

تخمین ارزش اصلاحی صفات زراعی در ژنوتیپ‌های توتون شرقی تحت شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز

مریم طهماسب‌عالی^۱، رضا درویش‌زاده^{۲*} و امیر فیاض‌مقدم^۳

۱- دانشجوی دکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

۲- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

۳- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۸/۱۰/۰۷ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۶/۱۵)

چکیده

در یک برنامه اصلاحی اطلاع از نحوه عمل ژن‌ها مهم می‌باشد چرا که اطلاعات در این زمینه به محقق در طراحی برنامه‌های تلاقی و انتخاب مؤثر کمک می‌نماید. در این پژوهش، ارزش اصلاحی صفات مختلف زراعی در توتون‌های شرقی تحت تنش گل‌جالیز با استفاده از بهترین پیش‌بینی نأریب خطی (BLUP) برآورد شد. برای این منظور ۸۹ ژنوتیپ توتون شرقی بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار در دو محیط بدون علف‌هرز گل‌جالیز (نرمال) و تنش گل‌جالیز طی دو سال زراعی مورد بررسی قرار گرفتند. تنش گل‌جالیز از طریق اختلاط ۰/۰۶ گرم بذر گل‌جالیز با خاک گلدان اعمال شد. ژنوتیپ C.H.T.209.12e × F.K.40-1 عملکرد بالایی در هر دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز داشت و از نظر شاخص تحمل و پایداری عملکرد نیز جزو ژنوتیپ‌های مطلوب بود. ژنوتیپ *Rustica* برترین ژنوتیپ از نظر ارزش اصلاحی اکثر صفات مورد مطالعه در هر دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز بود. در تجزیه خوشه‌ای بر اساس ارزش اصلاحی صفات، ژنوتیپ‌های توتون در هر یک از شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز به ترتیب در ۶ و ۵ گروه تقسیم شدند؛ به طوری که توزیع ژنوتیپ‌ها در گروه‌ها بسته به شرایط متفاوت بود. بالاترین وراثت‌پذیری در شرایط نرمال در وزن تر ریشه و در شرایط تنش گل‌جالیز در صفت وزن تر برگ مشاهده شد. نتایج بررسی نشان داد ژنوتیپی که عملکرد اقتصادی خوبی دارد ممکن است ارزش اصلاحی آن کم باشد. بنابراین در نظر گرفتن اطلاعات ارزش اصلاحی در کنار میانگین فنوتیپی صفات می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی را افزایش دهد.

واژگان کلیدی: ارزش اصلاحی، پارازیت اجباری، توتون، گل‌جالیز، منبع مقاومت، وراثت‌پذیری

* نویسنده مسئول، آدرس پست الکترونیکی: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

مقدمه

توتون (*Nicotiana tabacum* L.) با $2n = 4x = 48$ کروموزوم یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی صنعتی است که به‌طور گسترده در سراسر جهان کشت می‌شود (Moon et al., 2009). جنس *Nicotiana* از خانواده *Solanaceae* شامل ۶۴ گونه است که برخی از آن‌ها به‌عنوان گیاه دارویی یا زینتی کشت می‌شود (El-Morsy et al., 2009). برگ توتون قسمت تجاری گیاه است و تعداد برگ‌ها به خصوصیات ژنتیکی ژنوتیپ و شرایط محیطی دوره رشد بستگی دارد و تعداد آن در ژنوتیپ‌های مختلف توتون متفاوت است. این گیاه در اقتصاد کشورهای تولیدکننده و مصرف‌کننده نقش مهمی را دارد و درآمد حاصل از فرآورده‌های مختلف این گیاه، سهم مهمی از درآمد ملی کشورهای تولیدکننده را تشکیل می‌دهد (Rezvani et al., 2010; Arslan and Okunus, 2006). این گیاه همچنین به‌عنوان یک گیاه مدل در اکثر مطالعات زیست گیاهی و زراعت مولکولی برای تولید مواد تجاری مهمی نظیر داروها و واکسن‌ها استفاده می‌شود (Davalieva et al., 2010). در میان تیپ‌های مختلف رشدی توتون، توتون‌های شرقی به‌دلیل داشتن بوی مطلوب از اجزای اصلی سازنده خرمن سیگارت در صنعت دخانیات می‌باشند (Darvishzadeh et al., 2009).

علف‌هرز گل‌جالیز از جنس *Orobanche*، گیاهی است پارازیت که اختصاصاً به ریشه‌ی گیاهان متصل شده و ضمن جذب مواد غذایی باعث تغییرات مورفولوژیکی نامطلوبی در گیاهان میزبان می‌شود (Schneeweiss et al., 2004; Saeidi et al., 2010). گونه‌های این جنس (*Orobanche*) باعث خسارت شدید در تعداد زیادی از محصولات زراعی از جمله آفتابگردان (*Helianthus annuus* L.)، کلم (*Brassica oleracea* L.)، گوجه‌فرنگی (*Lycopersicon esculentum* Mill.) و توتون می‌شوند (Rispaill et al., 2007). شدت آلودگی این انگل در برخی موارد به گونه‌ای است که زارعین زمین مورد کشت را رها می‌کنند. در دهه‌های اخیر موضوع استفاده از ارقام مقاوم (Rubiales et al., 2003) و همچنین استفاده از بیمارگرهای خاکزی که بتوانند بذر یا گیاهیچه

گل‌جالیز را پیش از وارد نمودن خسارت از بین ببرند برای کاهش سطح خسارت انگل پیشنهاد شده است (Sillero et al., 2010).

اصلاح ژنتیکی یک صفت کمی بر اساس گزینش مؤثر بین افرادی است که از لحاظ ارزش ژنوتیپی با همدیگر اختلاف دارند. ارزش ژنوتیپی (G) به صورت تابعی از ارزش اصلاحی^۱ و انحرافات غالبیت درون و بین تمام مکان‌های ژنی یک فرد که یک صفت کمی را کنترل می‌کنند در نظر گرفته می‌شود (Falconer and Mackay, 1996). ارزش اصلاحی یک فرد از جمع اثرهای متوسط ژن‌های فرد به‌دست می‌آید که به آن اثر افزایشی ژن‌ها نیز گفته می‌شود. ارزش اصلاحی یک فرد بخشی از ارزش ژنوتیپی آن فرد است که تعیین‌کننده‌ی میانگین عملکرد نتاج او می‌باشد (Falconer and Mackay, 1996). هرچه عمل افزایشی برای صفتی بیشتر باشد پاسخگویی به انتخاب و بازده ناشی از انتخاب بیشتر است. در عمل، به‌نژادگران از قابلیت ترکیب‌پذیری عمومی (GCA^2) برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی والدین استفاده می‌کنند. در گونه‌های دیپلوئید و با فرض نبود اپیستازی، ارزش GCA فرد نیمی از ارزش اصلاحی آن است، زیرا یک والد دقیقاً نیمی از آلل‌های خود را به هر فرد از نتاج منتقل می‌کند (Isik et al., 2017). اخیراً برآورد ارزش‌های اصلاحی از طریق بهترین پیش‌بینی نأاریب خطی^۳ که شامل استفاده از اطلاعات خویشاوندان در قالب یک ماتریس ارتباط افزایشی^۴ (A) در معادلات مدل مخلوط^۵ می‌باشد پیشنهاد شده است. ماتریس A بر اساس اطلاعات شجره افراد محاسبه می‌شود. با این‌حال در پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی می‌توان به‌جای ماتریس ارتباط افزایشی (A) از ماتریس شباهت‌های ژنتیکی (K^1) که با استفاده از نشانگرهای مولکولی محاسبه می‌شود استفاده نمود (Bauer et al., 2006).

1- Breeding value
2- General combining ability
3- Best linear unbiased prediction
4- Additive relation matrix
5- Mixed model equations
6- Kinship matrix

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و طرح آزمایش‌ها: واکنش فنوتیپی ۸۹ ژنوتیپ توتون شرقی (جدول ۱) در دو محیط آلوده به علف‌هرز گل‌جالیز (تنش گل‌جالیز) و بدون علف‌هرز گل‌جالیز (نرمال) طی ۲ سال متوالی (۱۳۸۶ و ۱۳۸۷) در مرکز تحقیقات توتون ارومیه، با طول جغرافیایی ۴۴/۵۸ درجه و عرض ۳۷/۳۴ درجه با ارتفاع ۱۲۰۰ متر از سطح، در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار ارزیابی شد. برای این منظور گلدان‌های سفالی به حجم ۱۰ لیتر انتخاب و با خاکی که از مزرعه یونجه تهیه شده بود پر شدند. در محیط گل‌جالیزدار، خاک گلدان‌ها قبل از پر شدن با ۰/۰۶ گرم بذر گل‌جالیز (*Orobanche cernua*) مخلوط شد. در مناطق شمال‌غرب و مخصوصاً در آذربایجان غربی این گونه گل‌جالیز روی توتون غالب است و در مزارع بیشتر دیده می‌شود. نشاء هر یک از ژنوتیپ‌های توتون در خزانه تهیه شد و وقتی گیاهچه‌های توتون به ارتفاع ۱۲ سانتی‌متر رسیدند، به گلدان‌ها منتقل شدند. تمامی عملیات زراعی در طول دوره‌ی رشد توتون با توجه به استانداردهای موجود برای توتون‌های شرقی انجام گرفت. برگ‌های ژنوتیپ‌های توتون در زمان رسیدگی صنعتی برداشت و در جلوی آفتاب خشک شدند. بعد از گلدھی بوته‌های توتون، صفات مختلف از قبیل: تاریخ گلدھی (روز)، ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، تعداد برگ، سطح برگ با استفاده از دستگاه سطح برگ‌سنج مدل DELTA-T (Akram-Ghaderi and Soltani, 2012) (سانتی‌متر مربع)، وزن تر و خشک برگ (گرم)، وزن تر و خشک بوته (گرم) و وزن تر ریشه (گرم) با استفاده از ترازوی دیجیتال با دقت ۰/۰۰۱ گرم اندازه‌گیری شدند.

تهیه پروفایل مولکولی ژنوتیپ‌های توتون با نشانگرهای میکروساتلایت (ریزماهوره): در آزمایش مولکولی، پروفایل مولکولی ژنوتیپ‌ها با ۲۶ جفت آغازگر میکروساتلایت (Bindler *et al.*, 2007; Bindler *et al.*, 2011) تهیه شدند (جدول ۲). جزئیات پروسه استخراج DNA و انجام واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز در مقاله‌ی وقاری و همکاران (Vaghari *et al.*, 2015) گزارش شده است.

بهترین پیش‌بینی نأریب خطی (BLUP) همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی واقعی و مقادیر ژنتیکی پیش‌بینی شده را به حداکثر می‌رساند (Searle *et al.*, 2009) که هدف اصلی به‌نژادگران است. در برنامه‌های به‌نژادی ارزش‌های فنوتیپی می‌توانند بوسیله ارزش اصلاحی برآورد شده جایگزین شوند. استفاده از ارزش‌های اصلاحی باعث افزایش اثربخشی گزینش می‌شود (Ramos *et al.*, 2014; Quintal *et al.*, 2017). امروزه روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی (BLUP) در اصلاح دام و درختان جنگلی و هم‌چنین گیاهان یک‌ساله برای پیش‌بینی مقادیر ژنتیکی و ارزش‌های اصلاحی استفاده می‌شود. در این روش گزینش گیاهان بر اساس مجموع اثر جایگزینی ژن‌ها که ارزش اصلاحی نامیده می‌شود انجام می‌گیرد (Bernardo, 1994). قدوس و همکاران (Quddus *et al.*, 2019) در برنج از روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی برای شناسایی ژنوتیپ‌های برتر در آزمایش‌های چندمحیطی استفاده کردند. در پژوهشی بوئر و همکاران (Bauer *et al.*, 2006) روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی را مناسب‌ترین روش برای گزینش لاین‌های والدی در جو (*Hordeum vulgare*) گزارش کردند. رزند و همکاران (Resende *et al.*, 2004) در گیاه *Panicum maximum* ارزش ژنوتیپی و اصلاحی را با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده/ بهترین پیش‌بینی نأریب خطی (REML/BLUP) پیش‌بینی کردند. محققان پیشرفت ژنتیکی حاصل از گزینش با این روش را برای برخی صفات گزارش کرده‌اند (Piepho *et al.*, 2008). در پژوهشی ارزش‌های اصلاحی لاین‌های تریتی پایرم ثانویه ایرانی تحت تنش شوری به‌روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی پیش‌بینی شد (Roudbari *et al.*, 2017). در تحقیقی دیگر دسوزا و همکاران (De Souza *et al.*, 2000) ارزش اصلاحی را برای ۲۸ ژنوتیپ هلو با استفاده از روش بهترین پیش‌بینی نأریب خطی پیش‌بینی نمودند. هدف از این پژوهش برآورد ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های توتون شرقی و شناسایی ژنوتیپ‌های برتر و امیدبخش تحت شرایط تنش گل‌جالیز بود.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های توتون شرقی مورد استفاده در آزمایش

Table 1. The name of oriental tobacco genotypes used in the present experiment

شماره Number	نام ژنوتیپ Genotype name	شماره Number	نام ژنوتیپ Genotype name	شماره Number	نام ژنوتیپ Genotype name	شماره Number	نام ژنوتیپ Genotype name
1	Kharmanli 163	24	H.T.I	47	Basma 181-8	70	SPT 430
2	Nevrokop	25	Kramograd N.H.H. 659	48	Zichna	71	SPT 432
3	Trabozan	26	T.K.23	49	Izmir	72	SPT 433
4	Krumovgraid	27	L 16a	50	P.D.324	73	SPT 434
5	Basma.S.31	28	Izmir 7	51	P.D.325	74	SPT 436
6	Triumph	29	Mutant 3	52	P.D.406	75	SPT 439
7	Xanthi	30	Mutant 4	53	P.D.328	76	SPT 441
8	Matianus	31	Pobeda 1	54	P.D.329	77	Esfahan2
9	Immni 3000	32	Pobeda 2	55	P.D.336	78	SPT 413
10	Melkin 261	33	Rustica	56	P.D.345	79	Esfahani
11	Tyk-Kula	34	Samsun 959	57	P.D.364	80	Jahrom14
12	Ss-289-2	35	Samsun dere	58	P.D.365	81	Borazjan
13	Ohdaruma	36	OR-205	59	P.D.371	82	L 16b
14	Ploudive 58	37	OR-345	60	P.D.381	83	Balouch
15	Line 20	38	OR-379	61	SPT 403	84	Lengeh
16	T-B-22	39	C.H.T.209.12e	62	SPT 405	85	Saderati
17	Ts 8	40	C.H.T.209.12e×F.K.40-1	63	SPT 406	86	Eraghi
18	Alborz23	41	C.H.T.266-6	64	SPT 408	87	Shahroudi
19	F.K.40-1	42	C.H.T.283-8	65	SPT 409	88	T.K.L
20	Pz17	43	C.H.T.273-38	66	SPT 410	89	L 17
21	K.P.Ha	44	Basma 12-2	67	SPT 412		
22	K.B	45	Basma 16-10	68	Esfahan5		
23	G.D.165	46	Basma 104-1	69	SPT 420		

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای ریزماهواره مورد استفاده برای انگشت‌نگاری ژنوتیپ‌های توتون

Table 2. Characteristics of microsatellite markers used for DNA fingerprinting of oriental-type tobacco genotypes

آغازگر Primer	توالی رفت Forward sequence	توالی برگشت Reverse sequence	ناحیه تکراری Repeated motif
PT30014	TGCCGTGTAAATTTTCATTTGG	AGGATTCCTAACGTGTATTATGTTCT	TA
PT30172	AAACAACGTCGAAGCATTTG	ACGCATGAAATTGTAAGGGC	GAA
PT30202	TCGAAACCTCGAGGACAGTT	TATCCAAATCTCCAAGCCC	GA
PT30250	GAACACACGTTTCGTCATTGG	ATAAGTCCCTTTAATTTAATTGCG	TAG
PT30165	ACCTCTGTGGCCGTAAGCTA	CCTCTACTTCAACAGGGTAAGAAA	TAA
PT30241	AAGTCTCGTGTGGTTGCTTT	AAAGGGCAATGTGTCTAGCTC	GA
PT30027	CCGAGAGTTGCATTTGAATTT	AGGGTTCTACGCAAGAGATTG	TA
PT30021	CATTTGAACATGGTTGGCTG	CTCAACTCTCGTCGCTCTTG	TA
pt30034	GACGAAACTGAGGAT ATTCCAAA	TGGAAACAAAGCCATTACC	
PT20343	GGAACACCACCACATAA	GGAGCTCAGGTTCCAATG	AC/AG/AT
PT30285	CATCATGGCAAGTCACCATC	TGCTGGAAATTAGCGAGGTT	TA
PT30126	GTGATTCCAGCGGAAGACAT	TTCGAAATAAGTACCTAGAGTCGG	TA
PT30008	CGTTGCTTAGTCTCGCACTG	GGTTGATCCGACACTATTACGA	TA
PT30292	AAGACAGATTGGTGCGGAAC	AGCACTTGACAGGCGAATA	TA
PT30319	ACAACAACACTCGTTAGTGTGAGAAA	TCATGTGTGCCAAGCTCTTC	TA
PT30324	TGCTCTGCCTTAGAACAGGA	CGACGAGAGAAGATTAGTGAAAGA	TAA
PT30046	GATAGGTAGATTATCCTCTGCAACA	GGTGCTAGCAACATCATCAAA	TA
PT30061	TCGTCCATTCTTTCTCTCTCA	CATAAATAGTTGCTCATTCAATCG	TA
PT30067	AAGCCTGGTCAGTTATCCCA	ATTCGCACCACTTAATCCCA	TA
PT30075	CGATCGGGTCGTTACACAAT	CCCATCAGGTTGTTGGGTTA	TA
PT30094	AACAAGAACGACGGTTACGC	GGGTCATGCGTTCGAATTAT	TA
PT30110	TTGTACGTTTCCTCGCTGATG	GGCCGACAATAAAGTGGCT	TA
PT30132	CCTAACAGCATTCTGCTACCCA	GATGGACAAGAGTGGCCTTT	TA
PT30159	GCATGCATATGAACATGGGA	TTTGACATCTCTACTCTTCCGTTT	TA
PT30205	GGTCGATCCACAATTTAAACG	GCACTTGCTCCTTTGTACCC	TA
PT30260	GGTAGGTTGGAACAAATTTATCA	AATATGGTCTATGCCCGCAA	TA

(Patterson *et al.*, 1971). معادلات مدل مخلوط (MME⁺) (Henderson, 1990) برای برآورد اثرات ثابت و تصادفی با در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرار ژنوتیپ‌ها (Bernardo, 2010) به صورت زیر می‌باشد:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z+G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix} \quad \text{معادله (۲)}$$

$$G^{-1} = A^{-1} \left(\frac{V_e}{V_g} \right) \quad \text{معادله (۳)}$$

که در آن؛ A یک ماتریس $t \times t$ (تعداد ژنوتیپ) ضرایب خویشاوندی است که درجه کوواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد. r یک ماتریس واحد است؛ اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد. اما اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد؛ r یک ماتریس $n \times n$ (تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطری صفر و عناصر روی قطر برابر عکس تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها است (Bernardo, 2010). V_e و V_g به ترتیب واریانس ژنتیکی و واریانس باقی‌مانده هستند.

برای انجام محاسبات (برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات در هر یک از شرایط)؛ ابتدا میانگین‌های صفات ژنوتیپ‌های مورد بررسی در هر یک از شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز در هر یک از سال‌ها برآورد شدند. سپس با استفاده از داده‌های مولکولی میکروساتلیت ماتریس خویشاوندی یا Kinship بین ژنوتیپ‌ها در نرم‌افزار TASSEL (Bradbury *et al.*, 2007) محاسبه شد. از دو برابر ماتریس Kinship به‌جای ماتریس روابط خویشاوندی (A) در مدل مخلوط استفاده شد. آزمون برابری برآورد ارزش‌های اصلاحی با صفر با آماره t انجام گرفت. کلیه محاسبات مربوط به ارزش اصلاحی در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام گرفت.

وراثت‌پذیری خصوصی صفات با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد:

$$h_{ns}^2 = \frac{\delta_A^2}{\left(\delta_g^2 + \delta_{ge}^2/e + \delta_e^2/re \right)} \quad \text{معادله (۴)}$$

که در آن δ_A^2 واریانس افزایشی، δ_{ge}^2 واریانس اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط، δ_e^2 واریانس خطا، r تعداد تکرار و e تعداد محیط می‌باشد. واریانس افزایشی از محاسبه واریانس بین

تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها: پس از بررسی توزیع نرمال اشتباهات مربوط به واحدهای آزمایشی با آزمون شاپیرو و ویلک (Shapiro and Wilk, 1965) و همگنی واریانس اشتباه‌های آزمایشی با آزمون بارتلت (Bartlett, 1937)، تجزیه واریانس و برآورد میانگین صفات در هر یک از شرایط با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ (SAS Institute Inc., 2014) انجام شد. با در نظر گرفتن تداخل علف‌های هرز از جمله گل‌جالیز به‌عنوان یک تنش زیستی، هم‌چون سایر تنش‌ها از شاخص‌های تحمل برای شناسایی ژنوتیپ‌های متحمل استفاده شد (Abdollahi and Mohammadi, 2008). برای این منظور بعد از برآورد میانگین عملکرد وزن خشک برگ در دو سال مورد بررسی تحت شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز، شاخص‌های تحمل (STI) و عملکردی (YSI و YI) با استفاده از برنامه‌ی iPASTIC (Pour-Aboughadareh *et al.*, 2019) محاسبه شد.

پیش‌گویی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های توتون در دو محیط نرمال و تنش گل‌جالیز در ارتباط با هر یک از صفات زراعی به روش بهترین پیش‌بینی ن‌آریب خطی در قالب مدل خطی مخلوط انجام گرفت (Bernardo, 2010). مدل مخلوط برای برآورد ارزش‌های اصلاحی به صورت زیر است:

$$Y = Xb + Zu + e \quad \text{معادله (۱)}$$

که در آن Y بردار مشاهدات، b و u به ترتیب بردارهای اثرات ثابت و تصادفی، X و Z به ترتیب، ماتریس‌های تلاقی و بردار باقی‌مانده تصادفی هستند. فرض می‌شود توزیع اثرات تصادفی به صورت $u \sim MVN(0, G)$ و $e \sim MVN(0, R)$ است که در آن $MVN(m, V)$ توزیع نرمال چندمتغیره با بردار میانگین m و ماتریس واریانس-کوواریانس V می‌باشد (Piepho *et al.*, 2008). اثرات ثابت توسط بهترین برآورد ن‌آریب خطی (BLUE¹) و اثرات تصادفی از طریق بهترین پیش‌بینی ن‌آریب خطی برآورد می‌شوند. اجزای واریانس (R و G) عموماً با روش حداکثر درست‌نمایی محدود شده (REML²) برآورد می‌شوند

1- Best linear unbiased estimation

2- Restricted (or residual, or reduced) maximum likelihood

3- Mixed model equations

تفاوت افراد در بخش‌های مختلف ژنوم باشد. حاتمی ملکی و همکاران (Hatami Maleki et al., 2014) نیز در بررسی تنوع ژنتیکی لاین‌های پیشرفته آفتابگردان با استفاده از نشانگرهای ISSR با توجه به نتایج تجزیه به مختصات اصلی مشاهده کردند که هر مؤلفه درصد کمی از تغییرات را توجیه می‌نماید و علت آن را پراکنش ژنومی مناسب آغازگرهای ISSR گزارش کردند. هرچند بهتر است در مطالعات پیش رو از نشانگرهای مبتنی بر توالی‌یابی از قبیل پلی‌مورفیسم تک‌نوکلئوتیدی (SNP) که فراوانی و پوشش ژنومی مناسب دارند استفاده شود.

شاخص‌های تحمل تنش: بیشترین عملکرد (وزن برگ خشک) در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز در ژنوتیپ‌های H.T.I. (Ys = ۳۲/۰۰؛ Yp = ۴۷/۴۸) C.H.T.209.12e (۴۳/۵۵) و (Ys = ۳۱/۵۳؛ Yp = ۴۷/۹۵) C.H.T.209.12e × F.K.40-1 و (Ys = ۳۸/۸۳؛ Yp = ۴۷/۹۵) C.H.T.209.12e × F.K.40-1 و (Ys = ۳۸/۸۳؛ Yp = ۴۷/۹۵) C.H.T.209.12e × F.K.40-1 ژنوتیپ‌های Borazjan (Yp = ۳/۰۰)، Esfahan2 (Yp = ۲/۳۰) و SPT 436 (Yp = ۳/۰۵) و در شرایط تنش گل‌جالیز در ژنوتیپ‌های SPT 413 (Ys = ۳/۴۳) و SPT 436 (Ys = ۳/۹۷) و (Ys = ۳/۹۷) SPT 430 و (Ys = ۳/۹۷) SPT 420 و (Ys = ۳/۹۷) SPT 432 و (Ys = ۴/۱۳) SPT 412 و (Ys = ۴/۱۳) SPT 412 مشاهده شد (جدول ۳). بیشترین میانگین شاخص‌های STI و YI در ژنوتیپ‌های H.T.I. و C.H.T.209.12e × F.K.40-1 و C.H.T.209.12e × F.K.40-1 مشاهده گردید. در بین این ژنوتیپ‌ها، ژنوتیپ C.H.T.209.12e × F.K.40-1 با داشتن عملکرد بالا در هر دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز، از نظر شاخص YSI نیز مقادیر بالایی داشت و در مقایسه با دو ژنوتیپ دیگر کمترین کاهش عملکرد را از شرایط نرمال به تنش گل‌جالیز نشان داد (جدول ۳). برای ژنوتیپ‌هایی که تحت شرایط تنش در مقایسه با شرایط نرمال عملکردی بالاتر نشان داده بودند آزمون t انجام شد. در اکثر موارد مقدار عددی آزمون t معنی‌دار نبود که بیانگر عدم وجود اختلاف معنی‌دار بین میانگین عملکرد در شرایط نرمال و تنش در این ژنوتیپ‌ها می‌باشد.

ارزش‌های اصلاحی برآورد گردید (Fehr, 1991). برای آزمون معنی‌داری وراثت‌پذیری خصوصی محاسبه شده، از t به صورت زیر استفاده شد. در ادامه t محاسبه شده با t جدول در سطح ۵ درصد و درجه آزادی n - 1 مقایسه شد که n تعداد ژنوتیپ را نشان می‌دهد.

$$h_{ns}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_p^2} \quad (۴)$$

$$SE(h_{ns}^2) = \frac{SE(\sigma_A^2)}{\sigma_p^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{df+2}}}{\sigma_p^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{(n-1)+2}}}{\sigma_p^2} \quad (۵)$$

$$MS = \frac{\sum_{i=1}^n (b_i - \bar{b})^2}{n-1} \quad (۶)$$

در این فرمول b_i مقدار ارزش اصلاحی ژنوتیپ i ام می‌باشد.

$$t = \frac{h_{ns}^2 - 0}{SE(h_{ns}^2)} = \frac{h_{ns}^2}{SE(h_{ns}^2)} \quad (۷)$$

در نهایت به منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس ارزش‌های اصلاحی در دو محیط نرمال و تنش گل‌جالیز، از تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس Ward در نرم‌افزار Minitab v.16 (Parand et al., 2019) استفاده شد. برای تعیین تعداد خوشه‌ها از روش گسیختگی براساس تغییر ناگهانی در اختلاف دو فاصله ادغام متوالی استفاده شد (Sadeghi and Rahimi, 2017) و صحت آنها با تابع تشخیص مورد ارزیابی قرار گرفت و در نهایت تعداد خوشه مناسب تعیین گردید. به منظور تعیین ویژگی‌های هر گروه از نظر صفات مورد مطالعه، انحراف از میانگین کل ارزش اصلاحی برای هر گروه محاسبه گردید.

نتایج و بحث

با ۲۶ جفت آغازگر میکروساتلایت، در کل ۶۶ آلل تکثیر شدند. میانگین تعداد آلل تکثیر شده به ازای هر جفت آغازگر ۲/۵۴ بود. در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی (PCA¹) بر اساس اطلاعات نشانگرهای مولکولی مورد استفاده در این تحقیق، دو مؤلفه اول حاصل از تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بخش کوچکی از واریانس کل را توجیه نمودند که از نقطه نظر ژنتیکی نشان دهنده نمونه‌برداری مطلوب نشانگرها از ژنوم توتون می‌باشد (Mohammadi and Prasanna, 2003). بنابراین به نظر می‌رسد ماتریس تشابه حاصل از نشانگرهای مورد استفاده، از نقطه نظر

جدول ۳- عملکرد و رتبه‌بندی ۸۹ ژنوتیپ توتون شرقی تحت شرایط نرمال (Yp) و تنش گل‌جالیز (Ys) همراه با

شاخص‌های تحمل و عملکرد محاسبه شده با استفاده از نرم‌افزار *iPASTIC*

Table 3. Yield performance and rank of 89 tobacco genotypes under control (Yp) and broomrape stress (Ys) conditions along with tolerance and yield indices calculated using *iPASTIC* program

ژنوتیپ Genotype	عملکرد در شرایط نرمال		عملکرد در شرایط تنش		شاخص تحمل STI	شاخص عملکرد		شاخص پایداری		رتبه Rank	t-student test
	رتبه Rank	Yp (g)	رتبه Rank	Ys (g)		رتبه Rank	YI	رتبه Rank	عملکرد YSI		
g01	20	21.08	48	10.00	1.02	26	0.86	48	0.47	88	2.39 ^{ns}
g02	46	11.80	53	9.13	0.52	48	0.78	53	0.77	54	0.90 ^{ns}
g03	44	12.05	52	9.15	0.53	46	0.78	52	0.76	56	1.04 ^{ns}
g04	5	37.48	9	22.40	4.06	5	1.92	9	0.60	78	1.51 ^{ns}
g05	34	14.20	51	9.40	0.65	42	0.81	51	0.66	68	1.27 ^{ns}
g06	18	21.25	27	13.25	1.36	21	1.14	27	0.62	74	1.53 ^{ns}
g07	70	8.00	50	9.50	0.37	59	0.81	50	1.19	17	-0.40 ^{ns}
g08	60	9.20	85	4.32	0.19	76	0.37	85	0.47	89	4.36 ^{**}
g09	29	16.20	33	11.62	0.91	28	1.00	33	0.72	62	2.40 [*]
g10	26	16.88	8	24.87	2.03	14	2.13	8	1.47	7	-0.89 ^{ns}
g11	64	8.70	67	6.83	0.29	67	0.59	67	0.79	52	0.94 ^{ns}
g12	28	16.68	21	15.07	1.22	23	1.29	21	0.90	36	0.24 ^{ns}
g13	7	30.00	6	26.75	3.88	6	2.29	6	0.89	39	0.33 ^{ns}
g14	61	9.15	49	9.80	0.43	56	0.84	49	1.07	24	-0.29 ^{ns}
g15	51	10.00	34	11.40	0.55	45	0.98	34	1.14	21	-0.27 ^{ns}
g16	15	23.93	12	20.47	2.37	11	1.76	12	0.86	44	0.62 ^{ns}
g17	38	13.58	15	17.47	1.15	25	1.50	15	1.29	13	-0.84 ^{ns}
g18	32	14.40	29	12.92	0.90	30	1.11	29	0.90	38	0.56 ^{ns}
g19	6	34.53	5	26.78	4.47	4	2.30	5	0.78	53	0.66 ^{ns}
g20	8	29.65	24	13.50	1.94	15	1.16	24	0.46	90	6.52 ^{**}
g21	19	21.10	18	15.73	1.61	18	1.35	18	0.75	57	0.72 ^{ns}
g22	21	19.70	28	13.17	1.25	22	1.13	28	0.67	67	3.22 [*]
g23	12	25.40	11	21.95	2.70	9	1.88	11	0.86	41	0.45 ^{ns}
g24	2	43.55	3	31.53	6.64	3	2.70	3	0.72	61	1.16 ^{ns}
g25	33	14.38	42	10.57	0.73	38	0.91	42	0.74	59	0.86 ^{ns}
g26	27	16.83	35	11.30	0.92	27	0.97	35	0.67	66	1.80 ^{ns}
g27	43	12.45	55	8.68	0.52	47	0.74	55	0.70	63	0.87 ^{ns}
g28	24	17.73	42	10.57	0.91	29	0.91	42	0.60	79	0.84 ^{ns}
g29	52	9.95	14	17.67	0.85	32	1.51	14	1.78	4	-0.88 ^{ns}
g30	68	8.40	39	10.87	0.44	53	0.93	39	1.29	12	-0.83 ^{ns}
g31	30	15.75	58	8.60	0.66	41	0.74	58	0.55	82	1.41 ^{ns}
g32	69	8.10	38	11.15	0.44	55	0.96	38	1.38	10	-1.19 ^{ns}
g33	56	9.65	64	7.68	0.36	60	0.66	64	0.80	50	0.52 ^{ns}
g34	14	24.13	25	13.45	1.57	19	1.15	25	0.56	81	1.72 ^{ns}
g35	49	10.85	30	12.83	0.67	40	1.10	30	1.18	18	-0.78 ^{ns}
g36	31	14.43	42	10.57	0.74	37	0.91	42	0.73	60	1.94 ^{ns}
g37	57	9.40	56	8.65	0.39	58	0.74	56	0.92	33	0.44 ^{ns}
g38	74	6.95	68	6.77	0.23	72	0.58	68	0.97	28	0.11 ^{ns}
g39	1	47.48	2	32.00	7.35	1	2.74	2	0.67	65	1.51 ^{ns}
g40	3	38.95	1	38.83	7.32	2	3.33	1	1.00	26	0.01 ^{ns}
g41	53	9.80	54	9.05	0.43	57	0.78	54	0.92	32	0.27 ^{ns}
g42	13	25.03	20	15.33	1.86	16	1.31	20	0.61	75	1.40 ^{ns}
g43	4	38.35	23	14.17	2.63	10	1.21	23	0.37	92	2.99 [*]
g44	9	29.55	7	25.07	3.58	8	2.15	7	0.85	46	0.40 ^{ns}
g45	10	27.70	4	27.23	3.65	7	2.34	4	0.98	27	0.03 ^{ns}
g46	17	21.73	16	17.15	1.80	17	1.47	16	0.79	51	0.74 ^{ns}
g47	37	13.95	46	10.38	0.70	39	0.89	46	0.74	58	1.16 ^{ns}
g48	71	7.60	10	21.97	0.81	34	1.88	10	2.89	1	-2.66 [*]
g49	41	13.00	26	13.28	0.84	33	1.14	26	1.02	25	-0.04 ^{ns}
g50	63	9.05	40	10.70	0.47	52	0.92	40	1.18	19	-0.46 ^{ns}
g51	39	13.38	56	8.65	0.56	44	0.74	56	0.65	69	1.40 ^{ns}
g52	66	8.60	63	7.73	0.32	64	0.66	63	0.90	37	0.50 ^{ns}
g53	36	14.00	31	12.77	0.86	31	1.09	31	0.91	35	0.56 ^{ns}

ادامه جدول ۳
Table 3. Continued

ژنوتیپ Genotype	عملکرد در شرایط نرمال		عملکرد در شرایط تنش		شاخص تحمل STI		شاخص عملکرد YI		شاخص پایداری عملکرد YSI		t-student test
	Yp (g)	رتبه Rank	Ys (g)	رتبه Rank	رتبه Rank	رتبه Rank	رتبه Rank	رتبه Rank			
g54	13.25	40	7.97	62	0.51	49	0.68	62	0.60	77	12.90**
g55	14.13	35	11.67	32	0.80	35	1.00	32	0.83	49	0.87 ^{ns}
g56	8.58	67	5.42	77	0.22	73	0.46	77	0.63	73	1.44 ^{ns}
g57	9.13	62	11.30	35	0.50	51	0.97	35	1.24	15	-0.56 ^{ns}
g58	9.80	53	10.60	41	0.50	50	0.91	41	1.08	23	-0.43 ^{ns}
g59	11.70	47	5.62	74	0.32	65	0.48	74	0.48	85	2.08 ^{ns}
g60	11.85	45	11.18	37	0.64	43	0.96	37	0.94	29	0.43 ^{ns}
g61	6.86	76	6.27	69	0.21	75	0.54	69	0.91	34	0.45 ^{ns}
g62	5.85	81	10.47	45	0.30	66	0.90	45	1.79	3	-0.94 ^{ns}
g63	6.50	79	6.03	70	0.19	77	0.52	70	0.93	31	0.39 ^{ns}
g64	7.13	72	4.53	82	0.16	80	0.39	82	0.64	72	1.79 ^{ns}
g65	5.30	83	6.00	71	0.15	81	0.51	71	1.13	22	-0.71 ^{ns}
g66	6.33	80	5.57	76	0.17	79	0.48	76	0.88	40	0.40 ^{ns}
g67	5.00	85	4.13	86	0.10	85	0.35	86	0.83	48	2.00 ^{ns}
g68	9.25	59	5.90	73	0.26	70	0.51	73	0.64	71	2.01 ^{ns}
g69	3.38	87	3.97	89	0.06	88	0.34	89	1.18	20	-0.53 ^{ns}
g70	3.18	88	3.97	89	0.06	89	0.34	89	1.25	14	-1.02 ^{ns}
g71	8.70	64	4.13	86	0.17	78	0.35	86	0.48	87	2.36 ^{ns}
g72	4.60	86	4.33	84	0.10	86	0.37	84	0.94	30	0.35 ^{ns}
g73	18.65	22	8.38	60	0.76	36	0.72	60	0.45	91	3.20*
g74	3.05	89	3.97	89	0.06	91	0.34	89	1.30	11	-1.29 ^{ns}
g75	6.65	78	4.58	81	0.15	82	0.39	81	0.69	64	2.02 ^{ns}
g76	9.75	55	7.50	65	0.35	61	0.64	65	0.77	55	0.72 ^{ns}
g77	2.30	92	5.00	79	0.06	92	0.43	79	2.17	2	-1.81 ^{ns}
g78	6.73	77	3.43	92	0.11	84	0.29	92	0.51	84	0.98 ^{ns}
g79	3.05	89	4.50	83	0.07	87	0.39	83	1.48	6	-3.44**
g80	6.90	75	8.20	61	0.27	68	0.70	61	1.19	16	-0.71 ^{ns}
g81	3.00	91	4.13	86	0.06	90	0.35	86	1.38	9	-2.92*
g82	10.80	50	5.13	78	0.27	69	0.44	78	0.48	86	1.94 ^{ns}
g83	5.55	82	4.73	80	0.13	83	0.41	80	0.85	45	1.49 ^{ns}
g84g	7.10	73	10.17	47	0.35	62	0.87	47	1.43	8	-0.87 ^{ns}
g85	9.30	58	5.60	75	0.25	71	0.48	75	0.60	76	3.50**
g86	5.30	83	8.57	59	0.22	74	0.73	59	1.62	5	-1.44 ^{ns}
g87	12.70	42	7.17	66	0.44	54	0.61	66	0.56	80	4.00**
g88	11.70	47	6.00	71	0.34	63	0.51	71	0.51	83	2.02 ^{ns}
g89	17.25	25	14.33	22	1.20	24	1.23	22	0.83	47	0.59 ^{ns}

جدول ۴- فرمول ریاضی شاخص‌های تحمل و حساسیت محاسبه شده توسط نرم‌افزار iPASTIC
Table 4. Mathematical formulas of tolerance and susceptibility indices calculated by iPASTIC software

شاخص Index	فرمول Formula	الگوی گزینش Pattern of selection	منبع Reference
شاخص تحمل تنش Stress tolerance index	$STI = \frac{(Y_s)(Y_p)}{(\bar{Y}_n)^2}$	مقدار حداکثر Maximum value	Fernandez, 1992
شاخص عملکرد Yield index	$YI = \frac{Y_s}{\bar{Y}_s}$	مقدار حداکثر Maximum value	Gavuzzi <i>et al.</i> , 1997
شاخص پایداری عملکرد Yield stability index	$YSI = \frac{Y_s}{Y_p}$	مقدار حداکثر Maximum value	Bouslama and Schapaugh, 1984

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد. در فرمول‌های ارائه شده در جدول، Y_p و Y_s به ترتیب عملکرد هر یک از ژنوتیپ‌ها در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز و \bar{Y}_p و \bar{Y}_s به ترتیب میانگین عملکرد تمامی ژنوتیپ‌ها در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز را نشان می‌دهند.

* and **: significant at the 5% and 1% probability levels, respectively. Y_s and Y_p are yield of a given genotype in stress and optimal (potential) conditions, respectively. \bar{Y}_p and \bar{Y}_s are average yield of all genotypes under stress and optimal conditions, respectively.

معنی‌دار نشان نداد (جدول ۵). اثر غالبیت ژن‌ها در شرایط عدم تنش (نرمال) در کنترل ژنتیکی صفت وزن تر بوته محرز است؛ بنابراین اصلاح از طریق گزینش مستقیم برای صفت وزن تر بوته کارایی لازم را نخواهد داشت.

در شرایط تنش گل‌جالیز، در رابطه با صفت تاریخ گلدهی ارزش اصلاحی تنها در ژنوتیپ‌های *Rustica* و *Nevrokop* معنی‌دار بود (جدول ۶). برای ارتفاع بوته ژنوتیپ *C.H.T.209.12e* بیشترین مقدار ارزش اصلاحی و ژنوتیپ *Rustica* کمترین مقدار ارزش اصلاحی را نشان داد (جدول ۶). در بین ژنوتیپ‌هایی که ارزش اصلاحی معنی‌دار برای صفت تعداد برگ داشتند بالاترین مقدار متعلق به ژنوتیپ *P.D.324* و کمترین مقدار متعلق به ژنوتیپ *Rustica* بود (جدول ۶). برای صفت سطح برگ تنها ژنوتیپ‌های *Rustica* و *Nevrokop* ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان دادند (جدول ۶). لاکشمیش و شیوانا (Lakshmesh and Shivanna, 1999) در آزمایش خود نشان دادند که ضریب سطح برگ یکی از اجزای مهم در افزایش عملکرد برگ توتون می‌باشد. بنابراین می‌توان گفت ژنوتیپ‌های *Rustica* و *Nevrokop* با داشتن ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار برای سطح برگ در شرایط تنش گل‌جالیز می‌توانند در صورت کشت مجدد در سال بعد بوته‌هایی با سطح برگ بالا و در نتیجه عملکرد بهتر ایجاد کنند. در شرایط تنش گل‌جالیز، برای صفت وزن تر برگ ژنوتیپ‌های *Nevrokop* و *Ss-289-2* و *Rustica* ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان دادند و در این بین ژنوتیپ *Rustica* بالاترین ارزش اصلاحی را برای این صفت نشان داد (جدول ۶). برای صفت وزن خشک برگ تنها ژنوتیپ *Rustica* ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار نشان داد (جدول ۶). ژنوتیپ *Rustica* تنها ژنوتیپی بود که علاوه بر صفات تاریخ گلدهی، ارتفاع بوته، تعداد برگ، سطح برگ و وزن تر برگ برای وزن خشک برگ نیز ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان داد (جدول ۶). بنابراین این ژنوتیپ (*Rustica*) با داشتن ارزش اصلاحی مثبت و نسبتاً بالا برای بیشتر صفات به‌ویژه وزن تر برگ و وزن خشک برگ پتانسیل خوبی به‌عنوان والد در تولید بوته‌های

ارزش اصلاحی صفات در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز:

در شرایط نرمال، در رابطه با صفت تاریخ گلدهی تمامی ارزش‌های اصلاحی منفی معنی‌دار بود. کمترین مقدار متعلق به ژنوتیپ *Rustica* و بیشترین مقدار متعلق به ژنوتیپ *Nevrokop* بود (جدول ۵). علامت منفی برای اثر افزایشی می‌تواند نشان‌دهنده این باشد که اثر در جهت کاهش اندازه صفت عمل می‌کند (Kiani et al., 2015). در ارتباط با ارتفاع بوته، بالاترین ارزش اصلاحی معنی‌دار در ژنوتیپ *Nevrokop* و کمترین ارزش اصلاحی در ژنوتیپ *Rustica* مشاهده شد (جدول ۵). ارزش‌های اصلاحی معنی‌دار برای صفت تعداد برگ تماماً منفی بوده؛ بالاترین مقدار ارزش اصلاحی در ژنوتیپ‌های *L 16b* و *Nevrokop* و کمترین مقدار در ژنوتیپ *P.D.324* مشاهده شد (جدول ۵). در رابطه با صفت سطح برگ، بالاترین مقدار ارزش اصلاحی معنی‌دار متعلق به ژنوتیپ *Rustica* و کمترین مقدار مربوط به ژنوتیپ *P.D.329* بود (جدول ۵). در رابطه با صفت وزن تر برگ، تنها ارزش اصلاحی در دو ژنوتیپ *Rustica* و *P.D.324* معنی‌دار بود و ارزش اصلاحی ژنوتیپ *Rustica* بالاتر از ژنوتیپ *P.D.324* بود (جدول ۵). در بررسی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌ها برای صفت وزن خشک برگ مشاهده شد که بالاترین ارزش اصلاحی مربوط به ژنوتیپ *Rustica* و کمترین مقدار مربوط به ژنوتیپ *C.H.T.209.12e* بود (جدول ۵). از آن جایی که عملکرد در توتون به اندام رویشی گیاه (برگ) وابسته است (Butorac et al., 2004)، هر ژنوتیپی که ارزش اصلاحی بالا برای صفات مرتبط با عملکرد برگ داشته باشد در فعالیت‌های اصلاحی توتون جایگاه ویژه‌ای خواهد داشت.

ژنوتیپ‌های *Nevrokop*, *Basma S.31* و *Xanthi Rustica* برای صفت وزن تر ریشه ارزش اصلاحی معنی‌دار داشتند؛ در این بین بالاترین ارزش اصلاحی متعلق به ژنوتیپ *Rustica* و کمترین آن متعلق به ژنوتیپ *Xanthi* بود (جدول ۵). در ارتباط با صفات وزن خشک ریشه و وزن خشک بوته تنها ژنوتیپ *Rustica* ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان داد. برای صفت وزن تر بوته هیچ ژنوتیپی ارزش اصلاحی

برای این صفات در لاین‌های مورد بررسی به گونه‌ای بوده است که برآیند مجموع اثرات افزایشی صفر شده است. با توجه به اینکه در مجموع دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز، ژنوتیپ *Rustica* ارزش اصلاحی مثبت و نسبتاً خوبی در صفات عملکردی مانند سطح برگ و وزن تر و خشک برگ دارد به‌عنوان بهترین ژنوتیپ از نظر ارزش اصلاحی صفات مورد بررسی معرفی می‌شود. هم‌چون مطالعه اخیر، روش بهترین پیش‌بینی ن‌آریب خطی در گردو (Martinez-Garcia et al., 2017)، هلو (Fresnedo-Ramirez et al., 2016) و مرکبات (Imai et al., 2016) برای برآورد ارزش اصلاحی صفات استفاده شده است. بررسی صفات مختلف در شرایط محیطی متفاوت نشان داده است که با تغییر محیط زیست‌گاه نحوه عمل ژن‌ها و در نتیجه برآورد پارامترهای ژنتیکی و حتی ترکیب‌پذیری ارقام و تلاقی‌ها تغییر می‌کند (Redhu et al., 1986; Chowdhry et al., 1999).

پرمحصول در شرایط تنش گل‌جالیز دارد. هیچ یک از ژنوتیپ‌ها برای صفات وزن تر بوته، وزن خشک بوته، وزن تر و خشک ریشه ارزش اصلاحی معنی‌داری نشان ندادند (جدول ۶). احتمالاً این موضوع نشان‌دهنده آن است که تحت شرایط تنش گل‌جالیز این صفات تحت کنترل اثرات غیرافزایشی ژن‌ها (غالبیت و اپیستازی) هستند؛ بنابراین جهت دستیابی به اهداف اصلاحی مورد نظر برای صفات مذکور، دورگ‌گیری مؤثرتر از گزینش خواهد بود. صفات کمی توسط تعداد زیادی ژن کنترل می‌شوند (Mackay, 2001). بین این ژن‌ها برخی تمایل به افزایش فنوتیپ و برخی نیز تمایل به کاهش آن دارند (Mather and Jinks, 1982). معمولاً توزیع آلل‌های ژن‌ها بین ژنوتیپ‌ها متفاوت است (Hayman, 1954). از آنجایی‌که ارزش اصلاحی یک صفت در یک لاین یا ژنوتیپ ([a]) در حقیقت مجموع اثرات افزایشی در کلیه مکان‌های ژنی است (Kearsey and Pooni, 1996)؛ بنابراین احتمالاً توزیع آلل‌ها

جدول ۵- ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های توتون شرقی در صفات مورد بررسی تحت شرایط نرمال

Table 5. Breeding value of oriental tobacco genotypes in studying traits under normal conditions

شماره	ژنوتیپ	تاریخ گلدهی	ارتفاع بوته (سانتی‌متر)	تعداد برگ	سطح برگ (cm ²)	وزن تر برگ (گرم)	وزن خشک برگ (گرم)	وزن تر ریشه (گرم)	وزن خشک ریشه (گرم)	وزن تر بوته (گرم)	وزن خشک بوته (گرم)
Number	Genotype	Flowering date	Plant height (cm)	No. of leaf	Leaf area (cm ²)	Fresh weight of leaf (gr)	Dry weight of leaf (gr)	Fresh weight of root (gr)	Dry weight of root (gr)	Fresh weight of plant (gr)	Dry weight of plant (gr)
1	Kharmanli 163	8.72	19.32	2.45	-920.77	-13.11	-34.00**	-4.05	-1.09	1.90	-2.13
2	Nevrokop	-36.04**	61.99*	-49.12**	342.90**	43.62	31.39**	23.47**	5.66	11.70	4.57
3	Trabozan	0.51	-9.79	-5.22	1669.64	27.45	37.76**	10.88	1.47	0.74	0.82
4	Krumovgraid	-15.20	-2.63	-4.75	1135.48	34.13	43.60**	13.83	2.44	18.89	7.51
5	Basma.S.31	-17.30	2.55	-4.73	2652.15**	23.58	68.79**	22.08*	4.92	15.42	5.26
6	Triumph	-9.62	4.92	-10.78	1527.78	37.65	48.63**	10.74	3.20	1.51	1.95
7	Xanthi	-9.15	2.11	8.00	2769.64**	36.43	54.36**	20.77*	4.08	25.01	7.48
8	Matianus	-4.08	-2.45	-28.17**	1691.73	17.75	29.84**	10.41	2.57	-4.03	0.27
9	Immni 3000	6.19	30.64	-6.18	231.81	1.17	0.02	14.33	2.81	10.91	0.70
10	Melkin 261	-13.90	-15.22	-7.76	793.80	1.21	41.43**	10.08	1.18	2.16	-0.25
11	Tyk-Kula	-31.77**	1.17	-42.50**	3542.75**	52.73	84.13**	17.99	1.53	12.96	5.14
12	Ss-289-2	-0.63	-11.88	8.83	1741.38	51.04	47.68**	14.40	3.31	23.74	9.51
13	Ohdaruma	-2.46	-24.68	-7.97	1607.79	34.38	44.80**	2.92	0.47	-1.17	2.71
14	Ploudive 58	-16.13	-5.22	-9.55	1755.52	3.01	31.03**	8.32	0.72	12.62	4.58
15	Line 20	-2.50	13.74	-25.07**	2457.05*	24.14	34.86**	16.14	3.68	9.86	5.15
16	T-B-22	-4.89	-21.60	-7.62	1695.18	30.64	53.39**	9.91	1.10	7.11	3.46
17	Ts 8	-4.24	-11.83	-11.51	1806.83	1.65	48.23**	11.27	1.76	0.53	0.55
18	Alborz23	-5.71	-19.14	-16.41*	1178.55	-2.89	26.68**	6.35	0.64	-5.20	-2.31

ادامه جدول ۵

Table 5. Continued

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (cm ²) Leaf area (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight of leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight of leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight of root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight of root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Fresh weight of plant (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Dry weight of plant (gr)
19	F.K.40-1	-10.10	-24.24	-4.39	241.57	-1.61	9.77	-0.50	-2.19	-2.09	0.19
20	Pz17	9.05	25.39	-3.81	462.97	14.96	-2.98	10.74	2.52	14.46	2.93
21	K.P.Ha	7.16	-1.05	-0.99	-317.47	1.20	-7.85	5.69	1.21	0.06	-0.10
22	K.B	-21.21*	-23.63	-13.02	778.49	17.01	29.74**	2.39	0.96	2.01	0.83
23	G.D.165	3.65	8.81	-15.34	10.11	13.39	-7.21	2.46	0.01	6.32	0.51
24	H.T.I	-12.86	8.56	-14.59	1160.00	14.27	25.92**	10.11	3.83	15.23	5.59
25	Kramograd N.H.H. 659	-15.93	2.60	-5.08	-281.50	-3.64	14.69	5.15	0.28	5.12	1.22
26	T.K.23	-11.39	-10.59	-15.50	1712.95	18.95	49.20**	8.56	0.78	0.58	2.98
27	L 16a	-3.79	9.24	-2.24	727.58	-2.27	2.95	3.97	2.32	7.15	3.79
28	Izmir 7	-32.39**	-11.49	-20.12*	2314.34**	29.09	67.76**	12.85	2.83	17.12	6.42
29	Mutant 3	1.71	19.69	-18.45*	690.14	16.97	3.37	9.54	3.03	8.71	2.81
30	Mutant 4	-8.16	0.91	-7.57	1813.36	11.42	30.54**	11.01	2.75	5.83	2.26
31	Pobeda 1	5.19	35.67	-9.45	681.09	5.72	6.25	11.84	3.85	13.09	6.44
32	Pobeda 2	16.04	49.83*	-17.37*	1002.11	0.37	-12.08	11.28	4.14	7.66	2.12
33	Rustica	-116.21**	-137.01**	-16.36*	8385.14**	107.98**	299.97**	41.11**	7.10*	19.44	12.12*
34	Samsun 959	26.47**	42.49*	17.70**	423.18	8.64	-7.59	7.49	2.22	19.99	3.46
35	Samsun dere	-8.92	5.70	-13.89	-391.36	-18.95	-4.79	-7.73	-1.70	-11.54	-2.36
36	OR-205	-16.97	-2.38	-9.71	2255.52*	21.33	46.20**	9.18	1.12	11.16	5.18
37	OR-345	2.20	21.88	-21.38**	878.25	-8.70	11.15	7.78	0.95	-7.08	-2.79
38	OR-379	-5.40	10.64	4.41	562.42	-6.89	12.82	8.72	2.64	-0.81	-0.60
39	C.H.T.209.12e	17.20	30.93	-3.57	-1540.87	-3.73	-58.74**	-1.00	1.73	-4.31	-1.97
40	C.H.T.209.12 exF.K.40-1	5.51	19.90	-1.16	1820.16	51.04	34.34**	17.23	5.24	25.05	8.64
41	C.H.T.266-6	-1.94	1.26	-0.93	119.67	15.99	8.11	0.26	0.13	0.10	0.67
42	C.H.T.283-8	-27.62**	-1.82	-26.32**	1540.90	41.04	57.03**	11.88	3.47	5.82	4.48
43	C.H.T.273-38	-2.39	-18.28	11.92	2657.97**	25.60	55.75**	11.92	2.77	7.41	2.33
44	Basma 12-2	-0.51	1.23	-22.37**	-254.61	13.77	0.60	3.75	1.65	-14.22	-3.84
45	Basma 16-10	-1.47	20.96	-4.63	-909.19	0.48	-11.24	-0.90	0.63	1.11	1.27
46	Basma 104-1	-21.03*	-15.61	-14.66	1586.66	9.68	56.04**	7.69	0.08	-11.86	-2.82
47	Basma 181-8	-5.08	8.79	9.19	699.64	21.03	30.98**	10.25	2.77	20.24	6.34
48	Zichna	-19.18*	-15.80	9.01	355.23	-15.19	26.17**	-1.55	-1.56	1.17	2.37
49	Izmir	-12.45	1.72	-14.48	649.46	-9.83	24.72*	1.91	-0.31	-6.16	-0.33
50	P.D.324	-3.67	6.27	-60.67**	6984.35**	66.31*	120.33**	17.66	1.65	23.70	10.03
51	P.D.325	1.46	32.46	-5.72	-1873.83	-36.84	-37.31**	-6.32	-0.92	-13.88	-3.12
52	P.D.406	-18.85*	-17.94	-10.44	857.19	3.32	30.39**	2.36	-0.41	-1.26	-1.22
53	P.D.328	-23.71**	-6.62	2.23	1477.72	2.75	53.25**	7.34	-0.36	-1.55	5.36
54	P.D.329	-31.34**	-15.19	-16.97*	2052.82*	17.96	69.99**	13.52	3.28	0.01	1.73
55	P.D.336	-23.49**	-18.47	-26.00**	2175.58*	9.89	60.29**	13.72	1.96	-3.48	0.96
56	P.D.345	-9.65	12.91	1.19	-468.02	3.56	10.20	8.34	3.02	8.24	2.09

ادامه جدول ۵

Table 5. Continued

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (cm ²) Leaf area (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight of leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight of leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight of root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight of root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Fresh weight of plant (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Dry weight of plant (gr)
57	P.D.364	-18.46*	-0.12	-17.88*	1678.78	26.67	58.67**	15.53	3.69	10.85	4.66
58	P.D.365	6.93	44.55*	-12.70	-492.24	1.67	-16.41	7.06	2.77	6.70	1.17
59	P.D.371	-13.41	0.19	-6.64	639.33	-1.41	28.34**	9.23	1.49	3.08	2.07
60	P.D.381	-21.85*	-21.75	-16.21*	1079.38	-16.52	53.78**	7.22	0.91	-14.81	-1.18
61	SPT 403	-8.48	-19.53	-14.08	1384.19	10.34	48.06**	0.98	-1.22	-21.75	-5.42
62	SPT 405	15.27	25.67	-20.17*	-1646.53	-16.26	-40.00**	-7.60	-1.26	-22.38	-7.19
63	SPT 406	-31.77**	-11.13	-25.23**	1729.27	36.76	67.92**	11.93	1.41	6.63	3.73
64	SPT 408	-21.13*	-28.35	-24.18**	1229.89	0.08	40.49**	4.05	-0.74	-15.07	-3.86
65	SPT 409	-7.07	-3.25	-16.40*	-1319.33	-22.11	-12.98	-5.77	-2.38	-21.63	-6.10
66	SPT 410	-19.95*	-8.94	-26.60**	674.96	7.39	31.16**	4.11	-0.18	-10.75	-3.10
67	SPT 412	-10.68	-11.55	-27.04**	1538.47	13.05	41.85**	9.90	2.40	-7.65	-2.03
68	Esfahan5	-24.06**	-20.71	-11.32	1696.74	11.36	47.26**	8.42	1.15	4.59	-0.09
69	SPT 420	6.84	-9.70	0.70	-560.88	-14.18	-19.74**	-6.68	-2.48	-14.86	-5.07
70	SPT 430	-19.38*	-37.45	-16.60*	2456.79*	15.40	62.64**	5.28	-0.80	-13.43	-1.91
71	SPT 432	-11.10	-6.09	-15.05	711.48	18.80	21.26*	2.07	-0.64	2.63	3.50
72	SPT 433	-21.41*	-22.59	2.69	2296.98*	22.43	79.77**	13.10	1.09	-3.01	0.93
73	SPT 434	-0.48	-14.80	-0.90	-2021.83	-40.75	-29.05**	-12.37	-4.10	-25.14	-6.42
74	SPT 436	-19.33*	-3.33	-20.59**	331.12	-3.10	30.45**	2.94	-0.18	-10.35	-3.71
75	SPT 439	-25.26**	-31.64	-24.87**	1087.44	7.29	48.73**	3.85	-0.64	-10.41	-2.70
76	SPT 441	13.15	7.53	-6.90	-395.75	-7.86	-23.62**	-4.20	-0.79	-5.21	-1.83
77	Esfahan2	0.14	15.07	-27.76**	1098.78	13.57	27.90*	6.79	0.33	-10.85	-2.28
78	SPT 413	-10.49	-15.33	-8.80	799.19	-12.66	18.19**	-7.31	-2.80	-10.84	-3.26
79	Esfahani	-8.92	12.53	-22.06**	353.27	-16.26	12.28	-4.40	-2.67	-11.13	-4.24
80	Jahrom14	-15.62	1.81	-9.05	1030.43	-4.06	45.26**	10.50	1.16	-2.07	0.56
81	Borazjan	-29.07**	1.32	-42.59**	-510.80	-11.54	29.83**	1.41	-1.15	-13.19	-1.85
82	L 16b	-30.91**	-16.84	-15.54*	340.38	-3.39	43.13**	3.93	1.43	-5.73	-0.23
83	Balouch	-27.15**	-11.33	-33.26**	3775.19**	45.75	78.88**	15.09	2.39	4.12	2.06
84	Lengeh	0.68	-11.01	-18.04*	89.04	-20.97	8.63	-0.11	-0.66	-27.27	-8.65
85	Saderati	-20.48*	-30.44	-16.87*	621.18	7.09	29.24**	-0.23	-2.10	-8.81	-1.64
86	Eraghi	-12.77	-0.95	-11.90	100.60	-4.36	7.45	-0.28	-1.60	0.37	-0.93
87	Shahroudi	-34.00**	-9.69	-15.99*	2232.32*	18.10	57.42**	9.25	1.43	12.55	4.77
88	T.K.L	-19.43*	-15.43	-24.53**	2167.25*	31.38	65.84**	12.03	1.20	5.58	2.47
89	L 17	-7.26	-10.42	0.15	1942.62	25.98	30.02**	8.78	0.76	16.37	4.93
h ² ٪ خصوصی		-	-	-	-	0.29	-	0.33	0.12	0.09	0.18
%Narrow sense heritability		-	-	-	-	151.15**	-	53.99**	13.96**	80.16**	26.87**
t-student آزمون		-	-	-	-	151.15**	-	53.99**	13.96**	80.16**	26.87**

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد. خط تیره در مقابل ستون وراثت‌پذیری مقادیری را نشان می‌دهد که بیش از یک برآورد شدند.

* and **: Significant at the 5% and 1% probability levels, respectively. The dash in front of the heritability column shows values that were estimated to be more than one.

جدول ۶- ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های توتون شرقی در صفات مورد بررسی تحت شرایط تنش گل‌جالیز

Table 6. Breeding value of oriental tobacco genotypes in studying traits under broomrape stress conditions

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (cm ²) Leaf area (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight of leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight of leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight of root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight of root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Fresh weight of plant (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Dry weight of plant (gr)
1	Kharmanli 163	-5.19	30.09	4.07	-170.39	-16.22	-5.40	-2.78	-0.95	-7.60	-1.60
2	Nevrokop	12.57*	46.58**	-12.24	1415.50*	42.82*	9.08	10.46	3.54	19.36	2.77
3	Trabozan	2.88	-20.17	7.55	659.72	14.99	4.85	3.30	0.85	4.71	1.59
4	Krumovgraid	4.71	-13.12	0.55	769.71	32.56	10.54	10.78	1.93	25.01	7.09
5	Basma.S.31	4.83	-22.14	7.96	1007.80	30.91	5.98	10.86	2.68	21.72	4.28
6	Triumph	2.43	-16.44	2.34	866.72	24.99	7.47	3.43	1.18	-3.78	0.75
7	Xanthi	5.23	2.50	15.74*	1419.39	40.15	9.02	16.30	4.50	37.83	10.11
8	Matianus	-2.95	-12.68	3.55	390.61	-1.95	1.22	-1.91	1.43	3.55	0.50
9	Immni 3000	3.82	26.67	6.97	385.95	0.20	-1.82	4.23	0.47	4.76	2.22
10	Melkin 261	0.76	-34.80	0.41	181.69	6.35	3.05	4.87	0.81	4.11	2.40
11	Tyk-Kula	-1.57	-39.03*	-6.70	465.84	16.69	5.87	3.33	1.19	1.48	0.12
12	Ss-289-2	10.64	-23.37	1.78	1178.57	49.95*	15.38	7.61	1.40	25.54	6.85
13	Ohdaruma	5.31	-37.75*	-0.15	567.98	28.25	11.71	0.29	-0.50	6.89	0.71
14	Ploudive 58	6.12	-11.73	-0.87	482.54	14.67	3.37	2.71	1.57	15.05	5.87
15	Line 20	1.94	7.20	10.16	756.60	22.44	4.72	3.52	1.51	18.36	5.27
16	T-B-22	4.01	-34.03	1.07	452.91	16.00	6.56	3.04	0.40	8.31	2.56
17	Ts 8	6.62	-23.43	2.19	287.25	15.94	6.18	4.05	0.99	13.42	3.04
18	Alborz23	0.97	-24.39	-1.11	190.02	0.23	-0.94	0.29	-0.19	2.80	2.48
19	F.K.40-1	-0.66	-26.43	-6.74	-95.35	1.31	-0.53	-2.81	-1.12	-8.93	-0.68
20	Pz17	1.28	15.00	4.54	387.67	3.46	2.13	7.52	1.70	10.50	2.92
21	K.P.Ha	-2.83	6.75	-0.37	59.90	-4.88	-2.04	-1.38	1.25	6.86	0.45
22	K.B	0.27	-24.32	-7.91	654.55	22.82	7.96	-2.78	-0.14	-2.96	0.66
23	G.D.165	-1.43	9.03	-1.29	-67.87	3.88	1.24	0.56	0.47	3.14	0.21
24	H.T.I	-0.74	-2.51	-1.78	821.52	9.41	2.09	-0.69	0.23	11.72	2.37
25	Kramograd N.H.H. 659	2.08	-0.33	-9.09	345.87	4.01	1.53	0.22	1.25	2.72	2.02
26	T.K.23	0.82	-25.26	0.99	290.79	17.37	3.54	6.11	1.38	7.09	3.10
27	L 16a	-1.89	11.24	3.47	292.17	-6.82	-1.59	0.00	0.69	7.80	2.61
28	Izmir 7	8.34	-31.30	-12.54	1343.28	38.96	11.53	4.34	2.05	12.43	4.70
29	Mutant 3	-0.97	23.66	4.75	492.15	6.31	4.43	3.37	1.20	7.56	2.38
30	Mutant 4	2.70	-9.56	2.37	220.66	12.00	2.88	0.90	-0.08	7.91	0.99
31	Pobeda 1	1.12	16.65	-0.72	528.93	1.03	-2.21	-4.27	-1.00	7.62	1.58
32	Pobeda 2	0.61	42.82*	17.04*	342.78	-9.35	-1.64	0.11	0.85	8.59	0.18
33	Rustica	12.59**	-210.89**	-28.53**	1422.48**	117.69**	28.11**	12.57	1.82	27.72	3.17
34	Samsun 959	5.43	33.29*	12.58	212.85	-2.86	-1.08	3.39	0.36	9.38	2.18
35	Samsun dere	-1.76	10.65	-0.31	375.55	0.92	-1.55	-5.69	-1.57	-1.33	0.54
36	OR-205	2.46	-28.41	-4.62	606.30	17.01	3.50	0.84	-0.31	0.93	-0.58
37	OR-345	-1.59	16.90	6.78	231.12	-9.87	-2.37	0.74	0.33	0.67	-1.16
38	OR-379	0.35	11.27	7.83	321.96	4.59	1.91	7.91	1.57	18.07	1.86
39	C.H.T.209.12e	-1.48	50.88**	1.65	219.53	0.41	-1.19	1.72	1.26	7.71	1.42
40	C.H.T.209.12e× F.K.40-1	6.63	6.97	11.37	1003.98	39.13	13.38	9.67	1.75	30.60	6.03
41	C.H.T.266-6	-1.43	-4.44	1.59	423.08	17.27	6.38	-1.97	-0.45	0.72	0.66
42	C.H.T.283-8	5.23	-21.50	-9.55	1055.04	40.44	14.54	1.39	0.70	8.70	1.97
43	C.H.T.273-38	5.40	-38.94*	6.12	467.24	21.86	5.99	5.14	2.40	8.59	1.45

ادامه جدول ۶

Table 6. Continued

شماره Number	ژنوتیپ Genotype	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (cm ²) Leaf area (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight of leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight of leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight of root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight of root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Fresh weight of plant (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Dry weight of plant (gr)
44	Basma 12-2	-6.05	1.96	-0.48	95.88	-6.73	0.83	-0.85	0.65	-6.17	-1.15
45	Basma 16-10	0.95	13.88	-2.16	8.54	-2.09	3.86	-6.20	-1.39	-6.21	-1.63
46	Basma 104-1	1.73	-39.69	-8.97	244.83	14.37	1.45	1.32	-0.87	-11.35	-3.16
47	Basma 181-8	7.23	-6.53	1.41	732.51	28.06	5.79	3.02	0.97	15.42	3.53
48	Zichna	0.57	-23.03	-5.88	102.78	1.06	1.96	0.24	0.14	-3.27	-0.48
49	Izmir	2.31	-7.84	-6.15	-20.54	-1.98	-0.75	-2.73	-1.06	-8.39	-0.97
50	P.D.324	7.01	-29.96**	36.86**	796.54	37.54	15.79	6.26	-0.87	22.59	4.97
51	P.D.325	-0.09	41.70*	-1.60	-47.65	-9.67	-3.97	-8.56	-1.50	-3.94	-0.57
52	P.D.406	1.88	-26.38	-10.02	215.69	6.37	-0.56	-0.13	-0.66	-8.68	-1.91
53	P.D.328	2.43	-18.51	0.00	192.48	17.35	6.24	2.59	0.59	9.42	2.26
54	P.D.329	2.81	-45.56*	-7.64	539.94	21.09	3.31	-1.13	-0.04	0.39	-0.69
55	P.D.336	-0.28	-34.00	-4.40	296.43	3.06	0.67	1.12	0.66	4.75	0.50
56	P.D.345	1.47	-1.55	-4.83	335.07	2.10	0.72	0.78	0.58	2.97	1.52
57	P.D.364	0.56	-20.67	-1.84	734.17	15.72	4.88	7.06	1.12	14.07	3.30
58	P.D.365	0.22	35.29*	1.99	290.87	-6.76	-2.21	-4.98	-1.07	-3.61	-1.24
59	P.D.371	2.02	-5.68	-4.15	232.34	2.15	1.39	4.69	0.93	6.63	1.17
60	P.D.381	2.74	-32.04	-2.88	220.28	2.33	-0.89	-1.13	0.83	2.30	-1.40
61	SPT 403	-5.54	-34.28*	3.14	-143.56	-2.27	-0.83	-5.94	-0.98	-10.72	-4.79
62	SPT 405	-7.67	35.53	0.38	-421.01	-27.79	-4.07	-6.63	-1.49	-11.98	-3.44
63	SPT 406	5.38	-43.24*	-15.65*	318.99	32.37	10.27	4.97	0.29	0.17	-0.76
64	SPT 408	-5.04	-33.85	-9.38	-269.11	-2.81	-1.24	-3.02	-0.61	-10.87	-2.15
65	SPT 409	-5.24	5.25	-8.47	-625.39	-18.20	-4.80	-3.32	-0.83	-13.59	-4.19
66	SPT 410	-1.18	-15.54	-5.83	470.76	11.14	3.90	1.95	0.93	0.06	0.34
67	SPT 412	1.35	-15.49	1.81	532.64	10.88	3.85	3.38	0.60	7.54	1.08
68	Esfahan5	-0.41	-34.75	-7.74	266.00	9.74	-0.12	0.83	0.12	2.47	-0.69
69	SPT 420	-6.14	-7.25	-2.39	-707.32	-30.42	-6.17	-7.80	-0.94	-13.17	-4.64
70	SPT 430	0.69	-48.08*	-2.82	447.52	20.48	4.32	-1.33	-1.06	3.36	-0.44
71	SPT 432	-1.36	-15.13	-4.14	9.31	6.06	3.58	-3.26	-1.15	2.02	0.66
72	SPT 433	4.91	-49.01**	-2.28	479.20	24.02	4.84	3.26	0.90	4.38	0.53
73	SPT 434	-6.35	-13.95	-9.47	-1221.42	-42.68	-8.46	-10.01	-2.68	-33.02	-7.72
74	SPT 436	0.34	-12.78	-6.92	172.84	5.77	0.41	0.50	-0.21	-6.93	-2.64
75	SPT 439	-0.78	-48.47**	-10.23	-222.66	0.64	-2.00	-2.73	-0.41	-18.97	-5.65
76	SPT 441	-6.83	14.19	4.88	-477.33	-24.26	-4.65	-6.41	-1.23	-5.94	-1.21
77	Esfahan2	1.33	6.16	8.29	-89.61	0.79	-0.77	6.96	0.39	-9.17	-2.41
78	SPT 413	0.42	-10.19	2.15	-24.14	6.07	-0.19	-5.84	-1.37	-4.25	-0.67
79	Esfahani	-1.36	0.11	-1.91	-55.42	-8.18	-5.68	-7.69	-1.49	-8.46	-2.14
80	Jahrom14	4.91	-11.86	0.56	282.51	8.17	3.02	5.13	0.74	7.32	1.04
81	Borazjan	-2.36	-17.33	-17.53*	80.80	-1.75	-2.67	-8.72	-1.94	-19.25	-4.58
82	L 16b	0.26	-28.08	-11.11	-126.65	3.55	2.44	0.90	0.55	-3.25	-1.25
83	Balouch	1.85	-29.58	2.07	439.22	29.99	6.92	-2.84	-1.77	-1.97	0.01
84	Lengeh	-4.95	-14.27	-1.38	-530.73	-26.94	-6.28	-0.21	0.85	-20.79	-4.96
85	Saderati	-4.55	-34.59	-14.01	-589.09	-6.76	-1.84	-4.26	-0.86	-8.25	-3.27
86	Eraghi	1.22	-0.98	-5.55	43.41	-1.73	-2.77	-7.03	-1.55	-7.87	-0.97
87	Shahroudi	0.52	-25.30	-2.52	76.76	15.56	2.40	-0.76	0.09	-0.22	0.35
88	T.K.L	-0.98	-47.82**	-4.81	180.16	21.77	8.16	0.85	-1.24	-6.88	-0.82
89	L 17	7.34	-21.95	-1.71	573.84	29.62	6.74	6.44	1.64	16.62	4.42
%h ² خصوصی %Narrow sense heritability		0.35	-	-	0.24	0.46	0.34	0.19	0.07	0.16	0.13
t-student آزمون		16.17**	-	-	1530.36**	95.22**	22.59**	15**	2.32*	32.06**	7.11**

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد. خط تیره در مقابل ستون وراثت‌پذیری مقادیری را نشان می‌دهد که بیش از یک برآورد شدند.
* and **: Significant at the 5% and 1% probability levels, respectively. The dash in front of the heritability column shows values that were estimated to be more than one.

تر بوته بود (جدول ۵). در شرایط تنش گل‌جالیز بالاترین وراثت‌پذیری خصوصی در بین صفات مورد بررسی مربوط به صفت وزن تر برگ و پایین‌ترین مقدار متعلق به خشک ریشه بود (جدول ۶). برای تعدادی از صفات در شرایط نرمال و نیز تنش گل‌جالیز که مقدار وراثت‌پذیری بزرگتر از یک برآورد گردیده بود از محاسبات حذف شدند. در ارزیابی ژنتیکی صفات کمی در برنج توسط کیانی و همکاران (Kiani et al., 2015) نیز وراثت‌پذیری خصوصی بزرگتر از یک برای برخی از صفات مانند تعداد پنجه، طول خوشه، عرض برگ‌پرچم و وزن هزاردانه برآورد شده است. کوتز و وایت (Coates and White, 1998) اینگونه گزارش کردند که برآورد وراثت‌پذیری بیشتر از یک می‌تواند به‌واسطه برآورد مقدار واریانس کوچک ناشی از ایستازی، اشتباه نمونه‌برداری و اثرات محیطی برای صفت مورد نظر باشد.

در مقایسه اثر تنش گل‌جالیز بر میزان وراثت‌پذیری صفات در دو محیط مشاهده شد که تنش گل‌جالیز میزان وراثت‌پذیری صفات را در مقایسه با شرایط نرمال در صفاتی کاهش داده است. بروز اطلاعات ژن‌های کنترل‌کننده صفات از طریق بیان آن‌ها تجلی می‌یابد. بر اساس مطالعات مختلف میزان بیان ژن‌های کنترل‌کننده صفت در ژنوتیپ‌ها بسته به محیط متفاوت است (Hoseinpour et al., 2019). در محیط دارای تنش، بیان ژن‌های کنترل‌کننده صفت یا حداقل بیان تعدادی از ژن‌های کنترل‌کننده صفت بسته به نقش‌شان در واکنش حساسیت ممکن است از ژنوتیپی به ژنوتیپ دیگر متفاوت باشد که شاید در محیط نرمال به این گونه و شدت نباشد. بیان متفاوت ژن‌های کنترل‌کننده صفت باعث ایجاد پراکندگی به‌دلیل ایجاد اثرات متفاوت ایستازی یا غالبیت یا اثرات متقابل بزرگ ژنوتیپ در محیط بزرگ می‌شود. بالقوه این تغییرات خود را در واریانس نشان داده و باعث رویت مقدار متفاوت وراثت‌پذیری صفت در محیط‌های مختلف می‌شود.

گروه‌بندی ژنوتیپ‌های توتون بر اساس ارزش اصلاحی با روش‌های آماری چندمتغیره: گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و براساس ارزش اصلاحی صفات به روش وارد (Ward) در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز

وراثت‌پذیری صفات در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز: در فرآیند انتخاب بر اساس ارزش فنوتیپی، موفقیت در تغییر ویژگی‌های جمعیت از طریق میزان انطباق بین مقادیر فنوتیپی و مقادیر ژنوتیپی قابل پیش‌بینی است؛ اندازه‌گیری این میزان از انطباق از طریق محاسبه وراثت‌پذیری انجام می‌شود (Falconer and Mackay, 1996) که به دو نوع وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی ارایه می‌شود (Hallauer et al., 2010). وراثت‌پذیری عمومی بالا نشان دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی (افزایشی + غیرافزایشی) و وراثت‌پذیری خصوصی بالا نشان‌دهنده نقش بالای واریانس ژنتیکی از نوع افزایشی در کنترل ژنتیکی صفت مورد نظر است. برآورد بالای ایستازی و غالبیت (غیرافزایشی) توجه به تولید بذر هیبرید و برعکس برآورد زیاد آثار افزایشی کاربرد روش‌های مختلف عمل‌گزینش را به‌عنوان روش اصلی اصلاح یک صفت نشان می‌دهد. هر چه عمل افزایشی برای صفات مورد نظر بیشتر باشد پاسخ به گزینش (فنوتیپی) و بازده گزینش بیشتر خواهد بود (Fehr, 1991; Ehdai and Ghadri, 1973). تحقیقات نشان داده است که صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات با وراثت‌پذیری بالا نسبت به صفات با وراثت‌پذیری پایین بیشتر است (Villumsen et al., 2009). زیرا هر چه وراثت‌پذیری صفت بیشتر باشد، فنوتیپ فرد به ارزش ژنتیکی فرد نزدیک‌تر بوده و در نتیجه ارزش اصلاحی افراد به طور دقیق‌تری برآورد می‌شود (Piepho et al., 2008). از طرف دیگر، برآورد وراثت‌پذیری علاوه بر نوع صفت، تحت تأثیر جمعیت مورد مطالعه، شرایط محیطی و روش اندازه‌گیری فنوتیپ نیز قرار می‌گیرد (Fehr, 1991). بلوم (Blum, 2011) اعتقاد دارد که واریانس ژنتیکی و وراثت‌پذیری برای یک صفت (مانند عملکرد) در شرایط نرمال و تنش محیطی متفاوت است و نسبت پیشرفت ژنتیکی به وسیله انتخاب در این دو شرایط محیطی برابر نیست به‌طوری‌که علت کاهش وراثت‌پذیری تحت شرایط تنش که موجب کاهش در عملکرد می‌شود را به واریانس ژنتیکی پایین و واریانس محیطی بالا برای عملکرد در محیط انتخاب نسبت داده‌اند.

در این تحقیق، در شرایط نرمال بالاترین وراثت‌پذیری خصوصی متعلق به وزن تر ریشه و کمترین مقدار متعلق به وزن

صفات ارزش اصلاحی نشان دادند (جدول ۹) قابل انتظار بود. ژنوتیپ‌های گروه ششم برای صفات تاریخ گلدهی، ارتفاع بوته و تعداد برگ میانگین ارزش اصلاحی بالاتر از میانگین کل دارا بودند (شکل ۱ و جدول ۹).

در شرایط تنش گل‌جالیز ۵ گروه و هریک به ترتیب با ۲۲، ۷، ۴۴، ۱۵ و ۱ ژنوتیپ شناسایی شد (شکل ۲). گروه اول با ۲۲ ژنوتیپ، تنها برای صفت ارتفاع بوته میانگین بالاتر از میانگین کل را دارا بود و در صفات تاریخ گلدهی، سطح برگ، وزن تر و خشک برگ، وزن تر و خشک ریشه و وزن تر و خشک بوته کمترین میانگین نسبت به میانگین کل را داشت (شکل ۲ و جدول ۱۰). ۷ ژنوتیپ موجود در گروه دوم مقدار ارزش اصلاحی بالاتر از میانگین کل را برای تمامی صفات دارا بودند و در صفات وزن خشک ریشه و وزن خشک بوته بیشترین انحراف از میانگین کل را دارا بودند (شکل ۲ و جدول ۱۰). گروه سوم با ۴۴ ژنوتیپ برای تمامی صفات به جز ارتفاع بوته و تعداد برگ میانگین بالاتر از میانگین کل را دارا بود. گروه چهارم با ۱۵ ژنوتیپ در صفات ارتفاع بوته، تعداد برگ، وزن تر و خشک ریشه و وزن تر و خشک بوته میانگین بالاتر از میانگین کل را دارا بود (شکل ۲ و جدول ۱۰). ژنوتیپ *Rustica* به عنوان تنها ژنوتیپ موجود در گروه پنجم بیشترین انحراف از میانگین کل را برای تمامی صفات به جز تعداد برگ و ارتفاع بوته دارا بود (شکل ۲ و جدول ۱۰).

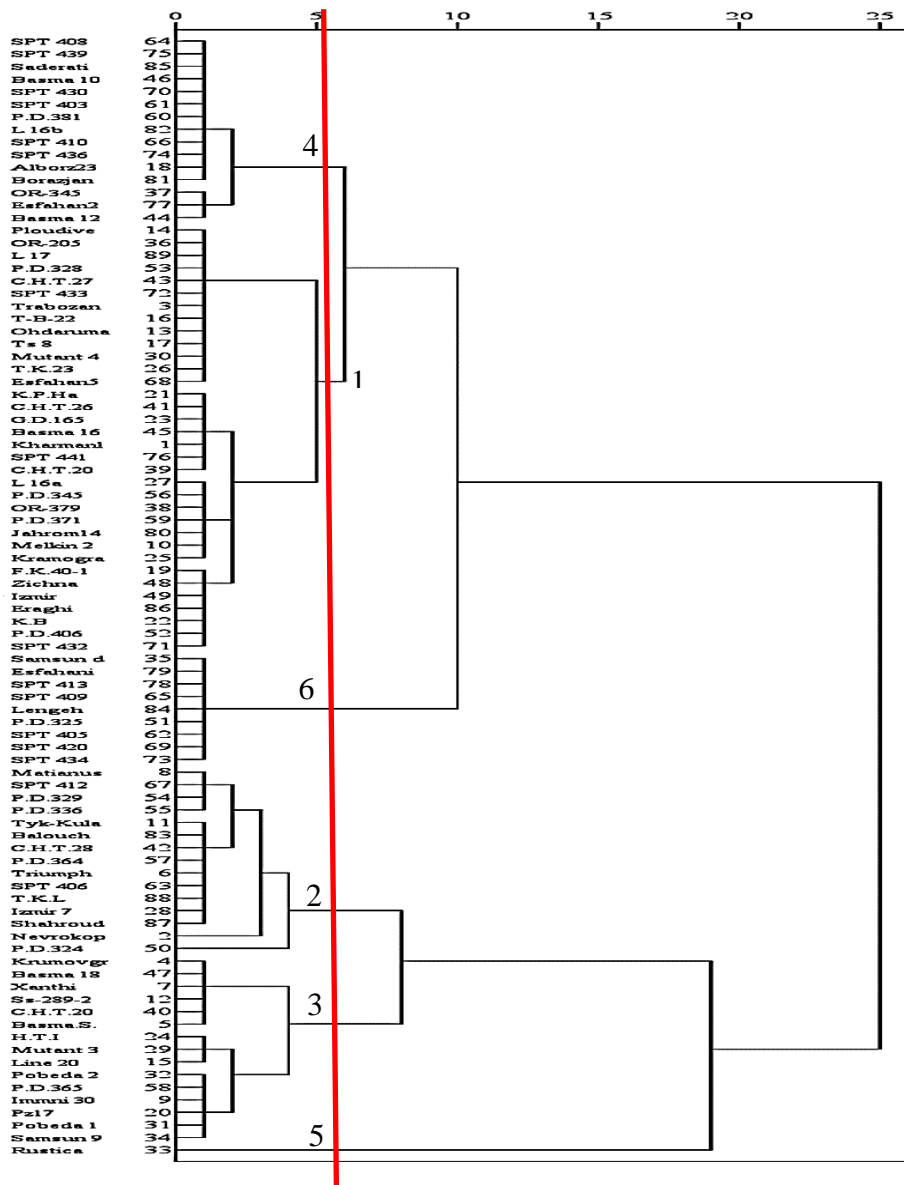
نتایج حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز تا حد بسیار زیادی در تطابق با یکدیگر بوده و نشان می‌دهد که ژنوتیپ *Rustica* در مجموع دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز به‌طور ثابت و به‌تنهایی گروهی را تشکیل می‌دهد که ارزش‌های اصلاحی بالا برای صفات مورد مطالعه داشتند و این نتایج در تطابق با یافته‌های حاصل از آنالیزهای تک‌متغیره در دو شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز بود؛ که در آن ژنوتیپ *Rustica* بیشترین ارزش اصلاحی وزن تر برگ و عملکرد وزن خشک برگ، سطح برگ، وزن تر و خشک ریشه و وزن خشک بوته را در شرایط نرمال و همچنین بالاترین ارزش اصلاحی را برای صفات وزن تر برگ و عملکرد وزن خشک برگ و سطح برگ در شرایط گل‌جالیز دارا بود. از تجزیه خوشه‌ای در

به‌طور جداگانه انجام گرفت (شکل ۱ و ۲). برای تعیین محل برش دندروگرام، تجزیه‌ی تابع تشخیص انجام شد (جدول ۷ و ۸). براساس نتایج این تجزیه و همچنین به لحاظ فواصل ادغام بهترین محل برش دندروگرام در شرایط نرمال در فاصله‌ی واحد ۵/۱ و در شرایط تنش گل‌جالیز در فاصله‌ی ۴/۹ از نمودار درختی تعیین گردید و با این برش به ترتیب ۶ و ۵ گروه در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز حاصل شد (شکل ۱ و ۲). با توجه به نتایج حاصل از تجزیه تابع تشخیص، گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها در شرایط نرمال و تنش گل‌جالیز به ترتیب با احتمال ۹۲/۱ درصد و ۹۱ درصد به درستی انجام گرفته است (جدول ۷ و ۸). به منظور تعیین ویژگی‌های هر گروه از نظر کلیه صفات مورد مطالعه، انحراف از میانگین ارزش اصلاحی کل برای هر گروه محاسبه گردید (جدول ۹ و ۱۰). این انحرافات تا حدودی می‌تواند نشان‌دهنده وجود تنوع در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه باشد. در شرایط نرمال در گروه‌های اول تا ششم به ترتیب، ۳۴، ۱۵، ۱۵، ۱ و ۹ ژنوتیپ قرار گرفتند (شکل ۱). در این شرایط (نرمال) ژنوتیپ‌های گروه اول با ۳۴ ژنوتیپ، میانگین بالاتر از میانگین ارزش اصلاحی کل را در صفات تاریخ گلدهی، تعداد برگ، وزن تر بوته و وزن خشک بوته دارا بودند (شکل ۱ و جدول ۷). گروه دوم با ۱۵ ژنوتیپ، برای صفات سطح برگ، وزن تر و خشک برگ، وزن تر و خشک ریشه و وزن تر و خشک بوته میانگین بالاتر از میانگین کل را دارا بودند. گروه سوم با ۱۵ ژنوتیپ، در صفات تاریخ گلدهی، ارتفاع بوته و تعداد برگ بیشترین میانگین را نسبت به میانگین کل ارزش اصلاحی را در بین سایر خوشه‌ها دارا بودند (شکل ۱ - A و جدول ۹). گروه چهارم با ۱۵ ژنوتیپ میانگین بالاتر از میانگین کل ارزش اصلاحی را تنها برای صفت وزن خشک برگ داشت. ژنوتیپ *Rustica* تنها ژنوتیپ موجود در گروه پنجم است که بیشترین مقدار انحراف از میانگین کل ارزش اصلاحی را برای اکثر صفات مانند وزن تر و خشک برگ، وزن تر و خشک بوته، وزن تر و خشک ریشه و سطح برگ دارا بود (شکل ۱ و جدول ۹). قرار گرفتن ژنوتیپ *Rustica* به تنهایی در یک گروه با توجه به داشتن ارزش اصلاحی معنی‌دار برای اکثر صفات در مقایسه با دیگر ژنوتیپ‌ها که تنها برای برخی از

هدف متخصصین اصلاح‌نیات از دسته‌بندی ژنوتیپ‌های مختلف، پی‌بردن به فاصله ژنتیکی بین آن‌ها و استفاده از تنوع ژنتیکی موجود در آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی می‌باشد (Johnson and Wichem, 2007). به‌طور بالقوه تلاقی بین ژنوتیپ‌های دارای حداکثر فاصله ژنتیکی به‌عنوان والد مناسب می‌تواند باعث بهبود ژنتیکی تحمل به تنش شود (Blum, 2011).

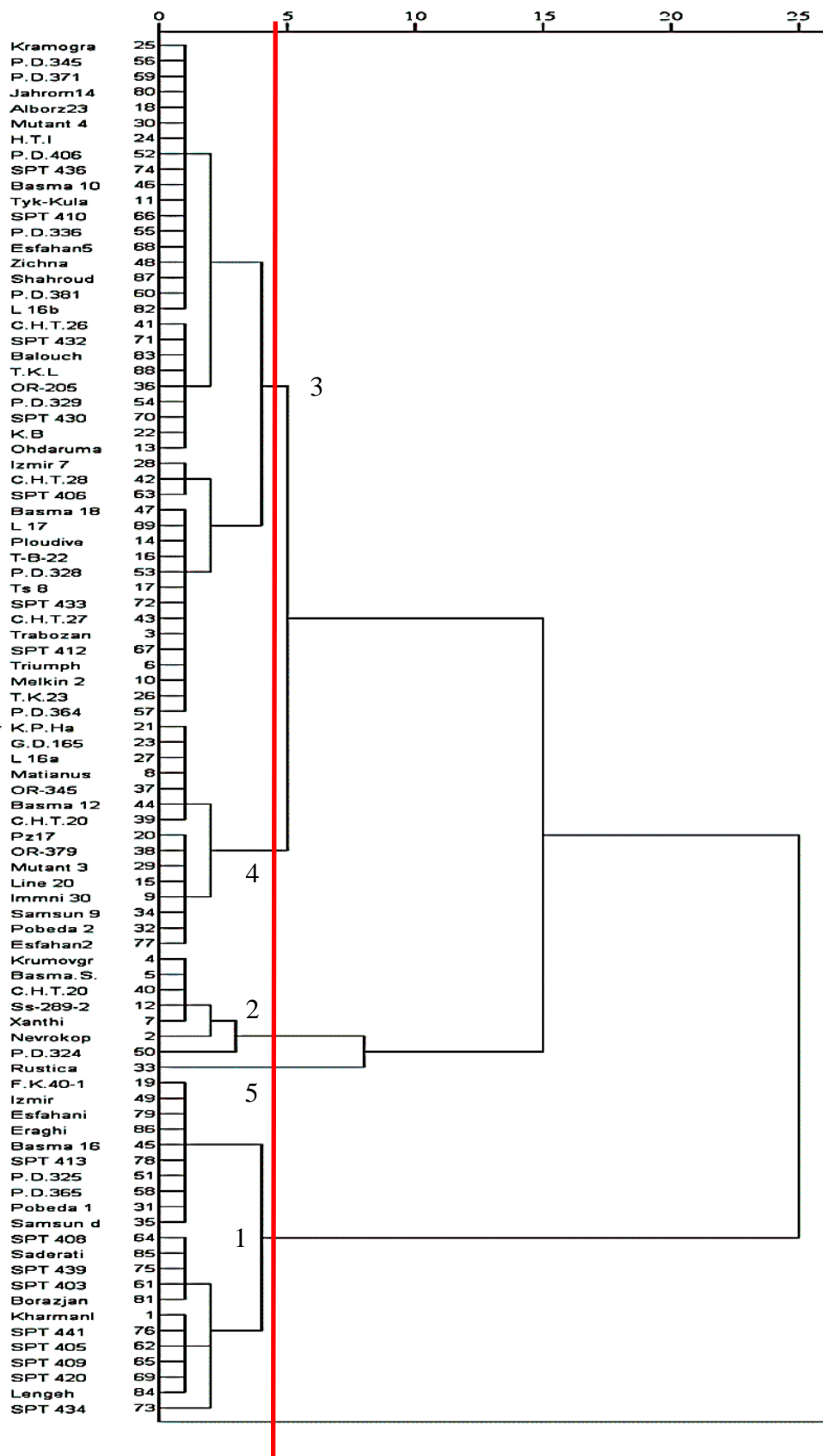
بررسی‌های مختلف در توتون برای گروه‌بندی افراد استفاده شده است ولی در تمام موارد از میانگین نمود فنوتیپی صفات برای گروه‌بندی استفاده شده است (Hosseinzadeh *et al.*, 2015; Salavati Meybodi *et al.*, 2017; Hatami Maleki *et al.*, 2012). در مطالعات معدودی برای گروه‌بندی افراد با استفاده از تجزیه خوشه‌ای از ورودی‌های دیگر مثلاً ترکیب‌پذیری خصوصی در ذرت استفاده شده است (Laude *et al.*, 2015).

ضریب فاصله (Distance coefficient)



شکل ۱- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های توتون به روش Ward بر اساس ارزش اصلاحی صفات در شرایط نرمال
Figure 1. Grouping of tobacco genotypes using Ward's method bases on breeding value of traits in normal conditions

ضریب فاصله (Distance coefficient)



شکل ۲- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های توتون به روش Ward بر اساس ارزش اصلاحی صفات در شرایط تنش گل‌جالیز
 Figure 2. Grouping of tobacco genotypes using Ward's method bases on breeding value of traits in broomrape stress conditions

جدول ۷- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های توتون بر اساس ارزش اصلاحی در شرایط نرمال
Table 7. Results of canonical discriminant functions for accuracy classification tobacco genotypes based on breeding value under normal condition

کلاستر Ward method		Predicted group membership						جمع کل Total	
		گروه‌های پیش‌بینی شده براساس تجزیه تابع تشخیص							
		1	2	3	4	5	6		
اصلی Original	مجموع Count	1	31	0	2	1	0	0	34
		2	0	14	0	1	0	0	15
		3	0	1	14	0	0	0	15
		4	0	0	0	14	0	1	15
		5	0	0	0	0	1	0	1
		6	0	0	0	1	0	8	9
اصلی Original	%	1	91.2	0.0	5.9	2.9	0.0	0.0	100.0
		2	0.0	93.3	0.0	6.7	0.0	0.0	100.0
		3	0.0	6.7	93.3	0.0	0.0	0.0	100.0
		4	0.0	0.0	0.0	93.3	0.0	6.7	100.0
		5	0.0	0.0	0.0	0.0	100.0	0.0	100.0
		6	0.0	0.0	0.0	11.1	0.0	88.9	100.0

۹۲/۱ درصد از ژنوتیپ‌ها به درستی گروه‌بندی شده‌اند.

92.1% of original grouped cases were correctly classified.

جدول ۸- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های توتون بر اساس ارزش اصلاحی در شرایط تنش گل‌جالیز
Table 8. Results of canonical discriminant functions for accuracy classification tobacco genotypes based on breeding value under broomrape stress conditions

کلاستر Ward method		Predicted group membership					جمع کل Total	
		گروه‌های پیش‌بینی شده براساس تجزیه تابع تشخیص						
		1	2	3	4	5		
اصلی Original	مجموع Count	1	21	0	1	0	0	22
		2	0	7	0	0	0	7
		3	1	1	39	3	0	44
		4	1	0	1	13	0	15
		5	0	0	0	0	1	1
		1	95.5	0	4.5	0	0	100
اصلی Original	%	2	0.0	100	0	0	0	100
		3	2.3	2.3	88.6	6.8	0	100
		4	6.7	0	6.7	86.7	0	100
		5	0	0	0	0	100	100
		1	91	0	0	0	0	100

۹۱ درصد از ژنوتیپ‌ها به درستی گروه‌بندی شده‌اند.

91% of original grouped cases were correctly classified.

جدول ۹- انحراف از میانگین کل ارزش اصلاحی صفات در ۶ گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط نرمال
Table 9. Deviation from total means of breeding values of traits for six groups obtained from cluster analysis under normal conditions

کلاستر Cluster	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (سانتی‌متر مربع) Leaf area (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Plant Fresh weight (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Plant dry weight (gr)
1	2.74	-1.96	7.23	-267.79	-3.99	-8.18	-1.76	-0.44	1.25	0.24
2	-11.81	-0.11	-15.65	1287.16	21.53	31.61	6.61	1.44	5.37	2.31
3	11.91	21.47	7.68	96.50	9.35	-10.32	6.01	2.30	14.54	3.91
4	-5.09	-10.72	-8.73	-186.99	-8.43	4.93	-2.73	-1.21	-12.69	-3.75
5	-105.25	-134.83	-3.71	7319.34	96.98	268.91	33.99	5.97	18.32	11.02
6	9.67	4.65	0.95	-1796.06	-33.10	-42.70	-13.60	-3.24	-18.76	-6.26

جدول ۱۰- انحراف از میانگین کل ارزش اصلاحی صفات در ۵ گروه حاصل از تجزیه خوشه‌ای در شرایط تنش گل‌جالیز

Table 10. Deviation from total means of breeding values of traits for five groups obtained from cluster analysis in broomrape stress conditions

کلاستر Cluster	تاریخ گلدهی Flowering date	ارتفاع بوته (سانتی‌متر) Plant height (cm)	تعداد برگ No. of leaf	سطح برگ (سانتی‌متر مربع) Area leaf (cm ²)	وزن تر برگ (گرم) Fresh weight leaf (gr)	وزن خشک برگ (گرم) Dry weight leaf (gr)	وزن تر ریشه (گرم) Fresh weight root (gr)	وزن خشک ریشه (گرم) Dry weight root (gr)	وزن تر بوته (گرم) Fresh weight plant (gr)	وزن خشک بوته (گرم) Dry weight plant (gr)
1	-3.78	10.49	-2.55	-499.69	-19.60	-5.63	-6.25	-1.41	-12.79	-3.07
2	6.24	7.93	10.01	779.94	29.44	8.61	9.38	1.87	23.28	5.44
3	1.13	-11.97	-2.03	112.55	5.93	1.70	0.86	0.14	1.01	0.41
4	-1.43	29.26	6.85	-35.77	-9.60	-2.44	1.50	0.68	3.29	0.59
5	11.46	-198.30	-27.38	1117.93	108.12	25.40	11.67	1.55	24.90	2.59

گل‌جالیز باعث کاهش وراثت‌پذیری خصوصی بعضی از صفات شد. در مجموع دو شرایط، در رابطه با تمامی صفات، با توجه به مقدار کم وراثت‌پذیری خصوصی برآورد شده، می‌توان گفت که نقش اثرات غیرافزایشی ژن‌ها به مراتب بیشتر از اثرات افزایشی ژن‌ها می‌باشد. با توجه به اینکه برآورد ارزش اصلاحی در گیاهان زراعی تا به حال کمتر انجام گرفته است، نتایج ارائه شده در این پژوهش می‌تواند برای انتخاب بهترین فرد از لحاظ ارزش اصلاحی برای صفات مورد مطالعه استفاده گردد. نتایج بررسی نشان داد ژنوتیپی که عملکرد اقتصادی خوبی دارد ممکن است ارزش اصلاحی آن کم باشد. بنابراین در نظر گرفتن اطلاعات ارزش اصلاحی در کنار میانگین فنوتیپی صفات می‌تواند کارایی برنامه‌های اصلاحی را افزایش دهد. ژنوتیپ *Rustica* به‌عنوان بهترین فرد شناسایی شده از لحاظ ارزش اصلاحی صفات مورد مطالعه در تلاقی با ژنوتیپ *C.H.T.209.12e × F.K.40-1* به‌عنوان بهترین فرد شناسایی شده از لحاظ شاخص‌های تحمل و عملکردی بطور بالقوه می‌تواند به‌عنوان والدین در تولید جوامع در حال تفرق در پروژه‌های مکان‌یابی ژن‌های مقاومت و به‌نژادی برای مقاومت به انگل گل‌جالیز استفاده شود.

ژنوتیپ *Rustica* با وجود داشتن ارزش اصلاحی بالا برای بیشتر صفات، اما از نظر شاخص تحمل و شاخص عملکردی مقادیری پایینی را داشت. از این رو با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها براساس ارزش اصلاحی و نتایج حاصل از مقادیر شاخص‌های تحمل و عملکردی می‌توان در شرایط نرمال از تلاقی بین ژنوتیپ‌های گروه پنجم (ژنوتیپ *Rustica* به‌عنوان تنها ژنوتیپ موجود) و سوم و در شرایط تنش گل‌جالیز از تلاقی گروه پنجم با ژنوتیپ‌های گروه دوم (که شامل ژنوتیپ‌های *Xanthi*, *Basma.S.31*, *Krumovgraid* و *Ss-289-2* و *C.H.T.209.12e × F.K.40-1* با عملکرد بالا و شاخص تحمل بیشتر به تنش می‌باشند)، جهت دستیابی به ژنوتیپ‌هایی مطلوب بهره جست.

در این مطالعه ارزش اصلاحی ۸۹ ژنوتیپ توتون شرقی برآورد شده است. نتایج نشان داد که ارزش اصلاحی صفاتی مانند سطح برگ، ارتفاع بوته، وزن تر و خشک بوته، وزن تر و خشک ریشه و وزن خشک بوته در بیشتر ژنوتیپ‌ها نسبت به شرایط نرمال کاهش و ارزش اصلاحی صفاتی مانند تاریخ گلدهی، تعداد برگ و وزن تر بوته در شرایط تنش گل‌جالیز افزایش یافت. تنش

References

- Abdulahi, A. and Mohammadi, R.** (2008). Evaluating the Response of Bread Wheat Genotypes to Weed Interference under Dryland Conditions. *Journal of Crop Production and Processing*, **11(42)**: 93-102 (In Persian).
- Akram-Ghaderi, F. and Soltani, A.** (2012). Leaf area relationships to plant vegetative characteristics in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) grown in a temperate sub-humid environment. *International Journal of Plant Production*, **1(1)**: 63-71.

- Arslan, B. and Okunus, A.** (2006). Genetic and geographic polymorphism of cultivated tobaccos (*Nicotiana tabacum*) in Turkey. *Russian Journal of Genetics*, **42**: 667-671.
- Bartlett, M.S.** (1937). Properties of sufficiency and statistical tests. *Proceedings of the Royal Statistical Society (Series A)*, **160**: 268-282.
- Bauer, A.M., Reetz, T.C. and Léon, J.** (2006). Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (blup) and genetic similarities. *Crop Science*, **46(6)**: 2685-2691.
- Bernardo, R.** (1994). Prediction of maize single-cross performance using rflps and information from related hybrids. *Crop Science*, **34(1)**: 20-25.
- Bernardo, R.** (2010). *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. Stemma Press, Woodbury, New York, USA.
- Bindler, G., Plieske, J., Bakaher, N., Gunduz, I., Ivanov, N., Van der Hoeven, R., Ganal, M. and Donini, P.** (2011). A high-density genetic map of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) obtained from large scale microsatellite marker development. *Theoretical and Applied Genetics*, **123**: 219-230.
- Bindler, G., Van der Hoeven, R., Gunduz, I., Plieske, J., Ganal, M., Rossi, L., Gadani, F. and Donini, P.** (2007). A microsatellite marker-based linkage map of tobacco. *Theoretical and Applied Genetics*, **114**: 341-349.
- Bousslama, M. and Schapaugh, W.** (1984). Stress tolerance in soybeans. I. Evaluation of three screening techniques for heat and drought tolerance 1. *Crop Science*, **24(5)**: 933-937.
- Blum, A.** (2011). *Plant Breeding for Water-Limited Environments*. Springer, New York, USA.
- Bradbury, P.J., Zhang, Z., Kroon, D.E., Casstevens, T.M., Ramdoss, Y. and Buckler, E.S.** (2007). TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, **23**: 2633-2635.
- Butorac, A., Tursic, I., Mesic, M. Butorac, J., Basic, F., Vuletic, N., Kistic, I., Berdin, M. and Djakovic, Z.** (2004). The effect of tobacco monoculture and crop rotation on tobacco leaf composition. *Bodenkultur-Wien Munchen*, **55(3)**:129-134.
- Chowdhry, M.A., Rasool, I., Khaliq, I., Mahmood, T. and Gilani, M.M.** (1999). Genetics of some biometric traits in spring wheat under normal and drought environment. *Barley and Wheat Newsletter*, **18(1)**: 34-39.
- Coates, S.T. and White, D.G.** (1998). Inheritance of resistance to gray leaf spot in crosses involving selected resistant inbred lines of corn. *Physiopathology*, **88**: 972-982.
- Darvishzadeh, R., Alavi, S.R. and Sarafi, A.** (2009). Genetic variability for chlorine concentration in oriental tobacco genotypes. *Archives of Agronomy and Soil Science*, **57**: 167-177.
- Davalieva, K., Maleva, L., Filiposki, K., Spiroski, O. and Efremov, G.D.** (2010). Genetic variability of Macedonian tobacco varieties determined by microsatellite marker analysis. *Diversity*, **2**: 439-449.
- De Souza, V.A., Byrne, D.H. and Taylor, J.F.** (2000). Predicted breeding values for nine plant and fruit characteristics of 28 peach genotypes. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, **125(4)**: 460-465.
- Ehdaei, B. and Ghadri, A.** (1973). *Diallel Method and Using in Plant Breeding*. Shahid Chamran University of Ahvaz Press, Ahvaz, IR (In Persian).
- El-Morsy, S.I., Dorra, M.D.M., Elham, A.A.E., Atef, A.A.H. and Ahmed, Y.M.** (2009). Comparative studies on diploid and tetraploid levels of *Nicotiana glauca*. *Academic Journal of Plant Sciences*, **2**: 182-188.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C.** (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Pearson, Harlow, UK.
- Fehr, W.** (1991). *Principles of Cultivar Development: Theory and Technique*. Macmillan Publishing, Equitable Building; New York, USA.
- Fernandez, G.C.** (1992). Effective selection criteria for assessing plant stress tolerance. Paper presented at the Proceeding of the International Symposium on Adaptation of Vegetables and other Food Crops in Temperature and Water Stress, Aug. 13-16, Shanhua, Taiwan.
- Fresnedo-Ramirez, J., Frett, T.J., Sandefur, P.J., Salgado, A.A., Clark, J.R., Gasic, K., Peace, C., Anderson, N., Hartmann, T.P., Byrne, D.H., Bink, M., Van de Weg, E., Crisosto, C.H. and Gradziel, T.M.** (2016). QTL mapping and breeding value estimation through pedigree-based analysis of fruit size and weight in four diverse peach breeding programs. *Tree Genetics and Genomes*, **12(2)**: 25. DOI 10.1007/s11295-016-0985-z
- Gavuzzi, P., Rizza, F., Palumbo, M., Campanile, R., Ricciardi, G. and Borghi, B.** (1997). Evaluation of field and laboratory predictors of drought and heat tolerance in winter cereals. *Canadian Journal of Plant Science*, **77(4)**: 523-531.
- Hallauer, A.R., Carena, M.J. and Miranda, F.J.B.** (2010). *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer, New York, USA.

- Hatami Maleki, M.H., Karimzadeh, G., Darvishzadeh, R. and Alavi, R.** (2012). Genetic variation of oriental tobaccos using multivariate analysis. *Iranian Journal of Field Crops Research*, **10(1)**: 100-106 (In Persian).
- Hatami Maleki, M.H., Darvishzadeh, R. and Mohseni, Z.** (2014). Evaluation of genetic diversity and classification of advanced sunflower lines using ISSR markers. *Agricultural Biotechnology Journal*, **3**: 33-44 (In Persian).
- Henderson, C.** (1990). *Statistical Methods in Animal Improvement*. Springer, New York, USA.
- Hoseinpour, F., Darvishzadeh, R. and Abdollahi, B.** (2019). Study on expression of transcription factors WRKY and AP2Domain in oily sunflower under salt stress. *Genetic Engineering and Biosafety Journal*, **8(2)**: 171-180 (In Persian).
- Hosseinzadeh, F.N., Shahadati, M.Z., Kiani, G., Salavati, M.R., Zamani, P., Mahdavi, A. and Alinejad, R.** (2015). Investigation of genetic diversity among different oriental tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) varieties using multivariate methods. *Journal of Crop Breeding*, **7(15)**: 126-134 (In Persian).
- Hayman, B.I.** (1954). The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, **39**: 789-809.
- Imai, A., Kuniga, T., Yoshioka, T., Nonaka, K., Mitani, N., Fukamachi, H., Hiehata, N., Yamamoto, M., Hayashi, T.** (2016). Evaluation of the best linear unbiased prediction method for breeding values of fruit-quality traits in citrus. *Tree Genetics and Genomes*, **12(6)**: 119.
- Isik, F., Holland, J. and Maltecca, C.** (2017). *Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding*. Springer, New York, USA.
- Johnson, R.A. and Wichern, D.W.** (2007). *Applied Multivariate Statistical Analysis*. Prentice Hall International, INC. New Jersey, USA.
- Kearsey, M.J. and Pooni, H.S.** (1996). *The genetical analysis of quantitative traits*. London: Chapman and Hall, London, UK.
- Kiani, S., Babaeian, J.N., Ranjbar, G.A., Kazemitabar, S.K. and Nowrozi, M.** (2015). The genetical evaluation of quantitative traits in rice (*Oryza sativa* L.) by generation mean analysis. *Journal of Crop Breeding*, **7(15)**: 105-114 (In Persian).
- Lakshmish, K.J. and Shivanna, H.** (1999). Correlation and path analysis in FCV tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). Mysore. *Journal of Agricultural Sciences*, **33(1)**: 45-48.
- Laude, T.P. and Carena, M.J.** (2015). Genetic diversity and heterotic grouping of tropical and temperate maize populations adapted to the northern U.S. corn belt. *Euphytica*, **204**: 661-677.
- Mackay, T.F.C.** (2001). The genetic architecture of quantitative traits. *Annual Review of Genetics*, **35**: 303-339.
- Martinez-Garcia, P.J., Famula, R., Leslie, C.A., Mcgranahan, G.H., Famula, T.R. and Neale, D.B.** (2017). Predicting breeding values and genetic components using generalized linear mixed models for categorical and continuous traits in walnut (*Juglans regia*). *Tree Genetics and Genomes*, **13(5)**: 109. DOI 10.1007/s11295-017-1187-z
- Mather, K. and Jinks, J.L.** (1982). *Biometrical Genetics*. Chapman & Hall, London, UK.
- Mohammadi, S.A. and Prasanna, B.M.** (2003) Review and interpretation analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools. *Crop Science*, **43**: 1235-1248.
- Moon, H., Nifong, J., Nicholson, J., Heineman, A., Lion, K., Van der Hoeven, R., Hayes, A. and Lewis, R.** (2009). Microsatellite-based analysis of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) genetic resources. *Crop Science*, **49(6)**: 2149-2159.
- Moro, J. and Denis, J.B.** (1997). selecting genotypes by clustering, for qualitative genotype by environment using a non-symmetric inferiority score. *Agronomie*, **17(5)**: 283-289.
- Parand, M., Yamchi, A., Soltanloo, H., Zaynalinejad, K.** (2019). Study of morphological traits and genetic diversity of low molecular weight glutenin subunits in some bread wheat cultivars using SRAP markers. *Journal of Crop Breeding*, **10(28)**: 38-49 (In Persian).
- Patterson, H.D. and Thompson, R.** (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, **58(3)**: 545-554.
- Piepho, H., Möhring, J., Melchinger, A. and Büchse, A.** (2008). BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*, **161(1-2)**: 209-228.
- Pour-Aboughadareh, A., Yousefian, M., Moradkhani, H., Moghaddam Vahed, M., Poczai, P. and Siddique, K.H.** (2019). iPASTIC: An online toolkit to estimate plant abiotic stress indices. *Applications in Plant Sciences*, **7(7)**: 11278.
- Quddus, M.R., Rahman, M.A., Jahan, N., Debsharma, S.K., Disha, R.F., Hasan, M.M., Aditya, T.L., Iftekharuddaula, K.M. and Collard, B.C.** (2019). Estimating pedigree-based breeding values and stability parameters of elite rice breeding lines for yield under salt stress during the boro season in Bangladesh. *Plant Breeding and Biotechnology*, **7(3)**: 257-271.

- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Campos, B., Vivas, M. and Amaral Junior, A.T. (2017). Selection via mixed models in segregating guava families based on yield and quality traits. *Revista Brasileira de Fruticultura*, **39(2)**: Doi.org/10.1590/0100-29452017866.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., da Luz, L.N., Cardoso, D.L. and Ferregueti, G.A. (2014). Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. *American Journal of Plant Sciences*, **5(20)**: 2973.
- Redhu, A.S., Singh, R.K. and Luthara, O.P. (1986). Genetic analysis of grain yield and its components in some leaf rust resistance genotypes of wheat. *Haryana Agricultural University Journal of Research*, **16(3)**: 228-232.
- Resende, R.M.S., Jank, L., Valle, C.B.D. and Bonato, A.L.V. (2004). Biometrical analysis and selection of tetraploid progenies of *Panicum maximum* using mixed model methods. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, **39(4)**: 335-341.
- Rispail, N., Dita, M.A. González-Verdejo, C., Pérez-de-Luque, A., Castillejo, M.A., Prats, E., Román, B., Jorrín, J. and Rubiales, D. (2007). Plant resistance to parasitic plants: molecular approaches to an old foe. *New Phytologist*, **173(4)**: 703-712.
- Roudbari, Z., Mohammadi-Nejad, G. and Shahsavand-Hassani, H. (2017). Field screening of primary and secondary tritipyrum genotypes using selection indices based on blup under saline and normal conditions. *Crop Science*, **57(3)**: 1495-1503.
- Redhu, A.S., Singh, R.K. and Luthara, O.P. (1986). Genetic analysis of grain yield and its components in some leaf rust resistance genotypes of wheat. *Haryana Agricultural University Journal of Research*, **16(3)**: 228-232.
- Rezvani Moghaddam, P., Mohammad Abadi, A. and Moradi, R. (2010). Effects of chemical and organic fertilizers on yield and components yield of sesame (*Sesamum indicum* L.) under different plant density. *Journal of Agroecology*, **2(2)**: 256-265.
- Rubiales, D., Pérez-de-Luque, A., Cubero, J. and Sillero, J. (2003). Crenate broomrape (*orobanche crenata*) infection in field pea cultivars. *Crop Protection*, **22(6)**: 865-872.
- Sadeghi, F. and Rahimi, M. (2017). The use of cluster analysis for best lines selection in Maize at S6 generation. *Journal of Crop Breeding*, **8(20)**: 91-98 (In Persian).
- Saeidi, M.S., Torabi, A. and Aghabeygi, F. (2010). Notes on the genus orobanche (*Orobanchaceae*) in iran. *The Iranian Journal of Botany*, **16(1)**: 107-113 (In Persian).
- Salavati Meybodi, M.R., Ranjbar, G.A. Kazemitabar, S.K. and Najafi Zarrini, H. (2017). Investigation of heritability and genetic diversity among tobacco genotypes using issr markers and morpho-physiological traits. *Plant Genetic Researches*, **4(1)**: 75-88 (In Persian).
- SAS-Institute-Inc. (2014). *Base SAS 9.4 Procedures Guide: Statistical Procedures, Third Edition*. SAS Institute Inc., Cary, North Carolina, USA.
- Schneeweiss, G.M., Palomeque, T., Colwell, A.E. and Weiss-Schneeweiss, H. (2004). Chromosome numbers and karyotype evolution in holoparasitic orobanche (*Orobanchaceae*) and related genera. *American Journal of Botany*, **91(3)**: 439-448.
- Searle, S.R., Casella, G. and McCulloch, C.E. (2009). *Variance Components*. John Wiley & Sons, New Jersey, USA.
- Shapiro, S.S. and Wilk, M.B. (1965). An analysis of variance test for normality. *Biometrika*, **52**: 591-599.
- Sillero, J.C., Villegas-Fernández, A.M., Thomas, J., Rojas-Molina, M.M., Emeran, A.A., Fernández-Aparicio, M. and Rubiales, D. (2010). *Faba bean* breeding for disease resistance. *Field Crops Research*, **115(3)**: 297-307.
- Vaghari, A.E., Hatami, M.H., Basirnia, A., Ahmadi, D. and Darvishzadeh, R. (2015). Evaluation of genetic variation in some Iranian oriental and semi oriental tobacco germplasms by using simple sequence repeat markers. *Modern Genetics Journal*, **9(4)**: 517-523 (In Persian).
- Villumsen, T.M. and Janss, L. (2009). Bayesian genomic selection: The effect of haplotype length and priors. *BMC Proceedings*, **3**: PMC2654492, Doi: 10.1186/1753-6561-3-s1-s11.

Estimating Breeding Value of Agronomic Traits in Oriental Tobacco Genotypes under Broomrape Stress and Normal Conditions

Maryam Tahmasbali¹, Reza Darvishzadeh^{2,*} and Amir Fayaz Moghaddam³

- 1- Ph.D. Student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran
- 2- Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran
- 3- Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran

(Received: December 28, 2019 – Accepted: September 5, 2020)

Abstract

In a breeding program, it is important to find out information about the genes action, because knowledge in this field could help the researchers in their crossing programs and realizing effective selection. In this study, breeding values of different agronomic traits in oriental tobacco were predicted using the best linear unbiased prediction (BLUP) procedure. For this purpose, 89 tobacco genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications under normal (without broomrape) and stress (with broomrape) conditions at Urmia Tobacco Research Centre, during two successive years. Broomrape stress was applied by mixing 0.06 gr broomrape seed with soil in pots. C.H.T.209.12e × F.K.40-1 genotype had high yield under both normal and broomrape stress conditions and was one of the desirable genotypes in terms of yield tolerance and stability index. The Rustica genotype was the best genotype in terms of the breeding value of most of studied traits in both normal and broomrape stress conditions. The result from cluster analysis based on the breeding values of the studied traits showed that, tobacco genotypes were divided into 6 and 5 groups in normal and broomrape stress conditions, respectively; but the distribution of genotypes within the groups was different depending on the conditions. The highest heritability was observed for root fresh weight under normal condition and for leaf fresh weight under broomrape stress conditions. The results showed that a genotype with good phenotypic performance may have low breeding value. Therefore, considering breeding value information along with phenotypic mean of traits can increase the efficiency of breeding programs.

Keywords: Breeding value, Broomrape, Heritability, Obligate parasite, Source of resistance, Tobacco

* Corresponding Author, E-mail: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir