

Evaluation of genetic inheritance and response to two generations of selection for some vegetative traits in *Haloxylon aphyllum* Minkw.

Pourmeidani¹ and A. A. Jafari^{2*} 

1 Assist. Prof., Qom Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Qom, Iran.

2*Corresponding author, Prof. Research Institute of Forests and Rangeland, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran. E-mail: aliashrafi@gmail.com.

Received: 4/10/2024

Revised: 31/10/2024

Accepted: 15/03/2025

Abstract

Introduction

Black saxaul (*Haloxylon aphyllum*) is a treelike shrub from the Chenopodiaceae family adapted to desert and arid conditions and has long been of interest. Selection of superior and compatible genotypes of this species has a great impact on the development of the country's hawthorn forests. Given the function of this species in stabilizing sand and reducing wind speed, selection traits such as height, trunk diameter, and canopy diameter of shrubs are of great importance. The degree of success in improving these traits and selecting superior rootstocks depends on the extent of genetic variation and their relationship to each other. This study aimed to investigate the amount and nature of genetic diversity and the response to two cycles of selection for the aforementioned traits in *Haloxylon aphyllum*.

Materials and Methods

In order to genetically improve black saxaul, three cycles (5-year selection with a total of 15 years) were conducted on a black saxaul population with a high genetic variation for shrub height, trunk diameter, and canopy diameter at the Besat Sand Stabilization Station in Qom, Iran. In the first phase, starting in 1997, 27 genotypes were selected from different regions of the country. 40 pots were planted from the seeds of each Shrub. The seedlings were transferred to the main field in early spring and data were recorded in the fifth year. In the second phase (starting in 2005) and the third phase (beginning in 2012), 19 and 9 superior genotypes were selected and their seedlings were planted in a randomized complete block design with three replications, respectively. In all three phases, shrub height, trunk diameter, and canopy diameter were measured in the fifth year. Analysis of variances was performed on the basic population and selected populations in the first and second generations. The genetic and environmental variances were estimated using expected mean squares (EMS), and broad-sense heritabilities (h^2_b) of the traits were calculated. To ensure the success of selection during two consecutive generations, the real heritability (h^2_r) was used to predict the response to selection ($h^2_r = R/S$), where R is the response to selection and S is the selection differential. Finally, the narrow sense heritability (h^2_{op}) was estimated from the regression of parent on offspring during two consecutive generations. The heritability was estimated assuming diploid inheritance of the materials used, random sampling from the basic population, absence of epistasis, and balance of genes in terms of genetic linkage.



Results

The results of the analysis of variance three generations showed significant variations between genotypes in the base population and the selected G1 generation. But, in the G2 generation, there was no significant difference between the selected populations. This result was expected because in the second generation, the number of selected genotypes was reduced to 9 populations and since all of them were selected for their superiorities and therefore, the difference between them was not significant. The estimated broad sense heritability (h^2_b) based on the analysis of variance between genotypes was high for all three traits in the base population and the G1 generation with values ranging from 0.66 to 0.78. However, in the G2 generation, its value dropped to less than 0.40. The narrow sense heritability (h^2_{op}) from the regression of parent on offspring was relatively high (base population and the G1 progeny), with values of 0.94, 0.88, and 0.76, for shrub height, trunk diameter, and canopy diameter, respectively. However, in the second generation, the narrow sense heritability (h^2_{op}) of (the parent G1 and the G2 progeny) was relatively low and moderate. The real heritability (h^2_r) obtained from the ratio of the response to selection to the selection difference was relatively high in the G1 and G2 generations and ranged from 0.45 to 0.96.

Conclusion

After two generations of direct selection, the response to selection was significant and the average of the studied population increased for shrub height (from 188.93 to 205.95 cm), trunk diameter (from 58.05 to 63.78 cm) and canopy diameter (from 219.19 to 246.59 cm). Since the amounts of three heritabilities (h^2_b , h^2_{op} and h^2_r) were more and less similar, it was concluded that the studied traits are genetically controlled by additive genes and the response of selection for these traits is positive, indicating the possibility of improving breeding new varieties in black saxaul. Also, genotypes P₁₂, P₁₃, P₁₈, P₁₀ and P₂₂ could be planted in windy areas for dust control due to their superiority in terms of shrub height. On the other hand, the use of genotypes P₁₂, P₁₄, P₁₈, P₁₉ and P₂₂ is recommended for stabilizing quicksand in desert areas due to their superiority and appropriate response to selection in terms of trunk diameter and canopy diameter. In this regard, the establishment of seed orchards is necessary for the conservation and sustainable use of selected genotypes in arid and semi-arid areas of the desert margins of Iran.

Keywords: Heritability, Population genetics, Response to selection.

ارزیابی توارث ژنتیکی و پاسخ به دو نسل گزینش برای صفات مهم رویشی در سیاه تاغ (*Haloxylon aphyllum* Minkw)

عباس پورمیدانی^۱ و علی اشرف جعفری^{۲*} 

^۱ استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی قم، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، قم، ایران
^۲ نویسنده مسئول مکاتبات، استاد پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

پست الکترونیک: Email: aliashrafj@gmail.com

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۲/۱۵

تاریخ اصلاحات نهایی: ۱۴۰۳/۰۸/۱۰

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۱۳

چکیده

مقدمه

سیاه تاغ (*Haloxylon aphyllum*)، گونه‌ای درختچه‌ای از تیره Chenopodiaceae می‌باشد و به دلیل سازگاری به شرایط بیابانی و خشک از دیرباز مورد توجه بوده است. انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و سازگار این گونه تأثیر زیادی در توسعه تاغ‌زارهای کشور دارد. با توجه به کارکرد این گونه در تثبیت شن و کاهش سرعت باد، بررسی و انتخاب صفاتی مانند ارتفاع، قطر تنه و قطر تاج پوشش درختچه‌ها از اهمیت زیادی برخوردار است. میزان موفقیت در اصلاح این صفات و انتخاب پایه‌های برتر به تشخیص نحوه کنترل ژنتیکی و ارتباط آنها با یکدیگر بستگی دارد. هدف از این تحقیق، بررسی مقدار و ماهیت تنوع ژنتیکی و پاسخ به دو دوره گزینش صفات مذکور در گونه سیاه تاغ بود.

مواد و روش‌ها

به منظور اصلاح ژنتیکی سیاه تاغ، سه دوره گزینش ۵ ساله مستقیم (جمعا ۱۵ سال) بر روی یک توده تاغ با تنوع ژنتیکی بالا برای صفات ارتفاع درختچه، قطر تنه و قطر تاج پوشش در ایستگاه تثبیت شن بعثت قم انجام شد. در مرحله اول تحقیق (از سال ۱۳۷۶) تعداد ۲۷ ژنوتیپ از مناطق مختلف کشور انتخاب گردید. از بذرهای هر درختچه ۴۰ گلدان کشت و نهال‌های تولیدی در اوایل بهار سال بعد به عرصه اصلی منتقل شدند. در شروع مراحل دوم (سال ۱۳۸۴) و سوم (سال ۱۳۹۱) نیز به ترتیب بذرهای ۱۹ و ۹ ژنوتیپ برتر در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار دوباره کشت و ارزیابی گردید. در هر سه مرحله در سال پنجم نسبت به اندازه‌گیری صفات ارتفاع درختچه، قطر تنه و قطر تاج پوشش اقدام شد. تجزیه واریانس جمعیت پایه و نسل‌های گزینش شده نسل اول و دوم به منظور برآورد واریانس‌های ژنتیکی و محیطی و محاسبه وراثت‌پذیری عمومی (h^2_b) صفات انجام شد. برای اطمینان از موفقیت‌آمیز بودن گزینش در طی دو نسل متوالی، از وراثت‌پذیری واقعی (h^2_r) (Realized heritability) با استفاده از نسبت پاسخ به گزینش به دیفرانسیل گزینش ($h^2_r = R/S$) استفاده شد. همچنین وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_{op}) حاصل از رگرسیون والد بر نتاج در دو نسل متوالی برآورد شد. محاسبه وراثت‌پذیری‌ها با فرض وراثت دیپلوئیدی مواد مورد استفاده، نمونه‌گیری تصادفی از توده پایه، عدم وجود اپیستازی و تعادل ژن‌ها از نظر پیوستگی ژنی انجام شد.

نتایج

نتایج سه نسل تجزیه واریانس در جمعیت اولیه و جمعیت‌های گزینش شده در نسل‌های G1 و G2 نشان داد که تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های نسل پایه و نسل G1 برای هر سه صفت از لحاظ آماری معنی‌دار بود، ولی در نسل G2 تفاوت بین ژنوتیپ‌های منتخب معنی‌دار نبود. این نتایج مورد انتظار است، زیرا در نسل دوم تعداد ژنوتیپ‌های منتخب به ۹ پایه کاهش یافت، چون همه آنها به عنوان پایه‌های برتر گزینش شده بودند، تفاوت بین آنها معنی‌دار نبود. میزان وراثت‌پذیری عمومی (h^2_b) براساس تجزیه واریانس، برای هر سه صفت در جمعیت‌های نسل پایه و نسل G1 به نسبت بالا و بین ۰/۶۶ تا ۰/۷۸ بود. ولی در نسل G2 مقدار آن به کمتر از ۰/۴۰ کاهش یافت. وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_{op}) حاصل از رگرسیون والد و نتاج G1 به نسبت بالا و مقدار آن برای ارتفاع درختچه، قطر تنه و قطر



تاج پوشش به ترتیب ۰/۹۴، ۰/۸۸ و ۰/۷۶ به دست آمد. ولی در نسل دوم وراثت پذیری خصوصی حاصل از رگرسیون والد G1 و نتاج G2 به نسبت کمتر و در حد متوسط بود. میزان وراثت پذیری واقعی (h^2_T) حاصل از نسبت پاسخ به گزینش به تفاوت گزینش در نسل های G1 و G2 به نسبت بالا و در دامنه ۰/۴۵ تا ۰/۹۶ بود.

نتیجه گیری

پس از دو نسل گزینش مستقیم، پاسخ به گزینش معنی دار بود و میانگین جامعه تاغ مورد مطالعه برای ارتفاع درختچه از ۱۸۸/۹۳ به ۲۰۵/۹۵ سانتی متر، قطر تنه از ۵۸/۰۵ به ۶۳/۷۸ سانتی متر و قطر تاج پوشش از ۲۱۹/۱۹ به ۲۴۶/۵۹ سانتی متر رسید. در هر سه صفت مورد بررسی، تخمین وراثت پذیری های عمومی h^2_b ، وراثت پذیری واقعی (h^2_T) و وراثت پذیری خصوصی h^2_{op} تا حد زیادی مشابه و در یک راستا بودند که دلیلی بر وجود ژن های افزایشی در کنترل صفات مذکور است و چون پاسخ به گزینش مثبت است، می توان از این روش برای اصلاح این گونه برای صفات مذکور استفاده کرد. همچنین می توان از ژنوتیپ های P_{12} ، P_{13} ، P_{18} و P_{22} به دلیل برتری از نظر میانگین ارتفاع در مناطق بادخیز و به منظور کنترل گردوغبار استفاده نمود. از سویی، استفاده از ژنوتیپ های P_{12} ، P_{14} ، P_{18} و P_{19} به دلیل برتری از نظر صفات قطر تاج پوشش و قطر تنه برای تثبیت شن های روان در عرصه های بیابانی استفاده نمود. در این راستا احداث باغ بذر برای حفظ و استفاده پایدار از ژنوتیپ های منتخب در مناطق خشک و نیمه خشک حاشیه کویر ضروریست.

واژه های کلیدی: پاسخ به گزینش، ژنتیک جمعیت، وراثت پذیری.

مقدمه

با توجه به گسترده گی مناطق بیابانی در کشور، تاکنون روش های متعددی مانند اجرای شبکه بادشکن، کاهش چرای دام، بذرکاری و بذریاشی برای کنترل و مدیریت این مناطق اجرا شده است. اما بیشترین روش استفاده شده، جنگل کاری با گونه های مختلف گیاهی بوده است. استفاده از گیاهان سازگار با اقلیم بیابانی به منظور جلوگیری از روند تخریب و سیر قهقراپی طبیعت، از دهه چهل مورد توجه برنامه ریزان کشور بوده است. گونه های مختلف تاغ (*Haloxylon* spp.) از مهمترین گیاهان سازگار در برنامه های تثبیت شن بوده اند که کاشت آنها نتایج رضایت بخشی داشته است. این گونه ها هر چند بومی ایران بوده و از دیرباز در مناطقی از سمنان، خراسان، یزد و کرمان وجود داشته اند، ولی در دهه ۳۰ بذر گونه های مختلف آن از شوروی سابق (ترکمنستان) وارد ایران شد و در سطح وسیع برای تثبیت شن های روان کشت گردید. هم اکنون مساحت تاغ کاری ها در کشور در حدود ۱/۵ میلیون هکتار برآورد می شود (Ali Ahmad Korori et al., 2014). سیاه تاغ *Haloxylon aphyllum* (Minkw.) Iljin یکی از گونه های درختچه ای است که با مناطق بیابانی سازگار بوده و به صورت دست کاشت مورد استفاده قرار گرفته است. این

گونه به صورت درختچه هایی با برگ های کوچک که در پایه به هم متصل شده اند، وجود دارد. میوه های رسیده آن سیاه رنگ و چوب تنه آن خاکستری تیره، سنگین و بادوام است. فصل گل دهی آن اوایل بهار و فصل رسیدن میوه آن پاییز است (Zhaglovskaya et al., 2015).

سیاه تاغ در خاک های شور با جذب کلر و سدیم میزان نمک را کاهش داده و نمک جذب شده به صورت بلور در ساقه های گیاه متبلور می شود. این گیاه از بیابان های لوت تا دشت کویر، بیابان های مسیله تا شوره زارهای آذربایجان و از بیابان های ایران شهر تا کوهپایه های تفتان گسترش یافته است (Asadi, 2001). پراکنش جغرافیایی سیاه تاغ نشان می دهد که این گیاه به آب و هوای خشک و زمین های به نسبت شور نواحی کویری بسیار سازگار بوده و در خاک های سبک و شنی عمیق و بر روی تپه های شنی رشد و نمو می کند. این گیاه سخت ترین شرایط محیطی در مناطق خشک و کویری و حتی مناطقی که گرمای تابستان آن حدود ۵۰ درجه سانتی-گراد و سرمای زمستان به زیر ۲۵ درجه سانتی-گراد می رسد را تحمل می نماید (Tavakoli Neko et al., 2019). سیاه تاغ یک گونه دگرگشن، تک پایه و دیپلوئید با عدد کروموزومی $2n=18$ است. باتوجه به اینکه بخش وسیعی از

آلودگی به سفیدک و پسیل بود. بیشترین همبستگی ژنتیکی بین قطر تنه و تاج و ارتفاع و آلودگی به سفیدک وجود داشت. با این حال، در همه موارد همبستگی محیطی کمتر از همبستگی ژنتیکی برآورد شد که بیانگر سهم بیشتر ژنتیک در ایجاد تنوع بین پایه‌ها بود. برآورد وراثت‌پذیری صفات نیز نشان داد که بیشترین وراثت‌پذیری به صفات ارتفاع و قطر تاج و کمترین آن به مقدار آلودگی به سفیدک مربوط بود.

هم‌چنین در پژوهشی دیگر، [Pourmeidani و همکاران \(۲۰۲۰\)](#) تنوع تعداد ۱۹ ژنوتیپ برتر سیاه‌تاج از لحاظ ارتفاع درختچه‌ها، قطر تنه اصلی، قدرت بقا و زنده‌مانی و قطر تاج پوشش را مطالعه نمودند و با استفاده از تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را در پنج گروه تقسیم کردند. گروه اول به‌طور عمده از ژنوتیپ‌های با منشأ یزد، گروه دوم از یک ژنوتیپ با منشأ یزد و دو ژنوتیپ با منشأ سیستان و بلوچستان و گروه سوم از ژنوتیپ‌های سمنانی و کرمانی بودند. ژنوتیپ‌های گروه دوم که از لحاظ صفات مذکور نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتری داشتند برای احداث باغ بذر توصیه شدند. [Mirzaie-Nodoushan و همکاران \(۲۰۰۹\)](#) ظرفیت ژنتیکی و تنوع موجود در ژنوتیپ‌های سیاه‌تاج را با استفاده از ۲۸ ژنوتیپ از مناطق مختلف کشور بررسی کردند. تجزیه واریانس ساده و مرکب صفات حکایت از وجود تنوع میان ژنوتیپ‌ها در کلیه سال‌ها داشت. میزان وراثت‌پذیری برای ارتفاع درختچه‌ها ۰/۹۳، قطر تنه ۰/۹۶ و قطر تاج پوشش ۰/۸۹ و بالا بود. [Mirhosseini و همکاران \(۲۰۰۷\)](#) در بررسی صفات مورفولوژیک ژنوتیپ‌های مختلف سیاه‌تاج در شرایط اکولوژیکی یزد تنوع زیادی در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه مشاهده کردند. در ارزیابی وراثت‌پذیری صفات مورفولوژیک در مطالعه نامبردگان، مشخص شد که وراثت‌پذیری این صفات در سال‌های بعد از مقدار بیشتری نسبت به سال‌های اولیه رشد و استقرار برخوردار است. بیشتر صفات مورد بررسی در این تحقیق نیز از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بودند که نوید قابلیت این گونه در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی را با خود داشت.

هم‌چنین در تحقیق دیگری [Pourmeidani و همکاران](#)

سیاه‌تاج‌های موجود در کشور دست کاشت است، احتمال اینکه همه این تاغ‌زارهای دست کاشت منشأ مشترک داشته باشند، دور از ذهن نیست ([Mirzaie-Nodoushan et al., 2009](#)). از این رو، یکنواختی و عدم وجود تنوع در بین نهال‌های کشت شده تاغ در کنار فاصله کم و تراکم کشت از دلایل پژمردگی، زردی شاخ و برگ و آلودگی شدید به آفات و بیماری‌ها در بیشتر تاغ‌زارهای دست کاشت کشور بیان شده است ([Tavakoli Neko et al., 2019](#)).

در حال حاضر نهال مورد استفاده در تاغ‌کاری‌ها از بذری تولید می‌شود که از عرصه‌های طبیعی برداشت می‌شوند و هیچ‌گونه شناختی از قابلیت‌های ژنتیکی آنها وجود ندارد. لازمه حل این مشکل، استفاده از بذر توده‌های برتر و متنوع در نهال‌کاری تاغ است. با معرفی توده‌های برتر از لحاظ رشد و پایداری، زمینه مناسب برای اصلاح، احیا و گسترش عرصه‌های تاغ‌کاری در کشور فراهم می‌شود.

در این راستا، [Darvishi Zeidabadi و همکاران \(۲۰۲۱\)](#) به‌منظور بررسی وراثت‌پذیری عمومی در برخی از صفات تاغ آزمایشی با استفاده از توده‌های بومی جمع‌آوری شده از استان‌های مختلف کشور انجام دادند. تعداد ۳۲ توده بومی در ایستگاه تحقیقاتی کرمان کاشته و طی سه سال صفات مهم مانند ارتفاع، قطر یقه و قطر تاج پوشش بر روی درختچه‌ها بررسی شدند. مقدار وراثت‌پذیری صفات بر مبنای تجزیه واریانس مرکب داده‌ها در دامنه ۵۱ تا ۶۴ درصد قرار گرفتند. در بین صفات مذکور، ارتفاع درختچه‌ها بیشترین درصد وراثت‌پذیری عمومی و ضرایب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی را داشت. آنان نتیجه گرفتند، با توجه به تنوع ژنتیکی زیاد و بالا بودن میزان وراثت‌پذیری صفات در بین ژنوتیپ‌های تاغ، می‌توان پایه‌های مناسب تاغ را برای ایجاد بادشکن در طرح‌های بیابان‌زدایی انتخاب نمود.

[Mirhosseini و همکاران \(۲۰۲۰\)](#) پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف را در زرد تاغ‌های (*Haloxylon persicum*) مستقر در باغ بذر استان یزد با استفاده از روش REML برآورد نمودند. صفات مورد مطالعه شامل ارتفاع، گسترش تاج، قطر یقه، تعداد شاخه‌های فرعی، شادابی، تولید بذر و

شاخه، تعداد ریشه اصلی و قطر اندام هوایی را به عنوان عوامل کمکی برای انتخاب نهال‌های برتر در نظر گرفتند.

از بین روش‌های اصلاح نباتات، انتخاب به‌عنوان ساده‌ترین و قدیمی‌ترین روش، مبتنی بر شناخت و آگاهی از میزان تنوع ژنتیکی موجود در جامعه، نحوه توارث و ارتباط بین صفات گوناگون می‌باشد. به عبارتی انجام یک برنامه انتخاب به‌منظور بهبود یک یا چند صفت، به‌ویژه صفات کمی نیاز به اطلاعات ژنتیکی ازجمله تأثیر و نحوه عمل ژنها، میزان وراثت‌پذیری آنها و تأثیر متقابل صفات بر یکدیگر دارد. به همین دلیل آگاهی از نحوه کنترل ژنتیکی صفات، میزان وراثت‌پذیری و شناسایی ارتباط ژنتیکی و پیشرفت صفات با یکدیگر از عوامل اصلی و مؤثر در افزایش کارایی انتخاب می‌باشد (Poelman & Sleper, 1995). وراثت‌پذیری به همراه پیشرفت ژنتیکی بالا نشان‌دهنده سهم زیاد ژن‌های افزایشی در کنترل صفات است که منجر به تسهیل بهبود صفات از طریق گزینش می‌گردد (Falconer & Mackay, 1996).

تاکنون مطالعات کمی درباره تنوع ژنتیکی سیاه‌تاغ انجام شده و مطالعات انجام شده نیز در یک دوره بهره‌برداری کوتاه‌مدت بوده است. تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری پیش‌نیاز و لازمه حفاظت، توسعه جنگل‌کاری تاغ و بهره‌برداری پایدار از این گونه ارزشمند بوده و به‌منظور درک پیامدهای اکولوژیکی و تکاملی تنوع فنوتیپی، مؤلفه‌های ژنتیکی قابل انتقال باید مشخص شوند. بنابراین هدف از این تحقیق، تعیین میزان وراثت‌پذیری و ماهیت تنوع ژنتیکی و پاسخ به گزینش در جمعیت‌های مختلف سیاه‌تاغ در طی سه نسل متوالی و در نهایت معرفی جمعیت‌های برتر از این گونه برای اهداف کاربردی می‌باشد.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در ایستگاه تثبیت شن بعثت در فاصله ۳۰ کیلومتری شهرستان قم انجام گردید. بافت خاک ایستگاه شنی لومی با هدایت الکتریکی (EC) ۲/۶ میلی‌موس بر سانتی‌متر و pH برابر با ۸/۱ بود. براساس آمار هواشناسی ده‌ساله، متوسط بارندگی ایستگاه ۱۲۶ میلی‌متر در سال و دمای مطلق

(۲۰۰۶) در بررسی تنوع ژنتیکی در ۲۷ ژنوتیپ سیاه‌تاغ در ایستگاه تحقیقاتی حسین‌آباد قم، میزان وراثت‌پذیری عمومی ۰/۷۸، ۰/۶۷ و ۰/۶۱ به‌ترتیب برای صفات ارتفاع گیاه، قطر تنه و قطر بزرگ تاج پوشش در درختچه‌های سال پنجم به‌دست آوردند. Safarnejad (۲۰۰۵) در مطالعه سیاه‌تاغ در استان خراسان، تفاوت‌های معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مختلف از نظر ویژگی‌های مورفولوژیک ازجمله خصوصیات تاج پوشش مشاهده نمود و تعدادی از ژنوتیپ‌های تاغ را به عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی و معرفی کرد. Pourmeidani و Mirzaie Nodoushan (۲۰۰۴)، در مطالعه روش‌های آماری چندمتغیره بر روی ۳۰ ژنوتیپ تاغ، قطر تاج پوشش را به‌عنوان اصلی‌ترین ویژگی مؤثر در مؤلفه اول و خصوصیات نهال‌های یکساله تاغ را به عنوان تأثیرگذارترین صفات در مؤلفه دوم در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی محسوب کردند. نامبردگان نتیجه تجزیه خوشه‌ای را تابعی از پراکنش جغرافیایی ژنوتیپ‌ها دانسته و در مجموع تنوع ژنتیکی زیادی را در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه تاغ مشاهده نمودند.

در سطح بین‌المللی نیز مطالعاتی هر چند اندک در بررسی ویژگی‌های زیستی تاغ انجام شده است. ازجمله پژوهشی که Shuyskaya و همکاران (۲۰۱۷) در بررسی تنوع ژنتیکی صفات در جمعیت‌های مختلف سیاه‌تاغ در صحرای Kyzylkum روسیه انجام دادند. آنان گزارش کردند، تنوع زیادی بین ژنوتیپ‌های تحت بررسی مشاهده شد. همچنین با افزایش میزان شوری خاک تنوع مشاهده شده بین جمعیت‌ها افزایش یافت. به‌طوری‌که تمایز ژنتیکی این جمعیت‌ها در امتداد شیب شوری خاک به حداکثر رسید. وراثت‌پذیری بیشتر صفات رویشی در حد متوسط تا بالا بود. همچنین Wang و همکاران (۲۰۰۷) تنوع ژنتیکی پنج جمعیت مختلف زرد تاغ (*Haloxylon ammodenaron*) در چین را از نظر ده صفت رشدی بررسی کردند. آنان تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر صفات رشدی مشاهده نمودند. همچنین وراثت‌پذیری صفات رشد ساقه و قطر یقه بالاتر از سایر صفات بود. بر این اساس، آنان این صفات را به عنوان عوامل اصلی و تعداد

شروع تحقیق هریک از نسل‌ها، بذرها، هریک از پایه‌های منتخب را در ۴۰ گلدان پلاستیکی کاشته و تا زمان انتقال به عرصه از آنها مراقبت لازم انجام شد. تمامی گلدان‌ها دارای برجسب بودند که شجره آنها یا شماره ژنوتیپ را مشخص می‌کرد. در هر نسل، تعداد ۱۸ پایه مستقر شده در گلدان در اواخر اسفندماه در عرصه اصلی کشت گردیدند. نهال‌های حاصل از این بذرها نتاج نیمه‌خواه‌ری محسوب می‌شوند. در هر سه نسل آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) با سه تکرار و در هر تکرار شش پایه با فواصل کاشت 5×5 متر اجرا گردید. فاصله بین بلوک‌ها نیز پنج متر در نظر گرفته شد.

سردترین ماه سال (۲۳-) درجه سانتی‌گراد و حداکثر دمای ثبت شده ۴۹ درجه سانتی‌گراد بوده است. براساس طبقه‌بندی کوپن، منطقه دارای تیپ اقلیمی Bwhs است که گویای اقلیم خشک بیابانی با میانگین دمای سالانه بالاتر از ۱۸ درجه سانتی‌گراد و تابستان خشک است.

در این تحقیق طی سه نسل متوالی، جمعیت‌های مختلف سیاه تاغ در سال پنجم هر نسل ارزیابی شدند. ابتدا در نسل پایه ۲۷ جمعیت سیاه تاغ که از مناطق مختلف کشور جمع-آوری شده بودند (جدول ۱)، در طی پنج سال ارزیابی شدند و بعد در نسل اول ۱۹ جمعیت برتر انتخابی نسل پایه نیز طی پنج سال دیگر ارزیابی شده و در نهایت ۹ جمعیت برتر و در نسل دوم در یک دوره ۵ ساله سوم ارزیابی گردیدند. در

جدول ۱- شماره و محل جمع‌آوری جمعیت‌های سیاه تاغ مورد ارزیابی

Table 1- Treatment number and collection location of evaluated *Haloxylon aphyllum* genotypes

Genotype No	Code	The seed origin in The base generation	treatment No	Code	The seed origin in The base generation
1	P1	Yazd 1	15	P15	Semnan 7
2	P2	Yazd 2	16	P16	Semnan 8
3	P3	Yazd 3	17	P17	Semnan 9
4	P4	Yazd 4	18	P18	Sistan 1
5	P5	Yazd 5	19	P19	Sistan 2
6	P6	Yazd 6	20	P20	Sistan 3
7	P7	Yazd 7	21	P21	Sistan 4
8	P8	Yazd 8	22	P22	Sistan 5
9	P9	Semnan 1	23	P23	Sistan 6
10	P10	Semnan 2	24	P24	Kerman 1
11	P11	Semnan 3	25	P25	Kerman 2
12	P12	Semnan 4	26	P26	Kerman 3
13	P13	Semnan 5	27	P27	Kerman 4
14	P14	Semnan 6			

تجزیه آماری

تجزیه واریانس داده‌ها جمع‌آوری شده برای جمعیت پایه G0 و داده‌های نسل‌های G1 و G2 انجام شد. اجزاء واریانس‌های ژنتیکی و محیطی براساس تخمین امید ریاضی میانگین مربعات (EMS) برآورد شدند. همچنین وراثت‌پذیری عمومی (h^2_b) با استفاده از تجزیه اجزاء واریانس تخمین زده شدند (جدول ۲).

در سال‌های اول تا پنجم هر نسل، به‌منظور حفظ درختچه-ها و جلوگیری از خشک شدن آنها و با توجه به میزان بارندگی در فصل بهار و سن نهال‌ها، چندین نوبت آبیاری انجام گردید. به‌منظور شناخت بیشتر ژنوتیپ‌های سیاه تاغ کشت شده و یافتن روند تغییر صفات در نسل‌های مختلف، در سال پنجم تعداد سه صفات ارتفاع، قطر تنه اصلی و قطر تاج پوشش درختچه‌ها اندازه‌گیری شدند.

جدول ۲- امید ریاضی میانگین مربعات و برآورد اجزاء واریانس و وراثت‌پذیری عمومی (h^2_b) در سه نسل ژنوتیپ‌های سیاه تاغ

Table 2. Expectations of mean squares (EMS), estimation of variance components, and broad sense heritability (h^2_b) in three generations of *Haloxylon aphyllum* genotypes.

SOV	dF	MS	E. (MS)
Genotype	g-1	MSg	$\sigma^2_e + r\sigma^2_g$
Replication	r-1	MSr	$\sigma^2_e + t\sigma^2_r$
Error	(g-1)(r-1)	MSe	σ^2_e

$$\sigma_g^2 = \frac{MSg - MSe}{r} \quad h_b^2 = \frac{vg}{vp} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

در فرمول‌های بالا (Becker, 1984; Falconer and Mackay, 1996). به همین

دلیل در این تحقیق نوع دیگر وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_n) که با استفاده از روش تخمین اجزاء واریانس و امید ریاضی میانگین مربعات در خانواده‌های ناتنی محاسبه می‌شود، منظور نشده است. زیرا همانطور که قبلاً ذکر شد، والدین ژنوتیپ‌های انتخابی براساس بیشترین عملکرد صفات انتخاب شده‌اند که با نظریه نمونه‌گیری تصادفی تفاوت داشت. اجزای واریانس، براساس مدل خطی میانگین مربعات محاسبه شدند. در محاسبه وراثت‌پذیری، واحد پایه به‌عنوان معیار محاسبه در نظر گرفته شد. برای انجام تجزیه‌های آماری از نرم‌افزار آماری SAS9 و Excel 2016 استفاده شد.

نتایج

برآورد اجزای واریانس و تخمین وراثت‌پذیری عمومی h^2_b نتایج تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در نسل پایه و نسل اول جمعیت‌های مختلف سیاه تاغ نشان داد، در صفات ارتفاع درختچه‌ها، قطر تنه و قطر تاج پوشش اثر ژنوتیپ در سطح احتمال اشتباه یک درصد در هر دو نسل معنی‌دار بود که نشان‌دهنده وجود تنوع بالا بین ژنوتیپ‌های تحت بررسی در جمعیت پایه و ژنوتیپ‌های انتخابی از این نسل بود (جدول‌های ۳ و ۴). با این حال، اثر ژنوتیپ در هر سه صفت در نسل دوم در سطح احتمال اشتباه پنج درصد معنی‌دار نبود که نشان از کاهش نسبی تنوع در بین ژنوتیپ‌های انتخابی از نسل اول داشت. این عدم تنوع مورد انتظار است، زیرا در نسل دوم تعداد جمعیت‌های منتخب به ۹ جمعیت کاهش یافت،

در فرمول‌های بالا

g و r: به ترتیب تعداد ژنوتیپ‌ها و تعداد تکرار، σ^2_g ، σ^2_e و σ^2_p ، به ترتیب واریانس ژنتیکی، واریانس غیرژنتیکی (محیطی) و واریانس فنوتیپی و h^2_b وراثت‌پذیری عمومی هستند.

برای محاسبه وراثت‌پذیری خصوصی از رابطه رگرسیون نتاج/ روی میانگین والد از رابطه $h^2_{op}=2b$ استفاده شد. که در آن b =شیب خط یا ضریب رگرسیون است.

برای محاسبه وراثت‌پذیری واقعی h^2_r ابتدا دیفرانسیل گزینش (S) که عبارت است از تفاضل میانگین افراد انتخاب شده از میانگین نسل جمعیت والدین محاسبه و در مرحله بعد پاسخ به گزینش (R) که عبارت است از تفاضل میانگین نسل نتاج از میانگین نسل والدین محاسبه شد. وراثت‌پذیری واقعی با استفاده از نسبت اختلاف گزینش به پاسخ به گزینش محاسبه گردید.

$$S = Mb - Ms \quad R = Ms - M_{F1} \quad h_r^2 = \frac{R}{S}$$

در فرمول‌های بالا M_b ، M_s و M_F ، به ترتیب میانگین جمعیت اصلی، میانگین جمعیت انتخاب شده و میانگین نتاج برای هریک از صفات مورد نظر در یک نسل هستند.

شرایط لازم برای محاسبه وراثت‌پذیری معتبر در منابع مختلف بحث شده است که مهمترین آنها عبارتند از: وراثت دیپلوئیدی مواد مورد استفاده، نمونه‌گیری تصادفی از توده پایه، عدم وجود ایستازی و تعادل ژن‌ها از نظر پیوستگی ژنی

پایه وراثت‌پذیری عمومی هر سه صفت بالا بود، به‌طوری‌که وراثت‌پذیری ارتفاع نهال‌ها و قطر تنه به‌ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۶۳ بود. در نسل اول نیز وراثت‌پذیری عمومی صفات تحت بررسی بالا و قابل توجه بود. به‌عبارتی، بخش بیشتر واریانس مشاهده شده برای صفات مورد بررسی توسط عوامل ژنتیکی کنترل شده بودند. اما در نسل دوم، وراثت‌پذیری هر سه صفت نسبت به دو نسل قبل کاهش یافت.

چون همه آنها به‌عنوان پایه‌های برتر گزینش شده بودند، از این‌رو تفاوت بین آنها معنی‌دار نبود (جدول ۵). مقدار ضریب تغییرات در هر سه نسل به نسبت متعادل و از ۱۲/۲ درصد در ارتفاع درختچه‌ها در نسل دوم تا ۱۸/۴۷ درصد در قطر تنه در نسل پایه متغیر بود (جدول‌های ۳ تا ۵). تخمین واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی و نیز وراثت‌پذیری عمومی صفات بر مبنای امید ریاضی منابع تغییرات در ژنوتیپ‌های هر سه نسل محاسبه شد (جدول ۳ تا ۵). در نسل

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های نسل پایه و برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری عمومی در سیاه تاغ

Table 3. Analysis of variances of studied traits in population of base (G_0) generation and estimation of variance components and broad sense heritability (h^2b) in *Haloxylon aphyllum*.

Sources of variation	DF	MS		
		Shrub height	Shrub diameter	Crown diameter
Genotype	26	3202.1**	337.6**	3780.0**
replication	2	1805.5	115.0	3147.1*
Error	52	787.5	114.9	1005.6
CV%		14.97	18.47	14.47
Variance components				
Genetic variance (σ^2_g)		804.8	74.23	924.8
Environment variance (σ^2_e)		787.5	114.9	1005.6
Phenotype variance (σ^2_p)		1592.3	189.13	1930.4
Broad-sense heritability (h^2b)		0.75	0.66	0.73

*, ** Significant at 5% and, 1%, probability levels, respectively.

*, **, به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۴- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های نسل ۱ و برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری عمومی در سیاه تاغ

Table 4. Analysis of variances of studied traits in the population of generation 1 (G_1) and estimation of variance components and broad sense heritability (h^2b) in *Haloxylon aphyllum*.

Sources of variation	DF	MS		
		Shrub height	Shrub diameter	Crown diameter
Genotype	18	3008.4**	396.6**	4604.6**
replication	2	1982.96	179.42	2204.75
Error	36	1027.84	112.01	1012.37
CV%		16.09	17.62	14.14
Variance components				
Genetic variance (σ^2_g)		660.20	94.88	1197.41
Environment variance (σ^2_e)		1027.84	112.01	1012.37
Phenotype variance (σ^2_p)		1688.04	206.89	2209.78
Broad-sense heritability (h^2b)		0.66	0.72	0.78

*, ** Significant at 5% and, 1%, probability levels, respectively.

*, **, به ترتیب معنی دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

جدول ۵- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های نسل ۲ و برآورد اجزای واریانس و وراثت‌پذیری عمومی در سیاه تاغ

Table 5. Analysis of variances of studied traits in the population of generation 2 (G₂) and estimation of variance components and broad sense heritability (h²b) in *Haloxylon aphyllum*.

Sources of variation	DF	MS		
		Shrub height	Shrub diameter	Crown diameter
Genotype	8	1009.7 ^{ns}	147.1 ^{ns}	2343.7 ^{ns}
Replication	2	3413.9*	222.37	1726.93
Error	16	644.34	92.16	1339.18
CV%		12.25	14.42	13.69
Variance components				
Genetic variance (σ^2_g)		121.82	18.33	334.53
Environment variance (σ^2_e)		644.34	92.16	1339.18
Phenotype variance (σ^2_p)		766.16	110.49	1673.71
Broad-sense heritability (h ² b)		0.36	0.37	0.38

^{ns}, *, Non-significant and significant at 5% probability levels, respectively.

ns و * به ترتیب غیرمعنی دار و معنی دار در سطح ۱ درصد

جدول ۶- میانگین ارتفاع درختچه‌ها در سه نسل گزینش ژنوتیپ‌های سیاه تاغ برای تخمین دیفرانسیل انتخاب و پاسخ به انتخاب

Table 6. Means of Shrub height (cm) in selection of three generations of *Haloxylon aphyllum* for estimates of selection differential (S) and response to selection (R)

Base Population (G0) code	Base Population mean (G0)	Selected plants G0 code	Selected plants G0 mean	Response to Selection (G1)	Selected plants G1 code	Selected plants G1 mean	Response to Selection (G2)
P1	198 ^{b-e}	P1	198.00 ^{b-e}	202.83	P1	202.83 ^{bc}	204.60
P2	210 ^{b-e}	P2	210.00 ^{b-e}	184.00	P6	198.00 ^{bc}	194.70
P3	147 ^{ef}	P5	168.33 ^{ef}	173.83	P10	232.83 ^a	208.20
P4	160 ^{ef}	P6	204.33 ^{b-e}	198.00	P12	216.00 ^{ab}	246.53
P5	168 ^{ef}	P7	195.00 ^{b-e}	238.50	P14	218.50 ^{ab}	192.60
P6	204 ^{b-e}	P8	172.00 ^{ef}	163.00	P18	221.33 ^{ab}	223.73
P7	195 ^{b-e}	P9	158.33 ^{ef}	143.67	P19	207.33 ^{abc}	196.20
P8	172 ^{ef}	P10	220.00 ^{abc}	232.83	P20	169.00 ^c	178.20
P9	158 ^{ef}	P11	212.33 ^{cde}	226.83	P22	198.33 ^{bc}	208.77
P10	220 ^{abc}	P12	258.33 ^a	216.00			
P11	212 ^{cde}	P13	233.67 ^{ab}	227.33			
P12	258 ^a	P14	220.33 ^{abc}	218.50			
P13	233 ^{ab}	P15	189.00 ^{b-e}	172.83			
P14	220 ^{abc}	P16	124.33 ^f	172.67			
P15	189 ^{b-e}	P17	212.00 ^{cde}	185.83			
P16	124 ^f	P18	237.00 ^{ab}	221.33			
P17	212 ^{cde}	P19	182.00 ^{b-e}	207.33			
P18	237 ^{ab}	P20	195.00 ^{b-e}	169.00			
P19	182 ^{b-e}	P22	234.00 ^{ab}	198.33			
P20	195 ^{b-e}						
P21	173 ^{ef}						
P22	234 ^{ab}						
P23	169 ^{ef}						
P24	148 ^{ef}						
P25	151 ^{def}						
P26	155 ^{def}						
P27	171 ^{ef}						
Mean	188.93	Mean	201.26	197.51	Mean	207.13	205.95

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

Means followed by the same letters are not significantly different (P<0.05).

G0 و G1، 2 به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲

میانگین ستون‌ها با حروف یکسان تفاوت معنی‌دار ندارند.

میانگین نسل‌ها و پاسخ به گزینش (R)

میانگین ارتفاع درختچه‌ها و پاسخ به گزینش (R) در سه نسل ژنوتیپ‌های سیاه تاغ در جدول ۶ آمده است. در نسل پایه ژنوتیپ‌های P_{12} , P_{13} , P_{18} و P_{22} از نظر میانگین ارتفاع درختچه‌ها به ترتیب با ۲۵۸، ۲۳۳، ۲۳۷ و ۲۳۴ سانتی‌متر برتر از سایر ژنوتیپ‌ها بودند و به همراه دو ژنوتیپ دیگر در گروه اول (a) قرار گرفتند. این ژنوتیپ‌ها به همراه ۱۳ ژنوتیپ دیگر، ۱۹ ژنوتیپ برتر و انتخابی از این نسل را تشکیل دادند. بیشترین پاسخ به انتخاب برای ارتفاع درختچه‌ها در نسل اول در همین ژنوتیپ‌ها به همراه ژنوتیپ‌های P_7 , P_{10} و P_{11} مشاهده گردید. همچنین بیشترین پاسخ به انتخاب (R) برای ارتفاع درختچه‌ها در نسل دوم نیز در ژنوتیپ‌های P_{10} , P_{12} , P_{18} و P_{22} به ثبت رسید.

پاسخ به انتخاب برای ارتفاع درختچه‌ها در دو نسل گزینش نشان‌دهنده اثر افزایشی ژن در کنترل این صفت است (جدول ۶). میانگین قطر تنه درختچه‌ها و پاسخ به گزینش (R) در سه نسل ژنوتیپ‌های سیاه تاغ در جدول ۷ آمده است. در نسل پایه، میانگین قطر تنه درختچه‌ها در ژنوتیپ‌های P_{12} , P_{18} و P_{22} به ترتیب ۷۴، ۸۴ و ۸۱ میلی‌متر بود که برتر از سایر ژنوتیپ‌ها بودند. این ۳ ژنوتیپ به همراه ۷ ژنوتیپ دیگر براساس آزمون دانکن در کلاس a گروه‌بندی شدند. بیشترین پاسخ به انتخاب (R) برای قطر تنه اصلی درختچه‌ها در نسل اول در ژنوتیپ‌های P_{14} و P_{19} مشاهده گردید. همچنین - بیشترین پاسخ به انتخاب برای قطر تنه اصلی درختچه‌ها در نسل دوم در ژنوتیپ‌های P_1 , P_6 و P_{20} به ثبت رسید.

جدول ۷- میانگین قطر تنه درختچه‌ها در سه نسل گزینش ژنوتیپ‌های سیاه تاغ برای تخمین دیفرانسیل انتخاب و پاسخ به انتخاب

Table 7. Means of Shrub trunk diameter (mm) in the selection of three generations of *Haloxylon aphyllum* for estimates of selection differential (S) and response to selection (R).

Base Population (G0) code	Base Population mean (G0)	Selected plants G0 code	Selected plants G0 mean	Response to Selection (G1)	Selected plants G1 code	Selected plants G1 mean	Response to Selection (G2)
P1	66 ^{abc}	P1	65.67 ^{abc}	65.83	P1	65.83 ^{abc}	84.67
P2	61 ^{a-d}	P2	61.7 ^{a-d}	63.67	P6	57.83 ^{bc}	77.33
P3	48 ^{bcd}	P5	61.33 ^{a-d}	54.50	P10	66.33 ^{abc}	49.00
P4	57 ^{bcd}	P6	69.67 ^{abc}	57.83	P12	65.67 ^{abc}	57.67
P5	61 ^{a-d}	P7	57.00 ^{abc}	62.00	P14	74.50 ^{ab}	71.00
P6	70 ^{abc}	P8	51.67 ^{cd}	59.33	P18	70.17 ^{ab}	45.67
P7	53 ^{bcd}	P9	59.67 ^{bcd}	53.83	P19	76.67 ^a	39.33
P8	47 ^{cd}	P10	58.33 ^{bcd}	66.33	P20	54.33 ^c	82.33
P9	60 ^{bcd}	P11	52.33 ^{cd}	47.33	P22	66.50 ^{abc}	67.00
P10	58 ^{bcd}	P12	73.67 ^{abc}	65.67			
P11	50 ^{cd}	P13	61.33 ^{a-d}	72.33			
P12	74 ^{abc}	P14	64.00 ^{a-d}	74.50			
P13	61 ^{a-d}	P15	44.33 ^d	54.67			
P14	63 ^{a-d}	P16	54.00 ^{bcd}	55.67			
P15	44 ^d	P17	52.33 ^{bcd}	48.83			
P16	54 ^{bcd}	P18	84.00 ^a	70.17			
P17	46 ^d	P19	59.33 ^{bcd}	76.67			
P18	84 ^a	P20	61.00 ^{a-d}	54.33			
P19	59 ^{bcd}	P22	81.33 ^{ab}	66.50			
P20	58 ^{bcd}						
P21	62 ^{a-d}						
P22	81 ^{ab}						
P23	59 ^{bcd}						
P24	49 ^{cd}						
P25	42 ^d						
P26	54 ^{bcd}						
P27	55 ^{bcd}						
Mean	58.05	Mean	61.93	61.58	Mean	66.43	63.78

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

Means followed by the same letters are not significantly different ($P < 0.05$).

G0، G1 و G2 به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲ میانگین ستون‌ها با حروف یکسان تفاوت معنی‌دار ندارند.

میانگین قطر تاج پوشش درختچه‌ها و پاسخ به گزینش (R) در سه نسل ژنوتیپ‌های سیاه تاغ در جدول ۸ نشان داده شده است. در نسل پایه ژنوتیپ‌های P_6 , P_{18} و P_{22} از نظر میانگین قطر تاج پوشش درختچه‌ها برتر از سایر ژنوتیپ‌ها بودند و براساس آزمون دانکن در گروه اول (a) قرار گرفتند.

بیشترین پاسخ به انتخاب (R) برای قطر تاج پوشش درختچه‌ها در نسل اول در ژنوتیپ‌های P_{14} , P_{18} و P_{19} مشاهده گردید. همچنین بیشترین پاسخ به انتخاب برای این صفت در نسل دوم نیز در ژنوتیپ‌های P_6 , P_{20} و P_{22} بود (جدول ۸).

جدول ۸- میانگین قطر تاج پوشش در سه نسل گزینش ژنوتیپ‌های سیاه تاغ برای تخمین دیفرانسیل انتخاب و پاسخ به انتخاب

Table 8. Means of Shrub crown diameter (cm) in selection of three generations of *Haloxylon aphyllum* for estimates of selection differential (S) and response to selection (R).

Base Population (G0) code	Base Population mean (G0)	Selected plants G0 code	Selected plants G0 mean	Response to Selection (G1)	Selected plants G1 code	Selected plants G1 mean	Response to Selection (G2)
P1	249 ^{bc}	P1	249.67 ^{bc}	223.00	P1	234.00 ^{bc}	236.67
P2	214 ^{cde}	P2	214.00 ^{cde}	243.33	P6	223.17 ^{bc}	261.67
P3	177 ^{de}	P5	227.67 ^{bcd}	192.00	P10	240.33 ^{ab}	256.33
P4	215 ^{cde}	P6	277.00 ^{ab}	212.17	P12	241.00 ^{ab}	241.00
P5	227 ^{bcd}	P7	213.00 ^{cde}	208.33	P14	289.00 ^a	246.00
P6	277 ^{ab}	P8	175.67 ^{de}	230.00	P18	275.00 ^a	212.33
P7	213 ^{cde}	P9	242.00 ^{bc}	187.67	P19	274.00 ^a	219.33
P8	175 ^{de}	P10	228.33 ^{bcd}	221.83	P20	212.00 ^c	281.67
P9	242 ^{bc}	P11	183.33 ^{de}	193.00	P22	246.17 ^{ab}	264.33
P10	228 ^{bcd}	P12	245.67 ^{bc}	230.00			
P11	183 ^{de}	P13	208.00 ^{cde}	245.67			
P12	246 ^{bc}	P14	256.00 ^{bc}	278.00			
P13	208 ^{cde}	P15	167.33 ^e	192.67			
P14	256 ^{bc}	P16	161.67 ^e	174.83			
P15	167 ^e	P17	201.00 ^{cde}	206.33			
P16	162 ^e	P18	302.67 ^a	264.00			
P17	201 ^{cde}	P19	227.33 ^{bcd}	263.00			
P18	302 ^a	P20	210.00 ^{cde}	191.33			
P19	227 ^{bcd}	P22	285.67 ^{ab}	235.17			
P20	210 ^{cde}						
P21	226 ^{bcd}						
P22	286 ^{ab}						
P23	220 ^{bcd}						
P24	185 ^{de}						
P25	217 ^{cde}						
P26	219 ^{cde}						
P27	180 ^{de}						
Mean	219.19	Mean	221.53	220.65	Mean	248.30	246.59

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

Means followed by the same letters are not significantly different ($P < 0.05$).

G0, G1 و G2 به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲

میانگین ستون‌ها با حروف یکسان تفاوت معنی‌دار ندارند.

دوم با ۸/۵۸ و ۸/۴۴ به نسبت یکسان بود که نشان از تنوع ارتفاع درختچه‌ها در هر دو نسل پایه و نسل ۱ می‌باشد. هرچند وراثت‌پذیری واقعی (h^2_r) در نسل دوم با ۰/۸۸ بیشتر از نسل اول با ۰/۷۰ بود. از لحاظ قطر تنه پاسخ به گزینش در نسل اول بیشتر از

تخمین وراثت‌پذیری واقعی h^2_r خلاصه نتایج مربوط به محاسبه دیفرانسیل S و پاسخ به انتخاب R و نیز تخمین وراثت‌پذیری واقعی h^2_r در نسل‌های (پایه و اول) و نسل‌های (اول و دوم) در جدول ۹ آمده است. از لحاظ ارتفاع درختچه، پاسخ به انتخاب در نسل اول و

نسل دوم بود که نشان از تنوع بیشتر ژنوتیپ‌ها در نسل پایه بود و به همین دلیل وراثت‌پذیری واقعی در نسل اول ۰/۹۱ بیشتر از نسل دوم ۰/۴۵ بود. در مقابل، از لحاظ قطر تاج پوشش، پاسخ به گزینش در نسل اول کمتر بود که نشان از تنوع کم این صفت در نسل پایه می‌باشد و به همین ترتیب وراثت‌پذیری قطر تاج پوشش در نسل دوم (۰/۹۶) بمراتب بیشتر از نسل اول (۰/۶۳) بود (جدول ۹).

جدول ۹- خلاصه نتایج مربوط به محاسبه دیفرانسیل و پاسخ به انتخاب به منظور تخمین وراثت‌پذیری واقعی h^2r در سه نسل گزینش

سیاه تاغ

Table 9. Summary of selection differential (S) and response to selection (R) for estimate realized heritability (h^2r) in the selection of three generations *Haloxylon aphyllum*.

Trait	Generations	Base Population G0 Mean (a)	Selected Plants G0 Mean (b)	Generation1 G1 Mean (c)	Selection Differential S = (b-a)	Response to Selection R= (c-a)	Realized Heritability $h^2r = R/S$
Shrub height	G0 vs. G1	188.93	201.26	197.51	12.34	8.58	0.70
	G1 vs. G2	197.51	207.13	205.95	9.62	8.44	0.88
Trunk diameter	G0 vs. G1	58.05	61.93	61.58	3.88	3.53	0.91
	G1 vs. G2	61.58	66.43	63.78	4.85	2.20	0.45
Crown diameter	G0 vs. G1	219.19	221.53	220.65	2.34	1.46	0.63
	G1 vs. G2	220.65	248.30	247.29	27.65	26.64	0.96

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

G0, G1 و G2 به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲

جدول ۱۰- تخمین وراثت‌پذیری خصوصی صفات ارتفاع درختچه‌ها، قطر تنه و قطر تاج پوشش با استفاده از رگرسیون نتاج/والدین در

سه نسل متوالی سیاه تاغ

Table 10. Estimates narrow-sense heritability of Shrub height, trunk diameter and crown diameter from offspring/parent regression in the selection of three generations *Haloxylon aphyllum*.

Traits	Regression of Generation	No.	b value $\pm$ s.e	p-value	h^2_{op}
Shrub height	Offspring (G1) vs. Parents (G0)	19	0.478 $\pm$ 0.09	0.00	0.94
	Offspring (G2) vs. Parents (G1)	9	0.241 $\pm$ 0.13	0.05	0.48
Trunk diameter	Offspring (G1) vs. Parents (G0)	19	0.440 $\pm$ 0.10	0.00	0.88
	Offspring (G2) vs. Parents (G1)	9	0.2 $\sqrt{3}$ $\pm$ 0.09	0.05	0.54
Shrub crown diameter	Offspring (G1) vs. Parents (G0)	19	0.389 $\pm$ 0.09	0.00	0.76
	Offspring (G2) vs. Parents (G1)	9	0.251 $\pm$ 0.08	0.05	0.50

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

G0, G1 و G2 به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲

بالا و بین ۰/۷۶ تا ۰/۹۷ بود. ولی میزان وراثت‌پذیری بر مبنای رگرسیون جمعیت‌های (نسل ۱ و ۲) به ۰/۴۸ تا ۰/۵۴ کاهش یافت. در هر سه صفت مورد بررسی، تخمین وراثت‌پذیری عمومی براساس تجزیه داده‌های نسل‌های مختلف مشابه وراثت‌پذیری حاصل از رگرسیون والد بر نتاج بود که دلیلی بر وجود واریانس افزایشی است (جدول ۱۰).

تخمین وراثت‌پذیری خصوصی به روش رگرسیون h^2_{op} تخمین وراثت‌پذیری خصوصی صفات ارتفاع درختچه‌ها، قطر تنه و قطر تاج پوشش با استفاده از رگرسیون نتاج/والدین جمعیت‌های (پایه و نسل ۱) و جمعیت‌های (نسل ۱ و ۲) در جدول ۱۰ خلاصه شده‌اند. میزان وراثت‌پذیری خصوصی در جمعیت‌های (پایه و نسل ۱) برای هر سه صفت

مقایسه وراثت‌پذیری صفات

مقایسه وراثت‌پذیری‌های عمومی، واقعی و خصوصی صفات ارتفاع درختچه‌ها، قطر تنه و قطر تاج پوشش در سه نسل‌گزینش سیاه تاغ در جدول ۱۱ نشان داده شده است. میزان وراثت‌پذیری عمومی (h^2_b) صفات بر مبنای برآورد امید ریاضی اجزاء واریانس ژنتیکی و محیطی، در دو نسل پایه و نسل ۱ برای هر سه صفت مورد مطالعه، به نسبت بالا و در دامنه ۰/۶۶ تا ۰/۷۷ قرار داشت. ولی در نسل دوم این مقدار کاهش یافت و دامنه آن برای صفات مختلف بین ۰/۳۶ تا ۰/۳۸ بود. این کاهش وراثت‌پذیری در نسل دوم مورد انتظار است، زیرا در نسل دوم تعداد جمعیت‌ها کمتر شدند و همه آنها از پایه‌های برتر انتخاب شده بودند، در نتیجه تنوع بین آنها و وراثت‌پذیری عمومی هم کاهش یافت (جدول ۱۱). میزان وراثت‌پذیری واقعی (h^2_r) حاصل از نسبت پاسخ به گزینش به تفاوت گزینش برای صفات ارتفاع درختچه و سطح تاج پوشش در نسل‌های G1 و G2 به نسبت بالا و در دامنه بین ۰/۶۳ تا ۰/۹۶ بود. ولی برای قطر تنه به دلیل اینکه پاسخ

به انتخاب در نسل دوم کمتر بود، میزان وراثت‌پذیری واقعی در نسل دوم به نسبت کم و به میزان ۰/۴۵ بود (جدول ۱۱). میزان وراثت‌پذیری خصوصی به روش رگرسیون h^2_{op} در رگرسیون نسل پایه (بعنوان والد) بر نسل ۱ (بعنوان نتاج) به نسبت برای هر سه صفت بالا و بین ۰/۷۶ تا ۰/۹۷ بود. ولی میزان وراثت‌پذیری بر مبنای رگرسیون در حالتی که والدین نسل ۱ و نتاج نسل ۲ بودند، کاهش یافت و میزان آن برای هر سه صفت در دامنه ۰/۴۸ تا ۰/۵۴ قرار گرفت. با توجه به کاهش تنوع در سطح تاج پوشش درختچه‌های نسل دوم، این کاهش وراثت‌پذیری خصوصی مورد انتظار بود (جدول ۱۱). در هر سه صفت مورد بررسی، تخمین وراثت‌پذیری عمومی h^2_b براساس تجزیه واریانس نسل‌های مختلف و وراثت‌پذیری واقعی (h^2_r) حاصل از پاسخ به گزینش و وراثت‌پذیری خصوصی به روش رگرسیون h^2_{op} تا حد زیادی مشابه و در یک راستا بودند که دلیلی بر وجود ژن‌های افزایشی در کنترل صفات مذکور است (جدول ۱۱).

جدول ۱۱- مقایسه وراثت‌پذیری‌های عمومی، واقعی و خصوصی صفات ارتفاع، قطر تنه و قطر تاج پوشش در سه نسل‌گزینش سیاه تاغ

Table 11. Estimates broad sense heritability, realized heritability, and narrow sense heritability of Shrub height, trunk diameter and crown diameter in the selection of three generations *Haloxylon aphyllum*.

Traits	Broad sense heritability (h^2_b)			Realized heritability (h^2_r)		Narrow sense heritability (h^2_{op})	
	(G0)	G1	G2	G0 vs. G1	G1 vs. G2	G0 vs. G1	G1 vs. G2
Shrub height	0.75	0.66	0.36	0.70	0.88	0.94	0.48
Trunk diameter	0.66	0.72	0.37	0.91	0.45	0.88	0.54
Crown diameter	0.73	0.78	0.38	0.63	0.96	0.76	0.50

G0, G1 and G2, are Generation 1, 2 and 3, respectively.

G0, G1 و G2، به ترتیب جمعیت‌های پایه و نسل‌های ۱ و ۲

بحث

نشان از کاهش نسبی تنوع در بین ژنوتیپ‌های انتخابی از نسل اول بود. مقایسه میانگین داده‌ها در صفات مورد بررسی در هر سه نسل نیز نشان از وجود تنوع فراوان بین جمعیت‌های تحت بررسی داشت.

در نسل پایه و نسل اول وراثت‌پذیری عمومی هر سه صفت بالا و قابل توجه بود که نشان می‌دهد بیشتر واریانس مشاهده شده برای صفات مورد بررسی توسط عوامل ژنتیکی کنترل می‌شوند. اما در نسل دوم وراثت‌پذیری هر

نتایج تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در نسل‌های پایه و اول جمعیت‌های مختلف سیاه تاغ نشان از وجود تنوع بالا بین ژنوتیپ‌های تحت بررسی در جمعیت پایه و ژنوتیپ‌های انتخابی از این نسل داشت. این تنوع در تحقیقات سایر محققان (Safarnejad et al., 2005 و Pourmeidani et al., 2020) نیز در جمعیت‌های مختلف سیاه تاغ در کشور گزارش شده است. معنی‌دار نبودن تفاوت بین ژنوتیپ‌ها در نسل دوم

ژنوتیپ‌های مختلف سیاه تاغ از نظر صفات مورد بررسی، وراثت‌پذیری بالا و پاسخ مناسب به گزینش مستقیم و اثر افزایشی در کنترل ژنی صفات داشت که با تحقیقات [Shuyskaya و همکاران \(۲۰۱۷\)](#) در مورد تنوع ژنتیکی و تخمین وراثت‌پذیری صفات در جمعیت‌های مختلف سیاه تاغ در روسیه هم‌راستا بود.

هر چند ارزیابی نحوه کنترل صفات و بررسی پاسخ به برنامه‌های انتخاب در مورد گیاهان مرتعی و جنگلی در کشور به ندرت انجام شده، اما استفاده از این روش‌ها به فراوانی توسط محققان مختلف برای اصلاح محصولات مختلف زراعی گزارش شده است. در یک تحقیق [\(Jafari et al., 2002\)](#) پاسخ به یک دوره گزینش دو جانبه برای قابلیت هضم و قندهای محلول در آب را در چچم دائمی (*Lolium perenne*) تحت شرایط گلخانه‌ای بررسی نمودند. آنان نشان دادند، برای قابلیت هضم تنوع ژنتیکی کم و پاسخ به گزینش ناچیز بود.

نتیجه‌گیری

میزان وراثت‌پذیری واقعی (h^2r) حاصل از نسبت پاسخ به گزینش به تفاوت گزینش در نسل‌های G1 و G2 به نسبت بالا و در دامنه بین ۰/۴۵ تا ۰/۹۶ بود. به‌طوری‌که پس از دو نسل گزینش مستقیم، پاسخ به گزینش معنی‌دار بود و میانگین جامعه تاغ مورد مطالعه برای ارتفاع درختچه افزایش یافت. همچنین پاسخ به گزینش برای قطر تنه و قطر تاج پوشش نیز معنی‌دار بود، به‌طوری‌که میانگین قطر تنه از ۵۸/۰۵ میلی‌متر به ۶۳/۷۸ میلی‌متر و میانگین قطر تاج پوشش از ۲۱۹/۱۹ سانتی‌متر به ۲۴۶/۵۹ سانتی‌متر رسید. در نهایت چون کنترل صفات ارتفاع درختچه، قطر تنه و قطر تاج پوشش سیاه‌تاغ توسط ژن‌ها افزایشی است و به‌دلیل پاسخ مثبت به گزینش، می‌توان از این نتایج برای تخمین بازده ژنتیکی انتخاب و اصلاح این گونه برای صفات مهم استفاده کرد. همچنین از ژنوتیپ‌های P_{12} ، P_{13} ، P_{18} و P_{22} که از نظر میانگین ارتفاع درختچه‌ها و پاسخ مناسب به گزینش در سه نسل برتر از سایر ژنوتیپ‌های

سه صفت نسبت به دو نسل قبل کاهش یافت. این موضوع می‌تواند ناشی از کاهش واریانس ژنتیکی در این نسل به دلیل گزینشی بودن جمعیت‌های تشکیل دهنده آن و نقش بیشتر واریانس محیطی در این نسل باشد. [Mirzaie-Nodoushan و همکاران \(۲۰۰۹\)](#) نیز در تخمین وراثت-پذیری عمومی در ۲۵ پایه بذری سیاه تاغ در شرایط یزد، میزان وراثت‌پذیری بالایی برای صفات ارتفاع گیاه، قطر تاج پوشش و قطر تنه به‌دست آوردند که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد. همچنین [Pourmeidani و همکاران \(۲۰۰۶\)](#) در بررسی تنوع ژنتیکی در ۲۷ ژنوتیپ سیاه تاغ در قم، میزان وراثت‌پذیری عمومی صفات ارتفاع گیاه، قطر تنه و قطر بزرگ تاج پوشش را بر مبنای تجزیه واریانس مرکب داده‌ها به ترتیب ۰/۷۸، ۰/۶۷ و ۰/۶۱ به‌دست آوردند که با نتایج این تحقیق مطابقت دارد.

هر سه صفت پاسخ به گزینش بالایی را نشان دادند. دلیل این موضوع تنوع فنوتیپی بالا و یا وراثت‌پذیری خصوصی بالای این صفات است. گزینش مستقیم برای افزایش هر سه صفت مؤثر بود. همچنین پس از دو نسل گزینش، پاسخ به گزینش معنی‌دار بود که نشان‌دهنده کنترل افزایشی صفات تحت بررسی است. در هر سه صفت مورد بررسی، تخمین وراثت‌پذیری عمومی براساس تجزیه پایه-های حاصل از ژنوتیپ‌های والدینی مشابه وراثت‌پذیری حاصل از رگرسیون والد بر نتایج بود که این موضوع نیز دلیلی بر وجود اثر افزایشی در کنترل این صفات است. به هر حال، پاسخ مناسب به دو نسل گزینش نشان از افزایشی بودن کنترل ژنی صفات در سیاه تاغ داشت. تنوع فراوان گزارش شده توسط [Mirhosseini و همکاران \(۲۰۰۷\)](#) در بین ژنوتیپ‌های مختلف سیاه تاغ در یزد نیز حکایت از قابلیت این گونه در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی دارد. در ارزیابی وراثت‌پذیری صفات مورفولوژیک در مطالعه ایشان نیز مشخص شد که وراثت‌پذیری این صفات بالاست. بر این اساس، آنان تعدادی از ژنوتیپ‌ها را برای این صفات انتخاب کردند.

به هر حال، نتایج این تحقیق نشان از تنوع بالای

برای حفظ و استفاده پایدار از ژنوتیپ‌های منتخب در مناطق خشک و نیمه‌خشک حاشیه کویر ضروری به نظر می‌رسد.

تحت بررسی بودند، می‌توان در مناطق بادخیز و به‌منظور کنترل گردوغبار استفاده نمود. از سویی، با توجه به برتری و نیز پاسخ مناسب به گزینش، استفاده از ژنوتیپ‌های P₁₀, P₁₂, P₁₄, P₁₈ و P₂₂ برای کاشت در شن‌زارهای عرصه‌های بیابانی قابل توصیه است. همچنین احداث باغ بذر

References

- Ali Ahmad Korori, S., 2014. Ecosystem Management of Natural and Plantation Sites of *Haloxylon* of Iran. Pooneh Publication, Tehran, 216p. (In Persian).
- Asadi, M., 2001. Flora of Iran, Spinach Family (Chenopodiaceae). Iranian Research Institute of Forests and Rangelands Research, Tehran, 508p (In Persian).
- Becker, W.A., 1984. Manual of Quantitative Genetics. 4th edition, Academic Enterprises Pullman, Washington, 196 pages.
- Darvishi Zeidabadi, D., Shekarchian, A. and Kodouri, M.R., 2021. Estimation of the broad-sense heritability of traits in *Haloxylon aphyllum* native populations in Kerman. Iranian Journal of Rangelands Forests Plant Breeding and Genetic Research 28 (2): 212-220. (In Persian).
- Falconer, D.S. and Mackay, T. G. C. 1996. Introduction to quantitative genetics, Fourth edition. Longman Group Ltd. London, 464 pages.
- Jafari, A. A., 2002. Response to a double selection period for digestibility and water-soluble sugars in perennial ryegrass (*Lolium perenne*) under greenhouse conditions. Iranian Agricultural Sciences, 32(2), 319-329. (In Persian).
- Mirhosseini, A., Mirzaie-Nodoushan, H., Baghestani-Meibodi, N. And Zare Zade, A. 2007. Study of morphological characters in *Haloxylon aphyllum* genotypes in ecological conditions of Yazd, Iran. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 7 (1): 99-117. Doi:10.22092/ijrfpbgr.2007.114966 (In Persian).
- Mirhosseini, A., Tabandeh Saravi, A., Espahbodi, K. and Enayati, B. 2020. Estimation of genetic correlation and heritability of characteristics of *Haloxylon persicum* in the seed orchard of the Yazd Province, Iran. Iranian Journal of Forest and Poplar Research, 27(4), 475-484. SID. <https://sid.ir/paper/397712/en>.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Mirhosseini, A., Maddah-Arefi, H., Asadi Corom, F. 2009. Heritability estimates of vegetative characteristics of black saxaul (*Haloxylon aphyllum*) in Yazd province. Pajouhesh & Sazandegi 80: 129-135. (In Persian).
- Poelman, J.M., and Sleper, D.A., 1995. Breeding field crops, Iowa State University Press, Ames. IA.
- Pourmeidani, A. and Mirzaie Nodoushan, H., 2004. Investigation of genetic variation and Cluster analysis in different *Haloxylon* genotypes. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 12(1), 1-16. doi: 10.22092/ijrfpbgr.2004.115480 (In Persian).
- Pourmeidani, A., Khakdaman, H. and Mirzaei Nadoushan, H., 2006. Heritability and genotypic and phenotypic correlations between different characters in *Haloxylon aphyllum* from arid zones of Iran. Iranian Journal of Rangelands, Forests, Plant Breeding and Genetic Research. 13(3): 227-246. (In Persian).
- Pourmeidani, A., Moradi, M. R. and Tavakoli Neko, H. 2020. Selection of superior genotypes of *Haloxylon aphyllum* by multivariate statistical methods. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 28 (1), 37-50. doi: 10.22092/ijrfpbgr.2019.124346.1325. (In Persian).
- Safarnejad, A., 2005. Comparison of saxual species (*Haloxylon* spp) for their improvement and expansion in desert areas. Pajouhesh & Sazandegi, 67: 51-57. (In Persian).
- Shuyskaya, E. V., Li, E. V., Rahmankulov, Z. F., Kuznetsova, N. A., Toderich K. N. and Voronin, P. Yu. 2014. Morphophysiological Adaptation Aspects of Different *Haloxylon aphyllum* (Chenopodiaceae) Genotypes along a Salinity Gradient. Russian Journal of Ecology, 45(3):181-187.
- Tavakoli Neko, H., Pourmeidani, A., Adnani, M., Bagheri, H. & Bayat, M. 2019. The causes of drying of *Haloxylon* in Hussein Abad Mish-Mast, Qom, Iran. Iranian Journal of Range and Desert Research, 26 (3): 650-659. (In Persian).
- Wang, B., Zhang, J., Yang, X. and Jiang, Z. 2007. Genetic variation of some traits of *Haloxylon ammodenaron* seedlings from different provenances

- and their correlation analysis. Journal of Plant Resources and Environment, 16, (2), 27-31.
- Zhaglovskaya, A., Aidosova, S. and Akhtayeva, N. 2015. Anatomical and morphological stem features of two *Haloxylon* species (Chenopodiaceae) of drought stress, Kazakhstan. Biosciences Biotechnology Research Asia, 12(3), 1965-1974.