[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]

Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

# بررسی وراثت پذیری صفات مورفولوژی و تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی و ریخت‌شناسی در ژنوتیپ‌های جو دیم

**رضا میردریکوند***

استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، واحد خرم‌آباد، دانشگاه آزاد اسلامی، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰٤/۱۲ – تاریخ پذیرش: ۱۳۹۵/۰۸/۲٤)

## چکیده

شناسایی تنوع ژنتیکی و استفاده از آن در موفقیت برنامه‌های به‌نژادی، امری ضروری است. در این تحقیق تنوع ژنتیکی ۲۰ ژنوتیپ جو دیم با استفاده از صفات مورفولوژیک و نشانگرهای مولکولی RAPD و ISJ بررسی شد. ژنوتیپ‌ها از نظر همه صفات ظاهری مورد بررسی اختلاف معنی‌دار داشتند که این موضوع بیانگر وجود تنوع ژنتیکی بین آنها بود. محاسبه وراثت‌پذیری عمومی برای صفات نشان داد که صفت طول سنبله بیشترین و عملکرد دانه کمترین وراثت‌پذیری را داشتند. کمترین و بیشترین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی به ترتیب برای صفات وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله برآورد گردید. میانگین درصد چندشکلی آغازگرهای ISJ بیشتر از چندشکلی مشاهده شده در بین آغازگرهای RAPD بود. تجزیه‌ی خوشه‌ای نشان داد که تفکیک ژنوتیپ‌ها بر اساس صفات ظاهری با تفکیکی که با استفاده از داده‌های مولکولی بدست آمد، مشابهت چندانی ندارند، اما تفکیک بر اساس داده‌های مولکولی RAPD و ISJ تا حدودی توانست ژنوتیپ‌های دو ردیفه و شش ردیفه، همچنین ژنوتیپ‌های دانه پوشیده و بدون پوشینه را از هم تفکیک نماید. بین ماتریس تشابه داده‌های مولکولی و صفات ظاهری همبستگی منفی و معنی‌دار، ولی بین ماتریس تشابه داده‌های مولکولی همبستگی مثبت و معنی‌دار وجود داشت.

**واژگان کلیدی:** جو دیم، تنوع ژنتیکی، نشانگر مولکولی، وراثت‌پذیری

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: **mirderikvand@khoiau.ac.ir**

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

**مقدمه**

جو یکی از قدیمی‌ترین گیاهان زراعی می‌باشد که توسط انسان، اهلی شده و در نقاطی از خاور نزدیک که کاوشهای باستانشناسی صورت گرفته همیشه با گندم دیده شده است. خاستگاه جوها چند ردیفه در آسیای شرقی، غرب چین، تبت تا شمال شرقی هندوستان بوده است. سایر نواحی که تصور می شود جو از آنها منشاء گرفته باشد، آسیای میانه عمدتاً قفقاز، سوریه و نواحی هم مرز آنها است. در این مناطق اجداد جوهای دو ردیفه‌ای یافت می‌شود که از هوردئوم اسپانتانئوم (*Hordeum spantaneum*) منشاء گرفته‌اند (Normohamadi *et al*., 2009).

فنوتیپ هر گیاه ترکیبی از عوامل ژنتیکی و محیطی است. انتخاب و اصلاح ارقام گیاهی برای صفات مورد نظر همواره با مشکلاتی روبرو بوده و از مدت‌های طولانی متخصصین اصلاح‌نباتات در پی یافتن نشانگرهای ژنتیکی بوده‌اند که با صفات مورد نظر پیوستگی داشته باشند تا بدین ترتیب از آنها به‌عنوان معیار غیر مستقیمی در انتخاب ارقام استفاده نمایند. برای آنکه صفتی به عنوان نشانگر ژنتیکی مورد استفاده قرار گیرد باید حداقل از دو خصوصیت یعنی متفاوت بودن بین دو فرد (چند شکلی) و توارث برخوردار باشد. نشانگری در اصلاح نباتات مفید است که پیوستگی نزدیکی با ژن‌های مورد نظر داشته باشد، توارث پذیری آن بالا بوده و اندازه گیری آن آسان باشد (Vejdani, 1997). نشانگر ISJ[1] نشانگری است که در آن از آغازگرهایی استفاده می‌شود که مکان آنها بر اساس نواحی برش اتصال اینترون- اگزون (ISJ) است. این نشانگرها توسط وینینگ و لانگریج (Weining and Langridge, 1991) برای انگشت نگاری DNA پیشنهاد شده است و جایگزین مناسبی برای نشانگر RAPD است. وینینگ و هنری (Weining and Henry, 1995) در مطالعه‌ای تنوع ژنتیکی ۵۰ ژنوتیپ از گونه جو وحشی (*H. spontaneum*) را که از نقاط مختلف دنیا جمع آوری شده بود با استفاده از آغازگرهای ISJ مورد بررسی قرار دادند، اکثر نمونه‌ها تفاوت معنی‌داری را نشان نداده و گروه مشترکی تشکیل دادند، ولی تنوع موجود بین نمونه‌های مورد بررسی همبستگی بسیار بالایی با توزیع جغرافیایی آنها داشت. استرل‌چنکو و همکاران (Strelchenko *et al*., 1999)، تفاوت‌های ژنتیکی ارقام جو را که از نقاط مختلف جهان جمع آوری شده بود با نشانگر RAPD بررسی نمودند و گزارش دادند که ارقام مورد مطالعه در سه گروه مجزا قرار می‌گیرند که این سه گروه با مکان جغرافیایی که در آن توزیع شده اند مرتبط است. منجونیته و همکاران (Manjunatha *et al*., 2007)، از صفات ظاهری و نشانگر RAPD برای تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی ۷۰ نمونه جو بومی مناطق هیمالیا استفاده کردند. آنها بر اساس صفات ظاهری گونه‌های متنوعی را شناسایی نمودند. تجزیه کلاستر بر اساس این صفات نمونه‌های جو دانه لخت و دانه پوشیده را بخوبی از هم تفکیک نمود. نشانگرRAPD به طور مؤثرتری جوهای دانه لخت را از دانه پوشیده تفکیک نمود. عشقی و آخوندوا (Eshghi and Akhundova, 2010)، تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو لخت را با استفاده از صفات زراعی- ظاهری، نشانگر RAPD و پروتئین‌های ذخیره‌ای بذر، بررسی نمودند. تجزیه‌ی کلاستر و تجزیه به مؤلفه‌ها بر اساس صفات زراعی- ظاهری ژنوتیپ‌ها را به طور مناسبی گروه‌بندی کرد. نتایج نشان داد که بر اساس ضریب تشابه جاکارد، ضریب تشابه بین ژنوتیپ‌ها از ۰/۲۲ تا ۰/۸۱ متغیر بود. بررسی تغییرات ژنتیکی با استفاده از پارامترهای مناسب ژنتیکی و وراثت‌پذیری برای اثر بخشی بیشتر برنامه‌های اصلاحی، ضروری است (Atta *et al*., 2008).

هدف از این تحقیق، بررسی وراثت‌پذیری، ضرایب تغییرات فنوتیپی، ژنوتیپی و تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو دیم با استفاده از دو نشانگر مولکولی RAPD، ISJ و صفات مورفولوژیک بود. طراحی آغازگرهای ISJ بر اساس توالی‌های حفاظت شده است و مکان اتصال بسیار اختصاصی را مورد هدف قرار می دهند. استفاده از این

1- Intron-exon splice junction

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

توالی‌ها می تواند مکانی برای اتصال آغازگرهای PCR باشد که آغازگرهای نیمه تصادفی را بوجود می‌آورند.

## مواد و روش‌ها

برای انجام این تحقیق ۲۰ ژنوتیپ جو دیم که از مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان لرستان تهیه شده بودند، مورد استفاده قرار گرفت. این ژنوتیپ‌ها شامل ۱۳ جو دو ردیفه بودند که از این تعداد ژنوتیپ‌های DD-21/4/Aliso/ C130.9.2// Hb602/3/Nala/So/ya (شماره ۳)، و DD-21 (شماره ۱۲) دانه لخت بود و ژنوتیپ‌های ماهور (شماره ۱)، Viringas/3/h. Sponta.21-3/ Arar 84/w12269/4h (شماره ۲)، Atahualpa/Tarida (شماره ٤)، W13159/6/Anca/2469/Toji/3/Shyri/4/Ataco/5/A (شماره ٥)، W131180/4/Aliso/C139.902//Hb602/3 /Mol/Shy (شماره ۷)، Atahualpa/DD-21 (شماره ۸)، BF891M-59//Acc#116131-Coii#8901-44-Gizo (شماره ۱۳)، Atahulpa/Barque (شماره ۱۵)، Soufara-o2/RM1508/POR/W12269/41/AML-O2/Arabi /Abiader/APM (شماره ١٦)، Alger/Ceres/SIS/3/En /APM/4/WI2197/Mazurka (شماره ۱۸) و 2Hedarii2 /Ndbii2//Mora/5/B1-BAR//Mari (شماره ۲۰)، پوشینه دار بودند. همچنین از ۷ ژنوتیپ شش ردیفه، ژنوتیپ Petunia1/8/Post/Copal/5/Gloria (شماره ۱۱) دانه لخت و ژنوتیپ‌های ایذه (شماره ٦)، Caimr/ F6NB2/Khomes (شماره ۹)، Bkfmaguelone1604/3/Apro//SV.02109 /Mari/U/Giza (شماره ۱۰)، Atahvalpa/5/Alger/Ceres //SIS/3/ER/APM/4/W12197 (شماره ١٤)، Alanda/ Zafara/Athualpa/5/Lignee527/Chno1//GU/Store/4/ RHNO8/3/Deiiallon/106/PL71/Strain205 (شماره ۱۷) و Atahulpa/IPA99 (شماره ۱۹)، پوشینه‌دار بودند. آزمایش مزرعه‌ای در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در سال زراعی ۹۳-۱۳۹۲ اجرا گردید. در حین رشد و بعد از برداشت صفات ارتفاع بوته، تعداد دانه درسنبله، طول ریشک، طول سنبله، طول پدانکل، وزن هزار دانه و عملکرد دانه اندازه‌گیری شدند.

**آزمایش‌های مولکولی:** ابتدا از هر رقم تعداد ۲۰ بذر در گلدان کشت گردید. برای جلوگیری از آلودگی احتمالی، خاک گلدانها قبلاً به دقت بررسی شد تا عاری از وجود بذر گیاهان مخصوصاً غلات باشد. بعد از اینکه گیاهان سبز شدند، (پس از حدود ١٤ روز) از هر نمونه تعدادی برگ جمع‌آوری و سپس نمونه‌ها به آزمایشگاه منتقل شدند. استخراج DNA به روش دلاپورتا و همکاران (Dellaporta *et al*., 1993) انجام شد. به منظور حذف RNA از نمونه‌ها با توجه به مشاهدات اولیه بر اساس ژل الکتروفورز، ۱ میکرولیتر آنزیم RNase (۱۰ mg/ml) برای هر نمونه استفاده شد.

جدول ۱- مواد و غلظت نهایی برای انجام واکنش PCR نشانگرهای RAPD و ISJ

Table 1. Final concentrations of materials used for amplification of RAPD and ISJ markers

| اجزاء واکنش Reaction component | غلظت محلول پایه Stocks solution conc. | | غلظت نهایی Final concentrations | | مقدار برای هر واکنش (میکرولیتر) Amount for each reaction(µl) | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | RAPD | ISJ | RAPD | ISJ | RAPD | ISJ |
| آب ($dd_{H2O}$) | – | – | – | – | 17 | 4.05 |
| بافر Buffer | 10 X | 10 X | 1 X | 1 X | 2.5 | 2 |
| آغازگر Primer | 10 Pmol/µl | 20 Pmol/µl | 0.4 Pmol/µl | 1.33 Pmol/µl | 1.25 | 1.25 |
| dNTPs | 10 mM | 10 mM | 0.2 mM | 0.2 mM | 0.5 | 0.5 |
| Taq polymerase | 5U/µl | 5U/µl | 1.25U/µl | 1 U/µl | 0.25 | 0.2 |
| DNA | 10 ng/µl | 10 ng/µl | 35ng/µl | 35ng/µl | 3.5 | 5 |
| $MgCl_2$ | – | 25 mM | – | 2.5 mM | – | 2 |
| جمع Total | | | | | 25 | 15 |

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

کیفیت DNA ژنومی با استفاده از ژل آگارز ۰/۸٪ و اسپکتروفتومتری تعیین شد. در این پژوهش از ۲۰ آغازگر تصادفی ۱۰ نوکلئوتیدی و ۲۰ آغازگر نیمه تصادفی استفاده شد (جداول ۳ و ٤). برای انجام واکنش‌های PCR با استفاده از آغازگرهای تصادفی و نیمه تصادفی محلول واکنش به ترتیب در حجم ۲۵ و ۱۵ میکرولیتر تهیه گردید (جدول ۱). پس از مراحل تکثیر توسط PCR، از ژل ۱/۵٪ آگارز با بافر TAE و دستگاه الکتروفورز با ولتاژ ۹۰ به مدت دو ساعت برای تفکیک قطعات تکثیر شده، استفاده گردید. رنگ آمیزی با استفاده از ماده رنگ‌آمیزی ژل‌رد[1] صورت گرفت. مشاهده و عکسبرداری زیر نور UV به کمک دستگاه Gel Doc XR ساخت کمپانی BioRad انجام شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های هر روش از ضریب تشابه جاکارد و روش UPGMA[2] استفاده شد. تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار NTSYS-pc (Rohlf, 1992) انجام گردید.

**محاسبات آماری و تجزیه و تحلیل داده‌های صفات ظاهری:** تجزیه واریانس و محاسبات آماری صفات توسط نرم افزار SAS (SAS Institute, 2002)، انجام شد. تجزیه خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های صفات ظاهری به روش Ward و با استفاده از نرم‌افزارهای SPSS نسخه ۱٦ انجام شد. وراثت پذیری عمومی با استفاده از رابطه‌ی $h^2 = \frac{\delta^2 g}{\delta^2 ph}$ (Falconer, 1989) ضریب تغییرات ژنتیکی با استفاده از رابطه‌ی $\mathrm{G.C.V} = \frac{\sqrt{V_G}}{\mu} * 100$ و ضریب تغییرات فنوتیپی با استفاده از $\mathrm{P.C.V} = \frac{\sqrt{V_P}}{\mu} * 100$، (Singh and Chaudhury, 1985) محاسبه شد.

## نتایج و بحث

تجزیه واریانس آماری صفات نشان داد که ژنوتیپ‌ها از نظر تمام صفات مورد مطالعه در سطح احتمال ۱٪ تفاوت معنی دار دا شتند. معنی دار بودن اثر صفات مورد ارزیابی بیانگر این ا ست که بین ژنوتیپ‌ها از نظر این صفات تنوع وجود دارد به عبارت دیگر این ژنوتیپ‌ها در محل اجرای آزمایش بروز متفاوتی از نظر صفات مورد برر سی دا شتند که ممکن اســت در نتیجه اثر محیط یا تفاوت‌های ژنتیکی آنها باشد.

وراثت پذیری درجه انتقال صفات یک گیاه به فرزندانش را اندازه‌گیری می‌نماید. برآورد وراثت‌پذیری می‌تواند برای آگاهی از تأثیر میزان عوامل ژنتیکی و محیطی و نیز برآورد میزان بازده ژنتیکی در یک جمعیت به کار رود. میزان وراثت‌پذیری به مقدار تنوع ژنتیکی موجود، میزان اثرات محیطی و نوع صفت بستگی دارد. در این مطالعه پس از محاسبه‌ی قابلیت توارث عمومی مشخص شد که صفات طول سنبله و وزن هزار دانه به ترتیب با ۷٦٪ و ۷٤٪ دارای بیشترین، و صفات عملکرد دانه با ٤۳٪ دارای کمترین میزان وراثت پذیری عمومی بودند (جدول ۲). بالا بودن وراثت پذیری این دو صفت به علت بالا بودن واریانس ژنتیکی و کم بودن واریانس محیطی است.

مسعود و چودری (Masood and Chaudary, 1987) میزان وراثت پذیری عمومی ارتفاع بو ته، تعداد پنجه در بو ته، تعداد سنبلچه در سنبله، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و عملکرد دانه را محا سبه کردند و م شاهده نمودند که مقدار آن برای عملکرد و اجزای آن بالاســت. جلال (Jalal and Ahmad, 2012)، وراثت پذیری عمومی برای صفات تعداد دانه در سنبله و وزن هزار دانه بیش از ۹۸٪ گزارش داد.

دامنه‌ی ضریب تغییرات ژنوتیپی از ۷/۱۵ تا ۲۸/۸۵ در صد بود که کمترین م قدار آن مربوط به وزن هزار دا نه و بیشــترین آن مربوط به تعداد دانه در ســنبله بود. دامنه‌ی ضریب تغییرات فنوتیپی از ۸/۲۹ تا ۳۵/۳۱ در صد بود که کمترین و بیشــترین به ترتیب مربوط به صــفت وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله بود.

جلال (Jalal and Ahmad, 2012) در مطـالعـه‌ای در لاین های ام ید بخش جو ضــر یب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی برای صــفت وزن هزار دانه را به ترتیب ۱۵/۳۵ و ۱٤/۹۳ اعلام نمود. صــفت وزن هزار دانه دارای کمترین ضــریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی بود بنابراین صــفت فوق در محل اجرای آزمایش تأثیرپذیری کمتری از محیط داشته است.

1- Gel Red

2- Unweighted Pair Group Method whit Arithemetic Average

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

جدول ۲- میانگین، واریانس، ضرایب تغییرات و وراثت پذیری عمومی صفات ظاهری ژنوتیپ‌های جو دیم

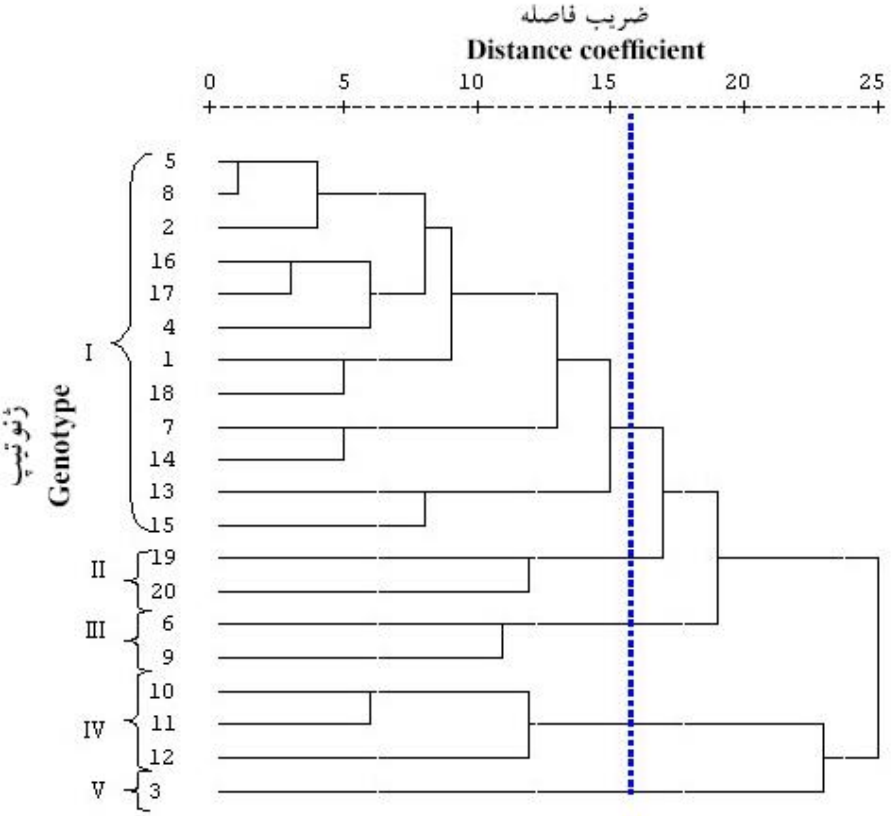
Table 2. Mean, variance, coefficient of variability and broad sense heritability of morphological traits in rainfed barley genotypes.

| وراثت پذیری Heritability in broad sense % | ضریب تغییرات Coefficient of variability | | واریانس variance | | میانگین Mean | صفات Traits |
|---|---|---|---|---|---|---|
| | ژنوتیپی Genotypic | فنوتیپی Phenotypic | ژنوتیپی Genotypic | فنوتیپی Phenotypic | | |
| 65 | 13.78 | 17.09 | 66.47 | 102.19 | 59.15 | ارتفاع بوته Plant height (cm) |
| 66 | 28.85 | 35.31 | 2256.66 | 3380.06 | 164.61 | تعداد دانه در سنبله No. of grain per spike |
| 73 | 12.77 | 14.90 | 2.93 | 4.01 | 13.41 | طول ریشک Awn length (cm) |
| 54 | 19.63 | 26.67 | 6.29 | 11.6 | 12.77 | طول پدانکل Peduncle length (cm) |
| 76 | 11.72 | 13.41 | 0.63 | 0.83 | 6.79 | طول سنبله Spike length (cm) |
| 74 | 7.15 | 8.29 | 11.16 | 15.03 | 46.71 | وزن هزار دانه 1000-kernel weight (gr) |
| 43 | 17.76 | 26.92 | 0.21 | 0.49 | 2.6 | عملکرد دانه Grain yield (ton/ha) |

ژنوتیپی بود بنابراین صفت فوق در محل اجرای آزمایش تأثیرپذیری کمتری از محیط داشته است. دربین صفات مورد بررسی، صفت تعداد دانه در سنبله دارای ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی بیشتری بود، بنابراین تاثیر محیط بر صفات با ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی کم، از سایر صفات کمتر می‌باشد. ماتریس تشابه بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس صفات ظاهری با استفاده از فاصله‌ی اقلیدسی محاسبه شد، کمترین تشابه بین ژنوتیپ‌های شماره ۳ (دانه لخت) و ۱۶ (پوشینه دار) مشاهده شد. فاصله اقلیدسی بین این دو ژنوتیپ ۴۳/۳۲ بود. بیشترین تشابه (۱/۴۴) مربوط به ژنوتیپ‌های شماره ۵ و ۸ بود. این ژنوتیپ‌ها دو ردیفه هستند و تشابه زیادی به ویژه در مورد صفت عملکرد دانه با هم داشتند. بر اساس صفات ظاهری ژنوتیپ‌ها گروه‌بندی شدند (شکل ۱). اگر دندروگرام در فاصله‌ی ۱۶ قطع شود، ژنوتیپ‌ها در ۵ گروه عمده قرار می‌گیرند. روشهای مختلفی جهت پیش‌بینی محل برش دندروگرام وجود دارد، که مهم‌ترین آنها برش دندروگرام با توجه به هدف تحقیق است (Samiey, 2003). در گروه اول دوازده ژنوتیپ قرار گرفته‌اند که به استثنای شماره ۱۷ بقیه جو دو ردیفه هستند. این ژنوتیپ‌ها اغلب عملکرد دانه بالایی دارند. گروه دوم: شامل دو ژنوتیپ جو پوشینه‌دار است که عملکرد دانه پایینی دارند. در گروه سوم دو ژنوتیپ جو شش ردیفه قرار گرفته‌اند. در گروه چهارم دو ژنوتیپ و در گروه پنجم یک ژنوتیپ دانه لخت قرار گرفت. می‌توان نتیجه گرفت که تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات ظاهری تا حدودی توانسته ژنوتیپ‌های متفاوت جو را تفکیک نماید. گرچه صفات ظاهری از محیط تأثیر می‌گیرند ولی می‌توان از آنها در مطالعات تنوع ژنتیکی استفاده کرد.

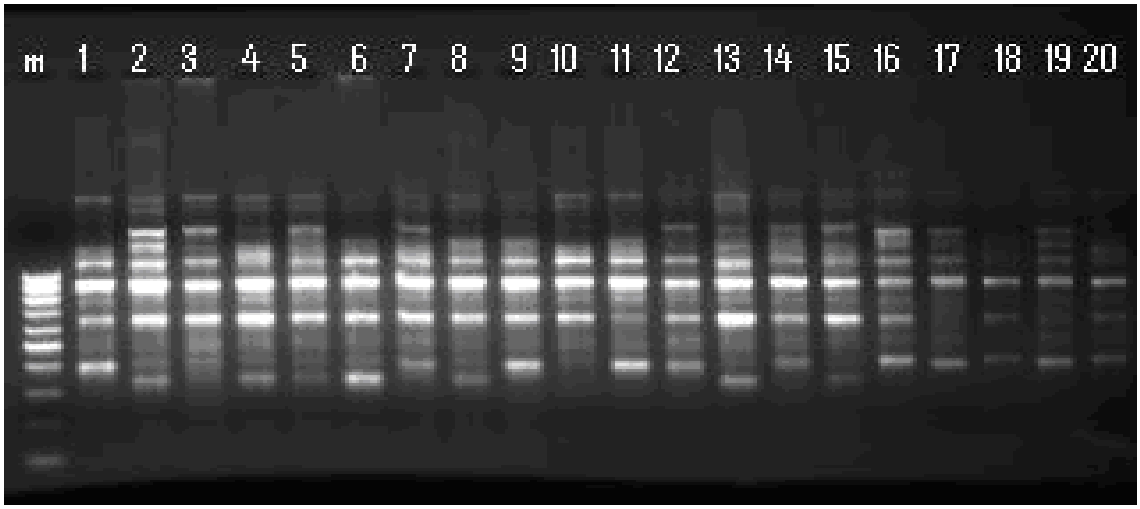
نتایج داده‌های نشانگر RAPD نشان داد که ۲۰ آغازگر مورد استفاده در مکان‌های تکثیر شده چند شکلی دارند (شکل ۲).

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017




شکل ۱- دندروگرام ژنوتیپ‌های جو دیم بر اساس صفات ظاهری با استفاده از روش Ward

Figure 1. Dendrogram of rainfed barley genotypes using ward method for morphological traits




شکل ۲- الگوی نواری ژنوتیپ‌های جو دیم با استفاده از آغازگر S39 (RAPD). M: سایز مارکر، ۲۰-۱: شماره ژنوتیپ‌های جو.

Figure 2. Banding pattern of rainfed barley genotypes using S39 (RAPD) primer. M: 1Kb size marker and 1-20: barley genotypes.

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

از مجموع ۱٦٦ نوار تکثیر شده تعداد ۱۱۷ نوار چند شکلی نشان دادند. میانگین نوار تکثیر شده به ازای هر آغازگر ۸/۳ بود. بسته به نوع آغازگر تعداد نوار چند شکل از ۱۰ نوار (آغاز گرهای S134, S39, OPR3, OPU16) تا ۲ نوار ( آغاز گر های OPB11, S32) متغیر بود ( جدول ۳). در بین آغازگرها، آغازگرهای S134, S39, OPR3 و OPU16 تنوع بیشتری را شناسایی کرده و بیشترین درصد چندشکلی را نشان دادند. آغازگر OPB11 نیز کمترین درصد چند شکلی را نشان داد. میانگین درصد چند شکلی در این آغازگر ٦۹/۰۱ درصد بود. ضرایب تشابه محاسبه شده بر اساس داده‌های نشانگر RAPD، مشخص نمود که ارزش‌های تشابه بین جفت ژنوتیپ‌ها دامنه‌ای از ٤٤ تا ۹۰ درصد را دارند. میانگین تشابه ژنوتیپ ها ۰/٦۸ بود. کمترین تشابه ژنتیکی (۰/٤٤) بین ژنوتیپ های ۱۲ (دو ردیفه و دانه لخت) و ۱۸ (دو ردیفه و پوشینه دار) و بیشترین شباهت (۰/۹۳) بین ژنوتیپ‌های ۵ و ۷ مشاهده شد (دو ژنوتیپ دو ردیفه و پو شینه‌دار هستند). ضریب تشابه بین ژنوتیپ‌های ۳ و ۱۱ ، ۳ و ۱۲ ، ۱۱ و ۱۲ که جو دانه لخت هستند به ترتیب برابر ٥٤ ، ۷۸ و ٥٦ درصد بود. یانگ و همکاران (Young *et al.*, 2005)، تنوع ژنتیکی ٤٦ ژنوتیپ جو را با نشانگر های RAPD و ISSR بررسی نمودند و چند شکلی بالایی در بین ژنوتیپ‌ها مشاهده کردند. با استفاده از نشانگر RAPD از ۱۰۹ نوار تکثیر شده ۸٤ نوار چند شکلی نشان دادند (۷۷/۰٦٪). دامنه شباهت ژنتیکی ژنوتیپ‌ها بر اساس نشانگر RAPD بین ۹۸٪ تا ۷۵٪ متغیر بود. نظری و پاک نیت (Nazari and Pakniyat, 2008)، در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو وحشی و زراعی با استفاده از نشانگر RAPD ، دریافتند که این نشانگر جهت تعیین چند شکلی در بین نمونه های مورد بررسی، نشانگر مناسبی است. در مطالعه آنها ژنوتیپ‌های جو وحشی کمترین شباهت را با واریته والفجر داشتند، همچنین واریته های ریحان و کویر به ترتیب حداقل و حداکثر شباهت را با سایر ژنوتیپ‌ها نشان دادند.

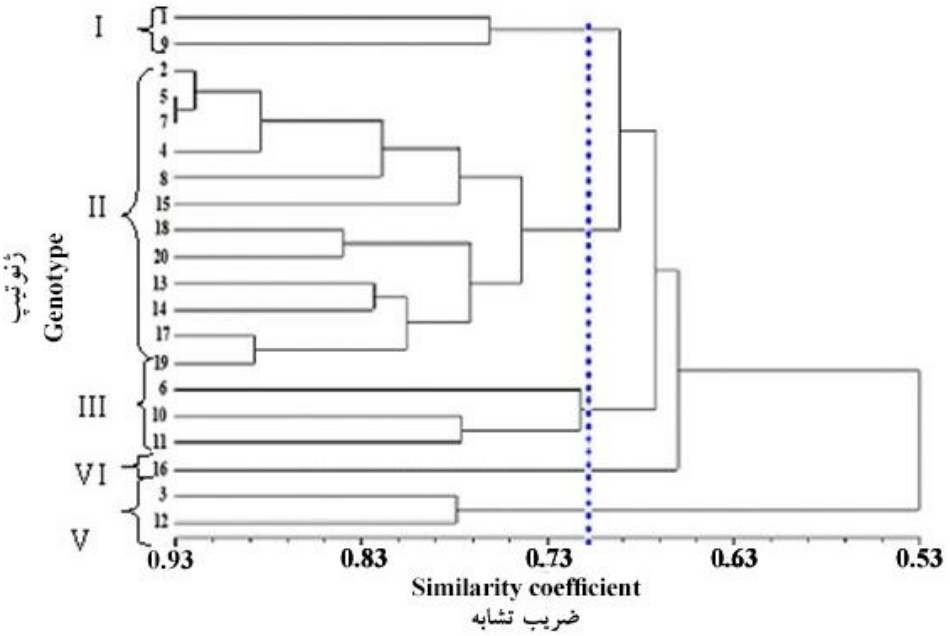
جدول ۳- مقایسه‌ی آغازگرهای RAPD از نظر چند شکلی در ژنوتیپ‌های جو مورد مطالعه
Table 3. Comparison of RAPD primers polymorphism in studied barley genotypes.

| ردیف No | آغازگر Primer | تعداد نوارهای تکثیر شده No. of amplified bands | تعداد نوارهای چند شکل No.of polymorphic bands | درصد چند شکلی Polymorphic percentage |
|---|---|---|---|---|
| 1 | OPA01 | 12 | 8 | 66.67 |
| 2 | S134 | 12 | 10 | 83.33 |
| 3 | S39 | 12 | 10 | 83.33 |
| 4 | OPC20 | 11 | 7 | 63.64 |
| 5 | OPR3 | 10 | 10 | 100 |
| 6 | OPU16 | 10 | 10 | 100 |
| 7 | OPG13 | 9 | 3 | 33.33 |
| 8 | OPB01 | 9 | 3 | 33.33 |
| 9 | OPF14 | 9 | 6 | 66.67 |
| 10 | OPL08 | 9 | 9 | 100 |
| 11 | OPF04 | 8 | 5 | 62.50 |
| 12 | OPB10 | 7 | 3 | 42.86 |
| 13 | OPB12 | 7 | 6 | 85.71 |
| 14 | OPL16 | 7 | 7 | 100 |
| 15 | OPB11 | 7 | 2 | 25.57 |
| 16 | S29 | 6 | 5 | 83.33 |
| 17 | S18 | 6 | 3 | 50 |
| 18 | OPB20 | 5 | 5 | 100 |
| 19 | SC1091 | 5 | 3 | 60 |
| 20 | S32 | 5 | 2 | 40 |
| جمع کل Total | | 166 | 117 | Mean = 69.01 |

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

بر اساس ماتریس تشابه به دست آمده، برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، دندروگرام با استفاده از روش UPGMA ترسیم گردید (شکل ۳). با قطع دندروگرام در نقطه ۷۱ درصد، ۵ گروه اصلی به دست آمد که به صورت زیر می باشند.گروه اول: شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱و ۹ با ۷٦ در صد تشابه است. گروه دوم: شامل ژنوتیپ‌های ۱۹،۲۰، ۱۸، ۱۷، ۱۵، ۱٤، ۱۳، ۸، ۷، ۵، ٤ و ۲ می‌باشد و در این گروه بیشترین شباهت بین ژنوتیپ‌های شماره ۵ و ۷ (۰/۹۳) که جو دو ردیفه هستند، وجود داشت. گروه سوم: شامل ژنوتیپ‌های شماره ۱۰،۱۱ و ٦ می باشد. این ژنوتیپ‌ها همگی شش ردیفه هستند دو ژنوتیپ ۱۱و ۱۰ تشابه بیشتری داشتند (۰/۷۸). در گروه چهارم فقط ژنوتیپ شماره ۱٦ قرار گرفته است، و این ژنوتیپ بیشترین تشابه را با ژنوتیپ شماره ۱۳ داشت (۰/۷٦)، که هر دو ژنوتیپ جزو جوهای دو ردیفه هستند. در گروه پنجم دو ژنوتیپ شماره ۱۲ و ۳ که دانه لخت هستند با ۰/۷۸ تشابه در این گروه قرار گرفتند. نتایج نشان می‌دهد که این نشانگر توانسته تعدادی از جوهای دو ردیفه را از شش ردیفه تفکیک نماید. با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های شماره ۱۱، ۱۲ و ۳ دانه لخت هستند، گروه‌بندی بر اساس نشانگر توانسته ژنوتیپ‌های ۳ و ۱۲ را به خوبی از سایر ژنوتیپ‌ها تفکیک نماید. بطور کلی این نشانگر نتوانسته است که تمام ژنوتیپ‌های دو ردیفه و شش ردیفه و همچنین ژنوتیپ‌های دانه لخت و دانه پوشیده را از هم تفکیک نماید.

در این تحقیق از۲۰ آغازگر نیمه‌تصادفی ۱۰ تا ۱۸ نوکلئوتیدی در واکنش زنجیره‌ای پلیمراز استفاده گردید، این آغازگرها شامل دو دسته مکان هدف اگزون (ET) و مکان هدف اینترون (IT) بودند. در مجموع ۱۳۳ نوار تولید نمودند که از این تعداد ۸۹ نوار چند شکل بودند(٦٦/۹۱ درصد). بیشترین تعداد نوار چند شکل متعلق به آغازگرهای IT10-1 و IT10-3 با ۷ نوار و




شکل ۳- دندروگرام ژنوتیپ‌های جو دیم (بر اساس داده‌های نشانگر RAPD) با استفاده از روش UPGMA و بر اساس ضریب تشابه جاکارد

Figure 3. Dendrogram of rainfed barley genotypes using UPGMA method based on Jaccard's coefficient for RAPD data.

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

کمترین نوار چند شـــکل متعلق به آغازگر ET26-12 با ۲ نوار بود. متوســـط تعداد نوار به ازای هر آغازگر ٦/٨ عدد بود. میانگین درصد چند شکلی در این آغازگر ٧١/٢٩ بود که از درصد چند شکلی در آغازگر RAPD، بیشتر است. (جدول ٤). درویشـــیان و همکاران (Darvishian *et al.*, 2016) در بررســـی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های گندم با استفاده از ۳۰ نشانگر ISJ، متوسط تعداد نوار توسط هر آغازگر را ٤/٣ نوارگزارش دادند. همچنین میانگین ضریب تشابه بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را ٠/٦٤ اعلام نمودند. رافالسکی و همکاران (Rafalski *et al.*, 2002) با استفاده از نشـــانگرهای نیمه تصـــادفی در ژنوتیپ‌های چاودار متوسط تعداد نوار تولید شده به ازای هریک از ژنوتیپ‌ها را ٨/٩ برآورد نمودنـد. ســـمیعی (Samiey, 2003) در بررســـی خود در ژنوتیپ‌های شـــبدر با اســـتفاده از همین نشـــانگرها متوســـط تعداد نوار برای هر آغازگر را ١١/١ برآورد نمود. آغازگرهای IT در مقایسه با آغازگرهای ET نوارهای چند شکل و با وضوح بالاتری ایجاد نمودند. این نتیجه با نتایج وهابی و همکاران (Vahabi *et al.*, 2008) در مورد گیاه اسفرزه مطابقت می‌نماید.

ماتریس تشابه بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس داده‌های این نشانگر با استفاده از ضریب تشابه جاکارد و روش UPGMA تشکیل گردید، ارزش‌های تشابه بین جفت ژنوتیپ‌ها دامنه‌ای از ٤٢ تا ٨٥ درصد داشتند. میانگین تشابه ژنوتیپ‌ها ٠/٦١ بود. کمترین تشابه ژنتیکی (٠/٤٢) بین ژنوتیپ‌های ١٢ (دانه لخت) و ١٨ (پوشینه‌دار) و بیشترین شباهت (٠/٨٥) بین ژنوتیپ‌های ٢ و ٨ مشاهده شد (دو ژنوتیپ، پوشینه‌دار و دو ردیفه هستند). ضریب تشابه بین ژنوتیپ‌های ٣ و ١١ ، ٣ و ١٢ ، ١١ و ١٢ که جو دانه لخت هستند به ترتیب برابر ٥٤، ٧٨ و ٥٦ درصد بود که مشابه ضریب تشابه بین این ژنوتیپ‌ها در نشانگر RAPD است. ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های نشانگر ISJ و با استفاده از روش UPGMA گروه‌بندی شدند. با قطع دندروگرام در نقطه ٧٠ درصد، ٥ گروه اصلی به دست آمد (شکل ٤) که به صورت زیر می باشند.گروه اول: شامل ژنوتیپ‌های شماره ١و ٩ با ٦٩ درصد تشابه است. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های ١٩، ١٨، ١٧، ١٦، ١٥، ١٤، ١٣، ١١، ١٠، ٨، ٧، ٥، ٤ و ٢ می باشد، که به غیر از ژنوتیپ‌های ١٠، ١١، ١٤، ١٧ و ١٩ که شش ردیفه هستند، سایر ژنوتیپ‌های این گروه دو ردیفه هستند. بنابراین اکثر جوهای دو ردیفه در این گروه قرار گرفته‌اند. در گروه سوم فقط ژنوتیپ شماره ٦ که پوشینه‌دار و شش ردیفه است، قرار دارد. در گروه چهارم هم فقط ژنوتیپ شماره ٢٠ قرار گرفته است. گروه پنجم: دو ژنوتیپ شماره ١٢ و ٣ که دانه لخت هستند با ٠/٧٨ تشابه در این گروه قرار گرفتند (مشابه نشانگر RAPD).

با توجه به فواصل ژنتیکی به دست آمده می توان در برنامه های اصلاحی مخصوصاً در انتخاب والدین برای تلاقی‌های مفید از این فواصل استفاده نمود. این نشانگر نیز همانند نشانگر RAPD ژنوتیپ‌ها را بطور نسبی تفکیک نموده است. مقایسه بین گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس داده‌های صفات ظاهری و نشانگر RAPD نشان می‌دهد که دندروگرام این دو گروه‌بندی تشابهات و تفاوتهایی با هم دارند (اشکال ١ و ٣). از موارد تشابه این است که، در دو گروه‌بندی از ٣ ژنوتیپ پوشینه‌دار ٢ ژنوتیپ در یک گروه قرار گرفته‌اند. همچنین برخی ژنوتیپ‌های دو ردیفه طبق دو روش گروه‌بندی در یک گروه قرارگرفتند. در سایر موارد گروه‌بندی در دو دندروگرام متفاوت است. بین دو ماتریس تشابه همبستگی منفی و معنی دار وجود دارد (٠/٤٩**-)، که نشان می‌دهد تشابه بدست آمده در صفات ظاهری با تشابه بر اساس نشانگر RAPD با هم تطابق ندارد.

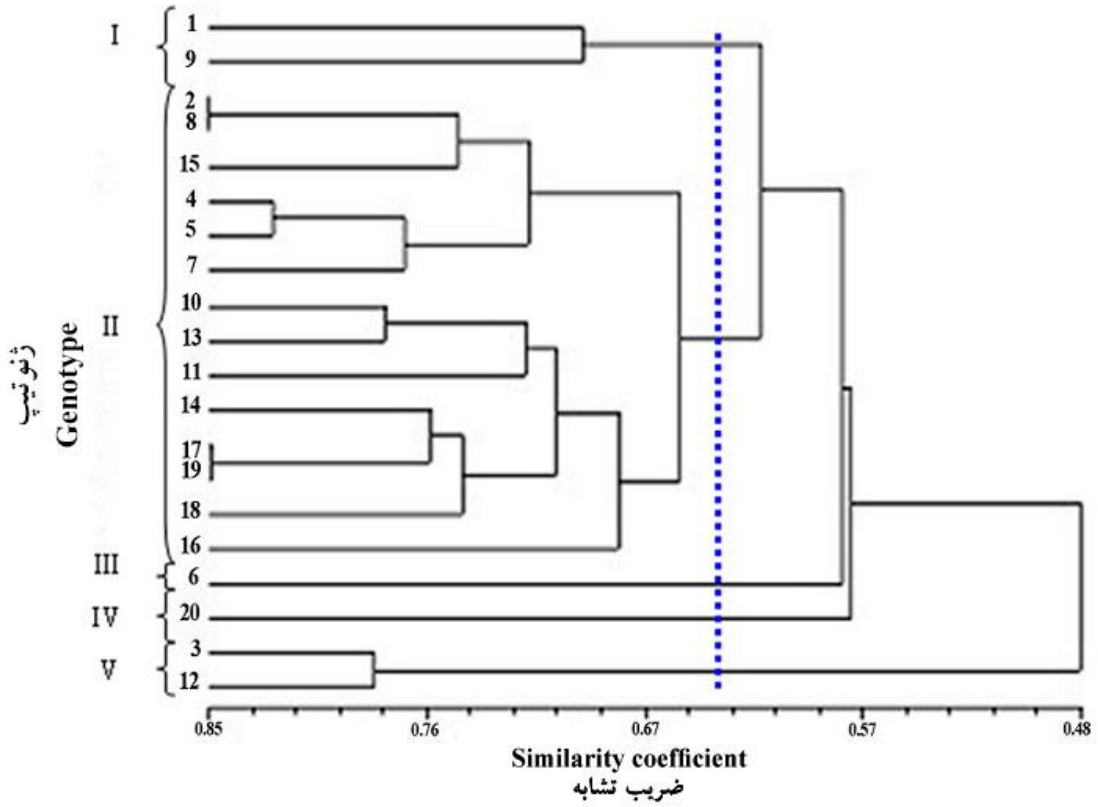
نولی و همکاران (Noli *et al.*, 1997)، در مطالعه تنوع ژنتیکی ارقام جو با استفاده از نشانگرهای RAPD و RFLP مشاهده کردند که دندروگرام حاصل از این دو نشانگر با هم متفاوتند. بوستوس و همکاران (Bustos *et al.*, 1998)، با استفاده از نشانگر RAPD تنوع ارقام جو را بررسی کرده و نتیجه گرفتند که این نشانگر ارقام مورد

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

جدول ٤- مقایسه‌ی آغازگرهای ISJ از نظر چند شکلی در ژنوتیپهای جو مورد مطالعه

Table 4. Comparison of ISJ primers polymorphism in studied barley genotypes.

| ردیف No | آغازگر Primer | تعداد نوارهای تکثیر شده No. of amplified band | تعداد نوارهای چند شکل No. of polymorphic band | درصد چند شکلی Polymorphic percentage |
|---|---|---|---|---|
| 1 | IT10/1 | 10 | 7 | 60 |
| 2 | IT10/3 | 9 | 7 | 77.78 |
| 3 | IT10/2 | 9 | 6 | 66.67 |
| 4 | ET4/18 | 9 | 6 | 66.67 |
| 5 | ET28/12 | 9 | 6 | 66.67 |
| 6 | IT35/15 | 9 | 5 | 55.56 |
| 7 | ET29/12 | 9 | 3 | 33.33 |
| 8 | ET26/12 | 9 | 2 | 22.22 |
| 9 | IT10/4 | 8 | 6 | 75 |
| 10 | IT10/5 | 7 | 6 | 85.71 |
| 11 | ET2/18 | 7 | 3 | 42.86 |
| 12 | ET30/12 | 6 | 5 | 83.33 |
| 13 | ET10/18 | 5 | 5 | 100 |
| 14 | IT10/6 | 5 | 4 | 80 |
| 15 | IT34/15 | 5 | 3 | 60 |
| 16 | ET35/15 | 4 | 3 | 75 |
| 17 | IT36/15 | 4 | 3 | 75 |
| 18 | ET31/15 | 3 | 3 | 100 |
| 19 | ET27/12 | 3 | 3 | 100 |
| 20 | IT31/15 | 3 | 3 | 100 |
| جمع کل Ttotal | | 133 | 89 | Mean = 71.29 |




شکل ٤- دندروگرام ژنوتیپ‌های جو دیم بر اساس داده‌های نشانگر ISJ با استفاده از روش UPGMA بر اساس ضریب تشابه جاکارد

Figure 4. Dendrogram of rainfed barley genotypes using UPGMA method based on Jaccard's coefficient for ISJ data

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

مطالعه را بخوبی از هم تفکیک می‌نماید ولی در مطالعه حاضر این نشانگر نتوانسته ژنوتیپ‌ها را بخوبی از هم تفکیک نماید. وهابی و همکاران (Vahabi *et al.*, 2008) در گیاه اسفرزه گروه‌بندی بر اساس صفات ظاهری و نشانگرRAPD را انجام دادند و مشاهده کردند که این دو گروه‌بندی تشابه زیادی با هم ندارند. بطورکلی دو گروه‌بندی فوق با هم کاملا مطابقت ندارند. از دلایل این موضوع می‌تواند این باشد که؛ چون آغازگرهای نشانگر RAPD بصورت تصادفی قسمت‌هایی از ژنوم را تکثیر می‌کنند و این قسمت‌ها ممکن است در ژنوتیپ‌ها متفاوت باشند بنابراین ژنوتیپ‌ها بر این اساس در گروه‌های متفاوتی قرا می‌گیرند. از طرفی ممکن است قسمتی از ژنوم ژنوتیپ‌ها که با استفاده از آغازگرهای تصادفی تکثیر شده در بروز صفات ظاهری نقش نداشته باشد. در مواردی که گروه‌بندی در دو روش مشابه است ممکن است به این دلیل باشد که تنوع ظاهری نیز اساس مولکولی دارد. سمان (Semagn, 2002) دو دلیل را برای وجود همبستگی پایین بین داده‌های نشانگرهای مولکولی DNA و صفات ظاهری بیان داشت: ۱) نشانگرهای DNA نسبت به صفات ظاهری قسمت زیادی از ژنوم که در برگیرنده نواحی رمز کننده و غیر رمزکننده است را شامل می‌شوند ۲) نشانگرهای مولکولی در مقایسه با صفات ظاهری کمتر تحت تاثیر انتخاب طبیعی قرار می‌گیرند.

مقایسه بین گروه‌بندی بر اساس داده‌های ظاهری و نشانگر ISJ تقریبا مشابه مقایسه صفات ظاهری و نشانگر RAPD بود (شکل‌های ۱ و ٤). در این دندروگرام نیز اغلب ژنوتیپ‌های دانه پوشیده و دو ردیفه در یک گروه قرار گرفته اند که در این مورد دو دندروگرام مشابهت دارند ولی در سایر موارد دو دندروگرام متفاوتند. بین دو ماتریس تشابه همبستگی منفی و معنی دار وجود دارد (۰/٤۱**-). وهابی و همکاران (Vahabi *et al.*, 2008) در گیاه اسفرزه بین دندروگرام حاصل از داده‌های صفات ظاهری و نشانگر ISJ ارتباطی پیدا نکردند.

مقایسه بین گروه‌بندی بر اساس دو نشانگر مولکولی RAPD و ISJ بیانگر آن است که دندروگرام این دو گروه‌بندی مشابهت زیادی با هم دارند (شکل‌های ۳ و ٤). در دو دندروگرام ژنوتیپ‌های شماره ۹ و ۱ همچنین ژنوتیپ‌های شماره ۱۲ و ۳ (بدون پوشینه) در یک خوشه قرار گرفته‌اند. همچنین اغلب ژنوتیپ‌های پوشینه دار و دو ردیفه در یک خوشه قرار گرفته اند. بین ماتریس تشابه داده های مولکولی همبستگی مثبت و معنی دار وجود داشت (۰/۸۷**). یانگ و همکاران (Young *et al.*, 2005) در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های جو با استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR بین ماتریس دو سری داده همبستگی ضعیف و غیر معنی‌دار مشاهده کردند. به نظر می‌رسد در گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه دو نشانگر RAPD و ISJ تقریباً مشابه هم عمل کرده‌اند. از دلایل این موضوع می توان به این اشاره کرد که آغازگرهای دو نشانگر در واکنش های PCR نواحی مشابهی از ژنوم را تکثیر کرده و الگوی نوار بندی مشابهی را ارائه نموده‌اند. گرچه نشانگر های ISJ نیمه تصادفی هستند و انتظار می‌رود الگویی متفاوت با نشانگر RAPD داشته باشند ولی در مطالعه حاضر بین گروه‌بندی این دو نشانگر تفاوت قابل ملاحظه‌ای دیده نمی‌شود و نشانگر ISJ برتری نسبت به نشانگر RAPD نداشت. در نهایت، با توجه به اینکه گروه‌بندی بر اساس داده‌های دو نشانگر مولکولی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشابه بود بنابراین در مطالعات مشابه می‌توان تنها از یکی از دو نشانگر فوق استفاده کرد. بر اساس سه روش مطالعه تنوع ژنتیکی، بین ژنوتیپ‌ها فاصله‌ی ژنتیکی مشاهده شد، که می‌توان از این تنوع و فواصل ژنتیکی در اصلاح جو استفاده نمود. بنابراین با توجه به اهداف اصلاحی چنانچه هدف پیشبرد صفات از طریق دورگیری باشد، می‌توان تلاقی‌های مناسب بین ژنوتیپ‌هایی که در فواصل دورتری از هم قرار دارند، انجام داد. پیشنهاد می‌شود جهت بررسی های بیشتر ژنوتیپ‌ها با نشانگرهای مولکولی دیگری مانند SNP, SSR و AFLP مورد ارزیابی قرار گیرند. همانطور که نتایج نشان دادند،

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]
Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

بیشترین میزان وراثت‌پذیری عمومی مربوط به طول سنبله می‌باشد، یعنی درجه‌ی انتقال این صفت در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بالا می‌باشد، از طرف دیگر صفت عملکرد دانه دارای کمترین میزان وراثت‌پذیری عمومی می‌باشد، بنابراین درجه‌ی انتقال این صفت به نتاج پایین است. این موضوع می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی بعدی که در مورد این ژنوتیپ‌ها انجام خواهد شد، مدنظر قرار گیرد. صفاتی که از ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی پایینی برخوردار بودند (وزن هزار دانه و طول سنبله) وراثت پذیری بالایی داشتند. صفات با وراثت‌پذیری بالا می‌توانند بعنوان معیار انتخاب ژنوتیپ‌های جو در مطالعات بعدی مورد استفاده قرار گیرند.

## References

**Atta, B.M., Haq, M.A. and Shah, T.M.** (2008). Variation and inter relationships of quantitative traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Pakistan Journal of Botany*, **40 (2)**: 637-647.

**Bustos, A.D., Casnova, C., Soler, G. and Jouve, N.** (1998). RAPD variation in wild populations of four species of the genus Hordeum (*Poaceae*). *Theoretical and Applied Genetics*, **96**: 101-111.

**Darvishian, A., Ismaili, A., Nazarian-Firouzabadi, F., Mir Drikvand, R. and Hosseinpour, T. (2016).** Assessment of genetic diversity among wheat genotypes of west Iran, using randomized markers. *Journal of Plant Genetic Research*, **2**: 47-56 (In Persian)

**Dellaporta, S.L., wood, J. and Tiks, J.B.** (1993). A plant molecular DNA minipreparation: Vevsion 2. *Plant Molecular Biology Reporter*, **1**: 19-21.

**Eshghi, R. and Akhundova, E.** (2010). Genetic diversity in hulless barley based on agromorphological traits and RAPD markers and comparison with storage protein analysis. *African Journal of Agriculture Research*, **5(1)**: 97-107.

**Falconer, D.S.** (1989). *Introduction to quantitative genetics*. (3rd Ed) Logman Scientific and Technical, Logman House, Burnt Mill, Harlow, Essex, UK.

**Jalal, A.A.T. and Ahmad, H.A.F.** (2012). Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. *Journal of Agricultural Science*. **4(3)**: 193-210.

**Manjunatha, T., Bisht, I.S. Bhat, K.V. and Singh, B.P.** (2007). Genetic diversity in barley (*Hordeum vulgar* L.) landraces from Uttaranchal Himalaya of India. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **54**: 55-65.

**Masood, M.S., Chaudary, A.R.** (1987). Heritability estimates and genetic advance values of some agronomic characters involving exotic and indigenous wheat varieties. *Pakistan Journal of Agriculture Research*, **8**: 7-11.

**Nazari, L. and Pakniyat, H.** (2008). Genetic diversity of wild and cultivated barley genotypes under drought stress using RAPD markers. *Biotechnology*, **7(4)**: 745-750.

**Noli, E., Salvi, S and Tuberosa, R.** (1997). Comparative analysis of genetic relationships in barley based on RFLP and RAPD markers. *Genome*, **40**: 607-616.

**Normohamadi, Gh., Siyadat, A. and Kashani, A.** (2009). *Agronomy of cereal crops*. Publication of Shahid Chamran University, Ahvaz, Iran (In Persian).

**Rafalski, A., Madej, L., Wisniewska, I. and Gawelo, M.** (2002). The genetic diversity of components of Rye hybrids. *Cellular and Molecular Biology Letters*, **7**: 471-475.

**Rohlf, F.J.** (1992). *NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system*. Exeter Software. New York, USA.

**Samiey, K.** (2003). Evaluation of genetic variation in clover (*Trifolium resupinatum* L.) using molecular and morphological markers. M.Sc. Thesis, Faculty of Agriculture, Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran (In Persian).

**SAS Institute.** (2002). *SAS user's guide: Statistics version 9 for windows*. SAS Institute., Carry, NC, USA.

**Semagn, K.** (2002). Genetic relationships among ten endod types as revealed by a combination of morphological, RAPD and AFLP markers. *Hereditas*, **137**: 149-156.

**Singh, R.K. and Chaudhary, B.D.** (1985). *Biometrical Methods in Quantitative Analysis*. kalayani Publishers. New Delhi, IN.

**Strelchenko, P., Kovalyova, O. and Okuno, K.** (1999). Genetic differentiation and distribution of barley germplasm based on RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **46**: 193-205.

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]

Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017

**Vahabi, A.A., Lotfi, A., Solouki, A. and Bahrami, S.** (2008). Molecular and morphological markers for the evaluation of diversity between *Plantago ovata* in Iran. *Biotechnology*, **7(4)**: 702-708.

**Vejdani, P. (1997).** Important of methods of conservation of plant genetic resources. 4thIranian crop science congress, Isfahan University of Tecnology, Isfahan, Iran.

**Weining, S. and Langridge, P.** (1991). Identification and mapping of polymorphism in cereals and the polymerase chain reaction. *Theoretical and Applied Genetics*, **82**: 209-216

**Weining, S. and Henry, R.J.** (1995). Molecular analysis of the DNA polymorphism of wild barley (*Hordeum spontaneum*) germplasm using the polymerase chain reaction. *Genetic Resources and Crop Evolution*, **42**: 273-281.

**Young, C.H., Ze-Hong, Y., Yu-Ming, W. and You-Liang, Z.** (2005). Genetic diversity in barley from vest china based on RAPD and ISSR analysis. *Barley News Letter*, **35**: 9-22.

[ Downloaded from journals.lu.ac.ir at 10:41 IRST on Wednesday November 22nd 2017 ]

[ DOI: 10.18869/acadpub.pgr.3.2.69 ]



# Investigation of Heritability of Morphological Traits and Genetic Diversity among Rainfed Barley Genotypes Using Molecular and Morphological Markers

**Reza Mir Drikvand***

Assistant Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Khorramabad Branch, Islamic Azad University, Khorramabad, Iran

(Received: July 2, 2016 – Accepted: November 14, 2016)

## Abstract

Identification and application of genetic diversity are essential to breeding programs success. In this study, genetic diversity of 20 rainfed barley genotypes were assessed using morphological traits as well RAPD and intron-exon splice junction (ISJ), semi-random markers. Results of this study showed that there were significant differences among genotypes for all traits, indicating high genetic variation among them. The highest and lowest broad sense heritability was related to spike length and grain yield, respectively The estimates of genotypic coefficient of variation (GCV) and phenotypic coefficient of variation (PCV) were high for number of grain per spike, and low for 1000-kernel weight, respectively. Mean of polymorphic percentage in ISJ marker was higher than RAPD marker. Cluster analysis showed that the distinctions based on morphological traits did not correspond with the distinction based on molecular data.The results showed that RAPD and ISJ markers were able to distinct two and six-rowed and also hulless and hulled barley genotypes. Distinction of three clusters did not follow the same pattern.There was significant and negative correlation between similarity matrices of molecular data and morphological traits, but similarity matrices of two molecular markers was significantly and positively correlated.

**Keywords:** Rainfed barley, Genetic diversity, Molecular markers, Heritability,

* **Corresponding Author, E-mail: mirderikvand@khoiau.ac.ir**