

بررسی روابط و تنوع درون گونه‌ای *Hordeum vulgare* L. (جو زراعی و خودرو) در ایران با استفاده از داده‌های سیتولوژی

آزاده اخوان، دانشجوی دکتری گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان
حجت‌اله سعیدی*، استادیار گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان

چکیده

جو زراعی و جو خودرو به عنوان دو زیرگونه از گونه *Hordeum vulgare* L. جزو خزانه وراثتی اولیه برای جنس *Hordeum* در نظر گرفته شده‌اند. جو خودرو تاکنون اجدادی جو زراعی محسوب می‌شود که خود، محصول زراعی مهمی در سطح جهان است و از نظر اقتصادی مهم‌ترین محصول بعد از گندم به شمار می‌رود. مطالعات کاربوتیپی در ۳۰ جمعیت متعلق به گونه *H. vulgare* به منظور تعیین روابط خویشاوندی و تنوع بین جمعیتی انجام گرفت. بر اساس پارامترهای ارزیابی شده، جمعیتی متعلق به جو خودرو (زیرگونه *spontaneum*) از غرب کشور متقارن‌ترین کاربوتیپ و جمعیتی دیگر متعلق به زیرگونه زراعی (*vulgare*) از شمال غرب کشور نامتقارن‌ترین کاربوتیپ را نشان داد. با توجه به اینکه کاربوتیپ‌های متقارن ابتدایی‌تر از کاربوتیپ‌های نامتقارن هستند، جمعیت‌های متعلق به جو خودرو از غرب کشور، با متقارن‌ترین کاربوتیپ نسبت به جمعیت‌های جو زراعی سایر مناطق ایران ابتدایی‌تر در نظر گرفته می‌شوند. بر اساس نتایج این مطالعه، ضریب تنوع‌پذیری طولی کروموزوم در زیرگونه *spontaneum* بیشتر از زیرگونه *vulgare* است. بنابراین، جمعیت‌های متعلق به زیرگونه *spontaneum* نسبت به زیرگونه *vulgare* از نظر تکاملی قدیمی‌تر و متنوع‌تر بوده که می‌تواند با سازگاری به شرایط متنوع محیطی مرتبط باشد. نتایج این بررسی پیشنهاد می‌کند که بررسی تقارن کاربوتیپی می‌تواند ابزار مفیدی برای تعیین روابط خویشاوندی و تنوع جمعیتی در جو محسوب شود.

واژه‌های کلیدی: *Hordeum vulgare*، ایران، جو خودرو، سیتولوژی، مرکز پیدایش

مقدمه

($2n=4x=28$) و ۸ تاکسون هگزاپلوئید ($2n=6x=42$).

با عدد پایه کروموزومی $x=7$ است. در موارد نادری به علت از دست دادن یا مضاعف شدن کروموزوم‌ها، گونه‌هایی با اعداد کروموزومی آنیوپلوئید نیز مشاهده شده‌اند. گونه‌های دیپلوئید شامل گونه‌های زراعی و

Hordeum، جنسی تک‌نیا با گونه‌های یک‌ساله یا چندساله در طایفه Triticeae است (Blattner, 2004). از نظر سطح پلوئیدی، این جنس دارای ۲۸ تاکسون دیپلوئید ($2n=2x=14$)، ۱۶ تاکسون تتراپلوئید

گونه *Hordeum vulgare* L. دارای دو زیر گونه *subsp. vulgare* L. به عنوان جو زراعی و زیر گونه *subsp. spontaneum* C. Koch به عنوان جو خودرو است. در مورد وضعیت تاکسونومیک جو زراعی و جو خودرو اختلاف نظر وجود داشته است؛ به طوری که در بررسی های اولیه، به صورت گونه های مجزا در نظر گرفته شده اند (Bor, 1970; Tutin et al., 1980; Komarov, 1985). اما بر اساس آخرین بازنگری این گونه ها به عنوان دو زیر گونه از گونه *H. vulgare* معرفی شدند (Bothmer, 1991)

جو زراعی (*Hordeum vulgare subsp. vulgare* L.) از نظر اقتصادی مهم ترین تاکسون در این جنس محسوب شده، در تمام مناطق معتدل دنیا کشت می شود. این گونه از نظر غذایی، مرتعی و دارویی مصارف گوناگونی دارد و به دلیل دارا بودن سیکل کوتاه زندگی و خصوصیات مورفولوژیک، فیزیولوژیک و ژنتیکی مناسب به عنوان سیستم مدل برای آزمایش های مختلف به کار می رود. این زیر گونه دارای دو وارته *distichon* و شش ردیفه (*hexastichon*) است.

جو خودرو (*Hordeum vulgare subsp. spontaneum* C. Koch) به عنوان خزانه وراثتی و اجدادی جو زراعی محسوب می شود و به تدریج و ضمن جهش و اهلی شدن، جو زراعی را تولید کرده است. این زیر گونه در رویشگاه های اولیه خود در هلال حاصلخیزی از ترکیه تا جنوب غرب آسیا رشد می کند (Harlan and Zohary, 1966). همچنین، در

خودرو، ولی گونه های تتراپلوئید و هگزاپلوئید همگی خودرو هستند (Bothmer et al., 1991; Shewry, 1992). در جنس *Hordeum* الگوی روابط خویشاوندی به سبب حضور چندین ژنوم پیچیده است. در سطح دیپلوئیدی چهار ژنوم اصلی X, Y, I و H وجود دارند. دو گونه *H. vulgare* و *H. bulbosum* داشتن ژنوم I که در هیچ یک از گونه های دیگر جنس *Hordeum* وجود ندارد مشترک هستند (Bothmer et al., 1991)

در مورد منشأ و مبدأ جو اختلاف نظرهای زیادی وجود دارد. منشأ این گیاه کوه های زاگرس در غرب ایران، آناتولی جنوبی و فلسطین ذکر شده است (Shewry, 1992). با آگاهی از وابستگی و ارتباط گونه های جنس *Hordeum* و نیز بین این جنس و سایر جنس ها، اطلاعات مهمی را بر پایه صفات مورفولوژی، عدد کروموزومی، آنالیز کاریوتیپ ها، قابلیت تلاقی گونه ها، رفتار کروموزومی در میوز و جفت شدن کروموزوم ها در دوره های بین گونه ای می توان به دست آورد. برای جو زراعی یک مسیر واضح یا یک شجره نامه مشخص نمی توان ترسیم کرد. از سال ۱۹۵۰ میلادی با اطلاعاتی که از طریق تاکسونومی، سیتوتاکسونومی، باستان شناسی، تاریخ، اکولوژی، جغرافیا و ژنتیک به دست آمده است، تعدادی مسیرهای تکاملی برای گونه های خودرو و زراعی جو و همچنین در مورد منشأ گونه های زراعی از جو خودرو *H. spontaneum* C. Koch ارائه شده است (Nilan, 1964).

بودند که تفاوت در فرمول کاریوتیپی به علت تغییرات ساختاری کروموزوم اتفاق می‌افتد.

کلیده بررسی‌های کروموزومی انجام شده در زیرگونه *spontaneum*، آن را دیپلوئید با عدد پایه کروموزومی $x=7$ دانسته‌اند. Morrison (۱۹۵۹) با ارائه کاریوتیپ برای *H. spontaneum* و مقایسه آن با *H. vulgare* نشان داد که کاریوتیپ آن‌ها به طور آشکار و دقیقی با یکدیگر مشابه‌اند، اما Oinuma (۱۹۵۳) توانست تفاوت‌هایی را در ساختار کروموزوم‌ها بین این گونه‌ها با یک پیش تیمار متفاوت نشان دهد. این پیش تیمار دمای پایین در هنگام جوانه زدن بذر بود که با استفاده از این روش Mechelke (۱۹۵۵) و Pirson و Schwantiz (۱۹۵۵) نشان دادند که کروموزوم‌های گونه زراعی بزرگتر از کروموزوم‌های گونه‌های خودرو است (Nilan, 1964). کاریوتیپ این زیرگونه دارای چهار جفت کروموزوم متاساتریک، یک جفت کروموزوم ساب متاساتریک و دو جفت کروموزوم ماهواره‌دار است (Linde-Laursen et al., 1992).

در ایران نیز مطالعات مختلفی برای تعیین عدد پایه کروموزومی این دو زیرگونه به ویژه جو زراعی انجام شده است که آن‌ها را دیپلوئید با ۱۴ کروموزوم معرفی کرده‌اند (صاحبی، ۱۳۸۰ و یزدان‌ستا، ۱۳۸۱).

در حال حاضر، مطالعه ویژگی‌های سیتولوژیکی گیاهان زراعی یک ضرورت محسوب می‌شود و جو نیز به عنوان یک غله مهم از این امر مستثنی نیست. هدف از انجام این پژوهش، انجام مطالعات کروموزومی، تهیه

رویشگاه‌های ثانویه مانند نواحی مدیترانه‌ای، زمین‌های متروک و کنار جاده نیز رویش دارد. هلال حاصلخیزی به عنوان مرکز پیدایش و تنوع‌یابی جو خودرو معرفی شده و منطقه متنوعی از نظر آب و هوا، ارتفاع و رویشگاه است. سازگاری‌های مورفولوژیک، فیزیولوژیک و عملکردی زیرگونه *spontaneum* متناسب با زیستگاه‌های مختلف در مهاجرت و استقرار این تاکسون در رویشگاه‌های اولیه و ثانویه در محدوده وسیعی از محیط‌های متنوع مؤثر بوده است. تنوع زیادی که در این زیرگونه مشاهده می‌شود، بیشتر به خاطر وجود درصد بالایی از دگرگشنی (بیش از ۱۰-۱۲٪) نسبت به زیرگونه زراعی (معمولاً کمتر از ۱٪) در این گونه است. جو خودرو دارای محور سنبله شکننده و شامل ۲ ردیف سنبلک است. سنبلک‌ها بلند و سیخک پوشینه اولیه (Lemma) خاردار است.

در میان گیاهان طایفه *Triticeae*، مطالعات زیادی در زمینه سیتولوژی گونه‌های مختلف جنس *Hordeum* انجام شده است (Vahidy et al., 1993). مطالعات کروموزومی توسط Kihara در سال ۱۹۲۴ در گونه *H. vulgare* انجام گرفت. وی نشان داد که این گونه، دیپلوئید ($2n = 2x = 14$) و دارای عدد پایه کروموزومی $x=7$ است (Darlington and Wylie, 1961). Rashid و Sheidai (۲۰۰۷) سطح دیپلوئید و عدد پایه کروموزومی $x=7$ را تأیید کردند، اما برخی از محققان آن را گونه‌ای تتراپلوئید ($2n = 4x = 28$) دانسته‌اند. اغلب کروموزوم‌های مشاهده شده در آن مطالعه متاساتریک و ساب متاساتریک بودند. آن‌ها معتقد

حاوی کرومیک اسید ۱٪ و فرمالدهید ۱۰٪ به نسبت مساوی است (Sharma and Sharma, 1999). ریشه‌های خارج شده از آلفابرمونفالتالین، پس از شستشو با آب مقطر، به مدت ۲۴-۳۶ ساعت در این محلول در یخچال قرار داده شد.

بعد از خروج ریشه‌ها از محلول تثبیت کننده، به مدت ۳ ساعت ریشه‌ها با آب جاری شستشو داده شد و بعد از خشک کردن با کاغذ صافی، برای نگهداری ریشه‌ها به مدت طولانی، از الکل اتیلیک ۷۰ درصد استفاده شد. برای تهیه نمونه میکروسکوپی لازم است بافت‌های مذکور برای اسکواش آماده شوند و نمک‌های پکتیکی دیواره سلولی حل شده، تا امکان دستیابی به سلول‌های منفرد و پراکنده از توده سلولی فراهم گردد. بدین منظور، ریشه‌ها جهت هیدرولیز، به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در محلول NaOH ۱ نرمال، در حمام آب گرم قرار داده شد. مطالعه شکل و ساختمان کروموزوم‌ها از طریق مشاهده میکروسکوپی و با استفاده از محلول‌ها و روش‌های خاص رنگ آمیزی امکان‌پذیر است. برای رنگ آمیزی، ریشه‌ها به مدت ۲۴ ساعت در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد در حمام آب گرم، در محلول هماتوکیسلین قرار گرفتند. برای مطالعه شکل و ساختار کروموزوم‌ها از روش له کردن آنزیمی استفاده شد. ابتدا ریشه‌ها ۲ بار و هر بار به مدت ۱۰ دقیقه در محلول بافر آنزیم قرار داده شد و سپس به مدت ۳۰-۴۰ دقیقه در آنزیم سلولاز- پکتیناز در دمای ۳۷ درجه قرار داده شد.

کاربوتیپ و تجزیه و تحلیل ژنوم جمعیت‌های مورد مطالعه و مقایسه و تفکیک آن‌ها بر اساس اطلاعات کاربوتیپی و کروموزومی است.

مواد و روش‌ها

مطالعه عدد کروموزومی بر پایه مشاهده میتوز سلول‌های مریستمی انتهایی ریشه که دارای قدرت تقسیم سریع و اندیس میتوزی بالا هستند، صورت گرفت. بدین منظور، در مجموع ۳۰ جمعیت از تاکسون‌های متعلق به گونه *H. vulgare* بررسی گردیدند. این جمعیت‌ها از بین کلیه جمعیت‌های جمع‌آوری شده به عنوان شاخص، به گونه‌ای انتخاب شدند که در برگیرنده تمامی نواحی پراکش این گونه‌ها بودند. بنابراین، از هر جمعیت، ۱۰ بذر به صورت تصادفی انتخاب شد. بذرها را به مدت ۲۴ ساعت روی کاغذ صافی مرطوب در ظرف پتری قرار داده، به منظور جذب آب در دمای اتاق (۲۵ درجه سانتی‌گراد) و تاریکی قرار داده شدند. در این شرایط اکثر بذرها طی ۲-۳ روز جوانه زدند. سپس بذرهایی با طول ریشه ۱/۵-۲ سانتی‌متر انتخاب و در ساعت مناسب، ریشه‌ها از بذرها جدا گردید. مطالعه کروموزوم‌ها به روش له کردن مریستم انتهایی ریشه (Squash Method) انجام گرفت. بدین منظور ریشه‌ها به مدت ۶-۴ ساعت در محلول آلفا برمونفالتالین قرار داده شدند. برای حفظ شکل سلول‌ها و محتویات آنها و جلوگیری از تغییرات احتمالی از مواد تثبیت کننده، استفاده می‌شود. از جمله محلول‌های تثبیت کننده محلول Levitskey بوده که

استفاده گردید. همچنین به منظور مقایسه جمعیت‌ها میانگین طول بازوهای بلند و کوتاه، میانگین طول کروموزوم‌ها، عدد دیپلوئید، فرمول کاریوتیپی، شاخص $TF\%$ ، $AsI\%$ ، A_1 ، A_2 و ضریب تنوع‌پذیری طولی کروموزوم (CV) نیز به منظور مقایسه تقارن کاریوتیپ جمعیت‌ها در هر زیرگونه محاسبه شد (جدول‌های او ۲).

مشاهدات

در این مطالعه ۳۰ جمعیت مختلف گونه *H. vulgare* منتخب از سراسر نواحی پراکنش این گونه در ایران بررسی شدند و نتایج نشان‌دهنده این مطلب است که کلیه جمعیت‌های مطالعه شده دارای سطح دیپلوئید، عدد پایه کروموزومی $x=7$ و عدد کروموزومی $2n=2x=14$ هستند که نتایج مطالعات اولیه در مورد این گونه را تأیید می‌کند، در حالی که با سایر نتایج که *H. vulgare* subsp. *vulgare* را تتراپلوئید معرفی کرده‌اند مغایرت دارد. از نظر ریخت‌شناسی، طول بازوها، وجود یا عدم ماهواره و فرمول کاریوتیپ در جمعیت‌ها تا حدودی تنوع مشاهده شد، ولی عدد کروموزومی در جمعیت‌های مختلف ثابت است.

در جمعیت‌های مطالعه شده از گونه *H. vulgare*، کروموزوم تلوساتریک و ساب‌تلوساتریک مشاهده نشد. در خصوص فرمول کاریوتیپی، نتایج این تحقیق نشان داد که تقریباً در اکثر جمعیت‌ها ۲ جفت کروموزوم ماهواره‌دار وجود دارد. همچنین، در

برای تهیه اسلایدهای کروموزومی، قسمت بالای کلاهک ریشه‌ها (سلول‌های مریستمی) جدا گردید و برای نرم کردن بیشتر بافت و نفوذ بهتر رنگ، یک قطره استیک اسید ۴۵٪ نیز روی نمونه ریخته شد و سپس با کاغذ صافی خشک گردید. مزیت دیگر این عمل آن است که رنگ‌های اضافی از سطح سیتوپلاسم سلول پاک شده، سیتوپلاسم شفاف و بی‌رنگ به نظر می‌رسد. در این مرحله سلول‌های مریستمی با سوزن از هم جدا شد. سپس بر روی سلول‌های جدا شده، لامل گذاشته شد و با فشار ملایم انگشت شست، سلول‌ها له شد. سپس به منظور بررسی کروموزوم‌ها، سلول‌های مریستمی در زیر میکروسکوپ مطالعه شدند (Agayev, 2003).

در این مطالعه، برای بررسی شکل و ساختار کروموزوم‌ها و تهیه کاریوتیپ، اسلایدهای کروموزومی تهیه شده در مرحله متافازی تقسیم میتوز با استفاده از عدسی‌های ۱۰، ۲۰ و ۴۰ بررسی و بهترین سلول متافازی انتخاب شد. سپس با عدسی ۱۰۰ میکروسکوپ Olympus BX40 عکس‌برداری شدند. شناسایی کروموزوم‌ها در جو با اندازه‌گیری طول آن‌ها، نسبت بازوها و فرورفتگی‌های ثانویه انجام شده است (Noda and Kasha, 1978). در جمعیت‌هایی که مورد مطالعه سیتولوژی قرار گرفتند، طول کل کروموزوم، طول بازوی کوتاه، طول بازوی بلند و نسبت طول بازوی بلند به بازوی کوتاه اندازه‌گیری شد. به منظور دسته‌بندی کروموزوم‌ها و تعیین محل ساترومر کروموزوم‌ها از طرح Levan و همکاران (۱۹۶۵)

TF% با اندازه ۰.۴۵٪ در جمعیت شماره S40W و حداقل میزان TF% ۰.۳۶٪ در جمعیت شماره D215NW مشاهده شد (جدول ۱). بنابراین، جمعیت متعلق به غرب کشور از زیرگونه *spontaneum* با فرمول کاریوتیپی 7m و بدون حضور ماهواره، متقارن ترین کاریوتیپ (تعداد کروموزوم‌هایی با سانترومر میانی در این جمعیت بیشتر از سایر جمعیت‌هاست) و جمعیت جمع‌آوری شده از شمال غرب کشور متعلق به زیرگونه *vulgare* با فرمول کاریوتیپی 4m+1sm نامتقارن ترین کاریوتیپ را در بین جمعیت‌های مطالعه شده نشان می‌دهد.

با توجه به نتایج به دست آمده برای ضریب A_1 ، زیرگونه *vulgare* واریته *hexastichon* دارای نامتقارن ترین کاریوتیپ بوده، زیرگونه *spontaneum* بیشترین تقارن را نشان می‌دهد (جدول ۲). بنابراین، این نظریه که جو خودرو به عنوان اجداد جو زراعی در نظر گرفته شده، تأیید می‌شود. ضریب A_2 نشان‌دهنده تنوع و نامتقارن بودن بین جمعیت‌های هر تاکسون است. طبق نتایج حاصل، زیرگونه *spontaneum* تنوع بیشتری بین جمعیت‌ها نشان می‌دهد که در نتیجه خودرو بودن و دگرگشتی این گونه نسبت به جو زراعی است.

پهنه میتوزی و کاریوتیپ مربوط به جمعیت‌های زیر گونه *spontaneum* در شکل ۱ و جمعیت‌های متعلق به زیر گونه *vulgare* در شکل‌های ۲ و ۳ نشان داده شده است.

جمعیت‌های شماره S40W و S81W مربوط به زیرگونه *spontaneum* کروموزوم ماهواره‌دار مشاهده نگردید و کاریوتیپ این دو جمعیت به صورت ۷ جفت کروموزوم متاساتریک مشاهده شد.

در این گونه، در ارتباط با طول کل کروموزوم‌ها (طول ژنوم) و میانگین طول کل کروموزوم‌ها تنوع مشاهده گردید. اختلاف موجود در طول کروموزوم‌ها تا حدودی نشان‌دهنده تغییرات ساختاری کروموزوم‌هاست. چنین تفاوتی ممکن است تنها با مبادله یک قطعه صورت بگیرد.

بزرگ‌ترین کروموزوم، حداکثر طول ژنوم (۱۵۸/۷۲)، حداکثر میانگین طول کل کروموزوم‌ها (۱۱/۳۳) و حداکثر میانگین بازوی بلند (۶/۶۴) در جمعیت شماره S93SW و کوچک‌ترین کروموزوم، حداقل طول کل کروموزوم‌ها (۱۰۴/۲۲)، حداقل میانگین طول کل کروموزوم‌ها (۷/۴۴)، حداقل میانگین بازوی کوتاه (۳/۰۱) و حداقل میانگین بازوی بلند (۴/۳۱) در جمعیت شماره S33N، مشاهده شد. میانگین نسبت بازوی بلند به بازوی کوتاه در جمعیت شماره D215NW، حداکثر (۱/۶۶) و در جمعیت S203W حداقل (۱/۲۱) بود (جدول ۱).

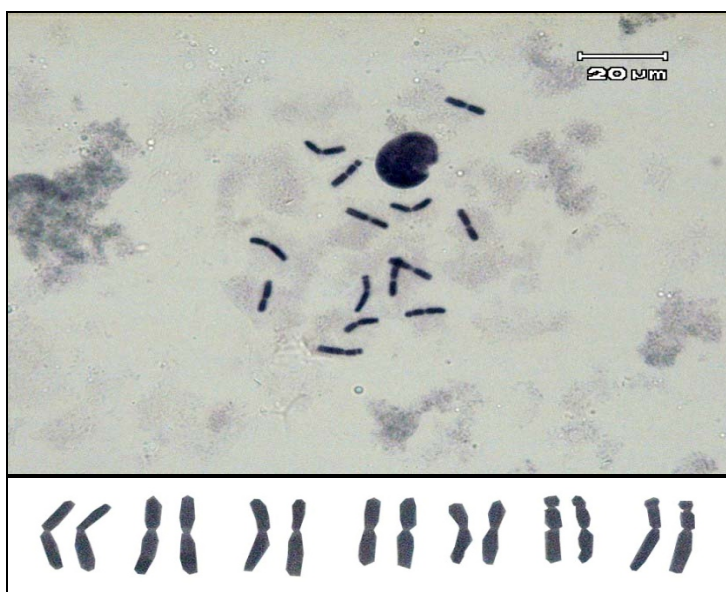
مقایسه کاریوتیپ جمعیت‌های یک گونه از طریق مقایسه تقارن آنها انجام می‌گیرد. لذا در این مطالعه TF% به عنوان شاخص تقارن محاسبه گردید. حداکثر

جدول ۱- تحلیل کاربوتیپ جمعیت‌های مختلف گونه *H. vulgare*

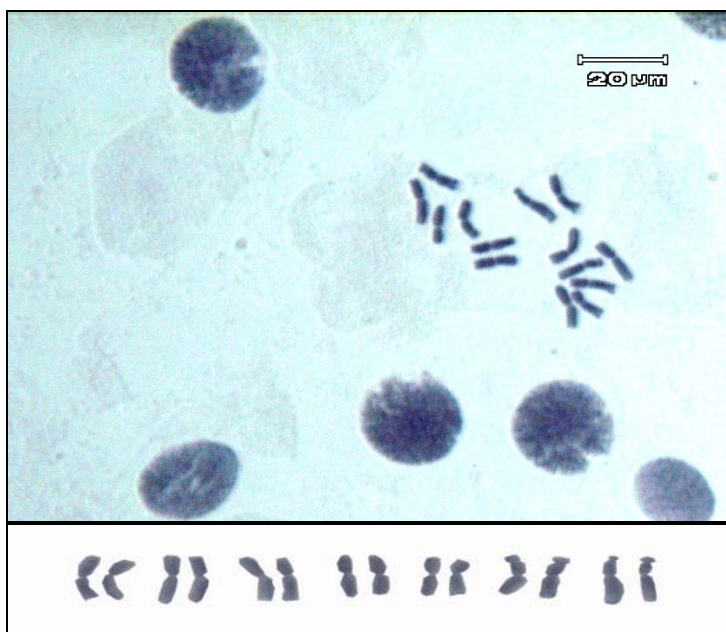
محل جمع‌آوری	فرمول کاربوتیپی	AsI%	R	TF%	MCL	TCL	2n	جمعیت
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>spontaneum</i>								
دره شهر ایلام	5m	۵۴/۱۴	۱/۲۸	٪۴۲	۹/۸	۱۳۷/۱۶	۱۴	S3W
پل دختر به خرم‌آباد	5m	۵۲/۸۲	۱/۲۳	٪۴۳	۹/۸۶	۱۳۸/۱۶	۱۴	S9W
پل دختر به خرم‌آباد، معمولان	1M+4m	۵۶/۱۱	۱/۴۴	٪۴۰	۱۱/۱۲	۱۵۵/۷۲	۱۴	S13W
قزوین به رشت	4m+1sm	۵۷/۹۹	۱/۴۶	٪۴۰	۷/۴۴	۱۰۴/۲۲	۱۴	S33N
خرم‌آباد به بروجرد	7m	۵۵/۰۸	۱/۲۲	٪۴۵	۸/۱۱	۱۱۳/۵۸	۱۴	S40W
تخت جمشید	3m+2sm	۵۸/۲۴	۱/۵۷	٪۳۸	۱۰/۸۸	۱۵۲/۴۲	۱۴	S74SW
نورآباد ممسنی	2M+5m	۵۵/۸۵	۱/۲۸	٪۴۴	۸/۰۳	۱۵۲/۴۴	۱۴	S81W
یاسوج	4m+1sm	۵۷/۲۲	۱/۴۹	٪۳۹	۹/۱۷	۱۲۸/۵	۱۴	S83SW
بروجن به لردگان	3m+2sm	۵۸/۶	۱/۶	٪۳۸	۱۱/۳۳	۱۵۸/۷۲	۱۴	S93SW
۶۵ کیلومتری دره شهر به ایلام	5m	۵۵/۵	۱/۴۱	٪۴۱	۸/۱۰	۱۱۹/۰۸	۱۴	S201W
ایلام به اسلام‌آباد	1M+4m	۵۲/۳۴	۱/۲۱	٪۴۴	۹/۹۵	۱۳۹/۴۲	۱۴	S203W
۵۵km به سنندج	1M+4m	۵۳/۱۶	۱/۲۲	٪۴۳	۹/۵۸	۱۳۴/۲۲	۱۴	S208W
سنندج به مریوان	5m	۵۳/۸۴	۱/۲۴	٪۴۴	۸/۸۹	۱۲۴/۵۸	۱۴	S210W
۶۵km به مریوان	1M+4m	۵۴/۶	۱/۳۶	٪۴۱	۹/۲۹	۱۳۰/۱	۱۴	S211W
سنندج به مریوان، سروآباد	5m	۵۴/۵۱	۱/۳۷	٪۴۰	۸/۵۰	۱۱۹/۰۲	۱۴	S212W
اقلید به مرودشت	1M+4m	۵۲/۷۲	۱/۲۳	٪۴۳	۱۰/۶۴	۱۴۹/۰۸	۱۴	S72SW
کرمانشاه به سنندج	5m	۵۶/۹۹	۱/۴۹	٪۳۹	۹/۱۲	۱۲۷/۵۶	۱۴	S206W
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> var. <i>distichon</i>								
پل دختر	5m	۵۵/۹۵	۱/۴	٪۴۰	۱۰/۴۱	۱۴۵/۸۲	۱۴	D110W
خرم‌آباد به پل دختر	2M+3m	۵۵/۷۵	۱/۲۴	٪۴۲	۹/۳	۱۳۰/۳	۱۴	D10W
اقلید به مرودشت	1M+4m	۵۵/۴۶	۱/۳۶	٪۴۱	۱۰/۲۷	۱۴۳/۸۴	۱۴	D71SW
دشت ارژن به کازرون	5m	۵۶/۷	۱/۴۳	٪۴۰	۸/۱۱	۱۱۳/۵۸	۱۴	D79SW
یاسوج به سمیرم	5m	۵۷/۷۷	۱/۴۵	٪۴۰	۹/۰۴	۱۲۶/۶۶	۱۴	D88SW
یاسوج به سمیرم، پل میمند	5m	۵۹/۱	۱/۵۹	٪۳۸	۸/۹	۱۲۴/۷	۱۴	D89SW
ایلام به اسلام‌آباد غرب	3m+2sm	۵۸/۵۷	۱/۶	٪۳۸	۹/۱۴	۱۲۸	۱۴	D204W
سقر	4m+1sm	۵۹/۲۸	۱/۶۶	٪۳۶	۸/۵۶	۱۱۹/۹	۱۴	D215NW
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> var. <i>hexastichon</i>								
پل دختر	4m+1sm	۵۶/۵۴	۱/۴۷	٪۳۹	۱۰/۷۶	۱۵۰/۷۶	۱۴	H12W
سمیرم	5m	۵۶/۷۵	۱/۴۳	٪۴۰	۹/۵	۱۳۳/۰۶	۱۴	H65SW
بجنورد	5m	۵۹/۰۵	۱/۵۴	٪۳۹	۱۱/۳	۱۵۸/۳۲	۱۴	H108NE
بوشهر	1M+4m	۵۶/۰۱	۱/۳۷	٪۴۱	۹/۹۷	۱۳۹/۰۶	۱۴	H6443
بوشهر	5m	۵۸/۳۷	۱/۵۲	٪۳۸	۹/۳۶	۱۳۱/۰۸	۱۴	H6446

جدول ۲- مقایسه میانگین ضریب تنوع پذیری و شاخص های تقارن در تاکسون های متعلق به *H. vulgare*

نام تاکسون	سطح پلوتیدی	میانگین طول کل کروموزوم در جمعیت ها	ضریب تنوع پذیری طولی کروموزوم (CV)	میانگین TF%	میانگین AsI%	A1	A2
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>spontaneum</i>	2n	۹/۴۳	٪۱۱	٪۴۱	٪۵۵/۲۷	۰/۲۵	۰/۱۱
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> var. <i>distichon</i>	2n	۹/۲۲	٪۸	٪۳۹	٪۵۷/۳۲	۰/۲۹	۰/۰۸
<i>H. vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> var. <i>hexastichon</i>	2n	۱۰/۱۸	٪۳/۵	٪۳۹	٪۵۷/۳۴	۰/۳۱	۰/۰۳



شکل ۱- پهنه میتوزی و کاریوتیپ جمعیت ۲۰۶ زیر گونه *H. vulgare* subsp. *spontaneum*



شکل ۲- پهنه میتوزی و کاریوتیپ جمعیت های ۷۱ زیر گونه *H. vulgare* subsp. *vulgare* var. *distichon*



شکل ۳- پهنه میتوزی و کاریوتیپ جمعیت ۱۲ گونه *H. vulgare* subsp. *vulgare* var. *hexastichon*

بحث و نتیجه‌گیری

مشاهدات حاصل از بررسی سیتولوژی جمعیت‌های گونه *H. vulgare* در ایران، نشان‌دهنده وجود سطح دیپلوئیدی در این گونه و عدد پایه کروموزومی $x=7$ است و کروموزوم‌های این گونه از نظر اندازه تقریباً متوسط هستند.

عدم حضور کروموزوم‌های تلوسانتريک و ساب تلوسانتريک نشان می‌دهد تغییرات ساختاری کروموزوم‌ها، مانند حذف و وارونگی، در این گونه به ندرت اتفاق می‌افتد. این گونه دارای کاریوتیپی متقارن است و کروموزوم‌ها از نوع متاسانتريک و ساب‌متاسانتريک هستند و گرایشی به سوی نامتقارن بودن از طریق واژگونی‌های پری‌سانتريک و جابه‌جایی نابرابر قسمت‌هایی از بازوهای کروموزومی ندارد. اگرچه انتظار می‌رود که عکس این گرایش با جوش

خوردن کروموزوم‌های ساب‌تلوسانتريک و تلوسانتريک و ایجاد کروموزوم‌های متاسانتريک در این گونه صورت گرفته باشد.

از آن‌جا که وجود ماهواره‌ها وابسته به فعالیت مناطق هستک‌ساز است و تفاوت‌های موجود در تعداد و موقعیت آنها بیانگر تفاوت‌های موجود در محل و اندازه این مناطق است (Stebbins, 1971)، عدم مشاهده ماهواره در برخی از جمعیت‌های این گونه ممکن است به این علت باشد. همچنین، ممکن است عدم مشاهده این ماهواره‌ها، به دلیل محدودیت‌های روش به کار برده شده برای بررسی کروموزومی باشد و یا احتمال می‌رود، به دلیل مطالعه کروموزوم‌ها در مرحله متافازی تقسیم میتوز، کروموزوم‌ها به قدری فشرده شده باشند که امکان مشاهده ماهواره‌ها میسر نباشد. همچنین، وجود اختلافات گسترده در طول کروموزوم‌ها می‌تواند

جمعیت‌های متعلق به این گونه کاهش یافته، از طول کروموزوم‌ها کاسته می‌شود.

با توجه به اینکه ضریب تنوع پذیری طولی کروموزوم در زیرگونه *vulgare* کمتر از زیرگونه *spontaneum* است می‌توان نتیجه گرفت که کروموزوم‌ها در جمعیت‌های متعلق به زیرگونه *vulgare* از نظر طول، یکنواختی بیشتری نسبت به زیرگونه دیگر نشان می‌دهند. با توجه به اینکه جو خودرو، گونه اجدادی جو زراعی محسوب می‌شود، می‌توان نتیجه گرفت که زیرگونه *vulgare* از نظر تکاملی نسبت به *spontaneum*، جوان‌تر بوده و تنوعات ژنتیکی در آن کمتر صورت گرفته است. علاوه بر این، تنوع بین فاکتورهای اندازه‌گیری شده در این مطالعه در بین جمعیت‌های متعلق به زیرگونه *spontaneum* بسیار بیشتر از زیرگونه *vulgare* محاسبه شد که نشان‌دهنده متنوع‌تر بودن جمعیت‌های جو خودرو نسبت به جو زراعی است، زیرا گیاهانی که در محیط‌های متفاوت و پُر تنش رشد می‌کنند معمولاً نسبت به گیاهانی که در شرایط معمول و بهینه رویش دارند متنوع‌ترند (Pakniyat et al., 1997).

قدردانی

مقاله موجود حاصل بخشی از نتایج طرح پژوهشی شماره ۸۶۰۸۱۷ مصوب شورای پژوهشی دانشگاه اصفهان می‌باشد. از معاونت پژوهشی دانشگاه اصفهان به خاطر همکاری در انجام این طرح صمیمانه قدردانی می‌شود. از مؤسسه تحقیقات، اصلاح و تهیه نهال و بذر

ناشی از اعمال پیش تیمارهای متفاوت و انتخاب نمونه‌ها در مراحل مختلف تقسیم و در نتیجه تفاوت در کوتاه شدن طول کروموزوم‌ها باشد. Sheidai و همکاران در سال ۲۰۰۷ نشان دادند که تغییرات قابل توجه در اندازه کروموزوم‌ها و محتوای DNA آن‌ها با تنوع‌یابی گونه‌ای در جنس *Hordeum* مرتبط است. بنابراین، تفاوت‌های مشاهده شده در طول کل کروموزوم‌ها به علت تنوع‌یابی در زیرگونه‌ها و نیز بین جمعیت‌های متعلق به مناطق مختلف کشور است. ضریب تنوع‌پذیری بازوی بلند بیشتر از بازوی کوتاه است و بنابراین، تغییرات طول کلی کروموزوم‌ها عمدتاً ناشی از تغییرات بازوی بلند است.

کاریوتیپ‌های متقارن، کروموزوم‌های بلندتر نسبت به کروموزوم‌های کوتاه‌تر و دارای سانترومر میانی با بازوی مساوی، کروموزوم‌های ابتدایی‌تر در نظر گرفته می‌شوند (Sharma, 1990). بنابراین، با توجه به اینکه جو خودرو به عنوان اجداد جو زراعی معرفی شده است، جمعیت متعلق به زیرگونه *spontaneum* از غرب کشور، ابتدایی‌تر و اجدادی در نظر گرفته شده، جمعیت متعلق به زیرگونه *vulgare* از شمال غرب ایران، جمعیتی جوان محسوب می‌گردد. علاوه بر این، از آنجایی که مرکز پیدایش و تنوع‌یابی جو خودرو غرب و جنوب غرب ایران گزارش شده است، بنابراین، جمعیت‌های متعلق به این مناطق ابتدایی‌تر و جمعیت‌های متعلق به مناطق شمالی کشور جوان‌تر هستند. با گسترش جمعیت‌ها به سمت شمال و دور شدن از مرکز پیدایش، میزان تقارن کاریوتیپ در

کرج به خاطر در اختیار قرار دادن برخی از نمونه
بذرهای استفاده شده در این تحقیق قدردانی می‌شود.

منابع

- صاحبی، ج. (۱۳۸۰) بررسی سیستماتیک و بیوسستماتیک جنس *Hordeum* L. در ایران، پایان‌نامه دکتر، دانشگاه تهران، تهران.
- یزدان‌ستا، س. (۱۳۸۱) بررسی سیتوژنتیکی برخی از ژنوتیپ‌های جو لخت (*Hordeum vulgare*). پایان‌نامه کارشناسی ارشد، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران.
- Agayev, M. (2003) Advanced squash method for investigation of plant chromosomes. 4th Iranian congress on crop production and breeding sciences. Isfahan University of Technology, Isfahan, Iran.
- Blattner, F. R. (2004) Phylogenetic analysis of *Hordeum* (Poaceae) as inferred by nuclear rDNA ITS sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 33: 289-299.
- Bor, N. L. (1970) Gramineae, In: *Flora Iranica*. (ed. Rechinger, K. H.) 70: 232-243. Akademische Druck - und Verlagsanstalt. Wien 70: 232-243.
- Bothmer, R. von, Jacobsen, N., Baden, C., Jorgensen, R. B. and Linde-Laursen, I. (1991) An ecogeographical study of the genus *Hordeum*. International Board for Plant Genetic Resources, Rome.
- Darlington, C. D. and Wylie, A. P. (1961) *Chromosome atlas of flowering plants*. George Allen and Unwin Ltd. London.
- Harlan, J. R. and Zohary, D. (1966) Distribution of wild wheats and barley. *Science* 153:1074-1080.
- Kihara, H. (1924) Cytologische und genetische studien bei wichtigen getreidearten mit besonderer rucksicht anf das verhalten der chrobosomen und die sterilitat in den bastarden. *Memoirs of the College of Science, Kyoto Imperial University*.
- Komarov, V. L. (ed.). (1985). *Flora of the U.S.S.R.* 11. Translated from Russian by Bishen Singh, Mahendra Pal Singh and Koeltz Scientific Books.
- Levan, A., Fedge, K. and Sondberg, A. (1965) Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52: 201-220.
- Linde-Laursen, I., Ibsen, E., Bothmer, R. von., and Giese, H. (1992) Physical localization of active and inactive rRNA gene loci in *Hordeum marinum* ssp. *gussoneanum* (4x) by in situ hybridization. *Genome* 35: 1032-1306.
- Morrison, J. W. (1959) Cytogenetic studies in the genus *Hordeum*. *Chromosome morphology*. *Canadian Journal of Botany* 37: 527-538.
- Nilan, R. A. (1964). *The cytology and genetics of barley*. Washington state University Press, Washington.
- Noda, K. and Kasha, K. J. (1978) A proposed barley karyotype revision based on C-band chromosome identification. *Crop science* 18: 925-930.

- Pakniyat, H., Powell, W., Baird, E., Handley, L. L., Robinson, D. and Nevo, E. (1997) AFLP variation in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) with reference to salt tolerance and associated ecogeography. *Genome* 40:332-341.
- Sharma, A. (1990) Taxonomy as related to genetic diversity in plants. *Journal of the Indian Botanical Society* 69: 1-3.
- Sharma, A. and Sharma, A. (1999) *Plant chromosomes: Analysis, manipulation and engineering*. Harwood Academic Publisher, Amsterdam.
- Sheidai, M. and Rashid, S. (2007) Cytogenetic study of some *Hordeum* L. species in Iran. *Acta Biologica Szegediensis* 51(2): 107-112.
- Shewry, P. R. (ed.) (1992) *Barley: Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology*. C. A. B. International Alden Press. Oxford.
- Stebbins, G. L. (1971) *Chromosomal evolution in higher plants*. Edward Arnold, London.
- Tutin, T. G., Heywood, V. H., Burges, N. A. (1980) *Flora Europaea*. Cambridge University Press.
- Vahidy, A. A., Jahan, Q. and Jahan, B. (1993) Geimsa N-banding polymorphism in six botanical varieties and six cultivars of barley, *Hordeum vulgare* L.. *Cytologia* 58: 273-279.

Relationships and diversity of *Hordeum vulgare* L. (cultivated and wild barley) in Iran measured using cytological parameters

Azadeh Akhavan and Hojjatollah Saeidi*

Department of Biology, Faculty of Science, University of Isfahan, Isfahan, Iran

Abstract

Barley (*Hordeum vulgare* L.) including cultivated (subsp. *vulgare* L.) and its wild relative (subsp. *spontaneum* C. Koch) is considered as the primary gene pool of *Hordeum*. Wild barley is the progenitor of cultivated barley which is a major crop in the world and economically is the most important species after bread wheat karyotypic studies were performed in 30 wild/cultivated populations of *H. vulgare*. To look for their relationships and diversity among populations. Based on the results of all the analyzed factors, the most symmetric karyotype was observed in one population belonging to subsp. *spontaneum* collected from the West and the most asymmetric one observed in a population belonging to subsp. *vulgare* from the Northwest region. Because the symmetric karyotypes are considered to be more primitive than asymmetric ones, the Western populations of wild barley with the most symmetric karyotype, can be considered as the oldest populations relating to the subsp. *vulgare* from other regions. Based on the results of this study the coefficient of variability of chromosome length in subsp. *spontaneum* was higher than that of the subsp. *vulgare*. Therefore, subsp. *spontaneum* is primitive and more diverse than subsp. *vulgare* that can be related to the adaptability of wild barley populations with the highly variable ecological conditions. The results of this study suggest that the karyotype symmetry analysis can be a useful tool to evaluate relationships and diversity of barley populations.

Key words: *Hordeum vulgare* L., Iran, Wild barley, Cytology, Center of origin