

بررسی تنوع ژنتیکی در برخی گونه‌های یولاف (*Avena spp.*) بومی ایران

شکیبا شاهمرادی^{۱*}، مهدی زهراوی^۲ و فرنگیس قنواتی^۳

*۱- نویسنده و مسئول مکاتبات، استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

پست الکترونیک: shakibashahmoradi@gmail.com

۲- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۳- دانشیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۵/۲۳ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۱۰/۰۸

چکیده

در این تحقیق تعداد ۴۹ نمونه ژنتیکی موجود در کلکسیون یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران، متعلق به چهار گونه *Avena sativa*، *A. fatua*، *A. wiestii*، *barbata* مورد بررسی قرار گرفتند. آزمایش به صورت مشاهده‌ای، در مزرعه پژوهشی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در کرج انجام شد. صفات آگرومورفولوژیکی مطابق با دستورالعمل مؤسسه ذخایر توارثی گیاهی بین‌المللی ارزیابی گردید. براساس مقادیر شاخص شانون، صفت رنگ لما دارای بالاترین مقدار تنوع (۱/۴۲) بود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، ۶۸/۴۳ درصد تغییرات موجود در داده‌ها، توسط هفت مؤلفه اصلی اول توجیه شد. دو نمونه ژنتیکی ۴۳۹ (*A. barbata*) و ۴۴۹ (*A. barbata*) دارای نزدیکترین و دو نمونه ژنتیکی ۴۴۷ (*A. wiestii*) و ۱۱۵۰۵۹ (*A. wiestii*) دارای دورترین فاصله ژنتیکی بودند. نمونه‌های ژنتیکی مورد مطالعه با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش K means در پنج گروه قرار داده شدند. براساس نتایج تجزیه تابع تشخیص، در مجموع سه تابع تشخیص حاصل گردید که به‌میزان ۱۰۰ درصد از واریانس کل را شامل می‌شد. تابع اول بیشترین تمایز را بین دو گونه *A. sativa* و *A. barbata*، و تابع دوم بیشترین تمایز را بین گونه‌های *A. sativa* و *A. wiestii* ایجاد نمود. مجموع نتایج این تحقیق بیانگر وجود تنوع مناسب در جمعیت‌های مورد بررسی از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده بود که در امر به‌نژادی یولاف می‌تواند مورد استفاده قرار گیرد. همچنین از توابع تشخیص ایجاد شده در این تحقیق، می‌توان برای تمایز بین گونه‌های مربوطه استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تابع تشخیص، ژرم‌پلاسم، شاخص شانون، نمونه ژنتیکی، یولاف.

مقدمه

یولاف‌های وحشی قرمز (*A. sterilis* L.) منشعب شده‌اند. ولی تعدادی نیز معتقد هستند که یولاف‌های زراعی معمولی که مبدأ آنها آسیای صغیر می‌باشد، از یولاف‌های وحشی در قسمت شمالی آسیای صغیر است و یولاف قرمز زراعی یا مدیترانه‌ای (که از نواحی مدیترانه هستند) از یولاف وحشی قرمز که مبدأ آنها نواحی مدیترانه و خاور نزدیک است،

یولاف (*Avena sativa* L.) غله‌ای است که در دنیا برای خوراک انسان و تغذیه دام مورد استفاده قرار می‌گیرد. قبلاً عقیده بر این بود که یولاف‌های زراعی یا *Avena sativa* (L.)، یولاف‌های وحشی معمولی (*A. Fatua* L.) و یولاف‌های زراعی قرمز (*A. Byzantina* L.) همه از

جنوبی، استرالیا و نیوزلند نشأت می‌گیرد (Forsberg and Reeves 1992). در بیشتر کشورها از جمله کشورهای اروپایی، سطح زیر کشت یولاف طی دهه‌های گذشته کاهش یافته است. در سال‌های اخیر نیاز به یولاف برای مصرف انسان، به‌ویژه به دلیل منفعت غذایی دانه و فیبر محلول آن افزایش پیدا کرده است (Food and Drug Administration 1997). از آنجا که سطح زیر کشت یولاف نسبت به بیشتر غلات بسیار کمتر است، سرمایه‌گذاری در امر اصلاح یولاف نیز به میزان کمتری انجام شده است. به‌عنوان مثال در سال ۱۹۷۳، تعداد ۱۷ شرکت در آلمان و ۷ شرکت در استرالیا بطور فعال به اصلاح یولاف می‌پرداختند (Aufhammer and Fischbeck 1973)، اما تا سال ۲۰۰۷ این تعداد به ۵ شرکت در آلمان و یک شرکت در استرالیا کاهش یافت.

به‌تعدادگران معمولاً از طریق تلاقی بین ژرم‌پلاسم سازگار محلی و تشکیل جمعیت، اقدام به تولید ارقام می‌کنند. تبادل ژرم‌پلاسم بین به‌تعدادگران رایج است، اما اغلب در داخل نواحی سازگاری رخ می‌دهد. تبادل ژرم‌پلاسم بین قاره‌ها کمتر رایج می‌باشد. از این رو برنامه‌های اصلاحی ناحیه‌ای یولاف ممکن است متکی به بخش کوچکی از تنوع ژنتیکی موجود در این گونه زراعی باشد. بورستمایر و همکاران (Buerstmayr et al., 2007) تنوع صفات زراعی و کیفیت در ۱۲۰ رقم بهاره یولاف با منشأ جهانی را بررسی و مشاهده نمودند که برای بسیاری از صفات فیزیکی مربوط به کیفیت دانه، ژرم‌پلاسم خارج از اروپا نسبت به یولاف‌های اروپایی، تظاهر برتری داشتند. تنوع ژنتیکی یولاف با استفاده از اطلاعات شجره‌ای (Rodgers et al., 1983; Souza and Sorrells 1989)، صفات گیاهی (Souza and Sorrells 1991a,b; Sorrells 1991a,b; O'Donoghue et al., 1994; Li et al., 2000; Fu et al., 2003, 2005; Paczos-Grzeda, 2004; Baohong et al., 2003; Association analysis) در یولاف به‌منظور بررسی ارتباط میان صفات و مارکرهای مولکولی

منشعب شده است (Taj Bakhsh & Poor Mirza, 2003). گونه‌ها واحد پایه‌ای در طبقه‌بندی گیاهان و جانوان می‌باشند و سنگ پایه زیست‌شناسی و تکامل محسوب می‌شوند. البته در کمال تعجب، تعریف واحد و یکسانی برای واژه گونه وجود ندارد (Ladizinsky, 2012). واقعیت این است که برخی زیست‌شناسان، گونه‌های پذیرفته شده توسط برخی دیگر را مستند نمی‌دانند. بعلاوه اینکه انواع مختلفی از گونه وجود دارد. رایجترین انواع گونه شامل گونه‌های مورفولوژیکی و گونه‌های بیولوژیکی می‌باشند. گونه‌های مورفولوژیکی تقریباً بدون استثنا بر اساس صفات مورفولوژیکی تعیین می‌شوند. نقص اصلی گونه‌های مورفولوژیکی این است که ویژگی‌های ژنتیکی در آن مورد توجه قرار نمی‌گیرد. گونه‌های بیولوژیکی به‌منظور افزودن ابعاد ژنتیکی به نظریه گونه اضافه شده است. بر این اساس، گونه بیولوژیکی شامل گروهی از افراد می‌شود که به‌طور آزادانه قابلیت تلاقی را دارند و از یک حوض ژنی می‌باشند و از سایر حوض‌های ژنی بر اساس ویژگی‌های زایشی (و نه جغرافیایی) متمایز شده‌اند. بر اساس این تعریف، برای اینکه مشخص شود دو فرد از یک گونه یا گونه‌های متفاوت هستند، آزمون هیبریداسیون مورد استفاده قرار می‌گیرد. بر این اساس، گونه‌های بیولوژیکی در یولاف تعریف گردید (Ladizinsky, 2012) و برخی از گونه‌ها به زیرگونه تغییر یافتند. از جمله اینکه *A. wiesti* زیرگونه گونه بیولوژیکی *A. strigosu* معرفی شد و *A. barbata* خود یک گونه بیولوژیکی با چند زیرگونه می‌باشد و *A. fatua* زیرگونه گونه بیولوژیکی *A. sativa* می‌باشد.

یولاف در مقایسه با سایر غلات، برای تولید در نواحی حاشیه‌ای با آب و هوای مرطوب و خاک‌هایی با حاصلخیزی پایین، مناسب شناخته شده است (Hoffmann 1995). بسیاری از ارقام یولاف در فصول کوتاه با رژیم نور روز طولانی به گل می‌روند و می‌رسند. نواحی عمده کشت یولاف بطور عمده در عرض جغرافیایی ۴۰ تا ۶۰ درجه شمالی در آمریکا، اروپا و آسیا قرار دارد. بخش کوچکتري از تولید جهانی یولاف نیز از نیمکره جنوبی شامل آمریکای

از نظر مقدار روی نسبت به تغذیه خاک، مشاهده نمودند که واکنش ژنوتیپ‌های مختلف یولاف به جذب روی متفاوت بود. ژنوتیپ ZOP1395 از لحاظ جذب روی و ژنوتیپ Echidna از لحاظ عملکرد دانه نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها برتری داشتند. کاکایی و همکاران (Kakaei et al., 2013) از داده‌های حاصل از صفات کمی و الگوی بانوی پروتئین‌های بذر برای ارزیابی تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ۱۰ ژنوتیپ یولاف زراعی استفاده کردند. نتایج تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر برخی صفات مطالعه شده دارای اختلاف معنی‌دار هستند.

تحقیقات به‌منظور ارزیابی تنوع منابع ژنتیکی گیاهی بومی کشور و شناسایی ژرم‌پلاسم‌های مطلوب و مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی پیش‌نیاز لازم را برای معرفی رقم‌های جدید در اختیار به‌نژادگران قرار می‌دهد. در این راستا، این تحقیق به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی در کلکسیون یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران انجام شد.

مواد و روش‌ها

در این تحقیق تعداد ۴۹ نمونه ژنتیکی موجود در کلکسیون یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران مورد ارزیابی قرار گرفتند. نمونه‌های مذکور متعلق به چهار گونه *Avena barbata* Pott ex Link. (۲۰ نمونه)، *Avena wiestii* Steud. (۲۳ نمونه)، *A. fatua* L. (چهار نمونه) و *A. sativa* L. (دو نمونه) همگی بومی ایران بودند (جدول ۱). این تحقیق نیز مانند بسیاری از پژوهش‌های تنوع ژنتیکی، در قالب طرح مشاهده‌ای اجرا شده، بنابراین تنها به دسته‌بندی مشاهدات و توضیح روابط بین آنها اکتفا شده است. داده‌های جمع‌آوری شده برای صفات کمی مورد ارزیابی به روش فاصله‌ای و برای صفات کیفی به روش رتبه‌ای اندازه‌گیری شده‌اند.

آزمایش در مزرعه پژوهشی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در کرج در سال زراعی ۹۲-۱۳۹۱ انجام شد. هر نمونه ژنتیکی در یک ردیف به طول یک متر با فاصله خطوط ۶۰ سانتی‌متر، روی پشته کشت شد. عملیات زراعی شامل وجین علف‌های هرز و آبیاری در زمان

توجه قرار گرفته است (Achleitner et al., 2008). در حقیقت، یکی از عوامل محدود کننده تجزیه ژنومی در بسیاری از گونه‌های گیاهی از جمله یولاف این است که بیشتر مطالعات ژنومی بر روی جمعیت‌های آزمایشی انجام شده است که از تلاقی بین دو والد حاصل شده‌اند. در حالی که تعداد زیادی QTL (Quantitative trait locus) گزارش شده است اما این QTL‌ها منحصر به زمینه ژنتیکی اختصاصی بوده، از این رو کاربرد نتایج موفقیت‌آمیز نبوده است. برای حل این مشکل، تلاش می‌شود QTL‌ها در مجموعه‌ای تصادفی از ژنوتیپ‌ها که زمینه ژنتیکی مختلطی دارند، بررسی شود (Gupta et al., 2005, Rostoks et al., 2006, Breseghello and Sorrells 2006).

جمع‌آوری و حفاظت یولاف بطور قابل توجهی در دنیا مورد توجه قرار گرفته است. تقریباً ۲۲۲۰۰۰ نمونه ژنتیکی یولاف وحشی و زراعی در بانک‌های بذری در دنیا نگهداری می‌شود (FAO, 2010). بانک ژن بذر ملی کانادا واقع در ساسکاچوان، دارای کلکسیون منحصر به فردی از ژرم‌پلاسم یولاف با بیش از ۲۷۰۰۰ نمونه ژنتیکی از ۲۶ گونه یولاف می‌باشد (Diederichsen et al., 2001). نتایج بررسی‌ها نشان می‌دهد که نمونه‌های ژنتیکی با منشأ مدیترانه متمایزتر از سایر نمونه‌ها می‌باشند، در حالی که نمونه‌های متعلق به روسیه و ایالات متحده آمریکا از پراکندگی بیشتری برخوردار هستند (Fu et al., 2005). نتایج تحقیق شیخ‌پور و همکاران (Sheikhehpour et al., 2010) بر روی تعداد ۴۳ ژنوتیپ یولاف نشان داد که برای تمام صفات مورد آزمایش، تنوع بسیار معنی‌داری وجود دارد. ارقام ساوان (Swan) و تاراهومارا (Tarahuma) برترین ارقام از لحاظ عملکرد در واحد سطح بودند و رقم ناستا (Nasta) کمترین عملکرد را داشت. آنان نتیجه گرفتند که با داشتن چنین تنوعی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی و با توجه به نبود ارقام اصلاح شده یولاف در کشور، می‌توان با انتخاب روش اصلاحی مناسب، ارقام جدید سازگار با عملکرد بالا تولید کرد. محمودی و همکاران (Mahmoodi et al., 2013) در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های یولاف

مرحله پر شدن دانه‌ها، ایزوله‌ها از روی بوته‌ها حذف شد، تا فتوستنتز خوشه‌ها به خوبی انجام شود. شناسایی نمونه‌های گونه‌های مختلف جنس *Avena* با توجه به کلید شناسایی گونه‌ها در فلور ایرانیکا (Rechinger, 1970) انجام شد.

مناسب انجام شد تا نمونه‌ها شرایط رشد و نمو مناسبی داشته باشند. به علت دگرگشتن بودن برخی از گونه‌های یولاف و به‌منظور جلوگیری از دگرلقاحی نمونه‌ها، عمل ایزوله‌سازی از زمان ظهور خوشه با استفاده از پوشش کاغذی انجام گردید. بعد از پایان گرده‌افشانی و با شروع

جدول ۱- گونه‌های مورد ارزیابی کلکسیون یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

شماره	KC/TN*	گونه	مبدأ	شماره	KC/TN*	گونه	مبدأ
۱	۱۱۵۰۱۰	<i>A. wiestii</i>	Iran	۲۶	۱۱۵۰۱۲	<i>A. barbata</i>	Iran
۲	۱۱۵۰۱۳	<i>A. wiestii</i>	Iran	۲۷	۱۱۵۰۲۶	<i>A. barbata</i>	Iran
۳	۱۱۵۰۲۷	<i>A. wiestii</i>	Iran	۲۸	۱۱۵۰۳۳	<i>A. barbata</i>	Iran
۴	۱۱۵۰۳۱	<i>A. wiestii</i>	Iran	۲۹	۱۱۵۰۳۷	<i>A. barbata</i>	Iran
۵	۱۱۵۰۴۱	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۰	۱۱۵۰۳۹	<i>A. barbata</i>	Iran
۶	۱۱۵۰۴۳	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۱	۱۱۵۰۴۰	<i>A. barbata</i>	Iran
۷	۱۱۵۰۴۵	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۲	۱۱۵۰۴۲	<i>A. barbata</i>	Iran
۸	۱۱۵۰۵۰	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۳	۱۱۵۰۴۷	<i>A. barbata</i>	Iran
۹	۱۱۵۰۵۲	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۴	۱۱۵۰۵۷	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۰	۱۱۵۰۵۳	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۵	TN۴۳۹	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۱	۱۱۵۰۵۸	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۶	TN۴۴۸	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۲	۱۱۵۰۵۹	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۷	TN۴۴۹	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۳	۱۱۵۰۶۱	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۸	TN۴۵۰	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۴	۱۱۵۰۶۴	<i>A. wiestii</i>	Iran	۳۹	TN۴۵۵	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۵	TN۴۴۵	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۰	TN۴۵۷	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۶	TN۴۴۶	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۱	TN۴۵۸	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۷	TN۴۴۷	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۲	TN۴۶۰	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۸	TN۴۵۲	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۳	TN۴۶۸	<i>A. barbata</i>	Iran
۱۹	TN۴۵۹	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۴	TN۴۶۹	<i>A. barbata</i>	Iran
۲۰	TN۴۶۱	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۵	TN۴۷۲	<i>A. barbata</i>	Iran
۲۱	TN۴۶۲	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۶	۱۱۵۰۵۵	<i>A. fatua</i>	Iran
۲۲	TN۴۶۴	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۷	۱۱۵۰۶۰	<i>A. fatua</i>	Iran
۲۳	TN۴۶۶	<i>A. wiestii</i>	Iran	۴۸	TN۴۴۱	<i>A. fatua</i>	Iran
۲۴	۱۱۵۰۱۴	<i>A. sativa</i>	Iran	۴۹	TN۴۶۵	<i>A. fatua</i>	Iran
۲۵	۱۱۵۰۲۰	<i>A. sativa</i>	Iran				

* Karaj code, Temporary number.

توارثی گیاهی بین‌المللی انجام شد (جدول ۲). برای بررسی میزان تنوع صفات از شاخص شانون (H') طبق فرمول زیر استفاده شد (Shannon and Weaver, 1949). در این فرمول p_i نشان‌دهنده فراوانی نسبی هر گروه فنوتیپی در صفت مربوطه و S تعداد گروه‌های فنوتیپی هر صفت می‌باشد.

$$H' = - \sum_{i=1}^S P_i \ln(P_i) / \ln(S)$$

صفات اندازه‌گیری شده بر اساس دستورالعمل مؤسسه بین‌المللی Bioversity (IBPGR, 1985)، شامل عادت رشد، ارتفاع بوته، ضخامت ساقه، کرک‌دار بودن گره، کرک‌دار بودن برگ، شکل پانیکول، تعداد دانه در خوشچه، ایستادگی پانیکول، ایستادگی خوشچه، استواری برگ پرچم، طول ریشک، رنگ لما، پوشش دانه، کرک‌دار بودن قاعده دانه، رنگ دانه، عرض دانه، طول دانه، وزن صد دانه، کرک‌دار بودن لما، کرک‌دار بودن دانه و محل اتصال ریشک بودند. سپس امتیازدهی طبق دستورالعمل مؤسسه ذخایر

فاصله ژنتیکی گونه‌ها از روش مقیاس‌بندی چند بعدی استفاده شد. به منظور دست یافتن به شاخص‌هایی برای تمایز بین گونه‌های مورد بررسی، تجزیه تابع تشخیص انجام شد. تمام محاسبات آماری با استفاده از نسخه ۱۶ نرم‌افزار SPSS انجام گردید.

با استفاده از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، شاخص‌هایی برای تمایز نمونه‌های ژنتیکی از جهات مختلف بدست آمد. گروه‌بندی نمونه‌های ژنتیکی با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش گور (Gower, 1971) و مقایسه گروه‌ها با استفاده از K-means انجام شد. برای ترسیم

جدول ۲- توصیف‌نامه صفات ارزیابی شده در بررسی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران (IBPGR, 1985)

صفت	امتیازدهی
عادت رشد	ایستاده (۳) نیمه‌خوابیده (۵) خوابیده (۷)
ارتفاع بوته	متوسط ارتفاع ۵ بوته بالغ، از سطح زمین تا نوک سنبله بدون در نظر گرفتن ریشک
ضخامت ساقه	بسیار نازک (۰) نازک (۳) متوسط (۵) ضخیم (۷)
کرک‌دار بودن گره	بدون کرک (۰) کرک کم (۳) کرک متوسط (۵) کرک زیاد (۷)
کرک‌دار بودن برگ	بدون کرک (۰) کرک کم (۳) کرک متوسط (۵) کرک زیاد (۷)
شکل پانیکول	مقارن (۱) نامقارن (۲)
تعداد دانه در خوشچه	میانگین تعداد دانه در ۵ خوشچه انتخاب شده بطور تصادفی
ایستادگی پانیکول	خمیده (۳) نیمه ایستاده (۵) ایستاده (۷)
ایستادگی سنبله‌چه	خمیده (۳) نیمه ایستاده (۵) ایستاده (۷)
استواری برگ پرچم	خمیده (۳) نسبتاً خمیده (۵) استوار (۷)
طول ریشک	کوتاه (۳) متوسط (۵) بلند (۷)
رنگ لما	سفید (۱) زرد (۲) خاکستری (۳) قرمز (۴) سیاه (۵) غیره (۶)
پوشیدگی دانه	دانه بدون پوشش (۰) دانه پوشیده (۱)
کرک‌دار بودن قاعده دانه	بدون کرک (۰) کرک کم (۳) کرک متوسط (۵) کرک زیاد (۷)
رنگ دانه	سفید (۱) زرد (۲) خاکستری (۳) قرمز (۴) سیاه (۵) غیره (۶)
عرض دانه	میانگین عرض دانه در ۵ خوشچه انتخاب شده بطور تصادفی
طول دانه	میانگین طول دانه در ۵ خوشچه انتخاب شده بطور تصادفی
وزن صد دانه	وزن صد دانه سالم بطور تصادفی
کرک‌دار بودن لما	بدون کرک (۰) کرک کم (۳) کرک متوسط (۵) کرک زیاد (۷)
کرک‌دار بودن دانه	بدون کرک (۰) کرک کم (۳) کرک متوسط (۵) کرک زیاد (۷)
محل اتصال ریشک	۱/۴ از قاعده (۱) ۱/۳ از قاعده (۲) ۱/۲ از قاعده (۳) بیش از ۱/۲ از قاعده (۴)

نتایج

عادت رشد ایستاده، ضخامت ساقه نازک، گره بدون کرک، برگ پرچم خمیده، برگ بدون کرک، شکل پانیکول

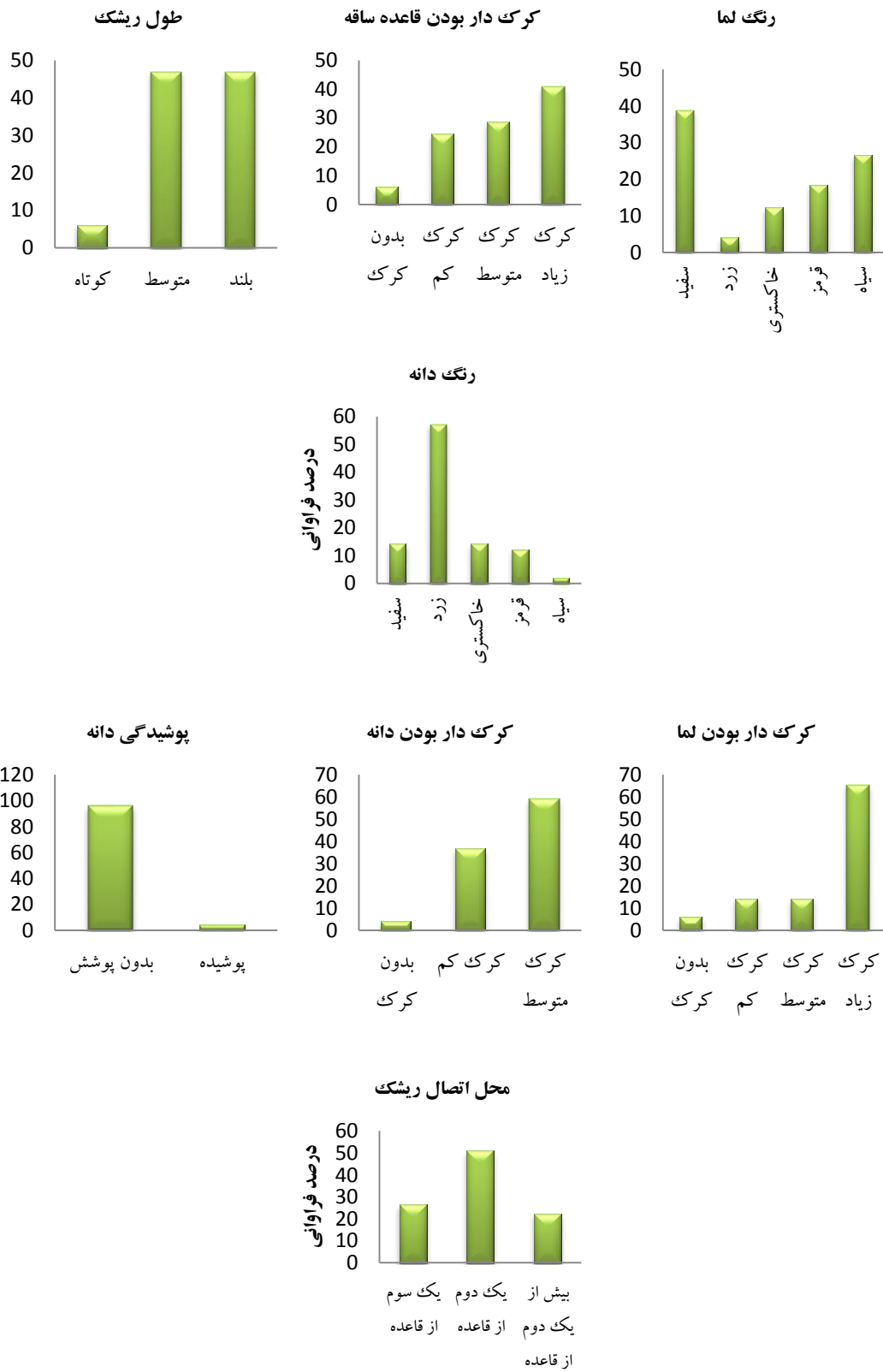
بررسی فراوانی صفات اندازه‌گیری شده نشان داد که

نامتقارن، پانیکول ایستاده، سنبلچه ایستاده، رنگ سفید لما، کرک زیاد در قاعده دانه، طول ریشک متوسط و بلند بطور مشترک، رنگ دانه زرد، کرک زیاد لما، کرک زیاد دانه، دانه

بدون پوشش و محل اتصال ریشک نیمه پایینی لما دارای بیشترین فراوانی در جمعیت مورد ارزیابی بودند (شکل ۱).



شکل ۱- نمودار توزیع فراوانی صفات ارزیابی شده در بررسی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران



ادامه شکل ۱- نمودار توزیع فراوانی صفات ارزیابی شده در بررسی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

کمترین میزان تنوع بودند. در گونه *A. fatua*، صفات کرک‌دار بودن گره و کرک‌دار بودن برگ دارای مقدار صفر برای شاخص شانون و فاقد تنوع بودند. در گونه *A. sativa*، صفات رنگ لما، رنگ دانه، طول ریشک، عادت رشدی و کرک‌دار بودن گره دارای تنوع و صفات کرک‌دار بودن قاعده ساقه، ایستادگی سنبلچه، استواری برگ پرچم، شکل پانیکول، کرک‌دار بودن دانه، ایستادگی پانیکول، کرک‌دار بودن لما، محل اتصال ریشک، ضخامت ساقه، پوشیدگی دانه و کرک‌دار بودن برگ فاقد تنوع بودند. در تحقیق تانگ و همکاران (Tang et al., 2014) بر روی ۱۱۴ نمونه ژنتیکی از گونه‌های مختلف یولاف، صفت رنگ گلوم دارای بیشترین و رنگ سفید دانه دارای کمترین تنوع ژنتیکی در بین صفات کیفی بود.

مقادیر شاخص شانون برای صفات کیفی به تفکیک گونه‌های مورد بررسی در جدول ۳ ارائه شده است. در مجموع جمعیت گونه‌ها، صفت رنگ لما دارای بالاترین مقدار شاخص شانون (۱/۴۲) و در نتیجه بیشترین میزان تنوع بود. صرف‌نظر از صفات فاقد تنوع، صفت پوشیدگی دانه از کمترین تنوع (۰/۱۷) برخوردار بود. همچنین در هریک از چهار گونه مورد بررسی، صفت رنگ لما بالاترین مقدار شاخص شانون را داشت. در گونه *A. barbata*، صفت پوشیدگی دانه دارای مقدار صفر برای شاخص شانون و فاقد تنوع بود و بعد از آن، صفت ایستادگی پانیکول، عادت رشدی و کرک‌دار بودن گره از کمترین مقدار تنوع (۰/۲) برخوردار بودند. در گونه *A. wiestii*، صفات پوشیدگی دانه و کرک‌دار بودن گره، با مقدار شاخص شانون ۰/۱۸، دارای

جدول ۳- مقادیر شاخص شانون مرتبط با صفات کیفی در ارزیابی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

<i>A. sativa</i>	<i>A. fatua</i>	<i>A. wiestii</i>	<i>A. barbata</i>	All	صفت
.	۱/۰۴	۱/۲۲	۱	۱/۲۴	کرک‌دار بودن قاعده دانه
.	۱/۰۴	۰/۸۴	۰/۶۷	۰/۹۲	ایستادگی سنبلچه
.	۰/۶۹	۰/۷۴	۰/۹۸	۰/۸۶	استواری برگ پرچم
.	۰/۶۹	۰/۶۹	۰/۵۶	۰/۶۷	شکل پانیکول
.	۰/۶۹	۰/۶۵	۰/۶۷	۰/۸۱	کرک‌دار بودن دانه
.	۰/۶۹	۰/۶۲	۰/۲	۰/۶۷	ایستادگی پانیکول
.	۰/۵۶	۱/۱	۰/۶۴	۱/۰۱	کرک‌دار بودن لما
.	۰/۵۶	۱/۰۳	۰/۹۴	۱/۰۳	محل اتصال ریشک
.	۰/۵۶	۰/۸۴	۰/۸۶	۰/۸۶	ضخامت ساقه
.	۰/۵۶	۰/۱۸	.	۰/۱۷	پوشیدگی دانه
.	.	۰/۳	۰/۳۳	۰/۲۸	کرک‌دار بودن برگ
۰/۶۹	۱/۳۹	۱/۴	۱/۳۳	۱/۴۲	رنگ لما
۰/۶۹	۰/۶۹	۰/۹۸	۱/۱۶	۱/۲۱	رنگ دانه
۰/۶۹	۰/۵۶	۰/۹	۰/۸۵	۰/۸۸	طول ریشک
۰/۶۹	۰/۵۶	۰/۵۲	۰/۲	۰/۵۱	عادت رشدی
۰/۶۹	.	۰/۱۸	۰/۲	۰/۲۷	کرک‌دار بودن گره

دانه، ایستادگی سنبلچه، ایستادگی پانیکول، کرک‌دار بودن لما، کرک‌دار بودن دانه و شکل پانیکول و مقادیر کمتر برای صفات عرض دانه و طول دانه تأکید داشت. نمونه‌های ژنتیکی ۱۱۵۰۱۴ و ۱۱۵۰۲۰ (هر دو از گونه *A. sativa*)

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ۶۸/۴۳ درصد تغییرات موجود در داده‌ها، در هفت مؤلفه اصلی قابل بیان می‌باشد (جدول ۴). براساس ضرایب متغیرها، مؤلفه اصلی اول بر مقادیر بیشتر برای صفات کرک‌دار بودن قاعده

(*A. barbata*) ۱۱۵۰۱۲، (*A. wiestii*) ۱۱۵۰۳۱، (*wiestii*) و ۱۱۵۰۳۳ (*A. barbata*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. در مؤلفه اصلی پنجم صفت محل ریشک از بزرگترین ضریب منفی (۰/۶۴-) برخوردار بود. بنابراین در نمونه‌های ژنتیکی دارای مقادیر بیشتر از لحاظ این مؤلفه اصلی، محل اتصال ریشک در موضع پائین‌تری قرار دارد. نمونه‌های ژنتیکی ۱۱۵۰۶۰ (*A. fatua*)، ۱۱۵۰۳۱ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۴۱ (*A. wiestii*)، ۴۶۶ (*A. wiestii*)، ۴۵۵ (*A. barbata*)، ۴۵۸ (*A. barbata*) و ۱۱۵۰۵۸ (*A. wiestii*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. در مؤلفه اصلی ششم صفات رنگ لما و رنگ دانه دارای بزرگترین ضریب مثبت بودند، از این رو مقادیر بیشتر برای این مؤلفه اصلی نمونه‌های ژنتیکی دارای رنگ لما و رنگ دانه تیره‌تر را متمایز می‌نماید. نمونه‌های ژنتیکی ۴۵۰ (*A. barbata*)، ۴۵۹ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۱۲ (*A. wiestii*)، ۴۴۶ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۵۰ (*A. barbata*)، ۴۶۱ (*A. wiestii*) و ۱۱۵۰۲۰ (*A. sativa*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. در مؤلفه اصلی هفتم، صفت کرک‌دار بودن گره از بزرگترین ضریب مثبت برخوردار بود، بنابراین مقادیر بیشتر این مؤلفه اصلی نمونه‌های ژنتیکی دارای گره‌های با کرک زیاد را متمایز می‌کند. نمونه‌های ژنتیکی ۱۱۵۰۵۳ (*A. wiestii*)، ۴۵۵ (*A. barbata*)، ۴۶۱ (*A. wiestii*)، ۴۵۰ (*A. barbata*)، ۱۱۵۰۵۵ (*A. fatua*)، ۴۵۹ (*A. wiestii*) و ۱۱۵۰۳۷ (*A. barbata*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر روی صفات کمی ارزیابی شده در گونه‌های یولاف توسط تانگ و همکاران (Tang et al., 2014) نشان داد که پنج مؤلفه اصلی اول ۸۹/۳ درصد از تغییرات کل را در داده‌ها دربرگرفتند.

دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. بنابراین این مؤلفه توانست گونه *A. sativa* را از سایر گونه‌ها جدا نماید. نمونه‌های ژنتیکی ۴۵۵ (*A. barbata*)، ۱۱۵۰۶۰ (*A. fatua*)، ۴۴۷ (*A. wiestii*)، ۴۴۸ (*A. wiestii*)، ۴۴۱ (*A. fatua*) و ۱۱۵۰۶۴ (*A. barbata*) به ترتیب در مرتبه بعدی از لحاظ مؤلفه اصلی اول قرار داشتند. مؤلفه اصلی دوم بر مقادیر بیشتر برای صفات تعداد دانه در سنبلچه و کرک‌دار بودن لما و مقادیر کمتر برای صفت ضخامت ساقه تأکید داشت. نمونه‌های ژنتیکی ۴۴۷ (*A. wiestii*)، ۴۴۸ (*A. barbata*)، ۴۴۹ (*A. barbata*)، ۴۵۷ (*A. barbata*)، ۱۱۵۰۶۰ (*A. fatua*)، ۱۱۵۰۴۰ (*A. wiestii*)، ۴۳۹ (*A. barbata*) و ۱۱۵۰۵۷ (*A. barbata*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند، از این رو به عنوان نمونه‌های دارای تعداد بیشتر دانه در سنبلچه، لمای کرک‌دار و ساقه نازک شناسایی شدند. مؤلفه اصلی سوم بر مقادیر بیشتر برای صفات وزن صد دانه و استواری برگ پرچم و مقادیر کمتر برای صفات عادت رشدی تأکید داشت. بنابراین مقادیر بیشتر این مؤلفه اصلی، نمونه‌های دانه درشت با برگ پرچم ایستاده و عادت رشدی ایستاده را متمایز می‌نماید. با توجه به اهمیت صفات مذکور، بنظر می‌رسد این مؤلفه اصلی با عملکرد دانه در ارتباط می‌باشد. نمونه‌های ژنتیکی ۱۱۵۰۲۷ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۲۶ (*A. barbata*)، ۱۱۵۰۴۱ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۵۰ (*A. wiestii*)، ۱۱۵۰۳۱ (*A. wiestii*)، ۴۵۵ (*A. barbata*) و ۴۴۱ (*A. fatua*) دارای بیشترین مقدار از لحاظ این مؤلفه اصلی بودند. در مؤلفه اصلی چهارم صفت پوشیدگی دانه، دارای ضریب منفی (۰/۷۰-) بزرگی بود، از این رو مقادیر عددی بزرگتر در این مؤلفه اصلی، نمونه‌های دارای دانه بدون پوشش را متمایز می‌کند. نمونه‌های ژنتیکی ۱۱۵۰۱۴ (*A. sativa*)، ۱۱۵۰۲۶ (*A. barbata*)، ۱۱۵۰۵۳ (*A. wiestii*)

جدول ۴- مقادیر ویژه و ضرایب مؤلفه‌های اصلی صفات در ارزیابی گونه‌های یولاف بانک زن گیاهی ملی ایران

مؤلفه‌های اصلی							نام صفت
مؤلفه ۱	مؤلفه ۲	مؤلفه ۳	مؤلفه ۴	مؤلفه ۵	مؤلفه ۶	مؤلفه ۷	
۰/۶۲	۰/۰۲	۰/۴۳	۰/۱	۰/۱۹	۰/۱۴	۰/۳۱	شکل پانیکول
۰/۷۶	۰/۳۲	۰/۲۲	۰/۰۶	۰/۱۴	۰/۰۹	۰/۰۹	ایستادگی پانیکول
۰/۵۳	۰/۲۹	۰/۳۴	۰/۲۴	۰/۱۴	۰/۳۶	.	ایستادگی سنبلچه
۰/۶۲	۰/۳۵	۰/۱۷	۰/۰۲	۰/۰۱	۰/۱۴	۰/۲۵	کرک‌دار بودن قاعده دانه
۰/۶۲	۰/۲۶	۰/۴۱	۰/۲۱	۰/۰۲	۰/۱۶	۰/۰۲	عرض دانه
۰/۵۷	۰/۳۳	۰/۳۸	۰/۲۱	۰/۲۳	۰/۳۶	۰/۱۱	طول دانه
۰/۵۸	۰/۵۲	۰/۲۲	۰/۱۲	۰/۱۲	۰/۲	۰/۱۷	کرک‌دار بودن لما
۰/۶۷	۰/۱۱	۰/۰۴	۰/۱۵	۰/۱۳	۰/۰۹	۰/۱۸	کرک‌دار بودن دانه
۰/۴۲	۰/۲۴	۰/۷	۰/۰۷	.	۰/۲۹	.	وزن صدانه
۰/۲۱	۰/۶۵	۰/۳۹	۰/۳۲	۰/۲	۰/۲۳	۰/۰۷	ضخامت ساقه
۰/۳۳	۰/۴۹	۰/۱۸	۰/۲۶	۰/۲۷	۰/۱۷	۰/۳	طول ریشک
۰/۱۴	۰/۶۶	۰/۰۳	۰/۴۹	۰/۲۳	۰/۰۷	۰/۰۵	تعداد دانه در سنبلچه
۰/۳۳	۰/۳۲	۰/۴۳	۰/۱۸	۰/۲	۰/۰۸	۰/۱۷	ارتفاع بوته
۰/۴	۰/۰۷	۰/۴۲	۰/۰۳	۰/۴۵	۰/۳	۰/۱۷	عادت رشدی
۰/۱۴	۰/۱۵	۰/۵۸	۰/۱۶	۰/۲۳	۰/۰۱	۰/۱۳	استواری برگ پرچم
۰/۱۷	۰/۰۴	۰/۰۸	۰/۷	۰/۳۵	۰/۰۹	۰/۰۸	پوشیدگی دانه
۰/۳۴	۰/۱۲	۰/۲	۰/۳۲	۰/۴۳	۰/۰۴	۰/۲۲	کرک‌دار بودن برگ
۰/۲۷	۰/۱۳	۰/۰۱	۰/۳۸	۰/۶۴	۰/۰۵	۰/۰۷	محل اتصال ریشک
۰/۱۷	۰/۳۸	۰/۲۸	۰/۳۱	۰/۲۲	۰/۴۹	۰/۴۵	رنگ لما
۰/۴۳	۰/۲۱	۰/۱۸	۰/۲۷	۰/۱۷	۰/۴۸	۰/۲۲	رنگ دانه
۰/۴۲	۰/۰۵	۰/۰۱	۰/۳۵	۰/۲۳	۰/۳۲	۰/۶۱	کرک‌دار بودن گره
۴/۳۶	۲/۲۷	۲/۲۶	۱/۶۹	۱/۴۶	۱/۲۳	۱/۱	مقدار ویژه
۲۰/۷۷	۱۰/۸۲	۱۰/۷۴	۸/۰۶	۶/۹۶	۵/۸۳	۵/۲۴	واریانس نسبی(%)
۲۰/۷۷	۳۱/۵۹	۴۲/۳۳	۵۰/۳۹	۵۷/۳۵	۶۳/۱۸	۶۸/۴۳	واریانس تجمعی(%)

اعدادی که زیر آنها خط کشیده شده دارای ضرایب بردارهای ویژه بیشتری در مؤلفه مورد نظر می‌باشند.

۱۱۵۰۵۹ (*A. wiestii*) دارای دورترین فاصله ژنتیکی بودند (نتایج ارائه نشده است). نمونه‌های ژنتیکی مورد مطالعه با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش *K means* در پنج گروه قرار داده شدند (جدول ۵).

بررسی فواصل اقلیدسی نشان داد که در مجموع ژرم پلاسِم مورد ارزیابی، دو نمونه ژنتیکی ۴۳۹ (*A. barbata*) و ۴۴۹ (*A. barbata*) دارای نزدیکترین فاصله ژنتیکی و دو نمونه ژنتیکی ۴۴۷ (*A. wiestii*) و

جدول ۵- مشخصات گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش *K means* در ارزیابی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

نام صفات	گروه‌ها				
	۱	۲	۳	۴	۵
ارتفاع بوته	۱۰۶	۶۹	۹۸	۸۸	۱۱۷
عادت رشدی	۳	۳	۴	۴	۳
ضخامت ساقه	۴	۳	۴	۴	۵
کرک‌دار بودن گره	۰	۰	۰	۰	۰
استواری برگ پرچم	۴	۴	۴	۴	۴
کرک‌دار بودن برگ	۰	۱	۱	۰	۱
شکل پانیکول	۲	۲	۱	۱	۲
ایستادگی پانیکول	۷	۷	۶	۶	۷
ایستادگی سنبلچه	۶	۶	۶	۵	۷
رنگ لما	۳	۲	۳	۳	۳
کرک‌دار بودن قاعده دانه	۶	۵	۵	۴	۶
طول ریشک	۶	۵	۶	۵	۶
تعداد دانه در سنبلچه	۲	۲	۲	۲	۲
رنگ دانه	۲	۲	۲	۲	۳
عرض دانه	۲/۲	۲/۱	۱/۹	۲/۲	۲
طول دانه	۸/۴	۸	۸/۲	۸/۴	۷/۶
وزن صدانه	۲/۴۱	۲/۱۷	۲/۰۹	۲/۳۱	۲/۰۵
کرک‌دار بودن لما	۶	۵	۶	۵	۵
کرک‌دار بودن دانه	۶	۶	۶	۶	۶
پوشیدگی دانه	۰	۰	۰	۰	۰
محل اتصال ریشک	۳	۳	۳	۳	۳
تعداد عضو	۱۸	۶	۸	۱۰	۷

ژنتیکی از گونه *A. wiestii*، هفت نمونه ژنتیکی از گونه *A. barbata* و یک نمونه ژنتیکی از گونه *A. fatua* در این گروه قرار گرفتند. گروه دوم تعداد شش نمونه ژنتیکی را دربرگرفت. این گروه دارای کمترین مقدار ارتفاع بوته و رنگ لما بود. تعداد دو نمونه ژنتیکی از گونه *A. wiestii* و چهار نمونه ژنتیکی از گونه *A. barbata* در این گروه قرار

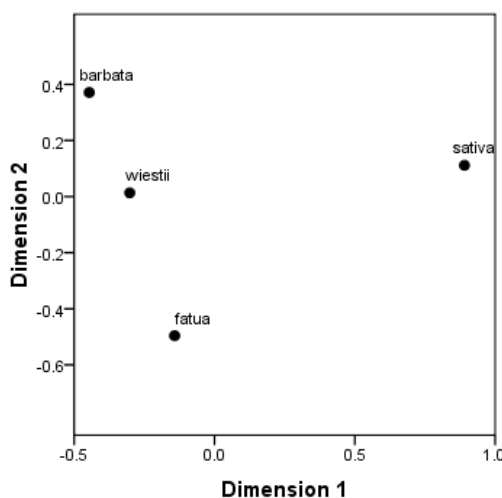
گروه اول تعداد ۱۸ نمونه ژنتیکی را دربرداشت. این گروه دارای بیشترین مقدار برای صفات وزن صد دانه، عرض دانه (به همراه گروه چهارم) و طول دانه (به همراه گروه چهارم) بود. این نتایج نشان می‌دهد که تجزیه خوشه‌ای توانسته است نمونه‌های ژنتیکی با ویژگی دانه درشت را در گروهی متمایز قرار دهد. تعداد ۱۰ نمونه

ژنتیکی از گونه *A. wiestii* یک نمونه ژنتیکی از گونه *A. barbata* و دو نمونه ژنتیکی از گونه *A. fatua* در این گروه قرار گرفتند. گروه پنجم، تعداد هفت نمونه ژنتیکی را شامل می‌شد. تعداد دو نمونه ژنتیکی از گونه *A. wiestii* و پنج نمونه ژنتیکی از گونه *A. barbata* در این گروه قرار گرفتند. این گروه دارای بیشترین مقدار صفات ارتفاع بوته، ضخامت ساقه، کرک‌دار بودن قاعده دانه (به همراه گروه اول) و رنگ دانه بود. گروه اول و سوم دارای کمترین فاصله (۸/۵۳) و گروه‌های دوم و پنجم دارای بیشترین فاصله (۴۸/۰۹) از یکدیگر بودند (جدول ۶). صفات کرک‌دار بودن گره و پوشیدگی دانه در بین گروه‌های تشکیل شده، تفاوتی نشان نداد.

گرفتند. گروه دوم بیشترین فاصله را از سایر گروه‌ها داشت (جدول ۶). گروه سوم تعداد هشت نمونه ژنتیکی را شامل می‌شد. این گروه به همراه گروه چهارم دارای بیشترین مقدار برای صفت عادت رشدی بود. تعداد چهار نمونه ژنتیکی از گونه *A. wiestii* سه نمونه ژنتیکی از گونه *A. barbata* و یک نمونه ژنتیکی از گونه *A. fatua* در این گروه قرار گرفتند. گروه چهارم تعداد ۱۰ نمونه ژنتیکی را شامل شد. این گروه دارای بیشترین مقدار برای صفات عادت رشدی (به همراه گروه سوم)، عرض دانه (به همراه گروه اول) و طول دانه (به همراه گروه اول) و کمترین مقدار برای صفت ایستادگی سنبلچه و کرک‌دار بودن قاعده دانه بود. هر دو نمونه ژنتیکی متعلق به گونه *A. sativa* تعداد پنج نمونه

جدول ۶- فواصل اقلیدسی گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای به روش **K means** در ارزیابی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

گروه‌ها	۱	۲	۳	۴	۵
۱	-	۳۷/۴۴	۸/۵۳	۱۸/۶۸	۱۰/۸۵
۲	-	-	۲۹/۱۳	۱۹/۱۴	۴۸/۰۹
۳	-	-	-	۱۰/۴۴	۱۹/۱۹
۴	-	-	-	-	۲۹/۲۷
۵	-	-	-	-	-



شکل ۲- نمودار پراکنش گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران بر اساس روش مقیاس‌بندی چند بعدی

در نمودار پراکنش گونه‌های مورد بررسی مبتنی بر روش مقیاس‌بندی چند بعدی، گونه *A.sativa* دورتر از سایر گونه‌های مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۲).

جدول ۷- مقادیر ویژه و ضرایب تابع تشخیص صفات در ارزیابی گونه‌های یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

صفت	تابع ۱	تابع ۲	تابع ۳
ارتفاع بوته	۰/۰۰۵	۰/۰۲۲	-۰/۰۰۳
عادت رشدی	-۰/۰۱۲	-۰/۰۶۸	۰/۰۱۲
ضخامت ساقه	-۰/۱۸۲	-۰/۲۵۹	۰/۱۷۴
کرک‌دار بودن گره	-۰/۰۷۴	-۰/۳۷۳	-۰/۴۱۴
استواری برگ پرچم	۰/۲۳۶	۰/۲۷۹	-۰/۰۹۲
کرک‌دار بودن برگ	-۰/۰۹۲	۰/۳۰۹	-۰/۱۱۴
شکل پانیکول	-۰/۷۸۱	۱/۷۵۹	-۰/۴۴۵
ایستادگی پانیکول	۰/۹	-۰/۶۱	-۰/۲۴۳
ایستادگی سنبلچه	۰/۱۱۶	-۰/۱۲۶	۰/۱۴۱
رنگ لما	۰/۰۵۶	۰/۰۶۱	۰/۳۷۹
کرک‌دار بودن قاعده دانه	۰/۱۱۶	-۰/۱۸۴	-۰/۳۰۴
طول ریشک	-۰/۱۶۴	-۰/۰۳۷	۰/۲۴۸
تعداد دانه در سنبلچه	۰/۱۹۴	۲/۲۲۷	۱/۵۷
رنگ دانه	-۰/۰۹۹	-۰/۹۲۹	-۰/۵۷۵
عرض دانه	-۰/۵۸۳	-۲/۲۲۴	۱/۹۳۲
طول دانه	-۰/۰۷	۰/۷۰۷	-۰/۳۹۵
وزن صددانه	-۰/۱۴۲	-۰/۰۶۹	-۱/۰۶۶
کرک‌دار بودن لما	۰/۲۳۵	۰/۲۶۲	۰/۲۳۱
کرک‌دار بودن دانه	۰/۲۸۶	-۰/۲۳۴	۰/۱۳۷
پوشیدگی دانه	-۰/۵۶۱	۲/۲۰۱	۲/۷۲۸
محل اتصال ریشک	-۰/۲۶۵	۱/۳	-۰/۶۳
مقدار ویژه	۲/۴۶۱	۰/۹۱۲	۰/۴۵۱
واریانس نسبی (%)	۶۴/۳	۲۳/۹	۱۱/۸
واریانس تجمعی (%)	۶۴/۳	۸۸/۲	۱۰۰

استفاده شد. نتایج تجزیه تابع تشخیص برای چهار گونه در جدول ۷ ارائه شده است.

از آنجا که تجزیه تابع تشخیص مناسبترین روش برای تفکیک گونه‌ها می‌باشد و تجزیه خوشه‌ای قادر به تفکیک گونه‌های یولاف نبود، از تجزیه تابع تشخیص به این منظور

جدول ۸- مقادیر عددی توابع تشخیص بر اساس میانگین صفات چهار گونه یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران

گونه	تابع ۱	تابع ۲	تابع ۳
<i>A. barbata</i>	۰/۷۶۹	۰/۶۶۶	-۰/۵۲۲
<i>A. wiestii</i>	-۰/۰۳	-۰/۹۳۲	-۰/۱۹۸
<i>A. fatua</i>	-۰/۱۵۸	۱/۶۷۷	۱/۸۰۷
<i>A. sativa</i>	-۷/۰۲۸	۰/۷	-۰/۶۶۳

wiestii منتسب شدند و بقیه نمونه‌های ژنتیکی متعلق به گونه *A. barbata* در گروه مربوط به همین گونه (*A. barbata*) قرار گرفتند. همچنین سه نمونه ژنتیکی ۱۱۵۰۱۳، ۱۱۵۰۵۲ و ۴۶۲ از گونه *A. wiestii* به گونه *A. barbata* و یک نمونه ژنتیکی (۴۴۶) از گونه *A. wiestii* به گونه *A. fatua* منتسب شدند و بقیه نمونه‌های ژنتیکی متعلق به گونه *A. wiestii* در گروه مربوط به همین گونه (*A. wiestii*) قرار گرفتند.

بحث

آسیب‌پذیری گونه‌های زراعی نسبت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی افزایش یافته است، به‌ویژه اینکه احتمال وقوع غیرمنتظره این تنش‌ها بدلیل تغییرات جهانی شرایط محیطی و سیستم‌های کشاورزی رو به افزایش است. از این لحاظ بسیار مهم است که ارقام جدیدی تولید شود که ترکیبی از مقاومت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی را همراه با عملکرد پایدار داشته باشند. گونه‌های اجدادی، منابع مهمی از آل‌های جدید برای توسعه ژرم‌پلاسم هستند. تحقیقات متعددی به‌منظور ارزیابی تنوع منابع ژنتیکی گیاهان علوفه‌ای بومی کشور و شناسایی ژرم‌پلاسم‌های مطلوب و مناسب برای برنامه‌های به‌نژادی تاکنون انجام شده است (Zahravi et al., 2012; Qi et al., 2011)، این تحقیقات پیش‌نیاز لازم را برای معرفی رقم‌های جدید در اختیار به‌نژادگران قرار می‌دهد. وجود تنوع ژنتیکی کافی در مواد ژنتیکی برای افزایش قابلیت عملکرد و کیفیت یولاف ضروری می‌باشد (Qi et al.,

براین اساس، در مجموع سه تابع تشخیص حاصل گردید که به‌میزان ۱۰۰ درصد از واریانس کل را شامل می‌شد. با استفاده از این توابع می‌توان نمونه‌های ژنتیکی جدید را با کمترین فاصله، به یکی از گونه‌های مورد بررسی منتسب نمود. در تابع اول صفات ایستادگی پانیکول، کرک‌دار بودن دانه، استواری برگ پرچم، کرک‌دار بودن لَم، تعداد دانه در سنبلچه، ایستادگی سنبلچه و کرک‌دار بودن قاعده دانه دارای بزرگترین ضریب مثبت و صفات شکل پانیکول، عرض دانه و پوشیدگی دانه دارای بزرگترین ضریب منفی بودند. از این رو این صفات در تابع اول از اهمیت نسبی بیشتری برخوردار بوده و نقش بیشتری در تمایز بین گونه‌ها داشتند. در تابع دوم صفات تعداد دانه در سنبلچه، پوشیدگی دانه، شکل پانیکول و محل اتصال ریشک دارای بزرگترین ضریب مثبت و صفات عرض دانه و رنگ دانه دارای بزرگترین ضریب منفی بودند. در تابع سوم صفات پوشیدگی دانه، عرض دانه، تعداد دانه در سنبلچه و رنگ لَم دارای بزرگترین ضریب مثبت و صفت وزن صدانه دارای بزرگترین ضریب منفی بودند. مقادیر عددی توابع تشخیص بر اساس میانگین صفات چهار گونه مورد بررسی در جدول ۸ ارائه شده است. همانطور که مشاهده می‌شود گونه‌های *A. barbata* و *A. sativa* به ترتیب بزرگترین مقدار عددی مثبت و منفی در تابع اول بودند، از این رو این تابع بیشترین تمایز را بین این دو گونه برقرار نمود. به همین ترتیب تابع دوم سبب بیشترین تمایز بین گونه‌های *A. fatua* و *A. wiestii* می‌شود. براساس گروه‌بندی مبتنی بر تجزیه تابع تشخیص، دو نمونه ژنتیکی ۱۱۵۰۱۲ و ۴۶۸ از گونه *A. barbata* به گونه *A.*

(2008).

خصوصیات در تحقیقات آینده در تعداد نمونه‌های بیشتری از گونه زراعی مورد بررسی قرار گیرد. همچنین لازم است پیرامون ارزش زراعی این ویژگی‌ها نیز تحقیق انجام شود. به‌رحال براساس نتایج این تحقیق، می‌توان گونه‌های وحشی را به‌عنوان خزانه ژنی برای ایجاد تنوع در گونه زراعی از لحاظ صفات مربوطه، مورد توجه قرار داد.

منابع مورد استفاده

- Abbasi, M. R., 2012. Genetic diversity in Iranian sainfoin germplasms with emphasis on agronomic traits. Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research. 20 (1):160-171(in Persian).
- Achleitner, A., Tinker, N.A., Zechner, E. and Buerstmayr, H., 2008. Genetic diversity among oat varieties of worldwide origin and associations of AFLP markers with quantitative traits. Theoretical and Applied Genetics, 117:1041-1053.
- Aufhammer, G. and Fischbeck, G., 1973. Getreide – Produktionstechnik und Verwertung. DLG Verlags GmbH, Frankfurt.
- Baohong, G., Zhou, X. and Murphy, J.P., 2003. Genetic variation within Chinese and Western cultivated oat accessions. Cereal Research Communication, 31:339-346.
- Breseghello, F. and Sorrells, M.E., 2006. Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. Genetics, 172:1165-1177.
- Buerstmayr, H., Krenn, N., Stephan, U., Grausgruber, H. and Zechner, E., 2007. Agronomic performance and quality of oat (*Avena sativa* L.) genotypes of worldwide origin produced under Central European growing conditions. Field Crops Research, 101:343-351.
- Diederichsen, A., Timmermans, E., Williams, D.J. and Richards, K.W., 2001. Holding of *Avena* germplasm at plant gene resources of Canada and status of the collection. Oat Newsletter, 47:35-42.
- Food and Drug Administration, 1997. Food labeling: health claims; oats and coronary heart disease; final rule. Federal Register, 62:3583-3601.
- Forsberg, R.A. and Reeves, D.L., 1992. Breeding oat varieties for improved grain quality. In: Marshall HG, Sorrells ME (eds) Oat science and technology. American Society of Agronomy, Madison, pp 751-775.
- Fu, Y., B., Peterson, G.W., Scoles, G., Rosnagel, B., Schoen, D.J. and Richards, K.W., 2003. Allelic diversity changes in 96 Canadian oat varieties released

بررسی روند تکامل در گیاه یولاف و نظریه‌های مختلف در تفکیک گونه‌های آن، منجر به بازنگری نظریه گونه‌ها به‌طور عمومی و در یولاف به‌طور خاص شده است (Ladizinsky, 2012). به‌ویژه در جنس‌هایی که دارای ارزش اقتصادی می‌باشند، گیاه‌شناسی کلاسیک در صورت در نظر نگرفتن روند تکامل و ارتباطات ژنتیکی، بی‌فایده خواهد بود. علت این امر این است که اجداد وحشی در هر جنس، منابع تنوع ژنتیکی برای اصلاح گونه‌های زراعی می‌باشند و ارتباطات ژنتیکی بین آنها نشان‌دهنده امکان بهره‌برداری از آنها برای این اهداف را نشان می‌دهد. بنابراین حذف مرزهای بین گونه‌ها، تلاشی مؤثر برای ادغام ویژگی‌های مورفولوژیکی و ژنتیکی می‌باشد که روند تکامل را نشان می‌دهد. این رویکرد در آن واحد رضایت گیاه‌شناسان و به‌زادگران را جلب می‌کند.

در این تحقیق گونه‌ها بر اساس تعریف کلاسیک آن با استفاده از کلید شناسایی تفکیک شدند و بعد با استفاده از دستورالعمل‌های مؤسسه بین‌المللی (IBPGR, 1985) (Biodiversity) برای ارزیابی تنوع در منابع ژنتیکی، مورد ارزیابی و مقایسه قرار گرفتند. عمدتاً از صفات کیفی برای ارزیابی تنوع نمونه‌های ژنتیکی استفاده شد. با توجه به اینکه این صفات کمتر تحت تأثیر محیط بوده، از این رو از وراثت‌پذیری بالاتری برخوردار می‌باشند، توصیف ژرم‌پلاسم براساس آنها می‌تواند از قابلیت اعتماد بیشتری برخوردار باشد. مجموع نتایج این تحقیق نشان‌دهنده وجود تنوع مناسب در ژرم‌پلاسم یولاف بانک ژن گیاهی ملی ایران بود. برخی از صفات از جمله کرک‌دار بودن قاعده دانه، ایستادگی سنبلچه، محل اتصال ریشک در نمونه‌های گونه اهلی (A. *sativa*) فاقد تنوع بودند، در حالی که در گونه‌های وحشی از تنوع بالایی برخوردار بودند. نتایج این تحقیق نشان داد که نزدیک‌ترین گونه به گونه زراعی، گونه *A. fatua* می‌باشد و این نتیجه با تعاریف ارائه شده برای گونه‌های بیولوژیکی (Ladizinsky, 2012) مطابقت دارد. البته برای حصول اطمینان از وجود یکنواختی صفات مذکور، لازم است این

- Druck-u.-Verlagsanstalt. Graz.
- Rodgers, D.M., Murphy, J.P. and Frey, K.J., 1983. Impact of plant breeding on the grain yield and genetic diversity of spring oats. *Crop Science*, 23:737-740.
 - Rostoks, N., Ramsay, L., MacKenzie, K., Cardle, L., Bhat, P.R., Roose, M.L., Svensson, J.T., Stein, N., Varshney, R.K., Marshall, D.F., Graner, A., Close, T.J. and Waugh, R., 2006. Recent history of artificial outcrossing facilitates whole-genome association mapping in elite inbred crop varieties. *Proceeding of National Academy of Sciences of USA*, 103:18656-18661.
 - Shannon, C. E. and Weaver, W., 1949. *The mathematical theory of communication*. University of Illinois Press, Urbana, IL, USA.
 - Sheikhepoor, S., Bahraminejad, S. and Chaghmirza, K., 2010. A study on genetic diversity in oat genotypes based on agronomic traits. The proceeding of 11th Iranian Crop Science Congress, Environmental Sciences Research Institute, Shahid Beheshti University, Tehran 14-26 July, Vol:2 Crop Breeding, pp 102 (in Persian).
 - Souza, E. and Sorrells, M.E., 1989. Pedigree analysis of North American oat varieties released from 1951-1985. *Crop Science*, 29:595-601.
 - Souza, E. and Sorrells, M.E., 1991a. Relationships among 70 North American oat germplasm: I. cluster analysis using quantitative characters. *Crop Science*, 31:599-605.
 - Souza, E., Sorrells, M.E., 1991b. Relationships among 70 North American oat germplasm: II. cluster analysis using qualitative characters. *Crop Science*, 31:605-612.
 - Taj Bakhsh, M., Poor Mirza, A. 2003. Cereals cultivation. *Jahad daneshgahi*, West Azarbaijan Unit. 312p(in Persian).
 - Tang, X.Q., Yan, H.H., Wang, Z.Y., Li, W., Wei, Y.M., Ren, C.Z., Zhao, G., and Peng, Y.Y., 2014. Evaluation of diversity and the relationship of *Avena* species based on agronomic characters. *International journal of agriculture and biology*, 16: 14-22.
 - Fao., 2010. *The Second Report on The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture*. Commission on genetic resources for food and agriculture. Rome.
 - Zahravi, M., A.R., Taghinejad, A., Afzalifar, M.R., Bihamta, J., Mozaffari, and S., Shafaedin, 2011. Evaluation of genetic diversity of agronomical traits in *Hordeum spontaneum* germplasm of Iran. *Iranian Journal of Rangelands and Forests Plant Breeding and Genetic Research*. 19(1): 55-70 (In Persian).
 - from 1886 to 2001. *Crop Science*, 43:1989-1995.
 - Fu, Y.B., Peterson, G.W., Williams, D., Richards, K.W., Mitchell and Fetch, J., 2005. Patterns of AFLP variation in a core subset of cultivated hexaploid oat germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 111:530-539.
 - Gower, J. C. 1986. Metric and Euclidean properties of dissimilarity coefficients. *Journal of classification*. 3, 5-48.
 - Gupta, P.K., Sachin, R. and Kulwal, P.L., 2005. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: present status and future prospects. *Plant Molecular Biology*, 57:461-485.
 - Hoffmann, L.A., 1995. World production and use of oats. In: Welch RW (ed) *The oat crop-production and utilization*. Chapman and Hall, London, pp 34-61.
 - IBPGR., 1985. *Oat Descriptors*. International Board for Plant Genetic Resources (Bioversity International), Rome.
 - Kakaei, M., Mazaheri Laghab, H. and Kahrizi, D., 2013. Morphological and Biochemical study to distinguish the genetic diversity of cultivated oat populations. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 10:119-138 (in Persian).
 - Ladizinsky, G., 2012. *Oat morphology and taxonomy: Studies in Oat Evolution* (pp. 1-18). Springer, Berlin, Heidelberg, 87p.
 - Li, C.D., Rossnagel, B.G. and Scoles, G.J., 2000. The development of oat microsatellite markers and their use in identifying relationships among *Avena* species and oat varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 101:1259-1268.
 - Mahmoodi, B., Bahraminejad, S. and Fakhri, R., 2013. A study on genetic diversity in oat genotypes based on Zinc content relative to soil nutrients. The proceeding of 1st Iranian Congress of Soil and Sustainable Agriculture, Malayer University, 4 March, Vol:2 Crop Breeding, pp 102 (in Persian).
 - O'Donoghue, L.S., Souza, E., Tanksley, S.D. and Sorrells, M.E., 1994. Relationships among North American oat varieties based on restriction fragment length polymorphisms. *Crop Science*, 34:1251-1258.
 - Paczos-Grzeda, E., 2004. Pedigree, RAPD and simplified AFLP-based assessment of genetic relationships among *Avena sativa* L. varieties. *Euphytica*, 138:13-22.
 - Qi, B.J., Liu, J.H., Zhang, Z.Y., Gao, J.L., and Chen, R.Y., 2008. Genetic diversity of biological characters in oat germplasm. *J. Triticeae Crops*, 28: 594-599.
 - Rechinger, K. H., 1970. *Onobrychis*. Pp. 389-459. In: K. H. Rechinger (Ed.). *Flora Iranica*. Akademische

Evaluation of Genetic Diversity in some Oat species (*Avena* spp.) of Iran

S. Shahmoradi^{1*}, M. Zahravi², F. Ghanavati³

1*- Corresponding Author, Assist. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, I.R.Iran. E-mail: shakibafarzan@yahoo.com

2- Assist. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, I.R.Iran

3- Assoc. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, I.R.Iran

Received: 14.08.2017

Accepted: 29.12.2018

Abstract

In this research a total of 49 accessions in oat collection of National Plant Gene Bank of Iran belonging to four species of *Avena barbata*, *A. wiestii*, *A. fatua* and *A. sativa* were studied. The experiment was performed in an observatory design in research field of Seed and Plant Improvement Institute located in Karaj, Iran. The agromorphological traits were measured according to IBPGR descriptor. Based on Shannon index, lemma color had the largest variety (1.42). In principal component analysis, the first seven components comprised 68.43% of total variation. Two accessions of 439 (*A. barbata*) and 449 (*A. barbata*) were the nearest and two accessions of 447 (*A. wiestii*) and 115059 (*A. wiestii*) and were the farthest based on genetic distance. The studied accessions were placed in five groups by K means clustering method. Three discriminant functions were developed justifying total variance in data. The first and second discriminant functions maintained the most distinction between two species of *A. barbata* and *A. sativa* and between two species of *A. fatua* and *A. wiestii*, respectively. Total results indicated presence of suitable diversity in the studied population based on the measured traits which could be exploited in oat breeding in future. In addition, the discriminant functions developed in this research could be used in distinguishing the relating oat species.

Key word: Discriminant function, Germplasm, Accession, Shannon index, Oat.