

تنوع ژنتیکی و فنوتیپی جمعیت‌های راش شرقی (*Fagus orientalis* Lipsky) در ارتفاعات مختلف جنگلهای گیلان، ماسال

محبوبه محبی بیجارسی^۱، تیمور رستمی شاهراجی^۲ و حبیب‌الله سمیع‌زاده لاهیجی^۳

*^۱- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشجوی دکتری، گروه جنگل‌داری، دانشکده منابع طبیعی صومعه‌سرا، دانشگاه گیلان، رشت

پست الکترونیک: Mahboob.mohebi@gmail.com

^۲- استاد، گروه جنگل‌داری، دانشکده منابع طبیعی صومعه‌سرا، دانشگاه گیلان، رشت

^۳- استاد، گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت

تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۱۱/۱۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۱۰/۰۱

چکیده

تنوع ژنتیکی بین جمعیت‌ها مهمترین فاکتور برای تکامل و سازگاری گونه‌های گیاهی است. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های راش شرقی در برخی از ویژگی‌های برگ در ۳ ارتفاع رویشگاه در جنگل‌های ماسال در استان گیلان بررسی شد. برای این منظور سه ارتفاع ۷۰۰، ۱۲۰۰ و ۱۷۰۰ متر از سطح دریا انتخاب گردید. در هر ارتفاع تعداد ۲۰ پایه درخت از هر جمعیت به‌طور تصادفی انتخاب شدند. سپس از هر درخت تعدادی برگ از بخش‌های جنوبی و شمالی تاج درختان سالم و بالغ جمع‌آوری گردید. در این پژوهش صفاتی مانند شاخص برگ، شاخص دمبرگ، سطح برگ، سطح ویژه برگ، وزن ویژه برگ، محتوای آب نسبی برگ و وزن خشک برگ اندازه‌گیری شد. داده‌های به‌دست‌آمده با استفاده از روش آشیانه‌ای مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. تجزیه واریانس بین رویشگاه‌ها تفاوت معنی‌داری را برای بیشتر صفات بین جمعیت اول (۷۰۰ متر) با جمعیت دوم و سوم نشان داد. در مقایسه میانگین جمعیت‌ها (طبقات ارتفاعی)، مقادیر میانگین سطح برگ، سطح ویژه برگ و محتوای آب نسبی در ارتفاع میانی بیشتر از دو ارتفاع دیگر بود. بیشترین میزان وراثت‌پذیری برای صفات سطح برگ، سطح ویژه برگ، وزن خشک، شاخص دمبرگ و وزن ویژه خشک در جمعیت‌های ارتفاع میانی مشاهده شد. همچنین بیشترین میزان وراثت‌پذیری برای صفات شاخص برگ و محتوای آب نسبی در جمعیت‌های ارتفاع مرتفع مشاهده شد. نتایج نشان داد که میزان همبستگی بین صفات در جمعیت‌های ارتفاع میانی (۱۲۰۰ متر) بیشتر و معنی‌دارتر از جمعیت‌های اول (۷۰۰ متر) و سوم (۱۷۰۰ متر) بود.

واژه‌های کلیدی: اصلاح نژاد، تنوع ژنتیکی، راش شرقی، ژنتیک کمی، همبستگی ژنتیکی.

مقدمه

کیفی توده‌های آن مهم است. گونه راش از جمله گونه‌های صنعتی با ارزش جنگل‌های شمال است که در دامنه‌های ارتفاعی ۷۰۰-۲۰۰۰ متر از سطح دریا پراکنش دارد و جوامع خالص و آمیخته را تشکیل می‌دهد. این توده‌ها

گونه راش (*Fagus orientalis* Lipsky) در جنگل‌های شمال ایران از اهمیت اقتصادی و بوم‌شناختی زیادی برخوردار است و در مدیریت این جنگل‌ها کنترل کمی و

است. بالعکس گزینش برای صفاتی که دارای وراثت‌پذیری بالایی هستند، مفید می‌باشد. بنابراین مقدار وراثت‌پذیری می‌تواند زمینه‌ای از نتایج مورد انتظار را از گزینش ارائه دهد (Pourmeidani et al., 2006). همچنین Zolfaghari و همکاران (2013) پارامترهای مختلف ژنتیکی مانند وراثت‌پذیری، ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی و درصد واریانس در سطح کل پروونانس‌ها و نیز در هر پروونانس را به‌صورت جداگانه برای گونه بلوط ایرانی (*Quercus brantii* Lindl) محاسبه کردند. نتایج آنان نشان داد که صفاتی مانند سطح و وزن برگ و محتوای آب نسبی در سطح پروونانس دارای وراثت‌پذیری بالایی بودند. در پژوهشی دیگر Lai و همکاران (2017) به ارزیابی تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری و اثرهای ژنوتیپ و محیط بین پروونانس‌های *Pinus elliotii* پرداختند و تفاوت‌های معنی‌داری را در وراثت‌پذیری، ضریب تغییرات ژنتیکی و همبستگی ژنتیکی بین صفات مورفولوژیکی و ویژگی‌های رویشی بین درختان مشاهده کردند.

راش شرقی (*Fagus orientalis* Lipsky) یک گونه درختی کلیماکس متعلق به مناطق آب و هوایی کوهستانی معتدل و یا بحری با نیاز رطوبتی بالا بوده که می‌تواند در شرایط متنوع اکولوژیکی به‌خوبی گسترش پیدا کند. با وجودی که تنوع ژنتیکی در گونه‌های مختلف درختی مورد مطالعه قرار گرفته‌اند، تنها تعداد کمی از مطالعات به بررسی ساختار ژنتیکی در رابطه با تنوع ارتفاعی پرداخته‌اند. مطالعات انجام شده بر روی راش شرقی به بررسی تنوع ژنتیکی بر پایه ایزوآنزیم (Salehi Shanjani et al., 2011) و میکروساتلیت‌ها (Salehi Shanjani & Vendramin, 2007; Salehi Shanjani et al., 2012) و بر اساس لوکوس‌های میکروساتلایتی پلی‌مورف (Salehi Shanjani et al., 2004) انجام شد که تنوع ژنتیکی بالا و تمایز ژنتیکی نسبتاً کم ولی معنی‌داری در میان جمعیت‌های راش ایران مشاهده شده است. اما تاکنون مطالعه‌ای درباره درجه تنوع فنوتیپی ناشی از تنوع ژنتیکی اثری بر روی راش شرقی انجام نشده است. تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری

جایگاه ویژه‌ای در نوار جنگلی شمال کشور دارند، زیرا جنگل‌های راش ۱۷/۶ درصد از سطح جنگل‌های هیرکانی و ۲۳/۶ درصد تعداد و حدود ۳۰ درصد از حجم درختان جنگلی ایران را تشکیل می‌دهند (Resane et al., 2001). اگر یک جمعیت در معرض تغییرات محیطی قرار گیرد، وجود تنوع ژنتیکی در بین صفات به دلیل سازگاری جمعیت‌ها با شرایط محیطی بسیار مهم است. با توجه به پیش‌بینی‌های جاری برای تغییرات آب و هوایی آینده، اطمینان از تنوع ژنتیکی کافی در بین جمعیت‌ها برای برنامه‌های حفاظت به یک هدف مهم تبدیل شده است (Eriksson, 2001). ارزیابی اجزای واریانس در یک برنامه پرورشی می‌تواند اطلاعات مفیدی را در اختیار اصلاح‌کنندگان قرار دهد تا بتوانند بهترین شیوه را برای ارزیابی ژنوتیپ تعیین کنند. از این‌رو تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی یکی از اساسی‌ترین مراحل در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد، زیرا امکان طبقه‌بندی دقیق نمونه‌های تحت ارزیابی را فراهم کرده و اصلاحگر را در تشخیص مواد ژنتیکی مورد نیاز خود برای برنامه‌های بعدی و پیشبرد سریع‌تر اهداف اصلاحی یاری می‌نماید (Mohammadi & Prasanna, 2003). تنوع ژنتیکی کمی، پایه‌ای برای اثرهای متقابل بین محیط و جمعیت‌های طبیعی است و ارزیابی تنوع ژنتیکی یک هدف مهم برای مطالعات تنوع ژنتیکی و مدیریت جنگل می‌باشد (Scotti et al., 2010). درک ساختار ژنتیکی جمعیت و بررسی پارامترهای ژنتیکی برای اثربخشی مدیریت منابع ژنتیکی به‌عنوان اولین قدم به سوی فرایندهای اصلاحی ضروریست (Metougui et al., 2017). وراثت‌پذیری مهمترین شاخص مورد بررسی در آزمون‌های نتاج می‌باشد. بالا بودن وراثت‌پذیری و پایداری آن طی چند سال، نشان‌دهنده زیاد بودن واریانس ژنتیکی و نیز کاهش اثرهای محیطی بوده، از این‌رو دستاورد ژنتیکی مناسبی از طریق گزینش و جمع‌آوری بذر از پایه‌هایی با وراثت‌پذیری زیاد قابل حصول خواهد بود (Cornelius et al., 1996). اصلاح جوامع گیاهی برای صفاتی که مقدار وراثت‌پذیری آنها پایین است از طریق گزینش مستقیم دشوار و بی‌نتیجه

طول یک خط‌نمونه ارتفاعی در جنگل‌های ماسال در استان گیلان انتخاب شد. این منطقه بین عرض جغرافیایی $37^{\circ}14'00''$ و $37^{\circ}19'20''$ و طول جغرافیایی $48^{\circ}55'$ و $49^{\circ}02'$ واقع شده است. با توجه به دامنه ارتفاعی گونه راش سه ارتفاع 700 ، 1200 و 1700 متر از سطح دریا مشخص شد (جدول ۱). میانگین درجه حرارت سالیانه این منطقه $21/3$ درجه سانتی‌گراد، میانگین بارش سالانه 926 میلی‌متر، میانگین درجه حرارت هوا در طول دوره رویش $26/6$ درجه سانتی‌گراد و میزان بارندگی در طول دوره رویش 394 میلی‌متر بود.

پیش‌نیاز و لازمه حفاظت، توسعه جنگل‌کاری و بهره‌برداری پایدار از گونه‌های جنگلی است و به‌منظور درک پیامدهای اکولوژیکی و تکاملی تنوع فنوتیپی، مؤلفه‌های ژنتیکی قابل انتقال باید مشخص شود. بنابراین هدف از این مطالعه، بررسی تنوع تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی و وراثت‌پذیری صفات برگ در بین و درون جمعیت‌های راش شرقی در طول یک گرادیان ارتفاعی و تعیین همبستگی در دو سطح ژنتیکی و فنوتیپی بین این صفات است.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد مطالعه

برای انجام این تحقیق سه جمعیت درختان راش در

جدول ۱- مشخصات منطقه مورد مطالعه

ارتفاع از سطح دریا (متر)	جهت	شیب (%)	عرض جغرافیایی	طول جغرافیایی
۷۰۰ (پایین)	شمال- شمال شرقی	۲۵-۳۰	$48^{\circ} 54'$	$37^{\circ} 16' 30''$
۱۲۰۰ (میانه)	شرقی- جنوب شرقی	۳۵-۴۰	$48^{\circ} 57'$	$37^{\circ} 17' 40''$
۱۷۰۰ (بالا)	شمال- شمال شرقی	۶۰-۶۵	$48^{\circ} 58' 30''$	$37^{\circ} 18' 60''$

روش تحقیق

در هر طبقه ارتفاعی ۲۰ پایه درختی سالم به‌طور تصادفی انتخاب شد، بر روی هر پایه درخت ۲۰ برگ سالم و بالغ از قسمت میانی درخت و از ناحیه بیرونی تاج (شمالی و جنوبی) جمع‌آوری شد (Hatziskakis et al., 2012). به‌منظور جلوگیری از تشابه خویشاوندی در انتخاب درخت، حداقل فاصله بین انتخاب دو درخت در هر منطقه حداقل ۳۰ متر در نظر گرفته شد (Zhang et al., 2014). ویژگی‌های مورفولوژیک برگ شامل سطح برگ (cm^2)، طول برگ (cm)، عرض برگ (cm) و طول دم‌برگ (cm) با استفاده از نرم‌افزار Image J اندازه‌گیری شد. سپس شاخص برگ (LI) و شاخص دم‌برگ (PI) به‌ترتیب بر اساس فرمول‌های زیر محاسبه گردید (Hatziskakis et al., 2011).

$$\text{LI} = \frac{\text{LL}}{\text{LW}} \times 100 \quad \text{رابطه ۱}$$

$$\text{PI} = \frac{\text{PL}}{\text{LL}} \times 100 \quad \text{رابطه ۲}$$

که در این فرمول‌ها LL، LW و PL به‌ترتیب طول برگ، عرض برگ و طول دم‌برگ می‌باشد.

سطح ویژه برگ (SLA) (cm^2/g) از تقسیم سطح برگ (LA) بر وزن برگ (DW) با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد (Zhong et al., 2014).

$$\text{SLA} = \frac{\text{LA}}{\text{DW}} \quad \text{رابطه ۳}$$

برای محاسبه وزن ویژه برگ (LMA) (g/cm^2)، نمونه‌های برگ در دمای 70 درجه به مدت 72 ساعت نگهداری شد و بعد توزین شدند. سپس با استفاده از فرمول رابطه ۴ میزان وزن ویژه خشک (LMA) از تقسیم وزن برگ

محاسبه شد (Baye, 2002).

$$\delta_e^2 = \frac{MS_e}{r} \quad \text{رابطه ۷}$$

$$\delta_g^2 = \frac{MS_p - MS_e}{r} \quad \text{رابطه ۸}$$

$$\delta_p^2 = \delta_g^2 + \delta_e^2 \quad \text{رابطه ۹}$$

$$PCV = \frac{\sqrt{\delta_p^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad \text{رابطه ۱۰}$$

$$GCV = \frac{\sqrt{\delta_g^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad \text{رابطه ۱۱}$$

در این فرمول‌ها δ_e^2 = واریانس محیطی، δ_g^2 = واریانس ژنتیکی، δ_p^2 = واریانس فنوتیپی، MS_e = میانگین مربعات خطای آزمایش، MS_g = میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها، PCV = ضریب تغییرات فنوتیپی و GCV = ضریب تغییرات ژنوتیپی می‌باشد.

برآورد وراثت‌پذیری عمومی (h^2) صفات نیز از طریق فرمول زیر انجام شد (Halluer & Miranda, 1998).

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2} \quad \text{رابطه ۱۲}$$

کوواریانس ژنتیکی و فنوتیپی بر اساس امید ریاضی میانگین حاصل ضرب‌ها از طریق فرمول زیر محاسبه شد

$$r_g = \frac{COV(gxy)}{\sqrt{\sigma_{gx}^2 \times \sigma_{gy}^2}} \quad \text{رابطه ۱۳}$$

$$r_p = \frac{COV(pxy)}{\sqrt{\sigma_{px}^2 \times \sigma_{py}^2}} \quad \text{رابطه ۱۴}$$

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات با استفاده فرمول های واریانس کوواریانس محاسبه شد.

$$COV(g) = \frac{MP_g - MP_e}{r} \quad \text{رابطه ۱۵}$$

$$COV(p) = COV(g) + \frac{COV(e)}{r} \quad \text{رابطه ۱۶}$$

در این فرمول‌ها:

(DW) به‌دست آمده (g) بر سطح برگ (LA) (cm^2) مقدار وزن ویژه برگ به‌دست آمد (Stojnić et al, 2016):

$$LMA = \frac{DW}{LA} \quad \text{رابطه ۴}$$

برای اندازه‌گیری میزان محتوای آب نسبی RWC وزن برگ تر با استفاده از ترازوی دقیق اندازه‌گیری شد و به‌عنوان وزن تر در نظر گرفته شد. سپس نمونه‌ها به مدت ۱۲ ساعت در قوطی‌های حاوی آب مقطر قرار داده شدند تا به حالت اشباع خود برسند و در این حالت نیز توزین شدند تا وزن اشباع به‌دست آمد. در نهایت نمونه‌های اشباع شده به مدت ۴۸ ساعت در آون با دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند و وزن خشک آنها اندازه‌گیری شد و محتوای نسبی آب با استفاده از رابطه زیر محاسبه گردید (Salvador, 2004).

$$RWC = \frac{FW - DW}{TW - DW} \times 100 \quad \text{رابطه ۵}$$

که در این فرمول، RWC میزان محتوای آب نسبی برگ، FW وزن تر برگ، DW وزن خشک برگ و TW وزن اشباع برگ می‌باشد.

تجزیه واریانس و برآورد اجزای واریانس ژنتیکی

بر اساس داده‌های حاصل از بررسی‌های ریخت‌شناسی تجزیه واریانس آشیانه‌ای بین طبقات ارتفاعی انجام شد. سپس اجزاء واریانس محیطی δ_e^2 ، واریانس ژنتیکی δ_g^2 و واریانس فنوتیپی δ_p^2 به تفکیک هر ناحیه محاسبه شد.

جدول برآورد اجزاء واریانس از طریق امید ریاضی

SOV	DF	MS	E(MS)
Genotype	19	MS _g	$\sigma_g^2 + \sigma_e^2$
Error	20	MSe	σ_e^2

محاسبه ضریب تنوع فنوتیپی PCV و ضریب تنوع ژنتیکی GCV بر اساس نسبت انحراف معیار فنوتیپی و ژنتیکی به میانگین هر صفت به‌صورت زیر به تفکیک هر ناحیه

سطح جوامع مختلف نیز در جدول ۲ نشان داده شده است. نتایج تفاوت معنی‌داری را برای صفات شاخص برگ، سطح برگ، سطح ویژه برگ، وزن خشک، وزن ویژه برگ و محتوای آب نسبی در سطح احتمال ۰/۰۵ و ۰/۰۱ در ارتفاعات مختلف نشان داد.

مقایسه میانگین جمعیت‌ها در سه ناحیه ارتفاعی

مقادیر میانگین برای تمام صفات در هر یک از سه جمعیت (طبقات ارتفاعی) بررسی شده در جدول (۳) ارائه شده است. نتایج نشان داد که میزان میانگین صفات سطح برگ، سطح ویژه برگ و محتوای آب نسبی در ارتفاع دوم (۱۲۰۰ متر) از دو طبقه ارتفاعی دیگر بیشتر بود. در مقابل بیشترین شاخص برگ و وزن ویژه خشک برگ در طبقه ارتفاعی پایین (۷۰۰ متر) مشاهده شد (جدول ۳).

COA (gxy) = کوواریانس ژنتیکی بین صفات x و y

σ_{gx}^2 = واریانس ژنتیکی برای صفت x

σ_{gy}^2 = واریانس ژنتیکی برای صفت y

COA (pxy) = کوواریانس فنوتیپی بین صفات x و y

σ_{px}^2 = واریانس فنوتیپی برای x

σ_{py}^2 = واریانس فنوتیپی برای صفت y می‌باشد (Gilmour

et al., 1998).

به منظور تجزیه و تحلیل داده‌ها از نرم‌افزار آماری SAS9 استفاده شد.

نتایج

تجزیه واریانس آشیانه‌ای بین نواحی ارتفاعی

نتایج آنالیز واریانس ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در

جدول ۲- تجزیه واریانس آشیانه‌ای بین ۳ جمعیت در سه ناحیه ارتفاعی

منابع تغییرات	درجه آزادی	شاخص برگ	سطح برگ	سطح مخصوص برگ	محتوای آب نسبی	وزن خشک برگ	شاخص دم‌برگ	وزن ویژه خشک
بین نواحی ارتفاعی	۲	۰/۳۶۱**	۲۸۲۷۶**	۳۴۶۶۱*	۱۲۲۹/۰**	۰/۱۵۶**	۰/۰۱۹۱ns	۰/۰۳۶۵*
بین ژنوتیپ‌ها در هر ناحیه	۵۷	۰/۰۴۴**	۱۴۰۵**	۱۲۶۱۴**	۲۳۲/۴*	۰/۰۲۱*	۰/۰۲۷۸**	۰/۰۲۰۱**
خطای آزمایش	۶۰	۰/۰۱۷	۵۲۸/۳	۳۹۸۰/۰	۱۳۱/۵۰	۰/۰۱۲۹	۰/۰۱۴۶	۰/۰۰۷۱

ns و * : به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۳- مقایسه میانگین صفات در بین جمعیت‌ها در سه ناحیه ارتفاعی

طبقات ارتفاعی (متر)	شاخص برگ	شاخص دم‌برگ	سطح برگ (cm ²)	سطح ویژه برگ (cm ² /g)	محتوای آب نسبی	وزن ویژه خشک برگ (g/cm ²)	وزن خشک (g)
۷۰۰ (پایین)	۲/۰۸ a	۰/۰۵۸ a	۹۰/۲۷ b	۲۷۲/۱۳ b	۲۷/۹۰ b	۰/۰۰۴۰ a	۰/۳۵ b
۱۲۰۰ (میانه)	۱/۹۰ b	۰/۰۵۶ a	۱۳۹/۲۱ a	۳۳۰/۷۷ a	۳۷/۶۷ a	۰/۰۰۳۵ b	۰/۴۵ a
۱۷۰۰ (بالا)	۱/۹۴ b	۰/۰۶۰ a	۱۳۲/۷۵ a	۳۰۶/۰۱ ab	۳۷/۳۲ a	۰/۰۰۳۴ b	۰/۴۶ a

حروف مشابه در هر ستون بر اساس آزمون توکی تفاوت معنی‌داری با هم ندارند.

برآورد پارامترهای ژنتیکی در جمعیت‌های سه ناحیه

تغییرات ژنتیکی در ارتفاع پایین دست برای ویژگی سطح برگ و وزن خشک مشاهده گردید (جدول ۴). کمترین میزان ضریب تغییرات فنوتیپی در ارتفاع مرتفع در ویژگی مربوط به شاخص برگ مشاهده گردید (جدول ۶). میزان وراثت‌پذیری صفات بیشتر از ۵۰٪ در ارتفاع ناحیه میانی برای صفات وزن و ویژه برگ (۷۶٪)، شاخص دمبرگ (۵۰٪)، وزن خشک برگ (۵۱٪)، سطح ویژه برگ (۷۱٪) و سطح برگ (۶۰٪) مشاهده شد (جدول ۵).

نتایج مربوط به واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی و همچنین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری در درون هر جمعیت (ناحیه ارتفاعی) در جدول ۴، ۵ و ۶ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که در هر سه طبقه ارتفاع ویژگی مربوط به سطح ویژه برگ دارای بالاترین مقدار واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی بود. بالاترین میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی در ارتفاع میانی برای صفات وزن و ویژه خشک و کمترین میزان ضریب

جدول ۴- تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌های ناحیه ارتفاعی ۷۰۰ متر و تخمین پارامترهای ژنتیکی

منابع تغییرات	درجه آزادی	شاخص برگ	سطح برگ	سطح ویژه برگ	محتوای آب نسبی	وزن خشک	شاخص دمبرگ	وزن ویژه خشک
ژنوتیپ	۱۹	۰/۰۲۹*	۳۴۰/۳	۸۱۸۵*	۳۰۶/۴	۰/۰۰۷	۰/۰۲۴	۰/۰۱۹
خطا	۲۰	۰/۰۱۴	۵۶۵/۸	۴۴۸۰/۰	۱۹۷/۷	۰/۰۱۳	۰/۰۱۶	۰/۰۱۳
واریانس ژنتیکی	۰/۰۰۸	۰/۰	۱۸۵۲/۹	۰/۰	۵۴/۳	۰/۰۰۰	۰/۰۰۴	۰/۰۰۳
واریانس محیطی	۰/۰۱۴	۰/۰۱۴	۵۶۵/۸	۴۴۷۹/۶	۱۹۷/۷	۰/۰۱۳	۰/۰۱۶	۰/۰۱۳
واریانس فنوتیپی	۰/۰۲۲	۰/۰۲۲	۵۶۵/۸	۶۳۳۲/۵	۲۵۲/۰	۰/۰۱۳	۰/۰۲۰	۰/۰۱۶
ضریب تغییرات ژنتیکی	۴/۲	۴/۲	۰/۰	۱۵/۸	۲۶/۴	۰/۰	۱۱۴/۸	۱۴۲۶/۲
ضریب تغییرات فنوتیپی	۷/۱	۲۶/۳	۲۶/۳	۲۹/۲	۵۶/۹	۳۳/۵	۲۴۴/۶	۳۱۷۸/۲
وراثت‌پذیری	۳۵/۵۰	۰/۰۰	۲۹/۲۶	۲۹/۲۶	۲۱/۵۶	۰/۰۰	۲۲/۰۲	۲۰/۱۴

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۵- تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌های ناحیه ارتفاعی ۱۲۰۰ متر و تخمین پارامترهای ژنتیکی

منابع تغییرات	درجه آزادی	شاخص برگ	سطح برگ	سطح ویژه برگ	محتوای آب نسبی	وزن خشک	شاخص دمبرگ	وزن ویژه خشک
ژنوتیپ	۱۹	۰/۰۸۰**	۳۰۹۵**	۲۴۳۲۵**	۲۳۴/۷*	۰/۰۳۲**	۰/۰۴۴**	۰/۰۳۳**
خطا	۲۰	۰/۰۳۰	۷۵۱/۹	۳۹۷۰/۰	۱۳۱/۲	۰/۰۱۰	۰/۰۱۴	۰/۰۰۴
واریانس ژنتیکی	۰/۰۲۵	۰/۰۲۵	۱۱۷۲/۰	۱۰۱۷۷/۷	۵۱/۷	۰/۰۱۱	۰/۰۱۵	۰/۰۱۴
واریانس محیطی	۰/۰۳۰	۰/۰۳۰	۷۵۱/۹	۳۹۶۹/۸	۱۳۱/۲	۰/۰۱۰	۰/۰۱۴	۰/۰۰۴
واریانس فنوتیپی	۰/۰۵۵	۰/۰۵۵	۱۹۲۳/۹	۱۴۱۴۷/۶	۱۸۲/۹	۰/۰۲۱	۰/۰۲۹	۰/۰۱۹
ضریب تغییرات ژنتیکی	۸/۳	۲۴/۶	۲۴/۶	۳۰/۵	۱۹/۱	۲۳/۲	۲۱۵/۷	۳۴۶۸/۰
ضریب تغییرات فنوتیپی	۱۲/۳	۳۱/۵	۳۱/۵	۲۶/۰	۳۵/۹	۳۲/۲	۳۰۴/۰	۳۹۶۱/۳
وراثت‌پذیری	۴۵/۵۷	۶۰/۹۲	۷۱/۹۴	۷۱/۹۴	۲۸/۲۸	۵۱/۷۷	۵۰/۳۲	۷۶/۶۵

ns، * و **: به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۶- تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌های ناحیه ارتفاعی ۱۷۰۰ متر و تخمین پارامترهای ژنتیکی

منابع تغییرات	درجه آزادی	شاخص برگ	سطح برگ	سطح ویژه برگ	محتوای آب نسبی	وزن خشک	شاخص دم‌برگ	وزن ویژه خشک
ژنوتیپ	۱۹	۰/۰۲۴**	۷۸۰/۰**	۵۳۳۱/۰	۱۵۶/۳*	۰/۰۲۳	۰/۰۱۵	۰/۰۰۸*
خطا	۲۰	۰/۰۰۶	۲۶۷/۳	۳۴۹۰/۰	۶۵/۷	۰/۰۱۵	۰/۰۱۴	۰/۰۰۴
واریانس ژنتیکی	۰/۰۰۹	۰/۰۰۹	۲۵۶/۳	۹۲۰/۶	۴۵/۳	۰/۰۰۴	۰/۰۰۱	۰/۰۰۲
واریانس محیطی	۰/۰۰۶	۰/۰۰۶	۲۶۷/۳	۳۴۸۹/۷	۶۵/۷	۰/۰۱۵	۰/۰۱۴	۰/۰۰۴
واریانس فنوتیپی	۰/۰۱۵	۰/۰۱۵	۵۲۳/۷	۴۴۱۰/۳	۱۱۱/۰	۰/۰۱۹	۰/۰۱۵	۰/۰۰۶
ضریب تغییرات ژنتیکی	۴/۹	۴/۹	۱۲/۱	۹/۹	۱۸/۰	۱۳/۵	۴۷/۹	۱۲۹۴/۸
ضریب تغییرات فنوتیپی	۶/۳	۶/۳	۱۷/۲	۲۱/۷	۲۸/۲	۲۹/۸	۲۰۰/۴	۲۲۷۰/۷
وراثت پذیری	۶۰/۸۷	۶۰/۸۷	۴۸/۹۵	۲۰/۸۷	۴۰/۸۰	۲۰/۳۸	۵/۷۲	۳۲/۵۱

ns* و **: به ترتیب عدم معنی‌داری و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی

همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی بین صفات مورد مطالعه در بین و درون جمعیت‌ها در جدول ۷ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که میزان همبستگی بین بیشتر صفات در جمعیت دوم (۱۲۰۰ متر) بیشتر از جمعیت‌های اول (۷۰۰ متر) و سوم (۱۷۰۰ متر) مشاهده شد. به طوری که بیشترین میزان همبستگی ژنتیکی معنی‌دار در جمعیت اول و دوم بین صفات شاخص دم‌برگ و وزن خشک مشاهده شد. همچنین در جمعیت ارتفاع مرتفع نیز بیشترین میزان همبستگی مثبت و معنی‌دار بین صفات شاخص برگ و وزن ویژه خشک مشاهده شد. نتایج بررسی همبستگی ژنتیکی و فنوتیپی در بین جمعیت‌ها نشان داد که در بیشتر صفات مقادیر همبستگی ژنتیکی بین صفات بیشتر از همبستگی فنوتیپی است. در این بررسی بیشترین همبستگی ژنتیکی مثبت بین

صفت وزن خشک با شاخص دم‌برگ و وزن خشک با صفت وزن ویژه خشک مشاهده شد (به ترتیب ۰/۶۵ و ۰/۶۶) (جدول ۷). بالاترین میزان همبستگی فنوتیپی مثبت و معنی‌دار بین نواحی وزن خشک و وزن ویژه خشک برگ (۰/۵۹) و همبستگی فنوتیپی منفی و معنی‌دار بین وزن ویژه خشک و سطح ویژه برگ (۰/۹۲) مشاهده شد.

در مواردی که ضریب همبستگی ژنتیکی به دلیل بزرگتر بودن مقدار کوواریانس ژنتیکی بزرگتر از یک بدست آمد برابر با یک منظور گردید. این موارد را به بزرگ بودن اثرهای محیط در بروز بعضی صفات، افزایش خطای آزمایش در اندازه‌گیری صفات و نیز خطای حاصل از کوچک بودن جامعه می‌توان نسبت داد (Farshadfar, 1997).

جدول ۷- همبستگی ژنتیکی (قطر بالای جدول) و فنوتیپی (قطر پایین جدول) بین ویژگی‌های اندازه‌گیری شده در جمعیت‌های مختلف

ناحیه	نام صفات	سطح برگ	سطح ویژه برگ	شاخص برگ	شاخص دمبرگ	محتوای آب نسبی	وزن ویژه خشک	وزن خشک برگ
۷۰۰ (پایین)	سطح برگ	۱	۰/۴۵*	۰/۱۳	۰/۷*	-۰/۴۳*	-۰/۷۶*	-۱/۵۵
	سطح ویژه برگ	۰/۴۹*	۱	-۰/۰۱۵	-۰/۳۶	-۰/۲۵	-۰/۹۸*	-۰/۵۲*
	شاخص برگ	-۰/۱۱	-۰/۰۷	۱	-۰/۳۹	۱	-۰/۰۲	۱
	شاخص دمبرگ	-۰/۳۴	-۰/۳۶	۰/۰۸	۱	۰/۶۶*	۰/۳۱	۰/۸۱*
	محتوای آب نسبی	۰/۰۳	-۰/۱۵	۰/۱۰	۰/۰۰	۱	-۰/۱۲	-۰/۳۴
	وزن ویژه خشک	-۰/۴۵*	-۰/۹۳*	۰/۱۰	۰/۶۳	۰/۰۸	۱	۰/۲۵
	وزن خشک	۰/۳۵	-۰/۵۸*	-۰/۰۳	-۰/۰۰۲	۰/۱۵	۰/۶۳*	۱
۱۲۰۰ (میانه)	سطح برگ	۱	۰/۶۷*	-۰/۴۸	-۰/۱۹	-۰/۹۴*	-۰/۷۵	۰/۲۳*
	سطح ویژه برگ	۰/۵۲*	۱	۰/۶۰	-۰/۷۲	-۰/۷۷*	-۰/۹۱*	-۰/۵۴*
	شاخص برگ	-۰/۱۴*	۰/۳۲*	۱	-۰/۶۹	-۰/۳۶	-۰/۳۴	۱
	شاخص دمبرگ	-۰/۲۵	-۰/۵۹	-۰/۳۴*	۱	۰/۲۲	۰/۷۳*	۰/۷۸*
	محتوای آب نسبی	-۰/۴۹*	-۰/۳۰	-۰/۰۶*	۰/۰۱۳	۱	۰/۷۱	-۰/۲۰
	وزن ویژه خشک	-۰/۵۶*	-۰/۹۲	-۰/۲۱	۰/۵۷*	۰/۰۲۹*	۱	۰/۴۲*
	وزن خشک	۰/۳۶	-۰/۵۶	-۰/۴۷	۰/۴۰*	-۰/۰۲	۰/۴۹*	۱
۱۷۰۰ (بالا)	سطح برگ	۱	۰/۴۱*	-۰/۴۱	-۰/۱۷	۰/۲۱*	-۰/۳۱*	۰/۵۶*
	سطح ویژه برگ	-۰/۲۳*	۱	۱	۱	۱	۱	-۰/۵۲*
	شاخص برگ	-۰/۳۳*	-۰/۲۰	۱	-۰/۳۴	۰/۰۷	۰/۸۳*	۰/۴۴*
	شاخص دمبرگ	۰/۲۲	-۰/۴۴	۰/۱۶	۱	۰/۳۱	۱	۱
	محتوای آب نسبی	۰/۱۵	-۰/۵۲	۰/۰۸	۰/۳۱*	۱	۰/۰۲	۱
	وزن ویژه خشک	۰/۱۹	-۰/۹۶	۰/۱۹	۰/۴۴*	۰/۵۷*	۱	۰/۶۱*
	وزن خشک	۰/۷۰	-۰/۸۳*	-۰/۰۴	۰/۴۵*	۰/۴۸*	۰/۸۳*	۱
میانگین نواحی	سطح برگ	۱	۰/۲۲*	-۰/۱۶	۰/۱۴	-۰/۰۳	-۰/۲۱	۰/۱۹
	سطح ویژه برگ	۰/۴۴*	۱	۰/۵۶*	-۰/۶۹*	-۰/۱۸	-۰/۹۲*	-۰/۶۹*
	شاخص برگ	-۰/۳۶*	۰/۰۲	۱	-۰/۵۷*	-۰/۱۸	-۰/۴۸*	-۰/۵۹*
	شاخص دمبرگ	-۰/۱۴	-۰/۴۹*	-۰/۱۰	۱	۰/۲۲*	۰/۵۹*	۰/۶۵*
	محتوای آب نسبی	۰/۰۴	-۰/۱۸	-۰/۱۱	۰/۰۷	۱	۰/۰۰	۰/۰۵
	وزن ویژه خشک	-۰/۴۳*	-۰/۹۲*	۰/۰۴	۰/۲۹*	۰/۱۶	۱	۰/۶۶*
	وزن خشک	۰/۵۵*	-۰/۴۸*	-۰/۳۶*	۰/۴۱*	۰/۲۱	۰/۵۹*	۱

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۱

بحث

تغییرات میانگین صفات در بین جمعیت‌ها به تفاوت بین پایه‌های درختی در داخل یک جمعیت و شرایط محیطی مختلف بستگی دارد. در واقع ویژگی‌های ریخت‌شناسی بسیاری از گونه‌های چوبی به وسیله عوامل محیطی در طول گرادیان محیطی تحت تأثیر قرار می‌گیرد. نتایج مربوط به میانگین تغییرات در بین جمعیت‌های مختلف نشان داد که مقادیر صفاتی مانند سطح برگ، سطح ویژه برگ و محتوای آب نسبی در جمعیت ارتفاع میانی افزایش یافت (جدول ۳). این تفاوت‌ها ممکن است نشان‌دهنده تنوع درون گونه‌ای راش شرقی، تفاوت‌های محیط و تغییرات متغیرهای اقلیمی نمونه‌گیری شده را نشان دهند. همچنین با توجه به سرشت اکولوژیکی راش در جمعیت ارتفاع میانی که از یکسو با سرما و یخبندان ارتفاعات بالا مواجه نیست و از سوی دیگر از خشکی و گرمای ارتفاعات پایین در امان است، می‌تواند باعث ایجاد تغییرات در جمعیت میان‌بند شود. کاهش سطح برگ درختان در ارتفاع بالاتر ممکن است سازوکار مفیدی برای مقابله با برخی از تنش‌ها از جمله درجه بالای نور و خشکسالی در ارتفاعات بالاتر باشد. در واقع، کاهش میزان سطح برگ در شرایط تنش آبی و درجه بالای نور مفید است، زیرا کاهش سطح برگ باعث کاهش میزان انتقال می‌شود (Zambrano *et al.*, 2014). اثرهای رویشگاه و اکنش درختان به اثرهای ترکیبی خاک و شرایط آب و هوای محلی و منطقه‌ای را منعکس می‌کند. نتایج تفاوت معنی‌داری را در بین جمعیت‌ها بر روی صفات سطح برگ، سطح ویژه برگ، محتوای آب نسبی و وزن ویژه خشک برگ نشان داد (جدولهای ۲ و ۳).

نتایج نشان داد که شرایط خاکی و آب و هوایی هر رویشگاه می‌تواند بر روی ویژگی‌های برگ تأثیرگذار باشد. البته اثرهای تأثیرگذار شرایط رویشگاهی بر روی ویژگی‌های برگ در مطالعات دیگر نیز مشاهده شد (Stojnić *et al.*, 2016; Lai *et al.*, 2017). ارزیابی واریانس و تخمین وراثت‌پذیری در برنامه‌های اصلاحی درختان می‌تواند اطلاعات مفیدی را در اختیار

اصلاح‌کنندگان قرار دهد تا بتوانند بهترین شیوه را برای ارزیابی ژنوتیپ‌ها تعیین کنند. واریانس ژنتیکی، به‌عنوان بهترین پارامتر برای مقایسه تنوع ژنتیکی و توانایی پاسخ دادن به انتخاب طبیعی یا مصنوعی محسوب می‌شود. همچنین اجزای واریانس می‌توانند بینشی جامع برای تخصیص منابع در ارزیابی ژنوتیپ ارائه دهند.

نتایج مربوط به واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی و همچنین ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنتیکی و وراثت‌پذیری در بین جمعیت و درون هر جمعیت نشان داد که ویژگی مربوط به سطح ویژه برگ دارای بالاترین مقدار واریانس محیطی، ژنوتیپی و فنوتیپی بود. در این مطالعه ضریب تنوع ژنتیکی برای صفات مورد مطالعه در جمعیت ارتفاع پایین، کمتر از جمعیت‌های ارتفاع میانی و مرتفع مشاهده شد. در این مطالعه ضریب تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری مقادیر بالاتری را برای بیشتر صفات در جمعیت ارتفاع میانی نسبت به جمعیت‌های دو ارتفاع دیگر نشان داد. بیشترین میزان وراثت‌پذیری برای صفات سطح برگ، سطح ویژه برگ، وزن خشک، شاخص دمبرگ و وزن ویژه خشک در جمعیت دوم (ارتفاع ۱۲۰۰ متر) مشاهده شد. همچنین بیشترین میزان وراثت‌پذیری برای صفات شاخص برگ و محتوای آب نسبی در جمعیت سوم (۱۷۰۰ متر) مشاهده شد.

پایین بودن ضریب تنوع ژنتیکی در جمعیت اول (ارتفاع ۷۰۰ متر) می‌تواند به دلیل فعالیت‌های انسانی در این جمعیت باشد که منجر به کاهش تنوع در بین درختان شده است. مطالعه انجام شده بر روی بارانک توسط اسپهدی و همکاران (۱۳۸۲) نشان داد رویشگاه‌هایی که چرای دام و حضور انسان در آنها کمتر بود، دارای تنوع ژنتیکی بالاتری بودند. در مطالعه حاضر، ضریب تنوع فنوتیپی در همه صفات به‌جز شاخص دمبرگ، از ضریب تنوع ژنتیکی بیشتر بود. این مسئله نشان می‌دهد که عوامل محیطی بخش عمده‌ای از تنوع فنوتیپی صفات را نشان می‌دهند. بنابراین، انتخاب ژنوتیپ‌های برتر مبتنی بر این خصوصیات، نمی‌تواند عامل مؤثری باشد. بهبود کارایی به میزان ضریب تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری و واریانس افزایشی مرتبط است. جمعیت‌هایی

می‌یابد (Mckeand *et al.*, 2008).

میزان وراثت‌پذیری در این مطالعه در بین جمعیت‌ها برای بیشتر صفات در جمعیت دوم (۱۲۰۰ متر) بیشتر از ۵۰٪ مشاهده شد (جدول ۵). وراثت‌پذیری بالا نشان می‌دهد که عوامل محیطی تأثیر بسیار کمی بر روی صفات گذاشته است. میزان وراثت‌پذیری شاخص برگ و شاخص دم‌برگ در بیشتر جمعیت‌ها کمتر از بقیه صفات مشاهده شد که نشان می‌دهد تنوع موجود در بین این صفات، غیر افزایشی (از نوع غلبه یا ایستازی و یا اثرهای محیطی) بوده، بنابراین می‌توان گفت که این صفات کمتر تحت کنترل ژن قرار دارند. وراثت‌پذیری بالا باعث پویایی بیشتر در برنامه‌های اصلاح نباتات می‌شود که اجازه می‌دهد بهترین افراد نوترکیب را در یک دوره کوتاه زمانی ایجاد کند (Fortunato *et al.*, 2015). بنابراین، بهتر است در مطالعات تنوع ژنتیکی راش وراثت‌پذیری صفات دیگر مانند اندازه دانه، وزن بذر، تعداد بذر، طول برگ، عرض برگ، طول دم‌برگ، رنگ ساقه و قطر ساقه مورد بررسی قرار گیرد.

صفات مختلف تأثیرات متفاوتی از شرایط محیط دریافت نموده و میزان همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی صفات در بین درون جمعیت‌ها از همدیگر متفاوت بود. بررسی همبستگی ژنتیکی در صفات مورد بررسی در جمعیت‌های مختلف نشان داد که بالاترین میزان همبستگی بین جمعیت‌ها در ارتفاع دوم برای بیشتر صفات مشاهده شد (جدول ۷). تعاملات بالای بین محیط و ژنتیک (G×E) در بین صفات می‌تواند اثرهای مطلوبی بر روی برنامه‌های اصلاح درختان داشته باشد، زیرا می‌تواند اثرهای واریانس ژنتیکی را کاهش دهد. نتایج این بررسی نشان داد که برای بیشتر صفات مور مطالعه میزان همبستگی ژنتیکی بیشتر از همبستگی فنوتیپی بود. در همین رابطه، Lai و همکاران (2017) نشان دادند که همبستگی فنوتیپی بین صفاتی مانند قطر برابر سینه، ارتفاع، حجم تنه، عرض تاج، طول تاج و سطح تاج گونه *Pinus elliotii* مثبت و معنی‌داری بود. همبستگی فنوتیپی بین صفات در واقع اثرهای بین تعاملات ژنتیکی و محیطی هستند اما این تعاملات ممکن است به صورت خطی نباشد.

که دارای وراثت‌پذیری و ضریب تنوع ژنتیکی بالایی هستند، امکان بهبود ویژگی‌ها از طریق گزینش مستقیم پایه‌های مطلوب برای برنامه‌های اصلاحی امکان‌پذیر است. البته انتخاب بر اساس صفاتی که وراثت‌پذیری و ضریب تنوع ژنتیکی بالایی دارند می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد (Gul *et al.*, 2013).

این مطالعه نشان داد که تنوع ژنتیکی در بین جمعیت‌های مختلف وجود دارد. بنابراین جمع‌آوری، حفاظت و ارزیابی بیشتری برای ژرم‌پلاسم بهتر ضروریست. در این مطالعه دامنه تنوع ژنتیکی صفات مورد مطالعه در بین جمعیت‌های طبقات ارتفاعی مختلف متغیر بوده و نتایج نشان داد که در شرایط محیطی در ارتفاعات مختلف متفاوت بوده است. Babaeiyan و همکاران (2018) در بررسی تنوع ژنتیکی و وراثت‌پذیری در هفت جمعیت طبیعی گونه بادامک (*Amygdalus scoparia* spach) از نواحی رویشی زاگرس، ایران و تورانی و خلیج و عمانی استان فارس نشان دادند که سهم واریانس جمعیت‌ها بین (۵/۹ 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. ارزش وراثت‌پذیری صفات مشاهده شده در مطالعه حاضر از ارتفاع اول تا سوم متغیر بود. 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 (Babaeiyan *et al.*, 2018). بسیاری از صفات اقتصادی مهم، پلی‌ژنتیک بوده و تحت تأثیر عوامل متعدد محیطی و ژنتیکی قرار می‌گیرند، بنابراین برای طرح‌ریزی و ایجاد صفات مطلوب در آنها لازم است میزان تأثیر هر یک از عوامل محیطی و ژنوتیپ مشخص باشد. بدین‌منظور از وراثت‌پذیری استفاده می‌شود. تفاوت در میزان انتقال این صفات باعث به وجود آمدن تفاوت‌های ژنوتیپی در بین فرزندان می‌شود. انتخاب ژنوتیپ‌ها بر اساس فنوتیپ‌ها زمانی که وراثت‌پذیری کم می‌شود دشوار است، درحالی‌که بازده ژنتیکی با افزایش وراثت‌پذیری افزایش

- acuminata* Kunth. Grown in Costa Rica. *Silvae Genetica*, 45(1): 24-30.
- Eriksson, G. 2001. Conservation of noble hardwoods in Europe. *Can. J. For. Res.* 31:577-587.
 - Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay., 1996: Introduction to Quantitative Genetics, 4th edn. Addison Wesley Longman Ltd, London.
 - Farshadfar A. 1997. Methodology of Plant Breeding. Razi University Press. Kermanshah P. 610. In Persian.
 - Fortunato, F.L.G., Rêgo, E.R., Rêgo, M.M., Pereira dos Santos, C.A., Gonçalves de Carvalho. M. 2015. Heritability and genetic parameters for size-related traits in ornamental pepper (*Capsicum Annuum* L.). International Society for Horticultural Science, 201-206.
 - Gilmour, A., Gogel, B., Cullis, B., Welham, S. and Thompson, R., 1998. *Asreml User's Manual*, VSN International. New south Wales Agriculture, Orange.
 - Gul, R., Khan, H., Bibi, M., Ain, Q.U. and Imran, B., 2013. Genetic analysis and interrelationship of yield attributing traits in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *The Journal of Animal and Plant Sciences*, 23: 521-526.
 - Halluer, A. R., and J. B. Miranda., 1998. Quantitative Genetic In Maize Breeding. Iowa State Univ. Press, Ames Iowa.
 - Hatziskakisi, S., Tsiripidis I., and Papageogioui, A.C., 2011. Leaf morphological variation in beech (*Fagus sylvatica* L.) populations in Greece and its relation to their post-glacial origin. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 165: 422-436.
 - Lai, M., Dong, L., Yi, M., Sun, Sh., Zhang, Y., Fu, L., Xu, Z., Lei, L., Leng, Ch. and Zhang, I., 2017 Genetic variation, heritability and genotype × environment interactions of resin yield, growth traits and morphologic traits for *Pinus elliottii* at three progeny trials. *Forests*, 8(409): 2-16.
 - Metougui, M.L., Mokhtari, M., Maughan, P.J., Jellen, E.N. and Benlhabib, O., 2017. Morphological Variability, Heritability and Correlation Studies within an Argan Tree Population (*Argania spinosa* (L.) Skeels) preserved *in situ*. *International Journal of Agriculture and Forestry*, 7(2): 42-51.
 - Mckeand, SE. Li, B., Grissom, JE., Isik, F. and Jayawickrama, KJS., 2008. Genetic parameter estimates for growth traits from diallel tests of *Loblolly Pine* throughout the Southeastern United States. *Silvae Genetica*, 57(3): 101-110.
 - Mohammadi, S. A. and Prasanna B. M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-Salient statistical tools and considerations. *Crop Sci*, 43:1235-1248.
- برای صفات با وراثت‌پذیری بالا، همبستگی ژنتیکی در تعیین رابطه همبستگی فنوتیپی مهمتر است (Falconer & Mackay, 1996). در مواردی که ضریب همبستگی ژنتیکی به دلیل بزرگتر بودن مقدار کوواریانس ژنتیکی بزرگتر از یک بدست آمد برابر با یک منظور گردید. این موارد را به بزرگ بودن اثرهای محیط در بروز بعضی صفات، افزایش خطای آزمایش در اندازه‌گیری صفات و نیز خطای حاصل از کوچک بودن جامعه می‌توان نسبت داد (Farshadfar., 1997).
- به‌طورکلی، وراثت‌پذیری در جمعیت دوم (۱۲۰۰ متر) بالاتر از جمعیت‌های اول و سوم مشاهده شد و این یافته ممکن است مربوط به توپوگرافی جمعیت دوم باشد، همچنین تأثیر نسبتاً کم شرایط محیطی بر روی این صفات باشد. بنابراین به نظر می‌رسد که جمعیت دوم اصلی‌ترین منطقه حضور راش بوده و چون درختان راش باقی‌مانده از دوران سوم زمین‌شناسی هستند در طی سالیان متمادی در این جمعیت به تثبیت ژنتیکی رسیده و به سمت جمعیت‌های پایین‌تر منتقل شده‌اند. از آنجایی‌که وراثت‌پذیری نشان‌دهنده تنوع ژنتیکی است، از این رو توصیه می‌شود وراثت‌پذیری در ارتباط با پیشرفت ژنتیکی برای پیش‌بینی اثر انتخاب گونه‌های برتر مورد توجه قرار گیرد. همچنین پیشنهاد می‌شود اثرهای وراثت‌پذیری خصوصی را مورد بررسی قرار دهیم تا اثرهای واریانس افزایشی با دقت بیشتری در انتخاب پایه‌ها مورد توجه قرار گیرد.
- منابع مورد استفاده**
- Babaeiyan, M., Azadfar, D., Pahlevani, M.H., Saedi, Z. and Arzanesh. M.H., 2018. Genetic variation and heritability of *Amygdalus scoparia* Spach. Populations in Fars province. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 26(1): 84-100. In Persian.
 - Baye, T., 2002. Genotypic and phenotypic variability in *Vernonia galamensis* germplasm collected from eastern Ethiopia. *Journal of Agricultural Science*, 139, 161-168.
 - Cornelius, J., Mesén, F., Corea, E. and Henson, M., 1996. Variation in growth and form of *Alnus*

- after drought hardening in the nursery. *Tree physiology*, 24: 1147-1155.
- Scotti, I., Calvo-Vialettes, L., Scotti-Saintagne, C., Citterio, M., Degen, B. and Bonal, D., 2010. Genetic variation for growth, morphological, and physiological traits in a wild population of the Neotropical shade tolerant rainforest tree *Sextonia rubra* (Mez) van der Werff (*Lauraceae*). *Tree Genetics and Genomes*, 6: 319-329.
 - Stojnić, S., Orlović, S., Miljković, D., Wuehlisch, G., 2016. Intra and inter provenance variations in leaf morphometric traits in European beech (*Fagus sylvatica* L.). *Archives of Biological Sciences*, 68(4):781-788.
 - Zambrano, V.A.B., Lawson, T., Olmos, E., Fernández-García, N. and Borland, AM., 2014. Leaf anatomical traits, which accommodate the facultative engagement of crassulacean acid metabolism in tropical trees of the genus *Clusia*. *Journal of Experimental Botany*, 65: 3513-3523.
 - Zhong, M., J. Wang, K., Liu, R., Wu, Y., Liu, X., Wei, D. and X. Sho, 2014. Leaf morphological shift of three dominant species along altitudinal gradient in an Alpine Meadow of the Qinghai- Tibetan plateau. *Polish Journal of Ecology*, 62: 639-648.
 - Zolfaghari, R., Karimi Haji Pomagh, Kh. and Fayyaz, P., 2013. Evaluation of genetic variability of some morpho-physiological traits in brant's oak (*Quercus brantii* Lindl.). *Iranian Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research*, 21: 103-118. In Persian.
 - Pourmeidani, A., Khkdaman, A. and Mirzaie-Nodoushan, H., 2006. Heritability and phenotypic and genotypic correlations of traits in *Haloxylon aphyllum* genotypes of dry regions of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*, 13(3): 227-246. In Persian.
 - Resane, Y., Moshtagh, M.H. and Salehi, P. 2001. Quantitative and qualitative survey of northern forests. *Proceeding of the National Conference on Northern Forest Management and Sustainable Development*, Iran, Chalous, 55-79. In Persian.
 - Salehi Shanjani, P., Vettori, C., Giannini, R. and Khavari-Nejad RA., 2004. Intraspecific variation and geographic patterns of *Fagus orientalis* Lipsky chloroplast DNA. *Silvae Genetica*, 53: 193-197.
 - Salehi Shanjani, P. and Vendramin G.G., 2007. Genetic differentiation between generations of beech (*Fagus orientalis* Lipsky) populations in Caspian forest. *Iranian journal of biology*, 20(1): 50-60. In Persian.
 - Salehi Shanjani, P., Giuseppe Vendramin, G. and Calagari, M., 2011. Altitudinal genetic variations among the *Fagus orientalis* Lipsky populations in Iran. *Iranian journal of Biotechnology*, 9(1). 11-20. In Persian.
 - Salehi Shanjani, P., Asareh, MH. and Calagari, M., 2012. Genetic differentiation among the forked and monopodial beech (*Fagus orientalis* Lipsky) groups. *Iranian journal of biology*, 24(5): 752-765. In Persian.
 - Salvador, V., 2004. Drought tolerant and transplanting performance of holm oak (*Quercus ilex*) seedling

Genetic and Phenotypic Variation of *Fagus orientalis* Lipsky. Populations at Different Elevations of Masal forests, Guilan province, Iran

M. Mohebi Bijarpasi^{1*}, T. Rostami Shahraji², and H. Samizadeh Lahiji³

1* - Corresponding author, PhD Student, Department of Forestry, Faculty of Natural Resources, University of Guilan, Sowmeh Sara, Rasht, I. R. Iran

2- Professor, Department of Forestry, Faculty of Natural Resources, University of Guilan, Sowmeh Sara, Rasht, I. R. Iran

3-Professor, Department of Plant Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, I. R. Iran

Received: 30.01.2019

Accepted: 22.12.2019

Abstract

Genetic variation among populations has a key role in breeding improved varieties and plant adaptation. Recent studies have shown that genetic variation among populations of species are related to ecological effects. In this study, quantitative genetic variation in populations of eastern beech was investigated for leaf characteristics at three altitudes in Masal forests, Guilan province, Iran. For this purpose, three altitudes of 700, 1200 and 1700 m above sea level were selected. At each elevation, 20 individual trees were randomly selected. Then from each tree, a number of leaves were taken from the southern and northern parts of healthy crown and mature trees. Measurements were made for leaf index, petiole index, leaf area, leaf specific area, leaf specific dry weight, leaf relative water content and leaf dry weight. Data were analyzed using nested ANOVA method. The results showed significant differences between altitudes population for most of traits. The means of leaf area, leaf specific area and relative water content at mid elevation were higher than the other two elevations. The highest heritabilities were observed for leaf area, leaf specific area, leaf dry weight, petiole index and leaf specific dry weight in mid-altitude populations. For leaf index and relative water content, the highest heritability value was observed in high altitude populations. The results showed that the correlation between most of traits was higher value and significant in the middle altitude (1200 m) than the first (700 m) and the third (1700 m) altitude populations.

Keywords: Breeding, Genetic variation, Eastern beech, Quantitative genetics Genetic correlation.