

خارداری تنه در لیلکی و تنوع آن در نتاج ناتنی

محمد نوروزی رئیس دانایی^۱، حسین میرزایی ندوشن*^۲، حسن مداح عارفی^۳ و علی اشرف جعفری^۴

۱ - کارشناس ارشد، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد بروجرد

۲* - نویسنده و مسئول مکاتبات، استاد پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

پست الکترونیک: nodoushan2003@yahoo.com

۳ - استادیار پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

۴ - دانشیار پژوهش، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، تهران

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۷/۰۳/۱۶

تاریخ دریافت: ۱۳۸۷/۱۲/۰۲

چکیده

لیلکی (*Gleditsia caspica* Desf) گونه‌ای کم توقع و سازگار به شرایط بد محیطی است و دارای ویژگی‌های مثبت و منفی زیادی می‌باشد که آن را از بسیاری گونه‌های دیگر درختی متمایز می‌کند. یکی از مشخصه‌های این گونه خاردار بودن تنه درخت می‌باشد که کاربرد آن را در فضای سبز شهرها و پارک‌سازی منتفی نموده است. تنوع زیادی در صفت خارداری در بین پایه‌های این گونه دیده می‌شود که مشخص نیست تا چه اندازه این تنوع ژنتیکی یا محیطی است. برای پی بردن به این سؤال به مطالعه مقدماتی ۲۱ ژنوتیپ از این گونه اقدام گردید. هفت مشخصه مورفولوژیکی از جمله میزان خارداری تنه در نتاج این ژنوتیپ‌ها در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار مورد مطالعه قرار گرفتند. پس از تشخیص تفاوت‌های معنی‌دار آماری بین نتاج ژنوتیپ‌های تحت بررسی از نظر ویژگی‌های مورد مطالعه، با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گروه‌بندی شدند. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر همه صفات اندازه‌گیری شده با هم تفاوت معنی‌دار داشتند. در صفت خارداری دامنه تغییرات بین ۱ تا ۳/۰۹ قرار داشت. میانگین صفت خارداری در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با این صفت در والدینشان تطابق بسیار زیادی داشت. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را به دو دسته کاملاً مجزا تقسیم نمودند، به نحوی که دسته اول همگی پر خار و دسته دوم همگی کم خار یا بی‌خار بودند. نتایج نشان داد که می‌توان از تنوع موجود در مطالعات اصلاحی آینده این گونه در تولید یک واریته بی‌خار به نحو مطلوبی بهره‌برداری کرد.

واژه‌های کلیدی: لیلکی، خارداری تنه، تنوع ژنتیکی، نتاج ناتنی

مقدمه

مثبت و منفی زیادی است که آن را از گونه‌های دیگر متمایز کرده است. با این حال، یکی از ویژگی‌های این گونه خاردار بودن تنه درصد زیادی از درختان می‌باشد که تقریباً کاربرد آن را در فضای شهر و پارک‌سازی منتفی نموده است. در حالی که پایه‌های بدون خار آن به دلیل زیبایی‌های ظاهری، کم توقع بودن و سازگاری با شرایط نامناسب، در بخش نسبتاً وسیعی از کشور ما می‌تواند در این راستا به‌کار گرفته شود. این گونه نسبت به هوای آلوده

لیلکی (*Gleditsia caspica* Desf) بومی منطقه هیرکانی و یکی از گونه‌های جنگلی ایران است و در ایران از آستارا تا گرگان، در جلگه‌ها و میان‌بند انتشار یافته است. این گیاه به طور عمده به صورت پایه‌های منفرد یا جمعیت‌های کوچک در حاشیه مزارع، روستاها و گاوداری‌ها مشاهده می‌گردد. این گونه مقاوم، کم توقع و سازگار با شرایط بد محیطی است و دارای ویژگی‌های

این نتیجه رسیده‌اند که پراکنش مؤثر بذر در این گونه به دلیل رفتارهای غیر قابل پیش‌بینی توزیع کننده‌های ثانویه بذر از جمعیتی به جمعیت دیگر متفاوت است و اثر این عوامل هم در تغییر ساختمان ژنتیکی جمعیت‌ها غیرقابل پیش‌بینی است. مطالعات Huh و همکاران (1999) نشان داد که تنوع ژنتیکی وسیعی در درون جمعیت‌های گونه‌ای از *Gleditsia* وجود دارد، ولی سطح هتروزیگوسیتی کمتر از مقدار مورد انتظار است که به واسطه تعادل هاردی-وین‌برگ در جوامع گیاهی دگرگشن ایجاد می‌شود. نامبردگان دلیل این امر را عوامل مختلفی نظیر خودگشنی، تلاقی‌های خویشاوندی و کوچک بودن جوامع و عدم جریان ژنی کافی بین جوامع گیاهی دانستند. با این حال به‌رغم این‌که پدیده خارداری در بیشتر گونه‌های این جنس مشاهده شده است (Michener, 1986) اما تنوع ژنتیکی این صفت کمتر مورد توجه قرار گرفته و اطلاعات ناچیزی در خصوص تنوع ژنتیکی و ساختار ژنتیکی جمعیت‌های گیاهی گونه‌های مختلف این جنس از نظر مشخصه خارداری در اختیار می‌باشد.

لازم به تذکر است که خارداری در طبیعت موجب حفاظت از گونه‌های گیاهی می‌شود (Belovsky et al., 2004). اگرچه حیوانات مختلف با ابعاد متفاوت بدنی اثرهای متفاوتی از گونه‌های مختلف گیاهی خاردار می‌پذیرند (Belovsky et al., 2004)، ولی در طبیعت این پدیده موجب حفاظت این گونه‌های گیاهی می‌گردد. با این حال در استفاده از گونه‌هایی نظیر لیلکی در فضاهای شهری، حفاظت طبیعی کمتر موضوعیت داشته و دستیابی به پایه‌های بدون خار می‌تواند کمک شایان توجهی در زیباسازی فضاهای شهری بنماید.

این تحقیق در پی ارزیابی تنوع در تعدادی از پایه‌های بالغ لیلکی از نظر ویژگی‌های مورفولوژیک از جمله خارداری تنه و فراهم کردن مقدمات مطالعات گسترده ژنتیکی و توارث این صفت می‌باشد. بدیهی است شناسایی الگوی تنوع در داخل یک جمعیت تصویر

نیز متحمل است (Huxley, 1992) و دارای همزیستی با برخی از باکتری‌های خاکریزی است که آن را قادر می‌کند تا ازت جو را تثبیت کند که بخشی از آن را خود به‌مصرف رسانده و مابقی به‌مصرف درختان اطراف آن برسد (Yakovlev et al., 1996). گونه بدون خار آن یعنی لیلکی آمریکایی (*G. triacanthos*) که بومی آمریکای شمالی می‌باشد (Schnabel et al., 1998) در اروپا و آمریکا در پارک‌ها، فضای سبز و کلکسیون‌ها استفاده می‌شود. تلاش‌هایی برای کاربرد گونه بدون خارلیکی به جای گونه خاردار آن در پارک‌ها و فضای سبز شده است که بیشتر آنها به دلیل عدم سازگاری گونه آمریکایی به شرایط آب و هوایی ایران بی‌نتیجه مانده است، به‌طوری که بیشتر آنها در مرحله نهال از بین رفته‌اند.

ویژگی خارداری از نظر ژنتیکی در گونه ایرانی ناشناخته است و مشخص نیست که چگونه به ارث می‌رسد و تا چه اندازه تحت تأثیر عوامل ژنتیکی و شرایط محیطی است. از طرفی تنوع زیادی در صفت خارداری در بین پایه‌های لیلکی دیده می‌شود. به‌طوری که در طبیعت پایه‌هایی که تنه‌ای پوشیده از خار دارند تا پایه‌های بدون خار از این گونه مشاهده می‌شود (شکل ۱).

به‌طورکلی خارداری تنه در بیشترگونه‌های جنس *Gleditsia* دیده می‌شود و پایه‌های بدون خار این جنس از سال‌ها پیش مورد توجه محققان بوده است. این پدیده دارای تنوع گسترده‌ای است و تنوع درون گونه‌ای و جمعیتی زیادی از این نظر در همه گونه‌های این جنس مشاهده شده است (Michener, 1986). تاکنون محققان مطالعات گسترده‌ای در زمینه‌های مختلف بیولوژی و نیز ژنتیک جمعیت در گونه‌های مختلف این جنس انجام داده‌اند. (از جمله Schnabel و Hamrick (1995) و Schnabel و همکاران (1998) مطالعات به نسبت جامعی روی جوامع گیاهی گونه *G. triacanthos* L. نامبردگان نقش عوامل مختلف را در توزیع بذر و تغییر ساختمان ژنتیکی جمعیت‌های این گونه مورد بررسی قرار داده و به

گیاه‌شناسی ملی ایران واقع در مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور انتخاب شدند. لازم به تذکر است که سه پایه از ژنوتیپ‌های بدون خار انتخاب شده از باغ گیاه‌شناسی ملی ایران (با کدهای L14, L9 و L16) از گونه *G. sinensis* Lam بودند که منشأ خارجی داشتند. وجود این سه ژنوتیپ در مجموعه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌توانست مبنای مقایسه دو گونه باشد.

ساده‌ای از ماهیت تنوع داخل جمعیت را به ما نشان می‌دهد و ما را در امر شناسایی والدین مورد نیاز در تلاقی‌های احتمالی یاری می‌دهد.

مواد و روشها

بذر مورد نیاز از ۲۱ پایه مختلف لیلکی با تراکم متفاوت خار بر روی تنه، برداشت شد. تعدادی از این پایه‌ها از استان مازندران با مختصات جغرافیایی که در جدول یک ارائه شده است و تعدادی نیز از باغ

جدول ۱- سطح خارداری تنه پایه‌های مادری مورد بذرگیری و طول و عرض جغرافیایی (UTM) محل نمونه‌گیری آنها (منشأ پایه‌های موجود در مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور نامعلوم است)

ردیف	کد	سطح خارداری	محل نمونه‌گیری	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی
۱	L1	۲	استان مازندران	-	-
۲	L2	۳	استان مازندران	۴۰۱۹۳۱۵	۶۴۷۳۱۹
۳	L3	۲	استان مازندران	۴۰۱۷۹۸۹	۶۴۵۵۰۳
۴	L4	۱	استان مازندران	۴۰۱۷۹۲۳	۶۴۵۵۰۱
۵	L5	۲	استان مازندران	۴۰۱۷۹۴۶	۶۴۵۳۹۵
۶	L6	۴	استان مازندران	۴۰۱۷۹۲۴	۶۴۵۳۸۴
۷	L7	۳	استان مازندران	۴۰۱۷۹۷۳	۶۴۵۳۸۹
۸	L8	۳	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۹	L9	۱	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۰	L10	۵	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۱	L11	۲	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۲	L12	۲	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۳	L13	۳	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۴	L14	۱	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۵	L15	۱	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۶	L16	۱	مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور	۳۹۵۵۲۸۷	۵۱۶۳۳۱
۱۷	L17	۳	استان مازندران	۴۰۱۸۱۰۳	۶۴۵۲۶۳
۱۸	L18	۱	استان مازندران	۴۰۱۷۹۷۹	۶۴۵۳۵۴
۱۹	L19	۱	استان مازندران	۴۰۱۷۷۵۷	۶۴۵۴۷۳
۲۰	L20	۳	استان مازندران	۴۰۱۷۷۵۰	۶۴۵۵۳۰
۲۱	L21	۵	استان مازندران	۴۰۱۷۷۴۲	۶۴۵۴۴۲

۱ = بدون خار، ۲ = خار کم، ۳ = خار متوسط، ۴ = خار زیاد، ۵ = خار بسیار زیاد

تأیید اختلاف معنی دار بین ژنوتیپ‌ها، دسته‌بندی میانگین‌ها به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن انجام شد. همبستگی‌های فنوتیپی و ژنوتیپی بین کلیه ترکیب‌های دوگانه صفات مورد مطالعه محاسبه شد. پس از تأیید همبستگی بالا بین صفات مورد مطالعه، از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی به منظور تعیین سهم هر صفت در تنوع کل، کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر روابط استفاده شد. با استفاده از دو مؤلفه اصلی اول دیاگرام پراکنش ژنوتیپ‌ها رسم گردید. به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده شد و دندروگرام مربوط به آن رسم گردید. از نرم‌افزارهای SAS، Excel و Minitab14 جهت ثبت و تجزیه داده‌ها استفاده شد.

نتایج

نتایج تجزیه واریانس و دسته‌بندی میانگین‌ها به روش دانکن برای ۷ صفت مورفولوژیک مورد مطالعه در جدول‌های شماره ۲ و ۳ ارائه گردیده است. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر همه صفات اندازه‌گیری شده با هم تفاوت معنی‌دار داشتند. در صفات تعداد برگ و تعداد برگچه در هر برگ نیز با توجه به اینکه تنوعی بین نهال‌های هر ژنوتیپ وجود نداشت و میانگین اعداد مربوط به هر ژنوتیپ در هر سه تکرار یکسان بود، خطای آزمایشی در این دو صفت صفر شد.

تمامی عملیات جوانه‌زنی، کاشت بذرها، جوانه‌زده و مطالعات گلخانه‌ای نهال‌های لیلکی در مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور انجام شد. این مؤسسه در ۱۵ کیلومتری شمال غربی تهران با طول جغرافیایی ۵۱ درجه و ۱۰ دقیقه شرقی، عرض جغرافیایی ۳۵ درجه و ۴۴ دقیقه شمالی و ارتفاع ۱۳۲۰ متر از سطح دریا قرار دارد.

از هر یک از ۲۱ ژنوتیپ مورد مطالعه تعداد ۵۰ بذر انتخاب گردید و با خراش‌دهی پوسته بذر به نحوی که به جوانه بذر آسیب نرسد، سختی پوسته بذرها رفع گردید. پس از ضدعفونی توسط محلول هیپوکلریت سدیم ۲٪ به مدت ۵ دقیقه، با آب مقطر شستشو داده شدند و روی کاغذ صافی مرطوب در پتری‌دیش کاشته شدند.

بذرها، جوانه‌زده در گلدان کاشته شده و به گلخانه انتقال داده شدند. از طرح آزمایشی کاملاً تصادفی با ۳ تکرار جهت مطالعه نتایج استفاده شد. در زمان مناسب یادداشت‌برداری از گیاهان برای ۷ صفت طول هیپوکوتیل، طول و عرض برگ کتیلدنی، طول ساقه اصلی، تعداد برگچه، تعداد برگ و در انتها میزان خارداری انجام شد. در ارزیابی خارداری، نهال‌ها براساس میزان خاری که بر روی شاخه‌ها ظاهر شدند درجه‌بندی شدند و از شماره یک تا ۵ به آنها درجه داده شد. به این ترتیب که شماره ۱ نشان‌دهنده بدون خار بودن و شماره ۵ نشان‌دهنده بیشترین تراکم خار در سطح تنه بود.

داده‌های مربوط به هر یک از صفات مورد مطالعه از روی نتایج ۲۱ ژنوتیپ تجزیه واریانس شدند و پس از

جدول ۲- میانگین مربعات حاصل از تجزیه واریانس داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک در نتایج ۲۱

ژنوتیپ لیلکی.

منابع تغییر	df	طول هیپوکوتیل	طول برگ کتیلدنی	عرض برگ کتیلدنی	طول ساقه اصلی	تعداد برگچه در برگ اصلی	تعداد برگ اصلی	خارداری
تیمار	۲۰	**۱/۸	**۰/۰۳	**۰/۰۷	**۴/۱	**۱۸/۵	**۱/۰۹	**۵۰/۱
خطا	۴۲	۰/۱	۰/۰۱	۰/۰۳	۰/۶	۰	۰	۱۹/۰

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

خوشه ۲ شامل ۶ ژنوتیپ L9، L16، L12، L15، L11 و L14 بود. ژنوتیپ‌های شماره L9، L16 و L14 که از وارسته بدون خار و از گونه دیگری هستند، در خوشه دوم قرار گرفتند که کم خار یا بدون خار هستند. پراکندگی ۲۱ ژنوتیپ لیلکی براساس دو مؤلفه اصلی در شکل ۳ نشان داده شده است. در این شکل در مؤلفه اول طول ساقه اصلی، تعداد جفت برگچه‌ها و تعداد برگ با ضریب‌های مثبت و خارداری با ضریب منفی نقش مهمی در تمایز گروه‌ها داشتند، به نحوی که ژنوتیپ‌های موجود در خوشه ۲ در سمت راست محور Xها قرار داشتند و از لحاظ طول ساقه اصلی، تعداد جفت برگچه‌ها و تعداد برگ دارای ارزش بالا، ولی از لحاظ خارداری خار کمی داشتند. برعکس، ژنوتیپ‌های خوشه ۱ دارای طول ساقه اصلی، تعداد جفت برگچه‌ها و تعداد برگ کمتری بودند و از لحاظ خارداری پرخارتر نیز بودند (شکل ۳). در مؤلفه دوم یا محور Yها صفات طول و عرض برگ کتیلدنی با ضریب مثبت در تمایز گروه‌ها نقش داشتند. همان‌طور که در نمودار ملاحظه می‌شود ژنوتیپ‌هایی که در بالای نمودار (خوشه ۲) قرار دارند دارای طول هیپوکوتیل، طول و عرض برگ کتیلدنی بالا و ژنوتیپ‌هایی که در پایین نمودار قرار دارند طول هیپوکوتیل، طول و عرض برگ کتیلدنی کمتری داشتند.

در تجزیه خوشه‌ای، چون ژنوتیپ‌ها فقط به دو گروه تقسیم شدند برای مقایسه میانگین‌ها از آزمون t استفاده گردید. در غیر این صورت از آزمون F استفاده می‌گردید. در تجزیه واریانس بین خوشه‌ها میانگین مربعات خوشه‌ها برای کلیه صفات بجز طول برگ کتیلدنی معنی‌دار بود و خصوصیات خوشه‌ها به شرح زیر بود (جدول ۶).

الف. خوشه ۱ دارای برگ‌های کتیلدنی پهن و از لحاظ خارداری پرخار بود.

ب. خوشه ۲ دارای طول هیپوکوتیل و ساقه بلند و تعداد برگ و جفت برگچه بیشتر بود. ژنوتیپ‌های این خوشه همگی جزو ژنوتیپ‌های کم‌خار و بی‌خار بودند و با ویژگی‌های پایه‌های والدینی تطابق داشتند.

مقایسه میانگین‌های داده‌های حاصل از مطالعه نتایج، ژنوتیپ‌ها را بر اساس صفات مختلف در دسته‌های متفاوتی قرار داد (جدول ۳). آنچه که قابل توجه است دامنه تغییرات در صفات مورد مطالعه است که به‌عنوان نمونه در صفت طول هیپوکوتیل بین ۲/۵ تا ۴/۷۷ سانتی‌متر متغیر بود. همچنین، طول ساقه اصلی بین ۲/۱ تا ۴/۳۵ سانتی‌متر متغیر بود. در صفت خارداری دامنه تغییرات بین ۱ تا ۳/۰۹ قرار داشت. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس این صفت که بیشتر مورد توجه بود به ۶ دسته تقسیم شدند که بیشتر دسته‌ها با یکدیگر همپوشانی داشتند.

ضریب‌های همبستگی دوگانه فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات اغلب در سطح بالایی معنی‌دار گردیدند (جدول ۴). معنی‌دار شدن ضریب‌های همبستگی دوگانه بین صفات دلیل موجهی بر استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی جهت مطالعه ژنوتیپ‌ها قلمداد گردید.

مقادیر ویژه حاصل از مؤلفه‌های ۱ تا ۲ به ترتیب ۵۵٪ و ۲۰٪ و در مجموع ۷۵٪ از کل واریانس متغیرها را توجیه نمودند (جدول ۵). مقادیر نسبی ضریب‌های بردارهای ویژه در مؤلفه اول نشان داد که صفات طول ساقه اصلی، تعداد جفت برگچه‌ها و تعداد برگ با ضریب‌های مثبت و خارداری با ضریب منفی با مؤلفه اول همبستگی داشتند و مهمترین صفات برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در تجزیه خوشه‌ای محسوب شدند. در مؤلفه دوم طول هیپوکوتیل، طول و عرض برگ کتیلدنی با ضریب مثبت، ضریب‌های بردارهای ویژه بزرگتری داشتند.

در تجزیه خوشه‌ای با برش دندروگرام در فاصله اقلیدسی ۸/۱، ژنوتیپ‌ها در ۲ گروه متفاوت قرار گرفتند (شکل ۲). گروه ۱ شامل ۱۵ ژنوتیپ L1، L3، L4، L10، L21، L8، L19، L5، L7، L13، L2، L17، L18، L20 و L6 بود و این گروه را می‌توان به ۳ زیرگروه تقسیم کرد. زیرگروه اول شامل ۵ ژنوتیپ L1، L3، L5، L7 و L19 بود. زیرگروه دوم شامل ۶ ژنوتیپ L13، L17، L18، L20، L6 و L8 و زیرگروه سوم شامل ۴ ژنوتیپ L10، L21، L2 و L4 بود.

جدول ۳- دسته‌بندی میانگین‌های صفات مورد مطالعه در نتاج حاصل از ۲۱ ژنوتیپ از لیلکی *Gleditsia caspica*

تعداد برگ	تعداد برگچه در	خارداری تنه	طول هیپوکوتیل	طول برگ کتیلدنی	عرض برگ کتیلدنی	طول ساقه اصلی	کد ژنوتیپ					
اصلی	هر برگ اصلی	درجه ۱ تا ۵	(cm)	(cm)	(cm)	(cm)						
a۴	a۵	۱/۷۵	b-f	۳/۱۲	ef	۲/۰۹	a-e	۱/۲۳	a	۲/۷۳	c-g	L1
a۵	a۵	۳/۰۰	a	۳/۳۳	ed	۲/۰۸	b-e	۱/۰۵	def	۲/۵۲	c-h	L2
a۴	a۵	۲/۳۱	abc	۲/۹۷	ef	۲/۱۳	a-d	۱/۱۳	bcd	۰۹/۲	cd	L3
a۵	a۵	۲/۵۴	ab	۳/۲۴	efd	۲/۲۱	ab	۱/۱۶	abc	۷۸/۲	c-f	L4
a۴	a۵	۲/۵۹	ab	۲/۶۹	ef	۲/۰۴	b-e	۱/۰۳	def	۲/۶۴	c-h	L5
a۵	a۵	۲/۰۳	b-e	۲/۷۴	ef	۲/۰۸	b-e	۱/۰۶	def	۲/۶۶	c-g	L6
a۴	a۶	۱/۹۳	b-f	۲/۸۰	ef	۱/۹۷	cde	۱/۰۳	def	۲/۹۶	c	L7
a۵	a۵	۱/۳۳	def	۱/۶۶	g	۱/۹۱	e	۱/۰۲	efg	۲/۱۰	h	L8
a۵	a۱۲	۱/۰۰	f	۳/۹۲	bcd	۲/۰۹	a-e	۰/۹۶	fg	۴/۳۵	a	L9
a۵	a۵	۱/۸۶	b-f	۳/۱۹	ef	۲/۲۸	a	۱/۱۹	ab	۲/۲۸	e-h	L10
a۶	a۱۰	۱/۰۰	f	۴/۲۰	ab	۲/۰۴	b-e	۰/۹۶	fg	۳/۶۹	b	L11
a۵	a۱۰	۰۰/۱	f	۴/۳۷	ab	۲/۰۴	b-e	۰/۹۷	fg	۳/۶۹	b	L12
a۵	a۶	۲/۲۱	a-d	۲/۵۰	f	۲/۱۶	abc	۱/۰۲	efg	۲۵/۲	fgh	L13
a۶	a۱۰	۱/۰۰	f	۴/۰۴	bc	۱/۹۳	ed	۰/۹۳	g	۳/۵۲	b	L14
a۵	a۱۰	۰۰/۱	f	۴/۷۷	a	۲/۱۷	abc	۱/۰	efg	۳/۸۳	B	L15
a۵	a۱۱	۰۰/۱	f	۴/۳۱	ab	۲/۱۰	a-e	۱/۰۶	def	۴/۳۵	A	L16
a۵	a۶	۱/۳۲	def	۲/۸۵	ef	۲/۰۵	b-e	۱/۱۵	abc	۲/۸۳	cde	L17
a۵	a۵	۱/۵۴	c-f	۲/۶۶	ef	۲/۱۴	abc	۱/۰۷	cde	۳/۰۲	c	L18
a۴	a۵	۱/۳۰	def	۳/۱۲	ef	۲/۱۰	a-e	۰/۹۸	efg	۲/۳۸	d-h	L19
a۵	a۵	۱/۲۱	ef	۲/۷۳	ef	۲/۰۹	a-e	۱/۰۶	def	۵۴/۲	c-h	L20
a۴	a۵	۳/۰۹	a	۳/۴۲	ecd	۲/۲۳	ab	۱/۱۷	abc	۲/۲۲	gh	L21

میانگین تیمارهای دارای حروف مشابه در هر ستون بر اساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح ۰/۰۵ اختلاف معنی‌داری ندارند.

جدول ۴- تجزیه همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی بین صفات مورفولوژیکی ۲۱ ژنوتیپ لیلکی. (اعداد روی قطر همبستگی های دوگانه فنوتیپی و اعداد زیر قطر همبستگی های دوگانه ژنوتیپی هستند).

خارداری	تعداد برگ	تعداد جفت برگچه ها	طول ساقه اصلی	عرض برگ کتیلدنی	طول برگ کتیلدنی	طول هیپوکوتیل	صفت
*.۰/۲۵-	*.۰/۳۱	**۰/۷۶	**۰/۷۶	ns۰/۸۰-	ns۰/۶	۱/۰۰	طول هیپوکوتیل
*.۰/۲۰	ns۰/۱۳-	ns۰/۱۷-	ns۰/۱۵-	**۰/۳۱	۱/۰۰	ns۰/۱۹	طول برگ هیپوکوتیل
ns۰/۱۱	۰/۱۳-	**۰/۳۱-	*.۰/۲۵-	۱/۰۰	**۰/۹۲	ns۰/۳۵-	عرض برگ هیپوکوتیل
**۰/۴۲-	*.۰/۳۷	**۰/۸۷	۱/۰۰	**۰/۶۲-	ns۰/۲۱-	**۰/۸۳	طول ساقه اصلی
**۰/۵۶-	**۰/۵۲	۱/۰۰	**۰/۹۳	**۰/۶۴-	ns۰/۲۱-	**۰/۸۲	تعداد جفت برگچه ها
**۰/۴۰-	۱/۰۰	**۰/۵۲	*.۰/۴۲	ns۰/۲۸-	ns۰/۲۲-	*.۰/۳۳	تعداد برگ
۱/۰۰	**۰/۴۹-	**۰/۶۹-	**۰/۶۱-	**۰/۵۲	**۰/۵۴	*.۰/۴۰-	خارداری

* ** : ضریب های همبستگی به ترتیب در سطوح احتمال ۰.۵ و ۰.۱ معنی دار هستند و ns : غیرمعنی دار

جدول ۵- تجزیه به مؤلفه های اصلی و برآورد مقادیر ویژه، درصد واریانس و ضریب های بردارهای ویژه برای صفات مطالعه شده در نتاج ۲۱ ژنوتیپ از لیلکی (*Gleditsia caspica*)

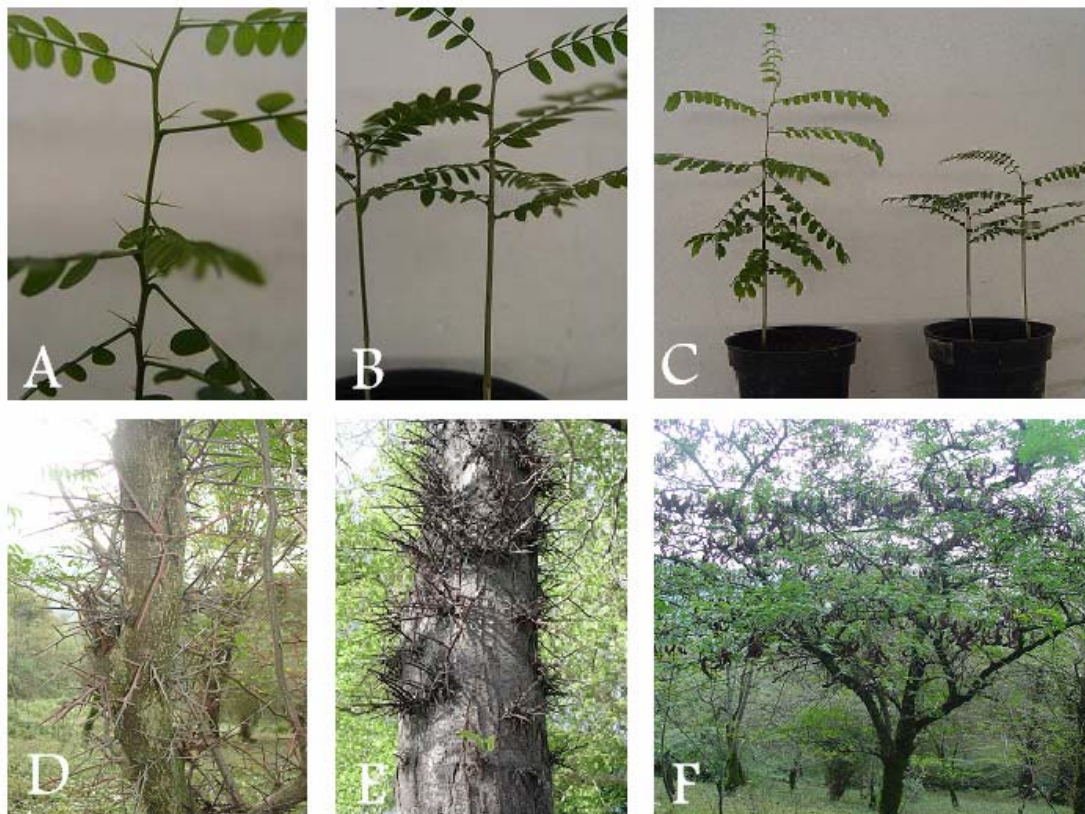
مؤلفه دوم	مؤلفه اول	منابع تنوع
۰/۴۹	۰/۳۸	طول هیپوکوتیل
۰/۷۰	۰/۱۹	طول برگ کتیلدنی
۰/۳۸	۰/۳۶	عرض برگ کتیلدنی
۰/۲۴	۰/۴۵	طول ساقه اصلی
۰/۱۵	۰/۴۹	تعداد جفت برگچه ها
۰/۰۸	۰/۳۲	تعداد برگ
۰/۱۹	۰/۳۸	خارداری
۱/۴۰	۳/۸۴	مقادیر ویژه
۰/۲۰	۰/۵۵	درصد از کل واریانس
۰/۷۵	۰/۵۵	درصد واریانس تجمعی

اعدادی که در زیر آنها خط کشیده شده است دارای ارزش بیشتری در مؤلفه های اصلی هستند.

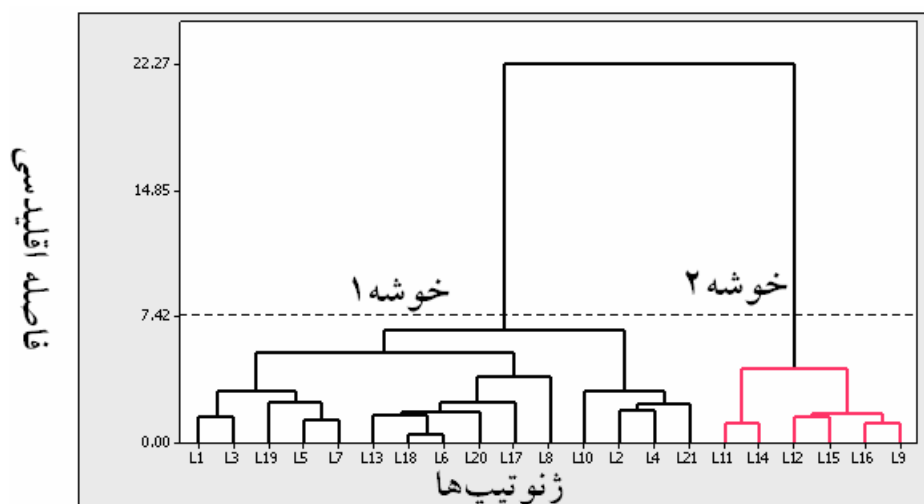
جدول ۶- نام ژنوتیپ‌ها و مقایسه میانگین صفات در خوشه‌ها با استفاده از آزمون t

نام خوشه	خوشه ۱	خوشه ۲	آزمون t
ژنوتیپ‌ها	L1, L3, L4, L10, L21, L8, L19, L5, L7, L13, L2	L9, L16, L12	
صفات	L17, L18, L20, L6	L15, L11, L14	
طول هیپوکوتیل	۲/۸۳	۴/۲۶	**۷/۱۹
طول برگ کتیلدنی	۲/۱۰	۲/۰۶	ns۰/۹۹
عرض برگ کتیلدنی	۱/۰۹	۰/۹۷	**۳/۲۶
طول ساقه اصلی	۲/۵۶	۳/۸۹	**۸/۵۱
تعداد جفت برگچه‌ها	۵/۲۰	۱/۵۰	**۱۹/۶۹
تعداد برگ	۴/۶۰	۵/۳۳	**۲/۹۸
خارداری	۱/۹۸	۱/۰۰	**۳/۶۸

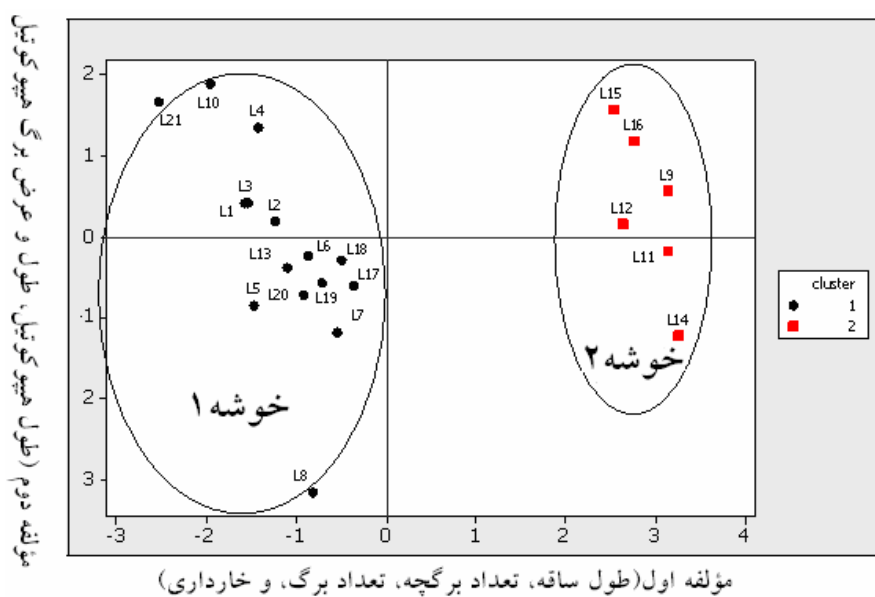
** و ns: به ترتیب معنی‌دار در سطح ۱٪ و غیر معنی‌دار



شکل ۱- نمونه‌هایی از پایه‌های لیلکی خاردار و بدون خار مشاهده شده در طبیعت و نهال‌های حاصل از این ژنوتیپ‌ها با شدت‌های متفاوت خارداری. (A: نهال لیلکی با خار زیاد، B: نهال لیلکی بدون خار، C: تنوع در شکل ظاهری نهال‌های لیلکی، D: تنه درخت بالغ لیلکی با شدت خارداری متوسط، E: تنه درخت بالغ لیلکی با شدت خارداری زیاد، F: درخت بالغ بدون خار همراه با میوه و شکل ظاهری)



شکل ۲- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش ward بر اساس ۷ صفت مورد مطالعه در نتاج حاصل از ۲۱ ژنوتیپ لیلکی (*Gleditsia caspica*)



شکل ۳- پراکنندگی میانگین نتاج حاصل از ۲۱ ژنوتیپ لیلکی (*Gleditsia caspica*) بر اساس دو مؤلفه اصلی

بحث

گونه لیلکی بومی کشور استفاده کرد. دسته‌بندی میانگین‌های نتاج براساس اطلاعات ویژگی‌های مورد مطالعه با اطلاعات جمع‌آوری شده از پایه‌های مادری تطابق زیادی داشتند. به‌عنوان نمونه میانگین نتاج حاصل

معنی‌دار بودن صفت خارداری به معنای وجود تنوع در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌باشد که می‌توان از آن در برنامه‌های اصلاحی آینده برای تولید واریته‌های بی‌خار در

حضور داشته و با توجه به دگرگشتن بودن لیلکی، احتمال تلاقی بین پایه‌های خاردار و بدون خار زیاد است. از این رو نباید انتظار داشت که نتاج حاصل از پایه‌های بی‌خار کاملاً بی‌خار شوند. شدت خارداری در نتاج پایه‌های بدون خار نیز به فراوانی پایه‌های خاردار در عرصه مورد نمونه‌برداری بستگی دارد.

اعتقاد بر این است که اساساً تنوع صفات مورفولوژیک در گونه‌های چوبی معمولاً زیاد است (Blada & Popescu, 2007, Espahbodi *et al.*, 2008). مطالعات انجام شده بر روی بیشتر گونه‌های چوبی کشور نیز این موضوع را به اثبات رسانده است (Mirzaie-Nodoushan & Maddah-Arefi, 1999, Mirzai-Nodoushan *et al.*, 2001, 2002, Poormeidani *et al.*, 2005, Tabandeh & 2007b, 2007a, *et al.*). با این حال توزیع تنوع در بین پایه‌ها و انتقال آنها به نتاج تعیین‌کننده کارایی آن است. در بین پایه‌های مورد مطالعه علاوه بر وجود تنوع ژنتیکی گسترده، همخوانی و هماهنگی آن با والدین اولیه اهمیت زیادی دارد. از طرفی برخی از صفات مورد مطالعه نظیر خارداری می‌توانند به‌عنوان صفات پایدار قلمداد شوند. این‌گونه صفات معمولاً بعنوان فاکتورهای تمایز بین جمعیت‌ها و گونه‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند که اساساً به‌عنوان ابزار کار تاکسونومیست‌ها در سیستماتیک گیاهی کاربرد پیدا می‌کنند (Bednorz, 2007).

سپاسگزاری

بدین‌وسیله از مسئولین محترم مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور که امکانات مورد نیاز اجرای این تحقیق را در اختیار ما قرار دادند تشکر و قدردانی می‌شود. همین‌طور از همه همکارانی که در اجرای این تحقیق مساعدت نمودند. از جمله جناب آقای مهندس محمدسعید توکل از بخش گیاه‌شناسی مؤسسه و جناب آقای مهندس سید اسماعیل سیدیان از بانک ژن منابع طبیعی که در شناسایی پایه‌ها و رویشگاه‌ها و نیز

از ژنوتیپ L21 که بیشترین میانگین برای صفت خارداری را داشتند با والد مادری خود که بر اساس اطلاعات اولیه در هنگام جمع‌آوری بذر ژنوتیپی پُرخار می‌باشد (دارای ضریب ۵ برای صفت خارداری) هماهنگی داشتند. عدم تطابق کامل این ویژگی در نتاج و والدین می‌تواند به دلیل دگرگشتی این گونه و تلاقی با سایر ژنوتیپ‌های بی‌خار باشد که در تفرق صفات در نتاج معمولاً ژنوتیپ‌های حد واسط به‌دست می‌آید. از طرف دیگر، با توجه به این‌که این مطالعات در اوایل دوران رشد نهال‌ها صورت گرفته است، امکان این‌که برخی از صفات هنوز قادر به بروز کامل خود در مراحل اولیه رشد نباشند وجود دارد. با این حال، نتایج این بررسی نشان می‌دهد که این ویژگی ژنتیکی است و به میزان زیادی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مطالعه شده وجود دارد. با این حال تنوع مشاهده شده در صفات مورد مطالعه از جمله ویژگی خارداری حکایت از قابلیت جمعیت‌های گیاهی موجود این گونه در کشور در پاسخ به برنامه‌های اصلاحی دارد. محققانی که سایر گونه‌های این جنس را از نظر خارداری مطالعه کرده‌اند نیز به این نتیجه رسیده‌اند که غربالگری جمعیت‌های طبیعی از نظر خارداری می‌تواند به وارسته بدون خار منجر شود (Frank, *et al.*, 2002). این که این تنوع کیفی است یا کمی و به چه میزان وراثت‌پذیر است مستلزم بررسی بیشتر براساس نتایج این تحقیق می‌باشد. تلاقی والدین بدون خار با والدین پرخار و نیز خودتلقیحی والدین بدون خار در شرایط ایزوله می‌تواند تا اندازه‌ای راه‌گشا باشد. با توجه به نتایج حاصل از مطالعات سایر محققان در تولید وارسته‌های بدون خار. و در سایر گونه‌های این جنس و استفاده وسیع از این وارسته‌ها در فضاهای شهری (Blair, 1990) این امکان وجود دارد که با توجه به تنوع گسترده مشاهده شده در این گونه در کشور به اصلاح این گونه اقدام نمود. برداشت بذر از پایه‌های بی‌خار جهت این بررسی در شرایطی صورت گرفته که پایه‌های خاردار در اطراف آنها

- Mirzaie-Nodoushan, H., Shariat, A. and Asadicorom F., 2001. Investigation of genetic variation in *Haloxylon* spp. using SDS-PAGE electrophoresis. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 7: 99-117.
- Mirzaie-Nodoushan, H., Asadicorom, F. and Mirhosseini, A. 2002. Effective factors on seed germination in *Haloxylon* spp. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 4: 1-24.
- Poormeidani, A., Khakdaman, H., and Mirzaie-Nodoushan, H., 2005. Heritability, phenotypic and genotypic correlation on the phenotypic characteristics on Black saxaul (*Haloxylon aphyllum*). Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research, 13: 227-246.
- Schnabel, A. and Hamrick, J. L. 1995. Understanding the population genetic structure of *Gleditsia triacanthos* L.: the scale and pattern of pollen gene flow. *Evolution*, 49: 921-931.
- Schnabel, A., Nason, J.D. and Hamrick, J. L. 1998. Understanding the population genetic structure of *Gleditsia triacanthos* L. Seed dispersal and variation in female reproductive success. *Molecular Ecology*, 7: 819-832.
- Tabandeh, A., Tabari, M. Mirzaie-Nodoushan H. and Espahbodi, K., 2007a. Seed origin effects on seedling characteristics of *Sorbus torminalis* in the third year of planting. *Pajouhesh and Sazandegi*, 76: 48-53.
- Tabandeh, A., Tabari, M., Mirzaie-Nodoushan H. and Espahbodi, K. 2007b. Heritability of several characteristics of *Sorbus torminalis* seedlings. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 10: 2760-2763
- Yakovlev, G., Sytin, A., and Roskov. Yu. 1996. Legumes of Northern Eurasia Royal Botanic Gardens, Kew, UK.

جمع‌آوری نمونه‌های بذری همکاری بی‌دریغی داشتند، صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

- Bednorz, L. 2007. Morphological variability of fruits and seeds of *Sorbus torminalis* in Poland. *Dendrobiology*, 57: 3-14.
- Belovsky, G.E., Schmitz, O.J., Slade, J.B. and Dawson, T.J., 2004. Effects of spines and thorns on Australian arid zone herbivores of different body masses. *Oecologia*, 88: 525-528.
- Blada, I. and Popescu F. 2007. Swiss stone pine provenance experiment in Romania: II Variation in growth and branching traits to age 14. *Silvae Genetica*, 56: 148- 158.
- Blair, R.M., 1990. *Gleditsia triacanthos* L., honeylocust. In: Burns, R.M., Honkala B.H., Silvics of North America. Volume 2, Hardwoods. Agric. Handbk. 654. Washington, DC.
- Espahbodi, K., Mirzaie-Nodoushan, H. Tabari, M. Akbarinia, M. Dehghan-Shuraki, Y. and Jalali, S. G. 2008. Genetic variation in early growth characteristics of two populations of wild service tree (*Sorbus torminalis* (L.) Crantz) and their interrelationship. *Silvae Genetica*, 57: 340-348.
- Frank, S., and Santamour, J., 2002. Susceptibility of honeylocust (*Gleditsia*) species to mimosa webworm. National Arboretum, Washington, D.C.
- Huh, M.K., Lee, H.Y. and Huh, H.W., 1999. Genetic diversity and population structure of *Gleditsia japonica* var *koraiensis* in Korea. *Bot. Bull. Acad. Sin.*, 40: 159-164.
- Huxley, A. 1992. The New RHS Dictionary of Gardening. MacMillan Press, ISBN 0-333-47494-5.
- Michener, D.C., 1986. Phenotypic instability in *Gleditsia triacanthos* (Fabaceae). *Brittonia*, 38: 360-361.
- Mirzaie-Nodoushan, H., and Maddah-Arefi, H. 1999. Genetic Variation of seed blankness in *Pistacia atlantica*. *Pajouhesh and Sazandegi*, 42: 100-101.

Spiny trunk in Caspian locust (*Gleditsia caspica*) and its variation in half-sib progenies

M. Noroozi-Raeis-Danaie¹, H. Mirzaie-Nodoushan^{*2}, H. Maddah-Arefi³ and A. A. Jafari⁴

1- MSc. Boroojerd Islamic Azad University, Boroojerd, I.R.Iran.

2*- Corresponding author, Prof., Forests and Rangelands Research Institute, Tehran, I.R.Iran.

E-Mail: nodoushan2003@yahoo.com

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

4- Assoc. Prof., Forests and Rangelands Research Institute, Tehran, I.R.Iran.

Received: 21.02.2009

Accepted: 06.06.2009

Abstract

Caspian locust (*Gleditsia caspica* Desf) is a low demanding and adaptable species to the unsuitable environmental conditions, with several characteristics making it distinct from many other plant species. Spiny trunk is one of its characteristics for which its application in civil environments, parks and gardens is highly restricted. There are great deals of variation in the spiny trait between the single trees of the species, which is not yet enough information on their genetic nature. To answer the question, 21 genotypes of the species were preliminary studied. Seven morphological characteristics including the spine frequency on the stems of the progenies of the genotypes were studied in a completely randomized design with three replications. Approving significant differences between the progenies of the genotypes, the genotypes were classified by principal components and cluster analysis. The studied genotypes were significantly different based on all of the recorded traits. There was variability of 1 to 3.09 between the progeny means for spiny stems. The means of spiny trait of the studied progenies coordinated with their parental trees. Principal components and cluster analysis divided the progeny means into two distinct groups so that the first group members were all highly spiny and the second group members were in opposite side. The results indicated that the existing variation could be used in the future studies for improving non-spine trunk variety of the species.

Keywords: Caspian locust, Spiny trunk, Genetic variation, Half-sib progenies.