

دو فصلنامه علمی-پژوهشی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران  
جلد ۲۱، شماره ۱، صفحه ۶۷-۵۶ (۱۳۹۲)

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

امین ابراهیمی<sup>۱\*</sup>، محمدرضا نقوی<sup>۲</sup>، منیژه سبکدست<sup>۳</sup>، امیر مرادی سراب شلی<sup>۴</sup> و کمال قدردان<sup>۵</sup>

<sup>۱\*</sup>-نویسنده مسئول مکاتبات، دانشجوی دکتری، اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، پست الکترونیک: aminebrahimi@ut.ac.ir

<sup>۲</sup>-استاد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

<sup>۳</sup>-مربی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

<sup>۴</sup>-کارشناس ارشد، اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

<sup>۵</sup>-کارشناس، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران

تاریخ دریافت: ۱۳۸۹/۰۳/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۰۴/۱۱

### چکیده

به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی، ۱۱۵ ژنوتیپ جو بومی از ۵ گونه *H. murinum*، *H. marinum*، *H. spontaneum*، *H. vulgare* و *H. bulbosum* 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 عمدتاً 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

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). به طوری که تنوع

ایران یکی از مراکز تنوع جو در منطقه غرب آسیا می‌باشد، که به دلیل تنوع ژنتیکی وسیع و بومی بودن جو در این منطقه اهمیت خاصی برای به‌نژادگران دارد.

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 از جمله 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 ۴۲۴ نمونه جو متعلق به استان‌های شمال کشور را براساس صفات زراعی و مورفولوژی بررسی کرد و نتیجه گرفت که عملکرد دانه با صفات طول سنبله و تعداد سنبله‌ها 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. murinum* و *H. murinum* در گروه جداگانه‌ای نسبت به گروه اول قرار گرفتند. همچنین Blatter (۲۰۰۴) نشان داد که تقریباً هیچ همولوژی بین دو گونه *H. murinum* و *H. vulgare* 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

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؛ از جمله این روش‌ها به کار بردن انواع نشانگرها مثل، نشانگرهای مورفولوژیک، نشانگرهای بیوشیمیایی و نشانگرهای 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

*H. bulbosum* (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 نمونه برداری انجام شد) به صورت 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.

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

به منظور ارزیابی تنوع مورفولوژیکی جوهای بومی ایران، ۱۱۵ ژنوتیپ جو از ۵ گونه شامل *H. vulgare*، *H. murinum*، *H. spontaneum*، *H. marinum*

جدول ۱- ژنوتیپ‌ها و محل جمع‌آوری آنها

ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری	ردیف	نام گونه	محل جمع‌آوری
۱	<i>H. vulgare</i>	افغانستان	۵۹	<i>H. spontaneum</i>	کرمانشاه
۲	<i>H. vulgare</i>	شیلی	۶۰	<i>H. spontaneum</i>	فارس
۳	<i>H. vulgare</i>	روسیه	۶۱	<i>H. spontaneum</i>	خوزستان
۴	<i>H. vulgare</i>	مغولستان	۶۲	<i>H. spontaneum</i>	آذربایجان غربی
۵	<i>H. vulgare</i>	چین	۶۳	<i>H. spontaneum</i>	لرستان
۶	<i>H. vulgare</i>	اتیوپی	۶۴	<i>H. spontaneum</i>	آذربایجان شرقی
۷	<i>H. vulgare</i>	چین	۶۵	<i>H. spontaneum</i>	کهگیلویه و بویراحمد
۸	<i>H. vulgare</i>	چین	۶۶	<i>H. spontaneum</i>	آذربایجان غربی
۹	<i>H. vulgare</i>	امریکا	۶۷	<i>H. spontaneum</i>	اصفهان
۱۰	<i>H. vulgare</i>	امریکا	۶۸	<i>H. spontaneum</i>	کرمانشاه
۱۱	<i>H. vulgare</i>	اصفهان	۶۹	<i>H. spontaneum</i>	لرستان
۱۲	<i>H. vulgare</i>	لرستان	۷۰	<i>H. spontaneum</i>	فارس
۱۳	<i>H. vulgare</i>	قم	۷۱	<i>H. spontaneum</i>	فارس
۱۴	<i>H. vulgare</i>	فارس	۷۲	<i>H. spontaneum</i>	فارس
۱۵	<i>H. vulgare</i>	چهارمحال و بختیاری	۷۳	<i>H. spontaneum</i>	چهارمحال و بختیاری
۱۶	<i>H. vulgare</i>	کهگیلویه و بویراحمد	۷۴	<i>H. spontaneum</i>	قم
۱۷	<i>H. vulgare</i>	فارس	۷۵	<i>H. bulbosum</i>	فارس
۱۸	<i>H. vulgare</i>	چهارمحال و بختیاری	۷۶	<i>H. bulbosum</i>	کهگیلویه و بویراحمد
۱۹	<i>H. vulgare</i>	قم	۷۷	<i>H. bulbosum</i>	کرمانشاه
۲۰	<i>H. vulgare</i>	مازندران	۷۸	<i>H. bulbosum</i>	فارس
۲۱	<i>H. vulgare</i>	اصفهان	۷۹	<i>H. marinum</i>	مازندران

ادامه جدول ۱- ژنوتیپ‌ها و محل جمع‌آوری آنها

محل جمع‌آوری	نام گونه	ردیف	محل جمع‌آوری	نام گونه	ردیف
آذربایجان غربی	<i>H. marinum</i>	۸۰	اصفهان	<i>H. vulgare</i>	۲۲
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۱	کهگیلویه و بویراحمد	<i>H. vulgare</i>	۲۳
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۲	فارس	<i>H. vulgare</i>	۲۴
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۳	فارس	<i>H. vulgare</i>	۲۵
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۴	فارس	<i>H. vulgare</i>	۲۶
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۵	مشهد	<i>H. spontaneum</i>	۲۷
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۸۶	کرمانشاه	<i>H. spontaneum</i>	۲۸
مازندران	<i>H. bulbosum</i>	۸۷	لرستان	<i>H. spontaneum</i>	۲۹
مازندران	<i>H. bulbosum</i>	۸۸	آذربایجان غربی	<i>H. spontaneum</i>	۳۰
کرج	<i>H. bulbosum</i>	۸۹	قزوین	<i>H. spontaneum</i>	۳۱
کرج	<i>H. bulbosum</i>	۹۰	کرمانشاه	<i>H. spontaneum</i>	۳۲
مازندران	<i>H. bulbosum</i>	۹۱	همدان	<i>H. spontaneum</i>	۳۳
مازندران	<i>H. bulbosum</i>	۹۲	آذربایجان غربی	<i>H. spontaneum</i>	۳۴
مازندران	<i>H. bulbosum</i>	۹۳	اراک	<i>H. spontaneum</i>	۳۵
اراک	<i>H. marinum</i>	۹۴	قزوین	<i>H. spontaneum</i>	۳۶
لرستان	<i>H. marinum</i>	۹۵	خراسان شمالی	<i>H. spontaneum</i>	۳۷
لرستان	<i>H. marinum</i>	۹۶	لرستان	<i>H. spontaneum</i>	۳۸
کهگیلویه و بویراحمد	<i>H. marinum</i>	۹۷	لرستان	<i>H. spontaneum</i>	۳۹
آذربایجان غربی	<i>H. marinum</i>	۹۸	کرج	<i>H. spontaneum</i>	۴۰
کرمانشاه	<i>H. marinum</i>	۹۹	قزوین	<i>H. spontaneum</i>	۴۱
خراسان رضوی	<i>H. murinum</i>	۱۰۰	کرمانشاه	<i>H. spontaneum</i>	۴۲
قم	<i>H. murinum</i>	۱۰۱	اراک	<i>H. spontaneum</i>	۴۳
کرمانشاه	<i>H. murinum</i>	۱۰۲	کرمانشاه	<i>H. spontaneum</i>	۴۴
گرگان	<i>H. murinum</i>	۱۰۳	لرستان	<i>H. spontaneum</i>	۴۵
آذربایجان شرقی	<i>H. marinum</i>	۱۰۴	کرج	<i>H. spontaneum</i>	۴۶
مازندران	<i>H. murinum</i>	۱۰۵	ایلام	<i>H. spontaneum</i>	۴۷
همدان	<i>H. murinum</i>	۱۰۶	کرج	<i>H. spontaneum</i>	۴۸
فارس	<i>H. murinum</i>	۱۰۷	آذربایجان غربی	<i>H. spontaneum</i>	۴۹
مازندران	<i>H. murinum</i>	۱۰۸	آذربایجان غربی	<i>H. spontaneum</i>	۵۰
لرستان	<i>H. marinum</i>	۱۰۹	ایلام	<i>H. spontaneum</i>	۵۱
آذربایجان غربی	<i>H. murinum</i>	۱۱۰	اراک	<i>H. spontaneum</i>	۵۲
خوزستان	<i>H. murinum</i>	۱۱۱	کرمانشاه	<i>H. spontaneum</i>	۵۳
اصفهان	<i>H. murinum</i>	۱۱۲	فارس	<i>H. spontaneum</i>	۵۴
بوشهر	<i>H. murinum</i>	۱۱۳	ایلام	<i>H. spontaneum</i>	۵۵
فارس	<i>H. murinum</i>	۱۱۴	خراسان شمالی	<i>H. spontaneum</i>	۵۶
مازندران	<i>H. murinum</i>	۱۱۵	کرج	<i>H. spontaneum</i>	۵۷
			خراسان شمالی	<i>H. spontaneum</i>	۵۸

## نتایج

نتایج حاصل از تجزیه واریانس و مقایسه میانگین بین گونه‌ها به منظور تشخیص اختلاف بین و درون گونه‌ها به ترتیب 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	۴	۱۰۶/۵۸**	۴۹۸۲/۸۲**	۱۷/۸۳**	۱۲/۴۲ <sup>ns</sup>	۴۵۱/۹۴**	۲۳/۸۹**	۱۳/۴۷**	۵۹/۱۴**	۱۱/۹۲**	۴۲۶/۳۳**
خطا	۱۱۰	۳۷۷/۴۵۳	۱۴۶۹۲/۶۱	۵۲/۶۲	۱۶۷۲/۶۱	۳۷۴۱/۳۸	۱۹۵/۷۰	۲۱۲/۱۵	۱۰۴/۴۳	۱۲/۹۱	۱۵۰۹/۸۱
درون گونه‌ها											
<i>H. vulgare</i>	۲۵	۱۱/۱۱**	۶۱۵/۳۲**	۲/۶۵**	۳۰/۲۴**	۷۱/۴۹**	۳/۳۷**	۲/۰۶**	۱/۵۴**	۰/۴**	۴۴/۴۵**
<i>H. spontaneum</i>	۴۷	۷/۰۷**	۲۸۶/۰۵**	۱/۲۳**	۲۷/۹۴**	۶۰/۲۳**	۴/۳۴**	۰/۷۸**	۳/۳۷**	۰/۴۲**	۲۸/۳۱**
<i>H. bulbosum</i>	۱۰	۳۰/۶۹**	۲۳۲/۷۵**	۱/۱۵**	۵۴/۸۱**	۱۵۱/۵۵**	۴/۶۰**	۱/۷۳ <sup>ns</sup>	۵/۱۵**	۰/۴۱**	۱۲۲/۷۸**
<i>H. marinum</i>	۱۵	۶/۵۵**	۵۱۹/۷۲**	۱/۰۶**	۸۷/۰۸**	۱۹۴/۸۳**	۹/۹۰**	۳۴/۸۸**	۱/۳۲**	۰/۵۶**	۲۶/۲۱**
<i>H. murinum</i>	۱۳	۸/۹۶**	۳۹۴/۳۸**	۰/۴۴*	۸۴/۱۴**	۱۰۴/۴۱**	۷/۹۹**	۰/۵۵ <sup>ns</sup>	۳/۴۳**	۰/۲۲**	۳۵/۸۶**

\* و \*\* به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۵ و ۰/۱

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

صفات	<i>H. vulgare</i>	<i>H. spontaneum</i>	<i>H. bulbosum</i>	<i>H. murinum</i>	<i>H. marinum</i>
ارتفاع	۶۳/۴۲ a	۴۷/۷۷۱ b	۳۲/۲۸ a c	۳۳/۴۳ c	۲۶/۱۲ c
تعداد گره	۴/۹۸ a	۳/۰۵ b	۳/۲۱ b	۴/۹۸ a	۳/۱۴ b
بیرون‌زدگی پدانکل	۳/۵ a	۴/۴۷ a	۳/۵۴ a	۵/۳۲ a	۴/۵۰۲ a
طول محور پدانکل	۱۹/۱۴ a	۲۱/۴۶ a	۱۲/۴۵ b	۱۴/۲۶ b	۱۱/۰۵۴ b
طول سنبله	۶/۲۵ bc	۷/۶۵ a	۵/۹۸ c	۷/۰۷ ab	۵/۱۲ d
تعداد برگ	۵/۲۵ a	۳/۷۲ bc	۳/۶ c	۳/۷۱ bc	۴/۶۴ ab
طول دانه	۹/۵ a	۹/۳۳ a	۶/۵۵ b	۶/۷۴ b	۶/۰۶ b
عرض دانه	۳/۲۳ a	۲/۶۱ b	۱/۷۶ c	۱/۶۴ cd	۱/۴۳ d
تعداد دانه در سنبله	۲۰/۲ b	۱۷/۹ b	۲۵/۹۳ a	۲۵/۹ a	۲۷/۳۷ a
تعداد سنبله‌چ	۱۰/۱ b	۸/۹۵ b	۱۲/۹۶ a	۱۲/۹۵ a	۱۳/۶۸ a

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

## همبستگی

تعداد گره رابطه منفی و معنی داری داشت. طول محور پدانکل با طول سنبله و بیرون زدگی پدانکل همبستگی مثبت داشت. به طوری که 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 ۴ ضریب همبستگی برای صفات بدون در نظر گرفتن گونه را نشان می دهد. 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 بیرون زدگی رابطه مثبت و با

جدول ۴- همبستگی پیرسون بین صفات کمی

تعداد سنبلچه	ارتفاع	تعداد گره	بیرون زدگی پدانکل	طول محور پدانکل	طول سنبله	تعداد برگ	عرض دانه	طول دانه	تعداد دانه در سنبله
۱	-۰/۴۰۶**	-۰/۰۶۸	-۰/۰۰۱	-۰/۰۴۱۶**	-۰/۱۴۴	۰/۰۱۴	-۰/۰۵۹۱**	-۰/۰۵۳۶**	۰/۷۵**
	۱	-۰/۰۵۹۱**	۰/۳۳۶**	۰/۷۱۲**	۰/۲۶۳**	۰/۳۵۹**	۰/۶۶۷**	۰/۷۳۷**	-۰/۴۰۶**
		۱	-۰/۱۲۸	۰/۰۲۴	-۰/۲۳۷*	۰/۴۵۲**	۰/۲۸۶**	۰/۵۲۳**	-۰/۰۶۸
			۱	۰/۷۲۲**	۰/۱۵۸	۰/۱۳۲	۰/۰۵۱	-۰/۰۶۶	-۰/۰۰۱
				۱	۰/۴۷۷**	۰/۱	۰/۵۵۷**	۰/۴۳۶**	-۰/۴۱۶**
					۱	-۰/۲۱۶**	۰/۴**	۰/۲۴**	-۰/۱۴۴
						۱	۰/۱۱۱	۰/۲۱۵*	۰/۰۱۴
							۱	۰/۸۲۷**	-۰/۰۵۹۱**
								۱	-۰/۰۵۳۶**
									۱

\* و \*\* به ترتیب معنی دار در سطح ۵٪ و ۱٪.

تعداد ۳۵۵ نمونه از جوهای بومی نیال 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 معنی داری دارد. همچنین ارتفاع بوته با عملکرد کاه و کلش، تعداد دانه در سنبله و وزن

(Shafaeddin, 2002) نیز در بررسی ۴۲۴ نمونه جو بومی در بانک ژن گیاهی ملی ایران نشان داد که بین عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک همبستگی مثبت و معنی دار وجود دارد. همچنین او نشان داد که بین طول سنبله و ارتفاع بوته همبستگی مثبت و معنی دار (۰/۱۴) وجود دارد که این مقدار در تحقیق حاضر ۰/۲۶۳ بود.

## تجزیه به مؤلفه‌های اصلی

به منظور 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).

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، به طوری که همبستگی منفی و معنی‌داری بین ارتفاع بوته با تعداد دانه در سنبله (۰/۴۰۶-) 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.

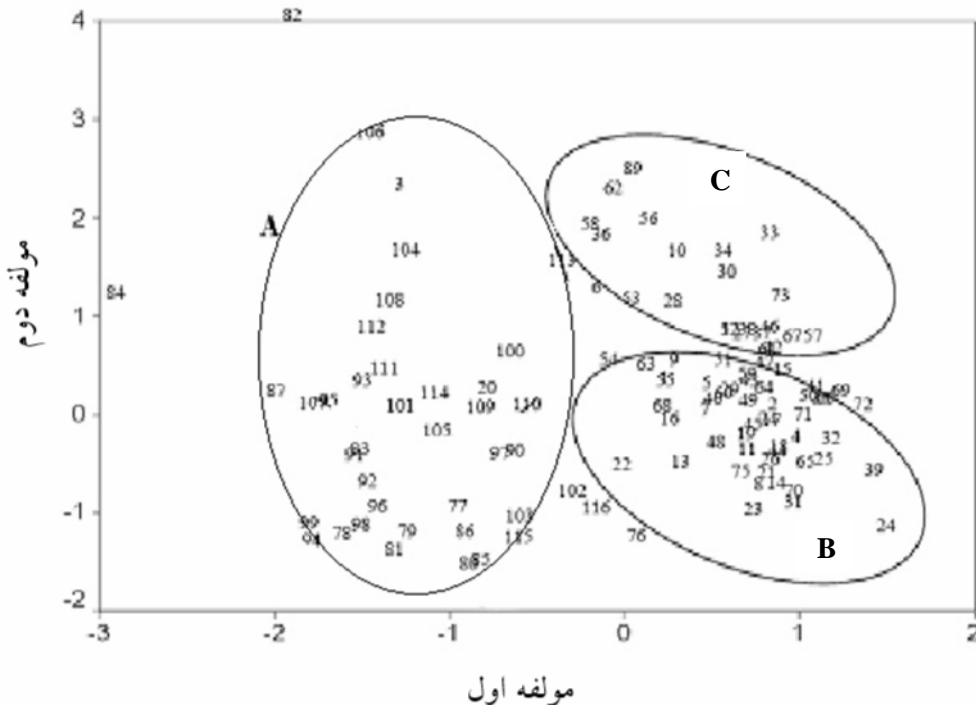
جدول ۵- تجزیه به مؤلفه‌های اصلی برای ۱۰ صفت کمی جو

مؤلفه سوم	مؤلفه دوم	مؤلفه اول	
۲/۱	۲/۲	۳/۵	بردار ویژه
۲۱/۸	۲۲/۱	۳۵	واریانس
۷۸/۳۳	۵۷/۱۴	۳۵	واریانس جمعی
			بردار ویژه
۰/۰۷۹	-۰/۰۴۶	-۰/۹۰۸	تعداد سنبلچه
۰/۶۰۸	۰/۴۹۷	۰/۵۲۳	ارتفاع
۰/۸۶۹	-۰/۱۶۷	۰/۱۹۶	تعداد گره
۰/۰۵۷	۰/۸۸۵	-۰/۱۷۵	بیرون‌زدگی پدانکل
۰/۰۹۷	۰/۸۹۷	۰/۴۰۳	طول محور پدانکل
-۰/۳۳۰	۰/۵۳۵	۰/۳۰۸	طول سنبله
۰/۷۷۱	۰/۰۸۱	-۰/۰۸۲	تعداد برگ
۰/۲۳۱	۰/۲۶۹	۰/۸۰۷	طول دانه
۰/۴۶۱	۰/۱۰۷	۰/۷۷۱	عرض دانه
۰/۰۷۹	-۰/۰۴۶	-۰/۹۰۸	تعداد دانه در سنبله

*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

با توجه به شکل ۱ کل ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه اصلی قرار گرفتند، گروه A شامل ژنوتیپ‌هایی از گونه‌های *H. marinum*، *H. bulbosum* 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.*

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

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 ژرم پلاسم شود و همچنین،

با توجه به شکل ۲، کل ژنوتیپ‌ها در ۳ گروه اصلی قرار گرفتند، گروه A شامل ژنوتیپ‌های مربوط به گونه‌های *H. murinum*، *H. marimum*، *H. bulbosume* و *H. vulgare* بود. گروه B شامل ژنوتیپ‌هایی از گونه *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. در حالی که 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



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 منحصر به مکان ژنی کنترل کننده آن صفات و ارتباط آنها روی کروموزوم بستگی دارد که این ارتباط می‌تواند بصورت

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.

لینکاژ ژن‌ها یا اثر متقابل غیر آلی (اپی ستازی) و یا ترکیبی از این حالات جلوه کند، اما در مورد صفات کمی علاوه بر ژنهای کنترل کننده صفت، پارامترهای مختلف از جمله 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 عمدتاً توجیه کننده صفات تعداد سنبلچه، طول دانه، عرض دانه و تعداد دانه در سنبله و متغیر دوم با ۲۲ درصد از تغییرات عمدتاً توجیه کننده صفات بیرون‌زدگی پدانکل، طول محور پدانکل و طول سنبله بود. متغیر سوم با تخصیص ۲۲/۳۸ درصد از تغییرات کل عمدتاً 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 (Tabaei-Aghdai 2007).

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را به ۳ گروه تقسیم کرد که گروه B شامل طیف وسیعی از مناطق جغرافیایی بود.

- Samarraï, 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, *Hordeum 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. *Scientia 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.

### 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. Evaluation 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.

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

A. Ebrahimi<sup>\*1</sup>, M.R. Naghavi<sup>2</sup>, M. Sabokdast<sup>3</sup>, A. Moradi Sarabsheli<sup>4</sup> and K. Ghaderdan<sup>5</sup>

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 species as *H. vulgare*, *H. spontaneum*, *H. bulbosum*, *H. marinum* and *H. murinum* were planted in a systematic design. Ten quantitative traits were measured 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.