دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

"مقاله پژوهشی"

ارزیابی مقاومت به زنگ زرد (*Puccinia striiformis* West) در برخی ژنوتیپ‌های گندم نان (*Triticum aestivum* L.) در مرحله گیاهچه‌ای

امین افضلی فر[۱]، لیلا فهمیده[۲]، فرزاد افشاری[۳]، صالحه گنجعلی[۴]، محمدرضا بی‌همتا[۵] و هادی علی پور[۶]

۱- دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران
۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان؛ دانشگاه زابل، ایران
(نویسنده مسوول: l.fahmideh@gau.ac.ir)
۳- استاد پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
۴ - استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران
۵- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، ایران
۶- استادیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشگاه ارومیه، ایران
تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۷/۲۱ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۱۰/۱۶
صفحه: ۲۶ تا ۴۰

چکیده

این پژوهش به‌منظور بررسی و تعیین طیف بیماری‌زایی/غیربیماریزایی ژن‌های پنج نژاد بیماری زنگ زرد گندم جمع‌آوری‌شده از مناطق کرج (174E158A+)، زرقان (103E16A+, Yr27)، ساری (6E150A+)، سرخس (247E235A+,Yr27) و مغان (77E78A+) انجام شده است. برای تعیین نژاد بیماری زنگ زرد گندم از ژنوتیپ‌های استاندارد و افتراقی بین‌المللی استفاده گردید. سپس واکنش ۲۹۷ ژنوتیپ مختلف گندم نان نسبت به این نژادها در قالب طرح کاملاً تصادفی با دو تکرار تحت شرایط گلخانه و با دمای ۱۵ درجه سانتی‌گراد مورد ارزیابی قرار گرفت. در بررسی همبستگی بین نژادهای مختلف مشخص شد که نژادهای ساری (6E150A+) و کرج (174E158A+) دارای بیشترین همبستگی هستند. همچنین تجزیه واریانس ساده برای سه صفت تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش تنوع ژنتیکی بالایی را بین ژنوتیپ‌های موردمطالعه نشان داد. تجزیه واریانس مرکب نشان‌دهنده اثر معنی‌دار ژنوتیپ، نژاد و اثرمتقابل ژنوتیپ و نژاد برای صفت تیپ آلودگی بود. برای صفات اندازه جوش و تراکم جوش نیز اثر ژنوتیپ و نژاد معنی‌دار بودند. نتایج تجزیه همبستگی صفات در نژادهای مختلف نشان‌دهنده همبستگی معنی‌دار و مثبت بین آن‌ها بود. تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را به سه گروه مقاوم، نیمه مقاوم (نیمه حساس) و حساس تفکیک نمود که تائیدکننده نتایج واکنش‌های مقاومت ژنوتیپ‌های گندم به نژادهای مختلف زنگ زرد بود. براساس تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های شماره ٦، ٣٦، ٣٩ و ٤٤ دارای پایین‌ترین میزان تیپ آلودگی (مقاومت بالاتر) نسبت به هر پنج نژاد بیماری زنگ زرد گروهبندی شدند. نتایج تجزیه خوشه‌ای نیز نشان‌دهنده وجود ارقام تجاری PARSI، KARAJ2، CHAMRAN2، PANJAMO62، MAHDAVI، PISHGAM، INIA66 و RIJAW در گروه گندم‌های مقاوم بود که می‌توان با استفاده از تجزیه شجره‌ای به والد دهنده مقاومت به این بیماری دست یافت.

واژه‌های کلیدی: زنگ(نواری) زرد، طیف بیماری‌زایی، گندم نان، واکنش مقاومت، همبستگی

مقدمه

گندم یکی از مهم‌ترین محصولات کشاورزی در تأمین نیازهای غذایی در کشورهای مختلف به شمار می‌آید (۵۸) و از طرفی نقش بیماری‌ها در کاهش عملکرد گندم بسیار چشمگیر و دارای اهمیت است (۸۳). زنگ زرد یا زنگ نواری یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در اغلب مناطق دنیا محسوب می‌شود. شیوع این بیماری در شرایط دمایی ۲۰-۱۵ درجه سانتی‌گراد در مناطقی با ارتفاع بالاتر و عرض‌های جغرافیایی شمالی‌تر و همچنین سال‌های خنک و مرطوب بیشتر است. این بیماری می‌تواند باعث کاهش وزن دانه تا ۵۰ و در برخی از موارد تا ۱۰۰ درصد شود (۶۸). بیماری زنگ زرد توسط قارچ *Puccinia striiformis* West ایجاد می‌شود و مهم‌ترین بیماری گندم در ایران و کشورهای آسیای میانه است (۳۷،۳). زنگ زرد در ایران نیز در تمام مناطق کشور به‌خصوص نواحی سرد و مرطوب شیوع داشته و در بیشتر سال‌ها مزارع گندم را آلوده می‌کند و در مواقع شیوع باعث کاهش شدید محصول می‌شود (۷۶،۷۰). نتایج گذشته نشان می‌دهد که زنگ زرد کاهش عملکرد ۱۰-۹۰ درصدی را در کشورهای آسیای مرکزی داشته است (۸۴). بر اساس گزارش داد رضایی و همکاران (۲۴) تحمل ارقام منتخب گندم به بیماری زنگ زرد متفاوت بوده و خسارت کاهش عملکرد دانه وارده به ارقام گندم موردبررسی از ۳/۵ تا ۵۷ درصد متغیر بوده است.

بروز همه‌گیری‌های شدید در زنگ‌ها و ایجاد خسارت‌های فراوان به عملکرد گندم با ظهور نژادهای جدید و کاشت ارقام حساس، شدت یافته و محدودیت‌های بیشتری را برای تولید گندم به وجود آورده است (۷۹). نتایج تحقیقات نشان داده است

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

که استفاده از قارچ‌کش‌های شیمیایی علاوه بر همراه داشتن زیان‌های زیست‌محیطی در کنترل بیماری زنگ زرد کاملاً موفق نبوده‌اند. نتایج این تحقیقات همچنین بیان کننده این مطلب می باشند که توسعه ارقام مقاوم، مؤثرترین روش کنترل بیولوژیکی زنگ‌ها بوده و از لحاظ اقتصادی به‌صرفه است. اصلاح برای ایجاد مقاومت، بیشترین تأثیر را در پیشگیری از خسارت دارد (۹) و شناسایی منابع مقاومت به بیماری زنگ زرد و کشت ارقام مقاوم، مطمئن‌ترین و اصولی‌ترین روش کنترل این بیماری و کاهش خسارت ناشی از بروز اپیدمی به‌خصوص در مناطق شمالی کشور است (۶۲،۵۰).

بر اساس نتایج بازدیدهای مزرعه‌ای در مناطق سردسیری کشور، ارقام رایج و مورداستفاده کشاورزان در سال‌های گذشته شامل ارقام زرین، شهریار و الوند بوده است که قبلاً به‌عنوان ارقام مقاوم به زنگ زرد معرفی‌شده بودند (۳۵،۴)، اما نمونه‌برداری انجام‌شده نشان داده است که هیچ‌کدام از ارقام ذکرشده در بالا قادر به کنترل کامل بیماری نبوده‌اند. تیپ آلودگی از نوع حساس (S) و نیمه حساس (MS) بود. شدت آلودگی و پوشش جوش‌های زنگ روی سطح برگ پرچم آن‌ها از ۵ تا ۱۰۰ درصد متغیر بوده‌اند. حساسیت این ارقام نسبت به زنگ زرد و شکسته شدن مقاومت آن‌ها با گزارش‌های موجود مطابقت دارد (۵۰،۶).

در حال حاضر تعداد زیادی ژن مقاومت به زنگ‌های زرد، قهوه‌ای و سیاه در گندم و یا گندمیان خویشاوند با گندم شناخته‌شده است (۲۰). پیش‌نیاز استفاده مستقیم از ژن‌های مقاومت به زنگ در برنامه‌های به نژادی، شناسایی این ژن‌ها در منابع مختلف و به‌ویژه در ارقام گندم است. اولین مطالعه روی فاکتورهای بیماری‌زایی بیمارگر زنگ زرد گندم با کشت خزانه تله توسط زادوکس انجام شد (۸۰). به‌منظور مطالعه تغییرات سالیانه نژادها و فاکتورهای بیماری‌زایی بیمارگر زنگ زرد گندم آزمایشات ملی در کشورهای مختلف انجام می‌شود (۶۴،۳۹،۵،۱۸). پرآزاری برای اغلب ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای و تعدادی از ژن‌های مقاومت گیاه کامل نسبت به زنگ زرد در دنیا (۷۸،۶۵،۴۴) و ازجمله در ایران (۷،۱) شناخته‌شده است. تاکنون تعداد زیادی ژن مقاومت اصلی (*Yr*) شناسایی‌شده است که تعداد عمده آن‌ها از ژنوتیپ‌های محلی گندم هگزاپلوئید به‌دست‌آمده‌اند (۴۷). این موضوع اهمیت ذخایر ژنتیکی را به‌عنوان منابع مقاومت به زنگ زرد نشان می‌دهد.

نتایج ارزیابی ارقام گندم چینی، ژنوتیپ‌های مصنوعی هگزاپلوئید و لاین‌های پیشرفته اصلاحی نسبت به بیماری زنگ زرد تحت شرایط مزرعه و گلخانه نشان‌دهنده احتمال حضور ژن‌های *Yr3*، *Yr5*، *Yr10*، *Yr15*، *YrSP* و *YrCV* و مقاومت گیاه بالغ در مواد ژنتیکی موردبررسی بود (۱۹). هان و همکاران (۳۱) ۱۹۸ نژاد بومی و ژرم پلاسم خارجی گندم که قبلاً در چین به‌طور گسترده مورداستفاده قرار نگرفته بودند را برای مقاومت به زنگ زرد در مرحله گیاهچه‌ای در گلخانه توسط چهار نژاد مورد ارزیابی قراردادند.

بخشی و همکاران (۱۴) با ارزیابی ۶۴ لاین هاپلوئید مضاعف شده توسط پاتوتیپ 70E34A+ در شرایط گلخانه، تعداد ۲۰ لاین دارای واکنش مقاومت نسبت به زنگ زرد را شناسایی نمودند. رانداوا و همکاران (۵۹) در ارزیابی ارقام گندم کانادا نسبت به زنگ زرد مشاهده کردند که در بین گندم‌های نرم بهاره دشت‌های کانادا (CPSR)[1]، ارقام جدید مقاوم‌تر از بسیاری از ارقام قدیمی‌تر بودند و ۶۰ درصد از گندم‌های بهاره قرمز غرب کانادا (CWHWS)[2] نیز مقاومت نشان دادند. مقاومت به زنگ زرد در ارقام موردمطالعه، تا حد زیادی به وجود ژن‌های *Yr18* نسبت داده شد. ژن‌های *Yr17* و *Yr36* نیز در برخی از ارقام تشخیص داده شدند.

صفوی و افشاری (۶۱) با ارزیابی مقاومت مرحله گیاهچه‌ای و گیاه کامل نسبت به زنگ زرد در ۱۱ لاین امیدبخش گندم مربوط به اقلیم معتدل نتیجه گرفتند که برخی از لاین ها درجات متفاوتی از مقاومت پایدار دارند. در تحقیق دیگری واکنش ۱۲۴ ژنوتیپ گندم ایران را نسبت به پنج جدایه زنگ زرد در مرحله گیاهچه ای موردبررسی قرار داده شد و نتایج نشان داد که حدود ۲۸ درصد ژنوتیپ ها نسبت به تمام جدایه ها مقاوم بودند (۲۵). استپیت و همکاران (۷۴) ۶۵۲ نمونه گندم بومی از ۵۴ کشور را که قبلاً برای مقاومت به زنگ ساقه (نژاد *Ug99*) غربال‌شده بودند، نسبت به نژادهای رایج زنگ زرد در نواحی Pullman و Mt. Vernon از ایالت واشنگتن مورد ارزیابی قراردادند و نتایج حاکی از مقاومت ۱۶۵ نمونه در شرایط مزرعه بود.

سوویزی و همکاران (۷۳) با جمع‌آوری ۲۹ جدایه عامل بیماری از مناطق مختلف کشور و آزمایش بر روی ۴۴ لاین افتراقی زنگ زرد مشاهده کردند که تمام جدایه‌ها بر روی لاین های حامل *YrA* پرآزاری نشان دادند، ولی برای لاین‌های حامل ژن‌های *Yr15*، *Yr10* و *YrSP* در هیچ‌یک از جدایه‌های موردبررسی پرآزاری مشاهده نشد. در تحقیقی مقاومت ژرم‌پلاسم گندم آسیای میانه نسبت به زنگ زرد، ۱۵۲ جدایه از قزاقستان و ازبکستان مورد ارزیابی قرار گرفت و دو ژنوتیپ شناسایی شد که نسبت به همه پاتوتیپ‌ها مقاومت نشان دادند. وجود پنج ژن *Yr* نیز در مواد ژنتیکی موردبررسی احتمال داده شد (۳۸). ارزیابی سطوح مقاومت تدریجی و گیاه بالغ، ۶۲ ژرم‌پلاسم گندم با منشأ خارجی را در مرحله گیاهچه‌ای و گیاه بالغ موردبررسی قرار گرفت و براساس نتایج گزارش شده تنوع معنی‌داری برای سطح مقاومت تدریجی در ژرم پلاسم مرکز تحقیقات بین‌المللی سیمیت مشاهده شد (۷۷). بادونی و همکاران (۱۳) ۴۴۰ لاین ژرم پلاسم گندم را برای مقاومت به زنگ زرد به مدت دو سال در مزرعه ارزیابی نموده و ۷۲ نمونه مقاوم یا نیمه مقاوم را شناسایی کردند (۱۳).

به‌کارگیری ژن‌های مقاومت، اقتصادی‌ترین و از لحاظ زیست‌محیطی سالم‌ترین روش کنترل بیماری است (۴۰). شایان‌ذکر است که اکثر ژن‌های مقاومت از نوع گیاهچه ای می‌باشند (۲۱، ۲۲ و ۴۴). ژن‌های مقاومت با علامت *Yr* و یک

1- Canada Prairie Spring Red
2- Canada Western Red Spring

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

پسوند (مانند *Yr1*، *Yr2* و غیره) بر اساس خصوصیات ژنتیکی آن‌ها مشخص‌شده‌اند (۴۵) و ژن‌های بیماری‌زایی مقابل آن‌ها به ترتیب *Vr1*، *Vr2* و غیره مشخص‌شده‌اند (۲۶). در برنامه‌های به نژادی به‌منظور تولید و ایجاد ارقام مقاوم جدید، پایش سالیانه بیمارگر جهت شناسایی نژادهای جدید که می‌تواند بر ژن‌های مقاومت غلبه یابند ضروری است (۴۶). غربال کردن ارقام نسبت به زنگ زرد، درنتیجه پویایی بیمارگر (در جهت تکامل) بایستی کار پیوسته و ادامه‌داری باشد زیرا بیمارگر زنگ زرد از طریق جهش، هیبریداسیون و احتمالاً نوترکیبی جنسی به‌سرعت به نژادهای جدید تغییر می‌یابد (۳۳،۳۲).

ایران به‌عنوان خاستگاه و مرکز تنوع اولیه گونه‌های گندم (*Triticum aestivum* L.) دارای تنوع ژنتیکی بسیار غنی برای اصلاح گندم و ایجاد ارقام پر محصول و سازگار است (۶۳،۲۹). امروزه آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به‌عنوان اجزای مهم پروژه‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود (۷۰). در شروع هر برنامه به نژادی به اطلاعات جامعی از خصوصیات مورفولوژیکی ژرم پلاسم موجود نیاز می‌باشد ازاین‌رو جهت حفظ تنوع ژنتیکی لازم، معرفی ارقام جدید با دارا بودن زمینه ژنتیکی متفاوت و جلوگیری از خسارت‌های غیرقابل‌پیش‌بینی ناشی از یکنواختی ارقام ضروری است که ارقام و لاین های موجود ازنظر خصوصیات مهم مورفولوژیکی موردبررسی و ارزیابی قرار گیرند (۱۰). علیرغم مؤثر بودن سموم قارچ‌کش در کنترل زنگ‌ها، به دلیل آلایندگی محیط‌زیست، مبارزه شیمیایی ابزار مناسبی نبوده و عموماً توصیه نمی‌شود (۲۱). راهبرد استفاده از ارقام مقاوم در جهت مدیریت کنترل زنگ‌ها مطمئن‌ترین و باصرفه‌ترین روش جلوگیری از خسارت زنگ‌هاست (۴۲). اطلاع از مبنای ژنتیکی مقاومت در برنامه‌های به نژادی بسیار سودمند است. زیرا چنین اطلاعاتی باعث استفاده کارآمد از منابع ژنتیکی در تلاقی و گزینش نتایج و نیز سهولت تولید لاین های ایزوژنیک برای مطالعه مکانیسم‌های مقاومت می‌شود (۸).

هدف از این پژوهش ابتدا تعیین نژاد پاتوتیپ‌های جمع‌آوری‌شده و تعیین فاکتورهای بیماری‌زایی هر پاتوتیپ و سپس ارزیابی واکنش ۲۹۷ ژنوتیپ گندم نان موردمطالعه در مرحله گیاهچه‌ای و در شرایط گلخانه به‌منظور تعیین مقاومت و دستیابی به منابع مقاومت جدید نسبت به پاتوتیپ‌های مورد مطالعه است.

مواد و روش‌ها

پژوهش حاضر در گلخانه زنگ زرد واحد پاتولوژی بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام شد. در این تحقیق به‌منظور تهیه جدایه‌های قارچی، از بین نمونه برگ‌های آلوده به زنگ زرد گندم جمع‌آوری‌شده از مناطق مختلف ایران، پنج جدایه از مناطق ساری، سرخس، کرج، زرقان و اردبیل که نماینده انواع آب‌وهوای موجود در ایران می‌باشند، انتخاب و با استفاده از گیاهچه‌های رقم حساس بولانی تکثیر شدند. تعیین پنج نمونه نژاد زنگ زرد مورداستفاده در این تحقیق به روش جانسون و همکاران (۳۴) صورت گرفت. روش پیشنهادی مک نیل و همکاران (۴۸) جهت یادداشت‌برداری از عکس‌العمل گیاهچه‌ای (تیپ آلودگی) ژنوتیپ‌های استاندارد و افتراقی مورداستفاده قرار گرفت. برای تعیین نژاد و تعیین ژن‌های بیماری‌زایی جدایه‌ها از ۴۵ ژنوتیپ بین‌المللی استاندارد و افتراقی و لاین‌های ایزوژنیک (رگه‌های تک ژنی مقاومت زنگ زرد) که شامل لاین‌های اصلاحی از تلاقی برگشتی رقم حساس Avoset's با ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های *YrA*، *YrSP*، *Yr32*، *Yr27*، *Yr26*، *Yr24*، *Yr18*، *Yr17*، *Yr15*، *Yr12*، *Yr11*، *Yr10*، *Yr9*، *Yr7*، *Yr5* و *Yr1* بودند استفاده گردید. هریک از ژنوتیپ‌های افتراقی دارای ژن‌های مقاومت شناخته‌شده‌ای هستند. ژنوتیپ‌های استاندارد و افتراقی از مراکز بین‌المللی سیمیت و ایکاردا تهیه شدند و در تمامی آزمایش‌ها تعیین نژاد زنگ زرد در دنیا از ژنوتیپ‌های مورداستفاده در این تحقیق البته باکمی تغییرات جزئی استفاده می‌شود (۲،۱).

در آزمایشات ارزیابی میزبان زنگ زرد، تعداد ۲۹۷ ژنوتیپ گندم نان به همراه رقم بولانی به‌عنوان شاهد حساس که همگی آن‌ها از بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج تهیه شدند (جدول ۱) در قالب طرح کاملاً تصادفی با دو تکرار در مرحله گیاهچه‌ای در شرایط گلخانه با پنج نژاد زنگ زرد تعیین نژاد شده با دامنه بیماری‌زایی پرآزار تا کم‌آزار در سال ۱۳۹۸ مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱). از همه ژنوتیپ های استاندارد و افتراقی و همچنین ژنوتیپ های گندم مورد ارزیابی برای زنگ زرد به تعداد ۲۰ بذر در داخل پتری دیش‌های به قطر ۹ سانتی‌متر روی کاغذ صافی مرطوب قرار گرفتند و ۴۸ ساعت بعد، پس از جوانه‌زنی کامل تعداد ۷ بذر به گلدان‌های کوچک حاوی مخلوط پیت ماس و خاک مزرعه منتقل گردید. گیاهچه‌های حاصل از کاشت ژنوتیپ‌های استاندارد و افتراقی و ژنوتیپ‌های مختلف گندم در مرحله گیاهچه‌ای با اوریدینیوسپور و روغن سالترول با استفاده از نازل مخصوص و پمپ باد مایه‌زنی شدند. مایه‌زنی در مرحله ۱۲ در مقیاس زادوکس (۸۰) یعنی زمانی که‌برگ اول کامل رشد کرده و برگ دوم تازه ظهور کرده باشد انجام شد. گیاهچه‌های مایه‌زنی شده به مدت ۲۴ ساعت در اتاق سرد در شرایط تاریکی کامل و دمای ۱۰ درجه سانتی‌گراد با رطوبت اشباع (۹۵–۱۰۰ درصد) قرار داده شدند، سپس گلدان‌ها به شرایط گلخانه‌ای با رطوبت ۷۰ درصد و دمای ۱۸ درجه سانتی‌گراد با ۱۶ ساعت طول روز (روشنایی) و ۸ ساعت تاریکی منتقل شدند و به مدت ۲۰ روز در این شرایط باقی ماندند. آبیاری گیاهچه ها به‌صورت نشتی انجام گرفت (۵۵). برای اندازه‌گیری تیپ آلودگی در ارقام استاندارد و افتراقی و ژنوتیپ‌های گندم مورد ارزیابی روز بیستم بعد از مایه‌زنی بر اساس مقیاس صفر تا ۹ روش مک نیل و همکاران (۴۸) یادداشت‌برداری انجام گرفت. نمرات صفر تا شش نشان‌دهنده مقاومت و هفت تا نُه نشان‌دهنده حساسیت است (۴۸). هر پنج نژاد (جدایه) به‌طور جداگانه و در شرایط کاملاً

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

یکسان بر گیاهچه‌های حاصل از کاشت ژنوتیپ‌های مورد بررسی مایه‌زنی شدند و مورد ارزیابی قرار گرفتند.

در این تحقیق صفت تیپ آلودگی در حدود بیست روز پس از آلودگی ژنوتیپ‌های گندم با بیماری زنگ زرد براساس مقیاس صفر تا ۹ به روش مک نیل و همکاران یادداشت گردید. همچنین برای شمارش تعداد جوش ها در واحد سطح برگ و اندازه‌گیری طول و عرض جوش‌ها، بعد از انجام یادداشت‌برداری‌های لازم، جهت ارزیابی واکنش ارقام به بیماری به‌وسیله یک قیچی کوچک قسمتی از برگ هر رقم را برش داده و درون ترکیب لاکتوفنولی قرار داده شد. این عمل برای تمامی ارقام در هر تکرار صورت پذیرفت. برای هر نژاد این عمل به‌صورت جداگانه انجام گرفت. پس از گذشت ۴۸ ساعت هر برگ در زیر میکروسکوپ با استفاده از عدسی ۱۰ تراکم جوش‌ها در هر میلی‌متر مربع در سطح برگ شمارش و یادداشت‌برداری شد. اندازه‌گیری طول و عرض جوش ها به کمک میکروسکوپ چشمی و با عدسی شماره ۱۰ برای پنج جوش انجام شد.

تجزیه داده‌ها

برای اطمینان از نرمال بودن داده‌های اجزای مقاومت حاصل از اندازه‌گیری صفات تیپ آلودگی، تراکم جوش و اندازه جوش در شرایط گلخانه، آزمون نرمال بودن برای داده های پژوهش انجام و پس از اطمینان از نرمال بودن داده‌ها، به‌صورت طرح کاملاً تصادفی با دو تکرار مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. از تجزیه واریانس مرکب به منظور بررسی توأم تاثیر پنج نژاد بیماری روی ژنوتیپ‌های گندم نان (ژنوتیپ × نژاد) استفاده شد. تجزیه واریانس با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.1، تجزیه همبستگی با نرم‌افزار SPSS 16 و تجزیه خوشه ای به روش Ward با استفاده از نرم‌افزار PAST انجام شد.

نتایج و بحث

تعیین نژاد جدایه‌های جمع‌آوری‌شده

با توجه به ارزش‌های تعیین‌شده (تیپ آلودگی[1]) برای هرکدام از ژنوتیپ‌های استاندارد و افتراقی[2]، با استفاده از مقیاس صفر تا ۹ روش مک نیل و همکاران (۴۸) از روش تعیین نژاد جانسون و همکاران (۳۴) برای نام‌گذاری نژادها استفاده گردید. براساس این روش مشخص شد که نژاد منطقه کرج +174E158A، نژاد منطقه ساری +6E150A، نژاد منطقه سرخس 247E235A+,Yr27، نژاد منطقه زرقان 103E16A+, Yr27 و نژاد منطقه مغان +77E78A بودند. تفکیک فاکتور بیماری‌زا از فاکتورهای غیربیماریزا توسط علامت (/) در جدول ۲ نشان داده‌شده است.

از میان نژادهای موردبررسی، نژاد 247E235A+,Yr27 با ۲۲ فاکتور (ژن) و نژاد +6E150A با ۱۴ فاکتور به ترتیب دارای بیشترین و کمترین فاکتورهای بیماری‌زایی بودند. بقیه نژادها مثل +174E158A، +77E78A و 103E16A+, Yr27 به ترتیب دارای ۱۶، ۱۸ و ۱۷ فاکتور بیماری‌زایی بودند.

در آزمایشات مختلف ژن‌های مختلف *YrA*، *Yr25*، *Yr23*، *Yr22*، *Yr17*، *Yr11*، *Yr9*، *Yr7*، *Yr6*، *Yr2* برای پاتوتیپ‌های رایج در ایران غیرموثر گزارش‌شده‌اند و برای ژن‌های *Yr1*، *Yr3*، *Yr4*، *Yr5*، *Yr10*، *Yr15*، *YrSP*، *YrCV* کمترین بیماری‌زایی و یا در بیشتر مواقع عدم بیماری‌زایی گزارش‌شده است که با یافته‌های این پژوهش تقریباً منطبق است (۷،۳،۴،۵).

همچنین تجزیه همبستگی بین نژادهای مختلف (جدول ۳) نشان‌دهنده ضریب همبستگی معنی‌دار بین نژادهای +174E158A و +6E150A (۰/۷۰۲) بود که این موضوع بیان‌کننده بیشترین شباهت در داشتن فاکتورهای بیماری‌زایی نسبت به یکدیگر است.

ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به زنگ زرد در مرحله گیاهچه‌ای در شرایط گلخانه

در این پژوهش ارزیابی مقاومت گیاهچه‌ای ژنوتیپ‌های گندم نان از طریق اندازه‌گیری صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش‌ها و تراکم جوشها انجام گرفت و با توجه به نتایج به‌دست‌آمده در بررسی مقاومت ارقام در مرحله گیاهچه‌ای مشخص شد که ۶۷ درصد از مواد دارای تیپ آلودگی حساس ۷–۹، ۲/۷ درصد دارای تیپ آلودگی نیمه‌مقاوم ۳–۶ و ۳۰/۳ درصد دارای تیپ آلودگی مقاوم ۰–۲ در مقیاس McNeal و همکاران (۴۸) بودند (نتایج نشان داده نشده‌اند). تیپ آلودگی برهم‌کنش بین میزبان و عامل بیماری‌زاست که هم می‌تواند برای توصیف مقاومت مورداستفاده قرار گیرد و هم برای شدت بیماری‌زایی عامل بیماری. تیپ آلودگی تحت تأثیر شرایط محیطی، سن میزبان، تراکم اسپور و زمان ارزیابی گیاه قرار می‌گیرد و با کاهش تیپ آلودگی میزان مقاومت افزایش می‌یابد (۶۰).

حدود ۲۰ درصد از ژنوتیپ‌ها دارای اندازه جوش و تراکم جوش صفر نسبت به تمام پنج نژاد بودند. ازنظر صفت تراکم جوش، ژنوتیپ‌های ۸۷، ۱۱۴، ۱۱۴، ۹۸ و ۱۱۵ با داشتن تعداد ۱۰/۸، ۱۳/۶، ۹/۸، ۱۰/۱ و ۹/۳ در یک سانتی‌متر مربع به ترتیب نژادهای ۹۲–۹۸، ۶۳–۹۲، ۱۲–۹۸، ۵۲–۹۸ و ۷۹–۹۸ دارای بالاترین مقادیر این صفت بودند (نتایج نشان داده نشده‌اند). با توجه به آزمایشات انجام‌شده،مشخص شد که با افزایش تعداد جوش‌ها در واحد سطح، اندازه آن‌ها کاهش می‌یابد و با کاهش تعداد جوش‌ها در واحد سطح اندازه آن‌ها افزایش می‌یابد. نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش با یافته‌های بخشی و همکاران (۱۴) مطابقت دارد. همچنین ارقام مقاوم دارای جوش‌های کوچک، تعداد کمتر جوش و اسپور تولیدی کمتر در مقایسه با ارقام حساس داشتند که این نتایج با یافته‌های محمدی و همکاران (۴۹) منطبق است. مقاومت را می‌توان بر اساس مرحله رشد گیاه به دو گروه مقاومت گیاهچه‌ای و مقاومت در مرحله گیاه کامل تقسیم کرد (۵۹). مقاومت مرحله گیاهچه‌ای اغلب به‌صورت اختصاصی بوده و به‌وسیله تک ژن‌ها کنترل می‌شوند و معمولاً مقاومتی ناپایدار محسوب می‌شود (۱۶).

1- Infection type
2- Differential varieties

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

جدول ۱- ژنوتیپ‌های گندم نان موردبررسی در این پژوهش

Table 1. Studied bread wheat genotypes in this research

Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No
Mahdavi	۱۴۸	Bayat	۱۲۷	67880	۱۰۶	72194	۸۵	71352	۶۴	67144	۴۳	Shahriar	۲۲	7335-1	۱
Azar-2	۱۴۹	54866	۱۲۸	Shanghai	۱۰۷	71169	۸۶	DN-11	۶۵	Reijav	۴۴	55891	۲۳	Frontana	۲
71888	۱۵۰	57693	۱۲۹	56702	۱۰۸	54903	۸۷	72392	۶۶	57692	۴۵	Sirvan	۲۴	54471	۳
Khazar-1	۱۵۱	Saison	۱۳۰	72458	۱۰۹	Pishgam	۸۸	Karaj-3	۶۷	74547	۴۶	6218-2	۲۵	71348	۴
Bzostaya	۱۵۲	67751	۱۳۱	72463	۱۱۰	Rashid	۸۹	71025	۶۸	67524	۴۷	Kavir	۲۶	74508	۵
5938-7	۱۵۳	54871	۱۳۲	55234	۱۱۱	54496	۹۰	57745	۶۹	74254	۴۸	67795	۲۷	55600	۶
Morvarid	۱۵۴	55657	۱۳۳	54738	۱۱۲	71353	۹۱	6070-1	۷۰	54676	۴۹	Chamran	۲۸	Toobari	۷
Mugan-3	۱۵۵	57747	۱۳۴	55727	۱۱۳	Shiraz	۹۲	Kaveh	۷۱	Falat	۵۰	71625	۲۹	74495	۸
Maroon	۱۵۶	74680	۱۳۵	Karaj-1	۱۱۴	54729	۹۳	57793	۷۲	Sivand	۵۱	70970	۳۰	Adl-1	۹
Naz	۱۵۷	Dez	۱۳۶	54737	۱۱۵	57242	۹۴	74252	۷۳	71892	۵۲	Shirodi	۳۱	71586	۱۰
Niknezhad	۱۵۸	71929	۱۳۷	Zarrin	۱۱۶	Akbari	۹۵	71221	۷۴	54656	۵۳	Dayhim	۳۲	Aqua	۱۱
71852	۱۵۹	Bisotoun	۱۳۸	71040	۱۱۷	54897	۹۶	74531	۷۵	6267-4	۵۴	55276	۳۳	54724	۱۲
54848	۱۶۰	74256	۱۳۹	Kascogen	۱۱۸	6301-1	۹۷	Azadi	۷۶	55230	۵۵	54641	۳۴	71022	۱۳
73432	۱۶۱	71789	۱۴۰	57730	۱۱۹	74548	۹۸	54756	۷۷	54602	۵۶	54849	۳۵	Foung	۱۴
57240	۱۶۲	6291-1	۱۴۱	67794	۱۲۰	Tajan	۹۹	55542	۷۸	Golestan	۵۷	57247	۳۶	54636	۱۵
54690	۱۶۳	5747-3	۱۴۲	Ofogh	۱۲۱	Pishtaz	۱۰۰	72063	۷۹	Inya	۵۸	74537	۳۷	72118	۱۶
55919	۱۶۴	Verinak	۱۴۳	74193	۱۲۲	55193	۱۰۱	7333-1	۸۰	74198	۵۹	71344	۳۸	5208-3	۱۷
54661	۱۶۵	Hamoon	۱۴۴	71177	۱۲۳	Marvdasht	۱۰۲	71953	۸۱	Sistan	۶۰	55011	۳۹	54569	۱۸
54894	۱۶۶	Arvand	۱۴۵	71916	۱۲۴	Navid	۱۰۳	74214	۸۲	54672	۶۱	Reyhani	۴۰	71371	۱۹
67210	۱۶۷	56757	۱۴۶	74261	۱۲۵	56703	۱۰۴	Sepahan	۸۳	57068	۶۲	57455	۴۱	Darab-1	۲۰
54857	۱۶۸	Atrak	۱۴۷	Qaboos	۱۲۶	67672	۱۰۵	55130	۸۴	72383	۶۳	55659	۴۲	74170	۲۱

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

جدول ۱- ادامه

Table 1. Continued

Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No	Genotype	No
55192	۲۹۵	Toos	۲۷۴	72495	۲۵۳	67769	۲۳۲	71411	۲۱۱	Panjamo	۱۹۰	71913	۱۶۹
55920	۲۹۶	54727	۲۷۵	67881	۲۵۴	71875	۲۳۳	74509	۲۱۲	72729	۱۹۱	Darya	۱۷۰
71179	۲۹۷	57019	۲۷۶	71781	۲۵۵	MV-17	۲۳۴	74564	۲۱۳	Alborz	۱۹۲	Sabalan	۱۷۱
Bolani	۲۹۸	55927	۲۷۷	54502	۲۵۶	55188	۲۳۵	55642	۲۱۴	55596	۱۹۳	67758	۱۷۲
		74356	۲۷۸	5778-5	۲۵۷	74501	۲۳۶	Bam	۲۱۵	74296	۱۹۴	5255-2	۱۷۳
		74540	۲۷۹	1761-2	۲۵۸	56798	۲۳۷	57495	۲۱۶	55256	۱۹۵	71356	۱۷۴
		57057	۲۸۰	Bahar	۲۵۹	70918	۲۳۸	74167	۲۱۷	Alvand	۱۹۶	Arum	۱۷۵
		Shahpasand	۲۸۱	71918	۲۶۰	57017	۲۳۹	54778	۲۱۸	57722	۱۹۷	73422	۱۷۶
		72119	۲۸۲	Zagros	۲۶۱	Karaj-2	۲۴۰	55260	۲۱۹	57463	۱۹۸	55610	۱۷۷
		71907	۲۸۳	54704	۲۶۲	54547	۲۴۱	Aflak	۲۲۰	71739	۱۹۹	71931	۱۷۸
		Parsi	۲۸۴	54670	۲۶۳	71373	۲۴۲	55665	۲۲۱	Shahi	۲۰۰	73433	۱۷۹
		54858	۲۸۵	57746	۲۶۴	67761	۲۴۳	55723	۲۲۲	Arta	۲۰۱	54674	۱۸۰
		57161	۲۸۶	54851	۲۶۵	55795	۲۴۴	Gahar	۲۲۳	Zare	۲۰۲	Karim	۱۸۱
		74139	۲۸۷	Nishapur	۲۶۶	71853	۲۴۵	54613	۲۲۴	71841	۲۰۳	Mihan	۱۸۲
		71351	۲۸۸	55267	۲۶۷	Homa	۲۴۶	6503-2	۲۲۵	72398	۲۰۴	Azar-1	۱۸۳
		55893	۲۸۹	71008	۲۶۸	70927	۲۴۷	70894	۲۲۶	73421	۲۰۵	Darab-2	۱۸۴
		71938	۲۹۰	55508	۲۶۹	71910	۲۴۸	74159	۲۲۷	71582	۲۰۶	Kohdasht	۱۸۵
		67670	۲۹۱	74186	۲۷۰	71020	۲۴۹	74546	۲۲۸	54538	۲۰۷	57733	۱۸۶
		Roshan	۲۹۲	55746	۲۷۱	Mugan-1	۲۵۰	71203	۲۲۹	Dastjerdi	۲۰۸	67883	۱۸۷
		Ohadi	۲۹۳	71007	۲۷۲	70976	۲۵۱	72271	۲۳۰	74544	۲۰۹	70975	۱۸۸
		Mugan-2	۲۹۴	57721	۲۷۳	57460	۲۵۲	Chamran-2	۲۳۱	Qods	۲۱۰	Tak-Ab	۱۸۹

جدول ۲- فرمول بیماری‌زایی (فاکتورهای غیربیماری‌زا/بیماریزا) جدایه‌های زنگ زرد گندم

Table 2. Virulence and avirulence formula of isolates of wheat yellow rust

محل	سال	نژاد	غیربیماری‌زایی/بیماریزایی
کرج	۲۰۱۹	174E158A+	*Yr1,Yr4,Yr5,Yr10,Yr15,Yr17,Yr24,Yr26,Yr27,Yr32,YrSU,YrSP/Yr2,Yr3,Yr6,Yr7,Yr8,Yr9,Yr18,Yr20,Yr21, Yr25,Yr28,Yr29,Yr31,YrSD,YrND,YrA*
ساری	۲۰۱۹	6E150A+	*Yr1,Yr3,Yr4,Yr5,Yr10,Yr15,Yr24,Yr26,Yr27,Yr32,YrSD,YrSU,YrND,YrCV,YrSP/Yr2,Yr6,Yr7,Yr8,Yr9,Yr17,Yr18,Yr20,Yr21,Yr25,Yr28,Yr29,Yr31,YrA*
سرخس	۲۰۱۹	247E235A+,Yr27	*Yr3,Yr5,Yr8,Yr15,Yr24,Yr27/Yr1,Yr2,Yr4,Yr6,Yr7,Yr9,Yr10,Yr17,Yr18,Yr21, Yr25,Yr26,Yr28,Yr29,Yr31,Yr32,YrSD,YrSU,YrND,YrCV,YrSP,YrA*
زرقان	۲۰۱۹	103E16A+, Yr27	*Yr3,Yr4,Yr5,Yr10,Yr15,Yr24,YrND,YrCV,YrSP/Yr1,Yr2,Yr6,Yr7,Yr8,Yr9,Yr17,Yr18,Yr20,Yr21,Yr25,Yr26,Yr27,Yr28,Yr29,Yr31,YrA*
مغان	۲۰۱۹	77E78A+	*Yr4,Yr5,Yr7,Yr8,Yr10,Yr15,Yr24,Yr26,Yr27,YrSD,YrCV/Yr1,Yr2,Yr3,Yr6,Yr7,Yr9,Yr17,Yr18,Yr21,Yr25,Yr28,Yr29,Yr31,Yr32,YrSU,YrND,YrSP,YrA*

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

جدول ۳- ضریب همبستگی نژادهای مختلف زنگ زرد گندم

Table 3. Correlation coefficients between different races of yellow rust

نژادها	6E150A+	174E158A+	103E16A+, Yr27	77E78A+
247E235A+,Yr27	-۰/۱۶۳	-۰/۱۵۳	۰/۱۵۴	۰/۰۱۵
6E150A+	۱	۰/۷۰۲**	۰/۲۷۴	۰/۲۷۸
174E158A+		۱	۰/۲۲۰	۰/۲۳۲
103E16A+, Yr27			۱	۰/۲۲۰
77E78A+				۱

* و **: به ترتیب معنی‌دار و بسیار معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪

واکنش ژنوتیپ‌های موردمطالعه نسبت به نژادهای استفاده‌شده غیریکنواخت بود که بیانگر وجود پدیده برگشت غالبیت[1] می‌باشد. ازآنجایی‌که برای برخی از ژنوتیپ‌های موردمطالعه ژن‌های مقاومت شناسایی نشده‌اند لذا تغییر در نحوه پاسخ ژنوتیپ‌های موردمطالعه نسبت به نژادهای مختلف می‌تواند دلیلی بر وجود اثرمتقابل بین ژن‌های مقاومت ژنوتیپ‌های موردمطالعه با ژن‌های بیماری‌زایی مورداستفاده باشد. محققین دیگری گزارشی را برای وجود پدیده برگشت غالبیت در زنگ زرد وقتی‌که از نژادهای مختلف زنگ زرد استفاده کرده‌اند ارائه نمودند. آن‌ها اظهار داشتند که عوامل محیطی مثل نور و درجه حرارت می‌توانند بر روی بیان مقاومت مؤثر باشند. اما این عوامل نمی‌توانستند روی نتایج آزمایش حاضر مؤثر باشند زیرا این آزمایش‌ها برای هر پاتوتیپ معین به‌صورت جداگانه و در شرایط کنترل‌شده و کاملاً مشابه با سایر نژادها انجام شد، بنابراین پدیده برگشت غالبیت می‌بایستی ناشی از اثرمتقابل ژن‌های مقاومت و بیماری‌زایی باشد (۳۱،۲۸). نتایج حاضر در توافق با یافته‌های دهقانی (۲۸) و قنادها و همکاران (۳۱) است.

تجزیه واریانس ساده داده‌ها بر اساس تأثیر جدایه‌ها بر روی ژنوتیپ‌های گندم موردمطالعه

نتایج تجزیه واریانس ساده (جدول ۴) نشان داد که اختلاف بسیار معنی‌داری بین واکنش ژنوتیپ‌ها نسبت به صفات مورد بررسی برای هر پنج نژاد بیماری وجود دارد که این امر نشان‌دهنده تفاوت و تنوع ژنتیکی در میان ژنوتیپ‌های گندم نان موردمطالعه و همچنین واکنش متفاوت آن‌ها در مقابل عوامل بیماری ازلحاظ تمام صفات موردبررسی می‌باشد. نتایج به‌دست‌آمده مطابق با نتایج پرنمازه و همکاران (۵۶) و نگوسی و پرتوریس (۵۰) بود. این نتایج نشان‌دهنده تفاوت‌های ژنتیکی بین ژنوتیپ‌ها و واکنش متفاوت آن‌ها در مقابل عوامل بیماری ازلحاظ تمام صفات است.

تجزیه واریانس مرکب

برای درک بهتر از نحوه واکنش ژنوتیپ‌های گندم نان موردمطالعه در این پژوهش تحت پنج نژاد زنگ زرد، تجزیه واریانس مرکب بر روی داده‌های به‌دست‌آمده انجام شد. نتایج حاصل از این بررسی (جدول ۵) نشان‌دهنده اختلاف بسیار معنی‌دار در صفت تیپ آلودگی برای تمام منابع تغییرات بود. اما صفات اندازه جوش و تراکم جوش ازلحاظ نژاد و اثرمتقابل ژنوتیپ و نژاد اختلاف معنی‌داری نشان ندادند ولی برای بقیه منابع تغییر دارای اختلاف معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد بودند. این یافته‌ها با نتایج دولتخواه اجیرلو و همکاران (۲۸) مبنی بر وجود اختلاف معنی‌دار بین لاین‌های موردبررسی مطابقت داشت. بر اساس میانگین‌ها و مشاهدات انجام‌گرفته روی تمام ژنوتیپ‌های گندم نان مورد مطالعه در این آزمایش ارتباط نزدیکی بین اندازه جوش، تراکم جوش و تیپ آلودگی مشاهده گردید بدین‌صورت که ژنوتیپ‌های دارای مقاومت ۰-۲ اغلب فاقد جوش بودند و یا اینکه جوش‌های کمی با اندازه کوچک داشتند. این مشاهدات منطبق بر یافته‌های دولتخواه اجیرلو و همکاران (۲۸) بود. براساس تجزیه همبستگی بین اجزای بیماری (جدول ۳) نیز تائید گردید. تنوع برای صفت تیپ آلودگی توسط بوررز (۱۷)، ما و همکاران (۲۳) و چن و لین (۴۳) نیز گزارش شده است.

همبستگی بین صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش

بررسی همبستگی صفات نشان داد که بین صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش همبستگی معنی‌دار و مثبتی در سطح احتمال یک درصد وجود دارد (جدول ۶) که تأییدکننده نتایج قبل است. ضرایب همبستگی نشان‌دهنده رابطه بین صفات است، بنابراین انتظار می‌رود که هرجایی که تیپ آلودگی بالاتر باشد ژنوتیپ نیز دارای اندازه بزرگ‌تر و تراکم جوش بیشتری باشد. مطالعات انجام‌شده نیز نشان می‌دهد که تیپ آلودگی بالا در بیشتر مواقع با اندازه جوش و تراکم جوش زیاد رابطه مستقیم و مثبت دارد (۱۲، ۱۴، ۲۸، ۵۳ و ۵۵). همچنین ارتباط مستقیم و مثبت بین دو صفت اندازه جوش و تراکم جوش در شرایط آلودگی با هر پنج نژاد بیمارگر مورد مطالعه مشاهده شد که با یافته‌های زهراوی و همکاران (۸۱) مطابقت داشت. نتایج همبستگی بین اجزای مقاومت توسط سایر پژوهشگران نیز انجام‌شده است و نتیجه حاصل از این تحقیق در تطابق با نتایج محمدی و همکاران (۴۹) و سعیدی و همکاران (۶۲) می‌باشد.

1- Reversal dominance

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

جدول ۴- تجزیه واریانس صفات تیپ آلودگی، تراکم جوش و اندازه جوش ژنوتیپ‌های گندم نان نسبت به نژادهای زنگ زرد

Table 4. Analysis of variance for infection type, pustule density and pustule size indices of bread wheat genotypes to yellow rust races

منبع تغییرات		ژنوتیپ	خطا	ضریب تغییرات
	درجه آزادی	۲۹۶	۲۹۷	
نژاد ۱۲-۹۸	MS_{IT}	۱۹/۳۴۹**	۰/۰۸۷	۵/۶۱
	MS_{PS}	۲۱۹۴۰۳۰/۴**	۳۶۲۶۱۷/۸	۸/۸۸
	MS_{PD}	۱۷/۵۷۸**	۰/۹۶۶	۱۸/۳۳
نژاد ۵۲-۹۸	MS_{IT}	۲۲/۵۰۱**	۰/۲۰۰	۷/۸۲
	MS_{PS}	۱۶۲۷۶۱۵۴**	۴۱۴۳۳۱۴	۱۱/۶۹
	MS_{PD}	۲۱/۲۶۰**	۰/۵۴۴	۱۳/۷۶
نژاد ۶۳-۹۸	MS_{IT}	۲۳/۴۳۷**	۰/۰۹۲	۵/۶۱
	MS_{PS}	۲۸۱۸۰۴۳**	۳۸۱۹۴۶/۶	۹/۰۵
	MS_{PD}	۲۵/۳۲۷**	۰/۵۲۲	۱۳/۶۳
نژاد ۷۹-۹۸	MS_{IT}	۲۲/۵۷۶**	۰/۰۶۲	۴/۲۸
	MS_{PS}	۳۰۷۳۸۷۵/۷**	۵۰۰۰۵۹	۹/۳۳
	MS_{PD}	۱۹/۵۸۶**	۰/۵۸۰	۱۴/۹۵
نژاد ۹۲-۹۸	MS_{IT}	۲۰/۱۶۸**	۰/۱۲۲	۶/۴۹
	MS_{PS}	۳۸۶۰۸۷۳**	۱۲۰۶۹۴۸	۱۲/۲۸
	MS_{PD}	۲۴/۹۱۶**	۰/۹۹۰	۲۲/۵۴

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪، MS_{IT}، میانگین مربع تیپ آلودگی؛ MS_{PS}، میانگین مربع اندازه جوش و MS_{PD}، میانگین مربع تراکم جوش.

جدول ۵- تجزیه واریانس مرکب صفات تیپ آلودگی، تراکم جوش و اندازه جوش ژنوتیپ‌های گندم نان نسبت به پنج نژاد زنگ زرد

Table 5. Compound variance analysis of infection type, pustule density and pustule size indices of bread wheat genotypes to five yellow rust races

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		تیپ آلودگی	اندازه جوش	تراکم جوش
نژاد	۴	۲/۸۷۴**	۶۸۵۴۵۷۴۵۱**	۹۵/۲۳
تکرار در سال (خطای اول)	۵	۰/۰۱۵**	۹۸۳۷۸۴۲*	۱۰۰/۳۲**
ژنوتیپ	۲۹۶	۶/۵۷۸**	۶۷۹۱۸۹۶**	۳۴/۵۲**
ژنوتیپ ×نژاد	۱۱۸۴	۰/۴۷۴**	۲۳۴۳۵۸۶	۴/۹۷
خطای کل	۱۴۸۰	۰/۰۰۵**	۳۷۰۲۹۷۶**	۱۱/۲۵**
کل	۲۹۶۹			
ضریب تغییرات		۳/۰۶	۱/۳۰	۶/۵۷

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

جدول ۶- ضریب همبستگی بین صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش ژنوتیپ‌های گندم‌های نان به نژادهای زنگ زرد
Table 6. Correlation coefficient between infection type, pustule size and pustule density indices of bread wheat genotypes to yellow rust races

نژاد	۹۸-۱۲			نژاد	۹۸-۵۲		
صفت	IT	PS	PD	صفت	IT	PS	PD
IT	۱	۰/۷۷۹**	۰/۹۱۳**	IT	۱	۰/۷۰۸**	۰/۷۷۰**
PS		۱	۰/۷۷۴**	PS		۱	۰/۸۱۲**
PD			۱	PD			۱
نژاد	۹۸-۶۳			نژاد	۹۸-۷۹		
صفت	IT	PS	PD	صفت	IT	PS	PD
IT	۱	۰/۷۱۴**	۰/۸۸۰**	IT	۱	۰/۷۹۳**	۰/۸۸۲**
PS		۱	۰/۷۷۸**	PS		۱	۰/۸۴۵**
PD			۱	PD			۱
نژاد	۹۸-۹۲						
صفت	IT	PS	PD				
IT	۱	۰/۵۰۷**	۰/۶۸۳**				
PS		۱	۰/۷۱۲**				
PD			۱				

* و **: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪ و ۵٪، IT ، تیپ آلودگی؛ PS، اندازه جوش و PD، تراکم جوش

تجزیه خوشه‌ای واکنش ژنوتیپ‌های گندم نان نسبت به نژادهای زنگ زرد موردمطالعه

به‌منظور اندازه‌گیری و تعیین فواصل ژنتیکی، خویشاوندی یا عدم خویشاوندی و نیز الگوپذیری تنوع ژنتیکی در اجزای مقاومت به زنگ زرد از روش دسته‌بندی خوشه‌ای با استفاده از روش وارد براساس میانگین استاندارد صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش (شکل ۲) استفاده شد که در این آزمایش ژنوتیپ های گندم مورد آزمایش بر اساس سه صفت موردمطالعه در سه گروه اصلی مقاوم، حساس و نیمه مقاوم یا نیمه حساس قرار گرفتند.

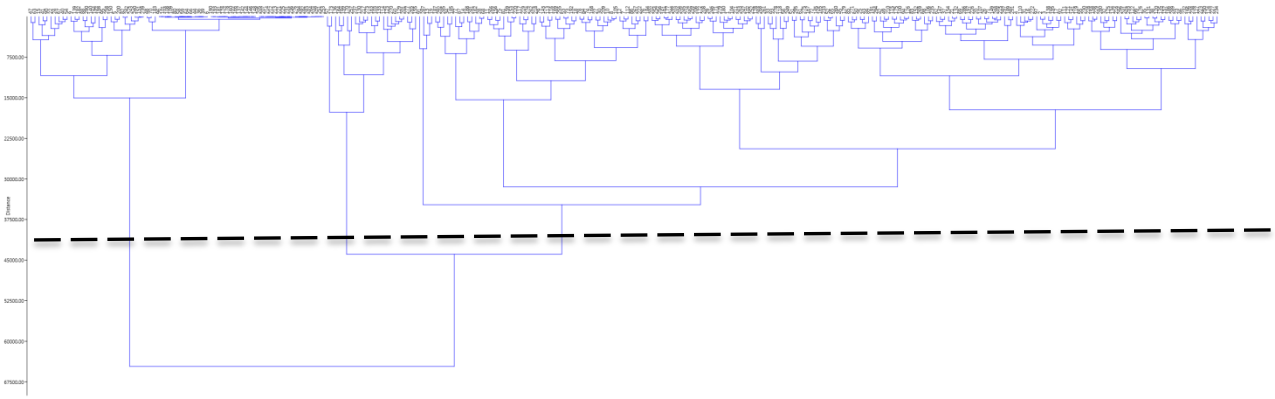
بر اساس ماتریس فاصله (یا شباهت) به‌دست‌آمده از تجزیه کلاستر: در خوشه اول تعداد ۷۴ ژنوتیپ که دارای واکنش مقاومت کامل (تیپ آلودگی ۰-۲) نسبت به هر پنج نژاد زنگ زرد گندم مور مطالعه بودند در یک گروه مجزا قرار گرفتند. در این گروه که شامل ژنوتیپ‌های مقاوم به زنگ زرد بود، صفات اندازه جوش و تراکم جوش همبستگی نزدیکی با صفت تیپ آلودگی داشت. این گروه از لحاظ میانگین تیپ آلودگی دارای پایین مقدار در میان دیگر ژنوتیپ‌های مورد بررسی بودند. در این گروه ۳۶ ژنوتیپ نسبت به تمام پنج نژاد دارای مصونیت بودند که به مفهوم وجود تمام فاکتورهای مقاومت در آن‌ها است.

همچنین در خوشه دوم ۲۳ ژنوتیپ در گروه جداگانه‌ای قرار گرفتند که به آن نیمه مقاوم یا نیمه حساس اطلاق شد. این خوشه ازلحاظ تیپ آلودگی بین ۲-۶ قرار دارد. بیشتر محققان در یافته های خود این گروه را به‌صورت خوشه‌ای بزرگ دسته‌بندی می‌کنند اما در ذیل آن اشاره دارند که این خوشه را می‌توان براساس صفت تیپ آلودگی و دوره کمون به دو زیر خوشه جداگانه تقسیم‌بندی کرد (۵۴)، که با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از صفات بررسی‌شده در این تحقیق تصمیم بر این گرفته شد که این گروه به‌صورت مجزا دسته‌بندی شود که مطابق با یافته‌های دیگر محققان نبود. ژنوتیپ‌های گروه‌بندی‌شده در این خوشه دارای حساسیت متوسط یا مقاومت جزئی نسبت به پاتوتیپ‌ها هستند و بنا به اینکه در شرایط حد واسط قرار دارند می‌توان آن‌ها را برای شکستن مقاومت یا داشتن‌های ژن‌های مقاومت جدید حائز اهمیت دانست. روی‌هم‌رفته این دو گروه به‌خوبی گروه‌های مجزایی را در تجزیه خوشه‌ای به خود اختصاص دادند و ژنوتیپ‌های این خوشه‌ها در برابر نژادها مقاومت نسبی داشتند. این نوع مقاومت را به وجود ژن‌های کوچک اثر که سبب مقاومت غیراختصاصی در برابر نژادهای مختلف بیمارگر و یا به وجود آمدن ژن‌های اختصاصی که تظاهر مقاومت آن‌ها ماهیتاً در همین محدوده می‌باشد نسبت می‌دهند.

بقیه ژنوتیپ‌ها (۲۰۰ ژنوتیپ) که دارای واکنش حساسیت به تمام نژادهای موردمطالعه بودند گروه اصلی، بزرگ و جداگانه‌ای را در خوشه سوم تشکیل دادند. میانگین این گروه از ژنوتیپ ها دارای تیپ آلودگی ۷-۹ و اندازه جوش و تراکم جوش به ترتیب بیشتر از ۲/۹ میلی متر و ۶/۴ عدد در سانتیمتر مربع بود. در مقایسه با نتایج به‌دست‌آمده با نتایج بررسی‌های گذشته مشخص شد که تعداد زیادی از ژنوتیپ‌های حساس درگذشته مقاوم بوده‌اند. به‌عبارت‌دیگر نژادهای مورد آزمایش بر روی ژنوتیپ‌های بیشتری بیماری‌زا شده‌اند (۳). بنابراین مقاومت سایر ژنوتیپ‌ها ممکن است در سال‌های آینده با حضور نژادهای جدید شکسته شود و پایدار نماند، هرچند مقاومت کامل و بدون آلودگی مدنظر نیست و مقاومت نسبی مورد انتظار است.

ردیابی پیوسته نژادها و پیگیری تغییرات آن در کل مناطق و نیز در کنار هم قرار دادن نتایج بررسی‌های گذشته کمک خواهد کرد که بالا رفتن جمعیت یک نژاد (چه این نژاد جدید باشد و چه از نژادهای قدیمی که به دلیل انتقال ژن مقاومت به ارقام، جمعیت آن کاهش‌یافته و اکنون با مناسب شدن شرایط دوباره جمعیت آن نژاد افزایش‌یافته باشد) منجر به ایجاد خسارت نگردد و مدیریت مناسبی مبتنی بر پیشگیری اتخاذ گردد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم نان بر اساس صفات تیپ آلودگی، اندازه جوش و تراکم جوش نسبت به نژادهای زنگ زرد بر اساس روش Ward

Figure 2. Cluster analysis of bread wheat genotypes based on infection type, pustule size and pustule density to yellow rust races using Ward method

درمجموع نتایج، ژنوتیپ های شماره ۶، ۳۶، ۳۹، ۴۴، ۵۸، ۵۹، ۶۸، ۸۰، ۸۸، ۹۶، ۱۰۱، ۱۳۷، ۱۴۲، ۱۴۶، ۱۴۸، ۱۶۶، ۱۷۴، ۱۷۸، ۱۹۰، ۲۰۷، ۲۱۲، ۲۱۳، ۲۱۴، ۲۲۱، ۲۲۵، ۲۳۱، ۲۳۶، ۲۴۰، ۲۴۸، ۲۵۱، ۲۵۳، ۲۶۴، ۲۷۶، ۲۸۳ و ۲۸۴ باوجود شرایط مساعد جهت ظهور و فعالیت قارچ عامل بیماری دارای مقاومت به تمام پنج نژاد مورد آزمایش و فاقد اسپورزایی بر روی برگ‌های خود بودند. پراکنش جغرافیایی این ژنوتیپ‌ها نشان داد که بیشتر آن‌ها از مناطق غربی کشور جمع‌آوری شده‌اند و عموماً متعلق به استان‌های آذربایجان‌شرقی، آذربایجان‌غربی، کرمانشاه، کردستان، گیلان، زنجان، قزوین، همدان و ایلام هستند. همچنین در بین این ژنوتیپ‌ها ارقامی نظیر PARSI، KARAJ2، CHAMRAN2، PANJAMO62، MAHDAVI، PISHGAM، INIA66 و RIJAW وجود داشت. این مقاومت می‌تواند بیانگر حداقل یک ژن مقاومت مرحله گیاهچه‌ای در این ژنوتیپ‌ها باشد که نژادهای مختلف نسبت به آن پرآزاری ندارند. با توجه به مشابهت نتایج با مطالعات پیشین، می‌توان از چنین ارقامی که دارای ژن یا ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای هستند به‌عنوان منابع مقاومت نسبت به نژادهای موردبحث در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد (۵۴). مطالعات انجام‌شده در مناطق کشت گندم دنیا نشان می‌دهد که مقاومت‌های بالا علیه نژادهای مختلف توسط ژن‌هایی اعطا می‌شود که یا تاکنون تعیین خصوصیت نشده‌اند و یا تعداد زیادی از آن‌ها فقط در مرحله گیاه بالغ تظاهر می‌یابند (۳۶). ژن‌های مقاومت تدریجی برعکس تک ژن‌های مقاومت نژاد اختصاصی باعث ایجاد مقاومت در یک دوره زمانی طولانی در محیط‌های مختلف و در مقابل نژادهای متنوع قارچ زنگ می‌شوند (۶۷ و ۶۹). اگرچه ژن‌های مقاومت در مرحله گیاه کامل به‌عنوان ژن‌های اختصاصی بسیار مؤثر و خوب عمل می‌کنند اما اصلاح نباتات به سمتی پیش می‌رود که حضور ژن‌های غیراختصاصی را به دلیل دوام بیشتر در کنار ژن‌های مقاومت مرحله گیاهچه‌ای مورد استفاده قرار دهد. از اینرو اهمیت انجام تحقیق بر روی نژادهای مناطق مختلف ایران که دارای دامنه مقاومتی از زیاد تا کم نسبت به ژنوتیپ‌های مختلف گندم کشت‌شده در ایران است را نشان می‌دهد.

از آنجایی‌که استفاده از ارقام مقاوم را می‌توان کم‌هزینه‌ترین، مؤثرترین و سازگارترین روش با محیط‌زیست دانست (۴۱)، این پژوهش برای ارزیابی کلکسیونی از ژنوتیپ های گندم نان تحت آلودگی مصنوعی با پنج نژاد از نژادهای رایج در ایران انجام گرفت. در نهایت با مشاهده نتایج مشخص گردید تعدادی از ژنوتیپ‌های موردبررسی دارای ژن‌های مقاومت در برابر تمام نژادهای انتخاب‌شده است. با وارد کردن این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی می‌توان به ارقام مقاوم به نژادهای مورد مطالعه زنگ زرد دست یافت. در سال ۲۰۰۹ تا ۲۰۱۱ در پژوهشی که در کشور ترکیه نسبت به ۵۴ ایزوله زنگ زرد جداسازی شده از مناطق مختلف این کشور روی چندین ژن *Yr5* و *Yr15* مقاومت صورت گرفت، مشخص شد گیاهان حامل ژن‌های دیگر نسبت به ۴۰ ایزوله مورد آزمایش حساسیت با درجات مختلف داشته‌اند و یکی از حساس‌ترین ژن‌های مورد آزمایش بوده است (۶۴ و ۶۵).

نتیجه‌گیری

در تمامی ژنوتیپ‌هایی که مورد بررسی قرار گرفت تعداد قابل‌توجهی از آن‌ها دارای تیپ آلودگی مطلوب به پنج نژاد مورد ارزیابی وجود داشت که با آزمایشات بیشتر مشخص خواهد شد که چه ژن‌های مقاومتی را حمل می‌کنند. استفاده از ارقام با تعداد ژن‌های مقاومت بیشتر می‌تواند در ایجاد مقاومتی پایدار بسیار کارآمد باشد. همچنین هرم سازی ژن‌ها با استفاده از ژن‌های دخیل در ایجاد مقاومت که مقاومت در مرحله گیاه کامل را باعث می‌شوند همراه با ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای می‌توانند

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]
[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

برای مبارزه با خسارات بیماری زنگ زرد مؤثر باشند. استفاده از جدایه‌های مختلف یک پاتوتیپ در ارزیابی مقاومت ارقام و لاین‌های گندم در شرایط کنترل‌شده و در مرحله گیاهچه‌ای می‌تواند تا حدودی به تشخیص صفت مقاومت در ارقام و لاین‌های پیشرفته منجر گردد و ارزیابی مزرعه‌ای تکمیل‌کننده این امر می‌باشد. به‌هرحال، این ارزیابی در تمام کشورهایی که دارای پیشینه قدیمی ازلحاظ خاستگاه گیاهان مختلف زراعی به شمار می‌آیند می‌تواند در برنامه‌های کلاسیک اصلاح نباتات جهت تسریع رهاسازی ارقام جدید به کار رود زیرا در این کشورها ایجاد سریع ارقام مقاوم به بیماری و همچنین افزایش تولید گندم ضروری است.

تشکر و قدردانی

نویسندگان از کارکنان پاتولوژی بخش غلات، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج به‌ویژه آقای کبیری و سرکار خانم بیات به خاطر همکاری در تأمین امکانات اجرایی این مطالعه و مساعدت و کمک فراوان کمال سپاس و تقدیر را دارند.

منابع

1. Afshari, F. 2008. Prevalent pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Iran. Journal of Agricultural Science and Technology, 10: 67-78.
2. Afshari, F. 2013b. Race analysis of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Iran. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 46: 1785-1796.
3. Afshari, F. 2011. Identification of virulence factors of *Puccinia triticina*, the Causal Agent of Wheat Leaf Rust in Iran by Trap Nursery, 2007-10. Technical Registered, No: 90/323.
4. Afshari, F. 2011. Status of wheat stripe rust disease in Iran during 2009-2010. In: International wheat stripe rust symposium; April. Aleppo, Syria: ICARDA, 18-21.
5. Afshari, F. 2013. Race analysis of *Puccinia striiformis* f.sp. *Tritici* in Iran. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 46: 1785-1796.
6. Afshari, F., K. Nazari and S. Ebrahimnejad. 2010. Identification of sources of resistance to stripe (yellow) rust in Iranian landraces of wheat. Proceedings of the 8th International Wheat Conference, 30 May-4 June. St. Petersburg, Russia.
7. Afshari, F., K. Nazari and S.H. Abrahimnejad. 2010. Identification of sources of resistance to stripe (yellow) rust in Iranian land races of wheat, 8th International wheat conference, St. Petersburg, Russia, 220 pp.
8. Agrios, G.N. 2005. Plant Pathology. 5th edition. Academic Press, San Diego, USA. 332 pp.
9. Aiyong, Q.I., L.I. Xing, S.H.I. Lingzhi, L.L.U. Daqun and L.I. Zaifeng. 2015. Identification of a Leaf Rust Resistance Gene in the Chinese Wheat Line LB0288. Czech J. Genet. Plant Breed, 51(2): 43-49.
10. Allahgholipour, M., E. Farshadfar and B. Rabiei. 2015. Morphological and physico-chemical diversity in different rice cultivars by factor and cluster analysis. Cereal Research, 4(4): 293-307 (In Persian).
11. Allen, R.G., L.S. Pereira, D. Raes and M. Smith. 1998. Crop EvapotranspirationGuidelines for Computing Crop Water Requirements. Irrigation and Drainage, Rome, Italy, 300 pp.
12. Azimi Kargar, A., F. Afshari, M. Khodarahmi and B. Kaviani. 2012. Evaluation of resistance of some wheat commercial cultivars and elite lines to four pathotypes of *Puccinia striformiss* f.sp. *Tritici*. European Journal of Experimental Biology, 2: 1474-1485.
13. Badoni S, R. Chaudhary, R. Shekhar, S. Badoni, E. Ahmad, R.P. Gangwar, K.N. Tiwari, R.S. Rawat and J.P. Jaiswal. 2017. Unveilingsources of stripe rust resistance in diverse wheat (*Triticum Aestivum* L.) germplasm using narrow down methodology: a proof of concept. Journal of Crop Science and Biotechnology, 20: 393-403.
14. Bakhshi, T., B. Kaviani, R. Bozorgipour, F. Afshari and F. Bakhtyar. 2013. Reaction of some wheat doubled haploid lines to yellow rustdisease. Iranian Plant Echophysiological Research (Plant Science Research) 8(Spesial issue): 80-88 (In Persian).
15. Bakhshi, T., R. Bozorgipour, F. Afshari and B. Kaviani. 2012. Evaluation of resistance of some wheat doubled haploid lines to virulence pathotype, the causal agent of wheat leaf rust. European Journal of Experimental Biology, 2: 1486-1491.
16. Boukhatem, N., P.V. Baret, D. Mingeot and J.M. Jacquemin. 2002. Quantitative trait loci for resistance against yellow rust in two wheat-derived recombinant inbred line populations. Theor Appl Genet, 104: 111-118.
17. Broers, L.H.M. 1997. Components of quantitive resistance to yallow rust in ten spring bread wheat cultivars and their relation with field assessments. Euphytica, 96: 215-23.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

18. Bux, H.M., X.M. Ashraf, A.S. Chen and A. Mumtaz. 2011. Effective genes for resistance to stripe rust and virulence of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Pakistan. African Journal of Biotechnology, 10: 5489-5495.
19. Bux, H., M. Ashraf, F. Hussain, A.U.R. Rattu and M. Fayyaz. 2012. Characterization of wheat germplasm for stripe rust (*Puccini striiformis* f. sp.*tritici*) resistance. Australian Journal of Crop Science, 6: 116 pp.
20. Chelkowski, J. and L. Stepien. 2001. Molecular markers for leaf rust resistance genes in wheat. Journal of Applied Genetics, 42(2): 117-126.
21. Chen, X.M. 2005. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat. Canadian Journal of Plant Pathology, 27: 314-337.
22. Chen, SS., G.Y. Chen, C. Yang, Y.M. Wei, W.X. Wu, Y.J. He, Y.X. Liu, W. Li, Z.E. Pu, X.J. Lan and Y.L. Zheng. 2013. Identification and apping of a stripe rust resistance gene in spring wheat germplasm HRMSN- 81 from CIMMYT. Crop and Pasture Science, 64: 1-8.
23. Chen, X.M. and R.F. Line. 1992. Inheritance of stripe rust resistance genes in wheat genotypes used to differentiate race of *Puccinia striiformis* in North America. Phytopathology, 82: 633-637.
24. Dadrezaei, S.T., F. Afshari and M. Patpour. 2015. Evaluation of Phenotypic Resistance to Rusts in some Iranian Wheat Genotypes in Greenhouse and Field Conditions. Seed and Plant Improvement Journal, 31: 531-546 (In Persian).
25. Dadrezaei, S.R., A. Jafarnezhad, I. Lakzadeh, F. Afshari, Z. Hassan Bayat and N. Tabatabai. 2018. Evaluation of tolerance to yellow rust disease in some selected bread wheat cultivars. Seed and Plant Improvement Journal, 32-1: 125-142 (In Persian).
26. De Vallavieille-Pope, C., S. Ali, M. Leconte, J. Enjalbert, J.M. Delos and Rouze. 2012. Virulence dynamics and regional structuring of *Puccinia striformis* f. sp. *tritici* in France between 1984 and 2009. Plant Disease, 96: 131-140.
27. Dehghani, H., M. Moghaddam, M.R. Ghannadha, M. Valizadeh and M. Torabi. 2002. Inheritance of the latent period of stripe rust in wheat. Journal of Genetics and Breeding, 56: 155-163.
28. Dolatkhah Ajirlou, T., M. Torabi and S.A. Safavi. 2016. Evaluation of resistance components in some promising wheat lines of cold climate zone to yellow rust disease in field condition in Ardabil, Iran. Seed and Plant Improvement Journal, Vol 3, 347-367.
29. Farji, S., A. Ashraf Mehrabi. And S. Hakinia. 2019. Classification of New Wheat Ringtones Variety Cultivaras Based on Agro-Morphological Traits in Ilam Climatic Conditions. Journal of Crop Breeding, 12(33): 86-101 (In Persian).
30. Ghannadha, M.R., I.I. Gordon and M.G. Cromey. 1995. Diallel analysis of the latent period of stripe rust in wheat. Theoretical and Applied Genetics, 90: 471-476.
31. Han, D., Q. Wang, L. Zhang, G. Wei, Q. Zeng, J. Zhao, X. Wang, L. Huang and Z. Kang. 2010. Evaluation of resistance of current wheat cultivars to stripe rust in Northwest China, North China and the Middle and Lower Reaches of Changjiang River epidemic area. Scientia Agricultura Sinica, 43: 2889-2896.
32. Hovmøller, M., S. Walter, R. Bayles, A. Hubbard, K. Flath, N. Sommerfeldt, M. Leconte, P. Czembor, J. Rodriguez-Algaba and T. Thach. 2016. Replacement of the European wheat yellow rust population by new races from the center of diversity in the near Himalayan region. Plant Pathology, 65(3): 402-411.
33. Hovmøller, M.S., C.K. Sørense, S. Walter and A.F. Justesen. 2011. Diversity of *Puccinia striiformis on* Cereals and Grasses. Annual Review of Phytopathology, 49: 197-217.
34. Johnson, R., R.W. Stubbs, E. Fuchs, and N.H. Chamberlain. 1972. Nomenclature for physiologic races of *Puccinia striiformis* infecting wheat. Transactions of the British Mycological Society, 58: 475-480.
35. Keshavarz, K. and M. Torabi. 1998. Resistance of recommended wheat cultivars to yellow rust in the Kohgilooye and Boyerahmad province (Iran). Proceedings of the 13th Iranian Plant Protection Congress, 23-27 Aug., Karaj, Iran. (In Persian).
36. Khanna, R., U.K. Bansal, and R.G. Saini. 2005. Genetic of durable resistance to leaf rust and stripe rust of an Indian wheat cultivar HD2009. Journal of Applied Genetics, 46: 259-263.
37. Khiavi, H.K., A.A. Mirak, M. Akrami and H. Khoshvaghtei. 2017. Evaluation of different wheat Genotypes reaction to stripe rust (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*) under field conditions in Ardabil province. J Plant Pathol Microbiol, 8: 426.
38. Kokhmetova, A., R.C. Sharma, S. Rsaliyev, K. Galymbek, K. Baymagambetova, Z. Ziyaev, A. Morgounov. 2018. Evaluation of Central Asian wheat germplasm for stripe rust resistance. Plant Genetic Resources, 16: 178-184.
39. Kumar, K., M.D. Holtz, K. Xi and T.K. Turkington. 2012. Virulence of *Puccinia striiformis* on whaet and barley in central Alberta. Canadian Journal of Plant Pathology, 34: 551-561.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

40. Lan, C., G.M. Rosewarne, P.P. Singh, S.A. Herrer-Foessel, J. Huerta-Espino, B.R. Basnet, Y. Zhang and E. Yang. 2014. QTL characterization of resistance to leaf rust and stripe rust in the spring wheat line Francolin 1. Molecular Breeding, 34: 789-803.
41. Line, R.F. and X. Chen. 1995. Successes in breeding for and managing durable resistance to wheat rusts. Plant Disease, 79: 1254-1255.
42. Line, R.F. and X.M. Chen. 2007. Genetics and molecular mapping of genes for race-specific all-stage resistance and non-race-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar. Theoretical and Applied Genetics, 114: 1277-1287.
43. Ma, H., R.P. Singh and O. Abdalla. 1997. Resistance to strip rust in five durum wheat cultivars. Plant Disease, 81: 27-30.
44. McIntosh, R.A., C.R. Wellings and R.F. Park. 1995. *Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes*. CSIRO, Australia, 200 pp.
45. McIntosh, R.A., J. Dubcovsky, W.J. Rogers, C.F. Morris, R. Appels and X.C Xia. 2010. *Catalogue of gene symbols*. KUMUGI integrated Wheat Science Database. Avaiable from: http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/symbolClassList.jsp.
46. McIntosh, R.A. and G.N. Brown. 1997. Anticipatory breeding for resistance to rust diseases in wheat. Annual Review of Phytopathology, 35: 311-326.
47. McIntosh, R.A., J. Dubcovsky, W.J. Rogers, Morris, R. Appels and X.C. Xia. 2013. *Catalogue of gene symbols for wheat*. http://www.maswheat.ucdavis/edu/CGSW/ 2013-2014 supplement.
48. McNeal, F.H., C.F. Konzak, E.P. Smith, W.S. Tate and T.S. Russell. 1971. A uniform system for recording and processing cereal research data. United State Department of Agricultural Research Services, pp: 34-121.
49. Mohammadi Moeini, M., M. Torabi, A. Saeidi and H. Dehghani. 2006. Study of double haploid lines of mother plants in terms of yellow rust resistance (*Puccinina striiformis* West.) in hexaploid wheat.
50. Nazari, K., M. Torabi, M. Hasanpour, A. Kashani, R. Hooshyar and M.S. Ahmadian. 2000. Evaluation of resistance of rainfed cultivars and advanced lines of wheat to yellow rust in seedling and mature plant stage. Seed Plant, 16(2): 252-263 (In Persian).
51. Negussie, T. and Z.A. Pretorius. 2005. A settling tower for quantitative deposition of urediniospores of *Uromyces viciae-fabae*. South African Journal of Plant Soil, 22: 141-144.
52. Omrani, A., M. Khodarahmi and F. Afshari. 2016. Differentiation of disease factors in five virulence races of yellow wheat rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) and in terms of resistance to other cases. Journal of Crop Breeding, 9(24): 50-60 (In Persian).
53. Omrani, A., M. Khodarahmi and F. Afshari. 2010. Investigation of commercial wheat cultivars resistance to yellow rust disease against several isolates (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) from different regions of Iran. Journal of Agronomy and Plant Breeding, (7): 55-68.
54. Omrani, A., M. Khodarahmi and F. Afshari. 2013. Genetics study of resistance to yellow rust in CIMMYT origin wheat advanced lines at seedling and adult plant stages. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 46: 2341-2355.
55. Omrani, A., M. Khodarahmi and F. Afshari. 2014. Reaction of some wheat cultivars and breeding lines to *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* hot races in Iran. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 47: 1136-1145.
56. Pornamazeh, P., F. Afshari and M. Khodarahmi. 2013. Study of resistance components of some promising wheat lines to yellow rust disease in the seedling stage. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 46: 2469-2475.
57. Pornamazeh, P., F. Afshari and M. Khodarahmi. 2013. The genetic of pathogenicity of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* the cause's agent of wheat yellow rust disease in Iran. Archives of Phytopathology and Plant Protection, 46: 1497-1507.
58. Rajaram, S. 2005. Role of conventional plant breeding and biotechnology in future wheat production. Turk. J. Agric. 29: 105-111.
59. Randhawa, H., B.J. Puchalski, M. Frick, A. Goyal, T. Despins, R.J. Graf, A. Laroche, D.A. Gaudet, 2012. Stripe rust resistance among western Canadian spring wheat and triticale varieties. Canadian Journal of Plant Science, 92: 713-722.
60. Roelfs, A.P., R.P. Singh and E.E. Saari. 1992. Rust Disease of Wheat: Concepts and Methods of Disease Management. CIMMIT, Mexico, 81 pp.
61. Safavi, S. and F. Afshari. 2015. Seedling and adult plant reaction of some promising wheat lines to yellow rust. Iranian Journal of Plant Protection Science, 45: 241-250 (In Persian).
62. Saidi, A., M. Abedini Esfahani, G. Karimzadeh and A. Alizadeh. 2001. Inheritance of resistance to fusarium head blight in six wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. Seed Plant, 17: 74-87 (In Persian).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

63. Salamini, F., H. Ozkan and A. Brandolini, R. Schafer-Pregl and W. Martin. 2002. Genetics and geography of wild cereal domestication in the neareast. Nature Reviews Genetics, 3: 429-441.
64. Sharma-Poudyal, D., X.M. Chen, A.M. Wan, G.M. Zhan, Z.S. Kang, S.Q. Cao and S.J.A. Shah. 2013. Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Plant* Disease, 97: 379-386.
65. Sharma-Poudyal, D., X.M. Chen, A.M. Wan, G.M. Zhan, Z.S. Kang, S.Q. Cao, S.L. Jin, A. Morgounov, B. Akin, Z. Mert, S.J.A. Shah, H. Bux, M. Ashraf, R.C. Sharma, R. Madariaga, K.D. Puri, C. Wellings, K.Q. Xi, R. Wanyera, K. Manninger, M.I. Ganzález, M. Koyda, S. Sanin and L.J. Patzek. 2013. Virulence characterization of international collections of the wheat stripe rust pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici.* Plant Disease, 97: 379-386.
66. Singh, R.P., H. Huerta Espino and H.M. William. 2005. Genetics and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts in wheat. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 29: 121-127.
67. Singh, R.P., A. Mujeeb-Kazi and J. Huerta-Espino. 1998. Lr46: a gene conferring slow-rusting resistance to leaf rust in wheat. Phytopathology, 88: 890-894.
68. Singh, R. P., J. Huerta-Espinosa and H. M. William. 2005. Genetics and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts in wheat. Turkish Journal of Agricultural Forest. 29: 121-127.
69. Singh, R.P. and S. Rajaram. 1993. Genetics of adult plant resistance to stripe rust in ten spring bread wheats. Euphytica, 72: 1-7.
70. Singh, R.P., H.M. William, J. Huerta-Espino and G. Rosenwarene. 2004. Wheat rust in Asia: Meeting the challenges with old and new technologies. Proceedings of the 4th International Crop Science Congress, Brisbane, Australia, Published in CDROM, Available on internet: www.cropscience.org.au.
71. Singh, R.P., D.P. Hodson, Y. Jin, E.S. Lagudah, M.A. Ayliffe, S. Bhavani, M.N. Rouse, Z.A. Pretorius, L.J. Szabo, J. Huerta-Espino, B.R. Basnet, C. Lan and M.S. Hovmoller. 2015. Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: Continued threat to food security and prospects of genetic control. Phytopathology, 105: 872-884.
72. Singh, S.K. 2003. Cluster analysis for heterosis in wheat (*Triticum aestivum* L.). Indian Journal of Genetics, 63(3): 249-250.
73. Soweizy, M., F. Afshari and S. Rezaee. 2016. The Pathogenicity of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in Iran in 2012-2013 growing season. Plant Protection, 39: 13-22 (In Persian).
74. Sthapit, J., E.E. Gbur, G. Brown-Guedira, D.S. Marshall and E.A. Milus. 2012. Characterization of resistance to stripe rust in contemporary cultivars and lines of winter wheat from the eastern United States. Plant Disease, 96: 737-745.
75. Sui, X.X., M.N. Wang and X.M. Chen. 2009. Molecular mapping of a stripe rust resistance gene in spring wheat cultivar Zak. Phytopathology, 99: 1209-1215.
76. Torabi, M., V. Mardoukhi, K. Nazari, F. Afshari, A.R. Forootan, M.A. Ramai, H. Golzar and A.S. Kashani. 1995. Effectiveness of wheat yellow rust resistance genes in different parts of Iran. Cereal Rust and Powdery Mildews Bulletin, 23: 9-22.
77. Vaibhav, K., G.P. Singh, P.K. Singh, R. Harikrishna and R. Gogoi. 2017. Assessment of slow rusting resistance components to stripe rust pathogen in some exotic wheat germplasm. Indian Phytopathology, 70: 52-57.
78. Wellings, C.R. 2007. *Puccinia striiformis* in Australia: A review of the incursion, evolution and adaptation of stripe rust in the period 1979-2006. Australian Journal of Agricultural Research 58: 567-575.
79. Yahyaoui, A., R.P. Singh and C.R. Wellings. 2004. Status, Approaches, and Management. Second Regional Yellow Rust Conference for Central and West Asia and North Africa. 22-26 March, Islamabad, Pakistan, 18 pp.
80. Zadoks, J.C. 1961. Yellow rust of wheat, studies of epidemiology and physiologic specialization. Netherlands Journal of Plant Plathology, 61: 69-256.
81. Zahravi, M., P. Asgharzadeh, F. Afshari and M.R. Bihamta. 2009. Study of relationships between components of resistance to yellow rust disease (*Puccinia striiformis* f. sp. *tririci*) in Iranian landrace wheats. Modern Genetics Journal, 4(4): 33-43.
82. Zakeri, A., F. Afshari, S. Rajaee, M.Yassaie A.R. Nikzad and F. Hassani. 2014. Inheritance of resistance to stripe rust in several commercial cultivars and selected elite genotypes of wheat from Fars province. Iranian Journal of Plant Pathology, 50: 163-174 (In Persian).
83. Zhang, J.X., R.P. Singh, J.A. Kolmer, J. Huerta-Espino, Y. Jin and J.A. Anderson. 2008. Genetics of leaf rust resistance in Brambling wheat. Plant Disease, 92: 1111-1118.
84. Ziyaev, Z.M., R.C. Sharma, K. Nazari, A.I. Morgounov, A.A. Amanov, Z.F. Ziyadullaev, Z.I. Khalikulov and S.M. Alikulov. 2011. Improving wheat stripe rust resistance in Central Asia and the Caucasus. Euphytica, 179: 197-207.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]

Evaluation of Resistance to Yellow Rust (*Puccinia striiformis* West) in Seedling Stage in some Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes

Amin Afzalifar[1], Leila Fahmideh[2], Farzad Afshari[3], Saleheh Ganjali[4], Mohammad Reza Bihamta[5] and Hadi Alipour[6]

1- Ph.D. Student of Plant Breeding, Department of plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran
2- Associate Professor of Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran; University of Zabol, Zabol, Iran (l.fahmideh@gau.ac.ir)
3- Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
4- Assistant Professor of Department of plant Breeding and Biotechnology, University of Zabol, Zabol, Iran
5- Full Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Iran
6- Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Urmia, Iran

Received: October 12, 2020 Accepted: January 5, 2021

Abstract

This study was performed to investigate and determine the virulence /avirulence spectra of five genes of wheat yellow rust disease collected from Karaj (174E158A +), Zarghan (103E16A +, Yr27), Sari (6E150A +), Sarakhs (Y72727 + A, Moghan (247E235A +). International standard and differential genotypes were used to determine the races of wheat yellow rust disease. Then, the response of 297 different bread wheat genotypes to these races was evaluated in a completely randomized design with two replications under greenhouse conditions and at a temperature of 15 ° C. In the study of correlation between different breeds, it was found that Sari (6E150A +) and Karaj (174E158A +) have the highest correlation. Also, simple analysis of variance for three traits of infection type, pustule size and pustule density showed high genetic diversity between the studied genotypes. Combined analysis of variance showed a significant effect of genotype, race and genotype-race interaction for infection type trait. The effect of genotype and race were also significant for pustule size and pustule density. The results of correlation analysis of traits in different races showed a significant and positive correlation between them. Cluster analysis divided the genotypes into three groups: resistant, semi-resistant (semi-susceptible) and susceptible, which confirmed the results of resistance reactions of wheat genotypes to different varieties of yellow rust. Based on cluster analysis, genotypes 6, 36, 39 and 44 had the lowest infection type (higher resistance) than all five races of yellow rust. The results of cluster analysis also showed the presence of commercial cultivars PARSI, KARAJ2, CHAMRAN2, PANJAMO62, MAHDAVI, PISHGAM, INIA66 and RIJAW in the group of resistant wheat, which can be obtained by using tree analysis to give the parent resistance to this disease.

Keywords: Bread wheat, Correlation, Pathogenic spectrum, Resistance reaction, Yellow (stripe) rust

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-01-29]

[DOI: 10.52547/jcb.13.39.26]