

ارزیابی تنوع ژنتیکی جو وحشی (*Hordeum vulgare ssp. spontaneum*) جمع‌آوری شده از غرب ایران و برخی هیبریدهای حاصل از تلاقی با جو زراعی

فاطمه ابراهیم^۱، احمد ارزانی^{۲*} و مهدی رحیم ملک^۳

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۳/۲۸؛ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۸/۶)

چکیده

بررسی تنوع ژنتیکی خوشاوندان وحشی گونه‌های زراعی جو برای سازگاری در محیط‌های تنش‌دار، منابع ارزشمندی برای اصلاح گیاهان زراعی به‌ویژه برای شرایط تغییر اقلیم با معضل گرما و خشکی هستند. در این مطالعه تنوع ژنتیکی ۵۴ ژنوتیپ مشتعل بر ۴۷ ژنوتیپ جو وحشی اسپونتینوم غرب کشور، یک رقم زراعی (ریحان) و شش هیبرید F_۱ حاصل از تلاقی رقم زراعی با جو وحشی با استفاده از صفات مورفولوژیک کمی و کیفی ارزیابی شدند. نتایج نشان داد که عملکرد دانه در بوته در بین صفات کمی دارای بیشترین تنوع و رنگ دانه در بین صفات کیفی، دارای بیشترین چند شکلی بوده‌اند. نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی مؤلفه اول با ۳۱/۵ درصد از تنوع با بیشترین سهم روز تا گل‌دهی، روز تا گرده‌افشانی و روز تا رسیدگی و مؤلفه دوم ۲۲/۱۸ درصد تنوع را با بیشترین سهم عملکرد دانه، وزن هزار دانه و عرض دانه معرفی کرد که این مؤلفه‌ها مرتبط با فنولوژی و عملکرد شناخته شدند. نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه، گروه‌بندی کرد که در گروه اول، رقم زراعی ریحان، گروه دوم، هیبریدهای F_۱ و سه ژنوتیپ وحشی با عملکرد برتر و گروه سوم، ژنوتیپ‌های وحشی شمال غربی کشور و گروه چهارم سایر ژنوتیپ‌های وحشی قرار گرفتند. با وجود باروری کامل هیبرید بین رقم زراعی و ژنوتیپ‌های وحشی به لحاظ کروموزوم‌های همولوگ آنها، نتایج مطالعه حاضر، حاکی از عدم وجود هتروزیس در تلاقی زراعی × اهلی بود.

واژه‌های کلیدی: جو وحشی *H. vulgare ssp. Spontaneum*، تجزیه خوشه‌ای، هیبرید F_۱، صفات مورفولوژیک

۱، ۲ و ۳. به‌ترتیب دانشجوی دکتری، استاد و دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه صنعتی اصفهان

*. مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: a_arzani@cc.iut.ac.ir

مقدمه

ذخائر توارثی خویشاوند گیاهان زراعی که قادرند در شرایط نامطلوب محیطی زنده مانده و رشد و نمو نمایند، به‌ویژه تنوع ژنتیکی گیاهان وحشی موجود در مرکز تنوع یک گیاه زراعی، بسیار با ارزش بوده و ضروری است نسبت به جمع‌آوری، ارزیابی و بهره‌برداری آنها در طرح‌های اصلاحی اقدام شود (۱). مطالعه تنوع ژنتیکی فرآیندی است که تفاوت یا شباهت گونه‌ها، جمعیت‌ها و یا افراد را با استفاده از روش‌ها و مدل‌های آماری خاص براساس صفات مورفولوژیک، اطلاعات شجره‌ای یا خصوصیات مولکولی افراد بیان می‌کند (۱۴).

صفات مورفولوژیک اولین نشانگرهایی بودند که برای ارزیابی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار گرفتند. این نشانگرها در واقع نتیجه جهش‌های قابل رویت در ریخت ظاهری موجود هستند و در صورتی به‌عنوان نشانگر ژنتیکی قابل استفاده هستند که بیان آنها در طیف وسیعی از محیط‌های مختلف تکرارپذیر باشد (۱۵). بررسی‌های مورفولوژیک مطالعات پایه‌ای جهت شناسایی، طبقه‌بندی و گزینش در برنامه‌های اصلاحی است. تا سال‌های ۱۹۶۰ مطالعات سیستماتیک عموماً مبتنی بر تنوع مورفولوژیک بود که با توجه به پیشرفت‌های چشمگیر در زمینه زیست‌شناسی مولکولی، هنوز هم دارای اهمیت هستند (۱۵).

جو گراس (*Hordeum vulgare ssp. vulgare* L.) یک‌ساله، دیپلوئید $2n = 2x = 14$ و خودگشن و از قبیله Triticeae است (۶، ۸ و ۱۳). با توجه به اینکه هیبرید بین جو زراعی (*H. vulgare ssp. vulgare*) و جو وحشی (*H. spontaneum*) کاملاً بارور و دارای کروموزوم‌های کاملاً همولوگ است، این جو وحشی به‌عنوان زیر گونه *H. vulgare* در نظر گرفته می‌شود. بدین ترتیب جو وحشی با تاکسونومی جدید *Hordum vulgare ssp. spontaneum* (C. Koch) شناخته شده و به‌عنوان خزانه اولیه جو به‌شمار می‌رود (۱۱). جوهای وحشی *H. vulgare ssp. spontaneum* دو ردیفه بوده و اعتقاد بر این است که جوهای زراعی شش ردیفه از جوهای دو ردیفه اهلی حاصل شده‌اند (۱۶ و ۱۹). در مقایسه با جو اهلی، این گونه

وحشی دارای برگ‌های باریک‌تر، بذرهای کمی کوچک‌تر، ساقه‌ها و ریشک‌های بلندتر و محور سنبله شکننده در زمان برداشت است. تفاوت اصلی جو وحشی و اهلی، در شکننده نبودن محور سنبله، وزن بیشتر بذر و وجود سنبله شش ردیفه و دانه برهنه در گونه‌های اهلی است (۱۷)

منشأ جو، هلال حاصخیز و ایران- تورانی است که بیشترین تنوع ژنتیکی آن نیز در این ناحیه مشاهده شده است (۲). مطالعات نشان داده است که بیشترین تنوع ژنتیکی جو وحشی به نواحی غربی در دامنه جغرافیایی فلسطین اشغالی، سوریه، ایران و عراق مربوط است (۲، ۱۱، ۱۴) و به‌دلیل وجود تنوع ژنتیکی غنی در جو وحشی این گونه جهت اصلاح ژنتیکی جو زراعی استفاده می‌شود. پایه ژنتیکی محدود گونه‌های زراعی به یکنواختی ارقام حاصل از برنامه‌های به‌نژادی، تنوع ژنتیکی کافی برای مطالعات و اصلاح ژنتیکی به‌خصوص برای تنش‌های محیطی وجود ندارد (۲). از طرفی گونه‌های وحشی به‌عنوان اجداد گونه‌های زراعی به لحاظ تکامل و انتخاب طبیعی در شرایط اقلیمی و محیطی متنوعی سازگار شده بدین‌منوال، منابع ژنتیکی غنی برای تحمل به تنش‌های محیطی زنده و غیرزنده مثل خشکی، شوری و بیماری‌ها محسوب می‌شوند. بنابراین جمع‌آوری، نگهداری و ارزیابی تنوع ژنتیکی از لحاظ مورفولوژیک و تحمل به تنش‌های زنده و غیرزنده در گونه‌های وحشی حائز اهمیت زیادی است (۳، ۱۲، ۱۳ و ۱۴).

براساس برآورد الیس و همکاران (۵) و کیلیان و همکاران (۹) ارقام جو کنونی تنها حاوی ۴۰-۱۵ درصد از مجموعه آلل‌های هستند که در مخازن ژنی جو وجود داشته و به‌کارگیری راه‌کارهایی که به انترگراسیون تنوع آلی وحشی درون ارقام جو زراعی کمک کند، الزامی است (۲۱)

شاخاطره و همکاران (۱۸) در بررسی جمعیت‌های جو وحشی *H. vulgare ssp. spontaneum* که از مناطق مختلف اردن جمع‌آوری شده بودند، به‌همراه ژنوتیپ‌های جو زراعی، تنوع بالایی در صفات مورفولوژیک و زراعی مشاهده نمودند. در مطالعه‌ای که توسط زهراوی و همکاران (۲۱) بر روی ۳۵

همچنین باید تأکید نمود که در شرایط کنونی و آتی با توجه به تغییر اقلیم و گرم شدن کره زمین، بهره‌برداری از این گونه منابع ژنتیکی برای بهبود تحمل به تنش‌های خشکی و گرما ارقام زراعی اجتناب ناپذیر می‌نماید.

بنابراین پژوهش حاضر به ارزیابی آگرومورفولوژیکی ژنوتیپ‌های جو وحشی اسپونتئوم و هیبریدهای F₁ حاصل از تلاقی برخی از آنها با جو زراعی پرداخته است.

مواد و روش‌ها

تعداد ۴۷ ژنوتیپ جو وحشی *H. vulgare ssp. spontaneum* جمع‌آوری شده از مناطق مختلف در غرب ایران (استان‌های لرستان، ایلام، کرمانشاه، کردستان و آذربایجان شرقی) به همراه رقم زراعی ریحان ۰۳ و ۶ هیبرید F₁ حاصل از تلاقی رقم زراعی با جو وحشی اسپونتئوم در پاییز ۱۳۹۳ در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه صنعتی اصفهان، کشت شدند. ارزیابی صفات مورفولوژیک براساس دیسکریپتور IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) (۶) انجام گرفت. براساس موقعیت جغرافیایی شش ژنوتیپ جو وحشی که هر کدام متعلق به یک استان بوده انتخاب شده و با جو زراعی تلاقی داده شدند. صفات مورد بررسی و نحوه اندازه‌گیری آنها در جدول ۱ آمده است. ارزیابی ژنوتیپ‌ها در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام گرفت. هر کرت آزمایشی شامل دو ردیف کشت به طول ۱۵۰ سانتی‌متر با فاصله ردیف ۳۰ سانتی‌متر بود. اندازه‌گیری تمام صفات برای هر ژنوتیپ حداقل پنج نمونه انجام شد و آماره‌های تمایل به مرکز و پراکندگی صفات محاسبه شدند. همچنین ضریب تغییرات و شاخص شانون (۲۰) به‌عنوان برآوردکننده ای از تنوع در صفات کمی و کیفی برای هر صفت محاسبه شدند. میزان تنوع صفات کیفی با استفاده از شاخص تنوع شانون (H) و به کمک نرم‌افزار PopGene2 محاسبه شد. این شاخص براساس توزیع فراوانی صفات کیفی بوده به‌صورت رابطه (۱) محاسبه شد:

$$H_c = -\sum p_i \log_e p_i \quad (1)$$

نمونه *H. vulgare ssp. spontaneum* از کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران، مشخص شد ضریب تغییرات برای صفات تولید دانه و علوفه به‌طور نسبی بالا بود و شاخص شانون، صفات رنگ اریکل و رنگ قاعده ساقه واجد بیشترین تنوع در بین صفات کیفی را داشت. شاهمرادی و همکاران (۱۷) در مطالعه تعدادی اکوتیپ وحشی *H. vulgare ssp. spontaneum* بیشترین ضریب تغییرات در میان صفات کمی در صفات وزن و سطح برگ پرچم مشاهده کردند، ضمن اینکه رنگ ساقه و ایستادگی سنبله دارای بیشترین تنوع در صفات کیفی بودند. آنها در گروه‌بندی براساس صفات مورفولوژیکی وزراعی هماهنگی بیشتری با تقسیم‌بندی اقلیمی مبدأ جمع‌آوری اکوتیپ‌ها نشان داد. اخیراً براتی و همکاران (۳) تعداد ۱۱ نمونه جو وحشی اسپونتئوم (ایرانی و خارجی) را به همراه نمونه‌های سایر گونه‌های وحشی جو از لحاظ خصوصیات مورفولوژیک و شرایط تنش خشکی مورد ارزیابی قرار داده و ضمن مشاهده تنوع ژنتیکی بالا، برای صفات مورد مطالعه، تجزیه به عامل‌ها قادر به تفکیک گونه‌های وحشی از اهلی نبود. با وجود تعداد محدود گزارش‌ها در زمینه تنوع ژنتیکی درون‌گونه *H. vulgare ssp. spontaneum* و لی ارزیابی آگرومورفولوژیکی هیبریدهای حاصل از تلاقی جو وحشی با جو زراعی تاکنون گزارش نشده است. ضمن اینکه مطالعه حاضر ژرم‌پلاسم جو وحشی اسپونتئوم جمع‌آوری شده از غرب کشور (استان‌های لرستان، ایلام، کرمانشاه، کردستان و آذربایجان شرقی) به‌عنوان ناحیه‌ای از ایران که بخشی از مراکز منشأ (هلال حاصلخیز) که در ایران واقع شده است را مورد استفاده قرار داده است، که اطلاعات ارزشمندی را در زمینه تنوع ژنتیکی این گونه در این ناحیه جغرافیایی ارائه خواهد داد. قابل ذکر است که این ناحیه از تنوع اقلیمی و آب‌وهوایی متنوعی برخوردار است، به‌طوری که در جنوب ایلام به‌عنوان ناحیه گرم و خشک به‌ویژه در زمان پر شدن دانه‌ها تا مناطقی معتدل و کوهستانی نظیر کردستان گسترش داشته است که خود نشانه سازگاری گسترده جو وحشی اسپونتئوم است (۱).

جدول ۱. صفات مورفولوژیک مورد مطالعه در جو وحشی و هیبریدهای حاصل از تلاقی با جو زراعی و نحوه اندازه‌گیری آنها

ردیف	صفات مورد بررسی	نحوه اندازه‌گیری صفات
۱	تعداد سنبله در بوته	میانگین ۵ بوته
۲	تعداد دانه در سنبله	میانگین ۵ سنبله
۳	وزن هزار دانه	برحسب گرم
۴	عملکرد	برحسب گرم بر بوته
۵	ارتفاع بوته	برحسب سانتی‌متر
۶	طول ریشک	برحسب سانتی‌متر
۷	طول سنبله	برحسب سانتی‌متر
۸	طول لما	برحسب سانتی‌متر
۹	طول گلوم	برحسب سانتی‌متر
۱۰	طول بذر	برحسب میلی‌متر
۱۱	عرض بذر	برحسب میلی‌متر
۱۲	روز تا گل‌دهی	تعداد روز از اول فروردین تا ۵۰ درصد گل‌دهی در بوته
۱۳	روز تا گرده‌افشانی	تعداد روز از اول فروردین تا ۵۰ درصد گرده‌افشانی در بوته
۱۴	روز تا رسیدگی	تعداد روز از اول فروردین تا ۵۰ درصد رسیدگی در بوته
۱۵	ایستادگی سنبله	پرزدار بودن میانگره با عدم پرز، پرز کم، متوسط و زیاد به ترتیب با شماره‌های ۱، ۳، ۵ و ۷
۱۶	پوشش دانه	پرزدار بودن گره با عدم پرز، پرز کم، متوسط و زیاد به ترتیب با شماره‌های ۱، ۳، ۵ و ۷
۱۷	تعداد ردیف	دور ردیفه، غیر متعارف و شش ردیفه به ترتیب ۱، ۲ و ۳
۱۸	تراکم سنبله	متراکم، بدون تراکم و متوسط به ترتیب ۷، ۳ و ۵
۱۹	نوع ریشک لما	بدون ریشک، ریشک کوتاه و ریشک بلند به ترتیب ۱، ۲ و ۳
۲۰	نوع خار ریشک	نرم، ضخیم و متوسط به ترتیب ۳، ۷ و ۵
۲۱	گلوم و ریشک گلوم	کوتاه‌تر از دانه، هم‌اندازه دانه، بلندتر از دانه و دو برابر دانه به ترتیب ۱، ۲، ۳ و ۴
۲۲	نوع لما	بدون دندانه، دندانه‌دار و دارای مو به ترتیب ۱، ۲ و ۳
۲۳	کرک‌دار بودن گلوم	بدون کرک و کرک‌دار به ترتیب ۱ و ۲
۲۴	عادت رشد	ایستاده، خوابیده و متوسط به ترتیب شماره‌های ۳، ۷ و ۵
۲۵	رنگ لما	زرد، قرمز، بنفش سیاه و سایر موارد به ترتیب ۱، ۲، ۳، ۴ و ۵
۲۶	رنگ دانه	سفید، قرمز، بنفش، سیاه و سایر موارد به ترتیب ۱، ۲، ۳، ۴ و ۵
۲۷	رنگ ریشک	سفید، زرد، قهوه‌ای، سیاه و سایر موارد به ترتیب ۱، ۲، ۳، ۴ و ۵
۲۸	رنگ گلوم	سفید، زرد و سیاه به ترتیب ۱، ۲ و ۳
۲۹	رنگ ساقه	سبز، بنفش به ترتیب ۱ و ۲
۳۰	رنگ گوشوارک	سبز، بنفش روشن و بنفش تیره به ترتیب ۱، ۲ و ۳

که در آن C صفات معین، n تعداد کلاس‌های فنوتیپی و Pi هستند، است (۲۰).

نسبت تعداد افرادی که دارای وضعیت آم از صفت مورد نظر تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای (به‌روش

جدول ۲. نتایج تجزیه واریانس صفات کمی ژنوتیپ‌های جو مورد مطالعه شامل زراعی، وحشی و هیبریدهای حاصل از تلاقی زراعی با وحشی

منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات						
		ارتفاع بوته	طول ریشک	طول سنبله	طول لما	طول گلوم	عرض بذر	
بلوک	۲	۱/۴۹	۰/۳۶	۰/۰۵	۰/۰۰۷	۰/۰۵	۰/۰۱	
ژنوتیپ	۵۳	۱۹۳**	۸/۸۷**	۴/۴۷**	۰/۰۵**	۰/۳۴**	۰/۱۴**	
F۱	۵	۲۵۴**	۴/۴۵**	۵/۵۸**	۰/۰۰۴۷	۰/۱۶۵	۰/۰۳۷	
ژنوتیپ‌ها	۴۷	۱۹۰**	۸/۵۰**	۴/۴۱**	۰/۰۵**	۰/۳۴۲**	۰/۰۸۱**	
F۱ در مقابل ژنوتیپ	۱	۱۵/۷۰	۴۸/۶۷**	۱/۹۶**	۰/۲۸۱**	۰/۹۳۱**	۳/۳۸**	
اشتباه آزمایشی	۱۰۶	۱۷/۸۹	۰/۲۷	۰/۲۹	۰/۰۰۴	۰/۰۷	۰/۰۶	
CV%		۵/۱۴	۳/۸۴	۵/۴۲	۴/۴۵	۱۲/۱۶	۳/۲۴	
منابع تغییر	درجه آزادی	تعداد سنبله در بوته	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد بوته	روز تا گل‌دهی	روز تا گرده‌افشانی	روز تا رسیدگی
بلوک	۲	۳۴	۰/۶	۶/۱	۱	۱/۸۰	۱/۶۵	۴/۵۸
ژنوتیپ	۵۳	۲۳۵**	۲۲/۸۳۵**	۱۶۱/۵**	۳۴۷**	۸۸/۳۲**	۸۷/۴۳**	۷۹/۲۱**
F۱	۵	۱۱۹*	۳۸**	۵۲/۱۱**	۴۴۶**	۱۱۰**	۱۴۶**	۱۴۳**
ژنوتیپ‌ها	۴۷	۲۵۲**	۹۰/۲۲**	۷۴/۷۸**	۲۸۰**	۸۷/۸۳**	۸۳/۰۵**	۶۶/۱۰۰**
F۱ در مقابل ژنوتیپ	۱	۳/۵۶	۳۷/۳۴**	۴۷۲۶**	۵۱۸۰**	۳/۵۶	۰/۲۲۲	۳۷۵**
اشتباه آزمایشی	۱۰۶	۴۷/۷	۲/۱۸	۱/۶۶	۴۳	۱/۷۱	۱/۶۷	۳/۰۱
CV%		۴/۹۳	۵/۷	۳/۹۵	۱۶/۸۲	۷/۷۴	۵/۷۲	۳/۴۳

** و * به ترتیب اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد و پنج درصد

۲. نتایج تجزیه واریانس براساس تجزیه ارتوگونال ژنوتیپ‌ها به اجزای ژنوتیپ‌های اسپونتنتوم، رقم ریحان ۰۳ و هیبریدهای F۱ حاصل از تلاقی بین اسپونتنتوم و ریحان ۰۳ برای صفات کمی در جدول ۲ نیز ارائه شده است. اثر ژنوتیپ‌ها (ژنوتیپ‌های وحشی و رقم ریحان ۰۳) برای همه صفات، اثر هیبریدهای F۱ برای صفات مهم زراعی (ارتفاع بوته، فنولوژیک و اجزای عملکرد) و اثر ژنوتیپ‌ها در برابر F۱ها برای بیشتر صفات معنی‌دار بود. به طوری که هیبریدهای F۱ تنها از نظر صفات طول لما و طول گلوم و طول و عرض دانه اختلاف معنی‌داری نداشتند. در حالی که ژنوتیپ‌ها (۴۷ وحشی و ۱ زراعی) از نظر همه صفات اختلاف بسیار معنی‌داری داشتند. F۱ها در مقابل ژنوتیپ‌ها از نظر همه

WARD مبتنی بر فواصل اقلیدوسی) براساس میانگین صفات نمونه‌های مورد بررسی توسط نرم‌افزار StatGraphic Plus 2.1 انجام شد. تعداد مناسب کلاستر از طریق p value با استفاده از آزمون T۲ هوتلینگ برآورد شد. تجزیه واریانس داده‌های حاصل از ارزیابی پس از اطمینان از نرمال بودن توزیع فراوانی داده‌ها، به صورت طرح بلوک کامل تصادفی با استفاده از نرم‌افزار آماری SAS 9.4 انجام گرفت.

نتایج و بحث

در مطالعه حاضر ۳۰ صفت کمی و کیفی مورد مطالعه قرار گرفت و نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ۱۴ صفت کمی از تنوع بسیار معنی‌داری در بین ژنوتیپ‌ها برخوردارند (جدول

جدول ۳. آماره‌های توصیفی صفات کمی مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های جو وحشی و جو زراعی

ضریب تغییرات (%)	انحراف معیار	واریانس	میانگین	حداکثر	حداقل	صفت
۱۲/۱۸	۱/۲۱	۱/۴۶	۹/۹۵	۱۳/۵۰	۷/۷	طول سنبله (سانتی‌متر)
۱۲/۶۵	۱/۶۸	۲/۸۳	۱۳/۳	۱۶/۷۵	۱۰/۶۰	طول ریشک (سانتی‌متر)
۱۴/۸۴	۰/۳۴	۰/۱۱	۲/۲۷	۳/۲۴	۱/۶	طول گلوم (سانتی‌متر)
۸/۵۵	۰/۱۲۸	۰/۰۱۶	۱/۵	۱/۸۶	۱/۰۷	طول لما (سانتی‌متر)
۵/۸۲	۰/۵۶	۰/۳۱	۹/۶۱	۱۰/۹۷	۸/۳۲	طول بذر (میلی‌متر)
۵/۸۵	۰/۱۶	۰/۰۲۷	۲/۸۰	۳/۴	۲/۵۱	عرض بذر (میلی‌متر)
۹/۶۶	۷/۹۶	۶۳/۳۸	۸۲/۳۷	۹۶/۷۵	۶۳	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
۱۹/۸۰	۹/۱۷	۸۴/۱۰	۴۶/۳	۶۴	۲۵	تعداد سنبله در بوته
۲۰/۴۱	۵/۴۸	۳۰/۰۷	۲۶/۸۶	۶۰	۱۹	تعداد دانه در سنبله
۱۶/۲۶	۴/۹۹	۲۴/۹۲	۳۰/۶۸	۴۷/۲۵	۲۱/۴۶	وزن هزار دانه (گرم)
۲۵/۷	۹/۶۶	۹۳/۳۶	۳۷/۶	۶۷/۲۶	۱۹/۳	عملکرد دانه (گرم در بوته)
۳۱/۴۵	۵/۳۲	۲۸/۳۲	۱۶/۹۱	۲۹	۹	روز تا گل‌دهی
۲۳/۲۶	۵/۲۶	۲۷/۶۸	۲۲/۶۱	۳۶	۱۱/۶۶	روز تا گرده‌افشانی
۹/۳۸	۴/۷	۲۲/۰۳	۴۹/۹۸	۶۴	۴۳	روز تا رسیدگی

واریانس، انحراف معیار و ضریب تغییرات برای صفات کمی را برای هیبریدها آمده است. براساس آن مشخص می‌شود که صفت روز تا گل‌دهی و روز تا گرده‌افشانی بیشترین میزان تنوع و طول لما کمترین میزان تنوع را داشته‌اند. درحالی‌که صفت عملکرد در والدین‌شان از تنوع اندکی برخوردار بوده است.

میزان تنوع موجود در صفات کیفی با استفاده از شاخص تنوع شانون که براساس توزیع فراوانی صفات کیفی است، برآورد شد. مقادیر شاخص تنوع شانون برای صفات کیفی داخل پرانتز نوشته شده است که شامل عادت رشد (۱/۰۷۵)، رنگ ساقه (۰/۳۱)، رنگ اریکل (۰/۱)، ایستادگی سنبله (۰/۸۱)، رنگ ریشک (۰/۴۸)، تعداد ردیف (۰/۴۴)، خار ریشک لما (۰/۱۱)، نسبت گلوم به دانه (۰/۶۶)، رنگ گلوم (۰/۶۴)، نوع لما (۰/۱۱) و رنگ دانه (۱/۱۳) است. براساس این نتایج صفات رنگ دانه (۱/۱۳) بیشترین و رنگ اریکل، (۰/۱) خار ریشک لما (۰/۱۱) و نوع لما (۰/۱۱) کمترین میزان تنوع

صفات به جز صفات ارتفاع بوته، تعداد سنبله در بوته، روز تا گل‌دهی و روز تا گرده‌افشانی اختلاف بسیار معنی‌دار داشت. بنابراین F1 از نظر این صفات با والدینش و کل وحشی‌ها تفاوت نداشته است ولی از نظر بقیه صفات تفاوت دارد.

جدول ۳ آماره‌های توصیفی شامل حداقل، حداکثر، میانگین، واریانس، انحراف معیار و ضریب تغییرات برای صفات کمی را برای کل ژنوتیپ‌های مورد مطالعه (۴۷ ژنوتیپ وحشی، یک ژنوتیپ زراعی و شش هیبرید) نشان می‌دهد. براساس آن مشخص می‌شود که صفت عملکرد و روز تا گل‌دهی بیشترین میزان تنوع و طول و عرض بذر کمترین میزان تنوع را داشته است. نتایج مطالعه حاضر با گزارش زهراوی و همکاران (۲۱) با بررسی ۳۵ نمونه جو وحشی *H. vulgare spp. spontaneum* که از کلکسیون بانک ژن گیاهی کشور تهیه کرده بود و بیشترین تغییرات ضریب در بین صفات کمی را برای عملکرد دانه معرفی کرد، هماهنگی دارد. جدول ۴ آماره‌های توصیفی شامل حداقل، حداکثر، میانگین،

جدول ۴. آماره‌های توصیفی صفات کمی مورد مطالعه در هیبریدهای حاصل از تلاقی با جو زراعی

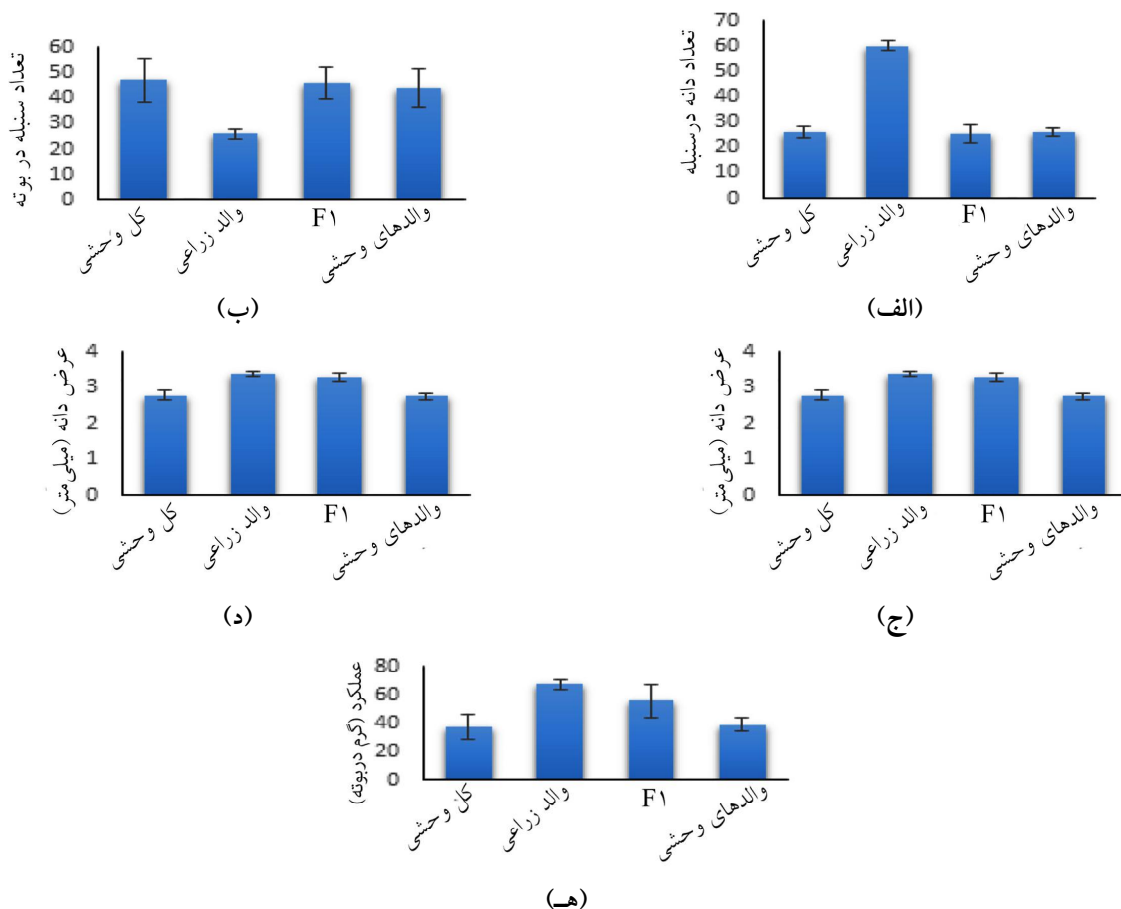
ضریب تغییرات (%)	انحراف معیار	واریانس	میانگین	حداکثر	حداقل	صفت
۱۴/۲۱	۱/۳۶	۱/۸۶	۹/۶۰	۱۰/۷۵	۷/۷	طول سنبله (سانتی‌متر)
۸/۱۰۶	۱/۲۱	۱/۴۸	۱۵	۱۷	۱۳/۵	طول ریشک (سانتی‌متر)
۱۱/۵۶	۰/۲۳	۰/۰۵	۲	۲/۲۸	۱/۷	طول گلوم (سانتی‌متر)
۲/۸۹	۰/۰۳۹	۰/۰۱۵	۱/۳۷	۱/۴۳	۱/۳۳	طول لَمّا (سانتی‌متر)
۳/۶	۰/۳۵	۰/۱۲۵	۹/۸۳	۱۰/۱۵	۹/۲۵	طول بذر (میلی‌متر)
۳/۴۳	۰/۱۱	۰/۰۱	۳/۲۶	۳/۴	۳/۱	عرض بذر (میلی‌متر)
۱۱/۳۱	۹/۲۰	۸۴/۸۱	۸۱/۳۸	۹۰/۵۰	۶۸/۱۱	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)
۱۳/۷۵	۶/۳۰	۳۹/۷۶	۴۵/۸۳	۵۲	۳۵	تعداد سنبله در بوته
۱۴/۰۵	۳/۵۵	۱۲/۶۶	۲۵/۳۳	۲۹	۲۰	تعداد دانه در سنبله
۸/۷۰	۴/۱۶	۱۷/۳۷	۴۷/۸۷	۵۳/۶۵	۴۱	وزن هزار دانه (گرم)
۶/۰۸	۳/۸۱	۱۴/۵۱	۶۲/۶۵	۶۸/۸۷	۵۹	عملکرد دانه (گرم در بوته)
۳۴/۹۳	۶/۰۵	۳۶/۶۶	۱۷/۳۳	۲۹	۱۱	روز تا گل‌دهی
۳۱	۶/۹۷	۴۸/۷۰	۲۲/۵	۳۶	۱۶	روز تا گرده‌افشانی
۱۲/۶۰	۶/۹۱	۴۷/۷۶	۵۴/۸۳	۶۷	۴۷	روز تا رسیدگی

با هیبریدهای F1 در شکل ۱ نشان داده شده است. براساس این مشاهدات والد زراعی بیشترین عملکرد را داشت و هیبریدهای F1 نیز در اثر تلاقی با رقم ریحان ۰۳ عملکردشان نسبت به کل وحشی‌ها و والد‌های وحشی‌شان، افزایش یافته است ولی نسبت به والد زراعی‌اش (رقم ریحان ۰۳) افزایش نداشت (شکل ۱ ح) عدم مشاهده هتروزیس در مطالعه حاضر هنگامی که عملکرد دانه بوته هیبریدها نسبت به میانگین والدین و همین‌طور والد زراعی (برتر) مقایسه شد، می‌توان این نتیجه را با خصوصیات نامطلوب والد وحشی در نتاج هیبرید توجیه نمود. برای مثال رقم زراعی ریحان ۰۳ شش ردیفه است و جو وحشی اسپانتانوم دو ردیفه است و به‌خاطر غالب بودن ژن دو ردیفه بر شش ردیفه، هیبریدهای F1 همگی دو ردیفه شدند. این موضوع برخلاف این مطلب است که در میان خویشاوندان وحشی گونه‌های زراعی جو وحشی "اسپونتانوم" یک استثنا بوده، زیرا اختلاف سیستماتیک آن با جو زراعی در حد زیر گونه است. بنابراین با جو زراعی کاملاً تلاقی‌پذیر بوده و هیبرید کاملاً باروری را ایجاد می‌کند.

بین صفات کیفی را به خود اختصاص دادند. بنابراین می‌توان گفت صفت رنگ دانه دارای توزیع نسبتاً متعادل در فراوانی فنوتیپ‌ها بوده است.

در این مطالعه مشخص شد که رنگ مشک‌ی دانه فراوانی بیشتری نسبت به سایر رنگ‌ها داشت که با مطالعه ما (۱۰)، ما و همکاران (۱۱) و چو و همکاران (۴) که گزارش کردند حدود ۷۰ درصد از نمونه‌های جو وحشی تبت، دارای دانه‌های رنگ سیاه بودند، مطابقت داشته است. همچنین با مطالعه زهرآوی و همکاران (۲۱) که مشاهده نمودند که بیشتر جوهای وحشی دارای رنگ مشک‌ی بودند، هماهنگی داشت. ما و همکاران (۱۱) بیان داشتند که همه نمونه‌های واقع در ارتفاع ۴۰۰۰ متر یا بالاتر به‌طور معنی‌داری رنگ تیره‌تری داشتند. آنها همچنین اظهار داشتند که جوهای تیره که به‌طور رایج در تبت وجود دارند، دارای تحمل بیشتری نسبت به تنش‌های زنده و غیر زنده هستند.

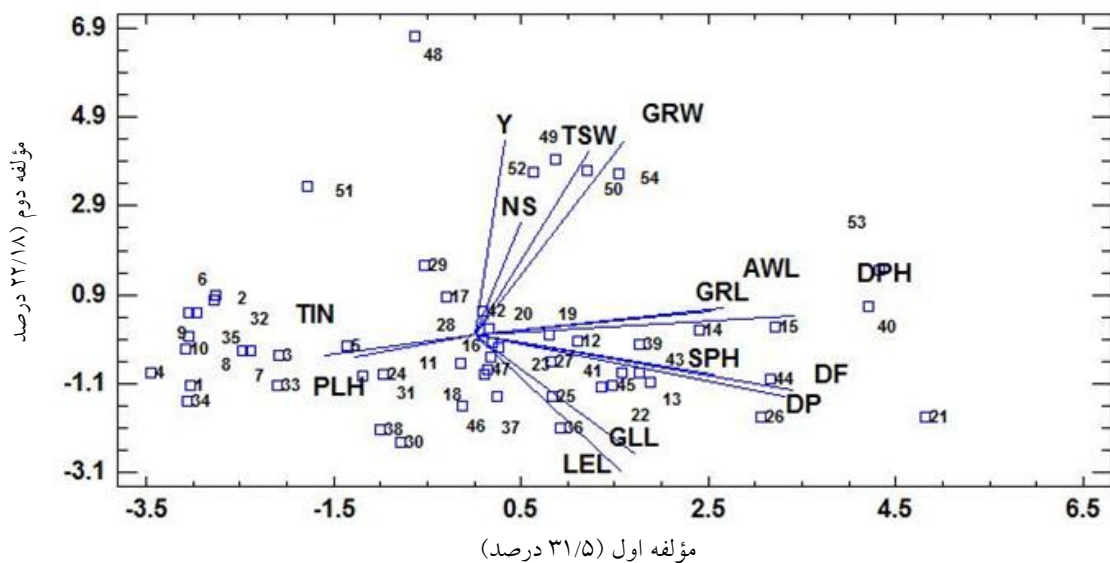
مقایسه عملکرد دانه و صفات مرتبط با عملکرد والد‌های وحشی و والد زراعی (ریحان ۰۳) و کل ژنوتیپ‌های وحشی



شکل ۱. مقایسه میانگین والدهای وحشی، والد زراعی، کل ژنوتیپ‌های وحشی و هیبریدهای F1 از نظر صفات عملکرد دانه در بوته و اجزای آن (میله نشان‌دهنده انحراف معیار)

تاگل دهی، روز تا گرده‌افشانی و روز تا رسیدگی بیشترین سهم را داشتند. بنابراین می‌توان مؤلفه اول را مؤلفه فنولوژی نامید که در آن سهم ویژگی‌ها مربوط به فنولوژی نسبت به سایر صفات بیشتر بوده است. مؤلفه دوم ۲۲/۱۸ درصد تنوع موجود را توجیه کرد که در آن صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه و عرض دانه سهم بیشتری داشتند و از این جهت مؤلفه دوم به‌عنوان مؤلفه عملکرد شناخته شد. شکل ۲ نمودار پراکنش صفات و ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را براساس مؤلفه اول و دوم نشان می‌دهد. براساس این نمودار مشخص شد که رقم زراعی ریحان و هیبریدهای F1 بالاترین مقادیر مؤلفه دوم را به خود اختصاص دادند. پراکنش ژنوتیپ‌های *H. vulgare ssp. spontaneum* بیشتر به سمت مؤلفه اول بود.

صفت وزن هزار دانه هیبریدهای F1 نسبت به والدینش و کل وحشی‌ها افزایش یافته و به وزن هزار دانه والد زراعی نزدیک شده بود (شکل ۱-د). از نظر صفات تعداد سنبله در بوته و تعداد دانه در سنبله هیبریدهای F1 شبیه والدهای وحشی و کل وحشی‌ها بودند و با والد زراعی کاملاً متفاوت بودند (شکل ۱ الف و ب). هیبریدهای F1 از نظر صفت عرض دانه تقریباً نزدیک والد زراعی بودند، بنابراین می‌توان گفت افزایش عملکرد در هیبریدهای F1 به خاطر افزایش وزن هزار دانه و عرض دانه بوده است (شکل ۱ ج). با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس صفات کمی سه مؤلفه اصلی ۷۰ درصد تنوع موجود را توجیه کردند. مؤلفه اول ۳۱/۵ درصد از تنوع موجود را توجیه کرد که در آن صفات روز

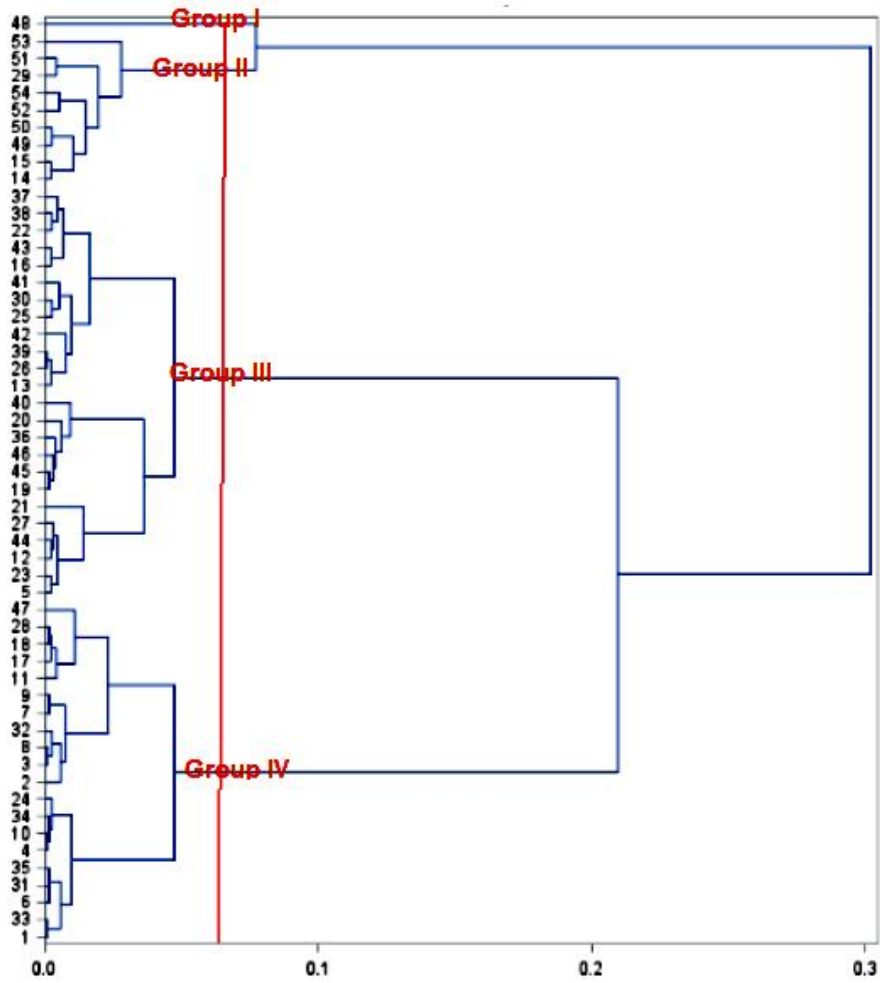


شکل ۲. نمودار بای پلات صفات کمی مورد ارزیابی جو وحشی و هیبریدهای حاصل از تلاقی با جو زراعی

وحشی که عملکرد بالاتری نسبت به بقیه ژنوتیپ‌های وحشی داشتند و گروه سه نمونه‌های مناطق شمال غربی کشور قرار گرفتند. گروه چهار نمونه‌های مربوط به منطقه غرب کشور قرار گرفتند (شکل ۳). نتایج حاضر با مطالعه زهراوی و همکاران (۲۱) بر روی ۳۵ نمونه از کلکسیون بانک ژن گیاهی انجام شده بود و نمونه‌های استان‌های ایلام، کرمانشاه، لرستان و آذربایجان غربی که مربوط به غرب کشور بودند که از بقیه گروه‌ها جدا شدند، هماهنگی دارد. در تحقیق شاخاطره همکاران (۱۸) نیز نتایج تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های جو وحشی اسپاننانوم با الگوی اکولوژیکی و جغرافیایی آنها تطابق داشت. همچنین مطالعات نشان داده است که استفاده از صفات مورفولوژیک جهت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف گیاهی تحت تأثیر عوامل مختلفی مانند نوع و تعداد صفات مورد بررسی، توزیع جغرافیایی نمونه‌ها و نیز جهش‌ها قرار می‌گیرند و در هر منطقه براساس الگوی سازگاری اقلیمی آن تنوع اختصاصی شکل می‌گیرد. نتایج تجزیه خوشه‌ای برای تعیین والدین مناسب تلاقی‌ها در برنامه‌های اصلاحی قابل استفاده است. تنوع رنگ دانه در شکل ۴ نشان داده شده است.

برای مثال ژنوتیپ ۲۱ بیشترین مقدار مؤلفه اول را داشت که این ژنوتیپ بیشترین روز تا گرده‌افشانی و روز تا گل‌دهی را دارا بود، ضمن اینکه همبستگی بین صفات از طریق زاویه بین بردارهای آنها مشخص می‌شود. در این مطالعه مشخص شد که صفات عملکرد دانه، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و عرض دانه همبستگی قوی با هم داشتند، ضمن اینکه صفت روز تا گل‌دهی، روز تا گرده‌افشانی، روز تا رسیدگی و طول ریشک و طول دانه و طول گلوم و طول لمان نیز همبستگی قوی با هم داشتند و صفت ارتفاع بوته هم با تعداد سنبله در بوته همبستگی زیادی داشت. بنابر گزارش زهراوی و همکاران (۲۱) با استفاده از صفات کمی، سه مؤلفه اصلی اول ۷۱/۲۴ درصد تغییرات را توجیه کرده که در مؤلفه اول آن عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک هم‌زمان دارای بیشترین سهم بوده‌اند. درحالی‌که در مؤلفه دوم صفات روز تا سنبله و روز تا گل‌دهی بیشترین سهم را داشته‌اند که با نتایج این مطالعه هماهنگی دارد.

تجزیه خوشه‌ای به‌روشنی وارد با استفاده از صفات کمی و کیفی ژنوتیپ‌ها را به چهار گروه تقسیم نمود. در گروه اول رقم زراعی ریحان و گروه دو هیبریدهای F₁ و سه ژنوتیپ



شکل ۳. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های جو وحشی و هیبریدهای حاصل از تلاقی با جو زراعی براساس صفات کمی و کیفی (شماره‌های ۱ تا ۴۷ ژنوتیپ‌های وحشی شماره ۴۸ رقم ریحان و شماره‌های ۴۹ تا ۵۴ هیبریدهای (F۱))



شکل ۴. تنوع رنگ بذر در جو وحشی *H. vulgare spp. spontaneum*

نتیجه گیری

به‌عنوان جد جو زراعی که دارای خزانه ژنی غنی از نظر ژن‌های تحمل به تنش‌های زنده و غیرزنده بوده و با جو زراعی همولوژی کروموزومی داشته و به سهولت با آن تلاقی‌پذیر است، برای اصلاح جو، ایده‌آل است. نتایج این مطالعه بر اهمیت به‌سزای گونه *H. vulgare ssp. spontaneum* به‌عنوان مخزنی از ژن‌های با ارزش که دارای پتانسیل ژنتیکی بالا جهت اصلاح جو است، تأکید می‌کند. خزانه ژنی این گونه وحشی در طی صدها هزار سال انتخاب طبیعی و تکامل در نواحی هلال حاصلخیز تحت شرایط تنش‌های غیرزیستی نظیر خشکی و شوری بالا نسبتاً غنی شده است، به همین لحاظ تنوع قابل توجهی برای ویژگی‌های مختلف درون گونه‌ای که در مطالعه حاضر برای ژنوتیپ‌های مناطق غرب و شمال غرب کشور بود مشاهده شد.

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که صفات کمی که جهت بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های ایرانی *H. vulgare ssp. spontaneum* استفاده شد، تنوع بسیار معنی‌داری را در بین ژنوتیپ‌ها نشان دادند، ضمن اینکه از لحاظ صفات کیفی مورفولوژیک نیز چند شکلی قابل ملاحظه‌ای وجود داشت. نتایج تجزیه خوشه‌ای حاکی از این بود که در هر منطقه براساس الگوی سازگاری اقلیمی آن ناحیه تنوع اختصاصی برای صفات مورفولوژیک شکل گرفته است. با توجه به اینکه به‌کارگیری خویشاوندان وحشی جو در برنامه‌های اصلاحی در درجه اول مستلزم وجود تنوع ژنتیکی بوده و در درجه دوم نیازمند امکان اجرای هیبریداسیون است. بنابراین جو اسپانتانوم (*H. vulgare ssp. spontaneum*)

منابع مورد استفاده

1. Arzani, A. and M. Ashraf. 2016. Smart engineering of genetic resources for enhanced salinity tolerance in crop plants. *Critical Reviews in Plant Sciences* 35: 146-189.
2. Badr, A., K. M. R. Sch, H. El Rabey, S. Effgen, H. H. Ibrahim, C. Possi, W. Rohde and F. Salamini. 2000. On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*). *Molecular Biology and Evolution* 17: 499-510.
3. Barati, M., M. M. Majidi, F. Mostafavi, A. Mirlohi, M. Safari and Z. Karami. 2017. Evaluation of wild barley species as possible sources of drought tolerance for arid environments. *Plant Genetic Resources* 16: 209-217.
4. Choo, T. M. 2002. Genetic resources of Tibetan barley in China. *Crop Science* 42: 1759-1760.
5. Ellis, R. P., B. P. Forster, D. Robinson, L. L. Handley, D. C. Gordon, J. R. Russel and W. Powell. 2000. Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century? *Journal of Experimental Botany* 51: 9-17.
6. Honsdorf, N., T. J. March, B. Berger, M. Tester and K. Pillen. 2014. High-throughput phenotyping to detect drought tolerance QTL in wild barley introgression lines. *PLoS One* 9: e97047.
7. IBPGR. 1994. Descriptors for Barley (*Hordeum vulgare* L.), IBPGR, Rome, Italy.
8. Ivandic, V., W. T. B. Thomas, E. Nevo, Z. Zhang and B. P. Forster. 2003. Associations of simple sequence repeats with quantitative trait variation including biotic and abiotic stress tolerance in *Hordeum spontaneum*. *Plant Breeding* 122: 300-304.
9. Kilian B., H. Ozkan, J. Kohl, A. Von Haeseler, F. Barale, O. Deusch, A. Brandolini, C. Yucel, W. Martin and F. Salamini. 2006. Haplotype structure at seven barley genes: relevance to gene pool bottlenecks, phylogeny of ear type and site of barley domestication. *Molecular Genetics and Genomics* 276: 230-241.
10. Ma, D. Q. 2000. Genetic Resources of Tibetan Barley in China. China Agricultural Press, Beijing.
11. Ma, X. Y., C. Li, A. Wang, R. Duan, G. Jiao, E. Nevo and G. X. Chen. 2012. Genetic diversity of wild barley (*Hordeum vulgare ssp. spontaneum*) and its utilization for barley improvement. *Sciences in Cold and Arid Regions* 4: 453-461.
12. McMullen, M. D., S. Kresovich, H. Villeda, P. Bradbury, H. Li. Q. Sun and E. S. Buckler. 2009. Genetic properties of the maize nested association mapping population. *Science* 325: 737-740.
13. Morrel, P. L. 2011. *Hordeum*. In: C. Kole (Ed.), Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources, Cereals, Berlin. PP. 309-319.
14. Nevo, E. and G. Chen. 2010. Drought and salt tolerances in wild relatives for wheat and barley improvement. *Plant, Cell and Environment* 33: 670-685.
15. Rejesus, M., M. Van Ginkel and M. Smale. 1996. Wheat Breeders Perspectives of Genetic Diversity and

Germplasm Use. Wheat Special Report 4. D. F. CIMMYT Mexico .

16. Saisho, D., M. Pourkheirandish., H. Kanamori., T. Matsumoto and T. Komatsuda. 2009. Allelic variation of row type gene *Vrs1* in barley and implication of the functional divergence. *Breeding Science* 59: 621–628.
17. Shahmoradi, S., M. Chaichi, J. Mozafari, D. Mozafari, F. Sharifzadeh. 2013. Evaluation of genetic diversity and geographical in *Hordeum spontaneum* ecotypes of Iran. *Iranian Journal of Field Crop Sciences* 44: 209-225. (In Farsi).
18. Shakhathreh, Y., N. Haddad, M. Alrababah, S. Grando and S. Ceccarelli. 2009. Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L. ssp. *spontaneum* (C. Koch) Thell.) accessions collected in Jordan. *Genetic Resources and Crop Evolution* 57: 131-146.
19. Thormann, I., P. Reeves, S. Thumm, A. Reilley, J. M. M. Engels, C. M. Biradar, U. Lohwasser, A. Börner, K. Pillen and C. M. Richards. 2017. Changes in barley (*Hordeum vulgare* L. subsp. *vulgare*) genetic diversity and structure in Jordan over a period of 31 years. *Plant Genetic Resources* 15: 1-15
20. Shannon, C. E. and W. Weaver. 1949. The Mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press, Urbana.
21. 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: 55-70. (In Farsi).

Evaluation of Genetic Diversity in Wild Barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) Collected from West of Iran and Some of their Hybrids Resulted from Cross with Cultivated Barley

F. Ebrahim¹, A. Arzani^{2*} and M. Rahimmalek³

(Received: June 18-2017; Accepted: October 28-2017)

Abstract

Crop wild relatives adaptively diversified for environmental stresses are valuable resources for crop breeding especially for climate change scenarios, supposedly worsening drought and heat conditions. In this study, genetic variation of 54 barley genotypes comprised of 47 *H. vulgare* ssp. *spontaneum* genotypes collected from west of Iran along with Reyhan cultivar and six F1 hybrids resulted from cross of Reyhan cultivar with wild barley was evaluated using quantitative and qualitative morphological traits. The results indicated that grain yield had the highest variation as a quantitative trait and grain color had the highest polymorphism as a qualitative trait. Results of principal component analysis revealed that first component with 31.5% of variation (major contributors being days to flowering, days to pollination and days to maturity); as well as second component with 22.18% of variation (major contributors being grain yield, 1000-grain weight, and grain width) were the phenology and the yield components, respectively. The cluster analysis divided the genotypes into four groups. Reyhan cultivar was placed in the first group, F1 hybrids along with three top yielding wild genotypes were allocated to the second groups and genotypes from northwestern of Iran were allocated to the third group and other wild genotypes were allocated to the fourth group. The results showed no heterosis in the hybrids obtained from cultivated × wild barley cross.

Keywords: *H. vulgare* ssp. *spontaneum*, F1 hybrid, Morphologic traits

1, 2, 3. PhD. Student, Professor and Associate Professor, Respectively, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.

*. Corresponding Author, Email: a_arzani@cc.iut.ac.ir