

## گزینش ژنوتیپ‌های برتر سیاه تاغ در شرایط اقلیمی سمنان

نیجاتعلی سالار<sup>\*</sup>، حسین میرزایی ندوشن<sup>۲</sup> و علی اشرف جعفری<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>- نویسنده مسئول مکاتبات، مریبی پژوهشی، مرکز تحقیقات منابع طبیعی و امور دام استان سمنان  
پست الکترونیک: nejatsa@gmail.com

<sup>۲</sup>- استاد، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران  
<sup>۳</sup>- دانشیار، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۹/۱۲/۱۵

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۹/۰۶

### چکیده

تاغ از جمله مهمترین گونه‌های گیاهیست که در سطح وسیعی در امر بیابان‌زدایی مورد استفاده قرار گرفته است. ویژگی‌های مطلوب این گیاه و سازگاری بالای آن در مناطق خشک باعث گردیده که هر روز بر دامنه کشت آن افزوده شود. از آنجائی‌که این گیاه علوفه خوبی در فصل پائیز و زمستان برای دام فراهم می‌کند و با توجه به میزان پروتئین موجود در آن می‌توان از آن علاوه بر اهداف زیست‌محیطی برای توازن جیره غذایی دام و با اهداف تولید گوشت استفاده کرد. در این بررسی نتاج حاصل از ۲۹ ژنوتیپ تاغ که از ۴ استان کشور جمع‌آوری شده بودند، در قالب طرح بلوك کامل تصادفی با سه تکرار در استان سمنان مورد مطالعه و بررسی قرار گرفتند. صفات ارتفاع گیاه، مساحت تاج پوشش، قطر یقه، فاصله یقه تا اولین انشعاب، میزان بذر، زنده‌مانی گیاه، آلودگی به موریانه و آلودگی به پسیل آماربرداری شد. تجزیه خوش‌های و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در بررسی داده‌های حاصل مورد استفاده قرار گرفت تا ضمن ارزیابی کیفی تنوع موجود در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های برتر نیز برای استفاده در اهداف اصلاحی از جمله احداث باغ بذر مورد شناسایی قرار گیرند. در ضمن طی این بررسی ۱۱ ژنوتیپ برتر گزینش گردیدند.

واژه‌های کلیدی: سیاه تاغ، بهنژادی، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، تجزیه خوش‌های، سمنان.

*Kochia prostrata Aellenia subaphylla richteri* و برخی گونه‌های دیگر برای اصلاح مراتع انجام شده است. این گیاهان علوفه خوبی در فصل پائیز و زمستان برای دام فراهم می‌کنند (Prikhod, 1991). گونه‌های *H. aphyllum* و *H. persicum* از جمله گونه‌هایی هستند که با توجه به میزان پروتئین آنها می‌توان برای توازن جیره غذایی دام و با اهداف تولید گوشت

### مقدمه

تاغ یکی از گیاهانی است که برای احیاء بیولوژیکی مراتع مناطق بیابانی و کویری در سطح وسیع مورد استفاده قرار گرفته است. این گیاه علاوه بر تثیت ماسه‌های روان، از نظر تأمین علوفه در مناطق خشک حائز اهمیت می‌باشد (Shamsutdinov, 1988; Clor *et al.*, 1975) *Salsola* *H. aphyllum* *H. persicum* مخلوط گونه‌های

خصوص Hajian-Shahri و Safarnejad (2003) نیز در مطالعه ۴۰ ژنوتیپ از تاغ اختلاف زیادی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر حساسیت به بیماری سفیدک سطحی مشاهده نمودند که روند این حساسیت در سال‌های مختلف نیز تغییر می‌کرد. در ضمن Mirhosseini و همکاران (2007) نیز در بررسی صفات مورفولوژیک ژنوتیپ‌های مختلف سیاه تاغ در شرایط اکولوژیک یزد تنوع زیادی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مشاهده و ارزیابی نمودند که حکایت از قابلیت این گونه در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی دارد. در ارزیابی وراثت‌پذیری صفات مورفولوژیک در مطالعه نامبردگان مشخص شد که وراثت‌پذیری این صفات در سال‌های بعد از مقدار بیشتری برخوردار است. بیشتر صفات مورد بررسی در این تحقیق نیز از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بود که نوید قابلیت این گونه در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی را با خود داشت.

در سطح بین‌المللی نیز مطالعاتی هر چند اندک در بررسی ویژگی‌های زیستی تاغ انجام شده است. از جمله این مطالعات گزارشی است که Dragracer و Petrov (1969) با مطالعه نتاج خواهر و برادر ناتنی در این گونه ارائه کرده‌اند. نامبردگان برخی شاخص‌های ژنتیکی از جمله وراثت‌پذیری را در جمعیتی از تاغ بررسی و گزارش نموده‌اند. همینطور Shamsodinov (1989) ویژگی‌های اکولوژیکی گونه‌های مختلف بیابانی از جمله تاغ را مورد بررسی قرار داده و تفاوت‌های اکولوژیک گونه‌های مختلف تاغ را فهرست نموده است. همینطور Zhang و Hou (1988) برخی از خصوصیات فیزیولوژیک و اکولوژیک تاغ را در مراحل مختلف گنولوژیک بررسی نموده و برخی از ویژگی‌های منحصر

قرمز نیز استفاده کرد (Houerov, 1978). اهمیت این گیاه باعث گردید که در سال‌های اخیر همایش اختصاصی برای معرفی توانمندی‌ها و ویژگی‌های آن در کشور برگزار شود. با این حال، با توجه به اینکه بیش از ۴۰ دهه از تاغ‌کاری در ایران می‌گذرد اما هنوز مطالعه کافی در زمینه شناسایی و ارزیابی ژنوتیپ‌های برتر این گونه صورت نگرفته است. بنابراین اهمیت منحصر به فرد این گیاه ایجاد می‌نماید که پژوهشگران نسبت به دستیابی به ژنوتیپ‌های برتر اقدام نمایند. در این خصوص Mirzaie-Nodushan و Poormeidani (2004) در مطالعه‌ای بر روی ۳۰ ژنوتیپ تاغ، قطر تاج‌پوشش را به عنوان اصلی‌ترین ویژگی مؤثر در تعیین عامل اول و خصوصیات نهال‌های یکساله تاغ را به عنوان تاثیرگذارترین صفات در تعیین عامل دوم در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی قلمداد نمودند. نامبردگان نتیجه تجزیه خوش‌های را تابعی از پراکنش جغرافیایی ژنوتیپ‌ها دانسته و در مجموع تنوع ژنتیکی زیادی را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مشاهده نمودند. در همین راستا Poormeidani و همکاران (2005) در مطالعه ژنوتیپ‌های مختلف تاغ در طی ۵ سال متوالی تعداد زیادی از ژنوتیپ‌های این گونه را مورد مطالعه قرار دادند و ژنوتیپ‌هایی را که از حیث صفات مورفولوژیک از سایر ژنوتیپ‌ها برتری داشتند را معرفی نمودند. در تحقیقی که Kashki و Safarnejad (2004) بر روی سیاه تاغ در استان خراسان انجام دادند نیز تفاوت‌های زیادی بین ژنوتیپ‌ها و جمعیت‌های مختلف تاغ از نظر ویژگی‌های مورفولوژیک از جمله خصوصیات تاج‌پوشش مشاهده گردید. در این مطالعه تعدادی از ژنوتیپ‌های تاغ به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی و معرفی گردیدند. در این

مطالعه استفاده گردید. تجزیه و تحلیل داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SPSS و MINITAB انجام شد.

## نتایج

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس صفات مورد بررسی نشان داد که مؤلفه اول ۴۳ درصد از تغییرات داده‌ها را بیان می‌کند. در مؤلفه اول ارتفاع گیاه بیشترین ضریب ویژه را به خود اختصاص داد (۰/۴۸) و بعد از آن صفات میزان بذردهی (۰/۴۷) و قطر یقه (۰/۴۳) و ارتفاع گیاه از یقه تا اولین انشعباب (۰/۳۷) ضریب‌ها ضرائب بالایی داشتند. مؤلفه دوم ۲۲ درصد از تغییرات را بیان کرد و بالاترین میزان ضریب ویژه را صفت آلووگی به موریانه (۰/۵۶) و بعد از آن صفات مساحت تاج پوشش (۰/۵۰) و صفت آلووگی به پسیل (۰/۴۹) از خود نشان دادند. مؤلفه سوم بیش از ۱۵ درصد واریانس را به خود اختصاص داد. در این مؤلفه درصد زنده‌مانی بیشترین ضریب ویژه (۰/۸۰) را داشت (جدول ۵).

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ژنتوتیپ‌های مورد بررسی نشان داد که ژنتوتیپ‌های ۳۵ (سمنان) و ۲۰ (قم) به ترتیب با مقادیر ضرایب ویژه ۳/۳۹ و ۳/۱۸ بالاترین ضرایب ویژه را در مؤلفه ۱ داشتند. به عبارتی این ژنتوتیپ‌ها در مقایسه با سایر ژنتوتیپ‌های مورد بررسی، از حیث صفات ارتفاع گیاه، قطر یقه، ارتفاع گیاه از یقه تا اولین انشعباب و میزان بذردهی از تنوع بالاتری برخوردار بودند. همچنین ژنتوتیپ‌های ۳۴ و ۳۰ متعلق به استان سمنان به ترتیب با مقادیر ضرایب ویژه ۲/۴۲ و ۲/۲۲ بالاترین ضرایب ویژه را در مؤلفه ۲ داشتند. به عبارتی این ژنتوتیپ‌ها در مقایسه با سایر ژنتوتیپ‌های مورد بررسی، از حیث صفات مساحت تاج پوشش، آلووگی به موریانه و

به فرد این گونه را بررسی و بیان نموده‌اند. گزارش‌های متعددی حکایت از آن دارد که تشریح رابطه میان متغیرهای مستقل با متغیر وابسته و محاسبه ضرایب همبستگی و محاسبه اثرهای مستقیم و غیر مستقیم صفات روی متغیر وابسته و تجزیه علیت از جمله روش‌های کارآمد در امر گزینش می‌باشند (Jafari *et al.*, 2004, Zebarjadi *et al.*, 2001, Tabaie-Aghdaie & Babaie, 2003, Salar, 2005)

## مواد و روشها

این تحقیق با استفاده از بذر ۲۹ ژنتوتیپ از گونه سیاه تاغ که از چهار رویشگاه از مناطق مختلف کشور جمع‌آوری شده بود در ایستگاه تحقیقات منابع طبیعی استان سمنان انجام شد. برای اجرای آزمایش ابتدا بذور با حفظ شجره در گلدان‌های پلاستیکی در اسفندماه کشت شده و در اوائل اردیبهشت‌ماه سال بعد به عرصه منتقل و در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کاشته شدند. به این ترتیب تیمارها مشتمل بر ۲۹ ژنتوتیپ تاغ بودند که از هر کدام، ۱۸ نتاج در آزمایش مورد مطالعه و یادداشت‌برداری قرار گرفتند. صفات ارتفاع گیاه، مساحت تاج پوشش، قطر یقه، فاصله یقه تا اولین انشعباب، میزان بذر، زنده‌مانی گیاه، آلووگی به موریانه و آلووگی به پسیل (که بر مبنای میزان مقاومت از ۱ تا ۵ رتبه‌بندی شده بودند) طی سال‌های اجرای آزمایش آماربرداری شدند. ابتدا به منظور شناخت بهتر روابط بین صفات محاسبه مطالعه، کلیه همبستگی‌های دوگانه بین صفات محاسبه گردید. از روش‌های تجزیه خوش‌های (Ward) و تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ارزیابی کیفی تنوع موجود در داده‌ها استفاده گردید. داده‌های حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای بررسی پراکنش و قرابت ژنتوتیپ‌های مورد

جدول ۱- دسته‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس

## تجزیه خوشه‌ای به روش Ward

شماره خوشه	ژنوتیپ‌ها
خوشه ۱	۱، ۴، ۵، ۹، ۳۰، ۳۴، ۳۶
خوشه ۲	۳۱، ۱۶
خوشه ۳	۳۵، ۲۰، ۲۲، ۱۱، ۳۳، ۳۲، ۱۹، ۷، ۸، ۶

بر اساس جدول شماره ۲ ژنوتیپ‌های برتر از حیث تاج‌پوشش ژنوتیپ‌های شماره ۱، ۳۰، ۲۳، ۱۲، ۹، ۳، ۱، ۳۱، ۳۰، ۲۲، ۹، ۳۶ هستند که اغلب در خوشه اول واقع شدند. هرچند که ژنوتیپ‌های برتر از حیث صفت تاج‌پوشش در این خوشه واقع شدند، اما این بررسی نشان داد که حساسیت به آلودگی به موریانه و آلودگی به پسیل در ژنوتیپ‌های مربوط به خوشه شماره ۱ بیشتر است. همچنین ژنوتیپ‌های برتر از حیث مقاومت به پسیل شامل ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۱۳، ۹، ۱۴، ۱۵، ۱۱، ۱۷ و ۱۸ می‌باشند که اغلب در گروه سوم قرار گرفته‌اند و ژنوتیپ‌های برتر از حیث مقاومت به موریانه شامل ژنوتیپ‌های شماره ۲، ۱۳، ۱۶، ۱۹، ۲۲، ۳۲ و ۳۳ می‌باشد که اغلب در گروه‌های ۲ و ۳ قرار گرفته‌اند.

خوشه ۲ شامل ژنوتیپ‌هایی می‌باشد که از حیث صفت فاصله یقه تا اولین انشعاب گیاه کوتاه‌تر می‌باشند. بنابراین اگر لازم باشد ژنوتیپ‌هایی را در مناطق بیابانی و بادخیز برای تثبیت بهتر ماسه‌های روان داشته باشیم به نحوی که فاصله اولین انشعاب شاخه‌های آنها از سطح خاک کمتر باشد می‌توان از این نتایج در بدست آوردن ژنوتیپ‌های برتر بهره جست.

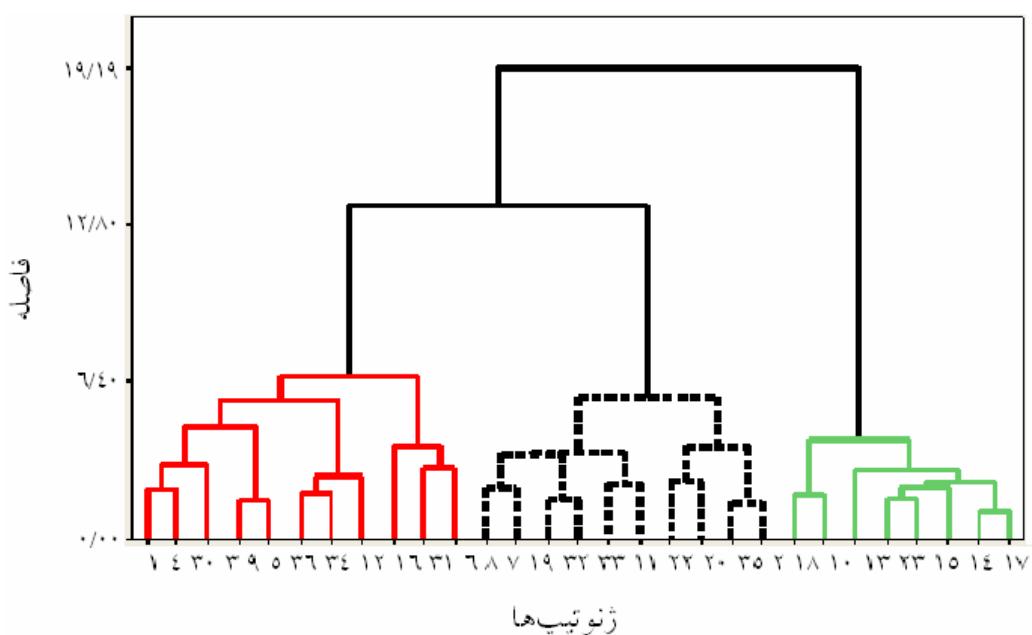
آلودگی به پسیل از تنوع بالاتری برخوردار بودند. بر اساس صفات مؤثر و آمار توصیفی (جدول‌های ۲ و ۳)، یازده ژنوتیپ برتر مشخص گردیدند (جدول ۶).

بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (جدول ۵) صفات مساحت تاج‌پوشش، آلودگی به موریانه و آلودگی به پسیل از ضرایب برداری ویژه بالاتری نسبت به سایر صفات مورد بررسی در مؤلفه دوم برخوردار بودند. بنابراین در گزینش ژنوتیپ‌ها از حیث صفت تاج‌پوشش لازم است در اولویت اول صفات مقاومت به موریانه و مقاومت به پسیل لحاظ گردد. و در اولویت دوم صفاتی را که در مؤلفه اول از ضرایب برداری ویژه بالاتر برخوردار هستند در ارتباط با صفت تاج‌پوشش مورد ارزیابی قرار گیرند. از نتایج این بررسی می‌توان در برنامه‌های اصلاحی که به منظور بهبود وضعیت ژنتیکی تاغ انجام می‌شود بهره جست.

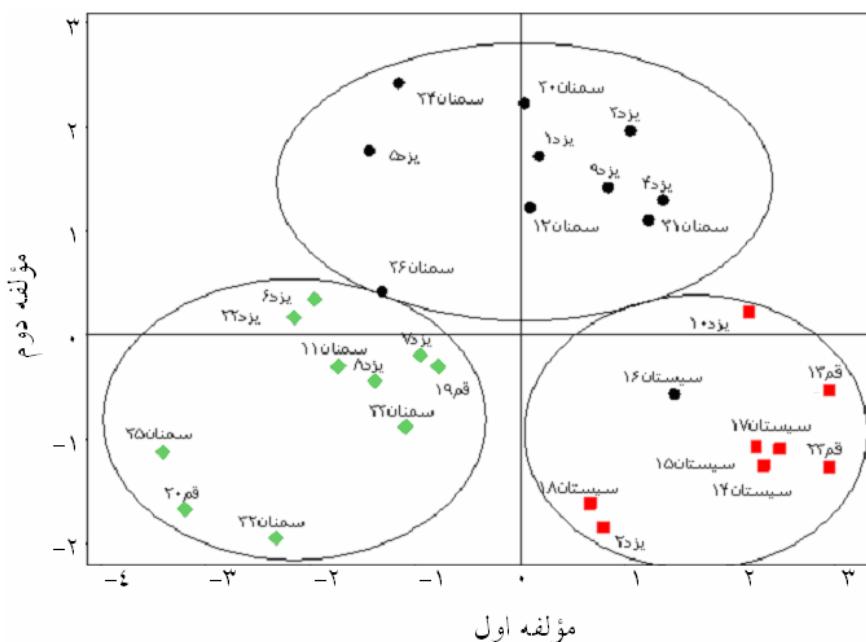
ضمناً تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی به روشن Ward برای ۲۹ ژنوتیپ با نرم‌افزار MINITAB انجام شد. بر اساس نتایج این تجزیه، مجموعه ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه گروه جداگانه قرار گرفتند. البته مشابهت و قرابت ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها نیز مشخص گردید (شکل‌های ۱ و ۲). با اطلاعات بدست‌آمده از این بررسی به نژادگر می‌تواند متناسب با اهداف اصلاحی خویش از تنوع موجود و قرابت بین ژنوتیپ‌ها به نحو مطلوب در برنامه‌های به نژادی استفاده نماید و وضعیت ژنتیکی ژنوتیپ‌های گزینش شده را بهبود بخشد. بر اساس تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی در سه خوشه به شرح جدول ۱ قرار گرفتند.

جدول ۲- میانگین صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه

شماره ژنوتیپ	مبدأ	ارتفاع گیاه (cm)	مساحت تاج پوشش (m <sup>2</sup> )	قطريقه (mm)	ارتفاع نا ولین انشعاب (cm)	درصد زنده‌مانی	بذردهی	آلوگی به پسیل (رتبه ۱ تا ۵)	آلوگی به موریانه (رتبه ۱ تا ۵)
۱	یزد	۱۳۳/۶	۳/۹۱	۳۸/۵	۲۵/۷	۸۸/۹	۱/۸۳	۲/۶۷	۲/۶۰
۲	یزد	۱۵۹/۷	۲/۷۲	۳۴/۴	۲۶/۸	۷۷/۸	۲/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰
۳	یزد	۱۵۷/۴	۴/۲۸	۴۴/۴	۳۳/۱	۸۸/۹	۱/۰۰	۱/۶۷	۱/۶۰
۴	یزد	۱۵۰/۳	۳/۹۵	۵۱/۶	۲۴/۸	۸۸/۹	۱/۸۳	۲/۳۳	۲/۰۰
۵	یزد	۱۳۸/۲	۳/۵۷	۳۱/۴	۲۱/۴	۸۸/۹	۰/۵۰	۲/۶۷	۳/۶۷
۶	یزد	۱۱۵/۰	۲/۹۰	۲۸/۴	۲۴/۰	۷۷/۸	۰/۸۳	۱/۶۷	۴/۳۳
۷	یزد	۱۴۰/۷	۳/۰۸	۳۳/۷	۲۲/۸	۸۳/۰	۰/۶۷	۱/۳۳	۳/۰۰
۸	یزد	۱۲۵/۰	۲/۸۵	۲۷/۳	۲۶/۲	۶۱/۲	۱/۱۷	۱/۶۷	۳/۳۳
۹	یزد	۱۲۸/۹	۴/۲۳	۳۸/۹	۳۳/۶	۸۸/۹	۱/۶۷	۱/۶۰	۳/۳۳
۱۰	یزد	۱۶۰/۰	۳/۵۵	۴۱/۵	۳۳/۷	۸۸/۹	۲/۰۰	۲/۰۰	۱/۰۰
۱۱	سمنان	۱۰۶/۸	۲/۲۲	۲۷/۴	۲۳/۸	۸۸/۹	۱/۳۳	۲/۰۰	۲/۶۷
۱۲	سمنان	۱۵۰/۸	۴/۶۴	۳۹/۴	۲۸/۲	۶۶/۷	۱/۰۰	۱/۰۰	۵/۰۰
۱۳	قم	۱۹۲/۲	۴/۱۰	۴۵/۶	۲۹/۳	۷۷/۸	۲/۶۷	۱/۳۳	۱/۰۰
۱۴	سیستان	۱۷۱/۱	۳/۵۱	۳۸/۲	۲۹/۵	۸۸/۹	۳/۰۰	۱/۰۰	۱/۰۰
۱۵	سیستان	۱۹۴/۴	۳/۱۸	۳۸/۲	۲۸/۱	۸۳/۰	۳/۳۳	۱/۶۷	۱/۰۰
۱۶	سیستان	۱۷۲/۸	۳/۷۳	۴۰/۵	۲۷/۱	۶۶/۷	۱/۶۷	۱/۶۰	۱/۰۰
۱۷	سیستان	۱۵۸/۹	۳/۴۲	۴۲/۹	۳۱/۶	۸۳/۴	۲/۶۷	۱/۰۰	۱/۰۰
۱۸	سیستان	۱۶۲/۲	۲/۴۱	۳۸/۲	۲۲/۳	۸۸/۹	۲/۱۷	۱/۳۳	۳/۰۰
۱۹	قم	۱۲۷/۷	۳/۲۷	۴۲/۱	۱۹/۳	۸۳/۰	۱/۰۰	۱/۰۰	۳/۳۳
۲۰	قم	۸۵/۸	۱/۷۹	۱۸/۶	۲۰/۸	۷۲/۳	۱/۰۰	۱/۳۳	۳/۰۰
۲۲	یزد	۱۱۸/۹	۲/۷۵	۳۰/۱	۱۷/۳	۱۰۰/۰	۰/۵۰	۱/۶۷	۳/۳۳
۲۳	قم	۱۸۰/۷	۳/۶۴	۴۹/۷	۲۵/۷	۸۳/۰	۳/۳۳	۱/۰۰	۱/۰۰
۳۰	سمنان	۱۰۵/۳	۴/۶۳	۵۴/۶	۲۱/۸	۷۷/۸	۱/۱۷	۲/۳۳	۳/۳۳
۳۱	سمنان	۱۸۱/۳	۴/۵۳	۴۲/۸	۲۳/۳	۶۶/۷	۲/۰۰	۲/۰۰	۴/۰۰
۳۲	سمنان	۱۲۰/۰	۲/۱۶	۳۰/۷	۱۵/۹	۶۶/۷	۰/۵۰	۱/۰۰	۲/۳۳
۳۳	سمنان	۱۱۱/۷	۳/۲۴	۳۸/۴	۱۸/۳	۶۲/۳	۱/۵۰	۱/۳۳	۲/۶۷
۳۴	سمنان	۱۳۵/۷	۳/۴۳	۳۰/۵	۲۰/۵	۸۸/۹	۰/۵۰	۲/۶۷	۴/۶۷
۳۵	سمنان	۹۵/۹	۱/۶۸	۱۷/۹	۱۸/۹	۸۳/۰	۰/۸۳	۱/۶۷	۳/۳۳
۳۶	سمنان	۱۴۳/۰	۲/۶۹	۳۱/۹	۲۲/۲	۷۷/۸	۱/۰۰	۲/۳۳	۳/۳۳



شکل ۱ - دندروگرام حاصل از تجزیه خوشای به روش Ward روی ۲۹ ژنوتیپ H. aphyllum براساس ۸ صفت مورد مطالعه



شکل ۲ - پراکنش ژنوتیپ‌های تاغ جمع‌آوری شده از استان‌های مختلف براساس دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

جدول ۳- آمار توصیفی صفات مورد بررسی

عامل‌ها	ارتفاع گیاه	مساحت تاج پوشش	قطر یقه	ارتفاع گیاه	درصد زنده‌مانی	بذردهی	آلودگی به موریانه	آلودگی به پسیل
میانگین	۱۴۲/۲	۳/۳	۳۶/۸	۲۵	۸۰/۷	۱/۶	۱/۷	۲/۷
انحراف معیار	۲۸/۸	۰/۸	۸/۷	۴/۹	۹/۸	۰/۹	۰/۵	۱/۳
واریانس	۸۲۶/۷	۰/۷	۷۶	۲۴/۳	۹۶/۲	۰/۸	۰/۳	۱/۷
دامنه	۱۰۸/۶	۳	۳۶/۷	۱۷/۸	۳۸/۸	۲/۸	۱/۷	۴/۳
حداقل	۸۵/۸	۱/۷	۱۷/۹	۱۵/۹	۶۱/۲	۰/۵	۱	۱
حداکثر	۱۹۴/۴	۴/۶	۵۴/۶	۳۳/۷	۱۰۰	۳/۳	۲/۷	۵/۳

جدول ۴- آمار توصیفی صفات مورد بررسی

صفات	ارتفاع گیاه	مساحت تاج پوشش	قطر یقه	ارتفاع گیاه	درصد زنده‌مانی	بذردهی	آلودگی به موریانه	آلودگی به پسیل
مساحت تاج پوشش	۰/۴۸***							
قطر یقه	۰/۵۷***	۰/۸۰***						
ارتفاع گیاه از یقه	۰/۵۴***	۰/۵۲***	۰/۳۶*					
درصد زنده‌مانی	۰/۰۵	۰/۰۱	۰/۰۷	۰/۲۲				
بذردهی	۰/۷۴***	۰/۲۸	۰/۵۲***	۰/۴۸***	۰/۰۶			
آلودگی به موریانه	-۰/۱۷	۰/۰۲	-۰/۰۱	۰/۰۴	۰/۲۹	۰/۲۷		
آلودگی به پسیل	۰/۵۲***	۰/۱۵	-۰/۳۰	-۰/۱۹	-۰/۱۲	۰/۵۷***	۰/۳۵*	

جدول ۵- ضرایب برداری‌های ویژه مربوط به هر یک از صفات مورد مطالعه و مقادیر ویژه،

درصد واریانس و درصد واریانس تجمعی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

صفات	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
ارتفاع گیاه	۰/۴۸	-۰/۰۶	-۰/۰۲
مساحت تاج پوشش	۰/۳۴	۰/۵۰	-۰/۳۳
قطر یقه	۰/۴۳	۰/۲۳	-۰/۲۱
ارتفاع گیاه از یقه تا اولین انشعاب	۰/۳۷	۰/۲۱	۰/۱۴
درصد زنده‌مانی	۰/۰۷	۰/۲۰	۰/۸۰
بذردهی	۰/۴۷	-۰/۲۶	۰/۰۹
آلودگی به موریانه	-۰/۰۹	۰/۵۶	۰/۳۲
آلودگی به پسیل	-۰/۳۳	۰/۴۹	-۰/۲۷
مقادیر ویژه	۳/۴۰	۱/۷۵	۱/۱۸
درصد واریانس	۰/۴۳	۰/۲۲	۰/۱۵
واریانس تجمعی	۰/۴۳	۰/۶۴	۰/۷۹

جدول ۶ - ژنوتیپ‌های گزینش شده و مشخصات آنها

ردیف	کد	مبدأ	ارتفاع گیاه (cm)	تاج پوشش (m <sup>2</sup> )	قطر یقه (mm)	ارتفاع گیاه تا اولین انشعاب (cm)	درصد زنده‌مانی	بذردهی آلو دگی به موریانه آلو دگی به پسیل
۱/۰	۱/۷	سیستان	۱۹۴/۴	۳/۱۸	۳۸/۲	۲۸/۱	۸۳/۰	۲/۳۳
۱/۰	۱/۳	قم	۱۹۲/۲	۴/۱۰	۴۵/۶	۲۹/۳	۷۷/۸	۲/۶۷
۴/۰	۲/۰	سمنان	۱۸۱/۳	۴/۵۳	۴۲/۸	۲۳/۳	۶۶/۷	۲/۳۳
۱/۰	۱/۰	قم	۱۸۰/۷	۳/۶۴	۴۹/۷	۲۵/۷	۸۳/۰	۲/۳۳
۱/۰	۱/۷	سیستان	۱۷۲/۸	۳/۷۳	۴۰/۵	۲۷/۱	۶۶/۷	۱/۸۳
۱/۰	۱/۰	سیستان	۱۷۱/۱	۳/۵۱	۳۸/۲	۲۹/۵	۸۸/۹	۳/۰۰
۱/۰	۱/۳	سیستان	۱۶۲/۲	۲/۴۱	۳۸/۲	۲۲/۳	۸۸/۹	۲/۱۷
۱/۰	۲/۰	یزد	۱۶۰/۰	۳/۵۵	۴۱/۵	۳۳/۷	۸۸/۹	۲/۵۰
۱/۰	۱/۰	یزد	۱۵۹/۷	۲/۷۲	۳۴/۴	۲۶/۸	۷۷/۸	۲/۰۰
۱/۰	۱/۰	سیستان	۱۵۸/۹	۳/۴۲	۴۲/۹	۳۱/۶	۸۳/۴	۲/۶۷
۴/۰	۱/۷	یزد	۱۵۷/۴	۴/۲۸	۴۴/۴	۳۳/۱	۸۸/۹	۱/۰۰

موریانه (۰/۵۶) و بعد از آن صفت مساحت تاج پوشش

### بحث

(۰/۵۰) از خود نشان دادند. بنابراین این مؤلفه نیز می‌تواند به عنوان یک مؤلفه اصلی در گزینش ژنوتیپ‌ها مورد توجه باشد.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس ژنوتیپ‌های مورد بررسی نشان داد که ژنوتیپ‌های ۳۵ (سمنان) و ۲۰ (قم) به ترتیب با مقادیر ضرایب ویژه ۳/۳۹ و ۳/۱۸ بالاترین ضرایب ویژه را در مؤلفه ۱ داشتند. به عبارتی این ژنوتیپ‌ها در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد بررسی، از حیث صفات ارتفاع گیاه از تنوع بالاتری برخوردار بودند. همچنین نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های ۳۴ و ۳۰ متعلق به استان سمنان به ترتیب با مقادیر ضرایب ویژه ۲/۴۲ و ۲/۲۲ بالاترین ضرایب ویژه را در مؤلفه ۲ داشتند. به عبارتی این ژنوتیپ‌ها در مقایسه با سایر ژنوتیپ‌های مورد

تجزیه همبستگی نشان داد که صفت ارتفاع گیاه می‌تواند مناسب‌ترین صفت در امر گزینش تاغ برای بهبود تاج پوشش باشد (Salar *et al.*, 2005). افزایش ارتفاع گیاه خسارت موریانه را افزایش داده و موجب کاهش تاج پوشش گردید. باید اضافه کرد که صفت میزان آلو دگی به موریانه برای گزینش مناسب است اما چون ضریب تبیین پائینی دارد از ای رو تعمیم‌پذیری آن پایین است (Salar *et al.*, 2005). در این بررسی تجزیه به مؤلفه‌های اصلی صفات نشان داد که بیشترین ضریب ویژه برای صفت ارتفاع گیاه در مؤلفه ۱ می‌باشد. بنابراین این مؤلفه می‌تواند به عنوان یک مؤلفه اصلی در گزینش ژنوتیپ‌ها مورد توجه باشد. مؤلفه دوم ۲۲ درصد از تغییرات را بیان کرد و بالاترین میزان ضریب ویژه را صفت آلو دگی به

- Mirhosseini, A. Mirzaie-Nodoushan, H., Baghestani-Meibodi, N., and Zarezadeh, A., 2007. Investigation of morphologic characters of *Haloxylon aphyllum* at Yazd ecologic conditions. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 15: 21-41.
- Mirzaie-Nodoushan, H., and Fayyaz, M.A., 2000. Assessment of genetic variation in sainfoin populations available in National Natural Resources Gene Bank. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 1: 11-35.
- Petrov,S A., and Dragracer, V., 1969. Methods of studying the genetic variability of populations of woody plants. ACB of Forestry Abstracts.
- Poormeidani, A., Adnani, S.M., and Ostovari, A., 2005. Assessment of various *Haloxylon aphyllum* in order to reclamation of desert areas of Ghom province. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 13: 329-344.
- Poormeidani, A., Mirzaie-Nodoushan, H., 2004. Investigation of genetic variation an cluster analysis of various *Haloxylon* genotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 12: 1-15.
- Safarnejad, A. and Hajian-Shahri, M., 2003. Investigation of resistance to powdery mildew in *Haloxylon* spp. Pajooresh and Sazandegi, 58: 95-99.
- Safarnejad, A. and Kashki, M.T., 2004. Evaluation of *Haloxylon aphyllum* genotypes for reclamation of desert areas. Journal of Natural Resources, 57: 169-176.
- Salar, N., Mirzaie-Nodoushan, H., and Safari, A.A., 2005. Investigation of morphologic characters in *Haloxylon aphyllum* genotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 13: 271-283.
- Shamsodinov, Z., 1989. Ecological and evolutionary basis for breeding arid -land fodder plants. Selktsiyai Semenodstov,5: 22-26.
- Tabaie-Aghdaie, S.R. and Babaie, M., 2003. evaluation of drought resistance genetic variation in *Rosa damascene* using multivariate analysis. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 11: 39-51.
- Zebarjadi, A.R., Mirzaie-Nodoushan, H., Karimzadeh, Gh., 2001. Investigation of genetic variation of *Bromus tomentellus* using multivariate analysis methods. Pajooesh and Sazandegi, 51: 2-7.
- Zhang, Y., and Hou, W.H., 1988. Ecological and physiological of *Haloxylon*. Chinese Journal of Arid-land Research, 4: 323-333.

بررسی، از حیث صفات مساحت تاج پوشش و آلوگی به موریانه از تنوع بالاتری برخوردار بودند (جدول ۶). بر اساس صفات مؤثر و بر اساس آمار توصیفی (جدول های ۲ و ۳)، ۱۱ ژنوتیپ برتر به ترتیب مشخص گردیدند (جدول ۶).

ضمیناً تجزیه خوشای ژنوتیپ های مورد بررسی به روش Ward برای ۲۹ ژنوتیپ با نرم افزار MINITAB انجام شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشای گروه مجموعه ژنوتیپ های مورد بررسی در سه گروه جداگانه قرار گرفتند. مشابهت و قرابت ژنتیکی بین ژنوتیپ ها نیز مشخص گردید (شکل های ۱ و ۲). با اطلاعات حاصل از این بررسی بهنژادگر می تواند متناسب با اهداف اصلاحی خویش از تنوع موجود و قرابت بین ژنوتیپ ها به نحو مطلوب در برنامه های بهنژادگر استفاده کرده و وضعیت ژنتیکی ژنوتیپ های گزینش شده را بهبود بخشد. امروزه ارزیابی توانمندی های ژنتیکی توده ها از نظر ویژگی های مختلف و امکان استفاده از آنها در ارقام بهتر با بازدهی بیشتر در دستور کار محققان به ویژه بهنژادگران قرار گرفته است.

## سپاسگزاری

به این وسیله از همه همکاران و مسئولین محترم مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان سمنان که در انجام این تحقیق ما را یاری نمودند تشکر می کنیم.

## منابع مورد استفاده

- Jafari, A.A., Ziaienasab, M., Hesamzadeh, M., Maddah-Arefi, H., 2004. Assessment of genetic variation of forage and seed yield of red clover (*Trifolium pretense*), using multivariate analysis methods. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 12: 91-108.

## Selection of elite genotypes of *Haloxylon aphyllum* in Semnan ecologic conditions

N.A. Salar<sup>1\*</sup>, H. Mirzaie-Nodoushan<sup>2</sup> and A.A. Jafari<sup>3</sup>

1<sup>\*</sup> - Corresponding author, M.Sc. Natural Resources and Animal Affairs Research center of Semnan, I.R.Iran

Email:nejatsa@gmail.com

2- Prof., Research Institute of Forests and Rangelands. Tehran, I.R.Iran

3- Asso. Prof., Research Institute of Forests and Rangelands, Tehran, I.R.Iran

Received:27.11.2010

Accepted:05.03.2011

### Abstract

*Haloxylon aphyllum* is an important plant species, which is widely used in sand dune fixation. Desirable characteristics of the species and high compatibility to arid areas caused the species to be increasingly planted in the areas. Since the species produces suitable high protein forage for livestock, during winter and autumn seasons, it could be used in livestock production as well as environment concerns. The research was carried out on progenies of 29 *Haloxylon aphyllum* genotypes, collected from four different sites, during 1998-2003 to select desirable genotypes, in Semnan province, using a randomized block design with three replications. Plant height, canopy cover, collar diameter, first lateral branch height from collar, seed production, pecil and trips resistance were recorded on the single plants. Cluster analysis and principal components analysis were used to evaluate qualitative variation between the studied genotypes in order to select the elite genotypes of the species to be used in breeding purposes, including seed orchard establishment. Eleven elite genotypes were detected based on the results of the experiment.

**Key words:** *Haloxylon*, Breeding, Principal components analysis, Cluster analysis, Semnan.