دو فصلنامهٔ علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران
جلد ۲۱، شمارهٔ ۱، صفحهٔ ٦٧-٥٦ (۱۳۹۲)

بررسی تنوع ژنتیکی جوهای بومی ایران (*Hordeum sp.*) براساس خصوصیات مورفولوژی

امین ابراهیمی*[۱]، محمدرضا نقوی[۲]، منیژه سبکدست[۳]، امیر مرادی سراب شلی[٤] و کمال قدردان[٥]

۱*-نویسنده مسئول مکاتبات، دانشجوی دکتری، اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، پست‌الکترونیک: aminebrahimi@ut.ac.ir
۲- استاد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران
۳- مربی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران
٤- کارشناس‌ارشد، اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران
٥- کارشناس، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۳/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۰٤/۱۱

چکیده

به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی، ۱۱۵ ژنوتیپ جو بومی از ۵ گونه *H. vulgare*، *H. spontaneum*، *H. marinum*، *H. murinum* و *H. bulbosume* در قالب طرح سیستماتیک در مزرعه کشت گردید. ۱۰ صفت کمی براساس دستورالعمل‌های مؤسسه بین‌المللی ذخایر توارثی مورد مطالعه قرار گرفتند. نتایج نشان داد که بین نمونه‌ها از نظر صفات مورد بررسی تنوع زیادی وجود دارد. تجزیه همبستگی بین صفات برای هر گونه جداگانه محاسبه شد. البته همبستگی مثبت و معنی‌دار بین تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبلچه وجود داشت. همچنین تعداد دانه در سنبله با صفات عرض دانه و طول دانه دارای همبستگی منفی بود. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۳ مؤلفه اصلی را مشخص کرد که ۷۸ درصد از تغییرات کل را توجیه می‌نمودند، مؤلفه اول با ۳۵ درصد توجیه‌کننده صفاتی شامل تعداد سنبلچه، طول و عرض دانه و تعداد دانه در سنبله؛ مؤلفه دوم با ۲۲ درصد توجیه‌کننده صفاتی شامل بیرون‌زدگی پدانکل، طول محور پدانکل و طول سنبله بود و مؤلفه سوم با ۲۲/۳۸ درصد عمدتا صفات ارتفاع، تعداد گره و تعداد برگ را دربر گرفت. تجزیه خوشه‌ای براساس میانگین کلیه صفات، نمونه‌ها را در ۳ طبقه گروه‌بندی نمود و تا حد زیادی توانست گونه‌های مختلف جو را از هم تفکیک نماید. نتایج این تحقیق بیانگر تنوع بالا در نمونه‌های جوهای وحشی ایران می‌باشد که با شناسایی ژن‌های مفید در آنها می‌تواند در اصلاح و بهبود ارقام زراعی استفاده گردند.

واژه‌های کلیدی: تجزیه خوشه‌ای، تنوع ژنتیکی، جو، مورفولوژی.

مقدمه

ایران یکی از مراکز تنوع جو در منطقه غرب آسیا می‌باشد، که به دلیل تنوع ژنتیکی وسیع و بومی‌بودن جو در این منطقه اهمیت خاصی برای به‌نژادگران دارد. بسیاری از ارقام زراعی جو مورد کشت و کار در ایران هنوز از نوع ارقام بومی می‌باشند. استفاده از ارقام بومی بطور مستقیم یا غیرمستقیم در برنامه‌های دورگ‌گیری حائز اهمیت است (Shafaeddin, 2002). به‌طوری‌که تنوع

Archive of SID
www.SID.ir

موجود در یک ژرم‌پلاسم می‌تواند منجر به انتخاب ارقام بهتر و همچنین استفاده از این تنوع در جهت بهبود خصوصیات رقم زراعی گردد (Arzani, 2004).

مطالعه تنوع فنوتیپی و ژنوتیپی برای شناسایی ژنوتیپ‌های مشابه، به منظور حفظ، ارزیابی و استفاده از ذخایر ژنتیکی، مطالعه تنوع ژرم‌پلاسم قبل از شروع برنامه‌های اصلاحی و ژرم‌پلاسم‌های اصلاح شده و همچنین شناسایی و تفکیک ژنوتیپ‌ها از همدیگر به منظور دفاع از حق معنوی اصلاحگران بسیار اهمیت دارد (Rameshini, 2004).

برای تعیین و برآورد تنوع ژنتیکی گیاهان، می‌توان روش‌های مختلفی را بکار برد؛ ازجمله این روش‌ها به کار بردن انواع نشانگرها مثل، نشانگرهای مورفولوژیک، نشانگرهای بیوشیمیایی و نشاگرهای دی.ان.ای است. نشانگرهای مورفولوژیک مبتنی بر خصوصیات ظاهری است. استفاده از معیارهای ظاهری و سایر ویژگی‌های مزرعه‌ای در گذشته اهمیت زیادی داشته است، ولی همواره با مشکلاتی مواجه بوده، که اصلی‌ترین آنها غیر مستقیم بودن روش مورد نظر می‌باشد. هر چند که این صفات دارای کنترل ژنتیکی هستند، ولی عوامل محیطی هم باعث انحراف از ژنوتیپ موجود می‌گردد و علاوه بر این، خصوصیات مورفولوژیک قابل اندازه‌گیری، محدود و متأثر از دوره رشد گیاه است (Fallahati, 2002). ارزیابی و شناسایی همه جانبه صفات زراعی و مورفولوژیکی و دسته‌بندی کلکسیون‌ها از نظر درجه‌بندی خویشاوندی و تهیه بانک اطلاعاتی، استفاده از این کلکسیون را در امر برنامه‌های به‌نژادی آسان‌تر می‌کند (Shafaeddin, 2002).

در تحقیقی روی ۲۸ لاین از جوهای بومی Samarrai و همکاران (۱۹۸۷) نشان دادند که بین عملکرد دانه با طول بوته و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود دارد. همچنین آنها نشان دادند که ژرم‌پلاسم جو سوریه از نظر طول بوته و عملکرد دانه بسیار متغیر است. با بررسی ۱۷ صفت مختلف بر روی ژرم‌پلاسم جو تعدادی از کشورها ازجمله ایران، Valkun و Humeid (۱۹۹۲) نشان دادند که وزن هزاردانه با تعداد ردیف در سنبله همبستگی دارد و در تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ایران، یمن و استرالیا در یک گروه قرار گرفتند. همچنین Shafaeddin (۲۰۰۲) تنوع ژنتیکی و جغرافیایی ٤٢٤ نمونه جو متعلق به استان‌های شمال کشور را برا ساس صفات زراعی و مورفولوژی بررسی کرد و نتیخه گرفت که عملکرد دانه با صفات طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌دار دارد. همچنین نمونه‌های مذکور در ۵ گروه طبقه‌بندی شدند. با بررسی ۳۵۵ نمونه از جوهای بومی نپال Baniya و همکاران (۱۹۹۷) نشان دادند که طول بوته با عملکرد کاه و کلش، تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه همبستگی منفی و عملکرد دانه با عملکرد کاه و کلش همبستگی مثبت داشت. در تحقیقات دیگری Soninan و همکاران (۱۹۸۹) و Stephan و همکاران (۱۹۹۲) نشان دادند که دو گونه *H. vulgare* و *H. spontaneum* دارای رابطه فیلوژنتیکی نزدیکی با هم هستند و در یک گروه قرار گرفتند، درحالی‌که دو گونه *H. marinum* و *H. murinum* در گروه جداگانه‌ای نسبت به گروه اول قرار گرفتند. همچنین Blatter (۲۰۰٤) نشان داد که تقریبا هیچ همولوژی بین دو گونه *H. vulgare* و *H. murinum* وجود ندارد.

با توجه به نقش تنوع در پیشبرد اهداف و برنامه‌های به‌نژادی و اهمیت توده‌های بومی گیاهی در ایجاد تنوع، ضرورت بررسی و شناخت تنوع ژنتیکی گیاهی امری

Archive of SID

www.SID.ir

الزامیست (Shafaeddin &Yazdi Samadi, 1994). در تحقیق حاضر دو هدف ارزیابی میزان تنوع موجود در نمونه‌های مختلف از نظر صفات زراعی و مورفولوژیکی، ارزیابی میزان تنوع ژنتیکی موجود در بین توده‌های بومی با مبدأ مختلف و دسته‌بندی آنها به منظور استفاده در برنامه‌های تحقیقات پیشرفته‌تر دنبال شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی تنوع مورفولوژیکی جوهای بومی ایران، ۱۱۵ ژنوتیپ جو از ۵ گونه شامل *H. vulgare*، *H. spontaneum*، *H. marinum*، *H. murinum* و *H. bulbosume* (جدول ۱) در یک خط به طول و عرض یک متر، فاصله ۵ سانتی‌متر از هم (به منظور محاسبه انحراف استاندارد از هر خط ۳ نمونه‌برداری انجام شد) به‌صورت سیستماتیک در مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران کشت گردید. تعداد ۱۰ صفت کمی (در مرحله رسیدگی مزرعه) براساس دستورالعمل‌های مؤسسه بین‌المللی ذخایر توارثی (IBPGR, 1981) اندازه‌گیری شدند. برای تجزیه و تحلیل از نرم‌افزار SPSS استفاده شد، تجزیه واریانس بین گونه‌ها نیز انجام گردید و همبستگی پیرسون، تجزیه به عامل‌ها و تجزیه خوشه‌ای نیز انجام شد.

جدول ۱- ژنوتیپ‌ها و محل جمع‌آوری آنها

ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری	ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری
۱	*H. vulgare*	افغانستان	۵۹	*H. spontaneum*	کرمانشاه
۲	*H. vulgare*	شیلی	٦۰	*H. spontaneum*	فارس
۳	*H. vulgare*	روسیه	٦۱	*H. spontaneum*	خوزستان
٤	*H. vulgare*	مغولستان	٦۲	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی
۵	*H. vulgare*	چین	٦۳	*H. spontaneum*	لرستان
٦	*H. vulgare*	اتیوپی	٦٤	*H. spontaneum*	آذربایجان شرقی
۷	*H. vulgare*	چین	٦۵	*H. spontaneum*	کهگیلویه و بویراحمد
۸	*H. vulgare*	چین	٦٦	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی
۹	*H. vulgare*	امریکا	٦۷	*H. spontaneum*	اصفهان
۱۰	*H. vulgare*	امریکا	٦۸	*H. spontaneum*	کرمانشاه
۱۱	*H. vulgare*	اصفهان	٦۹	*H. spontaneum*	لرستان
۱۲	*H. vulgare*	لرستان	۷۰	*H. spontaneum*	فارس
۱۳	*H. vulgare*	قم	۷۱	*H. spontaneum*	فارس
۱٤	*H. vulgare*	فارس	۷۲	*H. spontaneum*	فارس
۱۵	*H. vulgare*	چهارمحال و بختیاری	۷۳	*H. spontaneum*	چهارمحال و بختیاری
۱٦	*H. vulgare*	کهگیلویه و بویراحمد	۷٤	*H. spontaneum*	قم
۱۷	*H. vulgare*	فارس	۷۵	*H. bulbosume*	فارس
۱۸	*H. vulgare*	چهارمحال و بختیاری	۷٦	*H. bulbosume*	کهگیلویه و بویراحمد
۱۹	*H. vulgare*	قم	۷۷	*H. bulbosume*	کرمانشاه
۲۰	*H. vulgare*	مازندران	۷۸	*H. bulbosume*	فارس
۲۱	*H. vulgare*	اصفهان	۷۹	*H. marinum*	مازندران

Archive of SID

www.SID.ir

ادامه جدول ۱- ژنوتیپ‌ها و محل جمع‌آوری آنها

ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری	ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری
۲۲	*H. vulgare*	اصفهان	۸۰	*H. marinum*	آذربایجان غربی
۲۳	*H. vulgare*	کهگیلویه و بویراحمد	۸۱	*H. marinum*	کرمانشاه
۲٤	*H. vulgare*	فارس	۸۲	*H. marinum*	کرمانشاه
۲۵	*H. vulgare*	فارس	۸۳	*H. marinum*	کرمانشاه
۲٦	*H. vulgare*	فارس	۸٤	*H. marinum*	کرمانشاه
۲۷	*H. spontaneum*	مشهد	۸۵	*H. marinum*	کرمانشاه
۲۸	*H. spontaneum*	کرمانشاه	۸٦	*H. marinum*	کرمانشاه
۲۹	*H. spontaneum*	لرستان	۸۷	*H. bulbosume*	مازندران
۳۰	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی	۸۸	*H. bulbosume*	مازندران
۳۱	*H. spontaneum*	قزوین	۸۹	*H. bulbosume*	کرج
۳۲	*H. spontaneum*	کرمانشاه	۹۰	*H. bulbosume*	کرج
۳۳	*H. spontaneum*	همدان	۹۱	*H. bulbosume*	مازندران
۳٤	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی	۹۲	*H. bulbosume*	مازندران
۳۵	*H. spontaneum*	اراک	۹۳	*H. bulbosume*	مازندران
۳٦	*H. spontaneum*	قزوین	۹٤	*H. marinum*	اراک
۳۷	*H. spontaneum*	خراسان شمالی	۹۵	*H. marinum*	لرستان
۳۸	*H. spontaneum*	لرستان	۹٦	*H. marinum*	لرستان
۳۹	*H. spontaneum*	لرستان	۹۷	*H. marinum*	کهگیلویه و بویراحمد
٤۰	*H. spontaneum*	کرج	۹۸	*H. marinum*	آذربایجان غربی
٤۱	*H. spontaneum*	قزوین	۹۹	*H. marinum*	کرمانشاه
٤۲	*H. spontaneum*	کرمانشاه	۱۰۰	*H. murinum*	خراسان رضوی
٤۳	*H. spontaneum*	اراک	۱۰۱	*H. murinum*	قم
٤٤	*H. spontaneum*	کرمانشاه	۱۰۲	*H. murinum*	کرمانشاه
٤۵	*H. spontaneum*	لرستان	۱۰۳	*H. murinum*	گرگان
٤٦	*H. spontaneum*	کرج	۱۰٤	*H. marinum*	آذربایجان شرقی
٤۷	*H. spontaneum*	ایلام	۱۰۵	*H. murinum*	مازندران
٤۸	*H. spontaneum*	کرج	۱۰٦	*H. murinum*	همدان
٤۹	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی	۱۰۷	*H. murinum*	فارس
۵۰	*H. spontaneum*	آذربایجان غربی	۱۰۸	*H. murinum*	مازندران
۵۱	*H. spontaneum*	ایلام	۱۰۹	*H. marinum*	لرستان
۵۲	*H. spontaneum*	اراک	۱۱۰	*H. murinum*	آذربایجان غربی
۵۳	*H. spontaneum*	کرمانشاه	۱۱۱	*H. murinum*	خوزستان
۵٤	*H. spontaneum*	فارس	۱۱۲	*H. murinum*	اصفهان
۵۵	*H. spontaneum*	ایلام	۱۱۳	*H. murinum*	بوشهر
۵٦	*H. spontaneum*	خراسان شمالی	۱۱٤	*H. murinum*	فارس
۵۷	*H. spontaneum*	کرج	۱۱۵	*H. murinum*	مازندران
۵۸	*H. spontaneum*	خراسان شمالی			

Archive of SID

www.SID.ir

نتایج

نتایج حاصل از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین بین گونه‌ها به منظور تشخیص اختلاف بین و درون گونه‌ها به‌ترتیب در جدول‌های ۲ و ۳ آمده است. بیشترین میزان تنوع برای صفات ارتفاع، تعداد گره، تعداد برگ، طول دانه و عرض دانه مربوط به گونه *H. vulgare* بود. گونه *H. spontaneum* دارای بیشترین مقادیر در صفات طول محور پدانکل و طول سنبله بود. در صفات تعداد گره و بیرون‌زدگی پدانکل گونه *H. murinum* و در صفت تعداد دانه در سنبله گونه *H. marinum* دارای بیشترین مقادیر بودند.

جدول ۲- تجزیه واریانس بین و درون گونه‌های جو

منابع تغییرات	درجه آزادی	تعداد سنبله	ارتفاع	تعداد گره	بیرون‌زدگی پدانکل	طول محور پدانکل	طول سنبله	تعداد برگ	طول دانه	عرض دانه	تعداد دانه در سنبله
بین گونه‌ها	٤	١٠٦/٥٨**	٤٩٨٢/٨٢**	١٧/٨٣**	١٢/٤٢ ^{ns}	٤٥١/٩٤**	٢٣/٨٩*	١٣/٤٧**	٥٩/١٤**	١١/٩٢**	٤٢٦/٣٣**
خطا	١١٠	٣٧٧/٤٥٣	١٤٦٩٢/٦١	٥٢/٦٢	١٦٧٢/٦١	٣٧٤١/٣٨	١٩٥/٧٠	٢١٢/١٥	١٠٤/٤٣	١٢/٩١	١٥٠٩/٨١
درون گونه‌ها											
H. vulgare	٢٥	١١/١١**	٦١٥/٣٢**	٢/٦٥**	٣٠/٢٤**	٧١/٤٩**	٣/٣٧**	٢/٠٦**	١/٥٤**	٠/٤**	٤٤/٤٥**
H. spontaneum	٤٧	٧/٠٧**	٢٨٦/٠٥**	١/٢٣**	٢٧/٩٤**	٦٠/٢٣**	٤/٣٤**	٠/٧٨**	٣/٣٧**	٠/٤٣**	٢٨/٣١**
H. bulbosume	١٠	٣٠/٦٩**	٢٣٢/٧٥**	١/١٥**	٥٤/٨١**	١٥١/٥٥**	٤/٦٠**	١/٧٣^{ns}	٥/١٥**	٠/٤١**	١٢٢/٧٨**
H. marinum	١٥	٦/٥٥**	٥١٩/٧٢**	١/٠٦**	٨٧/٠٨**	١٩٤/٨٣**	٩/٩٠**	٣٤/٨٨**	١/٣٢**	٠/٥٦**	٢٦/٢١**
H. murinum	١٣	٨/٩٦**	٣٩٤/٣٨**	٠/٤٤*	٨٤/١٤**	١٠٤/٤١**	٧/٩٩**	٠/٥٥^{ns}	٣/٤٣**	٠/٢٢**	٣٥/٨٦**

* و ** به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ٥٪ و ١٪

جدول ۳- مقایسه میانگین بین گونه‌های جو براساس صفات مورد بررسی

صفات	*H. vulgare*	*H. spontaneum*	*H. bulbosume*	*H. murinum*	*H. marinum*
ارتفاع	٦٣/٤٢ a	٤٧/٧٧١ b	٣٢/٢٨ ٨ c	٣٣/٤٣ c	٢٦/١٢ c
تعداد گره	٤/٩٨ a	٣/٠٥ b	٣/٢١ b	٤/٩٨ a	٣/١٤ b
بیرون‌زدگی پدانکل	٣/٥ a	٤/٤٧ a	٣/٥٤ a	٥/٣٢ a	٤/٥٠٢ a
طول محور پدانکل	١٩/١٤ a	٢١/٤٦ a	١٢/٤٥ b	١٤/٢٦ b	١١/٠٥٤ b
طول سنبله	٦/٢٥ bc	٧/٦٥ a	٥/٩٨ c	٧/٠٧ ab	٥/١٢ d
تعداد برگ	٥/٢٥ a	٣/٧٢ bc	٣/٦ c	٣/٧١ bc	٤/٦ ٤ ab
طول دانه	٩/٥ a	٩/٣٣ a	٦/٥٥ b	٦/٧٤ b	٦/٠٦ b
عرض دانه	٣/٢٣ a	٢/٦١ b	١/٧٦ c	١/٦٤ cd	١/٤٣ d
تعداد دانه در سنبله	٢٠/٢ b	١٧/٩ b	٢٥/٩٣ a	٢٥/٩ a	٢٧/٣٧ a
تعداد سنبلچه	١٠/١ b	٨/٩٥ b	١٢/٩٦ ١ a	١٢/٩٥ a	١٣/٦٨ a

حروف مشابه در هر ردیف به معنای عدم اختلاف معنی‌دار می‌باشد.

Archive of SID

www.SID.ir

همبستگی

جدول ٤ ضریب همبستگی برای صفات بدون در نظر گرفتن گونه را نشان می‌دهد. صفت تعداد سنبلچه با طول دانه، عرض دانه، طول محور پدانکل و ارتفاع همبستگی منفی و با تعداد دانه در سنبلچه همبستگی مثبت داشت. صفت ارتفاع با عرض دانه، طول دانه، تعداد برگ، طول سنبله، طول محور پدانکل و بیرون‌زدگی رابطه مثبت و با تعداد گره رابطه منفی و معنی‌داری داشت. طول محور پدانکل با طول سنبله و بیرون‌زدگی پدانکل همبستگی مثبت داشت. به‌طوری‌که بین طول سنبله با طول دانه و عرض دانه همبستگی مثبت و با تعداد برگ همبستگی منفی بود. صفت تعداد دانه در سنبله با عرض دانه و طول دانه همبستگی منفی نشان داد. البته طول دانه نیز با عرض دانه همبستگی مثبت نشان داد.

جدول ٤- همبستگی پیرسون بین صفات کمی

	تعداد دانه در سنبله	عرض دانه	طول دانه	تعداد برگ	طول سنبله	طول محور پدانکل	بیرون‌زدگی پدانکل	تعداد گره	ارتفاع	تعداد سنبلچه
تعداد سنبلچه	۰/۷۵**	-۰/۵۳٦**	-۰/۵۹۱**	۰/۰۱٤	-۰/۱٤٤	-۰/۰٤۱٦**	-۰/۰۰۱	-۰/۰٦۸	-۰/٤۰٦**	۱
ارتفاع	-۰/٤۰٦**	۰/۷۳۷**	۰/٦٦۷**	۰/۳۵۹**	۰/۲٦۳**	۰/۷۱۲**	۰/۳۳٦**	-۰/۵۹۱**	۱	
تعداد گره	-۰/۰٦۸	۰/۵۲۳**	۰/۲۸٦**	۰/٤۵۲**	-۰/۲۳۷*	۰/۰۲٤	-۰/۱۲۸	۱		
بیرون‌زدگی پدانکل	-/۰۰۱	-/۰٦٦	۰/۰۵۱	۰/۱۳۲	۰/۱۵۸	۰/۷۲۲**	۱			
طول محور پدانکل	-۰/٤۱٦**	۰/٤۳٦**	۰/۵۵۷**	۰/۱	۰/٤۷۷**	۱				
طول سنبله	-۰/۱٤٤	۰/۲٤**	۰/٤**	-۰/۲۱٦**	۱					
تعداد برگ	۰/۰۱٤	۰/۲۱۵*	۰/۱۱۱	۱						
طول دانه	-۰/۵۹۱**	۰/۸۲۷**	۱							
عرض دانه	-۰/۵۳٦**	۱								
تعداد دانه در سنبله	۱									

*و** به‌ترتیب معنی‌دار در سطح ۵٪ و ۱٪.

(Shafaeddin, 2002) نیز در بررسی ٤۲٤ نمونه جو بومی در بانک ژن گیاهی ملی ایران نشان داد که بین عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود دارد. همچنین او نشان داد که بین طول سنبله و ارتفاع بوته همبستگی مثبت و معنی‌دار (۰/۱٤) وجود دارد که این مقدار در تحقیق حاضر ۰/۲٦۳ بود.

تعداد ۳۵۵ نمونه از جوهای بومی نپال توسط Baniya و همکاران (۱۹۹۷) از نظر ۲۷ صفت زراعی و مورفولوژیکی بررسی شد و مشخص شد که زمان ۵۰٪ گلدهی با عملکرد دانه، وزن کاه و کلش، تعداد دانه در سنبله همبستگی منفی و معنی‌داری دارد. همچنین ارتفاع بوته با عملکرد کاه و کلش، تعداد دانه در سنبله و وزن

Archive of SID

www.SID.ir

هزار دانه همبستگی منفی و عملکرد دانه با عملکرد کاه و کلش و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌دار نشان داد. نتایج ما با نتایج این تحقیق همخوانی داشت، به‌طوری‌که همبستگی منفی و معنی‌داری بین ارتفاع بوته با تعداد دانه در سنبله (۰/٤۰٦-) وجود داشت.

در ارزیابی ۲۸ لاین از جوهای بومی، Samarrai و همکاران (۱۹۸۷) نشان دادند که عملکرد دانه با طول بوته و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری دارد.

تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و ارزیابی میزان تنوع و پراکنش ژنوتیپ‌ها براساس صفات و شاخص‌های مورد مطالعه از نمودار بای پلات براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی ۱۰ متغیر اولیه را در قالب ۳ متغیر جدید (۳ مولفه) گروه‌بندی نمود که در مجموع این سه مؤلفه ۷۸ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند (جدول ۵).

جدول ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ۱۰ صفت کمی جو

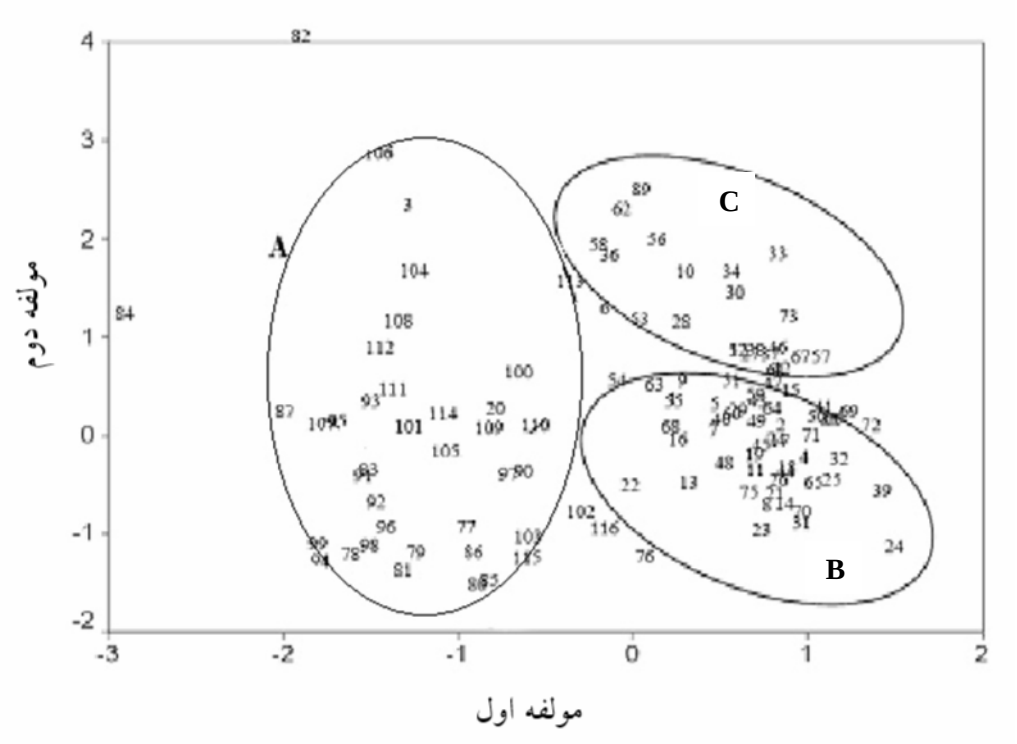
	مؤلفه اول	مؤلفه دوم	مؤلفه سوم
بردار ویژه	۳/۵	۲/۲	۲/۱
واریانس	۳۵	۲۲/۱	۲۱/۸
واریانس تجمعی	۳۵	۵۷/۱٤	۷۸/۳۳
بردار ویژه			
تعداد سنبلچه	-۰/۹۰۸	-۰/۰٤٦	۰/۰۷۹
ارتفاع	۰/۵۲۳	۰/٤۹۷	۰/٦۰۸
تعداد گره	۰/۱۹٦	-۰/۱٦۷	۰/۸٦۹
بیرون‌زدگی پدانکل	-۰/۱۷۵	۰/۸۸۵	۰/۰۵۷
طول محور پدانکل	۰/٤۰۳	۰/۸۹۷	۰/۰۹۷
طول سنبله	۰/۳۰۸	۰/۵۳۵	-۰/۳۳۰
تعداد برگ	-۰/۰۸۲	۰/۰۸۱	۰/۷۷۱
طول دانه	۰/۸۰۷	۰/۲٦۹	۰/۲۳۱
عرض دانه	۰/۷۷۱	۰/۱۰۷	۰/٤٦۱
تعداد دانه در سنبله	-۰/۹۰۸	-۰/۰٤٦	۰/۰۷۹

با توجه به شکل ۱ کل ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه اصلی قرار گرفتند، گروه A شامل ژنوتیپ‌هایی از گونه‌های *H. marinum*، *H. bulbosume* و *H. murinum* است که مربوط به مناطق شمالی و مرکزی و غرب ایران هستند. گروه B شامل ژنوتیپ‌های مربوط به *H. vulgare* و *H. spontaneum* هستند و طیف وسیعی از مناطق جغرافیایی را شامل می‌شوند. گروه C شامل ژنوتیپ‌های مربوط به گونه *H. spontaneum* است که ژنوتیپ‌های این گروه شامل طیف بسیار وسیعی از مناطق جغرافیایی می‌شد و مربوط به نوار شرقی، شمالی و غربی کشور می‌شود. به

Archive of SID

www.SID.ir

نظر می‌رسد که گروه‌بندی توسط این روش نتوانست نمونه‌ها را به صورت دقیقی گروه‌بندی کند، هرچند که نمونه‌های جمع‌آوری شده از مناطق یکسان تا حدودی در یک گروه قرار گرفتند.



شکل ۱- نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نمونه‌های جو

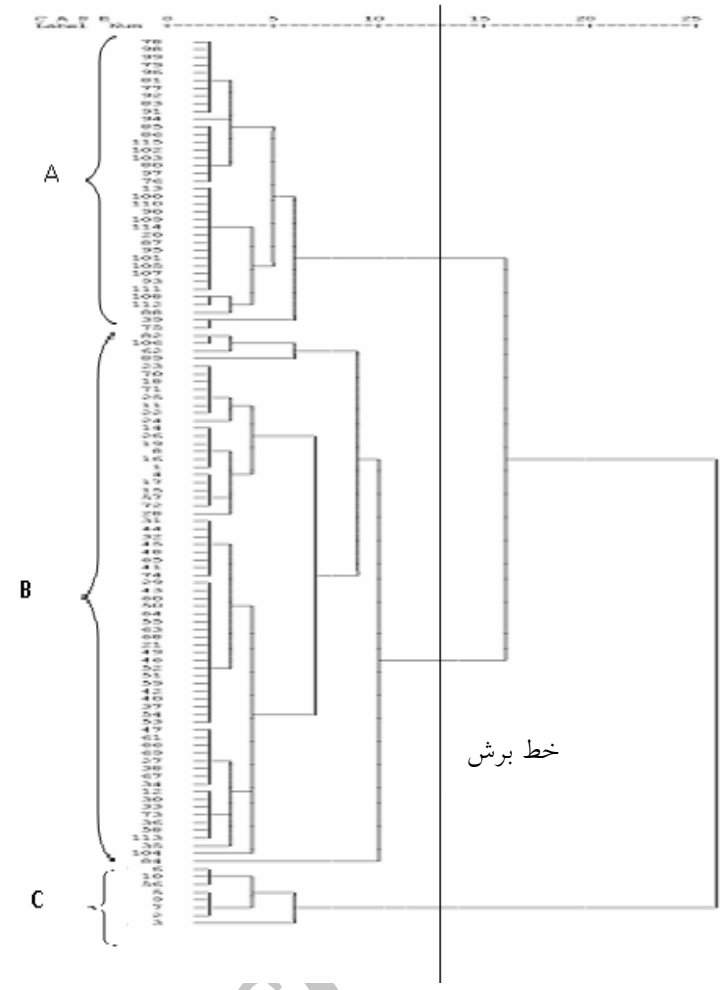
تجزیه خوشه‌ای

با توجه به شکل ۲، کل ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه اصلی قرار گرفتند، گروه A شامل ژنوتیپ‌های مربوط به گونه‌های *H. bulbosume*، *H. marinum* و *H. murinum* بود. گروه B شامل ژنوتیپ‌هایی از ۲ گونه *H. vulgare* و *H. spontaneum* بود. در گروه C هم ژنوتیپ‌هایی از گونه *H. vulgare* قرار گرفت. گروه A شامل ژنوتیپ‌های مربوط به غرب و شمال غربی بود. درحالی‌که گروه B ژنوتیپ‌های مرکز و همچنین ژنوتیپ‌های دیگری که شامل طیف وسیعی از مناطق جغرافیایی بودند را شامل شد. گروه C نیز شامل ژنوتیپ‌هایی از کشورهای خارجی بودند. البته هر چه ارقام قرار گرفته در یک دسته ژنتیکی از لحاظ جغرافیایی نیز در یک منطقه محدودتر وجود داشته باشند، می‌توان نتیجه‌گیری کرد که، با احتمال زیاد ارقام دارای جد مشترکی هستند و ارقامی از نقاط دور وارد منطقه نشده‌اند و لازم است تا جهت افزایش تنوع ارقام، در منطقه مورد بحث، از ارقام دیگر مناطقی که شباهت کمتری با ارقام منطقه دارند، استفاده گردد. در تحقیقی که توسط (Dreisigacker *et al.*, 2004) انجام شد، مشاهده شد که ارقام کشت شده در مناطق مختلف جغرافیایی، لزوماً در دسته‌های جداگانه قرار نمی‌گیرند و این حالت چند دلیل می‌تواند داشته باشد. طولانی نبودن انتخاب براساس شرایط مختلف محیطی، آنقدر که بتواند منجر به ایجاد تفاوت در ژرم‌پلاسم شود و همچنین،

Archive

www.SID.ir

توانایی ژن‌هایی که باعث وفق‌پذیری به یک محیط می‌شوند، در ایجاد سازش به چند محیط.



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای صفات کمی

بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین گونه‌ها و همچنین درون گونه‌ها اختلاف معنی‌داری وجود دارد. بنابراین نتیجه‌گیری شد که بین گونه‌ها از نظر این صفات تنوع زیادی وجود دارد. در ضمن در درون گونه‌ها و بین ژنوتیپ‌های درون گونه‌ها از نظر صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری مشاهده شد، بنابراین می‌توان از این تنوع برای انجام کارهای اصلاحی بهره برد.

وجود همبستگی بین زوج صفات، در کارهای اصلاحی بخصوص در امر گزینش براساس تعدادی از صفات بسیار ضروری می‌باشد. یکی از دلایل همبستگی بین دو صفت می‌تواند به علت قرار گرفتن ژن‌های کنترل کننده آن دو صفت روی یک کروموزوم باشد. در خصوص صفات کیفی همبستگی بین صفات منحصرا به مکان ژنی کنترل کننده آن صفات و ارتباط آنها روی کروموزوم بستگی دارد که این ارتباط می‌تواند بصورت

Arc
www.SID.ir

لینکاژ ژن‌ها یا اثر متقابل غیر آللی (اپی ستازی) و یا ترکیبی از این حالات جلوه کند، اما در مورد صفات کمی علاوه بر ژنهای کنترل کننده صفت، پارامترهای مختلف ازجمله عوامل اقلیمی می‌تواند موجب همبستگی بین صفات شود. در بین ۱۰ صفت کمی مورد ارزیابی ضرایب همبستگی محاسبه شده در سطح ۱٪ و ۵٪ معنی‌دار شدند که این امر احتمال وجود عامل‌های مشترک بین صفات را قوت می‌بخشد.

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی در این تحقیق نشان داد که مؤلفه اول با تخصیص ۳۵ درصد از تغییرات کل عمدتا توجیه کننده صفات تعداد سنبلچه، طول دانه، عرض دانه و تعداد دانه در سنبله و متغیر دوم با ۲۲ درصد از تغییرات عمدتا توجیه کننده صفات بیرون‌زدگی پدانکل، طول محور پدانکل و طول سنبله بود. متغیر سوم با تخصیص ۲۲/۳۸ درصد از تغییرات کل عمدتا توجیه کننده صفات ارتفاع، تعداد گره و تعداد برگ بود (جدول ۵). در حقیقت هدف از این تجزیه ایجاد متغیرهای جدید (مؤلفه‌های اصلی) مستقل با یافتن ترکیباتی از متغیرهای اولیه می‌باشد. عدم همبستگی متغیرهای جدید مفید بوده و بیانگر توجیه داده‌ها از جنبه‌های متفاوت می‌باشد (*et al.*, Tabaei-Aghdaei 2007).

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را به ۳ گروه تقسیم کرد که گروه B شامل طیف وسیعی از مناطق جغرافیایی بود. پراکندگی جغرافیایی زیاد نمونه‌های موجود در این گروه را می‌توان اینگونه تفسیر کرد که این ارقام دارای نیای مشترکی هستند ولی در طول زمان و با انتقال آنها به مناطق مختلف و ایجاد سازگاری، کشت می‌گردند. بیشتر ارقام خارجی در این تحقیق در گروه C قرار گرفتند، شباهت ژنتیکی و به دنبال آن قرارگیری بیشتر ارقام خارجی در یک دسته، می‌تواند این نکته را نشان دهد که این ارقام به احتمال زیاد دارای زمینه ژنتیکی مشابه هستند و احتمالاً از یک منطقه جغرافیایی منشأ گرفته‌اند و همچنین شاید بتوان گفت که این ارقام از جد مشترکی به وجود آمده‌اند.

از نکات جالب این تحقیق، قرارگیری ژنوتیپ‌های بومی غرب و شمال در بیشتر زیرگروه‌ها بود، که نشان‌دهنده تنوع بالای ژنوتیپ‌های بومی غرب و شمال است.

Archive of SID

www.SID.ir

منابع مورد استفاده

- Arzani, A., 2004. Plant Breeding. Publication Center, Isfahan University, Isfahan, 630.
- Baniya, B.K., Dongol, D.M and Riley, K.W.,1997. Characterization of Nepal's Barley. Rachis, 16: 16-20.
- Blatter, F.R., 2004. Phylogenetic analysis of *Hordeum* (Poaceae) as inferred by nuclear rDNA ITS sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution, 33: 289-299.
- Dreisigacker, S., Zhang, P., Warburton, M. L., Van Ginkel, M., Hoisington, D., Bohn, M . and Melchinger, A. E., 2004. SSR and Pedigree analyses of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different mega environments. Crop Science, 4: 381-388.
- Fallahati Anbaran, A., 2002. Evalution of genetic diversity in *Medicago sativa* using molecular markers. M.Sc. thesis .Plant Breeding College of Agriculture. Guilan University, Iran. pp:110.
- Feng, Z.Y., Liu, X.J., Zhang, Y.Z. and Ling, H.Q., 2006. Genetic diversity analysis of Tibetan wild barley using SSR. Acta Genetica Sinica, 33: 917–928
- IBPGR., 1981. Revised Descriptors for Wheat. IBPGR, Rome, Italy. pp:45.
- Matus, I.A. and Hayes, P.M., 2002. Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeat. Genome, 45: 1095- 1106.
- Rameshini, H.A., 2004. Study of molecular diversity in Iranian wheat variety using RAPD markers. M.Sc. thesis. Department of Biotechnology. Tehran University, College of Agriculture and Natural Resources, Iran. pp185.
- Samarrai, S.M., Seyam, H., Mian, R. and Dafie, A.A., 1987. Growth periods, harvest index, and grain yield relationships in Barley. Rachis, 6: 21-24.
- Shafaeddin, S., Yazdi Samadi, B., 1994. Genetic and geographical diversity of wheat landraces from center parts of Iran. Iranian Journal of Agricultural Sciences, 25:61-77
- Shafaeddin, S., 2002. Genetic and geographical diversity of barley landraces from Northern parts of Iran, according to the agronomic and morphological characters. Iranian Journal of Agricultural Sciences, 33:568-581.
- Soninan, V.L., Ushnikova, A., Tihonova, P., and Ananiev, E.V., 1989. Dialect-I, species-specific repeated DNA sequence from barley, *Hordeurn vulgure*. Theor. Appl. Genetic., 78: 589- 593.
- Stephan, J.M., Wheatcroft, R., and Fedak, G., 1992. RFLP analysis of *Hordeum* species relationships. Hereditas, 116: 87-91.
- Tabaei-Aghdaei, S., Babaei, A., Khosh-Khui, M., Kamkar, J., Rezaei,, M.B., Assareh, M.S. and Naghavi, M.R., 2007. Morphological and oil content variations amongst Damask rose (*Rosa damascene* Mill.) landraces from different regions of Iran. Scientica Horticulturae, 113: 44–48.
- Valkun, Y. and Humeid, F.,1992. Multiplication and characterization of new barley germplasm. Annual Report Genetic. Res. Unit. ICARDA, 26-28.

Archive of SID

www.SID.ir

Evaluation of genetic diversity of Iranian wild barley (*Hordeum* sp.) and landraces using morphological characters

A. Ebrahimi[*1], M.R. Naghavi[2] , M. Sabokdast[3], A. Moradi Sarabshelli [4]and K. Ghaderdan[5]

1*- Corresponding author, Ph.D Student., Agronomy and Plant Breeding Department ,Agricultural College, University of Tehran, Karaj, I.R.Iran, Email: aminebrahimi63@gmail.com
2- Prof., Agronomy and Plant Breeding Department, Agricultural College, University of Tehran, Karaj, I.R.Iran
3- M.Sc., Agronomy and Plant Breeding Department, Agricultural College, University of Tehran, Karaj, I.R.Iran.
4- M.Sc., Agronomy and Plant Breeding Department, Agricultural College, University of Tehran, Karaj, I.R.Iran
5- B.Sc., Agronomy and Plant Breeding Department, Agricultural College, University of Tehran, Karaj, I.R.Iran

Received: 06.15.2010 Accepted: 07.04.2012

Abstract

To evaluate genetic diversity of wild barley, 115 landraces of barley from five spices as *H. vulgare, H. spontaneum, H. bulbosume, H. marinum and H. murinum* were planted in a systematic design. Ten quantitative traits were measure according to IBPGRI. Analysis of variance showed significant differences between the landraces for all of the studied traits. Correlation analysis showed a positive and significant correlation between seed number in spikelet and spikelet number. Also correlation between seed number in spikelet with seed length and width were negative and significant. In principle components analysis, three principle components accounted for 78 percent of total variation. The first principle component with 35% explained traits such as spikelet number, seed length and width and seed number in spikelet. The second principle component with 22% explained peduncle outside, peduncle length and spikelet length. The third principle components with 22.38% explained height, node number and leaf number. Cluster analysis also classified the landraces into 3 groups which separated landraces according to the species. The results showed a high level of genetic diversity in wild and landraces of barley which could be used for barley cultivar improvement.

Key words: Cluster analysis, Genetic diversity, Barley, Morphology.

Archive of SID

www.SID.ir