

بررسی تنوع ژنتیکی بارانک (*Sorbus torminalis* L. Crantz) از طریق بررسی صفات میوه

کامبیز اسپهبدی^۱، حسین میرزایی ندوشن^۲، مسعود طبری^۳، مسلم اکبری نیا^۴

چکیده

این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی بارانک از طریق بررسی صفات میوه در جنگل‌های سنگده مازندران انجام شد. برای انجام آن، دو جمعیت بارانک در منطقه انتخاب و در هر جمعیت ۲۰ پایه بارانک در قطرهای مختلف علامت گذاری گردید. ۷ صفت میوه، شامل وزن میوه با جدار گوشته، قطرهای بزرگ و کوچک، تعداد کل بذر در هر میوه، وزن کل بذرها، تعداد بذرهای سالم و وزن بذرهای سالم برای هر یک از ۴ درخت بررسی شد. ابتدا همبستگی دو به دو صفات با استفاده از روش کارل پیرسون تعیین شد. سپس از طریق روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اهمیت هر یک از صفات در ایجاد واریانس‌ها مشخص گردید. قطر بزرگ و قطر کوچک میوه بیشترین نقش را در تشکیل مؤلفه اول و قطر کوچک و تعداد بذر هر میوه بیشترین نقش را در مختصات پلات شدند. در مرحله بعد با استفاده از کل صفات میوه تجزیه و تحلیل خوش‌های انجام و فاصله ژنتیکی میان پایه‌ها تعیین گردید. نتیجه آنالیز خوش‌های، پایه‌ها

۱- عضو هیات علمی مرکز تحقیقات منابع طبیعی مازندران و دانشجوی دوره دکتری جنگل‌داری دانشگاه تربیت

مدرس

۲- دانشیار پژوهشی موسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع. تهران، صندوق پستی ۱۱۶-۱۳۱۸۵

Email: mirzaie @ rifr.ac.ir

۳- استادیار دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی دانشگاه تربیت مدرس

را در ۸ خوش مجزا گروه‌بندی نمود. شباهت زیادی میان پراکنش درختان روی محور مختصات پلات دو مؤلفه اول تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و نتیجه آنالیز خوش‌های به روش WARD وجود داشت. با توجه نتایج آنالیز خوش‌های و نیز آرایش قرارگیری پایه‌ها در پلات مؤلفه‌های اول و دوم، تنوع ژنتیکی، بیشتر ناشی از تفاوت‌های میان دو جمعیت است. این نتیجه با نتایج بررسیهای الکتروفورزی تنوع ژنتیکی که در مورد همین دو جمعیت انجام شده بود نیز همخوانی خوبی دارد.

واژه‌های کلیدی: بارانک، تنوع ژنتیکی، صفات میوه، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوش‌های

مقدمه

بارانک درختی است از خانواده گلسرخها و از جنس *Sorbus* و با نام علمی *Sorbus torminalis* گونه ارزشمندی است که در جنگلهای شمال ایران از آستانه را گلیداغی به طور پراکنده و گاهی در گروه‌های کوچک آمیخته با گونه‌هایی نظیر راش، ممرز و بلوط دیده می‌شود (اسپهبدی، و همکاران، ۱۳۸۱). این گونه درختی بلند قامت است به طوری که در شرایط مناسب، بالغ بر ۳۲ متر ارتفاع و ۱۰۰ سانتیمتر قطر به خود می‌گیرد. چوب آن بسیار گرانقیمت بوده و هنوز هم در اروپا تقاضا برای چوب آن رو به افزایش است (Bassi و Piagnani، ۲۰۰۰). به علاوه از لحاظ خواص دارویی نیز بلند آوازه است. Tsita-Txardi و همکاران (۱۹۹۱ و ۱۹۹۲) از تجزیه برگ و میوه آن بالغ بر ۱۰ نوع مواد مؤثره استخراج کرده‌اند. در شمال ایران از گیلان به سمت گرگان با توجه به تغییرات بارندگی و حرارت به تدریج خود را به ارتفاعات بالاتر می‌کشاند. این گونه با ارزش دارویی و صنعتی، به واسطه چوب با ارزش خود و گاهی برای تهیه میوه مرتب‌آمود برداشت قرار می‌گیرد. بنابراین بارانک از جمله گونه‌های آسیب پذیر می‌باشد حسینی، (۱۳۸۰). ایران منش (۱۳۸۰) با انجام آزمایش‌های الکتروفورز

آیزوآنزیمها، بیان نمود که تنوع ژنتیکی بارانک در جنگلهای مازندران زیاد نیست و بنابراین اعلام نمودند که این گونه در خطر فرسایش ژنتیکی قرار دارد.

اگرچه در سالهای اخیر تمايلات زیادی برای توسعه جنگلکاری با بارانک بوجود آمده است، لیکن با توجه به عدم آگاهی از تنوع ژنتیکی و در واقع اکوتیپهای آن، احتمال بروز خویشاوندی در مراحل مختلف تولید بذر، نهال و جنگلکاری افزایش یافته است، بنابراین سبب تشدید خطر فرسایش ژنتیکی آن می‌گردد. تا زمانی که تنوع ژنتیکی این گونه با ارزش مشخص نشود، برنامه‌های حفاظت و توسعه آن به درستی انجام نخواهد شد. امروزه از روش‌های مختلفی برای بررسی تنوع ژنتیکی استفاده می‌شود. از جمله آنها می‌توان مطالعات الکتروفورزی (آنزیمی و پروتئینهای ذخیره‌ای بذر)، روش‌های مختلف مولکولی نظیر RFLP، SSR و Williams (RAPD و همکاران، ۱۹۹۰ و Karp و همکاران، ۱۹۹۷) و AFLP (Vos و همکاران ۱۹۹۵) را نام برد. در اروپا محققان زیادی از Aas و Maier (۱۹۹۴) و Demesure (۲۰۰۰) از طریق مطالعات آیزوآنزیمی تنوع ژنتیکی بارانک را بررسی کردند و به تبع آن سعی بر این است که تنوع ژنتیکی بارانک را از طریق بانکهای ژن داخل رویشگاه (*In situ*) نگهداری نمایند (Klenschmit و همکاران، ۱۹۹۵). از سوی دیگر از آنجایی که اصلاح گران وجود تنوع مورفولوژیکی را از بدیهی ترین و ارزشمندترین ضروریات شروع کار اصلاح می‌دانند، توجه به تنوع صفات مورفولوژیکی و استفاده از آن برای بررسی تنوع ژنتیکی جایگاه مطلوبی پیدا کرده است. در تایید اظهارات Aas و Maier (۱۹۹۴) در سوئیس پایه‌های *Sorbus torminalis* و *S. aria* را از لحاظ تنوع ژنتیکی با استفاده از روش‌های آیزوآنزیمی و مورفولوژیکی مورد بررسی قرار داده‌اند و توانسته‌اند از ۷ ژنوتیپ حاصل از بررسیهای مورفولوژیکی ۶ ژنوتیپ متفاوت جدا نمایند. این سند علمی همخوانی روش‌های مولکولی و مورفولوژیکی بررسی تنوع ژنتیکی را بیشتر آشکار می‌نماید. اگرچه در این خصوص در مورد درختان جنگلی گزارش‌های زیادی در

دست نیست، ولی در خصوص گونه‌های مرتتعی، میرزاچی ندوشن و همکاران (۱۳۷۶) در بررسی تنوع ژنتیکی اسپرس، جعفری (۱۳۸۰) در چشم، شریعت و همکاران (۱۳۸۰) در یونجه یکساله و زبرجدی و همکاران (۱۳۸۰) در بروموس از این روش استفاده کردند. Ahmed (۱۹۹۴) در مصر با بررسی ۸۳ صفت مورفولوژیکی از ۹۳ جمعیت از ۲۶ گونه یونجه، درجات تنوع ژنتیکی آنها را بررسی کرد. وجود تنوع قابل ملاحظه در شکل میوه و برگ بارانک (شیخ علی، ۱۳۷۹)، امکان بررسی تنوع از طریق بررسی صفات مورفولوژیکی را بیشتر می‌کند. در این تحقیق سعی بر این است که از طریق تنوع مورفولوژیکی میوه جمعیت بارانکها را از هم تفکیک نموده و تنوع موجود در ویژگیهای میوه را مورد ارزیابی قرار داد. با مقایسه نتایج این تحقیق و مطالعات آنزمی انجام شده، می‌توان همخوانی میان روش‌های مورفولوژیکی و مولکولی را بررسی نمود.

مواد و روشها

ابتدا دو رویشگاه بارانک یکی در ارتفاع ۱۶۰۰ تا ۱۸۰۰ متری و دیگری در ارتفاع ۲۱۰۰ تا ۲۳۰۰ متری از سطح دریا در جنگلهای سنگده انتخاب شد. رویشگاه اول دارای خاک عمیق و در جهت شمال غربی واقع و رویشگاه دوم با شیب نسبتاً زیاد در جهت غربی واقع است. در هر رویشگاه ۲۰ پایه بارانک در قطرهای مختلف (بدون توجه به کیفیت درخت) علامت‌گذاری گردید. با توجه به اینکه شکوفایی گلها در دهه سوم اردبیهشت رخ داده‌اند و میوه‌ها در اوایل خرداد نمایان می‌شوند و در اوایل پاییز می‌رسند، (اسپهبدی و همکاران، ۱۳۸۱) در اواسط ماه مهر به فاصله ده روز به ترتیب از رویشگاههای واقع در ارتفاع پایین و بالا از هریک از پایه‌های بارانک میوه رسیده جمع‌آوری گردید. از هر پایه به طور تصادفی ۶۰ عدد میوه جدا شد و هفت صفت زیر مورد بررسی قرار گرفت:

وزن میوه رسیده با جدار گوشتی آن (با دقت صدم گرم)

قطر بزرگ میوه (بر حسب میلیمتر)

قطر کوچک میوه (بر حسب میلیمتر)

تعداد دانه در پریکارپ هر میوه

وزن دانه‌های موجود در پریکارپ هر میوه (به صدم گرم)

تعداد دانه‌های سالم در پریکارپ هر میوه

وزن دانه‌های سالم هر پریکارپ

برخی از صفات مانند رنگ میوه و یا شکل کلی آنها کیفی بوده و بنابراین از آنها در تجزیه آماری استفاده نشد. در این بررسی میانگین صفات در تجزیه و تحلیل مورد استفاده قرار گرفت. ابتدا با استفاده از روش کارل پیرسون همبستگی میان کلیه ترکیبیهای دوگانه صفات بررسی شد. بعد با استفاده از نرم افزار MSTATC و استفاده از روش تجزیه به مولفه‌های اصلی، نقش و اهمیت هر صفت در واریانس موجود در داده‌ها مشخص گردید. در مرحله بعد با استفاده از نرم افزار SPSS، دو مولفه اول و دوم در مقابله هم پلات شدند تا پراکنش پایه‌ها در محور مختصات بدست آمده و دسته‌بندی شوند. در نهایت با استفاده از نرم افزار JMP تجزیه خوش‌های انجام شد تا این طریق نیز پایه‌ها دسته‌بندی گردد.

نتایج

شکل و ساختار میوه:

میوه بارانک در مناطق مورد مطالعه به اشکال مختلف دیده شده است. برخی کروی، برخی تخم مرغی واژگون و برخی دیگر بیضوی کشیده بودند (شکل شماره ۱). رنگ میوه‌ها از جگری برآق تا قهوه‌ای کم رنگ چرمی متفاوت می‌نمود. روی برخی از میوه‌ها عدسکهای ریز به رنگ کرم نیز دیده شده است. وزن میوه‌ها با جدار گوشتی

به طور متوسط حدود $1/3$ گرم، اندازه‌گیری شد. اگرچه گزارش شد که در هر میوه میان 2 الی 4 بذر وجود دارد (شیخ علی، ۱۳۷۹) ولی در در 5 پایه از بارانک‌های جمعیت A (منطقه سنگده) و 2 پایه از بارانک‌های جمعیت B (منطقه اشک)، میوه‌هایی یافت شدند که حاوی 5 بذر و در یک درخت در منطقه سنگده میوه‌ای با 6 بذر در پریکارپ مشاهده شده است. میانگین داده‌های حاصل از هفت صفت مورفولوژیکی میوه از 40 پایه از درخت بارانک در جدول شماره 1 آمده است. در رویشگاه اول، حداکثر وزن میوه به درختان شماره A1 و A2 ($1/72$) متعلق بوده و حداقل آن به درخت شماره B14 ($1/92$ گرم) تعلق داشت. در رویشگاه دوم درخت B4 ($1/57$ گرم) و $(0/88)$ به ترتیب حداکثر و حداقل را به خود اختصاص دادند. بنابراین بیشترین وزن میوه مربوط به رویشگاه A و کمترین آن مربوط به رویشگاه B می‌باشد. از نظر قطر میوه، بالاترین مقدار قطر بزرگ مربوط به درخت A16 و بیشترین مقدار قطر کوچک A نیز به درخت شماره A6 تعلق داشت. به طور کلی میوه‌های درختان رویشگاه درشت‌تر از میوه‌های درختان منطقه B می‌باشند. از نظر تعداد و وزن دانه‌های سالم، بیشترین‌ها به درختان شماره 2 و 20 رویشگاه B مربوط است. در خصوص وزن کل دانه‌ها و تعداد کل دانه‌ها اختلاف زیادی میان درختان مشاهده نمی‌شود.

همبستگی صفات میوه

صفات مورفولوژیکی (شکل و ساختار میوه) به دلایل مختلفی، از جمله احتمال وجود لینکاز میان ژنهای کنترل کننده آنها و نیز چند شکلی بودن احتمالی اثر ژنهای کنترل کننده صفات مورفولوژیکی، ممکن است همبستگی خاصی را نشان دهند (شریعت و همکاران، ۱۳۸۰). آگاهی از این همبستگی‌ها موارد استفاده بسیاری در به نژادی گیاهان دارد. نتایج این تحقیق آشکار می‌سازد که بین تعداد دانه و وزن میوه همبستگی معنی‌داری وجود ندارد (جدول شماره 2). در واقع نمی‌توان انتظار داشت که

میوه‌های درشت‌تر دارای تعداد بذر بیشتری باشند. ولی میان تعداد دانه‌های سالم و وزن دانه‌های سالم همبستگی معنی دار در سطح $0/01$ وجود دارد. افزایش و یا کاهش قطر بزرگ و یا قطر کوچک میوه تاثیری در تعداد و یا وزن بذر ندارد. اگرچه میان قطر بزرگ و قطر کوچک میوه همبستگی وجود ندارد، ولی میان قطرهای میوه و وزن میوه همبستگی معنی داری (در سطح ادرصد) وجود دارد. با این حال افزایش و یا کاهش قطر در خصوص تعداد و وزن بذر تاثیری ندارد.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان می‌دهد که در تشکیل مولفه اول، متغیر شماره ۲ (قطر بزرگ میوه) بیشترین نقش را دارد (جدول شماره^۳)، بعد از آن نیز قطر کوچک میوه بیشترین تاثیر را دارد. اما در تبیین مؤلفه دوم قطر کوچک میوه و تعداد بذر در هر میوه نقش زیادی دارند. مؤلفه‌های شماره ۱ و ۲ که در تعیین آنها قطرهای میوه و تعداد بذر در هر میوه بیشترین نقش را داشتند به تنها $46/81$ درصد واریانس‌ها را به خود اختصاص می‌دهند (جدول شماره^۴). از آنجایی که در تشکیل مولفه‌های اول و دوم بیشترین نقش را قطرهای کوچک و بزرگ میوه و تعداد کل دانه در هر میوه داشته و حتی در تشکیل مولفه‌های سوم و چهارم نیز نقش مهمی ایفاد نموده و از سوی دیگر مؤلفه‌های یک تا چهار بیش $6/99$ ٪ واریانس‌های ریشه مخفی را به خود اختصاص می‌دهند (جدول شماره^۴)، می‌توان استنباط نمود که صفات یاد شده کاربردی به نسبت خوبی در گروه‌بندی پایه‌های بارانک در جمعیتهای مختلف دارند. بنابراین در بررسیهای آینده چنانچه تنها صفاتی چون قطرها و تعداد دانه‌های میوه اندازه‌گیری شود، می‌توان نتیجه بسیار مشابهی با بررسی ۷ صفت یاد شده را انتظار داشت.

تجزیه خوشهای

تجزیه خوشهای، به روش WARD بر مبنای هر هفت صفت میوه انجام شد. با رسم خط برش، تقریباً در فاصله ۷/۹، پایه‌های مورد بررسی در ۸ خوشه گروه‌بندی شدند. در خوشه اول، درختان شماره ۱ و ۲ منطقه A جای گرفتند. در خوشه دوم، درختان شماره ۴، ۶ و ۱۸ رویشگاه A و درختان شماره ۱ و ۱۸ رویشگاه B قرار گرفتند. درخت ۱۷ منطقه A و درختان ۳ و ۴ منطقه B درخوشه سوم، درختان ۷ و ۱۰ منطقه A و درختان ۹، ۵ و ۱۵ منطقه B در خوشه چهارم قرار گرفتند. در خوشه پنجم، درخت ۱۱ منطقه A و درختان ۱۳ و ۱۴ منطقه B و در خوشه ششم درختان ۱۴، ۱۹ و ۲۰ منطقه A و درختان ۱۰، ۱۱، ۱۲، ۱۶ و ۱۷ منطقه B جای گرفتند. در خوشه هفتم، درختان ۳، ۸ و ۱۲ منطقه A و درختان ۲، ۶، ۷، ۱۸ و ۱۹ منطقه B و در خوشه هشتم، درختان ۵ و ۱۳ منطقه A و درخت ۲۰ منطقه B قرار گرفتند. نتایج آنالیز خوشهای همچنین نشان می‌دهد که به رغم اینکه درختان شماره یک و سه رویشگاه A در جهت شمال غربی و روی خاک تقریباً مشابهی حضور دارند بیشترین فاصله ژنتیکی (۸/۱۲۴) را داشتند. از سوی دیگر درخت شماره ۱۵ رویشگاه A و درخت شماره ۹ رویشگاه B با وجود واقع شدن در جهت و خاک تقریباً کاملاً متفاوت کمترین فاصله را (۰/۵۰۷) از هم دارند.

بحث و نتیجه‌گیری

در این آزمایش بررسی همبستگی میان صفات نشان داد که میان وزن میوه و تعداد بذر داخل آن همبستگی معنی‌داری وجود ندارد. ولی میان قطر بزرگ و کوچک میوه و وزن میوه همبستگی معنی‌داری وجود دارد. از بررسی تجزیه و تحلیل همبستگی این موضوع نیز روشن می‌شود که لزوماً میوه‌های درشت دارای بذرها بیشتر نیستند،

بنابراین حجم عمدۀ میوه را جدارگوشتی آن تشکیل داده و احتمالاً بیشتر متاثر از شرایط محیطی می‌باشد.

از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نیز معلوم شد که در میان صفات مختلف میوه، قطرهای بزرگ و کوچک میوه بیشترین تاثیر را در واریانسها و تشکیل مؤلفه‌ها دارند. با توجه به شرایط تقریباً یکسان داخل هر رویشگاه، احتمال می‌رود که صفاتی چون قطر بزرگ و قطر کوچک کمتر تحت تاثیر محیط قرار گرفته و احتمالاً بیشتر متاثر از خصوصیات ژنتیکی گیاه می‌باشند. در عوض صفاتی چون وزن میوه از تغییر شرایط محیطی به ویژه تغییرات آب و هوایی و یا خصوصیات خاک تاثیر می‌گیرد.

از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تاکنون در گروه‌بندی اکوتیپها و ارقام بعضی از گراسها استفاده شده است (Berdahl و همکاران، ۱۹۹۹، Casler، ۱۹۹۵ و Humphreys، ۱۹۹۱). اصولاً تجزیه به مؤلفه‌های اصلی قبل از کلاستر مورد استفاده قرار می‌گیرد تا اهمیت نسبی متغیرها (صفات) در تشکیل کلاستر روشن شود (Jackson، ۱۹۹۱). در واقع چنانچه از کل صفات مورد اندازه‌گیری در تجزیه و تحلیل خوش‌های استفاده شود و یا زمانی که تنها متغیرهای مهم تعیین شده و در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بکار گرفته شود، در نتیجه حاصل تغییر قابل ملاحظه‌ای ایجاد نخواهد شد. در واقع می‌توان تنها تعداد کمی از متغیرها که در تبیین مؤلفه‌های اول و دوم نقش دارند را در تجزیه و تحلیل بکار برد. اساساً تکنیک تجزیه به مؤلفه‌های اصلی روشی برای کاهش حجم محاسبات با حفظ دقت آزمایش می‌باشد. بنابراین در تکرار این گونه تحقیقات در آینده می‌توان تنها با استفاده از قطرهای میوه و تعداد بذر، تنوع را بررسی نمود. از سوی دیگر با توجه به همبستگی میان وزن میوه و قطرهای میوه و با توجه به اینکه اساساً در شکل میوه قطرهای میوه نقش دارند، با توجه به سهم بسیار بالای قطرهای میوه در ایجاد واریانس‌ها، می‌توان استنباط نمود که شکل میوه بارانک می‌تواند بیشتر تحت تاثیر عوامل ژئی باشد.

در خوشه بندی، درختان هر منطقه بیشتر با خودشان تشکیل یک خوشه دادند. به عنوان مثال درختان شماره ۱ و ۲ منطقه A تشکیل یک خوشه و نیز در تشکیل خوشه‌های ۴، ۸ درختان منطقه A بیشتر نقش داشتند و در مقابل برای تشکیل خوشه‌های ۳، ۵، ۶ و ۷ درختان منطقه B دخالت بیشتری داشتند. نکته مهم دیگر اینکه درخت شماره ۱ رویشگاه A با درختان شماره ۳ همان رویشگاه بیشترین فاصله ژنتیکی را داشتند، به رغم اینکه این درختان هم از یک منطقه و در یک جهت و در خاک تقریباً مشابهی حضور دارند. از سوی دیگر درختان شماره ۱۵ منطقه A و ۹ منطقه B کمترین فاصله را از هم دارند. باید توجه داشت که این دو پایه در دو منطقه کاملاً متفاوت از همدیگر از نظر جهت، شب و خاک و با اختلاف ارتفاع نزدیک به ۵۰۰ متر از همدیگر قرار دارند. با توجه به نتیجه پلات دو مؤلفه‌های اول و دوم و نیز نتیجه تجزیه خوشه‌ای به نظر می‌رسد که اختلاف ژنتیکی میان دو جمعیت از تفاوتهای درون دو جمعیت بیشتر باشد. ایران منش (۱۳۸۰) نیز با مطالعه آیزوآنژیمی روی ۲۲ پایه از بارانک‌های دو جمعیت یاد شده و مشاهده ایزوآنژیم میانی α در ۱۱ پایه جمعیت دوم (سنگده) و عدم مشاهده آن در پایه‌های جمعیت اول (اشک)، نتیجه گرفتند که اساساً با توجه به الگوهای ایزوآنژیمی، دو جمعیت یاد شده از هم متمایز می‌باشند. از این رو همخوانی خوبی میان بررسی تنوع از طریق صفات میوه و مطالعات ایزو آنژیمی وجود دارد. به علاوه این نتیجه با یافته‌های Aas و Maier (۱۹۹۴) که تنوع ژنتیکی مورفولوژیکی بدست آورند، نیز هم راست است. با این حال پیشنهاد می‌شود با انجام تحقیقات بیشتر و بررسی تنوع ژنتیکی از طریق روش‌های مولکولی (در مورد تک تک پایه‌های مورد مطالعه این تحقیق)، کارایی روش بررسی تنوع مورفولوژیکی را نسبت به روش‌های مولکولی دقیق‌تر ارزیابی نمود.

جدول شماره ۱ - میانگین صفات کمی میوه کلیه پایه‌های بارانک

درخت	منطقه	وزن میوه (گرم)	قطر بزرگ میوه (ملیمتر)	قطر کوچک میوه (ملیمتر)	تعداد دانه	وزن دانه‌ها (گرم)	تعداددانه سالم	وزن دانه‌های سالم (گرم)
۱	A1	۱/۷۲	۱۶/۸۹	۱۲/۱۴	۱/۶۳	۰/۰۹	۱/۳۷	۰/۰۸
۱	A2	۱/۷۲	۱۸/۶۴	۱۲/۱۷	۲/۳۵	۰/۰۹	۱/۸۲	۰/۰۸
۱	A3	۱/۳۰	۱۵/۳۶	۱۱/۷۸	۲/۰۵	۰/۰۹	۲/۰۵	۰/۰۹
۱	A4	۱/۳۰	۱۶/۰۸	۱۰/۸۱	۲/۲۰	۰/۰۸	۱/۰۵	۰/۰۸
۱	A5	۱/۷۱	۱۷/۳۰	۱۲/۰۸	۳/۱۷	۰/۱۰	۲/۰۴	۰/۱۰
۱	A6	۱/۳۷	۱۶/۴۸	۱۲/۷۷	۲/۲۰	۰/۰۸	۱/۰۷	۰/۰۸
۱	A7	۱/۰۵	۱۳/۷۸	۱۱/۴۹	۲/۰۷	۰/۰۹	۱/۰۵	۰/۰۵
۱	A8	۱/۱۲۷	۱۶/۱۲۳	۱۱/۶۲	۲/۰۹	۰/۰۹	۲/۰۳۲	۰/۰۸
۱	A9	۱/۱۹	۱۳/۵۲	۱۱/۳۱	۲/۰۰	۰/۱۱	۲/۰۳۸	۰/۱۰
۱	A10	۱/۱۰	۱۳/۹۸	۱۱/۰۵	۲/۰۸	۰/۰۹	۱/۰۸	۰/۰۸
۱	A11	۱/۰۴	۱۳/۶۷	۱۱/۰۲	۲/۰۵	۰/۰۸	۱/۰۳۷	۰/۰۵
۱	A12	۰/۹۵	۱۳/۳۱	۱۱/۰۳	۳/۰۷	۰/۰۹	۲/۰۹۲	۰/۰۸
۱	A13	۱/۳۵	۱۵/۱۴	۱۲/۱۴	۳/۰۰	۰/۰۱۲	۲/۰۰	۰/۱۰
۱	A14	۱/۰۸	۱۴/۷۴	۱۰/۰۷	۲/۰۸	۰/۰۹	۲/۰۴۵	۰/۱۰
۱	A15	۱/۲۸	۱۵/۰۸	۱۱/۴۵	۲/۰۴	۰/۰۸	۱/۰۸	۰/۰۷
۱	A16	۱/۴۳	۱۸/۴۱	۱۰/۰۳	۱/۰۰	۰/۰۷	۱/۰۲۸	۰/۰۷
۱	A17	۱/۳۰	۱۴/۰۶	۱۱/۰۴	۱/۰۰	۰/۰۴	۰/۰۸۲	۰/۰۴
۱	A18	۱/۳۱	۱۶/۶۷	۱۰/۰۱	۲/۰۱۵	۰/۰۷	۱/۰۳۳	۰/۰۷
۱	A19	۱/۱۰	۱۵/۴۲	۱۰/۰۴	۲/۰۲۸	۰/۰۸	۱/۰۹۰	۰/۰۸
۱	A20	۰/۹۴	۱۴/۳۶	۹/۰۶	۲/۰۴۵	۰/۰۸	۱/۰۹	۰/۰۸
۲	B1	۱/۱۲۰	۱۶/۱۲۶	۱۰/۰۷۷	۱/۰۸۸	۰/۰۸	۱/۰۵۷	۰/۰۸
۲	B2	۱/۶۶	۱۵/۹۰	۱۱/۱۳	۲/۰۲۵	۰/۰۷	۰/۰۹۷	۰/۰۷
۲	B3	۱/۱۲۳	۱۵/۰۱	۱۰/۰۳	۲/۰۳۰	۰/۰۴	۰/۰۹۳	۰/۰۴
۲	B4	۱/۰۵۷	۱۴/۷۳	۱۲/۰۹	۲/۰۶۵	۰/۰۵	۰/۰۷۲	۰/۰۴
۲	B5	۱/۳۱	۱۴/۰۰	۱۱/۰۴	۲/۰۱۵	۰/۰۱۱	۱/۰۸۳	۰/۰۷
۲	B6	۱/۰۲	۱۳/۹۱	۱۰/۰۴	۳/۰۰	۰/۰۷	۲/۰۵۵	۰/۰۷
۲	B7	۱/۳۴	۱۴/۸۱	۱۱/۰۷	۲/۰۷۳	۰/۰۹	۲/۰۶۳	۰/۰۹
۲	B8	۱/۱۹	۱۴/۰۳	۱۰/۰۷	۳/۰۵	۰/۱۱	۲/۰۶۳	۰/۱۰
۲	B9	۱/۱۲۸	۱۵/۰۱	۱۱/۰۴	۲/۰۴۸	۰/۰۸	۱/۰۷	۰/۰۸
۲	B10	۱/۱۲۸	۱۵/۰۲۷	۱۰/۰۵	۱/۰۹۳	۰/۰۸	۱/۰۷۳	۰/۰۸
۲	B11	۱/۰۰	۱۵/۰۳	۱۰/۰۹	۲/۰۳۵	۰/۰۹	۲/۰۰	۰/۰۸
۲	B12	۰/۱۸۹	۱۶/۰۶	۹/۰۶	۲/۰۶۰	۰/۰۷	۲/۰۱۷	۰/۰۷
۲	B13	۱/۰۹	۱۳/۰۹	۱۰/۰۱	۱/۰۷۵	۰/۰۷	۱/۰۵۷	۰/۰۷
۲	B14	۰/۱۸۸	۱۲/۰۶	۱۰/۰۴	۲/۰۰	۰/۰۶	۱/۰۷۷	۰/۰۶
۲	B15	۱/۱۳۱	۱۴/۷۱	۱۱/۰۱	۲/۰۶۲	۰/۰۷	۱/۰۵۰	۰/۰۶
۲	B16	۱/۱۱۸	۱۵/۰۴۶	۱۰/۰۷۰	۲/۰۵۵	۰/۰۹	۲/۰۲۳	۰/۰۹
۲	B17	۱/۱۱۹	۱۵/۰۴۶	۱۰/۰۲۱	۲/۰۳۲	۰/۰۹	۲/۰۳۲	۰/۰۹
۲	B18	۱/۱۱۴	۱۵/۰۹۷	۹/۰۹۸	۲/۰۱۷	۰/۰۸	۱/۰۴۸	۰/۰۸
۲	B19	۱/۱۳۰	۱۴/۰۳	۱۰/۰۳۹	۲/۰۸۳	۰/۱۱	۲/۰۷۰	۰/۱۰
۲	B20	۱/۰۴	۱۵/۰۶۹	۱۱/۰۸	۳/۰۰	۰/۱۳	۲/۰۸۰	۰/۱۲

جدول شماره ۲- ضریب همبستگی کارل پیرسون در صفات میوه

LD	W	WG2	NG2	WG1	NG1	SD	
						۱ +/-***	SD
					۱ +/-***	+/194 +/230	NG1
				۱ +/-***	+/016 +/-***	+/249 +/121	WG1
			۱ +/-***	+/060 +/-***	+/446 +/004	-/+128 +/433	NG2
		۱ +/-***	+/792 +/-**	+/850 +/-***	+/388 +/013	+/196 +/225	WG2
۱ +/-***	+/213 +/-***	-/+211 +/186	+/100 +/192	+/100 +/341	-/+10 +/541	+/718 +/-**	W
۱ +/-***	+/338 +/-**	+/100 +/021	-/+202 +/117	+/030 +/852	-/+218 +/176	+/213 +/187	LD

(اعداد سطر بالا در هر خانه میزان همبستگی و اعداد زیرین سطح معنی دار را نشان می دهد)

= وزن کل دانه = NG₁ = تعداد کل دانه در هر میوه = W = وزن میوه = LD = قطر بزرگ میوه
= وزن دانه های سالم = NG₂ = تعداد دانه های سالم = SD = قطر کوچک میوه

جدول شماره ۳- ریشه های مخفی حاصل از تجزیه به مؤلفه های اصلی روی صفات میوه های کلیه درختان مورد مطالعه به ترتیب اهمیت صفات

مؤلفه هفتم	مؤلفه ششم	مؤلفه پنجم	مؤلفه چهارم	مؤلفه سوم	مؤلفه دوم	مؤلفه اول	
+/001	+/001	-/+078	-/+059	+/203	-/+137	+/965	متغیر ۲
-/+***	-/+008	-/+169	+/170	-/+392	+/860	+/202	متغیر ۳
-/+016	-/+019	+/981	+/076	-/+054	+/126	+/113	متغیر ۱
+/845	+/532	+/021	+/037	+/019	+/010	+/-***	متغیر ۷
-/+033	+/846	+/005	+/016	+/016	+/013	-/+001	متغیر ۵
-/+020	-/+042	-/+028	+/631	+/736	+/224	-/+086	متغیر ۶
+/012	+/006	+/045	-/+700	+/010	+/409	-/+092	متغیر ۴

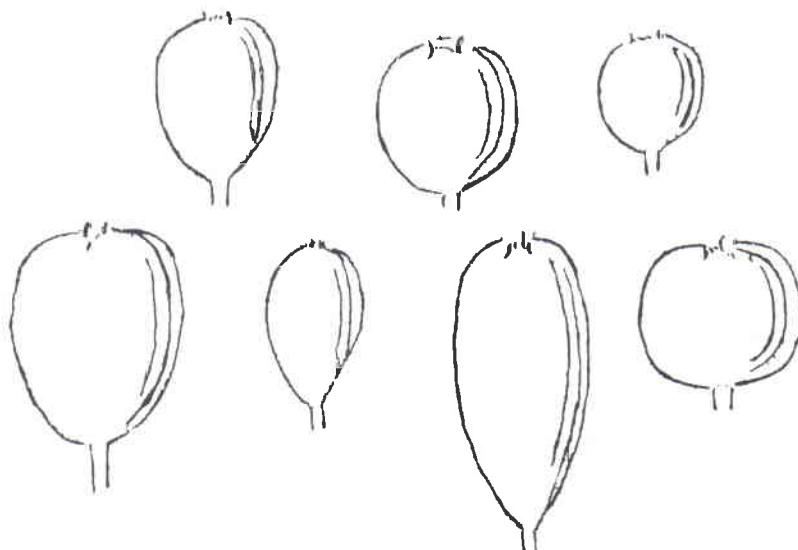
متغیر ۱ = وزن میوه متغیر ۲ = قطر بزرگ میوه متغیر ۳ = قطر کوچک میوه متغیر ۴ = تعداد کل بذر در

هر میوه متغیر ۵ = وزن کل بذرهای سالم در هر میوه متغیر ۶ = تعداد بذرها در هر میوه متغیر ۷ = وزن

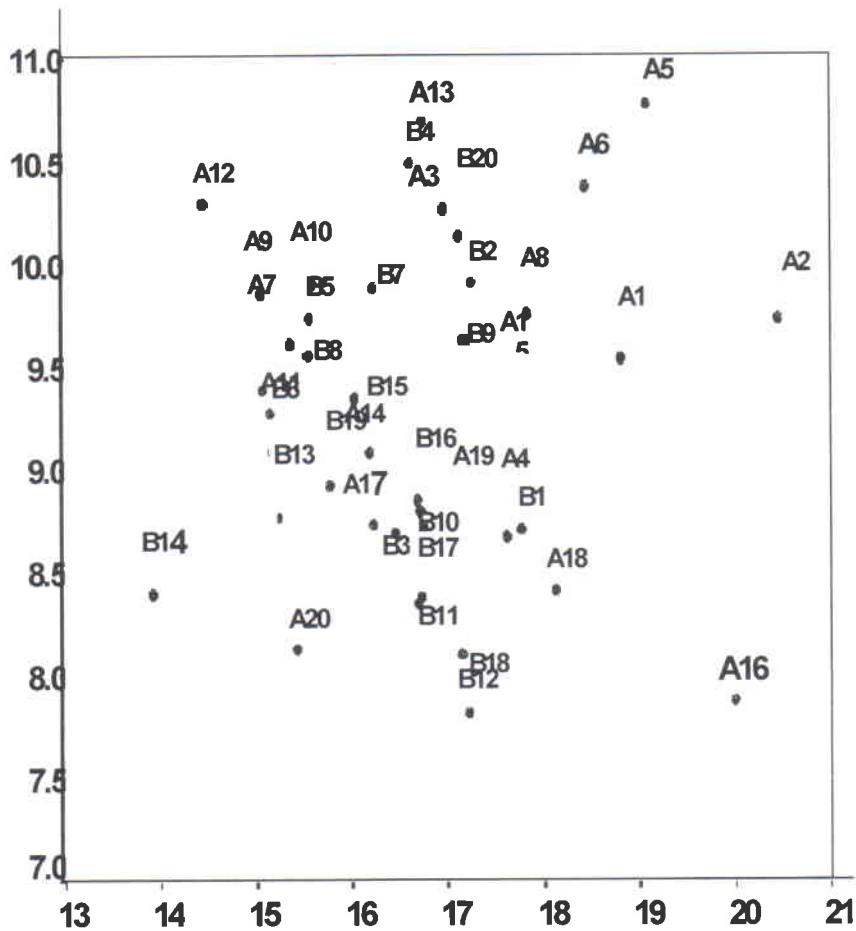
بذرهای سالم در هر میوه

جدول شماره ۴- ویژگیهای مؤلفه‌های حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی
 روی صفات میوه کلیه پایه‌های دو جمعیت (PCA)

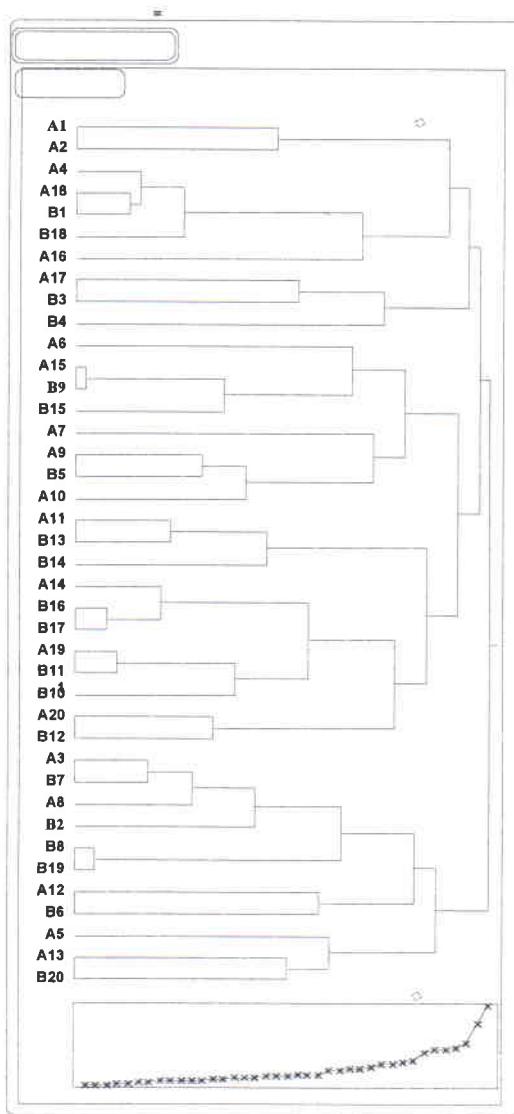
مؤلفه‌ها	ریشه مخفی	درصد واریانس	درصد تجمعی واریانس
مؤلفه ۱	۷۰/۲۰۱	۵۹/۸۲۸	۵۹/۸۲۸
مؤلفه ۲	۲۵/۳۸۳	۲۱/۶۳۳	۸۱/۴۶۱
مؤلفه ۳	۱۸/۷۲۱	۱۵/۹۰۵	۹۷/۴۱۶
مؤلفه ۴	۲/۶۲۳	۲/۲۴۴	۹۹/۶۶۰
مؤلفه ۵	۰/۳۹۱	۰/۳۳۳	۹۹/۹۹۴
مؤلفه ۶	۰/۰۰۷	۰/۰۰۵	۹۹/۹۹۹
مؤلفه ۷	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱	۱۰۰/۱۰۰



شکل شماره ۱- نمونه‌ای از برش طولی چند میوه بارانک در جمعیت‌های مورد مطالعه



شکل شماره ۲ – کلبه دسته‌بندی پایه‌ها با استفاده از دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی



شکل شماره ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای صفات میوه

منابع مورد استفاده

- اسپهبدی، ک.، میرزایی ندوشن، ح.، عمامدیان، س. ف ، صباغ، س. و قاسمی، س.. ۱۳۸۱. بررسی اثرهای عمق کاشت و پوشش حفاظتی خاک در رویاندن نهال بارانک در نهالستانهای کوهستانی. مجله منابع طبیعی ایران جلد ۵۵ شماره ۱ ایران منش، ی.. ۱۳۸۰. استفاده از مطالعات آنژیمی به منظور جداسازی اکوپیها و ژنوتیپهای بارانک در منطقه جنگلی فریم. پایان نامه کارشناسی ارشد رشته جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی دانشگاه مازندران، ۱۰۶ صفحه.
- جعفری، ع.ا.. ۱۳۸۰. تعیین فاصله ژنتیکی ۲۹ ژنوتیپ چشم دائمی از طریق تجزیه کلاستر بر اساس عملکرد علوفه و صفات مورفوژیکی. تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد گیاهان مرتعی و جنگلی، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراعع، شماره ۶، ۱۰۴ - ۷۹.
- حسینی، س.م.. ۱۳۸۰. تعیین توان اکولوژی جنگلهای شمال ایران، جزو درسی دوره دکتری رشته جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی دانشگاه تربیت مدرس، ۸۴ صفحه.
- شیخ علی، م.. ۱۳۷۹. بررسی تنوع مورفوژیکی بارانک در جنگلهای تالش ، پایان نامه دوره کارشناسی ارشد رشته جنگلداری، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، ۹۷ صفحه.
- شریعت، آ.، میرزایی ندوشن، ح.، قمری زارع، ع. و سنگتراش، م.. ۱۳۸۰. بررسی قرابات درون و میان گونه‌ای یونجه‌های یک ساله (*Medicago ssp.*) براساس صفات مورفوژیک. تحقیقات ژنتیک و اصلاح نژاد گیاهان مرتعی و جنگلی، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراعع، شماره ۷، ۹۸ - ۸۱.
- میرزایی ندوشن، ح.، فیاضی، م.ع. و عسگریان، م.. ۱۳۷۶. ارزیابی تنوع ژنتیکی موجود در بعضی از توده های اسپرس (*Onobrychis sativa*) موجود در

بانک ژن گیاهان مرتعی ایران . پژوهش و سازندگی ، شماره ۳۷ ، ۴۹ -

.۴۶

- زبرجدی، ع.ر.، میرزایی ندوشن، ح. و کریم نژاد، ق.، ۱۳۸۰. بررسی تنوع ژنتیکی گونه مرتعی *Bromus tomentellus* با استفاده از روش‌های چند متغیره آماری . پژوهش و سازندگی شماره ۵۱ در منابع طبیعی ، صفحه ۲ تا ۷ .

- Ahmed, M.F., 1994. A study of the cyto-taxonomy for conservation of genetic resources of forage legumes (*Medicago species*) in Omayed Biosphere Reserve. (Egypt),135pp.
- Aas G.,and Maier, J., 1994. Morphology, isozyme variation,cytology, and reproduction of hybrids between *Sorbus aria* (L.) Crantz and *S.torminalis*(L.)crantz , Botanica Helvetica. 104, 195-214.
- Berdahl, J.D., Mayland, H.F., Asay, K.L. and Jefferson, P.G.,1999. Variation in agronomic and morphological traits among Russin wildrye accessions. Crops Science, 39: 1890-1895.
- Casler, M.D.,1995. Pattern of variation in a collection of perennial ryegrass. Crop Science, 35:1169-1171.
- Demesure, B., 2000. Genetic variability of a scattered temperate forest tree : *sorbus torminalis* (L.) Crantz. Ann. For. Sin. 57:63-71.
- Humphreys, M.O., 1991. A genetic approach to the multivariate differentition of perennial ryegrass (*lolium perenne* L.) populations. Heredity, 66: 437-443.
- Jackson, J.E., 1991. Ausers guide to principal components. Wiley, New York.
- Kleinschmit, J., Begemann, F. and Hammer, K., 1995. *In situ* conservation of forest gene resources. Tagungsband eines Symposiums vom 9-11 November in itzenhausen,Deutschland, 14-27.
- Karp,A., Kresovich, K.V. Bhat, W.G. Ayed, and T. Hodgkin, 1997. Molecular tools in plant genetic resources conservation: A guide to the technologies; in IPGRI Technical Bulletin, No. 2,Rome Italy
- Piagnani, C., and Bassi, D., 2000. *In vivo* and *In vitro* propagation of *Sorbus ssp.*from juvenile material . Italus Hortus, 7: 3-7.
- Tsita-Txardi, E., Loukis, A., and Philianos, S., 1991. Constituent of *Sorbus torminalis* fruits. Fitoterapia, 63: 282-283.
- Tsita-Txardi, E., Loukis, A. and Philianos, S.,1992. Constituent of *Sorbus torminalis* Leaves. Fitoterapia, 63: 189-190.

- Vos, P., Hogers, R., Reijans, M., van de lee, T., Hornes, M., Freijters, A., Pot, J. Peleman, J., Kuiper, M., and Zabeau, M., 1995. AFLP, a new technique for DNA fingerprinting; Nucleic Acids RES., 23: 4407-4414
- Williams, G.k., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalaski, J.A., and Tingey, S.V.,1990. DNApolymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers ,. Nucleic Acid Res., 18:6531-6535