دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی مقاومت تعدادی از ژنوتیپ‌های گندم نان نسبت به بیماری‌های لکه برگی سپتوریایی و بادزدگی فوزاریومی سنبله

معصومه خیرگو[۱]، ناصر پنجه‌که[۲] و فاختک طلیعی[۳]

۱- دانشجوی دکتری بیماری‌شناسی گیاهی، دانشگاه زابل، (نویسنده مسوول: mkheirgoo@gmail.com)
۲- دانشیار، دانشگاه زابل
۳- استادیار، دانشگاه گنبد

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۰۵/۰۹ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۰۶/۳۰
صفحه: ۱۵۱ تا ۱۵۹

چکیده

از ارقام مقاوم به‌عنوان روشی موثر در مدیریت بیماری‌های لکه برگی سپتوریایی و بادزدگی فوزاریومی سنبله گندم استفاده می‌شود. این پژوهش به‌منظور شناسایی منابع جدید مقاومت به این بیماری‌ها در بین تعداد زیادی از ارقام ایرانی و ژنوتیپ‌های جدید گندم انجام گرفت. ژنوتیپ‌ها در قالب طرح آگمنت در استان گلستان و در سال زراعی ۹۷-۱۳۹۶ کشت شدند. آلودگی مصنوعی ژنوتیپ‌ها با پخش کردن برگ‌های آلوده و تلقیح سوسپانسیون اسپور انجام شد و از واکنش ژنوتیپ‌ها نسبت به عوامل بیماریزا یادداشت‌برداری صورت گرفت. تجزیه کلاستر ژنوتیپ‌ها را در ۷ گروه قرار داد، به‌طوری‌که گروه‌های ۳ و ٤ به‌ترتیب مقاوم و حساس بودند. ژنوتیپ‌های شماره ۳ (هیرمند)، ٦، ۱۰، ۱۲، ۱۳ (گلستان)، ۳۸ (آفتاب)، ٤۰ (قابوس)، ٤٤ (پیشتاز)، ۵۱، ۵۲ (شوش)، ۵۹ (پاستور)، ٦٤، ٦۸، ۷۳ (سپاهان)، ۸۷، ۹۲، ۹۵، ۹۷، ۹۹، ۱۱۰، ۱۱٦، ۱۲۷ (لاین ۷) و رقم شاهد احسان در گروه ۳ (مقاوم) قرار گرفتند. این گروه کمترین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری را داشت و به هر دو بیماری مقاومت بالایی نشان داد. از ژنوتیپ‌های مقاوم شناسایی شده در این پژوهش می‌توان در برنامه‌های اصلاحی به‌منظور هرمی کردن ژن‌های مقاومت به بیماری لکه برگی سپتوریایی و بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله و یا تلاقی‌های برگشتی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: بادزدگی فوزاریومی سنبله، تنوع ژنتیکی، گندم، لکه برگی سپتوریایی، مقاومت

مقدمه

بیماری سپتوریای برگی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در سراسر جهان است. این بیماری سالیانه خسارات فراوانی را به محصول گندم وارد می‌سازد (۱۹). عامل این بیماری *Zymoseptoria tritici* (Desm.) Quaedvlieg & Crous می‌باشد (۳۶) که یک پاتوژن همی‌بیوتروف است و در تمام طول فصل رویشی به‌صورت جنسی و غیرجنسی تولید مثل می‌کند (۲۴). این بیماری با کاهش سطح فتوسنتز و جذب کربوهیدرات‌ها در مرحله پرشدن دانه باعث کاهش کیفیت دانه‌ها می‌شود (۳۱). کنترل این بیماری از طریق استفاده از قارچ‌کش، به‌کاربردن ارقام مقاوم و همچنین استفاده از روش‌های زراعی (تناوب زارعی و از بین بردن بقایای گیاهان آلوده) است (۲). با توجه به عدم کارایی روش‌های زراعی در کنترل موثر بیماری، مقاومت جدایه‌های قارچ به سموم سیستمیک، هزینه‌ها و آلودگی ناشی از مصرف سموم شیمیایی، استفاده از ارقام مقاوم اقتصادی‌ترین، بهترین و از نظر زیست محیطی، سالم‌ترین روش مقابله با این بیماری است (۱۳). مطالعات متعددی روی مقاومت ارقام و لاین‌های گندم نسبت به بیماری سپتوریای برگی در ایران غالباً با استفاده از مخلوط جدایه‌های قارچ عامل بیماری و یا در شرایط آلودگی طبیعی انجام گرفته است و نتایج نشان داده است که تفاوت معنی‌داری از نظر الگوی پرآزاری در بین جدایه‌ها وجود دارد (۴۱). کیا و همکاران (۲۵) واکنش ۳۳ ژنوتیپ گندم نان در برابر پنج جدایه در مرحله‌ی گیاهچه‌ای بررسی کردند. ۱۱ ژنوتیپ در برابر یک یا چند جدایه مقاومت نشان دادند. سه ژنوتیپ نوگال، آرتا و N-92-9 مقاومت بالایی به تمام جدایه‌ها داشتند. هفت ژنوتیپ در برابر یک یا چند جدایه نیمه‌مقاوم بودند و سایر ژنوتیپ‌ها در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساسیت نشان دادند. شناسایی مداوم منابع جدید مقاومت به سپتوریوز برگی و استفاده از آنها در برنامه‌های به‌نژادی به دلیل تغییرات ژنتیکی زیاد در جمعیت بیمارگر ضروری است (۱۱).

بررسی مقاومت ۲۱۹ رقم و لاین پیشرفته با استفاده از ۴ جدایه عامل بیماری سپتوریای برگی جمع‌آوری شده از مناطق مختلف استان خوزستان نشان‌داد که هشت رقم Arina، M3،Riband، آریا، شتر دندان، کرخه، سایسون و چمران نسبت به هر چهار جدایه مقاوم می‌باشند (۳۳). همچنین بررسی مقاومت ۲۳۰ رقم تجاری و لاین امید بخش گندم نسبت به قارچ عامل بیماری لکه برگی سپتوریایی در مرحله گیاهچه‌ای با استفاده از سه پاتوتیپ (۸۷۰۰۱، ۸۷۰۵۱ و ۸۸۰۵۵) نشان داد که به‌ترتیب ۴۹، ۲۵ و ۳۴ درصد از ارقام و لاین‌های مورد آزمایش نسبت به قارچ عامل بیماری مقاوم بودند و در مرحله گیاه کامل (در گرگان) ۳۹ درصد ژنوتیپ‌ها مقاومت نشان دادند (۱۵).

بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله گندم ناشی از قارچ *Fusarium graminearum* یکی از بیماری‌های مهم گندم در مناطق مرطوب و نیمه‌مرطوب جهان است. این بیماری هر ساله خسارت فراوانی به محصول گندم در سرتاسر جهان وارد می سازد (۶). مناطق ساحلی خزر به‌خاطر رطوبت بالا و آب و هوای نیمه‌استوایی برای توسعه بیماری بادزدگی فوزاریومی گندم مناسب است. به‌دلیل اپیدمی شدید این بیماری در سال‌های ۱۳۷۳-۱۳۶۸ بر روی رقم حساس فلات علاوه بر

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

کاهش کیفیت در بعضی از مزارع تا ۷۰ درصد خسارت رخ داد (۴۸). گندم زمانی که در مرحله گل‌دهی تا خمیری نرم قرار دارد و همزمان شرایط آب و هوایی به‌صورت بارندگی‌های مکرر، رطوبت بالا یا شبنم زیاد باشد به قارچ فوزاریوم حساس است. بیش از ۱۸ گونه از قارچ فوزاریوم به‌عنوان عامل بیماری گزارش شده‌اند اما عامل اصلی بیماری در بسیاری از کشورهای جهان گونه *F. graminearum* است (۳۵). این بیماری به‌دلیل عقیم شدن گلچه‌ها و کاهش وزن دانه‌ها باعث کاهش معنی‌داری در عملکرد می‌شود. همچنین کیفیت محصول به‌دلیل تولید توکسین کاهش می‌یابد. میکوتوکسین‌های ناشی از این قارچ، سلامت انسان و دام را به مخاطره می‌اندازند (۴۵). در طی سال‌های اخیر به‌دلیل تغییر در مدیریت مزرعه همچون روش‌های کم‌خاکورزی و بی‌خاکورزی و قرار دادن ذرت در تناوب، وقوع بیماری افزایش یافته است (۲۹). به‌علاوه افزایش دما و رطوبت در مرحله گل‌دهی شرایط را برای وقوع بیماری مناسب می‌کند (۲۲). طی سه دهه اخیر همه‌گیری‌های گسترده‌ای از این بیماری در مناطق مختلف جهان از جمله در ایالات متحده امریکا، کانادا و چین (۹) اتفاق افتاده است.

جمعیت‌های به‌شدت متنوع این پاتوژن‌ها می‌توانند به آسانی با فشارهای انتخاب ناشی از تغییر شرایط مانند استفاده از ارقام جدید (مقاوم) گندم سازگار شده و از این طریق منجر به بی‌اثر شدن ژن‌های مقاومت و شکسته شدن مقاومت ارقام شوند (۱). بنابراین لازم است تا همواره ژنوتیپ‌های جدید از نظر مقاومت به این بیماری‌ها بررسی شوند و ژنوتیپ‌های مقاوم شناسایی و در برنامه‌های به‌نژادی مورد استفاده قرار گیرند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

تعداد ۱۳۲ ژنوتیپ شامل ۶۲ رقم ایرانی و خارجی و ۷۰ لاین پیشرفته انتخاب شده از خزانه‌های اصلاحی مختلف در قالب طرح آگمنت در استان گلستان و در سال زراعی ۱۳۹۷-۱۳۹۶ ارزیابی شدند. نام و شجره ژنوتیپ‌ها در پژوهش یاراحمدی و همکاران (۴۷) آمده است. ژنوتیپ‌ها در ۶ بلوک ناقص به‌همراه ارقام شاهد حساس کریم و شاهد مقاوم احسان کشت شدند. هر ژنوتیپ در خطی به‌طول ۱ متر کشت شد و فاصله بین خطوط ۰/۵ متر بود. برای شیوع بیشتر بیماری رقم حساس بولانی به‌عنوان منبع پخش اسپور در حاشیه‌ی مزرعه کشت شد. کاشت به‌صورت دستی انجام گرفت.

جداسازی قارچ بیمارگر سپتوریا و تهیه‌ی زاد مایه

برگ‌های گندم دارای نشانه‌های لکه برگی سپتوریایی از مزارع گندم آلوده استان گلستان جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. سپس جداسازی و خالص‌سازی قارچ بیمارگر با استفاده از روش مستقیم ایال و همکاران (۱۴) انجام شد. تکه‌های برگ آلوده دارای پیکنید، پس از ضدعفونی سطحی با هیپوکلریت سدیم یک درصد و سه بار شستشو با آب مقطر سترون، روی لام شیشه‌ای چسبانده شده و درون تشتک پتری حاوی کاغذ صافی استریل مرطوب منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۴ درجهٔ سلسیوس به‌مدت ۱۲-۲۴ ساعت نگه‌داری شدند. سپس ترشحات حاوی پیکنیدیوسپورها که از دهانه‌ی پیکنیدها خارج می‌شدند با استفاده از یک سوزن سترون نازک برداشته‌شده و به محیط کشت سیب‌زمینی، دکستروز، آگار[1] حاوی آنتی‌بیوتیک استرپتومایسین (۵۰ میلی‌گرم در لیتر) منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۰درجهٔ سلسیوس به‌مدت ۵-۳ روز نگه‌داری شدند. پرگنه‌های رشد کرده به‌صورت مخطط روی محیط PDA کشت داده و سپس برای خالص‌سازی، تک پرگنه‌ها به محیط PDA جدید منتقل و در همان شرایط نگه‌داری شدند. در مجموع ۳ جدایه قارچ بیمارگر بر اساس وجود پیکنیدیوم های نیمه کروی با دهانه مرکزی و به رنگ قهوه ای تیره در بافت نکروتیک برگ، تشکیل کنیدیوم‌های شفاف و باریک سیلندری در پیکنیدیوم و رشد مخمر مانند در محیط کشت آگار مورد شناسایی قرار گرفتند (۳۶). از مخلوط سه جدایه برای مایه‌زنی ژنوتیپ‌ها استفاده شد.

برای تهیه‌ی زادمایه‌ی قارچ جهت مایه‌زنی ژنوتیپ‌ها، از محیط کشت مایع عصاره‌ی مخمر، عصاره‌ی مالت، ساکارز[2] استفاده شد. قطعاتی از کلنی رشد کرده قارچ از سطح محیط کشت PDA برداشته و به داخل ارلن‌های حاوی محیط کشت منتقل شده و داخل شیکر انکوباتور با سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه و دمای حدود ۲۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از مدت هفت روز، سوسپانسیون اسپور داخل ارلن‌ها با استفاده از پارچه ململ دو لایه صاف شد و سپس با استفاده از لام گلبول‌شمار شمارش گردید و غلظت آن‌ها به مقدار 10^7 اسپور در هر میلی‌لیتر تنظیم گردید. برای کاهش کشش سطحی و افزایش سطح تماس اسپور قارچ با سطح برگ، مقدار۰/۱ درصد توین ۲۰ به سوسپانسیون اسپور اضافه شد.

ارزیابی مزرعه‌ای بیماری لکه برگی سپتوریایی

آلودگی مصنوعی ژنوتیپ‌ها با پخش‌کردن برگ‌های آلوده و تلقیح سوسپانسیون اسپور در ۳ نوبت انجام شد. برای ایجاد رطوبت نسبی اشباع مورد نیاز برای استقرار و گسترش عامل بیماری در مزرعه از سیستم آبیاری افشانه (میست) استفاده شد. یادداشت برداری از بیماری پنج نوبت و به فاصله هفت روز بر اساس پوشش پیکنیدیومی به‌روش ساری و پرسکات (۳۸) تغییر یافته توسط ایال و همکاران (۱۴) و در مقیاس ۹۹-۰۰ انجام شد. رقم اول (سمت چپ) بیان‌کننده ارتفاع نسبی بیماری و رقم دوم (سمت راست) بیان کننده میزان شدت بیماری (سطح نکروز برگ حاوی پیکنید) است. مقادیر سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC)[3] (۴۴) و سطح زیر منحنی استاندارد شده پیشرفت بیماری (sAUDPC) و مقدار نسبی سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (rAUDPC) به‌صورت زیر محاسبه شدند: (۷)

$$AUDPC = \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{2}\{(y_{i+1} + y_i)(x_{i+1} - x_i)\}$$

$$rAUDPC = \left[\frac{AUDPC\ (genotype)}{AUDPC\ susceptible\ genotype}\right]$$

$$sAUDPC = \frac{AUDPC(genotype)}{T}$$

1- Potato Dextrose Agar (PDA)
2- Yeast Extract, Malt Extract, Sucrose (YMS)
3- Area Under Disease Progress Curve(AUDPC)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]
[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

y_i: شدت بیماری در زمان x_i، $x_{i+1}-x_i$ فاصله زمانی (روز) بین دو یادداشت‌برداری بیماری، n تعداد زمان‌های یادداشت‌برداری می‌باشند.

جداسازی و خالص‌سازی جدایه‌های عامل بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله

در مرحله خمیری دانه‌ها که آلودگی سنبله‌ها به فوزاریوم کاملاً نمایان است، از مناطق مختلف گندم‌کاری استان گلستان که سابقه آلودگی به فوزاریوم دارند، بازدید و سنبله‌های آلوده جمع‌آوری شده و به آزمایشگاه منتقل شد. جداسازی و خالص‌سازی قارچ عامل بیماری بر روی محیط کشت PDA محیط کشت اختصاصی قارچ (*Fusarium*CLA)[1] انجام شد. خالص‌سازی جدایه‌ها و شناسایی و تشخیص آن با استفاده از خصوصیات مرفولوژیکی قارچ از جمله شکل ماکروکنیدی، وجود و عدم وجود میکروکنیدی و شکل آن، وجود یا عدم وجود کلامیدوسپور، نوع فیالید با استفاده از کلید نلسون و همکاران (۳۴) و لزلی و سامرل (۲۶) انجام شد.

تهیه زادمایه قارچ *Fusarium* جهت اسپورپاشی

برای تهیه زادمایه قارچ از روش وگنر (۴۶) استفاده شد. در این روش، قطعات ۵ میلی‌متر مربعی از محیط کشت PDA همراه با میسلیوم از هر جدایه قارچ به ارلن مایر، ۵۰۰ میلی‌لیتری حاوی محیط کشت مایع سترون شده متشکل از ۷ گرم کاه و کلش گندم و جو آسیاب شده و ۱۲۵ میلی‌لیتر آب مقطر اضافه شدند. ارلن‌ها به‌مدت ۷–۵ روز در شیکر انکوباتور در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و دور چرخش ۱۲۵ دور در دقیقه نگهداری شده و سپس بوسیله پارچه ململ سترون، صاف شده و به‌کمک لام شمارش اسپور (هموسایتومتر)[2] تعداد ماکروکنیدی‌ها در هر میلی‌لیتر شمارش شد. سپس با رقیق کردن، غلظت سوسپانسیون کنیدی به 3×10^5 اسپور در هر میلی‌لیتر، برای مایه‌زنی ژنوتیپ‌ها انجام شد.

ارزیابی مزرعه‌ای بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله

مایه‌زنی مصنوعی از مخلوط چهار جدایه‌ی قارچ عامل بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله جمع‌آوری شده از مناطق مختلف استان گلستان استفاده شد. به‌محض آن‌که هر توده گندمی به ۵۰ درصد گل‌دهی خود رسید، اقدام به اسپورپاشی سنبله‌های آن با استفاده از محلول اسپورهای قارچ عامل بیماری شد، به‌طوری که سنبله‌های مایه‌زنی شده کاملا خیس شدند. مایه‌زنی دو بار به فاصله ۳ روز تکرار شد. برای کمک به توسعه بیماری آبیاری افشانه (میست) در خزانه آزمایشی برقرار شد. یادداشت‌برداری از شدت آلودگی در مزرعه با انتخاب۱۰ سنبله از هر کرت به‌صورت تصادفی و ثبت شدت بیماری برای هر سنبله به‌صورت جداگانه و بر اساس درجه ۵–۰ تعیین گردید و نهایتاً با استفاده از فرمول‌های مربوطه، شدت بیماری و شاخص بیماری برای هر یک از ژنوتیپ‌ها محاسبه گردید.

شدت بیماری

در هر پلات ۱۰ سنبله اصلی به‌صورت تصادفی انتخاب و تعداد سنبلچه‌های آلوده در هر سنبله آلوده، شمارش و بر اساس فرمول و مقیاس زیر درجه‌بندی شدند.

$$D^{sev}=(N^1\times1+N^2\times2+\ldots\ldots N^{10}\times5)/N^{Tinf}\times100$$

D^{sev}: شدت بیماری در یک ژنوتیپ

N^1: تعداد سنبله با شدت بیماری ۱

N^{Tinf}: تعداد کل سنبله‌های آلوده

صفر= سنبلچه فاقد آلودگی (مصون)

۱= ۲۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (مقاوم)

۲= ۲۱–۴۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (نیمه‌مقاوم)

۳= ۴۱–۶۰ درصد سنبلچه هر سنبله آلوده‌اند (حساس)

۴= ۶۱–۸۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (حساس)

۵= همه سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (خیلی حساس) (۴۲)

شاخص بیماری

برای تعیین شاخص بیماری، ۱۰ سنبله اصلی در هر ژنوتیپ به‌صورت تصادفی انتخاب و پس از تعیین شدت آلودگی هر سنبله با استفاده از مقیاس ۵–۰ و با استفاده از رابطه زیر، شاخص بیماری زنوتیپ‌ها تعیین شد (۴۰).

$$Dinex=(N^1\times1+N^2\times2+\ldots+N^5\times5)/NT\ spikes\times5\times100$$

Dinex: شاخص بیماری ژنوتیپ

N1: تعداد سنبله آلوده با درجه یک

NT spikes : تعداد کل سنبله‌ها

تجزیه و تحلیل داده‌ها

گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها به‌روش UPGMA انجام شد. برش دندروگرام براساس مقادیر واریانس درون گروه‌ها انجام شد. مقایسه میانگین گروه‌ها با آزمون دانکن انجام شد. تجزیه‌ها با استفاده از نرم‌افزار XLSTAT انجام گرفت.

نتایج و بحث

بررسی مقادیر مساحت زیر منحنی پیشرفت شدت بیماری (AUDPC) و شاخص بیماری برای بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله در این پژوهش نشان داد که بیشترین میزان شدت بیماری در ژنوتیپ شماره ۱۱۷ (ناتاشا) و بیشترین سرعت پیشرفت بیماری در ژنوتیپ شماره ۱۹ (زاگرس) مشاهده شد (جدول ۱) و ژنوتیپ شماره ۹۲ کمترین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری و شاخص بیماری را نشان داد. عدم ابتلای این ژنوتیپ به قارچ فوزاریوم احتمالاً به‌دلیل مکانیزم فرار از بیماری است زیرا این ژنوتیپ دیرتر از همه ژنوتیپ‌ها به سنبله رفت (۱۳۸ روز). دامنه تغییرات صفت روز تا سنبله‌دهی ۲۳ روز بود. تاخیر در سنبله‌دهی باعث می‌شود زمانی که ژنوتیپ به سنبله می‌رود شرایط محیطی برای توسعه بیماری مهیا نباشد و ژنوتیپ به این بیماری مبتلا نشود. همبستگی منفی معنی‌دار و بزرگ (۰/۵–) بین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله و روز تا سنبله‌دهی مشاهده شد که نتایج پیشین را تایید می‌کند (جدول ۲). همچنین همبستگی منفی و معنی‌داری بین روز تا سنبله‌دهی و ارتفاع بوته با مقاومت به بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله گزارش گردید که نتایج پژوهش حاضر را تایید می‌کند (۳۲). بنابراین ژنوتیپ‌هایی که دیرتر به سنبله می‌روند احتمالاً به‌دلیل نامساعد شدن شرایط محیطی برای توسعه بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله کمتر به این بیماری مبتلا شدند. ژنوتیپ شماره ۱۱۳ (ارگ) بیشترین سطح زیرمنحنی پیشرفت بیماری لکه برگی سپتوریایی را داشت.

1- Carnation leaf agar

2- Hemocytometer

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

کمترین و بیشترین سرعت پیشرفت بیماری لکه برگی سپتوریایی به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های شماره ۱۱۶ و ۱۱۳ مشاهده شد. دامنه تغییرات زیاد برای صفات مورد بررسی نشان دهنده تنوع ژنتیکی بسیار بالای ژنوتیپ‌ها از نظر واکنش به بیماری‌های لکه برگی سپتوریایی و بادزدگی فوزاریومی سنبله بود (جدول ۱).

جدول ۱- آماره‌های توصیفی مربوط به صفات مورد بررسی

Table 1. Descriptive statistics of the studied traits

متغییر	حداقل	حداکثر	میانگین	انحراف معیار
Dindex(F)	۰/۰ (۹۲)	۱۰۰ (۱۱۷)	۵۳/۲	۲۰/۷۴
AUDPC(F)	۰/۰ (۹۲)	۹۴۵ (۱۹)	۳۶۹/۴	۲۱۰/۳۰
AUDPC(S)	۵۱/۸ (۱۱۶)	۱۲۰۹/۹ (۱۱۳)	۵۸۵/۷	۲۰۹/۸۰
Days to heading	۱۱۵/۰ (۲۲)	۱۳۸ (۹۲)	۱۲۵/۷	۳/۳۹

شماره ژنوتیپ‌ها در داخل پرانتز آمده است.

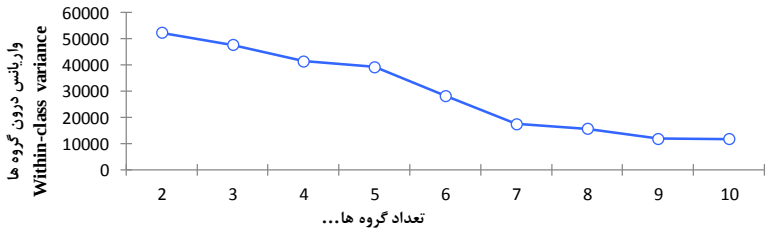
جدول ۲- ضرایب همبستگی بین صفات در ژنوتیپ‌های گندم بهاره

Table 2. Correlation coefficients of traits in spring wheat genotypes

	Dindex(F)	AUDPC(F)	AUDPC(S)	Days to heading
Dindex(F)	۱/۰۰			
AUDPC(F)	۰/۷۵**	۱/۰۰		
AUDPC(S)	۰/۰۶ns	-۰/۰۲ns	۱/۰۰	
روز تا سنبله‌دهی	-۰/۳۵**	-۰/۵۰**	۰/۰۸ns	۱/۰۰

ns و **: به‌ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد می‌باشند.

بررسی ۲۵۸ ژنوتیپ گندم زمستانه و بهاره در هلند طی چهار سال (Saur, 1991)، بررسی ۵۶۴ ژنوتیپ در فرانسه و غربالگری آنها نسبت به بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله (۳۵)، ارزیابی ۱۲۸ رقم گندم در هند (۵) و بررسی و ارزیابی بیش از ۳۰ هزار ژنوتیپ در شرایط مزرعه و آزمایشگاه طی سال‌های ۱۹۷۷ تا ۱۹۸۳ در چین مؤید آن است که تفاوت ژنتیکی فراوانی از نظر واکنش به درصد ظهور بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله و شدت بیماری و نهایتاً خسارت به محصول بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد (۲۷،۴۲). همچنین ملیحی‌پور و همکاران (۲۸) ۳۰۵ ژنوتیپ گندم را در شرایط آلودگی مزرعه در ایستگاه‌های تحقیقات کشاورزی قراخیل و عراقی محله نسبت به بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله ارزیابی کردند و بیان کردند تنوع زیادی در بین ژنوتیپ‌ها از نظر مقاومت نسبت به این بیماری وجود دارد. هدف از تجزیه کلاستر شناسایی تعداد کمتری از گروه‌هاست بطوریکه افرادی که دارای شباهت بیشتری با یکدیگر هستند در یک گروه قرار گیرند (۱۶). تجزیه خوشه‌ای در این پژوهش با هدف گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه از نظر صفات مورد بررسی انجام گردید. از میان روش‌ها و الگوریتم‌های مختلف برای تجزیه خوشه‌ای، روش UPGMA بهترین دندروگرام را از نظر گرافیکی و ضریب کوفنتیک دارا بود. برای اینکه گروه‌های حاصل از برش دندروگرام دارای حداکثر شباهت در درون گروه‌ها و حداکثر تفاوت در بین گروه‌ها باشند از مقایسه واریانس درون گروه‌ها در حالت‌های مختلف برش دندروگرام استفاده شد (شکل ۱). نمودار روند نزول واریانس درون گروه‌ها با هدف ایجاد تعداد کلاستر کمتر در حالتی که برش دندروگرام ۷ کلاستر ایجاد کند را تایید کرد (شکل ۱). در این حالت ۸۰/۲۳ درصد از واریانس کل در بین گروه‌ها و تنها ۱۹/۷۷ درصد از واریانس کل در درون گروه‌ها وجود داشت. جدول تجزیه واریانس گروه‌ها نشان داد که در بین گروه‌ها از نظر صفات مورد بررسی تفاوت معنی‌داری وجود دارد (جدول ۳).



شکل ۱- ارتباط بین برش دندروگرام در نقاط مختلف و واریانس درون گروه‌ها

Figure 1. The relationship between dendrogram cutting in different locations and the within-class variance

جدول ۳- تجزیه واریانس گروه‌ها در قالب طرح کاملاً تصادفی

Table 3. analysis of variance of groups in a completely randomized design

منبع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات MS		
		Dindex(F)	AUDPC(F)	AUDPC(S)
تیمار (گروه)	۶	۳۹۸۳/۵**	۸۷۱۰۰۴/۷**	۷۲۸۴۷۴/۳**
اشتباه	۱۲۵	۲۷۳/۱	۵۵۸۴/۴	۱۱۶۴۶/۴

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

مقایسه میانگین گروه‌ها با استفاده از آزمون دانکن نشان داد که از نظر مقاومت به فوزاریوم گروه ۳ و از نظر مقاومت به سپتوریا گروه ۷ مقاوم‌ترین گروه‌ها بودند (جدول ۴). اما از نظر واکنش به هر دو بیماری گروه ۳ مقاوم‌ترین گروه بود (جدول ۴). ژنوتیپ‌های شماره ۳ (هیرمند)، ۶، ۱۰، ۱۲، ۱۳ (گلستان)، ۳۸ (آفتاب)، ۴۰ (قابوس)، ۴۴ (پیشتاز)، ۵۱، ۵۲ (شوش)، ۵۹ (پاستور)، ۶۴، ۶۸، ۷۳ (سپاهان)، ۸۷، ۹۲، ۹۵، ۹۷، ۹۹، ۱۱۰، ۱۱۶، ۱۲۷ (لاین ۷) و رقم شاهد احسان واقع در گروه ۳ به هر دو بیماری مقاومت بالایی نشان دادند (جدول ۵). از این ژنوتیپ‌ها می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی به‌منظور تولید ارقام مقاوم، هرم‌بندی ژن‌ها، تلاقی‌های چندگانه و مرکب و تلاقی‌های برگشتی به‌منظور ایجاد مقاومت در ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و حساس به بیماری استفاده کرد (۱۷).

جدول ۴- مقایسه میانگین گروه‌ها با استفاده ار آزمون دانکن

Table 4. Comparison of groups average using Duncan test

صفات	گروه ۱	گروه ۲	گروه ۳	گروه ۴	گروه ۵	گروه ۶	گروه ۷
Dindex(F)	۴۳/۲	۶۲/۵	۳۳/۱	۶۶/۲	۸۱/۰	۴۶/۰	۶۹/۳
	C	AB	C	A	A	BC	A
AUDPC(F)	۱۸۷/۶	۵۳۱/۴	۱۳۵/۱	۵۳۷/۹	۸۲۱/۹	۱۷۱/۵	۴۴۹/۳
	C	B	D	B	A	CD	B
AUDPC(S)	۶۸۵/۹	۵۰۷/۱	۳۷۵/۶	۸۵۴/۹	۶۴۳/۸	۱۰۴۶/۸	۱۱۵/۲
	C	D	E	B	C	A	F

جدول ۵- گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با استفاده از تجزیه کلاستر

Table 5. grouping of genotypes using cluster analysis

گروه	کد ژنوتیپ
۱	۱، ۵، ۷، ۹، ۱۱، ۱۵، ۲۱، ۲۴، ۲۵، ۲۶،۲۷، ۳۳، ۳۶، ۳۹، ۴۱،۴۲، ۴۶، ۴۸، ۴۹، ۵۰، ۵۷، ۸۱، ۸۲، ۸۴، ۸۶، ۸۸، ۹۱، ۹۸، ۱۰۰، ۱۰۱، ۱۰۲، ۱۰۴، ۱۱۱، ۱۱۹، ۱۲۱، A ،۱۳۲
۲	۲، ۴، ۸، ۱۴، ۲۰، ۲۲، ۲۳، ۲۸، ۳۱، ۳۴، ۳۵، ۴۳، ۴۵، ۵۳، ۵۴، ۵۶، ۵۸، ۶۰، ۶۱، ۶۲، ۶۵، ۶۷، ۶۹، ۷۰، ۷۱، ۷۲، ۷۴، ۷۸، ۷۹، ۸۰، ۸۳، ۹۰، ۹۴، ۹۶، ۱۰۳، ۱۰۵، ۱۰۷،۱۰۸، ۱۱۲، ۱۱۴، ۱۱۵، ۱۱۸، ۱۲۰، ۱۲۳، ۱۲۴، ۱۲۶، ۱۲۸، ۱۲۹
۳	۳، ۶، ۱۰، ۱۲، ۱۳، ۳۸، ۴۰، ۴۴، ۵۱، ۵۲، ۵۹، ۶۴، ۶۸، ۷۳، ۸۷، ۹۲، ۹۵، ۹۷، ۹۹، ۱۱۰، ۱۱۶، ۱۲۷، C
۴	۱۶، ۱۷، ۲۹، ۳۰، ۳۲، ۳۷، ۵۵، ۶۳، ۷۶، ۷۷، ۹۳، ۱۰۶، ۱۰۹، ۱۲۲، ۱۳۱، B
۵	۱۸،۱۹، ۴۷، ۱۱۷
۶	۶۶، ۷۵، ۱۱۳، ۱۲۵
۷	۸۵، ۸۹، ۱۳۰

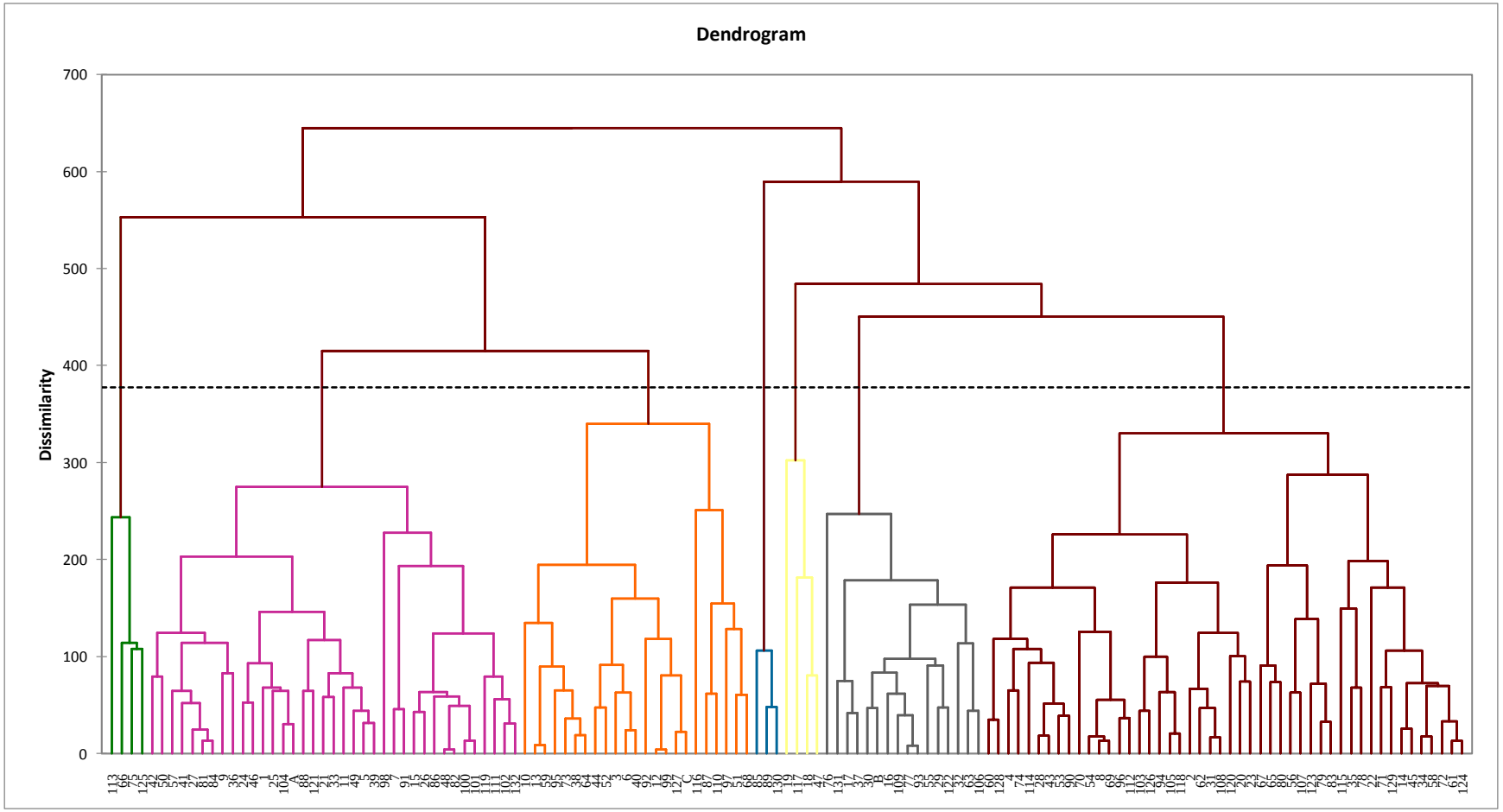
برادینگ و همکاران(۴) با بررسی واکنش چند رقم گندم حساس و مقاوم نسبت به جدایه‌های عامل بیماری لکه برگی سپتوریایی، رابطهٔ ژن برای ژن را در مقاومت اختصاصی گندم و بیماری‌زایی *Z. tritici* مورد تایید قرار دادند. تنوع ژنتیکی و بیماری‌زایی این قارچ در کشور می‌تواند به‌دلیل وقوع تولیدمثل جنسی فعال آن در مناطق مختلف باشد. با این که مقیاس-بندی بیماری به‌عنوان یکی از روش‌های ارزیابی بیماری لکه برگی سپتوریایی گندم مورد استفاده قرار گرفته است (۳۰). ولی تظاهر مقاومت تک ژنی به این بیماری همیشه به‌صورت قاطع و کیفی نبوده و در مواردی این نوع مقاومت به‌صورت کمی بروز می‌کند (۲۳). به‌همین دلیل بهتر است ارزیابی این بیماری به‌صورت کمی با محاسبه‌ی درصد پوشش پیکنیدی سطح برگ و استفاده از روش‌های آماری انجام شود (۸). پژوهشگران دیگری نیز بیان کردند که مقاومت به سپتوریای برگی توسط چند ژن کنترل می‌شود (۳۷،۴۳).

اعتباریان و ترابی (۱۲) تعداد ۳۱ ژنوتیپ ایرانی، آمریکایی و چینی را در شرایط آلودگی مزرعه در ایستگاه قراخیل بررسی کردند و برخی ژنوتیپ‌های مقاوم نسبت به قارچ فوزاریوم را شناسایی کردند. فروتن و همکاران (۱۸) ۷۱۷ ژنوتیپ گندم را در شرایط مزرعه در ایستگاه تحقیقات کشاورزی قراخیل (قائمشهر) آزمایش کرده و توانستند ۱۸ ژنوتیپ مقاوم نسبت به بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله شناسایی کنند. دهقان و ابراهیم نژاد (۱۰) با ارزیابی ژنوتیپ‌های گندم بهاره گزارش نمودند که ژنوتیپ‌هایی که در شجره آنها والدینی همچون شانگ‌های، ونگ شو بای، کائوز، میلان و باباکس بود مقاومت بیشتری به بیماری بادزدگی فوزاریومی سنبله داشتند. ژنوتیپ‌های شماره ۱۶، ۱۷ (ناز)، ۲۹، ۳۰ (رقم کریم)، ۳۲ (رسول)، ۳۷، ۵۵ (فلات)، ۶۳ (تجن)، ۷۶، ۷۷ (پارسی)، ۹۳، ۱۰۶ (نیشابور)، ۱۰۹ (سیستان)، ۱۲۲، ۱۳۱ که در گروه ۴ قرار گرفتند به هر دو بیماری حساسیت بالایی نشان دادند (جدول ۵). از تلاقی این ژنوتیپ‌ها با ژنوتیپ‌های گروه مقاوم می‌توان جمعیت‌هایی برای مکان‌یابی ژن‌های مقاومت ایجاد کرد (۳). با توجه به تنوع ژنتیکی بالای مشاهده شده در مجموعه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در این پژوهش می‌توان از آنها در برنامه‌های مکان‌یابی ارتباطی برای شناسایی ژن‌های مقاومت به بیماری‌های سپتوریای برگی و بادزدگی فوزاریومی سنبله استفاده کرد (۲۰).

شکسته شدن مقاومت ژنوتیپ‌های مقاوم گندم با توجه به تغییر در ساختار ژنتیکی عامل‌های بیماری باعث می‌شود که به‌نژادگران دائما در میان منابع ژنتیکی به دنبال ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری باشند. شناسایی منابع مقاومت به بیماری‌ها اولین گام در توسعه ارقام مقاوم به بیماری می‌باشد. در این پژوهش ژنوتیپ‌هایی که در گروه ۳ قرار داشتند به هر دو بیماری سپتوریای برگی و بادزدگی فوزاریومی سنبله مقاومت بالایی نشان دادند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]



شکل ۲- دندروگرام ژنوتیپ‌ها از نظر صفات مورد بررسی
Figure 2. Dendrogram of genotypes based on studied traits

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

منابع

1. Abrinbana, M., J. Mozafari, M. Shams-bakhsh and R. Mehrabi. 2010. Genetic structure of *Mycosphaerella graminicola* populations in Iran. Plant Pathology, 59: 829-838.
2. Adhikari, T.B., B. Balaji, J. Breeden and S.B. Goodwin. 2007. Resistance of wheat to *Mycosphaerella graminicola* involve early and late peaks of gene expression. Physiological and Molecular Plant Pathology, 71: 55-68.
3. Adhikari, T.B., H. Wallwork and S.B. Goodwin. 2004. Microsatellite Markers Linked to the Stb2 and Stb3 Genes for Resistance to *Septoria tritici* Blotch in Wheat. Crop Science, 44: 1403-1411.
4. Brading, P.A., E.C.P. Verstappen, G.H.J. Kema and J.K.M. Brown. 2002. A gene- for- gene relationship between wheat and *Mycosphaerella graminicola*, the *Septoria tritici* blotch pathogen. Phytopathology, 92: 439-445.
5. Brahma, R.N. 1988. Evaluation of Indian wheat cultivars and Agropyron species for resistance to wheat scab caused by *Fusarium graminearum*. Indian Phytopathology, 41: 148-149.
6. Buerstmayr, H., B. Steiner, M. Lemmens and P. Ruckenbauer. 2000. Resistance to *fusarium* head blight in winter wheat: heritability and trait associations. Crop Science, 40: 1012-1018.
7. Campbell, C.L. and L.V. Modden. 1990. Introduction to Plant Disease Epidemiology. John Willey and Sons, New York, 532 pp.
8. Chartrain, L., P.A. Brading, J.C. Makepeace and J.K.M. Brown. 2004. Sources of resistance to *Septoria tritici* blotch and implications for breeding. Plant Pathology, 53: 454-460.
9. Chen, P. 2016. Improvement of wheat *Fusarium* head blight (FHB) resistance in China. In: E.M. Del Ponte, G.C. Bergstrom, W. Pavan, A. Lazzaretti and J.M.C. Fernandes (Eds.), Proceedings of the 5th International Symposium on *Fusarium* Head Blight, 18 pp., Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brazil.
10. Dehghan, M.A. and S. Ebrahim Nejad. 2016. Evaluation of Resistance and Damage of *Fusarium* Head Blight in wheat Promising and Advanced Genotypes in Hot and Humid Conditions in North of Iran. Journal of Crop Breeding, 8(20): 142-151 (In Persian).
11. Eslahi, M.R., N. Safaie, A. Saidi and M. Shams-Bakhsh. 2013. In vitro plant extract test for screening relative resistance of wheat cultivars against *Mycosphaerella graminicola*. Journal of Agricultural Biotechnology, 5(4): 1-15 (In Persian).
12. Etebarian, H.R. and M. Torabi. 1996. Studies on resistance of wheat cultivars to fusarium head blight. Iranian Journal of Plant Pathology, 32: 9-21 (In Persian).
13. Eyal, Z. 1999. The *Septoria tritici* and *Stagonospora nodorum* blotch diseases of wheat. European Journal of Plant Pathology, 105: 629-641.
14. Eyal, Z., A.L. Scharen, J.M. Prescott and, M. Van Ginkel. 1987. The *Septoria* Disease of Wheat. Concepts and Methods of Disease Management. Mexico, D. F. CIMMYT, 52 pp.
15. Fallahi Motlagh, S., R. Roohparvar, Sh. Kia and H. Zamanizadeh. 2015. Evaluation of resistance of some wheat cultivars and lines to *Septoria tritici* blotch at seedling and adult plant stages. Seed and Plant, 31: 509-529 (In Persian).
16. Farshadfar, E. 2006. Multivariate Principles and Procedures of Statistics. Razi University Press, 734 pp (In Persian).
17. Farsi, M. and A. Bagheri. 2010. Principles of Plant Breeding. 4th edn. Academic Center for Education, Culture and Research, Iran, 368 pp.
18. Foroutan, A., Z. Nategh, M. Olady and F. Rostami. 1995. Selection tolerant materials of wheat to scab in Mazandaran. In: Proceedings of 12th Iranian Plant Protection Congress, Karaj, Iran, 49 pp (In Persian).
19. Goodwin, S.B., S.B. M'barek, B. Dhillon, A.H. Wittenberg, C.F. Crane, J.K. Hane,... and J. Antoniw. 2011. Finished genome of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola* reveals dispensome structure, chromosome plasticity, and stealth pathogenesis. PLoS Genetics, 7(6): e1002070.
20. Goudemand, E., V. Laurent, L. Duchalais, S.M. Tabib Ghaffary, G.H.J. Kema, P. Lonnet, E. Margale and O. Robert, 2013. Association mapping and meta-analysis: two complementary approaches for the detection of reliable *Septoria tritici* blotch quantitative resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Molecular Breeding, 32: 563-584.
21. Grieger, A., L. Lamari and A. Brule-Babel. 2005. Physiologic variation in *Mycosphaerella graminicola* from western Canada. Canadian Journal of Plant Pathology, 27: 71-77.
22. Juroszek, P. and A. von Tiedemann. 2015. Linking plant disease models to climate change scenarios to project future risks of crop diseases: a review. Journal of Plant Diseases and Protection, 122: 3–15.
23. Kema, G.H.J. 2012. New broad-spectrum resistance to *Septoria tritici* blotch derived from synthetic hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics, 124: 125-142.
24. Kema, G.H.J., E.C.P. Verstappen, M. Todorova and C. Waalwijk. 1996. Successful crosses and molecular tetrad and progeny analyes demonstrate heterothallism in *Mycosphaerella graminicola*. Current Genetics, 30: 251-258.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

25. Kia, SH., K. Rahnama, H. Soltanloo, V. Babaeizad and M.A. Aghajani. 2017. Identification of resistance sources to *Septoria tritici* Blotch with causal agent *Zymoseptoria tritici* in bread wheat genotypes. Journal of Agricultural Biotechnology, 10: 51-67 (In Persian).
26. Leslie, J.F. and B.A. Summerell. 2006. The Fusarium Laboratory Manual. Blackwell Publishing, NewYork, USA, 369 pp.
27. Lipps, P. 1996. Head blight or scab of small grains. Extention Fact Sheet, Ohio State University, 375 pp.
28. Malihipour, A., A. Saidi, A. Alizadeh, M.A. Dehghan and A.R. Foroutan. 2000. Evaluation of resistance of some spring wheat advanced lines and cultivars to *fusarium* head blight in Iran. In: Z. Bedo and L. Láng (Eds.), Proceedings of 6th International Wheat Conference, Budapest, Hungary, 184 pp.
29. McMullen, M., G. Bergstrom, E. De Wolf, R. Dill-Macky, D. Hershman, G. Shaner and D. Van Sanford. 2012. A unified effort to fight an enemy of wheat and barley*: fusarium* head blight. Plant Disease, 96: 1712-1728.
30. Mergoum, M., P.K. Singh, S. Ali, E.M. Elias, J.A. Anderson, K.D. Glover and T.B. Adhikari. 2007. Reaction of elite wheat genotypes from northern Great Plains to *Septoria* diseases. Plant Disease, 91: 1310-1315.
31. Mergoum, M., V. Harilal, P. Singh, T. Adhikari, A. Kumar, F. Ghavami and S. Kianian. 2013. Genetic analysis and mapping of seedling resistance to *Septoria tritici* blotch in 'Steele-ND'/'ND 735'bread wheat population. Cereal Research Communications, 41(2): 199-210.
32. Miedaner, T., A.N. Sieber, H. Desaint, H. Buerstmayr, C. Friedrich, H. Longin and T. Würschum. 2017. The potential of genomic-assisted breeding to improve fusarium head blight resistance in winter durum wheat. Plant breeding, DOI: 10.1111/pbr.12515.
33. Mohammad Beygi, A., R. Roohparvar and M. Torabi. 2014. Resistance sources in selected wheat genotypes to septoria leaf blotch disease. Seed and Plant Improvement Journal, 3: 605-621 (In Persian).
34. Nelson, P.E., T.A. Toussoun and W.O. Marasas. 1983. Fusarium Species, An Illustrated Manual for Identification. Pennsylvania State Univ. Press, University Park, 193 pp.
35. Parry, D.W., P. Jenkinson and L. Mcleod. 1995. *Fusarium* ear blight (Scab) in small grain cereals. Review of Plant Pathology, 44: 207-233.
36. Quaedvlieg, W., G. Kema, J. Groenewald, G. Verkley, S. Seifbarghi, M. Razavi, A.M. Gohari, R. Mehrabi and P. Crous. 2011. Zymoseptoria gen. nov: a new genus to accommodate *Septoria*- like species occurring on graminicolous hosts. Persoonia: Molecular phylogeny and Evolution of Fungi, 26(57).
37. Rosielle, A.A. and A.G.P. Brown. 1979. Inheritance, heritability and breeding behavior of three sources of resistance to *Septoria tritici* in wheat. Euphytica, 28: 385–392.
38. Saari, E.E. and J.M. Prescott. 1975. A scale for appraising the foliar intensity of wheat disease. Plant Disease, 59: 377-380.
39. Saur, L. 1991. Sources of resistance to head blight caused by *Fusarium* bread wheat and related species. Agronomy, 11: 535-541.
40. Snijders, C.H.A. 1990. *Fusarium* head blight and Mycotoxin contamination of wheat, A review. Netherlands Journal of Plant Pathology, 96: 187-198.
41. Taher Mazandarani, F., R. Mehrabi and M. Maleki. 2014. Effectiveness of Septoria tritici Blotch (Stb) Resistance Genes to Mycosphaerella graminicola Isolates Collected from Fars Province. Seed and Plant Improvment Journal, 30(3): 669-682 (In Persian).
42. Tuite, J., G. Shaner and R.G. Everson. 1990. Wheat scab in soft red winter wheat in Indiana in 1986 and its relation to some quality measurements. Plant Disease, 74: 595-962.
43. Vakili Bastam, SH., S.S. Ramezanpour, H. Soltanloo, S.H. Kia and M. Kalate. 2010. Estimation of combining abilities and heterosis of *Septoria tritici* blotch resistance in wheat genotypes. Australian Journal of Crop Science, 4(7): 480-484.
44. Villegas-Fernandez, A.M., J.C. Sillero and D. Rubiales. 2011. Screening faba bean for chocolate spot resistance: evaluation methods and effects of age of host tissue and temperature. European Journal of Plant Pathology, 132: 443-453.
45. Visconti, A. and M. Pascale. 2010. An overview on *fusarium* mycotoxins in the durum wheat pasta production chain. Cereal Chemistry, 87: 21-27.
46. Wegener, M. 1992. Optimierung von saatgutpillierungen mit mikrobiellen antagonisten zur biologischen biologischen bekampfung von Fusarium culmorum (W. G. Smith) Sacc. In weizen. Diplomarbeit,Georg-August-Universitaet Göttingen, Göttingen, Germany.
47. Yarahmadi, S., Gh. Nematzade, H. Sabouri and H. Najafi Zarini. 2020. Relationships between Drought Stress Tolerance Indices and Their Use in Wheat Screening Programs. Journal of Crop Breeding, 12(33): 29-41 (In Persian).
48. Zamanizadeh, H.G. and E. Khorsandi. 1997. *Fusarium* species and mycotoxins in Mazandaran province. Plant Disease, 23: 31-37 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]

Evaluation of Resistance to *Zymoseptoria tritici* Blotch and *Fusarium* Head Blight in Some Genotypes of Bread Wheat

Masoumeh Kheirgoo[1], Naser Panjeke[2] and Fakhtak Taliey[3]

1- Ph. D. Student of Plant Pathology, Zabol University (Corresponding author: mkheirgoo@gmail.com)
2- Associate Professor, Zabol University
3- Assistant Professor, Gonbad Kavoos University
Received: July 30, 2020 Accepted: September 20, 2020

Abstarct

Using resistant cultivars is an effective method in management *Zymoseptoria tritici* Blotch and *Fusarium* Head Blight of wheat. This study was conducted to identify new sources of resistance to these diseases among a large number of Iranian cultivars and new wheat genotypes. The genotypes were cultivated in an augment design in the research farm of Aliabad Katoul Agricultural School. Artificial contamination of the genotypes were done using spreading infected leaves and inoculating with a pathogenic fungal spore suspension. Response of the genotypes to disease-causing were noted. Cluster analysis categorized genotypes into seven groups. Third and fourth groups were allocated as resistant and sensitive, respectively. Genotypes No 3 (Hirmand), 6, 10, 12, 13 (Golestan), 38 (Aftab), 40 (ghabous), 44 (Pishtaz), 51, 52 (shoosh), 59 (Pastor), 64, 68, 73 (Sepahan), 87, 92, 95, 97, 99, 110, 116, 127 (Line 7) and local check cultivar (Ehsan) were classified at group three (resistant). This group had the lowest area under the disease progress curve and showed high resistance to disease. Resistant genotypes identified in this study can be used in breeding programs for pyramiding resistance genes or using backcrossing method.

Keywords: *Fusarium* Head Blight, Genetic diversity, Resistance, Wheat, *Zymoseptoria tritici* blotch

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-10-30]

[DOI: 10.52547/jcb.12.36.151]