M., Akbarinia, M. and Dehghan-Shuraki, Y., 2008a. Study on heritability of some growth characteristic of *Sorbus torminalis* (L.) seedlings.

(1984) نیز خاطر نشان کردند که مقادیر وراثت‌پذیری اغلب با تغییر سن و محیط در درختانی که به سن بلوغ می‌رسند، تغییر می‌کند. روند افزایش میزان وراثت‌پذیری با افزایش سن در گونه *Eucalyptus grandis* گزارش شده است (Osario et al., 2001). از آنجا که در این مطالعه وراثت‌پذیری بعضی از صفات در جمعیت‌های مختلف از نوسان زیادی برخوردار است، از این رو گزینش صفات مناسب در نهال‌های یکساله مناسب نیست و انتخاب صفات باید به سال‌های بعد که این صفات به ثبات می‌رسند موکول شود. همچنین لازم به ذکر است که چون این آزمون تنها در یک مکان انجام شده است در صورت وجود اثرهای متقابل ژنوتیپ × محیط، مقدار وراثت‌پذیری بیشتر از مقدار واقعی آن برآورد شده است (Bihamta et al., 2014).

گونه بادامک از جمله گونه‌هایی است که به علت استقرار سریع، رشد نسبتاً مناسب و ایجاد ساقه و شاخه‌های پر تعداد به منظور ایجاد پوشش و حفاظت خاک در برنامه‌های تثبیت بیولوژیک حوزه‌های آبخیز به فراوانی مورد استفاده قرار گرفته است، بنابراین تعداد ساقه، شاخه و برگ بیشتر در این گونه به عنوان مزیتی حفاظتی محسوب می‌شود. جمعیت‌هایی که از تعداد ساقه، برگ و شاخه‌دوانی بیشتری برخوردار هستند نقش حفاظتی کارآمدتری را بازی می‌کنند. در این مطالعه میزان وراثت‌پذیری صفت تعداد ساقه از حداقل ۰/۰۱ تا ۰/۶۸ و تعداد شاخه از حداقل ۰/۰۳ تا ۰/۵۲ در نوسان بود (جدول ۷). این صفات در جمعیت‌های داراب، فسا، ارسنجان و خنج از وراثت‌پذیری بیشتری برخوردار هستند. از این رو در گزینش اولیه برای دستیابی به درختچه‌های با تعداد ساقه و شاخه بیشتر می‌توان این جمعیت‌ها را مد نظر قرار داد. در نهایت لازم به ذکر است که این آزمون پرووانس و نتاج در گونه بادامک برای یک فصل رویش انجام شده، از این رو گیاهان در نهالستان با شرایط افراطی که منجر به تمایزهای سازشی می‌شود روبرو نشده‌اند، بنابراین خیلی زود است که با صراحت و

- grandis* Hill ex Maiden. *Silvae Genetica*, 50: 30–37.
- Rahemi, A., 2015. Wild almonds species. Agricultural Extension and Education Publications, 146p (In Persian).
- 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.
- Sebbenn, A.M., Pontinha, 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.
- Seyedi, N., Jalali, G.A., Moghaddam, M., Tabari, M. and Mohammadi, A., 2012. Genetic variation and inheritance of early growth characteristics in three wild pistachio populations. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 2: 35–42
- Sorkheh, K., Shiran, B., Rouhi, V., Asadi, E., Jahanbazi, H., Moradi, H., Gradziel, T.M. and Martínez-Gómez, P., 2009. Phenotypic diversity within native Iranian almond (*Prunus* spp.) species and their breeding potential. *Genet Resour Crop Evol*, 56: 947–961
- Sudrajat, D.J., Siregar, I., Siregar, U.J., Khumaida, N., 2016. Intraspecific variation on early growth of *Neolamarckia cadamba* MIQ. in provenance-progeny tests in west java province Indonesia. *BIOTROPIA*, 23: 10 – 20.
- Thomas, E., Jalonen, R., Loo, J., Boshier, D., Gallo, L., Cavers, S., Bordács, S., Smith, P. and Bozzano, M., 2014. Genetic considerations in ecosystem restoration using native tree species. *Forest Ecology and Management*, 333: 66–75.
- Zeinalabedini, M., Majourhat, K., Khayam-Nekoui, M., Grigorian, V., Torchi, M., Dicenta, F. and Martinez-Gomez, P., 2007. Comparison of the use of morphological, protein and DNA markers in the genetic characterization of Iranian wild *Prunus* species. *Scientia Horticulturae*, 116: 80–88.
- Zhang, Q.D., Jia, R.Z., Meng, C., Ti, C.W. and Wang, Y.L., 2015. Diversity and population structure of a dominant deciduous tree based on morphological and genetic data. *AoB PLANTS*, 103: 1–13
- Zobel, B. and Talbert, J.T., 1984. Applied forest tree improvement. New York: John Wiley and Sons, 504 p.
- Zohary, D. and Hopf, M., 2000. Domestication of plants in the old world. Oxford University Press, Oxford, 316p.
- Iranian Journal of Forest and Poplar Research, 16: 1–10 (In Persian).
- Harfouche, A., Boudjada, S., Chettah, W., Allam, M., Belhou, O. and Merazga, A., 2003. Variation and population structure in Aleppo pine (*Pinus halepensis* mill.) in Algeria. *Silvae Genetica*, 52: 244–249.
- Iranmanesh, Y. and Jahanbazi Gojani, H., 2007. Comparison of wild almond plantation on north and south aspects of degraded forest in Zagros region of Iran. *Iranian Journal of Forest and Poplar Research*, 15: 19–31 (In Persian).
- Li, P., Beaulieu, J., Corriveau, A. and Bousquet, J., 1993. Genetic variation in juvenile growth and phenology in a white spruce provenance-progeny test. *Silvae Genetica*, 42: 52–60
- Mehdigholi, K., Sheidai, M., Niknan, V., Attar, F. and Noormohammadi, Z., 2013. Population structure and genetic diversity of *Prunus scoparia* in Iran. *Ann. Bt. Fennici*, 50: 327–336
- Mirzaie-Nodoushan, H., Keneshloo, H., Asadi-Corom, F., Hassani, M. and Achak, M.U., 2011. 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).
- Montazeri, M., G. Ghahari, M.R. and Negahdar-Saber., 2015. Identify vegetation climatic zones of Fars province with an emphasis on expanding forest of wild pistachio. *Journal of Meteorological Applications*, 1: 73–86 (In Persian).
- Morgenstern, E.K., 1996. Geographic variation in forest trees: Genetic basis and application of knowledge in silviculture. UBC Press Vancouver BC, 504p.
- Murillo, O. and Roeha, O., 1999. Gene flow and geographic variation in natural populations of *Alnus acumiata* ssp. *arguta* (Fagales: Betulaceae) in Costa Rica and Panama. *Rev. Biol. Trop*, 47: 739–753
- Noormohammadi Z., Sheidai M., Mahdavi-poor Z. and Mehdigholi K., 2013. Structure and reticulation analysis of genetic diversity in *Prunus scoparia* populations. *Annales Botanici Fennici*, 50: 327–336.
- Obrien, E.K., Mazanec, R.A. and Krauss, S. L., 2007. Provenance variation of ecologically important traits of forest trees: implications for restoration. *Journal of Applied Ecology*, 44: 583–593
- Osario, L.F., White, T.L. and Huber, D.A., 2001. Age trends of heritability and genotype by environment interaction for growth traits and wood density from clonal traits of *Eucalyptus*

oak (*Quercus brantii* Lindl.). Iranian Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research, 21: 103–118 (In Persian) .

-Zolfaghari, R., Karimi Haji Pomagh, Kh. And Fayyaz, P., 2013. Evaluation of genetic variability of some morpho-physiological traits in brant's

Genetic variation and heritability of *Amygdalus scoparia* Spach. populations in Fars province

M. Babaeiyan¹, D. Azadfar^{*2}, M.H. Pahlevani³, Z. Saedi⁴ and M.H. Arzanesh⁵

1- PhD. student., University of Agriculture and Natural Resources, Gorgan, I.R. Iran

2*- Corresponding author, Assoc. Prof., College of Forest Science, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, I.R. Iran, Email: azadfar.d@gmail.com

3- Assoc. Prof., College of Plant Production, Gorgan University of Agriculture Sciences and Natural Resources, Gorgan, I.R. Iran

4- PhD graduates, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, I.R. Iran

5- Assist. Prof., Agriculture and Natural Resources and Education Center of Golestan province, Gorgan, I.R. Iran

Received: 12.05.2017 Accepted: 20.08.2017

Abstract

Amygdalus scoparia spach. a multi-purpose species which is growing in most of vegetation regions of Iran. Knowledge of genetic variability and heritability is essential prerequisite for conservation, forest development and sustainable use of forest plants. Genetic parameters on early growth were estimated in open-pollinated combined provenance-progeny tests. The experiment was conducted based on a nested model using randomized complete block design with 7 population, 10 mother trees per population 7 individuals per subplot and 3 replications in nursery of Kohmareh-Sorkhi of Fars (1660 m a.s.l.). Significant differences among the populations and mother trees within populations were observed for all of the studied traits, except for the taproot length among mother trees within populations. Evaluation of components of variance showed that the population effects (ranging from %5.9 to % 34.2) contributed to total variance more than mother trees within populations effects (ranging from %1.8 to %11.1). Additive genetic variation coefficient in populations varied from 0 to 58.6%. In general, Khonj and Kavar populations performed better growth. Heritability was low and not yet stable for some traits in some populations. Therefore, selection should be postponed until the heritability values reach to relatively high and stable values.

Key words: *Amygdalus scoparia* Spach., combined provenance-progeny tests, heritability, seedling traits