"مجله علوم زراعی ایران"
جلد پانزدهم،شماره ۱، بهار ۱۳۹۲

ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات با استفاده از ویژگی‌های زراعی و نشانگرهای مولکولی در ارقام جو

Evaluation of genetic diversity of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars and relationship among traits using agronomic characteristics and molecular markers

احسان مجیرشیبانی[۱]، سیدعلی پیغمبری[۲]، بهمن یزدی صمدی[۳]، محمدرضا نقوی[۴] و کمال قدردان[۵]

چکیده

مجیر شیبانی، ا.، س.ع. پیغمبری، ب. یزدی صمدی، م.ر. نقوی و ک. قدردان. ارزیابی تنوع ژنتیکی و روابط بین صفات با استفاده از ویژگی‌های زراعی و نشانگرهای مولکولی در ارقام جو. **مجله علوم زراعی ایران. ۱۵(۱): ۵۹ -٤٦.**

در این تحقیق تنوع ژنتیکی ۲٤ رقم جو با استفاده از صفات زراعی، مورفولوژیکی و مولکولی مورد مطالعه قرار گرفت. سیزده صفت زراعی و مورفولوژیک در سال زراعی ۸۹-۱۳۸۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران مورد ارزیابی قرار گرفتند. بررسی تنوع ژنتیکی ومولکولی بین ارقام با استفاده از ۱۰ جفت آغازگر SSR صورت گرفت. نتایج تجزیه واریانس صفات کمّی نشان داد که بین همه ارقام از نظر کلیه صفات، تفاوت معنی داری وجود داشت که نشان دهنده تنوع ژنتیکی بالا برای صفات مورد بررسی در بین ژنوتیپ‌ها بود. عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی داری با صفات تعداد گره در ساقه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و تعداد پنجه در بوته داشت. تجزیه به مولفه‌های اصلی،۱۳ متغیر اولیه را در قالب چهار مولفه اصلی گروهبندی نمود که در مجموع ۷۵/۹۲ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند. براساس صفات کمّی ارقام جو به سه گروه تقسیم شدند. ارقام گروه اول مربوط به مناطق گرمسیری و ارقام گروه دوم مربوط به مناطق سردسیر کشور بودند. اگرچه برخی از ارقام با عادت رشدی مشابه در کنار هم قرار گرفتند، ولی گروه بندی ارقام نتوانست آنها را از نظر عادت رشد از یکدیگر تفکیک نماید. تنوع مولکولی ارقام با استفاده از پارامترهای محتوای اطلاعات چند شکلی، تعداد آلل موثر و شاخص شانون اندازه گیری شد و میانگین ٤۳/۳ نوار SSR به دست آمدکه از این میان ۳۱/٤ نوار چند شکل بودند. متوسط تعداد نوارهای چند شکلی از ۱/۹ تا ٤/۰ برای هر آغازگر متغیر بود. بیشترین نوار چند شکل مربوط به آغازگر Bmac0040 با ٤/۰ نوار و کمترین آن مربوط به آغازگرBmag0013 با ۱/۹ نوار بود. متوسط بیشترین نوار (٤/۸) مربوط به ارقام جنوب و گوهر جو و کمترین نوار (۳/۸) مربوط به رقم ریحان۰۳ بود. رقم گوهر جو با ۸۱ درصد چند شکلی در مجموع نوارهای مشاهده شده دارای بیشترین تنوع و رقم فجر۳۰ با ٥٤ درصد چند شکلی کمترین تنوع را داشتند. بر اساس شاخص شانون، تعداد آلل موثر و میزان اطلاعات چند شکلی تنوع ژنتیکی در ارقام بینابین بیشتر از ارقام بهاره بود. گروه بندی داده های مورفولوژیکی با داده های مولکولی مطابقت نداشتند. این موضوع نشان می‌دهد که نشانگرهای SSR مورد استفاده ارتباط ژنتیکی و پیوستگی با مکان‌های کنترل کننده صفات مورفولوژیکی مورد مطالعه نداشتند. با توجه به اینکه نشانگرهای SSR عمدتاً در نواحی غیر کد کننده ژنوم قرار دارند، عدم ارتباط بین گروه بندی داده‌های مولکولی با داده‌های مورفولوژیکی دوراز انتظار نیست.

واژه‌های کلیدی: آلل موثر، تنوع ژنتیکی، جو، مولفه‌های اصلی و نشانگرهای SSR.

تاریخ دریافت:۱۳۹۰/۶/۲۰ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۱/۹/۱ این مقاله مستخرج از پایان نامه کارشناسی ارشدنگارنده اول می‌باشد

۱- دانشجوی سابق کارشناسی ارشد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
۲- دانشیار پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران. عضو انجمن علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (مکاتبه کننده)(پست الکترونیک: alipey@ut.ac.ir)
۳- استاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
٤- استاد پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
٥- محقق پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

مقدمه

منابع ژنتیک گیاهی یکی از ارزشمندترین ذخایر طبیعی هر کشور محسوب می‌شود. ایجاد ارقام گیاهی با عملکرد بالا به منظور دستیابی به امنیت غذایی منوط به دسترسی به این منابع می‌باشد. ایران دارای یکی از غنی‌ترین منابع ژنتیکی گیاهان زراعی دنیا است. تعداد گونه‌های گیاهی ایران حدود ۸۰۰۰ گونه برآورد شده و یکی از مراکز اصلی پیدایش و تنوع گیاهان زراعی نظیر گندم، جو، یولاف، چاودار، نخود، عدس، گلرنگ، یونجه و بسیاری از درختان میوه، گیاهان علوفه‌ای و سبزیجات و گیاهان زینتی و دارویی به شمار می‌رود (Ghahreman and Attar, 1999). جمع‌آوری، حفاظت، شناسایی و استفاده پایدار از این تنوع ژنتیکی برای استفاده در برنامه های به‌نژادی و یا بیوتکنولوژی گیاهی ضروری است.

جو بعد از گندم، ذرت و برنج چهارمین غله مهم در دنیا است و جزء ۱۰ محصول برتر زراعی به شمار می‌آید (Akar*et al*., 2004). در دنیا سالانه بیش از ۱۵۰ میلیون تن جو از ۵۶ میلیون هکتار بدست می آید و ایران با تولید ۳,۶۴۴,۷۲۲ تن جو در سال، سیزدهمین کشور تولید کننده جو در جهان است (USDA, 2011).گیاه جو به علت سه ویژگی سازگاری وسیع بوم شناختی، قابلیت استفاده مستقیم و غیر مستقیم توسط انسان و دام و قابلیت استفاده در صنایع مالت سازی و تخمیری مورد توجه است (Hayes, 1992).

موفقیت گذشته حال و آینده به نژادگران به میزان تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی و خویشاوندان وحشی آنها بستگی دارد. یکنواختی ژنتیکی در گیاهان زراعی نامطلوب است، زیرا اولاً گیاهانی تولید می‌شوند که نسبت به اپیدمی‌ها و متغیرهای محیطی آسیب پذیرند و این موضوع باعث کاهش عملکرد می‌شود، ثانیاً خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی که دارای منابع ژنی مفید هستند، از دست می‌روند (Sharma,1996). کسب اطلاع از فاصله ژنتیکی در بین افراد یا جمعیت‌ها در برنامه‌های اصلاحی، امکان سازمان‌دهی ذخایر توارثی و نمونه‌گیری موثر از ژنوتیپ‌ها را فراهم می‌سازد (Abdmishani *et al.,* 1998). گسترش نشانگرهای DNA باعث به وجود آمدن روش‌های متعددی برای غلبه بر مشکلات اصلاحی و ژنتیکی موجودات شده است. نشانگرSSR در مطالعات جمعیت، بررسی روابط خویشاوندی و مطالعات مربوط به حذف یا اضافه شدن ژن‌ها استفاده می‌شوند(Turnpenny *et al.,* 2005).

وارشنی و همکاران (Varshney*et al.,* 2009) کلکسیونی از ژرم پلاسم جو ICARDA را به منظور بررسی تنوع ژنتیکی مورد استفاده قرار دادند. این کلکسیون شامل ۱۸۵ رقم زراعی (*Hordeum vulgare*) و ۳۸ ژنوتیپ وحشی (*H. spontaneum*) بود.با استفاده از ۶۸ نشانگرSNP در مجموع ۱۴۳ آلل شناسایی شد. تعداد آلل‌های SSR در هر جایگاه ژنی بین ۳ تا ۲۲ متغیر بود و متوسط آن برای هر نشانگر ۷/۹ بدست آمد. محتوای اطلاعات چند شکلی برای نشانگرهای SSR و SNP به ترتیب ۰/۶۳ و ۰/۳۸ به دست آمد. کریم و همکاران (Karim *et al*., 2010) به منظور بررسی ژنتیکی و روابط خویشاوندی، ۱۲ توده بومی جو را همراه با دو رقم زراعی Manel و Martin با استفاده از نشانگرهای RAPD و SSR مورد ارزیابی قرار دادند. میزان پلی مورفیسم بالایی برای هر دو نوع نشانگر بدست آمد و متوسط محتوای اطلاعات چند شکلی برای نشانگرهای RAPD و SSR به ترتیب ۰/۴۷۷ و ۰/۵۳۳ بدست آمد. در نشانگر RAPD از ۹۳ باند، ۶۹ باند (۰/۷۴)چند شکل بودند. تعداد آلل‌ها برای هر آغازگر متغیر بوده و بین ۴ تا ۱۰ (با میانگین ۶/۲) حاصل گردید.

پیغمبری و همکاران (Peyghambari *et al*., 2005) ۷۲ لاین جو مضاعف شده را برای صفات عملکرد و مقاومت به خشکی ارزیابی کردند. همبستگی عملکرد با صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه در بوته و وزن هزار دانه مثبت و معنی‌دار بود. نتایج تجزیه

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

علیت نشان داد که اثر مستقیم متوسط تعداد پنجه، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله بر متوسط عملکرد دانه، مثبت و بالا بود. کرمی و همکاران (Karami *et al*., 2005) به منظور تعیین اهمیت نسبی صفات زراعی، میزان تاثیر مستقیم و غیر مستقیم آنها بر عملکرد دانه و ارزیابی اثر خشکی بر این صفات، ۲۶ ژنوتیپ جو را تحت شرایط دیم و فاریاب مورد بررسی قرار دادند. همبستگی عملکرد دانه در تک بوته با ارتفاع ساقه، طول پدانکل، تعداد کل سنبلچه‌ها، سنبلچه‌های بارور، تعداد برگ، ماده خشک، وزن سنبله اصلی، وزن کل‌سنبله‌ها، میانگین تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، عملکرد کاه و کلش و شاخص برداشت مثبت و معنی‌دار بود.

هدف از اجرای این تحقیق، بررسی تنوع ژنتیکی و گروه بندی ارقام زراعی جو با استفاده از صفات زراعی، مورفولوژیک و مولکولی بوده است.

مواد و روش‌ها

این آزمایش در سال زراعی ۸۹- ۱۳۸۸ در مزرعه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران واقع در کرج انجام شد. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار انجام شد. هر واحد آزمایشی شامل دو خط دو متری بود. اسامی ارقام و مشخصات عمومی آنها در جدول یک ارائه شده است. صفات زراعی و مورفولوژیک اندازه گیری شده عبارت بودند از: روز تا سنبله دهی، روز تا رسیدگی، طول برگ پرچم، طول ریشک، تعداد گره در ساقه، تعداد برگ در بوته، طول سنبله، ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه، تعداد پنجه در بوته، دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه. برای اندازه گیری صفات در هر واحد آزمایشی ۱۰ بوته بطور تصادفی انتخاب گردید. ضرایب همبستگی بین صفات زراعی و مورفولوژیکی با استفاده از روش پیرسون محاسبه گردید. از مولفه‌های اصلی برای تجزیه و تحلیل داده‌ها استفاده شد. هدف از این تجزیه ایجاد متغیرهای جدید(مولفه‌های اصلی) و مستقل با ترکیباتی از متغیرهای اولیه بود. گروه بندیارقامبا استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش متوسط پیوستگی بین گروهینیز صورت گرفت. جهت تجزیه خوشه‌ای بر اساس داده‌های مولکولی، ماتریس تشابه با استفاده از روش دایس تهیه و سپس دندروگرام با الگوریتم Neighbor joining ترسیم گردید. در بررسی صفات مولکولی استفاده از نشانگرSSR طبق روش رودر و همکاران (Röder*et al*., 1998) انجام شد.برای استخراج DNA از برگ‌های جوان گیاه، از روش سقایی معروف و همکاران (Saghai Maroof *et al.,*1984) استفاده شد.در این تحقیق از ۱۰ جفت آغازگر SSR استفاده شد(جدول ۲). این آغازگرها طوری انتخاب شدند تا ۷ کروموزوم جو را تحت پوشش قرار دهند. برای آغازگرها با دمای اتصال ۵۵ و ۶۰ درجه سانتیگراد، برنامه PCR بصورت Touch Down تنظیم گردید (Hecker and Roux, 1996). برای رنگ آمیزی ژل‌ها از روش رنگ آمیزی نیترات نقره استفاده شد (Shevchenko *et al.,*1996). محتوای اطلاعات چند شکلی با استفاده از رابطه ۱ محاسبه شد.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} pi^2 \qquad (۱)$$

در این رابطه p_i فراوانی آلل iام و n تعداد کل آلل‌ها برای هر نشانگر می‌باشند (Anderson *et al.,* 1993) .

شاخص شانون با استفاده از رابطه‌های زیر محاسبه شد (Zar, 1999).

$$H' = \sum_i pi \ln pi \qquad (۲)$$

$$P_i = \frac{ni}{N} \qquad (۳)$$

در این رابطه p_i فراوانی نسبی آلل‌ها برای هر جمعیت،n_iتعداد آلل‌های مشاهده شده در جمعیت i ام و N تعداد کل آلل‌ها هستند. تعداد آلل موثر بیانگر میزان تنوع ژنتیکی در جمعیت است و برای مقایسه جمعیت‌ها مورد استفاده قرار می گیرند. تعداد آلل موثر با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد(Nei, 1973).

$$Ne = \frac{1}{L}\sum_{l=1}^{L}(\sum_{a=1}^{n1} p^2)^{-1} \qquad (۴)$$

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

در ایـــن رابطـــه L تعـــداد مکـــان هـــای ژنـــی (نشـــانگرها)، n_l تعـــداد آلـــل‌هـــا در مکـــان l ام و p فراوانـــی نســـبی آلـــل a ام در مکـــان ژنـــی l ام هستند. برای تجزیـه و تحلیـل آمـاری از نـرم افزارهـای SPSS 16، MSTATC و NTSYS استفاده شد.

جدول ۱- مشخصات ۲۴ رقم جو مورد ارزیابی*

Table 1. Description of 24 barley cultivars

شماره No.	نام رقم Cultivar	منطقه سازگار Adaptation area		Growth type	عادت رویش
1	Kavir	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
2	Eram	(WM)	معتدل گرم	Spring	بهاره
3	Karoon	(WH)	گرم و مرطوب	Facultative	بینابین
4	Nimrooz	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
5	Nosrat	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
6	Torkman	(WH)	گرم و مرطوب	Spring	بهاره
7	Reyhan 03	(WM)	معتدل گرم	Spring	بهاره
8	Jonoob	(WH)	گرم و مرطوب	Facultative	بینابین
9	Dasht	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
10	Valfajr	(CM)	معتدل سرد	Facultative	بینابین
11	Sahand	(MC)	کوهستانی و سردسیر	Facultative	بینابین
12	Sahra	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
13	Zarjo	(CM)	معتدل سرد	Facultative	بینابین
14	Fajr 30	(WM)	معتدل سرد	Facultative	بینابین
15	Mahalimoghan	(WH)	گرم و مرطوب	Spring	بهاره
16	Makoei	(MC)	کوهستانی و سردسیر	Facultative	بینابین
17	Aras	(CM)	معتدل سرد	Facultative	بینابین
18	Bahman	(MC)	کوهستانی و سردسیر	Facultative	بینابین
19	Sina	(WM)	معتدل گرم	Spring	بهاره
20	Goharjo	(WM)	معتدل گرم	Spring	بهاره
21	Reyhani	(WM)	معتدل گرم	Facultative	بینابین
22	Nomar	(CM)	معتدل سرد	Spring	بهاره
23	Gorgan 4	(WH)	گرم و مرطوب	Spring	بهاره
24	Productive	(CM)	معتدل سرد	Spring	بهاره

WM: Warm Mediterranean, WH: Warm & Humid, CM: Cold Mediterranean, MC: Mountain Cold

*برگرفته از سایت وزارت جهاد کشاورزی(www.maj.ir)

نتایج و بحث

آزمون F برای کلیه صفات اندازه گیری شده در سطح یک درصد معنی‌دار بود. این موضوع نشان دهنده وجود تنوع بین ارقام جو مورد بررسی از نظر صفات کمّی است. بیشترین ضریب تغییرات برای عملکرد (۲۳/۱۰ درصد) و کمترین مقدار آن مربوط به صفت روز تا رسیدگی (۱/۷۵ درصد) بود. میانگین ضریب تغییرات برای کلیه صفات ۱۰/۲ درصد محاسبه گردید. ضریب تغییرات پایین نشان دهنده دقت بالا در اندازه‌گیری و یکنواختی ماده آزمایشی است.

بیشترین ضریب همبستگی (r =۰/۵۹**) بین تعداد پنجه در بوته و عملکرد دانه و کمترین همبستگی (r =۰/۰۱) بین تعداد برگ در بوته و طول ریشک، تعداد برگ در بوته و تعداد گره در ساقه، تعداد دانه در سنبله و طول ریشک، وزن هزار دانه و طول برگ پرچم بدست آمد (جدول ۳). عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی داری با صفات تعداد گره در ساقه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، دوره پر شدن دانه،تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه در بوته داشت.دورهپر شدن دانه نیز با صفات روز تا سنبله دهی، روز تا

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای SSR

Table 2. SSR primers specification

نام آغازگر SSR Primer	کروموزوم Chromosome	توالی رفت Forward	توالی برگشت Reverse	اندازه Size	موتیف Motif
HvHVA1	1H	CATGGGAGGGGACAACAC	CGACCAAACACGACTAAAGGA	136 bp	(ACC)5
EBmac0415	2H	GAAACCCATCATAGCAGC	AAACAGCAGCAAGAGGAG	247 bp	(AC)17
Bmag0603	3H	ATACCATGATACATCACATCG	GGGGGTATGTACGACTAACTA	120 bp	(AG)24
Bmag0013	3H	AAGGGGAATCAAAATGGGAG	TCGAATAGGTCTCCGAAGAAA	155 bp	(CT)21
HVM70	3H	CCGCCGATGACCTTCTC	ACCCACGACCTATGGCAC	154 bp	(CA)8
HVM40	4H	CGATTCCCCTTTTCCCAC	ATTCTCCGCCGTCCACTC	160 bp	GA)7
GMS001	5H	CTGACCCTTTGCTTAACATGC	TCAGCGTGACAAACAATAAAGG	134 bp	(CT)7,TTT(CT)2
Bmac0316	6H	ATGGTAGAGGTCCCAACTG	ATCACTGCTGTGCCTAGC	135 bp	(AC)19
Bmac0040	6H	AGCCCGATCAGATTTACG	TTCTCCCTTTGGTCCTTG	236 bp	(AC)20
HvWaxy4a	7H	AGTATCGCAGACGCTCAC	GTTATGTACTCGCTCGCTC	169 bp	(GCAT)4

جدول ۳- ضرایب همبستگی صفات زراعی و مورفولوژیک در ۲۴ رقم جو

Table 3. Correlation coefficient between agronomic and morphological characteristics in 24 barley cultivars

		X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6	X_7	X_8	X_9	X_{10}	X_{11}	X_{12}	X_{13}
X_1	روز تا سنبله دهی	1												
X_2	روز تا رسیدگی	0.38**	1											
X_3	طول برگ پرچم	0.03	0.08	1										
X_4	طول ریشک	0.05	0.22*	-0.45**	1									
X_5	تعداد گره در ساقه	0.17	0.16	-0.03	-0.10	1								
X_6	تعداد برگ در بوته	0.15	0.13	0.12	0.01	0.01	1							
X_7	طول سنبله	0.20*	0.24*	-0.05	-0.01	-0.05	0.22*	1						
X_8	ارتفاع بوته	-0.36**	-0.44**	-0.04	-0.08	0.51**	0.12	-0.10	1					
X_9	تعداد دانه در سنبله	0.31**	0.30**	-0.08	0.01	-0.10	0.18	0.36**	-0.16	1				
X_{10}	وزن هزار دانه	-0.37**	-0.37**	-0.01	0.06	0.34**	-0.08	0.19	0.42**	-0.18	1			
X_{11}	تعداد پنجه در بوته	0.40**	0.36**	0.10	0.19	0.10	-0.21*	-0.19	0.41**	-0.26**	0.42**	1		
X_{12}	دوره پر شدن دانه	0.52**	0.48**	0.03	0.15	0.22*	-0.17	-0.27**	0.48**	-0.37**	0.58**	0.45**	1	
X_{13}	عملکرد دانه	0.14	0.13	0.17	0.17	0.26*	-0.14	-0.19	0.21*	0.36**	0.42**	0.59**	0.31**	1

X_1: Days to heading X_2: Days to maturity X_3: Flag leaf length X_4: Awn length X_5: Node.plant^{-1} X_6: Leaf.plant^{-1} X_7: Spike length X_8: Plant height
X_9: Grain.spike^{-1} X_{10}: 1000 grain weight X_{11}: Tiller.plant^{-1} X_{12}: Seed filing period X_{13}: Grain yield

* and ** Significant at 5 % and 1 % probability levels, respectively

* و**: به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

رسیدگی، تعداد گره در ساقه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه و تعداد پنجه در بوته همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات طول سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی منفی و معنی دار داشت. با توجه به ضرایب مثبت و معنی‌دار همبستگی فنوتیپی صفات تعداد گره در ساقه، دوره پر شدن دانه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه در بوته با عملکرد، به نظر می‌رسد که می‌توان از این صفات برای انتخاب (غیر مستقیم) به منظور افزایش عملکرد دانه استفاده کرد.کرمی و همکاران (Karami*et al.*, 2005) در ارزیابی مقاومت به خشکی در ارقام جو نشان دادند که عملکرد دانه با ارتفاع بوته، طول پدانکل، تعداد کل سنبلچه‌ها، تعداد سنبلچه‌های بارور، ماده خشک، تعداد برگ، وزن سنبله اصلی، وزن کل سنبله‌های تک بوته، میانگین تعداد دانه در بوته، وزن هزار دانه، عملکرد کاه و کلش و شاخص برداشت همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. پیغمبری و همکاران (Peyghambari *et al.*, 2005) نشان دادند که عملکرد دانه در جو با صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه در سنبله، تعداد پنجه در بوته و وزن هزار دانه همبستگی داشت. نتایج آزمایش حاضر وتحقیقات دیگران نشان می‌دهد که صفاتی نظیر وزن هزار دانه، تعداد دانه در بوته و تعداد پنجه در بوته که از اجزای اصلی عملکرد هستند،در افزایش عملکرد جو تاثیر گذار می‌باشند.

مقادیر بردار ویژه، نسبت واریانس هر مولفه و جمع کل واریانس توجیه شده حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلی۲۴ رقم جو برای ۱۳ صفت درجدول ۴ ارائه و با استفاده از تجزیه به مولفه‌های اصلی،۱۳ متغیر اولیه در قالب چهار متغیر جدید (چهار مولفه اصلی) تعیین شدند که این چهار مولفه در مجموع ۷۵/۹۲ درصد از تغییرات کل را توجیه نمودند. مولفه اول با ۳۴/۴۰ درصد از تغییرات کل، عمدتاً توجیه کننده صفات روز تا رسیدگی، روز تا سنبله دهی، تعداد گره در ساقه، تعداد برگ در بوته و ارتفاع بوته بود. مولفه دوم با ۲۰/۶۳ درصد از تغییرات عمدتاً توجیه کننده صفاتوزن هزار دانه، تعداد پنجه در بوته، تعداد دانه در سنبله، دوره پر شدن دانه و عملکرد دانه بود. مولفه سوم با ۱۱/۹۴ درصد از تغییرات کل صفت طول سنبله را توجیه کرد و مولفه چهارم با ۸/۹۲ درصد از تغییرات کل، توجیه کننده صفات طول برگ پرچم و طول ریشک بود.نتایج سایرتحقیقات نیز اهمیت روش تجزیه به مولفه‌های اصلی را جهت شناخت صفات مناسب و استفاده از آن در برنامه‌های اصلاحی در جو را نشان می‌دهد. در این راستا زاکووا و بنکووا (Zakova and Benkova, 2006) در بررسی صفات زراعی و مورفولوژیکی جوهای بهاره با استفاده از روش‌های آماری چند متغیره نشان دادند که تجزیه به مولفه اصلی با دو مولفه، ۷۲/۸ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. صفات اصلی توجیه کننده این تغییرات ارتفاع بوته و عملکرد دانه بودند. ایواندیچ و همکاران (Ivandic *et al.*,2000) در ارزیابی واکنش واریته‌های جو وحشی به تنش آبی نشان دادند که در تجزیه به مولفه‌های اصلی، سه مولفه ۸۸/۸ درصد از تغییرات کل صفات مرتبطبا تنش را توجیه کردند. مولفه اول صفات مربوط به اجزای عملکرد را توجیه کرد و مولفه‌های دوم و سوم صفات مربوط به رشد و دوره زایشی را توجیه نمودند. نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی بیانگر اهمیت صفات با تنوع بالا در ایجاد کل تغییرات می‌باشد. بدیهی است صفاتی که از تنوع بالاتری برخوردار باشند، در برنامه‌های اصلاحی کاربرد بیشتری خواهند داشت.

مولفه‌های به دست آمده در تجزیه به مولفه‌های اصلی برای انجام تجزیه خوشه‌ای و ترسیم دندروگراماستفاده گردید (شکل ۱). نتایج حاصل ارقام را در دو گروه اصلی تقسیم نمود. در گروه اول دو زیرگروه به ترتیب شامل ۸ و ۳ رقم قرار گرفتند. زیرگروه اول شامل ارقام ماکویی، سینا، زرجو، بهمن،

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

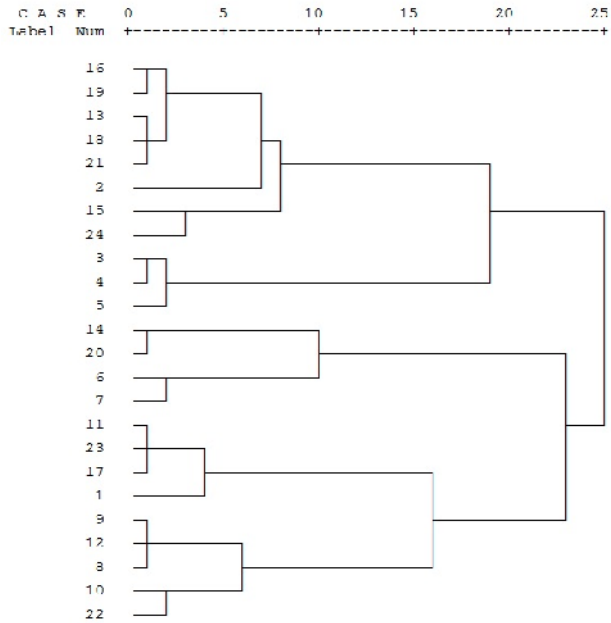
[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

جدول ۴- تجزیه به مولفه‌های اصلی برای ۱۳ صفت گیاهی در ۲۴ رقم جو

Table 4. Principal component analysis for 13 plant characteristics in 24 barley cultivars

		مولفه اول Component 1	مولفه دوم Component 2	مولفه سوم Component 3	مولفه چهارم Component 4
Eigen vector	بردار ویژه	4.45	2.68	1.55	1.16
Variance	واریانس		20.63	11.94	8.92
Accumulated variance	واریانس تجمعی	34.44	55.06	67.00	75.92
Days to heading	روز تا سنبله دهی	0.61	0.13	-0.06	-0.05
Days to maturity	روز تا رسیدگی	0.87	0.18	-0.11	-0.06
Flag leaf length	طول برگ پرچم	-0.06	0.15	-0.06	0.87
Awn length	طول ریشک	-0.43	0.27	-0.15	0.63
Node.plant^{-1}	تعداد گره در ساقه	0.80	-0.28	0.30	-0.26
Leaf.plant^{-1}	تعداد برگ در بوته	0.72	-0.01	0.11	-0.19
Spike length	طول سنبله	0.11	0.09	0.96	-0.06
Plant height	ارتفاع بوته	0.55	0.06	0.28	-0.46
Grain.spike^{-1}	تعداد دانه در سنبله	0.14	0.93	0.10	-0.13
1000 grain weight	وزن هزار دانه	0.18	0.91	-0.03	-0.06
Tiller.plant^{-1}	تعداد پنجه در بوته	-0.36	0.80	0.01	0.31
Seed filling period	دوره پر شدن دانه	0.22	0.62	-0.02	-0.46
Grain yield	عملکرد دانه	-0.15	0.87	0.37	0.16

ریحانی، ارم، محلی مغان و پروداکتیو و زیرگروه دوم شامل ارقام کارون، نیمروز و نصرت بود. در گروه دوم دو زیرگروه بترتیب شامل ۴ و ۹ رقم گروه بندی شدند. زیرگروه اول شامل ارقام فجر ۳۰، گوهر جو، ترکمن و ریحان ۰۳ و زیرگروه دوم شامل ارقام سهند، گرگان ۴، ارس، کویر، دشت، صحرا، جنوب، والفجر و نومار بود.



شکل ۱- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۲۴ رقم جو بر اساس نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی

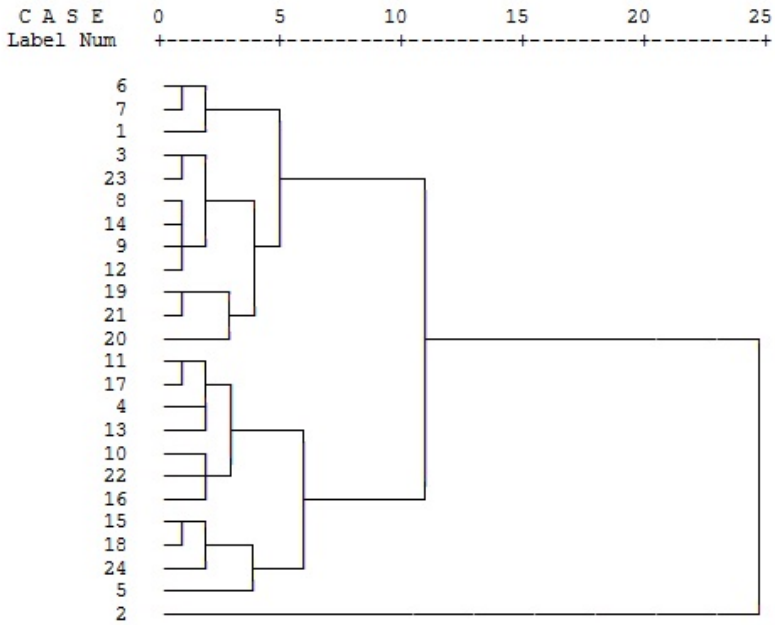
Fig. 1. Cluster analysis dendrogram of 24 barley cultivars based on PCA data

با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به روش متوسط پیوستگی بین گروه و ارقام جو به سه گروه تقسیم شدند. گروه اول شامل ۱۲ رقم، گروه دوم شامل ۱۱ رقم و گروه سوم شامل یک رقم بود. اغلب ارقام گروه

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

اول مربوط به مناطق گرم تا گرم مرطوب کشور می‌باشند. ارقام این گروه شامل کویر، ترکمن، کارون، ریحان ۰۳، جنوب، دشت، فجر ۳۰، گوهرجو، گرگان ۴، صحرا، ریحانی و سینا بودند. ارقام گروه دوم مربوط به مناطق معتدل تا معتدل سردسیر غرب کشور بودند. این ارقام شامل ماکویی، زرجو، والفجر، ارس، پروداکتیو، بهمن، نومار، محلی مغان، سهند، نیمروز و نصرت بودند. گروه سوم شامل رقم ارم بود. اکثر ارقام گروه دوم دارای عملکرد بالاتری بودند. طولانی بودن دوره رشدی این ارقام که عمدتاًمربوط به مناطق معتدل تا معتدل سردسیر هستند و عموما به صورت پاییزه کشت می‌شوند، تایید کننده عملکرد بالاتر این گروه است. یکی از جنبه های مهم تجزیه خوشه‌ای، تعیین تعداد کلاسترهای مطلوب و قابل قبول است. زمانی تجزیه کلاستر مطلوب است که فاصله ژنتیکی درون کلاستری کمتر از میانگین کل فاصله ژنتیکی باشد وفاصله ژنتیکی بین دوکلاستر از فاصله درون کلاستری بیشتر باشد (Brown-Guedria*et al.*,2000). اگرچه برخی از ارقام جو با عادت رشدی مشابه در کنار هم قرار گرفتند، ولی گروه بندی ارقام نتوانست آنها را از نظر عادت رشد از یکدیگر تفکیک نماید.



شکل ۲- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۲۴ رقم جو بر اساس صفات مورفولوژیک و زراعی

Fig. 2. Cluster analysis dendrogram of 24 barley cultivars based on agronomic and morphological characteristics

با توجه به گروه بندی ارقام بر اساس صفات مورفولوژیک و نتایج تجزیه به مولفه‌های اصلی، ارقام فجر ۳۰، گرگان ۴، گوهر جو، ترکمن، ریحان ۰۳، کویر، دشت، صحرا و جنوب در هر دو گروه بندی در یک دسته قرار گرفتند. ارقام ماکویی، زرجو، بهمن، محلی مغان، پروداکتیو، نیمروز و نصرت نیز در هر دو گروه بندی در یک دسته قرار گرفتند.مقایسه این دو گروه بندی نشان می‌دهد که ارتباط بین صفات و یا استقلال مولفه‌ها می‌تواند روی گروه بندی ارقام تاثیر بگذارد.

در تجزیه مولکولی ۲۴ رقم جو با استفاده از نشانگرهای SSR بطور میانگین ۴۳/۲۸ نوار نمره دهی

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

شدند که از این میان ۳۱/۴۲ نوار چند شکل مشاهده گردید. میانگین تعداد نوارهای چند شکل از ۱/۹۶ تا ۴/۰۰ نوار برای هر آغازگر متغیر بود. میانگین بیشترین نوار چند شکل مربوط به آغازگر Bmac0040 با ۴/۰۰ نوار و کمترین نوار چند شکل مربوط به آغازگر Bmag0013 با ۱/۹۶ نوار بود (جدول ۵) . کمترین درصد چند شکلی (۵۶ درصد) مربوط به آغازگر Bmag0013 و بیشترین درصد چند شکلی (۸۵/۶۵ درصد)برای آغازگر Bmac0040به دست آمد. الگوی باندی مربوط به آغازگر Bmag0013 برای ۲۴ رقم جو مورد ارزیابی در شکل ۳ نشان داده شده است. میانگین درصد چند شکلی برای همه آغازگرها، ۷۲/۰۱ محاسبه گردید. ۸۱ درصد از مجموع نوارهای مشاهده شده رقم گوهر جو برای کلیه آغازگرها چند شکل بود و این رقم بیشترین تنوع را داشت. رقم فجر ۳۰ نیز با ۵۴ درصد چند شکلی از مجموع نوار های مشاهده شده برای کلیه آغازگرها دارای کمترین تنوع بود. میانگین بیشترین نوار مشاهده شده مربوط به ارقام جنوب و گوهر جو با ۴/۸ نوار و کمترین نوار مربوط به رقم ریحان۰۳ با ۳/۸ بود.مقدار ضریب چند شکلی (Polymorphic Index Content) برای ارقام بهاره از ۰/۴۵ تا ۰/۶۷ و برای ارقام بینابین از ۰/۵ تا ۰/۶۷ متغیر بود. با توجه به درصد چند شکلی، تعداد نوار و مقدار ضریب چند شکلی موثرترین آغازگر، Bmac0040 بود و توانست بیشترین تنوع را نشان دهد. در آزمایش حاج منصور و همکاران (Hajmansoor *et al*., 2010) مقدار ضریب چند شکلی PIC برای ۶۴ ژنوتیپ جو بر اساس نمره دهی باندها بین ۰/۴۹ تا ۰/۸۹ محاسبه شد. حیدری و همکاران (Heidari *et al*., 2011) در بررسی تنوع ژنتیکی ۳۵ لاین و رقم جو با استفاده از ۱۹ جفت آغازگر SSR و EST-SSR، میزان اطلاعات چند شکلی را برای نشانگرهای مورد بررسی بین ۰/۱۵ تا ۰/۸۹ محاسبه کردند. رمزی و همکاران (Ramzi *et al*., 2009) در بررسی تنوع ژنتیکی ارقام جو با استفاده از ۱۸ آغازگر SSR در مجموع ۳۱ آلل را شناسایی کردند که میانگین آلل برای هر آغازگر بین ۱ تا ۵ و با میانگین ۲/۸۱ بود.

جدول ۵- محتوای اطلاعات چندشکلی آغازگرها و تعداد نوارها برای ۲۴ رقم جو

Table 5. Primer bands and polymorphism information content for 24 barley cultivars

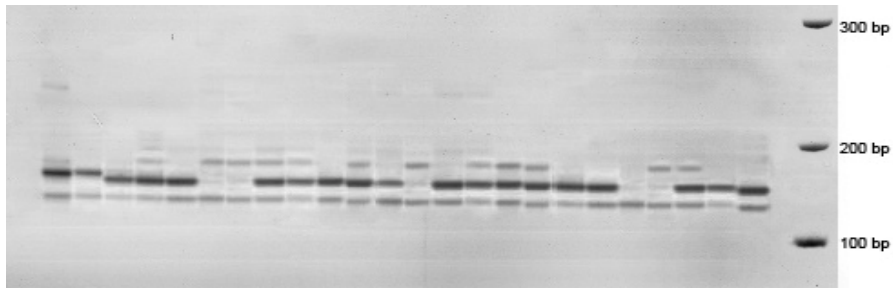
آغازگر Primer	تعداد نوار No. of Band	تعداد نوار چند شکل Polymorph bands	درصد چند شکلی Polymorphism (%)	ارقام بهاره Spring PIC	ارقام بینابین Facultative PIC
HvWaxy4a	4.29	2.96	68.99	0.49	0.52
HvHVA1	4.46	3.21	71.97	0.66	0.50
Bmag0603	4.58	3.42	74.67	0.52	0.67
Bmag0013	3.50	1.96	56.00	0.47	0.50
GMS001	4.08	3.04	74.51	0.57	0.53
Bmac0316	4.96	3.71	74.79	0.64	0.64
HVM70	3.79	2.71	71.50	0.45	0.57
HVM40	4.33	2.83	65.36	0.53	0.56
Bmac0040	4.67	4.00	85.65	0.60	0.64
EBmac0415	4.62	3.58	77.48	0.67	0.63

شاخص‌های مربوط به تنوع ژنتیکی شامل تعداد آلل‌های مشاهده شده، تعداد آلل‌های موثر و شاخص اطلاعاتی شانون (H′) برای کل ارقام، ارقام بهاره و بینابین محاسبه شد (جدول ۶). میانگین آلل‌های مشاهده شده برای کل ارقام ۳/۱۰ و برای ارقام بهاره و بینابین به ترتیب ۲/۷۰ و ۲/۹۰ به دست آمد. میانگین تعداد

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

آلل‌های موثر برای کل ارقام ۲/۴۴ و برای ارقام بهاره و بینابین نیز به ترتیب ۲/۳۴ و ۲/۴۱ محاسبه گردید. شاخص اطلاعاتی شانون برای ارقام بهاره و بینابین به ترتیب ۰/۸۸ و ۰/۹۲ به دست آمد.



شکل ۳- الگوی باندی نشانگر Bmag0013 در ۲۴ رقم جو

Fig. 3. The banding pattern of Bmag0013 marker in 24 barley cultivars

جدول ۶- میانگین آلل‌های مشاهده شده و موثر و شاخص شانون در ۲۴ رقم جو

Table 6. Mean of observed and effective alleles and Shannon index in 24 barley cultivars

	کل ارقام Total cultivars	ارقام بهاره Spring cultivars	ارقام بینابین Facultative cultivars
Na	3.10±0.57	2.70±0.48	2.90±0.57
Ne	2.45±0.36	2.34±0.44	2.41±0.37
H′	0.94±0.13	0.88±0.12	0.92±0.15

Na: Number of observed Alleles, تعداد آلل مشاهده شده NE: Number of Effective Alleles, تعداد آلل موثر
H': Shannon Index شاخص شانون

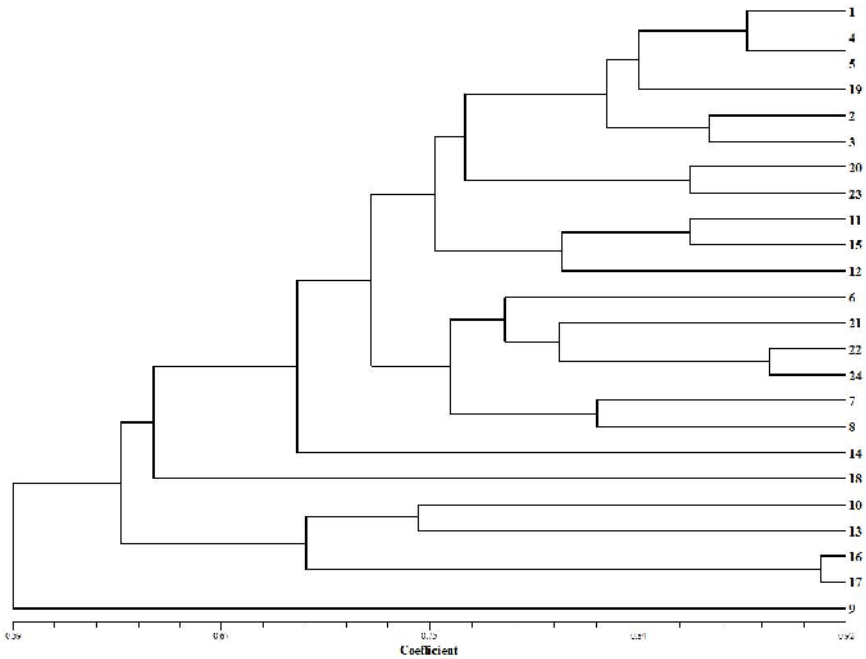
همانطور که مشاهده می‌شود تعداد آلل‌های موثر و مشاهده شده در ارقام بینابین بیشتر از بهاره است و نشان دهنده وجود تنوع بیشتر در این ارقام است. شاخص شانون نشان دهنده میزان چند شکلی مجموع آغازگرها در ارقام است. با توجه به بالاتر بودن این ضریب در ارقام بینابین، چند شکلی موجود در این ارقام برای کلیه آغازگرها بیشتر بود. سرور و آمارا هاجر (Sourour and Amara Hajer, 2009)طی ارزیابی صفات فنوتیپی کمّی گندم دوروم، تنوع فنوتیپی را بر اساس شاخص شانون تعیین کردند. میزان این شاخص برای صفات تراکم خوشه، کرکی بودن گلوم و رنگ گلوم به ترتیب۰/۸۶، ۰/۸۰ و۰/۷۹ بود که دارای بیشترین تنوع فنوتیپی بودند. صفت اندازه دانه نیز با کمترین میزان شاخص شانون (H′=0.69) کمترین تنوع را داشت.

در تجزیه خوشه‌ای براساس داده‌های مولکولی کلیه ارقام به سه گروه تقسیم شدند. گروه اول شامل ۱۹ رقم کویر، جنوب، کارون، سینا، نیمروز، نصرت، ارم، سهند، گوهرجو، گرگان۴، ریحان ۰۳، محلی مغان، ترکمن، نومار، پروداکتیو، ریحانی و صحرا، فجر ۳۰ و بهمن بود. گروه دوم شامل ارقام والفجر، زرجو، ارس و ماکویی بود و گروه سوم شامل رقم دشت بود. بیشتر ارقام گروه اول مربوط به مناطق معتدل تا معتدل گرمسیر بودند و ارقام گروه دوم مربوط به مناطق معتدل تا معتدل سردسیر بودند. ارقام کویر، جنوب، سینا، گوهرجو، گرگان۴، ریحان ۰۳، ترکمن، ، ریحانی، صحرا و فجر ۳۰ که در گروه اول قرار گرفتند، در تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیک نیز در یک دسته قرار داشتند. کلیه ارقام گروه دوم شامل والفجر، زرجو، ارس و ماکویی نیز در تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفولوژیک در یک دسته قرار

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

داشتند. البته در مورد ارقام دیگر گروه‌بندی تغییر کرد که این موضوع بیانگر تفاوت این ژنوتیپ‌ها در سطح مولکولی و DNA و یا تعداد کم نشانگرها بوده است و تفاوت‌های ناشی از این گروه بندی‌ها بر اساس داده‌های مورفولوژیک احتمالاً به علت اثر محیط روی فنوتیپ می‌باشد. گروه بندی داده‌های مورفولوژیکی با داده‌های مولکولی همخوانی زیادی نشان نداد، این موضوع بیانگر این واقعیت است که نشانگرهای SSR مورد استفاده ارتباط ژنتیکی و پیوستگی مناسب با مکان‌های کنترل کننده صفات مورفولوژیکی مورد مطالعه را ندارند، البته از آنجایی که نشانگرهای SSR عمدتاً در نواحی غیر کد کننده ژنوم قرار دارند، عدم ارتباط بین گروه بندی داده‌های مولکولی با داده‌های مورفولوژیکی دوراز انتظار نیست. در آزمایشی که توسط دریسیگاکر و همکاران (Dreisigacker*et al*., 2004) صورت گرفت، مشاهده شد که ارقام کشت شده در مناطق مختلف جغرافیایی، لزوماً در دسته های جداگانه قرار نمی‌گیرند و این موضوع به چند دلیل می‌تواند باشد: طولانی نبودن انتخاب بر اساس شرایط مختلف محیطی که بتواند منجر به ایجاد تفاوت در ژرم پلاسم شود و همچنینتوانایی ژن‌هایی که باعث سازگاری به یک محیط می‌شوند و در ایجاد سازش به چند محیط نقش دارند.



شکل ۴- دندروگرام تجزیه خوشه‌ای ۲۴ رقم جو بر اساس داده‌های مولکولی

Fig. 4. Cluster analysis dendogram of 24 barley cultivars based on molecular data

در برنامه‌های اصلاحی، باتوجه به گروه‌بندی انجام شده و برآورد میانگین صفات برای ارقام هر کلاستر و درصد انحراف میانگین هر کلاستر از میانگین کل، می‌توان والدین مناسب را برای ایجاد تنوع انتخاب نمود. ازآنجایی که ژنوتیپ‌های موجود در هر یک از کلاسترها دارای قرابت ژنتیکی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در کلاسترهای دیگر هستند، بنابراین می‌توان برای ایجاد تنوع هر چه بیشتر و انجام تلاقی‌های هدفمند از گروه‌بندی بر اساس داده‌های مولکولی استفاده نمود، چون در این گروه بندی اثر

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

محیط حذف گردیده و می‌توان دسته بندی دقیق‌تری از ژنوتیپ‌ها به دست آورد. عملکرد دانه مهم‌ترین صفت در برنامه‌های اصلاحی بوده و صفاتی که در ارتباط با عملکرد هستند، حائز اهمیت می باشند. چنانکه مشاهده شد عملکرد دانه همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفات تعداد گره در ساقه، ارتفاع بوته، وزن هزار دانه، دوره پر شدن دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه در بوته داشت. صفات وزن هزار دانه، دوره پر شدن دانه، تعداد دانه در سنبله و تعداد پنجه در بوته نیز در تجزیه به مولفه‌های اصلی با عملکرد در یک مولفه قرار گرفتند، از این رو به نظر می‌رسد که با توجه به تنوع این صفات در ارقام مورد ارزیابی از آنها برای اصلاح عملکرد جو در برنامه‌های اصلاحی استفاده نمود.

منابع مورد استفاده

References

Abdmishani, S. and A. A. Shahnejat Boushehri. 1998. Advanced Plant Breeding. Tehran University Press.(In Persian).

Akar, T., M. Avci and F. Dusunceli. 2004. Barley: Post-harvest operations. [Online].Available athttp://www.fao.org/inpho/content/compend/text/ch31/ch31.htm.Accessed on 15 August 2007.

Anderson, J. A., G. A. Churchill, J. E. Autrique, S. D. Tanksley and M. E. Sorrells. 1993. Optimizing parental selection for genetic-linkage maps. Genome, 36: 181–186.

Brown Guedira, G. L., J. A. Thompson, R. L. Nelson and M. L. Warburton. **2000**. Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and North American ancestors using RAPD and SSR markers. Crop Sci. 40: 815-823.

Dreisigacker, S., P. Zhang, M. L. Warburton, M. Van Ginkel, D. Hoisington, M. Bohn and A. E. Melchinger. 2004. SSR and pedigree analysis of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different mega environments. Crop Sci. 44: 381-388.

Ghahreman, A. and F. Attar. 1999. Biodiversity of Plant Species in Iran. Tehran University Press.(In Persian).

Hajmansoor, S., M. R. Bihamta, A. R. Nabipoor, A. Mohamadi, S. M. Pirseyedi and H. R. Nikkhah. 2010. Genetic diversity in Barley genotypes: II. Microsatellite markers and morphological traits.Iran. J. Crop Sci. 1(2): 150-171. (In Persian with English abstract).

Hayes, P. M. 1992. Economic trait loci (quantitative trait loci- QTL) analysis progress report. North American Barley Genome Mapping Project (NABGMP). Barley Genet. Newsl. 21: 30-31.

Hecker, K. and K. Roux. 1996. High and low annealing temperatures increase both specificity and yield in touchdown and stepdown PCR. Biotechniques, 20 (3): 478–85.

Heidari, A., S. A. Mohammadi, M. Moghaddam, M. R., Shakiba, K. Ghasemi Golezani and A. Yousefi, A. 2011. Analysis of genetic diversity in barley genotypes using SSR and EST-SSR markers.Iran. J. Crop Sci. 13(1) 146-156. (In Persian with English abstract).

Ivandic, V., C. A. Hackett, Z. J. Zhang,J. E. Staub, E. Nevo, W. T. Thomasand B. P. Forster. 2000. Phenotypic responses of wild barley to experimentally imposed water stress. J. Exp. Bot. 51(353): 2021-2029.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

Karim, K., A. Rawda, C. M. Hatem, B. N. Mbarek and T. Mokhtar. **2010**. Analysis of genetic diversity and relationships in local Tunesian barley by RAPD and SSR analysis. Afr. J. Biotechnol. 9(44): 7429-7436.

Karami, E., M. Bihamta, M. Naghavi and M. Mardi. 2005. Drought resistance in barley. Iran. J. Agric. Sci. 36(3): 547-560. (In Persian with English abstract).

Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 70: 3321-3323.

Peyghambari, S. A., B. Yazdisamadi, S. Abdmishani, A. Sarafi, A. Taleiand M. Bihamta.2005. Evaluation of drought resistance and yield related traits in double haploid barley. Iran. J. Agric. Sci. 36(4): 955-967. (In Persian with English abstract).

Ramzi, C., E. F. Mouldi, B. S. Hammadi, B. N. M'Barek, A. Chedly, R. Dalila, N. Ahmad, and S. Mahmoud. 2009. Molecular characterization of Tunisian barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using microsatellites (SSRs) markers. Europ. J. Sci. Res. 36(1): 6-15.

Röder M.S., V. Korzun, K. Wendehake, J. Plaschke, M.H. Tixier, P. Leroy and M.W. Ganal. 1998. A microsatellite map of wheat. Genetics, 149: 2007–2023.

Saghai-Maroof, M. A., K. Soliman, R. A. Jorgensen and R. W. Allard. 1984. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics. Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America PNAS. 81(24): 8014-8018.

Sharma, S. **1996**. Applied Multivariate Techniques.John Wiley and Sons, Inc.

Shevchenko, A., M. Wilm, O. Vorm and M. Mann. 1996. Mass-spectrometric sequencing of proteins from silver-stained polyacrylamide gels. Analytic. Chem. 68: 850-858.

Sourour, A and S. Amara Hajer.2009. Distribution and phenotypic variability aspects of some quantitative traits among durum wheat accessions. Afr. Crop Sci. J. 16(4): 219 – 224.

Turnpenny, P. D., S. Ellard, A. E. H. Emery and R. F. Mueller.2005. Emery's elements of medical genetics (12th Edition.). Edinburgh: Elsevier Churchill Livingstone.

Varshney, R. K., M. Baum, P. Guo, S. Grando, S. Ceccarelli and A. Graner2009. Features of SNP and SSR diversity in a set of ICARDA barley germplasm collection. Mol. Breed. 26: 229-242.

United States Department of Agriculture (USDA). Circular Series WAP 11-11 November 2011 World Agricultural Production. Foreign Agricultural Service.

Žáková, M. and M. Benková. 2006. Characterization of spring barley accessions based on multivariate analysis. Int. J. Faculty Agric. Biol. 1(2): 124–134.

Zar, J. H. 1999. Biostatistical Analysis, (4th Ed.), Upper Saddle River, Prentice Hall.

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]

Evaluationof genetic diversity of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars and relationship among traits using agronomic characteristics and molecular markers

Mojirsheibani, E.[1], S. A. Peyghambari[2], B. Yazdisamadi[3], M. R. Naghavi[4] and K. Ghadrdan[5]

ABSTRACT

MojirSheibani, E., S. A. Peyghambari, B. Yazdisamadi, M. R. Naghavi and K. Ghadrdan. 2013. Evaluation of genetic diversity of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars and relationship among traits using agronomic characteristic and molecular markers. **Iranian Journal of Crop Sciences. 15(1): 46-59. (In Persian).**

Twenty four barley varieties were evaluated for their genetic diversity using thirteen agronomic and morphological traits as well as ten SSR primers. Analysis of variance showed significant differences among cultivars for all traits, indicating a high genetic diversity. Grain yield had a positive and significant correlation with number of nodes per plant, plant height, 1000 grain weight, grainfilling durationand tiller number per plant. Principal component analysis categorized 13 primarily variables into 4 new variables (four principal components) representing 75.92% of total variations. All varieties were divided into three clusters based on their quantitative traits. In group 1, most varieties were from warm regions however, many varieties in group 2 had come from cold areas. Although some varieties with similar growth habitswere categorized in one cluster, they were not separated based on their growth habitby clustering. Molecular genetic diversity was performed using PIC (Polymorphic Index Content), number of effective alleles and Shannon Index. Totally 43.28 average bands were scored of which 31.42 bands were polymorphic. Average number of polymorphic bands varied from 1.96 to 4.00 per primer. The highest polymorphic bands were related to Bmac0040 primer with an average of 4.00 bands and the lowest in Bmag0013 primer with 1.96 bands. The highest bands were observed for Jonoob and Goharjo varieties with 4.8 and the lowest one for Reyhan 03 cultivar with 3.8 bands. The highest and the lowest polymorphic varieties were Goharjo with 81% and Fajr 30 with 54% bands, respectively. Based on Shannon Index, PIC and effective allele number, there was more genetic diversity among facultative varieties over spring varieties. There was no relationship between morphological and molecular clustering which impliesthat there is no linkage between used SSRs and studiedmorphological loci. Since SSRs are located in non-coding regions, lack of relationship between morphological and molecular clustering is not unexpected.

Keywords: Barley, Effective allele, Genetic diversity, Principal component analysis and SSR markers.

Received: September, 2011 Accepted: November, 2012

1- MSc. Student, Agricultural and Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran
2- Assistant Prof., Agricultural and Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran (Corresponding author) (Email: alipey@ut.ac.ir)
3- Professor, Agricultural and Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran
4-Professor, Agricultural and Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran
5-Researcher, Agricultural and Natural Resources Campus, University of Tehran, Karaj, Iran

[Downloaded from agrobreedjournal.ir on 2025-12-08]

[DOR: 20.1001.1.15625540.1392.15.1.5.3]