مقاله پژوهشی

نشریه علمی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۲۹، شماره ۱، صفحه ۵۰-۳۸ (۱۴۰۰)

شناسه دیجیتال (DOI): 10.22092/ijrfpbgr.2020.343530.1370
شناسه دیجیتال (DOR): 20.1001.1.17350891.1400.29.1.4.1

تأثیر شیوه تک‌گزینی بر تنوع ژنتیکی راش در جنگل‌های شرق مازندران (مطالعه موردی: جنگل‌های هفت خال نکا)

کامبیز اسپهبدی[1*]، حامد یوسف‌زاده[2] و مالک نصیری[3]

۱*- نویسنده مسئول مکاتبات، دانشیار، بخش تحقیقات منابع طبیعی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، پست‌الکترونیک: k.espahbodi@areeo.ac.ir

۲- استادیار، گروه محیط‌زیست، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی دانشگاه تربیت مدرس، نور

۳- دانش آموخته کارشناس ارشد رشته جنگل‌داری، دانشگده منابع طبیعی و علوم دریایی دانشگاه تربیت مدرس، نور

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۴/۱۲ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۹/۱

چکیده

راش شرقی (Fagus orientalis Lipsky) یکی از مهمترین گونه‌های صنعتی جنگل‌های هیرکانی است که از حدود نیم قرن گذشته تا کنون در قالب طرح‌های جنگل‌داری با شیوه‌های مختلف جنگل‌شناسی ازجمله تک‌گزینی مورد بهره‌برداری قرار گرفته است. تنوع ژنتیکی در درختان و درختچه‌های جنگلی، برای سازگاری مستمر آنها با شرایط محیطی جدید، حیاتی است. این پژوهش با هدف بررسی تنوع ژنتیکی راش در چند قطعه بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی و مقایسه آن با تنوع ژنتیکی در قطعه شاهد در طرح جنگل‌داری مجموعه موزیسای جنگل‌های هفت‌خال شرکت نکاچوب اجرا شد. نمونه‌برداری به‌صورت جفتی از برگ‌های ۶۰ درخت بالغ در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری شده انجام شد. برای ارزیابی تنوع ژنتیکی از ۱۰ آغازگر ریزماهواره استفاده گردید. نتایج نشان داد در هر ۱۰ جایگاه ژنی مورد بررسی، قطعات چندشکل تکثیر شد. میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری شده به‌ترتیب ۰/۵۲ و ۰/۴۹ شد. فراوانی آلل‌های اختصاصی در درختان مادری در قطعه شاهد و بهره‌برداری شده به‌ترتیب ۳/۷۵ و ۳/۱۹ بود. از نظر تعداد کل آلل‌ها، آلل‌های اختصاصی، غنای آللی و هتروزیگوسیتی تفاوتی بین درختان راش در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری شده دیده نشد. بااین‌حال هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری شده، به‌ترتیب ۴۱ و ۴۵ درصد کمتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار بود. در مجموع بر اساس پارامترهای ژنتیکی استخراج شده از ۱۰ آغازگر ریزماهواره نتیجه‌گیری شد که سیستم بهره‌برداری به‌شیوه تک‌گزینی روی تنوع ژنتیکی توده‌های مادری راش در جنگل‌های مورد بررسی اثر منفی نداشته است.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، نشانگر ریزماهواره (SSR)، بهره‌برداری، شیوه تک‌گزینی، راش شرقی

مقدمه

درختان به دلیل دیرزیستی، دگرگشنی، ناهمگونی و گسترش در محیط‌های متغیر، سازوکارهای پیچیده‌ای را برای ایجاد گوناگونی درون‌گونه‌ای توسعه دادند (Palmberg-Larch, 2001). امروزه علاوه بر استمرار تولید بیولوژیک، حفظ تنوع ژنتیکی یکی از اصول اساسی برنامه‌های جنگل‌شناسی و مدیریت جنگل است (Finkeldey & Ziehe, 2004). بنابراین تنوع ژنتیکی در توده‌های جنگلی ضامن استمرار تولید جنگل محسوب شده و هرگونه تغییراتی که باعث کاهش تنوع ژنتیکی گردد، منجر به تخریب اکوسیستم خواهد شد.

اثرهای بهره‌برداری روی تنوع ژنتیکی درختان با توجه به نوع گونه جنگلی، خصوصیات زیست‌شناختی، جنگل‌شناسی

و اکولوژی گونه و همچنین نوع بهره‌برداری متفاوت می‌باشد. از این‌رو تأثیر مدیریت جنگل روی تنوع ژنتیکی توده‌ها و جمعیت‌های جنگلی در دامنه‌ای از تأثیرات منفی (Buchert *et al*., 1997; Rajora, 1999) تا بدون تأثیر (Buiteveld *et al*., 2007; Paffetti *et al*., 2012; Rajendra *et al*., 2014) گزارش شد. تنوع ژنتیکی توده‌های جنگلی می‌تواند به وسیله فعالیت‌های انسانی (در قالب طرح‌های جنگل‌داری و یا خارج از آن) تغییر یابد. از این‌رو مدیران جنگل، در راستای تهیه دستورالعمل‌های مدیریتی، نیازمند اطلاعات دقیق تنوع ژنتیکی توده‌های جنگلی تحت مدیریت و بهره‌برداری هستند تا بتوانند در جهت حفظ و بقای جنگل، به‌شکل صحیح برنامه-ریزی کنند (Joudvalkis *et al*., 2005).

در بررسی جامع در سطح وسیعی از جنگل‌های اروپا توسط Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷)، تنوع ژنتیکی راش اروپا (*Fagus sylvatica* L.) در توده‌های جفتی بهره‌برداری-شده و دخالت‌نشده در ۵ کشور اتریش، فرانسه، آلمان، هلند و ایتالیا مورد بررسی قرار گرفت. آنان در بررسی‌های خود از چهار نشانگر ریزماهواره استفاده کردند. نتایج تحقیق آنان نشان داد که تفاوت معنی‌داری از نظر غنای آلل (A_R)، تعداد آلل مؤثر (A_E)، تعداد آلل‌های اختصاصی (A_S) و هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_o) و همچنین هتروزیگوسیتی مورد انتظار (H_e) در بین توده‌های بهره‌برداری‌شده و بهره-برداری‌نشده در هیچ‌یک از ۵ کشور مورد بررسی مشاهد نشد. در این رابطه Paffetti و همکاران (۲۰۱۲) تأثیر روش بهره برداری روی تنوع ژنتیکی راش اروپایی (*Fagus sylvatica*) در توده‌های دست‌نخورده خالص و توده‌های بهره‌برداری‌شده با شیوه تدریجی-پناهی را در ایتالیا بررسی کردند و نتیجه گرفتند که شاخص تنوع ژنتیکی در توده‌های بهره‌برداری‌شده و توده‌های دست‌نخورده با یکدیگر تفاوت معنی‌دار نداشتند. در تحقیقی دیگر در پنج کشور اروپایی آلمان، فرانسه، هلند، ایتالیا و اتریش Piotti و همکاران (۲۰۱۳) تنوع ژنتیکی درون‌جمعیتی در توده‌های دست‌نخورده، بهره‌برداری‌شده و جنگل‌کاری‌شده با نهال گونه راش را بررسی کردند. بر اساس یافته‌های آنان در بیشتر کشورها به‌جز آلمان، تنوع ژنتیکی درون جمعیتی در توده‌های بهره‌برداری‌شده نسبت به توده‌های دست‌نخورده کمتر بود. در توده‌های جنگل‌کاری‌شده نیز تنوع ژنتیکی هم از توده‌های بهره‌برداری‌شده و هم از توده‌های دست‌نخورده کمتر بود. آنان دلیل آن را به جمع‌آوری بذر از تعداد اندک درختان مادری برای تولید نهال مربوط دانستند.

در آلمان تأثیر دخالت‌های انسانی روی تنوع و ساختار ژنتیکی راش در ۳۰ توده جنگلی در سه ایالت آلمان توسط Rajendra و همکاران (۲۰۱۴) بررسی شد. بر اساس نتایج بررسی آنان تنها در سه توده از ۳۰ توده مورد بررسی تفاوت بین توده‌های کمتر دخالت‌شده و توده‌های بهره‌برداری‌شده در دو شاخص هتروزیگوسیتی مشاهده شده (H_O) و ضریب درون آمیزی (F_{IS}) معنی‌دار شد. ناحیه شمال‌شرقی آلمان از تنوع ژنتیکی بالاتری نسبت به دو ناحیه دیگر برخوردار بود. در حالی‌که این ناحیه بیشتر از سایر مناطق آلمان تحت فشار ناشی از تغییر اقلیم قرار داشت. در اسلوونی Westergren و همکاران (۲۰۱۵) تنوع ژنتیکی درختان بالغ و نهال‌های راش را در دو توده مدیریت‌شده و مدیریت‌نشده (بکر) مورد بررسی قرار دادند. بر اساس یافته‌های آنها در متوسط تنوع ژنتیکی بین درختان بالغ در توده‌های بکر و درختان بالغ در توده‌های مدیریت‌شده، تفاوت معنی‌دار دیده نشد. اگرچه تعداد آلل‌های نادر در توده‌های مدیریت‌شده (۲/۸۶۷) کمتر از توده‌های بکر (۴/۱۳۳) بود. این نتایج نشان داد که در کشور اسلوونی، برش‌های پناهی باعث کاهش شاخص‌های تنوع ژنتیکی در توده‌های راش نشده است. در ادامه این بررسی‌ها، Muller و همکاران (۲۰۱۸) در آلمان و Paluch و همکاران (۲۰۱۹) در لهستان، تنوع ژنتیکی توده‌های مادری راش و زادآوری آنها را مقایسه کرده و گزارش کردند که تفاوت بین توده‌های مادری و زادآوری آنها معنی‌دار نشد.

بررسی‌های دیگر نشان داد که برداشت درخت در کلاسه-های قطری مختلف روی تنوع ژنتیکی اثرهای متفاوتی دارد. در بررسی توده‌های کاج سفید (*Pinus strobus*) توسط Nijensohn و همکاران (۲۰۰۵) در مناطق مرکزی ورمونت آمریکا گزارش شد که مقدار هتروزیگوسیتی در کلاسه‌های قطری ۶۰-۶۷، ۶۸-۷۱، ۷۲-۷۷، ۷۸-۸۶ و

۸۷–۱۱۸ سانتی‌متر به‌ترتیب ۰/۰۹۵، ۰/۱۰۳، ۰/۱۱۶ ، ۰/۱۱۷ و ۰/۱۰۲ بوده و متوسط تعداد آلل‌های نادر به‌ترتیب ۰/۸۶۴، ۰/۶۵۹، ۱/۲۰۴، ۱/۳۲ و ۰/۷۹۵ گزارش گردید. در همین رابطه Schaberg و همکاران (۲۰۰۸) تنوع ژنتیکی *Tsuga Canadensis* در سه توده شاهد (بدون دخالت)، توده‌ای که تک‌درختان کوتا، ضعیف و نامناسب برداشت شدند و توده‌ای که بر اساس قطر برابر سینه قطورترین درختان کلاسه‌های قطری برداشت شدند را ارزیابی و مقایسه کردند. نتایج نشان داد در هر دو مدل بهره‌برداری، فراوانی آلل‌های نادر که از نشانه‌های توانمندی سازگاری تطبیقی درختان هستند (Palumbi, 2001) حدود ۵۰ درصد کمتر از مقدار آن در توده شاهد بود. بااین‌حال توده‌هایی که فقط درختان قطور قطع شدند نسبت به توده‌هایی که درختان جوان قطع شدند وضعیت بهتری داشتند. میزان هتروزیگوسیتی مشاهده شده در توده‌ای که درختان قطور از آن برداشت شدند بیشتر از مقدار آن در توده شاهد و توده‌ای که درختان کم‌سن برداشت گردید بوده است.

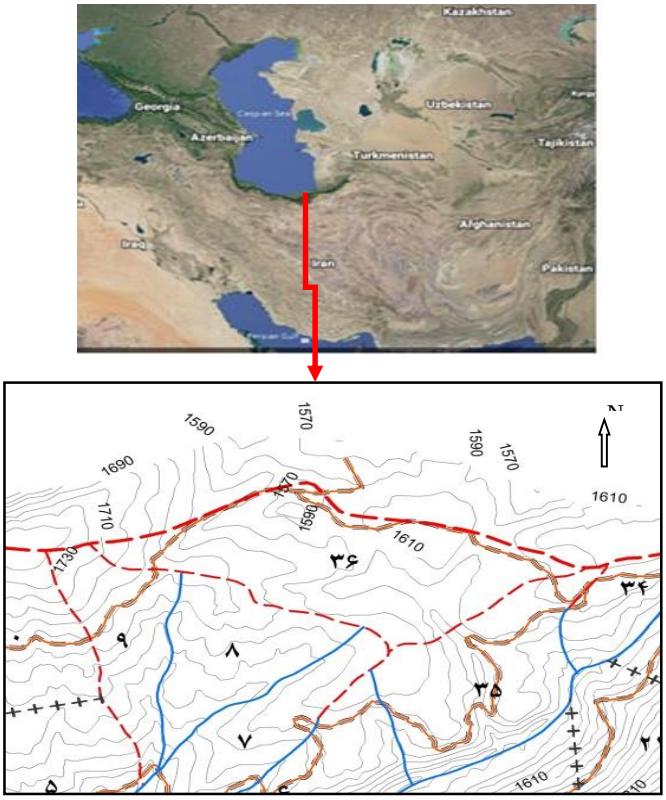
در رابطه با تنوع ژنتیکی راش خزری (*Fagus orientalis* L.) که یکی از مهمترین و صنعتی‌ترین گونه‌های درختی جنگل‌های شمال ایران بوده و در نواری به طول ۸۰۰ کیلومتر و در محدوده ارتفاعی ۷۰۰ تا ۲۲۰۰ متر از سطح دریا رشد می‌کند مطالعات اندکی انجام شده است. در بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های راش خزری توسط Salehi Sahnjani (۲۰۰۶) با روش SSR و RFLP میزان هتروزیگوسیتی ۰/۱۹ برآورد گردید و میزان تنوع ژنتیکی آن در ایران نسبتاً مناسب گزارش شد. در مطالعه‌ای دیگر بر اساس ۶ آغازگر میکروستلایت و ۱۶ جایگاه آنزیمی گزارش شد که بین تغییرات ارتفاع از سطح دریا و تنوع ژنتیکی راش رابطه معنی-دار وجود نداشته و میزان هتروزیگوسیتی توده‌های راش بین ۰/۵۸ تا ۰/۷۰ بوده است (Salehi Sahnjani *et al*., 2011). در ادامه این بررسی‌ها Salehi Sahnjani و همکاران (۲۰۱۳) گزارش کردند که بین درختان چنگالی و میـانرو راش تفاوت ژنتیکی وجود نداشته است. در یک بررسی توسط Mohebi Bijarpasi و همکاران (۲۰۲۰) در رابطه با تنوع فنوتیپی جمعیت‌های راش خزری (*Fagus orientalis* Lipsky) در ارتفاعات مختلف جنگل‌های ماسال گیلان، گزارش شد که بیشترین میزان وراثت‌پذیری در صفات شاخص برگ و محتوای آب نسبی برگ در جمعیت‌های واقع در مناطق مرتفع (۱۷۰۰ متر از سطح دریا) دیده شد.

از سال ۱۳۳۸ تاکنون شیوه‌های مختلف بهره‌برداری از جنگل، ازجمله قطع یکسره، تک‌گزینی، تدریجی–پناهی، گروه‌گزینی (خیلی محدود) و نزدیک به طبیعت در جنگل‌های راش شمال کشور اجرا شد (Marvie Mohajr, 2010). اما تک‌گزینی یکی از شیوه‌هایی بود که از اوایل دهه ۴۰ به‌طور گسترده مورد استفاده قرار گرفت. بهره‌برداری از جنگل‌ها، در قالب طرح‌های جنگل‌داری در نیم قرن اخیر، علاوه بر ایجاد تغییرات مثبت و یا منفی در ترکیب گونه‌ها، ساختار سنی و یا ساختار حجمی توده‌های جنگلی ممکن است در تنوع ژنتیکی توده‌های بهره‌برداری شده نیز تغییر ایجاد کرده باشد. به همین دلیل این تحقیق با هدف بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های راش در قطعه‌های بهره‌برداری‌شده با شیوه تک‌گزینی و مقایسه آن با تنوع ژنتیکی راش در توده بهربرداری نشده (قطعه شاهد) در طرح جنگل‌داری مجموعه موزیسای جنگل‌های هفت‌خال شرکت نکاچوب، در استان مازندران اجرا شد.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد مطالعه

این پروژه در قطعه شاهد (شماره ۳۶) و بخش‌هایی از چهار قطعه همجوار آن (شماره‌های ۷ ، ۸ و ۳۵) از مجموعه موزی-سای طرح جنگل‌داری هفت‌خال ۲ نکا انجام شد. عرصه‌های مورد بررسی در ۳۶ درجه و ۲۲ دقیقه و ۱۶ ثانیه تا ۳۶ درجه و ۱۹ دقیقه و ۳۴ ثانیه عرض شمالی و ۵۳ درجه و ۳۶ دقیقه و ۳۶ ثانیه تا ۵۳ درجه و ۱۹ دقیقه و ۸ ثانیه طول شرقی و در مجاورت یکدیگر قرار دارند (شکل ۱). مساحت قطعه شاهد ۸۸/۳۰ هکتار و مجموع مساحت سه قطعه مجاور آن ۱۴۸/۵ هکتار می‌باشد. حداقل ارتفاع از سطح دریا ۱۴۸۰ متر و حداکثر ارتفاع ۱۶۱۰ متر از سطح دریا بوده است.



شکل۱- موقعیت مکانی قطعات ۷، ۸، ۳۵ و ۳۶ در جنگل‌های هفت‌خال نکا

روش تحقیق

بر اساس مطالعات Kalinowski (۲۰۰۵) چنانچه مقدار شاخص تمایز بیشتر از ۰/۰۵ باشد حدود ۲۵ نمونه برای بررسی تنوع ژنتیکی کفایت می‌کند. از آنجایی که در مطالعات قبلی روی تنوع ژنتیکی راش با استفاده از SSR توسط Salehi Shanjani و همکاران (۲۰۱۰) مقدار شاخص تمایز بیشتر از ۰/۰۵ گزارش گردید، از این‌رو در اوایل شهریور در هر یک از دو گروه قطعه‌های بهره‌برداری‌شده و قطعه شاهد ۳۰ پایه مادری راش در قطرهای مختلف با ۱۰۰ متر فاصله از هم شناسایی و از آنها نمونه برگ تهیه شد. نمونه‌ها در نیتروژن مایع نگهداری و با کدگذاری به آزمایشگاه منتقل و در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد تا زمان استخراج DNA نگهداری شد. برای استخراج DNA ۰/۲ گرم برگ به‌عنوان ماده اولیه هر درخت در هر گروه با استفاده از کیت Nucleospin plant جداسازی گردید. ابتدا کمیت DNA با استفاده از الکتروفورز روی ژل آگارز ۱ درصد و بعد کیفیت آن به روش اسپکتروفتومتری و خوانش طول موج ۲۶۰ به ۲۸۰ نانومتر سنجیده شد.

بر اساس مطالعاتی که بر روی تنوع ژنتیکی گونه راش انجام شد، نشانگر ریزماهواره (SSR) برای این بررسی انتخاب شد. سپس ۱۰ جفت آغازگر ریزماهواره بر روی ژنوم *Fagus orientalis* L. مورد استفاده قرار گرفت. کارایی ۶ جفت آغازگر FCM5، Sf4-46، Fs3-04 ، Fs1-11، Fs1-15 و Fs1-25 قبلاً توسط Pastorelli و همکاران (۲۰۰۳) مورد تأیید قرار گرفته بود. در نهایت فرایند واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) برای تکثیر قطعات DNA در جایگاه‌های مورد نظر با استفاده از غلظت 1x بافر PCR، dNTP به مقدار ۰/۲ میلی-مولار، آغازگرها به میزان ۰/۶۶ پیکومول بر میکرولیتر، آنزیم تگ با مقدار یک واحد، مقدار $mgcl_2$ در جدول ۱ بر اساس آغازگر متفاوت و در نهایت DNA به میزان ۱۰ نانو گرم انجام شد. توالی بازهای آغازگرهای SSR مورد استفاده در جدول ۱ آمده است.

پس از تکثیر، نواحی ژنوم مورد نظر در ژل اکریل‌امید ۸ درصد بارگذاری شد. به نوارهای چندشکل به‌دست آمده، با استفاده از نرم‌افزار Gelpro32 وزن داده شد. پارامترهای مختلف ژنتیکی از قبیل درصد جایگاه چندشکلی، هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) و مشاهده شده (He)، میزان درون‌آمیزی (F_{IS}) و همچنین تمایز ژنتیکی (F_{st}) (Wright, 1978)، غنای آللی و آلل‌های اختصاصی (Petit *et al*, 1998, Frankham *et al*., 2008) داخل هر جمعیت، سهم تنوع داخل و بین جمعیتی و شاخص تشابه نئی (Nei, 1972) با نرم‌افزار GenAlEx محاسبه شد. به‌منظور برآورد جریان ژنی (Nm) از نرم‌افزار ۳۲ POPGENE استفاده شد. در پایان وضعیت تنوع ژنتیکی در دو گروه تحت بهره‌برداری در قالب طرح جنگل‌داری و نیز بدون دخالت (شاهد) مقایسه شد.

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR)

مشخصات آغازگرها			واکنش زنجیره‌ای پلیمراز		
جایگاه	تکرار توالی	توالی آغازگر (5′–3′)	Annealing Tem.	اندازه قطعه (bp)	$Mgcl_2$
Sfc0007-2	$(AG)_{24}$	F: TGTCGCAAACATTGACAAGG R: GTGGATGTGAGGTCGTTGG	60	149-157	1.5
Sfc0036	$(TC)_{23}$	F: CATGCTTGACTGACTGTAAGTTC R: TCCAGGCCTAAAAACATTTATAG	60	96-142	1.5
Sfc0146	$(TC)_{17}$	F: TCGATTTCAGACGTGATG R: TCCGCCAATTTGGTATG	55	130-202	1.5
Sfc1063	$(CT)_{13}$	F: TTTCCAACTACAACTTCATTG R: AGTGCTCGCATCGTATG	60	188-222	1.5
Sfc0305	$(GA)_{24}$	F: CCAATGGACTTGTTATACCAATC R: GCACCAGTTGCTTACAGAATAG	60	159-203	1.5
FCM5	$(AG)_{10}$	F: ACTGGGACAAAAAAACAAAA R: GAAGGACCAAGGCACATAAA	60	272-338	1.5
Sf4-46	$(TGA)_{23}$	F: GCAGTCCTCCACCATTACTA R: TACAACAGCAGGCTATCCAT	60	209-371	1.5
Fs3-04	$(GCT)_5(GTT)_3(GCT)_6$	F: AGATGCACCACTTCAAATTC R: TCTCCTCAGCAACATACCTC	60	192-204	1.5
Fs1-11	$(GA)_{15}$	F: TGAATTCAATCATTTGACCATTC R: GGAAGGGTGCTTCAATTTGG	63	98-120	2.5
Fs1-15	$(GA)_{26}$	F: TCAAACCCAGTAAATTTCTCA R: GCCTCAATGAACTCAAAAAC	60	95-135	2.5
sfc1143	$(AG)_{21}$	F: TGGCATCCTACTGTAATTTGAC R: ATTCCACCCACCATCTGTC	58	96-136	1.5
sfc0289–1	(AG)8	F: GGAAAGCTTGGTACTATTAGAG R: AAGAGAAGCTTAGTCATGTACAC	60	142–186	1.5
Sfc0109	$(GA)_{27}$	F: TTGGTGGTCAACATCAC R: TGACCATTAAGTCAACAATC	55	93–175	1.5
Fs1-25	$(GA)_{23}$	F: GACCCATACCTCTCAGCTTC R: AGAGATCATTGCAACCAAAC	65	80-118	1.5

جدول ۲- شاخص‌های تنوع ژنتیکی برای ده جایگاه ریزماهواره‌ای در گونه راش شرقی در قطعه کنترل (شاهد)

گروه‌ها	مشخصه	Mfc5	Fs3-04	Sf4-46	Fs1-15	Fs1-11	Sfc0007-2	Sfc0036	Sfc0305	Sfc1063	Sfc0146
قطعه شاهد	N	۳۰	۳۰	۳۰	۲۸	۲۸	۲۹	۲۹	۲۹	۲۷	۲۹
	Na	۱۴	۱۳	۱۳	۱۲	۱۷	۱۲	۱۷	۲۰	۱۵	۱۹
	Ne	۸/۱۸	۷/۷۵	۷/۲۸	۷/۵۳	۵/۸۲	۸/۰۴	۱۰/۹۲	۱۳/۷۸	۹/۱۱	۱۳/۲۴
	PrA	۳/۲۶	۲/۱۰	۲/۱۸	۳/۷۳	۳/۸۰	۱/۴۱	۱/۶۲	۵/۷۸	۵/۷۸	۷/۷۵
	A_R	۶/۴۹	۶/۳۸	۶/۴۱	۶/۲۸	۶/۳۹	۶/۵۲	۷/۲۹	۷/۸۷	۶/۸۵	۷/۷۵
	I	۲/۳۱	۲/۲۵	۲/۲۵	۲/۱۹	۲/۳۲	۲/۶۵	۲/۵۷	۲/۷۹	۲/۴۱	۲/۷۳
	Ho	۰/۳۶	۰/۵۰	۰/۴۶	۰/۶۰	۰/۵۰	۰/۷۲	۰/۷۵	۰/۲۴	۰/۶۳	۰/۴۸
	He	۰/۸۷	۰/۸۷	۰/۸۶	۰/۸۶	۰/۸۲	۰/۸۷	۰/۹۰	۰/۹۲	۰/۸۹	۰/۹۲
	uHe	۰/۸۹ns	۰/۸۸ns	۰/۸۷ns	۰/۸۸ns	۰/۸۴ns	۰/۸۹ns	۰/۹۲ns	۰/۹۴ns	۰/۹۰ns	۰/۹۴ns
قطعه بهره‌برداری‌شده	Na	۱۴	۹	۲۰	۲۳	۱۸	۱۵	۱۳	۱۴	۱۴	۸
	Ne	۱۰/۲۵	۶/۲۵	۱۲/۴۰	۱۶/۴۹	۱۱/۴۴	۱۱/۳۲	۹/۱۳	۱۰/۹۷	۹/۰۴	۵/۷۶
	PrA	۴/۲۶	۰/۹۲	۲/۴۵	۵/۴۷	۲/۶۴	۱/۷۱	۱/۱۷	۳/۷۳	۵/۰۸	۴/۳۸
	A_R	۶/۹۹	۵/۶۵	۷/۷۰	۸/۲۶	۷/۴۳	۷/۳۲	۶/۷۳	۷/۱۸	۶/۸۶	۵/۴۷
	I	۲/۴۲	۱/۹۷	۲/۷۳	۲/۹۵	۲/۶۳	۲/۵۴	۲/۳۴	۲/۴۸	۲/۴۰	۱/۹۰
	Ho	۰/۳۵	۰/۴۴	۰/۴۶	۰/۶۹	۰/۶۲	۰/۸۰	۰/۷۳	۰/۷۰	۰/۱۶	۰/۴۹
	He	۰/۹۰	۰/۸۴	۰/۹۱	۰/۹۳	۰/۹۱	۰/۹۱	۰/۸۹	۰/۹۰	۰/۸۸	۰/۸۲
	uHe	۰/۹۱ns	۰/۸۵ns	۰/۹۳ns	۰/۹۵ns	۰/۹۲ns	۰/۹۲ns	۰/۹۰ns	۰/۹۲ns	۰/۹۰ns	۰/۸۴ns

Ho: هتروزیگوسیتی مشاهده شده He: هتروزیگوسیتی مورد انتظار PrA: آلل‌های اختصاصی A_R: غنای آللی N_E: آلل‌های مؤثر N_e : تعداد کل آلل (مشاهده شده) I: شاخص شانون uHe: تعادل هاردی واینبرگ (ns- عدم معنی‌داری خروج از تعادل هاردی واینبرگ)

نتایج

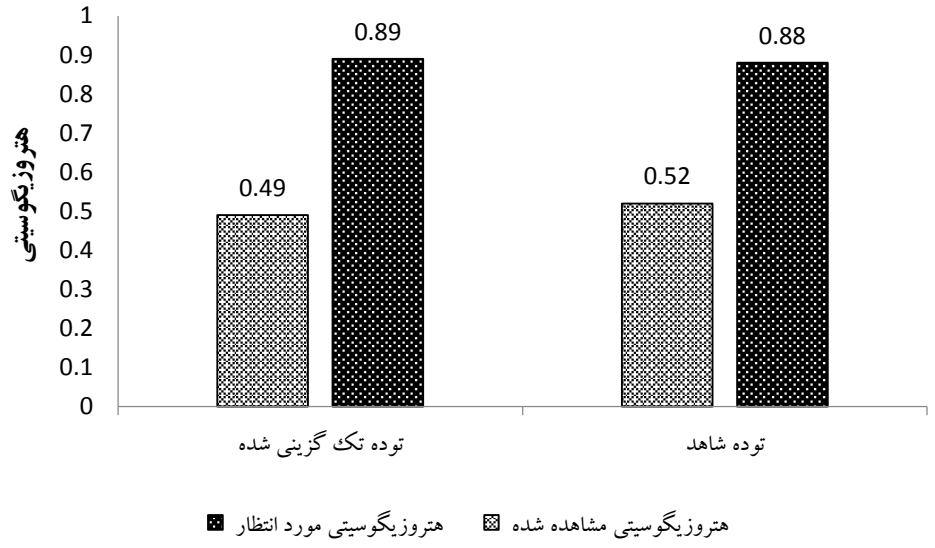
نتایج حاصل از اسپکتوفتومتری DNA (OD260/280) برای همه افراد مورد نظر برابر با ۱/۸ نانومتر بود و در این تحقیق تکثیر قطعات مورد نظر در هر ۱۰ جایگاه ژنی مورد بررسی، چندشکلی را نشان دادند. مشخصه‌های تنوع ژنتیکی برای ۱۰ جایگاه مورد بررسی به‌تفکیک دو گروه مورد بررسی (توده‌های مادری شاهد و توده مادری بهره‌برداری شده) در جدول ۲ آمده است. آغازگرهای مورد استفاده به‌طور متوسط بین ۸ تا ۲۵ جفت آلل را نشان دادند. حداقل تعداد جفت آلل به آغازگرهای Fs3-04 با ۸ تا ۱۳ جفت و Sfc0007-2 با ۱۲ تا ۱۵ جفت آلل مربوط گردید. بیشترین تعداد آلل‌ها به Sfc0305 (۸ تا ۲۵ جفت) و آغازگرهای Sf4-46، Sfc0036 و نیز Fs1-15 مربوط بوده است.

میزان هتروزیگو سیتی مورد انتظار و مشاهده شده در قطعه شاهد به‌ترتیب ۰/۸۸ و ۰/۵۲ و برای قطعه‌های بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی به‌ترتیب ۰/۸۹ و ۰/۴۹ بدست آمده است (جدول ۳). مقدار شاخص غنای آللی در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری‌شده به شیوه تک‌گزینی به‌ترتیب ۶/۸۲ و ۶/۹۶ بوده است. از نظر غنای آللی بین درختان مادری در پارسل شاهد و درختان مادری در پارسل‌های بهره‌برداری شده تفاوتی دیده نشد. فراوانی آلل‌های اختصاصی در پارسل شاهد ۳/۷۵ و در پارسل‌های بهره‌برداری‌شده ۳/۱۹ بوده است. ازاین‌رو کاهش جزئی در غنای آللی در پارسل‌های بهره‌برداری‌شده نسبت به پارسل شاهد دیده شد (جدول ۳).

البته نتایج آزمون t مستقل تفاوت بین هتروزیگوسیتی مشاهده شده بین پارسل شاهد و پارسل‌های بهره‌برداری شده را معنی‌دار نشان نداد (جدول ۴). میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در هر دو گروه مورد بررسی شاهد و بهره‌برداری‌شده به شیوه تک‌گزینی کمتر از هتروزیگو سیتی مورد انتظار بوده و این تفاوت در سطح ($p<۰/۰۱$) معنی‌دار شد (جدول ۵ و شکل ۲). هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در توده مادری راش در پارسل شاهد حدود ۴۱ در صد کمتر از هتروزیگو سیتی مورد انتظار بود. این کاهش هتروزیگو سیتی در توده‌های مادری راش در پارسل‌های تک‌گزینی‌شده حدود ۴۵ درصد بوده است. بااین‌حال میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در توده‌های راش در پارسل شاهد بیشتر از توده‌های راش در پارسل‌های بهره‌برداری شده بوده است (شکل ۲ و جدول ۴).

جدول ۳- پارامترهای مختلف تنوع ژنتیکی تودهای مادری در قطعه شاهد و قطعه‌های بهره‌برداری‌شده

مشخصه	قطعه شاهد	قطعه‌های بهره‌برداری‌شده	تفاوت
هتروزیگوسیتی مورد انتظار	۰/۸۸	۰/۸۹	۰/۰۱
هتروزیگوسیتی مشاهده شده	۰/۵۲	۰/۴۹	-۰/۰۳
غنای آللی	۶/۸۲	۶/۹۶	۰/۱۴
آلل اختصاصی	۳/۷۴	۳/۱۹	-۰/۵۶
تنوع شانون	۲/۴۸	۲/۴۴	-۰/۰۴
اندازه جمعیت	۱۵/۲	۱۴/۸	-۰/۴
اندازه مؤثر جمعیت	۹/۲	۱۰/۳	۱/۱



شکل ۲- مقایسه هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده در قطعه‌های مورد بررسی

جدول ۴- مقایسه هتروزیگوسیتی بین توده‌های مدیریت‌شده و توده شاهد

گروه	تعداد آغازگر	میانگین	انحراف معیار	t	درجه آزادی	p
شاهد	۱۰	۰/۵۲	۰/۱۶	۰/۳۹	۱۸	۰/۷۱
بهره‌برداری‌شده	۱۰	۰/۴۹	۰/۲۷			

جدول ۵- تفاوت هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده‌شده در قطعه‌های شاهد و بهره‌برداری‌شده

گروه‌ها	وضعیت	تعداد آغازگر	میانگین	انحراف معیار	t	درجه آزادی	P
قطعه شاهد	مورد انتظار	۱۰	۰/۸۷	۰/۰۳	۶/۸۱	۱۸	۰/۰۰۱
	مشاهده شده	۱۰	۰/۵۲	۰/۱۶			
قطعه‌های بهره‌برداری‌شده	مورد انتظار	۱۰	۰/۸۹	۰/۰۳	۴/۷۲	۱۸	۰/۰۰۱
	مشاهده شده	۱۰	۰/۴۷	۰/۲۷			

بحث و نتیجه‌گیری

در این پژوهش هر ۱۰ جفت آغازگر مورد استفاده باندهای چندشکلی تولید کردند. میانگین تعداد آلل‌های مورد بررسی بین ۱۴/۴ تا ۱۵/۲ متغیر بوده است. این نتیجه مشابه گزارش Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷) در بررسی تنوع ژنتیکی توده‌های راش در کشورهای آلمان، فرانسه، ایتالیا و لهستان می‌باشد. آنان چندشکلی آللی را در سه آغازگر Sf4-،Mfc5 46 و Fs1-15 که مشترک با این تحقیق بود به‌ترتیب ۱۷ تا ۲۳، ۱۰ تا ۱۹ و ۹ تا ۱۶ جفت گزارش کردند. در بقیه آغازگرهای مورد استفاده این تحقیق نیز حداقل بین ۸ تا ۱۳ جفت (Fs3-04) و یا ۱۲ تا ۱۵ جفت (Sfc0007-2) تا حداکثر ۸ تا ۲۵ جفت (Sfc0305) آلل تولید شد. از این‌رو کارایی آغازگرهای مورد استفاده در این تحقیق برای ارزیابی تنوع ژنتیکی راش خزری تأیید می‌شود.

تعداد آلل‌های مؤثر (اندازه جمعیت مؤثر) نشان می‌دهد که چه تعدادی از مجموعه افراد بالغ در یک توده جنگلی در فرایند گرده‌افشانی و لقاح دخالت مؤثر دارند (Mirzaei-Nodoushan, 2015)، در این پژوهش از ۸/۵ تا ۱۰/۲ متغیر بوده است. متوسط تعداد آلل‌های مؤثر در این تحقیق مطلوب‌تر از نتایج پژوهش‌های مربوط به بخش‌هایی از جنگل‌های فرانسه، ایتالیا، آلمان و لهستان بود که بین ۶/۶ تا ۷/۲ اعلام کردند (Buietveld *et al*., 2007) و یا بهتر از نتایج اعلام شده در رابطه با جنگل‌های راش ایتالیا در پژوهش Ciocîrlan و همکاران (۲۰۱۷) که حدود ۳ /۴ اعلام شد، می‌باشد.

تعداد آلل‌های نادر و اختصاصی که از نشانه‌های توانمندی سازگاری تطبیقی درختان هستند (Palumbi, 2001) در پارسل شاهد و پارسل‌های بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی به‌ترتیب ۳/۷۴ و ۳/۱۹ بوده است. این تفاوت اندک در تعداد آلل‌های نادر و اختصاصی به برداشت و خروج تعداد بسیار زیاد درختان مادری در طی ۳۰ سال بهره‌برداری در جنگل‌های مورد بررسی مربوط می‌شود. بر اساس بررسی‌های Nijensohn و همکاران (۲۰۰۵) در رابطه با کاج سفید (*Pinus strobus*) در ورمونت آمریکا تعداد آلل‌های اختصاصی در درختان با قطرهای مختلف، متفاوت است. فراوانی آلل‌های اختصاصی گونه *Tsuga canadensis* در توده‌ای که تک‌درختان کوتا و ضعیف آن برداشت شدند و توده‌ای که قطورترین درختان برداشت شدند حدود ۵۰ درصد کمتر از مقدار آن در توده شاهد بوده است (Schaberg et al., 2008). به‌هرحال بخشی از آلل‌های‌های نادر که به درختان قطورتر از ۷۰ سانتی‌متر مربوط می‌شود، با برداشت درختان قطورتر از ۶۰ سانتی‌متر در شیوه تک‌گزینی در پارسل‌های بهره‌برداری شده مورد بررسی این پژوهش حذف گردید.

بر اساس نتایج این بررسی غنای آللی در پارسل شاهد ۶/۸۳ و در پارسل‌های بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی ۶/۹۶ بوده است. در تحقیق Muller و همکاران (۲۰۱۸) در جنگل‌های راش آلمان و سوئیس مقدار غنای آللی بین ۶ تا ۷/۲ و در بررسی Ciocîrlan و همکاران (۲۰۱۷) در جنگل‌های راش رومانی مقدار آن ۶/۹ گزارش گردید. بااین حال در مطالعه Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷) در بخش‌هایی از جنگل‌های راش چند کشور اروپایی غنای آللی حدود ۱۲ گزارش شد. البته Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷) تنها از چهار آغازگر اختصاصی راش اروپا استفاده کردند. در حالی که در این مطالعه از ۱۰ آغازگر استفاده شد که برخی از آنها چندشکلی کمتری نسبت به چهار آغازگر یادشده تولید کردند. از این‌رو می‌توان گفت نتیجه این تحقیق به نتایج مطالعاتی که در دو و یا سه سال اخیر در رابطه با غنای آللی راش اروپا گزارش شد نزدیک می‌باشد. به‌علاوه از نظر غنای آللی بین پارسل شاهد و پارسل‌های بهره‌برداری‌شده در این تحقیق نیز تفاوت محسوسی دیده نشد.

در این پژوهش از ۰/۴۹ تا ۰/۶۶ متغیر بود. در بررسی شانجانی و همکاران (2011) هتروزیگوسیتی راش در جنگل‌های خیرودکنار بین ۰/۵۲ تا ۰/۵۹۸ گزارش شد. هتروزیگوسیتی در بررسی دیگر توسط Salehi Shanjani و همکاران (۲۰۱۰) در توده‌های بهره‌برداری شده و حفاظت‌شده راش در ۵ منطقه از جنگل‌های هیرکانی نیز بین ۰/۵۴ تا ۰/۶۱ گزارش شد. از این‌رو نتایج این تحقیق با بررسی‌های قبلی در رابطه با جنگل‌های هیرکانی هماهنگ است. هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در بررسی تأثیر شیوه پناهی روی تنوع ژنتیکی راش (*F. silvatica*) توسط Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷) در سه کشور اتریش، آلمان و ایتالیا به‌ترتیب ۰/۷۲۱، ۰/۵۹۸ و ۰/۶۵۹ گزارش گردید. در بررسی Ciocîrlan و همکاران (۲۰۱۷) در جنگل‌های رومانی میزان هتروزیگوسیتی بین ۰/۴۳۳ تا ۰/۷۱ گزارش شد.

نتایج آزمون t تفاوت بین پارسل شاهد و پارسل‌های بهره‌برداری‌شده به شیوه تک‌گزینی را از نظر هتروزیگوسیتی معنی‌دار نشان نداد. این یافته با بیشتر بررسی‌هایی که روی راش اروپا انجام شده هماهنگ است. در گزارش Piotti و همکاران (۲۰۱۳) که به بررسی اثر دخالت‌های انسانی روی تنوع ژنتیکی راش اختصاص داشت، از بین ۵ توده جفتی بهره‌برداری‌شده و دست‌نخورده راش در کشورهای مختلف

اروپایی، فقط میزان هتروزیگوسیتی در توده‌های دست‌نخورده راش در آلمان به‌طور معنی‌دار از هتروزیگوسیتی توده‌های بهره‌برداری‌شده مجاور آن بیشتر بود. در بررسی Westergren و همکاران (۲۰۱۵) گزارش شد که سیستم برش‌های پناهی باعث کاهش هتروزیگوسیتی و سایر شاخص‌های تنوع ژنتیکی در توده‌های راش کشور اسلوونی نشد. در ایران Salehi Shanjani و همکاران (۲۰۱۱) در بررسی تنوع ژنتیکی راش شرقی در جنگل‌های شمال گزارش کردند که بهره‌برداری به شیوه تک‌گزینی و یا حتی گروه‌گزینی در مقیاس کوچک در مقایسه با توده‌های دست‌نخورده تغییر معنی‌داری را روی تنوع ژنتیکی ایجاد نکرده است.

هتروزیگوسیتی نقش مهمی در برنامه اصلاحی درختان و نیز حفاظت ژنتیکی دارد (Ziehe & Hattemer, 1998). اگرچه بررسی دامنه تغییرات هتروزیگوسیتی نقش مهمی در تحلیل داده‌ها دارد اما به‌طور معمول هتروزیگوسیتی به تنهایی برای بررسی تنوع ژنتیکی کافی نیست (Petit *et al.*, 1998). هتروزیگوسیتی به همراه تعداد آلل‌های مشاهده‌شده و غنای آللی شاخص بهتری برای بررسی تنوع ژنتیکی می‌باشد (Frankham *et al.*, 2008). در مجموع با توجه به مقدار شاخص‌های هتروزیگوسیتی، تعداد آلل‌های مشاهده‌شده و غنای آللی در این پژوهش و مقایسه آن با نتایج پژوهش‌های انجام شده برای راش اروپا، می‌توان گفت تنوع ژنتیکی راش شرقی در عرصه مورد بررسی این تحقیق با تنوع ژنتیکی راش اروپا خیلی متفاوت نیست.

بر اساس یافته‌های این تحقیق تفاوت بین مقدار هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار زیاد بوده است. هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در توده‌های مورد بررسی این تحقیق بین ۰/۴۹ تا ۰/۶۶ و هتروزیگوسیتی مورد انتظار بین ۰/۷۷ تا ۰/۸۸ متغیر بوده است. در واقع هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در توده مادری در پارسل شاهد حدود ۴۱ درصد و در توده‌های مادری در پارسل‌های بهره‌برداری‌شده حدود ۴۵ درصد کمتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار بود. این تفاوت نزدیک به دو برابر تفاوت بین هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده و مورد انتظار در بررسی Buiteveld و همکاران (۲۰۰۷) برای ۱۰ توده جفتی راش در ۵ کشور اروپایی (با متوسط ۲۲ درصد) و یا تفاوت اعلام توسط Muller و همکاران (۲۰۱۸) در بررسی توده‌های بهره‌برداری‌شده و دست‌نخورده راش در کشورهای آلمان و سوئیس (با متوسط کمتر از ۵ درصد) می‌باشد. بااین‌حال در بررسی تنوع ژنتیکی جمعیت‌های بلوط ایرانی (*Q. brabtii* Lindl.) گزارش شد که میران هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده در برخی از جایگاه‌های ژنی حتی تا نزدیک ۵۰ درصد کمتر از هتروزیگوسیتی مورد انتظار بوده است (Zolfaghari et al., 2013). به‌هرحال فاصله زیاد بین هتروزیگوسیتی مشاهده شده و مورد انتظار نشان از ناپایداری ژنتیکی توده‌های گیاهی دارد (Hartl & Clark, 1997). یکی از دلایل آن کاهش مشارکت والدین متفاوت و متعدد در گرده‌افشانی است. ضریب درون‌آمیزی در این تحقیق در کل چهار توده ۰/۳۶ بدست آمد که نسبت به گزارش‌های Salehi Shanjani و همکاران (2010) که ضریب درون‌آمیزی را برای توده‌های مختلف راش خزری ۰/۰۶ گزارش کردند و یا بررسی Westergren و همکاران (۲۰۱۵) که میزان درون‌آمیزی برای گروه‌های مختلف راش با فاصله تقریباً دور از هم در جنگل‌های اروپا ۰/۰۱۶ گزارش شد مغایرت دارد. البته ممکن است دلیل مغایرت به دوری توده‌های مورد بررسی در دو تحقیق ذکر شده مربوط باشد. زیرا در تحقیق Buietveld و همکاران (۲۰۰۷) که توده‌های بهره‌برداری‌شده و شاهد راش که در مجاور هم بودند، متوسط ضریب درون‌آمیزی ۰/۲۲۴ گزارش شد. توده‌های مورد بررسی در این پژوهش نیز در مجاورت هم قرار داشتند. از این‌رو یکی از دلایل افزایش ضریب درون‌آمیزی می‌تواند نزدیکی جغرافیایی پارسل‌های بهره‌برداری‌شده و پارسل شاهد باشد. به‌علاوه در ۳۰ سال اخیر در پارسل‌های بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی، تعداد زیادی از درختان قطع شده و از عرصه خارج شدند. این موضوع موجب کاهش تعداد پایه‌های مادری مؤثر در گرده‌افشانی شده است و در نتیجه می‌تواند دلیلی دیگر علاوه بر مجاور هم‌بودن پارسل‌های مورد بررسی باشد که باعث افزایش درون‌آمیزی و کاهش میزان هتروزیگوسیتی مشاهده‌شده باشد.

در این پژوهش تفاوت بین شاخص‌های تنوع ژنتیکی پارسل‌های بهره‌برداری‌شده به‌شیوه تک‌گزینی و پارسل شاهد معنی‌دار نشد. در واقع تأثیر دخالت در توده‌های مدیریت‌شده با وجود برداشت حدود ۲ درصد از موجودی سرپا در هر سال در طی ۳۰ سال اخیر، روی کاهش تنوع ژنتیکی محسوس نبوده است. بنابراین می‌توان گفت مدیریت جنگل در قالب طرح‌های جنگل‌داری روی کاهش تنوع ژنتیکی در عرصه‌های مورد تحقیق تأثیر مخرب نداشته است. اما از سویی از فاصله نسبتاً زیاد بین هتروزیگوزسیتی مشاهده شده و هتروزیگوزسیتی مورد انتظار در هر دو گروه شاهد و گروه بهره‌برداری‌شده، فراوانی تعداد آلل‌های نادر و آلل‌های مؤثر در دو توده استنباط می‌شود که از نظر تنوع ژنتیکی توده‌های راش شرقی در این بررسی از توده‌های راش اروپا ناپایدارتر هستند.

منابع مورد استفاده:

– Buchert, G.P., Rajora , O.P., Hood, J.V. and Dancik, B.P., 1997. Effects of harvesting on genetic diversity in old-growth eastern white pine in Ontario, Canada. Conservation Biology, 11 (3): 747-758.
– Buiteveld, J., Vendramin, G.G., Leonardi, S., Kamer, K. and Geburek, T., 2007. Genetic diversity and differentiation in European beech (*Fagus sylvatica* L.) stands varying in management history. Forest Ecology and Management, 247: 98–106.
– Ciocirlan, E., Sofleteam N., Docci, F. and Lucian Curtu, A., 2017. Patterns of genetic diversity in European beech (*Fagus sylvatica* L.) at the eastern margins of its distribution range. iForest - Biogeosciences and Forestry, 10 (10): 916-922.
– Finkeldey, R. and Ziehe, M., 2004. Genetic implications of silvicultural regimes. Forest Ecology and Management, 197 (1-3): 231-244.
– Frankham, R., 2008. Genetic adaptation to captivity in conservation programs. Molcular Ecology, 17 (1): 325-333.
– Hartl, D.L. and Clark, A.G. 1997. Principles of Population Genetics. Sinauer Associates, Inc. Publishers Sunderland, Massachusetts, 652 p.
– Hedrick, P.W., 2004. Recent developments in conservation genetics. Forest Ecology and Management, 197: 3–19.
– Joudvalkis, A., Kairiukstis, L. and Vasiliauskas, R., 2005. Effects of thinning on growth of six tree species in north-temperate forests of Lithuania. European Journal of Forest Research, 124 (3): 187-192.
– Kalinowski, S.T., 2005. Do polymorphic loci require large sample sizes to estimate genetic distances? Heredity 94, 33–36.
– Marvie-Mohajer, M.R., 2011. Silviculture and Forest Breeding. 3rd Ed. Tehran Univercity press: 418. (In Persian)
– Mirzaei-Nodousahn, H., 2015. Forest Trees Seed Orchard. Tehran Univercity of Iran, 278 p. (In Persian)
– Mohebi-Bijarpasi, M., Rostami Shahraji, T. and Samizadeh Lahiji, H., 2020. Genetic and phenotypic variation of *Fagus orientalis* Lipsky. Populations at different levations of Masal forests, Guilan province, Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 27 (2): 278-290.
– Müller, M., Cuervo-Alarcon, L., Gailing, O., Rajendra K.C., ChhetriM MS., Seifert, S., Arend, M., Krutovsky, K.V. and Finkeldey, R., 2018. Genetic variation of European beech populations and their progeny from Northeast Germany to Southwest. Forests, 9: 1-9.
– Nei M., 1972. Genetic distance between populations. ASN, 106 (949): 283-292. New York & London
– Nijensohn, S.E., Schaberg, P.G., Hawley, G.J., Dehayes D.H., 2005. Genetic subpopulation structuring and its implications in a mature eastern white pine stand. Canadian Journal of Forest Research, 35 (5): 1041- 1052.
– Paffetti, D., Travaglini, D., Buonamici, A., Nocentini, S., Vendramin, G.G., Giannini, R. and Vettori, C., 2012. The influence of forest management on beech (*Fagus sylvatica* L.) stand structure and genetic diversity. Forest Ecology and Management, 284: 34-44.
– Palmberg-Lerche, C., 2001. International Action in the Management of Forest Genetic Resources: Status and Challenges. Forest Genetic Resources Working Papers (FAO).
– Paluch, J., Zarek, M. and Kempf, M., 2019. The effect of population density on gene flow between aadult trees and the seedling bank in *Abies alba* Mill. European Journal of Forest Research, 138: 203–217
– Palumbi, S. R. 2001. The Evolution Explosion. Norton & Co,
– Pastorelli, M., Smulders, J.M., Vanotwestende, W.P.C., Vosman, B., Giannini, R., Vettori, C. and Vendramin, G.G., 2003. Characterization of microsatellite markers in *Fagus Sylvatica* L. and *Fagus orientalis* Lipsky. Molecular Ecology Notes, 3: 76-88.
– Petit, R.J., Mousadik, A.E. and Pons, A. O., 1998.

populations, Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 18 (2): 165-180. (In Persian).

– Schaberg, P. G., DeHayes, D. H., Hawley, G. J. and Nijensohn, S.E., 2008. Anthropogenic alterations of genetic diversity within tree populations: implications for forest ecosystem resilience. Forest Ecology and Management, 256 (5): 855-862.

– Shanjani, P., Vendramin, G.G. and Calagari, M., 2010. Temporal genetic structure of Iranian populations of beech, *Fagus orientalis* L. (Fagaceae). Iranian Journal of Botany, 16 (1): 1-9.

– Shanjani, P., Vendramin, G.G. and Calagari, M., 2011. Altitudinal genetic variations among the *Fagus orientalis* Lipsky populations in Iran, Journal of Biotechnology, 9 (1): 11-20. (In Persian).

– Westergren, M., Bozic, G., Ferreira, A. and Kraighe. H., 2015. Insignificant effect of management using irregular shelterwood system on the genetic diversity of European beech (*Fagus sylvatica* L.): a case study of managed stand and old growth forest in Slovenia. Forest Ecology and Management, 335: 51–59.

– Wright, S., 1978. Evolution and the Genetics of Populations. Volume 4: Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago, 590 p.

– Ziehe, M. and Hattemer, H.H., 1998. The significance of heterozygosity in tree breeding and conservation. Forest Tree Improvement, 26: 3-25.

– 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.), In Persian. Journal of Rangelands and Forest Plant Breeding and Genetic Research, 21: 103-118.

Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. Conservation Biology, 12: 844-855.

– Piotti, A., Leonardi, S., Heuertz, M., Buiteveld, J., Geburek, T., Gerber, S., Kramer, K,. Vettori, C. and Vendramin, G.G., 2013. Within-population genetic structure in beech (*Fagus sylvatica* L.) stands characterized by different disturbance histories: does forest management simplify population substructure? PLOS One 8, e7339 1.

– Plumbi, S.R., 2001. Human as the workdx greatest evolutionary force, Science 293: 1786-1790.

– Rajendra, K.C., Sarah, AL., Seifert, AL., Kathleen Prinz, AC., Oliver Gailinn, AB. and Finkeldey, R., 2014. Subtle human impacts on neutral genetic diversity and spatial patterns of genetic variation in European beech (*Fagus sylvatica*). Forest Ecology and Management, 319: 138–149.

– Rajora, O., 1999. Genetic biodiversity impacts of silvicultural practices and phenotypic selection in white spruce. Theoretical and applied genetics, 99(6): 954-961.

– Salehi-Shanjani, P. and Asareh, M.H., 2013. Haplotypic variation in forked and monopodial beech (*Fagus orientalis* Lipsky) tree groups using chloroplast simple sequence repeat (cpSSR) markers, Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 21 (2): 257-269. (In Persian).

– Salehi-Shanjani, P., 2006. Comparison of PCR-RFLP and SSR chloroplast markers in study of genetic structure of beech (*Fagus orientalis*) populations in Hyrcanian forests. Journal of Forest and Poplar Research, 14 (2): 116-126. (In Persian).

– Salehi-Shanjani1, P., Vendramin, G.G. and Calagari, M., 2011. Effects of artificial selection on genetic structure of beech (*Fagus orientalis* Lipsky)

The effect of a single selection method on oriental beech genetic diversity in the forests of East Mazandaran, Iran (Case study: Haftkhal forests in Neka)

K. Espahbodi[*1], H. Yousefzadeh[2], M. Nasiri[3]

1[*]- Corresponding author, Assoc. Prof. Natural Resources Research Dept. Mazandaran, Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Sari, I.R. Iran. E-mail: k.espahbodi@areeo.ac.ir
2- Assist. Prof., Dept. Environmental Science, Faculty of Natural Resources and Marine Science, Tarbiat Modares University, Noor, Mazandaran, I.R. Iran
3- MSc Graduated, Faculty of Natural Resources and Marine Science, Tarbiat Modares University, Noor, Mazandaran, I.R. Iran

Received: 02.07.2020 Accepted: 21.11.2020

Abstract

Oriental beech (*Fagus orientalis* L.) is one of the most important industrial species in Hyrcanian forests which exploited via forestry projects with various methods, including a single selection method since the last half-century. Genetic diversity in forest trees is critical for their adaptation to the new environmental conditions. This study was aimed to study the effect of single selection method on genetic diversity of oriental beech in the forests of the east of Mazandaran province, Iran by comparing two management method in protected and exploited plots using single selection method in Haftkhal Forestry Plan. Paired sampling was performed from the leaves of 60 mature trees in the control and exploited plots. Ten microsatellite primers were used to assess the genetic diversity. The results showed that a total of all 10 microsatellites loci produced polymorphism bands. The amount of heterozygosity was 0.52 and 0.49 in the control and exploited stands, respectively. The frequency of specific alleles in mother trees were 3.75 and 3.19 in the control and exploited stands, respectively. Based on the single selection method, beech trees were not significantly different in the control and the exploited plots in terms of the total number of alleles, specific alleles, allelic richness and heterozygosity. However, the observed heterozygosity was 41 and 45% lower than the expected heterozygosity in the control and exploited stands, respectively. Therefore, based on the genetic parameters extracted from 10 microsatellite primers; it was concluded that the single selection exploited method did not have a negative effect on the genetic diversity of mother beech masses in the studied forests.

Keywords: Genetic diversity, Microsatellite, Exploitation, Single selection method, Hyrcanian forests