دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی مقاومت گیاهچه‌ای ارقام تجاری گندم نان نسبت به بیماری زنگ سیاه با استفاده از روش GGE بای‌پلات

علی صارمی‌راد[۱]، محمدرضا بی‌همتا[۲]، علی ملیحی‌پور[۳]، خداداد مصطفوی[۴] و هادی علی‌پور[۵]

۱- دانش‌آموخته دکتری تخصصی، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، واحد کرج، دانشگاه آزاد اسلامی، باشگاه پژوهشگران و نخبگان جوان، کرج، ایران
۲- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران، (نویسنده مسوول: mrghanad@ut.ac.ir)
۳- بخش تحقیقات غلات، مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، البرز، ایران
۴- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح ناتات، دانشکده کشاورزی، واحد کرج، دانشگاه آزاد اسلامی، کرج، ایران
۵- استادیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران
تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۷/۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۹/۱
صفحه: ۱۸۶ تا ۱۹۶

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گندم در تغذیه جامعه بشری به‌ویژه در کشورهای جهان سوم دارای اهمیت ویژه‌ای است. زنگ ساقه یا زنگ سیاه شایع‌ترین، گسترده‌ترین و ویرانگرترین بیماری مزارع گندم در ایران و سراسر جهان به شمار می‌رود. دامنه خسارت این بیماری با توجه به‌شدت آن می‌تواند از کاهش عملکرد تا نابودی کامل مزارع متغیر باشد. توسعه ژنوتیپ‌های دارای ژن مقاومت به بیماری زنگ سیاه یکی از راهکارهای مهم برای مقابله با این بیماری مخرب محسوب می‌شود. شناسایی منابع مقاومت و وارد نمودن آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی موجب تولید ژنوتیپ‌های مقاوم می‌گردد.

مواد و روش‌ها: تعداد ۸۹ رقم تجاری گندم نان به همراه شاهد حساس موراکو با هدف شناسایی ارقام مقاوم به زنگ سیاه در مرحله گیاهچه‌ای نسبت به شش نژاد قارچ عامل بیماری در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار تحت مطالعه قرار گرفت. کلیه مراحل ارزیابی گیاهچه‌ای در گلخانه‌های تحقیقاتی واحد پاتولوژی بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج طی سال ۱۳۹۸ انجام شد. در مدل گرافیکی GGE biplot هر یک از نژادهای بیماری (PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF، TTTTF و PTTTF) به‌عنوان یک محیط تلقی گردیدند و تجزیه گرافیکی بر اساس مقادیر منفرد پاسخ ارقام نسبت به نژادها انجام شد.

یافته‌ها: نژادهای PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF بیشترین میزان همبستگی را روی نمودار داشتند، به همین دلیل یک گروه بزرگ را به وجود آوردند؛ ارقام پیشتاز، سیوند، عدل، پیشگام، نیک‌نژاد و الوند در برابر نژادهای این گروه دارای واکنش مقاومت بالایی بودند. نژاد PTTTF به‌تنهایی گروه دوم را تشکیل داد و ارقام هامون، مرودشت، زرین، گهر، داراب ۲ و سبلان در برابر این نژاد از واکنش مقاومت بالایی برخوردار بودند. نمودار بای‌پلات رتبه‌بندی ارقام بر اساس میانگین تیپ آلودگی و پایداری حاکی از این بود که ارقام پیشتاز و عدل دارای واکنش مقاومت پایدار نسبت به هر شش نژاد بیماری می‌باشند، نتایج این نمودار توسط نمودار رتبه‌بندی ارقام از نظر مقاومت بر طبق رقم ایده‌آل فرضی نیز تأیید شد. رتبه‌بندی شدت بیماری‌زایی نژادهای تحت بررسی بر اساس نژاد فرضی، مؤید بیماری‌زایی بالای نژاد PTTTF بر روی ارقام تحت مطالعه بود. ترتیب بیماری‌زایی سایر نژادها از بیشترین به کم‌ترین عبارت از PKTTF، TTTTF، PTRTF، PKSTF و PKSTC بود.

نتیجه‌گیری: روش چندمتغیره گرافیکی GGE بای‌پلات در بررسی مقاومت ارقام تجاری گندم مؤثر بود و اطلاعات ارزشمندی را در خصوص شناسایی ارقام برخوردار از ژن‌های مقاومت به بیماری زنگ سیاه ارائه کرد که با وارد نمودن این ارقام به برنامه‌های به‌نژادی، می‌توان گام مؤثری در جهت توسعه ارقام حائز مقاومت در برابر این بیماری طی نمود و به مقابله ژنتیکی با آن پرداخت.

واژه‌های کلیدی: بیماری‌زایی و گندم، حساسیت، زنگ سیاه، مقاومت

مقدمه

بررسی‌های انجام‌شده توسط سازمان ملل متحد (۵۰)، نشان می‌دهد، جمعیت جهان روند صعودی داشته و از ۷/۷ میلیارد نفر در سال ۲۰۱۹ به ۱۰/۹ میلیارد نفر در سال ۲۱۰۰ میلادی افزایش خواهد یافت؛ بالطبع این افزایش جمعیت، تقاضای جهانی و مصرف محصولات کشاورزی به‌عنوان مواد غذایی، خوراک و سوخت به‌سرعت با افزایش روبرو خواهد شد؛ نقش غلات، به‌ویژه گندم در تأمین نیاز تغذیه‌ای انسان و نیز تأمین پروتئین حیوانی مصرفی انسان از طریق تعلیف دام و طیور بر همگان آشکار است. گندم به‌عنوان محصول محوری و کلیدی کشاورزی، جایگاه ویژه‌ای را در تغذیه ملل جهان دارد و غذای اصلی تقریباً ۳۵ درصد جمعیت جهان را تشکیل می‌دهد (۳۴)؛ این گیاه بیش از ۲۵ درصد انرژی و ۲۰ درصد پروتئین مورد نیاز در رژیم غذایی جامعه بشری را تأمین می‌کند (۳،۱۲)، بنابراین باید از لحاظ کمی و کیفی مورد توجه قرار گیرد.

تنش‌های محیطی به‌عنوان محدودیت‌های اساسی افزایش تولید در واحد سطح مطرح می‌شوند که هر ساله بخش قابل توجهی از محصولات کشاورزی را تحت‌تأثیر قرار داده و از بین می‌برند (۱،۲۲،۳۰). با افزایش ۶۰ درصدی تقاضا برای گندم تا سال ۲۰۵۰، درجه حرارت نیز طی همین برهه زمانی به دلیل تغییرات آب و هوایی افزایش می‌یابد و انتظار می‌رود تنش خشکی تولید گندم را به میزان ۲۹ درصد کاهش دهد (۳۶،۴۶). این پیش‌بینی با رکود عملکرد، افزایش هزینه‌های آبیاری و کود (۱۲) و نیز سویه‌های جدید بیماری‌زا و تهاجمی مانند نژاد Ug99 قارچ عامل بیماری زنگ ساقه همراه شده است (۴۶). بیماری‌ها و آفات سالانه حدود ۲۰ درصد عملکرد جهانی گندم را کاهش می‌دهند (۳۱). در این بین زنگ‌ها به‌عنوان خسارت‌زاترین بیماری‌های گندم به شمار می‌روند و سهم عمده‌ای از این کاهش محصول را باعث می‌شوند.

سه گونه پاتوژن عامل بیماری زنگ گندم شامل زنگ سیاه با عامل قارچی *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*، زنگ قهوه‌ای با عامل قارچی *Puccinia triticina* و زنگ زرد با عامل قارچی *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* باعث ویرانگرترین بیماری‌های گندم هستند (۲،۱۴،۲۱) که زیان‌های اقتصادی محسوسی را در سطح جهان به دنبال دارند (۳۳،۴۵،۴۸). در میان زنگ‌های ذکرشده، زنگ سیاه

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

بسیار تهاجمی است به‌طوری که با مهیا شدن شرایط و وجود زادمایه کافی، قادر است سه هفته پیش از برداشت محصول گندم، به مزرعه حمله‌ور شود و سبب تخریب و حتی نابودی کامل آن گردد؛ به همین دلیل در کانون توجهات متخصصان بخش کشاورزی و نیز کشاورزان قرار گرفته است (۱۳،۲۲،۴۸). تکامل قارچ عامل بیماری و استقرار نژادهای بیماری‌زای جدید از طریق مهاجرت، جهش و نوترکیبی ژنتیکی در قارچ عامل بیماری صورت می‌پذیرد؛ لذا تضمین امنیت غذایی در میان این تهدیدات نیاز به تلاش‌هایی برای بهبود تولید محصول از طریق اصلاح ژنوتیپ‌های با پتانسیل ژنتیکی مطلوب دارد (۵،۳۵). مقاومت ژنتیکی، اقتصادی‌ترین و ارجح‌ترین روش برای کنترل بیماری در میان سایر روش‌های مبارزه با بیماری‌ها است (۲۰،۴۷). برآورد تنوع ژنتیکی در گیاهان، نقش بسزایی در پیشبرد برنامه‌های اصلاحی و حفاظت از منابع ژنتیکی ایفا می‌کند. شناسایی منابع مقاومت و وارد نمودن آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی موجب توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم می‌گردد. ژنوتیپ‌های اصلاح‌شده بازده بالاتر، تحمل بیشتر در برابر تنش‌ها و سازگاری وسیع‌تر با طیف گسترده‌ای از شرایط محیطی خواهند داشت.

مدل گرافیکی GGE بای‌پلات بر اساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی پیشنهاد شده است (۸،۱۰،۱۷،۵۳). در واقع مفهوم GGE از اثر اصلی ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ و محیط اتخاذ گردیده است (۵۴) و از طریق نمایش گرافیکی برهمکنش ژنوتیپ و محیط به اصلاح‌گر کمک می‌کند تا به‌سادگی ژنوتیپ‌های مطلوب برای هر محیط را گزینش و همچنین روابط میان محیط‌ها و شناسایی محیط‌های هدف در برنامه‌های به‌نژادی را بررسی نماید (۵۱). با استفاده از GGE بای‌پلات محیط‌های تحت مطالعه از نظر واکنش به ژنوتیپ‌ها گروه‌بندی می‌شوند (۲۳). به استناد نمودارهای حاصل از GGE بای‌پلات می‌توان اظهار نمود که کدام ژنوتیپ در کدام یک از محیط‌ها یا زیرگروه‌ها از پتانسیل بالاتری برخوردار است؛ این ویژگی سبب منحصربه‌فرد شدن GGE بای‌پلات نسبت به سایر روش‌های چندمتغیره شده است (۷). اصلاح‌کنندگان گیاهی از روش GGE بای‌پلات برای تجزیه پایداری و سازگاری در گیاهان زراعی و صنعتی مانند گندم نان (۱۶،۳۲)، گندم دوروم (۲۵،۲۶)، جو (۱۱،۱۸)، برنج (۲۹،۳۹)، آفتابگردان (۴۴)، کلزا (۲۷)، عدس (۳۸)، پنبه (۱۹،۴۳)، در تجزیه‌های ژنتیکی به روش تلاقی دای‌آلل به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌هایی با بهترین ترکیب‌پذیری عمومی و خصوصی (۴۰،۴۲،۵۲) و نیز شناسایی منابع مقاومت به بیماری زنگ گندم (۴) استفاده نموده‌اند و نتایج و اطلاعات جامع و فراوانی را به دست آورده‌اند که کمک شایانی به توسعه کشت و افزایش محصول با شناسایی و معرفی ارقام مطلوب شده است. پژوهش حاضر با هدف استفاده از روش گرافیکی GGE بای‌پلات برای شناسایی و گزینش ژنوتیپ‌های مقاوم در برابر نژادهای مختلف بیماری زنگ سیاه و همچنین بررسی روابط میان نژادهای بیماری انجام شد.

مواد و روش‌ها

مجموعه‌ای متشکل از ۸۹ رقم تجاری گندم نان از مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (کرج) و مؤسسه تحقیقات کشاورزی دیم (مراغه) تهیه شد. این مجموعه شامل ارقام قدیم و جدید ایران هستند که در طول سال‌های ۱۳۲۱ تا ۱۳۹۳ معرفی شده بودند. نام ارقام مورد بررسی در جدول ۱ ارائه شده است.

جدول ۱- اسامی ژرم‌پلاسم تحت مطالعه گندم به‌منظور ارزیابی واکنش نسبت به نژادهای مختلف بیماری زنگ سیاه

Table 1. Germplasm names of wheat under study to evaluate the reaction to different races of stem rust

ردیف	نام رقم	ردیف	نام رقم	ردیف	نام رقم	ردیف	نام رقم	ردیف	نام رقم
۱	Adl-1	۱۹	Chamran-2	۳۷	Inia-66	۵۵	MV-17	۷۳	Shahpasand
۲	Aflak	۲۰	Darab-1	۳۸	Karaj-1	۵۶	Navid	۷۴	Shahryar
۳	Akbari	۲۱	Darab-2	۳۹	Karaj-2	۵۷	Naz	۷۵	Shanghai
۴	Alborz	۲۲	Darya	۴۰	Karaj-3	۵۸	Niknejad	۷۶	Shiraz
۵	Alvand	۲۳	Dastjerdi	۴۱	Karim	۵۹	Neishabour	۷۷	Shiroudi
۶	Aqoa	۲۴	Dayhim	۴۲	Kaveh	۶۰	Ofogh	۷۸	Sirvan
۷	Arta	۲۵	Dez	۴۳	Kavir	۶۱	Ohadi	۷۹	Sistan
۸	Arvand-1	۲۶	DN11	۴۴	Khazar-1	۶۲	Panjamo T 62	۸۰	Sivand
۹	Atrak	۲۷	Falat	۴۵	Kouhdasht	۶۳	Parsi	۸۱	Soissons
۱۰	Azadi	۲۸	Foung	۴۶	Mahdavi	۶۴	Pishgam	۸۲	Tajan
۱۱	Azar	۲۹	Frontana	۴۷	Maroon	۶۵	Pishtaz	۸۳	Takab
۱۲	Azar-2	۳۰	Gahar	۴۸	Marvdasht	۶۶	Rashid	۸۴	Tobari F 66
۱۳	Bahar	۳۱	Gascogen	۴۹	Mihan	۶۷	Reyhani	۸۵	Tous
۱۴	Bam	۳۲	Qaboos	۵۰	Morocco	۶۸	Rijaw	۸۶	Uroum
۱۵	Bayat	۳۳	Ghods	۵۱	Morvarid	۶۹	Roshan	۸۷	Veery/Nac
۱۶	Bisotoon	۳۴	Golestan	۵۲	Moghan-1	۷۰	Sabalan	۸۸	Zagros
۱۷	Bezostaya	۳۵	Hamoon	۵۳	Moghan-2	۷۱	Sepahan	۸۹	Zare
۱۸	Chamran	۳۶	Homa	۵۴	Moghan-3	۷۲	Shahi	۹۰	Zarrin

واکنش مواد گیاهی تحت مطالعه همراه با شاهد حساس موراکو نسبت به شش نژاد مختلف بیماری زنگ سیاه ارزیابی شد. مشخصات نژادهای قارچ *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* مورد استفاده در جدول ۲ ارائه شده است. این نژادها طی سال‌های ۱۳۹۴، ۱۳۹۵ و ۱۳۹۸ از مناطق مختلف کشور جمع‌آوری شدند. طی چند سال اخیر، جدایه ۳۲-۹۴ به‌عنوان

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

نژاد غالب بیماری زنگ سیاه در کشور بوده است و به‌صورت متداول به‌منظور بررسی واکنش مرحله گیاهچه‌ای لاین‌های اصلاحی در گلخانه‌های زنگ سیاه واحد پاتولوژی بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (کرج) مورد استفاده قرار می‌گیرد؛ لذا یوریدیوسپورهای این نژاد به‌صورت زنده در دسترس قرار گرفت. یوریدیوسپورهای سایر جدایه‌های مورد استفاده در دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری می‌شدند. جهت تکثیر اسپور، یوریدیوسپورهای هر یک از جدایه‌ها ابتدا در دمای ۴۲ درجه سانتی‌گراد به مدت پنج دقیقه تحت شوک حرارتی قرار گرفتند و سپس روی گیاهچه‌های رقم حساس موراکو مایه‌زنی شدند. بدین منظور ابتدا بذور میزبان حساس موراکو بر اساس زادمایه مورد نیاز، در گلدان‌های حاوی مخلوط یک واحد خاک معمولی، یک واحد پیت ماس و دو واحد خاک‌برگ کشت گردیدند و برای رشد و نمو در گلخانه‌ای با دمای ۲۲ تا ۲۵ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. زمانی که گیاهچه‌ها به مرحله ۱۲ رشد و نمو فنولوژیکی (باز شدن کامل برگ اول و ظاهر شدن برگ دوم) بر اساس مقیاس زیداکس (۵۷) رسیدند، به اتاق مایه‌زنی انتقال یافتند و با استفاده از پمپ هوا نسبت به اسپری نمودن سوسپانسیون یوریدیوسپور- روغن معدنی سالترول ۱۷۰ بر روی آن‌ها اقدام شد. پس از انجام مایه‌زنی، گیاهچه‌ها در اتاقک تاریک با شرایط دمایی ۲±۱۸ درجه سانتی‌گراد و رطوبت نزدیک به اشباع با هدف نفوذ پاتوژن عامل بیماری به بافت برگ از طریق روزنه‌ها، به مدت ۲۴ ساعت نگهداری شدند. سپس به گلخانه با شرایط دمایی ۲±۲۲ درجه سانتی‌گراد و فتوپریود ۱۶ ساعت روشنایی با شدت ۱۲۰۰۰ لوکس و ۸ ساعت تاریکی انتقال یافتند. با ظهور جوش و تولید اسپور بر روی گیاهچه‌ها، نسبت به جمع‌آوری یوریدیوسپورها و آماده‌سازی زادمایه مورد نیاز برای ارزیابی فنوتیپی ژرم‌پلاسم تحت مطالعه اقدام گردید.

جدول ۲- مشخصات نژادهای بیماری زنگ سیاه مورد استفاده جهت ارزیابی ارقام گندم

Table 2. Detailed description of the stem rust races used to evaluation the wheat cultivars

جدایه	مکان	نژاد	ژن‌های مقاومت به زنگ سیاه در گندم	
			غیر مؤثر	مؤثر
۹۴-۱۵	کلاردشت، مازندران، ایران	PTRTF	*Sr5، Sr6، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr11، Sr12، Sr13، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr25، Sr27، Sr28، Sr29، Sr34، Sr35، Sr36، Sr37، Sr38، Sr39، SrTmp و SrMcN*	*Sr7a، Sr21، Sr22، Sr23، Sr24، Sr26، Sr30، Sr31، Sr32، Sr33 و Sr40*
۹۴-۲۹	ممقان، آذربایجان شرقی، ایران	PKSTC	*Sr5، Sr6، Sr7a، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr12، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr23، Sr28، Sr30، Sr34، Sr36، Sr37، SrTmp و SrMcN*	*Sr11، Sr13، Sr22، Sr24، Sr25، Sr26، Sr27، Sr31، Sr32، Sr38، Sr39 و Sr40*
۹۴-۳۲	کلاردشت، مازندران، ایران	TTTTF	*Sr5، Sr6، Sr7a، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr11، Sr12، Sr13، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr21، Sr27، Sr28، Sr29، Sr30، Sr33، Sr34، Sr35، Sr36، Sr37، Sr38، SrTmp و SrMcN*	*Sr22، Sr23، Sr24، Sr25، Sr26، Sr31، Sr32، Sr39 و Sr40*
۹۴-۴۸	زنجان، ایران	PKSTF	*Sr5، Sr6، Sr7a، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr12، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr28، Sr29، Sr30، Sr34، Sr35، Sr36، Sr37، Sr38، SrTmp و SrMcN*	*Sr11، Sr13، Sr21، Sr22، Sr23، Sr24، Sr25، Sr26، Sr27، Sr31، Sr32، Sr33، Sr39 و Sr40*
۹۵-۳۲	پارس آباد، اردبیل، ایران	PKTTF	*Sr5، Sr6، Sr7a، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr11، Sr12، Sr13، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr25، Sr27، Sr28، Sr29، Sr34، Sr35، Sr36، Sr37، Sr38، Sr39، SrTmp و SrMcN*	*Sr21، Sr22، Sr23، Sr24، Sr26، Sr30، Sr31، Sr32، Sr33 و Sr40*
۹۸-۲۲	کرمانشاه، ایران	PTTTF	*Sr5، Sr6، Sr7a، Sr7b، Sr8a، Sr8b، Sr9a، Sr9b، Sr9d، Sr9e، Sr9g، Sr10، Sr11، Sr12، Sr13، Sr14، Sr15، Sr16، Sr17، Sr18، Sr19، Sr20، Sr28، Sr29، Sr30، Sr34، Sr35، Sr36، Sr37، Sr38، SrTmp و SrMcN*	*Sr21، Sr24، Sr26، Sr27، Sr31، Sr32، Sr39 و Sr40*

واکنش مقاومت ۸۹ رقم گندم مورد بررسی به همراه شاهد حساس موراکو نسبت به نژادهای مورد استفاده در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در مرحله گیاهچه‌ای ارزیابی گردید. کلیه مراحل ارزیابی گیاهچه‌ای از کشت بذور تا انتقال به گلخانه بعد از قرار گرفتن در اتاقک تاریک، مشابه با آنچه برای تکثیر یوریدیوسپور توضیح داده شد، در گلخانه‌های تحقیقاتی واحد پاتولوژی بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج طی سال ۱۳۹۸ صورت پذیرفت. ۱۴ روز پس از مایه‌زنی، تیپ آلودگی مربوط به گیاهچه‌های هر یک از ارقام بر اساس مقیاس 4-0 که توسط استاکمن و همکاران (۴۹) معرفی و توسط مکینتاش و همکاران (۲۴) تعدیل گردید، یادداشت‌برداری انجام شد. تیپ آلودگی تغییریافته استاکمن و همکاران (۴۹) به‌منظور انجام تجزیه‌وتحلیل‌های آماری به مقیاس خطی تبدیل شد، به‌طوری‌که "0"، ";0"، ";"، "1;"، "1"، "+1"، "-2"، "2C"، "2"، "+2"، "3"، "3+" و "4" به ترتیب از ۱۳ تا یک کدگذاری شدند (۴۱). برای انجام آزمون عدم تجانس به روش بارتلت و تجزیه واریانس مرکب، به ترتیب پکیج‌های graphics و agricolae در نرم‌افزار R مورد استفاده قرار گرفت. با توجه به معنی‌دار شدن برهمکنش ژنوتیپ- نژاد، نسبت به انجام سایر تجزیه و تحلیل‌ها اقدام شد. در مطالعه حاضر هر یک از نژادهای بیماری مورد استفاده جهت انجام تجزیه گرافیکی به روش GGE بای‌پلات به‌عنوان یک محیط در نظر گرفته شد، سپس بر اساس تجزیه به مقادیر منفرد طبق رابطه ۱ تجزیه گرافیکی GGE بای‌پلات صورت گرفت:

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

(رابطه ۱) $$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

بر اساس رابطه ۱ بالا Y_{ij} میانگین ژنوتیپ iام در نژاد jام، μ میانگین کل ژنوتیپ‌ها، β_j اثر اصلی نژاد jام، λ_1 و λ_2 مقادیر ویژه برای اولین و دومین مؤلفه، ξ_{i1} و ξ_{i2} بردارهای ویژه ژنوتیپی و η_{j1} و η_{j2} بردارهای نژادی مؤلفه اول و دوم و ε_{ij} مقدار باقیمانده برای ژنوتیپ iام در نژاد jام هستند (۵۴).

تجزیه گرافیکی به روش GGE بای‌پلات با استفاده از پکیج GGEBiplotGUI در نرم‌افزار R بر مبنای شش الگوی: ۱- بررسی میزان همبستگی میان نژادهای بیماری مورد استفاده، ۲- رتبه‌بندی نژادهای بیماری طبق نژاد ایده‌آل، ۳- تعیین ژنوتیپ دارای مقاومت نسبت به هر نژاد، ۴- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر پایه میانگین تیپ آلودگی و پایداری و ۵- رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها طبق ژنوتیپ ایده‌آل انجام شد.

نتایج و بحث

همگنی خطا در آزمایش‌های مختلف مربوط به هر یک از نژادهای بیماری با استفاده از آزمون بارتلت بررسی شد و نتایج آن مؤید یکنواختی خطای آزمایشی بود؛ لذا تجزیه واریانس مرکب بر روی داده‌ها انجام شد و نتایج حاصله در جدول ۳ ارائه گردید. اثر نژادهای مختلف عامل بیماری زنگ سیاه مورد استفاده، وجود اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد بین نژادهای بیماری را تأیید کرد. اثر ژنوتیپ نیز در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد که مبین وجود تنوع ژنتیکی از نظر واکنش به بیماری میان ژرم‌پلاسم تحت مطالعه بود؛ به بیان بهتر ارقام تجاری مورد بررسی واکنش‌های متفاوتی را از نظر تیپ آلودگی در برابر نژادهای بیماری نشان دادند. نتیجه مربوط به برهمکنش ژنوتیپ- نژاد نشان داد که ژنوتیپ‌های تحت بررسی از عکس‌العمل یکسانی در برابر نژادهای بیماری مورد استفاده برخوردار نبوده‌اند و این موضوع تأییدکننده غیر قابل اجتناب بودن برهمکنش‌های مختلف در تحقیقات کشاورزی است (۳۷،۵۴) که باید توسط محققین این حوزه مورد توجه قرار گیرد تا نتایج مطلوبی در پیشرفت تحقیقات حوزه کشاورزی حاصل شود. تجزیه واریانس مرکب تیپ آلودگی (جدول ۳) نشان داد که بیش‌ترین مجموع مربعات کل به‌وسیله ژنوتیپ (۵۰/۰۸ درصد) تبیین می‌شود و پس از آن بالاترین واریانس توجیه‌شده متعلق به برهمکنش ژنوتیپ-نژاد (۴۴/۸۳ درصد) می‌باشد. تنوع ژنتیکی میان ارقام تجاری گندم نان مورد استفاده، تأثیر بسزایی در تغییرات داده‌ها داشته است. نژاد بیماری در حدود چهار درصد از تغییرات کل را سبب گردید. کوچک بودن اثر نژادهای مختلف بیماری مؤید وجود تنوع پایین در بین نژادهای بیماری تحت بررسی است. با توجه به واریانس توجیه‌شده بالا و نیز معنی‌دارشدن در سطح احتمال یک درصد برهمکنش ژنوتیپ- نژاد، چنین استنباط می‌گردد که مهم‌ترین عاملی که سبب تغییر در واکنش تیپ آلودگی هر یک از ارقام در برابر هر یک از نژادها شده است، تأثیری است که ژنوتیپ و نژاد بر روی یکدیگر می‌گذارند.

به‌منظور بررسی و تفسیر تنوع ژنوتیپ‌ها، نژادها و برهمکنش ژنوتیپ-نژاد از تجزیه گرافیکی بای‌پلات بر مبنای مدل‌های چندمتغیره استفاده شد. این نمودارها ۷۰/۰۸ درصد از واریانس داده‌ها را توجیه نمودند به‌طوری‌که ۵۸/۰۷ درصد متعلق به مؤلفه اول و ۱۲/۷۳ درصد متعلق به مؤلفه دوم بود. به دلیل اینکه این دو مؤلفه بیش از ۶۰ درصد واریانس داده‌ها را توجیه نمودند، بنابراین می‌توان از آن‌ها در شناسایی و گروه‌بندی نژادها نیز بهره جست (۵۳). طبق نظر یان و تینکر (۵۶) با توجه به این‌که دو مؤلفه اول توانسته‌اند اکثریت تغییرات کل را توجیه کنند، لذا ماهیت برهمکنش ژنوتیپ- نژاد چندان پیچیده نیست. در مطالعات مختلفی که انجام شده است به این موضوع اشاره شده است. با مطالعه‌ای که بر روی ۱۸ ژنوتیپ گندم انجام شد، بیان گردید که دو مؤلفه اول در مجموع بیش از ۵۳ درصد تغییرات مربوط به ژنوتیپ و برهمکنش ژنوتیپ- محیط را تبیین می‌کنند که از این میزان سهم هر یک از مؤلفه‌های اول و دوم به ترتیب برابر با ۳۲/۲۸ درصد و ۲۱/۴۴ درصد بود (۶). در آزمایشی دیگر روی ۲۰ ژنوتیپ گندم، مشخص شد که مؤلفه‌های اول و دوم جمعاً ۷۶/۹۵ درصد از تنوع داده‌ها را تبیین می‌کنند؛ در این میان میزان واریانس توجیه‌شده هر مؤلفه به ترتیب ۴۶/۸۳ درصد و ۳۰/۱۲ درصد برآورد گردید (۲۸). صارمی‌راد و همکاران (۴۴) در آزمایشی مجموع مؤلفه اول و مؤلفه دوم را نزدیک به ۷۴ درصد برآورد نمودند و اظهار کردند که مؤلفه اول سهمی در حدود ۴۶ درصد و مؤلفه دوم سهمی نزدیک به ۲۷ درصد از تغییرات کل را دارا می‌باشند.

جدول ۳- تجزیه واریانس مرکب تیپ آلودگی ارقام مورد مطالعه نسبت به شش نژاد مختلف بیماری زنگ سیاه
Table 3. Combined analysis of variance of infection type of cultivars studied against six different stem rust races

منابع تغییر	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات	واریانس توجیه شده (٪)
نژاد	۵	۲۶۹/۶۲	۵۳/۹۲**	۴/۱۳
اشتباه یک	۶	۱/۵۳	۰/۲۶	۰/۰۲
ژنوتیپ	۸۹	۳۲۶۹/۱۷	۳۶/۷۳**	۵۰/۰۸
ژنوتیپ×نژاد	۴۴۵	۲۹۲۶/۲۱	۶/۵۷**	۴۴/۸۳
اشتباه دو	۵۳۴	۶۱/۴۷	۰/۱۱	۰/۹۴
ضریب تغییرات (٪)		۸/۴۸		

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد

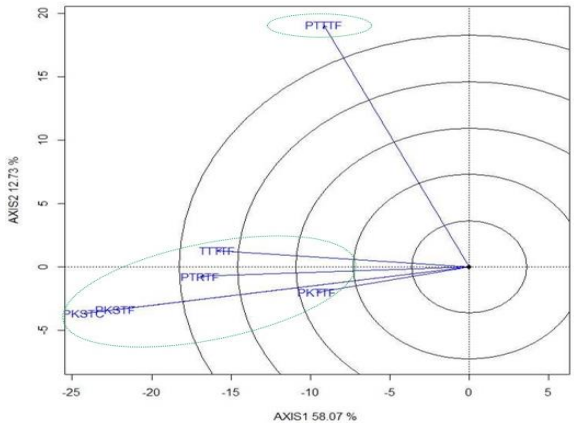
در نمودار بای‌پلات همبستگی و روابط میان نژادهای بیماری (شکل ۱)، خطوطی از مبدأ مختصات به نقاط قرارگیری نژادها رسم شد. هر اندازه زاویه میان بردارهای نژادها کم‌تر باشد، بین آن‌ها همبستگی بالایی وجود خواهد داشت. در واقع بالا بودن همبستگی میان نژادها، به معنای وجود همبستگی بالا بین رتبه واکنش تیپ آلودگی ارقام

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

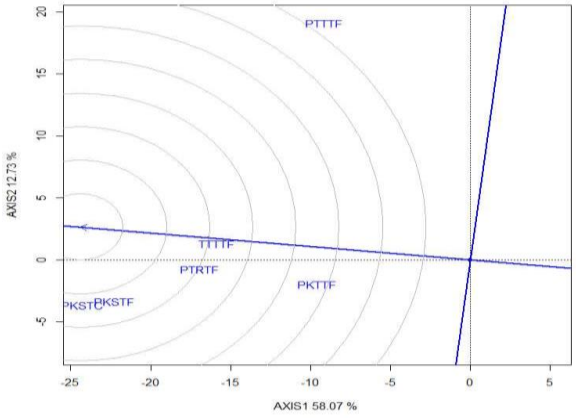
نسبت به آن نژادهای بیماری می‌باشد. به‌طورکلی کسینوس زاویه بین بردارهای نژادها تعیین‌کننده میزان همبستگی است. در زاویه بین برداری کوچک‌تر از ۹۰ درجه، همبستگی مثبت و در زاویه بین برداری بزرگ‌تر از ۹۰ درجه، همبستگی منفی خواهد بود. زاویه ۹۰ درجه بین بردارها بیانگر این است که بین نژادها همبستگی وجود نداشته و مستقل می‌باشند (۵۴). بر اساس این بای‌پلات بین نژادهای PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF همبستگی بالایی مشاهده شد. حتی بین نژادهای PKSTC و PKSTF همبستگی کامل وجود داشت؛ این موضوع مبین پاسخ مشابه ارقام از نظر تیپ آلودگی نسبت به این نژادها است، لذا نتیجه‌گیری می‌شود که میان رتبه واکنش ارقام از لحاظ تیپ آلودگی نسبت به نژادهای نام‌برده تفاوت چندانی مشاهده نمی‌شود. بر اساس تعیین نژاد صورت پذیرفته (جدول ۲) و تجمیع ژن‌های بی‌اثر شده، مشخص می‌شود، در ارقامی که نسبت به این نژادها واکنش مقاومت نشان می‌دهند، ژن‌های *Sr5*، *Sr6*، *Sr7a*، *Sr7b*، *Sr8a*، *Sr8b*، *Sr9a*، *Sr9b*، *Sr9d*، *Sr9e*، *Sr9g*، *Sr10*، *Sr11*، *Sr12*، *Sr13*، *Sr14*، *Sr15*، *Sr16*، *Sr17*، *Sr18*، *Sr19*، *Sr20*، *Sr21*، *Sr23*، *Sr25*، *Sr27*، *Sr28*، *Sr29*، *Sr30*، *Sr33*، *Sr34*، *Sr35*، *Sr36*، *Sr37*، *Sr38*، *Sr39*، *SrTmp* و *SrMcN* دخالتی ندارند. از سوی دیگر در ارقام دارای واکنش حساسیت به این نژادهای بیماری، ژن‌های *Sr22*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr31*، *Sr32* و *Sr40* وجود ندارند؛ زیرا بر اساس تعیین نژاد جدایه‌ها در صورت وجود این ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای، باید در این ارقام حساس نیز واکنش مقاومت مشاهده می‌گردید، اما در عمل مقاومتی مشاهده نشد. نژاد PTTTF با نژادهای TTTTF و PTRTF همبستگی بسیار پایین و با نژادهای PKTTF، PKSTC و PKSTF همبستگی تقریباً نزدیک به صفر داشتند، این امر نمایانگر عدم تشابه این نژادهای بیماری زنگ سیاه از لحاظ ایجاد آلودگی بر روی گیاهچه‌های گندم می‌باشد، در واقع میان واکنش تیپ آلودگی ارقام نسبت به این نژادها شباهتی وجود نداشت. با مقایسه ژن‌های مقاومت مؤثر و غیر مؤثر نژاد بیماری PTTTF با پنج نژاد PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF (جدول ۲)، مشخص می‌شود، در صورتی که در بروز واکنش مقاومت و حساسیت ژنوتیپ‌ها، تنها ژن‌هایی که در تعیین نژاد بیماری بر اساس مجموعه ۲۰ لاین و رقم افتراقی آمریکای شمالی (۱۵) دخیل باشند، بایستی نژاد PTTTF نیز با نژادهای PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF همبستگی بالایی داشته باشد، اما با توجه به نتایج به‌دست‌آمده همبستگی مشاهده نشد و مستقل از آن‌ها عمل کرد. استقلال این نژاد می‌تواند ناشی از ژنتیک بیماری‌زایی قارچ عامل بیماری این نژاد یا ریخته ژنتیکی ژرم‌پلاسم گندم نان مورد ارزیابی باشد. از مزایای دیگر این بای‌پلات می‌توان به تعیین گروه‌های نژادی اشاره نمود (۵۱). این گروه‌ها از دو خصوصیت برخوردار هستند؛ نخست اینکه واریانس میان گروه‌های بزرگ به شکل بسیار قابل توجهی بیش‌تر از واریانس درون گروه‌های بزرگ می‌باشد؛ دومین ویژگی مربوط به تفاوت ارقام برتر در هر گروه بزرگ است (۹). با توجه به مطالعه حاضر نژاد PTTTF به‌تنهایی در یک گروه قرار گرفت. نژادهای PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF که دارای همبستگی نزدیکی با یکدیگر بودند، گروه دوم را به وجود آوردند؛ بنابراین به دلیل این‌که پنج نژاد تحت بررسی گروه دوم، سبب بروز پاسخ تقریباً مشابهی در ارقام تحت مطالعه شدند، مطلوب است در تحقیقات آتی ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های گندم نسبت به نژادهای مختلف بیماری زنگ سیاه، یکی از نژادهای مورد آزمایش در گروه دوم استفاده شود تا دامنه مطالعات را به نژادهای بیماری‌زای مختلف دیگری گسترش داد و اطلاعات بیشتری در خصوص ژرم‌پلاسم تحت آزمایش به دست آورد. مزیت مهم دیگر این بای‌پلات، طول بردار نژادها می‌باشد که تقریبی از انحراف معیار درون هر نژاد بیماری است و نیز به‌عنوان شاخصی جهت قابلیت تمایز نژادها می‌باشد، بدین‌صورت که بردارهای بلندتر، از انحراف معیار بالاتر برخوردار بوده و بنابراین قابلیت تمایز بیشتری دارند (۵۴). یکی از ویژگی‌های مهم هر نژاد بیماری قابلیت تمایز آن می‌تواند باشد؛ به‌نحوی‌که نژادهای فاقد قابلیت تمایز نمی‌توانند اطلاعات مفید و سودمندی در مورد ژنوتیپ‌های استفاده‌شده در آزمایش ارائه نمایند (۵۴). بررسی بردار نژادهای مورد استفاده، مؤید آن بود که نژادهای PKSTC، PKSTF و PTTTF به‌ترتیب دارای طول بردارهای بلندی هستند که نشان از قابلیت تمایز بالای این نژادهای بیماری در ارزیابی ژرم‌پلاسم گندم می‌باشد. نژاد PKTTF به علت دارا بودن طول بردار کوتاه‌تر نسبت به سایر نژادها قابلیت تمایز کم‌تری داشت. در نهایت مطالعه بای‌پلات همبستگی نژادها نشان داد که بیش‌تر نژادهای مورد آزمایش دارای قابلیت تمایز بالایی بودند و می‌توانند در آزمایش‌های ارزیابی ارقام، ژنوتیپ‌های تحت بررسی را متمایز نمایند.

در شکل ۲ رتبه‌بندی نژادهای مختلف بیماری زنگ سیاه مورد استفاده، بر اساس یک نژاد ایده‌آل فرضی که از حداقل بیماری‌زایی بر روی ژرم‌پلاسم مورد مطالعه برخوردار است، انجام شد. در این بای‌پلات از مبدأ مختصات خطی به نقطه میانگین نژادها وصل می‌شود و به طرفین ادامه می‌یابد. نژادی که حداقل بیماری‌زایی بر روی ژرم‌پلاسم تحت ارزیابی داشته باشد، با توجه به این بای‌پلات، نژادی است که به مرکز دوایر متحدالمرکز نزدیک‌تر باشد (۵۴). بر اساس این تعریف ترتیب قرارگیری نژادها از حداقل بیماری‌زایی تا حداکثر بیماری‌زایی بر روی ارقام مورد مطالعه عبارت از PKSTC، PKSTF، PTRTF، TTTTF، PKTTF و PTTTF بود. این شکل (شکل ۲) حضور ژن‌ها و عوامل ناشناخته دیگری به جزء ژن‌های تحت بررسی در تعیین نژاد جدایه‌های مختلف بیماری را تأیید می‌کند. بر اساس نتایج تعیین نژاد جدایه‌ها (جدول ۲) با توجه به اینکه نژاد TTTTF تعداد ژن‌های مقاومت بیشتری را در مقایسه با نژاد PTTTF بی‌اثر کرده است، باید نژاد پر آزارتری نسبت به آن باشد، اما این‌چنین نبود و نژاد PTTTF نسبت به TTTTF و حتی سایر نژادها پر آزار تر بود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]



شکل ۱- نمودار بای‌پلات بررسی روابط بین شش نژاد مختلف بیماری زنگ سیاه مورد استفاده
Figure 1. Biplot examine the relationship between the used stem rust six different races

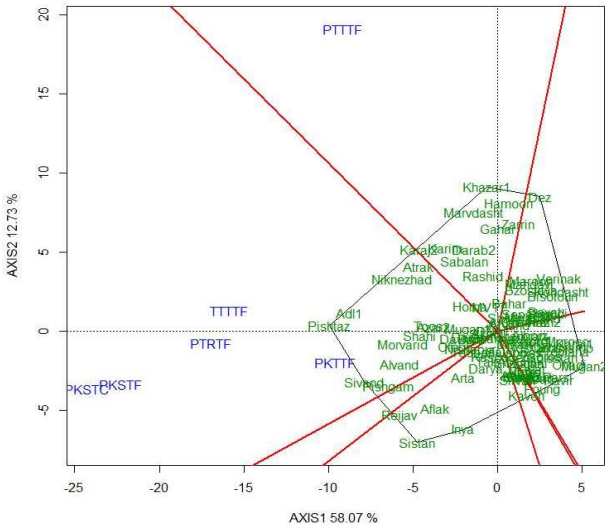


شکل ۲- نمودار رتبه‌بندی نژادها بر اساس نژاد ایده‌آل
Figure 2. Ranking biplot races based on hypothetical ideal race

نمودار چندضلعی برای تعیین ارقام مقاوم نسبت به نژادهای مختلف بیماری بر اساس برهمکنش ژنوتیپ- نژاد ژرم‌پلاسم مورد مطالعه در برابر شش نژاد بیماری به کار گرفته شد (شکل ۳). در این نمودار ژنوتیپ‌هایی که حداکثر فاصله را از مبدأ مختصات دارند، به یکدیگر متصل شده و یک چندضلعی را پدید می‌آورند و مابقی ژنوتیپ‌ها در داخل چندضلعی جای می‌گیرند. ژنوتیپ‌هایی که در رئوس چندضلعی قرار دارند، به دلیل اینکه حداکثر فاصله را از مبدأ مختصات بای‌پلات دارند، مقاوم‌ترین ژنوتیپ‌ها نسبت به یک یا چند نژاد خواهند بود. بر اضلاع این چندضلعی، از مبدأ مختصات خطوطی عمود رسم می‌شود که بای‌پلات را به چندین قسمت تقسیم می‌کند؛ نژادها بر اساس میزان همبستگی در بخش‌های یکسان یا متفاوتی قرار گرفته و گروه‌های کلان مشخص می‌گردند (۵۱). ژنوتیپ (هایی) که در یک بخش مشترک با نژاد (ها) قرار گرفته باشند، نسبت به آن نژاد (ها) مقاومت بالایی خواهند داشت. بر اساس این نمودار ارقام پیشتاز، خزر ۱، دز، مغان ۲، اینیا، سیستان و سیوند در رأس این چندوجهی قرار گرفتند و به‌عنوان ژنوتیپ‌های برتر شناسایی شدند. نژادهای PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF در یک بخش قرار گرفتند و ارقام پیشتاز و سیوند بدین علت که در رئوس این بخش قرار دارند، ارقام دارای واکنش مقاومت بالا نسبت به این نژادهای بیماری بودند. ارقام عدل، پیشگام، نیک‌نژاد و الوند پس از ارقام پیشتاز و سیوند مقاومت بالایی داشتند؛ بنابراین می‌توان با اطمینان اعلام نمود که ژن‌های مقاومت به زنگ سیاه *Sr5*، *Sr6*، *Sr7a*، *Sr7b*، *Sr8a*، *Sr8b*، *Sr9a*، *Sr9b*، *Sr9d*، *Sr9e*، *Sr9g*، *Sr10*، *Sr11*، *Sr12*، *Sr13*، *Sr14*، *Sr15*، *Sr16*، *Sr17*، *Sr18*، *Sr19*، *Sr20*، *Sr21*، *Sr23*، *Sr25*، *Sr27*، *Sr28*، *Sr29*، *Sr30*، *Sr33*، *Sr34*، *Sr35*، *Sr36*، *Sr37*، *Sr38*، *Sr39*، *SrTmp* و *SrMcN* در هیچ یک از این ارقام وجود ندارند و مقاومتی که در این ارقام مشاهده شده است را می‌توان به ترکیبات مختلف ژن‌های *Sr21*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr27*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr39* و *Sr40* و یا ترکیب ژن‌هایی که تاکنون شناسایی نشده‌اند، نسبت داد. نژاد PTTTF در یک بخش قرار گرفت. ژنوتیپ خزر ۱ به علت قرارگیری در رأس این بخش به‌عنوان ژنوتیپ دارای مقاومت بالا نسبت به این نژاد شناخته شد. پس‌ازآن، ژنوتیپ‌های هامون، مرودشت، زرین، گهر، داراب ۲ و سبلان در برابر نژاد PTTTF دارای مقاومت بیشتری بودند. با توجه به بی‌اثر شدن ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای *Sr5*، *Sr6*، *Sr7a*، *Sr7b*، *Sr8a*، *Sr8b*، *Sr9a*، *Sr9b*، *Sr9d*، *Sr9e*، *Sr9g*،

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

Sr10، *Sr11*، *Sr12*، *Sr13*، *Sr14*، *Sr15*، *Sr16*، *Sr17*، *Sr18*، *Sr19*، *Sr20*، *Sr28*، *Sr29*، *Sr30*، *Sr34*، *Sr35*، *Sr36*، *Sr37*، *Sr38*، *SrTmp* و *SrMcN* توسط این نژاد، لذا مقاومتی که این ارقام بروز دادند، ارتباطی به این ژن‌های مقاومت ندارد؛ بنابراین مقاومتی که ارقام نامبرده نشان دادند مربوط به ژن(هایی) غیر از این ژن‌ها است، بر اساس تعیین نژاد قارچ عامل بیماری (جدول ۲)، تعداد ژن‌هایی که تاکنون شناسایی شده‌اند و مقاومت در برابر نژاد PTTTF را حفظ کرده‌اند، شامل ژن‌های *Sr21*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr27*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr39* و *Sr40* می‌باشند، لذا مقاومت مشاهده شده امکان دارد به‌وسیله این ژن‌ها و یا ژن(های) مقاومتی که تاکنون شناسایی نشده‌اند، ایجاد شده باشد. ژنوتیپ‌هایی که نزدیک مبدأ قرار دارند به تغییر نژاد، یا نژادهایی که نزدیک مبدأ قرار دارند به تغییر ژنوتیپ واکنش زیادی نشان نمی‌دهند (۵۴). در این مطالعه نژادی که به مبدأ مختصات نزدیک باشد وجود نداشت، اما بخش اعظمی از ارقام در مرکز بای‌پلات قرار گرفتند. ارقامی که در نزدیک مبدأ مختصات قرار دارند دارای واکنش مقاومت ضعیف تا حساسیت نسبت به همه نژادهای بیماری مورد استفاده بودند.



شکل ۳- نمودار بای‌پلات چندضلعی جهت تعیین ارقام مقاوم در برابر هر یک از نژادهای مورد استفاده
Figure 3. Polygons of GGE biplot method for determine the resistance cultivars against each used races

از نمودار بای‌پلات مختصات متوسط، زمانی که مطالعه هم‌زمان پایداری و واکنش مقاومت ژنوتیپ‌ها در برابر همه نژادهای بیماری مد نظر باشد، می‌توان استفاده نمود (۵۴). نمودار بای‌پلات مختصات متوسط در روش GGE بای‌پلات، از روش‌های مفید محسوب می‌شود (۱۶). در این نمودار بای‌پلات (شکل ۴) محور افقی (PC1) معرف اثر اصلی ژنوتیپ و محور عمودی (PC2) معرف برهمکنش ژنوتیپ-نژاد می‌باشد. از مبدأ مختصات خطی بر میانگین نژادهای مورد مطالعه رسم می‌شود (محل میانگین نژادها با دایره مشخص شده است) (۵۳،۵۵)، این خط محور میانگین نژادها نام دارد. ژنوتیپ‌هایی که در ابتدای مثبت این محور قرار دارند دارای مقاومت بیشتری هستند و بالعکس ژنوتیپ‌های که در قسمت منفی قرار گرفته‌اند، از واکنش حساسیت برخوردار می‌باشند. خطی که از مبدأ گذشته و روی محور میانگین نژادها عمود شده است، نشانگر متوسط تیپ آلودگی ژنوتیپ‌ها است؛ ژنوتیپ‌های دارای تیپ آلودگی بالاتر از متوسط در سمت راست محور و ژنوتیپ‌های دارای تیپ آلودگی پایین‌تر از متوسط در سمت چپ محور قرار می‌گیرند. ژنوتیپ‌هایی که نزدیک به محور میانگین نژادها قرار دارند، از نوسان مقاومت کمتری نسبت به همه نژادهای بیماری به‌کاررفته در آزمایش برخوردار هستند، به بیان شیواتر ژنوتیپ‌هایی که فاصله عمود آن‌ها از محور میانگین نژادها کمتر باشد، در مقابل نژادهای مختلف مورد استفاده، واکنش یکسانی نشان می‌دهند. بر این اساس یک رقم ایده‌آل باید اولاً مقاومت بالایی داشته باشد و ثانیاً از حداقل نوسان واکنش در برابر تمامی نژادهای مورد استفاده برخوردار باشد، به عبارتی نزدیک به انتهای مثبت محور میانگین نژادها باشد و بیرون‌زدگی آن از این محور نیز حداقل باشد. بر این اساس ارقام عدل و پیشتاز دارای مقاومت در برابر هر شش نژاد مورد استفاده بودند. این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان یک معیار برای ارزیابی سایر ارقام می‌تواند استفاده شوند. هرچقدر فاصله یک ژنوتیپ از این ژنوتیپ کمتر باشد ژنوتیپ مناسب‌تری می‌باشد.

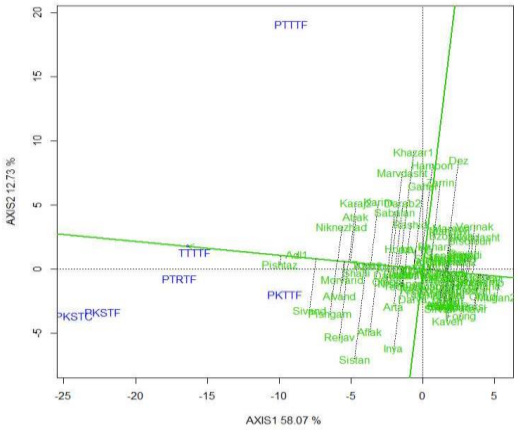
شکل ۵ رتبه‌بندی ارقام را بر اساس ژنوتیپ مطلوب نشان می‌دهد. یک ژنوتیپ مطلوب در ارزیابی ارقام نسبت به بیماری باید دارای حداکثر مقاومت در برابر تمامی نژادهای بیماری باشد. بدین منظور از مبدأ مختصات این بای‌پلات خطی به نقطه میانگین نژادها وصل می‌شود و به طرفین امتداد می‌یابد. در این شکل مطلوب‌ترین ژنوتیپ که یک ژنوتیپ فرضی با حداکثر مقاومت در برابر همه نژادهای تحت بررسی است، در مرکز دوایر هم‌مرکز می‌باشد که با علامت پیکان مشخص شده است. مقاومت سایر ژنوتیپ‌ها بر اساس این ژنوتیپ سنجیده می‌شوند. بهترین ژنوتیپ، ژنوتیپی است

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

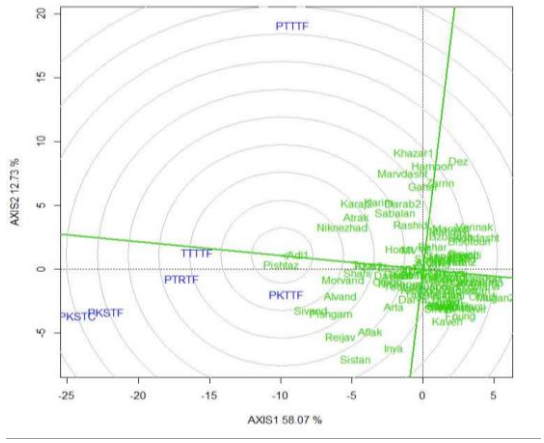
که فاصله کمتری از مرکز دوایر متحدالمرکز داشته باشد. بر این اساس ارقام عدل و پیشتاز مقاوم‌ترین و رقم مغان ۲ حساس‌ترین رقم بود.

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش چنین استنباط می‌شود که واکنش مقاومت ارقام تحت بررسی از نظر تیپ آلودگی نسبت به نژادهای مختلف قارچ عامل بیماری زنگ سیاه از برهمکنش ژنوتیپ–نژاد تأثیر می‌پذیرد و سبب تغییر رتبه تیپ آلودگی ارقام در برابر نژادها مختلف بیماری می‌شود. لذا جهت کاهش خسارات ناشی از قارچ عامل این بیماری، باید ژنوتیپ‌های دارای مقاومت اختصاصی نسبت به نژادهای بیماری شناسایی شوند و در مناطق مستعد ظهور این نژادها کشت گردند. در پژوهش حاضر نژادهای بیماری تحت بررسی از لحاظ شرایط نژادی قابل پیش‌بینی و غیر قابل پیش‌بینی در دو گروه قرار گرفتند و ارقام دارای مقاومت خصوصی با هر یک از این گروه‌ها شناسایی شدند. گروه اول، پنج نژاد بیماری PKTTF، PKSTC، PKSTF، PTRTF و TTTTF را در بر گرفت که نسبت به آن ارقام پیشتاز، سیوند، عدل، پیشگام، نیک‌نژاد و الوند بیش‌ترین مقاومت خصوصی را داشتند. گروه دوم را نژاد PTTTF تشکیل داد؛ ارقام هامون، مرودشت، زرین، گهر، داراب ۲ و سبلان در برابر این نژاد واکنش مقاومت اختصاصی بالایی نشان دادند. ارقام پیشتاز و عدل بر اساس نتایج و مشاهدات تحت عنوان پایدارترین ژنوتیپ‌ها از نظر مقاومت در برابر هر شش نژاد بیماری تحت استفاده شناخته شدند.



شکل ۴- نمودار بای‌پلات جهت رتبه‌بندی ارقام بر اساس میانگین تیپ آلودگی و پایداری
Figure 4. Biplot graph for ranking cultivars based on the average infection type and stability



شکل ۵- نمودار رتبه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس ژنوتیپ ایده‌آل
Figure 5. Ranking biplot genotypes based on hypothetical ideal genotype

منابع

1. Ashraf, M. and P. Harris. 2005. Abiotic stresses: plant resistance through breeding and molecular approaches. CRC press.
2. Boyd, L.A. 2005. Can Robigus defeat an old enemy?-Yellow rust of wheat. The Journal of Agricultural Science, 143: 233-248.
3. Braun, H.J., G. Atlin and T. Payne. 2010. Multi-location testing as a tool to identify plant response to global climate change. Climate change and Crop Production, 1: 115-138.
4. Dehghani, H., M. Moghaddam, M.R. Bihamta, N. Sabaghnia and R. Mohammadi. 2013. Biplot analysis of diallel data in strip rust of wheat. Australasian Plant Pathology, 42(5): 601-608.
5. Edgerton, M.D. 2009. Increasing crop productivity to meet global needs for feed, food, and fuel. Plant Physiology, 149(1): 7-13.
6. Esmaeilzadeh Moghaddam, M., S. Tahmasebi, G. Ayeneh, H. Moghadam, K. Mahmoudi, M. Sayyahfar, S. Ghaffari and H. Zali. 2018. Evaluation of grain yield stability of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) promising lines in warm and dry regions of Iran. Iranian Journal of Crop Sciences, 20(1): 61-76 (In Persian).
7. Farshadfar, E., R. Mohammadi, M. Aghaee and Z. Vaisi. 2012. GGE biplot analysis of genotype x environment interaction in wheat-barley disomic addition lines. Australian Journal of Crop Science, 6(6): 1074-1079.
8. Gabriel, K.R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika, 58(3): 453-467.
9. Gauch, H.G. and M.S. Kang. 1996. Genotype by environment internaction. CRC Press.
10. Gauch Jr, H.G. and R.W. Zobel. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. Crop Science, 37(2): 311-326.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]
[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

11. Gebremedhin, W., M. Firew and B. Tesfye. 2014. Stability analysis of food barley genotypes in Northern Ethiopia. African Crop Science Journal, 22(2): 145-153.
12. Hawkesford, M.J., J.L. Araus, R. Park, D. Calderini, D. Miralles, T. Shen, J. Zhang and M. A. Parry. 2013. Prospects of doubling global wheat yields. Food and Energy Security, 2(1): 34-48.
13. Herrera-Foessel, S.A., E.S. Lagudah, J. Huerta-Espino, M.J. Hayden, H.S. Bariana, D. Singh and R.P. Singh. 2011. New slow-rusting leaf rust and stripe rust resistance genes Lr67 and Yr46 in wheat are pleiotropic or closely linked. Theoretical and Applied Genetics, 122(1): 239-249.
14. Hodson, D. 2011. Shifting boundaries: challenges for rust monitoring. Euphytica, 179(1): 93-104.
15. Jin, Y., L.J. Szabo, Z. Pretorius, R. Singh, R. Ward and T. Fetch Jr. 2008. Detection of virulence to resistance gene Sr24 within race TTKS of Puccinia graminis f. sp. tritici. Plant Disease, 92(6): 923-926.
16. Kaya, Y., M. Akçura and S. Taner. 2006. GGE-biplot analysis of multi-environment yield trials in bread wheat. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 30(5): 325-337.
17. Kempton, R. 1984. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. The Journal of Agricultural Science, 103(1): 123-135.
18. Kendal, E. 2016. GGE biplot analysis of multi-environment yield trials in barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars. Ekin Journal of Crop Breeding and Genetics, 2(1): 90-99.
19. Khan, N.G., M. Naveed, N.U. Islam and M.S. Iqbal. 2007. Assessment of new upland cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) for yield stability and adaptability. Asian Journal of Plant Sciences, 14(2): 103-106.
20. Kolmer, J. 1996. Genetics of resistance to wheat leaf rust. Annual Review of phytopathology, 34(1): 435-455.
21. Kolmer, J.A. 2005. Tracking wheat rust on a continental scale. Current opinion in Plant Biology, 8(4): 441-449.
22. Leonard, K.J. and L.J. Szabo. 2005. Stem rust of small grains and grasses caused by Puccinia graminis. Molecular Plant Pathology, 6(2): 99-111.
23. Makumbi, D., A. Diallo, F. Kanampiu, S. Mugo and H. Karaya. 2015. Agronomic Performance and Genotype× Environment Interaction of Herbicide-Resistant Maize Varieties in Eastern Africa. Crop Science, 55(2): 540-555.
24. McIntosh, R.A., C.R. Wellings and R.F. Park. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. CSIRO publishing.
25. Mohammadi, R. and A. Amri. 2011. Genotype x environment interaction for durum wheat grain yield and selection for drought tolerance in irrigated and droughted environments in Iran. Journal of Crop Science and Biotechnology, 14(4): 265-274.
26. Mohammadi, R., M. Armion, M. Ahmadi and D. Ahari. 2012. Genotype× environment interaction for grain yield of rainfed durum wheat using the GGE bipot model. Seed and Plant Improvement Journal, 28(3): 503-518.
27. Mostafavi, K., H. Shojaei, M. Khodarahmi and A. Mohammadi. 2010. The interaction of genotype and environment in canola with using GGE biplot graphical methods. Third International Seminar of oilseeds and edible oils, Tehran, Coordination Center of Science and Industry oilseeds.
28. Najafi Mirak, T., M. Dastfal, B. Andarzian, H. Farzadi, M. Bahari and H. Zali. 2018. Evaluation of durum wheat cultivars and promising lines for yield and yield stability in warm and dry areas using AMMI model and GGE biplot. Journal of Crop Breeding, 10(28): 1-12 (In Persian).
29. Nassir, A.L. and O.J. Ariyo. 2011. Genotype x environment interaction and yield-stability analyses of rice grown in tropical inland swamp. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 39(1): 220-225.
30. Oerke, E.C., H.W. Dehne, F. Schönbeck and A. Weber. 2012. Crop production and crop protection: estimated losses in major food and cash crops. Elsevier, 11-19 pp.
31. Oerke, E. 2006. Crop losses to pests. The Journal of Agricultural Science, 144(1): 31-43.
32. Omrani, S., A.M. Naji and M. Esmaeilzadeh Moghaddam. 2017. Yield stability analysis of promising bread wheat lines in southern warm and dry agro climatic zone of Iran using GGE biplot model. Journal of Crop Breeding, 9(23): 157-165 (In Persian).
33. Pretorius, Z., K. Pakendorf, G. Marais, R. Prins and J. Komen. 2007. Challenges for sustainable cereal rust control in South Africa. Australian Journal of Agricultural Research, 58(6): 593-601.
34. Rajaram, S. 2010. Challenges in wheat research and development. The International Dimension of the American Society of Agronomy: Past and Future, 1: 39-47.
35. Reynolds, M., J. Foulkes, R. Furbank, S. Griffiths, J. King, E. Murchie, M. Parry and G. Slafer. 2012. Achieving yield gains in wheat. Plant, cell & environment, 35(10): 1799-1823.
36. Rosegrant, M.W., M.C. Agcaoili-Sombilla and N.D. Perez. 1995. Global food projections to 2020: Implications for investment. Diane Publishing.
37. Sabaghnia, N., H. Dehghani, B. Alizadeh and M. Mohghaddam. 2010. Genetic analysis of oil yield, seed yield, and yield components in rapeseed using additive main effects and multiplicative interaction biplots. Agronomy Journal, 102(5): 1361-1368.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

38. Sabaghnia, N., H. Dehghani and S.H. Sabaghpour. 2008. Graphic analysis of genotype by environment interaction for lentil yield in Iran. Agronomy Journal, 100(3): 760-764.
39. Samonte, S.O.P., L.T. Wilson, A.M. McClung and J.C. Medley. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. Crop Science, 45(6): 2414-2424.
40. Saremirad, A., S. Abbasi and K. Mostafai. 2021. Study of genetic structure of grain yield and some agro-morphological characteristics in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using diallel analysis and GGE biplot method. Journal of Crop Breeding, 13(39): 130-139 (In Persian).
41. Saremirad, A., M.R. Bihamta, A. Malihipour, K. Mostafavi and H. Alipour. 2020. Evaluation of Resistance of Some Iranian Spring Bread Wheat Cultivars to Stem Rust Disease at Seedling Stage. Seed and Plant Journal, 36(4): 383-401.
42. Saremirad, A. and K. Mostafavi. 2018. Genetic analysis of important agronomic traits in some of barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars under normal and drought stressconditions. Cereal Research, 8(3): 397-408.
43. Saremirad, A. and K. Mostafavi. 2021. Using AMMI and Biplot Graphical Analysis Multivariate Methods to Evaluate the Effect of Genotype-Environment Interaction in Cotton Genotypes. Iranian Journal of Cotton Researches, 8(2): 127-144 (In Persian).
44. Saremirad, A., K. Mostafavi and A. Mohammadi. 2020. Genotype- Environment Interaction Study Base GGE biplot Method for Kernel Yield in Sunflower (*Helianthus annuus* L.) Cultivars. Journal of Crop Breeding, 12(34): 43-53 (In Persian).
45. Sharma, R.K., P.K. Singh, A.K. Joshi, S.C. Bhardwaj, N.S. Bains and S. Singh. 2013. Protecting South Asian wheat production from stem rust (Ug99) epidemic. Journal of Phytopathology, 161(5): 299-307.
46. Singh, R.P., D.P. Hodson, J. Huerta-Espino, Y. Jin, S. Bhavani, P. Njau, S. Herrera-Foessel, P.K. Singh, S. Singh and V. Govindan. 2011. The emergence of Ug99 races of the stem rust fungus is a threat to world wheat production. Annual Review of Phytopathology, 49: 465-481.
47. Singh, R.P., D.P. Hodson, J. Huerta-Espino, Y. Jin, P. Njau, R. Wanyera, S.A. Herrera-Foessel and R.W. Ward. 2008. Will stem rust destroy the world's wheat crop? Advances in Agronomy, 98: 271-309.
48. Singh, R.P., D.P. Hodson, Y. Jin, J. Huerta-Espino, M.G. Kinyua, R. Wanyera, P. Njau and R.W. Ward. 2006. Current status, likely migration and strategies to mitigate the threat to wheat production from race Ug99 (TTKS) of stem rust pathogen. CAB reviews: perspectives in agriculture, veterinary science, nutrition and Natural Resources, 1(54): 1-13.
49. Stakman, E.C., D. Stewart and W. Loegering. 1962. Identification of physiologic races of Puccinia graminis var. tritici. Unaited satat, USDA Washington, 54 pp.
50. UN. 2019. World population prospects 2019: Highlights. New York (US): United Nations Department for Economic and Social Affairs.
51. Yan, W., P.L. Cornelius, J. Crossa and L. Hunt. 2001. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. Crop Science, 41(3): 656-663.
52. Yan, W. and L. Hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Science, 42(1): 21-30.
53. Yan, W., L. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlavnics. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Science, 40(3): 597-605.
54. Yan, W. and M.S. Kang. 2002. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC press.
55. Yan, W. and I. Rajcan. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Science, 42(1): 11-20.
56. Yan, W. and N.A. Tinker. 2005. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype× environment interaction. Crop Science, 45(3): 1004-1016.
57. Zadoks, J.C., T.T. Chang and C.F. Konzak. 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. Weed Research, 14(6): 415-421.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]

Evaluation of Seedling Stage Resistance of Commercial Bread Wheat Cultivars to Black Rust Disease using GGE Biplot Method

Ali Saremirad[1], Mohammad Reza Bihamta[2], Ali Malihipour[3], Khodadad Mostafavi[4] and Hadi Alipour[5]

1- Graduated Ph.D. Plant breeding, Department of Agronomy and Plant Breeding, Young Researchers and Elite Club, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran
2- Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Karaj, Iran, (Corresponding author: mrghanad@ut.ac.ir)
3- Cereal Research Department, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), AREEO, Karaj, Alborz, Iran
4- Associated Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Karaj Branch, Islamic Azad University, Karaj, Iran
5- Assistant Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Urmia University, Urmia, Iran
Received: 23 September, 2021 Accepted: 22 November, 2021

Extended Abstract

Introduction and Objective: Wheat is of great importance in the nutrition of human society, especially in third world countries. Stem rust or black rust is the most common, widespread and destructive wheat disease in Iran and around the world. The extent of damage of this disease, depending on its severity, can vary from reduced yields to complete destruction of farms. The development of genotypes with the black rust resistance gene is one of the most important strategies to combat this destructive disease, considering the importance of wheat in the nutrition of human society, especially in third world countries. Identifying sources of resistance to import them in breeding programs leads to the development of resistant genotypes.

Material and Methods: 89 bread wheat cultivars along with Morocco as susceptible control were studied with the aim of identifying stem rust resistance cultivars in the seedling stage to six races of the disease in randomized complete block design with two replications. All stages of plant assessment were carried out in the Cereal Research Department, Seed and Plant Improvement Institute (SPII), Karaj, Alborz, Iran, in 2019. In the GGE Biplot graphics model, each disease races (PKTTF, PKSTC, PKSTF, PTRTF, TTTTF and PTTTF) were considered as an environment, Therefore, based on the singular value decomposition of cultivars' response to races, graphical analysis was performed.

Results: PKTTF, PKSTC, PKSTF, PTRTF and TTTTF were classified into a group based on the degree of correlation between them and Pishtaz, Sivand, Adl, Pishgam, Niknezhad and Alvand cultivars had resistance to those races. PTTTF race was placed in the second group and Hamoon, Marvdasht, Zarrin, Gohar, Darab 2 and Sabalan cultivars showed resistance against this race. Pishtaz and Adl illustrated stable resistance reaction for all six studied races. The severity of virulence of the studied races confirmed the high pathogenicity of PTTTF on the investigated germplasm. The orders of pathogenicity of other races from highest to lowest were PKTTF, TTTTF, PTRTF, PKSTF and PKSTC.

Conclusion: The multivariate graphical GGE biplot method was effective in investigating the resistance of commercial wheat cultivars and provided valuable information on the identification of cultivars with genes resistant to black rust disease. By introducing these cultivars in breeding programs, an effective step can be taken to develop cultivars resistant to this disease and to deal with it genetically.

Keywords: Pathogenicity and Wheat, Stem rust, Resistance, Susceptibility

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-17]

[DOI: 10.52547/jcb.14.42.186]