



الجمهورية العربية السورية
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
جامعة دمشق
كلية الهندسة الزراعية
قسم التقانات الحيوية

الشعور الوراثي لبعض طرز من الشعير البري والمزروع (*Hordeum* sp.)

Genetic Diversity of Some Wild and Cultivated Barley (*Hordeum* sp.) Varieties

أطروحة قُدمت إلى جامعة دمشق لنيل درجة الماجستير في التقانات الحيوية

إعداد

علي نديم الصهيويني

إشراف

د. سلام لاوند

أستاذ مساعد - قسم المحاصيل الحقلية

كلية الهندسة الزراعية - جامعة دمشق

تصريح

أصرح بأن البحث الموصوف في الأطروحة بعنوان:

"الشوع الوراثي لبعض طرز من الشعير البري والمزروع (*Hordeum sp.*)".

لايوجد أي جزء من هذه الرسالة أو الأطروحة تم أخذه بالكامل من عمل آخر أو أنجز للحصول على شهادة أخرى في هذه الجامعة أو في أي جامعة أخرى أو أي معهد تعليمي وأن كافة الأعمال والنتائج المذكورة هي نتيجة جهودي الشخصية وبتوجيه من المشرف، وأن أية معلومات أو نتائج أخرى ذكرت قد نسبت إلى مصادرها ومؤلفيها في النص وفي قائمة المراجع.

المرشح

علي نديم الصهوني

Declaration

I declare that the present research work entitled: **Genetic Diversity of Some Wild and Cultivated Barley (*Hordeum sp.*) Varieties**. Is a new research work that has never been studied by any other researchers for any other degrees, and currently it is not submitted by any one for any degree.

Candidate

ALI NADEEM ALSAHIONI

شهادة

نشهد بأن العمل الموصوف في هذه الرسالة نتيجة بحث علمي قام به المرشح علي نديم الصهيوني بإشراف الأستاذة الدكتورة سلام لاوند من قسم المحاصيل الحقلية - كلية الزراعة - جامعة دمشق. وأن المراجع المستخدمة في هذه الرسالة موثقة أصولاً ضمن البحث.

المرشح

علي نديم الصهيوني

المشرف العلمي

د. سلام لاوند

Certificate

It is hereby certified that the work described in this thesis is the result of author's own investigation Candidate **ALI NADEEM ALSAHIONI** under the supervision of **Dr. SALAM LAWAND - Department of Agronomy- Faculty of Agriculture- Damascus University**. Any reference to the work of other researches has been fully acknowledged in the text.

Candidate

ALI NADEEM ALSAHIONI

Scientific Supervisor

Dr. Salam Lawand

فهرس المحتويات

1	الملخص العربي
2	INTRODUCTION المقدمة
3	Research Relevance أهمية البحث
5	Research Problem مشكلة البحث
6	Research Questions تساؤلات البحث
6	Research Hypothesis فرضيات البحث
7	Research Justifications مبررات البحث
7	Research Objectives أهداف البحث
8	Literature Review الفصل الأول الدراسة المرجعية
9	Barley الشعير
10	Origin and Domestication of Barley أصل واستئناس الشعير
12	Barley Genome جينوم الشعير
15	The Importance of Barley أهمية الشعير
16	Genetic Diversity In Barley التنوع الوراثي في الشعير
18	Morphological Traits in Barley الصفات الشكلية في الشعير
21	Molecular Markers الواسمات الجزيئية
24	Inter Simple Sequence Repeats مناطق بين تكرارات التسلسلات البسيطة
27	Molecular Mapping رسم الخرائط الجزيئية لجينوم الشعير
29	بروتينات التطور الجنيني المتأخرة
30	LEA 2 مجموعة
30	LEA الخواص البيوكيميائية و البنيوية للبروتينات
31	LEA تموضع بروتينات في الخلايا النباتية
32	الدهيدرينات في الشعير

34	Materials and Methods	الفصل الثاني مواد البحث وطرائقه
35		أولاً: المادة النباتية Plant material
37		ثانياً: أصناف الشعير المدروسة
37		1- الشعير التلقائي <i>Hordeum Spontaneum</i>
37		2- الشعير البري البصيلي <i>Hordeum Bulbosum</i>
37		3- عربي أسود (ثنائي الصف)
37		4- عربي أبيض محسن
37		5- فرات3
38		6- فرات6
38		7- فرات7
38		8- فرات 9
38		ثالثاً: مكان تنفيذ البحث
39		رابعاً: الصفات الحقلية المدروسة Investigated traits
39		1- ارتفاع النبات Plant height
39		2- وزن النبات
39		3- طول السنبلة الرئيسة
39		4- متوسط عدد الإشتاءات الكلية والمثمرة
39		5- عدد الحبوب ووزنها في السنبلة الرئيسة
39		6- عدد الحبوب ووزنها في النبات
39		7- متوسط وزن ألف حبة
39		خامساً: الدراسة الجزيئية
39		1- تعقيم البذور وزراعتها
39		2- استخلاص الحمض النووي الريبي DNA بطريقة SDS
41		3- التقدير الكمي والنوعي للحمض النووي الريبي DNA

41	4- تطبيق تقانة (ISSR) Inter Simple Sequence Repeats
45	5- الرحلان الكهربائي لنواتج تفاعل البلمرة المتسلسل
46	سادساً: التحليل الإحصائي وتحليل النتائج الجزيئية
47	الفصل الثالث النتائج والمناقشة Results and Discussion
48	أولاً: الصفات الشكلية والكمية للطرز المدروسة
48	1- ارتفاع النبات Plant Height
49	2- وزن النبات Plant Weight
50	3- عدد الإشطاعات الكلية Number of Total Tillers
52	4- عدد الإشطاعات المثمرة في النبات Number of Fertile Tillers
53	5- طول السنبلة الرئيسية Main Spike Length
55	6- وزن السنبلة الرئيسية Main Spike Weight
56	7- عدد الحبوب في السنبلة الرئيسية Number of grains per spike
57	8- وزن الحبوب في السنبلة الرئيسية
58	9- عدد الحبوب في النبات Number of grains per plant
59	10- وزن الحبوب في النبات
60	11- وزن 1000 حبة (غ) 1000- Kerenel Weight
62	ثانياً: علاقات الارتباط البسيط بين الطرز المدروسة
66	ثالثاً- شجرة القرابة الشكلية والفروقات المظهرية بين الطرز المدروسة
69	رابعاً- التحليل الجزيئي
69	1- اختبار جودة الـ DNA المستخلص
70	2- التعددية الشكلية Polymorphism
74	3- تحديد درجة القرابة الوراثية بين الأنواع المدروسة
76	4- التحليل العنقودي Cluster analysis (شجرة القرابة الوراثية)
81	5- دراسة التباينات الأليلية الشكلية لمورثات الديهيدرين

85	6- التحليل العنقودي Cluster analysis اعتماداً على مورثات (DHNs)
86	Conclusion الخاتمة.....
87	الاستنتاجات والمقترحات.....
87	أولاً: الاستنتاجات.....
89	ثانياً: المقترحات.....
90	المراجع.....
90	1- المراجع العربية.....
92	2- المراجع الأجنبية.....
119	Abstract.....

فهرس الجداول

- الجدول 1 تصنيف مورثات الديهيدرين في الشعير.-----33
- الجدول 2 الإحداثيات الجغرافية لمواقع جمع الشعير من حيث الارتفاع عن سطح البحر وخط الطول و العرض.-35
- الجدول 3 التسلسل النيكليوتيدي للبادئات المختبرة في تقانة ISSR.-----42
- الجدول 4 التسلسل النيكليوتيدي لمورثات الديهيدرين المسؤولة عن تحمل الجفاف-----43
- الجدول 5 مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية ISSR-----44
- الجدول 6 مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لكشف التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين -----44
- الجدول 7 متوسط ارتفاع النبات سم في طرز الشعير المدروسة-----49
- الجدول 8 متوسط وزن النبات (غ) في طرز الشعير المدروسة -----50
- الجدول 9 متوسط عدد الإشطاعات الكلية (إشطاء . نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة-----51
- الجدول 10 متوسط عدد الإشطاعات المثمرة في النبات (إشطاء مثمر . نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة---53
- الجدول 11 متوسط طول السنبلة الرئيسية (سم) في طرز الشعير المدروسة -----54
- الجدول 12 متوسط وزن السنبلة الرئيسية في الطرز الوراثية المدروسة -----55
- الجدول 13 متوسط عدد الحبوب في السنبلة الرئيسية (حبة . سنبلة¹⁻) في طرز الشعير المدروسة-----56
- الجدول 14 متوسط وزن الحبوب في السنبلة الرئيسية (غ) في طرز الشعير المدروسة-----57
- الجدول 15 متوسط عدد الحبوب (حبة . نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة -----59
- الجدول 16 متوسط وزن الحبوب في النبات (غ) في طرز الشعير المدروسة-----60
- الجدول 18 متوسط وزن 1000 حبة (غ) في طرز الشعير المدروسة-----61

- الجدول 19 علاقات الارتباط البسيط بين مختلف الصفات المدروسة لدى طرز الشعير -----65
- الجدول 20 الفروقات الشكلية بين الطرز المدروسة-----68
- الجدول 21 قراءات المطياف الضوئي وتحديد تركيز ونقاوة عينات DNA مقدراً بالميكروغرام/ميكروليتر. -----70
- الجدول 22 رموز البادئات المستخدمة، عدد الحزم الكلية والمتباينة، والنسبة المئوية للتعددية الشكلية %-----72
- الجدول 23 عدد الحزم الفريدة في طرز الشعير المدروسة الناتجة عن تطبيق تقنية ISSR -----73
- الجدول 24 عدد الحزم الفريدة مع البادئات المدروسة -----74
- الجدول 25 مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق (PDV) بين الطرز المدروسة والناتجة عن تطبيق متوسطات المجموعات الزوجية غير المزانة UPGMA بتطبيق تقانة ISSR-----75
- الجدول 26 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثة Dh1-----81
- الجدول 27 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثة Dh2-----81
- الجدول 28 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثتي Dh3، Dh4. -----82
- الجدول 29 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثات Dh5، Dh6، Dh7. -----82
- الجدول 30 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة للمورثات Dh8، Dh9، Dh10. ---83
- الجدول 31 الأنماط الشكلية الكلية للمورثات مع الطرز الوراثية المدروسة. -----84

فهرس الأشكال

- الشكل 1 شجرة النشوء والتطور لمورثات الديهيدرين في الشعير..... 33
- الشكل 2 التوزع الجغرافي لمناطق أخذ العينات حسب المحافظات..... 36
- الشكل 3 شجرة القرابة الشكلية بين الطرز المدروسة..... 66
- الشكل 4 اختبار جودة الحمض النووي المستحصل عليه من الطرز المدروسة..... 69
- الشكل 5 هلامة الآغاروز 2% لملاحظة التعددية الشكلية..... 71
- الشكل 6 شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بين الطرز المدروسة..... 76
- الشكل 7 مقارنة بين شجرتي القرابة الشكلية والوراثية بالنسبة للأنواع المدروسة 80
- الشكل 8 هلامة ميتافور آغاروز 4% لملاحظة الأنماط الشكلية بالنسبة لمورثة *Dhn2* 81
- الشكل 9 شجرة القرابة الوراثية لطرز الشعير المدروسة اعتماداً على دراسة التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين (DHNs)..... 86

قائمة المختصرات العلمية

المصطلح	TERM	التعريب
ABA	Abscisic Acid	حمض الأبسيسيك
AFLP	Amplified fragment length polymorphism	التعددية الشكلية لقطع DNA المضخمة
Bp	Base pair	شفع قاعدي
DAMD	Directed Amplification of Minisatellite-region DNA	التضخيم المباشر لمناطق المني ستالايت
DHNs	Dehydrins	مورثات الدهيدرين
DNA	Deoxyribonucleic Acid	الحمض النووي الريبسي منقوص الأكسجين
EDTA	Ethylen Ediamine tetra acetic Acid	ثنائي أمين الإيثيلين رباعي حمض الخل
EST	Expressed Sequence Tag	التسلسلات المعبر عنها
ISSR	Inter Simple Sequence Repeats	بين تكرارات التسلسلات البسيطة
ITS	Internal Transcribed Spacer	فاصل داخلي مستنسخ
L	Liter	لتر
LD	Linkage Disequilibrium	اختلال توازن الارتباط
LEA	Late Embryogenesis Abundant Proteins	البروتينات في المراحل المتأخرة من التطور الجنيني
mg	Miligram	ميلي غرام
ml	Mililiter	ميلي لتر
mM	Milimolar	ميلي مولر
mm	Milimeter	ميلي متر
ng	Nanogram	نانو غرام
µg	Microgram	ميكرو غرام
µl	Microliter	ميكرو لتر
ORF	Open Reading Frame	إطار القراءة المفتوح
PCR	Polymerase Chain Reaction	تفاعل البلمرة التسلسلي
PDV	Percent Disagreement Values	مصنوفة عدم التوافق
PIC	Polymorphism Information Content	معامل التعددية الشكلية

الاستجابة للفترة الضوئية	Photoperiod Response	Ppd-H1
بادئ	Primer	Primer
مواضع الصفات الكمية	Quantitative traits locus	QTL
التعددية الشكلية للميكروستالايت المضخم عشوائياً	Random Amplified Microsatellites Polymorphisms	RAMP
التعددية الشكلية للدنا المضخم عشوائياً	Random Amplified Polymorphic DNA	RAPD
التعددية الشكلية لأطوال قطع الدنا المحددة	Restriction fragment length polymorphism	RFLP
دورة في الدقيقة	Revolutions per minute	rpm
التضخيم الانتقائي لمواقع التعددية الشكلية في المايكروستالايت	Selective Amplification of Microsatellite Polymorphic Loci	SAMPL
التعددية الشكلية للنوكليوتيد المفرد	Single Nucleotide Polymorphisms	SNP
تفاعل تضخيم البادئ الفردي	Single Primer Amplification Reactions	SPAR
التعددية الشكلية لأطوال التسلسلات البسيطة	Simple Sequence Length Polymorphisms	SSLP
تكرارات التسلسلات البسيطة	Simple Sequence Repeats	SSR
التكرارات المترادفة القصيرة	Short Tandem Repeats	STR
Tris Borate EDTA	Tris Borate EDTA	TBE
متوسطات المجاميع الزوجية غير الموزنة	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averaging	UPGMA
الأشعة فوق البنفسجية	Ultraviolet	UV
البرودة المحرصة	Vernalisation	Vrn
التباين في عدد صفوف السنبل	Variation of Row Spike	Vrs1

الملخص العربي

أجري هذا البحث بهدف القيام بدراسة شكلية و جزيئية على مجموعة من أصناف الشعير البري (*H. bulbosum* ، *Hordeum spontaneum*) من أربع محافظات (دمشق، ريف دمشق، طرطوس، حماه) والشعير المزروع (عربي أسود، عربي أبيض محسن، فرات 3، فرات 6، فرات 7، فرات 9) كما تم جمع طرز نباتية من الشعير المزروع لدى المزارعين في محافظات (طرطوس، حماه) لمقارنتها وراثياً مع الأصناف السابقة حيث جمعت جميع هذه الأصناف خلال الموسم الزراعي (2018-2019).

بينت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية بين الطرز المدروسة، حيث تفوق الطراز الوراثي طرطوس مزروع معنوياً في خمس صفات كمية و شكلية هي وزن النبات 15.278 غ، وزن السنبل الرئيسية 2.835 غ، عدد الحبوب في السنبل الرئيسية 34.067 حبة. سنبل⁻¹، وزن الحبوب في السنبل الرئيسية 2.731 غ، وزن 1000 حبة 51.007 غ.

كما رُسمت شجرة القرابة الوراثية بين الأصناف المدروسة باستخدام النتائج المستحصل عليها من تحليل التباين الوراثي بتقنية (ISSR) وذلك باستخدام 16 بادئة. أظهرت الدراسة أن 14 بادئة من البادئات المستخدمة أعطت منتجات تضخيم في تفاعل البلمرة المتسلسل ونجم عن استخدامها 94 حزمة، كما أعطت تعددية شكلية Polymorphic وصلت نسبتها المئوية 85.1%. تبين أن أقل قيمة لمصفوفة عدم التوافق PDV هي 0.1542 بين الطرازين (سلمية مزروع، سلمية *H.bulbosum*) وهذا يدل على أنهما على درجة كبيرة من القرابة الوراثية، بينما كانت أعلى قيمة لها 0.5025 بين الطرازين (عربي أسود، دمشق *H.spontaneum*) و (طرطوس *H.bulbosum*، ريف دمشق *H.spontaneum*) مما يدل على وجود تباين وراثي كبير بينها.

أظهرت النتائج من خلال إجراء تفاعل PCR تفوق المورثتان *Dhn3*، *Dhn7* بعدد الأنماط الشكلية التي أعطتها والبالغة 14 نمطاً شكلياً مع كافة الطرز المدروسة، في حين أعطت المورثة *Dhn5* أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 2 نمطاً شكلياً مع الطرز الوراثية المدروسة.

كما أظهرت النتائج أيضاً تفوق الطرز الوراثية (فرات 7، سلمية *H.Spontaneum*) بعدد الأنماط الوراثية التي أعطتها والبالغة 10 و 9 نمطاً وراثياً فهي أكثر تحملاً للجفاف مقارنةً بالطرز الأخرى، في حين أعطت الطرز الوراثية (طرطوس *H.Bulbosum*، عربي أبيض) أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 5 نمطاً شكلياً.

الكلمات المفتاحية: الشعير البري، الشعير المزروع، شجرة القرابة الوراثية، تقانة تكرارات التسلسلات البسيطة الداخلية ISSR، معامل التعددية الشكلية (PIC).

المقدمة INTRODUCTION

يعد التباين الطبيعي مورد قيم ومستدام للتنوع الظاهري والتنوع الوراثي داخل الأنواع النباتية في جميع أنحاء العالم مثال الشعير (*Hordeum vulgare*)، والذي يوفر سمات مفيدة لتربية النباتات، إضافة إلى الاختلاف المظهري داخل الأنواع الناجم عن الطفرات الوراثية الطبيعية تلقائياً والتي حافظت عليها الطبيعة من خلال عمليات الانتقاء التطورية والاصطناعية والطبيعية (Alonso-Blanco وزملاؤه، 2009). لذلك تعد أبحاث تربية النباتات مهمة جداً لإنتاج أصناف جديدة من القمح والشعير تتمتع بدرجة عالية من تحمل مختلف الإجهادات. بالإضافة إلى ذلك، لتحسين تحمل الجفاف، يجب على مربّي النباتات تحسين الغلة الحبية جنباً إلى جنب مع التحمل العالي للجفاف. تتمثل الخطوة الأولى في اختيار الأصول الوراثية المحتملة التي تحتوي على اختلافات في النمط الوراثي لتحمل الجفاف. يختار المربون ما إذا كانوا يختبرون المادة الوراثية في مرحلة نمو معينة أو مراحل نمو متعددة بناءً على مناخهم وهدف الدراسة. كما يتم تسجيل الصفات المختارة على جميع الأنماط الوراثية المنتخبة لتحديد تحمل الجفاف. بعد ذلك، يعتمد الاختيار على تحمل الجفاف والغلة.

جلب التباين الطبيعي تقدماً كبيراً لفهم مورفولوجيا المحاصيل واستجابتها للضغوط الأحيائية وغير الأحيائية. لذلك فإن فهم الاختلاف الطبيعي في نباتات المحاصيل عبر آلاف السنين من الاستئناس يمكن رؤيته في التعديل الوراثي لصفات النمو والتكيف على سبيل المثال في الشعير منذ حوالي 10000 عام (Badr وزملاؤه، 2000). حيث أوضحت دراسات التباين الطبيعي في الأنواع البرية الأساس الجزيئي للاختلافات المظهرية المتعلقة بتكيف النباتات المستأنسة والتي تعد مهمة لتفسير أهمية الحفظ والتطور للاختلافات المظهرية (Mitchell-Olds وزملاؤه، 2007).

يحتوي الشعير على العديد من صفات الأنواع النموذجية. نظراً لأن الشعير يحتوي على أكثر من 400000 مدخل في بنوك المصادر الوراثية (Knüpffer، 2009)، فإنه يوفر مورداً ممتازاً لاستغلال الموارد الوراثية بكفاءة وفائدتها في برامج التربية. بالاشتراك مع تجميع تسلسل الجينوم المرجعي عالي الجودة (Mascher وزملاؤه، 2017).

أصبح الشعير المستأنس متكيفاً مع الظروف المناخية المحلية المتنوعة، مما أدى في وقت لاحق إلى تنوع كبير في كل من الأصناف المحلية والمنتخبة الحديث. تاريخياً، كان الشعير المستأنس يستخدم كمحصول غذائي للاستهلاك البشري، والذي لا يزال يستهلك في بعض مناطق إفريقيا وآسيا وأمريكا اللاتينية (Fischbeck، 2003). حيث يتوضع صنف الشعير (*Hordeum vulgare*) من حيث الإنتاج العالمي في المرتبة الرابعة ضمن محاصيل الحبوب مع إمكانية استخدامه في مجالات متعددة الأغراض كعلف للحيوانات والأغذية البشرية ومواد التخمير.

تم توثيق أن إجهاد الجفاف يمكن أن يقلل بشدة من الغلة الحبية بنسبة 49-87% في الشعير (Samarah، 2005؛ Samarah وزملاؤه، 2009). لذلك فإن تربية أصناف الشعير المتحملة للجفاف هي الطريقة الأكثر فاعلية واقتصادية لتقليل الآثار السلبية لإجهاد الجفاف على إنتاج محصول الشعير. إلا أنه ومع ذلك، فقد تم تضيق التنوع الوراثي في الشعير بشكل كبير خلال التدجين طويل الأمد، وخاصة من خلال أنشطة التربية والزراعة الحديثة (Nevo وChen، 2010).

كان تدجين النباتات أحد أهم التحولات الثقافية والتطورية في تاريخ البشرية. متى وأين وكيف حدث التدجين هي أسئلة مهمة لفهم جذور المجتمعات المعقدة (Larson وزملاؤه، 2014). لحسن الحظ، تسارعت الأبحاث في هذه العملية، والأصول الزمانية المكانية، والآليات الجزيئية وراء تدجين النباتات بشكل كبير خلال العقد الماضي.

أهمية البحث Research Relevance

يهدف علم الوراثة إلى فحص النمط الظاهري للعديد من الأفراد المختلفين وراثياً، حيث يعد فهم العلاقة بين تعدد الأشكال الوراثي والتنوع الظاهري الملحوظ بين الأفراد أحد الاهتمامات الأساسية لعلم الوراثة. تمت دراسة هذه العلاقة الأساسية على نطاق واسع منذ أن أظهر مندل أن هذه العلاقة موروثة. يتطلب الكشف عن العوامل الوراثية الكامنة وراء السمات المعقدة مثل السمات المهمة من الناحية الزراعية مثل الغلة الحبية فهم التباين الأليلي على مستوى موضع محدد يتحكم في النمط الظاهري والبنية الوراثية لسمة معينة. يرتبط التباين في النمط الظاهري للنبات مباشرة بالعودة إلى الموقع المسبب الأساسي باستخدام طرق رسم الخرائط. لتحقيق هذا الهدف، تتم دراسة الفروق المظهرية والوراثية بين الأفراد إما باستخدام رسم خرائط Quantity Traits Locus (QTL) ثنائية الوالدين للعشائر (Linkage Mapping) أو رسم خرائط ارتباط العشائر (LD mapping) للأفراد غير المرتبطين. لذلك، يهدف كلا النهجين لرسم الخرائط إلى تحديد الواسمات الجزيئية المرتبطة ب QTL.

يعتبر الشعير نموذجاً ممتازاً لمحاويل الحبوب لدراسة الوراثة الخاصة بصفات النمو والتكيف فهو معروف بدرجة عالية من التنوع الوراثي فيما يتعلق بتحمل الإجهادات المختلفة حيث تأثير إجهاد الجفاف واضح على أداء النبات والغلة، كما أن مراحل الإنبات وتطور البادرات هي الفترة الأكثر حساسية لمثل هذه الظروف في الشعير (Alqudah و Samarah، 2011). ذكر كل من Ansari و Sharif و zadeh (2012) أن الإجهاد الناتج عن الجفاف في مرحلة مبكرة جداً من نمو نبات الشيلم يؤخر إنبات البذور ويقلل من معدل الإنبات.

أظهر تقييم استقرار الغلة بالنسبة لطرز الشعير الوراثية مرونة وراثية عالية تحت ظروف إجهاد الجفاف (Khokhar وزملاؤه، 2012؛ Kalladan وزملاؤه، 2013). حيث يستخدم الشعير استراتيجيات متطورة استجابة لإجهاد الجفاف، فقد طور آليات مختلفة للتخفيف من الآثار الضارة للبيئات

القاسية عن طريق تغيير وظائفه الفسيولوجية والجزيئية والخلوية. على سبيل المثال، سمحت لنا الآليات الجزيئية للنبات المستخدم في الاستجابة للضغط اللاأحيائي بتطوير أصناف تتحمل الإجهاد (Witcombe وزملاؤه، 2008؛ Verslues و Juenger، 2011)، وراثياً، الصفات المرتبطة بتحمل الجفاف هي صفات كمية، حيث تشارك العديد من المورثات مع تأثير طفيف لكل منها (Sayed، 2011؛ Chloupek وزملاؤه، 2010).

تم إجراء العديد من الدراسات لدراسة العوامل الوراثية الكامنة وراء الصفات المرتبطة بتحمل الجفاف في الشعير، وكشفت هذه الدراسات أن QTL المكتشفة تتحكم في معظم صفات النمو والتأقلم بالإضافة إلى تحمل الجفاف (Teulat وزملاؤه، 1997؛ Rollins وزملاؤه، 2013). ولذلك فإن توصيف المورثات المرتبطة بالإجهاد سبقه عزل المورثات المرشحة والتعبير الوراثي لدراسة الاستجابة لضغط الجفاف (Talamè وزملاؤه، 2007).

كما تم إجراء عدد كبير من الدراسات لتحديد السمات الكمية المتعلقة بتحمل الجفاف في مرحلة إنتاجية في الشعير. على سبيل المثال، تم إجراء تحليلات QTL لفهم الأساس الوراثي للمحصول والسمات المتعلقة بالإنتاجية في الشعير، بما في ذلك وزن الحبة، وعدد الحبوب لكل سنبل (Kjaer وزملاؤه، 1991؛ Mehravarán وزملاؤه، 2014)، والغلة الحبية (Mansour وزملاؤه، 2014)، وزن الحبوب وطول السنبل (Miko وزملاؤه، 2016)، مورفولوجيا السنبل والغلة الحبية (Ogrodowicz وزملاؤه، 2017).

مشكلة البحث Research Problem

التباين الوراثي في أصناف الشعير المزروع أقل بكثير من ذلك في العشائر البرية، بحيث تبين أن 40% فقط من الأليلات الموجودة في الشعير البري كانت موجودة في الأصناف المزروعة (Ellis وزملاؤه، 2000). وهذا أدى لكون أصناف الشعير الحديثة أكثر عرضة للضغوط اللاأحيائية والأحيائية، كما أن خلفيتها الوراثية تعوق تكاثر وتحسين أنواع الشعير.

عندما تتعرض النباتات لضغط الجفاف، فإنها تتغير من الناحية الفسيولوجية لتحمل هذا الإجهاد. من الناحية الفسيولوجية، يحتاج الجفاف إلى رؤية تعتمد على السياق العام لفهم قدرة النباتات على إنتاج تغييرات مهمة تخفف من تأثير إجهاد الجفاف (Altman و Vinocur، 2005). تحاول النباتات التي تتحمل الجفاف تقليل محتوى الماء واستقرار الغشاء ويكون نشاط التمثيل الضوئي بشكل أقل. لذلك يُظهر الشعير البري (*Hordeum spontaneum*) باعتباره سلف الشعير المزروع، قدرة أكبر على التكيف مع الظروف البيئية التي تختلف في توافر المياه ودرجة الحرارة ونوع التربة والارتفاع والغطاء النباتي (Chen و Nevo، 2010).

من خلال دراسة العديد من الأبحاث تبين أن الأنماط الوراثية للشعير البري والمزروع تظهر قدرة متفاوتة على التأقلم مع إجهاد الجفاف (Lakew و زملاؤه، 2011). لذلك، من الأمور الواحدة تحديد أصناف الشعير البرية (Germplasm) المقاومة للجفاف ودمج سمات المقاومة من الشعير البري في الشعير المزروع لتحمل الجفاف.

تعدّ ظروف الإجهاد اللاأحيائي مشكلة منتشرة في جميع أنحاء العالم، حيث يعد الجفاف من أهم العوامل التي تحد من نمو المحاصيل وأصبح أكثر شيوعاً، لا سيما في المناطق القاحلة وشبه الجافة (Samarah وزملاؤه، 2009). لذلك فإن الشعير قادر بشكل خاص على التكيف مع الظروف المتنوعة، مثل الجفاف والملوحة مقارنة بالمحاصيل الأخرى (Newton وزملاؤه، 2011). تسمح هذه الخاصية المفيدة للشعير بالنمو في المناطق التي لا تنمو فيها المحاصيل الأخرى بشكل جيد، على سبيل المثال القمح.

أفادت العديد من هذه الدراسات أن مؤشرات مرحلة النمو المبكر (على سبيل المثال، عدد الإشطاعات، تكوين الكتلة الحيوية، وما إلى ذلك) ترتبط ارتباطاً وثيقاً بإمكانية إعطاء الغلة وجودة الحبوب عند الحصاد في ظل الظروف العادية وظروف الجفاف في مختلف محاصيل الحبوب، بما في ذلك الشعير. وفقاً لذلك، فإن فهم الأساس الوراثي لتحمل الجفاف في نباتات المحاصيل من خلال تحديد المواقع الوراثية والمورثات المرشحة المرتبطة بهذه الصفات مفيد لتطوير أصناف جديدة ذات خصائص أكثر تحملاً للجفاف.

مما لا شك فيه أن المعلومات حول تسلسل الجينوم الكامل للنباتات النموذجية والعديد من أنواع المحاصيل عززت بشكل كبير قدرتنا على تحديد المورثات المرتبطة بتحمل الجفاف. وبالتالي، يمكن استقراء المعرفة المكتسبة من النباتات النموذجية لتحسين تحمل الإجهاد في أنواع المحاصيل الأخرى، لذلك فإن تحسين الغلة هو دائماً الهدف الأساسي للتربية.

تساؤلات البحث Research Questions

- 1- هل يوجد طرز وراثية من الشعير البري ذات كفاءة إنتاجية مرتفعة بحيث يمكن مقارنتها مع الشعير المزروع؟
- 2- ما هي الصفات الإنتاجية المتفوقة ضمن الطرز المدروسة؟
- 3- هل تستطيع تقنية تضخيم ما بين تكرارات التسلسل البسيط (ISSR) الكشف عن التعددية الشكلية والتباين الوراثي بين طرز الشعير البري والمزروع المدروسة؟
- 4- هل يمكن فصل الصفات الإنتاجية الناتجة عن عوامل وراثية عن الصفات الناتجة عن عوامل بيئية؟
- 5- هل يوجد تباين وراثي بين الطرز المدروسة من الشعير ناتج عن التباين الجغرافي؟
- 6- ما هي قدرة الطرز المدروسة على تحمل الجفاف وأي طراز كان الأكثر تحملاً للجفاف؟

فرضيات البحث Research Hypothesis

يُفترض أن تحديد طرز الشعير المتفوقة وراثياً وإنتاجياً سيساعد في تحديد أفضل الآباء للقيام بعمليات التهجين المستقبلية حيث سيساهم في إعطاء مربّي النبات فهم أكبر عن التباينات الوراثية التي حدثت خلال فترات زمنية كبيرة وخلال مناطق ذات تباعد جغرافي كبير حيث شملت الدراسة أربع محافظات سورية، كما سيعطي فكرة جيدة عن الطرز الأكثر تحملاً للجفاف بين الطرز الأربعة عشر وخاصة في منطقة الاستقرار الثالثة والرابعة حيث يواجه المزارعون مشكلة احتباس الأمطار خلال المراحل المتأخرة من عمر النبات، أيضاً سيساعد على فهم كافة العوامل المؤثرة على النبات سواء كانت وراثية أم بيئية.

كل هذه المعطيات ستعطي مربّي النبات القدرة على تحديد الآباء المناسبة للقيام بعمليات التهجين خلال وقت قصير نسبياً، هذا سيؤدي إلى ظهور أصناف جديدة من الشعير ذات كفاءة إنتاجية عالية وقدرة عالية على تحمل الإجهادات اللاحيوية.

مبررات البحث Research Justifications

تصل الفجوة الوراثية في إنتاجية الشعير إلى حدود 40%، الأمر الذي يتيح لمربيّ النبات اللجوء إلى التنوع الحيوي (Rosenberg, 2004) لزيادة غلة الشعير وخاصةً في البيئات المجهدة (Smith و Griffiths, 1993) من خلال إدخال واستثمار التنوع الوراثي المتوفر الذي يضم الطرز البرية والمحلية والأصناف المحسّنة، وقد شغلت جميعها حيزاً جيداً في برامج التربية باستثناء الطرز الوراثية التابعة لأنواع الشعير التي حتى الآن لم تلاقي العناية والاهتمام الكافي لإدخالها في برامج التربية والتحسين الوراثي وخاصةً في سورية على الرغم مما تملكه من مواصفات كمّية ونوعيّة وتكنولوجية عالية وقدرة على تحمّل الإجهادات الإحيائية واللاإحيائية ويعود ذلك إلى قلة انتشارها عالمياً وعدم توفر معرفة كافية عنها إضافةً إلى نقص الأبحاث المتعلقة بها.

كما كان لا بدّ من البحث عن آلية سريعة لإحداث تغيير في التركيب الوراثي لأصناف الشعير المحلية والتي تعاني من ظاهرة الاستنزاف الوراثي نتيجة اتباع طرق التربية التقليدية وبرامجها، وإن بطء برامج التربية التقليدية وبعض المآخذ الأخرى دفعنا لاستخدام المؤشرات الجزيئية والتي تُعد ذات أهمية قصوى على صعيد تربية النبات بفعل عدة عوامل منها: إمكانية تحديد الموقع الوراثي لصفة معينة مباشرة، وعدم وجود أية علاقة بين الأطوار الفينولوجية للنبات والمؤشرات الجزيئية وبالتالي يمكن استخلاص الحمض النووي الريبي منقوص الأوكسجين DNA من النبات منذ المراحل الأولى لنمو النبات، وكذلك عدم تأثر هذه المؤشرات بالشكل الظاهري للنبات أو الطور الفينولوجي والمؤثرات البيئية كما هو الحال في المؤشرات الشكلية، ويمكن من خلالها الحصول على عدد كبير من المؤشرات بزمان قصير نسبياً، فضلاً عن كونها تعد مؤشرات مساعدة في إسرار عمليات الانتخاب والتربية، وهي بذلك تختصر الكثير من الزمن الذي تستغرقه عمليات التربية فضلاً عن خفضها للتكاليف المادية

أهداف البحث Research Objectives

يهدف هذا البحث إلى:

1. تقييم بعض الصفات الشكلية والكمية للأصول البرية المنتشرة طبيعياً والمزروعة.
2. تحديد درجة القرابة الوراثية بين الطرز الوراثية البرية والمزروعة باستخدام تقنية ISSR.
3. دراسة التباينات الأليلية لبعض مورثات الديهدين المسؤولة عن تحمل الجفاف في الطرز الوراثية المدروسة من الشعير.

الفصل الأول الدراسة المرجعية Literature Review

الشعير Barley

يعد الشعير (*Hordeum vulgare L. subsp. vulgare*) أحد أوائل النباتات المستأنسة (Zohary و Hopf، 1993)، حيث يضم جنس *Hordeum* أكثر من 350 نوعاً ثنائية الصيغة الصبغية ومتعددة الصيغ الصبغية و معمرة و حولية، والتي تنتشر في جميع أنحاء العالم (Barkworth و Von Bothmer، 2009). ويحتل محصول الشعير المرتبة الرابعة ضمن لائحة المحاصيل الحبية Cereals في العالم، ويأتي من حيث الأهمية الاقتصادية، والمساحة Area و الإنتاج بعد القمح (*Triticum ssp.*)، والرز (*Oryza sativa L.*)، والذرة الصفراء (*Zea Corn*) (*mays L.*) (Chahal و Gosa، 2002). إذ يتكيف الشعير مع مجموعة واسعة من البيئات الزراعية، لذا ينمو بنجاح في مناطق متباينة مناخياً كهضبة التبت، وهضاب جبال الهيمالايا، ودول الأنديز، والسهول الاستوائية في الهند وجبال إثيوبيا. يتميز أيضاً بأنه حولي، هش، ثنائي الصف، ثنائي الصيغة الصبغية، يتحمل مستويات كبيرة من ملوحة التربة والجفاف والصقيع، وفي الغالب التلقيح ذاتي. كما تشترك أنواع الشعير المزروع والبرية في جينوم مشترك ($2n=14$)، وتتسم بالخصوبة الكاملة (Forster وزملاؤه، 2000)

يعد الشعير (*Hordeum vulgare*) أحد محاصيل الزراعة الرئيسية في العالم القديم، تشير البقايا الأثرية لحبوب الشعير الموجودة في مواقع مختلفة من منطقة الهلال الخصيب إلى أن المحصول تم استئناسه قبل حوالي 8000 سنة قبل الميلاد (Zohary و Hopf، 1993). يُعرف القريب البري للنبات باسم (*Hordeum spontaneum C. Koch*) في التصنيف الحديث، يُعتبر كل من (*H. vulgare*) و (*H. spontaneum C. Koch*)، وكذلك (*Hordeum agriocrithon*)، سلالات فرعية من (*H. vulgare*) (Bothmer و Jacobsen، 1985). كما بينَ Badr وزملاؤه (2000) أن الشعير (*Hordeum vulgare L.*) تم استئناسه من سلالة (*Hordeum vulgare subsp. spontaneum*) في منطقة الهلال الخصيب منذ حوالي 10000 سنة، حيث شكلت الظروف البيئية ومسارات التكاثـر (Breeding paths) المتنوعة تنوعاً وراثياً. جمعت من خلاله مخزوناً غنياً من أليلات المورثات للتكيف والبقاء في بيئات طبيعية قاسية (Grando وزملاؤه، 2001).

يعد الشعير (*Hordeum vulgare*) أكثر أنواع الحبوب الصغيرة التي تتحمل الجفاف في مناخ البحر الأبيض المتوسط، وهو محصول رئيسي في بلدان البحر المتوسط (Forster وزملاؤه، 2004)، وقد وجد تباين كبير في تحمل الإجهادات اللاحيوية في الأنواع البدائية الأصلية وما يتصل بها من تجمعات مورثات الأنواع البرية (Forster وزملاؤه، 2000؛ Ceccarelli وزملاؤه، 1995). بحيث أثبت الشعير البري (*H. vulgare ssp. spontaneum*)، الذي يُشار إليه اختصاراً باسم (Hsp) و السلالات البرية من بيئة البحر المتوسط، أنها بالفعل مصدر مفيد للمورثات من أجل تحسين المحاصيل الحديثة (Ellis وزملاؤه، 2000؛ Lakew وزملاؤه، 2011).

يصنف الشعير المزروع *Hordeum vulgare* حسب (Blattner، 2018) إلى:

Kingdom	Plants	Plantae	المملكة
Subkingdom	Vascular plants	Tracheobionta	تحت المملكة
Superdivision	Seed plants	Spermatophyta	فوق القسم
Division	Flowering plants	Magnoliophyta	القسم
Class	Liliopsida	Monocotyledons	الصف
Subclass	Commelinidae	Commelinidae	تحت الصف
Order	Poales	Poales	الرتبة
Family	Grass family	Poaceae	الفصيلة
Genus	Barley	<i>Hordeum</i> L.	الجنس

أصل واستئناس الشعير *Origin and Domestication of Barley*

يعتبر الشعير *Hordeum vulgare* L. أحد أهم المحاصيل المؤسسة للزراعة في العالم القديم وواحد من أقدم المحاصيل المستأنسة (Zohary و Hopf ، 2000 ؛ Zohary وزملاؤه ، 2012) حيث سهلت زراعة المحاصيل المبكرة من نمو المجتمعات الزراعية (Morrell و Clegg ، 2007 ؛ Morrell وزملاؤه ، 2014). وفقاً للاختيار من قبل المزارعين والبيئة، تميز *H. vulgare* عن سلفه البري *Hordeum spontaneum* C. Koch، في حوالي 8000 قبل الميلاد (Yan وزملاؤه، 2015).

يُفترض أن استئناس الشعير قد حدث من الشعير البري الثنائي الصف (*Hordeum vulgare*) *L. subsp. spontaneum* من المحتمل أن يكون تدجين القمح والشعير قد حدث منذ 7000 سنة قبل الميلاد، في منطقة الشرق الأوسط المعروفة باسم "الهلال الخصيب". ويشمل الهلال الخصيب أجزاء من الأردن ولبنان وفلسطين وسوريا وجنوب شرق تركيا والعراق وإيران الغربية، فما يزال السلف البري للشعير المزروع (*Hordeum vulgare subsp. spontaneum*) منتشراً على نطاق واسع على طول الهلال الخصيب، وخاصة في المناطق الأكثر جفافاً (Harlan و Zohary ، 1966) و كان يُعتقد أن منطقة الهلال الخصيب (بلاد الشام وبلاد الرافدين) هي أصل الشعير المزروع (Harlan ، 1992 ؛ Salamini وزملاؤه، 2002).

ومع ذلك، فقد أشارت بعض الدراسات إلى أدلة تشير إلى مسارات بديلة لتدجين الشعير، كما ركزت العديد من النزاعات العلمية القوية في الآونة الأخيرة على وضع وموقع تدجين الشعير (Orabi وزملاؤه، 2007 ؛ Molina-Cano وزملاؤه ، 2005 ؛ Von Bothmer وزملاؤه، 2003 ؛ Tanno وزملاؤه، 2002).

في البداية، أشار استخدام تكرارات الحمض النووي البسيطة (SSRs) Simple Sequence Repeats (Molina-Cano وزملاؤه، 1999)، والتكرارات البسيطة في الصانعات الخضراء (chloroplast)

(SSRs) (Molina-Cano وزملاؤه، 2005)، إلى أن المغرب كان المكان المحتمل للتدجين، لكن ذلك تمت معارضته من قبل (Blattner وزملاؤه، 2001) ودراسات أخرى أشارت إلى إمكانية أن تكون إثيوبيا وإريتريا من مواقع الاستئناس (Orabi وزملاؤه، 2007). والموقع الأخير الذي تمت الإشارة إليه هو التبت من خلال السلف البري (*H. vulgare ssp spontaneum*) (Feng وزملاؤه، 2006) و من السلف البري (*H. vulgare ssp agriocrithon*) (Tano و Takeda، 2004).

وتتفق النتائج السابقة مع ما توصل إليه Morrell وزملاؤه (2014) من أن تدجين الشعير وزراعته واستخدامه لأول مرة قد تمّ في منطقة أصبحت الآن جزءاً من فلسطين والأردن، ثم تمت زراعته لاحقاً في منطقة الهيمالايا وأماكن أخرى.

مع تطور وتقدم الواسمات الجزيئية في السنوات الأخيرة، بدأت تظهر معلومات أكثر دقة عن أصل وتاريخ استئناس الشعير. حيث بيّن Badr وزملاؤه (2000) طبيعة الشعير الأحادية (Monophyletic) استناداً إلى تردد الأليل (Allele frequency) في 400 موقع متعدد الأشكال (AFLP) تمت دراستها في مجموعة عالمية من الشعير البري والمزروع، وأظهرت النتائج أن المنطقة في الجزء الجنوبي من الهلال الخصيب (فلسطين - الأردن) لديها أعلى احتمال كونها المنطقة الجغرافية التي تم استئناس الشعير البري فيها .

دعم Li وزملاؤه (2004) فرضية الأصل الأحادي للشعير، الذي حلل تعدد أشكال مناطق (ITS) في مدخلات الشعير البري المستمدة من التبت وأجزاء أخرى من العالم. ومع ذلك أظهر Molina-Cano وزملاؤه (1999) أن استئناس الشعير كان يمكن أن يحدث خارج الهلال الخصيب، وخاصة في المغرب. إلا أن هذا الاقتراح لم يكن مدعوماً بتحليلات (RAPD) لعينات الشعير البري والمزروع المستمدة من حوض البحر الأبيض المتوسط الغربي بما في ذلك المغرب (Blattner و Mendez، 2001) . وخلص الباحثون لصالح الأصل الأحادي للشعير .

على النقيض من ذلك، أشار Tanno وزملاؤه (2002) استناداً إلى تحليل تسلسل الحمض النووي في علامة مرتبطة ارتباطاً وثيقاً بمكان مورثة التباين في عدد صفوف السنبلة (*vrs1* Row-Type) (Gene)، كما قام Molina-Cano وزملاؤه (2005) بتحليل SSRs للصانعات الخضراء ، و أظهرت النتائج وجود أدلة قوية على أن الشعير المزروع قد يكون له أصول متعددة.

اقترح الباحثون اللاحقون إثيوبيا وغرب البحر المتوسط كمراكز محتملة لأصل الشعير. و من المقبول عموماً الآن أن *H. spontaneum* هو أصل الشعير المزروع ، ومع ذلك ، فإنه ليس من الواضح فيما إذا كان الشعير المزروع ذو أصل أحادي أو أن الاستئناس قد حدث في أجزاء أخرى من العالم إلى جانب الهلال الخصيب.

اقترح كل من Harlan و Zohary (1966) أن الهلال الخصيب هو مركز المنشأ الفريد للشعير و *Hordeum vulgare ssp. spontaneum* بصفته الوالد السلف لكلا النوعين الثنائي والسداسي الصفوف. وهذا يتقاطع مع ما اقترحه (von Bothmer و Jacobsen، 1985) أن الموطن الأصلي للزراعة تتمثل في الهلال الخصيب الذي يمتد من فلسطين والأردن إلى سوريا وجنوب الأناضول ومنطقة جبل زاغروس في غرب إيران ومع ذلك ، كما توجد أدلة أخرى تشير إلى مواقع عديدة قد تكون منشأ الشعير كما في المغرب (Molina-Cano وزملاؤه، 1999 ، 2005) وفي جنوب شرق هيمالايا والتبت (Xu، 1982)، وهذا أدى إلى الطعن في الاتفاق العام على الأصل الأحادي للشعير. لذلك، تم اقتراح الشرق الأوسط والتبت وإثيوبيا ومنطقة غرب البحر المتوسط كمراكز متعددة لنشوء الشعير.

ويمكن تلخيص الخلافات المحيطة بأصل الشعير المزروع في القرون الماضية:

(1) نشأ الشعير ذو الستة صفوف بشكل متكرر في أوقات مختلفة وفي مناطق مختلفة، من خلال طفرات مستقلة على المورثة المسؤولة عن عدد الصفوف في السنبلة ثنائية الصف (Vrs1 allele) (Komatsuda وزملاؤه ، 2007).

(2) من غير المرجح أن تكون التبت مركزاً أساسياً للشعير المزروع (Yang وزملاؤه، 2008).

(3) الأشكال الأخرى العديدة هي إما منحدر مباشر من أحد أشكال الأجداد (*H. agriocrithon*) أو (*H. spontaneum*) ، أو مشتقة من التهجين بين شكلين من الأجداد (Li وزملاؤه، 2004) .

وبالتالي، فإن استغلال واستخدام مورثات الشعير البري المناسبة التي ضاعت في الشعير المزروع أثناء الاستئناس قد يكون مفيداً في تطوير أصناف تتحمل الجفاف لبيئات هطول الأمطار المنخفضة.

جينوم الشعير Barley Genome

يتكون جينوم الشعير من خليط معقد من التسلسلات النيوكليوتيدية الفريدة والمتكررة، وحوالي 10 إلى 20٪ عبارة عن تسلسلات متكررة مرتبة في حين أن 50 إلى 60٪ عبارة عن تسلسلات متكررة تتخلل بعضها البعض أو بين تسلسلات نيوكليوتيدية فريدة (Rimpau وزملاؤه، 1980). كذلك يصل حجم الجينوم في الشعير المزروع وهو من الأنواع الثنائية ذاتي التلقيح ($2n=2x=14$) حتى 5.1×10^9 أساس آزوتي (IBSC، 2012) . كما يتراوح محتوى الحمض النووي لأنواع الشعير من 6.85 إلى 10.67 بيكوغرام في الأصناف الثنائية ($2n=14$) وما يصل إلى 29.85 بيكوغرام في الأصناف السداسية (Jakob وزملاؤه، 2004) ($2n=42$).

يشتمل جينوم الشعير على سبعة أزواج من الكروموسومات المتميزة، ويعتبر الكروموسوم H 2 الأطول، يليه الطول H 5 ، H 3 ، H 7 ، H 4 ، H 6 ، H 1 والتي تختلف في أحجامها المقاسة في الطور الاختزالي (Mitotic Metaphase) (Pedersen وزملاؤه، 1995).

كشفت الخرائط المقارنة أن كروموسومات الشعير H1 و H2 و H3 و H4 و H5 و H6 و H7 هي متجانسة بالنسبة لكروموسومات القمح H 7 و H 2 و H 3 و H 4 و H 1 و H 6 و H 5 H على التوالي. لذلك تم التوصية بتعيين كروموسومات الشعير وفقاً للعلاقات المتجانسة مع الكروموسومات الخاصة بأنواع النجيليات الأخرى (Linde-Laursen، 1997).

أثناء تدجين الشعير *H. vulgare* حدثت سلسلة من التغيرات الوراثية التي أثرت بشكل رئيسي على عدم انفراط البذور وحجمها وسكونها، بحيث أصبحت الآليات الجزيئية الكامنة وراء تدجين هذا النبات أكثر وضوحاً بمرور الوقت، كما تم اكتشاف واستكشاف مشاركة بعض المورثات المتعلقة بالصفات المدجنة، مثل مورثات التي ترمز إلى التباينات في عدد صفوف السنبل (Vrs1 (Zwirek وزملاؤه، 2019) ومورثات الاستجابة للفترة الضوئية من حيث كون النهار طويل أم قصير Ppd-H1 (Campoli وزملاؤه، 2012) ومورثات البرودة المحرصة التي تحدد فصل النمو إذا كان خريفي أو ربيعي أو شتوي Vrn (Rollins وزملاؤه، 2013)، لذلك توفر هذه المورثات ومواقعها دليلاً على تدجين الشعير البري وتسمح للعلماء باستكشاف الآليات الجزيئية المشاركة في عملية تدجين.

أثناء التدجين، تغير التركيب الوراثي لـ *H. vulgare* باستمرار وتمييزه عن الشعير البري. تختلف المساهمات الوراثية للمجموعات البرية الفردية عبر الجينوم وقد ساهمت العديد من المجموعات البرية في التركيب الوراثي الحالي للشعير المستأنس بحيث أصبح جينوم الشعير المستأنس *H. vulgare* أشبه بفسيفساء (Poets وزملاؤه، 2015).

حدد Dai و زملاؤه (2012) عشرين منطقة جينومية فريدة مشتركة بين أصناف الشعير المزروع والبري من أصناف موجودة في الشرق الأوسط. ثلاثمائة منطقة جينومية فريدة تم العثور عليها عند مقارنة الشعير المزروع والبري من منطقة التبت. حيث يتكون جينوم الشعير المستأنس من الكروموسومات H1 و H3 من الشرق الأوسط والكروموسومات H4 و H7 من التبت (Dai و زملاؤه، 2012؛ Poets وزملاؤه، 2015). تختلف نسبة التنوع في المناطق المستأنسة عن تلك الموجودة في المناطق غير المستأنسة، في الكروموسومات H1 و H5 و H7، تكون نسب التنوع داخل المناطق المدجنة أعلى من تلك الموجودة في المناطق غير المدجنة، بالنسبة للكروموسومات H2 و H4، فإن نسبة التنوع في المنطقة المستأنسة مماثلة لتلك الموجودة في المنطقة غير المدجنة ومع ذلك، في الكروموسوم H3، تكون نسبة التنوع أقل في المناطق المدجنة عنها في المناطق غير المدجنة (Yan وزملاؤه، 2015).

أيضاً أثناء عملية التدجين، فُقدت بعض المورثات، وأصبح تجمع مورثات الشعير المستأنس أضيق بشكل كبير من تلك الموجودة في الشعير البري (Dai وزملاؤه ، 2012). ومع ذلك، فإن عملية التدجين لم تشكل جينومات ميتوكوندريا الشعير من حيث تسلسل النيوكليوتيدات أو بنية الجينوم حيث تم العثور على ثلاثة أشكال مختلفة من التعددية الشكلية للنيوكليوتيدات المفردة Single Neucleotide Polymorphism (SNPs) عند مقارنة تسلسلات الميتوكوندريا البالغة 599.525 (Kbp) للشعير البري والمزروع. فيما يتعلق بالتركيب الوراثي، فإن التسلسلات المتكررة متطابقة بنسبة 100٪ ولها نفس الاتجاه (Hisano وزملاؤه ، 2016). كما ترتبط تسلسلات جينوم الصانعات الخضراء للشعير المزروع والبرية ارتباطاً وثيقاً أيضاً، وتتقاسم هوية 99.98 ٪ فقط أربع عمليات حذف وخمسة إدخال (InDels) تميز جينومات الشعير المزروع والبري (Middleton وزملاؤه، 2014).

بين Caldwell وزملاؤه (2005) أن أصناف الشعير الحديثة تميل إلى أن يكون لها أساس وراثي ضيق مقارنة بأسلافها البرية بسبب الانجراف الوراثي وارتفاع مستويات التهجينات المتقاربة (Inbreeding) في التكاثر.

في حين أن وجود أساس وراثي محدد جيداً للصفات المرتبطة بالمحصول أمر مرغوب فيه للغاية، إلا أن هناك أيضاً صفات تستفيد من مستويات عالية من التنوع الوراثي. وتشمل هذه المورثات المقاومة لمسببات الأمراض، والمورثات المشاركة في التكيف مع الظروف المحلية، وعوامل الإجهاد البيئي مثل درجات الحرارة القصوى، أو فترات الجفاف. تم التعرف على الأنواع الأصلية والأقارب البرية للمحاصيل كمصادر قيمة للمتغيرات الوراثية الجديدة لإدخالها في الأصناف الحديثة إذا كانت مقاومة لمسببات الأمراض. أما بالنسبة للسلاسل الأصلية، فيجب تكيفها بشكل معقول مع البيئة المستهدفة للمحصول.

بُنلت جهود كبيرة لإدخال أليلات مرغوبة من الشعير البري والسلاسل الأصلية في مجموعات التكاثر، ركزت الأكثر نجاحاً على مقاومة الأمراض (Schmalenbach وزملاؤه، 2008؛ Friedt وزملاؤه، 2011)، والإجهاد اللاحيوي (Kalladan وزملاؤه، 2013؛ Fan وزملاؤه، 2015؛ Mora وزملاؤه، 2016)، ومؤخراً سمات هندسة الجذر (Sayed، 2016). قدمت هذه الدراسات قائمة بالاختلافات المفيدة، لكن مع التقدم التكنولوجي الحديث في السلسلة وتطبيق الانتقاء الجينومي وتعديل الجينوم، فإنه من المتوقع حدوث تغيير من شأنه أن يؤدي إلى نشر هذا التنوع لتحسين المحاصيل. من أجل الاستخدام الفعال للموارد الوراثية النباتية، من الضروري الحصول على مجموعة شاملة من الموارد الوراثية التي تعبر بشكل مثالي عن معظم التباين الوراثي الدائم، وتوصيف هذه الموارد ظاهرياً ووراثياً.

وجد Russell وزملاؤه (2014) أن التباين المظهري بين الأنماط الوراثية من مناطق مختلفة (تسمى في كثير من الأحيان الأنماط البيئية) قد يمثل اختلافاً محايداً بين العشائر وراثياً أو باستخدام

التكيف مع الموائل التي لديها بيئات مختلفة متفاوتة في مستويات هطول الأمطار، وكثافة الضوء، وخصائص التربة، أو درجة الحرارة .

تم تحديد عدد من الصفات الشكلية والزراعية والفسولوجية من الشعير البري، والتي يمكن أن تحسن أداء الشعير في ظل ظروف إجهاد الجفاف (Grando وزملاؤه، 2001 ؛ Teulat وزملاؤه، 1997)، لذلك تم استخدام الشعير البري كمصدر للمورثات المقاومة الرئيسية لأمراض مثل البياض الدقيقي (*Blumeria graminis f.sp. hordei*)، والصدأ (*Puccinia hordei*)، والذبول (*Rhynchosporium secalis*) (Ceccarelli و Grando، 1987؛ Eglinton وزملاؤه، 1999). يمكن الآن استهداف مواضع المورثات المعروفة بتأثيرها في التحكم في سمات معينة في الشعير المزروع والتحري عنها في تجمع مورثات الشعير البري في البحث عن أليلات جديدة ونادرة (Forster وزملاؤه، 2000). إن التطورات الحديثة في علم الوراثة الجزيئية تخلق أساليب جديدة ومثيرة لاختبار واختيار المزيد من المحاصيل المقاومة للجفاف، الاستخدام الفعال للتنوع الوراثي من *Hordeum vulgare ssp. spontaneum* يعتمد في برامج التربية على تحليل الصفات المهمة وإقامة العلاقات الوراثية (Ellis وزملاؤه، 1997).

وهذا يتوافق مع ما وجده Ellis وزملاؤه (2000) من أن الشعير البري والنباتات البرية من حوض البحر المتوسط هي بالفعل مصدر مورثات مفيد للغاية لتحسين المحاصيل الحديثة. لذا يعد الشعير البري و السلالات الأولية منه مصدراً مهماً لمقاومة الجفاف، نظراً لأنها تمتلك تنوعاً وراثياً مفقود في أصناف الشعير الحالية المنتخبة (Ceccarelli وزملاؤه، 1995؛ Nevo ، 1992).

أهمية الشعير The Importance of Barley

تستخدم حبوب الشعير كغذاء بشري، ولتغذية حيوانات المزرعة ولإنتاج المالت، والتي بدورها تستخدم لصنع البيرة أو الويسكي أو غيرها من المنتجات الغذائية المصنعة، في العالم الغربي، أصبح الشعير أقل أهمية كغذاء بشري، ويستخدم بشكل رئيسي لإطعام حيوانات المزرعة. من ناحية أخرى، لا يزال الشعير مصدراً غذائياً مهماً في مرتفعات التبت ونيبال وإثيوبيا، وفي بلدان الأنديز، وكذلك في بعض مناطق شمال إفريقيا والصين وروسيا، وبسبب انخفاض الطلب عليه كغذاء بشري وانخفاض محصوله مقارنة بالحبوب الأخرى مثل القمح والذرة، فإن مساحة الشعير في البلدان الرئيسية المنتجة للشعير آخذة في التناقص. ومع ذلك، يعتبر الشعير محصولاً ذا قيمة عالية في أجزاء كبيرة من المناطق القاحلة والجافة (منطقة الهلال الخصيب)، وهضبة التبت وجبال الهيمالايا، والمناطق الهامشية في العديد من البلدان النامية، وإيرلندا واسكتلندا ومنطقة شمال أوروبا (الدنمارك والنرويج وفنلندا)، حيث يتم تقييد الأنشطة الزراعية من خلال فترة نمو قصيرة جداً (Ortiz وزملاؤه، 2002).

تعدّ النظم الغذائية التي تحتوي على الشعير فعالة في خفض نسبة الكوليسترول في الدم لدى الأشخاص الذين يعانون من ارتفاع الكوليسترول في الدم والذين لديهم مخاطر أكبر بأمراض القلب والأوعية الدموية (Behall وزملاؤه 2004 ؛ Ripple وزملاؤه، 2009). في الآونة الأخيرة، بينت إدارة الغذاء والدواء الأمريكية (FDA، <http://www.fda.gov>) أن حبوب الشعير الكاملة ومنتجاته يمكن أن تقلل من خطر الإصابة بأمراض القلب التاجية. في النهاية يمكن القول أن الأهمية الغذائية والسريية لأطعمة الشعير والوعي العام بشأن جودة النظام الغذائي اليومي ، أي تنوع الحبوب ، قد يكون لها تأثير إيجابي على طلب الشعير كغذاء بشري في المستقبل.

التنوع الوراثي في الشعير Genetic Diversity In Barley

يعدّ التنوع الوراثي أحد الأركان الثلاثة للتنوع البيولوجي، التنوع داخل الأنواع، والتنوع بين الأنواع و تنوع الأنظمة الإيكولوجية (اتفاقية التنوع البيولوجي، المادة 2)، والتي تم تعريفها في قمة الأرض في ريو دي جانيرو (1992) باعتبارها التباين بين الكائنات الحية من جميع المصادر بما في ذلك، النظم الإيكولوجية البحرية وغيرها من النظم الإيكولوجية المائية والمجمعات البيئية التي تشكل جزءاً منها.

عُرف مركز المنشأ بأنه المركز الرئيسي للتنوع في الموقع بالنسبة لمحصول معين، ويمكن أن يحدث تدفق وراثي مستمر بين المحاصيل وأقاربها البرية. كما يُعرف مركز التنوع أيضاً بأنه منطقة جغرافية حيث يوجد تنوع وراثي واسع لمحاصيل معينة وأنواع ذات الصلة (FAO، 1996). هذا التعريف، ومع ذلك، من الصعب الاعتماد عليه، في بعض الحالات، عندما تكون الأنواع المختلفة من نفس المحصول قد تم استئناسها في أماكن مختلفة.

إن الشعير لم يأت من مكان واحد، على عكس الاعتقاد السائد بأن النباتات المستأنسة تنبع من مركز واحد مرتبط بمنطقة واحدة، حيث أشار Poets وزملاؤه (2015) أن الشعير يأتي من منطقة واسعة تمتد عبر بلاد الشام وما وراءها، هذه النتيجة لها تداعيات لإدراكنا لتطور المحاصيل المستأنسة. وهذا يؤكد أن التباين الوراثي الموجود في المادة الوراثية للشعير في جميع أنحاء العالم هو نتيجة لكثير من الإجهادات التطورية التي عدّلت مجموعة مورثات الشعير، وكنتيجة فإن استئناس الشعير البري في مناطق جغرافية مختلفة يمكن أن يفسر الأشكال المتنوعة للغاية من الشعير التي تتعرض لضغوط بيئية جديدة خلال فترة طويلة وتؤدي إلى تطوير سلالات جغرافية (Geographical Races) (Ladizinsky وزملاؤه، 1985).

ينتمي الشعير المزروع (*Hordeum vulgare ssp. vulgare*) وسلفه البري (*Hordeum vulgare ssp. spontaneum*) إلى مجموعة المصادر الوراثية الأساسية للشعير (Minella، 2005). وقد تمّ اكتشاف تنوع أليلي أكبر في الشعير البري منه في الشعير المزروع (Nandha و Singh، 2014 ؛ Ledovskoy وزملاؤه، 2010).

السلف البري ذو أهمية كبيرة لتربية المحاصيل لأنه يحمل مصدراً غنياً للمورثات، مما يتيح التكيف مع مختلف الإجهادات الحيوية واللاحيوية. علاوة على ذلك، حافظت هذه الأنواع على قدرتها على التبادل (Intercrossing). من ناحية أخرى، فإن *Hordeum vulgare ssp.spontaneum* ليس فقط مصدراً غنياً لمقاومة الأمراض الجديدة، ولكنه يمثل نوعاً مهماً لتقديم تباينات وراثية لصفات مهمة اقتصادياً، وقد تم دراسة العديد من الصفات الزراعية في هذا النوع مثل الغلة ومكوناته الغذائية (Ivandic وزملاؤه 2000، 2002)، وبنية الأزهار (Giles و Bengtsson، 1988)، ومحتوى البروتين (Jaradat، 1991)، ومورفولوجيا الجذر (Grando و Cecarelli، 1995)، ووزن السنبل (Volis وزملاؤه، 2000) وطول الساق والسنبل (Volis وزملاؤه، 2002)، والصفات الزراعية والتنموية تحت الجفاف (Baum وزملاؤه، 2003)، والتباين في الصفات الفسيولوجية المرتبطة بتحمل الملوحة (Forster، 1997) و تحمل الجفاف وعوز النتروجين (Robinson وزملاؤه، 2000).

يختلف التنوع الوراثي الموجود في الشعير المزروع بين دراسات مختلفة، بعضها يورد تنوعاً وراثياً كبيراً (Baik و Ullrich، 2008؛ Yahiaoui وزملاؤه، 2008؛ Khodayari وزملاؤه، 2012). حيث أظهرت الدراسات السابقة مستويات مختلفة من التنوع الوراثي في السلالات ذات الأصول الجغرافية المختلفة. على سبيل المثال، أظهرت الأنماط الوراثية من أوروبا تنوعاً وراثياً أقل مقارنةً بتلك الموجودة في القارات الأخرى (Malysheva-Otto وزملاؤه، 2006).

نتج عن الانتخاب الطبيعي المصحوب بالانتخاب البشري خلال قرون من الزراعة تلك الأنواع المتغيرة وراثياً للصفات النوعية والكمية والتي لديها تكيف جيد مع ظروف بيئية محددة يمكن الاعتماد عليها (Harlan، 1992). يمكن أن تكون هذه "الأصناف الأولية" مصدراً مهماً للاختلاف الوراثي المفيد (Ceccarelli و Grando، 1987) الذي تميز بعد أن تم تكييفه محلياً، ولكنه متباين وراثياً أكثر من الأصناف الحديثة (Persson، 1997).

وفقاً لـ Badr وزملاؤه (2000) لا يزال السلف البري للشعير (*Hordeum spontaneum*) يستعمر موائله الأساسية في الهلال الخصيب، ووسط آسيا بما في ذلك أفغانستان ومنطقة الهيمالايا. كذلك تمت الإشارة إلى وجود هذا الشعير أيضاً في اليونان ومصر وجنوب غرب آسيا وإثيوبيا والصومال وإريتريا وشمال إفريقيا (المغرب والجزائر وتونس) بحيث أدى تنوع ظروف زراعة الشعير في جميع أنحاء العالم واستخداماته المتعددة إلى تباين كبير في المادة الوراثية للشعير المحلي (Von Bothmer وزملاؤه، 1995). فقد تم التعرف على عدد من الصفات الشكلية والزراعية والفسيولوجية للشعير البري، مما قد يساعد في تحسين أداء الشعير في ظل ظروف إجهاد الجفاف (Shakhathreh وزملاؤه، 2010).

لقد ساهم مورد التنوع هذا بالفعل في العديد من الأليلات المفيدة في الأصول الوراثية المزروعة، خاصة تلك المرتبطة بمقاومة الإجهاد الحيوي، وسيكون لا غنى عنه في التربية المستقبلية للمحاصيل

التي تتكيف مع التغير المناخي . وعلى الرغم من التطورات الحديثة في التقانات الحيوية، لا تزال الأصناف المنحدرة من أصل بري والسلالات الأصلية – وسيظلون خلال العقود القليلة القادمة – المصدر الأكثر إلحاحاً والمقبول للمورثات المفيدة لبرامج التربية التقليدية، ومع ذلك، فإن مجموعة المورثات (Gene Pool) المستمدة الشعير لا تزال فقيرة.

على مدار السنوات القليلة الماضية، شجعت دراسات المورثات المرشحة ومنصات التتميط الوراثي عالية الإنتاجية على تعيين الارتباطات كبديل قابل للتطبيق لرسم الخرائط لمواقع الصفات الكمية (Waugh وزملاؤه، 2009). يؤدي الارتباط غير العشوائي للأليلات في مواقع مختلفة، والمعروفة باسم اختلال الارتباط (Linkage Disequilibrium- LD)، دوراً رئيساً في تحليل الارتباط، لأنه يحدد عدد وكثافة الواسمات اللازمة لفحص الجينوم بأكمله، ودقة التعيين حيث تم إجراء العديد من الدراسات في أنظمة نباتية مختلفة لاستقصاء مدى LD وأنماطه في جينومات نباتات المحاصيل (Mackay و Powell، 2007).

طورت أصناف الشعير أنماطاً وفيرة من التباين وتمثل خزناً غير مستغل إلى حد كبير من المورثات المفيدة للتكيف مع الإجهادات الحيوية واللاحوية (Brush، 1995) للمساهمة في تحسين الأصناف الحديثة (Veteläinen، 1994؛ Hadjichristodoulou، 1995)، على سبيل المثال، بالنسبة للضغوط الحيوية، تم تحديد تسعة عشر جيناً رئيسياً للمقاومة ضد مرض الصدأ (Rph) *Resistance to Puccinia hordei* وتحديد لها في سلالات الشعير المزروع والبري (*H.v.ssp spontaneum*) (Weerasena وزملاؤه، 2004).

إن غنى التنوع الوراثي في الشعير البري ووجوده في مجموعة واسعة من المناطق، بما في ذلك العديد من الظروف غير المواتية للغاية مثل الإجهادات الحيوية وغير الحيوية في المنطقة تشير إلى أنه يمكن استغلال الشعير البري من الشرق الأدنى القريب من الهلال الخصيب من أجل تحسين زراعة الشعير (Shakhatreh وزملاؤه، 2010).

الصفات الشكلية في الشعير Morphological Traits in Barley

إن تطوير التراكيب الوراثية التي تتحمل الجفاف بالإضافة إلى الأنماط الوراثية ذات الكفاءة العالية في استخدام المياه هي مصلحة عالمية حيث تستمر الزيادة السكانية وتتناقص توافر المياه (Murchie وزملاؤه، 2009). تساهم العديد من الصفات الشكلية والفسيولوجية في الشعير في تحمل الجفاف (Del Pozo وزملاؤه، 2012) مما يشير إلى تفاعلات البيئة والنمط الوراثي (Tondelli وزملاؤه، 2006). يمكن أن يؤدي فهم الأساس الوراثي للسمات المهمة في ظل ظروف الإجهاد إلى تحسين نهج التربية.

وقد بينت الدراسات أن التأقلم مع الجفاف ذو طبيعة معقدة جداً، وأن الغلة العالية والتأقلم مع إجهادات الجفاف تعتمدان إلى حد كبير على آليتين متضادتين، فالصفات المتعلقة بتحمل الجفاف تقل من إنتاج المادة الجافة وبالتالي تؤدي إلى غلة أقل (Fischer و Wood، 1979؛ Karamanos و Papatheohari، 1999)، لذلك كان لا بد من دراسة علاقات الارتباط بين الصفات الحقلية المدروسة ومعرفة أثر التداخل بين تلك الصفات في الوصول إلى طرز أكثر تأقلاً مع النيئات الجافة.

وكان Poehlman (1979) قد مثل الغلة في محاصيل الحبوب بصندوق ذي ثلاثة أبعاد تشمل عدد السنابل في وحدة المساحة وعدد الحبوب في السنبلة ووزن الألف حبة بينما تمثل الغلة الصندوق نفسه.

ووجد Grausgruber وزملاؤه (2002) أن غلة نبات الشعير هي تابع لعدد السنابل في النبات بالمقام الأول متبوعة بوزن الألف حبة وأن عدد الحبوب في السنبلة كان أقل تأثيراً.

كما ذكر Baum (2003) أن زيادة طول النبات غالباً ما تؤدي إلى إنقاص عدد الإسطوانات وتؤدي في الظروف المناسبة للنمو إلى زيادة الرقاد، وفي كلتا الحالتين تؤدي إلى إنقاص الغلة الحبية وغلة التبن، وأن طول النبات بشكل عام يرتبط سلباً بالغلة ومكوناتها، إلا أنه عاد وذكر أنه في الظروف الأكثر جفافاً فإن طول النبات ارتبط إيجابياً بالغلة، كما أن زيادة طول النبات المرتبطة بزيادة طول الجذور تكون مفيدة في مساعدة النبات على استخدام رطوبة التربة الموجودة في العمق. كما بين Jarrah (1993) أن هناك علاقة موجبة بين طول النبات ووزن الألف حبة.

وذكر Araus (2002) أن الشعير يعطي غلة حيوية وحبية أعلى من الأنواع الحبية الأخرى الأخرى تحت ظروف الإجهاد الجفافي وأن هذا يعود لامتلاكه معدل نمو ورقي أسرع وإزهار مبكر وهي عوامل تقلل من كمية الماء المفقود من التربة وتؤدي لاكتمال النمو قبل الارتفاع السريع في درجات الحرارة.

في دراسة قام بها jabbari وزملاؤه (2018) على 148 صنفاً من الشعير لدراسة علاقات الارتباط بين صفات متوسط عدد الإسطوانات لكل نبات (ANTP)، ارتفاع النبات (PH)، طول السنبلة الرئيسي (MSL)، وعدد الحبوب لكل سنبلة (GRS) ضمن ظروف الزراعة المروية والمطرية. أظهر معامل الارتباط أن صفة ارتفاع النبات مرتبطة بشكل إيجابي مع الصفات الأخرى باستثناء طول السنبلة الرئيسي (MSL) ضمن ظروف الزراعة المروية، لكنه أظهر ارتباطاً سلبياً ضعيفاً مع صفة متوسط عدد الإسطوانات لكل نبات (ANTP). في الزراعة المطرية تحت ظروف الجفاف، لم يكن لصفة ارتفاع النبات (PH) ارتباط كبير مع صفات متوسط عدد الإسطوانات لكل نبات (ANTP) وطول السنبلة الرئيسي (MSL) ولكن علاقة إيجابية كبيرة مع الصفات الأخرى. كما لوحظ وجود علاقة سلبية بين

متوسط عدد الإشطاعات لكل نبات (ANTP) وطول السنبله الرئيسي (MSL) مع عدد الحبوب لكل سنبله (GRS) في كلا الطريقتين المروية والمطرية. أيضاً لم يكن هناك ارتباط كبير بين متوسط عدد الإشطاعات لكل نبات (ANTP) مع الصفات الأخرى باستثناء عدد الحبوب لكل سنبله (GRS).

بينت عباس (2009) في دراسة على ثلاثة هجن من الشعير (XH. spontaneum 695X زنبقة)، (مالتون X سكارلت X تدمر) و(مالتون X سكارلت X زنبقة) بهدف الحصول على سلالات تجمع بين الإنتاج العالي وصفات التأقلم مع البيئة الجافة، أنه بالنسبة للهجين الأول تتناقص كل من طول النبات، وعدد الأيام اللازمة للإسبال، والغلة الحبية، ووزن الألف حبة في موقع بريدا (الأقل هطولاً) بالمقارنة مع تل حديا (الأعلى هطولاً) خلال موسمي الزراعة، وبالنسبة للهجين الثاني فقد تفوقت سلالات الهجين في موسمي الزراعة في صفات طول النبات، وطول السنبله، وعدد الأيام اللازمة للإسبال، والغلة الحبية، ووزن الألف حبة في محطة تل حديا الأعلى هطولاً بالمقارنة مع محطة بريدا، وكذلك الأمر بالنسبة للهجين الثالث ماعدا صفة طول النبات خلال الموسم الثاني فقد كان متوسط طول النبات في بريدا أعلى منه في تل حديا.

بين شيخموس وزملاؤه (2009) في دراسة لتقييم الكفاءة الإنتاجية لبعض الأصناف المعتمدة من الشعير والمخصصة للزراعة في مناطق الاستقرار الثانية والثالثة والرابعة، لمعرفة أكثرها ملائمة للزراعة ضمن منطقة الاستقرار الأولى، وتحت ظروف الزراعة المطرية، في موقعين متباينين بيئياً من حيث معدلات الهطول المطري ومتوسط درجات الحرارة، أنّ متوسط كل من طول النبات، وطول السنبله، ونسبة الإشطاعات المثمرة إلى الكلية، وعدد الأيام اللازمة للإسبال، وعدد الحبوب في السنبله، والإنتاجية كانت الأعلى معنوياً في موقع ينبوع (الأعلى هطولاً) بالمقارنة مع موقع هيمو (الأقل هطولاً)، أما بالنسبة لصفة وزن الألف حبة فلم تُلحظ فروقات معنوية بين الموقعين.

كما بينت نتائج دراسة كل من Donmez وزملاؤه (2001) و Garcia del Moral وزملاؤه (2002) وجود ارتباط سلبي بين كل من عدد الحبوب في وحدة المساحة، ووزن الحبة الواحدة، كما وجد Slafer (2003) أن هذه العلاقة السلبية تصبح شائعة عندما تزداد المنافسة بين الحبوب على نواتج التمثيل الضوئي المتاحة بكميات محدودة، وخاصة تحت ظروف الجفاف، حيث يزداد عدد الحبوب في المتر المربع.

بينت مصطفى (2004) أن أهم مكونات الغلة الحبية هو عدد السنابل في وحدة المساحة مع وجود علاقة ارتباط إيجابية ومعنوية بين الغلة ووزن الألف حبة، وأشارت إلى أن اختلاف الظروف البيئية أدى إلى تبديل الأهمية النسبية لمكونات الغلة ومدى تأثيرها في الغلة الحبية.

يمكن زيادة كمية المادة الجافة المتاحة لنمو السنابل وتطورها عن طريق تقليل عدد الإشطاعات الكلية المتشكلة، حيث يسمح تشكل عدد أقل من الإشطاعات بتوفير كمية كافية من المادة الجافة لاستمرار نمو العدد المطلوب من الإشطاعات الخضرية وتحولها إلى إشطاعات مثمرة، مما يسمح بإعطاء عدد أكبر من السنابل والحبوب في المتر المربع وزيادة قيمة دليل الحصاد والغلة الحبية النهائية (Richards، 1996).

يعبر بشكل عام وزن الحبوب الجافة عن معدل تراكم المادة الجافة في الحبوب وطول فترة نمو الحبة، يؤدي الإجهاد المائي إلى تخفيض الوزن الجاف للحبوب من السنبل الرئيسية من خلال تخفيض كل من طول ومعدل تراكم المادة الجافة في الحبوب، مما يؤثر سلباً في درجة امتلاء الحبوب ووزن الألف حبة في البيئات المجعدة بالمقارنة مع غيرها (Renu khanna – Chopra وزملاؤه، 1994).

الواسمات الجزيئية Molecular Markers

إن اكتشاف أنزيمات القطع (Smith و Wilcox، 1970)، وتفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) (Mullis و Faloona، 1987)، قد أوجدا فرصة لمشاهدة تكوين الكائنات الحية على مستوى الحمض النووي، والحصول على ما يسمى البصمة الوراثية (Kearsey و Pooni، 1996)، حيث يتم تنفيذ المشاهدة عن طريق فصل قطع الحمض النووي التي تنتج عن الهضم الانتقائي مع الإنزيمات أو القطع التي تنتج عن تضخيم انتقائي باستخدام (PCR) على هلامه الأغاروز.

يتم تصنيف الواسمات الجزيئية بشكل عام على أنها واسمات تستند إلى التهجين (Hybridization) و واسمات تستند إلى سلسلة تفاعل البلمرة (PCR)، يعتمد اختيار أفضل نظام للواسمات فيما إذا كان سيتم استخدامه في الدراسات التطورية أو وراثية العشائر، ورسم الخرائط الوراثية أو البصمة الوراثية وأيضاً مع توفر البنى التحتية والمهارات التقنية في المختبر مع ما يرتبط بها من تكاليف.

يسمح تطوير الواسمات الجزيئية بتحليل مختلف الصفات الكمية والنوعية وتحديد مواقعها من خلال تحليل الجينوم. حيث يمكن الآن استهداف مواضع المورثات المعروفة بتأثيرها في التحكم في سمات معينة في الشعير المزروع والتحري عنها في تجمع المصادر الوراثية للشعير البري للبحث عن أليلات جديدة ونادرة (Forster وزملاؤه، 2000). في هذا الصدد، تقدم الواسمات الجزيئية أداة واعدة لفهم مدى تعقيد التحكم الوراثي في تحمل الجفاف وكذلك الإدخالات المحتملة للمناطق الوراثية الهامة من خلال الانتخاب بمساعدة الواسمات (Markers Assisted Selection).

تسمى قطع الحمض النووي التي تؤدي إلى أنماط مختلفة على الهلامية بين العينات أو الأفراد، واسمات متعددة الأشكال. تعتمد الواسمات الجزيئية على تغيرات شكلية متعددة (Polymorphisms)

تحدث بشكل طبيعي في تسلسل الحمض النووي، مثل: عمليات حذف زوج من الأسس الأزوتية أو الاستبدال أو الإضافات، هناك طرق مختلفة للكشف عن هذه الأشكال وتضخيمها بحيث يمكن استخدامها للتحليل، تتفوق الواسمات الجزيئية على الأشكال الأخرى للاختبارات بمساعدة الواسمات لأنها بسيطة نسبياً لاختبار الكشف عنها، وفيرة في جميع أنحاء الجينوم، ومستقلة تماماً عن الظروف البيئية ويمكن اكتشافها في أي مرحلة تقريباً من مراحل تطور النبات.

استخدمت الواسمات الجزيئية في الأصل في رسم الخرائط الجزيئية لتحديد ترتيب المورثات على طول الكروموسومات. أنشأ Alfred H. Sturtevant (1913) أول خريطة وراثية باستخدام سمات شكلية تسمى "العوامل" في ذبابة الفاكهة (*Drosophila melanogaster*). بعد فترة وجيزة، أنتج Karl Sax (1932) دليلاً على الترابط الوراثي بين مواقع الصفات الكمية والنوعية (لون البذور وحجم البذور) في نبات الفاصولياء (*Phaseolus vulgaris*).

منذ هذه الدراسات الرائدة، تطورت الواسمات الجزيئية من الواسمات الشكلية من خلال واسمات الإيزوزيم إلى واسمات الحمض النووي، وتستخدم الواسمات الجزيئية في يومنا هذا في كل من البحوث الأساسية للنباتات، وتربية النباتات لتوصيف السلالات أو الأصناف (Germplasm)، ولعزل المورثات، ولإدخال الأليلات المرغوبة بمساعدة الواسمات، ولحماية التنوع الوراثي (Henry, 2001).

يمكن استخدام الواسمات الجزيئية للعديد من التطبيقات المختلفة بما في ذلك: توصيف السلالات (Germplasm)، والتشخيص الوراثي، وتوصيف الكائنات المعدلة وراثياً، ودراسة تنظيم الجينوم، وتحليل تاريخ نشوء الأنواع (Phylogenetic Analysis). وتوجد أنواع مختلفة من الواسمات الجزيئية، مثل تقانات Amplified fragment length polymorphism (AFLPs) و Random Restriction fragment length polymorphism (RAPDs) و Restriction fragment length polymorphism (RFLPs) و Simple Sequence Repeats (SSRs) و Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs). وقد تختلف في مجموعة متنوعة من المتطلبات، مثل متطلباتها التقنية، مقدار الوقت والمال والعمالة اللازمة، وعدد الواسمات الوراثية التي يمكن اكتشافها في جميع أنحاء الجينوم، ومقدار التباين الوراثي الموجود في كل علامة في مجتمع معين.

تشكل التكرارات التسلسلية البسيطة (Microsatellites) (من 1 إلى 10 نيوكليوتيدات) والتتابعات الصغيرة (Minisatellites) أكثر من 10 نيوكليوتيدات وهي فئات فرعية من التكرارات الترادفية (Tandem Repeats) (TRs)، التي تشكل إلى جانب التكرارات السائدة المنتشرة (أو بقايا العناصر القابلة للنقل) (Transposon) مناطق متكررة من الجينوم (TRs) ذات صلة بالتطور بسبب عدم

استقرارها، فهي تتعرض للطفرات بمعدلات تتراوح بين 10^{-3} و 10^{-6} لكل جيل خلوي (Cell Generation) ، أي أكبر بـ 1-10 مرات من الطفرات النقطية (Gemayel وزملاؤه، 2012).

تم العثور على التتابعات الصغيرة (Minisatellites) وتكرارات التسلسل البسيط (SSR) وتكرارات الترادف القصير (STR) Short Tandem Repeats وتعدد الأشكال أطوال التسلسل البسيط (SSLP) Simple Sequence Length Polymorphisms في بدائيات النوى وحقيقيات النوى . حيث تكون موزعة على نطاق واسع في جميع أنحاء الجينوم، وخاصة في الكروماتين الحقيقي (Euchromatin) من حقيقيات النوى ، وفي المناطق المشفرة وغير المشفرة من DNA (Phumichai وزملاؤه، 2015 ؛ Pérez-Jiménez وزملاؤه، 2013).

برزت واسمات (SSR) كأدوات جذابة للغاية للدراسات الوراثية، لأنها تستند إلى (PCR) ، وغير مكلفة نسبياً ، ويمكن استنساخها عبر مجموعات رسم الخرائط ، وذات آليات متعددة (Liu وزملاؤه، 1996 ؛ Saghai-Marroof وزملاؤه، 1994).

يتم الإشارة إليها بشكل عام على أنها محايدة، بحيث لا تؤثر على تعبير المورثات المرتبطة بها، ومع ذلك، فإن واسمات (SSR) في الشعير مستمدة أيضاً من تسلسلات العلامات المعبر عنها (EST) Expressed Sequence Tags وبالتالي فهي مضمنة في تسلسل الترميز، حيث من المحتمل أن يكون للطفرات تأثير على وظيفة المورثات ، على سبيل المثال عن طريق تحويل إطار القراءة المفتوح (ORF). وقد وجد أن الطفرات في عدد تكرار (SSR) تسبب تباين كمي في نشاط النسخ والوظيفة البيولوجية للمورثات البشرية والتدييات (Kashi وزملاؤه، 1997).

تم استخدام واسمات SSR لأول مرة في التحليل الوراثي للبشر (Tauz، 1989) ولاحقاً في الدراسات النباتية (Morgante و Olivieri، 1993) . ويرجع التباين في تحديد مواقع (SSR) إلى الاختلافات في عدد وحدات تكرار التتابعات، على سبيل المثال تكرار ثنائي، ثلاثي أو رباعي النوكليوتيد. فقد تبين أن المؤشرات الجزيئية التي تكشف عن التعددية الشكلية على مستوى الحمض النووي أداة دقيقة للغاية لتوصيف النمط الوراثي وتقدير التنوع الوراثي. من بين هذه الواسمات، تبين أنه لدى واسمات التكرار التسلسلي البسيط (SSR) إمكانية كبيرة لتحديد وتقدير التنوع الوراثي لمجموع المحتوى الوراثي للشعير (Saghai-Marroof وزملاؤه، 1994 ؛ Struss و Plieske، 1998 ؛ Pillen وزملاؤه، 2000).

تم تحديد التكرارات التسلسلية البسيطة (SSR) في العديد من الأنواع النباتية مثل نبات العربية (*Arabidopsis thaliana*) (Bell و Ecker، 1994)، و اللفت الزيتي (*Brassica napus*) (Lagercrantz وزملاؤه، 1993) ، و فول الصويا (*Glycine max*) (Yu وزملاؤه، 2000).

1994) و كرمة العنب (*Vitis vinifera*) (Thomas و Scott، 1993) و الرز (*Oryza sativa*) (Zhao و Kochert، 1993)، و الذرة (*Zea mays*) (Senior و Heun، 1993) .

تمت دراسة الارتباط الوراثي للتنوع الوراثي والواسمات الوراثية مع الصفات النباتية والجغرافيا البيئية لموقع المنشأ في الشعير البري باستخدام العديد من الواسمات، بما في ذلك بروتينات التخزين (Doll و Brown، 1979)، تعدد أشكال الإيزوزيم (Liu و زملاؤه، 2002)، و (RFLP) (Zhang و زملاؤه، 1993) ، و (SSR) (Ivandic و زملاؤه، 2003؛ Matus و Hayes، 2002)، و (AFLP) (Pakniyat و زملاؤه، 1997)، و (SNPs) (Kanazin و زملاؤه، 2002).

تم اعتبار الواسمات الجزيئية كأدوات لعدد كبير من التطبيقات التي تتراوح بين تحديد موقع المورثة (Localization of a Gene)، وتحسين الأصناف النباتية عن طريق الانتخاب بمساعدة الواسمات، فإذا نظرنا إلى تاريخ تطور الواسمات الجزيئية، فمن الواضح أنه تم تحسينها على مدار العقدين الماضيين لتقديم مساعدة سهلة وسريعة ومؤتمتة للعلماء والمربين، فلقد أعطى تحليل الجينوم بناءً على الواسمات الجزيئية قدرًا هائلًا من المعلومات حيث تم إنشاء عدد من قواعد البيانات للاستخدام العام، أما الآن فهناك أنواع مختلفة من الواسمات الجزيئية متاحة حاليًا لتحليل الوراثي ويتم تطوير أنواع واسمات جديدة بشكل مستمر.

مناطق بين تكرارات التسلسلات البسيطة Inter Simple Sequence Repeats (ISSR)

مع ظهور المزيد من الواسمات الجزيئية كأدوات مفيدة في عدد كبير من الدراسات الوراثية والتطورية، أصبح اختيار نظام الواسمات لدراسة معينة أمراً محيراً. تختلف أنظمة الواسمات هذه في مزاياها وعيوبها، لذلك من الضروري أن يوضع في الاعتبار جميع إيجابيات وسلبيات هذه الواسمات أثناء اختيار أحدها للمشكلة التي يجب معالجتها. هنا، قمنا بتسليط الضوء على تقنية ISSR (مناطق بين تكرارات التسلسلات البسيطة) كتقانة اختبار إذا أراد الباحث خصائص مثل الموثوقية والبساطة وفعالية التكلفة والسرعة، بالإضافة إلى تقييم التنوع الوراثي بين الأفراد ذوي الصلة الوثيقة.

بعد فترة وجيزة من اكتشاف تفاعل البلمرة المتسلسل (PCR) في عام 1983، تم تطوير أنظمة جديدة لواسمات الحمض النووي القائمة على PCR بشكل مستمر. في أوائل التسعينيات، تم نشر أوائل الأبحاث عن تطوير ما يمكن أن يصبح اليوم واسمات "مناطق بين تكرارات التسلسلات البسيطة (ISSR)" بشكل مستقل من قبل العديد من مجموعات البحث (Meyer و زملاؤه، 1993؛ Gupta و زملاؤه، 1994؛ Wu و زملاؤه، 1994؛ Zietkiewicz و زملاؤه، 1994). اليوم، تُعرف واسمات

ISSR أيضاً باسم التعددية الشكلية للميكروستالايت المضخم عشوائياً Random Amplified (RAPD) Microsatellites Polymorphisms.

مناطق تكرارات التسلسلات البسيطة (SSR) هي مصدر لواسمات (ISSR). تم تطويره لأول مرة بواسطة (Zietkiewicz وزملاؤه، 1994) للنباتات المزروعة. تتشابه تقنية ISSR إلى حد كبير مع تقنية التضخيم العشوائي للحمض النووي متعدد الأشكال (RAPD)، باستثناء أن بادئات ISSR مصممة من تكرارات التسلسلات البسيطة.

تنتمي واسمات ISSR إلى فئة من الواسمات الوراثية متعددة الأشكال، ومعظمها من الواسمات الوراثية السائدة والتي تشمل أيضاً تعدد أشكال أطوال القطع المضخمة (AFLP)، واسمات الحمض النووي متعدد الأشكال المضخمة العشوائية (RAPD).

تكرارات التسلسلات البسيطة (SSRs)، أو تكرارات التسلسلات القصيرة (STRs) هي مناطق في الجينوم تتكون من نماذج DNA قصيرة (عادةً 2-5 نيوكليوتيدات طويلة) تتكرر عدة مرات متتالية، على سبيل المثال ... ACACACACACAC ... وبالتالي، فإن ISSRs عبارة عن شرائح من الحمض النووي المحاطة عند كلا الطرفين بواسطة تسلسلات تكرارات التسلسلات البسيطة (SSRs). باستخدام بادئات مصممة بشكل عشوائي تحتوي على متواليات متكررة مكملية لمناطق تسلسلات تكرارات التسلسلات البسيطة في الجينوم، يمكن تضخيم مناطق الحمض النووي العشوائية في الجينوم (بشرط أن يكون المقطع ضمن نطاق الحجم القابل للتضخيم) واستخدامها كواسمات للمورثات في دراسات الاختلاف بين الأنواع، ومن هنا جاء مصطلح "واسمات ISSR".

مناطق بين تكرارات التسلسلات البسيطة (ISSR) هو طريقة تعتمد على تكرارات التسلسلات البسيطة كما تعتمد على الوجود المطلق والطبيعة المتغيرة للغاية لهذه المناطق في جينومات حقيقية النواة. مع تشابه كبير مع تقنية (RAPD) فيما كان الاختلاف أنه تم استخدام بادئ واحد. يتألف من تسلسل تتابع ترادفي بسيط مثبت عند الطرف 3 أو 5 من المناطق المجاورة المتكررة بواقع واحد إلى أربعة نيوكليوتيدات انتقائية، غالباً ما يتم تضخيم الحمض النووي بين اثنين من تكرارات التسلسلات البسيطة المتعاكسة من نفس النوع وتحدث الأشكال الأليلية المتعددة عندما يفقد جينوم واحد التسلسل المتكرر أو يكون لديه حذف أو إدخال يغير المسافة بين التكرارات. بالنسبة للبادئات المثبتة على الطرف 5'، تحدث تعدد الأشكال أيضاً بسبب الاختلافات في طول تكرارات التسلسلات البسيطة. يتم اختيار تسلسل التكرارات والنيوكليوتيدات المثبتة بشكل عشوائي. نظراً لأنه يمكن استخدام بادئات أطول، أيضاً يمكن ضبط PCR باستخدام درجات حرارة ارتباط بادئات أعلى من تلك المستخدمة للحصول على واسمات RAPD، مما يقلل من مشاكل التضاعف المرتبطة بـ RAPD.

تم تطوير تقنيات أخرى مرتبطة ارتباطاً وثيقاً بتحليل ISSR، وهي تفاعل تضخيم البادئ الفردي

(Gupta) (SPAR) Single Primer Amplification Reactions (1994) وزملاؤه،
Directed Amplification البسيطة (Heath) (DAMD) of Minisatellite-region DNA (1993) وزملاؤه، كما تجدر الإشارة إلى أنه في حين أن التكرارات البسيطة ثنائية وثلاثية النوكليوتيد تعد ذات توزيع عشوائي (Bell و Ecker، 1994)، بينما أن تكرارات النوكليوتيدات الأربعة موزعة في مواقع تفضيلية على الكروموسومات (Arens وزملاؤه، 1995) وبالتالي فهي أقل ملاءمة لدراسات التنوع.

يأتي العيب الرئيسي للواسمات الجزيئية المتعددة الأشكال من حقيقة أن هذه الطرق تكشف عن تعددية الأشكال الناتجة عن كل من اختلاف الطول بين مواقع التكرار المحفوظة (مواقع التكرار ذات السيادة المشتركة) ومن مواقع التكرار الفردية التي يختلف وجودها أو غيابها (المواقع ذات السيادة التامة) بين الجينومات. ومن ثم، يجب أن يؤخذ في الاعتبار السيادة التامة لواسمات AFLP و ISSR و SAMPL، التي تمنع تمييز فرد متغاير اللواقح عن متماثل اللواقح السائد، عند اختيار عمليات التهجين العكسي وإجراءات التحليل الإحصائي في برامج رسم الخرائط كما يجب أخذها في الاعتبار أثناء التخطيط لبعض التطبيقات، مثل رسم الخرائط. علاوة على ذلك، لا تحتوي منتجات التضخيم ذات الحجم نفسه بالضرورة على نفس التسلسل، مما يحد من استخدامها في تقدير التنوع على المستوى بين الأنواع.

بالنسبة لمعظم دراسات التباين الوراثي، يتم تحديد الواسمات الجيدة من خلال التباين الوراثي العالي والقدرة على توليد بيانات متعددة الأشكال من الجينوم قيد الدراسة (Anne، 2006). يستفيد إعطاء واسمات ISSR من تسلسلات التكرارات التسلسلات البسيطة المتغيرة للغاية والموزعة في كل مكان عبر الجينوم، وفي نفس الوقت تحقق وثوقية أعلى مقارنة باستخدام RAPDs وتكاليف أقل من حيث الوقت والمال مقارنة باستخدام AFLPs. كل هذه العوامل تجعل ISSR علامة وراثية مثالية لدراسات مختلفة، وأبرزها التنوع الوراثي (Wang وزملاؤه، 2012؛ Shafiei-Astani وزملاؤه، 2015)، وبصمة الحمض النووي (Shen وزملاؤه، 2006).

ومع ذلك، على الرغم من هذه العيوب، فإن نسبة التعددية الشكلية التي توفرها هذه الواسمات تجعلها أدوات قوية للغاية لمعظم تحاليل الجينوم الحالية. في حين أشارت بعض المقالات إلى أن استخدام أنظمة واسمات مختلفة يؤدي إلى اختلافات في أوجه التشابه الظاهري بين مجموعة من الأنماط الوراثية، إلا أن النتائج التي تم الحصول عليها باستخدام واسمات AFLP و ISSR و RAPD و SSR قابلة للمقارنة فيما بينها بشكل كبير (Goulao و Oliveira، 2001؛ Goulao وزملاؤه، 2001).

رسم الخرائط الجزيئية لجينوم الشعير Molecular Mapping of the Barley Genome

ليس الشعير محصولاً مهماً في جميع أنحاء العالم فحسب، بل إنه أيضاً نظام ممتاز لرسم خرائط الجينوم والتحليلات المستندة إلى الخرائط (Costa وزملاؤه، 2001) كما أنه كائن تجريبي مناسب حسب (Forster وزملاؤه، 2000) لأنه:

1- حولي مع دورة حياة قصيرة.

2- ثنائي الصيغة الصبغية مع سبعة أزواج فقط من الكروموسومات.

3- ذاتي التلقيح.

4- يظهر تباين في الفزيولوجيا، الشكل المظهري والوراثة.

5- مجموعة واسعة من المصادر الوراثية المتاحة.

6- لديها خرائط وراثية محددة جيداً.

يعد إنشاء خريطة ارتباط باستخدام الواسمات الجزيئية خطوة أساسية في تحليل الروابط بين السمات المهمة من الناحية البيولوجية أو الزراعية، يمكن تعزيز عملية التربية عن طريق استخدام الارتباط بين الواسمات والصفات، مما يتيح الانتخاب غير المباشر على الواسمات مع تجنب التقييم المظهري للصفات، استندت الخرائط الوراثية الأولى للشعير إلى واسمات الشكلية والإيزوزيمات (Sogaard و von Wettstein Knowles، 1987)، كما نشرت خرائط الحمض النووي الأولى لجينوم الشعير المبني على تقنية (RFLP) من قبل (Shin وزملاؤه، 1990 ؛ Heun وزملاؤه، 1991 ؛ Graner وزملاؤه، 1991)

في وقت لاحق مع تطوير تقنيات تعتمد على (PCR) حيث تم تحليل خرائط وراثية للشعير تعتمد على تقنية (RAPD) (Giese وزملاؤه، 1994) و تقنية (AFLP) (Yin وزملاؤه، 1999)، و تقنية (SSR) (Varshney وزملاؤه، 2006، 2007)، و تقنية (SNP) (Rostoks وزملاؤه، 2005). وبذلك أتاح تطوير تقنيات الواسمات الجزيئية إنشاء خرائط كثيفة بدرجة كافية لبدء تحليل الصفات الكمية.

الإجهاد Stresses

الإجهاد هو عامل خارجي، و يكون له تأثير سلبي على النباتات. عادة ما يتعين على جميع الكائنات الحية أن تواجه نوعين من الإجهادات: حيوي ولاحيوي. الإجهادات الحيوية هي عواقب أنشطة

الكائنات الحية الأخرى على الكائن الحي . كما أن الإجهادات اللاحيوية أيضاً هي آثار الظروف القاسية والبيئة على هذا الكائن الحي .

يعتمد الإجهاد اللاحيوي تماماً على مستوى تحمل النبات المعين، حيث أن الظروف، التي تشجع نمو كائن حي، قد تكون غير مواتية للآخر، نظراً لأن النباتات الراقية غير قادرة على الحركة، فإنها تكون بحاجة لتطوير آليات خاصة لإدارة هذه المخاطر تحقق بعض الاستجابة ضد هذه البيئة القاسية.

بروتينات الطور الجنيني المتأخر

Late Embryogenesis Abundant Proteins (LEA)

كما يوحي الاسم، تم اكتشاف بروتينات الوفرة LEA في المراحل المتأخرة من تطور الجنين في بذور القطن (Dure وزملاؤه، 1981 ؛ Galau وزملاؤه، 1986) ، في النباتات تتراكم معظم بروتينات LEA و mRNAs الخاصة بها بتركيز عالية في أنسجة الجنين خلال المراحل الأخيرة من تطور البذور عندما يحدث الجفاف (Bartels و Ingram ، 1996).

يمثل التطور الجنيني في النباتات المزهرة سلسلة من المراحل لتطوير نبات مصغر داخل البذور . في هذه العملية، سيخضع الجنين المشكل لمرحلة تمدد خلوية مع زيادة الكتلة الجافة من أجل توفير الطاقة لعملية الإنبات . في معظم النباتات، تبدأ المرحلة النهائية من تطوير البذور، النضج، بتخفيض محتوى ماء البذور، والذي سينخفض في النهاية إلى حوالي 10٪. خلال هذه المرحلة والتي يسبقها زيادة في محتوى حمض الأبسيسيك ABA ، تتغير أشكال التعبير الوراثي وشكل البروتين بشكل كبير وترتبط باكتساب صفة تحمل الجفاف وتنمية القدرة على إنبات البذور (Goldberg وزملاؤه، 1989 ؛ Skriver و Mundy ، 1990).

تتراكم بروتينات LEA في هذه المرحلة النهائية، على عكس بروتينات التخزين التي تظهر في وقت سابق . علاوة على ذلك، يتم الحفاظ على (mRNAs) الخاصة بهم على مستويات عالية في الأجنة الناضجة المجففة ، بينما تتحلل (mRNAs) مورثات بروتينات التخزين تماماً خلال مرحلة تكوين الجنين الأخيرة (Goldberg وزملاؤه، 1989)، كما يتم تحفيز بعض المورثات التي تشبه LEA فقط بواسطة حمض الأبسيسيك ABA أو القرائن البيئية الأخرى (Battaglia وزملاؤه، 2008؛ Hand وزملاؤه، 2011 ؛ Shih وزملاؤه، 2008).

توجد بروتينات عائلة LEA في كل مكان في المملكة النباتية . منذ وصفها الأول، تم عزل المئات من بروتينات LEA من النباتات الوعائية إلى النباتات غير الوعائية . تم تأكيد وجودهم ليس فقط في كاسيات البذور وعاريات البذور (Bray ، 1993)، ولكن أيضاً في النباتات الوعائية التي لا تحتوي على بذور (مثل سيلوايثيلا) (Alpert ، 2005)، الأشنيات (Bryophytes) (Oliver و Solomon ، 2004) ، السراخس (Pteridophytes) (Reynolds و Derek ، 1993) والطحالب (Honjoh وزملاؤه، 1995)، بالإضافة إلى ذلك ، تم تأكيد وجودها أيضاً في بعض الكائنات الحية الدقيقة (Garay وزملاؤه، 2000 ؛ Stacy وزملاؤه، 1999) ، الفطريات (Abba وزملاؤه، 2006)، الديدان الخيطية (Browne وزملاؤه، 2004)، الحشرات والفشريات (Tunnacliffe و Wise ، 2007). تشير علاقة بروتينات LEA في مراحل نضوج البذور، أو أثناء الإجهاد المائي في أعضاء النبات، وفي أي حيوانات حية إلى أن بروتينات LEA تمثل تكيفاً واسع النطاق لعجز المياه، ومع ذلك وظائفها الدقيقة تبقى غير واضحة

مجموعة LEA 2

هذه المجموعة من بروتينات LEA (Pfam PF00257) ، والمعروفة أيضاً باسم "Dehydrins"، حيث تم تحديدها أصلاً على أنها عائلة D-11 في أجنة القطن . المجموعة البروتينية LEA 2 هي المجموعة الأكثر تميزاً من مجموعات البروتينات LEA . ومن السمات المميزة لبروتينات هذه المجموعة وجود منطقة أو (قطعة) محفوظة مكونة من 15 حمض أميني غني باللايسين (EKKGIMDKIKEKLP) ، سمي الجزء K - (K-segment) والذي يمكن العثور عليه في تكرار واحد إلى 11 مكرر داخل بولي ببتيد واحد (Close و Campbell ، 1997).

يوجد عنصر إضافي أيضاً في هذه المجموعة هو الجزء Y ، حيث تسلسل المحفوظ به هو (VTD [E / Q] YGNP) (Battaglia وزملاؤه، 2008) ، وعادةً ما يوجد في نسخة واحدة إلى 35 نسخة مترادفة على النهاية الأمينية للبروتين . تحتوي العديد من بروتينات هذه المجموعة أيضاً على الحمض الأميني السيرين، تسمى (S-segment)، تعمل كموقع لفسفرة البروتين (Campbell وزملاؤه، 1998).

العناصر الأقل حفظاً ($\emptyset$ -segments) غالباً ما تكون الأجزاء الغنية بالأحماض الأمينية القطبية وتتخللها الأجزاء K- (K-segments) (Close، 1996). وجود وترتيب هذه الأشكال المختلفة في بولي ببتيد واحد يسمح بتصنيف بروتينات المجموعة LEA 2 إلى خمس مجموعات فرعية (Vaseva وزملاؤه، 2013). توجد البروتينات التي تحتوي فقط على الجزء K في المجموعة الفرعية K- (subgroup)، وتلك البروتينات التي تتضمن الجزء S متبوعة بـ K ، توجد في المجموعة الفرعية (SK- subgroup) . بالإضافة إلى ذلك، هناك مجموعات فرعية (YSK-) و (YK-) و (KS-) (Shih وزملاؤه، 2008).

الخواص البيوكيميائية و البنيوية للبروتينات LEA

تكمّن معظم الخواص الكيميائية الحيوية لبروتينات LEA من طبيعتها المحبة للماء وتكوين الأحماض الأمينية . على الرغم من عدم وجود أوجه تشابه كبيرة بين المجموعات المختلفة، فإن السمة المشتركة والرائعة لمعظمهم تتمثل في قدرتها العالية على الارتباط بالماء (Hydrophilicity) ومحتواها العالي من الحمض الأميني الغلايسين Gly و انخفاض نسبة الأحماض الأمينية السيستئين Cys و التربتوفان Trp ، ورجحان بعض الأحماض الأمينية مثل الألانين Ala و الغلوتاميك Glu و اللايسين Lys أو الأرجنين Arg و الثيرونين Thr (Oliveira وزملاؤه، 2007).

تموضع بروتينات LEA في الخلايا النباتية

في النباتات، تم العثور على بروتينات LEA في السيتوبلازم ، النواة ، الميتوكوندريا، البلاستيدات الخضراء ، الشبكة البلاسمية الداخلية ، الفجوة ، البيروكسيسوم و الغشاء السيتوبلاسمي (Tunnaciff و Wise، 2007). لا تُظهر مجموعات LEA المختلفة تفضيلاً لتموضع معين ضمن الخلية (Subcellular Localization). تتراكم معظم بروتينات LEA من المجموعات المختلفة أثناء تطور الجنين في البذور الجافة . في النباتات توجد بروتينات المجموعة الأولى LEA في الغالب في البذور ولا تسببها ظروف الإجهاد في الأنسجة النباتية .تتراكم أثناء نمو البذور وتعدّ بروتينات LEA خاصة بالأجنة (Manfre وزملاؤه، 2006 ؛ Manfre وزملاؤه، 2009).

تتراكم بروتينات المجموعة 2 LEA أثناء تجفيف البذور واستجابة لنقص المياه الناجم عن الجفاف أو انخفاض درجة الحرارة أو الملوحة (Brini وزملاؤه ، 2007). معظمها تتراكم في جميع الأنسجة عند نقص المياه على الرغم من أن هناك تلك التي تستجيب بشكل تفضيلي لظروف إجهاد معينة . بحيث تتراكم بشدة بعض الديهيدرينات استجابة لمعالجة انخفاض الحرارة ولكن ليس للجفاف أو الملوحة (Rorat وزملاؤه، 2006) ومع ذلك، لا يمكن تعيين نمط تراكم محدد لمجموعة أو مجموعة فرعية معينة . بالإضافة إلى ذلك، ليست جميعها مستحثة بحمض الأبسيسيك ABA وفي بعض الحالات يتوسط استجابتها للإجهاد بأكثر من مسار واحد ، قد يكون أحدهما يعتمد على ABA (Welling وزملاؤه، 2004).

تم العثور على الديهيدرين في الأنسجة النباتية مثل البذور والبراعم والجذور وقمم الجذر والساق والأنسجة الوعائية والزهور والأوراق (Rorat وزملاؤه، 2004). يلاحظ أن بعض بروتينات الديهيدرين لها مواقع أكثر تحديداً على سبيل المثال في الخلايا الحارسة و في القناة الهيولية بين الخلايا (Plasmodesmata) و في أكياس حبوب اللقاح (Nylander وزملاؤه، 2001) .

قد تعمل بروتينات LEA المحبة للماء كوسط مرطب (Hydration Buffers) ، مما يؤدي إلى إبطاء معدل فقدان الماء أثناء الجفاف ؛ أثناء الجفاف الجزئي أو الضغط الأسموزي أو التجمد ، تسمح هذه الخاصية بالنشاط المائي الكافي للبروتينات للاحتفاظ بوظيفتها (Garay وزملاؤه، 2000).

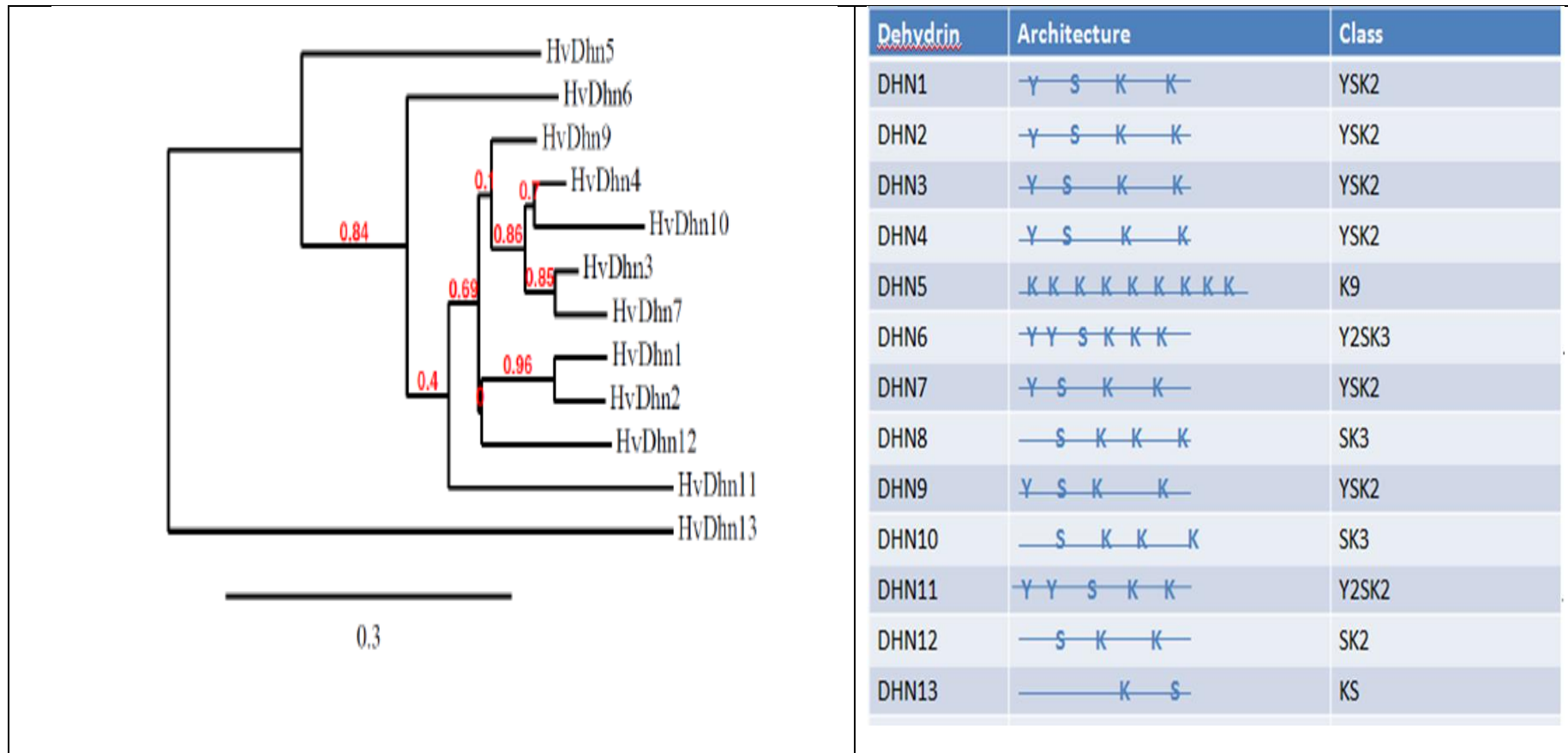
هناك العديد من الوظائف المقترحة للمورثات الديهيدرين . Dehydrins وفقاً لـ (Danyluk وزملاؤه، 1998) ، تقلل الديهيدرينات من الأضرار الناجمة عن الجفاف لأنها تتفاعل مع الأغشية داخل الخلايا ، وقد تمنع تفاعل الأغشية ثنائية الطبقات أو بسبب قدرتها على ربط الأيونات. أيضاً الديهيدرينات تؤدي دور الشابيرون كوظيفة، أي بمعنى آخر تثبيت الأغشية، ومقاومة الضغط الأسموزي وحماية البروتينات الأخرى (Agoston وزملاؤه، 2011).

الديهيدرينات في الشعير

حتى الآن، تم اكتشاف ثلاثة عشر بروتين ديهيدرين في الشعير. يظهر هيكل وتصنيف ديهيدرين الشعير في الجدول رقم (1). ويظهر الشكل رقم (1) شجرة القرابة الوراثية التي توضح كيف أن هذه البروتينات قريبة من بعضها البعض. يشار إلى أن غالبية بروتينات الديهيدرين في الشعير تنتمي إلى الشكل (Y_nSK_m) . قاعدة بيانات بروتينات LEA (LEAPdb) متاحة على الموقع <http://forge.info.univ-angers.fr/~gh/Leadb/index.php>

أجرى Zeng وزملاؤه (2016) تحليل تعبير المورثات لشعير التبت الخالي من القشور، وقام بالتحقق من التغييرات في تعبير الرنا المرسال قبل وبعد ظروف نقص المياه، متبوعاً بالري. أظهرت النتائج تغييرات في أنماط التعبير لكل من مسارات الإشارات المعتمدة والغير معتمدة على حمض الأبسيسيك ABA. ومع ذلك، فإن التعبير عن DHNs زاد بشكل ملحوظ في ظروف الجفاف القاسية. كما تم إجراء تحليل مقارن للتغير في النسخ والترجمة لمورثات الديهيدرين في الشعير التبت الخالي من القشور والشعير البري تحت الضغوط اللاأحيائية بواسطة (Du وزملاؤه، 2011). تظهر العديد من جينات الديهيدرين تعبيراً جينياً متبايناً بين الشعير التبت الخالي من القشور والشعير البري. بالإضافة إلى ذلك، أظهرت النتائج تراكم أكبر للديهيدرين في الشعير التبت الخالي من القشور مقارنةً بالشعير البري. حددت دراسة أخرى عن الشعير التبت الخالي من القشور بروتينات LEA (Dhn6) التي قد تكون مرتبطة بشكل إيجابي بتحمل الجفاف (Liang وزملاؤه، 2012).

في دراسة قام بها Abedini وزملاؤه (2016) لطرار بيئي بري وصنفين من الشعير. شملت أصناف الشعير Yusof (HV1) و Morocco (HV2) والطرار البيئي البري *Hordeum.spontaneum* (HS)، بناءً على نتائج تفاعل البوليميراز المتسلسل في الوقت الفعلي (Real Time - PCR)، من بين 13 مورثة من مورثات الديهيدرين في الشعير، تم تنظيم التعبير عن جميع المورثات الأخرى بشكل كبير في ظل ظروف الجفاف الشديد، باستثناء Dhn8 و Dhn13. كما تمت زيادة مستوى التعبير المورثي عن مورثات Dhn3 و Dhn7 و Dhn9 و Dhn10 في الطرز المحتملة للجفاف HV1 و HS، بينما زاد مستوى التعبير عن Dhn1 والمورثات الأخرى فقط في HV1 و HS، على التوالي مما يدل على دور مورثات الديهيدرين في تحمل الجفاف. كما تم الكشف عن زيادة مستوى تعبير Dhn12 في الطراز البري HS.



الشكل 1 : شجرة النشوء والتطور لمورثات الديهيدرين في الشعير.

الجدول 1: تصنيف مورثات الديهيدرين في الشعير.

الفصل الثاني مواد البحث وطرائقه Materials and Methods

مواد البحث وطرائقه Materials and Methods

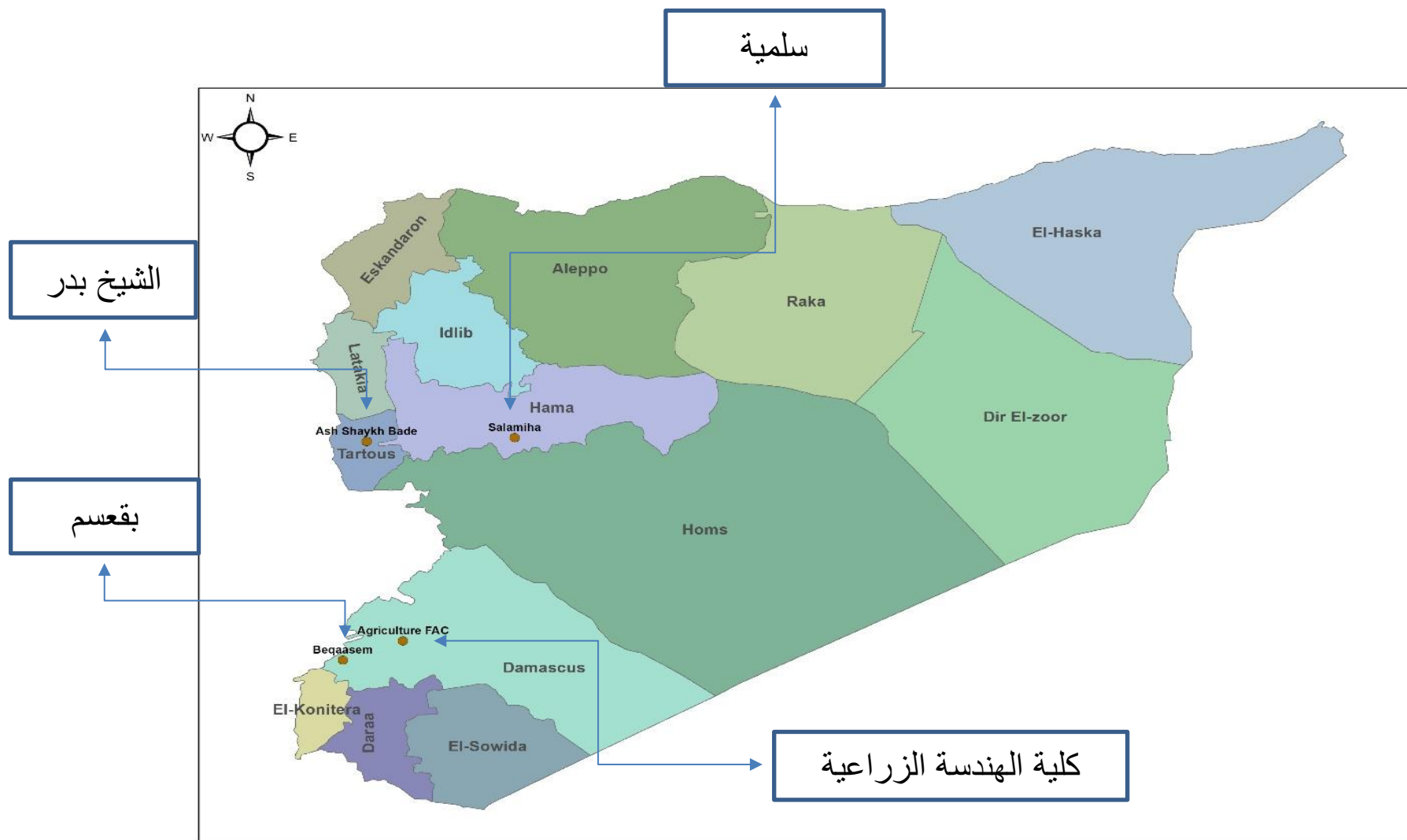
أولاً: المادة النباتية Plant material

تمّ جمع التراكيب الوراثية من الشعير البري (*Hordeum.spontaneum*) ،
 والمزروع من المحافظات (ريف دمشق - دمشق - حماة - طرطوس) و
 بارتفاعات مختلفة وذلك من خلال القيام بالعديد من الجولات الحقلية حيث أخذت عينات النباتية من
 كامل المواقع المدروسة بمعدل ثلاث مكررات بحيث احتوى كل مكرر على 15 عينة نباتية وذلك بعد
 أن تمّ إجراء مسح شامل لموقع الدراسة وتحديد الأماكن التي ينتشر بها الشعير. ويوضح الجدول رقم
 (2) الإحداثيات الجغرافية للمواقع التي تمّ أخذ العينات النباتية منها كما يبين الشكل رقم (2) التوزيع
 الجغرافي للمناطق سابقة الذكر حسب المحافظات.

كما تمّ الحصول على الأصناف (عربي أسود ، عربي أبيض محسن ، فرات ، فرات 6، فرات ،
 فرات 9) من الهيئة العامة للبحوث العلمية الزراعية (GCSAR).

الجدول 2: الإحداثيات الجغرافية لمواقع جمع الشعير البري من حيث الارتفاع عن سطح البحر وخط الطول وخط
 العرض.

المحافظة	المنطقة	الطرز الوراثي	خط الطول	خط العرض	الارتفاع عن سطح البحر
دمشق	مزرعة أبي جرش	<i>H. spontaneum</i>	36.3202	33.5408	750 م
ريف دمشق	بقعسم	<i>H. spontaneum</i>	35.9333	33.4000	1120 م
طرطوس	الشيخ بدر	<i>H. spontaneum</i>	36.0811	34.9905	490 م
		<i>H. bulbosum</i>			
		<i>H. vulgare</i>			
حماه	سلمية	<i>H. spontaneum</i>	37.2035	34.9803	555 م
		<i>H. bulbosum</i>			
		<i>H. vulgare</i>			



الشكل 2 التوزيع الجغرافي لمناطق أخذ العينات حسب المحافظات

ثانياً: أصناف الشعير المدروسة

1- الشعير التلقائي *Hordeum Spontaneum*

هو شعير حولي ذاتي التلقيح ثنائي الصف $2n = 14$ ويعد أحد أسلاف الشعير المزروع *H.vulgare* ويحتوي نفس عدده الصبغي ويتميز الشعير *H.spontaneum* بسنبلة ضعيفة المحور وبكونه يشكل مصدراً هاماً للمورثات بالإضافة إلى تحمله للإجهادات الإحيائية واللاإحيائية وينتشر إلى جانب الشعير المزروع على جوانب الحقول وينمو فوق أتربة مختلفة من كلسية وطينية وجبسية ومحلية كما وينتشر في كافة المناطق والمحافظات السورية.

2- الشعير البري البصيلي *Hordeum Bulbosum*

شعير معمر خلطي التلقيح، ينتشر في حوض البحر الأبيض المتوسط، حتى أفغانستان شرقاً. يعطي هذا النوع عدداً كبيراً من الإسطوانات، وسنابل خضراء فاتحة أو بنفسجية ضاربة للخضرة، بطول (45-165mm). تنتهي الساق بعدة بصيلات ذات غلاف ليفي (3-4 بصيلات)، لتتوقف عن النمو مع سكون البصيلات ودخول النبات في سبات داخلي.

3-عربي أسود (ثنائي الصف)

طرارز محلي معتمد للزراعة في منطقة الاستقرار الثالثة، متوسط ارتفاع النبات 75-85 سم، السنابل متطاولة، الحبوب متطاولة ذات غلاف ملتصق مع الحبة (حبوب مغطاة)، لون غلاف البذرة أسود، متوسط وزن الألف حبة 32.5 غ، متوسط نسبة البروتين في الحبوب 12.9%، متوسط عدد الأيام اللازمة للإسبال 130 يوماً، وللنضج التام 160 يوماً.

4- عربي أبيض محسن

صنف محلي معتمد للزراعة في منطقة الاستقرار الثانية منذ عام 1994، متوسط طول النبات 53 سم، متوسط عدد الأيام اللازمة للتسنبل 130 يوماً وحتى النضج التام 167 يوماً، الحبوب بيضاء اللون، شكل السنبلة هرمي، متوسط وزن الألف حبة 36.4 غ، متوسط نسبة البروتين في الحبوب 12.2%، متوسط الإنتاجية 2385 كغ.هكتار⁻¹، حساس للرقاد، نسب الصنف: السلالة Arta (تقرير الاعتماد لسلالة الشعير عربي أبيض محسن، البحوث العلمية الزراعية 1994).

5- فرات 3

صنف محلي معتمد للزراعة في مناطق الاستقرار الثالثة، ثنائي الصف، النبات من متوسط إلى طويل، مبكر في النضج، الحبوب بيضاء مخضرة، حساس إلى متوسط الحساسية بالنسبة للأمراض، مقاوم للجفاف والرقاد، ومتوسط المقاومة للصقيع، متوسط إنتاجيته 1900 كغ.هكتار⁻¹ (Arabi)

Abiad -10 Kr M4 KRB-1982-2) (تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A4806، البحوث العلمية الزراعية، 2000).

6- فرات 6

صنف محلي معتمد للزراعة في منطقة الاستقرار الثانية منذ عام 2004، ثنائي الصف، متوسط طول النبات 57 سم، متوسط عدد الأيام اللازمة للتسنبل 108 يوماً وللنضج التام 140 يوماً، الحبوب بيضاء اللون، شكل السنبله هرمي - متوازي، متوسط وزن الألف حبة 36.8 غ، متوسط نسبة البروتين في الحبوب 11.4 %، متوسط الإنتاجية 2435 كغ.هكتار⁻¹، مقاوم جداً للرقاد، نسب الصنف (EBC 87-5-E0-E1-E0 // WI2291/Harmal-03 (A)) (تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات E5406، البحوث العلمية الزراعية، 2004).

7- فرات 7

صنف محلي معتمد للزراعة في مناطق الاستقرار الثالثة منذ عام 2002، ثنائي الصف، نتج عن الانتخاب الفردي من الصنف المحلي القديم عربي أبيض، متوسط طول النبات 63 سم، متوسط الألف حبة 37.2 غ، متوسط إنتاجيته 1850 كغ.هكتار⁻¹، نسب الصنف (Arabi Aswad – Sel – Has 87-1) (تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A5337، البحوث العلمية الزراعية، 2001).

8- فرات 9

صنف محلي معتمد للزراعة في منطقة الاستقرار الثالثة منذ عام 2007، ثنائي الصف، متوسط طول النبات 45 سم، عدد الأيام اللازمة للتسنبل 100 يوماً وحتى النضج التام 130 يوماً، الحبوب سوداء اللون، شكل السنبله هرمي، متوسط وزن الألف حبة 32.9 غرام، متوسط نسبة البروتين في الحبوب 12.5 %، متوسط الإنتاجية 2630 كغ.هكتار⁻¹، متوسط المقاومة للرقاد، نسب الصنف (Arabi Aswad – Sel 9 – Hasaki) (تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A5473، البحوث العلمية الزراعية، 2007).

ثالثاً: مكان تنفيذ البحث

نفذت التجارب المخبرية في مخابر التقانة الحيوية - قسم المحاصيل الحقلية - كلية الهندسة الزراعية - جامعة دمشق خلال الأعوام 2019-2020.

رابعاً: الصفات الحقلية المدروسة Investigated traits

1- ارتفاع النبات Plant height (سم)

عبارة عن طول النبات بدءاً من نقطة ملاسته لسطح التربة حتى قمة السنبله باستثناء السفا. وتؤخذ هذه الصفة عند اكتمال الإزهار في النباتات (IPGRI، 1994).

2- وزن النبات.

3- طول السنبله الرئيسة Spike length (سم)

تم قياسه باستخدام المسطرة من قاعدة السنبله وحتى نهايتها باستثناء السفا (IPGRI، 1994).

4- متوسط عدد الإشطاعات الكلية والمثمرة.

5- عدد الحبوب ووزنها في السنبله الرئيسة.

6- عدد الحبوب ووزنها في النبات.

7- متوسط وزن ألف حبة Kernel weight - 1000 (غ)

تم حساب وزن 100 حبة من كل عينة في كل مكرر ثم ضرب الناتج بـ 10 لحساب وزن 1000 حبة.

خامساً: الدراسة الجزيئية

1- تعقيم البذور وزراعتها

عُقمت البذور بنقعها في مادة الإيتانول تركيز 70% مدة 30 ثانية، بعد ذلك نُقلت على التوالي إلى ثلاثة أوعية يحوي كل منها ماء مقطر معقم، تُركت في كل وعاء مدة 5 دقائق، ونُقلت هذه البذور لوضعها في وعاء يحوي مادة كلوروكس 5% مدة 5 دقائق، ثم نُقلت مرة أخرى لتتقع في الماء المقطر ثلاث مرات كل منها 5 دقائق، ثم زرعت البذور في صواني من الفلين بواقع 10 بذور لكل عينة، وعندما أصبحت البادرات بعمر 2-3 أسابيع أُخذت الأوراق الطازجة من أجل استخلاص الـ DNA للدراسة الوراثية.

2- استخلاص الحمض النووي الريبي DNA بطريقة SDS

استُخلص الحمض النووي الريبي منقوص الأوكسجين DNA وفق الخطوات الآتية:

1- تمّ طحن 1 غرام من الأوراق الخضراء المأخوذة من البادرات الفتية بعمر 2-3 أسابيع "غير المجففة" في هاون بورسلان باستعمال الآزوت السائل حتى الحصول على مسحوق ناعم حسب (Dellaporta وزملاؤه، 1983)، نُقل بعدها إلى أنبوب إيندورف سعة 1.5 ml وأضيف لها 600 µl من سائل الاستخلاص (SDS) Sodium Dodecyle Sulphat، والمكون من:

1mg/ml ، 2% SDS، 0.1M NaCl، 50mM EDTA، pH=8.2، (0.1M Tris-HCl

proteinase K) ثمّ مُزجت جيداً.

- 2- حُضِنَت العينات مدّة 60 دقيقة مع التحريك المستمر ضمن حمام مائي عند 37°م.
- 3- أُضِفَ بعد ذلك 600 µl من مزيج كل من كلوروفورم/أيزواميل كحول بنسبة 1:24 ثم مُزَج الخليط مدّة 15 دقيقة باستعمال هزاز آلي عند درجة حرارة المخبر.
- 4- تمّ نقل المزيج إلى أنبوب تثقيل إيندورف سعة 1.5 ml ، وثقل المزيج (عملية الطرد المركزي) مدّة 10 دقائق بسرعة 10000 دورة بالدقيقة (10000 rpm).
- 5- أُخِذَت الطبقة العليا (المتشكلة عن عملية التثقيل، التي تمثل الوسط المائي الذي يحوي الأحماض النووية) بوساطة ماصة ونُقلت إلى أنابيب تثقيل إيندورف سعة 1.5 ml.
- 6- أُضِفَ الكحول الإيزوبروبانولي Iso-propanol بمعدل 3/2 من حجم الوسط المائي، ومُزَج بهدوء بقلب الأنبوب رأساً على عقب عدّة مرات (تمّ في هذه المرحلة ترسيب الأحماض النووية على شكل كتلة خيطية هلامية أو بيضاء).
- 7- نُقِلَ الحمض النووي (DNA) المترسب بوساطة ماصة دقيقة ذات نهاية معقوفة إلى أنبوب صغير سعة 1.5 ml، وأُضِفَ 400 µl من محلول الغسيل Washing buffer (كحول إيثيلي 70%) البارد (المحفوظ بدرجة -20°م)، وتُرك مدّة 20 دقيقة في الثلج حيث جمع الحمض النووي (DNA) بالتثقيل بسرعة (10000 rpm) مدّة 10 دقائق وبدرجة حرارة 4°م.
- 8- استُبعد سائل الغسيل، وحُفِظَ الحمض النووي (DNA) المتجمع في قعر الأنبوب، وجُفِفت العينات باستعمال التجفيف مع التفريغ الحراري في مجفدة Vacuum dryer مدّة 10-20 دقيقة.
- 9- أُذِيبَت عينات الحمض النووي (DNA) في (500µl) من المحلول المنظم TE المكون من (10 mM Tris-HCl, 1mM EDTA).
- 10- خلال كل عملية استخلاص للحمض النووي (DNA) فإنّه لا بدّ من وجود كمية من الحمض النووي (RNA) الناتجة عن عملية الاستخلاص (تختلف كمية الحمض النووي RNA باختلاف طريقة الاستخلاص، وباختلاف النسيج النباتي وعمره)، وعليه فإنّه لا بدّ من استبعاد هذه الحمض النووي وفق مايلي:

إضافة (2µl) من أنزيم RNase (10 mg/ml)، والتحصين على درجة 37°م مدّة نصف ساعة وأُضِفَ حجم مماثل من الكلوروفورم:إيزوميل الكحول (1:24)، وبعد التثقيل نُقِلَ الطور العلوي لأنبوب جديد، وأُضِفَ له ضعف كمية المزيج من الإيثانول Ethanol النقي، لإعادة ترسيب الحمض النووي (DNA)، وتُرك عند الدرجة (4°م) مدّة ساعة، ثمّ رُسِبَ المزيج بالتثقيل بسرعة (10000 rpm)

ومدة 10 دقائق، وغُسل ثانيةً بواسطة الإيثانول 70%، وجُفف في الهواء للتخلص من آثار الإيثانول ضمن جهاز المجفف بالتفريغ والحرارة، ثم أُذيب الحمض النووي (DNA) في محلول TE المعقم.

3- التقدير الكمي والنوعي للحمض النووي الريبي DNA بواسطة الأشعة فوق البنفسجية

استخدم جهاز الطيف الضوئي UV Spectrophotometer لتقدير كمية الحمض النووي DNA وتحديد نقاوته، حيث يعتمد الجهاز في عمله على قياس كمية الحمض النووي الموجودة، عن طريق تقديره لامتناس الحمض النووي DNA للأشعة فوق البنفسجية بموجات طولها 260 و 280 نانومتر (Prabhakar و Mark، 2002)، وقد ذكر Maniatis وزملاؤه (1982) أنَّ النسبة بين قراءة الموجة 260 نانومتر والموجة 280 نانومتر OD 260/ OD 280 تُساعد في تقدير نقاوة الحمض النووي من البروتينات، إذ يجب أن تتراوح هذه النسبة بين 1.8-2، كما أوضح الباحث نفسه أنَّ قراءة الامتناس على طول الموجة 260 نانومتر تسمح بحساب تركيز [DNA] في العينة المُقاسة، إذ أنَّ كل وحدة من الكثافة الضوئية (Optical density, OD) تقابل نحو 50 µg/ml من (DNA) ذات السلاسل المضاعفة)، وبذلك حُسب تركيز (DNA) من المعادلة الرياضية الآتية (Maniatis وزملاؤه، 1982):

$$\text{DNA con. (mg/ml)} = \{ \text{OD}_{260} \times 100 (\text{Dilution Factor}) \times 50 \}$$

إذ تمثل OD₂₆₀ الكثافة الضوئية لامتناس الحمض النووي (µg) عند الموجة 260 نانومتر، ثم مُدّدت عينات DNA للحصول على تركيز (40ng/µl)، كما تمَّ التقدير النوعي على هلامه Agaros، إذ يظهر الحمض النووي (DNA) ذي النوعية الجيدة على شكل حزمة Band، بينما يكون الحمض النووي (DNA) سيء النوعية ممشاً وغير واضح الحدود Smear.

4- تطبيق تقانة (ISSR) Inter Simple Sequence Repeats

استُخدم في الدراسة 16 بادئة تمَّ الحصول عليها من شركة EuroFines بتركيز (10 Micromolar)، ويوضح الجدول رقم (3) والجدول رقم (4) التسلسل النيكلوتيدي ودرجة حرارة الالتحام للبادئات المستخدمة في الدراسة. كما استعمل (2X PCR Master Mix) الذي تمَّ الحصول عليه من شركة (Germany, Fermentas) الحاوي على المكونات التالية (Taq-Polymerase, MgCl₂, dNTPs).

الجدول 3 التسلسل النيكليوتيدي للبادئات المختبرة في تقانة ISSR.

البادئة	التسلسل النيكليوتيدي '5 - '3	درجة حرارة الالتحام
ISSR1	GAGAGAGAGAGAGAGAGC	52 °م
ISSR2	CACACACACACACACAG	52 °م
ISSR3	GAGAGAGAGAGAGAGACG	56 °م
ISSR4	ACACACACACACACACGG	56 °م
ISSR5	GTGTGTGTGAGAGAGAGA	54 °م
ISSR6	ACACACACACACACATATAT	54 °م
ISSR7	ACACACACACACACACT	50 °م
ISSR8	KKVRVRVTGTGTGTGTGTG	50 °م
ISSR9	CACACACACACACACAA	50 °م
ISSR10	GAGAGAGAGAGAGAGAGAGA	58 °م
ISSR11	AGGAGGAGGAGGAGG	58 °م
ISSR12	CCTCTCTCTGTGTGTGT	56 °م
ISSR13	CCTCTCTCTGTGTGTGTG	56 °م
ISSR14	CACACACACACACACACACA	56 °م
ISSR15	TCTCTCTCTCTCTCTCGA	54 °م
ISSR16	TCTCTCTCTCTCTCTCAG	54 °م
ملاحظة: K: G/T, V: G/C/A, R: G/A		

الجدول 4 التسلسل النكليوتيدي للبادئات التي تسمح بالكشف عن مورثات الدهيدرين المسؤولة عن تحمّل الجفاف (Choi وزملاؤه، 1999؛ a2000؛ b2000)

درجة حرارة الالتحام °C	(5-3) Forward Primers	(5-3) Reverse Primers	مورثة الدهيدرين
59	ATGGAGTTCCAAGGGCAG	TCAGTGCTGTCCCGGCAGCTT	Dhn1
57	GCGTCATGGAAAGCATCAC	GTCCAGGCAGCTTGTCCTT	Dhn2
60	ATGGAGTACCAGGGACAGCAG	GGGCAGCTTCTCCTTGATCTT	Dhn3
62	AGGCAACCAAGATCAACACCACCTG	GCGGAAGTTTTACTGCATCTCCATC	Dhn4
64	CGGCAGCGCAAGATGGAGTACCAG	CCCCTCCAACAGCCAAGTGAGCTA	Dhn5
67	AAATGACTGGCATGGGGAGGCATA	CTCCACCAACGAAAGTGAGCTAGG	Dhn6
64	TGACGTCGTGGCACACACCCTC	ACCAGGCCATGTCACAGTACTGC	Dhn7
65	GTCATTTCCAGCCGACGAGGAAGG	CGGGTCCATACAAGAAGCCATATT	Dhn8
68	ATGGAGTTCCAAGGGCAGCAGGAC	AGGCTTCGACGCGTAGCTATGCAA	Dhn9
58	GATGATCCAGCAGCAACTCA	TCAGCTCGAGCTTGACGACT	Dhn10

أُجري تفاعل البلمرة المتسلسل PCR وفقاً لـ Williams وزملاؤه (1990) مع بعض التعديلات، فكان حجم التفاعل النهائي 25µl، حيث يظهر الجدول (5) مكونات هذا التفاعل بالنسبة إلى تقنية ISSR و الجدول (6) يظهر مكونات التفاعل للكشف عن التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين.

الجدول 5 مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لتقنية ISSR

الكميات	مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR
12.5 µl	2X master mix
2 µl (40 ng/µl)	DNA
2.5 µl (10pmol/µl)	Primer
8 µl	H ₂ O

الجدول 6 مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR لكشف التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين

الكميات	مكونات تفاعل البلمرة المتسلسل PCR
12.5 µl	2X master mix
2 µl (40 ng/µl)	DNA
2 µl (10pmol/µl)	Primer
2 µl (10pmol/µl)	Primer
6 µl	H ₂ O

وتم هذا التفاعل في جهاز التدوير الحراري من شركة (USA،APOLLO) موديل ATC401 وفقاً للظروف الآتية:

1- الانفصال: عند درجة حرارة 94°م، مدة 5 دقائق ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA).

2- 40 دورة تتضمن كل منها المراحل التالية:

- مرحلة التحطم الحراري Denaturation: تمّ في هذه المرحلة رفع درجة الحرارة حتى 94°م ليتم انفصال سلسلتي الحمض النووي (DNA) عن بعضهما البعض، لتُصبحا في حالة سلسلة مفردة.

- مرحلة الالتحام Annealing: تمّ خفض درجة الحرارة إلى درجة تتراوح بين 50-65°م، وذلك تبعاً لطول البادئة، وعدد النيكليوتيدات المكونة لها، ليتم التحام البادئة بالقطعة المكملّة لها من الحمض النووي (DNA)، وتُعد هذه المرحلة الأهم خلال التفاعل لكي تتم مضاعفة سلسلة (DNA) بشكلٍ صحيح كما في الجدول (3) و الجدول (4).

- مرحلة الاستطالة Extension: تمّ رفع درجة الحرارة لتصل إلى 72°م، ليتم إكمال تكوين السلاسل الجديدة بوجود أنزيم Taq-Polymerase، والنيكليوزيدات ثلاثية الفوسفات، وبعد انتهاء هذا التفاعل تمّ الحصول على عدد كبير من سلاسل الحمض النووي DNA بدءاً من قطعة واحدة.

3- اكتمال التفاعل عند حرارة 72°م مدّة عشر دقائق.

ثمّ حُفظت العينات في درجة حرارة 4°م، لتفصل الحزم بعدها بالترحيل على هلامة الآغاروز.

5- الرحلان الكهربائي لنواتج تفاعل البلمرة المتسلسل PCR Product Electrophoresis

تم الترحيل على هلامة الآغاروز 0.8% لمعرفة نوعية الـ DNA وعلى هلامة 2% لتقنية ISSR و 4% ميتافورآغاروز لدراسة التباينات الأليلية حيث تمت عملية الترحيل ضمن المحلول المنظم TBE 1X،

(10X TBE buffer = 108g Tris borate + 55g Boric acid + 9.2g EDTA) pH=8، والمضاف إليها 5 ميكروليتر من صبغة الإيتيديوم برومايد (10 ميكروغرام/ميكروليتر)، حيث حُمّلت عينات الحمض النووي DNA على هلامة الآغاروز، بإضافة 5 ميكروليتر من سائل التحميل الخاص 1X loading buffer Bromophenol blue والمكون من

+ 15% Ficoll 400 + 1.03% Bromophenol blue + 0.03% Xylene cyanol + 0.4% orange G + 10mM Tris-HCl + 50mM EDTA)، كما تم حقن مؤشر أوزان جزيئية من الحمض النووي (DNA) 1Kpb من شركة (Germany, Fermentas)، لتحديد الوزن الجزيئي للحزم الناتجة، ليتم بعد ذلك الترحيل بمرور حقل كهربائي قدره 100 فولط، لفصل حزم الـ DNA الناتجة عن عملية التضخيم، وصُورت الهلامة بجهاز تصوير هلامة الآغاروز (Agle Eye II) (Serwer، 1983).

سادساً: التحليل الإحصائي وتحليل النتائج الجزيئية

جمعت نتائج الدراسة الشكلية ليتم تحليلها وتحديد قيمة أقل فرق معنوي Least L.S.D significant difference عند مستوى ثقة 5% باستخدام برنامج (SAS University Edition)، كما حسبت أيضاً قيم علاقات الارتباط بين الصفات المدروسة، ورسمت شجرة القرابة الشكلية.

جُمعت نتائج عملية التضخيم في جداول اعتماداً على وجود أو غياب حزم الحمض النووي DNA في العينات المدروسة، حيث يدل الرقم (1) على وجود حزمة الحمض النووي DNA الواضحة فقط والرقم (0) تدل على عدم وجود الحزمة، وقد نُظمت الجداول لكل بادئة على حدا ورُسمت شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بتطبيق UPGMA Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averaging باستخدام برنامج Pop gene 1.31 الإحصائي.

كما استخدمت الأوزان الجزيئية لقطع الحمض النووي الناتجة في تجهيز الجداول المناسبة للتحليل، ومن ثم تم حساب قيمة معامل التعددية الشكلية PIC وذلك على مستوى الموقع الواحد تبعاً لـ Anderson وزملائه (1993) حسب المعادلة التالية:

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^n p^2_{ij}$$

حيث p_{ij} هي نسبة تكرار كل قرين على الموقع المورثي نفسه الناتج عن استخدام البادئ i.

n عدد الأصناف المدروسة

j تدل على الصنف (العمود)

i تدل على القرين (السطر)

Results and Discussion الفصل الثالث النتائج والمناقشة

أولاً: الصفات الشكلية والكمية للطرز المدروسة

1- ارتفاع النبات (سم) Plant Height

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في صفة ارتفاع النبات بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (7)، ويلاحظ تفوق الطرازين ريف دمشق *H. spontaneum* و طرطوس *H. bulbosum* معنوياً على كافة الطرز المدروسة (98.2 و 96.459 سم على التوالي) مع عدم وجود فروق معنوية بينهما، في حين كانت الطرز سلمية *H. spontaneum* و طرطوس *H. spontaneum* الأدنى معنوياً (19.155 و 22.311 سم على التوالي) ، وهذا يتوافق مع ما توصل إليه Ceccarelli وزملاؤه (2000)؛ التمو (2007) حول صفة ارتفاع النبات في الأصل البري مقارنة بالأنواع المزروعة، ويعزى بشكل عام تراجع طول النبات تحت تأثير الجفاف إلى تراجع طول السلاميات وليس انخفاض عددها.

تبرز أهمية هذه صفة من كونها أحد العوامل التي تساهم في زيادة كمية المادة العلفية (جنيدان، 2009)، إنَّ الطرز الوراثية الطويلة (ضمن الحدود المثلى 70-100 سم) ذات النمو الخضري الجيد لها فوائد كبيرة تتمثل في قدرتها على تصنيع كميات كبيرة من نواتج عملية التمثيل الضوئي، وتزويد الحبوب بهذه المدخرات عند الحاجة، أو في الظروف غير الملائمة للنمو، حيث أنَّ صفة ارتفاع النبات تحدد الكتلة الحيوية الهوائية ومن ثمَّ الغلَّة الحيويَّة Biological Yield التي تُعد من أهم العوامل الفيزيولوجية المحددة للغلَّة الحبيَّة (Gifford وزملاؤه، 1984؛ سعود، 2015؛ التومي، 2012؛ إشر، 2009)، أمَّا الطرز الوراثية ذات السوق القصيرة فهي ليست قادرة على تخزين المواد المُصنَّعة بكميات كبيرة، ما يجعلها ضعيفة الأداء في الزراعات المطرية، وبخاصة خلال السنوات الجافة (Pagnotta وزملاؤه، 2009؛ Najaphy وزملاؤه، 2012). وهناك علاقة مهمة بين ارتفاع النبات والغلَّة الحبية في الزراعات المروية، حيث أنَّه عندما يكون الطراز الوراثي ذو ساق قصير فإنَّ استتالة الخلايا تأخذ اتجاه أكبر للنمو العرضي، أي ستزداد ثخانة الساق، ونتيجةً لزيادة عدد الخلايا في الحزم الوعائية للساق سيتم اختزان نواتج التمثيل الضوئي فيها، ومن ثم ستستخدم خلال مرحلة امتلاء الحبوب، وبالتالي سيزداد حجم الحبوب ووزنها، بالإضافة إلى أنَّ الطرز الوراثية ذات السوق القصيرة تكون أكثر مقاومة لظاهرة الرقاد.

الجدول 7 متوسط ارتفاع النبات سم في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط ارتفاع النبات (سم)
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	98.200 ^a
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	96.489 ^a
طرطوس مزروع	87.400 ^b
عربي أسود	79.400 ^c
عربي أبيض	76.800 ^c
سلمية <i>H. bulbosum</i>	66.222 ^d
فرات 9	58.433 ^e
فرات 7	57.300 ^e
فرات 6	55.967 ^e
دمشق <i>H. spontaneum</i>	38.900 ^f
فرات 3	38.500 ^f
سلمية مزروع	38.267 ^f
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	22.311 ^g
سلمية <i>H. spontaneum</i>	19.155 ^g
المتوسط العام	59.524
%C.V	6.717
L.S.D	6.710

2- وزن النبات (غ) Plant Weight

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في وزن النبات بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (8)، حيث كان الطراز طرطوس مزروع الأعلى معنوياً في صفة وزن النبات (15.278 غ) دون فروقات معنوية مع الطرازين عربي أبيض وعربي أسود (13.490 و 13.290 غ) على التوالي ودون أن تكون بينهما فروقات، في حين كانت الطرز سلمية *H. spontaneum* و طرطوس *H. spontaneum* و دمشق *H. spontaneum* وسلمية مزروع الأدنى معنوياً (2.441 و 2.571 و 2.610 و 2.544 غ على التوالي) دون وجود فروق معنوية بينها.

الجدول 8 متوسط وزن النبات (غ) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط وزن النبات (غ)
طرطوس مزروع	15.278 ^a
عربي أبيض	13.490 ^{ab}
عربي أسود	13.290 ^{ab}
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	11.290 ^{abc}
فرات 6	9.500 ^{bcd}
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	9.378 ^{bcd}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	9.256 ^{bcd}
فرات 3	7.700 ^{cde}
فرات 9	6.200 ^{def}
فرات 7	3.644 ^{ef}
سلمية مزروع	3.544 ^{ef}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	2.610 ^f
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	2.571 ^f
سلمية <i>H. spontaneum</i>	2.441 ^f
المتوسط العام	7.870
%C.V	37.759
L.S.D	4.988

3- عدد الإشطاءات الكلية (إشطاء. نبات⁻¹) Number of Total Tillers

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في عدد الإشطاءات الكلية بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (9)، ويلاحظ تفوق الطرز ريف دمشق *H. spontaneum* معنوياً على كافة الطرز المدروسة من حيث عدد الإشطاءات الكلية حيث بلغ المتوسط (15 إشطاء نبات⁻¹)، في حين كانت الطرز طرطوس *H. bulbosum* و سلمية مزروع و سلمية *H. bulbosum* الأدنى معنوياً (1.711 و 2.056 و 2.756 إشطاء نبات⁻¹) على التوالي مع عدم وجود فروق معنوية بين الطرز المذكورة.

تُعد صفة عدد الإشطاءات الكلية من الصفات المرتبطة بالغلة الحبيّة (Raina وزملاؤه، 2001)، إذا تحوّلت جميعها إلى إشطاءات مثمرة، لكن زيادتها عن الحدود المثالية تُسبب استهلاك كميات إضافية من المادة الجافة وتقليل كمية نواتج التمثيل الضوئي المتاحة خلال مرحلة النمو الثمري مسبباً انخفاض الغلة النهائية ومكوناتها، لذلك يتم الانتخاب عادةً لتشكيل عدد أقل من الإشطاءات

ضمن ظروف الزراعة المطرية، أو عدداً أكبر شريطة أن تتشكل كل تلك الإشطاعات خلال مرحلة 4-6 أوراق حقيقية من حياة النبات (جنود، 2007، العودة، 2005).

تؤدي زيادة عدد الاشطاعات إلى زيادة اعتراض أشعة الشمس وكفاءة استخدامها، مما يزيد من عدد هذه الاشطاعات، وبذلك تزداد حالة المنافسة بين الساق والاشطاعات المتكونة وبين الاشطاعات نفسها لتوفير الدعم الغذائي اللازم لنمو وتكوين عدد أكبر من الاشطاعات المثمرة بالتالي عدد السنايل.م2.

الجدول 9 متوسط عدد الإشطاعات الكلية (إشطاء. نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط عدد الإشطاعات الكلية
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	15.000 ^a
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	11.533 ^{ab}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	8.000 ^{bc}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	7.033 ^{bcd}
عربي أبيض	5.100 ^{cde}
فرات 7	4.633 ^{cde}
فرات 6	4.367 ^{cde}
فرات 9	4.118 ^{cde}
عربي أسود	4.000 ^{cde}
فرات 3	3.833 ^{cde}
طرطوس مزروع	3.267 ^{de}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	2.756 ^e
سلمية مزروع	2.056 ^e
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	1.711 ^e
المتوسط العام	5.529
%C.V	29.106
L.S.D	4.556

4- عدد الإشطاءات المثمرة في النبات (سنبلة.نبات¹⁻) Number of Fertile Tillers

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في عدد الإشطاءات المثمرة بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (10)، ويلاحظ تفوق الطرز ريف دمشق *H. spontaneum* معنوياً على كافة الطرز المدروسة في صفة عدد الإشطاءات المثمرة (12 إشةا مثمر.نبات¹⁻)، في حين كانت الطرز سلمية مزروع و طرطوس *H. bulbosum* و سلمية *H. bulbosum* الأدنى معنوياً (1.286 و 1.333 و 2.182 إشةا مثمر.نبات¹⁻) على التوالي دون وجود فروق معنوية بينها، عموماً كان عدد الإشةاات المثمرة والكلية أعلى في الأصول البرية بالمقارنة مع الأنواع المزروعة. وهذا يتوافق مع ما بينه Ceccarelli (1989) حول صفة زيادة عدد الإشةاات في الشعير البري *H. spontaneum* وأهمية هذه الصفة في تحسين الشعير المزروع. يختلف عدد الإشةاات المثمرة عموماً باختلاف الطرز الوراثية (Rabbani، 2009)، ويمكن أن يعزى التباين بين الطرز الوراثية في متوسط عدد الإشةاات المثمرة (السنايل) إلى التباين في حجم المصدر وكفاءته في تصنيع المادة الجافة، حيث يتحدد عدد الإشةاات المثمرة (السنايل) في النبات خلال مرحلة 4-6 أوراق حقيقية، وهذا يتوقف على الطاقة الإشةائية للطراز الوراثي، وقدرته على تحويل الإشةاات الخضرية إلى نظيراتها المثمرة خلال مرحلة التسنبل، وهذا يتوقف بدوره على حجم المصدر Source size، ومدى توافر كمية كافية من نواتج التمثيل الضوئي، وكمية كافية من المياه خلال فترة تحول الإشةاات الخضرية إلى مثمرة (Alley وزملاؤه، 1999). تُعدّ صفة عدد الإشةاات المثمرة من مكونات الغلة الحبية المهمة المؤثرة في زيادة الغلة الحبية في المحاصيل النجيلية، لذا فإن الاختلافات الوراثية بين الطرز المدروسة في هذه الصفة توافر مادة أولية لعمل المربي، ويمكن أن يكون لهذه التباينات أهمية كبيرة في تحديد الطراز الأفضل لاستخدامه في برامج التربية والتحسين الوراثي. وقد بينت العديد من الدراسات إمكانية توظيف صفة عدد الإشةاات المثمرة في النبات كمعيار جيد للانتخاب لصفة الغلة الحبية تحت ظروف الزراعة المطرية، حيث لا تستطيع جميع الإشةاات تكوين سنايل، لأنّ عدداً منها يموت قبل التسنبل. يُعدّ معامل الإشةا الإنتاجي (المثمر) من عناصر الغلة الحبية الرئيسة، حيث ترتبط الغلة الحبية ارتباطاً إيجابياً مع عدد الإشةاات المثمرة (Waqas، 2006).

الجدول 10 متوسط عدد الإشطاعات المثمرة في النبات (إشطاء مثمر. نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط عدد الإشطاعات المثمرة
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	12.000 ^a
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	10.244 ^{ab}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	6.955 ^{bc}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	6.100 ^{bcd}
عربي أبيض	4.500 ^{cde}
فرات 6	4.033 ^{cde}
فرات 3	3.654 ^{cde}
فرات 7	3.629 ^{cde}
فرات 9	3.622 ^{cde}
عربي أسود	3.500 ^{cde}
طرطوس مزروع	3.200 ^{cde}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	2.182 ^{ed}
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	1.333 ^e
سلمية مزروع	1.286 ^e
المتوسط العام	4.731
%C.V	24.938
L.S.D	4.362

5- طول السنبل الرئيسية (سم) Main Spike Length

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في صفة طول السنبل الرئيسية بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (11)، حيث كان الطراز ريف دمشق *H. spontaneum* الأعلى معنوياً (8.940 سم) ودون فروقات معنوية مع العديد من الطرز المدروسة، في حين كان الطرازين طرطوس *H. spontaneum* و دمشق *H. spontaneum* الأدنى معنوياً (3.167 و 3.533 سم على التوالي).

يُعد كل من حامل السنبل وطول السنبل الرئيسية من الصفات المهمة في النبات، والمرتبطة بالغلة النهائية. حيث بين Hafs وزملاؤه (2001) عند دراسته للتفاعل الوراثي لصفة الغلة الحبيبة أن طول السنبل الرئيسية ارتبط بشكلٍ موجبٍ ومعنوي مع الغلة الحبيبة.

يرتبط طول السنبل إيجابياً بعدد الحبوب في السنبل وهو من أهم مكونات الغلة الحبيبة (التمو، 2007). وقد أشار Hsu و Walton (1971) أن طول السنبل وعرضها يشاركان بشكلٍ فعالٍ في تحديد مكونات الغلة الحبيبة. وعزى ذلك للمشاركة الإيجابية لهما في زيادة المساحة الخضراء، ودفع

النبات نحو زيادة معدلات التمثيل الضوئي، وبالتالي توفير المركبات اللازمة لتكوين الحبوب في السنبلية وزيادة وزنها، وتؤدي زيادة طول السنبلية إلى زيادة عدد السنبيلات الخصبة Fertile spikelete ، وزيادة عدد الحبوب المتشكلة في السنبلية (العودة، 2005).

يؤدي طول السنبلية في الشعير دوراً مهماً في تحديد العدد النهائي للحبوب في السنبلية الواحدة، حيث ترتبط زيادة طول محور السنبلية جزئياً بزيادة عدد الحبوب المتشكلة على طوله، وذلك في حال توافر كمية جيدة وكافية من المادة الجافة خلال مرحلة تشكل السنبال وتطورها، وذلك لزيادة نسبة عدد الأزهار الخصبة Fertile flowers بالمقارنة مع الأزهار العقيمة، وبالتالي زيادة متوسط عدد الحبوب في السنبلية الواحدة.

وقد ظهر بالمشاهدات الحقلية أن السنبلية في جميع الأصول البرية منحنية قليلاً باتجاه الأسفل على شكل قوس ومحور السنبلية هش وضعيف سرعان ما تنفطر الحبوب عند النضج، في حين كانت السنبلية منتصبة للأعلى في الأصناف المحلية ومحور السنبلية قوي قادر على حمل الحبوب عند النضج، وتتوافق النتائج مع ما وجدته Ceccarelli (1984) في أن الشعير التلقائي *H. spontaneum* يتميز بسنبلة ضعيفة المحور.

الجدول 11 متوسط طول السنبلية الرئيسية (سم) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط طول السنبلية الرئيسية (سم)
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	8.940 ^a
فرات 6	7.933 ^{ab}
عربي أسود	7.700 ^{ab}
عربي أبيض	7.500 ^{abc}
فرات 9	6.953 ^{abcd}
فرات 3	6.433 ^{abcd}
فرات 7	6.167 ^{abcd}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	6.067 ^{abcd}
طرطوس مزروع	6.033 ^{abcd}
سلمية مزروع	5.913 ^{abcd}
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	5.016 ^{abcd}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	4.378 ^{bcd}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	3.533 ^{cd}
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	3.167 ^d
المتوسط العام	6.123
%C.V	22.209
L.S.D	4.123

6- وزن السنبل الرئيسية (غ) Main Spike Weight

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في وزن السنبل الرئيسية بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (12)، حيث كان وزن السنبل الرئيسية الأعلى معنوياً لدى الطرازين طرطوس مزروع و فرات 3 (2.835 و 2.678 غ) على التوالي دون وجود فروق معنوية بينها من جهة ومع العديد من الطرز المدروسة من جهة أخرى ، في حين كان الطراز طرطوس *H. spontaneum* و طرطوس *H. bulbosum* و سلمية *H. bulbosum* و سلمية *H. spontaneum* الأدنى معنوياً (0.067 و 0.167 و 0.215 و 0.234 سم) على التوالي دون وجود فروق معنوية بينها وبين العديد من الطرز المدروسة.

يمكن أن يُعزى التباين في وزن السنبل الرئيسية إلى التباين في قطر الساق وثخانتها، حيث كان متوسط وزن السنبل الرئيسية الأعلى معنوياً لدى الطرز المتفوقة في قطر الساق الكلّي وثخانتها، حيث تؤدي زيادة قطر الساق وثخانتها إلى ضمان وصول كمية أكبر من نواتج التمثيل الضوئي إلى الحبوب، خلال المراحل الأخيرة من امتلاء الحبة، لأنّ عملية نقل نواتج التمثيل الضوئي من الساق إلى الحبوب في النباتات المجهدّة أكثر تحملاً للجفاف من عملية نقلها من الأوراق إلى الحبوب.

الجدول 12 متوسط وزن السنبل الرئيسية في الطرز الوراثية المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط وزن السنبل الرئيسية (غ)
طرطوس مزروع	2.835 ^a
فرات 3	2.678 ^a
فرات 6	2.228 ^{ab}
فرات 9	2.083 ^{ab}
عربي أبيض	1.950 ^{ab}
عربي أسود	1.820 ^{ab}
فرات 7	1.800 ^{ab}
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	1.477 ^{ab}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	1.151 ^{ab}
سلمية مزروع	0.628 ^{ab}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	0.234 ^b
سلمية <i>H. bulbosum</i>	0.215 ^b
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	0.167 ^b
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	0.067 ^b
المتوسط العام	1.380
%C.V	25.654
L.S.D	2.216

7- عدد الحبوب في السنبلّة الرئيسيّة (حبة. سنبلّة⁻¹) Number of grains per spike

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في عدد الحبوب في السنبلّة الرئيسيّة بين الطرز الوراثيّة المدروسة الجدول (13)، حيث كان الطرز طرطوس مزروع الأعلى معنوياً (34.067 حبة. سنبلّة⁻¹)، في حين كانت الطرازين طرطوس *H. spontaneum* و سلمية *H. bulbosum* الأدنى معنوياً (6.689 و 10.600 حبة. سنبلّة⁻¹) على التوالي ودون وجود فروقات معنوية بينهما.

يُعزى التباين في متوسط عدد الحبوب في السنبلّة الرئيسيّة بين الطرز الوراثيّة إلى التباين في متوسط طول السنبلّة الرئيسيّة، حيث يُلاحظ بشكل عام أنّ الطرز من كلا النوعين التي كان فيها متوسط طول السنبلّة الرئيسيّة معنوياً أعلى قد شكلت معنوياً عدداً أكبر من الحبوب في السنبلّة، ما يشير إلى أهمية الانتخاب لزيادة طول السنبلّة الرئيسيّة، وعدد السنابل لزيادة عدد الحبوب في النبات من ثمّ وحدة المساحة من الأرض.

يُعدّ عدد الحبوب في السنبلّة من أكثر مكونات الغلة الحبيّة أهميّة في النجيليات، ويُعزى التراجع في الغلة الحبيّة ضمن ظروف الزراعة المطريّة إلى تراجع عدد الحبوب المتشكّلة في النبات الواحد، حيث يؤثر نقص الماء المترافق مع الحرارة المرتفعة سلباً في حيوية حبوب اللقاح، ولزوجة المياسم ونسبة الإخصاب والعقد.

الجدول 13 متوسط عدد الحبوب في السنبلّة الرئيسيّة (حبة. سنبلّة⁻¹) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط عدد الحبوب السنبلّة الرئيسيّة
طرطوس مزروع	34.067 ^a
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	28.300 ^b
عربي أبيض	26.400 ^b
عربي أسود	25.300 ^b
فرات 6	23.767 ^{bc}
فرات 9	18.633 ^{cd}
فرات 7	16.633 ^{de}
فرات 3	16.033 ^{def}
سلمية مزروع	15.366 ^{def}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	14.511 ^{def}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	11.167 ^{efg}
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	10.956 ^{efg}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	10.600 ^{fg}
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	6.689 ^g
المتوسط العام	18.458
%C.V	18.577
L.S.D	5.755

8- وزن الحبوب في السنبل الرئيسية (غ)

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في وزن الحبوب في السنبل الرئيسية بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (14)، ويلاحظ تفوق الطرازين طرطوس مزروع وفرات 3 معنوياً في هذه الصفة (2.731 و 2.672 غ) على التوالي دون وجود فروق معنوية فيما بينها، في حين كان الطرز طرطوس *H. spontaneum* و سلمية *H. bulbosum* و طرطوس *H. bulbosum* وسلمية *H. spontaneum* الأدنى معنوياً من حيث وزن الحبوب في السنبل الرئيسية حيث بلغ المتوسط وزن السنبل الرئيسية 0.032 و 0.051 و 0.069 و 0.076 غ على التوالي مع ذكر عدم وجود فروق معنوية فيما بينها.

الجدول 14 متوسط وزن الحبوب في السنبل الرئيسية (غ) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط وزن الحبوب السنبل الرئيسية (غ)
طرطوس مزروع	2.731 ^a
فرات 3	2.672 ^a
فرات 6	1.790 ^{ab}
فرات 7	1.580 ^{ab}
فرات 9	1.572 ^{ab}
عربي أبيض	1.488 ^{ab}
عربي أسود	1.483 ^{ab}
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	1.400 ^{ab}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	1.119 ^{ab}
سلمية مزروع	0.630 ^{ab}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	0.076 ^b
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	0.069 ^b
سلمية <i>H. bulbosum</i>	0.051 ^b
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	0.032 ^b
المتوسط العام	1.192
%C.V	30.672
L.S.D	2.314

9- عدد الحبوب في النبات (حبة. نبات¹⁻) Number of grains per plant

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في عدد الحبوب في النبات كاملاً بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (15)، حيث لوحظ تفوق الطرازين عربي أسود و عربي أبيض معنوياً (289.4 و 285.3 حبة نبات¹⁻) على التوالي دون وجود فروق معنوية فيما بينها ، في حين كانت الطرز طرطوس *H. bulbosum* و سلمية *H. bulbosum* و سلمية مزروع الأدنى معنوياً في هذه الصفة (21.489 و 24.467 و 33.322 حبة نبات¹⁻) على التوالي دون وجود فروقات معنوية بينها.

تُعد صفة عدد الحبوب في النبات من الصفات المهمة التي تؤدي إلى تحسين وزيادة الغلة وخاصةً إذا ما ترافق ذلك مع زيادة في حجم الحبوب، علماً أنه تتجلى أهمية الانتخاب لهذه الصفة كونها ذات قابلية توريث عالية (العودة وخيتي، 2008).

وتخضع صفة عدد الحبوب في النبات لمجموعة من العوامل الوراثية، بالإضافة لتأثرها بدرجة كبيرة بالعوامل البيئية المحيطة، حيث يتحكم بها عدد كبير من المورثات، على اعتبار أنها أحد الصفات الكمية المهمة، التي تؤدي إلى زيادة الإنتاج.

إنَّ لصفة وزن الحبوب في النبات أهمية كبيرة في زيادة الإنتاجية، حيث أنَّ زيادة عدد الحبوب في وحدة المساحة تؤدي إلى زيادة غلة المحصول الحبية، مالم يتراجع وزن الحبة الواحدة، لأنَّ الغلة الحبية تتحدد بمكوني الغلة العددية، وهما متوسط عدد الحبوب في وحدة المساحة، ومتوسط وزن الحبة الواحدة (Slafer وزملاؤه، 1990).

الجدول 15 متوسط عدد الحبوب (حبة. نبات¹⁻) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط عدد الحبوب في النبات كاملاً
عربي أبيض	289.400 ^a
عربي أسود	285.300 ^a
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	228.300 ^b
سلمية <i>H. spontaneum</i>	105.978 ^c
طرطوس مزروع	92.667 ^{cd}
فرات 6	81.633 ^d
فرات 3	52.967 ^e
دمشق <i>H. spontaneum</i>	46.833 ^{ef}
فرات 9	43.233 ^{ef}
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	43.178 ^{ef}
فرات 7	41.300 ^{ef}
سلمية مزروع	33.322 ^{fg}
سلمية <i>H. bulbosum</i>	24.467 ^g
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	21.489 ^g
المتوسط العام	99.290
%C.V	9.077
L.S.D	15.128

10- وزن الحبوب في النبات (غ) :

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في وزن الحبوب في النبات بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (16)، ويلاحظ تفوق الطرز عربي أسود و عربي أبيض وريف دمشق *H. spontaneum* معنوياً على كافة الطرز المدروسة من حيث وزن الحبوب في النبات (10.1 و 9.7 و 8.5 غ) على التوالي دون وجود فروق معنوية فيما بينها ، في حين كانت الطرز طرطوس *H. bulbosum* و سلمية *H. bulbosum* و طرطوس *H. spontaneum* و سلمية *H. spontaneum* الأدنى معنوياً (0.063 و 0.065 و 0.124 و 0.313 غ) على التوالي دون وجود فروق معنوية فيما بينها.

الجدول 16 متوسط وزن الحبوب في النبات (غ) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط وزن الحبوب (غ)
عربي أبيض	10.100 ^a
عربي أسود	9.700 ^a
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	8.500 ^a
طرطوس مزروع	4.065 ^b
فرات6	2.738 ^{bc}
فرات3	2.449 ^{bcd}
فرات9	2.087 ^{bcd}
فرات7	1.692 ^{bcd}
دمشق <i>H. spontaneum</i>	1.154 ^{cd}
سلمية مزروع	0.785 ^{cd}
سلمية <i>H. spontaneum</i>	0.313 ^d
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	0.124 ^d
سلمية <i>H. bulbosum</i>	0.065 ^d
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	0.063 ^d
المتوسط العام	3.131
%C.V	26.093
L.S.D	2.422

11- وزن 1000 حبة (غ) 1000- Kerenel Weight

أوضحت نتائج التحليل الإحصائي وجود فروق معنوية ($P \leq 0.05$) في وزن 1000 حبة بين الطرز الوراثية المدروسة الجدول (17)، ويلاحظ تفوق الطراز طرطوس مزروع معنوياً على كافة الطرز المدروسة (51.007 غ)، في حين كانت الطرز سلمية *H. spontaneum* و طرطوس *H. spontaneum* و سلمية *H. bulbosum* و دمشق *H. spontaneum* و طرطوس *H. bulbosum* الأدنى معنوياً في صفة وزن 1000 حبة في النبات (3.712 و 4.002 و 4.486 و 4.748 و 6.562 غ) على التوالي دون وجود فروق معنوية فيما بينها.

يُعبّر متوسط وزن الألف حبة عن درجة امتلاء الحبوب، وتُعدّ هذه الصفة أحد العناصر الرئيسية المُحددة للغلة الحبية، حيث تؤدي زيادتها إلى تحسين الغلة وزيادتها. وقد أشار Lopez-Castaneda وزملاؤه (1996) إلى أهمية الحبوب كبيرة الحجم في مقاومة الإجهادات اللاأحيائية وبخاصة الجفاف لدى محاصيل الحبوب، حيث وُجد علاقة قوية بين حجم الجنين ووزن الحبة، وأضاف بأن الجنين

الأكبر حجماً يرتبط بنمو جذري وخضري أقوى، ويمكن للحبوب كبيرة الحجم عند الزراعة أن تسهم في زيادة مقاومة الإجهادات، حيث يمكن زراعتها على أعماق أكبر لتأمين الرطوبة اللازمة لإنبات البذور وظهور البادرات فوق سطح التربة، وبخاصة في حال وجود سويقة جنينية طويلة نسبياً.

الجدول 17 متوسط وزن 1000 حبة (غ) في طرز الشعير المدروسة

الطرز المدروسة	متوسط وزن 1000 حبة (غ)
طرطوس مزروع	51.007 ^a
عربي أسود	44.700 ^b
سلمية مزروع	42.616 ^{bc}
فرات 3	40.518 ^c
عربي أبيض	40.500 ^c
فرات 6	39.800 ^{cd}
فرات 9	36.088 ^{de}
فرات 7	34.742 ^e
ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	32.800 ^e
طرطوس <i>H. bulbosum</i>	6.562 ^f
دمشق <i>H. spontaneum</i>	4.748 ^f
سلمية <i>H. bulbosum</i>	4.486 ^f
طرطوس <i>H. spontaneum</i>	4.002 ^f
سلمية <i>H. spontaneum</i>	3.712 ^f
المتوسط العام	27.591
%C.V	9.014
L.S.D	4.174

ثانياً: علاقات الارتباط البسيط بين الطرز المدروسة

يشير الارتباط إلى العلاقة الموجودة بين متغيرين أو أكثر، ويمكن من خلال معامل الارتباط معرفة مدى التغيير الذي يحدث في إحدى الصفات والذي يؤدي إلى تغيير في الصفة الأخرى باتجاه طردي (ارتباط موجب)، أو عكسي (ارتباط سالب).

تبدى المورثات الواقعة على الصبغي الواحد درجة من الارتباط عند توريثها من جيل إلى آخر، ويقسم إلى الارتباط المظهري الذي يقيس درجة العلاقة بين التباينات المظهرية Phenotypic variations، والارتباط الوراثي Genetic variations الذي يقيس العلاقة بين التباينات الوراثية بين صفتين في مجتمع ما (شيخموس، 2009).

وقد تم ترتيب علاقات الارتباط بين الصفات المدروسة حسب قوتها ومعنويتها في الجدول (18).

❖ **وزن النبات:** لوحظ وجود علاقة ارتباط معنوية موجبة عند مستوى 1% مع صفات طول النبات ($r=0.82$) وصفة طول السنبة الرئيسية ($r=0.66$) وصفة عدد الحبوب السنبة الرئيسية ($r=0.78$) وصفة وزن الحبوب في النبات ($r=0.71$) في حين كانت علاقة الارتباط معنوية موجبة عند مستوى 5% مع صفتي عدد الحبوب في النبات ($r=0.61$) وصفة وزن 1000 حبة ($r=0.54$).

❖ **طول النبات:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى 5% مع صفات طول السنبة الرئيسية ($r=0.61$) وصفة عدد الحبوب في السنبة الرئيسية ($r=0.60$) وصفة وزن الحبوب في النبات ($r=0.56$) عند مستوى معنوية 1%، وبالتالي كلما زاد طول الساق زاد معه طول السنبة وبالتالي زاد طول النبات (شيخموس، 2009). حيث تؤدي زيادة ارتفاع النبات ضمن الحدود المثلى (70 - 100 سم) إلى زيادة عدد الأوراق المتشكلة على العقد الساقية، وبالتالي زيادة مساحة المسطح الورقي الأخضر الفعال في عملية التمثيل الضوئي، وزيادة كمية المادة الجافة المتشكلة والمسخرة لنمو الأجزاء النباتية، مما ينعكس إيجاباً على مكونات الغلة.

❖ **طول السنبة الرئيسية:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى 5% مع صفات وزن السنبة الرئيسية ($r=0.58$) وصفة عدد الحبوب في النبات ($r=0.58$) في حين كانت علاقة الارتباط معنوية موجبة عند مستوى 1% مع صفات عدد الحبوب في السنبة الرئيسية ($r=0.73$) وصفة وزن الحبوب في النبات ($r=0.71$) وصفة وزن 1000 حبة ($r=0.71$).

❖ **عدد الإشتاءات الكلية:** لدى دراسة علاقات الارتباط بين صفة عدد الإشتاءات الكلية والصفات المدروسة لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى معنوية 1% مع صفة عدد الإشتاءات المثمرة ($r=0.99$) فقط، حيث يؤدي ازدياد حجم المسطح الورقي الأخضر الفعال في عملية التمثيل الضوئي، إلى زيادة كمية المادة الجافة المصنعة والمتاحة خلال مرحلة تطور

الإشطاءات الخضرية ومن ثم زيادة نسبة تحول الإشطاءات الخضرية إلى مثمرة، وخاصة الإشطاءات التي تشكلت خلال مراحل مبكرة من حياة النبات 4-6 (أوراق حقيقية) وبالتالي زيادة مكونات الغلة الحبية.

❖ **وزن السنبل الرئيسية:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى معنوية 1% مع صفات عدد الحبوب في السنبل الرئيسية ($r=0.73$) وصفة وزن الحبوب في السنبل الرئيسية ($r=0.98$) وصفة وزن 1000 حبة ($r=0.83$).

❖ **عدد الحبوب في السنبل الرئيسية:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى معنوية 1% مع صفات وزن الحبوب في السنبل الرئيسية ($r=0.70$) وصفة وزن الحبوب في النبات ($r=0.76$) وصفة وزن 1000 حبة ($r=0.78$) على التوالي في حين كانت علاقة الارتباط معنوية موجبة عند مستوى 5% مع صفة عدد الحبوب في النبات ($r=0.65$). حيث يسهم توافر كمية كافية من المياه خلال مرحلة الإزهار في زيادة نسبة التلقيح والإخصاب والعقد، ما يؤدي إلى زيادة عدد الحبوب المتشكلة في السنبل، وتضمن إتاحة المادة الجافة من جهة وكمية كافية من المياه خلال فترة امتلاء الحبوب Grain filling stage وزيادة كفاءة نقل نواتج التمثيل الضوئي من المصدر إلى الحبوب ، ما يؤدي إلى زيادة معدل تراكم البروتينات Proteins accumulation وادخار النشاء Starch deposition في الحبوب خلال مرحلة النضج الفزيولوجي، ما يسهم في زيادة درجة امتلاء الحبوب المتشكلة ووزنها (العودة، 2005).

❖ **وزن الحبوب في السنبل الرئيسية:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى معنوية 1% مع صفة وزن 1000 حبة ($r=0.80$).

❖ **وزن الحبوب في النبات:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة وعند مستوى معنوية 1% مع صفة عدد الحبوب في النبات كاملاً ($r=0.95$).

❖ **وزن 1000 حبة:** لوحظ وجود علاقات ارتباط معنوية موجبة عند مستوى معنوية 1% مع صفة طول السنبل الرئيسية ($r=0.71$) وصفة وزن السنبل الرئيسية ($r=0.83$) وصفة عدد الحبوب في السنبل الرئيسية ($r=0.78$) وصفة وزن الحبوب في السنبل الرئيسية ($r=0.80$)، وعند مستوى 5% مع صفة وزن النبات ($r=0.54$)، وتشير النتائج إلى أهمية المحافظة على حجم المصدر لزيادة كمية الأشعة الضوئية الفعالة في عملية التمثيل الضوئي، ومن ثم زيادة الكمية المادة الجافة المصنعة وبخاصة في مرحلة ما بعد الإزهار حيث يساعد في زيادة نسبة الزهيرات الخصبة المتشكلة في السنبل والنبات بالإضافة إلى زيادة درجة امتلاء الحبوب ومن ثم متوسط وزن الألف حبة وبخاصة في حال توافر المياه خلال مرحلة امتلاء الحبوب لزيادة كفاءة نقل نواتج التمثيل الضوئي من المصدر (الساق والأوراق) إلى المصب (الحبوب) (العودة، 2016).

وانسجمت هذه النتائج مع ما ذكره عدد من الباحثين منهم (عباس وزملاؤها، 2009؛ Adams و Grafius، 1971؛ Mc Neal وزملاؤه، 1978؛ Darwinkle، 1978؛ Ledent و Moss، 1979؛ Cantrell و Haro-Arias، 1986؛ Amin وزملاؤه، 1992) الذين أشاروا إلى أن العلاقة السالبة بين مكونات الغلة تعد ظاهرة عامة في محاصيل الحبوب.

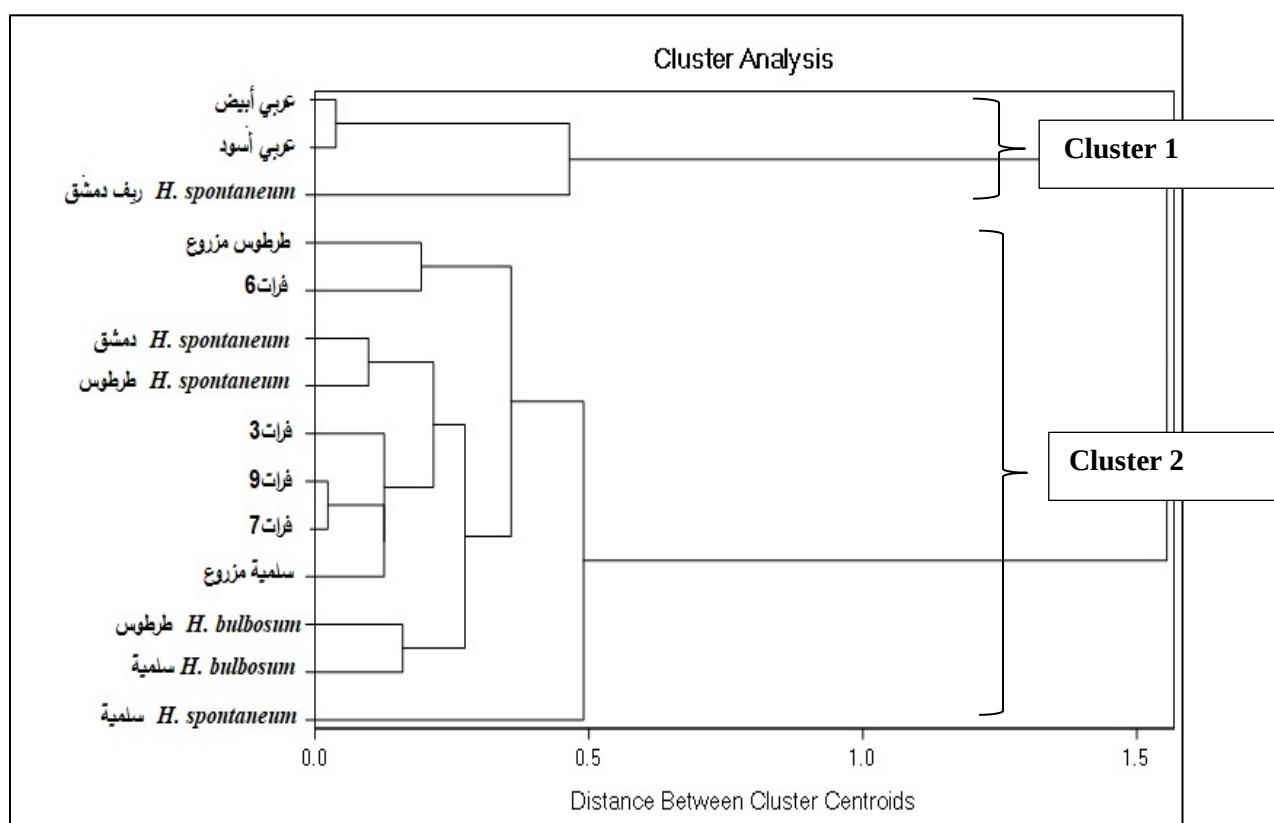
الجدول 18 علاقات الارتباط البسيط بين مختلف الصفات المدروسة لدى طرز الشعير

وزن 1000 حبة	عدد الحبوب في النبات	وزن الحبوب في النبات	وزن السنبل في السنبل الرئيسية	عدد الحبوب في السنبل الرئيسية	وزن السنبل الرئيسية	عدد الإشطاعات المثمرة	عدد الإشطاعات الكلية	طول السنبل الرئيسية	طول النبات	وزن النبات
وزن النبات										1.00
طول النبات									1.00	0.82**
طول السنبل الرئيسية								1.00	0.61*	0.66**
عدد الإشطاعات الكلية							1.00	-0.009 ^{ns}	-0.10 ^{ns}	-0.17 ^{ns}
عدد الإشطاعات المثمرة						1.00	0.99**	-0.04 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	-0.17 ^{ns}
وزن السنبل الرئيسية					1.00	-0.15 ^{ns}	-0.18 ^{ns}	0.58*	0.28 ^{ns}	0.51 ^{ns}
عدد الحبوب في السنبل الرئيسية				1.00	0.73**	0.03 ^{ns}	0.03 ^{ns}	0.73**	0.60*	0.78**
وزن الحبوب في السنبل الرئيسية		1.00	0.70**		0.98**	-0.11 ^{ns}	-0.14 ^{ns}	0.51 ^{ns}	0.25 ^{ns}	0.48 ^{ns}
وزن الحبوب في النبات	1.00	0.44 ^{ns}		0.76**	0.50 ^{ns}	0.21 ^{ns}	0.22 ^{ns}	0.71**	0.56**	0.71**
عدد الحبوب في النبات		0.95**	0.24 ^{ns}		0.30 ^{ns}	0.30 ^{ns}	0.30 ^{ns}	0.58*	0.43 ^{ns}	0.61*
وزن 1000 حبة	0.40 ^{ns}	0.58 ^{ns}	0.80**	0.78**	0.83**	-0.26 ^{ns}	-0.26 ^{ns}	0.71**	0.34 ^{ns}	0.54*

(*) ، (**) الارتباط معنوي على مستوى 5%، 1% على الترتيب. ns لا يوجد ارتباط ، + ارتباط إيجابي، - ارتباط سلبي.

ثالثاً - شجرة القرابة الشكلية والفروقات المظهرية بين الطرز المدروسة

يظهر الشكل (3) شجرة القرابة الموفولوجية لطرز الشعير المدروسة بناء على الصفات الشكلية المدروسة، حيث انقسمت هذه الطرز إلى فرعين ضمّ الفرع الأول الطرز (ريف دمشق *H. spontaneum*، عربي أسود ، عربي أبيض)، في حين ضم الفرع الثاني باقي الطرز المدروسة والذي انقسم بدوره إلى تحت فرعين ضمّ تحت الفرع الأول الطراز (سلمية *H. spontaneum*) وضمّ تحت الفرع الثاني باقي الطرز والذي انقسم إلى مجموعتين ضمت المجموعة الأولى الطرز (فرات 6، طرطوس مزروع) بينما ضمت المجموعة الثانية باقي الطرز والتي انتقسمت إلى تحت مجموعتين ضمت تحت المجموعة الأولى الطرز (سلمية *H. bulbosum* ، طرطوس *H. bulbosum*) بينما ضمت تحت المجموعة الثانية الطرز (سلمية مزروع ، فرات 3 ، فرات 7 ، فرات 9 ، طرطوس *H. spontaneum* ، ريف دمشق *H. spontaneum*).



الشكل 3 شجرة القرابة الشكلية بين الطرز المدروسة

كما تظهر معطيات الجدول (19) الفروق بين طرز الشعير المدروسة من حيث تفوقها في الصفات الشكلية المدروسة تحت الظروف البيئية المختلفة، ووفقاً لمعطيات هذا الجدول نجد أن الطراز طرطوس مزروع قد تفوق في خمس صفات شكلية وهي (وزن النبات - وزن السنبل الرئيسية - عدد الحبوب في السنبل الرئيسية - وزن الحبوب في السنبل الرئيسية - وزن 1000 حبة) ، في حين تفوق

الطرارز ريف دمشق *H. spontaneum* في أربع صفات شكلية وهي (طول النبات - طول السنبلية الرئيسية - عدد الإشطاءات الكلية - عدد الإشطاءات المثمرة) ، كما تفوق الطراز عربي أسود في صفتين شكليتين وهما (عدد الحبوب في النبات - وزن الحبوب في النبات) ، فيما تفوق الطراز فرات 9 في صفة شكلية واحدة وهي وزن الحبة الواحدة.

يعد الجدول السابق (19) بمثابة هوية لكل طراز وراثي مدروس، يُمكن مربّي النبات من معرفة صفات كل طراز وراثي، والصفات التي يتفوق فيها كل طراز، والاستفادة منها في برامج التربية، وهذا يسهل على مربّي النبات عملية اختيار الآباء بما يتناسب مع أهداف برامج التربية والتحسين الوراثي.

←											الأعلى معنوياً		الصفة	
1	8	3	4	11	5	6	7	2	13	14	10	9	12	طول النبات
1	8	11	3	6	7	4	2	9	5	12	14	13	10	وزن النبات
8	11	1	9	3	10	2	6	4	7	13	14	5	12	طول السنبلة الرئيسية
9	3	2	10	4	14	7	5	6	13	11	1	8	12	عدد الإشتاعات الكلية
3	9	2	10	14	7	6	4	5	13	11	1	8	12	عدد الإشتاعات المثمرة
8	9	2	1	3	11	12	6	13	14	7	5	4	10	وزن السنبلة الرئيسية
8	2	9	11	1	3	4	6	7	5	14	13	12	10	عدد الحبوب في السنبلة الرئيسية
8	2	9	1	3	11	12	14	13	7	6	5	4	10	وزن الحبوب في السنبلة الرئيسية
9	2	8	1	3	11	6	7	4	5	10	12	14	13	وزن الحبوب في النبات
9	2	3	6	8	7	11	4	5	10	1	12	14	13	عدد الحبوب في النبات
1	8	2	11	9	12	6	7	5	13	4	3	14	10	وزن 1000 حبة

الجدول 19 الفروقات الشكلية بين الطرز المدروسة

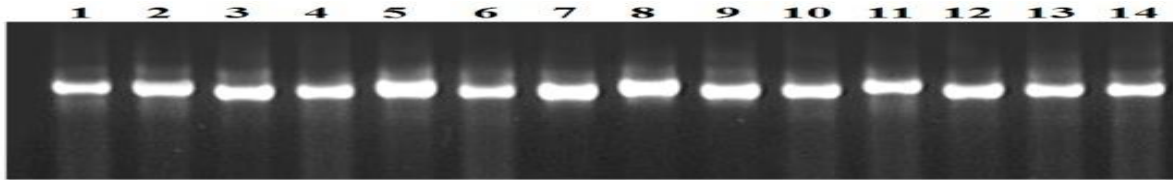
(1) سلمية *H. spontaneum* ، (2) سلمية *H. bulbosum* ، (3) سلمية مزروع ، (4) فرات 3 ، (5) فرات 6 ، (6) فرات 7 ، (7) فرات 9 ، (8) طرطوس *H. spontaneum* ، (9) طرطوس *H. bulbosum* ، (10) طرطوس مزروع ، (11) دمشق *H. spontaneum* ، (12) ريف دمشق *H. spontaneum* ، (13) عربي أسود ، (14) عربي أبيض.

رابعاً- التحليل الجزيئي

1- اختبار جودة الـ DNA المستخلص على هلامية الأغاروز بواسطة الرحلان

الكهربائي

يبدو الحمض النووي DNA المستخلص على هلامية الأغاروز على شكل حزم أو عصابات مضيئة، حيث تتميز العينات الجيدة باحتوائها على جزيئات DNA ذات وزن جزيئي مرتفع، لذلك نجد الـ DNA بأعلى الهلامية دالاً على نوعية جيدة عندما تكون خالية من النقطعات الشكل (4)، أمّا عند حدوث تقطعات في شريط الـ DNA أثناء عمليات التحضير، فإنّ ذلك يؤدي إلى الحصول على جزيئات DNA تدرج في أوزانها الجزيئية، وتظهر على هلامية الأغاروز على شكل خط مضيء طويل أسفل قطع DNA السليمة تدعى Smeer.



الشكل 4 اختبار جودة الحمض النووي المستخلص عليه من الطرز المدروسة

- 1- عربي أسود 2- طرطوس *H. spontaneum* 3- طرطوس مزروع 4- طرطوس *H. bulbosum* 5- فرات (3)
- 6- فرات (9) 7- سلمية *H. spontaneum* 8- فرات (7) 9- فرات (6) 10- دمشق *H. spontaneum* 11- ريف دمشق *H. spontaneum* 12- سلمية مزروع 13- سلمية *H. bulbosum* 14- عربي أبيض.

2- تقدير تركيز الـ DNA باستخدام المطياف الضوئي Spectrophotometer

أظهر حساب النسبة بين قراءات تركيز عينات الـ DNA المُستخلص من الطرز الوراثة المدروسة عند موجات ضوئية بطول 280/260 نانومتر وباستخدام المطياف الضوئي قيماً تتراوح بين 1.821 و 1.964 وهي تُشير إلى نقاوة جيدة من الـ DNA، كما قُدرت تراكيز عينات الـ DNA ما بين (0.29 – 0.43 µg/µl) في المحلول المنظم الذي خزنت فيه هذه العينات، ويوضح الجدول (20) نتائج تقدير تراكيز الـ DNA المستخلص من العينات المدروسة.

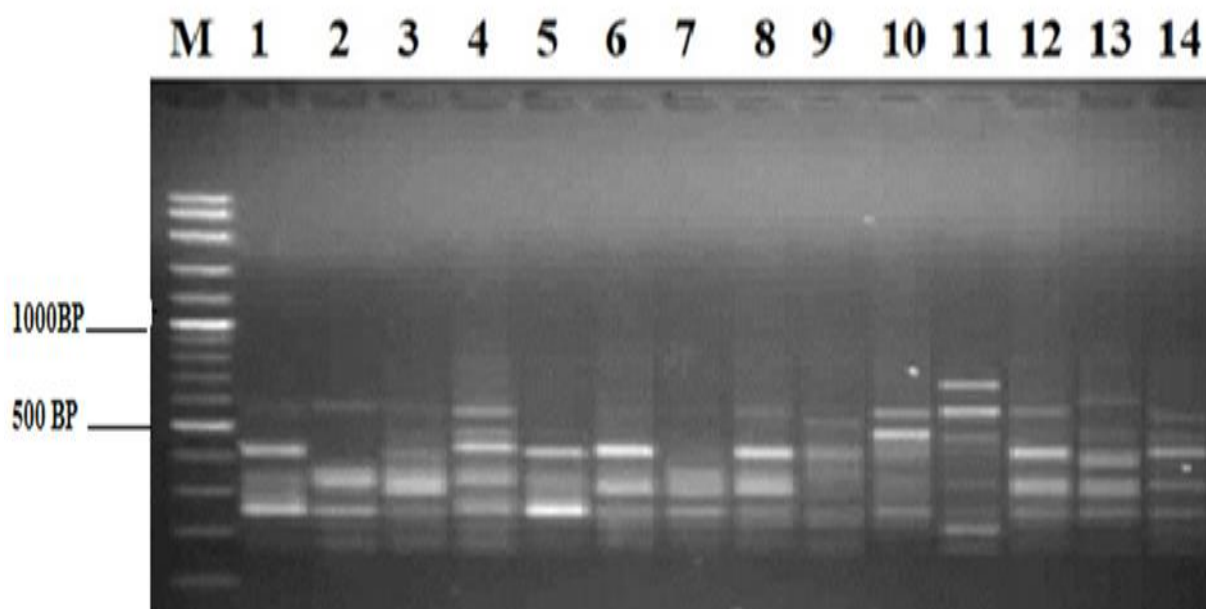
الجدول 20 قراءات المطياف الضوئي عند أطوال موجات 260 و 280 نانومتر وتحديد تركيز ونقاوة عينات الحمض النووي DNA المستخلصة مقدراً بالميكروغرام/ميكروليتر.

الطرز الوراثية	OD 280/ OD 260	تركيز الـ DNA µg/µl
عربي أسود	1.875	0.29
طرطوس <i>H.Spontaneum</i>	1.857	0.31
طرطوس مزروع	1.926	0.39
طرطوس <i>H.Bulbosum</i>	1.852	0.33
فرات 3	1.935	0.35
فرات 9	1.964	0.41
سلمية <i>H.Spontaneum</i>	1.880	0.43
فرات 7	1.875	0.34
فرات 6	1.821	0.41
دمشق <i>H.Spontaneum</i>	1.857	0.38
ريف دمشق <i>H.Spontaneum</i>	1.906	0.38
سلمية مزروع	1.903	0.34
سلمية <i>H.Bulbosum</i>	1.884	0.36
عربي أبيض	1.856	0.38

3-التعددية الشكلية Polymorphism

تضمنت الدراسة اختبار الطرز الوراثية المدروسة ويبين الجدول 3 أن 14 بادئة من البادئات المستخدمة أعطت منتجات تضخيم في تفاعل البلمرة المتسلسل حيث أثبتت هذه البادئات فعاليتها في إعطاء تعددية شكلية بين الطرز المدروسة ونجم عن استخدام هذه البادئات ما مجموعه 94 حزمة، حيث أعطت هذه البادئات تعددية شكلية Polymorphic ونسبة التعددية 85.1%، كما تراوح عدد الحزم لكل بادئة بين حزمة واحدة كأقل عدد مع البادئة (ISSR₁₃) وعشرة حزم كأعلى عدد مع البادئة (ISSR₁)، (ISSR₃، ISSR₆، ISSR₁₁) بمتوسط 6.7 حزمة لكل بادئة، وكانت النسبة المئوية للتعددية الشكلية الأقل مع البادئة (ISSR₅) بمقدار 62.7% والأكثر مع البادئات (ISSR₇-ISSR₉-ISSR₁₀) بمقدار 100%، ويمثل الشكل (5) النماذج التي تم الحصول عليها من حزم DNA، وبالنسبة لقيم معامل التعددية الشكلية (PIC) فقد تراوحت ما بين (0.105) كأقل قيمة مع البادئ (ISSR₁₄) و(0.498) كأعلى قيمة مع البادئ (ISSR₇) بمتوسط عام بلغ (0.336)،

وتكمن أهمية التنوع الوراثي (قيمة الـ PIC) أنها تزودنا بقوة التمييز لموقع ما على المجين من خلال الأخذ بالحسبان ليس فقط عدد النظائر في الموقع الواحد بل أيضاً التكرار النسبي لتلك النظائر ضمن أفراد الصنف المدروس، بمعنى آخر تعبر قيمة الـ PIC عن احتمال أن تمتلك العينات المسحوبة عشوائياً حمزماً مختلفة لذات الموقع الوراثي، والشكل (5) يمثل النماذج التي تم الحصول عليها من حزم الـ DNA



الشكل 5 هلامة الآغاروز 2% لملاحظة التعددية الشكلية

M: المؤشر الجزيئي لتحديد الأوزان وأحجام حزم الحمض النووي DNA. 1- عربي أسود 2- طرطوس *H. spontaneum* 3- طرطوس مزروع 4- طرطوس *H. bulbosum* 5- فرات (3) 6- فرات (9) 7- سلمية *H. spontaneum* 8- فرات (7) 9- فرات (6) 10- دمشق *H. spontaneum* 11- ريف دمشق *H. spontaneum* 12- سلمية مزروع 13- سلمية *H. bulbosum* 14- عربي أبيض

الجدول 21 رموز البادئات المستخدمة، عدد الحزم الكلية والمتباينة، والنسبة المئوية للتعددية الشكلية % في الطرز الوراثة المدروسة.

اسم البادئ	عدد الحزم الكلية	عدد الحزم المتباينة شكلياً	النسبة المئوية للتعددية الشكلية %	معامل التعددية الشكلية (PIC)
ISSR ₁	10	8	80.0	0.344
ISSR ₂	8	6	75.0	0.323
ISSR ₃	10	9	90.0	0.335
ISSR ₄	6	5	83.3	0.343
ISSR ₅	8	5	62.5	0.475
ISSR ₆	10	9	90.0	0.457
ISSR ₇	6	6	100.0	0.498
ISSR ₈	9	6	66.7	0.239
ISSR ₉	5	5	100.0	0.430
ISSR ₁₀	5	5	100.0	0.472
ISSR ₁₁	10	10	100.0	0.413
ISSR ₁₂	3	2	66.7	0.176
ISSR ₁₃	1	1	100.0	0.153
ISSR ₁₄	3	3	100.0	0.105
ISSR ₁₅	–	–	–	–
ISSR ₁₆	–	–	–	–
المجموع	94	80	85.1	–
المتوسط	6.7	5.7		0.336

يتبين من الجدول (22) وجود 31 حزمة فريدة (واسمة) للطرز المدروسة، منها 25 حزمة موجودة و6 حزم غائبة، وقد ميزت هذه الحزم الطرز الوراثة المدروسة البرية والمزروعة، حيث امتلك الطراز الوراثي (سلمية *H.Bulbosum*) أكبر عدد من الحزم الفريدة (الموجودة والغائبة) بمعدل (11 حزمة)، في حين بلغ أقل عدد من الحزم الفريدة في الطراز الوراثي (سلمية *H.Spontaneum*) (حزمتان)، وهذا يدل على التنوع الوراثي الكبير بين الطرز الوراثة المدروسة، والذي استطاعت البادئات المدروسة الكشف عنه. فكلما زاد عدد الحزم الفريدة دل ذلك على وجود تنوع وراثي كبير.

الجدول 22 عدد الحزم الفريدة (الموجودة والغائبة) في طرز الشعير البري والمزروع المدروسة الناتجة عن تطبيق تقنية ISSR

الطرز الوراثي	عدد الحزم الموجودة	عدد الحزم الغائبة	المجموع
عربي أسود	+3	-	3
طرطوس <i>H.Bulbosum</i>	+4	-	4
فرات 3	+3	-1	4
سلمية <i>H.Spontaneum</i>	+2	-	2
ريف دمشق <i>H.Spontaneum</i>	+1	-2	3
سلمية <i>H.Bulbosum</i>	+10	-1	11
عربي أبيض	+2	-2	4
المجموع	+25	-6	31

نلاحظ من الجدول (23) أن معظم البادئات المستخدمة امتلكت القدرة على تمييز الطرز المدروسة باستثناء البادئات ($ISSR_5$ ، $ISSR_{15}$ ، $ISSR_{16}$)، التي لم تعط أي حزم فريدة، في حين أن البادئ ($ISSR_3$ ، $ISSR_{12}$) أعطى أكبر عدد من الحزم الفريدة وبلغ عددها 5 حزم، كما أعطى البادئ ($ISSR_8$) حزمة فريدة واحدة فقط.

الجدول 23 عدد الحزم الفريدة مع البادئات المدروسة

اسم البادئ	عدد الحزم الفريدة	اسم البادئ	عدد الحزم الفريدة
ISSR ₁	2	ISSR ₉	3
ISSR ₂	-	ISSR ₁₀	4
ISSR ₃	5	ISSR ₁₁	-
ISSR ₄	2	ISSR ₁₂	5
ISSR ₆	2	ISSR ₁₃	2
ISSR ₇	3	ISSR ₁₄	2
ISSR ₈	1	المجموع	31

4-تحديد درجة القرابة الوراثية بين الأنواع المدروسة

يفيد تحديد درجة القرابة الوراثية ضمن الأنواع في برامج تربية النبات، لتأمين قاعدة وراثية كبيرة، للاستفادة منها في برامج التهجين. وتمت دراسة العلاقة الوراثية بين الطرز الوراثية المدروسة بتطبيق مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق Percent Disagreement Values (PDV) حيث أن ارتفاع قيم هذه المصفوفة يدل على وجود اختلاف وراثي وبازديادها يزداد التباين الوراثي بين الطرازين المدروسين ويتم إنشاء هذه المصفوفة وفقاً لعدد وحدات التضاعف المشتركة بينها. نلاحظ من خلال الجدول 4 أن أقل قيمة لـ PDV هي 0.1542 بين الطرازين (سلمية مزروع، سلمية *H.Bulbosum*) وهذا يدل على أنهما على درجة كبيرة من القرابة الوراثية، بينما كانت أعلى قيمة لها 0.5025 بين الطرازين (عربي أسود، دمشق *H.Spontaneum*) و (طرطوس *H.Bulbosum*، ريف دمشق *H.Spontaneum*) مما يدل على وجود تباين وراثي كبير بينها الجدول رقم (24).

الجدول 24 مصفوفة النسب المئوية لعدم التوافق (PDV) بين الطرز المدروسة والنتيجة عن تطبيق متوسطات المجموعات الزوجية غير المزنة UPGMA بتطبيق تقانة ISSR حسب (1987) Nei

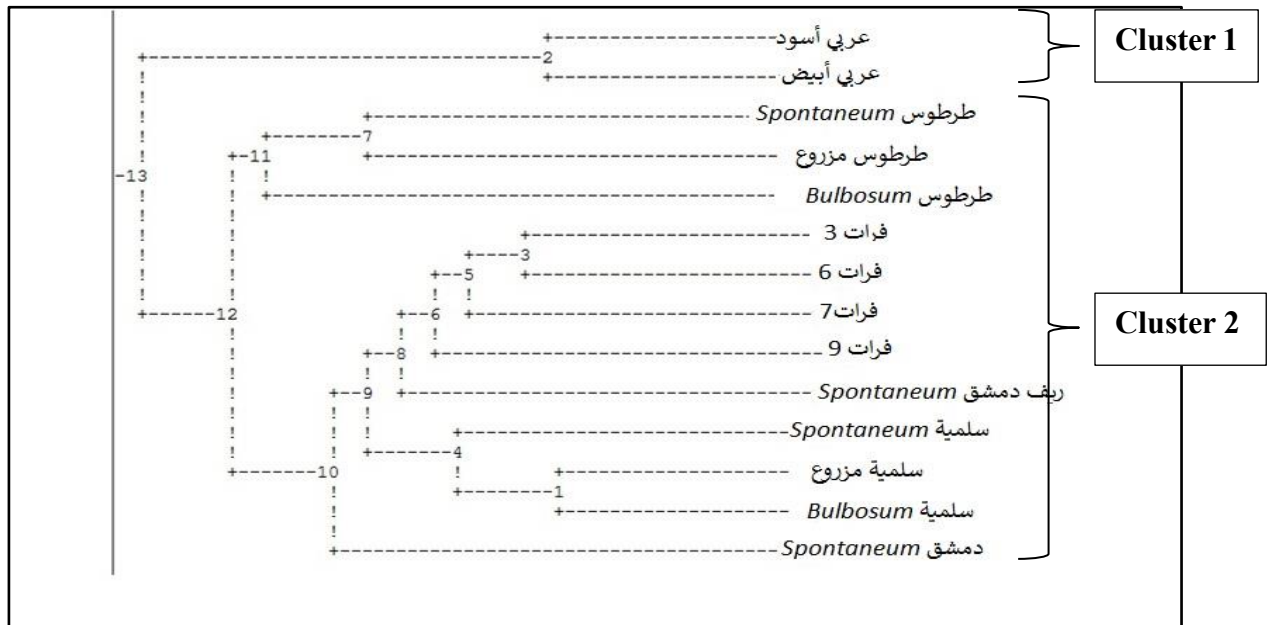
الطرز المدروسة	عربي أسود	طرطوس <i>H. Spontaneum</i>	طرطوس مزروع	<i>H. Bulbosum</i> طرطوس	فرات (3)	فرات (9)	<i>H. Spontaneum</i> سلمية	فرات (7)	فرات (6)	<i>H. Spontaneum</i> دمشق	<i>H. Spontaneum</i> ريف دمشق	سلمية مزروع	<i>H. Bulbosum</i> سلمية	عربي أبيض
عربي أسود														
طرطوس <i>H. Spontaneum</i>	0.4616													
طرطوس مزروع	0.3132	0.2683												
طرطوس <i>H. Bulbosum</i>	0.4751	0.3018	0.3724											
فرات (3)	0.4484	0.3483	0.3018	0.3365										
فرات (9)	0.3971	0.3724	0.3724	0.3603	0.2465									
<i>H. Spontaneum</i> سلمية	0.4616	0.3603	0.3603	0.3603	0.3724	0.3018								
فرات (7)	0.3603	0.3847	0.3132	0.3483	0.2148	0.2573	0.3132							
فرات (6)	0.3603	0.3603	0.2905	0.3483	0.1942	0.2573	0.2905	0.2465						
<i>H. Spontaneum</i> دمشق	0.5025	0.4751	0.3971	0.4887	0.2683	0.3132	0.3971	0.3248	0.2573					
<i>H. Spontaneum</i> ريف دمشق	0.4616	0.3847	0.4097	0.5025	0.2793	0.2573	0.6303	0.3132	0.2252	0.3248				
سلمية مزروع	0.4616	0.3847	0.3365	0.3018	0.2793	0.2573	0.1640	0.2465	0.2252	0.2573	0.2905			
<i>H. Bulbosum</i> سلمية	0.4484	0.3248	0.3248	0.2905	0.2683	0.2683	0.2793	0.2358	0.1942	0.2044	0.3018	0.1542		
عربي أبيض	0.1542	0.3971	0.3018	0.4887	0.4353	0.4353	0.4484	0.3248	0.3483	0.4616	0.4484	0.4224	0.4097	

5- التحليل العنقودي Cluster analysis (شجرة القرابة الوراثية)

يسمح التحليل العنقودي بتقسيم الطرز الوراثية المدروسة إلى مجموعات، وتعكس هذه المجموعات درجة القرابة الوراثية فيما بينها، وقد تتجمع العينات ضمن مجموعة واحدة بناءً على موطنها الأصلي أو على أصلها ونسبها.

أجري التحليل العنقودي للنتائج التي تم الحصول عليها وذلك لإنشاء شجرة القرابة الوراثية Dendrogram لتحديد درجة القرابة الوراثية حيث أظهر هذا التحليل فرعين رئيسيين الشكل رقم (6) .

الفرع الأول ضم الطرازين (عربي أسود، عربي أبيض) بمسافة 9.9 بينما ضم الفرع الثاني بقية الطرز المدروسة. أيضاً انقسم الفرع الثاني إلى تحت فرعين انقسم تحت الفرع الأول إلى مجموعتين ضمت المجموعة الأولى الطرازين (طرطوس *H.Spontaneum*، طرطوس مزروع) بمسافة 12.7، و ضمت المجموعة الثانية الطراز (طرطوس *H.Bulbosum*). بينما انقسم تحت الفرع الثاني إلى مجموعتين ضمت المجموعة الأولى الطراز (دمشق *H.Spontaneum*) وانقسمت المجموعة الثانية إلى تحت مجموعتين ضمت تحت المجموعة الأولى الطرز (سلمية *H.Spontaneum*، سلمية مزروع، سلمية *H.Bulbosum*) بينما ضمت تحت المجموعة الثانية الطرز (فرات 3، فرات 6، فرات 7، فرات 9، ريف دمشق *H.Spontaneum*). نلاحظ أن تقانة ISSR جيدة في التمييز الوراثي بين الطرز المدروسة للشعير.



الشكل 6 شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بين الطرز المدروسة

وعند دراسة المقارنة بين شجرتي القرابة الشكلية والوراثية لطرز الشعير المدروسة الشكل (7) نجد أن الطرز عربي أبيض ، عربي أسود و الطرز فرات 3 ، فرات 7 ، فرات 9 كانت متقاربة مورفولوجياً ووراثياً وهذا يدل أن تأثير البيئة عليها محدود وبالتالي يمكن اعتباره طرز وراثية، في حين كانت الطرز طرطوس *H. spontaneum*، طرطوس مزروع، طرطوس *H. bulbosum*، سلمية *H. spontaneum*، فرات (6)، دمشق *H. spontaneum*، ريف دمشق *H. spontaneum*، سلمية مزروع، سلمية *H. bulbosum* متقاربة وراثياً ومتباعدة مورفولوجياً وبالتالي فإن تأثير البيئة على هذه الطرز كبير، ومنه يمكن اعتبارها طرز بيئية فقط.

في بحث أجراه Khatab وزملاؤه (2019) على خمس مدخلات من الشعير لدراسة التنوع الوراثي باستخدام 10 بادئات ISSR أعطى استخدام 6 منها 48 حزمة منها 25 حزمة متباينة شكلياً، حيث أظهر البادئ UBC-810 وجود 12 حزمة منها 9 حزم متباينة شكلياً بتعددية شكلية 75%، في حين أعطى استخدام البادئتين UBC-822 و UBC-815 و 10 و 9 حزم على التوالي منها 6 حزم متباينة شكلياً حيث بلغت النسبة المئوية للتعددية الشكلية للبادئتين 66.6% و 60% على التوالي، كما أعطى البادئ UBC-812 10 حزم منها 4 متباينة شكلياً بتعددية شكلية 40% . توفر نتائج هذه الدراسة بعض الواسمات الجزيئية ISSR المرتبطة بالأنماط الوراثية للشعير والتي يمكن استخدامها لإثراء برامج التربية التي تهدف إلى تحسين مقاومة الجفاف، بحيث يمكن استخدام بادئات ISSR الذي تم تطويره من هذه الدراسة في أي دراسة أخرى لتحديد الأنماط الوراثية التي تتحمل إجهاد الجفاف في الشعير أو أي محصول حقلي آخر.

أظهرت دراسة Sadeghpour وزملاؤه (2018) نجاح استخدام الواسمات الجزيئية لتحليل التنوع الوراثي في نباتات المحاصيل. في هذه الدراسة، تمت دراسة التنوع الوراثي بين 45 طرازاً وراثياً من الشعير باستخدام تسعة بادئات ISSR كان مجموع الحزم المتباينة شكلياً 438 بوزن جزيئي 80-3000 زوج قاعدي. تراوحت قيم معامل التعددية الشكلية (PIC) من 0.121 لـ ISSR7 و 0.227 لـ ISSR2 بمتوسط 0.19. كما أظهر التحليل العنقودي المعتمد على UPGMA انفصال الطرز الوراثية إلى ست مجموعات.

بين El-Awady وزملاؤه (2012) أن استخدام تقنية ISSR أفضل من تقنية RAPD لاكتشاف التنوع الوراثي بين السلالات الأصلية للشعير. ونتائج ISSR أكثر واقعية مقارنة بنتائج RAPD فيما يتعلق بالتوزيع الجغرافي لمجموعات الشعير الستة المدروسة باستخدام 10 بادئات. حيث تم الحصول على 51 حزمة بمتوسط 7.4 حزمة لكل بادئ . كما أظهرت النتائج تفوق البادئين UBC835 و UBC840 حيث أعطت 10 حزم وكانت قيمة معامل التعددية الشكلية (PIC) 0.42،

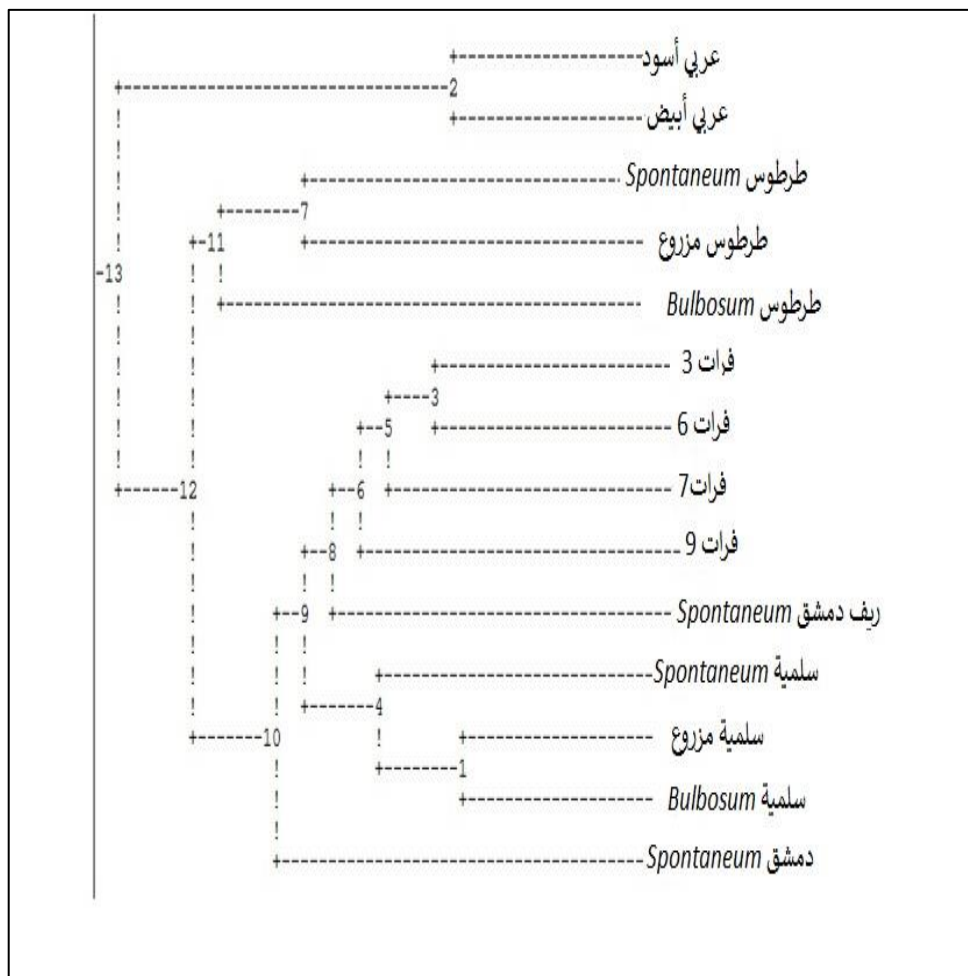
بينما أظهر البادئ UBC807 5 حزم فقط . تراوح حجم الحزم التي تضخيمها بين 300 و 2000 زوج قاعدي. كما أظهرت البادئات الثلاثة UBC828 و UBC878 و UBC847 تعددية شكلية 33.3% وكانت قيم معامل التعددية الشكلية (PIC) 0.41 و 0.45 و 0.45 على التوالي، بينما أظهر البادئ UBC822 أقل تعددية شكلية 25% مع معامل تعددية شكلية (PIC) 0.47. يمكن أن تساعد نتائج هذا البحث في تعزيز مجموعة المعلومات الموجودة حول الشعير والتي قد تساعد في تقييم برامج الشعير.

قيّم كل من Khatab و Samah (2013) التنوع الوراثي بين 6 طرز وراثية من الشعير باستخدام 10 بادئات ISSR، سجلت ما مجموعه 41 حزمة منها 32 متباينة شكلياً. تم الحصول على أكبر عدد من الحزم باستخدام البادئين ISSR6 و ISSR5 حيث أعطت 11 و 7 حزم على التوالي منها 8 و 5 متباينة شكلياً وكانت النسبة المئوية للتعددية الشكلية 72.7% و 71.4% على التوالي. في حين أن البادئات ISSR1 و ISSR4 و ISSR10 سجلت أعلى تعددية شكلية 100% مقارنة بالبادئات الأخرى، تليها البادئة ISSR7 مع تعددية شكلية 75%، وقد أظهر التحليل العنقودي انفصال الطرز الوراثية إلى مجموعتين رئيسيتين.

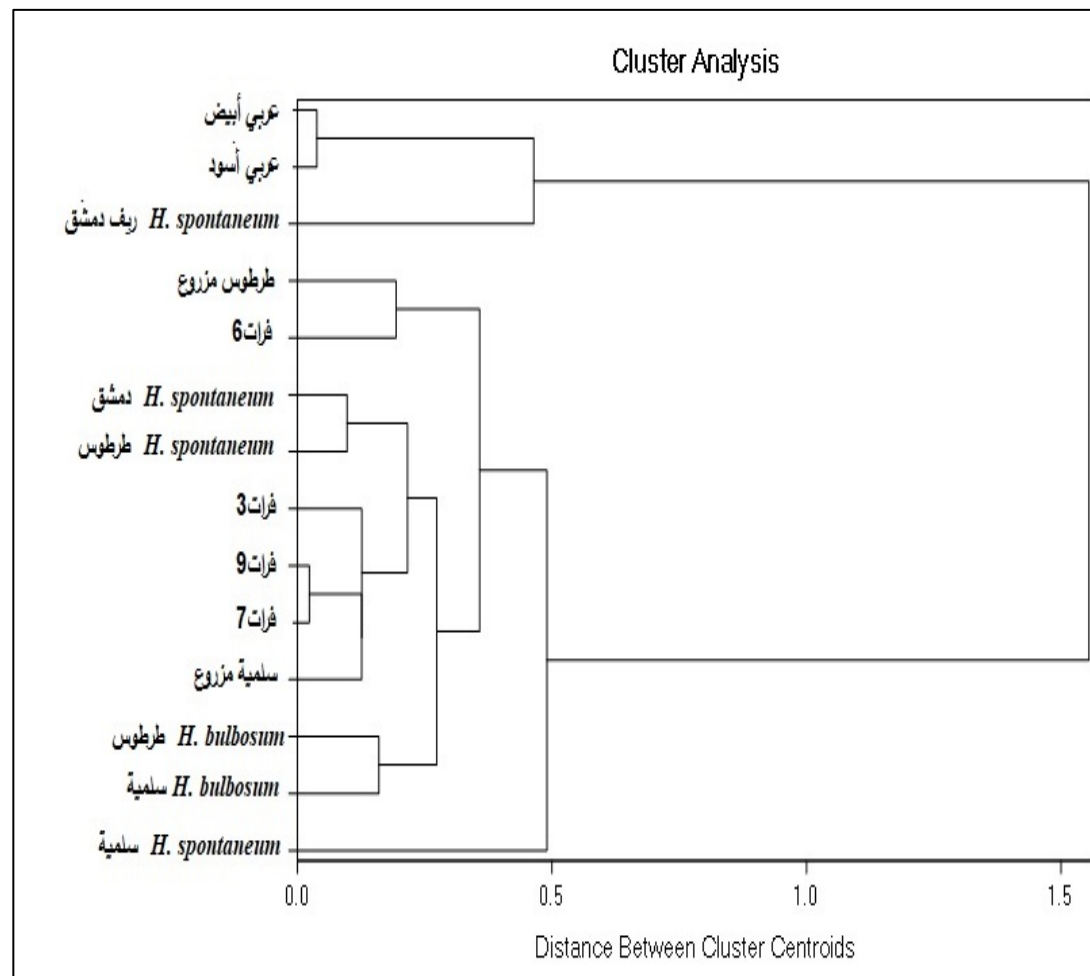
في بحث تم إجراؤه من قبل Vasileva (2018) لدراسة التنوع الوراثي لـ 24 طرازاً من الشعير منها 11 سلالة تربية و 13 سلالة محلية تم الحصول عليها من 7 دول وذلك باستخدام 9 بادئات ISSR، أظهرت النتائج تنوعاً وراثياً كبيراً حيث بلغت التعددية الشكلية 54.22%، وكان عدد الحزم الكلية 83 حزمة بمتوسط 9.22 حزمة لكل بادئ منها 45 متباينة شكلياً بمتوسط 7.50 لكل بادئ أيضاً، كما أظهر البادئ ISSR_7 أكبر عدد من الحزم منها 7 حزم متباينة شكلياً، فيما أظهر البادئ ISSR_5 10 حزم وجميعها متباينة شكلياً. تسمح هذه النتائج والنتائج المماثلة التي تم الحصول عليها مع الواسمات الأخرى بتمييز موثوق للأنماط الوراثية بين الأصناف القريبة وراثياً، مما يساهم عند استخدام مزيج من البادئات إلى تحديد كل نمط وراثي بوضوح، والتي ستؤدي عند إجراء تجميع لهذه الأنماط الوراثية المدروسة إلى استخدامها للمساعدة في الاختيار الفعال لإجراء التهجينات بين الطرز.

كما درس Shayan وزملاؤه (2019) التباين الوراثي بين 28 طرازاً وراثياً، حيث أظهرت النتائج أنه من بين 14 بادئة ISSR تم استخدامها، أعطت 11 بادئة منها 559 حزم متباينة شكلياً بحجم 80-3000 زوج قاعدي . وكانت قيم معامل التعددية الشكلية (PIC) بين 0.116 و 0.252 بمتوسط 0.187، كما أظهر التحليل العنقودي المعتمد على UPGMA انفصال الطرز الوراثية إلى أربع مجموعات. أظهرت النتائج أن بادئات ISSR لديها القدرة على فصل الأنماط الوراثية للشعير عن بعضها البعض . أيضاً كما يلاحظ أن واسمات ISSR قيد الدراسة يمكن استخدامها في اختيار الأنماط الوراثية للشعير بمساعدة الواسمات في برامج التربية والتهجين.

في دراسة للمقارنة بين عدة أنواع من الواسمات الجزيئية هي ISSR و RAPD و AFLP، قام Kianoosh (2017) بدراسة 20 طرازاً من الشعير باستخدام 31 بادئ RAPD و 20 بادئ ISSR و 8 بادئات AFLP. حيث كانت عدد الحزم المتباينة شكلياً 284 و 159 و 381 على التوالي، وكانت متوسط النسبة المئوية للتعددية الشكلية 34.12 % و 43.08 % و 18.05 % على التوالي. وأظهرت النتائج تنبأً من حيث معامل التعددية الشكلية (PIC) 0.26 لـ RAPD و 0.30 لـ ISSR و 0.25 لـ AFLP. مما يشير إلى قدرة التمييز الواسعة فيما بين الواسمات الجزيئية المدروسة (ISSR>AFLP>RAPD).



شجرة القرابة الوراثية بين الأنواع المدروسة



شجرة القرابة الشكلية بين الأنواع المدروسة

الشكل 7 مقارنة بين شجري القرابة الشكلية والوراثية بالنسبة للأنواع المدروسة

6-دراسة التباينات الأليلية الشكلية لمورثات الديهيدرين

أظهرت دراسة تقييم التباين لمورثات الديهيدرين المسؤولة عن تحمل الجفاف اختلافاً واضحاً في تعبير هذه المورثات بين الطرز الوراثة المدروسة، حيث كانت التباينات الشكلية في الوزن الجزيئي بين نظائر الموقع الواحد كبيرة أحياناً، بينما كانت على درجة عالية من التماثل في البعض الآخر، وأمكن تمييزها بسهولة على هلامة ميتافور آغاروز 4%، ويظهر الجدول (25) والشكل (8) أن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثة *Dhn1* وجود نمط شكلي (A)، حيث ظهر النمط الشكلي (A) لدى الطرز الوراثة (عربي أسود، طرطوس مزروع، طرطوس *H. Bulbosum*، سلمية *H. Spontaneum*، دمشق *H. Spontaneum*، وغاب عند باقي الطرز المدروسة.

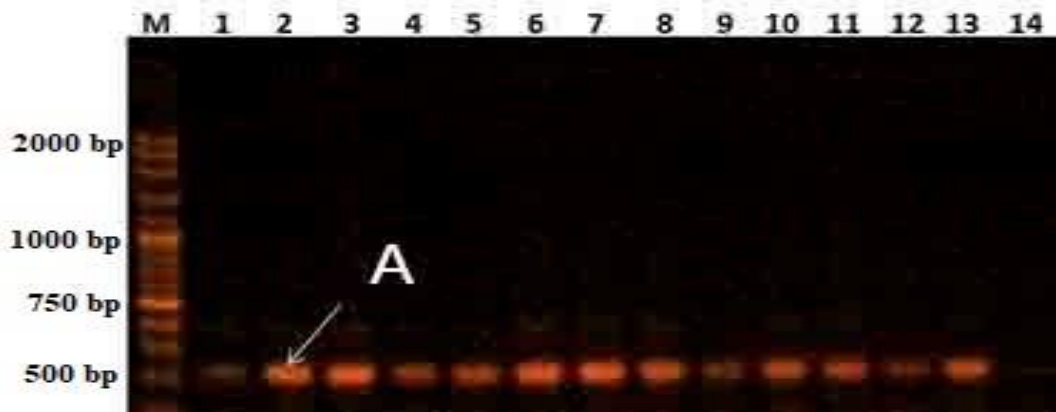
الجدول 25 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثة *Dhn1* في الطرز الوراثة المدروسة.

المورثة	عربي أسود	طرطوس <i>H. spontaneum</i>	طرطوس مزروع	طرطوس <i>H. bulbosum</i>	فرات (3)	فرات (9)	سلمية <i>H. spontaneum</i>	فرات (7)	فرات (6)	دمشق <i>H. spontaneum</i>	ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	سلمية مزروع	سلمية <i>H. bulbosum</i>	عربي أبيض	الوزن الجزيئي
<i>Dhn1</i>	AA	-	AA	AA	-	-	AA	-	-	AA	-	-	AA	-	450

أما بالنسبة للمورثة *Dhn2* فقد تبين من خلال الجدول (26) والشكل وجود نمط شكلي (A) حيث ظهر النمط الشكلي (A) عند جميع الطرز المدروسة باستثناء الطراز (عربي أبيض).

الجدول 26 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثة *Dhn2* عند الطرز الوراثة المدروسة.

المورثة	عربي أسود	طرطوس <i>H. spontaneum</i>	طرطوس مزروع	طرطوس <i>H. bulbosum</i>	فرات (3)	فرات (9)	سلمية <i>H. spontaneum</i>	فرات (7)	فرات (6)	دمشق <i>H. spontaneum</i>	ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	سلمية مزروع	سلمية <i>H. bulbosum</i>	عربي أبيض	الوزن الجزيئي
<i>Dhn2</i>	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	-	500



الشكل 8 صورة هلامة ميتافور آغاروز 4% لملاحظة الأنماط الشكلية بالنسبة لمورثة *Dhn2* في الطرز المدروسة.

M: المؤشر الجزيئي لتحديد الأوزان وأحجام حزم الحمض النووي DNA. 1- عربي أسود 2- طرطوس *H. spontaneum* 3- طرطوس مزروع 4- طرطوس *H. bulbosum* 5- فرات (3) 6- فرات (9) 7- سلمية *H. spontaneum* 8- فرات (7) 9- فرات (6) 10- دمشق *H. spontaneum* 11- ريف دمشق *H. spontaneum* 12- سلمية مزروع 13- سلمية *H. bulbosum* 14- عربي أبيض

وبالنسبة لمورثتي الديهيدرين *Dhn3* و *Dhn4* فقد تبين من خلال الجدول (27) وجود نمط شكلي واحد (A) عند جميع الطرز الوراثية المدروسة بالنسبة للمورثة *Dhn3*، وغاب عند الطراز الوراثي (عربي أسود) بالنسبة للمورثة *Dhn4*.

الجدول 27 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثتي *Dhn3*، *Dhn4* في الطرز الوراثية المدروسة.

المورثات	عربي أسود	<i>H. spontaneum</i> طرطوس مزروع	<i>H. bulbosum</i> طرطوس	فرات (3)	فرات (9)	<i>H. spontaneum</i> سلمية	فرات (7)	فرات (6)	<i>H. spontaneum</i> دمشق	<i>H. spontaneum</i> ريف دمشق	سلمية مزروع	<i>H. bulbosum</i> سلمية	عربي أبيض	الوزن الجزيئي
<i>Dhn3</i>	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	700
<i>Dhn4</i>	—	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	1000

كما أعطت المورثة *Dhn5* نمط شكلي (A)، حيث تباينت هذه الأنماط بالظهور عند الطرز الوراثية المدروسة، ومن خلال الجدول (28) تبين ظهور النمط (A) عند الطرز (فرات 7، سلمية *H. Spontaneum*) وغيبه عند باقي الطرز المدروسة، أما بالنسبة للمورثة *Dhn6* ظهر النمط الشكلي (A) عند الطرز (فرات 9، سلمية *H. Spontaneum*، فرات 7) وغاب عند باقي الطرز المدروسة، كما وظهر النمط الشكلي (A) عند جميع الطرز المدروسة بالنسبة الى المورثة *Dhn7*.

الجدول 28 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة لمورثات *Dhn5*، *Dhn6*، *Dhn7* في الطرز الوراثية المدروسة.

المورثات	عربي أسود	<i>H. spontaneum</i> طرطوس مزروع	<i>H. bulbosum</i> طرطوس	فرات (3)	فرات (9)	<i>H. spontaneum</i> سلمية	فرات (7)	فرات (6)	<i>H. spontaneum</i> دمشق	<i>H. spontaneum</i> ريف دمشق	سلمية مزروع	<i>H. bulbosum</i> سلمية	عربي أبيض	الوزن الجزيئي
<i>Dhn5</i>	—	—	—	—	—	AA	AA	—	—	—	—	—	—	800
<i>Dhn6</i>	—	—	—	—	AA	AA	AA	—	—	—	—	—	—	800
<i>Dhn7</i>	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	700

أما المورثة **Dhn8** فقد تبين من خلال الجدول (29) ظهور نمط شكلي (A) عند جميع الطرز ماعدا (طرطوس *H.Bulbosum*) فقد غاب فيها.

بالنسبة للمورثة **Dhn9** فقد تبين من خلال الجدول (29) ظهور نمط شكلي (A) عند جميع الطرز ماعدا (بمشق *H.Spontaneum* ، طرطوس *H.Bulbosum*) فقد غاب فيهما

كما بينت نتائج المورثة **Dhn10** فقد تبين من خلال الجدول (29) ظهور نمط شكلي (A) عند جميع الطرز ماعدا (طرطوس *H.Bulbosum* ، عربي أبيض).

الجدول 29 الأنماط الشكلية الناتجة عن تفاعل الـ PCR بالنسبة للمورثات **Dhn8**، **Dhn9**، **Dhn10** في الطرز الوراثية المدروسة.

المورثات	عربي أسود	طرطوس <i>H. spontaneum</i>	طرطوس مزروع	طرطوس <i>H. bulbosum</i>	فرات (3)	فرات (9)	سلمية <i>H. spontaneum</i>	فرات (7)	فرات (6)	بمشق <i>H. spontaneum</i>	ريف دمشق <i>H. spontaneum</i>	سلمية مزروع	سلمية <i>H. bulbosum</i>	عربي أبيض	الوزن الجزيئي
Dhn8	AA	AA	AA	-	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	800
Dhn9	AA	AA	AA	-	AA	AA	AA	AA	AA	-	AA	AA	AA	AA	590
Dhn10	AA	AA	AA	-	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	-	1100

أظهرت النتائج من خلال الجدول (30) تفوق المورثتان **Dhn3** ، **Dhn7** بعدد الأنماط الشكلية التي أعطتها والبالغة 14 نمطاً شكلياً مع كافة الطرز المدروسة، تلتها المورثات **Dhn2** و **Dhn4** و **Dhn8** بـ 13 نمطاً شكلياً، في حين أعطت المورثة **Dhn5** أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 2 نمطاً شكلياً مع الطرز الوراثية المدروسة.

كما أظهرت النتائج أيضاً تفوق الطرز الوراثية (سلمية *H.Spontaneum* ، فرات 7) بعدد الأنماط الوراثية التي أعطتها والبالغة 10 و 9 نمطاً وراثياً على التوالي فهي أكثر تحملاً للجفاف مقارنةً بالطرز الأخرى، تلاها الطرز الوراثية (طرطوس مزروع، فرات 9، سلمية *H.Bulbosum*) بـ 8 نمطاً شكلياً، في حين أعطت الطرز الوراثية (طرطوس *H.Bulbosum* ، عربي أبيض) أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 5 نمطاً شكلياً.

الجدول 30 الأنماط الشكلية الكلية للمورثات مع الطرز الوراثة المدروسة.

المورثة	عربي أسود	H. طرخس spontaneum	طرخس مزروع	H. سلطية bulbosum	عربي أبيض	الوزن الجزيئي	مجموع الأنماط
DHN1	AA	-	AA	AA	-	450	6
DHN2	AA	AA	AA	AA	-	500	13
DHN3	AA	AA	AA	AA	AA	700	14
DHN4	-	AA	AA	AA	AA	1000	13
DHN5	-	-	-	-	-	800	2
DHN6	-	-	-	-	-	800	3
DHN7	AA	AA	AA	AA	AA	700	14
DHN8	AA	AA	AA	-	AA	800	13
DHN9	AA	AA	AA	-	AA	590	12
DHN10	AA	AA	AA	-	AA	1100	12
المجموع	7	7	8	5	7	-	102

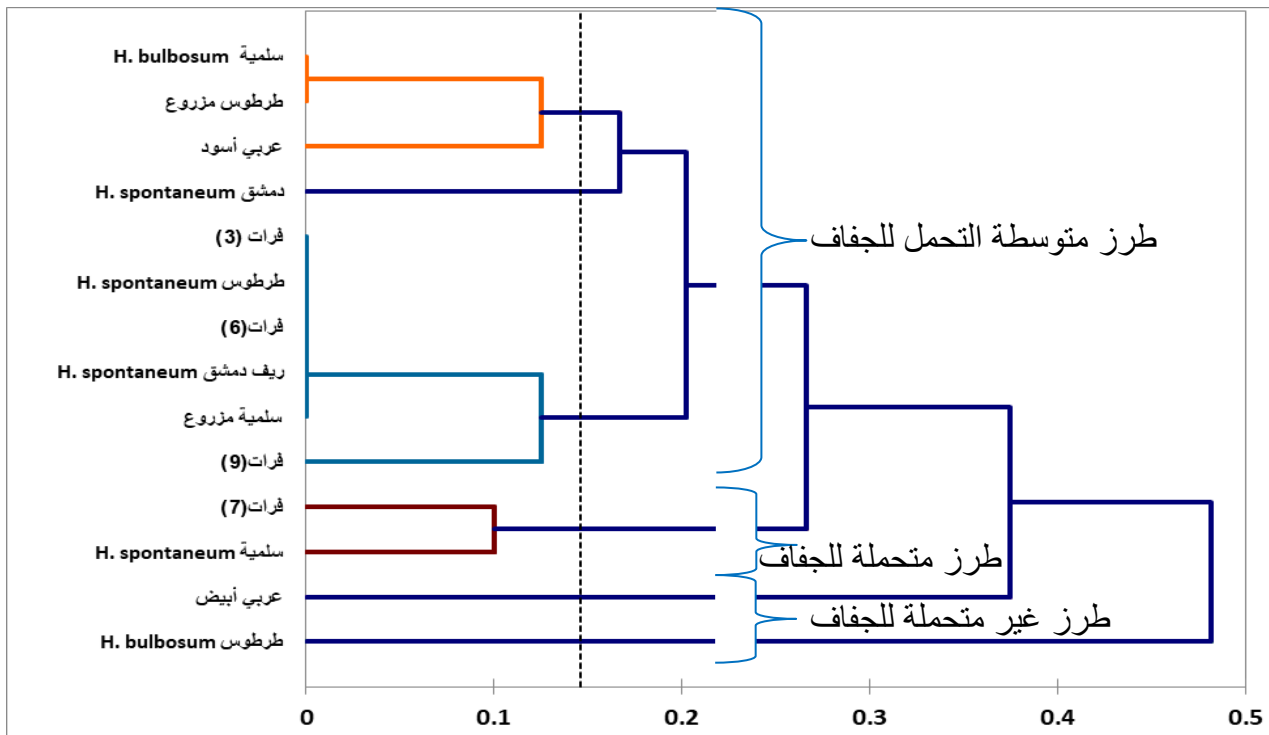
7- التحليل العنقودي Cluster analysis للطرز المدروسة اعتماداً على دراسة

التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين (DHNs) باستخدام تقانة PCR

تم إجراء التحليل العنقودي ورسمت شجرة القرابة الوراثية Dendrogram بين طرز الشعير المدروسة اعتماداً على دراسة التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين (DHNs) الشكل (9).

وبناءً على التحليل العنقودي انقسمت شجرة القرابة إلى عنقودين رئيسيين ضم العنقود الأول الطراز طرطوس *H. bulbosum* فيما ضم العنقود الثاني باقي الطرز المدروسة. كذلك انقسم العنقود الثاني إلى تحت عنقودين ضم تحت العنقود الأول الطرز عربي أبيض فيما ضم تحت العنقود الثاني باقي الطرز المدروسة والذي انقسم إلى مجموعتين ضمت المجموعة الأولى الطرازين سلمية *H. spontaneum* وفرات 7 بينما انقسمت المجموعة الثانية إلى تحت مجموعتين شملت باقي الطرز المدروسة.

بناءً على شجرة القرابة الوراثية الشكل (9) يمكن فرز طرز الشعير حسب مورثات تحمل الجفاف إلى طرز متحملة للجفاف (سلمية *H. Spontaneum* ، فرات 7) وطرز متوسطة التحمل للجفاف ضمت (عربي أسود ، طرطوس *H. spontaneum* ، فرات 3 ، فرات 9 ، فرات 6 ، دمشق *H. spontaneum* ، ريف دمشق *H. spontaneum* ، سلمية مزروع ، سلمية *H. bulbosum*) وطرز ضعيفة التحمل للجفاف (طرطوس *H. Bulbosum* ، عربي أبيض).



الشكل 9 شجرة القرابة الوراثية لطرز الشعير المدروسة اعتماداً على دراسة التباينات الأليلية في مورثات الديهيدرين (DHNs)

الختامة Conclusion

تعدّ السلالات البرية من الشعير مصدراً رئيسياً للتنوع الوراثي، ولا تزال تمثل أداة مهمة لتطوير الأصناف واكتشاف المورثات. ركزت الدراسات السابقة على جوانب محددة من الأصول الوراثية للشعير على المستويات الوراثية أو الزراعية واستهدفت أصناف محددة من الشعير المزروع . هدفت الدراسة في هذه الأطروحة إلى تحديد ثراء سلالات الشعير البرية السورية ومقارنتها مع الطرز المدروسة.

بشكل عام، بسبب التأثير الملحوظ للعوامل البيئية على التباين المورفولوجي، يجب أن يؤخذ استكشاف الاختلافات الجغرافية والمناخية الواسعة للطرز الوراثية داخل البلاد بعين الاعتبار لذلك شملت الدراسة أربعة عشر طرازاً برياً ومزروعاً من أربع محافظات سورية (دمشق، ريف دمشق، طرطوس، حماه).

أشار العمل المقدم في هذه الأطروحة إلى وجود إمكانية لتحسين الإنتاجية المنخفضة لأصناف الشعير في بيئات البحر الأبيض المتوسط ذات الأمطار المنخفضة من خلال دمج الصفات المتكيفة من الشعير البري (*Hordeum spontaneum*). مع الطرز من الشعير المزروع. يمكن تحقيق ذلك من خلال برنامج متكامل النهج الذي يشمل التحليل الجزيئي، والتقييم الزراعي والميداني للصفات الإنتاجية والزراعية والفسولوجية في مجموعة من بيئات إجهاد الجفاف. كما يمكن اعتبار الطرز الوراثية الواعدة التي تم تحديدها من هذه الدراسة كمواد وراثية محتملة في برنامج التربية من أجل التحسين المستقبلي لتحمل الجفاف، حيث أثبت الطراز (سلمية *Hordeum spontaneum*) تفوقه في تحمل الجفاف بينما أثبت الطراز (ريف دمشق *Hordeum spontaneum*) تفوقه بالصفات الكمية والإنتاجية.

لا توجد طريقة واحدة كافية لتقييم التباين الوراثي في مجموعات الأصول الوراثية لأن الطرق المختلفة تأخذ التباين الوراثي على مستويات مختلفة وتختلف في قدرتها على التحليل الوراثي وكذلك جودة محتوى المعلومات. يحد حجم هذه الدراسة من الاستنتاجات التي يمكن استخلاصها، لكن أنماط التباين الموصوفة هنا يمكن أن تكون أساساً للدراسات التي تحتوي على عدد أكبر من الواسمات. يعد الحفاظ على هذا التنوع الشائع محلياً أمراً مهماً، لأنه قد يمثل أنماطاً وراثية تتكيف مع بيئات معينة، قد تكون أنماط الاختلاف الموصوفة في هذه الدراسة مفيدة للباحثين الذين يصممون دراسات أكبر عن الأصول الوراثية للشعير.

الاستنتاجات والمقترحات

أولاً: الاستنتاجات

- 1- تباينت الطرز الوراثية المدروسة من الشعير البري والمزروع في صفاتها، وهذا عائد إلى التباين الوراثي والجغرافي فيما بينها.
- 2- تفوق الطراز طرطوس مزروع تفوقاً معنوياً في معظم الصفات المدروسة، فقد تفوق في خمس صفات كمية و شكلية وهي وزن النبات، وزن السنبله الرئيسة، عدد الحبوب في السنبله الرئيسة، وزن الحبوب في السنبله الرئيسة، وزن 1000 حبة.
- 3- تفوق الطراز ريف دمشق *H. spontaneum* تفوقاً معنوياً في معظم الصفات المدروسة، فقد تفوق في أربع صفات كمية و شكلية وهي طول النبات ، طول السنبله الرئيسة ، عدد الإسطوانات الكلية ، عدد الإسطوانات المثمرة.
- 4- أظهرت تقانة ISSR فعالية في التمييز بين الطرز الوراثية المدروسة.
- 5- تم استخدام 16 بادئة في اختبار الطرز الوراثية المدروسة من الشعير. أظهرت النتائج أن 14 بادئة من البادئات المستخدمة أعطت منتجات تضخيم في تفاعل البلمرة المتسلسل حيث أثبتت هذه البادئات فعاليتها في إعطاء تعددية شكلية بين الطرز المدروسة ونجم عن استخدامها 94 حزمة، كما أعطت تعددية شكلية Polymorphic وصلت نسبتها المئوية 85.1%.
- 6- تبين أن أقل قيمة لمصفوفة عدم التوافق PDV هي 0.1542 بين الطرازين (سلمية مزروع، سلمية *H.bulbosum*) وهذا يدل على أنهما على درجة كبيرة من القرابة الوراثية، بينما كانت أعلى قيمة لها 0.5025 بين الطرازين (عربي أسود، دمشق *H.spontaneum*) و (طرطوس *H.bulbosum*، ريف دمشق *H.spontaneum*) مما يدل على وجود تباين وراثي كبير بينها.
- 7- تم فصل الطرز المدروسة في شجرة القرابة الوراثية حسب بيئاتها وهذا يمكن أن يساعد في تحديد هوية الطرز الوراثية وتعريفها.
- 8- تفوق المورثتان *Dhn3* ، *Dhn7* بعدد الأنماط الشكلية التي أعطتها والبالغة 14 نمطاً شكلياً مع كافة الطرز المدروسة، تلتها المورثتان *Dhn2* و *Dhn4* و *Dhn8* بـ 13 نمطاً شكلياً،

في حين أعطت المورثة **Dhn5** أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 2 نمطاً شكلياً مع الطرز الوراثية المدروسة.

9- كما أظهرت النتائج أيضاً تفوق الطرز الوراثية (سلمية *H.Spontaneum* ، فرات 7) بعدد الأنماط الوراثية التي أعطتها والبالغة 10 و 9 نمطاً وراثياً على التوالي فهي أكثر تحملاً للجفاف مقارنةً بالطرز الأخرى، تلاها الطرز الوراثية (طرطوس مزروع، فرات 9، سلمية *H.Bulbosum*) بـ 8 نمطاً شكلياً، في حين أعطت الطرز الوراثية (طرطوس *H.Bulbosum*، عربي أبيض) أقل عدد من الأنماط الشكلية والبالغ 5 نمطاً شكلياً.

ثانياً: المقترحات

- 1- الاعتماد على تقنية ISSR في القيام بهذه الدراسات لأنها أظهرت فعاليتها في التباين الوراثي.
- 2- ادخال الطراز طرطوس مزروع في برامج التربية والتحسين الوراثي لتفوقه في أغلب الصفات المدروسة.
- 3- ادخال الطرز سلمية *H.Spontaneum* - فرات 7 - طرطوس مزروع - فرات 9 - سلمية *H.Bulbosum* في برامج التربية لتحمل الجفاف ولاحتوائها على عدد أكبر من مواقع مورثات تحمل الجفاف.
- 4- متابعة العمل على تحديد التتابع النيكليوتيدي (Sequencing) لمورثات الديهيدرين.
- 5- العمل على مورثات أخرى لتحمل الجفاف.
- 6- دراسة تباينات تعبير مورثات الديهيدرين عند طرز وراثية أخرى متنوعة من الشعير وخلال المراحل المتأخرة من النمو لدى النبات وضمن فترات زمنية متعددة ومقاربة وفي مراحل عمرية مختلفة من حياة النبات.
- 7- استكمال دراسة التباينات في تعبير مورثات الديهيدرين على مستوى RNA باستخدام تقانات حديثة مثل Real Time- PCR.
- 8- يمكن العمل مستقبلاً على تحديد مواقع المورثات المسؤولة عن الصفات المهمة باستخدام QTLs وعزلها للاستفادة منها في برامج التربية واستخدامها كأباء في عمليات التهجين.

1-المراجع العربية

- 1- أشتر، سها (2009). تقييم بعض الطرز الوراثية من الأقماح السورية (السداسية والرابعة) باستخدام معلمات بيوكيميائية وجزيئية مختلفة. رسالة دكتوراه، كلية الزراعة، جامعة تشرين، الجمهورية العربية السورية. عدد الصفحات 204.
- 2- تقرير الاعتماد لسلالة الشعير عربي أبيض محسن، البحوث العلمية الزراعية، (1993).
- 3- تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A4806، البحوث العلمية الزراعية، (2000).
- 4- تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A5337، البحوث العلمية الزراعية، (2001).
- 5- تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات A5473، البحوث العلمية الزراعية، (2007).
- 6- تقرير الاعتماد لسلالة الشعير فرات E5406، البحوث العلمية الزراعية، (2003).
- 7- التمو، منور (2007). دراسة خصائص بعض التراكيب الوراثية من الشعير وتقويم أهميتها كمصادر وراثية لتحمل الجفاف. رسالة ماجستير، قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة دمشق، الجمهورية العربية السورية. عدد الصفحات 188.
- 8- التومي، عمر (2012). تقويم أهم الآليات التكيفية المورفوفيزيولوجية المحددة لكفاءة محصول القمح (*Triticum spp.*) الإنتاجية في نظم الزراعة الجافة. رسالة دكتوراه، قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة دمشق، الجمهورية العربية السورية. عدد الصفحات 244.
- 9- جنود، ضامن غادة (2007). دراسة التباين الوراثي لتحمل الجفاف في بعض الأصول الوراثية للقمح، رسالة ماجستير، كلية الزراعة، جامعة دمشق، سورية.
- 10- جنيدان، محمد عامر (2009). دراسة ديناميكية توزع بعض أنواع القمح البرية في موائلها شمال حلب- سوريا والتوصيف الجزيئي باستخدام تقانة AFLP. رسالة ماجستير، قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة حلب، الجمهورية العربية السورية.
- 11- سعود، عبدالرازق حسين . 2015. دراسة أهم الصفات الفيزيولوجية والشكلية المرتبطة بإنتاجية القمح القاسي في ظروف الجفاف . رسالة دكتوراه - كلية الزراعة - جامعة دمشق.
- 12- شيخموس، أحمد (2009). تقييم الكفاءة الإنتاجية لبعض الطرز الوراثية للشعير في منطقة الاستقرار الأولى. رسالة ماجستير، قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة دمشق، الجمهورية العربية السورية. عدد الصفحات 128.
- 13- عباس، شهيناز (2009). تطوير طرز وراثية من الشعير للزراعة في المناطق الجافة باستخدام المعلمات الجزيئية Molecular Markers. أطروحة دكتوراه، قسم المحاصيل الحقلية، كلية الزراعة، جامعة دمشق، الجمهورية العربية السورية. عدد الصفحات 205.

- 14- العودة، أيمن (2005). بعض الرؤى الفيزيولوجية لتحسين غلة محصول القمح الحبية ضمن الظروف البيئية المناسبة. مجلة جامعة دمشق للعلوم الزراعية، المجلد 21، العدد 2، الصفحات 37-50.
- 15- العودة، أيمن، خيتي، مأمون (2008). فسيولوجيا المحاصيل الحقلية. الجزء النظري. كلية الزراعة، منشورات جامعة دمشق.
- 16- مصطفى، علا (2004). دراسة علاقة الصفات الشكلية والفيزيولوجية بالقدرة الإنتاجية الكامنة في القمح القاسي، رسالة ماجستير. كلية الزراعة، جامعة دمشق، سورية.

2-المراجع الأجنبية

1. Abba, S., Ghignon, S. and Bonfante, P. (2006) A Dehydration Inducible Gene in the Truffle Tuber *borchii* Identifies a Novel Group of Dehydrins. BMC Genomics, 7, 39. <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2164-7-39>
2. Abedini, R., Shahbazi, M., Shobbar, Z., Pishkam Rad, R., Ebrahimi, A. (2012). 'Expression analysis of dehydrins gene family in barley tolerant and sensitive cultivars and wild genotype under drought conditions', Iranian Journal of Plant Biology, 4(11), pp. 39-46.
3. Adams, M. W., and J. E. Grafius. (1971). Yield component compensation alternative interpretation. Crop Sci. 11:33–35.
4. Agoston B.S., Kovács D., Tompa P., Perczel A. (2011) Full backbone assignment and dynamics of the intrinsically disordered dehydrin ERD14. Biomolecular NMR assignments 5:189-193.
5. Alley, M., M. Brann., D. E. Hammons., J. L. Peter Scharf., and W. E. Baethgen. 1999. Nitrogen Management for Winter Wheat: Principles and Recommendations. Crop and Soil Environmental Sciences, PUBLICATION 424-026.
6. Alonso-Blanco C, Aarts MG, Bentsink L, Keurentjes JJ, Reymond M, Vreugdenhil D, et al. What has natural variation taught us about plant development, physiology, and adaptation?. Plant Cell 2009;21(7):1877–96.
7. Alpert, P. (2005) The Limits and Frontiers of Desiccation-Tolerant Life. Integrative and Comparative Biology, 45, 685-695. <http://dx.doi.org/10.1093/icb/45.5.685>
8. Alqudah, A.M.; Samarah, N.H.; Mullen, R.E. Drought stress effect on crop pollination, seed set, yield and quality. In Alternative Farming Systems, Biotechnology, Drought Stress and Ecological Fertilization; Springer: Dordrecht, The Netherlands, 2011; pp. 193–213.
9. Amin, M. R., N. C. D. Barma, and M. A. Razzague. (1992). Variability, heritability, genetic advance, and correlation study in some quantities characters in durum wheat. Plant and Soil 111(2):30-32.

10. Anderson, J.A., G.A. Churchill, J.E. Autrique, S.D. Tanksley and M.E. Sorrells, 1993. Optimization parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36: 181-186. DOI: 10.1139/g93-024
11. Anne, C 2006, 'Choosing the right molecular genetic markers for studying biodiversity: from molecular evolution to practical aspects', *Genetica*, vol. 127, pp. 101–120
12. Ansari O, Sharif-zadeh F. Osmo and hydro priming improvement germination characteristics and enzyme activity of Mountain Rye (*Secale montanum*) seeds under drought stress Osmo and hydro priming improvement germination characteristics and enzyme activity of Mountain Rye (*Secale m.* 2012; 8: 253–261.
13. Aradat, A. A. 1991. Phenotypic divergence for and yield-related traits among landrace genotypes of durum wheat from Jordan. - *Euphytica* 52 155- 164
14. Araus, J.L. (2002). Physiological basis of the processes determining barley yield under potential and stress environments: Current research trends on carbon assimilation. In: “Barley science: recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality” G. A. Slafer, J. L. Molin-Cano, R. Savin, J. L. Araus, I. Romagosa (eds.) Haworth, New York, pp 269–306.
15. Arens P, Odinot P, van Heusden AW, Lindhout , Vosman B (1995) GATA and GACA repeats are not evenly distributed throughout the tomato genome. *Genome* 38:84–90
16. Badr A, Müller K, Schäfer-Pregl R, El Rabey H, Effgen S, Ibrahim HH, Pozzi C, Rohde W, Salamini F (2000) On the origin and domestication history of barley (*Hordeum vulgare*). *Molecular Biology and Evolution* 11: 155-165.
17. Baik BK and Ullrich, SE (2008) Barley for food: characteristics, improvement, and renewed interest. *J Cereal Sci* 48:233-242.
18. Barkworth ME, von Bothmer R (2009) Scientific names in the Triticeae. In: Muehlbauer GJ, Feuillet C (eds) *Genetics and genomics of Triticeae*. Springer, New York, pp 3–30.
19. Battaglia, M., Olvera-Carrillo, Y., Garciarrubio, A., Campos, F. and Covarrubias, A.A. (2008) The Enigmatic LEA Proteins and Other Hydrophilins. *Plant Physiology*, 148, 6-24. <http://dx.doi.org/10.1104/pp.108.120725>

20. Baum, M., S. Grando, G. Backes, A. Jahoor, A. Sabbagh, and S. Ceccarelli. (2003). QTLs for agronomic traits in the Mediterranean environment identified in recombinant inbred lines of the cross 'Arta' x *H. spontaneum* 41-1. *Theor. Appl. Genet.* 107:1215–1225.
21. Behall K, Scholfield D, Hallfrisch J (2004) Diets containing barley significantly reduce lipids in mildly hypercholesterolemic men and women. *American Journal of Clinical Nutrition* 80: 1185-1193.
22. Bell CJ, Ecker JR (1994) Assignment of 30 microsatellite loci to the linkage map of *Arabidopsis*. *Genomics* 19:137–144
23. Blattner F, Mendez A (2001) RAPD data do not support a second center barley domestication. *Genetic Resources and Crop Evolution* 48: 13-19.
24. Blattner F.R. (2018) Taxonomy of the Genus *Hordeum* and Barley (*Hordeum vulgare*). In: Stein N., Muehlbauer G. (eds) *The Barley Genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-92528-8_2
25. Bray, E. (1993) Molecular Responses to Water Deficit. *Plant Physiology*, 103, 1035-1040.
26. Brini, F., Hanin, M., Lumbreras, V., Amara, I., Khoudi, H., Hassairi, A., Pagès, M. and Masmoudi, K. (2007) Overexpression of Wheat Dehydrin DHN-5 Enhances Tolerance to Salt and Osmotic Stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Reports*, **11**, 2017-2026. <http://dx.doi.org/10.1007/s00299-007-0412x>
27. Browne, J.A., Dolan, K.M., Tyson, T., Goyal, K., Tunnacliffe, A. and Burnell, A.M. (2004) Dehydration-Specific Induction of Hydrophilic Protein Genes in the Anhydrobiotic Nematode *Aphelenchus avenae*. *Eukaryotic Cell*, **3**, 966- 975. <http://dx.doi.org/10.1128/EC.3.4.966-975.2004>
28. Brush, S.B (1999). *Genes in the Field: On-farm Conservation of Crop Diversity*. International Development Research Centre & Lewis Publishers
29. Caldwell K, Russell J, Langridge P, Powell W (2005) Extreme population-dependent linkage disequilibrium detected in an inbreeding plant species, *Hordeum vulgare*. *Genetics* 172:557–567. <https://doi.org/10.1534/genetics.104.038489>

30. Campbell, S.A. and Close, T.J. (1997) Dehydrins: Genes, Proteins, and Associations with Phenotypic Traits. *New Phytologist*, **137**, 61-74. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1469-8137.1997.00831.x>
31. Campbell, S.A., Crone, D.E., Ceccardi, T.L. and Close, T.J. (1998) A ca. 40 kDa Maize (*Zea mays* L.) Embryo Dehydrin Is Encoded by the Dhn2 Locus on Chromosome 9. *Plant Molecular Biology*, **38**, 417-423. <http://dx.doi.org/10.1023/A:1006037308167>
32. Campoli, C., Shtaya, M., Davis, S. J., and von Korff, M. 2012. Expression conservation within the circadian clock of a monocot: natural variation at barley Ppd-H1 affects circadian expression of flowering time genes, but not clock orthologs. *BMC Plant Biol.* 12: 97.
33. Cantrell, R. G., and E. S. Haro-Arias. (1986). Selection for spikelet fertility in semidwarf durum wheat population. *Crop Sci.* 26:691-693.
34. Ceccarelli S, Grando S (1987) Diversity for morphological and agronomic characters in *Hordeum vulgare* ssp. *Spontaneum* C. Koch. *Genet Agr* 41:131–142
35. Ceccarelli S, Grando S, van Leur JAG (1995) Understanding landraces: the Fertile Crescent's barley provides lesson to plant breeders. *Diversity II*:112–113
36. Ceccarelli, S. (1984). Utilization of landraces *Hordeum spontaneum* in barley breeding for dry areas. *Rachis* 3 (2) : 8- 11.
37. Ceccarelli, S.,)1989(. Wide adaptation. How wide? *Euphytica* 40, 197 205 .
38. Ceccarelli, S., Grando, S., Tutwiler, R., Baha, J., Martini, A.M., Salahieh, H., Goodchild, A., and M. Michael, (2000). A Methodological Study on Participatory Barley Breeding. Selection Phase. *Euphytica* 111: 91-104.
39. Chahal G. S. , Gosa S. S. (2002). Principles and Procedures of Plant Breeding: Biotechnological and Conventional Approaches. Alpha Science International, 2002 - Science - 604 pages
40. Chloupek O, Dosta' l V, Středa T, Psota V, Dvořa' čková' O. Drought tolerance of barley varieties in relation to their root system size. *Plant Breed.* Blackwell Publishing Ltd; 2010; 129: 630–636. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2010.01801.x>

41. Choi, DW., Close, T. (a) A newly identified barley gene, Dhn12, encoding a YSK2 DHN, is located on chromosome 6H and has embryo-specific expression. *Theor Appl Genet* 100, 1274–1278 (2000). <https://doi.org/10.1007/s001220051434>
42. Choi, DW., Koag, M. & Close, T. (b) Map locations of barley Dhn genes determined by gene-specific PCR. *Theor Appl Genet* 101, 350–354(2000).
43. Choi, DW., Zhu, B. & Close, T. The barley (*Hordeum vulgare* L.) dehydrin multigene family: sequences, allele types, chromosome assignments, and expression characteristics of 11 Dhn genes of cv Dicktoo. *Theor Appl Genet* 98, 1234–1247 (1999). <https://doi.org/10.1007/s001220051189>
44. Close, T. (1996) Dehydrins: Emergence of a Biochemical Role of a Family of Plant Dehydration Proteins. *Physiologia Plantarum*, **97**, 795-803 <http://dx.doi.org/10.1111/j.1399-3054.1996.tb00546.x>
45. Costa J, Bollero G (2001) Stability analysis of grain yield in barley (*Hordeum vulgare*) in the US mid- Atlantic Region. *Ann Appl biol* 139:137-143.
46. Dai F, Nevo E, Wu D, Comadran J, Zhou M, et al.. (2012) Tibet is one of the centers of domestication of cultivated barley. *Proc Natl Acad Sci USA* www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1215265109.
47. Danyluk, J., Perron, A., Houde, M., Limin, A., Fowler, B., Benhamou, N. and Sarhan, F. (1998) Accumulation of an Acidic Dehydrin in the Vicinity of the Plasma Membrane during Cold Acclimation of Wheat. *The Plant Cell Online*, 10, 623-638. <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.10.4.623>
48. Darwinkle, A. (1978). Pattern of tillering and grain production of winter wheat at a range of plant densities. *Neth. J. Agric. Sci.* 26:383-398.
49. Del Pozo A, Castillo D, Inostroza L, Matus I, Méndez AM, Morcuende R. Physiological and yield responses of recombinant chromosome substitution lines of barley to terminal drought in a Mediterranean-type environment. *Ann Appl Biol.* 2012;160: 157–167.

50. Dellaporta S, J Wood, and JB Hicks. 1983. A plant DNA miniprep: version II. *Plant Mol Biol Rept* 1:19–21.
51. Doll H, Brown AHD (1979) Hordein variation in wild (*Hordeum spontaneum*) and cultivated barley (*Hordeum vulgare*). *Canadian Journal of Genetics and Cytology* 21:391-404.
52. Donmez, E.; Sears, R. G.; Shroyer, J. P. and Paulesen, G. M. (2001). Genetic gain in yield attributes of winter wheat in the Great Plains. *Crop Sci.* 41: 1412-1419.
53. Du, J.-B., Yuan, S., Chen, Y.-E., Sun, X., Zhang, Z.-W., Xu, F., Yuan, M., Shang, J., Lin, H.- H., 2011. Comparative expression analysis of dehydrins between two barley varieties, wild barley and Tibetan hulless barley associated with different stress resistance. *Acta physiologiae plantarum* 33 (2), 567–574.
54. Dure, L., Greenway, S. and Galau, G. (1981) Developmental Biochemistry of Cotton Seed Embryogenesis and Germination: Changing Messenger Ribonucleic Acid Populations as Shown by in Vitro and in Vivo Protein Synthesis. *Biochemistry*, 20, 4162-4168. <http://dx.doi.org/10.1021/bi00517a033>
55. Eglinton JK, Evans DE, Brown AHD, Langridge P, McDonald G, Jefferies SP, Barr AR (1999) The use of wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) in breeding for quality and adaptation. 9th Australian barley technical symposium, Melbourne
56. El-Awady, M. A. H. M., El-Tarras, A. A. E.-S., & El-Assal, S. E.-D. J. A. J. o. A. S. (2012). Genetic diversity of some saudi barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces based on two types of molecular markers. 9(5), 752.
57. Ellis RP, Forster BP, Robinson D, Handley LL, Gordon DC, Russell JR, Powell W (2000) Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century? *J Exp Bot* 51:9–17
58. Ellis RP, Forster BP, Waugh R, Bonar N, Handley LL, Robinson D, Gordon DC, Powell W (1997) Mapping physiological traits in barley. *New Phytol* 137:149–157
59. Ellis RP, Thomas WTB, Swantston JS (2000) The use of mapped SSRs to examine the historical changes in barley germplasm in Europe. In: Logue S (ed) *Proceedings of the 8th*

International Barley Genetics Symposium, Vol II, Section I
Germplasm and Genetic Resources, Adelaide, Australia,
October 22–27, 2000, pp 8–10

60. Fan Y, Shabala S, Ma Y et al (2015) Using QTL mapping to investigate the relationships between abiotic stress tolerance (drought and salinity) and agronomic and physiological traits. *BMC Genomics* 16:43.
61. FAOWorld Food and Agriculture. Statistical Yearbook. Available online: <http://www.fao.org/3/i3107e/i3107e.pdf> (accessed on 20 May 2019).
62. Feng ZY, Liu XJ, Zhang YZ, Ling HQ (2006) Genetic diversity analysis of Tibet wild barley using SSR markers. *Acta Genet Sin* 33: 917–928.
63. Fischbeck, G. 2003. Diversification through breeding. In: R. Bothmer, T. H. Hintum, H. Knüpfner, K. Sato (eds), *Diversity in Barley (Hordeum vulgare)*. Elsevier Science B.V., Amsterdam, The Netherlands. pp. 29–52.
64. Fischer, R.A., and J.T. Wood. (1979). Drought resistance in spring wheat cultivars. III. Yield association with morph-physiological traits. *Aust. J. Agric. Res.* 30,1001-1020.
65. Forster BP, Ellis RP, Moir J, Talame V, Sanguinet MC, Tuberosa R, This D, Teulat-Merah B, Ahmed I, Mariy S, Bahri H, Ouahabi ME, Zoumarou-Wallis N, El-Fellah M, Salem MB (2004) Genotype and phenotype associations with drought tolerance in barley tested in North Africa. *Ann Appl Biol* 144:157–168
66. Forster BP, Ellis RP, Thomas WTB, Newton AC, Tuberosa R, This D, El-Enein RA, Bahri MH, Salem MB (2000) The development and application of molecular markers for abiotic stress tolerance in barley. *J Exp Bot* 51:19–27
67. Forster BP, Russell JR, Ellis RP, Handley LL, Robinson D, Hackett CA, Nevo E, Waugh R, Gordon DC, Keith R, Powell W (1997) Locating genotypes and genes for abiotic stress tolerance in barley: a strategy using maps, markers and the wild species. *New Phytol* 137:141-147.
68. Friedt W, Horsley RD, Harvey BL et al (2011) Barley breeding history, progress, objectives, and technology. In: *Barley*. Wiley-Blackwell, pp 160–220

69. Galau, G.A., Hughes, D.W. and Dure, L. (1986) Absciscic Acid Induction of Cloned Cotton Late Embryogenesis-Abundant (Lea) mRNAs. *Plant Molecular Biology*, 7, 155-170. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00021327>
70. Garay-Arroyo, A. Colmenero-Flores, J., Garciarrubio, A. and Covarrubias, A.A. (2000) Highly Hydrophilic Proteins in Prokaryotes and Eukaryotes Are Common during Conditions of Water Deficit. *Journal of Biological Chemistry*, 275, 5668-5674. <http://dx.doi.org/10.1074/jbc.275.8.5668>
71. Garcia del Moral, L. F.; Roca, L. F.; Ramdani, A.; Rharrabti, Y.; Villegas, D.; and Royo, C. (2002). Genetic improvement effects on durum wheat yield and yield components in the Mediterranean region. In: Proceedings VII Congress of the European Society for Agronomy. P. 91–92. Villalobos F. J., and Testi, L. Eds., Córdoba, Spain.
72. Gemayel R, Cho J, Boeynaems S and Verstrepen KJ (2012) Beyond Junk-Variable Tandem repeats as facilitators of rapid evolution of regulatory and coding sequences. *Genes* 3:461-480.
73. Giese H, Holm-Jensen AG, Mathiassen H, Kjaer B, Rasmussen SK (1994) Distribution of RAPD markers on a linkage map of barley. *Hereditas* 120:267-273.
74. Gifford, R.M., J.H.Thorne., W.D. Hitz and R.T. Giaquinta. 1984. Crop Productivity and Photo-assimilate Partitioning. *C. Scie.* 225: 801-808.
75. Giles BE, Bengtsson BO. 1988. Variation in anther size in wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). *Hereditas* 108(2): 199–205.
76. Goldberg, R.B., Barker, S.J. and Perez-Grau, L. (1989) Regulation of Gene Expression during Plant Embryogenesis. *Cell*, 56, 149-160. [http://dx.doi.org/10.1016/0092-8674\(89\)90888-X](http://dx.doi.org/10.1016/0092-8674(89)90888-X)
77. Goulao L, Monte-Corvo L, Oliveira CM (2001) Phenetic characterization of plum cultivars by high multiplex ratio markers: amplified fragment length polymorphisms and inter-simple sequence repeats. *J Am Soc Hortic Sci* 126:72–77

78. Goulao L, Oliveira CM (2001) Molecular characterisation of cultivars of apple (*Malus domestica* Borkh.) using microsatellite (ISSR and SSR) markers. *Euphytica* 122:81–89
79. Grandó S, von Bothmer R, Ceccarelli S (2001) Genetic diversity of barley: use of locally adapted germplasm to enhance yield and yield stability of barley in dry areas. In: Cooper HD, Spillane C, Hodgkin T (eds) *Broadening the genetic base of crop production*, pp 351–372
80. Graner A, Jahoor A, Schondelmaier J, Siedler H, Pillen K, Fischbeck G, Wenzel G, Herrmann R (1991) Construction of an RFLP map of barley. *Theor Appl Genet* 83:250-256.
81. Grausgruber, H., H. Bointner, R. Tumpold, and P. Ruckenbauer. (2002). Genetic improvement in grain yield, yield components and agronomic traits of spring barley (*Hordeum Vulgare* L.). University of Agricultural Sciences, Dept. Plant Breeding, Vienna, Austria. p.p.268-273.
82. Gupta M, Chyi YS, Romero-Severson J, Owen JL (1994) Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of SSRs. *Theor Appl Genet* 89: 998–1006
83. Hadjichristodoulou, A., (1995). Evaluation of barley landraces and selections from natural outcrosses of *H. vulgare* ssp. *Spontaneum* with ssp. *vulgare* for breeding in semi-arid areas. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 42: 83–89.
84. Hafsi. M., P. Monneveux., O. Merah and D. Abdelhamid. 2001. Carbon Isotope Discrimination and Durum Wheat Yields in The Setif High Plains of Algeria. *Secheresse*.12(1): 37-43.
85. Hand, S.C., Menze, M.A., Toner, M., Boswell, L. and Moore, D. (2011) LEA Proteins during Water Stress: Not Just for Plants Anymore. *Annual Review of Physiology*, 73, 115-134. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev-physiol-012110-142203>
86. Harlan J, Zohary D (1966) Distribution of wild wheat and barley. *Science* 153: 1074-1080.
87. Harlan JR. *Crops and ancient man*. Madison: American Society for Agronomy; 1992.
88. Heath DD, Iwana GK, Delvin RH (1993) PCR primed with VNTR core sequences yield species specific patterns and hypervariable probes. *Nucleic Acids Res* 21:5782–5785
89. Henry, R.J. ed. (2001) *Plant Genotyping* CABI Publishing.

90. Heun M, Kennedy AE, Anderson JA, Lapitan NLV, Sorrells ME, Tanksley SD (1991) Construction of a RFLP map for barley (*Hordeum vulgare*). *Genome* 34:437-447.
91. Hisano H., Tsujimura M., Yoshida H., Terachi T., Sato K. 2016, Mitochondrial genome sequences from wild and cultivated barley (*Hordeum vulgare*), *BMC Genomics.*, 17, 824.
92. Honjoh, K.I., Yoshimoto, M., Joh, T., Kajiwar, T., Miyamoto, T. and Hatano, S. (1995) Isolation and Characterization of Hardening-Induced Proteins in *Chlorella vulgaris* C-27: Identification of Late Embryogenesis Abundant Proteins. *Plant and Cell Physiology*, **36**, 1421-1430.
93. Hsu, P. and Walton, P.D. (1971). Relationship between yield and its components and structures above the flag leaf node in spring wheat. *Crop Sci.*, 11: 2, 190-93
95. Ingram, J. and Bartels, D. (1996) The Molecular Basis of Dehydration Tolerance in Plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 47, 377-403. <http://dx.doi.org/10.1146/annurev.arplant.47.1.377>.
96. International Barley Sequencing Consortium (IBSC) 2012, A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome, *Nature.*, 491, 711–6.
97. IPGRI, 1994. Descriptors for barley (*Hordeum vulgare* L.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
98. Ivandic V, Hackett CA, Nevo E, Keith R, Thomas WTB (2002) Analysis of simple sequence repeats (SSRs) in wild barley from the Fertile Crescent: associations with ecology, geography and flowering time. *Plant Mol Biol* 48: 511–527.
99. Ivandic V, Hackett CA, Zhang ZJ, Staub JE, Nevo E, Thomas WTB, Forster BP (2000) Phenotypic responses of wild barley to experimentally imposed water stress. *J Exp Bot* 51:2021–2029
100. Ivandic V, Thomas WTB, Nevo E, Zhang Z, Forster BP (2003) Associations of simple sequence repeats with quantitative trait variation including biotic and abiotic stress tolerance in *Hordeum spontaneum*. *Plant Breeding* 122:300-304.
101. Jabbari M, Fakheri BA, Aghnoum R, Mahdi Nezhad N, Ataei R (2018) GWAS analysis in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) for

- morphological traits exposed to drought. PLoS ONE 13(9): e0204952. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204952>
102. Jakob SS, Meister A, Blattner FR (2004) The considerable genome size variation of *Hordeum* species (Poaceae) is linked to phylogeny, life form, ecology, and speciation rates. *Mol Biol Evol* 21:860–9
 103. Jana S, Pietrzak LN (1988) Comparative assessment of genetic diversity in wild and primitive cultivated barley in a center of diversity. *Genetics* 119:981–990
 104. Jarrah, M. (1993). Variability of morph-physiological and quality traits of Mediterranean durum wheat landraces. M.Sc. Chukorova Univ., Turkey.
 105. Kalladan R, Worch S, Rolletschek H, Harshavardhan VT, Kuntze L, Seiler C, et al. Identification of quantitative trait loci contributing to yield and seed quality parameters under terminal drought in barley advanced backcross lines. *Mol Breed.* 2013; 32: 71–90. <https://doi.org/10.1007/s11032-013-9853-9>
 106. Kanazin V, Talbert H, See D, DeCamp P, Nevo E, Blake T (2002) Discovery and assay of single-nucleotide polymorphisms in barley (*Hordeum vulgare*). *Plant Mol Biol* 48:529-537.
 107. Karamanos, A.J., and A.Y. Papatheohari. (1999). Assessment of drought resistance of crop genotypes by means of the water potential index. *Crop Sci.* 39:1792–1797.
 108. Kashi Y, Kind D, Soller M (1997) Simple sequence repeats as a source of quantitative genetic variation. *Trends in Genetics* 13(2): 74-78.
 109. Kazuhiro Sato, History and future perspectives of barley genomics, DNA Research, Volume 27, Issue 4, August 2020, dsaa023, <https://doi.org/10.1093/dnares/dsaa023>.
 110. Kearsey M, Pooni H (1996) *The Genetic Analysis of Quantitative Traits*. Chapman and Hall, London, UK.
 111. Khatab, I. A., & Samah, M. A. J. C. R. J. o. B. S. (2013). Development of agronomical and molecular genetic markers associated with salt stress tolerance in some barley genotypes. 5(5), 198-204.
 112. Khatab, I. A., El-Mouhamady, A., Mariey, S. A., & Elewa, T. J. C. S. I. (2019). Assessment of water deficiency tolerance indices

- and their relation with ISSR markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). 8, 83-100.
113. Khodayari H, Saeidi H, Roofgar AA, Rahiminejad MR, Pourkheirandish M and Komatsuda T (2012) Genetic diversity of cultivated barley landraces in Iran measured using microsatellites. *Int J Biosci Bioche Bioinform* 2:278-290.
 114. Khokhar MI, Teixeira JA, Silva D, Spiertz H. Evaluation of Barley Genotypes for Yielding Ability and Drought Tolerance under Irrigated and Water-stressed Conditions. *Environ Sci.* 2012; 12: 287–292.
 115. Kianoosh, C., Leila, Z., Reza, Z. A., & Saeid, J. H. J. R. J. o. B. V. (2017). Study of genetic variation among diverse barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes using agro-morphological traits and RAPD, ISSR, AFLP markers. 12, 6.
 116. Kjaer B, Haahr V, Jensen J. Associations between 23 Quantitative Traits and 10 Genetic Markers in a Barley Cross. *Plant Breed.* Blackwell Publishing Ltd; 1991; 106: 261–274. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1991.tb00511.x> Genetic basis of drought tolerance in barley PLOS ONE | <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206682> November 2, 2018 18 / 21
 117. Knüpffer H. Triticeae Genetic Resources in ex situ Genebank Collections. In: Muehlbauer GJ, Feuillet C, editors. *Genetics and Genomics of the Triticeae*. New York, NY: Springer US; 2009. p. 31–79.
 118. Komatsuda T, Mohammad P, He C, Perumal A, Hiroyuki K, Dragan P, Stein N, Graner A, Wicker T, Tagiri A, Lundqvist U, Fujimura T, Matsuoka M, Matsumoto T, Yano M (2007) Six-rowed barley originated from a mutation in a homeodomain-leucine zipper 1-class homeobox gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104(4): 1424-1429.
 119. Ladizinsky, G. 1985. Founder effect in crop-plant evolution. *Econ. Bot.* 39: 191–199.
 120. Lagercrantz U, Ellegren H, Andersson L: The abundance of various polymorphic microsatellite motifs differs between plants and vertebrates. *Nucl Acids Res* 21:1111-1115 (1993).

121. Lakew B, Eglinton J, Henry RJ, Baum M, Grando S, Ceccarelli S (2011) The potential contribution of wild barley (*Hordeum vulgare* spp *spontaneum*) germplasm to drought resistance of cultivated barley (*Hordeum vulgare* spp *vulgare*). *Field Crops Res* 120:161–168
122. Larson, G., Piperno, D. R., Allaby, R. G., Purugganan, M. D., Andersson, L., Arroyo-Kalin, M., Barton, L., Climer Vigueira, C., Denham, T., Dobney, K., Doust, A. N., Gepts, P., Gilbert, M. T. P., Gremillion, K. J., Lucas, L., Lukens, L., Marshall, F. B., Olsen, K. M., Pires, J. C., Richerson, P. J., Rubio de Casas, R., Sanjur, O. I., Thomas, M. G., and Fuller, D. Q. 2014. Current perspectives and the future of domestication studies. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 111: 6139–6146.
123. Ledent, J.F., and D. N. Moss. (1979). Relation of morphological characters and shoot yield wheat. *Crop Sci.* 19:445-451.
124. Ledovskoy Y, Abugalieva S and Turuspekoy Y (2010) Comparative assessment of the genetic variation in wild and cultivated barley based on SSR markers. *Asian Australas J Plant Sci Biotechnol* 4:21-26.
125. Li JZ, Sjakste TG, Roder MS, Ganai MW (2003) Development and genetic mapping of 127 new microsatellite markers in barley. *Theoretical and Applied Genetics* 10: 1021-1027.
126. Li X, Xu C, Zhang Q (2004) Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in three samples of wild and cultivated barleys and their relevance to the origin of cultivated barley. *Plant Breeding* 123: 30-34.
127. Liang, J., Deng, G., Long, H., Pan, Z., Wang, C., Cai, P., Xu, D., Nima, Z.-X., Yu, M., 2012. Virus-induced silencing of genes encoding LEA protein in Tibetan hulless barley
128. Linde-Laursen I (1997) Recommendations for the designation of the barley chromosomes and their arms. *Barley Genetics Newsletter* 26: 1-3.
129. Liu F, Sun GL, Salomon B, Von Bothmer R (2002) Characterization of genetic diversity in core collection accessions of wild barley, *Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*. *Hereditas* 136:67-73.

130. Liu Z, Biyashev R, Saghai Maroof M (1996) Development of simple sequence repeats DNA Markers and their integration into a barley linkage map. *Theoretical and Applied Genetics* 93: 869-876.
131. Lopez-Castaneda, C., R.A. Richards, G.D. Farquhar and R.E. Williamson. 1996. Seed and seedling characteristics contributing to variation in early vigor among temperate cereals. *Crop Sci.* 36:1257-1266.
132. Mackay I, Powell W (2007) Methods for linkage disequilibrium mapping in crops. *Trends Plant Sci* 12:57–63.
133. Malysheva-Otto LV, Ganai MW and Röder MS (2006) Analysis of molecular diversity, population structure and linkage disequilibrium in a worldwide survey of cultivated barley germplasm *Hordeum vulgare* L.. *BMC Genet* 7:e6
134. Manfre, A., Lanni, L. and Marcotte, W. (2006) The Arabidopsis Group 1 Late-Embryogenesis Abundant Protein ATEM6 Is Required for Normal Seed Development. *Plant Physiology*, **140**, 140-149. <http://dx.doi.org/10.1104/pp.105.072967>
135. Manfre, A.J., LaHatte, G.A., Climer, C.R. and Marcotte, W.R. (2009) Seed Dehydration and the Establishment of Desiccation Tolerance during Seed Maturation Is Altered in the *Arabidopsis thaliana* Mutant Atem6-1. *Plant and Cell Physiology*, **50**, 243-253. <http://dx.doi.org/10.1093/pcp/pcn185>
136. Maniatis. T, E. F. Fritsch, and J. Sambrook. 1982. Molecular cloning, a laboratory manual (Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory).
137. Mansour E, Casas AM, Gracia MP, Molina-Cano JL, Moralejo M, Cattivelli L, et al. Quantitative trait loci for agronomic traits in an elite barley population for Mediterranean conditions. *Mol Breed.* 2014; 33: 249–265. <https://doi.org/10.1007/s11032-013-9946-5>
138. Mascher M, Gundlach H, Himmelbach A, Beier S, Twardziok SO, Wicker T, et al. A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome. *Nature* 2017;544(7651):427–33.

139. Matus IA, Hayes PM (2002) Genetic diversity in three groups of barley germplasm assessed by simple sequence repeats. *Genome* 45:1095-1106.
140. Mc Neal, F. H., C. O. Quolst, D. E. Bladride, and R. V. Stewart. (1978). Selection for yield and yield component in wheat. *Crop Sci.* 18:795-799.
141. Mehravaran L, Fakheri B, Sharifi-Rad J. Localization of quantitative trait loci (QTLs) controlling drought tolerance in barley. *Int J Biosci.* Dhaka: Shamokal Publications; 2014; 5: 248–259.
142. Meyer, W., T.G. Mitchell, E.Z. Freedman & R. Vilgays, 1993. Hybridization probes for conventional DNA fingerprinting used as single primers in the polymerase chain reaction to distinguish strains of *Cryptococcus neoformans*. *J Clin Microbiol* 31: 2274–2280.
143. Middleton C.P., Senerchia N., Stein N., et al. 2014, Sequencing of chloroplast genomes from wheat, barley, rye and their relatives provides a detailed insight into the evolution of the Triticeae tribe, *PLoS One.*, 9, e85761.
144. Miko ajczak K, Ogrodowicz P, Gudy K, Krystkowiak K, Sawikowska A, Frohmberg W, et al. Quantitative trait loci for yield and yield-related traits in spring barley populations derived from crosses between European and Syrian cultivars. *PLoS One.* 2016; 11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155938> PMID: 27227880
145. Minella E (2005) Melhoramento de cevada. In: Borém A (ed) *Melhoramento de Espécies Cultivadas*, 2nd edition, Editora UFV, Viçosa, pp 275-299.
146. Mitchell-Olds T, Willis JH, Goldstein DB. Which evolutionary processes influence natural genetic variation for phenotypic traits?. *Nat Rev Genet* 2007;8(11):845–56.
147. Molina-Cano J, Moralejo M, Igartua E, Romagosa I (1999) Further evidence supporting Morocco as a center of origin of barley. *Theoretical and Applied Genetics* 98: 913-918.
148. Molina-Cano J, Russell J, Moralejo M, Escacena J, Arias G, Powell W (2005) Chloroplast DNA microsatellite analysis supports a polyphyletic origin for barley. *Theoretical and Applied Genetics* 110(4): 613-619.

149. Mora F, Quitral YA, Matus I et al (2016) SNP-based QTL mapping of 15 complex traits in barley under rain-fed and well-watered conditions by a mixed modeling approach. *Front Plant Sci* 7:909.
150. Morgante M, Olivieri A (1993) PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. *The Plant Journal* 3(1): 175-182.
151. Morrell, P. L., and Clegg, M. T. 2007. Genetic evidence for a second domestication of barley (*Hordeum vulgare*) east of the Fertile Crescent. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 104: 3289–3294.
152. Morrell, P. L., Gonzales, A. M., Meyer, K. K., and Clegg, M. T. 2014. Resequencing data indicate a modest effect of domestication on diversity in barley: a cultigen with multiple origins. *J. Hered.* 105: 253–264.
153. Mullis K, Faloona F (1987) Specific synthesis of DNA in vitro via the polymerase catalyzed reaction. *Methods in Enzymology* 255: 335-350.
154. Murchie EH, Pinto M, Horton P. Agriculture and the new challenges for photosynthesis research. *New Phytol.* 2009;181: 532–552. pmid:19140947
155. Najaphy. A.B., A.R. Parchin., and E. Farshadfar. 2012. Evaluation of genetic diversity in wheat cultivars and breeding lines using inter simple sequenca repeat markers. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*. 25(4):2634-2638.
156. Nandha PS and Singh J (2014) Comparative assessment of genetic diversity between wild and cultivated barley using gSSR and EST-SSR markers. *Plant Breed* 133:28-35.
157. Nei, S.M. (1987). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
158. Nevo E (1992) Origin, evolution, population genetics and resources for breeding of wild barley, *Hordeum spontaneum*, in the Fertile Crescent. In: Shewry PR (ed) *Barley, genetics, biochemistry, molecular biology and biotechnology*. CAB international, Oxford, pp 19–43
159. Nevo E, Chen G (2010) Drought and salt tolerances in wild relatives for wheat and barley improvement. *Plant Cell Environ* 33:670–685

160. Newton AC, Flavell AJ, George TS, Leat P, Mullholland B, Ramsay L, et al. Crops that feed the world 4. Barley: a resilient crop? Strengths and weaknesses in the context of food security. *Food Secur.* 2011; 3: 141–178. <https://doi.org/10.1007/s12571-011-0126-3>
161. Nylander, M., Svensson, J., Palva, E.T. and Welin, B.V. (2001) Stress-Induced Accumulation and Tissue-Specific Localization of Dehydrins in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Molecular Biology*, 45, 263-279. <http://dx.doi.org/10.1023/A:1006469128280>
162. Ogrodowicz P., Adamski T., Mikołajczak K., Kuczyńska A., Surma M., Krajewski P., Sawikowska A., Górny A., Gudyś K., Szarejko I., Guzy-Wróbelska J., Krystko-wiak K., 2017. QTLs for earliness and yield-forming traits in the Lubuski×CamB barley RIL population under various water regimes. *Journal of Applied Genetics*, 58: 49-65. doi: 10.1007/s13353-016-0363-4
163. Oliveira, E., Amara, I., Bellido, D., Odena, M.A., Dominguez, E., Pages, M. and Goday, A. (2007) LCMSMS Identification of *Arabidopsis thaliana* Heat-Stable Seed Proteins: Enriching for LEA-Type Proteins by Acid Treatment. *Journal of Mass Spectrometry*, 42, 1485-1495. <http://dx.doi.org/10.1002/jms.1292>
164. Oliver, R.P. and Solomon, P.S. (2004) Does the Oxidative Stress Used by Plants for Defence Provide a Source of Nutrients for Pathogenic Fungi? *Trends in Plant Science*, 9, 472-473. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tplants.2004.08.006>
165. Orabi J, Backes G, Wolday A, Yahyaoui A, Jahoor A (2007) The Horn of Africa as a centre of barley diversification and a potential domestication site. *Theor Appl Genet* 114: 1117–1127.
166. Ortiz R, Nurminiemi M, Madsen S, Rognli O, Bjørnstad Å (2002) Genetic giants in Nordic spring barley breeding over sixty years. *Euphytica* 126: 283-289.
167. Pagnotta MA, L. Mondini, P. Condianni, and C. Fares. 2009. Agronomical quality, and molecular characterization of twenty Italian.
168. Pakniyat H, Powell W, Baird E, Handley LL, Robinson D, Scrimgeour CM, Nevo E, Hackett CA, Caligari PDS, Forster BP (1997)

- AFLP variation in wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) with reference to salt tolerance and associated ecogeography. *Genome* 40:332-341.
169. Pedersen C, Giese H, Linde-Laursen I (1995) Towards an integration of the physical and the genetic chromosome maps of barley by in situ hybridization. *Hereditas* 123: 77- 88.
 170. Pérez-Jiménez M, Besnard G, Dorado G and Hernandez P (2013) varietal tracing of virgin olive oils based on plastid DNA variation profiling. *PLoS One* 8:e70507.
 171. Persson, G. (1997). Förädling av vörkorn i Sverige från förr och nu. In Olsson, G. (ed.) Den svenska.växtförädlingens historia. Skogs- och lantbrukshistoriska meddelanden nr 20. KSLA, Stockholm.
 172. Phumichai C, Phumichai T and Wongkaew A (2015) Novel chloroplast microsatellite (cpSSR) markers for genetic diversity assessment of cultivated and wild *Hevea* rubber. *Plant Mol Biol Report* 33:1486-1498.
 173. Pillen K, Binder A, Kreuzkam B, Ramsay L, Waugh R, Förster J, Léon J (2000) Mapping new EMBL-derived barley microsatellites and their use in differentiating German barley cultivars. *Theoretical and Applied Genetics* 101: 652-660.
 174. Poehlman J.M. (1979). Breeding field crops. Second edition. The avipublishing company, Inc. Wesport, Connecticut, USA. p.p. 227-239.
 175. Poets AM, Fang Z, Clegg MT, Morell PL. Barley landraces are characterized by geographically heterogeneous genomic origins. *Genome Biol.* 2015;16:173.
 176. Prabhakar, M., and D. Mark. (2002). Ultraviolet Spectroscopy and UV Lasers. New York: Marcel Dekker. ISBN 0-8247-0668-4.
 177. Rabbani G. (2009). Inheritance Mechanisms of Drought Tolerance and Yield Attributes in Wheat under Irrigated and Rainfed Conditions, .Ph.D Thesis, Faculty of Crop and Food Science Pir Mehr Ali Shah, Arid Agriculture University, Rawalpindi, Pakistan.
 178. Raina, S. N; Rani, V.; Kojima, T.; Ogihara, Y.; Singh K. P. And Devarumath, R. M. (2001), RAPD and ISSR fingerprints as useful genetic markers for analysis of genetic diversity,

- varietals identification, and phylogenetic relationships in peanut (*Arachis hypogaea*) cultivars and wild species. *Genome*, 44: 763-772.
179. Renu Khanna-Chopra, P. S. S. Rao, Maheswari, M., Liu Xiaobing, and K. S. Shivshankra.(1994). Effect of water deficit on accumulation of dry matter, carbon and nitrogen in the kernel of wheat geno types differing in yield stability. *Annals of Botany* 74, 503-511.
 180. Reynolds, T.L.B. and Derek, J. (1993) Absciscic Acid Enhances the Ability of the Desiccation-Tolerant Fern *Polypodium virginianum* to Withstand Drying. *Journal of Experimental Botany*, 44, 1771-1779.
 181. Richards, R.A., (1996). Increasing Yield Potential wheat- source and sink limitations: Breaking the Barriers (Eds. M. P. Reynolds, S. Rajarm, and A. McNab), Pp.134-149. (CIMMYT: Mexico, CF).
 182. Rimpau I, Smith D, Flavell R (1980) Sequence organization in barley and oats chromosomes revealed by interspecific DNA/DNA hybridization. *Heredity* 44: 131-149.
 183. Ripple T, William L, Mary SPC, Michael W, Craig IC (2009) The effects of barely-derived soluble fiber on serum lipids. *Annals of Family Medicine* 7(2): 157-163.
 184. Robinson D, Handley LL, Scrimgeour CM, Gordon D, Forster BP, Eills RP (2000) Using stable isotope natural abundances ($\delta^{15}\text{N}$ and $\delta^{13}\text{C}$) to integrate the stress responses of wild barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) genotypes. *J Exp Bot* 51:41-50.
 185. Rollins JA, Drosse B, Mulki MA, Grando S, Baum M, Singh M, et al. Variation at the vernalisation genes *Vrn-H1* and *Vrn-H2* determines growth and yield stability in barley (*Hordeum vulgare*) grown under dryland conditions in Syria. *Theor Appl Genet.* 2013; 126: 2803–2824. <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2173-y> PMID: 23918065
 186. Rorat, T., Grygorowicz, W.J., Irzykowski, W. and Rey, P. (2004) Expression of KS-Type Dehydrins Is Primarily Regulated by Factors Related to Organ Type and Leaf Developmental

- Stage during Vegetative Growth. *Planta*, 218, 878- 885.
<http://dx.doi.org/10.1007/s00425-003-1171-8>
187. Rorat, T., Szabala, B., Grygorowicz, W., Wojtowicz, B., Yin, Z. and Rey, P. (2006) Expression of SK3-Type Dehydrin in Transporting Organs Is Associated with Cold Acclimation in *Solanum* Species. *Planta*, **224**, 205-221.
<http://dx.doi.org/10.1007/s00425-005-0200-1>
 188. Rosenberg NA. 2004. Distruct: a program for the graphical display of population structure. *Mol Ecol Notes*. 4:137–138.
 189. Rostoks N, Mudie S, Cardle L, Russell J, Ramsay L, Booth A, Svensson JT, Wanamaker SI, Walia H, Rodriguez EM, Hedley PE, Liu H, Morris J, Close TJ, Marshall DF, Waugh R (2007) Genome wide SNP discovery and linkage analysis in barley based on genes responsive to abiotic stress. *Molecular Genetics and Genomics* 274: 515–527.
 190. Russell J, van Zonneveld M, Dawson IK et al (2014) Genetic diversity and ecological niche modelling of wild barley: refugia, large-scale post-LGM range expansion and limited mid-future climate threats? *PLoS One* 9:e86021.
 191. Russell, J.R., J.D. Fuller, G. Young, B. Thomas, G. Taramino, M. Macaulay, R. Waugh & W. Powell, 1997. Discriminating between barley genotypes using microsatellite markers. *Genome* 40: 442–450.
 192. Sadeghpour, F., Shayan, S., Mohammadi, S., Moghaddam Vahed, M., & Ghassemi-Golezani, K. (2018). Genetic diversity of winter barley genotypes using ISSR markers.
 193. Saghai-Maroo M, Biyashev R, Yang G, Zhang Q, Allard R (1994) Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 91(12): 5466-5470.
 194. Salamini F, Ozkan H, Brandolini A, Schafer-Pregl R, Martin W (2002) Genetics and geography of wild cereal domestication in the near east. *Nat Rev Genet* 3: 429–441
 195. Samarah N, Alqudah A. Effects of late-terminal drought stress on seed germination and vigor of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Arch*

- Agron Soil Sci. 2011; 57: 27–32. <https://doi.org/10.1080/03650340903191663>
196. Samarah NH, Alqudah AM, Amayreh JA, Mcandrews GM. The Effect of Late-terminal Drought Stress on Yield Components of Four Barley Cultivars. 2009; 1–15. <https://doi.org/10.1111/j.1439-037X.2009.00387.x>
 197. Samarah, Nezar H. Effects of drought stress on growth and yield of barley. *Agronomy for Sustainable Development*, Springer Verlag (Germany), 2005, 25 (1), pp.145-149
 198. Sax, K. (1923) The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. *Genetics* 8, 552–560
 199. Sayed MA, Hamada A, Lèon J, Naz AA (2016) Genetic mapping reveals novel exotic QTL alleles for seminal root architecture in barley advanced backcross double haploid population. *Euphytica* 213:2.
 200. Sayed MAE-AAE-H. QTL Analysis for Drought Tolerance Related to Root and Shoot Traits in Barley (*Hordeum vulgare* L.). PhD Thesis BonnUniversitäts- und Landesbibliothek Bonn. 2011; 165.
 201. Schmalenbach I, Körber N, Pillen K (2008) Selecting a set of wild barley introgression lines and verification of QTL effects for resistance to powdery mildew and leaf rust. *Theor Appl Genet* 117:1093–1106
 202. Senior ML, Heun M: Mapping maize microsatellites and polymerase chain reaction confirmation of the targeted repeats using a CT primer. *Genome* 36:884-889 (1993).
 203. Serwer, Ph. (1983). "Agarose gels: Properties and use for electrophoresis". *Electrophoresis* 4 (6): 375–382.
 204. Shafiei-Astani, B, Ong, AHK, Valdiani, A, Tan, SG, Yong, CSY, Ahmady, F, Alitheen, NB, Ng, WL & Kaur, T 2015, 'Molecular genetic variation and structure of Southeast Asian crocodile (*Tomistoma schlegelii*): comparative potentials of SSRs versus ISSRs'. *Gene*, vol. 571, pp. 107–116
 205. Shakhathreh Y, Haddad N, Alrababah M, Grando S, Ceccarelli S (2010) Phenotypic diversity in wild barley (*Hordeum vulgare* L.

- ssp. spontaneum (C. Koch) Thell.) accessions collected in Jordan. *Genet Resour Crop Evol* 57:131–146
206. Shayan, S., Moghaddam Vahed, M., Mohammadi, S. A., Ghassemi Golezani, K., Sadeghpour, F., & Youssefi, A. J. J. o. P. P. (2019). Genetic diversity of winter barley genotypes for root traits and ISSR markers and interrelationship of these characters.
 207. Shen, J, Ding, X, Liu, D, Deng, G, He, J, Li, X, Tang, F & Chu, B 2006, 'Intersimple sequence repeats (ISSR) molecular fingerprinting markers for authenticating populations of *Dendrobium officinale* Kimura et Migo', *Biological and Pharmaceutical Bulletin*, vol. 29, pp. 420–422.
 208. Shih, M.D., Hoekstra, F.A. and Hsing, Y.I.E. (2008) Late Embryogenesis Abundant Proteins. *Advances in Botanical Research*, **48**, 212-240. [http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2296\(08\)00404-7](http://dx.doi.org/10.1016/S0065-2296(08)00404-7)
 209. Shin JS, Chao S, Corpuz L, Blake T (1990) A partial map of the barley genome incorporating restriction fragment length polymorphism, polymerase chain reaction, isozyme, and morphological marker loci. *Genome* 33:803-810.
 210. Silhavy, D., Hutvágner, G., Barta, E. and Bánfalvi, Z. (1995) Isolation and Characterization of a Water-Stress-Inducible cDNA Clone from *Solanum chacoense*. *Plant Molecular Biology*, **27**, 587-595. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00019324>
 211. Skriver, K. and Mundy, J. (1990) Gene Expression in Response to Absciscic Acid and Osmotic Stress. *Plant Cell*, **2**, 503-512. <http://dx.doi.org/10.1105/tpc.2.6.503>
 212. Slafer. G.A., F.H. Andrade., and E.H. Satorre. 1990. Genetic-improvement effects on pre-anthesis physiology attributes related wheat grain yield. *Field Crops Res.* 23: 255-263.
 213. Smith H, Wilcox K (1970) A restriction enzyme from *Hemophilus influenzae*. 1. Purification and general properties. *Journal of Molecular Biology* 51: 379-392
 214. Smith J.A.C. & Griffiths H. 1993 *Water Deficits: Plant Responses from Cell to Community*. Bios Scientific Publishers, Oxford, UK, pp. 1–332.

215. Sogaard B, von-Wettstein-Knowles P (1987) Barley: genes and chromosomes. Carlsberg Research Communication 52:123-196.
216. Stacy, R.A.P., Nordeng, T.W., Francisco, A. and Aalen, R.B. (1999) The Dormancy Related Peroxiredoxin Anti-Oxidant, PER1, Is Localized to the Nucleus of Barley Embryo and Aleurone Cells. *The Plant Journal*, **19**, 1-8. <http://dx.doi.org/10.1046/j.1365-313X.1999.00488.x>
217. Struss, D. & J. Plieske, 1998. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations. *Theor Appl Genet* 97: 308–315.
218. Sturtevant, A.H. (1913) The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. *J. Exp. Zool.* 14, 43–59
219. Talamè V, Ozturk NZ, Bohnert HJ, Tuberosa R. Barley transcript profiles under dehydration shock and drought stress treatments: A comparative analysis. *J Exp Bot.* 2007; 58: 229–240. <https://doi.org/10.1093/jxb/erl163> PMID: 17110587
220. Tanno K, Taketa K, Komatsuda T (2002) A DNA marker closely linked to the *vrs1* locus (row-typed gene) indicates multiple origins of six-rowed cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 104: 54-60.
221. Tano, K., Takeda, K. (2004). On the origin of six-rowed barley with brittle rachis, agriocrithon [*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare* f. *agriocrithon* (Åberg) Bowd.] based on a DNA marker closely linked to the *vrs1* (six-row gene) locus. *Theor Appl Genet*, 110:145-150
222. Taub D (1989) Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research* 17(16): 6463-6471.
223. Teulat B, Monneveux P, Wery J, Borries C, Souyris I, Charrier A, et al. Relationships between relative water content and growth parameters under water stress in barley: a QTL study. *New Phytol.* Blackwell Publishing Ltd; 1997; 137:99–107. <https://doi.org/10.1046/j.1469-8137.1997.00815.x>

224. Teulat B, Rekika D, Nachit MM, Monneveux P (1997) Comparative osmotic adjustments in barley and tetraploid wheats. *Plant Breeding* 116:519–523
225. Thomas MR, Scott NS: Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphisms when analysed as sequence-tagged sites (STSs). *Theor Appl Genet* 86: 985-990 (1993).
226. Tondelli A, Francia E, Barabaschi D, Aprile A, Skinner JS, Stockinger EJ, et al. Mapping regulatory genes as candidates for cold and drought stress tolerance in barley. *Theor Appl Genet.* 2006;112(3): 445–454. pmid:16315028
227. Tunnacliffe, A. and Wise, M. (2007) The Continuing Conundrum of the LEA Proteins. *Naturwissenschaften*, **94**, 791- 812. <http://dx.doi.org/10.1007/s00114-007-0254-y> University Press, Cambridge, UK.
228. Varshney R, Grosse I, Hähnel U, Siefken R, Prasad M, Stein N, et al. (2006) Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers proves non-uniform distribution of genes in the barley genome. *Theoretical and Applied Genetics* 113: 239–250.
229. Varshney R, Marcel T, Ramsay L, Russell J, Röder M, Stein N, et al. (2007) A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. *Theoretical and Applied Genetics* 114(6): 1091-1103.
230. Vaseva, I.I., Anders, I. and Feller, U. (2013) Identification and Expression of Different Dehydrin Subclasses Involved in the Drought Response of *Trifolium repens*. *Journal of Plant Physiology*, **171**, 213-224.
231. Vasileva, S. J. P. B. (2018). APPLICATION OF HORDEINS AND ISSR MARKERS FOR EVALUATION OF GENETIC DISTANCES IN BARLEY GENOTYPES. 170.
232. Verslues PE, Juenger TE. Drought, metabolites, and Arabidopsis natural variation: a promising combination for understanding adaptation to water-limited environments. *Curr Opin Plant Biol.* 2011; 14: 240– 245. <http://dx.doi.org/10.1016/j.pbi.2011.04.006> PMID: 21561798

233. Veteläinen M. (1994). Exotic barley germplasm: variation and effects on agronomic traits in complex crosses. *Euphytica*, 79: 127–136.
234. Vinocur, B. and Altman, A. (2005) Recent Advances in Engineering Plant Tolerance to Abiotic Stress: Achievements and Limitations. *Current Opinion in Biotechnology*, 16, 123-132. <http://dx.doi.org/10.1016/j.copbio.2005.02.001>
235. Volis S, Mendlinger S, Orlovsky N (2000) Variability in phenotypic traits in core and peripheral populations of wild barley *Hordeum spontaneum* Koch. *Hereditas* 133:235- 247.
236. Volis S, Mendlinger S, Turuspekov Y, Esnazarov U (2002) Phenotypic and allozyme variation in Mediterranean and desert populations of wild barley, *Hordeum spontaneum* Koch. *Evolution* 56:1403-1415.
237. Von Bothmer R, Jacobsen N, Baden C, Jørgensen, RB, Linde-Laursen I (1995) An Eco- geographic study of the genus *Hordeum*. Systematic and eco-geographic studies on crop gene pools 7, International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy.
238. Von Bothmer R, Sato K, Komatsudam T, Yasuda S, Fischbeck G (2003) The domestication of cultivated barley. In: von Bothmer R, van Hintum T, Knußpfer H, Sato K (eds) *Diversity in barley (Hordeum vulgare)*. Elsevier Science BV, Amsterdam, pp 9–27
239. Von Bothmer, R., and N. Jacobsen. 1985. Origin, taxonomy, and related species. Pp. 19–56 in D. C. RASMUSSEN, ed. *Barley*. American Society of Agronomists, Madison, Wis.
240. Wang, X, Yang, R, Feng, S, Hou, X, Zhang, Y, Li, Y & Ren, Y 2012, ‘Genetic variation in *Rheum palmatum* and *Rheum tanguticum* (Polygonaceae), two medicinally and endemic species in China using ISSR markers’, *PLOS One*, vol. 7, e51667
241. Waqas. M.B. 2006. Role of some agronomic traits for grain yield production in wheat genotypes under drought conditions. *Revista Científica UDO Agrícola*, 6 (1): 11-19.
243. Waugh R, Jannink JL, Muller K, Ramsay L (2009) The emergence of whole genome association scans in barley. *Curr Opin Plant Biol* 12:1–5.

244. Weerasena, J.S., Steffenson, B.J. and Falk, A.B. (2004). Conversion of an amplified fragment length polymorphism marker into a co-dominant marker in the mapping of the Rph15 gene conferring resistance to barley leaf rust, *Puccinia hordei* Oth. *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 712-719.
245. Welling, A., Rinne, P., Vihera-Aarnio, A., Kontunen-Soppela, S., Heino, P. and Palva, E.T. (2004) Photoperiod and Temperature Differentially Regulate the Expression of Two Dehydrin Genes during Overwintering of Birch (*Betula pubescens* Ehrh.). *Journal of Experimental Botany*, 55, 507-516. <http://dx.doi.org/10.1093/jxb/erh045>
246. Williams, J.G.K., A. R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski and S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18 (22): 6531-6535.
247. Witcombe JR, Hollington P a, Howarth CJ, Reader S, Steele K a. Breeding for abiotic stresses for sustainable agriculture. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2008; 363: 703–16. <https://doi.org/10.1098/rstb.2007.2179> PMID: 17761467
248. Wu, K., R. Jones, L. Dannaeburger & P.A. Scolnik, 1994. Detection of microsatellite polymorphisms without cloning. *Nucleic Acids Res* 22: 3257–3258.
249. Xu TW (1982) Origin and evolution of cultivated barley in China. *Acta GenetSin* 9: 440–446.
250. Yahiaoui S, Igartua E, Moralejo M, Ramsay L, Molina-Cano JL, Lasa JM, Gracia MP and Casas AM (2008) Patterns of genetic and eco-geographical diversity in Spanish barleys. *Theor Appl Genet* 116:271-282.
251. Yan, S., Sun, D., and Sun, G. 2015. Genetic divergence in domesticated and non-domesticated gene regions of barley chromosomes. *PLOS One* 10: e0121106.
252. Yang S, Wei Y, Qi P, Zheng Y (2008) Sequence polymorphisms and phylogenetic relationships of hina gene in wild barley from Tibet, China. *Agricultural Sciences in China* 7(7): 796-803.
253. Yin X, Stam P, Johan DC, Kropff MJ (1999) AFLP mapping of quantitative trait loci for yield-determining physiological characters in spring barley. *Theor Appl Genet* 99:244- 253.

254. Yu YG, Saghai Maroof MA, Buss GR, Maughan PJ, Tolin SA: RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance. *Phytopathology* 84:60-64 (1994).
255. Zeng, X., Bai, L., Wei, Z., Yuan, H., Wang, Y., Xu, Q., Tang, Y., Nyima, T., 2016. Transcriptome analysis revealed the drought-responsive genes in Tibetan hulless barley. *BMC Genomics* 17 (1), 386.
256. Zhang Q, Maroof MAS, Kleinhofs A (1993) Comparative diversity analysis of RFLPs and isozymes within and among populations of *Hordeum-vulgare* ssp *spontaneum*. *Genetics* 134:909-916.
257. Zhao X, Kochert G: Phylogenetic distribution and genetic mapping of a (GGC)_n microsatellite from rice (*Oryza sativa* L.) *Plant Mol Biol* 21:607-614 (1993).
258. Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D (1994) Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20:176–183
259. Zohary, D. and Hopf, M. (2000) Domestication of Plant in the Old World. The Origin and Spread of Cultivated Plants in West Asia, Europe and Nile Valley. Oxford University Press, Oxford, 316.
260. Zohary, D., and M. HOPF. 1993. Domestication of plants in the Old World. The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and the Nile Valley. Clarendon Press, Oxford, England.
261. Zohary, D., M. Hopf, and E. Weiss. 2012. Domestication of plants in the Old World: The origin and spread of domesticated plants in Southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin. Oxford, United Kingdom: Oxford University Press.
262. Zwirek, M., Waugh, R., and McKim, S. M. 2019. Interaction between row-type genes in barley controls meristem determinacy and reveals novel routes to improved grain. *New Phytol.* 221: 1950–1965.

Abstract

A molecular study was conducted on a group of wild barley varieties (*Hordeum spontaneum*, *H. bulbosum*) from four governorates (Damascus, Damascus Countryside, Tartous, Salamiyah) and cultivated barley (Arabi aswad, Arabi abiad, Furat 3, Furat 6, Furat 7, Furat. 9), also genotypes of cultivated barley were collected in the governorates (Tartous, Hama) to genetically compared with previous varieties; where all these varieties and genotypes were collected during the agricultural season (2018-2019).

The results of the statistical analysis showed that there were significant differences between the studied cultivars, where the cultivated Tartous genotype was significantly superior in five quantitative and morphological traits: plant weight 15.278 g, main spike weight 2.835 g, number of grains in main spike 34.067 grains. spike-1, weight The grains in the main spike were 2.731 g, the weight of 1000 grains was 51.007 g.

The genetic Dendrogram was drawn between the studied taxa using the results obtained from the genetic variance analysis using the technique (ISSR) with 16 primers. The study showed that 14 of the used primers gave amplification products in the polymerase chain reaction and resulted in their use 94 bands, as well as gave a polymorphic percentage 85.1%, it was found that the lowest percent disagreement values (PDV) were 0.1542 between the two types (Salamiyah cultivated, Salamiyah *H. bulbosum*) and this indicates that they have a large degree of genetic affinity, while the highest value was 0.5025 between the two models (Arabi aswad, Damascus *H. spontaneum*) and (Tartous *H. bulbosum*, Damascus Countryside *H. spontaneum*), indicating the existence of great genetic variation between them.

The results showed superiority of the genes *Dhn3* , *Dhn7* in the number of polymorphic patterns, with 14 patterns in all studied gnotypes, followed by

the genes *Dhn2* و *Dhn8* with 13 pattern, while the gene *Dhn5* gave the lowest number of patterns (only 2) in the studied genotypes. Results also showed that the genotype (Furat 7, Salamiyah *H.Spontaneum*) was superior in the number of patterns which were 9 genetic patterns, while (Tartous *H. bulbosum* , Arabi abiad) gave the lowest number of patterns (5 patterns).

Key words: wild barley, cultivated barley, Dendrogram, Inter Simple Sequence Repeats technique (ISSR), Polymorphism Information Content (PIC).

الملحق 1 : قواعد البيانات الخاصة بجينوم الشعير (Kazuhiro, 2020)

الاسم	العنوان الالكتروني	الخصائص
EnsemblPlants	http://plants.ensembl.org/Hordeum_vulgare	Browser, BLAST
IPK (IBSC) barley BLAST server	https://webblast.ipk-gatersleben.de/barley_ibsc/	BLAST
PLEXdb	http://www.plantgdb.org/prj/PLEXdb/	Gene expression analysis
HarvEST	http://harvest.ucr.edu/	cDNA sequence
barleyGenes	https://ics.hutton.ac.uk/barleyGenes/	RNA-seq data
bex-db	https://barleyflc.dna.affrc.go.jp/bexdb/	cDNA, gene expression
GrainGenes	http://www.graingenes.org	Markers, maps, mutants, etc.
Barley DB	http://www.shigen.nig.ac.jp/barley/	Seed collection, cDNA sequenc