تاکسونومی و بیوسیستماتیک، سال دوم، شماره سوم (پیاپی ۴)، پاییز ۱۳۸۹، صفحه ۴۷ – ۵۸
تاریخ دریافت مقاله: ۱۳۸۹/۰۴/۰۶ تاریخ پذیرش نهایی: ۱۳۸۹/۰۷/۱۴

بررسی روابط و تنوع درون گونه‌ای *Hordeum vulgare* L. (جو زراعی و خودرو) در ایران با استفاده از داده‌های سیتولوژی

آزاده اخوان، دانشجوی دکتری گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان
حجت‌اله سعیدی*، استادیار گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان

چکیده

جو زراعی و جو خودرو به عنوان دو زیرگونهٔ از گونهٔ *Hordeum vulgare* L.، جزو خزانهٔ وراثتی اولیه برای جنس *Hordeum* در نظر گرفته شده‌اند. جو خودرو تاکسون اجدادی جو زراعی محسوب می‌شود که خود، محصول زراعی مهمی در سطح جهان است و از نظر اقتصادی مهم‌ترین محصول بعد از گندم به شمار می‌رود. مطالعات کاریوتیپی در ۳۰ جمعیت متعلق به گونهٔ *H. vulgare* به منظور تعیین روابط خویشاوندی و تنوع بین جمعیتی انجام گرفت. بر اساس پارامترهای ارزیابی شده، جمعیتی متعلق به جو خودرو (زیرگونهٔ *spontaneum*) از غرب کشور متقارن‌ترین کاریوتیپ و جمعیتی دیگر متعلق به زیرگونهٔ زراعی (*vulgare*) از شمال غرب کشور نامتقارن‌ترین کاریوتیپ را نشان داد. با توجه به اینکه کاریوتیپ‌های متقارن ابتدایی‌تر از کاریوتیپ‌های نامتقارن هستند، جمعیت‌های متعلق به جو خودرو از غرب کشور، با متقارن‌ترین کاریوتیپ نسبت به جمعیت‌های جو زراعی سایر مناطق ایران ابتدایی‌تر در نظر گرفته می‌شوند. بر اساس نتایج این مطالعه، ضریب تنوع‌پذیری طولی کروموزوم در زیرگونهٔ *spontaneum* بیشتر از زیرگونهٔ *vulgare* است. بنابراین، جمعیت‌های متعلق به زیرگونهٔ *spontaneum* نسبت به زیرگونهٔ *vulgare* از نظر تکاملی قدیمی‌تر و متنوع‌تر بوده که می‌تواند با سازگاری به شرایط متنوع محیطی مرتبط باشد. نتایج این بررسی پیشنهاد می‌کند که بررسی تقارن کاریوتیپی می‌تواند ابزار مفیدی برای تعیین روابط خویشاوندی و تنوع جمعیتی در جو محسوب شود.

واژه‌های کلیدی: *Hordeum vulgare*، ایران، جو خودرو، سیتولوژی، مرکز پیدایش

مقدمه

Hordeum، جنسی تک‌نیا با گونه‌های یک‌ساله یا چندساله در طایفهٔ Triticeae است (Blattner, 2004). از نظر سطح پلوئیدی، این جنس دارای ۲۸ تاکسون دیپلوئید (۲n=2x=۱۴)، ۱۶ تاکسون تتراپلوئید (۲n=4x=۲۸) و ۸ تاکسون هگزاپلوئید (۲n=6x=۴۲)، با عدد پایه کروموزومی x=۷ است. در موارد نادری به علت از دست دادن یا مضاعف شدن کروموزوم‌ها، گونه‌هایی با اعداد کروموزومی آنیوپلوئید نیز مشاهده شده‌اند. گونه‌های دیپلوئید شامل گونه‌های زراعی و

*ho.saeidi@sci.ui.ac.ir

Archive of SID
www.SID.ir

خودرو، ولی گونه‌های تتراپلوئید و هگزاپلوئید همگی خودرو هستند (Bothmer *et al.*, 1991; Shewry, 1992). در جنس *Hordeum* الگوی روابط خویشاوندی به سبب حضور چندین ژنوم پیچیده است. در سطح دیپلوئیدی چهار ژنوم اصلی X، Y، I و H وجود دارند. دو گونهٔ *H. vulgare* و *H. bulbosum* در داشتن ژنوم I که در هیچ یک از گونه‌های دیگر جنس *Hordeum* وجود ندارد مشترک هستند (Bothmer *et al.*, 1991).

در مورد منشأ و مبدأ جو اختلاف نظرهای زیادی وجود دارد. منشأ این گیاه کوه‌های زاگرس در غرب ایران، آناتولی جنوبی و فلسطین ذکر شده است (Shewry, 1992). با آگاهی از وابستگی و ارتباط گونه‌های جنس *Hordeum* و نیز بین این جنس و سایر جنس‌ها، اطلاعات مهمّی را بر پایهٔ صفات مورفولوژی، عدد کروموزومی، آنالیز کاریوتیپ‌ها، قابلیت تلاقی گونه‌ها، رفتار کروموزومی در میوز و جفت شدن کروموزوم‌ها در دورگه‌های بین گونه‌ای می‌توان به دست آورد. برای جو زراعی یک مسیر واضح یا یک شجره‌نامه مشخص نمی‌توان ترسیم کرد. از سال ۱۹۵۰ میلادی با اطلاعاتی که از طریق تاکسونومی، سیتوتاکسونومی، باستان‌شناسی، تاریخ، اکولوژی، جغرافیا و ژنتیک به دست آمده است، تعدادی مسیرهای تکاملی برای گونه‌های خودرو و زراعی جو و همچنین در مورد منشأ گونه‌های زراعی از جو خودرو *H. spontaneum* C. Koch ارائه شده است (Nilan, 1964).

گونهٔ *Hordeum vulgare* L. دارای دو زیرگونهٔ subsp. *vulgare* L. به عنوان جو زراعی و زیرگونهٔ subsp. *spontaneum* C. Koch به عنوان جو خودرو است. در مورد وضعیت تاکسونومیک جو زراعی و جو خودرو اختلاف نظر وجود داشته است؛ به طوری که در بررسی‌های اولیه، به صورت گونه‌های مجزا در نظر گرفته شده‌اند (Bor, 1970; Tutin *et al.*, 1980; Komarov, 1985). اما بر اساس آخرین بازنگری این گونه‌ها به عنوان دو زیرگونه از گونهٔ *H. vulgare* معرفی شدند (Bothmer, 1991).

جو زراعی (*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* L.) از نظر اقتصادی مهم‌ترین تاکسون در این جنس محسوب شده، در تمام مناطق معتدل دنیا کشت می‌شود. این گونه از نظر غذایی، مرتعی و دارویی مصارف گوناگونی دارد و به دلیل دارا بودن سیکل کوتاه زندگی و خصوصیات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و ژنتیکی مناسب به عنوان سیستم مدل برای آزمایش‌های مختلف به کار می‌رود. این زیرگونه دارای دو واریتهٔ دوردیفه (*distichon*) و شش ردیفه (*hexastichon*) است.

جو خودرو (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum* C. Koch) به عنوان خزانهٔ وراثتی و اجدادی جو زراعی محسوب می‌شود و به تدریج و ضمن جهش و اهلی شدن، جوِ زراعی را تولید کرده است. این زیرگونه در رویشگاه‌های اولیهٔ خود در هلال حاصلخیزی از ترکیه تا جنوب غرب آسیا رشد می‌کند (Harlan and Zohary, 1966). همچنین، در

Archive of SID

www.SID.ir

رویشگاه‌های ثانویه مانند نواحی مدیترانه‌ای، زمین‌های متروک و کنار جاده نیز رویش دارد. هلال حاصلخیزی به عنوان مرکز پیدایش و تنوع‌یابی جو خودرو معرفی شده و منطقهٔ متنوعی از نظر آب و هوا، ارتفاع و رویشگاه است. سازگاری‌های مورفولوژیک، فیزیولوژیک و عملکردی زیرگونهٔ *spontaneum* متناسب با زیستگاه‌های مختلف در مهاجرت و استقرار این تاکسون در رویشگاه‌های اولیه و ثانویه در محدودهٔ وسیعی از محیط‌های متنوع مؤثر بوده است. تنوع زیادی که در این زیرگونه مشاهده می شود، بیشتر به خاطر وجود درصد بالایی از دگرگشنی (بیش از ۱۰-۱۲٪) نسبت به زیرگونهٔ زراعی (معمولاً کمتر از ۱٪) در این گونه است. جو خودرو دارای محور سنبلهٔ شکننده و شامل ۲ ردیف سنبلک است. سنبلک‌ها بلند و سیخک پوشینهٔ اولیه (Lemma) خاردار است.

در میان گیاهان طایفهٔ *Triticeae*، مطالعات زیادی در زمینه سیتولوژی گونه‌های مختلف جنس *Hordeum* انجام شده است (Vahidy *et al*., 1993). مطالعات کروموزومی توسط Kihara در سال ۱۹۲۴ در گونهٔ *H. vulgare* انجام گرفت. وی نشان داد که این گونه، دیپلوئید (۱۴ =۲x = ۲n) و دارای عدد پایه کروموزومی x = ۷ است (Darlington and Wylie, 1961). Sheidai و Rashid (۲۰۰۷) سطح دیپلوئید و عدد پایه کروموزومی x = ۷ را تأیید کردند، اما برخی از محققان آن را گونه‌ای تتراپلوئید (۲۸ =۴x = ۲n) دانسته‌اند. اغلب کروموزوم‌های مشاهده شده در آن مطالعه متاسانتریک و ساب متاسانتریک بودند. آن‌ها معتقد بودند که تفاوت در فرمول کاریوتیپی به علت تغییرات ساختاری کروموزوم اتفاق می‌افتد.

کلیهٔ بررسی‌های کروموزومی انجام شده در زیرگونهٔ *spontaneum*، آن را دیپلوئید با عدد پایه کروموزومی x= ۷ دانسته‌اند. Morrison (۱۹۵۹) با ارائهٔ کاریوتیپ برای *H. spontaneum* و مقایسهٔ آن با *H. vulgare* نشان داد که کاریوتیپ آن‌ها به طور آشکار و دقیقی با یکدیگر مشابه‌اند، اما Oinuma (۱۹۵۳) توانست تفاوت‌هایی را در ساختار کروموزوم‌ها بین این گونه‌ها با یک پیش تیمار متفاوت نشان دهد. این پیش تیمار دمای پایین در هنگام جوانه زدن بذر بود که با استفاده از این روش Mechelke (۱۹۵۵) و Schwantiz و Pirson (۱۹۵۵) نشان دادند که کروموزوم‌های گونهٔ زراعی بزرگتر از کروموزوم‌های گونه‌های خودرو است (Nilan, 1964). کاریوتیپ این زیرگونه دارای چهار جفت کروموزوم متاسانتریک، یک جفت کروموزوم ساب متاسانتریک و دو جفت کروموزوم ماهواره‌دار است (Linde-Laursen *et al*., 1992).

در ایران نیز مطالعات مختلفی برای تعیین عدد پایه کروموزومی این دو زیرگونه به ویژه جو زراعی انجام شده است که آن‌ها را دیپلوئید با ۱۴ کروموزوم معرفی کرده‌اند (صاحبی، ۱۳۸۰ و یزدان‌ستا، ۱۳۸۱).

در حال حاضر، مطالعهٔ ویژگی‌های سیتولوژیکی گیاهان زراعی یک ضرورت محسوب می‌شود و جو نیز به عنوان یک غلهٔ مهم از این امر مستثنی نیست. هدف از انجام این پژوهش ،انجام مطالعات کروموزومی، تهیه

Archive of SID

www.SID.ir

کاریوتیپ و تجزیه و تحلیل ژنوم جمعیت‌های مورد مطالعه و مقایسه و تفکیک آن‌ها بر اساس اطلاعات کاریوتیپی و کروموزومی است.

مواد و روش‌ها

مطالعهٔ عدد کروموزومی بر پایهٔ مشاهدهٔ میتوز سلول‌های مریستمی انتهای ریشه که دارای قدرت تقسیم سریع و اندیس میتوزی بالا هستند، صورت گرفت. بدین منظور، در مجموع ۳۰ جمعیت از تاکسون‌های متعلق به گونهٔ *H. vulgare* بررسی گردیدند. این جمعیت‌ها از بین کلیهٔ جمعیت‌های جمع‌آوری شده به عنوان شاخص، به گونه‌ای انتخاب شدند که در برگیرندهٔ تمامی نواحی پراکش این گونه‌ها بودند. بنابراین، از هر جمعیت، ۱۰ بذر به صورت تصادفی انتخاب شد. بذرها را به مدت ۲۴ ساعت روی کاغذ صافی مرطوب در ظرف پتری قرار داده، به منظور جذب آب در دمای اتاق (۲۵ درجه سانتی‌گراد) و تاریکی قرار داده شدند. در این شرایط اکثر بذرها طی ۲-۳ روز جوانه زدند. سپس بذرهایی با طول ریشه ۱/۵-۲ سانتی‌متر انتخاب و در ساعت مناسب، ریشه‌ها از بذرها جدا گردید. مطالعه کروموزوم‌ها به روش له کردن مریستم انتهای ریشه (Squash Method) انجام گرفت. بدین منظور ریشه‌ها به مدت ۶-۴ ساعت در محلول آلفا برمونفتالین قرار داده شدند. برای حفظ شکل سلول ها و محتویات آنها و جلوگیری از تغییرات احتمالی از مواد تثبیت‌کننده، استفاده می‌شود. از جمله محلول‌های تثبیت‌کننده محلول Levitskey بوده که حاوی کرومیک اسید ۱٪ و فرمالدهید ۱۰٪ به نسبت مساوی است(Sharma and Sharma, 1999). ریشه‌های خارج شده از آلفابرمونفتالین، پس از شستشو با آب مقطر، به مدت ۲۴-۳۶ ساعت در این محلول در یخچال قرار داده شد.

بعد از خروج ریشه‌ها از محلول تثبیت‌کننده، به مدت ۳ ساعت ریشه‌ها با آب جاری شستشو داده شد و بعد از خشک کردن با کاغذ صافی، برای نگهداری ریشه‌ها به مدت طولانی، از الکل اتیلیک ۷۰ درصد استفاده شد. برای تهیه نمونه میکروسکوپی لازم است بافت‌های مذکور برای اسکواش آماده شوند و نمک‌های پکتیکی دیواره سلولی حل شده، تا امکان دستیابی به سلول‌های منفرد و پراکنده از توده سلولی فراهم گردد. بدین منظور، ریشه‌ها جهت هیدرولیز، به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در محلول NaoH ۱ نرمال، در حمام آب گرم قرار داده شد. مطالعهٔ شکل و ساختمان کروموزوم‌ها از طریق مشاهدهٔ میکروسکوپی و با استفاده ار محلول‌ها و روش‌های خاص رنگ‌آمیزی امکان‌پذیر است. برای رنگ‌آمیزی، ریشه‌ها به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد در حمام آب گرم، در محلول هماتوکسیلین قرار گرفتند. برای مطالعه شکل و ساختار کروموزوم‌ها از روش له کردن آنزیمی استفاده شد. ابتدا ریشه‌ها ۲ بار و هر بار به مدت ۱۰ دقیقه در محلول بافر آنزیم قرار داده شد و سپس به مدت ۳۰-۴۰ دقیقه در آنزیم سلولاز- پکتیناز در دمای ۳۷ درجه قرار داده شد.

Archive of SID

www.SID.ir

برای تهیه اسلایدهای کروموزومی، قسمت بالای کلاهک ریشه‌ها (سلول‌های مریستمی) جدا گردید و برای نرم کردن بیشتر بافت و نفوذ بهتر رنگ، یک قطره استیک اسید ۴۵٪ نیز روی نمونه ریخته شد و سپس با کاغذ صافی خشک گردید. مزیت دیگر این عمل آن است که رنگ‌های اضافی از سطح سیتوپلاسم سلول پاک شده، سیتوپلاسم شفاف و بی‌رنگ به نظر می‌رسد. در این مرحله سلول‌های مریستمی با سوزن از هم جدا شد. سپس بر روی سلول‌های جدا شده، لامل گذاشته شد و با فشار ملایم انگشت شست، سلول‌ها له شد. سپس به منظور بررسی کروموزوم‌ها، سلول‌های مریستمی در زیر میکروسکوپ مطالعه شدند (Agayev, 2003).

در این مطالعه، برای بررسی شکل و ساختار کروموزوم‌ها و تهیه کاریوتیپ، اسلایدهای کروموزومی تهیه شده در مرحله متافازی تقسیم میتوز با استفاده از عدسی‌های ۱۰، ۲۰ و ۴۰ بررسی و بهترین سلول متافازی انتخاب شد. سپس با عدسی ۱۰۰ میکروسکوپ Olympus BX40 عکس‌برداری شدند.

شناسایی کروموزم‌ها در جو با اندازه‌گیری طول آن‌ها، نسبت بازوها و فرورفتگی‌های ثانویه انجام شده است (Noda and Kasha, 1978). در جمعیت‌هایی که مورد مطالعه سیتولوژی قرار گرفتند، طول کل کروموزوم، طول بازوی کوتاه، طول بازوی بلند و نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه اندازه‌گیری شد. به منظور دسته‌بندی کروموزوم‌ها و تعیین محل سانترومر کروموزوم‌ها از طرح Levan و همکاران (۱۹۶۵) استفاده گردید. همچنین به منظور مقایسهٔ جمعیت‌ها میانگین طول بازوهای بلند و کوتاه، میانگین طول کروموزوم‌ها، عدد دیپلوئید، فرمول کاریوتیپی، شاخص TF%، AsI%، A_1، A_2 و ضریب تنوع‌پذیری طولی کروموزوم (CV) نیز به منظور مقایسهٔ تقارن کاریوتیپ جمعیت‌ها در هر زیرگونه محاسبه شد (جدول‌های ۱و ۲).

مشاهدات

در این مطالعه ۳۰ جمعیت مختلف گونهٔ *H. vulgare* منتخب از سراسر نواحی پراکنش این گونه در ایران بررسی شدند و نتایج نشان‌دهندهٔ این مطلب است که کلیهٔ جمعیت‌های مطالعه شده دارای سطح دیپلوئید، عدد پایهٔ کروموزومی x=۷ و عدد کروموزومی ۲n =۲x =۱۴ هستند که نتایج مطالعات اولیه در مورد این گونه را تأیید می‌کند، در حالی‌که با سایر نتایج که *H. vulgare* subsp. *vulgare* را تتراپلوئید معرفی کرده‌اند مغایرت دارد. از نظر ریخت‌شناسی، طول بازوها، وجود یا عدم ماهواره و فرمول کاریوتیپ در جمعیت‌ها تا حدودی تنوع مشاهده شد، ولی عدد کروموزومی در جمعیت‌های مختلف ثابت است.

در جمعیت‌های مطالعه شده از گونهٔ *H. vulgare*، کروموزوم تلوسانتریک و ساب‌تلوسانتریک مشاهده نشد. در خصوص فرمول کاریوتیپی، نتایج این تحقیق نشان داد که تقریباً در اکثر جمعیت‌ها ۲ جفت کروموزوم ماهواره‌دار وجود دارد. همچنین، در

Archive of SID

www.SID.ir

جمعیت‌های شمارهٔ S40W و S81W مربوط به زیرگونهٔ *spontaneum* کروموزوم ماهواره‌دار مشاهده نگردید و کاریوتیپ این دو جمعیت به صورت ۷ جفت کروموزوم متاسانتریک مشاهده شد.

در این گونه، در ارتباط با طول کل کروموزوم‌ها (طول ژنوم) و میانگین طول کل کروموزوم‌ها تنوع مشاهده گردید. اختلاف موجود در طول کروموزوم‌ها تا حدودی نشان‌دهندهٔ تغییرات ساختاری کروموزوم‌هاست. چنین تفاوتی ممکن است تنها با مبادلهٔ یک قطعه صورت بگیرد.

بزرگ‌ترین کروموزوم، حداکثر طول ژنوم (۱۵۸/۷۲)، حداکثر میانگین طول کل کروموزوم‌ها (۱۱/۳۳) و حداکثر میانگین بازوی بلند (۶/۶۴) در جمعیت شمارهٔ S93SW و کوچک‌ترین کروموزوم، حداقل طول کل کروموزوم‌ها (۱۰۴/۲۲)، حداقل میانگین طول کل کروموزوم‌ها (۷/۴۴)، حداقل میانگین بازوی کوتاه (۳/۰۱) و حداقل میانگین بازوی بلند (۴/۳۱) در جمعیت شمارهٔ S33N، مشاهده شد. میانگین نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه در جمعیت شمارهٔ D215NW، حداکثر (۱/۶۶) و در جمعیت S203W حداقل (۱/۲۱) بود (جدول ۱).

مقایسهٔ کاریوتیپ جمعیت‌های یک گونه از طریق مقایسهٔ تقارن آنها انجام می‌گیرد. لذا در این مطالعه TF% به عنوان شاخص تقارن محاسبه گردید. حداکثر TF% با اندازه ۴۵٪ در جمعیت شمارهٔ S40W و حداقل میزان TF%، ۳۶٪ در جمعیت شمارهٔ D215NW مشاهده شد (جدول ۱). بنابراین، جمعیت متعلق به غرب کشور از زیرگونهٔ *spontaneum* با فرمول کاریوتیپی 7m و بدون حضور ماهواره، متقارن‌ترین کاریوتیپ (تعداد کروموزوم‌هایی با سانترومر میانی در این جمعیت بیشتر از سایر جمعیت‌هاست) و جمعیت جمع‌آوری شده از شمال غرب کشور متعلق به زیرگونهٔ *vulgare* با فرمول کاریوتیپی 4m+1sm نامتقارن‌ترین کاریوتیپ را در بین جمعیت‌های مطالعه شده نشان می‌دهد.

با توجه به نتایج به دست آمده برای ضریب A_1، زیرگونهٔ *vulgare* واریتهٔ *hexastichon* دارای نامتقارن‌ترین کاریوتیپ بوده، زیرگونهٔ *spontaneum* بیشترین تقارن را نشان می‌دهد (جدول ۲). بنابراین، این نظریه که جو خودرو به عنوان اجداد جو زراعی در نظر گرفته شده، تأیید می‌شود. ضریب A_2 نشان‌دهندهٔ تنوع و نامتقارن بودن بین جمعیت‌های هر تاکسون است. طبق نتایج حاصل، زیرگونهٔ *spontaneum* تنوع بیشتری بین جمعیت‌ها نشان می‌دهد که در نتیجهٔ خودرو بودن و دگرگشنی این گونه نسبت به جو زراعی است.

پهنهٔ میتوزی و کاریوتیپ مربوط به جمعیت‌های زیر گونهٔ *spontaneum* در شکل ۱ و جمعیت‌های متعلق به زیر گونهٔ *vulgare* در شکل‌های ۲ و۳ نشان داده شده است.

Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۱- تحلیل کاریوتیپ جمعیت های مختلف گونهٔ *H. vulgare*

جمعیت	2n	TCL	MCL	TF%	R	AsI%	فرمول کاریوتیپی	محل جمع‌آوری
H. vulgare subsp. *spontaneum*								
S3W	۱۴	۱۳۷/۱۶	۹/۸	٪۴۲	۱/۲۸	۵۴/۱۴	5m	دره‌شهر ایلام
S9W	۱۴	۱۳۸/۱۶	۹/۸۶	٪۴۳	۱/۲۳	۵۲/۸۲	5m	پل دختر به خرم‌آباد
S13W	۱۴	۱۵۵/۷۲	۱۱/۱۲	٪۴۰	۱/۴۴	۵۶/۱۱	1M+4m	پل دختر به خرم‌آباد، معمولان
S33N	۱۴	۱۰۴/۲۲	۷/۴۴	٪۴۰	۱/۴۶	۵۷/۹۹	4m+1sm	قزوین به رشت
S40W	۱۴	۱۱۳/۵۸	۸/۱۱	٪۴۵	۱/۲۲	۵۵/۰۸	7m	خرم‌آباد به بروجرد
S74SW	۱۴	۱۵۲/۴۲	۱۰/۸۸	٪۳۸	۱/۵۷	۵۸/۲۴	3m+2sm	تخت جمشید
S81W	۱۴	۱۵۲/۴۴	۸/۰۳	٪۴۴	۱/۲۸	۵۵/۸۵	2M+5m	نورآباد ممسنی
S83SW	۱۴	۱۲۸/۵	۹/۱۷	٪۳۹	۱/۴۹	۵۷/۲۲	4m+1sm	یاسوج
S93SW	۱۴	۱۵۸/۷۲	۱۱/۳۳	٪۳۸	۱/۶	۵۸/۶	3m+2sm	بروجن به لردگان
S201W	۱۴	۱۱۹/۰۸	۸/۱۰	٪۴۱	۱/۴۱	۵۵/۵	5m	۶۵ کیلومتری دره‌شهر به ایلام
S203W	۱۴	۱۳۹/۴۲	۹/۹۵	٪۴۴	۱/۲۱	۵۲/۳۴	1M+4m	ایلام به اسلام‌آباد
S208W	۱۴	۱۳۴/۲۲	۹/۵۸	٪۴۳	۱/۲۲	۵۳/۱۶	1M+4m	۵۵km به سنندج
S210W	۱۴	۱۲۴/۵۸	۸/۸۹	٪۴۴	۱/۲۴	۵۳/۸۴	5m	سنندج به مریوان
S211W	۱۴	۱۳۰/۱	۹/۲۹	٪۴۱	۱/۳۶	۵۴/۶	1M+4m	۶۵km به مریوان
S212W	۱۴	۱۱۹/۰۲	۸/۵۰	٪۴۰	۱/۳۷	۵۴/۵۱	5m	سنندج به مریوان، سروآباد
S72SW	۱۴	۱۴۹/۰۸	۱۰/۶۴	٪۴۳	۱/۲۳	۵۲/۷۲	1M+4m	اقلید به مرودشت
S206W	۱۴	۱۲۷/۵۶	۹/۱۲	٪۳۹	۱/۴۹	۵۶/۹۹	5m	کرمانشاه به سنندج
H. vulgare subsp. *vulgare* var. *distichon*								
D110W	۱۴	۱۴۵/۸۲	۱۰/۴۱	٪۴۰	۱/۴	۵۵/۹۵	5m	پل دختر
D10W	۱۴	۱۳۰/۳	۹/۳	٪۴۲	۱/۲۴	۵۵/۷۵	2M+3m	خرم‌آباد به پل دختر
D71SW	۱۴	۱۴۳/۸۴	۱۰/۲۷	٪۴۱	۱/۳۶	۵۵/۴۶	1M+4m	اقلید به مرودشت
D79SW	۱۴	۱۱۳/۵۸	۸/۱۱	٪۴۰	۱/۴۳	۵۶/۷	5m	دشت ارژن به کازرون
D88SW	۱۴	۱۲۶/۶۶	۹/۰۴	٪۴۰	۱/۴۵	۵۷/۷۷	5m	یاسوج به سمیرم
D89SW	۱۴	۱۲۴/۷	۸/۹	٪۳۸	۱/۵۹	۵۹/۱	5m	یاسوج به سمیرم، پل میمند
D204W	۱۴	۱۲۸	۹/۱۴	٪۳۸	۱/۶	۵۸/۵۷	3m+2sm	ایلام به اسلام‌آباد غرب
D215NW	۱۴	۱۱۹/۹	۸/۵۶	٪۳۶	۱/۶۶	۵۹/۲۸	4m+1sm	سقز
H. vulgare subsp. *vulgare* var. *hexastichon*								
H12W	۱۴	۱۵۰/۷۶	۱۰/۷۶	٪۳۹	۱/۴۷	۵۶/۵۴	4m+1sm	پل دختر
H65SW	۱۴	۱۳۳/۰۶	۹/۵	٪۴۰	۱/۴۳	۵۶/۷۵	5m	سمیرم
H108NE	۱۴	۱۵۸/۳۲	۱۱/۳	٪۳۹	۱/۵۴	۵۹/۰۵	5m	بجنورد
H6443	۱۴	۱۳۹/۰۶	۹/۹۷	٪۴۱	۱/۳۷	۵۶/۰۱	1M+4m	بوشهر
H6446	۱۴	۱۳۱/۰۸	۹/۳۶	٪۳۸	۱/۵۲	۵۸/۳۷	5m	بوشهر

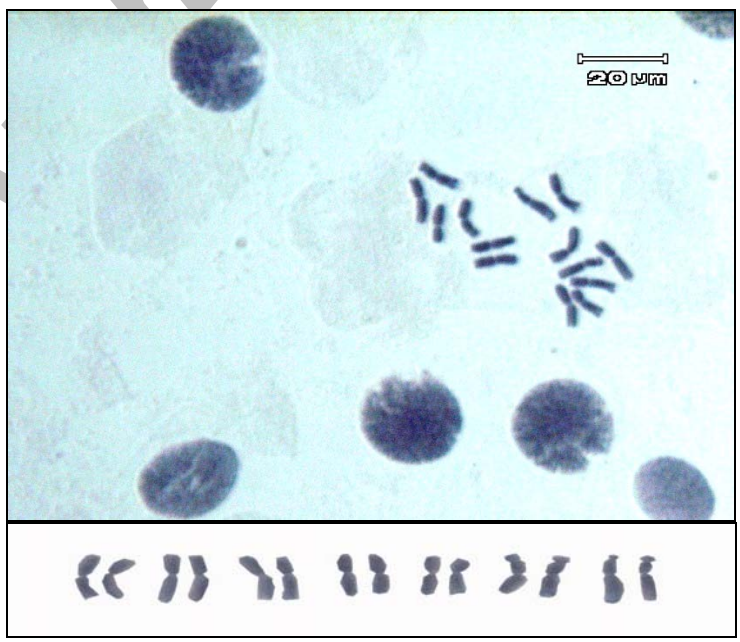
Archive of SID

www.SID.ir

جدول ۲- مقایسهٔ میانگین ضریب تنوع‌پذیری و شاخص‌های تقارن در تاکسون‌های متعلق به *H. vulgare*

نام تاکسون	سطح پلوئیدی	میانگین طول کل کروموزوم در جمعیت‌ها	ضریب تنوع پذیری طولی کروموزوم (CV)	میانگین TF%	میانگین AsI%	A1	A2
H. vulgare subsp. *spontaneum*	2n	۹/۴۳	٪۱۱	٪۴۱	٪۵۵/۲۷	۰/۲۵	۰/۱۱
H. vulgare subsp. *vulgare* var. *distichon*	2n	۹/۲۲	٪۸	٪۳۹	٪۵۷/۳۲	۰/۲۹	۰/۰۸
H. vulgare subsp. *vulgare* var. *hexastichon*	2n	۱۰/۱۸	٪۳/۵	٪۳۹	٪۵۷/۳۴	۰/۳۱	۰/۰۳

شکل ۱- پهنه میتوزی وکاریوتیپ جمعیت ۲۰۶ زیرگونهٔ *H. vulgare* subsp. *spontaneum*



شکل ۲- پهنه میتوزی و کاریوتیپ جمعیت‌های ۷۱ زیرگونهٔ *H. vulgare* subsp. *vulgare* var. *distichon*

www.SID.ir

شکل ۳- پهنه میتوزی و کاریوتیپ جمعیت ۱۲ گونهٔ *H. vulgare* subsp. *vulgare* var. *hexastichon*

بحث و نتیجه‌گیری

مشاهدات حاصل از بررسی سیتولوژی جمعیت‌های گونهٔ *H. vulgare* در ایران، نشان‌دهندهٔ وجود سطح دیپلوئیدی در این گونه و عدد پایه کروموزومی x=۷ است و کروموزوم‌های این گونه از نظر اندازه تقریباً متوسط هستند.

عدم حضور کروموزوم‌های تلوسانتریک و ساب تلوسانتریک نشان می‌دهد تغییرات ساختاری کروموزوم‌ها، مانند حذف و وارونگی، در این گونه به ندرت اتفاق می‌افتد. این گونه دارای کاریوتیپی متقارن است و کروموزوم‌ها از نوع متاسانتریک و ساب‌متاسانتریک هستند و گرایشی به سوی نامتقارن بودن از طریق واژگونی‌های پری‌سانتریک و جابه‌جایی نابرابر قسمت‌هایی از بازوهای کروموزومی ندارد. اگرچه انتظار می‌رود که عکس این گرایش با جوش خوردن کروموزوم‌های ساب‌تلوسانتریک و تلوسانتریک و ایجاد کروموزوم‌های متاسانتریک در این گونه صورت گرفته باشد.

از آن‌جا که وجود ماهواره‌ها وابسته به فعالیت مناطق هسته‌ساز است و تفاوت‌های موجود در تعداد و موقعیت آنها بیانگر تفاوت‌های موجود در محل و اندازهٔ این مناطق است (Stebbines, 1971)، عدم مشاهده ماهواره در برخی از جمعیت‌های این گونه ممکن است به این علت باشد. همچنین، ممکن است عدم مشاهدهٔ این ماهواره‌ها، به دلیل محدودیت‌های روش به کار برده شده برای بررسی کروموزومی باشد و یا احتمال می‌رود، به دلیل مطالعهٔ کروموزوم‌ها در مرحلهٔ متافازی تقسیم میتوز، کروموزوم‌ها به قدری فشرده شده باشند که امکان مشاهدهٔ ماهواره‌ها میسر نباشد. همچنین، وجود اختلافات گسترده در طول کروموزوم‌ها می‌تواند

Archive of SID

www.SID.ir

ناشی از اعمال پیش تیمارهای متفاوت و انتخاب نمونه‌ها در مراحل مختلف تقسیم و در نتیجه تفاوت در کوتاه شدن طول کروموزوم‌ها باشد. Sheidai و همکاران در سال ۲۰۰۷ نشان دادند که تغییرات قابل توجه در اندازه کروموزوم‌ها و محتوای DNA آن‌ها با تنوع‌یابی گونه‌ای در جنس *Hordeum* مرتبط است. بنابراین، تفاوت‌های مشاهده شده در طول کل کروموزوم‌ها به علت تنوع‌یابی در زیرگونه‌ها و نیز بین جمعیت‌های متعلق به مناطق مختلف کشور است. ضریب تنوع‌پذیری بازوی بلند بیشتر از بازوی کوتاه است و بنابراین، تغییرات طول کلی کروموزوم‌ها عمدتاً ناشی از تغییرات بازوی بلند است.

کاریوتیپ‌های متقارن،کروموزوم‌های بلندتر نسبت به کروموزوم‌های کوتاه‌تر و دارای سانترومر میانی با بازوی مساوی، کروموزوم‌های ابتدایی‌تر در نظر گرفته می‌شوند (Sharma, 1990). بنابراین، با توجه به اینکه جوخودرو به عنوان اجداد جو زراعی معرفی شده است، جمعیت متعلق به زیرگونهٔ *spontaneum* از غرب کشور، ابتدایی‌تر و اجدادی در نظر گرفته شده، جمعیت متعلق به زیرگونهٔ *vulgare* از شمال غرب ایران، جمعیتی جوان محسوب می‌گردد. علاوه بر این، از آن‌جایی که مرکز پیدایش و تنوع‌یابی جو خودرو غرب و جنوب غرب ایران گزارش شده است، بنابراین، جمعیت‌های متعلق به این مناطق ابتدایی‌تر و جمعیت‌های متعلق به مناطق شمالی کشور جوان‌تر هستند. با گسترش جمعیت‌ها به سمت شمال و دور شدن از مرکز پیدایش، میزان تقارن کاریوتیپ در جمعیت‌های متعلق به این گونه کاهش یافته ،از طول کروموزوم‌ها کاسته می‌شود.

با توجه به اینکه ضریب تنوع پذیری طولی کروموزوم در زیرگونهٔ *vulgare* کمتر از زیرگونهٔ *spontaneum* است می‌توان نتیجه گرفت که کروموزوم‌ها در جمعیت‌های متعلق به زیرگونهٔ *vulgare* از نظر طول، یکنواختی بیشتری نسبت به زیرگونهٔ دیگر نشان می‌دهند. با توجه به اینکه جو خودرو، گونهٔ اجدادی جو زراعی محسوب می‌شود، می‌توان نتیجه گرفت که زیرگونهٔ *vulgare* از نظر تکاملی نسبت به*spontaneum*، جوان‌تر بوده و تنوعات ژنتیکی در آن کمتر صورت گرفته است. علاوه بر این، تنوع بین فاکتورهای اندازه‌گیری شده در این مطالعه در بین جمعیت‌های متعلق به زیرگونهٔ *spontaneum* بسیار بیشتر از زیرگونهٔ *vulgare* محاسبه شد که نشان‌دهندهٔ متنوع‌تر بودن جمعیت‌های جو خودرو نسبت به جو زراعی است، زیرا گیاهانی که در محیط‌های متفاوت و پُر تنش رشد می‌کنند معمولاً نسبت به گیاهانی که در شرایط معمول و بهینه رویش دارند متنوع‌ترند (Pakniyat *et al.*, 1997).

قدردانی

مقاله موجود حاصل بخشی از نتایج طرح پژوهشی شماره ۸۶۰۸۱۷ مصوب شورای پژوهشی دانشگاه اصفهان می‌باشد. از معاونت پژوهشی دانشگاه اصفهان به خاطر همکاری در انجام این طرح صمیمانه قدردانی می‌شود. از مؤسسهٔ تحقیقات، اصلاح و تهیه نهال و بذر

Archive of SID

www.SID.ir

کـرج بـه خـاطر در اختیـار قـرار دادن برخـی از نمونـه
بذرهای استفاده شده در این تحقیق قدردانی می‌شود.

منابع

صاحبی، ج. (۱۳۸۰) بررسی سیستماتیک و بیوسیستماتیک جنس *Hordeum* L. در ایران، پایان‌نامهٔ دکترا، دانشگاه تهران، تهران.

یزدان‌ستا، س. (۱۳۸۱) بررسی سیتوژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های جو لخت (*Hordeum vulgare*). پایان‌نامهٔ کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران.

Agayev, M. (2003) Advanced squash method for investigation of plant chromosomes. 4th Iranian congress on crop production and breeding sciences. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.

Blattner, F. R. (2004) Phylogenetic analysis of *Hordeum* (Poaceae) as inferred by nuclear rDNA ITS sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution 33: 289-299.

Bor, N. L. (1970) Gramineae, In: Flora Iranica. (ed. Rechinger, K. H.) 70: 232-243. Akademische Druk - und Ver Lagsanstalt. Wiena 70: 232-243.

Bothmer, R. von, Jacobsen, N., Baden, C., Jorgensen, R. B. and Linde- Laursen, I. (1991) An ecogeographical study of the genus *Hordeum*. Inernational Board for Plant Genetic Resources, Rome.

Darlington, C. D. and Wylie, A. P. (1961) Chromosome atlas of flowering pants. George Allen and Unwin Ltd. London.

Harlan, J. R. and Zohary, D. (1966) Distribution of wild wheats and barley. Science 153:1074-1080.

Kihara, H. (1924) Cytologische und genetische studien bei wichtigen getreidearten mit besonderer ruchsicht anf das verhalten der chrobosomen und die sterilitat in den bastarden. Memoirs of the College of Science, Kyoto Imperial University.

Komarov, V. L. (ed.). (1985). Flora of the U.S.S.R. 11. Translated from Russian by Bishen Singh, Mahendra Pal Singh and Koeltz Scientific Books.

Levan, A., Fedge, K. and Sondberg, A. (1965) Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas 52: 201-220.

Linde-Laursen, I., Ibsen, E., Bothmer, R. von., and Giese, H. (1992) Phisical localization of active and inactive rRNA gene loci in *Hordeum marinum* ssp. gussoneanum (4x) by in situ hybridization. Genome 35: 1032-1306.

Morrison, J. W. (1959) Cytogenetic studies in the genus *Hordeum*. Chromosome morphology. Canadian Journal of Botany 37: 527-538.

Nilan, R. A. (1964). The cytology and genetics of barley. Washington state University Press, Washington.

Noda, K. and Kasha, K. J. (1978) A proposed barley karyotype revision based on C-band chromosome identification. Crop science 18: 925-930.

Archive of SID

www.SID.ir

Pakniyat, H., Powell, W., Baird, E., Handley, L. L., Robinson, D. and Nevo, E. (1997) AFLP variation in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) with reference to salt tolerance and associated ecogeography. Genome 40:332-341.

Sharma, A. (1990) Taxonomy as related to genetic diversity in plants. Journal of the Indian Botanical Society 69: 1-3.

Sharma, A. and Sharma, A. (1999) Plant chromosomes: Analysis, manipulation and engineering. Harwood Academic Publisher, Amsterdam.

Sheidai, M. and Rashid, S. (2007) Cytogenetic study of some *Hordeum* L. species in Iran. Acta Biologica Szegediensis 51(2): 107-112.

Shewry, P. R. (ed.) (1992) Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology. C. A. B. International Alden Press. Oxford.

Stebbines, G. L. (1971) Chromosomal evolution in higher plants. Edward Arnold, London.

Tutin, T. G., Heywood, V. H., Burges, N. A. (1980) Flora Europaea. Cambridge University Press.

Vahidy, A. A., Jahan, Q. and Jahan, B. (1993) Geimsa N-banding polymorphism in six botanical varieties and six cultivars of barley, *Hordeum vulgar* L.. Cytologia 58: 273-279.

Archive of SID

www.SID.ir