

### *(Hordeum spontaneum)*

مهدی زهراوی<sup>۱\*</sup>، امیررضا تقی‌نژاد<sup>۲</sup>، امین افضل‌فر<sup>۳</sup>، محمدرضا بی‌همتا<sup>۴</sup>، جواد مظفری<sup>۵</sup> و سکینه شفاءالدین<sup>۶</sup>

\*۱- نویسنده مسئول مکاتبات، استادیار، بانک ژن گیاهی ملی ایران، کرج، پست الکترونیک: [mzahravi@yahoo.com](mailto:mzahravi@yahoo.com)

۲- کارشناس ارشد اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج

۳- استاد، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج

۴- دانشیار، بانک ژن گیاهی ملی ایران، کرج

۵- مربی پژوهش، بانک ژن گیاهی ملی ایران، کرج

تاریخ پذیرش: ۱۳۸۹/۰۶/۲۱

تاریخ دریافت: ۱۳۸۸/۰۹/۲۳

### چکیده

تنوع ژنتیکی برای بسیاری از صفات مهم در خزانه ژنتیکی اولیه گونه‌های زراعی محدود و سبب آسیب‌پذیری آنها شده است. جو شش ردیفه، دارای پایه ژنتیکی باریکی است. گونه‌های اجدادی منابع مهمی از آلل‌های جدید برای توسعه ژرم‌پلاسما هستند. در این تحقیق صفات زراعی و مورفولوژیکی ۳۵ نمونه ژنتیکی جو وحشی اسپانتانوم (*Hordeum spontaneum*) انتخابی از کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی در طی سه سال مورد بررسی قرار گرفت. براساس شاخص شانون، صفات رنگ آریکل و رنگ قاعده ساقه واجد بیشترین تنوع در بین صفات کیفی بودند. برآورد ضریب تغییرات برای صفات تولید دانه و علوفه نسبتاً بالا بود و می‌توان از تنوع موجود در نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی اسپانتانوم بهره‌برداری نمود. با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی، سه مؤلفه اصلی اول ۷۱/۲۴ درصد از تغییرات کلی داده‌ها را در برداشتند. مؤلفه اصلی اول بر عملکرد زیاد، بنیه قوی و زودرسی و مؤلفه اصلی دوم بر عملکرد زیاد، بنیه قوی و دیررسی تأکید داشت. صفات عملکرد دانه، وزن صد دانه، روز تا ظهور سنبله، عملکرد بیولوژیکی و طول ریشک واجد وراثت‌پذیری عمومی بالایی از ۷۳/۷۸ تا ۸۰/۴۴ درصد بودند، بنابراین، در صورت اصلاح برای این صفات، کارایی گزینش بالا خواهد بود. نتایج تجزیه خوشه‌ای براساس منشأ نمونه‌ها با الگوی جغرافیایی آنها مطابقت داشت.

واژه‌های کلیدی: جو اسپانتانوم، تنوع ژنتیکی، وراثت‌پذیری، شاخص شانون.

## مقدمه

هستند. در جو فقط ۴۰٪ تا ۵۶٪ آلل‌های یافت شده در جو وحشی، در لاینهای اصلاحی ایت موجود است (Ellis *et al.*, 2000; Matus & Hayes, 2002). بنابراین توسعه راهبردهایی برای ترکیب تنوع آلی جدید در داخل جو زراعی ضروریست (Yun *et al.*, 2005). تحقیقات زیادی روی *H. spontaneum* در زمینه تجزیه ژنتیکی و استخراج آلی برای صفات مقاومت به تنش‌های غیرزیستی (Pakniyat *et al.*, 1997; Ivandic *et al.*, 2000; Gorny, 2001; Jahoor & Fischbeck, 1987; Manisterski *et al.*, 1986)، صفات کیفیت (Ellis *et al.*, 1993; Erkilli *et al.*, 1998) و صفات فیزیولوژیکی (Snow & Brody, 1998) انجام شده است. همچنین Shakhatareh و همکاران (۲۰۰۹) در بررسی ۱۰۳ نمونه جو وحشی *H. spontaneum* که از مناطق مختلف اردن جمع‌آوری شده بودند به همراه ۲۹ ژنوتیپ جو زراعی، تنوع بالایی در صفات مورفولوژیکی و زراعی مشاهده نمودند. محقق دیگری به نام Jilal و همکاران (۲۰۰۸) با ارزیابی تنوع ژنتیکی ۲۸۳ ژنوتیپ جو زراعی و ۲۱ نمونه جو وحشی (۱۱ نمونه *H. spontaneum* و ۱۰ نمونه *H. agriocrithon*) از بانک ژن ICARDA نتیجه گرفتند که دو گونه وحشی مزبور کاملاً از هم متمایز می‌باشند و این در تناقض با گزارش‌های قبلی می‌باشد (Murphy *et al.*, 1982; Badr *et al.*, 2000) این که *H. agriocrithon* از تلاقی *H. spontaneum* با جو شش ردیفه حاصل شده است. آنها پیشنهاد کردند که لازم است نمونه‌برداری بیشتری صورت گیرد تا تمایز و اهلی شدن مستقل این دو گونه تأیید شود. مطالعات Von kroff و همکاران (۲۰۰۶) نشان داد که جو

تنوع ژنتیکی برای بسیاری از صفات مهم در خزانه ژنتیکی اولیه گونه‌های زراعی محدود شده است (Evans, 1993). کشت گسترده ارقام با پایه ژنتیکی باریک می‌تواند سبب آسیب‌پذیری آنها نسبت به تنش‌های زیستی و غیرزیستی شود، به‌ویژه اینکه وقوع غیرمنتظره این تنش‌ها بدلیل تغییرات جهانی شرایط محیطی و سیستم‌های کشاورزی رو به افزایش است. جو گیاه زراعی مهمی در دنیا است و در طیفی از شرایط محیطی از بیابان‌های خاورمیانه تا ارتفاعات هیمالیا کشت می‌شود (Hayes *et al.*, 2003)، اما بخش عمده‌ای از تولید تجاری جو در بین عرض‌های جغرافیایی ۲۰ و ۵۵ درجه شمالی و جنوبی متمرکز است. این تولید تجاری مبتنی بر پایه ژنتیکی نسبتاً باریکی است (Matus & Hayes, 2002). جو شش ردیفه، دارای پایه ژنتیکی باریکی است (Rasmusson & Phillips, 1997). 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 آلل‌های جدید برای توسعه ژرم‌پلاسما هستند. جو زراعی (*H. vulgare*) و جد وحشی آن (*H. spontaneum*) سیستم مدل عالی و اقتصادی برای اکتشاف و بهره‌برداری ژنتیکی می‌باشند. هر دو گونه، دیپلوئید و قابل تلاقی با یکدیگر بوده و مجموعه‌ای از ابزار ژنومیکس مشتمل بر نقشه‌های لینکاژی، داده‌های QTL، ESTها، کتابخانه‌های BAC و آرایه‌ها برای تجزیه ژنوم H، که همولوگ ژنوم‌های A، B و D گندم هگزاپلوئید است، موجود می‌باشد (Hayes *et al.*, 2003). به‌نژادگران جو علاقمند به گسترش دادن پایه ژنتیکی این گیاه بدون برهم زدن آرشیو ژنتیکی آن

شد. نحوه امتیازدهی صفات کیفی به شرح جدول ۲ انجام گردید. مقایسه میانگین نمونه‌ها در طرح آگمنت و تجزیه واریانس طرح‌های بلوک انجام شد. آماره‌های تمایل به مرکز و پراکندگی صفات محاسبه شدند و ضریب تغییرات و شاخص شانون (Shannon, 1948) به‌عنوان برآوردکننده‌ای از تنوع در صفات کمی و کیفی برای هر صفت محاسبه گردیدند. تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و تجزیه خوشه‌ای (به روش WARD، مبتنی بر فواصل اقلیدسی) براساس میانگین صفات نمونه‌های مورد بررسی در سه سال آزمایش انجام شد و محاسبات آماری توسط نرم‌افزارهای SPSS و Excel انجام گردیدند.

### نتایج

مقایسه میانگین نمونه‌ها در طرح آگمنت و تجزیه واریانس طرح بلوک نشان داد که نمونه‌های مورد بررسی از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده دارای تفاوت معنی‌دار بودند (نتایج نشان داده نشده است). توزیع فراوانی صفات کیفی در نمونه‌های ژنتیکی مورد ارزیابی در شکل ۱ نشان داده شده است. براساس این مشاهدات، صفات رنگ قاعده ساقه سبز، رنگ آریکل سبز، رنگ ریشک زرد، اندازه بزرگتر گلوم و ریشک نسبت به دانه، رنگ گلوم زرد، رنگ لما زرد و رنگ دانه مشکی فراوانی بیشتری نسبت به سایر گروه‌های صفات مذکور داشتند. براساس شاخص شانون (جدول ۳) رنگ آریکل و رنگ قاعده ساقه واجد بیشترین تنوع در بین صفات کیفی بودند.

*H. spontaneum* واجد آللهای ارزشمندی است که می‌تواند پایه ژنتیکی جو زراعی را غنی سازد و صفات زراعی کمی را بهبود بخشد.

متأسفانه در داخل کشور تحقیقات چندانی پیرامون تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم جو وحشی *H. spontaneum* انجام نشده است و گزارش‌های موجود بر جوهای زراعی متمرکز بوده‌اند. این تحقیق به منظور بررسی تنوع ژنتیکی در ژرم‌پلاسم منتخب جو وحشی *H. spontaneum* ایران صورت گرفت.

### مواد و روشها

در این تحقیق از ۳۵ نمونه ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* موجود در کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران استفاده شد (جدول ۱). نمونه‌های مذکور از مناطق جغرافیایی متفاوتی جمع‌آوری شده بودند. به دلیل کمبود بذر، سال اول آزمایش در قالب طرح آگمنت با چهار شاهد در سه بلوک اجرا گردید ولی در سالهای دوم و سوم از طرح بلوک‌های کامل با سه تکرار استفاده شد. کشت بذرهای نمونه‌ها در خطوط یک متری و فاصله ۶۰ سانتیمتر بین ردیف‌ها انجام شد. صفات عملکرد دانه (گرم در کرت)، ارتفاع بوته، طول سنبله، عملکرد بیولوژیک (گرم در کرت)، شاخص برداشت، وزن صد دانه، تعداد دانه در سنبله، روز تا ظهور سنبله، روز تا گلدهی، طول ریشک، رنگ قاعده ساقه، رنگ آریکل، رنگ ریشک، نسبت گلوم به دانه، رنگ گلوم، رنگ لما و رنگ دانه براساس دستورالعمل IPGRI یادداشت‌برداری

جدول ۱- مشخصات نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* مورد مطالعه در ارزیابی تنوع ژنتیکی

ردیف	شماره نمونه	منشأ	ردیف	شماره نمونه	منشأ	ردیف	شماره نمونه	منشأ
	ژنتیکی			ژنتیکی			ژنتیکی	
۱	۲۲۰	لرستان	۱۳	۴۹۴	تهران	۲۵	۱۰۰۶	کرمانشاه
۲	۲۲۱	لرستان	۱۴	۴۹۵	فارس	۲۶	۱۰۰۷	کرمانشاه
۳	۳۱۰	تهران	۱۵	۵۳۴	فارس	۲۷	۱۰۰۹	کرمانشاه
۴	۳۱۲	تهران	۱۶	۵۵۵	کرمانشاه	۲۸	۱۰۳۵	کرمانشاه
۵	۳۱۴	تهران	۱۷	۶۳۰	خوزستان	۲۹	۱۰۴۰	کرمانشاه
۶	۳۳۱	تهران	۱۸	۷۵۸	خوزستان	۳۰	۱۰۴۴	کرمانشاه
۷	۳۷۴	تهران	۱۹	۷۵۹	خراسان	۳۱	۱۰۵۰	کرمانشاه
۸	۴۲۳	ایلام	۲۰	۹۲۷	خراسان	۳۲	۱۰۶۸	کرمانشاه
۹	۴۲۵	ایلام	۲۱	۹۳۲	ایلام	۳۳	۱۰۸۷	لرستان
۱۰	۴۳۴	آذربایجان غربی	۲۲	۹۶۹	ایلام	۳۴	۱۰۸۸	لرستان
۱۱	۴۵۱	آذربایجان غربی	۲۳	۹۷۱	ایلام	۳۵	۱۰۸۹	لرستان
۱۲	۴۵۶	آذربایجان غربی	۲۴	۹۷۵	ایلام			

جدول ۲- نحوه امتیازدهی صفات کیفی در ارزیابی نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum*

صفت	نحوه امتیازدهی					
رنگ قاعده ساقه	۱. سبز	۲. ارغوانی	۳. ارغوانی تیره			
رنگ آریکل	۱. سبز	۲. ارغوانی روشن	۳. ارغوانی	۴. ارغوانی تیره		
رنگ ریشک	۱. سفید	۲. زرد	۳. قهوه‌ای	۴. خاکستری	۵. مشکی	۶. سایر موارد
طول گلوم و ریشک نسبت به دانه	۱. کوتاهتر از دانه	۲. هم اندازه دانه	۳. بلندتر از دانه	۴. دو برابر دانه		
رنگ گلوم	۱. سفید	۲. زرد	۳. قهوه‌ای	۴. مشکی		
رنگ لما	۱. زرد	۲. قرمز	۳. ارغوانی	۴. خاکستری/مشکی	۵. سایر موارد	
رنگ دانه	۱. سفید	۲. قرمز	۳. ارغوانی	۴. مشکی	۵. سایر موارد	

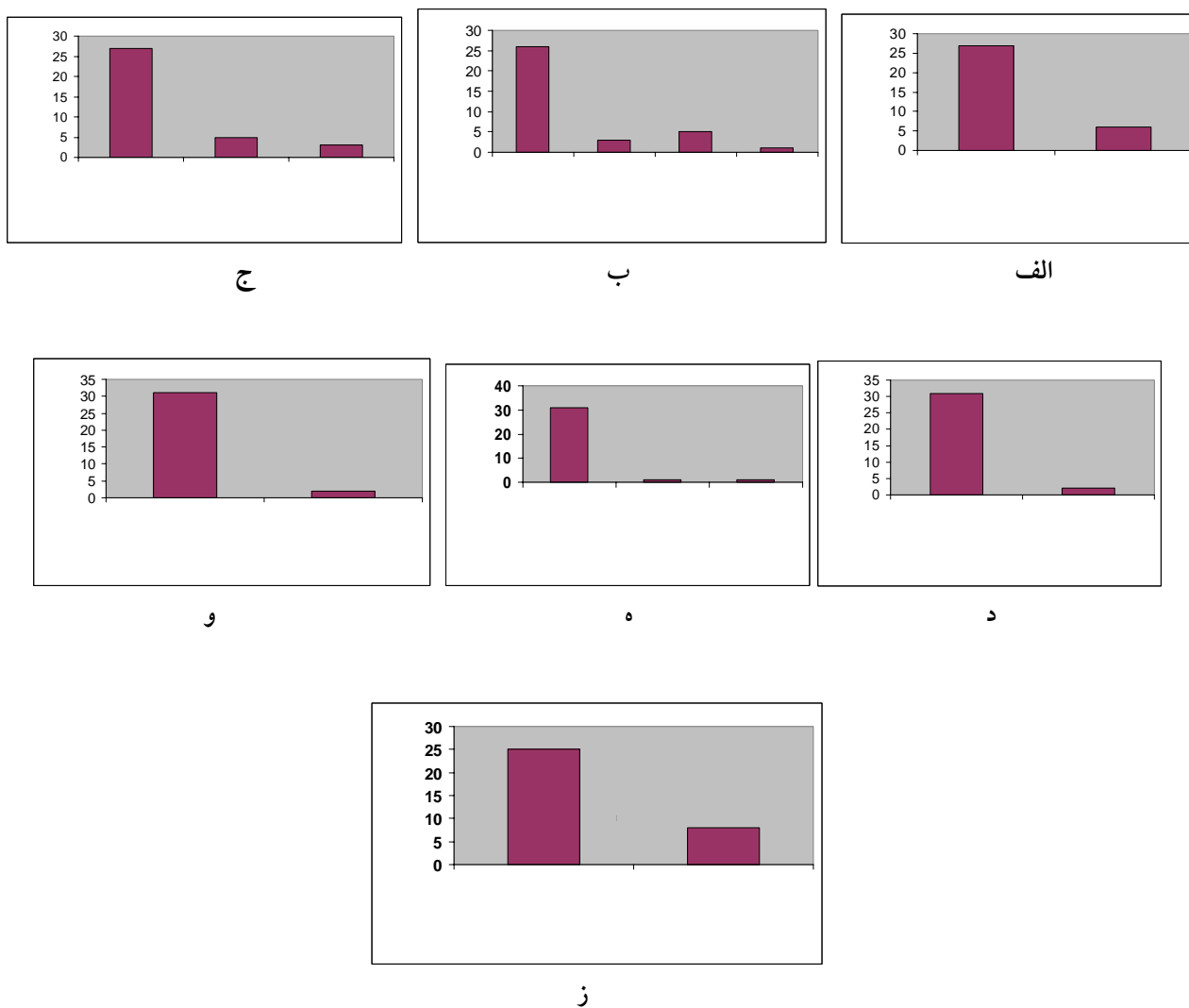
جدول ۳- برآورد شاخص شانون برای صفات کیفی در ارزیابی ژرم پلاسما منتخب جو وحشی

*H. spontaneum* ایران

صفت	رنگ قاعده ساقه	رنگ آریکل	رنگ ریشک	نسبت گلوم به دانه	رنگ گلوم	رنگ لما	رنگ دانه
شاخص شانون	۰/۶۹	۰/۸۱	۰/۲۳	۰/۴۷	۰/۲۷	۰/۲۳	۰/۵۵

ظهور سنبله و وزن صد دانه دارای کمترین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی در بین صفات کمی بودند. صفات عملکرد دانه، وزن صد دانه، روز تا ظهور سنبله، عملکرد بیولوژیک و طول ریشک واجد وراثت پذیری عمومی بالایی از ۷۳/۷۸ تا ۸۰/۴۴ درصد بودند.

مقادیر آماره‌های توصیفی برای صفات کمی ارزیابی شده در جدول ۴ و برآورد اجزاء واریانس فنوتیپی، ضریب تغییرات و وراثت‌پذیری عمومی در جدول ۵ ارائه شده است. براساس این مشاهدات عملکرد دانه، شاخص برداشت و عملکرد بیولوژیک به ترتیب دارای بیشترین و صفات روز تا گلدهی، ارتفاع بوته، طول سنبله، روز تا



شکل ۱- نمودار توزیع فراوانی صفات کیفی ارزیابی شده در نمونه‌های ژنتیکی منتخب جو وحشی *H. spontaneum*

جدول ۴- آماره‌های پراکندگی و تمایل به مرکز صفات ارزیابی شده در ژرم پلاسم منتخب جو وحشی *H. spontaneum* ایران

صفت	پیشینه	کمینه	دامنه	میانگین
عملکرد دانه (گرم در کرت)	۱۱۸/۳۷	۱۹/۴۳	۹۸/۹۴	۴۱/۸±۳/۷۴
ارتفاع بوته	۹۸/۷۲	۲۷/۲۸	۲۶/۴۵	۸۴/۳±۱/۱۱
طول سنبله	۹/۰۶	۶/۳۸	۲/۶۷	۷/۹±۰/۱۰
عملکرد بیولوژیک (گرم در کرت)	۵۲۶/۶۷	۱۸۶/۶۷	۳۴۰	۲۹۸/۱±۱۲/۵۱
شاخص برداشت	۰/۲۸	۰/۰۶	۰/۲۱	۰/۱۶±۰/۰۰۸
وزن صد دانه (گرم)	۶/۵۱	۳/۲۳	۳/۲۸	۴/۹±۰/۱۲
تعداد دانه در سنبله	۴۰/۶	۱۲/۹۳	۲۷/۶۷	۱۹/۷±۰/۶۹
روز تا ظهور سنبله	۱۸۳/۳۳	۱۶۳/۲۵	۲۰/۰۸	۱۶۹/۵±۰/۷۵
روز تا گلدهی	۱۸۸/۶۷	۱۷۴	۱۴/۶۷	۱۷۹/۱±۰/۵۳
طول ریشک (میلی‌متر)	۱۷	۹/۱	۷/۹	۱۲/۷±۰/۳۰

جدول ۵- برآورد اجزاء واریانس، ضریب تغییرات و وراثت‌پذیری عمومی صفات ارزیابی شده

در ژرم پلاسم منتخب جو وحشی *H. spontaneum* ایران

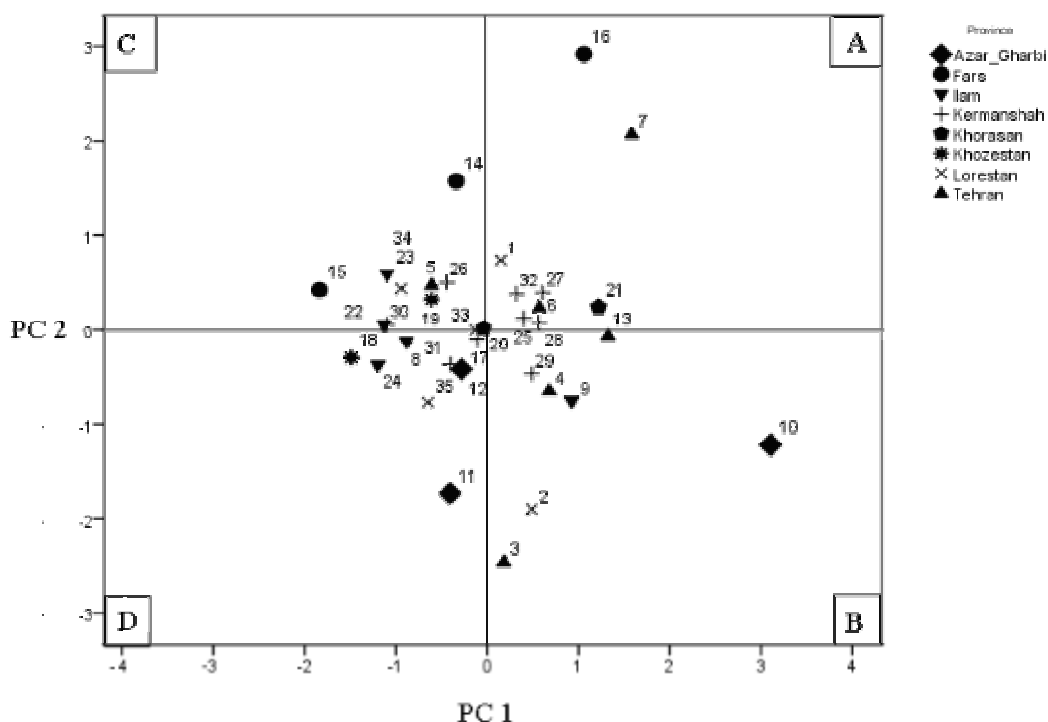
صفت	برآورد اجزاء واریانس			ضریب تغییرات (CV%)		درصد وراثت‌پذیری عمومی
	ژنتیکی	محیطی	فنوتیپی	ژنتیکی	فنوتیپی	
عملکرد دانه	۶۳۸/۳۲	۲۲۵/۸۲	۸۶۴/۱۵	۵۰/۳۴	۵۸/۵۷	۷۳/۸۷
ارتفاع بوته	۳۶/۳۵	۱۷/۳۴	۵۳/۶۹	۶/۵۰	۷/۹۰	۶۷/۷۰
طول سنبله	۰/۳۱	۰/۳۹	۰/۷۰	۶/۴۹	۹/۷۶	۴۴/۱۸
عملکرد بیولوژیک	۵۱۱/۰۷	۱۳۶۸/۸۱	۶۴۷۹/۸۸	۲۱/۰۸	۲۳/۷۳	۷۸/۸۸
شاخص برداشت	۰/۰۰۱	۰/۰۰۱۳	۰/۰۰۲۳	۲۲/۹۶	۳۵/۰۸	۴۲/۸۶
وزن صد دانه	۰/۲۱	۰/۰۷	۰/۲۹	۱۰/۲۵	۱۱/۸۷	۷۴/۵۱
تعداد دانه در سنبله	۱۱/۷۲	۵/۸۳	۱۷/۵۴	۱۷/۳۵	۲۱/۲۳	۶۶/۷۸
روز تا ظهور سنبله	۱۲/۷۰	۴/۱۹	۱۶/۸۹	۱۰/۰۶	۱۱/۶۱	۷۵/۲۱
روز تا گلدهی	۴/۵۳	۲/۰۲	۶/۵۴	۴/۷۲	۵/۶۷	۶۹/۱۹
طول ریشک	۱/۸۸	۰/۴۶	۲/۳۴	۱۰/۹۸	۱۲/۲۳	۸۰/۴۴

مؤلفه‌های اصلی، نمودار بای پلات ترسیم گردید (شکل ۲).

با انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی براساس صفات کمی، سه مؤلفه اصلی اول ۷۱/۲۴٪ از تغییرات کلی داده‌ها در برداشتند (جدول ۶). به منظور تمایز نمونه‌ها براساس

جدول ۶- مقادیر ویژه و بردارهای ویژه برای صفات اندازه گیری شده در نمونه های ژنتیکی منتخب

<i>H. spontaneum</i>			صفت
مؤلفه اصلی			
سوم	دوم	اول	
-۰/۴۰	۰/۵۳	۰/۷۲	عملکرد دانه
۰/۴۶	۰/۰۲	۰/۵۲	ارتفاع بوته
۰/۱۱	-۰/۲۶	۰/۸۰	طول سنبله
-۰/۱۳	۰/۶۰	۰/۶۵	عملکرد بیولوژیک
-۰/۳۶	۰/۳۵	۰/۶۸	شاخص برداشت
۰/۶۱	۰/۳۷	۰/۳۷	وزن صد دانه (گرم)
-۰/۱۷	-۰/۲۷	۰/۶۶	تعداد دانه در سنبله
۰/۰۱	-۰/۶۵	۰/۶۲	روز تا ظهور سنبله
-۰/۰۲	-۰/۶۵	۰/۶۵	روز تا گلدهی
۰/۷۱	۰/۲۱	۰/۲۷	طول ریشک
۷۱/۲۴	۵۶/۹۶	۳۷/۶۴	سهام تجمعی (%)
۱/۴۳	۱/۹۳	۳/۷۶	مقادیر ویژه



شکل ۲- تفکیک نمونه های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* براساس مؤلفه های اصلی اول و دوم

اصلی اول و مقادیر عددی کوچکتری از لحاظ مؤلفه اصلی دوم بودند. این گروه شامل نمونه‌های ۳، ۴ و ۱۳ (از تهران)، ۱۰ (از آذربایجان غربی)، ۹ (از ایلام)، ۲۹ (از کرمانشاه) و ۲ (از لرستان) بود. گروه دوم از لحاظ طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، زمان روز تا ظهور سنبله و زمان روز تا گلدهی واجد مقدار عددی بیشتری از سایر گروه‌ها بود. گروه سوم شامل نمونه‌های واقع در قسمت بالا و سمت چپ نمودار بای‌پلات (ربع C) می‌باشد که دارای مقادیر عددی پائین‌تری از لحاظ مؤلفه اصلی اول و مقادیر عددی بالاتری از لحاظ مؤلفه اصلی دوم بودند. نمونه‌های متعلق به گروه سوم عبارت از ۵ (از تهران)، ۱۴ و ۱۵ (از فارس)، ۲۲ و ۲۳ (از ایلام)، ۲۶ و ۳۰ (از کرمانشاه)، ۱۹ و ۲۰ (از خراسان) و ۳۴ (از لرستان) بودند. نمونه‌های این گروه از لحاظ صفات روز تا ظهور سنبله و روز تا گلدهی دارای مقدار عددی کوچکتری نسبت به سایر گروه‌ها بودند.

به منظور بررسی تفاوت استان‌ها از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده، تجزیه واریانس بصورت ترتیبی (آشپانه‌ای) انجام شد (جدول ۸). نتایج نشان داد که تفاوت استان‌ها از لحاظ صفات روز تا گلدهی و وزن صد دانه در سطح احتمال ۰.۵٪ معنی‌دار بود و برای صفات طول سنبله، عملکرد بیولوژیک، روز تا ظهور سنبله، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، ارتفاع بوته، عملکرد دانه و طول ریشک معنی‌دار نبود. اثر نمونه در استان برای صفات عملکرد بیولوژیک، روز تا ظهور سنبله، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه و طول ریشک در سطح احتمال ۰.۱٪ معنی‌دار بود و برای صفات طول سنبله، روز تا گلدهی، ارتفاع بوته و وزن صد دانه، معنی‌دار نبود.

با مقایسه ضرایب مؤلفه‌های اصلی مشاهده می‌شود که در دو مؤلفه اصلی اول و دوم، عملکرد دانه و عملکرد بیولوژیک همزمان واجد ضرایب‌های بزرگتری بودند، اما ضریب صفات زمان روز تا ظهور سنبله و زمان روز تا گلدهی در مؤلفه اصلی دوم با مقدار تقریباً مشابه با مؤلفه اصلی اول، دارای علامت منفی بود. بنابراین مؤلفه اصلی اول بر عملکرد زیاد، بنیه قوی و زودرسی تأکید دارد، درحالی‌که مقادیر بالای مؤلفه اصلی دوم نمونه‌های پرعملکرد، با بنیه‌ی قوی و دیررس را متمایز می‌نماید. مؤلفه اصلی اول همچنین بر طول بیشتر سنبله و ارتفاع زیاد بوته تأکید دارد. مؤلفه اصلی سوم نیز نمونه‌های پابلند، دانه درشت و با طول ریشک بلند را متمایز می‌نماید.

به منظور بررسی تفاوت معنی‌دار بین نمونه‌های مناطق چهارگانه تجزیه واریانس یکطرفه انجام گرفت (صحیح است یا خیر). نتایج نشان داد که چهار گروه مذکور از لحاظ تمام صفات مورد مطالعه (بجز طول ریشک) دارای تفاوت معنی‌دار می‌باشند. نتایج مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن در جدول ۷ ارائه شده است. گروه اول عبارت از نمونه‌های واقع در قسمت بالا و سمت راست نمودار بای‌پلات (ربع A) می‌باشد که واجد مقادیر عددی بالاتری از لحاظ هر دو مؤلفه اصلی بودند. نمونه‌های متعلق به گروه اول عبارت از ۱ (از لرستان)، ۶ و ۷ (از تهران)، ۲۱ (از ایلام)، ۱۶، ۲۵، ۲۷، ۲۸ و ۳۲ (از کرمانشاه) بودند. همانطور که مشاهده می‌شود این گروه از لحاظ صفات عملکرد دانه، ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن صد دانه و طول ریشک برتر از سایر گروه‌ها بود. گروه دوم عبارت از نمونه‌های واقع در قسمت پائین و سمت راست نمودار بای‌پلات (ربع B) می‌باشد که دارای مقادیر عددی بالاتری از لحاظ مؤلفه



جدول ۷ - نتایج آزمون چند دامنه‌ای دانکن برای مقایسه میانگین گروه‌های تمایز یافته در بای پلات

مؤلفه‌های اصلی برای نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum*

میانگین				صفت
گروه اول	گروه دوم	گروه سوم	گروه چهارم	
۵۸/۰۶a	۴۸/۸۷ab	۳۵/۰۳b	۲۸/۰۶b	عملکرد دانه
۸۹/۴۷a	۸۶/۱۸ab	۸۰/۸۱b	۸۰/۷۶b	ارتفاع بوته
۸/۱۱ab	۸/۵۲a	۷/۵۲c	۷/۶۵bc	طول سنبله
۳۶۱/۴۸a	۳۱۲/۰۷ab	۲۷۵/۲۵b	۲۴۷/۱۱b	عملکرد بیولوژیک
۰/۱۸a	۰/۱۵ab	۰/۱۲bc	۰/۱۰c	شاخص برداشت
۵/۶۰a	۴/۸۱b	۴/۶۷b	۴/۵۶b	وزن صد دانه
۱۹/۶۷ab	۲۲/۸۳a	۱۷/۷۲b	۱۹/۶۱ab	تعداد دانه در سنبله
۳۴/۲۲b	۳۹/۶۵a	۳۰/۴۸c	۳۳/۵۶b	روز تا ظهور سنبله
۴۳/۵۶ab	۴۷/۹۹a	۴۱/۳۴c	۴۳/۴۴ab	روز تا گلدهی
۱۲/۷۴a	۱۲/۵۷a	۱۲/۵۰a	۱۲/۱۹a	طول ریشک

در تجزیه خوشه‌ای براساس صفات کمی، نمونه‌های ژنتیکی به دو گروه اصلی تفکیک شدند (شکل ۳). با مقایسه گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای و مناطق چهارگانه بای پلات مؤلفه‌های اصلی مشاهده می‌شود که تمام نمونه‌های واقع در ربع A بای پلات (شامل نمونه‌های ۱، ۶، ۷، ۱۶، ۲۱، ۲۵، ۲۷، ۲۸ و ۳۲) در گروه اول تجزیه خوشه‌ای قرار گرفتند. همانطور که اشاره شد این نمونه‌ها بطور متوسط، واجد عملکرد دانه، ارتفاع بوته، عملکرد بیولوژیک، شاخص برداشت، وزن صد دانه و طول ریشک بیشتری از سایر نمونه‌ها بودند. گروه اول تجزیه خوشه‌ای همچنین نمونه‌های ۲،

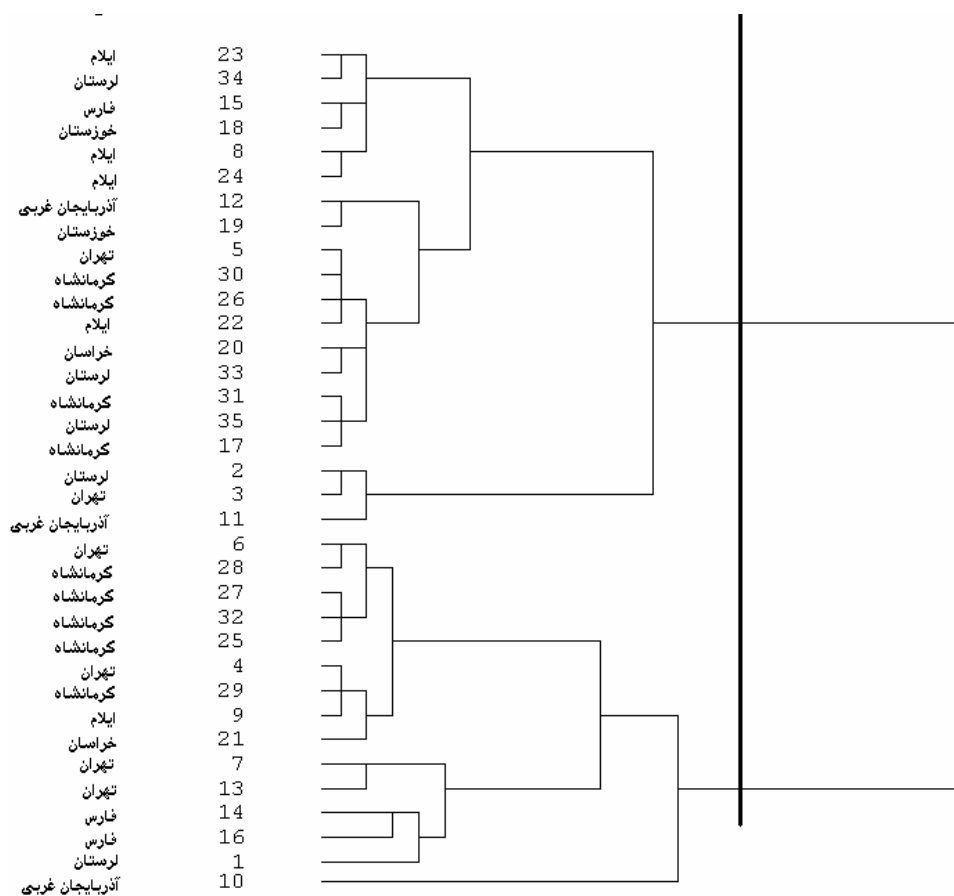
۳، ۴، ۹، ۱۰، ۱۳ و ۲۹ (از ربع B بای پلات) و نمونه ۱۴ از ربع C بای پلات را شامل می‌شد. زیرگروه الف از گروه دوم تجزیه خوشه‌ای شامل نمونه‌های ۲ و ۳ (متعلق به ربع B بای پلات) و ۱۱ (متعلق به ربع D بای پلات) بود. زیرگروه ب از گروه دوم تجزیه خوشه‌ای دربرگیرنده تمام نمونه‌های ربع‌های C (به‌استثناء نمونه ۱۴) و D (به‌استثناء نمونه ۱۱) بای پلات بود. بنابراین مشاهده می‌شود که گروه‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای تا حدود زیادی با تقسیم‌بندی نمونه‌ها در بای پلات مؤلفه‌های اصلی مطابقت دارد.

ارزیابی تنوع ژنتیکی صفات آگرومورفولوژیکی...

جزیه واریانس تریبی (آشیانه‌ای) براساس منشأ نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* ارزیابی شده

میانگین مربعات								
طول ریشک	روز تا گلدهی	روز تا ظهور سنبله	تعداد دانه در سنبله	وزن صد دانه	شاخص برداشت	عملکرد بیولوژیک	طول سنبله	نفاخ بوته
۲/۳۴	۶۱/۳۵*	۹۴/۳۰	۶۷/۸۷	۳/۲*	۰/۰۰۷	۳۰۰۰۷/۹۲	۲/۸۲	۳۰۵/۴
۳/۴۹**	۲۱/۸۷	۵۰/۰۱**	۴۸/۶۸**	۱/۳۵	۰/۰۰۸**	۳۵۵۴۱/۰۹**	۱/۹۰	۲۵۳/۷
۱/۳۷	۱۶/۶۷	۲۰/۸۴	۱۷/۴۹	۱/۱۸	۰/۰۰۴	۱۰۶۷۲/۱۶	۱/۲۱	۱۷۳/۸۰

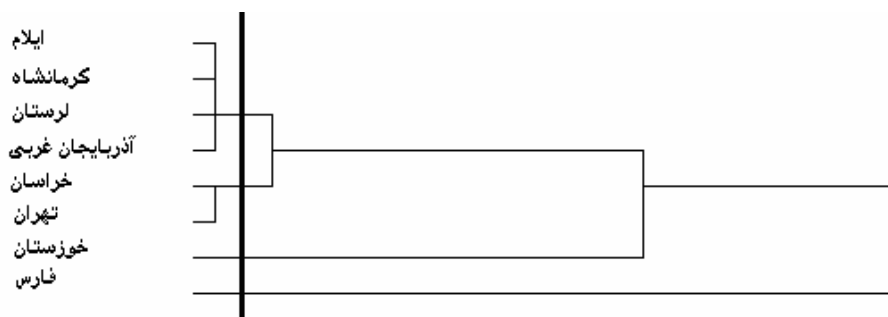
د



شکل ۳- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* ارزیابی شده

خوزستان بصورت دو گروه جداگانه متمایز شدند. گروه سوم شامل استان‌های خراسان و تهران بود و استان‌های واقع در گروه چهارم (ایلام، کرمانشاه، لرستان، آذربایجان غربی) همگی مربوط به غرب کشور بودند.

به منظور تفکیک نمونه‌های جو اسپانتانوم از نظر منشأ، تجزیه خوشه‌ای براساس نواحی جمع‌آوری نمونه‌ها انجام شد (شکل ۴). با انجام برش دندروگرام در فاصله صفر تا ۵، چهار گروه مشاهده می‌شود. نمونه‌های فارس و



شکل ۴- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای براساس منشأ نمونه‌های ژنتیکی جو وحشی *H. spontaneum* ارزیابی شده

## بحث

وجود تنوع ژنتیکی برای موفقیت در اصلاح نباتات ضروریست به طوری که انتخاب موفقیت آمیز نمونه‌های برتر از داخل توده‌های مورد اصلاح بستگی به وجود تنوع ژنتیکی دارد و بدون آن هیچ پیشرفتی در اصلاح امکان پذیر نیست. این تنوع طی هزاران سال ایجاد شده و در طبیعت پایدار مانده است. از اینرو نسبت به تنوع مصنوعی برتری دارد. مجموع نتایج بدست آمده در این تحقیق مبین وجود تنوع ژنتیکی قابل قبول در ژرمپلاسم جو وحشی اسپانتانوم (*H. spontaneum*) مورد مطالعه می باشد. مقادیر بالاتر ضریب تغییرات عملکرد دانه و اجزاء آن (وزن صد دانه و تعداد دانه در سنبله) و صفات عملکرد بیولوژیک و شاخص برداشت نسبت به سایر صفات بیانگر این است که جهت بهره برداری از تنوع موجود در نمونه‌های ژنتیکی جو اسپانتانوم ارزیابی شده در برنامه‌های اصلاحی، بهتر است بیشتر توان تولید دانه و علوفه مورد توجه قرار گیرد تا سایر صفات زراعی و همچنین صفات فنولوژیکی. شفاءالدین (۱۳۸۱) با مشاهده تنوع گسترده در توده‌های مورد ارزیابی اظهار داشت کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران دارای توان مناسبی از نظر خصوصیات زراعی و مورفولوژیکی است. طبق گزارش Hamid (۱۹۹۰) ژرمپلاسم جو در سوریه از نظر طول بوته، تعداد سنبلچه در سنبله و عملکرد دانه و نمونه‌های با مبدأ چین از نظر زمان روز تا ظهور سنبله، مقاومت به سرما، زودرسی و عملکرد بسیار متنوع بودند. رحمانی و همکاران (۱۳۸۳) در بررسی ۱۰ اکوتیپ چاودار کوهی (*Secal montanum*) بیشترین میزان تنوع را در صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد علوفه، عملکرد

بذر و شاخص برداشت مشاهده نمودند، در حالی که صفات ارتفاع بوته و طول سنبله از تنوع پائینی برخوردار بودند. یکی از عوامل موفقیت در هر برنامه اصلاحی و حصول پیشرفت ژنتیکی، تأثیرپذیری پائین صفت مورد گزینش از تغییرات محیطی است. با تخمین وراثت پذیری عمومی می توان نقش عامل ژنتیک در بروز صفت را برآورد نمود. میزان بالای وراثت پذیری عمومی برای صفات طول ریشک، عملکرد بیولوژیک، روز تا ظهور سنبله، وزن صد دانه و عملکرد دانه در این تحقیق بیانگر اینست که سهم عمده‌ای از تغییرات فنوتیپی این صفات ناشی از تنوع ژنتیکی است و در صورت اصلاح برای این صفات، کارایی گزینش بالا خواهد بود. بنظر می رسد میزان تأثیرپذیری صفات از عامل ژنتیک در گونه‌های مختلف، متفاوت است. همینطور Jalata و همکاران (۲۰۱۰) با مطالعه شش رقم جو زراعی بومی اتیوپی و تلاقی بین آنها میزان وراثت پذیری بالایی را برای صفات طول سنبله، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه گزارش نمودند. در بررسی Chand و همکاران (۲۰۰۸) بر روی ۳۰ لاین الیت جو، وراثت پذیری بالایی برای وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله، عملکرد بیولوژیکی و عملکرد دانه مشاهده شد. عشقی و همکاران (۱۳۸۹) با مطالعه پارامترهای ژنتیکی در جوی بدون پوشینه از طریق تجزیه دای آلل اظهار داشتند که از میان صفات مورد بررسی، روز تا رسیدگی و تعداد پنجه دارای بالاترین میزان وراثت پذیری خصوصی بودند. نجحوان و همکاران (۱۳۸۹) نحوه توارث صفات کمی جو را در شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی مورد مطالعه قرار دادند. براساس مشاهدات آنها دامنه وراثت پذیری عمومی و خصوصی

شدن ژنتیکی و غیره) در جهت خاص در هر ناحیه جغرافیایی است که سبب شده تفاوت ژنوتیپ‌ها در هر ناحیه جغرافیایی کاهش و تفاوت بین نواحی افزایش یابد. اما در مورد صفات عملکرد بیولوژیک، روز تا ظهور سنبله، شاخص برداشت، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه و طول ریشک به‌رغم وجود تفاوت معنی‌دار بین نمونه‌های ژنتیکی، اختلاف استان‌ها معنی‌دار نبود، اما میانگین نمونه‌ها در استان‌ها متفاوت بودند. این امر نشان‌دهنده اینست که تنوع صفات مذکور در داخل هر ناحیه جغرافیایی بیشتر از تنوع بین آنها بوده است. به عبارت دیگر، نتایج مذکور بیانگر اینست که نمونه‌ها در هر ناحیه برای صفات مورد مطالعه تحت تأثیر عوامل تغییر دهنده فراوانی ژن‌ها در جمعیت، در یک جهت خاص قرار نگرفته‌اند.

در تجزیه خوشه‌ای مشاهده شد که تشابه ژنتیکی نمونه‌های جو *H. spontaneum* با موقعیت جغرافیایی آنها انطباق دارد. در تحقیق Shakhathreh و همکاران (۲۰۰۹) نیز نتایج تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های جو وحشی اسپانانوم با الگوی اکولوژیکی و جغرافیایی آنها تطابق داشت. شفاءالدین (۱۳۸۱) گزارش نمود که تنوع ژنتیکی در نمونه‌های جو زراعی بومی مناطق شمال ایران تا حدود خیلی زیادی از تنوع جغرافیایی پیروی می‌کند. تنوع ژنتیکی به‌عنوان یک مزیت در محیط‌های متغیر به‌شمار می‌رود و این ناشی از ماهیت غیرقابل پیش‌بینی محیط است که گزینش را به علت خاصیت بافرینگ (Buffering) در جهت سطوح بالاتر تنوع ژنتیکی پیش می‌برد (Nevo, 1988). وجود انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی در مناطق کشت در ایران نشان‌دهنده اهمیت برنامه‌های حفاظت و بهره‌برداری از این تنوع ژنتیکی

برای صفات مورد بررسی در شرایط آبیاری نرمال به ترتیب ۴۳ تا ۶۹ درصد و ۳۱ تا ۴۳ درصد و در شرایط تنش خشکی پایان فصل به ترتیب ۴۱ تا ۸۱ درصد و ۲۶ تا ۴۵ درصد بود. باقی‌زاده و همکاران (۱۳۸۳) با بررسی نحوه توارث برخی صفات کمی از طریق تجزیه میانگین نسل‌های حاصل از تلاقی رقم Afzal و Radical متوسط وراثت‌پذیری عمومی را بین ۵۵ درصد (برای تعداد سنبلچه) تا ۸۹ درصد (برای تعداد سنبله) برآورد نمودند. محمدی و همکاران (۱۳۸۷a) در بررسی ۵۰ ژنوتیپ انتخابی از گونه فسکیوی بلند (*Festuca arundinacea*) مشاهده نمودند که صفات تعداد روز تا ظهور خوشه، تعداد روز تا گرده‌افشانی و ارتفاع بوته از وراثت‌پذیری عمومی بالایی برخوردار می‌باشند. محمدی و همکاران (۱۳۸۷b) با ارزیابی ۲۱ جمعیت از گونه علف باغ (*Dactylis glomerata*)، وراثت‌پذیری صفات روز تا ظهور خوشه، طول برگ پرچم و روز تا گرده‌افشانی را بالا و برای صفات عملکرد علوفه خشک، تعداد ساقه، طول خوشه و ارتفاع بوته، متوسط گزارش نمودند. با وجود اهمیت وراثت‌پذیری عمومی بالا باید توجه داشت که سهم عمده‌ای از تنوع ژنتیکی ممکن است ناشی از واریانس ژنتیکی غیرقابل تثبیت (واریانس غیرافزایشی) باشد، حال آنکه ارزش اصلاحی صفات به واریانس ژنتیکی قابل تثبیت (واریانس افزایشی) وابسته است. بنابراین توصیه می‌شود که اجزاء واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری خصوصی از طریق انجام تجزیه ژنتیکی برای صفات مذکور برآورد گردد.

تفاوت معنی‌دار استان‌ها از لحاظ صفات روز تا گلدهی و وزن صد دانه نشان‌دهنده اثر عوامل تغییردهنده فراوانی ژن‌ها در جمعیت (مانند گزینش طبیعی، رانده

- نخجوان، ش.، بی‌همتا، م.ر.، درویش، ف.، سرخی، ب.، و زهراوی، م.، ۱۳۸۹. بررسی عمل ژن برای بعضی صفات کمی جو در شرایط آبیاری نرمال و تنش خشکی پایان فصل در تلاقی EC 84-12 و 1-BC-80455. خلاصه مقالات یازدهمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه شهید بهشتی، پژوهشکده علوم محیطی. صفحه ۶۳.

- Badr, A., Muller, K. and Schafer-Pregl, R., 2000. On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*). *Molecular Biology and Evolution*, 17:499-510.
- Bandurska, H., and Stroihski, A., 2003. ABA and proline accumulation in leaves and roots of wild (*Hordeum spontaneum*) and cultivated (*Hordeum vulgare* 'Maresi') barley genotypes under water deficit conditions *ACTA Physiologiae Plantarum*, 25:55-61.
- Chand, N., Vishwakarma, S.R., Verma, O.P. and Kumar, M., 2008. Worth of Genetic Parameters to Sort out New Elite Barley Lines over Heterogeneous Environments. *Barley Genetics News Letter*, 38:10-13.
- Ellis, R.P., Foster, B.P., Robinson, D., Handley, L.L., Gordon, D.C., Russell, J.R. and Powell, W., 2000. Wild barley: A source of genes for crop improvement in the 21st century? *Journal of Experimental Botany*, 51:9-17.
- Erkilli, M.J., Leah, R., Ahokas, H. and Cameron-Mills, V., 1998. Allele-dependent barley grain amylase activity. *Plant Physiology*. 117: 679-685.
- Evans, L.T., 1993. *Crop evolution, adaptation, and yield*. Cambridge University Press, Cambridge, England. P:500.
- Gorny, A.G., 2001. Variation in utilization efficiency and tolerance to reduced water and nitrogen supply among wild and cultivated barleys. *Euphytica*, 117:59-66.
- Hamid, B., 1990. Multiplication, characterization and evolution of barley landraces. *Genetic Resources Unit. Annual Report. ICARDA*. 1990.21-23.
- Hayes, P.M., Castro, A., Marquez-Cedillo, L., Corey, A., Henson, C., Jones, B.L., Kling, J., Mather, D., Matus, I., Rossi, C. and Sato, K., 2003. Genetic diversity for quantitatively inherited agronomic and malting quality traits. *In R. Von Bothmer et al. (ed.) Diversity in barley (Hordeum vulgare)*. Elsevier Science Publishers, Amsterdam. P: 300.
- IPGRI, 1994. *Descriptors for barley*. Rome, Italy.
- Ivandic, V., Hackett, C.A., Zhang, Z.J., Staub, J.E., Nevo, E., Thomas, W.T.B. and Forster, B.P., 2000. Phenotypic responses of wild barley to experimentally imposed water stress. *Journal of Experimental Botany*, 51:2021-2029.

می‌باشد. همچنین با توجه به اینکه اجداد وحشی گیاهان زراعی نسبت به تنش‌های محیطی متحمل‌تر می‌باشند (Bandurska et al., 2003) پیشنهاد می‌شود که تنوع ژنتیکی جو *H. spontaneum*، خصوصاً از لحاظ صفات ارزشمند زراعی، در اینگونه شرایط نیز مورد بررسی قرار گیرد.

### منابع مورد استفاده

- باقی‌زاده، ا.، طالعی، ع.، نقوی، م. ر.، و زینالی خانقاه، ح.، ۱۳۸۳. بررسی نحوه توارث برخی صفات کمی در جو از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها. *مجله علوم کشاورزی ایران*. جلد ۳۵: ۸۵۷-۸۵۱
- رحمانی، ا.، جعفری، ع.ا.، و هدایتی، پ.، ۱۳۸۳. تجزیه و تحلیل رگرسیون و علیت برای عملکرد بذر و اجزاء آن در چاودار کوهی (*Secal montanum*). *تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران*، ۱۲: ۱۹۴-۱۸۳.
- شفاءالدین، س.، ۱۳۸۱. بررسی تنوع ژنتیکی و جغرافیایی ژرم‌پلاسم جوهای بومی مناطق شمال کشور براساس صفات زراعی و مورفولوژیکی. *مجله علوم کشاورزی ایران*. ۳۳: ۵۸۱-۵۶۹.
- عشقی، ر.، اجاقی، ج.، سالابو، س.، ولزاده، م.، اهری‌زاد، س.، و مصطفایی، ح.، ۱۳۸۹. مطالعه پارامترهای ژنتیکی عملکرد دانه و اجزاء آن در جوی بدون پوشینه از طریق تجزیه دای‌آل. خلاصه مقالات یازدهمین کنگره زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه شهید بهشتی، پژوهشکده علوم محیطی. صفحه ۱۴۰.
- محمدی، ر.، خیام نکوئی، م. و میرلوحی، آ.ف.، ۱۳۸۷a. تنوع ژنتیکی و برآورد وراثت‌پذیری برخی صفات کمی در ژنوتیپ‌های انتخابی فسکیوی بلند. *تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران*. ۱۶: ۲۷۲-۲۵۴.
- محمدی، ر.، خیام نکوئی، م.، میرلوحی، آ.ف.، و رزمجو، خ.، ۱۳۸۷b. بررسی تنوع ژنتیکی در جمعیت‌های مختلف گونه علف باغ (*Dactylis glomerata*). *تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران*. ۱۶: ۲۶-۱۴.

- variation in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) with reference to salt tolerance and associated ecogeography. *Genome*, 40:332–341.
- Rasmusson, D.C. and Phillips, R.L., 1997. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. *Crop Science*, 37:303–310.
  - Shakhathreh, Y., Haddad, N., Alrababah M., Grando, S. and Ceccarelli, S., 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.
  - Shannon, C.E., 1948. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, 27:379-423.
  - Snow, L., and Brody, T., 1984. Genetic variation of *Hordeum spontaneum* in Israel: Eco-geographical races detected by trait measurement. *Plant Systematics and Evolution*, 145:15–28.
  - Von Kor, M., Wang, H., Leon, J. and Pillen, K., 2006. AB-QTL analysis in spring barley: II. Detection of favourable exotic alleles for agronomic traits introgressed from wild barley (*H. vulgare* ssp. *spontaneum*). *Theoretical and Applied Genetics*, 112: 1221–1231.
  - Yun, S.J., Gyenis, L., Hayes, P.M., Matus, I., Smith, K.P., Steffenson, B.J. and Muehlbauer, G.J., 2005. Quantitative trait loci for multiple disease resistance in wild barley. *Crop Science*, 45:2563–2572.
  - Jahoor, A. and Fischbeck, G., 1987. Sources of resistance to powdery mildew in barley lines derived from *Hordeum spontaneum* collected in Israel. *Plant Breeding*, 99:274–281.
  - Jalata, Z., Ayana, A., and Zeleke, H., 2010. Variability, heritability, and genetic advance for some yield and yield related traits in Ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5:44-52.
  - Jilal, A., Grando, S., Henry, R.J., Lee, S., Rice, N., Hill, H. Baum, M. and Ceccarelli, S., 2008. Genetic diversity of ICARDA's worldwide barley landrace collection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55:1221–1230.
  - Kato, K., Tanizoe, C., Beiles, A. and Nevo, E., 1998. Geographical variation in heading traits in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. II. Variation in heading date and adaptation to diverse ecogeographical conditions. *Hereditas*, 128:33–39.
  - Manisterski, J., Treeful, L., Tomerlin, J.R., Anikster, Y., Moseman, J.G., Wahl, I. and Wilcoxson, R.D., 1986. Resistance of wild barley accessions from Israel to leaf rust collected in the USA and Israel. *Crop Science*, 26:727–730.
  - Matus, I., and Hayes, P.M., 2002. Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome*, 45: 1095–1106.
  - Murphy, P.J., Witcombe, J.R. and Shewry, P.R., 1982. The origin of six-rowed 'wild' barley from the western Himalaya. *Euphytica*, 31:183–192.
  - Nevo, E. 1988. Genetic diversity in nature: patterns and theory. *Evolutionary Biology*, 23:217.246.
  - Pakniyat, H., Powell, W., Baird, E., Handley, L.L., Robinson, D., Scrimgeour, C.M., Nevo, E., Hackett, C.A., Caligari, P.D.S. and Forster, B.P., 1997. AFLP

## Evaluation of genetic diversity of agronomical traits in *Hordeum spontaneum* germplasm of Iran

M., Zahravi<sup>1</sup>, A.R., Taghinejad<sup>2</sup>, A., Afzalifar<sup>2</sup>, M.R., Bihamta<sup>3</sup> J., Mozaffari<sup>4</sup> and S., Shafaedin<sup>5</sup>

1\* – Corresponding author, Assist. Prof., National Plant Gene-Bank of Iran, Karaj, I.R.Iran.

Email: mzahravi@yahoo.com

2– M.Sc., Azad University, Karaj Branch, Karaj, I.R.Iran.

3– Prof., University of Tehran, Agriculture and Natural Resources Campus, Karaj, I.R.Iran.

4– Assoc. Prof., National Plant Gene-Bank of Iran, Karaj, I.R.Iran.

5– M.Sc., National Plant Gene-Bank of Iran, Karaj, I.R.Iran.

Received: 14.12.2010

Accepted: 12.12.2010

### Abstract

Genetic diversity of many important traits has been limited in primary gene-pool of crop species causing vulnerability. Six-rowed barleys have a narrow genetic base. Ancestral species are important resources of new alleles for germplasm enhancement. Thirty five accessions of *Hordeum spontaneum* selected from barley collection of National Plant Gene-bank of Iran were evaluated during 3 years for agro-morphological traits. Auricle and stem pigmentation were the most variant of all qualitative traits based on Shannon index. Estimates of coefficient of variation for potential grain and forage yield were relatively high indicating the potential of the studied accessions of *H. spontaneum* for exploitation of genetic diversity. The first three principal components comprised 71.24% of the total variation of the data. The first principal component emphasized on higher yield, vigor and early maturity and second principal component indicated higher yield, vigor, and late maturity. Traits of grain yield, 100-kernel weight, days to head emergence, biological yield, and awn length had high broad-sense heritability from 73.78 to 80.44%, hence breeding for these traits would be of high efficiency. The results of cluster analysis based on the origin of accessions were in agreement with their geographical pattern.

**Key words:** *Hordeum spontaneum*, Genetic diversity, Shannon index, Heritability, Principal components analysis.