

# اثر ژنها و قابلیت ترکیب پذیری برخی از صفات کمی و کیفی واریته‌های توتون

رحیم هنر نژاد و مرداویج شعاعی دیلمی

دانشیار دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان و محقق مرکز

تحقیقات توتون گیلان - رشت

تاریخ پذیرش مقاله ۷۶/۶/۲۶

## خلاصه

تعداد ۱۰ واریته توتون در سال ۱۳۷۲ به صورت یک طرح دورگ گیری نیمه دی آل تلافی و نتاج نسل  $F_1$  آنها همراه والدین مربوطه در سال ۱۳۷۳ در قالب یک طرح بلوکهای کامل تصادفی با چهار تکرار کشت و ۸ صفت کمی آنها مورد ارزیابی قرار گرفت. تجزیه و اربانس نتایج حاکی از وجود GCA معنی دار برای کلیه صفات و SCA معنی دار برای اغلب صفات بود. بدین ترتیب مشخص گردید، که اثرات افزایشی و غیرافزایشی ژنها در شکل گیری صفات مورد ارزیابی نقش داشته، ولی سهم واریانس افزایشی بیشتر است. تحلیل گرافیکی نتایج نشان داد، که در کنترل ژنتیکی صفاتی مانند تعداد برگ در هر بوته، زمان نشاکاری تا شروع گلدهی و مقاومت واریته‌ها به نماتد مولد غده در ریشه توتون غالبیت جزئی وجود داشته و با توجه به اثرات افزایشی و قابلیت توارث نسبتاً زیاد، بازدهی انتخاب برای این صفات می تواند زیاد باشد. در مقابل، در کنترل ژنتیکی ارتفاع بوته، ضریب سطح برگ، عملکرد برگ خشک و مقاومت واریته ها به بیماری سفیدک دروغی اثرات فوق غالبیت ژنها نقش تعیین کننده ای دارند. لذا با توجه به توارث پذیری نسبتاً کم، پیشرفت ژنتیکی و بازدهی گزینش برای این گونه صفات ناچیز خواهد بود. تحلیل گرافیکی نتایج حاکی از وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی صفات تعیین کننده کیفیت برگ توتون می باشد. لذا با توجه به سهم عمده واریانس افزایشی، می تواند گزینش برای درصد نیکوتین کم و کیفیت ظاهری مطلوب لاین ها موفقیت آمیز باشد. زیرا با وجود به ترتیب ۵۳٪ و ۵۲٪ توارث پذیری خصوصی برای صفات یادشده، توانائی ژنتیکی لازم بدین منظور موجود بوده و از وجود GCA منفی بعضی از ارقام برای درصد نیکوتین کم و همچنین GCA مثبت برخی از ارقام برای کیفیت ظاهری برگ می توان بهره جست. علیرغم وجود اثرات افزایشی ژنها در کنترل ژنتیکی درصد قند برگها، بعلت تاثیر پذیری شدید این صفت از محیط و نتیجتاً وجود توارث پذیری نسبتاً کم (۲۹٪)، امید برای گزینش لاین های با درصد قند بالا چندان زیاد نخواهد بود، مضافاً اینکه در کنترل ژنتیکی این صفت ژنهای مغلوب نقش تعیین کننده ای دارند.

واژه های کلیدی: توتون، ترکیب پذیری - قابلیت توارث، صفات کمی، صفات کیفی و تجزیه دی آل

## مقدمه

و موفقیت پروژه های اصلاح نباتی می گردد. دسترسی به چنین اطلاعات کلیدی از طریق تلافی های دی آل<sup>۱</sup> میسر می شود، که

برای اصلاح گیاهان زراعی مانند توتون شناخت ساختار ژنتیکی صفات و قابلیت ترکیب پذیری آنها موجب تسهیل گزینش ها

اصول آنرا جینکر و هیمن (۱۶)، هیمن (۱۳ و ۱۴) و گریفینک (۱۱ و ۱۲) در دهه ۱۹۵۰ میلادی بیان و در سالهای بعد توسط پونی و همکاران (۲۳) و رایت (۲۷) تکمیل گردید.

کاربرد این روش که در بسیاری از گیاهان زراعی با موفقیت همراه بوده، (۲، ۳، ۹، ۱۰، ۲۰ و ۲۴) در توتون نیز معمول می‌باشد (۷، ۸، ۱۸، ۱۹ و ۲۱). راثو (۲۵) در هند میزان هتروزیس<sup>۱</sup> و ترکیب پذیری<sup>۲</sup> صفاتی مانند عملکرد برگ در واحد سطح، عملکرد کل در واحد سطح و چهار جزء عملکرد را در ۶ واریته و ۱۵ هیبرید توتون ارزیابی نمود، که حاکی از وجود اثرات افزایشی ژنها برای صفات یاد شده بود. بررسیهای ماتا و همکاران (۱۸) بر روی خصوصیات مرفولوژیکی و زراعی توتون حاکی از وابسته بودن اثر ژنها هم به صفت مورد ارزیابی و هم به تلاقی می‌باشد. لذا برای ادامه پروژه، اصلاح به روش پدیدگیری<sup>۳</sup> یا اصلاح چرخه‌ای<sup>۴</sup> را پیشنهاد می‌نماید. مطالعات ژنتیکی پانديا و همکاران (۲۲) بر روی واریته‌های توتون گرمخانه‌ای حاکی از توارث پذیری<sup>۵</sup> عمومی بالا برای صفات الکلوئید کل و درصد ازت است (به ترتیب ۹۴/۲٪ و ۷۳/۸٪). لذا گزینش برای این صفات با تکیه بر اثرات افزایشی ژنها می‌تواند موفقیت آمیز باشد.

گزارشات مورتی و همکاران (۱۹) در مورد نتایج بررسی عملکرد و اجزاء آن و همچنین مقدار الکلوئید واریته‌های توتون و نسل F<sub>1</sub> آنها حاکی از واریانس معنی‌دار ترکیب پذیری عمومی<sup>۶</sup> برای کلیه صفات مورد ارزیابی و قابلیت ترکیب پذیری خصوصی<sup>۷</sup> معنی‌دار برای عملکرد، تعداد برگهای قابل استفاده و زمان گلدهی بوده و برای صفاتی مانند عملکرد، الکلوئید کل و ارتفاع بوته اثرات افزایشی ژنها تعیین کننده بوده‌اند.

تجزیه و تحلیل اوگیلوی و کوزومپلیک (۲۱) بر روی صفات کمی توتون سیگار و پیپ نشانگر وجود ترکیب پذیری عمومی و خصوصی برای این صفات بوده است و بررسیهای لگ و کالینز (۱۷) بر روی جمعیت‌های توتون تیپ بارلی و ویرجینیا حاکی از وجود هتروزیس برای ارتفاع بوته، طول برگ و عملکرد می‌باشد و واریانس افزایشی برای صفات مذکور و همچنین برای تعداد و

عرض برگها معنی‌دار ارزیابی گردیده است، در حالیکه زمان گلدهی واریانس غالبیت قابل توجهی را نشان می‌داد. با توجه به توارث پذیری صفات فوق الذکر، شانس قابل قبولی برای موفقیت انتخاب آنها وجود خواهد داشت. در این بررسیها بسیاری از صفات مرفولوژیکی همبستگی ژنتیکی مثبتی را با یکدیگر نشان دادند، در حالیکه همبستگی بین مقدار عملکرد و الکلوئید کل منفی و به میزان ۰/۳۳- برآورد گردیده است.

ترکیب پذیری تراکم روزنه‌های برگ توتون که توسط آمارنات (۷) ارزیابی گردیده، حاکی از وجود تفاوت‌های معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها و اثرات افزایشی و غیر افزایشی ژنها در شکل‌گیری این صفت می‌باشد.

بررسیهای چن (۸) در تایوان نشان دهنده وجود اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستاتیک<sup>۸</sup> ژنها در رابطه با توارث عملکرد برگ توتون می‌باشد، در حالیکه برای توارث مقدار نیکوتین فقط اثرات افزایشی ژنها معنی‌دار بوده و توارث پذیری عملکرد برگ کمتر از مقدار نیکوتین آن می‌باشد. این بررسیها نشان می‌دهند که عملکرد برگ توسط یک جفت ژن صورت می‌گیرد، ولی کنترل ژنتیکی مقدار نیکوتین برگها توسط دو جفت ژن انجام می‌پذیرد.

گرچه در سالهای اخیر در ایران نیز تلاقی‌های دی آلل برای بررسی ترکیب پذیری صفات مختلف گیاهان زراعی صورت گرفته (۱، ۴، ۵، ۶ و ۹) مع ذلک در مورد گیاه توتون و بخصوص نحوه توارث صفات کمی آن در قالب تلاقی‌های دی آلل پژوهشی انجام نگرفته و به نظر می‌رسد این بررسی یکی از اولین تلاش‌ها در این زمینه بوده باشد.

### مواد و روشها

۱۰ واریته توتون به نامهای:

- |                           |                 |
|---------------------------|-----------------|
| 1- VirginiaB <sub>1</sub> | 2- Coker 347    |
| 3- Coker 319              | 4- Coker 258    |
| 5- MC Nair 944            | 6- R 30         |
| 7- Coker 411              | 8- Speight G-28 |

1 - Heterosis

2 - Combining ability

3 - Pedigree method

4 - Cycling breeding

5 - Heritability

6 - General combining ability (GCA)

7 - Specific combining ability (SCA)

8 - Epistasis

کیفیت، برگ را نشان دهد، ارزیابی و سپس وزن توتون مربوط به هر درجه در قیمت مصوب هر کیلو توتون مربوط به همان درجه ضرب و نتایج به روش هیمن (۱۴ و ۱۳) و همچنین متد دوم گریفینگ (۱۱ و ۱۲) مورد تجزیه دی آلل قرار گرفت.

مجموع مربعات ژنوتیپ‌ها به کمک فرمولهای مربوطه (۱۲) به دو جزء ترکیب پذیری عمومی و خصوصی تفکیک، اثرات ترکیب پذیری عمومی برای هر والد و ترکیب پذیری خصوصی برای هر تلاقی محاسبه گردید و برای آزمون معنی دار بودن یا نبودن آنها از توزیع  $\chi^2$  استفاده شد.

واریانس افزایشی با دو برابر نمودن واریانس GCA و باتوجه به صحت پیش فرضهای گریفینگ (۱۲) برآورد گردید و واریانس غالبیت از مقدار واریانس SCA به دست آمد. با استفاده از اجزاء واریانس مقدار قابلیت توارث خصوصی صفات که بیانگر نسبت سهم واریانس افزایشی و وراثت پذیر ژنتیکی به واریانس کل (واریانس فنوتیپی) می باشد به دو روش (۲۶ و ۱۴) برآورد و بالاخره نتایج در مبحث مربوطه مورد بررسی و ارزیابی قرار گرفت.

آلودگی بوته‌ها به نماتد مولد غده در ریشه توتون<sup>۱</sup> و همچنین به قارچ عامل بیماری سفیدک دروغی با اعداد ۱ تا ۵ ارزیابی گردیده به ترتیبی که ۱ کمترین و ۵ بیشترین آلودگی را نشان می دهد. محاسبه ضریب سطح برگ<sup>۷</sup> از طریق تقسیم سطح برگهای یک بوته به سطح خاکی که یک بوته توتون تیپ ویرجینیا اشغال می نماید (۵/۰ متر مربع) انجام پذیرفت. برای مقایسات میانگینهای ارقام Virginia E<sub>1</sub> که در استان گیلان در سطح وسیعی کشت می گردد، به عنوان شاهد محسوب و از روش LSD استفاده گردید.

### نتایج و بحث

در جدول شماره ۱ نتایج تجزیه واریانس واریته‌ها و هیبریدها مندرج می باشد. همانطور که از این جدول ملاحظه می گردد، ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد ارزیابی دارای تفاوت‌های قابل ملاحظه‌ای هستند، که از نظر آماری در سطوح ۵٪ تا ۱/۰٪ معنی دار می باشد. به همین ترتیب ژنوتیپ‌ها برای صفات مزبور

### 9- N<sub>2</sub>

10- Peregá  
در بهار سال ۱۳۷۲ در مزرعه آزمایشی مرکز تحقیقات توتون گیلان - رشت خزانه گیری و نشاء گردیدند و به منظور شناخت خصوصیات ژنتیکی و ترکیب پذیری عمومی و خصوصی آنها در تابستان همان سال کلیه تلاقی‌های ممکن به صورت یک طرح نیمه دی آلل<sup>۱</sup> صورت گرفت. در بهار سال ۱۳۷۳ بذور موجود (۱۰۰ واریته و ۴۵ هیبرید) به صورت یک طرح بلوکهای کامل تصادفی در ۴ تکرار مورد ارزیابی قرار گرفتند و یادداشت برداریها و اندازه گیریهای لازم برای ۸ صفت کمی (ارتفاع بوته، ضریب سطح برگ، عملکرد برگ سبز و خشک، زمان نشاء کاری تا شروع گلدهی، تعداد برگ در هر بوته، میزان آلودگی به نماتد مولد غده در ریشه و به سفیدک دروغی) و ۳ صفت تعیین کننده کیفیت برگ توتون (درصد نیکوتین، قند و همچنین کیفیت ظاهری) با استفاده از میانگین ۵ مشاهده برای هر تیمار به عمل آمد و نتایج حاصله به روش هیمن (۱۴ و ۱۳) و همچنین مدل مخلوط گریفینگ (۱۲) مورد تجزیه و تحلیل دی آلل قرار گرفتند. در مورد میزان آلودگی بوته‌ها به نماتد و سفیدک دروغی که به صورت مقیاس رتبه‌ای<sup>۲</sup> اندازه گیری شده بودند و همچنین در مورد درصد نیکوتین و قند برگها عمل تبدیل<sup>۳</sup> صورت گرفته و از لگاریتم اعداد استفاده شد.

چون ارزیابی نتایج اولیه حاکی از وجود اثرات متقابل غیر آللی (ایستاتیک) یکی از ارقام با ژنهای دیگر ارقام برای صفاتی مانند زمان نشاء کاری تا شروع گلدهی، تعداد برگ در هر بوته، عملکرد برگ سبز و میزان آلودگی به سفیدک دروغی بود، لذا بر اساس پیشنهاد جینکر (۱۵) برای چنین مواردی ارقام مربوط از نتایج حذف و محاسبات آماری بر روی بقیه ژنوتیپ‌ها (۹ واریته و ۳۶ تلاقی) انجام پذیرفت.

درصد نیکوتین باروش استاندارد کرسا<sup>۴</sup> و به صورت تقطیر و درصد قند با دستگاه اتوآنالیزر<sup>۵</sup> و با متد کرسا در دو تکرار اندازه گیری شد.

کیفیت ظاهری برگها بر اساس درجه بندی معمول در شرکت دخانیات (۱ تا ۴) و به ترتیبی که ۱ نشانگر بالاترین و ۴ پایین ترین

1 - Half-diallel

2 - Ordinal scale

3 - Transformation

4 - CORESTA(Cooperation Centre for Scientific Research relative to Tobacco)

5 - Autoanalyser

6 - Mloidogyne ssp.

7 - Leaf area index

ترکیب پذیری عمومی قابل توجهی را نشان می‌دهند، که از نظر آماری قطعی و معنی‌دار تلقی می‌گردند.

به منظور مطالعه جامع‌تر و برآورد پارامترهای ژنتیکی صفات مورد ارزیابی از روش رگرسیون پیشنهاد شده توسط هیمن (۱۴) و سینگ و چاودری (۲۶) استفاده و بررسی گرافیکی نتایج بعمل آمد. با توجه به اینکه در مورد کلیه صفات مورد ارزیابی مقدار (b)

یعنی ضریب رگرسیون  $W_I$  (کواریانس والدین و ردیف‌ها) بر  $V_I$  (واریانس ردیف‌ها) با توجه به آزمون  $t^2$  (۱۴ و ۲۶) فاقد تفاوت معنی‌دار با یک بود، لذا می‌توان نتیجه گرفت که پیش فرضهای لازم برای بکارگیری مدل هیمن (۱۴) و گریفینگ (۱۲) که مهمترین آنها عدم وجود اثرات متقابل غیر آلی (اپیستاتیک) بین ژنهای کنترل کننده صفات مورد ارزیابی می‌باشد، در این بررسیها صادق بوده است. شکل ۱ چگونگی پراکنش ژنهای والدین مورد تلاقی برای ارتفاع بوته را نشان می‌دهد. قطع محور  $W_I$  توسط خط رگرسیون در بخش منفی حاکی از وجود اثرات فوق‌غالبیت ژنها در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد ( $H_1 = 241/15 < D = 216/52$ )، که در این حالت سهم اثرات غالبیت ژنها بیش از اثرات افزایشی آنها خواهد بود (میانگین درجه غالبیت =  $1/25$ ). لذا با توجه به توارث پذیری خصوصی ارزیابی شده برای ارتفاع بوته که بین  $0/26$  تا  $0/29$  می‌باشد (جدول ۲)، پیشرفت ژنتیکی برای گزینش ارتفاع زیاد یا کم بوته شانس نسبتاً محدودی خواهد داشت. البته در مورد ارتفاع بوته نتایج دیگری نیز در دست است (۱۷ و ۱۹)، که حاکی از اثرات افزایشی ژنها و نتیجتاً توارث پذیری بالای این صفت می‌باشد. پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون نشان می‌دهد، که رقم  $Speight G - 28$  برای ارتفاع بوته بیشترین ژنهای غالب را داشته و رقم  $Coker 347$  بیشترین ژنهای مغلوب را دارا می‌باشد و بقیه ارقام از نظر ژنهای غالب و مغلوب کنترل کننده این صفت وضعیت حد واسطی را دارند. ارزیابی میانگین ارتفاع بوته واریته‌ها (جدول ۳) حاکی از تفاوت معنی‌دار  $R 30$  و  $N_2$  نسبت به شاهد ( $Virginia E_1$ ) می‌باشد. این ارقام هم‌زمان بیشترین  $GCA$  مثبت و معنی‌دار را برای ارتفاع بوته نشان می‌دهند. در مقابل  $Coker 319$  و  $Speight G-28$  با  $GCA$  منفی خود می‌توانند به عنوان والد دهنده خوبی برای صفت پاکوتاهی بوته‌ها محسوب گردند. مع ذلک بعلت توارث پذیری محدود این صفت تصویر روشنی از پایداری /

پاکوتاهی نتاج حاصل نمی‌گردد و فقط هیبریدهای  $Coker 258$  /  $R 30$  و  $Speight G-28 / N_2$  با  $SCA$  منفی خود می‌توانند لاین‌های پاکوتاه را به دست دهند و هیبریدهای  $Virginia E_1$  /  $Coker 258$  و  $Coker 319 / Mc Nair 944$  می‌توانند منشاء گزینش لاین‌های پابلند باشند.

پراکنش ژنهای والدین برای زمان نشاء کاری تا شروع گلدهی حاکی از وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد (شکل ۲)، که در این حالت سهم اثرات افزایشی و توارث پذیر ژنها بیش از سهم اثرات غالبیت ژنها بوده ( $H_1 = 17/64 > D = 20/28$ ) و با توجه به توارث پذیری این صفت که بین  $0/42$  تا  $0/45$  برآورد گردیده (جدول ۲)، شانس نسبتاً خوبی برای گزینش لاین‌های زودرس وجود دارد. در مورد شروع گلدهی میانگین درجه غالبیت معادل  $0/93$  برآورد گردیده و نسبت  $H_2$  به  $4H_1$  که مساوی حاصلضرب فراوانی آللهای غالب و مغلوب می‌باشد، معادل مقدار حداکثر آن یا  $0/25$  می‌باشد. پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون نشانگر بیشترین ژنهای غالب رقم  $Speight G-28$  برای زمان گلدهی بوده و رقم  $Coker 347$  و  $Virg. E_1$  بیشترین ژنهای مغلوب را دارا می‌باشند و دیگر ارقام وضعیت حد واسطی را دارا هستند.

نتایج جدول ۴ حاکی از  $GCA$  مثبت و معنی‌دار  $Coker 319$  و  $GCA$  منفی و معنی‌دار  $Perega$  برای شروع گلدهی می‌باشد. بدین ترتیب این ارقام به ترتیب به عنوان والد دهنده دیررسی و زودرسی به نتاج می‌توانند مورد توجه بوده باشند.

در بین نتاج  $R 30 / Coker 347$ ،  $Virginia E_1 / Perega$ ،  $Spei.G-28 / Coker 319$  و  $Coker 319 / N_2$  که زودرسترین ژنوتیپها بوده و دارای  $SCA$  منفی و معنی‌دار نیز هستند، می‌توانند منشأ لاین‌های زودرس باشند. وجود  $GCA$ ،  $SCA$  مثبت در زمان گلدهی توتون را مورتی و همکاران (۱۹) نیز ذکر نموده، که در راستای همین نتایج است. در حالیکه لک و کالیتز (۱۷) به واریانس غالبیت قابل توجه در کنترل ژنتیکی زمان گلدهی توتون اشاره دارد.

در شکل ۳ پراکنش ژنهای والدین برای تعداد برگ در هر بوته نشان داده شده، که حاکی از غالبیت جزئی ژنها در کنترل ژنتیکی صفت مذکور می‌باشد ( $H_1 = 0/888 > D = 2/047$ ). لذا با

جدول ۱ - تجزیه واریانس ۸ صفت کمی (۹) رقم و (۳۶) دوره توتون (میانگین مربعات).

مقادیر MS برای صفات مختلف		درجات (۱)		میزان آلودگی		عملکرد برگ تعداد برگ		زمان نشاکاری	
تغییرات	آزادی	مولد غده در ریشه	برگ خشک	برگ	ارتفاع	ضرب سطح	عملکرد	عملکرد	ضرب سطح
منابع	درجات	میزان آلودگی به نماد	عملکرد	ضرب سطح	ارتفاع	ضرب سطح	تعداد برگ	تعداد برگ	ضرب سطح
تکرار	۳	۰/۰۷۰۹	۰/۰	۲۳/۸۶	۱۰۳۳/۳۲	۲۳/۸۶	۰/۰	۲۳/۸۶	۰/۰
ژنوتیپ	۵۴	۰/۹۹۹***	۰/۱۲۱۵**	۲/۳۹*	۹۰۲/۴۶***	۲/۳۹*	۰/۱۲۱۵**	۲/۳۹*	۰/۹۹۹***
ترکیب پذیری عمومی (GCA)	۹	۰/۰۹۶۶***	۰/۱۰۵۴*	۰/۹۷*	۵۶۳/۶۶***	۰/۹۷*	۰/۱۰۵۴*	۰/۹۷*	۰/۰۹۶۶***
ترکیب پذیری خصوصی (SCA)	۴۵	۰/۰۱۰۶۴***	۰/۰۵۱۷*	۱/۲۰	۱۵۸/۰**	۱/۲۰	۰/۰۵۱۷*	۱/۲۰	۰/۰۱۰۶۴***
خطا	۱۶۲	۰/۰۱۶۸۶	۰/۰۵۴۸	۱/۷۵	۳۷۳/۰۸	۱/۷۵	۰/۰۵۴۸	۱/۷۵	۰/۰۱۶۸۶

\*\*\*، \*\*، \* : به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۰.۵٪، ۱٪ و ۰.۱٪.

(۱) مربوط به نتایج ۹ رقم و ۳۶ دوره توتون. مراجعه شود به توضیحات مندرج در بخش مواد و روش ها.

جدول ۲ - اجزای واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی و توارث پذیری ارقام و دوره های توتون.

مورد بررسی	واریانس افزایشی		واریانس غالبیت		واریانس خطا		واریانس فنوتیپی		توارث پذیری خصوصی	
	$\delta_A^2$	مقدار	$\delta_B^2$	مقدار	$\delta_C^2$	مقدار	$\delta_P^2$	مقدار	$h_m^2$	روش همین روش سینگ
ارتفاع بوته	۶۷/۶	۳۰/۰	۶۴/۷۳	۲۸/۷	۹۳/۲۷	۴۱/۳	۲۲۵/۶	۱۰۰/۰	۰/۲۶	۰/۲۹
زمان نشاکاری تا شروع گلدهی	۷/۹۶	۴۵/۰	۲/۸۴	۱۶/۰	۶/۷۷	۳۹/۰	۱۷/۵۷	۱۰۰/۰	۰/۴۲	۰/۴۵
تعداد برگ در هر بوته	۱/۸۲	۶۳/۰	۰/۰	۰/۰	۱/۰۸	۳۷/۰	۲/۹۱	۱۰۰/۰	۰/۶۰	۰/۶۳
ضرب سطح برگ	۰/۰۷۵	۱۲/۶	۰/۰۹	۱۵/۱	۰/۴۳	۷۳/۳	۰/۵۹۵	۱۰۰/۰	۰/۱۳	۰/۱۳
عملکرد برگ سبز	۰/۶۳۵	۳۰/۰	۰/۲۷	۱۳/۰	۱/۲۱	۵۷/۰	۲/۱۱۵	۱۰۰/۰	-	۰/۳۰
عملکرد برگ خشک	۰/۰۰۹	۱۵/۰	۰/۰۲۴	۴۰/۰	۰/۰۲۷	۴۵/۰	۰/۰۶	۱۰۰/۰	۰/۵۲	۰/۱۵
میزان آلودگی به نماد مولد غده	۰/۰۱۴۳	۵۷/۴	۰/۰۰۶۴	۲۵/۷	۰/۰۰۴۲	۱۶/۲	۰/۰۲۵	۱۰۰/۰	۰/۵۷	۰/۵۴
میزان آلودگی به سفیدک دروغی	-۰/۰۰۰۲	۰/۰	۰/۰۴۷۸	۹۱/۰	۰/۰۰۴۷	۹/۰	۰/۵۳	۱۰۰/۰	۰/۰	۰/۴۷

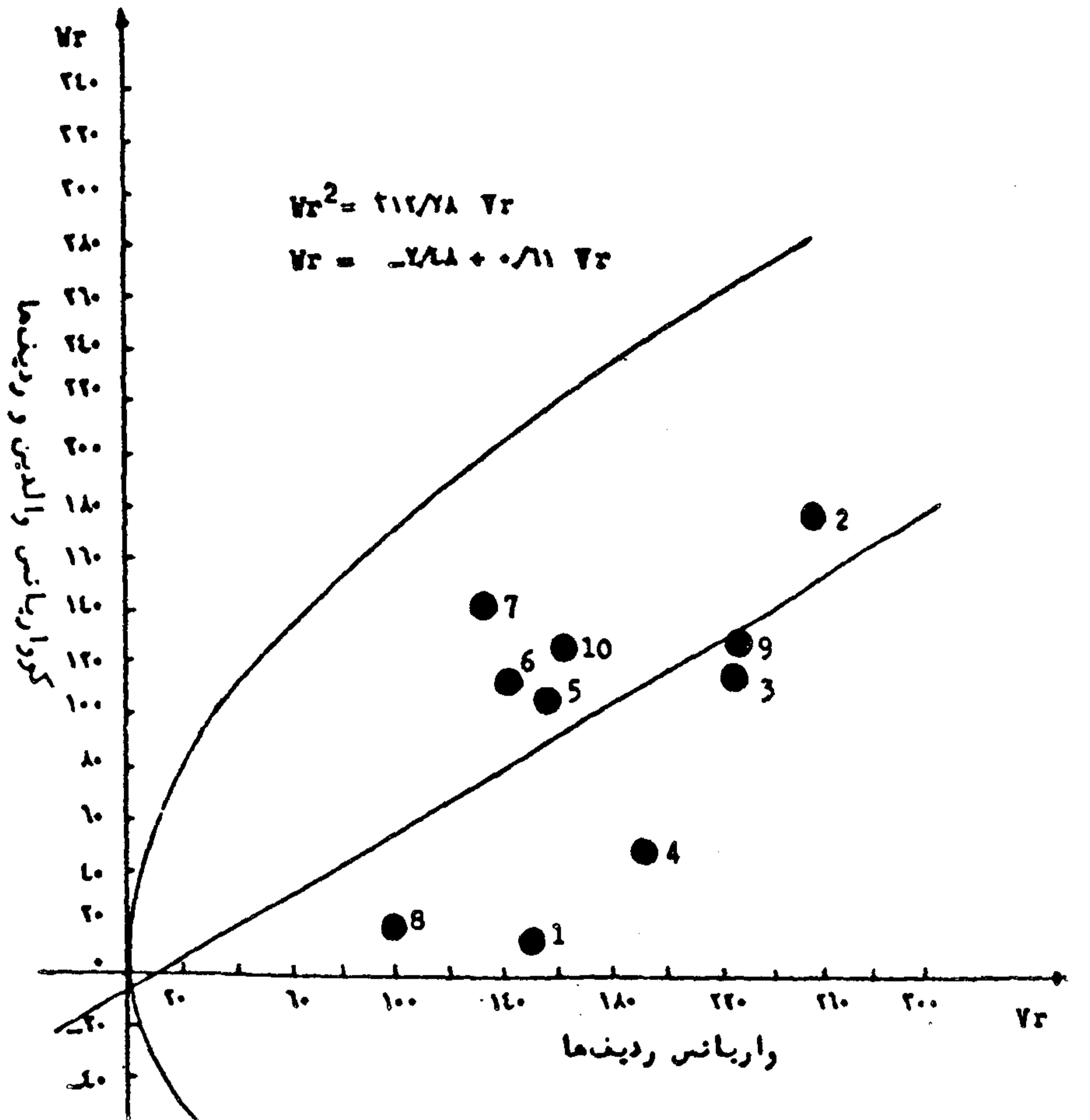
توجه به سهم قابل توجه اثرات افزایشی ژنهای در کل تنوع مشاهده شده (جدول ۲) که معادل ۶۳٪ می باشد و. با در نظر گرفتن توارث پذیری برآورد شده (۰/۶۰ تا ۰/۶۳)، می تواند این امر منجر به پیشرفت ژنتیکی قابل توجهی هنگام گزینش نتاج با برگهای بیشتر بازاء هر بوته گردد. در بررسی لک و کالیتز (۱۷) نیز به وجود واریانس افزایشی در کنترل ژنتیکی تعداد برگ اشاره شده است، در حالیکه مورتی و همکاران (۱۹) اثرات SCA, GCA را در کنترل ژنتیکی تعداد برگهای قابل استفاده موثر می دانند.

همچنین از شکل ۳ می توان چنین استنباط کرد که Coker 347 بیشترین ژنهای غالب و Speight G-28 بیشترین ژنهای مغلوب را برای تعداد برگ در هر بوته دارا بوده و ژنهای غالب و مغلوب سایر واریته‌ها برای کنترل صفت مذکور در یک وضعیت حد واسط قرار دارد.

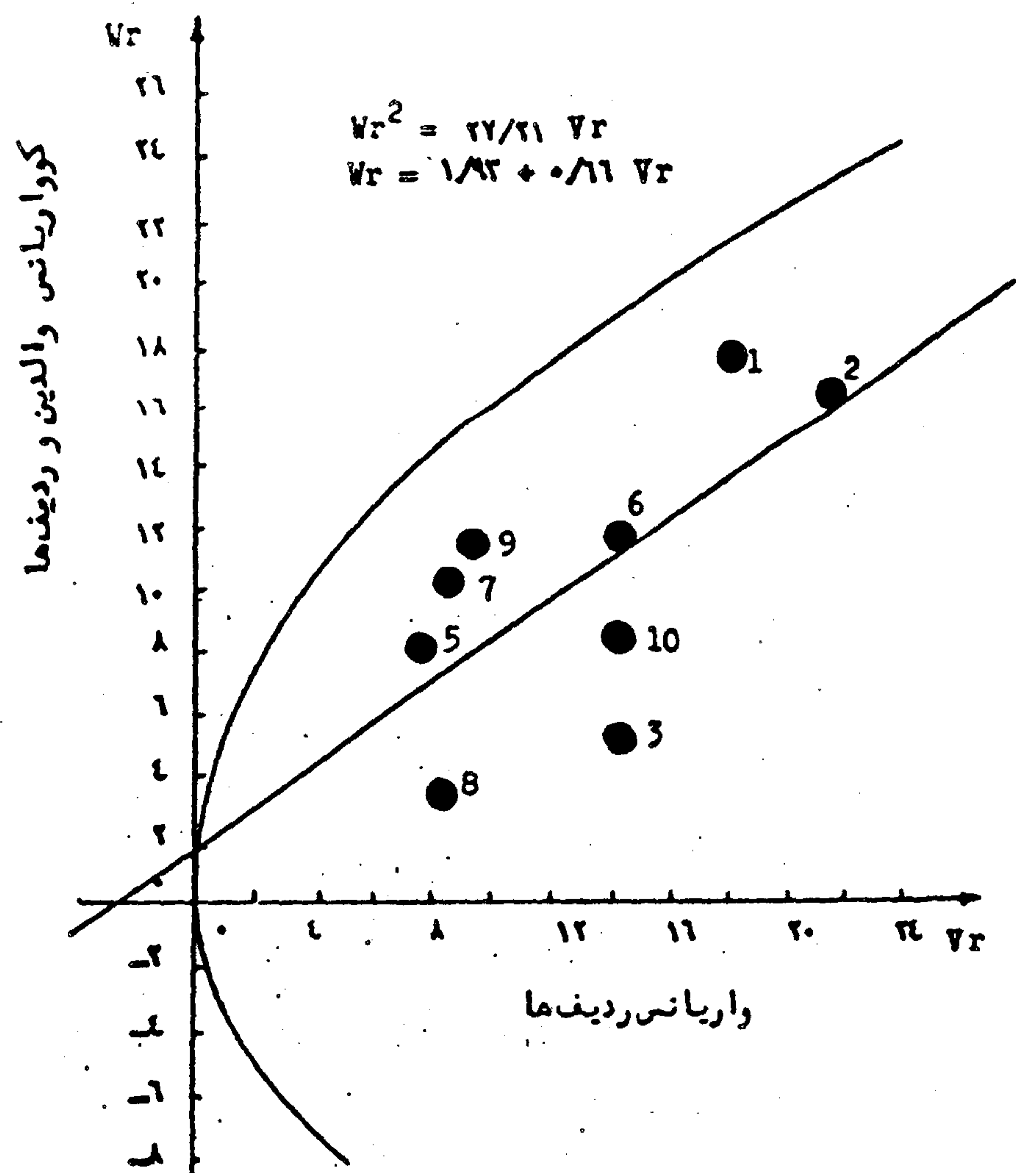
با مراجعه به جدول ۵ مشاهده می گردد که اکثر ارقام در مقایسه با شاهد بطور متوسط دارای برگ بیشتری بازاء هر بوته می باشند، که R 30، Speight G-28 و Coker 411 از آن جمله هستند. با وجود GCA مثبت و معنی دار، انتظار می رود که این ارقام انتقال دهنده خوبی برای تعداد برگ بیشتر در هر بوته به نتاج باشند. مع ذلک علیرغم این انتظار بین نتاج این واریته‌ها هیچ هیبریدی با SCA مثبت و معنی داری برای تعداد برگ بیشتر بازاء هر بوته مشاهده نشد، در حالی که برخی از آنها نسبت به شاهد از نظر تعداد برگ تفاوت معنی داری را نشان می دادند.

تحلیل گرافیکی پراکنش ژنهای والدین برای ضریب سطح برگ (شکل ۴) حاکی از وجود اثرات فوق غالبیت ژنهای در کنترل ژنتیکی این صفت می باشد، به ترتیبی که توارث پذیری برای صفت مذکور فقط به میزان ۰/۱۳ برآورد گردیده است (جدول ۲). با توجه به اینکه سهم اثرات غالبیت ژنهای در کل تنوع مشاهده شده چندان زیاد نیست، علت این امر را می توان عمدتاً به دلیل مقدار قابل توجه واریانس خطا (۳/۷۲٪) در کل تنوع مشاهده شده دانست.

پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون نشان دهنده بیشترین ژنهای غالب دو رقم Virginia E1 و N2 و بیشترین ژنهای مغلوب Coker 347, Coker 411, Coker 319 است. در حالیکه Peregá و Spei. G-28, R 30, Mc Nair, Coker 258 از نظر ژنتیکی کم و بیش وضعیتی مشابه هم داشته و مقدار ژنهای



شکل ۱ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای ارتفاع بوته



شکل ۲ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای زمان نشاء کاری ناشروع گلدهی

جدول ۳ - میانگین ارتفاع بوته (سانتی متر) (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ واریته و ۴۵ هیبرید توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۱۲۶/۲۵	۳/۲۰	-۱۱/۵۷	۵/۰۳	-۴/۳۲	-۴/۷۴	۴/۵۳	۲۳/۱۸*	۱۲/۶۸	۱۵/۵۳	-۰/۴۱	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۱۳۱/۵	۱۶/۰۱*	۱۳/۹۹	۰/۸۵	۱/۲۴	۰/۰۸	۱/۸۵	۶/۴۹	-۱۴/۲۶	۱/۷۷	۱۶۵/۵۵**	Coker 347 (2)
۱۲۰/۵۰	-۱۰/۱۱	۱۳/۶۲	۱۲/۲۲	-۹/۳۸	۱۱/۷۰	۱۷/۴۷*	-۵/۶۳	-۷/۱۰*	۱۲۹/۲۵	۱۵۴/۰*	Coker 319 (3)
۱۲۴/۲۵	-۷/۸۶	۹/۳۷	۵/۲۲	۷/۱۲	-۱۸/۰۵*	۱۰/۹۷	-۴/۶۰	۱۳۱/۵	۱۵۲/۵	۱۶۷/۰**	Coker 258 (4)
۱۱۶/۲۵	۹/۲۴	۰/۴۷	۹/۵۸	۴/۲۲	-۴/۹۴	-۲/۹۵	۱۵۲/۲۵	۱۵۶/۲۵*	۱۴۹/۵	۱۵۰/۰	McNair 944 (5)
۱۶۱/۰*	۶/۲۲	-۲/۵۵	۲/۶۲	۱۶/۷*	۷/۸۱*	۱۴۸/۷۵	۱۳۴/۰	۱۶۱/۲۵*	۱۵۸/۵۰*	۱۵۱/۵۰	R 30 (6)
۱۴۲/۰	۱/۶۴	-۳/۸۸	۱/۹۷	۰/۴۰	۱۷۳/۷۵**	۱۵۰/۵	۱۵۱/۷۵	۱۳۲/۷۵	۱۵۲/۲۵	۱۴۲/۵	Coker 411 (7)
۱۱۷/۲۵	۱/۲۴	-۲۲/۲۸*	-۱۱/۷۰	۱۳۹/۵	۱۴۷/۵	۱۴۳/۷۵	۱۳۷/۷۵	۱۴۲/۲۵	۱۳۹/۷۵	۱۴۱/۷۵	Sp. G-28 (8)
۱۶۲/۰**	۹/۱۴	۸/۱۵*	۱۲۳/۰	۱۵۳/۵	۱۶۲/۲۵**	۱۵۴/۵۰*	۱۶۱/۷۵*	۱۶۳/۵۰*	۱۷۲/۷۵**	۱۴۵/۰	N <sub>2</sub> (9)
۱۵۱/۷۵	۸/۶۲*	۱۷۴/۷۵**	۱۴۷/۰	۱۵۹/۵۰*	۱۷۱/۵۰**	۱۶۳/۷۵**	۱۴۵/۰	۱۴۰/۲۵	۱۷۵/۲۵**	۱۶۰/۲۵*	Perega (10)

۲/۶۴ : (S.E.) عمومی ترکیب پذیری عمومی (S.E.) معیار خطای ترکیب پذیری عمومی

۷/۹۷ : (S.E.) خصوصی ترکیب پذیری خصوصی (S.E.) معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی

و \* : به ترتیب معنی دار در سطوح ۰.۵ و ۰.۱

LSD 1% = ۳۵/۶۵      LSD 5% = ۲۷/۰۴

جدول ۴ - میانگین زمان نشاکاری تا شروع گلدهی (روز) (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۹ رقم و ۳۶ دوره تون.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E1 (1)	والدین
۷۸/۲۵	-۴/۵۵*	۰/۵۸	-۱/۷۶	-۰/۱۷	۱/۳۸	۰/۰۸	-۱/۶۹	-۳/۸۰	-۰/۳۴	Virginia E1(1)
۷۹/۰	-۳/۶۰	-۱/۲۱	۱/۴۵	۰/۹۶	-۴/۹۲*	۲/۲۹	۲/۵۱	۰/۷۰	۷۰/۰*	Coker 347 (2)
۷۷/۵۵	۴/۷۶*	-۴/۸۵*	-۶/۴۲*	۲/۶۵	۲/۷۰	-۱/۸۵	۱/۵۸*	۷۸/۲۵	۷۳/۰	Coker 319 (3)
۷۷/۵۰	۰/۰۸	۱/۶۷	-۱/۶۷	-۳/۰۸	-۳/۲۸	۰/۳۱	۷۳/۵۰	۷۶/۷۵	۷۲/۵۰	McNair 944 (5)
۸۰/۰	۰/۹۲	۰/۴۷	-۱/۰۳	-۱/۰۳	۱/۲۶	۷۱/۷۵	۷۹/۰	۷۰/۵۰*	۷۵/۷۵	R 30 (6)
۷۸/۲۵	۰/۰۲	-۰/۸۳	-۰/۹۲	۱/۳۱	۷۵/۰	۷۲/۰	۷۹/۰	۷۴/۵۰	۷۴/۲۵	Coker 411 (7)
۷۸/۷۵	۲/۷۰	۳/۰۸	۱/۱۵	۷۵/۰	۷۳/۵۰	۷۳/۲۵	۶۹/۷۵*	۷۶/۷۵	۷۲/۵۰	Sp. G-28 (8)
۷۳/۲۵	-۱/۰	-۰/۴۳	۷۷/۲۵	۷۳/۵۰	۷۴/۷۵	۷۵/۰	۶۹/۷۵*	۷۲/۵	۷۳/۲۵	N <sub>2</sub> (9)
۶۳/۲۵**	-۵/۵۵*	۶۷/۲۵**	۷۱/۷۵	۶۹/۲۵*	۶۸/۲۵**	۶۸/۲۵**	۷۴/۲۵	۶۵/۰**	۶۳/۰**	Perega (10)

\* و \*\*: به ترتیب معنی دار در سطح ۰.۵٪ و ۱٪. معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>ij</sub>): ۰/۷۳  
 معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>sij</sub>): ۲/۱۰ LSD 1% = ۹/۶ LSD 5% = ۷/۳



جدول ۵ - میانگین تعداد برگ هر بوته (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۹ رقم و ۳۶ دوره توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 347 (2)	Virg. E1 (1)	والدین
۲۲/۰	-۱/۳۰	-۰/۲۵	-۰/۴۱	۰/۵۹	-۰/۹۳	-۰/۵۰	۰/۷۰	۱/۰۴	-۰/۸۵*	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۲۴/۰*	۰/۷۰	۰/۰	-۱/۱۶	-۰/۴۱	۰/۳۲	-۰/۰۵۰	-۰/۰۵	۰/۳۹	۲۳/۷۵	Coker 347 (2)
۲۴/۰*	-۱/۳۹	۰/۴۱	۱/۰	-۰/۷۵	-۲/۲۷*	۱/۶۶	۰/۲۴	۲۳/۷۵	۲۳/۲۵	Coker 258 (4)
۲۳/۰	۰/۹۱	۰/۷۰	۰/۸۰	۰/۸۰	-۰/۷۳	۰/۶۹*	۲۵/۷۵*	۲۳/۷۵	۲۲/۵	McNair 944 (5)
۲۵/۷۵*	۰/۴۸	-۰/۷۳	۰/۶۱	۰/۶۱	۰/۶۲*	۲۳/۷۵	۲۱/۷۵	۲۴/۵۰*	۲۲/۰	R 30 (6)
۲۵/۰*	۰/۰	-۰/۲۰	-۰/۸۶	۰/۸۵*	۲۵/۲۵*	۲۵/۵۰*	۲۳/۵۰	۲۴/۰*	۲۳/۷۵	Coker 411 (7)
۲۵/۵۰*	-۱/۲۵	۰/۰۵	۰/۸۵*	۲۴/۰*	۲۵/۲۵*	۲۵/۵۰*	۲۵/۲۵*	۲۳/۲۵	۲۲/۷۵	Sp. G-28 (8)
۲۲/۰	-۰/۸۴	-۰/۸۱*	۲۳/۲۵	۲۳/۰	۲۲/۲۵	۲۳/۷۵	۲۳/۰*	۲۲/۷۵	۲۱/۲۵	N <sub>2</sub> (9)
۲۰/۵۰	-۲/۰۱*	۱۹/۵۰*	۲۰/۷۵	۲۲/۰	۲۲/۲۵	۲۲/۷۵	۲۰/۰*	۲۲/۲۵	۱۹/۰*	Perega (10)

معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.gi) : ۰/۲۹۶

معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.stj) : ۰/۸۴۳

\*: معنی دار در سطح ۰/۰۵

LSD 5% = ۱/۹۱

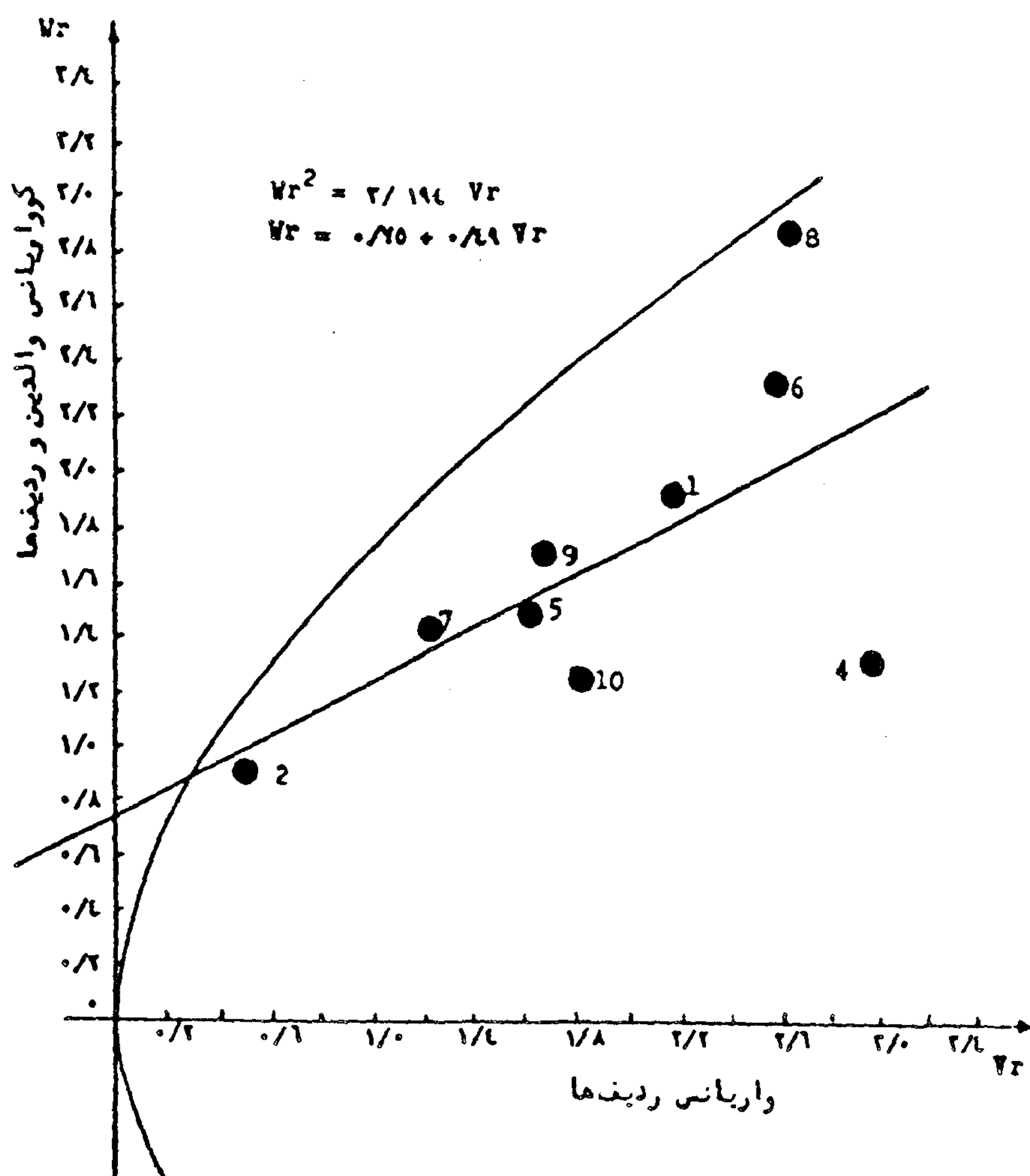
غالب و مغلوب آنها برای ضریب سطح برگ تقریباً در حد وسط می‌باشند. از بین ارقام مورد ارزیابی تنها R 30 دارای GCA معنی‌دار و مثبت می‌باشد (جدول ۶)، لذا تنها نتاج این رقم یعنی R 30 / Coker 411 دارای SCA مثبت و معنی‌دار است. با توجه به جمیع جهات انتظار نمی‌رود گزینش برای داشتن ضریب سطح برگ بیشتر شانس موفقیت زیادی داشته باشد.

با توجه به اینکه ارقام مورد بررسی بطور متوسط حاوی ۱۷/۲٪ ماده خشک در برگ سبز بوده و بدین ترتیب عملکرد برگ خشک آنها حدوداً ۱۷٪ عملکرد برگ سبز آنها می‌باشد، لذا با توجه به مشابهت‌های موجود، از ذکر جزئیات عملکرد برگ سبز صرف‌نظر و فقط عملکرد برگ خشک واریته‌ها مورد توجه قرار می‌گیرد.

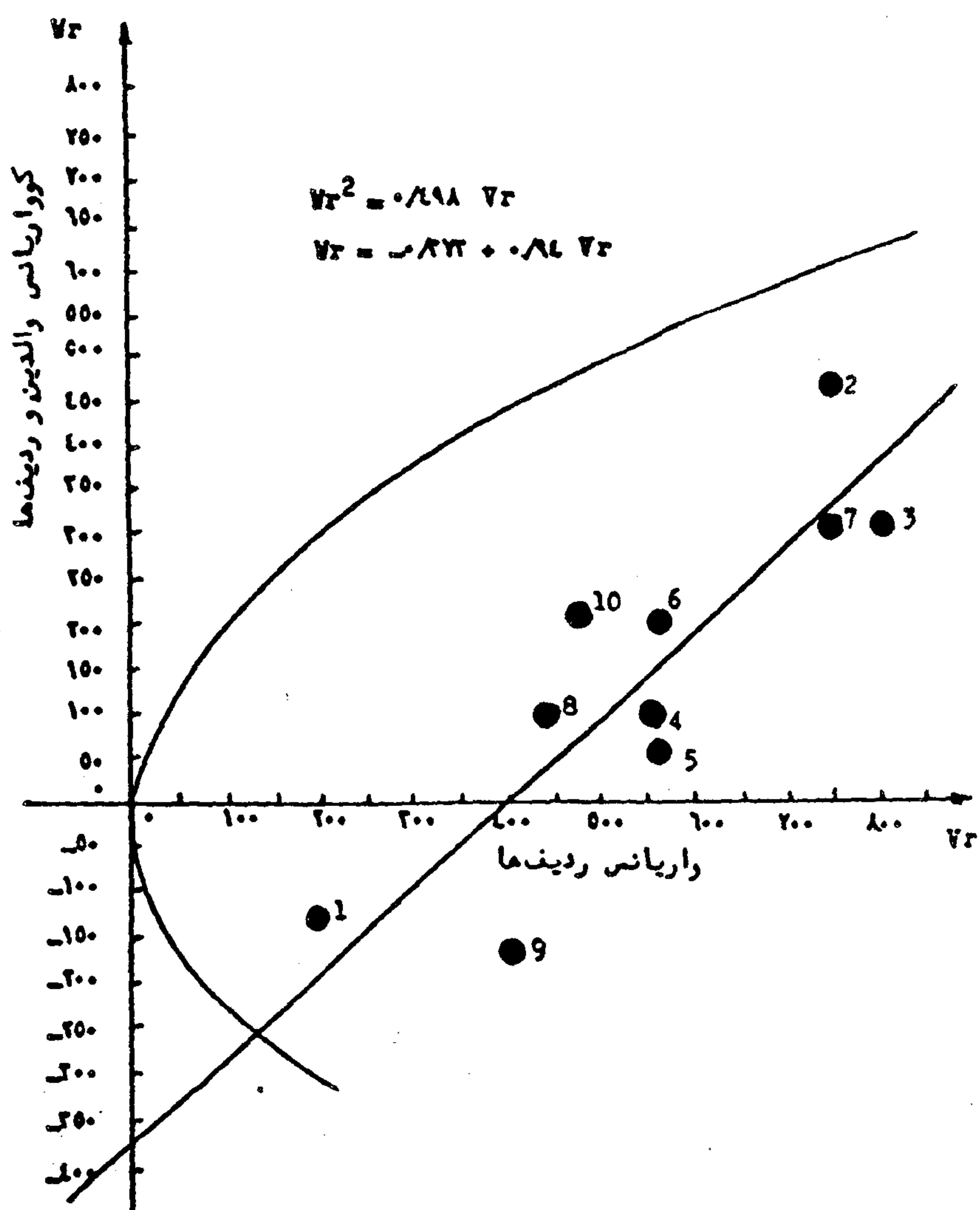
مقایسات عملکرد برگ خشک ارقام (جدول ۷) حاکی از تفاوت‌های قابل ملاحظه سه رقم Coker 258، R 30 و N2 نسبت به شاهد است. مع‌ذلک تنها R 30 دارای GCA مثبت و معنی‌دار می‌باشد، که می‌تواند والد مناسبی برای انتقال عملکرد برگ خشک بیشتر به نتاج بوده باشد. به وجود GCA، SCA در کنترل ژنتیکی عملکرد توتون محققین دیگر (۸، ۱۷ و ۱۹) نیز اشاره نموده‌اند.

با توجه به اینکه برای عملکرد برگ سبز قابلیت توارثی به میزان ۰/۳۰ و برای عملکرد برگ خشک به میزان ۰/۱۵ تا ۰/۵۲ برآورد گردیده و اکثریت نتاج دارای عملکرد بیشتری از شاهد بوده و تفاوت آنها نسبت به شاهد قابل ملاحظه است، مع‌ذلک در بین نتاج کمتر موردی را می‌توان مشاهده نمود، که دارای SCA مثبتی برای عملکرد باشد و از جمله موارد معدود می‌توان به هیبریدهای Virg. E1/Mc Nair و Spei.G-28/Perega اشاره نمود.

قطع محور  $W_T$  در بخش منفی توسط خط رگرسیون حاکی از وجود فوق‌غالبیت ژنها در کنترل ژنتیکی عملکرد برگ خشک می‌باشد (شکل ۵). در این مورد میانگین درجه غالبیت به میزان ۱/۴۲ برآورد گردیده است. لذا با توجه به سهم عمده واریانس غالبیت در کل تنوع مشاهده شده (۴۰٪)، انتظار زیادی برای موفقیت گزینش برای تولید عملکرد بالای برگ خشک، که بعنوان یک صفت کمی تحت تأثیر نسبتاً شدید عوامل محیطی قرار می‌گیرد، وجود نخواهد داشت.



شکل ۳ - خط رگرسیون  $W_T - V_T$  و سهمی محدود کننده  $W_T^2$  به همراه پراکنش والدین برای تعداد برگ در هر بوته



شکل ۴ - خط رگرسیون  $W_T - V_T$  و سهمی محدود کننده  $W_T^2$  به همراه

جدول ۶ - میانگین ضریب سطح برگ (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ وارسته و ۴۵ هیبرید توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۴/۳۰	-۰/۷۳	۰/۲۲	-۰/۰۲	-۰/۲۹	-۰/۸۲	۰/۱۹	۰/۷۹	۰/۵۷	۰/۵۳	-۰/۰۸	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۴/۰۵	۰/۷۶	۱/۰۱	-۰/۱۶	۰/۴۳	۰/۲۵	-۰/۵۹	-۰/۱۲	-۱/۳۱	-۰/۱۲	۵/۰۲	Coker 347 (2)
۳/۳۰	۰/۷۰	۱/۲۳*	۰/۰	۰/۱۵	-۰/۰۸	۰/۵۳	-۰/۵۵	-۰/۳۸*	۲/۸۷	۴/۸۰	Coker 319 (3)
۳/۵۲	۰/۵۲	۰/۴۹	۰/۷۵	-۰/۳۴	-۰/۸۲	۱/۰۱	-۰/۱۴	۳/۶۰	۴/۳۰	۵/۲۵	Coker 258 (4)
۳/۶۵	-۰/۵۰	۰/۵۷	۰/۹۵	۰/۹۵	-۰/۱۷	۰/۲۲	۵/۷۷	۵/۰۵	۴/۲۰	۵/۰۲	McNair 944 (5)
۵/۶۷	۰/۸۳	-۰/۶۶	۰/۴۷	۱/۳۵*	۰/۵۸*	۵/۳۲	۴/۳۰	۴/۸۰	۵/۴۰	۴/۳۷	R 30 (6)
۴/۳۵	-۰/۱۳	-۰/۸۶	-۰/۴۰	۵/۰۵	۶/۶۷	۵/۹	۴/۲۵	۴/۵	۵/۰۵	۴/۳۷	Coker 411 (7)
۳/۷۰	-۰/۶۲	-۰/۳۴	-۰/۳۳	۴/۰	۵/۴۰	۵/۵۲	۴/۹۵	۳/۹۷	۴/۰۷	۴/۲۵	Sp. G-28 (8)
۴/۴۵	-۰/۴۳	۰/۱۹	۴/۲۰	۴/۰۷	۴/۸۰	۵/۶۷	۵/۲۲	۵/۷۲	۵/۷۷	۵/۰۲	N <sub>2</sub> (9)
۴/۵۲	۰/۰۱	۴/۷۵	۳/۷۵	۴/۶۲	۶/۱۲	۴/۴۲	۵/۰۷	۵/۰۲	۵/۳۵	۳/۹۰	Perega (10)

\* معنی دار در سطح ۰/۵

LSD 5% = ۱/۸۵

معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>gi</sub>) : ۰/۱۷۹معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>si</sub>) : ۰/۵۴۱

جدول ۷ - میانگین عملکرد برگ خشک توتون (تن در هکتار) (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ واریته و ۴۵ هیبرید توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۱/۲۲	-۰/۱۱	-۰/۰۴	-۰/۰۱	-۰/۱۲	۰/۱۲	۰/۴۵	۰/۱۲	۰/۲۲	-۰/۰۲	-۰/۱۳*	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۱/۷۷	۰/۳۰	-۰/۰۴	-۰/۱۸	۰/۱۲	-۰/۰۷	-۰/۱۱	۰/۰۵	-۱/۱۳*	-۰/۰۴۶	۱/۵۵	Coker 347 (2)
۱/۴۳	۰/۱۵	۰/۰۸	۰/۲۴	-۰/۲۶	۰/۱۲	۰/۱۶	۰/۰	-۰/۰۴۷	۱/۴۵*	۱/۷۹*	Coker 319 (3)
۱/۸۱*	۰/۱۳	-۰/۱۲	-۰/۱۳	۰/۱۵	-۰/۰۶	۰/۱۶	۰/۰۵۵	۱/۷۵*	۱/۸۰*	۱/۷۹*	Coker 258 (4)
۱/۴۵	-۰/۰۹	۰/۰۱	۰/۲۱	۰/۲۶	-۰/۰۵	۰/۰۸۲	۲/۰۴**	۱/۹۳**	۱/۶۶*	۲/۱۲*	McNair 944 (5)
۲/۳۰**	-۰/۱۸	-۰/۱۱	۰/۱۱	۰/۱۳	۰/۲۶*	۲/۰**	۱/۸۲*	۲/۰۴**	۱/۸۵**	۱/۹۶**	R 30 (6)
۱/۵۱	-۰/۱۲	۰/۱۱	۰/۱۳	-۰/۰۳۸	۲/۰۶**	۲/۰۴**	۱/۹۱**	۱/۳۹	۱/۷۷*	۱/۴۵	Coker 411 (7)
۱/۴۴	۰/۴۸*	-۰/۲۳	-۰/۰۱۵	۱/۸۲*	۲/۰۶**	۲/۰۲**	۱/۶۵	۱/۹۲**	۱/۵۰	۱/۵۹	Sp. G-28 (8)
۱/۹۹**	۰/۲۲	۰/۰۴۷	۱/۵۴	۱/۸۶**	۱/۹۰**	۱/۸۸**	۱/۷۲*	۱/۸۲*	۱/۷۰*	۱/۶۲	N <sub>2</sub> (9)
۱/۱۱	-۰/۱۴۳*	۱/۸۶**	۲/۰۶**	۱/۴۴	۱/۶۴	۱/۵۹	۱/۷۸*	۱/۷۰*	۱/۸۵**	۱/۳۶	Perega (10)

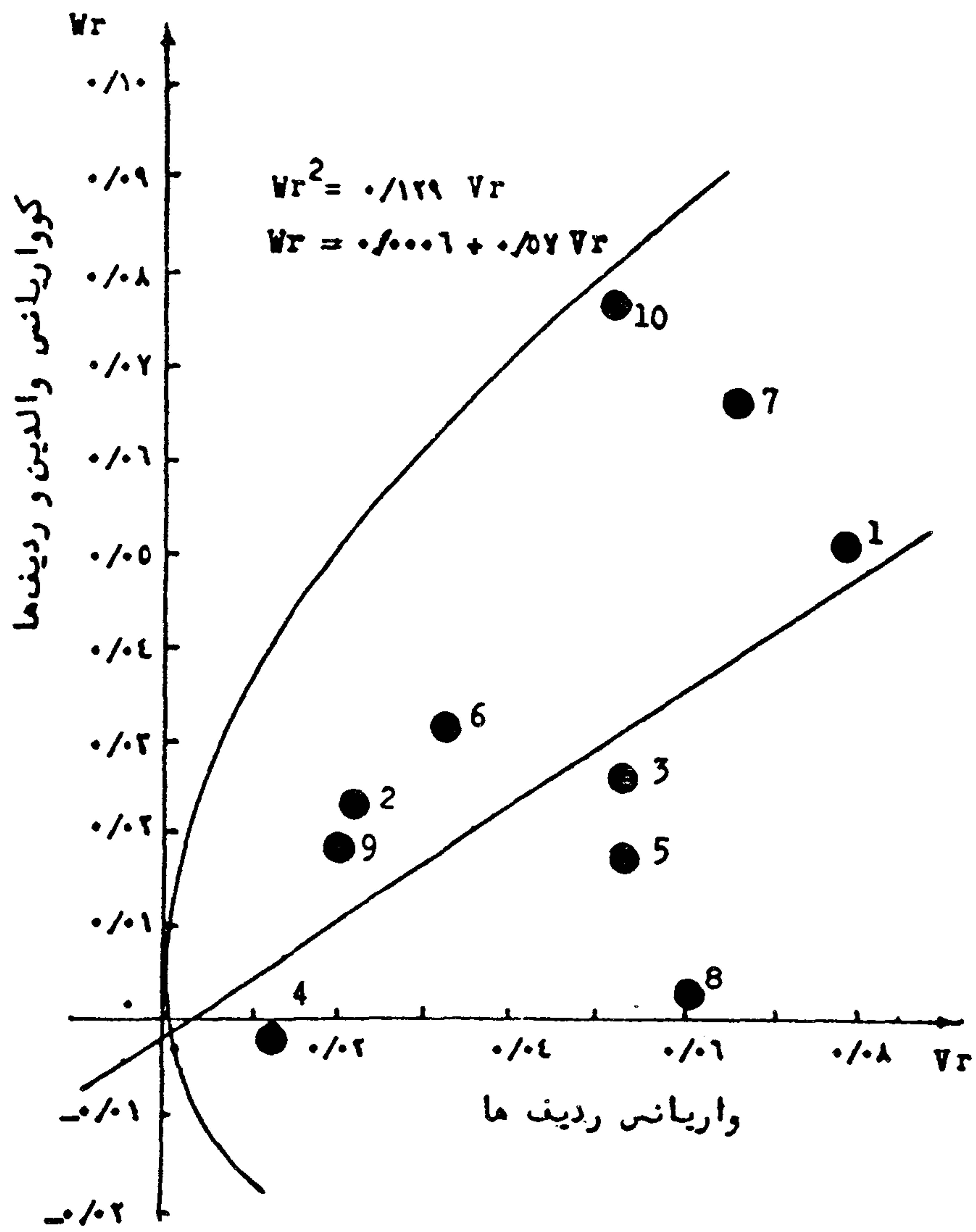
\* و \*\*: به ترتیب معنی دار در سطح ۰/۰۵ و ۰/۰۱.

معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>ij</sub>): ۰/۰۴۵

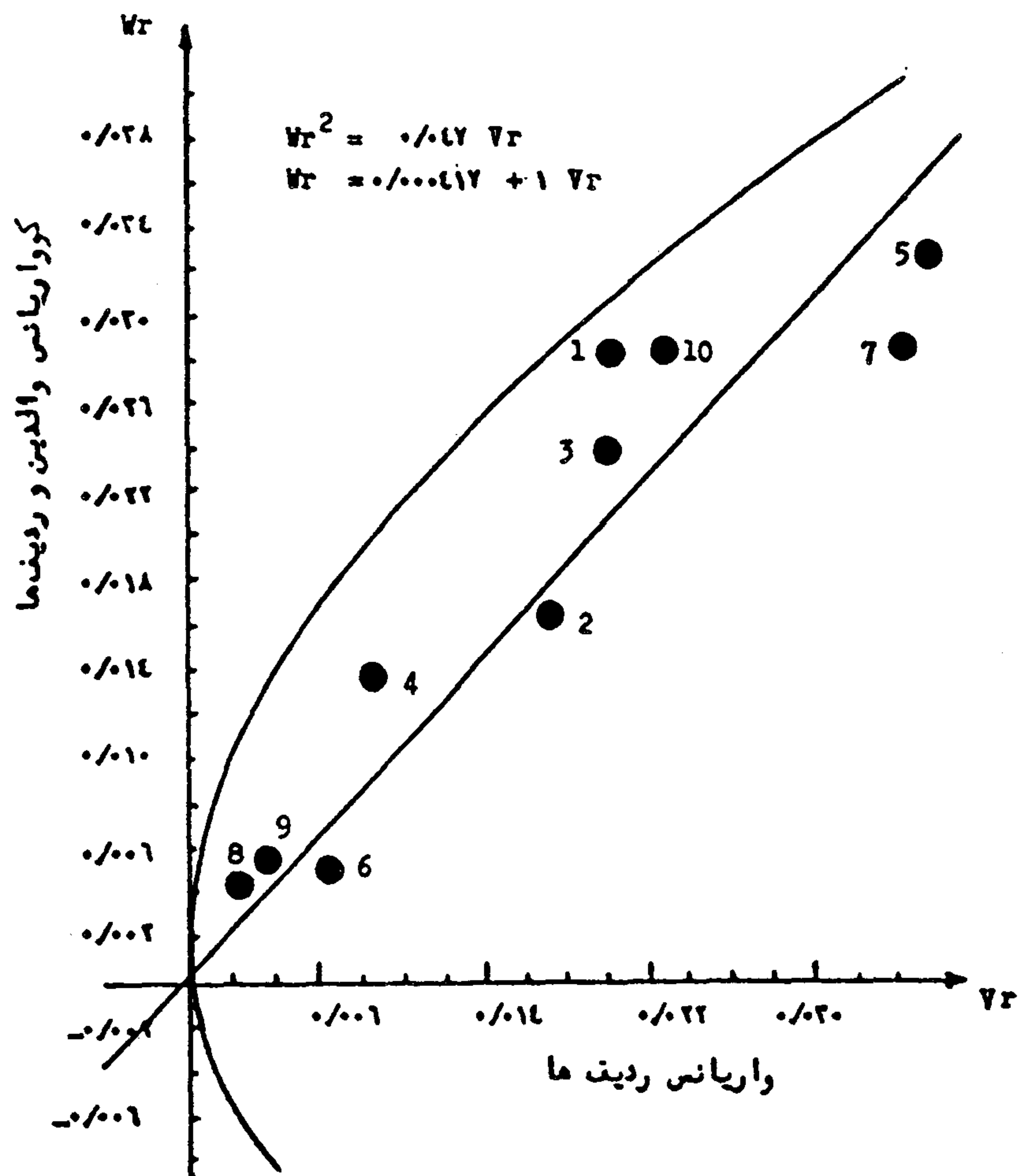
معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>ijj</sub>): ۰/۱۳۷

LSD 1% = ۰/۶۲

LSD 5% = ۰/۴۷



شکل ۵ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای عملکرد برگ خشک توتون



شکل ۶ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای میزان آلودگی به نماد مولد غده در ریشه توتون

چن (۸) نیز به وجود توارث پذیری کم صفت عملکرد بعث سهم عمده واریانس غالبیت ژنها اشاره نموده است، درحالیکه آزمایشات راثو (۲۵) نشان دهنده اثرات افزایشی ژنها در کنترل ژنتیکی عملکرد توتون می‌باشد.

پراکنش واریته‌ها در امتداد خط رگرسیون حاکی از بیشترین ژنهای غالب در رقم Coker 258 و بیشترین ژنهای مغلوب در ارقام Virg.E1, Coker 411 و Perega برای عملکرد برگ خشک می‌باشد. سایر واریته‌ها از نظر ژنهای غالب و مغلوب برای این صفت وضعیت حد واسطی را دارند.

در شکل ۶ نحوه توزیع ژنهای والدین برای مقاومت به نماد مولد غده ریشه در توتون نشان داده شده است. با توجه به وجود اثرات غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی صفت مذکور ( $D = 0.425 > H1 = 0.328$ ) انتظار می‌رود سهم اثرات افزایشی و قابل توارث در کل واریانس مشاهده شده یعنی ۵۷٪ (جدول ۲) موجب انتقال صفت حساسیت یا مقاومت به نماد واریته‌ها به نتاج گردد، که توارث پذیری برآورد شده برای صفت مذکور (۵۴٪ تا ۵۷٪) مؤید همین نتیجه گیری است.

لذا انتظار می‌رود، گزینش برای لاین‌های مقاوم به نماد کاملاً موفقیت آمیز باشد. پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون حاکی از وجود بیشترین ژنهای غالب در ارقام N2, R 30 و Spei.G-28 برای صفت مقاومت به نماد می‌باشد. در حالیکه ارقام Mc Nair و Coker 411 با بیشترین ژنهای مغلوب برای صفت مقاومت به نماد همزمان بیشترین حساسیت را نیز نشان می‌دهند (جدول ۸). به همین ترتیب ژنهای غالب مقاومت Coker 347 و Coker 258 به نماد نیز قابل توجه بوده، ولی بقیه واریته‌ها با ژنهای کم و بیش مغلوب خود، موجب بروز آلودگی نسبتاً شدید به نماد می‌شوند.

با در نظر گرفتن GCA منفی و معنی‌دار در ارقام Coker 347, Coker 258, R 30, Speig.G-28, N2 این ارقام می‌توانند دهنده خوبی برای ژنهای صفت مقاومت به نماد به نتاج باشند، که SCA منفی و معنی‌دار نتاجی مانند Mc Nair 944 Coker 347/ نشانگر این واقعیت بوده و تفاوت معنی‌دار اغلب نتاج نسبت به شاهد از نظر میزان آلودگی کمتر به نماد مؤید این امر است.

در شکل ۷ نتایج تجزیه و تحلیل مربوط به میزان مقاومت ارقام توتون در مقابل عامل بیماری سفیدک دروغی نشان داده شده است، که حاکی از وجود اثرات فوق غالبیت ژنها در کنترل ژنتیکی صفت مذکور می‌باشد ( $D = 0/0049 < H_1 = 0/0097$ ).

در چنین حالتی سهم اثرات غیرافزایشی ژنها در شکل‌دهی صفت مربوطه بیش از اثرات افزایشی آنها است. لذا توارث پذیری خصوصی برای مقاومت به سفیدک دروغی به میزان ۰/۴۷ برآورد گردیده است.

پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون حاکی از بیشترین ژنهای غالب رقم Mc Nair برای مقاومت به سفیدک دروغی بوده و ارقام Coker 258, Coker 319 و N<sub>2</sub> بیشترین ژنهای مغلوب را برای این صفت نشان می‌دهند و بقیه ارقام دارای یک وضعیت حدواسطی هستند.

با توجه به اینکه ارقام با بیشترین آلودگی به سفیدک دروغی نظیر Coker 347 و Perega (جدول ۹) دارای بیشترین ژنهای غالب برای این صفت بوده و Coker 319 با آلودگی نسبتاً کم خود دارای بیشترین ژنهای مغلوب می‌باشند (شکل ۷)، می‌توان چنین استنباط نمود که صفت مقاومت به سفیدک دروغی عمدتاً توسط ژنهای مغلوب کنترل گردیده و حساسیت به آن توسط ژنهای غالب کنترل می‌شود.

تجزیه و تحلیل تلاقیهای دی آلل به روش هیمن (۱۴) برای صفات تعیین کننده کیفیت برگ توتون اطلاعات بیشتری را در رابطه با ماهیت ژنتیکی این صفات در اختیار می‌گذارد. نظر باینکه ضریب رگرسیون (b) مقادیر W<sub>r</sub> (کوواریانس والدین و ردیف‌ها) روی V<sub>r</sub> (واریانس ردیف‌ها) با توجه به آزمون t<sup>۲</sup> (۱۴ و ۲۶) با یک تفاوت معنی‌داری ندارند. لذا فرضیات مدل هیمن که مهمترین آن عدم وجود اپستازی یا اثرات متقابل بین آلله‌ها در مکان مختلف ژنی می‌باشد، در مورد صفات مورد ارزیابی صادق می‌باشد.

تحلیل گرافیکی نتایج درصد نیکوتین برگها در شکل ۸ نشان دهنده وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی این صفت می‌باشد، زیرا خط رگرسیون محور W<sub>r</sub> را در بخش مثبت قطع نموده است ( $D = 0/0085 < H_1 = 0/115$ ). در چنین حالتی انتظار می‌رود سهم اثرات افزایشی و وراثت پذیر ژنها در شکل‌گیری درصد نیکوتین بیش از اثرات غیرافزایشی ژنها بوده و در نتیجه قابلیت توارث

قابل ملاحظه‌ای برای صفت مذکور وجود داشته باشد.

به وجود اثرات افزایشی ژنها در کنترل ژنتیکی صفات کیفی توتون، مانند الکلوئید کل و نیکوتین محققین دیگری (۸ و ۹) نیز اشاره داشته‌اند.

مراجعه به جدول ۱۰ صحت نتیجه‌گیری فوق‌الذکر را تأیید می‌نماید. برای مثال در حالی که ۵۲/۶ درصد از کل واریانس مشاهده شده برای درصد نیکوتین به اثرات افزایشی ژنها تعلق دارد، سهم اثرات غیرافزایشی ژنها در شکل‌دهی این صفت فقط ۱۸/۱ درصد بوده و بدین ترتیب قابلیت توارث خصوصی به میزان ۰/۵۳ برای صفت مذکور برآورد گردیده است. بنابراین پتانسیل ژنتیکی لازم برای گزینش لاین‌های کم نیکوتین یا پرنیکوتین بخوبی فراهم بوده و به نظر می‌رسد پیشرفت ژنتیکی در این مورد قابل ملاحظه بوده باشد.

بطور کلی چنین استنباط می‌گردد، که در کنترل ژنتیکی درصد نیکوتین هر دو اثر افزایشی و غیرافزایشی ژنها نقش دارند، مع ذلک سهم اثرات افزایشی در کل واریانس مشاهده شده قابل ملاحظه می‌باشد.

پراکنش والدین در امتداد خط رگرسیون (شکل ۸) نشان دهنده وجود بیشترین ژنهای غالب Perega برای درصد نیکوتین می‌باشد (نزدیکترین فاصله نسبت به مبدأ محور مختصات) در حالیکه Coker 411 برای صفت مذکور دارای بیشترین ژنهای مغلوب است (دورترین فاصله نسبت به مبدأ محور مختصات).

با توجه باینکه رقم Coker 258 نیز برای درصد نیکوتین دارای ژنهای مغلوب بیشتری بوده و همزمان این رقم درصد نیکوتین نسبتاً بالایی را نشان می‌دهد (جدول ۱۱) و در مقابل رقم Perega با بیشترین ژنهای مغلوب خود کمترین مقدار نیکوتین را دارا است، می‌توان چنین نتیجه گرفت که کنترل ژنتیکی درصد زیاد نیکوتین عمدتاً در اختیار ژنهای مغلوب می‌باشد، در حالیکه درصد کم نیکوتین برگ اکثر اوسط ژنهای غالب کنترل می‌گردد. بدین ترتیب انتظار می‌رود گزینش لاین‌های کم نیکوتین بخوبی میسر باشد.

برآورد پارامتر  $H_2/4H_1 = 0/23$  که حاصلضرب فراوانی آللهای غالب و مغلوب است، به مقدار حداکثر آن یعنی ۰/۲۵ نزدیک بوده و نشان می‌دهد، که فراوانی آللهای غالب و مغلوب در تمام مکانهای ژنی کنترل کننده این صفت تقریباً مساوی است.

در جدول ۱۱ ارقامی که دارای نیکوتین بیشتری می‌باشند

جدول ۸ - میانگین آلودگی به نماد مولد غده (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ رقم و ۴۵ هیبرید توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۰/۶۱۹	۰/۰۵۱	-۰/۱۰۹*	-۰/۰۳۶*	۰/۰۵۵	۰/۰۲۵	۰/۰۵۳	-۰/۱۳۷*	۰/۰۱۱	۰/۰۵۷	۰/۰۹۴*	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۰/۲۱۱*	-۰/۰۲۱	۰/۰۵۷	-۰/۰۱۳	-۰/۰۵۴	۰/۱۰۲	-۰/۱۷۲*	۰/۰۳۳	۰/۱۸۸*	-۰/۰۵۹*	۰/۰۵۰۸	Coker 347 (2)
۰/۶۵۱	-۰/۲۱۳*	-۰/۱۰۲	-۰/۰۲۰	۰/۰۹۹	-۰/۰۴۴	-۰/۰۷۲	-۰/۰۸۴	۰/۰۷۴*	۰/۶۱۹	۰/۰۵۹۵	Coker 319 (3)
۰/۲۳۹*	۰/۲۰۲*	۰/۱۰۶	۰/۱۱۳*	-۰/۰۷۹	-۰/۰۱۸	-۰/۱۴۴*	-۰/۰۸۹*	۰/۳۰۷*	۰/۳۰۱*	۰/۲۸۳*	Coker 258 (4)
۰/۶۲۶	۰/۱۱۹*	۰/۰۱۶	۰/۰۰۰۸	۰/۰۶۹	-۰/۱۲۹*	۰/۰۵۶*	۰/۲۳۹*	۰/۵۴۰	۰/۲۴۲*	۰/۶۱۹	McNair 944 (5)
۰/۲۷۰*	-۰/۰۸۵	۰/۰۸۶	۰/۰۰۸	-۰/۰۵۶	-۰/۱۰۱*	۰/۲۴۲*	۰/۲۰۷*	۰/۳۴۵*	۰/۳۵۸*	۰/۴۳۳*	R 30 (6)
۰/۶۹۹	۰/۰۴۱	-۰/۰۲۶	-۰/۱۷۵*	۰/۱۱۰*	۰/۳۶۹*	۰/۶۵۱	۰/۳۵۸*	۰/۶۹۹	۰/۴۱۳*	۰/۶۷۵	Coker 411 (7)
۰/۲۸۳*	-۰/۱۰۵	۰/۱۷۰*	-۰/۰۸۱*	۰/۲۷۰*	۰/۲۴۲*	۰/۳۹۲*	۰/۳۵۸*	۰/۳۸۹*	۰/۲۶۳*	۰/۳۹۲*	Sp. G-28 (8)
۰/۲۰۷*	-۰/۱۲۹*	-۰/۰۸۷*	۰/۴۱۸*	۰/۴۱۳*	۰/۳۱۴*	۰/۴۰۱*	۰/۳۴۵*	۰/۳۰۱*	۰/۳۲۷*	۰/۳۱۴*	N <sub>2</sub> (9)
۰/۶۵۱	۰/۰۸۴*	۰/۲۸۳*	۰/۳۱۴*	۰/۶۵۱	۰/۳۱۴*	۰/۶۷۵	۰/۶۱۹	۰/۳۶۱*	۰/۴۲۰*	۰/۶۴۴*	Perega (10)

\* معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>gi</sub>): ۰/۰۱۸

معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>gij</sub>): ۰/۰۵۴

LSD 5% = ۰/۱۸

معنی دار در سطح ۰/۰۵

جدول ۹ - میانگین آلودگی به بیماری سفیدک دروغی (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ رقم و ۴۵ دورگه توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)
۰/۱۵۱	-۰/۱۰۷	۰/۱۳۴*	-۰/۰۳۷	۰/۰۴۵	-۰/۰۲۴	۰/۱۰۳	۰/۰۷۸	۰/۰۵۳	۰/۰۶۳	-۰/۰۰۰۷ Virginia E <sub>1</sub> (1)
۰/۳۴۵*	-۰/۰۲۶	۰/۰۶۶	۰/۰۳۱	۰/۰۰۷	۰/۰۱۴	-۰/۰۵۲	۰/۰۴۱	-۰/۱۰۴	۰/۰۳۶۸	۰/۳۸۹* Coker 347 (2)
۰/۱۵۱	۰/۰۳۹	۰/۰۱۱	۰/۱۰۹	-۰/۱۱	۰/۰۹۱	۰/۰۲۵	-۰/۱۲۱*	-۰/۰۷۲*	۰/۱۵۱	۰/۲۷۰ Coker 319 (3)
۰/۱۵۱	۰/۰۳۳	۰/۰۰۶	-۰/۰۱۶	۰/۰۳۵	۰/۰۸۶	۰/۰۰۵	-۰/۰۲۲	۰/۰۷۵	۰/۳۴۵*	۰/۳۴۵* Coker 258 (4)
۰/۳۰۱	-۰/۰۰۶	۰/۰۳۲	-۰/۱۰۹	۰/۰۶۱	۰/۰۶۸	۰/۰۲۷	۰/۳۴۵*	۰/۲۷۰	۰/۳۰۱	۰/۳۸۹* McNair 944 (5)
۰/۳۱۴	۰/۰۰۵	-۰/۰۵۲	۰/۰۷۷	-۰/۰۳۵	۰/۰۸۰*	۰/۴۶۴*	۰/۴۳۳*	۰/۳۸۹*	۰/۴۲۰*	۰/۳۴۵* R 30 (6)
۰/۰۷۵	۰/۰	-۰/۰۲۸	۰/۰۲۶	-۰/۱۰۸*	۰/۲۲۶	۰/۲۷۰	۰/۱۹۵	۰/۰	۰/۲۲۶	۰/۲۲۶ Coker 411 (7)
۰/۲۷۰	۰/۰۳۷	-۰/۰۰۴	۰/۰۱۸	۰/۲۲۶	۰/۴۶۴*	۰/۲۲۶	۰/۲۷۰	۰/۳۴۵*	۰/۳۷۶*	۰/۲۷۰ Sp. G-28 (8)
۰/۱۵۱	۰/۱۰۲	-۰/۰۰۳	۰/۳۰۱	۰/۱۵۱	۰/۳۱۴	۰/۳۴۵*	۰/۲۷۰	۰/۲۲۶	۰/۳۸۹*	۰/۴۲۰* N <sub>2</sub> (9)
۰/۳۴۵*	۰/۰۴۴*	۰/۴۳۳*	۰/۳۸۹*	۰/۲۲۶	۰/۴۶۴*	۰/۳۰۱	۰/۳۴۵*	۰/۳۰۱	۰/۳۴۵*	۰/۲۲۶ Perega (10)

\* معنی دار در سطح ۰/۰۵٪  
 معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>ij</sub>): ۰/۰۱۹  
 معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>iii</sub>): ۰/۰۵۷  
 LSD 5% = ۰/۱۹

جدول ۱۰ - اجزای واریانس ژنوتیپی و فنوتیپی و توارث پذیری صفات کیفی ارقام و دورگه های توتون.

صفات مورد بررسی	توارث پذیری خصوصی	واریانس فنوتیپی	واریانس خطا	واریانس غالبیت	واریانس افزایشی	واریانس افزایشی	واریانس افزایشی
$h_{ii}^2$	$\delta_{ii}^2$	$\delta_{ii}^2$	$\delta_{Ei}^2$	$\delta_{Di}^2$	$\delta_{Di}^2$	$\delta_{A_i}^2$	$\delta_{A_i}^2$
روش هیمن روش سینگ	روش هیمن	روش هیمن	روش هیمن	روش هیمن	روش هیمن	روش هیمن	روش هیمن
%	%	%	%	%	%	%	%
۰/۵۳	۰/۵۲	۱۰۰/۰	۰/۰۰۹۹۴	۲۹/۳	۱۸/۱	۰/۰۰۱۸	۵۲/۶
۰/۲۹	۰/۷۵	۱۰۰/۰	۰/۰۸۸۷	۷۱/۱	۰/۰	-۰/۰۰۲۵	۲۸/۹
۰/۳۷	۰/۵۷	۱۰۰/۰	۷/۸۰	۲۷/۰	۱۵/۰	۱/۱۹	۴/۴۸

درصد نیکوتین برگ

درصد قند برگ

کیفیت ظاهری (ارزش ریالی)



GCA منفی و معنی دار نیز نشان می‌دهند و می‌توانند برای کاهش درصد نیکوتین در نتاج مناسب باشند. به وجود ژنهای غالب رقم Perega برای درصد نیکوتین کم قبلاً اشاره شده است (شکل ۸). در مورد وجود واریانس قابل ملاحظه GCA برای الکلوئید کل و نیکوتین گزارشات متعدد دیگری نیز وجود دارد (۱۹، ۲۱، ۲۲).

نتاج رقم Perega که دارای بیشترین GCA منفی و معنی دار برای درصد نیکوتین می‌باشد، نوعاً درصد نیکوتین بسیار کمتری از شاهد را نشان می‌دهند (جدول ۱۱)، که از جمله می‌توان به دورگه‌های Perega/Coker 347, Perega/Virg.E<sub>1</sub> کرد. این دورگه‌ها می‌توانند منشأ گزینش برای لاین‌های کم نیکوتین باشند.

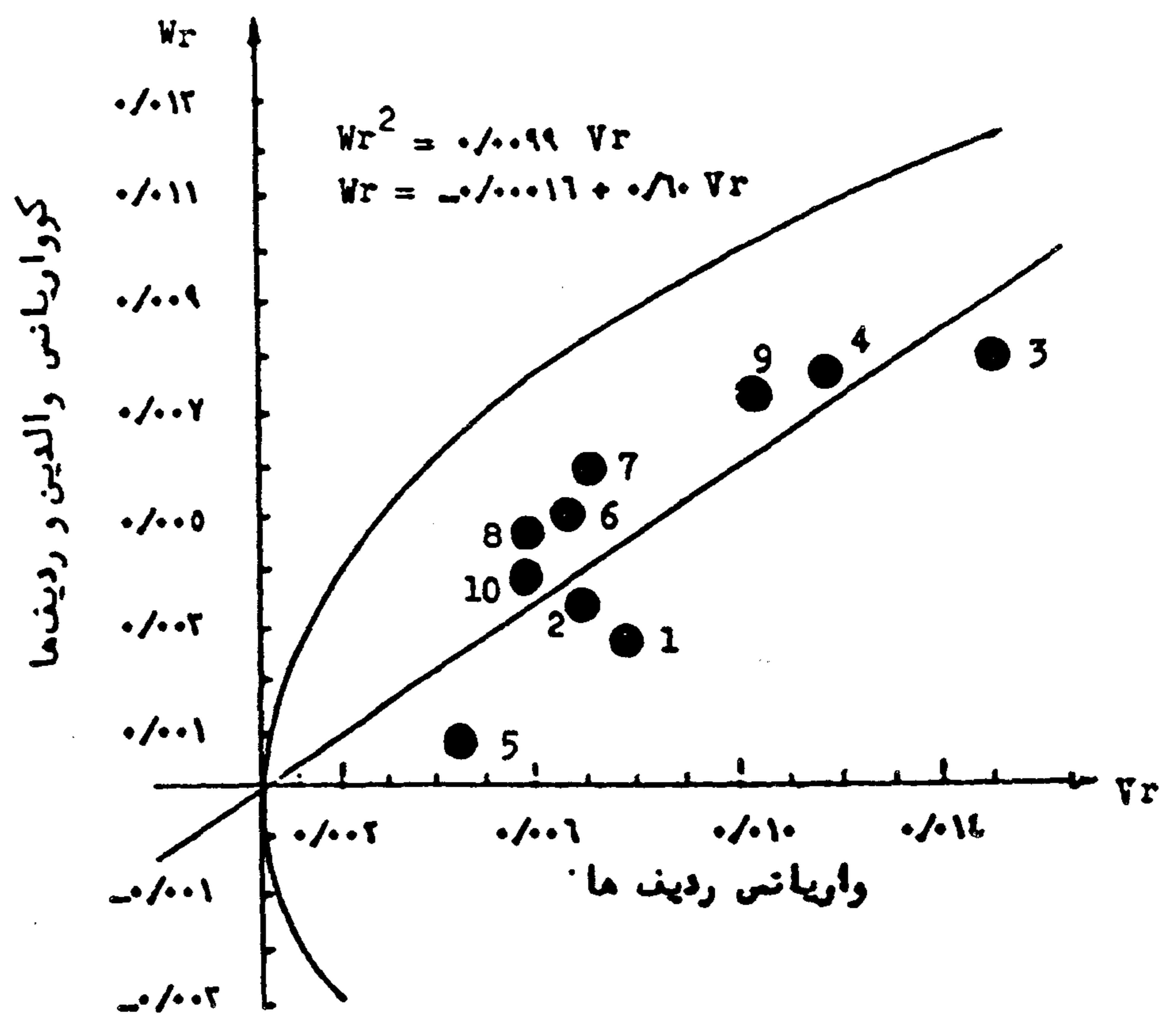
به همین ترتیب دورگه‌های Coker 347/Mc Nair 944 و Mc Nair/N<sub>2</sub> می‌توانند با داشتن SCA منفی و معنی دار خود، انتخاب لاین‌های کم نیکوتین را میسر نمایند.

شکل ۹ نشان دهنده پراکنش ارقام برای درصد قند برگ است. با وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی صفت یاد شده، انتظار می‌رود اثرات افزایشی ژنها در شکل دهی این صفت نسبتاً زیاد باشد.

به اثرات افزایشی ژنها در کنترل ژنتیکی درصد قند برگهای توتون محققین دیگر نیز اشاره نموده‌اند (۱۹ و ۲۲).

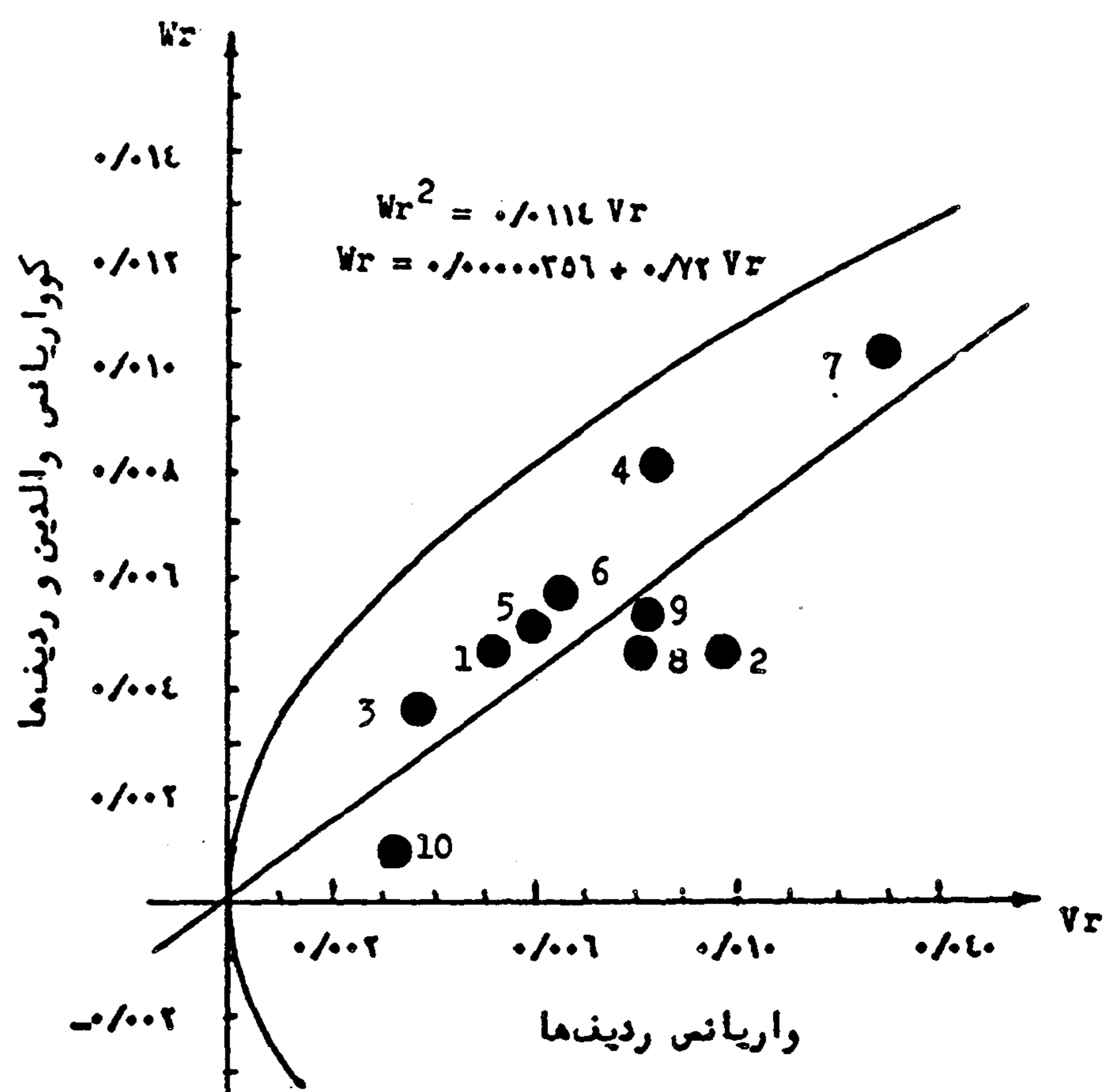
مراجعه به جدول ۱۰ نشان می‌دهد که تأثیرات عوامل محیطی مختلف بر روی این صفت بسیار زیاد است (۷۱/۱٪) و لذا توارث پذیری برای درصد قند بین ۲۹٪ تا ۷۵٪ برآورد گردیده است. بنابراین امیدواری برای انتخاب موفقیت آمیز لاین‌های با درصد قند بالا چندان زیاد نخواهد بود.

پراکنش والدین در امتداد خط رگرسیون حاکی از بیشترین ژنهای غالب در رقم Coker 347 برای کنترل ژنتیکی درصد قند است، در حالیکه Speight G-28 و Coker 411 بیشترین ژنهای مغلوب را از این نظر دارا هستند. مراجعه به جدول ۱۲ نشان می‌دهد که رقم Coker 347 با ۱/۱۸۲ قند نسبتاً کمی را دارا می‌باشد، در حالیکه دو رقم دیگر به ترتیب با ۱/۳۹۸ و ۱/۳۸۰، حداکثر قند را بین ارقام مورد بررسی نشان می‌دهند. بنابراین کنترل ژنتیکی مقدار



شکل ۷ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه

پراکنش والدین برای میزان آلودگی به بیماری سفیدک دروغی



شکل ۸ - خط رگرسیون  $W_r - V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه

پراکنش والدین برای درصد نیکوتین

GCA مثبت و معنی دار هستند. لذا این ارقام می‌توانند برای انتقال صفت درصد نیکوتین زیاد مطرح باشند. بالعکس R 30، Perega و Speight G-28 که دارای درصد نیکوتین نسبتاً کمی هستند،

جدول ۱۱ - میانگین درصد نیکوتین (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۱۰ رقم و ۴۵ دوره توتون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	McNair (5)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۰/۳۱۴	-۰/۰۱۱	۰/۰۳۹	-۰/۰۶۹	-۰/۰۹۸*	۰/۰۸۰	۰/۰۲۴	-۰/۰۵۶	-۰/۰۳۴	-۰/۰۰۴	۰/۰۲۶	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۰/۳۹۸	۰/۱۱۴*	۰/۰۲۱	۰/۱۱*	۰/۰۴۶	۰/۰۱۰	-۰/۱۲۲*	۰/۰۱۱	۰/۰۲۹	۰/۰۴۵*	۰/۳۱۷	Coker 347 (2)
۰/۴۲۰	۰/۰۱۱	-۰/۰۴۱	-۰/۰۰۹	۰/۰۴۹	۰/۰۲۵	-۰/۰۷۹	۰/۰۰۷	۰/۰۴۹*	۰/۴۲۶	۰/۲۹۱	Coker 319 (3)
۰/۴۴۹	-۰/۰۳۳	۰/۰۰۸	-۰/۰۷۹	۰/۰۲۴	-۰/۰۴۱	-۰/۰۴۴	۰/۰۲۳	۰/۳۸۲	۰/۳۸۲	۰/۲۴۳	Coker 258 (4)
۰/۵۲۲*	۰/۰۲۳	-۰/۰۹۴*	-۰/۰۶۲	۰/۰۱۷	-۰/۰۱۸	۰/۰۴۰*	۰/۳۲۲	۰/۳۱۳	۰/۲۶۶	۰/۳۴۱	McNair 944 (5)
۰/۲۳۸	۰/۰۱۰	۰/۰۴۹	-۰/۱۲۶*	-۰/۰۴۴	-۰/۰۴۶*	۰/۲۸۰	۰/۲۳۹	۰/۳۳۱	۰/۳۱۲	۰/۳۱۱	R 30 (6)
۰/۳۵۸	-۰/۱۱۳*	۰/۰۶۶	۰/۰۰۷	۰/۰۱۷	۰/۲۳۰	۰/۳۷۷	۰/۳۶۶	۰/۴۱۷	۰/۴۱۰	۰/۱۹۵	Coker 411 (7)
۰/۲۶۷	۰/۱۰۱*	-۰/۰۰۶	-۰/۰۳۱*	۰/۲۹۵	۰/۱۰۰*	۰/۳۲۷	۰/۲۱۶	۰/۳۱۱	۰/۴۲۷	۰/۱۷۶	Sp. G-28 (8)
۰/۴۳۰	-۰/۱۰۵*	۰/۰۴۹*	۰/۳۱۴	۰/۴۳۴	۰/۳۵۵	۰/۲۹۸	۰/۳۸۲	۰/۳۵۹	۰/۴۱۷	۰/۳۶۴	N <sub>2</sub> (9)
۰/۱۷۹	-۰/۱۱۹*	۰/۱۲۸*	۰/۲۵۴	۰/۰۸۸*	۰/۱۴۹*	۰/۲۴۷	۰/۱۷۴	۰/۲۴۴	۰/۱۱۵*	۰/۱۴۷*	Perega (10)

معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.<sub>gi</sub>): ۰/۰۱۵

معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.<sub>sii</sub>): ۰/۰۴۵

\*: معنی دار در سطح ۰/۰۵

LSD 5% = ۰/۱۵

پذیری عمومی مثبت و معنی دار را نشان می دهند. این ارقام می توانند به عنوان والدین بالا برنده کیفیت ظاهری برگ در نتاج مطرح باشند. خوشبختانه تفاوت معنی دار اکثریت قریب به اتفاق نتاج از نظر کیفیت ظاهری نسبت به شاهد امیدواری بسیاری را برای یافتن لاین های با کیفیت مطلوب بدست می دهد. در این میان نتاج ارقام R 30 و N<sub>2</sub> بالاترین ارزش ریالی را بخود اختصاص داده و بهترین کیفیت ظاهری را نشان می دهند، بدون اینکه SCA قابل توجهی برای ارزش ریالی دارا باشند.

در بین نتاج دورگه های Virginia E<sub>1</sub>/Coker 411, Virg.E<sub>1</sub>/Coker 319, Cok.319/Co.258 با SCA مثبت و معنی دار و همچنین ارزش ریالی قابل توجه خود می توانند در صورت داشتن یک برنامه تولید ارقام هیبرید، به عنوان هیبریدهای برتر و با کیفیت ظاهری مطلوب محسوب گردند.

#### نتیجه گیری

معنی دار بودن واریانس صفات مورد ارزیابی (جدول ۱) حاکی از وجود تنوع ژنتیکی در ژنوتیپ ها بوده و همچنین وجود GCA معنی دار برای کلیه صفات و SCA معنی دار برای بعضی از صفات نشان دهنده ترکیب پذیری قابل توجه والد ها و هیبریدها می باشد. لذا میتوان چنین نتیجه گرفت که صفات مورد ارزیابی عمدتاً توسط اثرات افزایشی و تا حدودی غیر افزایشی ژنها قرار دارند، که این امر با نتایج محققین دیگر (۸، ۱۷ و ۱۹) نیز در یک راستا قرار دارد. لذا از این توانایی های ژنتیکی موجود می توان در گزینش لاین های با صفات مطلوب استفاده نمود.

با توجه به اینکه زمان نشاء کاری تا شروع گلدهی، تعداد برگ در هر بوته و میزان آلودگی ارقام به نماتد مولد غده عمدتاً توسط اثرات افزایشی ژنها و ژنهایی با غالبیت جزئی کنترل می گردند، GCA قابل ملاحظه ای برای این صفات بدست آمده، لذا انتظار می رود با توارث پذیری نسبتاً زیاد این صفات به ترتیب ۰/۴۲، ۰/۶۰ و ۰/۵۷ بتوان گزینش موفقیت آمیزی را انجام داد، مضافاً اینکه مقاومت به نماتد واریته ها توسط ژنهای غالب کنترل می گردد. وجود اثرات قابل توجه غیر افزایشی ژنها در شکل گیری صفاتی مانند ارتفاع بوته، ضریب سطح برگ و عملکرد برگ خشک توتون و همچنین اثرات فوق غالبیت در کنترل ژنتیکی آنها در نتیجه توارث پذیری کم این صفات (به ترتیب ۰/۳۶، ۰/۱۳ و

کم قند عمدتاً توسط ژنهای غالب صورت می گیرد، در حالیکه مقدار بالای قند برگها اکثر توسط ژنهای مغلوب کنترل می گردد. پراکنش سایر ارقام در امتداد خط رگرسیون (شکل ۹) حاکی از این امر است که برای کنترل ژنتیکی درصد قند ارقام Virginia E<sub>1</sub> و Coker 258 و Peregá N<sub>2</sub> دارای ژنهای غالب بیشتری از ژنهای مغلوب می باشند.

از جدول ۱۲ چنین می توان استنباط نمود، که ارقام Peregá و Coker 347 با کمترین درصد قند و GCA منفی و معنی دار برای این صفت می توانند موجبات کاهش درصد قند در نتاج را فراهم نمایند. متأسفانه هیچ یک از ارقام برای افزایش درصد قند GCA قابل ملاحظه ای نشان ندادند. احتمالاً تأثیرات شدید عوامل محیطی و در نتیجه افزایش سهم واریانس خط در کل واریانس مشاهده شده باعث گردیده که بین ارقام و شاهد و همچنین بین شاهد و دورگه ها تفاوت معنی داری از نظر درصد قند مشاهده نگردد. به همین ترتیب در بین نتاج صرف نظر از یک مورد SCA منفی و معنی دار، هیچ مورد SCA مثبت و معنی دار برای درصد قند مشاهده نشد که این امر می تواند یافتن نتاج با درصد قند بالا را دشوار نماید.

تحلیل گرافیکی نتایج حاصله از بررسی های کیفیت ظاهری توتون (شکل ۱۰) حاکی از وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی صفت مزبور می باشد. لذا با توجه به سهم اثرات افزایشی ژنها (۵۸٪) در کل تنوع مشاهده شده (جدول ۱۰) و برآورد ۳۷ تا ۵۷٪ توارث پذیری خصوصی برای صفت یاد شده، امیدواری نسبتاً زیادی برای یافتن لاین های با کیفیت مطلوب (ارزش ریالی بالا) وجود دارد. پراکنش ارقام در امتداد خط رگرسیون حاکی از وجود بیشترین ژنهای غالب Coker 411, R 30, Coker 319, Speight G-28 و N<sub>2</sub> برای کیفیت ظاهری بوده و رقم Coker 347 دارای بیشترین ژنهای مغلوب برای کنترل ژنتیکی این صفت می باشد. از نظر ژنهای غالب و مغلوب کنترل کننده کیفیت ظاهری برگ واریته های Virginia E<sub>1</sub>، Coker 258 و Mc Nair 944 وضعیت حد واسطی را داشتند.

در جدول ۱۳ ارزش ریالی یک کیلو توتون ارقام با شاهد مقایسه گردیده، که حاکی از تفاوت قابل ملاحظه کیفیت ظاهری ارقام Coker 347, R 30, Coker 411 و N<sub>2</sub> نسبت به Virginia E<sub>1</sub> است. مع ذلک فقط ارقام R 30 و N<sub>2</sub> ترکیب

جدول ۱۲ - میانگین درصد قند (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۹ رقم و ۳۶ دوره توتون.

میانگین والدین	Perega (10)	N <sub>2</sub> (9)	Sp. G-28 (8)	Coker 411 (7)	R 30 (6)	Coker 258 (4)	Coker 319 (3)	Coker 347 (2)	Virg. E <sub>1</sub> (1)	والدین
۱/۲۷۹	-۰/۴۱	۰/۰۴۷	-۰/۰۴۲	-۰/۰۳۲	-۰/۰۱۷	-۰/۰۴۴	۰/۰۱۸	-۰/۰۳۷	-۰/۰۱۷	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۱/۱۸۲	۰/۰۲۳	۰/۰۱۷	-۰/۰۰۶	-۰/۰۲۷	۰/۰۲۳	-۰/۰۰۵	-۰/۰۱۹	-۰/۰۵۸*	۱/۱۲۸	Coker 347 (2)
۱/۲۹۰	۰/۰۴۱	۰/۰۴۴	-۰/۰۷۳	-۰/۱۶۹*	-۰/۰۰۶	۰/۰۴۸	-۰/۰۰۴	۱/۱۵۹	۱/۲۳۶	Coker 319 (3)
۱/۳۸۰	-۰/۰۱۶	۰/۰۳۴	۰/۰۱۷	-۰/۰۶۱	-۰/۱۲۱	۰/۰۳۴	۱/۳۱۶	۱/۲۱۰	۱/۲۱۲	Coker 258 (4)
۱/۳۶۲	۰/۰۳۱	-۰/۱۰۴	۰/۰۱۶	۰/۰۶۲	۰/۰۳۳	۱/۱۸۵	۱/۲۶۲	۱/۲۳۷	۱/۲۳۹	R 30 (6)
۱/۳۹۸	۰/۰۲۹	-۰/۰۰۷	-۰/۰۰۵	۰/۰۲۷	۱/۳۶۱	۱/۲۳۹	۱/۰۹۳	۱/۱۸۲	۱/۲۱۸	Coker 411 (7)
۱/۳۸۰	-۰/۰۵۴	۰/۰۱۴	۰/۰۲۵	۱/۲۸۶	۱/۳۱۲	۱/۳۱۴	۱/۱۸۷	۱/۱۴۸	۱/۲۰۵	Sp. G-28 (8)
۱/۳۰۱	-۰/۰۱۷	۰/۰۳۰	۱/۳۰۶	۱/۲۸۹	۱/۱۹۸	۱/۳۳۶	۱/۳۰۸	۱/۱۹۴	۱/۲۹۸	N <sub>2</sub> (9)
۱/۱۰۰	-۰/۰۷۰*	۱/۸۲	۱/۴۰	۱/۲۲۴	۱/۲۳۲	۱/۸۷	۱/۲۰۵	۱/۱۳۳	۱/۱۱۲	Perega (10)

\* معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.gi): ۰/۰۲۳

معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.sij): ۰/۰۶۴

معنی دار در سطح ۰/۰۵

LSD 5% = ۰/۲۰

جدول ۱۳ - کیفیت ظاهری (ارزش ریالی) (پایین قطر)، ترکیب پذیری عمومی (روی قطر) و خصوصی (بالای قطر) ۹ رقم و ۳۶ دوره تون برای صفت مذکور.

میانگین والدین	N <sub>2</sub>	Sp. G-28	Coker 411	R 30	McNair	Coker 258	Coker 319	Coker 347	Virg. E <sub>1</sub>	والدین
والدین	(9)	(8)	(7)	(6)	(5)	(4)	(3)	(2)	(1)	(1)
۱۴۳۰/۰	-۴۴/۰	-۹۷/۰	۳۵۸/۰*	۵۷/۰	-۹۷/۰	-۲۶/۰	۴۱۲/۰*	۴۷/۰	-۱۰۷/۰*	Virginia E <sub>1</sub> (1)
۲۲۰۰/۰**	۶۱/۰	-۱۰۶/۰	۴۳/۰	۵۷/۰	-۳۷۷/۰*	۱۶۹/۰	۵۱/۰	۷۲/۰	۲۰۱۰/۰**	Coker 347 (2)
۱۵۳۰/۰	۳۵/۰	-۱۹۶/۰	-۱۳۷/۰	۲۲/۰	-۱۴۳/۰	۲۵۳/۰*	-۷۲/۰	۲۰۴۰/۰**	۲۲۳۰/۰**	Coker 319 (3)
۱۴۶۰/۰	۱۶۳/۰	۱۴۷/۰	-۲۴/۰	-۸۵/۰	-۲۱۵/۰	-۱۹۰/۰*	۱۹۸۰/۰*	۲۰۴۰/۰**	۱۶۶۵/۰	Coker 258 (4)
۱۷۱۰/۰	۱۳۲/۰	۲۱۶/۰	۹۰/۰	۵۳/۰	-۱۴۴/۰*	۱۴۴۰/۰	۲۰۴۰/۰**	۱۵۴۰/۰	۱۶۴۰/۰	McNair 944 (5)
۲۴۹۰/۰**	۴۲/۰	۳۵/۰	-۳۱/۰	۲۲۶/۰*	۲۱۶۵/۰**	۱۹۸۰/۰*	۲۲۰۵/۰**	۲۳۸۵/۰**	۲۲۰۵/۰**	R 30 (6)
۱۹۲۰/۰*	۶۸/۰	۳۷/۰	۴۴/۰	۲۲۷۰/۰**	۱۹۸۰/۰*	۱۸۲۰/۰	۱۸۲۵/۰	۲۱۵۰/۰**	۲۲۸۵/۰**	Coker 411 (7)
۱۸۳۰/۰	۱۰۱/۰	-۸۱/۰	۱۹۹۰/۰*	۲۲۱۰/۰**	۱۹۸۰/۰*	۱۸۶۵/۰*	۱۶۴۰/۰*	۱۸۷۵/۰*	۱۸۵۰/۰*	Sp. G-28 (8)
۲۲۸۰/۰**	۲۱۲/۰*	۲۰۲۰/۰**	۲۳۱۵/۰**	۲۵۱۰/۰**	۲۱۹۰/۰**	۲۱۷۵/۰**	۲۱۶۵/۰**	۲۳۳۵/۰**	۲۰۵۰/۰**	N <sub>2</sub> (9)

\* و \*\*: به ترتیب معنی دار در سطوح ۰.۵٪ و ۰.۱٪.

معیار خطای ترکیب پذیری عمومی (S.E.gi) : ۴۱

معیار خطای ترکیب پذیری خصوصی (S.E.sij) : ۱۱۸

LSD 1% = ۵۵۵

LSD 5% = ۴۱۵

۰/۱۵) شانس یک انتخاب موفقیت آمیز را کاهش می دهد، زیرا بازدهی این گونه صفات متکی به هتروزیس نسل اول بوده و صرفاً در رابطه با تولید واریته های هیبرید  $F_1$  می تواند حائز اهمیت باشند، بدون اینکه شانس زیادی برای تثبیت آنها وجود داشته باشد. لذا بهتر خواهد بود، که تمرکز گزینش ها بر روی دیگر صفات کمی بوده و انتخاب لاین های مطلوب در نسل های در حال تفرق صفات صورت گیرد.

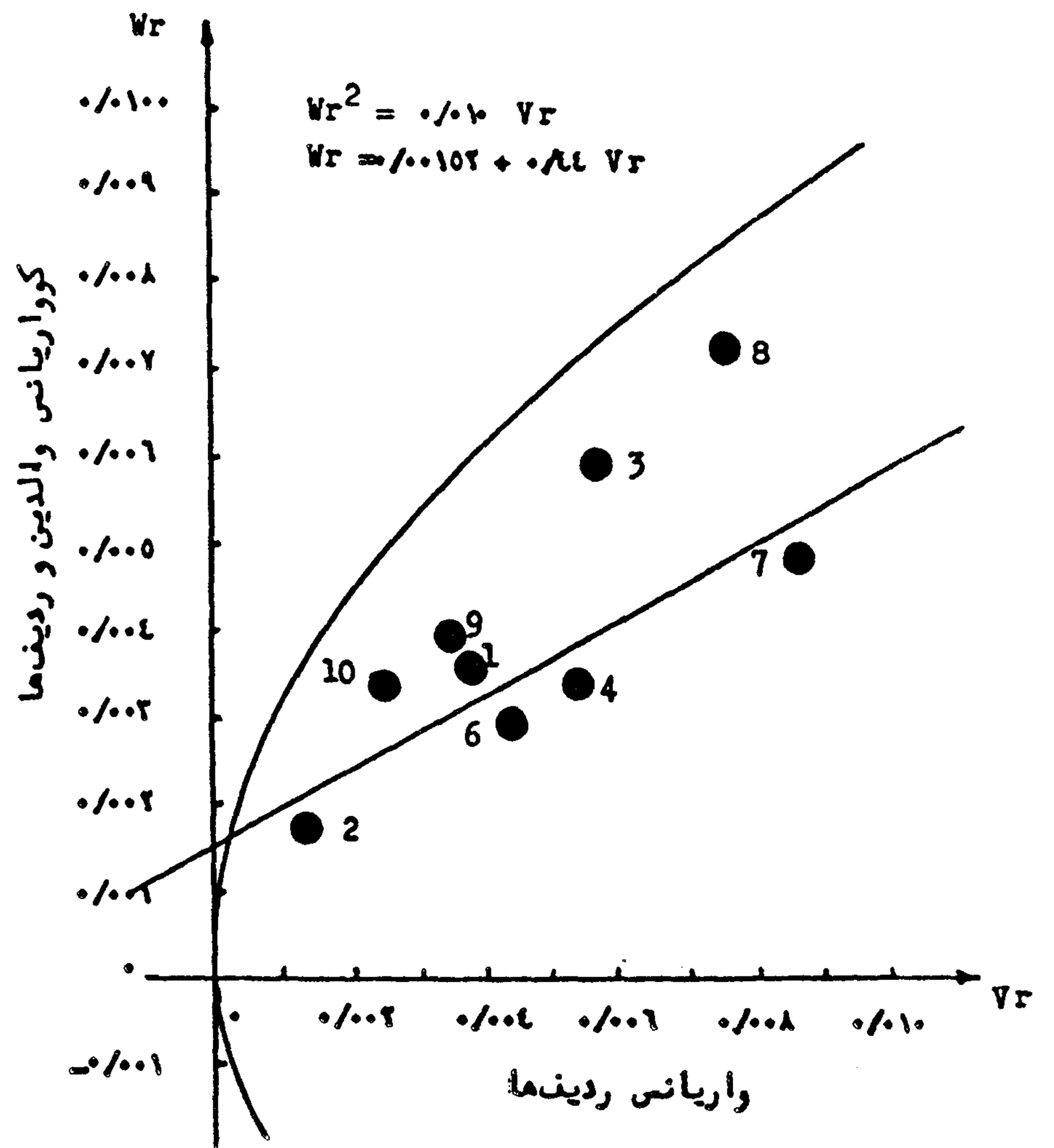
وجود تفاوت های معنی دار بین ژنوتیپ ها از نظر صفات کیفی مورد ارزیابی، پتانسیل لازم را برای یافتن لاین های مورد نظر بدست داده و GCA معنی دار والدین به وجود اثرات افزایشی و توارث پذیر ژنها در کنترل ژنتیکی صفات کیفی اشاره دارد. لذا با تکیه بر توارث پذیری نسبتاً بالای درصد نیکوتین (۵۳٪)، شانس یافتن لاین های کم نیکوتین زیاد است. به همین ترتیب وجود غالبیت جزئی در کنترل ژنتیکی کیفیت ظاهری برگ (ارزش ریالی یک کیلو توتون) و همچنین GCA قابل ملاحظه برآورد شده، توانایی ژنتیکی لازم را برای بهبود کیفیت هیبریدها بوجود آورده و توارث پذیری نسبتاً زیاد آن (۳۷٪ تا ۵۷٪) شانس گزینش لاین های با کیفیت را با تکیه بر اثرات افزایشی ژنها میسر می سازد.

وجود تفاوت های معنی دار کیفیت ظاهری هیبریدها نسبت به شاهد می تواند دلیلی بر صحت این نتیجه گیری تلقی شود.

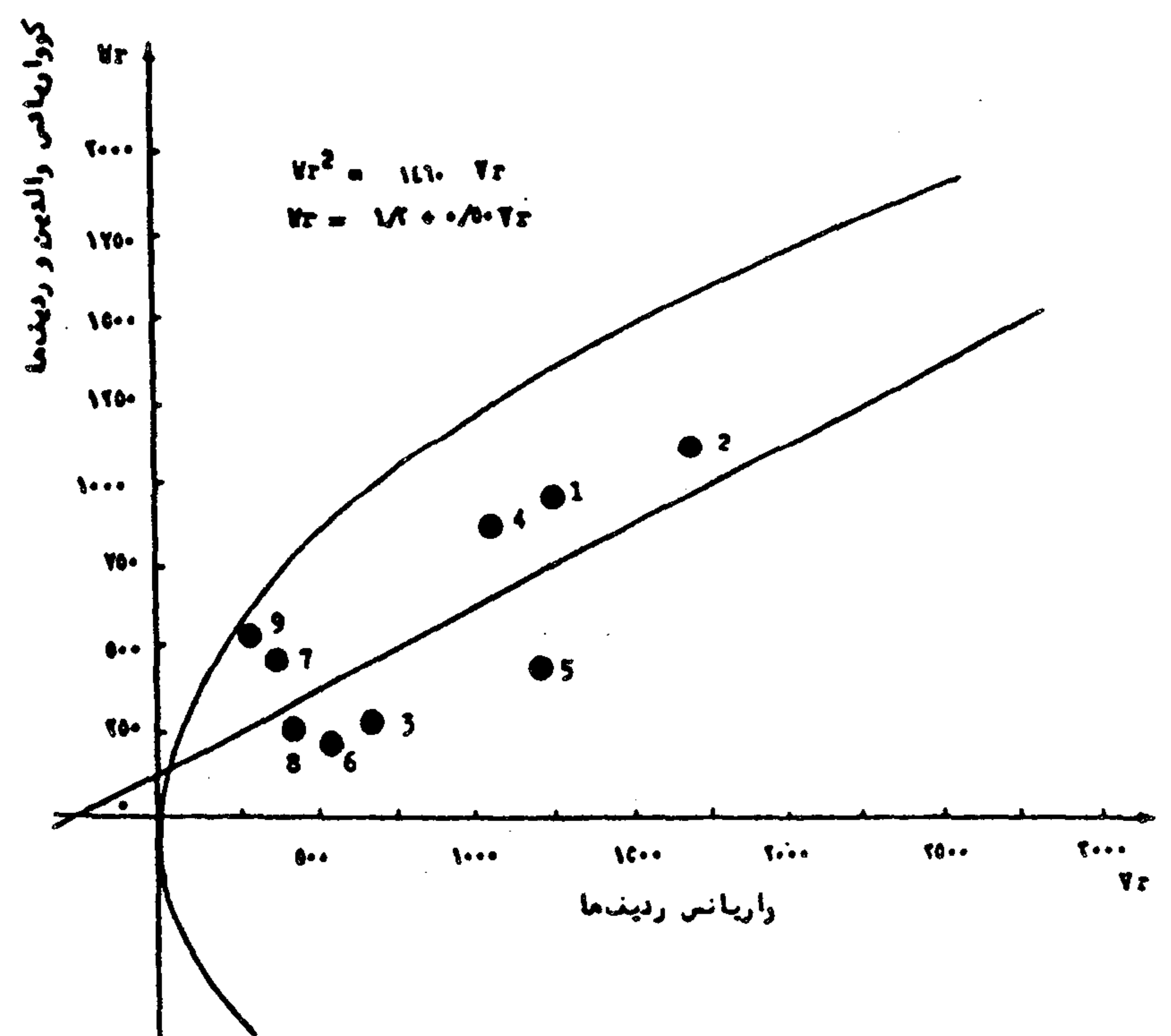
گرچه در کنترل ژنتیکی درصد قند برگها وجود غالبیت جزئی و در نتیجه سهم خوب اثرات افزایشی ژنها به اثبات رسیده (شکل ۹)، ولی تأثیرات قابل ملاحظه عوامل مختلف محیطی (۷۱٪) بر شکل گیری این صفت و در نتیجه توارث پذیری محدودی بین ۲۷٪ تا ۵۷٪ امیدواری چندانی را برای گزینش لاین های با درصد قند بالا بدست نمی دهد، مضافاً اینکه کنترل ژنتیکی درصد قند بالای برگها عمدتاً توسط ژنهای مغلوب صورت می گیرد.

### سپاسگزاری

اعتبار لازم برای اجرای این طرح توسط شرکت دخانیات ایران تأمین گردیده، که بدینوسیله سپاسگزاری می گردد. همچنین مساعدت و همکاری بی دریغ مدیریت و کارکنان مرکز تحقیقات توتون گیلان - رشت در اجرای این طرح موجب کمال تشکر و قدردانی است.



شکل ۹ - خط رگرسیون  $W_r-V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای درصد قند برگ توتون



شکل ۱۰ - خط رگرسیون  $W_r-V_r$  و سهمی محدود کننده  $W_r^2$  به همراه پراکنش والدین برای کیفیت ظاهری (ارزش ریالی) برگ توتون

## REFERENCES

## مراجع مورد استفاده

- ۱ - اهدائی ، ب و ا. قادری . ۱۳۵۱. متد دای آلل و استفاده آن در اصلاح نباتات . انتشارات دانشگاه چمران اهواز.
- ۲ - رضائی .ع. ۱۳۶۹. بررسی ژنتیکی خصوصیات ریشه در گندم. مجله علوم کشاورزی ایران . جلد ۲۱ . شماره ۱ و ۲ .
- ۳ - قاسمی . ف. ۱۳۵۹. تجزیه دی آلل کراس در سوژا . پایان نامه فوق لیسانس . دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران.
- ۴ - قاسمی . ف و ب . یزدی صمدی . ۱۳۶۵. بررسی ژنتیکی هشت صفت کمی در سویا (*Glycine max L.*) . مجله علوم کشاورزی ایران. جلد ۱۷ . شماره های ۳ و ۴.
- ۵ - منزوی کرباسی راوری ، ب. و ع. رضائی . ۱۳۶۹. برآورد قابلیت ترکیب پذیری و وراثت پذیری درصد پروتئین و خصوصیات مرتبط با آن در گندم پائیزه (*Triticum aestivm L.*) . مجله علوم کشاورزی ایران . جلد ۲۱ . شماره های ۳ و ۴.
- ۶ - هنر نژاد . ر. ۱۳۷۳. خصوصیات ژنتیکی و قابلیت ترکیب پذیری واریته های برنج (*Oryza sativa*) . مجله علوم کشاورزی ایران . جلد ۲۵ . شماره ۴.
- 7 - Amarnath, S. 1991. Combining ability analysis for stomatal density in chewing tobacco (*Nicotiana tabacum L.*). Tobacco Research. Central Tobacco Research Institute. Bihar, India. 17(2), 127-128
- 8 - Chen, S. Y. 1972. Genetic studies of leaf yield and nicotine content in *Nicotiana tabacum L.* Taiwan Agriculture Quarterly 8 (3), 124- 132.
- 9 - Ghaderi , A., B. Ehdai, E. H. Everson. 1973. A diallel analysis of height in wheat (*Triticum aestivum*). Iran. J. Agric. Sci. 2(1), 51-55.
- 10- Ghosh, P. k., Hossain, M. 1986. Combining ability of indigenous extic crosses of rice. Experimental Genetics 2(1-2) 47-50.
- 11- Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity 10. 31-51.
- 12- Griffing, B. 1956. Concept of General and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9. 463-493.
- 13- Hayman, B. I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics 10, 235-244.
- 14- Hayman, B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics 39, 789-809.
- 15- Jinks, J. L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica*. Genetics 39, 767-788.
- 16- Jinks, J. L., B. I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. Maize Genet. Coop. New 1.27 , 48-54.
- 17- Legg, P. D., G. B. Collins. 1971. Genetic parameters in Buley populations of *Nicotiana tabacum L.* Tobacco International 173 (3) , 33.
- 18- Mehta, A., G. J. Patel, B. G. Jaisani. 1985. Genetic analysis of some agro-morphological traits of *Nicotiana tabacum L.* Tobacco Research 11(2), 148-154.
- 19- Murthy, A. S. K., N. C. Gopalachari, C. V. Rao, V. V. R. Rao. 1988. Combining ability in crosses involving flue - cured and non flue - cured tabbacco varieties. Tobacco Research 14(1), 7-15.
- 20- Notteghem, J. L. 1985. Definition of a strategy for the use of resistance through the genetic analysis of

- host pathogen relationships of the rice pyricularia oryzae. *Agron. Trop. Riz Cult. Vivrieres* 406(2), 129-147.
- 21- Ogilvie, I.S., V.Kozumplik. 1983. Genetic analysis of quantitative chararcters in cigar and pipe tobacco, *Nicotiana tabacum*. *Canadian J.of.Genetics and Cytology* 25(2), 185-189.
- 22- Pandeya, R.S., V.A.Dirks, G.Poushinsky, B.F.Zilkey. 1985. Quantitative genetic studies in flue - cured tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Canadian J.of Genetics and Cytology* 27 (1). 92-100.
- 23- Pooni, S., J.L.Jinks , R.K.Singh, 1984. Methods of analysis and estimation of the genetic parameters from a diallel set of crosses. *Heradity* 52(2), 243-253.
- 24- Prasad, G.S.V.S.Sastry. 1987. Line x tester analysis for combining ability and heterosis in brown planthopper resistant varieties. *Indian Agriculturist* 31(4).
- 25- Rao, G.S.B.1989. Heterosis and combining ability studies in inter-varietal crosses of chewing tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Madras Agricultural Journal*. 76(11), 616-620.
- 26- Singh, R.K., B.D.Chaudhary. 1977. *Biometrical methods in quantitative genetic analysis*. Kalyani publ.Ludhiana. New Delhi.
- 27- Wright, A.J.1985. Diallel designs, analyses and reference populations. *Heredity* 54, 307-311.



**Gene effects and combining ability of some quantitative and qualitative characteristics of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.).**

**R.HONARNEJAD and M.SHOAI-DEYLAMI.**

Associate Professor , College of Agricultural Sciences, Guilan University, Rasht.  
and Rasercher, Iranian Tobacco Research Centre, Rasht, Iran.

Accepted 17 Sep 1997

**SUMMARY**

Ten tobacco varieties were intercrossed in all combination in 1993 in a Half-diallel design and  $F_1$ 's plus parents were transplanted in 1994 in a randomized complete blocks design with 4 replications. 11 quantitative and quality determinating traits were investigated. The variance analysis of results showed significant GCA and SCA for all and some traits, respectively. So, the additive and non-additive gene effects are involved with characters under investigation, but the portion of additive and heritable effects of genes are more important. Graphical analysis of results for number of leaves per plant, days form transplantation to flowering and resistance of varieties to root knot nematodes showed a partial dominance. Therefore, due to high amount of additive gene effects in genetic control of these traits, genetic advance for selection of these characters would be high. In the genetic control of traits such as plant hights, leaf area index, dry-leaf yield and resistance to *Peronospora tabacina* the overdominance gene effects in involved. Because of low heritability, genetic advance for selection of these characteristics would be poor. Graphical analysis for results showed that the partial dominance in genetic control of characteristics is involved. Therefore, because of high amount of additive gene effects of nicotine content and appearance of leaves, genetic advance for selection of these characters would be high. Although the additive gene effects in genetic control of sugar content is present, but the high amount of environmental effects and low heritability (29%), genetic advance for selection of this characteristics would be poor.