Sari Agriculture Sceinces and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 15, No 47, Autumn 2023 p: 91-102

OPEN ACCESS

"Research Paper"

Canonical Correlation Analysis and Grouping of Bread Wheat Genotypes Based on Morphophenological Traits and Fusarium Head Blight Tolerance Indexes

Adeleh Azodi[1] Hassan Soltanloo[2], Seyedeh Sanaz Ramazanpour[3] and Hadi Darzi Ramandi[4]

1- Ph.D Genetic and Plant Breeding, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Iran
2- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production,Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources Iran, (Corresponding author: soltanlooh@gau.ac.ir)
3- Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Iran
4- Ph.D., Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, Bu-Ali Sina University
Received: 19 December, 2022 Accepted: 20 February, 2023

Extended Abstract

Introduction and Objective: Fusarium head blight disease is one of the most important and destructive diseases of wheat in hot and humid climates, which, in addition to reducing yield, causes the accumulation of mycotoxins in the grain, which is dangerous for humans and animals. Passive resistance against Fusarium includes many morphological and phenological traits such as plant height, flowering time, heading time, number of spikes and spike density, which help to escape the disease or create a kind of resistance to Fusarium head rot disease. The purpose of this study was to compare the studied genotypes with respect to Fusarium head blight disease and to estimate the simple and canonical correlation between morphological traits and disease resistance traits.

Materials and Methods: In order to evaluate 92 improved and native genotypes of Iranian bread wheat against Fusarium head blight in two crop years (2019-2022), experiments were conducted in the form of a randomized complete block design in the farm of Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources. Morphological traits measured included plant height (PH), spike length (SL), and number of seeds per spike (TSS), and agronomic traits measured included heading time (DTH) and flowering time (DTF). Disease traits were: disease incidence (INC), disease severity (SEV), Fusarium damaged kernels (FDK), FHBdx index and ISK.

Results: For all disease-related traits and morphophenological traits, a significant difference ($p<0.001$) was observed between genotypes. According to the result of correlation analysis, there was a positive and significant correlation ($p<0.001$) between DTH, DTF and PH traits with traits related to Fusarium head blight of wheat. The analysis of canonical correlation between the variables of disease-related traits and morphophenological traits showed a significant canonical correlation (0.687), which explains 81% of the total variance. According to the results of cluster analysis based on morphophenological traits and traits related to FHB disease, the investigated genotypes were classified into five separate group, the genotypes of the first group had a lower average among the other groups and the average of all genotypes in terms of all traits related to FHB disease and at the same time, compared to other groups, they were earlier.

Conclusion: Rizhav, Chamran, Darya, Arta, Neishabur and Gonbad cultivars showed the highest resistance to Fusarium disease in the study and can still be used as parental cultivars to improve new wheat cultivars resistant to Fusarium Head Blight disease. Also, among the landrace, three genotypes, Larg Karaj, Parand Saveh, and Malayer, showed acceptable resistance, which indicates that some landrace cultivars are also relatively resistant to Fusarium head blight disease, and it may be possible if they have complementary gene loci of specific genes. Resistance to this disease can probably be used for breeding purposes and programs for resistance to Fusarium disease, which needs further investigation in future studies.

Keywords: Canonical Correlation Analysis, Fusarium head blight, Morphophenological traits, Resistance, Wheat

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

OPEN ACCESS
CC BY NC

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

"مقاله پژوهشی"

تجزیه همبستگی کانونیک و گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس صفات مورفوفنولوژیک و شاخص‌های تحمل به پوسیدگی فوزاریوم سنبله

عادله عضدی[۱]، حسن سلطانلو[۲]، سیده ساناز رمضانپور[۳] و هادی درزی رامندی[۴]

۱- دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران
۲- دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران، (نویسنده مسوول: soltanlooh@gau.ac.ir)
۳- دانشیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، ایران
۴- دکتری، گروه زراعت و اصلاح نبات، دانشکده کشاورزی دانشگاه بو علی سینا، همدان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۹/۲۸ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۲/۱
صفحه: ۹۱ تا ۱۰۲

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله یکی از مهمترین و مخرب‌ترین بیماری‌های گندم در اقلیم گرم و مرطوب است که علاوه بر کاهش عملکرد، باعث تجمع مایکوتوکسین در دانه می‌شود که برای انسان و دام خطرناک است. مقاومت غیرفعال در برابر فوزارویوم شامل صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی زیادی مانند ارتفاع بوته، روز تا گرده‌افشانی، روز تا سنبله‌دهی، تعداد سنبله و تراکم سنبله است که به فرار از بیماری کمک می‌کند یا نوعی مقاومت در برابر بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله ایجاد می‌کند. هدف از این مطالعه مقایسه ژنوتیپ‌های مورد مطالعه نسبت به مقاومت به بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله و تخمین همبستگی ساده و کانونیک بین صفات مورفولوژیکی با صفات مقاومت به بیماری بود.

مواد و روش‌ها: به‌منظور ارزیابی ۹۲ ژنوتیپ اصلاحی و بومی گندم نان ایران نسبت به پوسیدگی فوزاریومی سنبله در طی دو سال زراعی (۲۰۱۹-۲۰۲۲) آزمایشی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در مزرعه دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان اجرا گردید. صفات مورفولوژیکی اندازه‌گیری شده شامل ارتفاع بوته (PH)، طول سنبله (SL)، و تعداد دانه در سنبله (TSS) و صفات زراعی اندازه‌گیری شده شامل تاریخ سنبله‌دهی (DTH) و تاریخ گلدهی (DTF) بود. صفات بیماری عبارت بودند از: بروز بیماری (INC)، شدت بیماری (SEV)، هسته‌های آسیب دیده فوزاریوم (FDK)، شاخص FHBdx و ISK.

یافته‌ها: برای تمام صفات مرتبط با بیماری و صفات مورفوفنولوژیک، تفاوت معنی‌داری ($p<۰/۰۰۱$) بین ژنوتیپ‌ها مشاهده شد. طبق نتایج تجزیه همبستگی، وجود همبستگی مثبت و معنی‌داری ($p<۰/۰۰۱$) بین صفات تاریخ سنبله‌دهی، تاریخ گرده‌افشانی و ارتفاع گیاه با صفات مرتبط با بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله گندم وجود داشت. تجزیه همبستگی کانونیک بین صفات مرتبط با بیماری و صفات مورفوفنولوژیکی یک همبستگی کانونیک معنی‌دار (۰/۶۸۷) نشان داد که ۸۱ درصد واریانس کل را توجیه کرد. با توجه به نتایج تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورفوفنولوژیک و صفات مرتبط با بیماری FHB، ژنوتیپ‌های موردبررسی در پنج گروه مجزا دسته‌بندی شدند که ژنوتیپ‌های گروه اول ازنظر تمام صفات مرتبط با بیماری FHB میانگین پایین‌تری را در میان سایر گروه‌ها و همچنین میانگین کل ژنوتیپ‌ها داشتند و در عین‌حال نسبت به سایر گروه‌ها زودرس‌تر نیز بودند.

نتیجه‌گیری: ارقام ریژاو، چمران، دریا، آرتا، نیشابور و گنبد بالاترین مقاومت به بیماری فوزاریوم را در این مطالعه نشان دادند و می‌توانند همچنان به‌عنوان ارقام والدی برای اصلاح ارقام جدید گندم مقاوم به بیماری پوسیدگی سنبله مورد استفاده قرار گیرند. همچنین در بین ارقام بومی سه ژنوتیپ الرج کرج، پرند ساوه و ملایر مقاومت قابل قبولی نشان دادند که نشان دهنده این است که برخی ارقام بومی نیز نسبت به بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله مقاومت نسبی دارند و ممکن است در صورت دارا بودن مکان‌های ژنی مکمل ژن‌های مشخص مقاومت به این بیماری، احتمالا در جهت اهداف و برنامه‌های به‌نژادی برای مقاومت به بیماری فوزاریوم قابل استفاده باشند که این موضوع نیازمند بررسی‌های بیشتر در مطالعات آینده خواهد بود.

واژه‌های کلیدی: پوسیدگی فوزاریومی سنبله، تجزیه همبستگی کانونیک، صفات مورفوفنولوژیکی، گندم، مقاومت

مقدمه

بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله (FHB)[۱] یکی از بیماری‌های مهم در گندم (*Triticum aestivum*) و سایر غلات دانه‌ریز می‌باشد. کاهش عملکرد، وزن کم دانه، کاهش درصد گلوتنین و آلودگی به مایکوتوکسین از عوارض این بیماری می‌باشد (Spanic *et al*., 2003) . بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله اغلب توسط قارچ *Fusarium graminearum* ایجاد می‌شود که در شرایط گرم و مرطوب رشد می‌کند (Buerstmayr & Buerstmayr, 2016). صفات ریختی گیاه می‌تواند در طول آلودگی نقش مهمی ایفا کند و مقاومت یا حساسیت به FHB را تقویت کند (Spanic *et al*., 2003). صفات مورفولوژیکی می‌توانند به‌عنوان مانع عمل کرده و احتمال تماس بین بیمارگر و بافت گیاهی را کاهش دهند (Jones *et al*., 2018). مطالعات متعددی گزارش کرده‌اند که صفاتی مانند ارتفاع گیاه، زمان گل‌دهی، زمان خروج بساک، تراکم سنبله و تعداد سنبلچه می‌توانند با تحمل به FHB ارتباط معنی‌دار داشته باشند (Liu *et al*., 2012، Suzuki *et al*., 2013). دو صفت ارتفاع گیاه (PH)[۲] و زمان سنبله‌دهی (DTH)[۳] بیشترین تأثیر را بر مقاومت به FHB می‌گذارند. چندین مطالعه ارتباط بین ارتفاع گیاه را با مقاومت به FHB گزارش کردند (Buerstmayr & Buerstmayr, 2016; Kollers *et al*., 2013; Schulthess *et al*., 2018). بر اساس مطالعات مختلف گیاهان با ارتفاع کمتر علائم بیماری شدیدتری را نسبت به فوزاریوم سنبله نشان می‌دهند (Steiner *et al*., 2017). سازوکارهای مختلفی برای ارتباط ارتفاع گیاه با تحمل به FHB گزارش شده است. کلاهر و همکاران (Klahr *et al*.,2007) حساسیت ژنوتیپ‌های پاکوتاه را به دو عامل نسبت می‌دهند: 1) نزدیکی سنبله به ماده تلقیح در سطح خاک و 2) ریزاقلیم با رطوبت بالا در اطراف سنبله زمان گلدهی (DTF)[۴] نیز با شاخص‌های تحمل به FHBمرتبط است، زیرا بیمارگر در طول گلدهی میزبان را آلوده می‌کند و گلدهی زودرس در مقابل گلدهی دیررس می‌تواند بر سطح بیماری تأثیرگذار باشد. مطالعات متعددی ارتباط مستقیم زمان سنبله‌دهی و دانه‌های آسیب دیده توسط فوزاریوم و

1- Fusarium head blight 2- Plant Height 3- Days To Heading 4- Days To Flowering 5- Deoxynivalenol

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

سطوح DON را نشان داده‌اند که حاکی از این است که ژنوتیپ‌های زودرس نسبت به FHB مقاوم‌تر هستند (Liu *et al*., 2013; Petersen *et al*., 2016). بااین‌حال زمان گلدهی به علت تفاوت در شرایط آب و هوایی در طی عفونت و توسعه بیماری متفاوت است و می‌تواند منجر به همبستگی مثبت، منفی یا عدم ارتباط با شدت تحمل به FHB شود (Buerstmayr & Buerstmayr, 2016). به طور کلی فرض بر این است که ژنوتیپ‌های زودرس با قرار نگرفتن زمان گلدهی با شرایط بهینه برای آلودگی (Somers *et al*., 2003) یا با کاهش سرعت گسترش بیماری در سنبله از عفونت به بیماری فرار می‌کنند (Lin *et al*., 2006).

با توجه به اهمیت بیماری فوزاریوم سنبله در اقلیم گرم و مرطوب شمال کشور، از اوایل دهه 1991 تاکنون با تاسیس و شروع به کار واحد پاتولوژی در بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، ارزیابی همه نژادهای آزمایشی گندم مربوط به برنامه اصلاح گندم اقلیم گرم و مرطوب شمال کشور نسبت به این بیماری در دستور کار قرار گرفت. از آن زمان تاکنون، صدها رقم گندم تولیدشده در کشور یا دریافتی از منابع خارجی از نظر تحمل به این بیماری بررسی و از بین آن‌ها مواد متحمل به بیماری انتخاب شده‌اند. به طور مثال رقم متحمل تجن در سال ۱۹۹۵، رقم نیمه متحمل شیرودی در سال ۱۹۹۷، مغان ۳ در سال ۲۰۰۶ و سه رقم متحمل آرتا، دریا و مروارید در سال ۲۰۰۹ و گنبد در سال ۲۰۱۳ معرفی شدند (Seed and plant improvement institute, 2015). با وجود اینکه برخی ارقام تجاری گندم دارای مقاومت مناسب و قابل قبولی به بیماری پوسیدگی فوزاریوم سنبله گندم هستند ولی بیشتر ارقام تجاری که در کشور کشت می‌شوند دارای مقاومت پایین به بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله گندم می‌باشند. علاوه‌براین، احتمال شکسته شدن مقاومت این ارقام در صورت کشت گسترده وجود دارد. بنابراین اصلاح و معرفی ارقام مقاوم و پُرمحصول ضرورتی اجتناب‌ناپذیر است. در این مطالعه هدف ارزیابی ۹۲ ژنوتیپ بومی و اصلاحی گندم نان ایران برای صفات مورفولوژیکی و ارتباط آنها با مقاومت به بیماری FHB و تخمین همبستگی میان صفات مورفولوژیکی و زراعی با صفات مرتبط با بیماری بود.

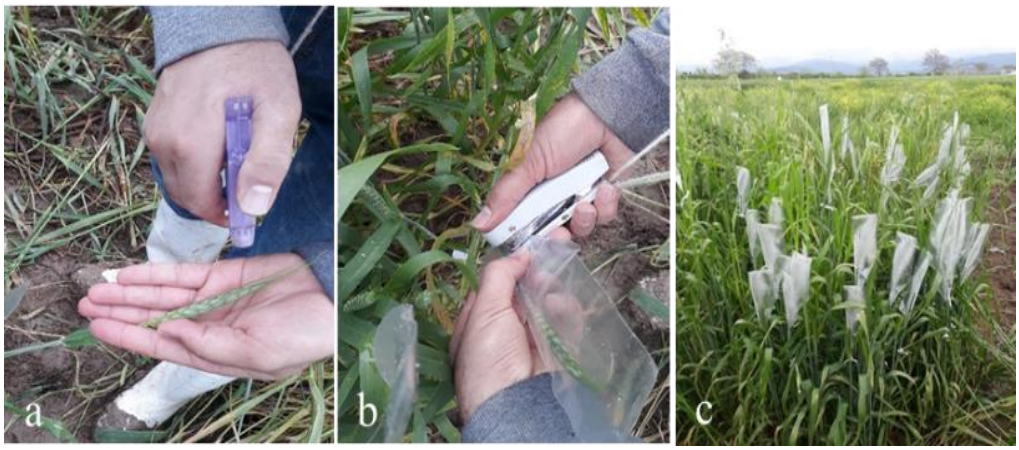
مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

منابع ژنتیکی مورد مطالعه در این آزمایش طبق جدول شماره ۱ شامل تعداد ۹۲ ژنوتیپ گندم نان پاییزه شامل ۷۰ رقم تجاری حاصل از آزمایش‌های ملی و برنامه‌های اصلاح جهانی سیمیت به همراه ۲۲ لاین بومی گزینش شده از کلکسیون بذر موجود در بخش غلات موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج است. آزمایش در طول دو فصل ۲۰۱۹–۲۰۲۲ کشت شد که از این پس با توجه به سال برداشت آنها ۲۰۱۹ و ۲۰۲۲ نام برده می‌شود. آزمایش در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار در سال ۲۰۱۹ و سه تکرار در سال ۲۰۲۲ در مزرعه دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان کشت شد.

تهیه سوسپانسیون قارچ فوزاریوم و آلوده سازی ژنوتیپ‌ها

برای تهیه مایه تلقیح از روش وگنر (Wegener, 1992) استفاده شد. آلودگی با استفاده از سوسپاسیون کنیدی با اسپری بر روی ۲۰ سنبله در اوایل گرده‌افشانی (هنگامی که ۵۰ درصد بساک‌ها از سنبلچه‌ها خارج شده باشند) با استفاده آب‌پاش دستی انجام شد. سنبله‌های آلوده شده با استفاده از برچسب مشخص شدند. پس از اسپورپاشی، هر سنبله با استفاده از یک پوشش پلاستیکی پوشانده شد تا حداکثر شرایط آلودگی از نظر گرما و رطوبت فراهم شود و بعد از ۴۸ ساعت پوشش پلاستیکی برداشته شد (شکل ۱).



شکل ۱– آلوده‌سازی مزرعه به روش اسپری سوسپانسیون فوزاریوم (a: اسپری سوسپاسیون فوزاریوم b: پوشاندن سنبله‌های آلوده شده با پوشش پلاستیکی c: رطوبت ایجاد شده توسط پوشش پلاستیکی).

Figure 1. Field inoculation by Fusarium suspension spray method (a: Fusarium suspension spray, b: Covering the inoculated spikes with plastic, c: Moisture created by the plastic cover).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های مورد استفاده در مطالعه

Table 1. The names of the genotypes used in the study

ژنوتیپ Genotype	گروه Group	ردیف Row	ژنوتیپ Genotype	گروه Group	ردیف Row	ژنوتیپ Genotype	گروه Group	ردیف Row	ژنوتیپ Genotype	گروه Group	ردیف Row
گلستان Golestan	2	70	داراب ۲ Darab 2	2	47	اترک Kauz	2	24	ابراهیم آباد اراک Ibrahim Abad Arak	1	1
مغان ۱ Mughan1	2	71	دریا Drya	2	48	اروم C-83-7	2	25	اراک Arak	1	2
مغان ۲ Mughan2	2	72	دز Dez	2	49	اروند Arvand	2	26	الرج اراک Aler Arak	1	3
مغان ۳ Mughan3	2	73	رسول Rasol	2	50	استار Star	2	27	الوس جرد ساوه Elus Jared Saveh	1	4
مهدوی Mahdavi	2	74	روشن Roshan	2	51	افق Ofogh	2	28	پرند ساوه Saweh Parand	1	5
نوید Navid	2	75	روشن زمستان Roshan Winter	2	52	افلاک Aflak	2	29	پشت تنگ پریان Posht Tang Parian	1	6
هامون Hamon	2	76	زرین Zarin	2	53	نیشابور Akbari	2	30	حاجی آباد کرمانشاه Hajiabad Kermanshah	1	7
هیرمند Hirmand	2	77	سایسون Saison	2	54	البرز Alborz	2	31	خرم آباد Khorramabad	1	8
ورناک Vernak	2	78	سپاهان Sepahan	2	55	الموت Alamout	2	32	رباط اراک Robat Arak	1	9
ارگ Arg	3	79	سیستان Sistan	2	56	الوند Alvand	2	33	ساروق Sarouk	1	10
پارسی Parsee	3	80	سیروان Sirvan	2	57	مشهد Mashhad	1	34	مشهد ۲۱ Mashhad 21	1	11
سیوند M-84-18	3	81	شهریار Shahriar	2	58	اینیا Enia	2	35	مشهد ۲۰ Mashhad 20	1	12
مروارید Morvarid	3	82	شیراز Shiraz	2	59	آرتا Artha	2	36	شرفخانه Sharafkhana	1	13
میهن Mihan	3	83	شیرودی Shiroodi	2	60	آزادی Azadi	2	37	عزیز آباد فراهان Aziz Abad Farahan	1	14
MV-17	3	84	قدس Ghods	2	61	بزوستایا Bezostaya	2	38	قهته ساروق Qehte Sarouk	1	15
باران Baran	3	85	کاوه Cave	2	62	بهار Bahar	2	39	کر خان اردبیل Kar Khan Ardabil	1	16
اوحدی Ohadi	3	86	کراس روشن ساده Cross Roshan Simple	2	63	پیشتاز Pishtaz	2	40	کوره ساوه Kore Saveh	1	17
زارع Zare	3	87	کرج ۱ Karaj 1	2	64	اسکان اراک Eskan Arak	1	41	کوره ساوه Kore Saveh	1	18
پیشگام Pishgam	3	88	کرج ۲ Karaj 2	2	65	تجن Tajin	2	42	محت علیا اراک بروجرد Mohet Alia Arak Boroujard	1	19
رصد Rasad	3	89	کرج ۳ Karaj 3	2	66	توس Toos	2	43	مشهد ۲۱ Mashhad 21	1	20
ریژاو Rizav	3	90	کویر Kavir	2	67	چمران ۲ Chamran 2	2	44	مشهد ۲۰ Mashhad 20	1	21
هما Homa	3	91	گاسپارد Gaspard	2	68	چناب Chenab	2	45	ملایر Malayer	1	22
گنبد Gonbad	3	92	گاسکوژن Gascogne	2	69	خزر ۱ Khazar1	2	46	بم Bam	2	23

ارزیابی صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی در شرایط مزرعه طی دو سال زراعی

صفات زیر بر روی ۱۰ گیاه مشخص شده مورد ارزیابی قرار گرفت: ارتفاع بوته فاصله از سطح خاک تا بالای سنبله به استثنای ریشک (PH، سانتی‌متر)، طول سنبله[1]، فاصله گره پایه سنبله تا بالای سنبله، به استثنای ریشک (SL، سانتی‌متر). تاریخ سنبله‌دهی (DTH) هنگام خروج ۵۰ درصد سنبله از غلاف ثبت شد و ثبت تاریخ گرده‌افشانی (DTF) زمانی انجام شد که ۵۰ درصد بساک‌ها از سنبلچه‌های میانی سنبله خارج شده بودند.

برآورد شاخص‌های تحمل بیماری

میزان بروز بیماری[2] (DIC) و شدت بیماری[3] (DSV)، که به‌ترتیب مقاومت نوع I و II را نشان می‌دهند، ۲۱ روز پس از اسپورپاشی در مزرعه شروع به ثبت شد و به‌ترتیب از رابطه 1 و ۲ استفاده شد (Draeger et al., 2007).

$$DIC = \frac{\text{تعداد سنبلچه‌های آلوده}}{\text{تعداد کل سنبلچه‌ها}} \times 100$$ (رابطه ۱)

$$DSV = \frac{N^1 \times 1 + N^2 \times 2 + \cdots + N^5 \times 5}{NT}$$ (رابطه ۲)

(N^1: تعداد سنبلچه‌هایی با درجه آلودگی تا 20 درصد، N^2: تعداد سنبلچه‌هایی با درجه آلودگی 20 تا 41 درصد، N^3: تعداد سنبلچه‌هایی با درجه آلودگی 41 تا 60 درصد، N^4: تعداد سنبلچه‌هایی با درجه آلودگی 61 تا 80 درصد، N^5: تعداد سنبلچه‌هایی با درجه آلودگی 81 تا 100 درصد، NT: تعداد کل سنبلچه‌ها)

در زمان رسیدگی کامل بوته‌ها، درصد دانه‌های آلوده[4] (FDK) از رابطه ۳ اندازه‌گیری شد.

$$FDK = \frac{\text{تعداد دانه‌های آلوده}}{\text{تعداد کل دانه‌ها}} \times 100$$ (رابطه ۳)

1- Spike length 2- Disease incidence 3- Disease severity 4- Fusarium damaged kernels

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

همچنین شاخص بیماری[1] و شاخص شدت بیماری[2] (به‌عنوان میانگین وزنی سه شاخص شدت، درصد وقوع و درصد دانه‌های آلوده) به‌ترتیب با استفاده از رابطه ۴ و ۵ زیر محاسبه شدند.

(رابطه ۴)

$$FHBdx = \frac{\mathrm{DIC} \times \mathrm{DSV}}{100}$$

(رابطه ۵)

$$\mathrm{ISK} = (0.3 \times DIC) + (0.3 \times DSV) + (0.4 \times FDK)$$

آنالیزهای آماری

آنالیز واریانس (ANOVA) با استفاده از روش مدل‌های خطی عمومی (GLM) در نرم‌افزار SAS (SAS Institute Inc. Version 9.4)جهت بررسی اثرات اصلی سال و ژنوتیپ و اثر متقابل ژنوتیپ × سال انجام شد.

ضریب همبستگی اسپیرمن[3] میان صفات مرتبط با مقاومت بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم و صفات مورفوفنولوژیکی با استفاده از نرم‌افزار (SAS Institute Inc. Version 9.4) SAS برآورد شد. همچنین برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و تعیین فاصله ژنتیکی بین آن‌ها تجزیه خوشه‌ای[4] با استفاده از نرم‌افزار R (R-Studio. V9.1) انجام شد. تجزیه همبستگی کانونیک[5] بین دو گروه صفات مورفوفنولوژیکی و صفات مرتبط با تحمل به فوزاریوم از طریق نرم‌افزار (SAS Institute Inc. Version 9.4) SAS انجام گرفت. صفات مورفوفنولوژیکی با نماد V و صفات مربوط به اجزای عملکرد با نماد W نشان داده شدند. برای آزمون فرضیه برابری حداقل یکی از ضرایب همبستگی کانونیک با صفر، از آماره لامبدای ویلکاکس[6] استفاده شد.

نتایج و بحث

تجزیه واریانس صفات موردمطالعه برای ژنوتیپ‌های گندم نان

تجزیه واریانس مرکب برای ده صفت مورد مطالعه در ۹۲ ژنوتیپ گندم نان در طی دو سال زراعی (2019–2022) در جدول ۲ ارائه شده است. تفاوت آماری بسیار معنی‌دار ($p<0.001$) از نظر کلیه صفات مرتبط با بیماری بر اساس نتایج تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌های گندم مشاهده شد که نشان‌دهنده وجود تنوع بین ژنوتیپ‌های موردمطالعه است. اثر اصلی سال برای تمام صفات مرتبط با بیماری به جز FDK معنی‌دار شد ($p<0.01$) که نشان‌دهنده این است که بین دو سال از نظر این صفات تفاوت معنی‌داری وجود دارد. طبق نتایج اثر متقابل سال در ژنوتیپ برای تمام صفات مرتبط با بیماری معنی‌دار بود ($p<0.001$) که حاکی از پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها طی دو سال در واکنش به بیماری FHB می‌باشد. برای صفات مورفوفنولوژیکی، ژنوتیپ‌ها تفاوت معنی‌داری در صفات روز تا سنبله‌دهی، روز تا گرده‌افشانی و تعداد دانه در سنبله در سطح احتمال 0.001 نشان دادند که نشان‌دهنده وجود تنوع کافی در مورد این صفات در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. همچنین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در صفت ارتفاع گیاه و طول سنبله تفاوت معنی‌داری در سطح 0.05 نشان دادند. با توجه به اینکه وجود تنوع، پایه و اساس انجام انتخاب ارقام برتر است، ژنوتیپ‌های مورد مطالعه می‌توانند تنوع مورد نظر را برای انتخاب فراهم نمایند.

جدول۲- تجزیه واریانس مرکب صفات مرتبط با بیماری در ژنوتیپ‌های گندم نان طی دو سال زراعی (2019–2022)

Table 2. Combine variance analysis of disease-related traits in bread wheat genotypes during two years (2019-2022)

منبع تغییرات V.O.A	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean square									
		Severity	Incidence	FHBdx	ISK	FDK	DTH	DTF	PH	SL	TSS
سال Year	1	7897.4***	134.2**	6753.6**	1205.5***	45.4	1483.7***	2367.6***	336062.5***	267569.1	13.1***
خطای۱ Error1	2	224.8	26.7	210.71	34.1	1.1	0.5	0.4	52.93	4.39	0.53
ژنوتیپ Genotype	91	3325.6***	1890.2***	2969.5***	1822.1***	1774.9***	266.1***	192.67***	166.5*	4042.5*	351.1***
ژنوتیپ×سال Genotype× Year	91	154.9***	122.5***	261.2***	83.8***	82.4***	17.0***	25.1***	362.5***	4002.6	116.8***
خطا Error	1	56	26.3	63	22.14	21.18	0.36	0.33	52.07	0.24	1.1
ضریب تغییرات CV (%)		12.97	7.58	16.61	6.85	5.93	0.43	0.39	8.21	1.83	2.95

*، ** و ***: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال آماری ۰/۰۵، ۰/۰۱ و ۰/۰۰۱

Severity: شدت بیماری، Incidence: بروز بیماری، ISK: شاخص شدت بیماری، FHBdx: شاخص بیماری، FDK: دانه‌های آ سیب دیده فوزاریوم، DTH: روز تا سنبله‌دهی، DTF: روز تا گرده‌افشانی، PH: ارتفاع گیاه، SL: طول سنبله، TSS: تعداد دانه در سنبله

ISK: incidence-severity-kernels; SEV: severity; FDK: Fusarium damaged kernels;DTH: days to heading; DTF: days to flowering; PH: plant height; SL: spike length; TSS: Number of seeds per spike

آماره‌های توصیفی صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌های گندم نان

آماره‌های توصیفی کلیه صفات در جدول 3 در طی دو سال زراعی ۲۰۱۹ تا ۲۰۲۲ ارائه شده است. ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در واکنش به بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله واکنش متفاوتی نشان دادند. حداقل و حداکثر شدت آلودگی (SEV) در بین ژنوتیپ‌ها به‌ترتیب در سال اول 10.32 و 99.50 درصد و در سال دوم 12.49 و 100 درصد مشاهده شد. حداقل میزان شدت آلودگی در سال ۲۰۱۹ و ۲۰۲۲ به‌ترتیب در ارقام دریا (10.3) و گنبد (12.4) مشاهده شد. محدوده بروز آلودگی (INC) در سال اول بین 19.2 (رقم دریا) و 100 (رقم نوید) درصد و در سال دوم بین 19.06 (رقم دریا) و 100 (ارقام نوید و غیره) درصد متغیر بود. حداقل میزان FDK در سال 2019 در رقم دریا (23.07) و حداکثر میزان FDK در ارقام نوید، شهریار، قدس، کراس روشن ساوه، کرج ۱، اسکان اراک،

1- Disease index 2- Incidence severity kernels 3- Spearman correlation coefficient
4- Cluster analysis 5- Canonical correlation Analysis 6- Wilcox lambda

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

کاسپارد، گاسکوژن، مهدوی، ارگ و کوره ساوه (100) مشاهده شد.

در صفات مورفوفنولوژیکی محدوده صفت روز تا سنبله‌دهی (DTH) در ژنوتیپ‌ها در سال ۲۰۱۹ از ۱۲۲ روز در رقم البرز تا 165 روز در ارقام بومی (محت علیا اراک و مشهد) متغیر بود و بین ژنوتیپ‌ها تفاوتی در حدود ۴۳ روز مشاهده شد. در سال دوم تفاوت DTH در حدود ۴۰ روز با حداقل میزان ۱۲۱ روز در رقم تجن و حداکثر میزان ۱۶۱ روز در رقم بومی مشهد ۲۱ مشاهده شد. برای صفت ارتفاع گیاه (PH) تفاوتی در حدود ۵۵ سانتی‌متر بین حداقل و حداکثر ارتفاع در ارقام مورد مطالعه مشاهده شد. در سال زراعی ۲۰۱۹-۲۰۲۲ حداقل و حداکثر ارتفاع گیاه به‌ترتیب در ارقام اوحدی (۸۰ سانتی‌متر) و تجن (۱۳۵ سانتی‌متر) و در سال ۲۰۱۹-۲۰۲۲ در ارقام اوحدی (۷۷ سانتی‌متر) و کوره ساوه (۱۳۳ سانتی‌متر) مشاهده شد. در سال ۲۰۱۹ و ۲۰۲۲ بالاترین طول سنبله به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های حاجی آباد کرمانشاه (۱۶/۵) و محت علیا اراک بروجرد (۱۵ سانتی‌متر) و پایین‌ترین طول سنبله در ژنوتیپ‌های سایسون (۹ سانتی‌متر) و الرج کرج (۸ سانتی‌متر) مشاهده شد. همچنین بیشترین تعداد دانه در سنبله در ژنوتیپ ریژاو در سال اول و در ژنوتیپ سیوند در سال دوم مشاهده شد.

جدول ۳- آماره‌های توصیفی صفات ارزیابی‌شده در ۹۲ ژنوتیپ گندم به تفکیک دو سال زراعی (۲۰۱۹-۲۰۲۲)
Table 3. Descriptive statistics of traits evaluated in 92 wheat genotypes by two crop years (2019-2022)

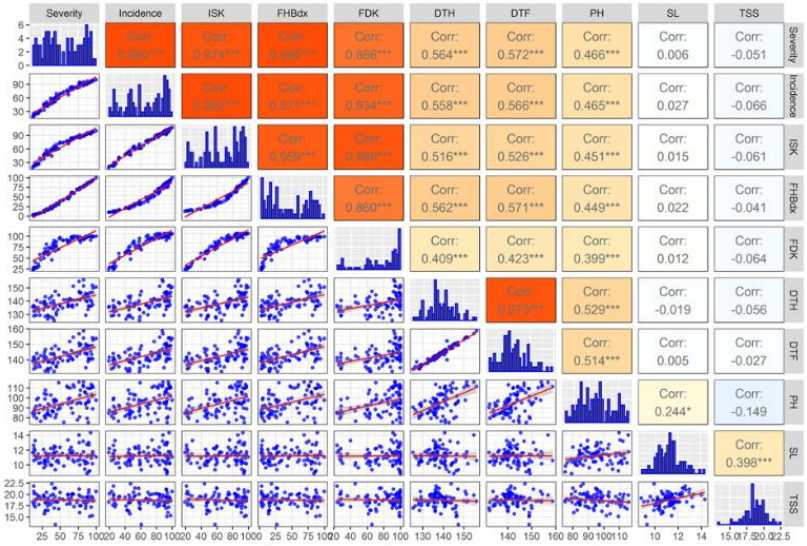
صفت Trait	حداقل Min		حداکثر Max		میانگین Mean		ضریب تغییرات (درصد) CV(%)	
	2019	2022	2019	2022	2019	2022	2019	2022
شدت آلودگی Severity	10.32	12.49	99.50	100	49.41	60.92	48.08	51.37
بروز آلودگی Incidence	19.29	19.06	100	100	63.14	68.95	35.31	41.76
دانه‌های آسیب دیده FDK	23.74	18.93	100	100	77.52	77.62	34.58	46.32
شاخص بیماری FHBdx	2.41	2.6	99.5	100	39.65	50.84	65.06	75.33
شاخص شدت بیماری ISK	18.38	19.29	99.85	100	64.77	70.01	34.58	13.39
روز تا سنبله دهی DTH	122	121	165	161	142	138	74.24	61.01
روز تا گرده افشانی DTF	130	129	169	163	148	142	63.14	50.49
ارتفاع گیاه PH	80	77	135	133	108	105	11.85	12.33
طول سنبله SL	9	8	16.5	15	10.96	11.46	10.31	12.39
تعداد دانه در سنبله TSS	13	25	68	76	36.13	48.81	33.49	27.65

ضرایب همبستگی بین صفات موردمطالعه در ژنوتیپ‌های گندم نان

ضرایب همبستگی فنوتیپی ساده بین صفات با استفاده از ضریب همبستگی پیرسون به‌منظور بررسی ارتباط صفات موردبررسی با عملکرد دانه برآورد شدند. در شکل ۲ میانگین ضرایب همبستگی میان صفات مرتبط با بیماری و صفات مورفوفنولوژیکی نشان داده شده است. بررسی ضرایب همبستگی بین صفات نشان داد که شدت بیماری (SEV) همبستگی مثبت و معنی‌داری با روز تا گلدهی و روز تا سنبله‌دهی داشت. همچنین ارتباط مثبت و معنی‌داری بین شدت بیماری دانه با ارتفاع گیاه در سطح 0.001 مشاهده گردید. همچنین بروز بیماری (INC) با روز تا سنبله‌دهی ، روز تا گرده‌افشانی و ارتفاع گیاه ارتباط معنی‌داری در سطح 0.001 نشان داد. شاخص تعداد دانه‌های آسیب دیده فوزاریومی (FDK) همبستگی مثبت و معنی‌داری با صفت تاریخ سنبله‌دهی، تاریخ گرده افشانی و ارتفاع گیاه نشان داد. صفت طول سنبله (SL) و تعداد دانه در سنبله (TSS) همبستگی معنی‌داری با صفات مرتبط با بیماری نشان ندادند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]



شکل ۲- ماتریس ضرایب همبستگی پیرسون بین صفات مرتبط با FHB و صفات فنولوژیکی و مورفولوژیکی. DTH: روز تا سنبله‌دهی، DTF: روز تا گرده‌افشانی، PH: ارتفاع گیاه، SL: طول سنبله، TSS: تعداد دانه در سنبله، FDK: دانه‌های آسیب دیده فوزاریوم، ISK: شاخص شدت بیماری، SEV: شدت بیماری، INC: بروز بیماری و FHBdx: شاخص بیماری

Figure 2. The Pearson's correlation matrix displays FHB resistance parameters correlations with phenological and morphological traits. Traits include DTH, days to heading; DTF, days to flowering; PH, plant height; SL, spike length; TSS, Number of seeds per spike; FDK, Fusarium damaged kernels; ISK, incidence-severity-kernels; SEV, severity; INC, FHB incidence; and FHBdx, fusarium head blight index

مقاومت غیرفعال در برابر FHB شامل صفات مورفولوژیکی و فنولوژیکی زیادی مانند ارتفاع بوته، خروج بساک، روز تا سنبله‌دهی، طول آخرین میانگره، وجود/عدم وجود ریشک، تعداد سنبلچه و تراکم سنبله است که به فرار از بیماری کمک می‌کند یا نوعی مقاومت در برابر بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله ایجاد می‌کند (Buerstmayr & Buerstmayr, 2016; Kiseleva *et al*., 2016; Miedaner *et al*., 2017).

بر طبق نتایج حاصل از تجزیه همبستگی پیرسون بین صفات مورفوفنولوژیکی و صفات مرتبط به مقاومت به فوزاریوم، دو صفت تاریخ سنبله‌دهی و ارتفاع گیاه بیشترین ارتباط را با صفات مربوط به مقاومت به فوزاریوم داشتند (شکل ۲). ارتفاع گیاه همبستگی مثبت و معنی‌داری را با تمام صفات مربوط به مقاومت به فوزاریوم نشان داد که بیشترین همبستگی با شدت بیماری (0.466) و کمترین همبستگی با تعداد دانه آلوده (0.399) مشاهده شد. بر طبق گزارش لارکین و همکاران (2020) تمام صفات مرتبط با FHB به جز DON ارتباط معنی‌داری با ارتفاع گیاه دارند. همچنین هولدر (2018) گزارش کرد که ارتفاع گیاه ارتباط مستقیم و معنی‌داری با شاخص FDK دارد. آلل‌های نیمه پاکوتاهی Rht-B1b و Rht-D1b که هر دو ارتفاع گیاه را کاهش می‌دهند به طور گسترده در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار می‌گیرند، با این حال تفاوت‌هایی را از نظر حساسیت به FHB نشان می‌دهند (Steiner et al., 2017). آلل Rht-D1b در مقایسه با Rht-B1b با شدت FHB مرتبط است. سرینیواساچاری و همکاران (2008) و لیو و همکاران (2013) نشان دادند که وجود آلل‌های Rht-B1b و Rht-D1b مقاومت به عفونت اولیه (مقاومت نوع I) را کاهش می‌دهد، در حالی که آلل Rht-B1b با مقاومت در برابر انتشار پاتوژن (مقاومت نوع II) مرتبط نیست. مطالعات دیگر ارتباط Rht-D1b و کاهش مقاومت به عفونت اولیه را گزارش کردند (Draeger *et al*., 2007; Liu *et al*., 2013; Srinivasachary *et al*., 2008). لیو و همکاران (2013) پیشنهاد کردند که آلل پاکوتاهی Rht-B1b به دلیل ارتباط با مقاومت نوع II بایستی جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی مدنظر قرار بگیرد.

در مطالعات، نزدیک بودن سنبله ارقام پاکوتاه به ماده تلقیح موجود بر سطح زمین را علت همبستگی منفی بین ارتفاع گیاه و مقاومت به فوزاریوم اعلام کردند (Klahr *et al*., 2007). در حالی که توجه به این نکته مهم است که بسیاری از سنبله‌ها با اسپورهای معلق موجود در هوا (منبع تلقیح ثانویه) آلوده می‌شوند و این نمی‌تواند به تنهایی دلیل بر آلودگی کمتر ارقام پابلند باشد. در آلودگی‌های طبیعی، سنبله‌های ژنوتیپ‌های بلندتر در فاصله بیشتری از منابع تلقیح اولیه (بقایای گیاهی) قرار دارند و احتمال می‌رود که آلودگی مصنوعی باید اثر ارتفاع گیاه را کاهش دهد (Spanic *et al*., 2017). علت دیگر این اختلاف را می‌توان به وجود پروتئین دلا نسبت داد. Rht-B1 و Rht-D1 پروتئین‌های دلا[1] را رمزگذاری می‌کنند که پاسخ جیبرلیک اسید را سرکوب می‌کند (Saville *et al*., 2012). نتایج تجربی نشان می‌دهد که پروتئین‌های دلا یک اثر پلیوتروپیک بر مقاومت به بیماری ایجاد می‌کند و در نتیجه این اثر به خودی خود توسط ارتفاع گیاه ایجاد نمی‌شود. علاوه بر این، آنها به این نتیجه رسیدند که گیاهان با افزایش عملکرد دلا در برابر آلودگی و مرگ سلولی ناشی از DON احتمالاً به دلیل کاهش تمایل به شروع مرگ سلولی مقاوم‌تر هستند (Saville *et al*., 2012).

1- DELLA

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

بیشترین همبستگی صفات مرتبط با بیماری با تاریخ سنبله‌دهی (DTH) و تاریخ گرده‌افشانی (DTF) مشاهده شد (p<۰/۰۰۱). هولدر (2018) همبستگی معنی‌داری بین تاریخ سنبله‌دهی، بروز و شدت آلودگی و FDK مشاهده کرد. تاریخ سنبله‌دهی یک صفت تطبیقی اصلی است و می‌تواند به حداکثر رساندن پتانسیل عملکرد در محیط‌های مختلف کمک کند (Kiseleva *et al*., 2016). تاریخ سنبله‌دهی می‌تواند بر FHB تأثیر بگذارد، زیرا دوره گلدهی زود یا دیرهنگام می‌تواند باعث فرار از عفونت شود. نتایج نشان داد هر چه گیاه زودرس‌تر باشد نسبت به فوزاریوم مقاوم‌تر است و علایم آلودگی کمتری را نشان می‌دهد. با توجه به اینکه گندم در مرحله گلدهی بیشترین حساسیت را به قارچ فوزاریوم دارد، ارقام با تاریخ سنبله‌دهی و بلوغ زودتر در معرض منبع تلقیح ثانویه (اسپور) کمتری نسبت به ارقام دیررس قرار می‌گیرند و به نوعی از بیماری فرار می‌کنند. میدنر و همکاران (2017) عنوان کردند که برخلاف بسیاری از مطالعات گندم نان، همبستگی فنوتیپی که بین مقاومت به FHB و تاریخ سنبله‌دهی مشاهده شد، بیشتر به دلیل شرایط آب و هوایی و/یا تفاوت در رسیدگی باشد تا پیوستگی یا پلیوتروپی.

تجزیه همبستگی کانونیک صفات مورفوفنولوژیک و صفات مرتبط با بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله

تجزیه همبستگی کانونیک یک روش آماری چند متغیره است که می‌تواند ارتباط بین دو گروه متغیر را بصورت کمّی نشان دهد. از مشکلات برآورد همبستگی‌های ساده وجود رابطه غیرمستقیم یک صفت بر صفت مورد مطالعه و تأثیر یک صفت بر گروهی از صفات می‌باشد که باعث همبستگی بالای کاذب در برخی مطالعات می‌شود و همبستگی کانونیک می‌تواند این مشکل را حل می‌کند. در این روش ارتباط بین دو مجموعه متغیر از طریق برآورد همبستگی بین ترکیبات خطی یک مجموعه از متغیرها با ترکیبات خطی مجموعه دیگر برآورد می‌شود و روابط چندگانه و پیچیده صفات را در تعداد کمی رابطه معنی‌دار خلاصه می‌کند (Johnson & Wichern, 2018). در این پژوهش، صفات مورفوفنولوژیک به‌عنوان متغیرهای مستقل و صفات مرتبط با بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله به‌عنوان متغیرهای وابسته ارزیابی شدند. تجزیه همبستگی کانونیک بین متغیرهای کانونیک یک همبستگی کانونیک معنی‌دار (0.687) ایجاد کرد که 81 درصد واریانس کل را توضیح می‌دهد. با توجه به جدول 4 آماره لامبدای ویلکاکس در سطح احتمال پنج درصد برای تابع اول معنی‌دار شد بنابراین همبستگی بین دو دسته متغیر V و W در یک ترکیب خطی خلاصه می‌شود. از این رو می‌توان عنوان کرد که ارتباط بالایی بین دو گروه صفات در تابع اول وجود دارد. ترکیب خطی برای تابع اول، از متغیرهای مورفوفنولوژیک (V^1) و صفات مرتبط با بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله (W_1) همراه با ضرایب مربوطه (a_{ij}, b_{ik}) به صورت زیر به دست آمد:

$$V_1 = -10.90\ Y_1 - 10.22\ Y_2 + 41.47\ Y_3 - 2.95\ Y_4 - 17.66\ Y_5$$ (رابطه ۶)

$$W_1 = 0.523\ X_1 + 0.290\ X_2 + 0.304\ X_3 - 0.051\ X_4 - 0.0043\ X_5$$ (رابطه ۷)

جدول ۴- همبستگی بین متغیرهای کانونیک در ۹۲ ژنوتیپ گندم نان در شرایط مزرعه و اعمال بیماری پوسیدگی سنبله (FHB)

Table 4. Correlation coefficients between canonical variables of 92 wheat genotypes under field conditions

Canonical correlation Coefficient	F-value	P-value	Square of canonical correlation coefficient	Accumulative proportion
0.68*	3.09	<0001	0.47	0.81
0.35	0.06	0.39	0.12	0.94
0.19	0.59	0.80	0.03	0.97
0.15	0.55	0.70	0.02	0.99
0.02	0.06	0.8	0.001	1

*: معنی‌داری در سطح پنج درصد

*: significance at the five percent level

جدول ۵- ضرایب کانونیک استاندارد شده برای توابع کانونیک حاصل از صفات مورفوفنولوژیک ۹۲ ژنوتیپ گندم نان در شرایط مزرعه و اعمال بیماری پوسیدگی سنبله(FHB)

Table 5. Standardized canonical coefficients for canonical functions derived from morpho-phonological traits of 92 wheat genotypes under field conditions

W_5	W_4	W_3	W_2	W_1	Canonical correlation coefficient
1.8032	3.4161	-1.9586	0.5767	0.5229	DTH
-2.216	3.3274	1.6458	0.1534	0.2897	DTF
0.5752	0.2686	0.3162	-1.0387	0.3038	PH
0.4253	-0.1279	0.5703	0.9398	-0.0509	SL
0.4377	0.5981	-0.8296	-0.2782	-0.0043	TSS

DTH: روز تا سنبله‌دهی، DTF: روز تا گرده‌افشانی، PH: ارتفاع گیاه، SL: طول سنبله، TSS: تعداد دانه در سنبله

DTH: days to spike, DTF: days to pollination, PH: plant height, SL: spike length, TSS: number of seeds per spike

جدول ۶- ضرایب کانونیک استاندارد شده برای توابع کانونیک حاصل از شاخص‌های تحمل به پوسیدگی فوزاریوم سنبله در ۹۲ ژنوتیپ گندم نان در شرایط مزرعه

Table 6. Standardized canonical coefficients for canonical functions derived from physiological traits of 92 wheat genotypes under field conditions

V_5	V_4	V_3	V_2	V_1	Canonical correlation coefficient
-80.50	-22.54	64.99	-51.01	-10.90	Severity
-75.39	-21.75	68.95	-34.90	-10.23	Incidence
248.09	54.41	-213.46	124.72	41.48	ISK
-2.77	7.55	1.66	7.28	-2.95	FHBdx
-95.36	-18.30	83.30	-49.24	-17.67	FDK

SEV : شدت بیماری، INC: بروز بیماری، ISK: شاخص شدت بیماری، FHBdx: شاخص بیماری، FDK: دانه‌های آسیب دیده فوزاریوم

SEV: disease severity, INC: disease incidence, ISK: disease severity index, FHBdx: disease index, FDK: Fusarium damaged seeds

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

ضرایب کانونیک استاندارد شده نشان داد که سه صفت DTH، DTF و PH دارای ضرایب مثبت بر صفات مرتبط با بیماری FHB هستند (W1) که با نتایج حاصل از تجزیه همبستگی ساده مطابقت داشت (جدول ۵). دو صفت طول سنبله (SL) و تعداد دانه در سنبله (TSS) همبستگی منفی با صفات میزان آلودگی FHB نشان داد (جدول ۵) در حالی که در تجزیه همبستگی کانونیک صفت طول سنبله همبستگی مثبت با میزان آلودگی FHB نشان داد که نشان دهنده وجود عواملی است که به صورت غیر مستقیم از طریق طول سنبله بر مقاومت به فوزاریوم تاثیر می‌گذارند. فشردگی سنبله یک عامل مهم در مقاومت به فوزاریوم گزارش شده است (از طریق طول سنبله و تعداد سنبلچه در سنبله حاصل می‌شود) و احتمالا می‌تواند عاملی باشد که از طریق طول سنبله بر مقاومت به بیماری FHB اثر می‌گذارد. ضرایب کانونیک استاندارد شده برای توابع کانونیک حاصل از شاخص‌های تحمل به FHB نشان داد که سه صفت SEV، INC و FDK دارای ضریب منفی بر تابع V1 هستند در حالی که شاخص ISK (از طریق هر سه شاخص SEV، INC و FDK حاصل می‌شود) دارای ضریب منفی بر این تابع است (جدول ۶). همبستگی ساختاری بین متغیرهای اندازه‌گیری شده یک گروه با تابع کانونیک مربوط به همان گروه در جدول ۷ و ۸ آمده است. در بین متغیرهای مورفوفنولوژیک، صفت روز تا گلدهی (0.967)، روز تا گروه افشانی (0.954) و ارتفاع گیاه (0.718) همبستگی مثبت و معنی‌داری با تابع کانونیک مربوطه (W_1) نشان داد. صفت طول سنبله (SL) ارتباط مثبت و معنی‌داری (0.565) در سطح احتمال پنج درصد با تابع کانونیک W_2 نشان داد. همچنین صفت تعداد دانه در سنبله ارتباط منفی و معنی‌داری با تابع کانونیک W_3 (0.584−) و همبستگی کانونیک مثبت و معنی‌داری با تابع کانونیک W_4 نشان داد (شکل 4).

در بین شاخص‌های FHB، تمام شاخص‌ها همبستگی مثبت و معنی‌داری با تابع مربوطه (V_1) نشان دادند ولی صفت شدت بیماری (0.876) دارای بالاترین همبستگی کانوینک و صفت تعداد دانه‌های آسیب دیده فوزاریومی (0.665) پایین‌ترین همبستگی را با تابع کانونیک مربوطه (V_1) نشان دادند (شکل ۵). علاوه بر این شاخص FHBdx و FDK به‌ترتیب با ضریب همبستگی 0.468 و0.497 در سطح ۵ درصد با تابع کانونیک V_4 همبستگی نشان دادند. با توجه به همبستگی ساختاری، صفت روز تا سنبله‌دهی (DTH) بالاترین همبستگی مثبت و معنی‌داری با تابع کانوینک اول (W_1) را نشان داد. از طرفی صفت شدت بیماری بالاترین همبستگی را با تابع کانونیک اول (V_1) نشان داد که نشان می‌دهد اگر ارقامی با تاریخ سنبله‌دهی زودتر انتخاب گردد دارای شدت آلودگی کمتری خواهد بود. علاوه بر این، صفت روز تا گرده افشانی (0.945) و ارتفاع گیاه (0.718) با تابع کانونیک اول (W_1) همبستگی معنی‌داری نشان دادند که با توجه به معنی‌داری همبستگی صفات INC و FDK با تابع V_1 می‌توان نتیجه گرفت با انتخاب ارقامی با تاریخ گلدهی زودتر و ارتفاع کوتاه‌تر به حداقل بروز آلودگی و FDK دست یافت. همچنین صفت تعداد دانه در سنبله (TSS) همبستگی مثبت و معنی‌داری (0.609) با تابع کانونیک W_4 نشان داد. از طرفی تعداد دانه‌های آسیب دیده فوزاریومی (FDK) تا تابع کانونیک V_4 همبستگی مثبت و معنی‌داری (0.497) نشان داد که این دو صفت با هم ارتباط دارند. به عبارت دیگر انتخاب ژنوتیپ‌هایی با تعداد دانه در سنبله بالاتر باعث کاهش FDK خواهد شد.

جدول ۷- همبستگی ساختاری بین صفات مورفوفنولوژیک و توابع کانونیک در شرایط مزرعه

Table 7. Structural correlation between morpho-phonological traits and canonical functions under field conditions

Canonical correlation Coefficient	W_1	W_2	W_3	W_4	W_5
DTH	0.967*	0.173	-0.155	-0.069	-0.080
DTF	0.954*	0.192	-0.072	0.126	-0.177
PH	0.718*	-0.384	0.388	0.050	0.430
SL	0.013	0.565*	0.362	0. 257	0.695
TSS	-0.107	0.214	-0.584*	0.609*	0.480

*: معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵ DTH: روز تا سنبله‌دهی،DTF: روز تا گرده‌افشانی، PH: ارتفاع گیاه،SL: طول سنبله، TSS: تعداد دانه در سنبله

*: Significant at the probability level of 0.05 DTH: day to spike, DTF: day to pollination, PH: plant height, SL: spike length, TSS: number of seeds per spike

جدول ۸- همبستگی ساختاری شاخص های بیماری و توابع کانونیک در شرایط مزرعه

Table 8. Structural correlation between phonological traits and canonical functions under field condition

Canonical correlation Coefficient	V_1	V_2	V_3	V_4	V_5
Severity شدت بیماری	0.876*	-0.144	0.149	0.133	-0.041
Incidence بروز بیماری	0.867*	-0.088	0.297	0.385	0.071
ISK شاخص شدت بیماری	0.813*	-0.167	0.304	0.454	0.114
FHBdx شاخص بیماری	0.865*	-0.065	0.143	0.468*	-0.092
FDK دانه‌های آسیب دیده فوزاریوم	0.665*	-0.241	0.425	0.497*	0.267

* معنی‌دار در سطح احتمال ۰/۰۵

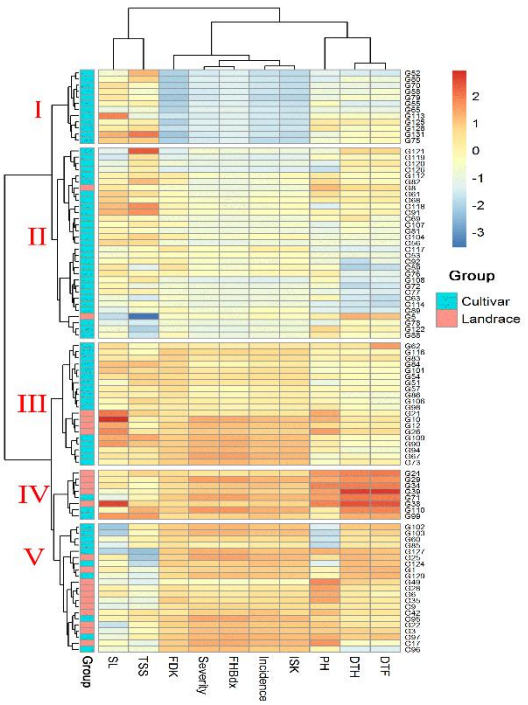
*: Significant at the probability level of 0.05

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم به‌منظور گروه‌بندی بر اساس صفات مورد مطالعه

تجزیه خوشه‌ای با استفاده داده‌های استاندارد شده کلیه صفات مورد مطالعه انجام و برش‌دهی دندروگرام بر اساس تجزیه تابع تشخیص، ژنوتیپ‌ها را به پنج گروه مجزا دسته‌بندی کرد (شکل ۳ الف).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

A



B

میانگین کل Total Mean	گروه ۵ Group5	گروه ۴ Group4	گروه ۳ Group3	گروه ۲ Group2	گروه ۱ Group1	صفت Trait
92	21	8	20	31	12	تعداد ژنوتیپ Number of genotypes
65.27	88.01	78.92	82.58	49.16	24.70	بروز بیماری Incidence
57.35	78.91	84.48	72.46	35.17	15.74	شدت بیماری Severity
76.54	94.97	95.44	95.04	68.00	29.26	تعداد دانه های آسیب دیده Fusarium-damaged kernels
68.05	88.04	91.36	84.53	52.51	23.84	شاخص شدت بیماری incidence-severity-kernels
48.54	72.85	80.28	65.14	20.04	4.4	شاخص بیماری Fusarium head blight index
140.16	142.20	151.66	137.80	135.08	134.06	روز تا سنبله‌دهی days to heading
144.19	145.68	154.42	142.21	139.49	138.85	روز تا گرده افشانی days to flowering
88.57	98.92	109.03	56.96	90.38	87.57	ارتفاع گیاه plant height
12.84	10.41	11.67	12.03	10.99	19.10	تعداد دانه در سنبله Number of seeds per spike
17.33	17.72	19.43	19.44	18.54	11.53	طول سنبله spike length

شکل۳- A) دندروگرام و heat map حاصل از تجزیه خوشه‌ای برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بر اساس روش ward.D2. B) مقادیر میانگین به تفکیک گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات موردمطالعه

Figure 3. A) Cluster dendrogram and heat map based on ward. D2 method. B) Average values by groups obtained from cluster analysis based on studied traits

مقادیر هر یک از گروه‌ها ازنظر صفات و میانگین به تفکیک گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای محاسبه و نتایج آن در شکل3 ب مشخص‌شده است. در گروه اول تعداد ۱۲ ژنوتیپ قرار گرفتند که از نظر صفات INC (24.7) SEV (15.74) و FDK (29.26) پایین‌ترین مقدار را نشان دادند. همچنین در گروه اول ژنوتیپ‌های هیرمند، زارع، ریژاو، گنبد، اترک، استار، نیشابور، آرتا، پیشتاز، چمران۲، دریا و دز قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه اول پایین‌ترین مقدار را برای صفات روز تا سنبله‌دهی (134.06) روز تا گروه افشانی (138.85) و طول سنبله (11.53) و بیشترین مقدار را برای صفت تعداد دانه در سنبله (19.1) نشان دادند. گروه اول با توجه به زودرس بودن، بالا بودن تعداد دانه در سنبله و پایین بودن شاخص‌های مرتبط با بیماری فوزاریوم مطلوب‌ترین گروه بود. در گروه دوم بیشترین تعداد ژنوتیپ‌ها (31 ژنوتیپ) قرار گرفتند که ارقامی مانند مروارید، تجن و باران در این گروه قرار گرفتند. گروه دوم بعد از گروه اول پایین‌ترین میزان آلودگی FHB را در میان گروه‌ها داشت گروه سوم، چهارم و پنجم از نظر صفات مرتبط با بیماری نسبت به گروه اول و دوم بالاترین مقدار را نشان دادند. ژنوتیپ‌های گروه چهارم بالاترین متوسط ارتفاع گیاه (109.03) را دارا بودند و از نظر تاریخ گلدهی و گرده افشانی جزو دیررس‌ترین ارقام بودند. اکثر ژنوتیپ‌های بومی مورد مطالعه در این آزمایش در گروه‌های چهارم و پنجم قرار گرفتند به جز دو ژنوتیپ الرج کرج و پرند ساوه که در گروه دوم قرار گرفتند. در بررسی مقاومت ژنوتیپ‌های گندم نان نسبت به FHB نشان داد که رقم پیشتاز و هیرمند با کمترین میزان سطح زیر منحنی بیماری[1](AUDPC) و کمترین میزان آلودگی در گروه ارقام مقاوم به این بیماری و ارقامی مانند رسول، تجن، سیستان، پارسی در گروه ژنوتیپ‌های حساس به این بیماری قرار گرفتند که با نتایج این پژوهش مطابقت داشت (Kheirgoo *et al*., 2021). رقم مروارید دارای عملکرد مناسب و قابل قبولی در شمال کشور بوده و به همین علت سطح زیر کشت بالایی دارد و جزو ارقامی است که مقاومت قابل قبولی در برابر بیماری FHB نشان داده است. مطالعه ژنتیکی اجزای مقاومت موثر به FHB در رقم مروارید نشان داد اثرات افزایشی در کنترل اجزای مقاومت نقش موثری دارند و می‌توان در بهبود صفات مقاومت به FHB استفاده نمود (Khodarahmi *et al*., 2020). در مطالعه انجام گرفته بر روی ۶۰ ژنوتیپ گندم پیشرفته و امیدبخش مربوط به اقلیم گرم و مرطوب شمال، ژنوتیپ مروارید و گنبد تنها ارقامی بودند که در برابر بیماری FHB مقاومت نشان دادند (Dehghan &Ebrahim Nejad, 2016). رقم مروارید در گروه ارقام نیمه مقاوم از نظر مقاومت نوع یک (بروز بیماری) و مقاومت نوع سه (دانه‌های آسیب دیده فوزاریومی) قرار گرفت ولی مقاومت نوع دو (شدت بیماری) بالایی نشان داد.

نتایج این مطالعه اهمیت صفات مورفوفنولوژیکی را در مقاومت به بیماری FHB نشان می دهد. نتایج همبستگی ساده و کانونیک نشان داد صفت روز تا سنبله‌دهی (DTH) از مهمترین صفات مرتبط با بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله می‌باشد که در این مطالعه همبستگی مثبتی با صفات مرتبط با بیماری نشان داد. نتایج حاصل از تجزیه همبستگی کانونیک

1- Area Under the Disease Progress Curve

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]
[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

نشان داد که سه صفت روز تا سنبله‌دهی، روز تا گرده‌افشانی و ارتفاع گیاه در حدود 80 درصد تغییرات توسط FHB را توجیه می‌کنند و با توجه به اینکه دارای ضریب مثبت بر صفات مرتبط با بیماری FHB است، می‌توان در انتخاب و اصلاح ارقام مقاوم توجه ویژه‌ای به این صفات کرد. ارقام ریژاو، چمران، دریا، آرتا، نیشابور و گنبد بالاترین مقاومت را در مطالعه نشان دادند و می‌توانند همچنان به‌عنوان ارقام والدی برای اصلاح ارقام جدید گندم مقاوم به بیماری پوسیدگی سنبله مورد استفاده قرار گیرند. همچنین در بین ارقام بومی سه ژنوتیپ الرج کرج، پرند ساوه و ملایر مقاومت قابل قبولی نشان دادند که نشان دهنده این است که برخی ارقام بومی نیز نسبت به بیماری پوسیدگی فوزاریومی سنبله مقاومت نسبی دارند و ممکن است در صورت دارا بودن مکان‌های ژنی مکمل ژن‌های مشخص مقاومت به این بیماری، احتمالا در جهت اهداف و برنامه‌های به‌نژادی برای مقاومت به بیماری فوزاریوم قابل استفاده باشند که این موضوع نیاز به بررسی‌های بیشتر در مطالعات آینده خواهد بود.

منابع

Buerstmayr, M., & Buerstmayr, H. (2016). The semidwarfing alleles *Rht-D1b* and *Rht-B1b* show marked differences in their associations with anther-retention in wheat heads and with Fusarium head blight susceptibility. *Phytopathology*, *106*(12), 1544-1552.

Ebrahimnejad, S. (2017). 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), 151-142, (In Persian).

Draeger, R., Gosman, N., Steed, A., Chandler, E., Thomsett, M., Srinivasachary, ... & Nicholson, P. (2007). Identification of QTLs for resistance to Fusarium head blight, DON accumulation and associated traits in the winter wheat variety Arina. *Theoretical and Applied Genetics*, *115*, 617-625.

Gilbert, J., & Woods, S. (2006, March). Strategies and considerations for multi-location FHB screening nurseries. In *The global Fusarium initiative for international collaboration: a strategic planning workshop. CIMMYT, El Batàn, Mexico* (pp. 93-102).

He, X., Lillemo, M., Shi, J., Wu, J., Bjørnstad, Å., Belova, T., ... & Singh, P. (2016). QTL characterization of Fusarium head blight resistance in CIMMYT bread wheat line Soru# 1. *PloS one*, *11*(6), e0158052.

Holder, A. L. (2018). A genome wide association study for Fusarium head blight resistance in southern soft red winter wheat. University of Arkansas.

Johnson, R. A., & Wichern, D. W. (2002). Applied multivariate statistical analysis.

Jones, S., Farooqi, A., Foulkes, J., Sparkes, D. L., Linforth, R., & Ray, R. V. (2018). Canopy and ear traits associated with avoidance of Fusarium head blight in wheat. *Frontiers in plant science*, *9*, 1021.

Kiseleva, A. A., Shcherban, A. B., Leonova, I. N., Frenkel, Z., & Salina, E. A. (2016). Identification of new heading date determinants in wheat 5B chromosome. *BMC Plant Biology*, *16*, 35-46.

Kheirgoo, M., Panjeke, N., & Taliey, F. (2021). Evaluation of resistance to Zymoseptoria tritici blotch and Fusarium head blight in some genotypes of bread wheat.

Dehghan, M. (2020). Genetic Analysis of Resistance to Wheat Fusarium Head Blight in Morvarid (resistant)× Falat (sensitive) Cross. *Journal of Crop Breeding*, *12*(34), 62-70, (In Persian).

Klahr, A., Zimmermann, G., Wenzel, G., & Mohler, V. (2007). Effects of environment, disease progress, plant height and heading date on the detection of QTLs for resistance to Fusarium head blight in an European winter wheat cross. *Euphytica*, *154*, 17-28.

Kollers, S., Rodemann, B., Ling, J., Korzun, V., Ebmeyer, E., Argillier, O., ... & Röder, M. S. (2013). Whole genome association mapping of Fusarium head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLoS One*, *8*(2), e57500.

Larkin, D. L., Holder, A. L., Mason, R. E., Moon, D. E., Brown-Guedira, G., Price, P. P., ... & Dong, Y. (2020). Genome-wide analysis and prediction of Fusarium head blight resistance in soft red winter wheat. *Crop Science*, *60*(6), 2882-2900.

Lin, F., Xue, S. L., Zhang, Z. Z., Zhang, C. Q., Kong, Z. X., Yao, G. Q., ... & Ma, Z. Q. (2006). Mapping QTL associated with resistance to Fusarium head blight in the Nanda2419× Wangshuibai population. II: Type I resistance. *Theoretical and Applied Genetics*, *112*, 528-535.

Liu, S., Griffey, C. A., Hall, M. D., McKendry, A. L., Chen, J., Brooks, W. S., ... & Schmale, D. G. (2013). Molecular characterization of field resistance to Fusarium head blight in two US soft red winter wheat cultivars. *Theoretical and applied genetics*, *126*, 2485-2498.

Miedaner, T., Gwiazdowska, D., & Waśkiewicz, A. (2017). Management of Fusarium species and their mycotoxins in cereal food and feed. *Frontiers in microbiology*, *8*, 1543.

Petersen, S., Lyerly, J. H., Maloney, P. V., Brown-Guedira, G., Cowger, C., Costa, J. M., ... & Murphy, J. P. (2016). Mapping of Fusarium head blight resistance quantitative trait loci in winter wheat cultivar NC-Neuse. *Crop Science*, *56*(4), 1473-1483.

Seed and plant improvement institute .(2015). Introduction of agricultural cultivars for food safety and health. Agricultural research, education and promotion organization, 1.

Saville, R. J., Gosman, N., Burt, C. J., Makepeace, J., Steed, A., Corbitt, M., ... & Nicholson, P. (2012). The 'Green Revolution'dwarfing genes play a role in disease resistance in *Triticum aestivum* and Hordeum vulgare. *Journal of experimental botany*, *63*(3), 1271-1283.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]

Schulthess, A. W., Zhao, Y., Longin, C. F. H., & Reif, J. C. (2018). Advantages and limitations of multiple-trait genomic prediction for Fusarium head blight severity in hybrid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, *131*, 685-701.

Somers, D. J., Kirkpatrick, R., Moniwa, M., & Walsh, A. (2003). Mining single-nucleotide polymorphisms from hexaploid wheat ESTs. *Genome*, *46*(3), 431-437.

Spanic, V., Viljevac Vuletic, M., Drezner, G., Zdunic, Z., & Horvat, D. (2017). Performance indices in wheat chlorophyll a fluorescence and protein quality influenced by FHB. *Pathogens*, *6*(4), 59.

Srinivasachary, Gosman, N., Steed, A., Simmonds, J., Leverington-Waite, M., Wang, Y., ... & Nicholson, P. (2008). Susceptibility to Fusarium head blight is associated with the Rht-D1b semi-dwarfing allele in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, *116*, 1145-1153.

Steiner, B., Buerstmayr, M., Michel, S., Schweiger, W., Lemmens, M., & Buerstmayr, H. (2017). Breeding strategies and advances in line selection for Fusarium head blight resistance in wheat. *Tropical Plant Pathology*, *42*, 165-174.

Suzuki, T., Sato, M., & Takeuchi, T. (2012). Evaluation of the effects of five QTL regions on Fusarium head blight resistance and agronomic traits in spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Breeding science*, *62*(1), 11-17.

Wegener, M. (1992). Optimierung Von Saatgutpillierungen mit mikrobiellen antagonisten zur biologischen Biologischen Bekampfung Von *Fusarium culmorum* (WG SM) Sacc. *Weizen. Diplomarbeit, Universitat Gottingen*.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2025-07-18]

[DOI: 10.61186/jcb.15.47.91]