

## بررسی ژنتیکی پایداری در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی توتون (*Peronospora tabacina* Adam)

رحیم هنرنژاد<sup>۱</sup>، مرداویج شعاعی دیلمی<sup>۲</sup> و محرم مصباح<sup>۲</sup>

### چکیده

به منظور تجزیه و تحلیل ژنتیکی پایداری واریته‌های توتون به بیماری سفیدک دروغی و برآورد ترکیب پذیری ارقام، چهار واریته توتون بل ۶۱-۱۰، برجراک سی، سامسون و ترامف پایدار و حساس به بیماری سفیدک دروغی، دریافتی از سازمان بین‌المللی تحقیقات توتون (کورستا)، در سال ۱۳۷۶ به صورت طرح دی‌آلل یک طرفه تلاقی، و در سال ۱۳۷۷ والدین و نتاج آنها کشت و مورد بررسی قرار گرفتند. هم چنین، به منظور بررسی اثر ژن‌های کنترل‌کننده صفت پایداری و حساسیت، و گرفتن بذور نسل  $F_1$ ،  $BC_1$  و  $BC_2$  نسل  $F_1$  حاصل از تلاقی چهار واریته توتون خودگشن، و با والدین مربوطه تلاقی برگشتی داده شدند. در سال ۱۳۷۸، کلیه ژنوتیپ‌ها به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار کشت، و میزان پایداری و حساسیت ژنوتیپ‌ها در مقابل بیماری سفیدک دروغی با روش استاندارد کورستا اندازه‌گیری، و نتایج مربوط به والدین، نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  به صورت یک دی‌آلل  $4 \times 4$  تجزیه و تحلیل گردید.

نتایج تجزیه واریانس تفاوت معنی‌داری را بین ژنوتیپ‌ها از نظر پایداری به پرونوسپورا نشان داد، و تجزیه میانگین نسل‌ها گویای پیروی خانواده‌های برجراک سی  $\times$  بل ۶۱-۱۰ و ترامف  $\times$  بل ۶۱-۱۰ از مدل ساده افزایشی-غالبیت بود. در حالی که در سایر خانواده‌ها آثار متقابل غیرآللی (اپیستاتیک) پدیدارگشت، و با مدل شش پارامتری متر و جینکز برای وجود آثار متقابل دو ژنی برازش نشان دادند. بدین ترتیب، با توجه به وراثت پذیری خصوصی برآورد شده (۳۴٪ تا ۸۵٪)، امکان‌پذیرش موفقیت‌آمیز لاین‌های پایدار در برابر پرونوسپورا در نسل‌های در حال تفکیک، برای برخی از تلاقی‌ها وجود دارد. به سبب ترکیب پذیری عمومی معنی‌دار والدین برای صفت پایداری نسبت به پرونوسپورا، نقش آثار افزایشی ژن‌ها در زمینه پایداری در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی چشم‌گیر بود. در مجموع، وراثت پذیری خصوصی برای ژنوتیپ‌های مورد بررسی به میزان ۷۲٪ تا ۷۵٪ برای این صفت برآورد شد.

واژه‌های کلیدی: پرونوسپورا تاباسینا، سفیدک دروغی، توتون، اثر ژن‌ها، میانگین نسل‌ها

### مقدمه

بیماری سفیدک دروغی توتون که توسط قارچ پرونوسپورا تاباسینا<sup>۳</sup> ایجاد می‌گردد، یک مشکل بزرگ کشورهای توتون‌خیز در سرتاسر جهان بوده، و در خزانه نشا و مزرعه زیان‌های سنگینی را به بار می‌آورد (۴).

۱. استاد اصلاح نباتات، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان

۲. پژوهشگران مرکز تحقیقات توتون گیلان

3. *Peronospora tabacina* A.

پایداری ۹ گونه وحشی توتون در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی توسط پالاکارچوا (۱۵)، در شرایط آلودگی مصنوعی مزرعه بررسی گردید. در این آزمایش منابع پایداری در تعدادی از گونه‌های وحشی توتون شناخته شد، و با واریته‌های تجارتي تلاقی داده شدند. تجزیه و تحلیل ژنتیکی برخی از این لاین‌ها و واریته‌ها نشان دهنده وجود ژن‌های پایداری نسبت به پرونسپورا بود، که از جمله آنها می‌توان به واریته پابدا-۲۳ اشاره کرد.

دو ژنوتیپ حساس و چهار ژنوتیپ نسبتاً پایدار توسط رافتی و مین (۱۷)، برای ایجاد پایداری نسبی در برابر پرونسپورا بررسی شد که از نظر اجزای پایداری با یکدیگر تفاوت معنی‌داری داشتند. در حالی که واریته‌های تجارتي اسپایت‌جی-۳۷۰ و مک‌نیر-۴۹۴۴ حساس‌ترین ژنوتیپ‌ها به حساب می‌آمدند، واریته‌های شیمی‌کال موتنت<sup>۵</sup>، NC-BMR 42 و NC-BMR 90 کمترین آلودگی را نشان دادند، و لاین NC-BMR 90 دارای پایداری چشم‌گیری بود. به ترتیبی که وجود منابع چندگانه پایداری، این لاین را به یکی از منابع مهم پایداری در برابر عامل سفیدک دروغی تبدیل کرده است.

تونکارا و پالاکارچوا (۱۸) توتون‌های پایدار تیپ ویرجینیا مانند شیمی‌کال موتنت، بل ۶۱-۱۰، GA 955، RxT، ترامف<sup>۷</sup> و توتون تیپ شرقی پابدا-۲ را با واریته‌ها و لاین‌های حساس تلاقی دادند، که در نسل F<sub>۱</sub> پایداری به صورت غالب ظاهر گردید. نسبت تفرق صفات در نسل F<sub>۲</sub> نشان دهنده وجود سه ژن پایداری در بل ۶۱-۱۰ و دو ژن در دیگر منابع پایداری بود، به ترتیبی که گزینش هیبریدهای پایدار در نسل F<sub>۳</sub> میسر گردید.

یافته‌های هنرنژاد و شعاعی (۱)، با بررسی ۱۰ واریته توتون تیپ ویرجینیا گویای وجود آثار فوق‌غالبیت ژن‌ها در کنترل ژنتیکی میزان حساسیت ارقام توتون در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی است. در این بررسی وراثت پذیری خصوصی برای پایداری در برابر سفیدک دروغی به میزان ۴۷٪ برآورد

پژوهش‌های انجام شده در آمریکا (۱۳) در سال‌های ۱۹۷۰ تا ۱۹۸۹، بیانگر شیوع ۱۳ بیماری گیاهی در ایالت فلوریدا می‌باشد که در ۲۰ سال گذشته به صورت همه‌گیر ظاهر شده‌اند. بررسی‌های بلانکار (۳) در مورد بیماری‌زایی عامل سفیدک دروغی، که در سال ۱۹۹۲ در ۲۷ منطقه و ۱۹ کشور جهان و در ۹ ژنوتیپ با درجات مختلفی از پایداری صورت گرفت، نشان می‌دهد که هیچ یک از پاتوتیپ‌های موجود قارچ تاکنون قادر نبوده‌اند پایداری ژن‌هایی را که برای کنترل این بیماری به کار گرفته شده‌اند، بشکنند.

در بررسی تنوع قارچ پرونسپورا که توسط ادروا و همکاران (۶) از طریق به‌کارگیری برخی از آیزوایم‌ها انجام پذیرفت، کنیدی‌های جمع‌آوری شده از توتون‌هایی که در مناطق مختلفی از اروپا (فرانسه و بلغارستان) کشت می‌شوند، به مدت بیش از ۱۰ سال مورد ارزیابی قرار گرفتند. این بررسی نشان داد که پرونسپورا فاقد تنوع ناشی از زمان و مکان است، که نشان دهنده پایداری ژنتیکی سویه موجود پاتوژن می‌باشد، و نشانه‌ای از شکل‌گیری پاتوژن جدید وجود ندارد. با این حال، تنوع چشم‌گیر قارچ پرونسپورا به عنوان تابعی از گیاه میزبان به اثبات رسید. گزارش ریر و دلون (۱۹) در مورد گسترش جهانی پرونسپورا نشان دهنده بیشترین آلودگی در کشور کوبا می‌باشد، در حالی که گزارش دلون (۵) شدت ظهور بیماری را در کشورهای بلغارستان، یونان و ایران نیز به ثبت رسانیده است.

از سال ۱۹۹۳ تلاش‌هایی در جریان بوده تا با استفاده از برخی ترکیبات شیمیایی، مکانیسم‌های پایداری سیستمیک<sup>۱</sup> در گیاهانی مانند توتون را، در برابر بیماری‌های قارچی همچون سفیدک دروغی فعال نمایند. از جمله آنها می‌توان به ترکیب شیمیایی CGA245704 اشاره کرد. این نوع پایداری در گیاهان می‌تواند توسط عوامل زنده و غیرزنده فعال شده، و باعث یک پایداری سیستمیک در برابر بیماری‌های قارچی و باکتریایی شود (۵ و ۱۶).

- |                                       |               |                 |               |
|---------------------------------------|---------------|-----------------|---------------|
| 1. SAR (Systemic Acquired Resistance) | 2. Pobeda 3   | 3. Speight G-70 | 4. McNair 944 |
| 5. Ch. Mutant                         | 6. Bell 61-10 | 7. Trumpf       |               |

$F_1$  حاصل از تلاقی این واریته‌ها با والدین مربوطه ( $P_1$  و  $P_2$ ) تلاقی برگشتی داده شدند، به ترتیبی که در پایان سال زراعی ۱۳۷۷ بذور شش نسل ( $P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1, BC_2$ ) در اختیار بود. در سال ۱۳۷۸ نسل‌های مذکور پس از کشت در خزانه نشا به صورت یک طرح بلوک‌های کامل تصادفی، مشتمل بر ۳۶ تیمار (شش خانواده هر یک دارای شش نسل) و با سه تکرار به زمین اصلی انتقال و نشا شدند. برای نسل‌های بدون تفرق صفات، ( $F_1$  و  $P_1$  و  $P_2$ ) تعداد ۲۱ بوته در هر کرت، و برای نسل‌های در حال تفکیک ( $BC_1, BC_2, F_2$ ) ۴۲ بوته در هر کرت اختصاص داده شد و با فاصله ۱۰۰ سانتی‌متر میان ردیف‌ها و ۵۰ سانتی‌متر میان بوته‌ها کشت گردیدند، و مراقبت‌های زراعی طبق عرف معمول و به صورت یک نواخت صورت گرفت.

بررسی میزان آلودگی به پرونسپورا طبق استاندارد «کورستا» و در شرایط طبیعی (مزرعه)، به شرح زیر انجام پذیرفت (۴). در این روش علایم آلودگی به قارچ پرونسپورا روی تمام برگ‌های یک گیاه جوان برآورد می‌شود. در این زمینه سه معیار بررسی می‌شود، و سپس بر مبنای آنها واکنش گیاه تعیین می‌گردد. این سه معیار عبارتند از:

۱. درجه آلودگی = مساحتی از سطح برگ که به وسیله پاتوژن اشغال می‌شود.

۲. نوع واکنش = شدت اسپوردهی قارچ.

۳. طبیعت گسترش آلودگی = میزان نزدیکی قارچ به دسته‌های آوندی.

هر یک از این معیارها با نمرات یک تا پنج مشخص می‌شود، به ترتیبی که یک کمترین و پنج بیشترین تظاهر صفت مورد ارزیابی را نشان می‌دهد. بنابراین، واکنش گیاه (شدت علایم) از آمیختن سه برآورد فوق به دست می‌آید:

واکنش گیاه (شدت علایم) = طبیعت گسترش آلودگی +

(نوع واکنش × درجه آلودگی).

تجزیه و تحلیل‌های آماری و ژنتیکی برای صفت واکنش

گردید. هم چنین نشان داده شد که بیشترین ژن‌های غالب در رقم مک‌نیر ۹۴۴ برای حساسیت به سفیدک دروغی بود، و ارقام کاکر ۱۳۱۹، کاکر ۲۵۸ و  $N_2$  بیشترین ژن‌های مغلوب را برای پایداری داشتند.

برای اصلاح گیاهان زراعی مانند توتون، شناخت ساختار ژنتیکی صفات و ترکیب پذیری آنها موجب سادگی گزینش‌ها و موفقیت پروژه‌های اصلاح نباتی می‌گردد. چنین اطلاعاتی از طریق روش‌های ژنتیک کمی مانند دی‌آلل و تجزیه میانگین نسل‌ها به دست می‌آید، که اصول آن را جینکز و هیمن (۱۱)، هیمن (۹ و ۱۰)، گریفینگ (۷ و ۸) و نیز متر و جینکز (۱۴) بیان کردند، و بعدها توسط کرزی و پونی (۱۲) تکمیل گردید.

هدف از این بررسی تجزیه و تحلیل چگونگی وراثت صفت پایداری در برابر قارچ عامل بیماری سفیدک دروغی، در برخی از واریته‌های سازمان بین‌المللی تحقیقات توتون (کورستا) است، که برای ارزیابی میزان گسترش جهانی بیماری سفیدک دروغی، به صورت یک طرح مشترک پژوهشی در کشورهای مختلف جهان کشت شده و به عنوان تله برای قارچ پرونسپورا عمل می‌نماید. هم اینک، این مجموعه دارای ۹ واریته می‌باشد. پس از ۲۵ سال آزمایش مشخص گردیده که تاکنون منابع پایداری نسبت به بیماری سفیدک دروغی، مستقل از منشأ آنها، شکسته نشده و سوش جدیدی از انگل نیز بروز ننموده است (۴).

## مواد و روش‌ها

به منظور شناخت ساختار ژنتیکی و چگونگی وراثت صفت پایداری در برابر پرونسپورا، اثر ژن‌ها، و هم چنین ترکیب پذیری صفت پایداری و حساسیت در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی توتون، چهار واریته بل ۶۱-۱۰، برجراک سی ۲، سامسون ۳ و ترامف در سال ۱۳۷۶ در مرکز تحقیقات توتون رشت، به صورت یک طرح دی‌آلل یک طرفه تلاقی داده شد. در سال ۱۳۷۷، بخشی از بذور والدین و نتاج  $F_1$  آنها کشت و با خودگشتی نسل  $F_1$ ، بذور نسل  $F_2$  آنها به دست آمد. ضمناً نتاج

(۱۴) مدل شش پارامتری به کار گرفته شد. سپس اجزای غیرمعنی دار از مدل حذف گردید، و دیگر اجزای معنی دار مجدداً از نظر برازش با مدل از طریق آزمون  $\chi^2$  آزمایش شدند. برای برآورد اجزای ژنتیکی فوق از فرمول‌های ارائه شده توسط کرسی و پونی (۱۲) استفاده شده:

$$m = \frac{1}{4}P_1 + \frac{1}{4}P_2 + \frac{1}{2}F_2 - \frac{1}{2}BC_1 - \frac{1}{2}BC_2$$

$$[d] = \frac{1}{4}P_1 - \frac{1}{4}P_2$$

$$[h] = \frac{1}{2}BC_1 + \frac{1}{2}BC_2 - F_1 - \frac{1}{2}F_2 - \frac{1}{4}P_1 - \frac{1}{4}P_2$$

$$[i] = \frac{1}{2}BC_1 + \frac{1}{2}BC_2 - \frac{1}{2}F_2$$

$$[j] = \frac{1}{2}BC_1 - \frac{1}{2}BC_2 - P_1 + P_2$$

$$[l] = P_1 + P_2 + \frac{1}{2}F_1 + \frac{1}{2}F_2 - \frac{1}{2}BC_1 - \frac{1}{2}BC_2$$

اجزای واریانس  $V_E$  (واریانس محیطی)،  $V_D$  (واریانس افزایشی) و  $V_H$  (واریانس غالبیت) بر پایه روش کمترین مربعات وزنی و با استفاده از فرمول‌های زیر برآورد گردید:

$$S^2P_1 = V_{E1}$$

$$S^2P_2 = V_{E2}$$

$$S^2F_1 = V_{E3}$$

$$S^2F_2 = V_D + V_H + \frac{1}{4}V_{E1} + \frac{1}{4}V_{E2} + \frac{1}{4}V_{E3}$$

$$S^2BC_1 = \frac{1}{4}V_D + V_H - V_{DH} + \frac{1}{4}V_{E1} + \frac{1}{4}V_{E3}$$

$$S^2BC_2 = \frac{1}{4}V_D + V_H + V_{DH} + \frac{1}{4}V_{E2} + \frac{1}{4}V_{E3}$$

واریتها به عامل بیماری سفیدک دروغی به شرح زیر انجام گردید:

۱. تجزیه واریانس داده‌ها به صورت یک طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۳۶ تیمار (شش خانواده، هر یک دارای شش نسل و سه تکرار).

۲. تجزیه میانگین نسل‌ها با شش خانواده، هر یک دارای شش نسل ( $P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1, BC_2$ ).

برای تجزیه‌های دی‌آلل و برآورد ترکیب پذیری‌های عمومی (GCA) و خصوصی (SCA) واریسته‌ها، متد ۱ و ۲ مدل ۱ گریفینگ (۱۲) به کار رفت. برای تجزیه میانگین نسل‌ها از مدل ۳ و ۶ پارامتری پیشنهادی متر و جینکز (۱۴) استفاده شد، که علاوه بر برآورد آثار افزایشی و غالبیت ژن‌ها، تخمین آثار متقابل غیرآللی (اپیستاتیک) ژن‌ها را نیز میسر می‌سازد. در مدل متر و جینکز (۱۴) اثرها به شش جزء تفکیک می‌گردند:

$$Y = m + \alpha[d] + \beta[h] + \alpha^2[i] + \frac{1}{2}\alpha\beta[j] + \beta^2[l]$$

که:

$Y$ : میانگین یک نسل،  $m$ : میانگین تمام نسل‌ها در یک تلافی،  $[d]$ : مجموع آثار افزایشی،  $[h]$ : مجموع آثار غالبیت،  $[i]$ : مجموع آثار متقابل افزایشی  $\times$  افزایشی،  $[j]$ : مجموع آثار متقابل افزایشی  $\times$  غالبیت،  $[l]$ : مجموع آثار متقابل غالبیت  $\times$  غالبیت.  $\alpha, \beta, \alpha^2, \alpha\beta$  و  $\beta^2$  ضرایب پارامترهای ژنتیکی می‌باشند.

برآورد پارامترها با استفاده از روش کمترین مربعات وزنی انجام شد، زیرا تعداد افراد در نسل‌ها متفاوت بود (نسل‌های  $P_1, P_2, F_1$  هر یک ۶۳ بوته و نسل‌های  $F_2, BC_1, BC_2$  هر یک ۱۲۶ بوته). در این رابطه وزن‌های مربوط به هر یک از میانگین‌ها به کمک فرمول  $1/S^2$  محاسبه گردید. در تجزیه و تحلیل‌های ژنتیکی از نرم‌افزار MATLAB و آزمون وزنی توأم مقیاس‌ها<sup>۲</sup> استفاده شد (۱۲ و ۱۴) که حساس‌ترین آزمون برای آشکارسازی اپیستازی است، زیرا اطلاعات تمام نسل‌ها را مورد نظر قرار می‌دهد. در مواردی که برازش داده‌ها با مدل سه پارامتری ( $[h]$ ،  $[d]$  و  $m$ ) میسر نگردید، به پیشنهاد متر و جینکز

وارته‌ها در برابر قارچ پروتسپورا اشاره دارد.

در جدول ۲ آثار ترکیب پذیری عمومی و خصوصی والدین و نتاج  $F_1$ ، و هم چنین میانگین آلودگی آنها به قارچ پروتسپورا نشان داده شده است. همان گونه که دیده می‌شود، رقم مقاوم بل ۶۱-۱۰ (شاهد) با  $4/365$  کمترین آلودگی را داشته و رقم ترامف با  $5/543$  تفاوت معنی‌داری با آن ندارد. ولی برجراک‌سی و سامسون با  $12/249$  و  $12/809$  در میانگین ارقام بیشترین حساسیت را به پروتسپورا نشان می‌دهند، که این یافته‌ها با نتایج دلون (۴) هم‌خوانی دارد. وجود ترکیب پذیری عمومی منفی و معنی‌دار بل ۶۱-۱۰ و ترامف نشان می‌دهد که این والدین می‌توانند به عنوان بخشنده پایداری به نتاج در نظر گرفته شوند، در حالی که برجراک‌سی و سامسون دارای ترکیب پذیری عمومی مثبت و معنی‌دار بودند، که این امر کم و بیش در نتاج این والدین نیز دیده می‌شود. مثلاً نتاج حاصل از تلاقی وارته‌هایی مانند برجراک‌سی و سامسون با دیگر ارقام دارای آلودگی شدیدی به پروتسپورا هستند که تفاوت معنی‌داری با شاهد (بل ۶۱-۱۰) دارند.

برآورد وراثت پذیری خصوصی به میزان ۷۲٪ تا ۷۵٪ (جدول ۱) گویای وجود شانس موفقیت نسبتاً خوبی برای گزینش لاین‌های پایدار نسبت به پروتسپورا، در نسل‌های در حال جدا شدن است.

بدین ترتیب، این نتایج یافته‌های پالاکارچوا (۱۵) را تأیید می‌کند، و وارته بل ۶۱-۱۰ هم چنان به عنوان یک منبع مؤثر پایداری در برابر پروتسپورا تلقی گردیده، و انتظار می‌رود نتاج حاصل از تلاقی این وارته با وارته‌های دیگر در برابر پروتسپورا نسبتاً پایدار باشند. از سوی دیگر، می‌توان هم‌خوانی نتایج فوق را با بررسی‌های هنرنژاد و شعاعی (۱) نیز مشاهده نمود که به نقش آثار افزایشی در شکل‌گیری پایداری نسبت به پروتسپورا در ارقام توتون اشاره داشته، و برای آن به میزان ۴۷٪ وراثت پذیری برآورد نموده بودند.

نتایج تجزیه واریانس میانگین نسل‌ها که به صورت یک طرح آشیانه‌ای یا ترتیبی<sup>۱</sup> انجام پذیرفته در جدول ۳ نشان داده

به منظور محاسبه وزنه تقریبی برای هر یک از واریانس‌های نسل‌ها از فرمول  $\frac{df}{2(S^2)}$  که توسط کرسی و پونی (۱۲) پیشنهاد شده، استفاده، و سپس برازش داده‌ها با مدل، با آزمون  $\chi^2$  مشخص گردید.

برآورد وراثت پذیری عمومی و خصوصی به کمک فرمول‌های زیر انجام پذیرفت (۱۰ و ۱۲):  
وراثت پذیری عمومی

$$h_b^2 = V_D + V_H / V_{F2}$$

وراثت پذیری خصوصی

$$h_n^2 = V_D / V_{F2}$$

وراثت پذیری خصوصی

$$h_n^2 = \left[ \frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{4}F \right] /$$

$$\left[ \frac{1}{2}D + \frac{1}{4}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{4}F + E \right]$$

## نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس و تجزیه‌های دی‌آلل ۴ والد بر پایه نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$  در جدول ۱ آمده است.

چنان که در جدول ۱ دیده می‌شود، میان ژنوتیپ‌ها اعم از والدین و نتاج  $F_1$  و  $F_2$ ، تفاوت‌های معنی‌داری از نظر میزان پایداری نسبت به پروتسپورا وجود دارد. به همین ترتیب، تفکیک میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها به واریانس ترکیب پذیری عمومی (GCA) و خصوصی (SCA)، بیانگر ترکیب پذیری عمومی چشم‌گیر برای ژنوتیپ‌ها است، که در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار است، ولی واریانس ترکیب پذیری خصوصی آنها معنی‌دار نیست. بنابراین، می‌توان نتیجه گرفت که در شکل‌گیری واکنش ژنوتیپ‌ها در برابر عامل بیماری سفیدک دروغی، آثار افزایشی ژن‌ها نقش تعیین‌کننده‌ای دارند، در حالی که نقش آثار غیرافزایشی ژن‌ها ناچیز است. این یافته را می‌توان در نسبت بیکر (۲) نیز ملاحظه نمود، که بسیار نزدیک به یک بوده و بر نقش تعیین‌کننده آثار افزایشی ژن‌ها در شکل‌گیری پایداری

جدول ۱. تجزیه واریانس صفت واکنش به پرونسیپورا در ۱۰ ژنوتیپ (چهار والد و شش نتاج) توتون

میانگین مربعات		درجات	منابع تغییر
والدین و نسل F <sub>۲</sub>	والدین و نسل F <sub>۱</sub>	آزادی	
۳۱/۴۹۷۳**	۴۰/۰۶۰۳۰۵**	۲	بلوک
۴۷/۵۲۸۷۴**	۴۶/۸۷۱۷۴*	۹	ژنوتیپ‌ها
۳۹/۷۴۱۲**	۳۹/۰۴۸**	۳	ترکیب پذیری عمومی (GCA)
۳/۸۹۳۸	۳/۹۱۷۰	۶	ترکیب پذیری خصوصی (SCA)
۳/۷۶۵۷۵	۴/۴۸۲۶	۱۸	خطا
۰/۹۵	۰/۹۵	-	نسبت بکر <sup>۱</sup>
۰/۷۶	۰/۷۲	-	وراثت پذیری عمومی (h <sup>۲</sup> <sub>n</sub> )
۰/۷۵	۰/۷۲	-	وراثت پذیری خصوصی (h <sup>۲</sup> <sub>n</sub> )

\* و \*\*: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪  
 ۱.  $2MS_{gca}/[2(MS_{gca})+MS_{sca}]$

جدول ۲. ترکیب پذیری عمومی (روی قطر)، خصوصی (بالای قطر) و میانگین شاخص واکنش ژنوتیپ‌های توتون (والدین و نتاج) به قارچ پرونسیپورا

والدین	بل ۱۰-۶۱	برجراک سی	سامسون	ترامف	میانگین والدین
۱۰-۶۱ بل	-۲/۹۳۶۳*	-۱/۱۲۴۱	۲/۷۳۱۱	-۰/۴۹۳۹	۴/۳۶۵ (شاهد)
برجراک سی	۸/۱۷۵	۲/۰۴۵۹*	۱/۷۷۰۰	۲/۱۳۸۶	۱۲/۲۴۹**
سامسون	۱۲/۳۴۹**	۱۵/۷۳۰**	۲/۳۶۵۱*	-۱/۵۶۱۵	۱۲/۸۰۹**
ترامف	۴/۷۱۴	۱۱/۶۱۹*	۸/۲۳۸۱	-۲/۱۱۴۶*	۵/۵۴۳

S.E.<sub>gi</sub> = ۰/۴۷ (خطای معیار ترکیب پذیری عمومی)

LSD 5% = ۵/۱۹

S.E.<sub>sij</sub> = ۲/۷۶ (خطای معیار ترکیب پذیری خصوصی)

LSD 1% = ۷/۶۴

\* و \*\*: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵٪ و ۱٪

جدول ۳. تجزیه واریانس واکنش والدین و نتاج توتون به عامل بیماری سفیدک دروغی

میانگین مربعات	درجات آزادی	منابع تغییر
	۱۰۷	کل
۱۸۴/۱۹**	۲	تکرار
۲۴۲/۱۵**	۵	خانواده
۳۱/۴۷**	۳۰	نسل در خانواده
۱۸/۹۵	۷۰	خطا

\*\* : معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

جدول ۴. برآورد اجزای ژنتیکی میانگین نسل‌ها برای پایداری در برابر قارچ پروتسپورا

$\chi^2$	غالبیت × غالبیت		افزایشی × افزایشی		میانگین	خانواده	
	(l)	(j)	(i)	(h)			
۱/۴۱ <sup>NS</sup>	-	-	-	۲/۵۷۶۷ <sup>NS</sup>	-۳/۹۱۹۵*	۷/۷۲۶۶*	۱ برجراک سی × بل ۱۰-۶۱
	-	-	-	± ۳/۵۶	± ۱/۸۳	± ۱/۹۴	
۰/۴۱ <sup>NS</sup>	-۸/۵۴۱۹*	-۶/۱۸۵۷*	-	۱۳/۳۵۹۴*	-۲/۰۲۳۹*	۷/۵۳۱۷*	۲ سامسون × بل ۱۰-۶۱
	± ۱/۹۴	± ۱/۸۴	-	± ۱/۷۵	± ۰/۳۶	± ۰/۳۵	
۱/۱۳ <sup>NS</sup>	-	-	-	۰/۳۳۸۲ <sup>NS</sup>	-۰/۳۳۴۹ <sup>NS</sup>	۴/۲۱۷۷*	۳ ترامف × بل ۱۰-۶۱
	-	-	-	± ۰/۴۶	± ۰/۲۴	± ۰/۲۴	
۴/۷۶ <sup>NS</sup>	-	۳/۸۷۲۷*	-۱/۹۲۷۵*	-۲/۴۱۸۱*	-	۶/۸۰۴۲*	۴ سامسون × برجراک سی
	-	± ۰/۶۸	± ۰/۷۰	± ۰/۹۴	-	± ۰/۶۴	
۳/۷۲ <sup>NS</sup>	-۹/۲۴۱۳*	-	-	۱۲/۵۵۴۹*	۳/۱۶۰۶*	۸/۳۰۵۵*	۵ ترامف × برجراک سی
	± ۱/۸۸	-	-	± ۱/۷۸	± ۰/۳۰	± ۰/۳۱	
۰/۱۸ <sup>NS</sup>	-	-۳/۹۵۶۵*	۲/۷۲۱۸*	۱/۶۳۴۸ <sup>NS</sup>	۳/۴۸۱۳*	۶/۶۷۹۳*	۶ ترامف × سامسون
	-	± ۱/۱۷	± ۰/۸۹	± ۱/۱۳	± ۰/۴۱	± ۰/۸۰	

#: معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ NS غیرمعنی‌دار

می‌رود بتوان در میان نتایج این خانواده‌ها در نسل‌های اولیه، لاین‌های نسبتاً پایدار را گزینش نمود.

در خانواده ۲، به استثنای آثار افزایشی × افزایشی، پارامترهای دیگر ژنتیکی معنی‌دار هستند، که مؤید وجود آثار اپیستاتیک بین ژن‌های آنهاست. در این جا به نظر می‌رسد آثار افزایشی [d] و غالبیت ژن‌ها [h]، توأم در شکل‌گیری پایداری نقش داشته باشند.

در خانواده ۳، هیچ یک از پارامترهای ژنتیکی معنی‌دار نشده است. به هر حال، این خانواده از مدل ساده افزایشی-غالبیت ژن‌ها پیروی می‌کند، و قابلیت توارث خصوصی برای پایداری در برابر پروتسپورا به میزان ۰/۳۷ برای آن برآورد شده است.

در خانواده شماره ۴، تنها آثار غیرافزایشی ژن‌ها [h] معنی‌دار است. ولی آثار متقابل افزایشی × افزایشی [i] و افزایشی در غالبیت یعنی [j] نیز معنی‌دار است، که می‌تواند منجر به موفقیت گزینش لاین‌های پایدار در نسل‌های پیش‌رفته گردد ( $h^2_n = 0/85$ ، جدول ۵).

شده است. ملاحظه می‌گردد که میان نسل‌های مختلف از نظر میزان پایداری نسبت به پروتسپورا تفاوت‌های بسیاری وجود دارد، که در سطح احتمال ۱٪ معنی‌دار است. با توجه به وجود تفاوت‌های ژنتیکی بین نسل‌ها از نظر پایداری در برابر پروتسپورا، مبادرت به تجزیه واریانس میانگین نسل‌ها گردید، که نتایج آن در جدول ۴ نشان داده شده است.

با توجه به این که هیچ یک از مقادیر  $\chi^2$  معنی‌دار نبود، می‌توان دریافت که خانواده‌های ۱ و ۳ از مدل ساده افزایشی-غالبیت (۱۴) پیروی می‌نمایند، در حالی که خانواده‌های ۲، ۴، ۵ و ۶ آثار اپیستاتیک نشان داده و به سخن دیگر، مکان‌های ژنی کنترل‌کننده پایداری در آنها مستقل عمل نمی‌کنند، و میان آنها آثار متقابل غیرآلی وجود داشته و بنابراین از مدل ۶ پارامتری پیشنهادی متر و جینکز (۱۴) پیروی می‌نمایند.

در خانواده شماره ۱، جزء [d] منفی و معنی‌دار است. بنابراین، تنها آثار افزایشی ژن‌ها توارث پایداری نسبت به پروتسپورا را در این خانواده کنترل می‌کند. بدین ترتیب، امید

جدول ۵. اجزای واریانس در شش نسل توتون برای واکنش در برابر قارچ پروتسپورا

خانواده	$V_D$	$V_H$	$V_E$	$V_{DH}$	$h^2_b$	$h^2_n$
۱ برجراکسی × بل ۶۱-۱۰	۲/۸۴۱۲	۳/۴۶۰۴	۰/۳۱۳۸	۲/۰۸۹۵	۰/۹۵	۰/۴۳
۲ سامسون × بل ۶۱-۱۰	۴۶/۲۳۶	۵۲/۹۹۲۰	۱۶/۶۱۴۰	۱۰/۷۴۳۹	۰/۸۶	۰/۴۰
۳ ترامف × بل ۶۱-۱۰	۱۲/۱۴۶۳	۱/۲۵۴۷	۱۸/۹۲۷۸	۰/۰	۰/۴۱	۰/۳۷
۴ سامسون × برجراکسی	۷۷/۲۲۰۹	۳/۸۴۴۱	۱۰/۰۱۳۴	۰/۰	۰/۸۹	۰/۸۵
۵ ترامف × برجراکسی	۲۰/۸۷۵۵	۲۷/۳۳۶۱	۲/۵۰۱۳	۱/۵۹۱۴	۰/۹۵	۰/۴۱
۶ ترامف × سامسون	۱۵/۸۱۹۲	۹/۳۰۳۸	۲۱/۷۸۷۶	۳/۰۱۰۱	۰/۵۴	۰/۳۴

افزایشی-غالبیت پیروی می‌نماید، و میان آنها آثار متقابل غیرآلی (اپیستاتیک) وجود ندارد. ولی با افزوده شدن نسل‌های تلاقی برگشتی ( $BC_1$  و  $BC_2$ )، آثار متقابل غیرآلی بروز می‌کند. بنابراین، مدل ۳ پارامتری ( $[h]$ ،  $[d]$  و  $m$ ) نوعاً برای تجزیه و تحلیل روابط ژنتیکی میان نسل‌ها کافی نبوده، و برازش با مدل ۶ پارامتری ( $[I]$ ،  $[j]$ ،  $[i]$ ،  $[h]$ ،  $[d]$  و  $m$ ) بیشتر است (جدول ۴). برآوردهای انجام شده در اجزای واریانس، بیانگر وجود واریانس‌های افزایشی، غالبیت و محیطی است، که البته سهم هر یک از آنها در خانواده‌های مختلف متفاوت بوده، و برآوردهای متفاوتی را برای وراثت پذیری عمومی و خصوصی صفت پایداری نسبت به پروتسپورا میسر می‌سازند (جدول ۵). بدین ترتیب، به نظر می‌رسد با تکیه بر توارث پذیری‌های خصوصی (۳۴٪ تا ۸۵٪)، امکان گزینش لاین‌های پایدار در برابر پروتسپورا از بین نتاج خانواده‌های مختلف وجود دارد.

### سپاسگزاری

اعتبار این طرح توسط شرکت دخانیات ایران تأمین گردیده، که بدین وسیله سپاسگزاری می‌گردد. هم‌چنین، از همکاری بی‌دریغ مدیریت و کارکنان مرکز تحقیقات توتون رشت در اجرای این طرح صمیمانه قدردانی می‌شود.

در خانواده شماره ۵، آثار افزایشی  $[d]$  و غالبیت ژن‌ها  $[h]$  معنی‌دار بوده، و توأم در شکل‌گیری پایداری یا حساسیت ژنوتیپ‌ها نقش دارند. ولی با توجه به مثبت بودن آثار افزایشی، احتمال افزایش حساسیت در نتاج زیاد خواهد بود (جدول ۲). این مسئله می‌تواند در خانواده ۶ نیز صادق باشد، به ترتیبی که آثار افزایشی مثبت و معنی‌دار  $[d]$  موجب افزایش حساسیت نتاج گردد. در این جا نیز معنی‌دار بودن آثار اپیستاتیک ژن‌ها را می‌توان نشانی از توارث پلی‌ژن (حداقل مشارکت دو ژن) برای حساسیت به پروتسپورا دانست. برای خانواده‌های ۵ و ۶، توارث پذیری خصوصی به میزان ۰/۴۱ و ۰/۳۴ برآورد گردیده است (جدول ۵).

### نتیجه‌گیری

وجود تفاوت‌های معنی‌دار در والدین و نسل‌های  $F_1$  و  $F_2$ ، نشانه تفاوت‌های ژنتیکی آنها از نظر میزان پایداری و حساسیت نسبت به بیماری سفیدک دروغی است (جدول ۱). والدین مورد تلاقی با داشتن ترکیب پذیری عمومی معنی‌دار، می‌توانند به عنوان انتقال دهنده صفت میزان آلودگی گیاه به نتاج در نظر گرفته شوند (جدول ۱). روابط ژن‌های کنترل‌کننده پایداری والدین و نتاج  $F_1$  و  $F_2$  از نوع ساده بوده و از مدل

### منابع مورد استفاده

۱. هنرنژاد، ر. و م. شعاعی دیلمی. ۱۳۷۶. اثر ژن‌ها و قابلیت ترکیب پذیری برخی از صفات کمی و کیفی واریته‌های توتون. مجله علوم کشاورزی ایران ۲۸(۴): ۱۲۱-۱۴۵.



2. Baker, R. J. 1978. Issues in diallel analysis. *Crop Sci.* 18: 533-536.
3. Blancard, D. 1992. Collaborative experiment on tobacco blue mold pathogenicity. *Information Bulletin of CORESTA*, No. 3-4, 64-70.
4. Delon, R. 1992. Sources of resistance to the tobacco blue mould (*P. tabacina*). *Information Bulletin of CORESTA*, No. 3-4, 120-126.
5. Delon, R., B. Cailleteau and J. L. Verrier. 1998. Evaluation of the efficacy of CGA 245704 combined or not with CGA 329351 (Mefenoxan) for the control of tobacco blue mold (*P. tabacina*): Results of four years of experiments. *Beitraege zur Tabakforschung International* 18(2): 17-24.
6. Edreva, A., R. Delon and J. C. Coussirat. 1998. Variability of *Peronospora tabacina* A. An isoenzyme study. *Beitraege zur Tabakforschung International* 18(1): 3-6.
7. Griffing, B. 1956. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity* 10: 31-51.
8. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463-493.
9. Hayman, B. I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics* 10: 235-244.
10. Hayman, B. I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics* 39: 789-809.
11. Jinks, J. L. and B. I. Hayman. 1953. The analysis of diallel crosses. *Maize Genet. Coop. Newl.* 27: 48-54.
12. Kearsley, M. J. and H. S. Pooni. 1996. *Genetical Analysis of Quantitative Traits*. Chapman and Hall, London.
13. Kucharek, T. 1990. Epidemics of diseases in agronomic crops in north Florida, 1970-1989. *Proc. Soil and Crop Sci. of Florida* 49: 187-192.
14. Mather, K. and J. L. Jinks. 1977. *Introduction to Biometrical Genetics*. Cornell University Press, Ithaca, New York.
15. Palakarcheva, M. 1991. Utilization of the genetic potential of wild species of the genus *Nicotiana*. *Genetika-i-Selektsiya* 24(5): 42-48.
16. Ruess, W., K. Mueller, G. Knauf-Breiter, W. Kurze and T. Staub. 1996. Plant activator CGA 245704: An innovative approach for disease control in cereals and tobacco. *Brighton Crop Protection: Vol. 1. Proc. of an Int. Conf., Brighton, UK., 18-21 Nov.*
17. Rufty, R. C. and C. E. Main. 1989. Component of partial resistance to blue mold in six tobacco genotypes under controlled environmental conditions. *Phytopathology* 79(5): 606-609.
18. Tunkara, R. and M. Palakarcheva. 1992. Inheritance of resistance to blue mold (*P. tabacina* A.) in intervarietal crosses of tobaccos of the large-leaved Virginia and Burley types. *Genetika-i-Selektsiya* 25(2): 132-139.
19. Verrier, J. L. and R. Delon. 1995. Collaborative study of blue mold pathogenicity. *Information Bulletin of CORESTA*, No. 2, 25-30.