کارآیی ژن‌های مقاومت به بیماری لکه‌برگی سپتوریایی(*Stb*) در ارقام افتراقی گندم در برابر جدایه‌های *Zymoseptoria tritici*

شعبان کیا[۱]، کامران رهنما[۱*]، حسن سلطانلو[۲]، ولی اله بابایی زاد[۳] و محمدعلی آقاجانی[۴]

۱- به‌ترتیب دانشجوی دکتری بیماری شناسی گیاهی و دانشیار گروه گیاه پزشکی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان.

۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان.

۳- دانشیار گروه گیاهپزشکی، دانشکده علوم زراعی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

۴- دانشیار پژوهش بخش تحقیقات گیاه پزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران.

* مسئول مکاتبه Kamranrahnama1995@gmail.com

تاریخ دریافت:۹۵/۸/۲ تاریخ پذیرش: ۹۶/۳/۱۷

چکیده

بیماری لکه برگی سپتوریایی گندم ناشی از *Zymoseptoria tritici*، از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در جهان و ایران به‌شمار می‌رود. مقاومت ژنتیکی مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین راهبرد برای کنترل این بیماری می‌باشد. بنابراین پایش مداوم جمعیت قارچ بیمارگر برای بررسی اثربخشی ژن مقاومت *Stb* در برابر جدایه‌های *Z. tritici* ضروری است. در این پژوهش، الگوی پرآزاری پنج جدایه‌ی مختلف روی ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت و اثر بخشی این ژن‌ها در برابر جدایه‌ها در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و در شرایط گلخانه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که جدایه‌های BK94 و BK95 پرآزارترین جدایه بودند که روی تعداد بیشتری از ارقام افتراقی بیماریزایی داشتند و در مقابل، جدایه‌ی BK56 کم‌ترین پرآزاری را روی ارقام افتراقی نشان داد. ارقام M3 و Arina در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاوم بودند. ارقام Riband، TE9111 و Flame به‌ترتیب در برابر چهار، سه و دو جدایه‌ی مورد بررسی مقاومت نشان دادند. بقیه‌ی ارقام افتراقی در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساس بودند. ژن‌های*Stb15*، *Stb16* و *Stb17* موثرترین ژن‌های مقاومت در برابر همه‌ی جدایه‌ها بودند، بنابراین ارقام محتوی این ژن‌ها، می‌توانند به‌عنوان منابع مقاومت موثر در برنامه های اصلاح ارقام جهت مقاومت در برابر لکه برگی سپتوریایی گندم مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: گندم، ارقام افتراقی، پرآزاری، STB، AUDPC و *Zymoseptoria tritici*.

مقدمه

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی گندم[۱] که توسط *Zymoseptoria tritici* (Desm.) Quaedvlieg & Crous. (synonyms: *Mycosphaerella graminicola* and *Septoria tritici*) ایجاد می‌شود، یکی از خسارت‌زاترین بیماری‌های برگی گندم در اروپا و بسیاری از مناطق دیگر کشت گندم آسیا از جمله ایران، استرالیای غربی و آمریکای شمالی به شمار می‌رود (ایال ۱۹۹۹، چانگو و همکاران ۲۰۰۱ ، کوادولیج و همکاران ۲۰۱۱). در اثر آلودگی، میزان دانه بندی کاهش می‌یابد، پرشدن دانه‌ها ضعیف می شود و دانه‌های چروکیده هنگام برداشت از بین می‌روند (وایز و همکاران ۱۹۹۱). خسارت ناشی از بیماری لکه برگی سپتوریایی در شرایط آب و هوایی

[1] *Septoria tritici* blotch (STB)

مساعد و مدیریت کمتر بیماری ، می تواند به بیش از ۵۰ درصد برسد (ایال ۱۹۹۹، دویلر و همکاران ۲۰۰۷ ، سیمون و همکاران ۲۰۱۲).

قارچ بیمارگر *Z. tritici* دارای دو شکل است: فرم شبه مخمری با کنیدی زایی به روش جوانه‌زنی، و شکل ریسه‌ای که به گیاه میزبان حمله می‌کند. برخلاف بسیاری دیگر از بیمارگرهای قارچی غلات، *Z. tritici* اپرسوریوم یا چنگک تشکیل نمی‌دهد ولی از راه روزنه و بدون ساختار آلودگی متمایز کننده به برگ‌های گندم نفوذ می‌کند. قارچ *Z. tritici* یک بیمارگر نیمه‌بیوتروف با یک فاز بیوتروفی برای حدود ۱۰ روز بوده و به دنبال آن تغییر حالت سریع به نکروترفی مشاهده می‌شود. در نتیجه، نشانه های بیماری شامل زخم‌های نامنظم کلروزه به صورت لکه‌های نکروز حامل اندام‌های باروری غیر جنسی و جنسی توسعه می‌یابد (کما و همکاران ۱۹۹۶، دانکن و هووارد ۲۰۰۰).

در سال‌های اخیر بیماری لکه‌برگی سپتوریایی در بعضی از مناطق کشت گندم در ایران از جمله استان‌های گلستان، خوزستان، فارس و اردبیل گسترش یافته و منجر به اپیدمی شدید و کاهش محصول در این مناطق شده است (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰). تحقیقات انجام شده در استان گلستان نشان داد که این بیماری با توجه به نوع رقم، مرحله‌ی آلودگی و شدت آن می‌تواند باعث ۹/۱۷ تا ۲۸/۹۵ درصد کاهش محصول گردد (کیا و ترابی ۱۳۸۷). میزان کاهش محصول در خوزستان نیز ۶/۹۹ تا ۲۰/۳۸ درصد برآورد شده است (دادرضایی و همکاران ۱۳۸۱).

در شرایط آب و هوایی مساعد، کاربرد قارچکش یک روش معمول برای کنترل این بیماری به شمار می‌رود. کاربرد گسترده‌ی قارچکش‌ها علاوه بر هزینه‌های بالا و نگرانی‌های زیست محیطی، منجر به ظهور سریع سویه‌های مقاوم به قارچکش شده است که می‌تواند باعث کنترل ناموفق این بیماری شود (فرایچ و همکاران ۲۰۰۷ ، لروکس و همکاران ۲۰۰۷). در قارچ *Z. tritici* ، برخی جدایه‌های مقاوم به استروبیلورین‌ها و آزول‌ها که دو گروه عمده از قارچکش‌ها در اروپا و سایر نقاط جهان است گزارش شده است (فرایچ و همکاران ۲۰۰۳، ۲۰۰۷).

استفاده از ارقام مقاوم و وارد کردن ژن‌های مقاومت به داخل ارقام گندم، موثر ترین، اقتصادی‌ترین و از نظر زیست محیطی سازگارترین راهبرد برای مدیریت موفق بیماری به شمار می‌رود (ایال و همکاران ۱۹۸۷، ایال ۱۹۹۹). برای شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم، آگاهی از میزان پرآزاری جمعیت قارچ عامل بیماری روی ژن‌های مقاومت شناخته شده ضروری است. ژنتیک برهمکنش بین گندم و عامل بیمارگر *M. graminicola* بسته به ژنوتیپ بیمارگر و میزبان می‌تواند متفاوت باشد.

در طول دهه‌ی گذشته هر دو نوع مقاومت اختصاصی و کمی در برابر *M. graminicola* در ژنوتیپ‌های مختلف گندم گزارش شده است. مقاومت کمی یا جزئی نوعی مقاومت ناقص است که توسط ژن‌هایی با اثر کم کنترل می‌شود و بر اساس آزمون بیماریزائی جدایه‌های *Z. tritici* بر روی ارقام گندم در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و بالغ گزارش شده است (آرایایانو و براون ۲۰۰۶). در مقابل، مقاومت اختصاصی، مقاومت کامل یا نزدیک به کامل را بوجود آورده و از مدل ژن برای ژن پیروی می کند و اولین بار بر اساس آنالیز ژنتیکی بین *M. graminicola* جدایه‌ی IPO323 و رقم Flame نشان داده شد (کما و همکاران ۲۰۰۰ ، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲). تاکنون ۱۸ ژن مقاومت (*Stb1* تا *Stb18*) باعامل *Z. tritici* در گندم مکان‌یابی و شناسایی شده است (طبیب غفاری و همکاران ۲۰۱۱ ، ۲۰۱۲).

بنا بر بررسی ها تنوع ژنتیکی بالایی از جمعیت *Z.tritici* در استان‌های مورد کشت گندم در ایران وجود دارد (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰). بنابراین، شناسایی ژن‌های موثر در مقاومت و الگوی بیماریزایی و پرآزاری جمعیت *Z. tritici* برای شناسایی منابع مقاومت به STB و جایگزینی ارقام گندم حساس با ژنوتیپ‌های مقاوم در کشور ضروری است. هدف از پژوهش حاضر تعیین

الگوهای پرآزاری جدایه‌های *Z. tritici* از استان های گلستان، خوزستان و اردبیل با استفاده از مجموعه ارقام افتراقی گندم دارای ژن‌های مقاومت شناخته شده (*Stb1*- *St18*) و تعیین اثر بخشی این ژن‌های مقاومت در برابر جدایه‌های مورد استفاده بود.

مواد و روش‌ها

جداسازی قارچ بیمارگر و تهیه‌ی زادمایه

برگ‌های گندم دارای نشانه‌های لکه‌برگی سپتوریایی از مزارع استان گلستان جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. سپس جداسازی و خالص‌سازی قارچ بیمارگر با استفاده از روش مستقیم ایال و همکاران (۱۹۸۷) انجام شد. تکه‌های برگ آلوده دارای پکنید، پس از ضد عفونی سطحی با هیپوکلریت سدیم یک درصد و سه بار شستشو با آب مقطر سترون، روی لام شیشه‌ای چسبانده شده و درون تشتک پتری حاوی کاغذ صافی استریل مرطوب منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۲۴-۱۲ ساعت نگه‌داری شدند. سپس ترشحات[1] حاوی پیکنیدیوسپورها که از دهانه ی پکنیدها خارج می‌شدند با استفاده از یک سوزن سترون نازک برداشته شده و به محیط کشت سیب‌زمینی، دکستروز، آگار[2] حاوی آنتی بیوتیک استرپتومایسین (۵۰ میلی گرم در لیتر) منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۰ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۵-۳ روز نگه‌داری شدند. کلنی‌های رشد کرده به‌صورت مخطط روی محیط PDA کشت داده و سپس برای خالص‌سازی، تک‌کلنی‌ها به محیط PDA جدید منتقل و در همان شرایط نگه‌داری شدند.

برای تهیه‌ی زادمایه‌ی قارچ جهت مایه‌زنی ژنوتیپ‌ها، از محیط کشت مایع عصاره‌ی مخمر، عصاره‌ی مالت، ساکارز[3] استفاده شد. قطعاتی از کلنی رشد کرده‌ی قارچ از سطح محیط کشت PDA برداشته و به داخل ارلن‌های حاوی محیط کشت منتقل شده و داخل شیکر انکوباتور با سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه و دمای حدود ۲۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از مدت هفت روز، سوسپانسیون اسپور داخل ارلن‌ها با استفاده از پارچه ململ دو لایه صاف و سپس با استفاده از لام گلبول شمار[4] شمارش و غلظت آن‌ها به مقدار 10^7 اسپور در هر میلی لیتر تنظیم گردید. برای کاهش کشش سطحی و افزایش سطح تماس اسپور قارچ با سطح برگ، مقدار ۰/۱ درصد توین ۲۰ به سوسپانسیون اسپور اضافه شد.

واکنش ارقام افتراقی گندم در برابر جدایه ها

در این پژوهش از ۲۱ رقم افتراقی دارای یک یا چند ژن مقاومت *Stb* دریافتی از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه‌ی نهال و بذر استفاده شد. پنج جدایه *Z. tritici* شامل سه جدایه‌ی جمع‌آوری شده از مزارع گندم استان گلستان و دو جدایه‌ی دریافتی از مراکز تحقیقات کشاورزی دزفول و اردبیل برای بررسی واکنش ارقام استفاده شدند. بذور هر ژنوتیپ به تعداد ۱۰ عدد در گلدان‌های پلاستیکی به قطر ۱۵ سانتی متر حاوی مخلوط ماسه، خاک‌برگ و خاک مزرعه سترون شده به نسبت ۱:۱:۱ کاشته شد. گلدان‌ها به مدت ۱۲ روز در شرایط مناسب نگه‌داری شده و سپس گیاهچه‌ها در مرحله‌ی دوبرگی با زادمایه قارچ عامل بیماری با استفاده از آبفشان دستی مایه‌زنی شدند. جهت حفظ رطوبت لازم برای جوانه‌زنی، نفوذ و رشد قارچ عامل بیماری، گلدان‌های حاوی گیاهچه‌های مایه زنی شده به مدت ۴۸ ساعت در زیر پوشش پلاستیکی با رطوبت اشباع قرار گرفتند، سپس گلدان‌ها در دمای ۲۰ درجه ی سانتی‌گراد،۸:۱۶ ساعت روشنایی_تاریکی و رطوبت ۸۵ درصد در گلخانه نگه‌داری شدند. این آزمایش بصورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار در شرایط گلخانه‌ای انجام شد.

[1] Ooze
[2] Potato Dextrose Agar(PDA)
[3] Yeast Extract, Malt Extract, Sucrose(YMS)
[4] Hemocytometer

ارزیابی شدت بیماری[1] بر اساس درصد سطح برگ پوشیده شده با لکه‌های نکروتیک حاوی پیکنید چهار بار در فاصله زمانی ۱۲ تا ۲۱ روز پس از مایه‌زنی انجام شد (کما و همکاران ۱۹۹۶، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲ ، چارترین و همکاران ۲۰۰۴). سپس بر اساس مقیاس یک تا ۹ ژانگ و همکاران (۱۹۹۹) ژنوتیپ‌ها طبق واکنش به آلودگی (مقدار کلروز و نکروز و تراکم پیکنید) به چهار دسته طبقه‌بندی شدند: مقاوم[2] (میانگین مقیاس بیماری از یک تا ۴/۹)؛ نسبتا مقاوم[3] (میانگین مقیاس بیماری از پنج تا ۶/۹)، نسبتا حساس[4] (میانگین مقیاس بیماری از هفت تا ۷/۹) و حساس[5] (میانگین مقیاس بیماری از هشت تا ۹). همچنین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری(AUDPC)[6] با استفاده از فرمول زیر برای شدت بیماری محاسبه شد (ملدوان و همکاران ۲۰۰۵ و ویلگاس فرناندز و همکاران ۲۰۱۱).

$$AUDPC = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{(y_i + y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

y_i شدت بیماری در زمان t_i، $t_{i+1} - t_i$ فاصله زمانی(روز) بین دو یادداشت برداری بیماری، n_i تعداد زمان‌های یادداشت‌برداری می‌باشند. ابتدا داده های به دست آمده با استفاده از تبدیل ریشه مربع آرکسینوس نرمال‌سازی شدند. سپس با استفاده از مدل تلفیقی خطی[7] و نرم‌افزارآماری استاتگرافیکس[8] آنالیز واریانس انجام شد. برای مقایسه واکنش ارقام نسبت به جدایه‌ها (میانگین شدت بیماری) ، از آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار[9] استفاده شد.

[1] Disease severity
[2] Resistant (R)
[3] Moderately Resistant (MR)
[4] Moderately Susceptible (MS)
[5] Susceptible (S)
[6] Area Under Disease Progress Curve (AUDPC)
[7] Linear Mixed Model
[8] Statgraphics
[9] Least Significant Difference (LSD)

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای مقادیر میانگین شدت بیماری ارقام افتراقی گندم و میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری با استفاده از میانگین ارتباط بین گروهی و فاصله اقلیدسی و روش وارد[10] و توسط نرم افزار SPSS 16.0 در برنامه ویندوز انجام شد.

نتایج و بحث

مشخصات ارقام افتراقی و جدایه های *Z. tritici* مورد استفاده در این پژوهش به ترتیب در جداول ۱ و ۲ نشان داده شده‌اند. نتایج تجزیه واریانس داده های آماری به‌دست آمده از واکنش ارقام افتراقی گندم به پنج جدایه‌ی قارچ عامل بیماری لکه‌برگی سپتوریایی نشان داد که بین این ارقام از نظر شدت بیماری، اختلاف معنی دار ($P<0.01$) وجود داشت که نشان دهنده ی تفاوت بین ارقام افتراقی در واکنش به جدایه های ایرانی *Z. tritici* می‌باشد. همچنین جدایه های مورد استفاده از نظر پرآزاری و قدرت تهاجمی نیز دارای اختلاف معنی دار ($P<0.01$) بودند که نشان می‌دهد جدایه ها در پرآزاری و تهاجم به ارقام افتراقی گندم تفاوت داشتند. اثر متقابل جدایه و ژنوتیپ نیز دارای اختلاف معنی‌دار ($P<0.01$) بود که نشان می‌دهد واکنش اختصاصی در برهمکنش بین ارقام افتراقی و *Z. tritici* رخ داده است (جدول ۳).

[10] Ward

جدول ۱- ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت ***Stb*** مورد استفاده در این پژوهش.

شماره	رقم	منشاء	ژن‌های مقاومت ***Stb***
۱	Oasis	آمریکا	*Stb1*
۲	Sulivan	آمریکا	*Stb1*
۳	Bulgaria 88	بلغارستان	*Stb1* and *Stb6*
۴	Veranopolis	برزیل	*Stb2* and *Stb6*
۵	Israel 493	اسراییل	*Stb3* and *Stb6*
۶	Tadinia	آمریکا	*Stb4* and *Stb6*
۷	Cs synthetic (6X) 7D	چین-آمریکا	*Stb5*
۸	Flame	انگلستان	*Stb6*
۹	Shafir	اسراییل	*Stb6*
۱۰	Estanzuela Federal	اروگوئه	*Stb7*
۱۱	M6 synth (W7984)	آمریکا	*Stb8*
۱۲	Courtot	فرانسه	*Stb9*
۱۳	Kavkaz-K4500	سیمیت	*Stb6*, *Stb7*, *Stb10* and *Stb12*
۱۴	TE 9111	پرتقال	*Stb6*, *Stb7* and *Stb11*
۱۵	Obelisk	هلند	Susceptible check
۱۶	Taichung 29	ژاپن	Susceptible check
۱۷	Salamouni	کانادا	*Stb13* and *Stb14*
۱۸	Arina	سوئیس	*Stb6* and *Stb15*
۱۹	Riband	انگلستان	*Stb15* or another
۲۰	M3	سیمیت	*Stb16* and *Stb17*
۲۱	Balance	فرانسه	*Stb6* and *Stb18*

جدول ۲- جدایه‌های ***Zymoseptoria tritici*** مورد استفاده در این پژوهش.

شماره	کد جدایه	استان	شهر
۱	BK94	گلستان	گرگان
۲	BK49	گلستان	آق قلا
۳	BK95	گلستان	گنبد
۴	BK79	خوزستان	دزفول
۵	BK56	اردبیل	مغان

نتایج نشان داد که ارقام M3 حاوی ژن‌های *Stb16* و *Stb17* و Arina حاوی ژن *Stb15* در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاوم بودند. رقم Riband حاوی ژن *Stb15* در برابر جدایه های BK94 ، BK49، BK79 و BK56 مقاومت نشان داد. رقم TE9111 حاوی ژن *Stb11* در برابر جدایه‌های BK49، BK79 و BK56 ، و رقم Flame حاوی ژن *Stb6* در برابر جدایه‌های BK95 و BK56 مقاومت نشان دادند. بقیه‌ی ارقام افتراقی در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساس بودند. از بین ژن‌های *Stb* ، ژن‌های *Stb15*، *Stb16* و *Stb17* موثرترین ژن‌های مقاومت بودند که در برابر همه جدایه‌ها مقاومت نشان دادند (جدول۴).

مقایسه میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری نشان داد که ارقام M3، Arina، TE9111 و Riband کم‌ترین مقدار و ارقام Federal Estanzuela، Salamouni ، 29 Taichung ، Obelisk و M6 synth (W7984) بیشترین مقدار سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری را داشتند (جدول ۵). پنج جدایه‌ی مورد استفاده در این پژوهش در پرآزاری و تهاجم روی ۲۱ رقم افتراقی گندم تفاوت داشتند. جدایه‌های BK94 و BK95 پرآزارترین جدایه بود که روی ۱۸ رقم افتراقی بیماریزا بود و درمقابل جدایه BK56 کم‌آزارترین جدایه بود و روی ۱۶ رقم افتراقی بیماریزایی داشت. از نظر تهاجم، جدایه‌ی BK94 با بالاترین شدت بیماری (۵۳ درصد) مهاجم‌ترین جدایه بود، درحالیکه جدایه‌ی BK56 با کم‌ترین شدت بیماری (۴۲ درصد) پایین‌ترین قدرت تهاجمی را داشت (جدول ۴).

جدول ۳- تجزیه واریانس درصد سطح نکروز برگ همراه با پوشش پیکنید و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری لکه برگی سپتوریایی روی ارقام افتراقی گندم.

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات	
		شدت بیماری	**سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری**
تکرار	۲	۲۴۳/۹۶۵ ns	۹۶۰۸/۱ ns
جدایه	۴	۵۹۱/۵۰۵**	۲۰۵۵۳/۵**
رقم	۲۰	۱۴۵۳/۵۳**	۱۴۴۴/۸**
جدایه ×رقم	۸۰	۱۱۵/۸۹**	۳۳۷۱/۳**
خطا	۲۰۸	۲۳/۴۶۶۱	۴۷۶/۱

ns و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار بودن در سطح احتمال یک درصد.

جدول ۴- واکنش ارقام افتراقی گندم حاوی ژن های مقاومت *Stb* در برابر جدایه های *Zymoseptoria tritici*

شماره	ارقام افتراقی	جدایه										میانگین
		BK94		BK49		BK95		BK79		BK56		
		شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	
۱	Oasis	۷۸	۸	۴۴	۶	۶۳	۸	۵۲	۵	۴۸	۵	۵۷
۲	Sulivan	۶۷	۷	۵۲	۶	۵۹	۷	۵۶	۶	۴۸	۵	۵۶
۳	Bulgaria 88	۵۶	۶	۴۸	۵	۵۶	۶	۵۶	۶	۴۸	۵	۵۳
۴	Veranopolis	۴۴	۵	۴۸	۵	۵۹	۶	۴۸	۵	۵۲	۶	۵۰
۵	Israel 493	۵۹	۶	۴۸	۶	۵۲	۶	۵۲	۶	۴۴	۵	۵۱
۶	Tadinia	۵۲	۶	۴۸	۵	۴۸	۶	۴۸	۶	۴۸	۶	۴۹
۷	Cs synthetic(6X)7D	۴۴	۵	۴۴	۶	۵۲	۶	۴۴	۵	۴۱	۵	۴۵
۸	Flame	۵۶	۵	۴۸	۵	۲۲	۳*	۶۸	۷	۱۴	۲*	۴۳
۹	Shafir	۶۳	۷	۵۶	۶	۵۲	۶	۵۹	۶	۵۶	۶	۵۷
۱۰	Estanzuela Federal	۸۱	۸	۶۷	۷	۷۰	۸	۶۳	۷	۵۶	۶	۶۷
۱۱	M6 synth (W7984)	۶۳	۷	۶۳	۷	۶۳	۷	۵۲	۶	۴۸	۶	۵۸
۱۲	Courtot	۵۲	۶	۴۸	۶	۵۲	۶	۴۸	۶	۵۶	۶	۵۱
۱۳	Kavkaz-K4500	۴۴	۶	۴۱	۵	۶۷	۸	۵۶	۶	۵۲	۶	۵۲
۱۴	TE 9111	۴۴	۶	۱۵	۲*	۶۳	۷	۲۲	۳*	۸	۲*	۳۶
۱۵	Obelisk	۷۴	۸	۵۶	۷	۵۹	۶	۵۶	۶	۵۲	۷	۵۹
۱۶	Taichung 29	۸۱	۸	۶۷	۷	۷۰	۸	۶۳	۷	۵۹	۶	۶۸
۱۷	Salamouni	۸۱	۸	۵۹	۶	۶۳	۷	۶۵	۸	۶۳	۸	۶۶
۱۸	Arina	۹	۲*	۰	۱*	۶	۲*	۴	۲*	۰	۱*	۱۴
۱۹	Riband	۱۲	۳*	۸	۲*	۵۹	۶	۳۶	۴*	۳۴	۴*	۳۱
۲۰	M3	۸	۲*	۰	۱*	۴	۲*	۰	۱*	۰	۱*	۷
۲۱	Balance	۵۹	۶	۵۲	۶	۵۶	۶	۴۴	۵	۴۴	۶	۵۱
میانگین		۵۳		۴۳		۵۲		۴۷		۴۱		-

* واکنش مقاومت رقم و ناپرآزاری بیمارگر

جدول ۵- میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری روی ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت ***Stb*** در برابر جدایه‌های ***Zymoseptoria tritici***

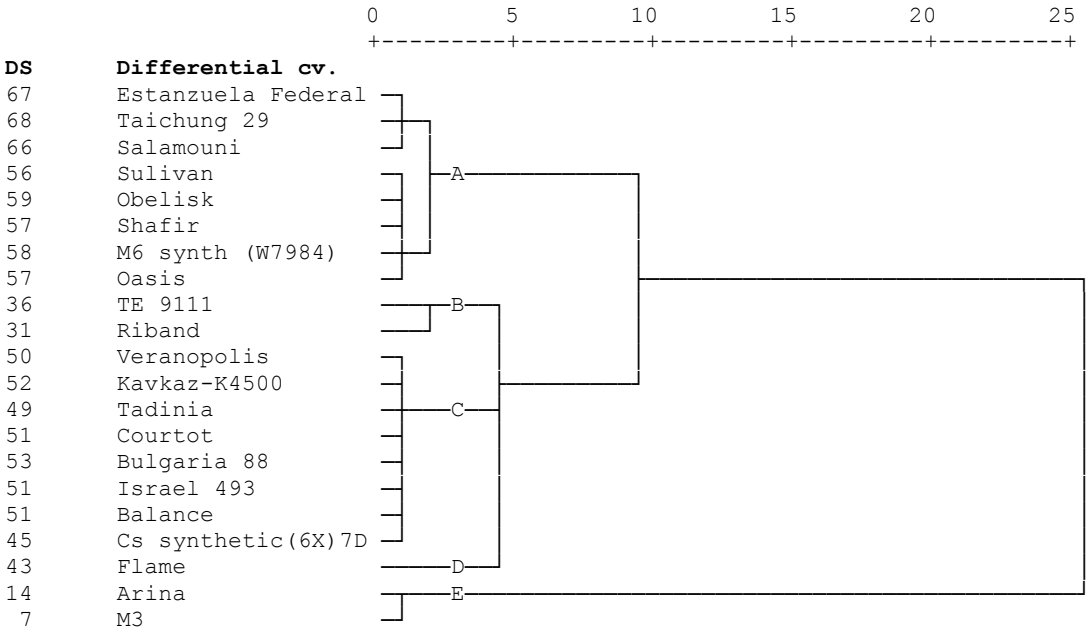
شماره	ارقام افتراقی	جدایه					میانگین
		BK94	**BK49**	**BK95**	**BK79**	**BK56**	
۱	Oasis	۴۸۱	۲۰۷	۶۱۵	۳۳۳	۲۸۱	۳۸۴
۲	Sulivan	۴۵۹	۳۶۳	۵۶۳	۳۰۴	۲۱۵	۳۸۱
۳	Bulgaria 88	۴۳۷	۳۳۳	۵۵۶	۲۶۷	۱۸۵	۳۵۶
۴	Veranopolis	۳۰۴	۳۲۶	۵۳۳	۳۲۶	۳۳۳	۳۶۴
۵	Israel 493	۴۵۹	۴۰۰	۴۵۲	۳۱۱	۲۹۶	۳۸۴
۶	Tadinia	۳۴۱	۲۹۶	۴۴۴	۴۱۵	۴۰۷	۳۸۱
۷	Cs synthetic (6X) 7D	۳۰۴	۳۷۸	۴۳۰	۳۸۵	۳۴۱	۳۶۷
۸	Flame	۳۵۶	۲۸۹	۴۸۹	۴۵۲	۳۹۳	۳۹۶
۹	Shafir	۵۴۸	۳۱۹	۴۵۲	۵۱۱	۵۱۱	۴۶۸
۱۰	Estanzuela Federal	۷۴۱	۶۴۴	۶۷۴	۵۷۰	۵۳۳	۶۳۳
۱۱	M6 synth (W7984)	۵۴۸	۵۵۶	۵۰۴	۴۷۴	۴۴۴	۵۰۵
۱۲	Courtot	۴۳۷	۲۹۶	۲۶۷	۴۶۷	۵۴۸	۴۰۳
۱۳	Kavkaz-K4500	۵۰۴	۳۱۹	۶۵۲	۴۹۶	۴۶۷	۴۸۷
۱۴	TE 9111	۳۱۱	۲۲۲	۵۱۹	۳۳۳	۳۱۱	۳۳۹
۱۵	Obelisk	۶۴۴	۴۵۲	۴۷۴	۴۹۶	۴۸۱	۵۱۰
۱۶	Taichung 29	۷۶۳	۵۸۵	۶۴۴	۳۲۶	۳۶۳	۵۳۶
۱۷	Salamouni	۷۶۳	۴۵۲	۶۱۵	۵۴۱	۵۶۳	۵۸۷
۱۸	Arina	۱۴۱	۲۳۷	۴۰۰	۲۶۷	۲۲۲	۲۵۳
۱۹	Riband	۱۹۳	۱۷۸	۵۳۳	۴۴۴	۴۵۲	۳۶۰
۲۰	M3	۶۷	۱۱۹	۱۶۳	۱۰۴	۱۱۱	۱۱۳
۲۱	Balance	۶۲۲	۳۴۸	۵۱۹	۳۶۳	۳۴۸	۴۴۰
میانگین		۲۷۴	۲۵۲	۵۸۵	۳۰۴	۲۸۹	-

تجزیه خوشه‌ای براساس میانگین شدت بیماری، ارقام افتراقی گندم را در پنج خوشه اصلی گروه بندی کرده است (شکل ۱). خوشه A شامل هشت رقم افتراقی گندم می‌باشد که به دو زیر خوشه تقسیم شده است. همه‌ی این ارقام در برابر تمام جدایه‌ها حساس بودند. در خوشه B دو رقم TE 9111 و Riband قرار گرفتند که به ترتیب در برابر سه و دو جدایه مقاومت نشان دادند. خوشه C شامل هشت رقم افتراقی می‌باشد که هیچ کدام در برابر جدایه‌ها مقاوم نبودند. در خوشه D رقم Flame قرار دارد که در برابر دو جدایه مقاومت داشت. خوشه E شامل دو رقم Arina و M3 می‌باشد که در برابر تمام جدایه‌ها مقاوم بودند.

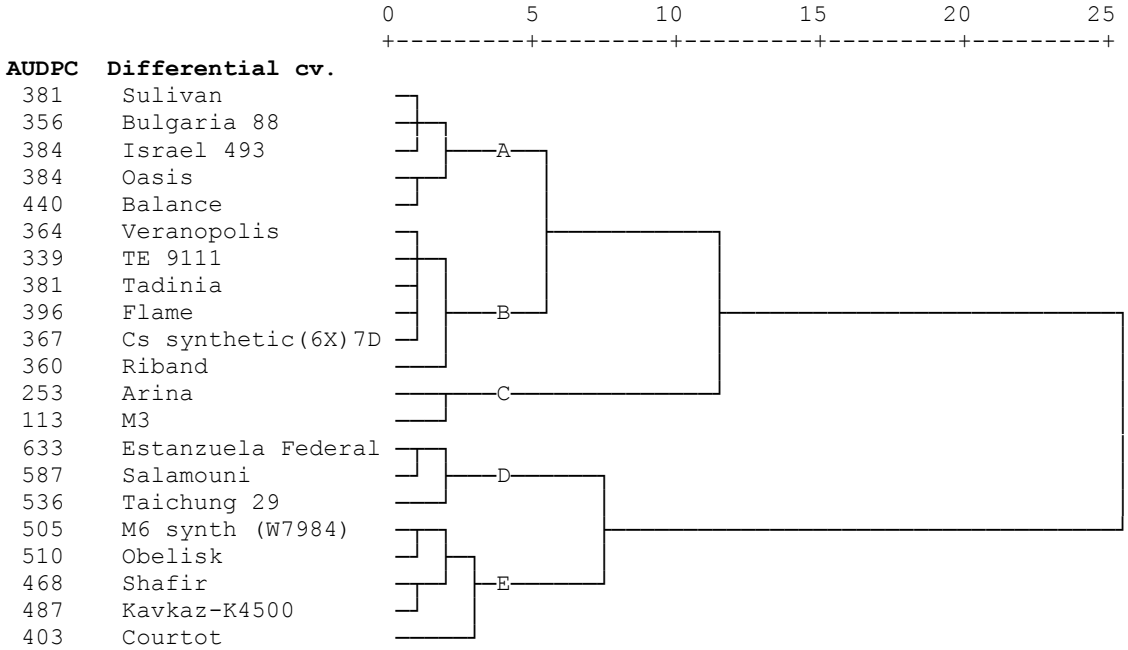
تجزیه خوشه‌ای براساس سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، ارقام افتراقی گندم را در پنج خوشه اصلی گروه

بندی کرده است (شکل ۲). خوشه A شامل پنج رقم افتراقی حساس می‌باشد که در دو زیر خوشه گروه‌بندی شدند. در خوشه B شش رقم افتراقی در دو زیر خوشه گروه‌بندی شدند که تعدادی از آن‌ها در برابر تعدادی از جدایه ها مقاوم بودند. در خوشه C دو رقم مقاوم Arina و M3 قرار گرفتند. خوشه D شامل سه رقم افتراقی خیلی حساس می‌باشد. خوشه E شامل پنج رقم افتراقی می‌باشد که در دو زیر خوشه گروه بندی شدند.

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی یکی از مهمترین بیماری‌های گندم در سراسر دنیاست. قارچ بیمارگر *Z.tritici* بخاطر چرخه‌های غیر جنسی و جنسی فعال در سال و مکانیسم انتشار موثر اسپورهایش، به عنوان یک بیمارگر مخرب و پر خطر به شمار می‌رود. این ویژگی باعث می‌شود تا قارچ بیمارگر ژن‌های مقاومت را بی‌اثر کند (مهرابی و همکاران ۲۰۱۵). جدایه‌های ایرانی *Z.tritici* تنوع ژنتیکی بالایی داشته و بطور قابل توجهی روی بیشتر ارقام افتراقی حاوی ژن‌های *Stb* پرآزاری دارند (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰، ۲۰۱۱، حسین نژاد و همکاران ۲۰۱۴). با توجه به این اینکه بیشتر ژن‌های *Stb* در برابر بیشتر جدایه‌های ایرانی *Z.tritici* موثر نیستند، بنابراین منابع جدید مقاومت باید بطور مداوم شناسایی و در برنامه‌های اصلاح ارقام وارد شوند.



شکل ۱- گروه‌بندی ارقام افتراقی گندم با استفاده از تجزیه خوشه ای و بر اساس میانگین شدت بیماری آن‌ها در برابر جدایه‌های *Z. tritici* با استفاده از فاصله اقلیدسی و به روش Ward با استفاده از نرم افزار SPSS 16.0 ver. 16 . میانگین شدت بیماری(DS) و اسامی ارقام افتراقی گندم نشان داده شده است.



شکل ۲- گروه‌بندی ارقام افتراقی گندم با استفاده از تجزیه خوشه ای و بر اساس میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری لکه برگی سپتوریایی با استفاده از فاصله اقلیدسی و به روش Ward با استفاده از نرم افزار SPSS 16.0 ver. 16 . میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و اسامی ارقام افتراقی گندم نشان داده شده است.

بررسی‌های انجام شده نشان داد که در برهمکنش بین ژنوتیپ‌های گندم و جدایه‌های *Z. tritici* ، مقاومت از مدل ژن برای ژن پیروی می‌کند (کما و همکاران ۲۰۰۰، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲). درمقاومت اختصاصی معمولا ژن ناپرآزاری(*avir*) بیمارگر توسط ژن مقاومت (*R*) رقم مقاوم شناسایی و بدنبال آن با القای HR مقاومت در سطح بالا در گیاه ایجاد می‌شود. پنج جدایه‌ی مورد بررسی در این پژوهش از نظر پرآزاری در برابر ژنوتیپ‌های مورد بررسی متفاوت بودند، جدایه‌ی BK94 (گرگان) پرآزارترین جدایه بود و بنابراین باید تعداد کمتری ژن‌های ناپرآزاری داشته باشد، در مقابل جدایه‌ی BK56 (مغان) کم آزارترین جدایه بود و بایستی تعداد بیشتری ژن‌های ناپرآزاری داشته باشد.

کشت ارقام مقاوم در مدت زمان طولانی در یک سطح وسیع ممکن است باعث فشار انتخاب روی جمعیت بیمارگر و در نتیجه غلبه بر ژن مقاومت و شکستن مقاومت و ایجاد آلودگی شود. برای مثال مقاومت ارقام دارای ژن‌های مقاومت *Stb1* و *Stb4* در آرگون، پنج سال پس از آزادشدن آن بخاطر تکامل ژنوتیپ بیمارگر شکسته شد (ادهیکاری و همکاران ۲۰۰۳، چارترین و همکاران ۲۰۰۴).

نتایج این پژوهش نشان داد که جدایه‌های مورد بررسی دارای الگوی بیماریزایی متفاوتی بودند و روی بیشتر ژن‌های *Stb* پرآزاری داشتند که با یافته های ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲)، حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴)، مازندرانی و همکاران (۱۳۹۳) و مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) تا حدودی مطابقت دارد. تحقیقات انجام شده در نقاط مختلف دنیا نشان داده که ژن‌های *Stb* در برابر حمله‌ی جدایه های عامل بیماری لکه برگی سپتوریایی آسیب پذیر هستند (کوگر و همکاران ۲۰۰۰، ادهیکاری و همکاران ۲۰۰۳، چارترین و همکاران ۲۰۰۴، ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۲). این پژوهش نیز نشان داد بیشتر این

ژن‌های *Stb* در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* ژن‌های مقاومت موثری نیستند.

این تنوع ژنتیکی نشان می دهد که *Z. tritici* ممکن است قادر به سازگاری سریع با ارقام مقاوم باشد. بنابراین، منابع جدید مقاومت باید به طور منظم برای مدیریت این بیماری معرفی شوند. مقرون به صرفه‌ترین راهبرد برای کنترل این بیماری ، استفاده از مقاومت ژنتیکی است. بنابراین، شناسایی منابع جدید مقاومت و گسترش ذخیره ژنی گندم برای مدیریت این بیماری ضروریست.

براساس نتایج این پژوهش، ژن‌های *Stb1*، *Stb2*، *Stb3*، *Stb4*، *Stb5*، *Stb6*، *Stb7*، *Stb8*، *Stb9*، *Stb10*، *Stb11*، *Stb12*، *Stb13*، *Stb14* و *Stb18* در برابر جدایه‌های مورد بررسی غیر موثر بودند، بنابراین نمی‌توانند منابع مقاومت مناسبی در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* باشند. در بررسی حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) ژن‌های *Stb2*، *Stb5*، *Stb6*، *Stb7*، *Stb13* و *Stb14* در برابر جدایه‌ی ایرانی *Z.tritici* موثر نبودند. ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲) گزارش کردند که ارقام Shafir (حاوی ژن *Stb6*) ، Stanzuela Federal (حاوی ژن *Stb7*) و Courtot(حاوی ژن *Stb9*)، در برابر همه جدایه‌ها حساس بودند. در این پژوهش، رقم Flame (حاوی ژن *Stb6*) (بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲) در برابر دو جدایه مقاوم بود و در برابر جدایه‌های دیگر حساسیت نشان داد. در بررسی حسین نژاد و همکاران(۲۰۱۴) این رقم در برابر سه جدایه مقاومت اختصاصی نشان داد. ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲) نشان دادند که رقم Flame در برابر شش جدایه مقاومت اختصاصی داشت. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) نیزاین رقم در برابر سه جدایه مقاوم بود. رقم TE9111 از منابع مقاومت به STB می‌باشد که ژن های *Stb6*، *Stb7*، *Stb8* و *Stb11* در آن شناسایی شده است (چارترین و همکاران ۲۰۰۵ b). در این پژوهش، این رقم در برابر سه جدایه مقاومت نشان داد. در بررسی ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲)، حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) و مخدومی و همکاران این رقم به ترتیب در برابر چهار ، شش و سه جدایه مقاومت نشان داد.

ارقام Arina و Riband دارای ژن‌های *Stb6* و *Stb15* می باشند (آرایانو ۲۰۰۷). رقم Riband در این پژوهش در برابر چهار جدایه مقاوم بود. در بررسی حسین نژاد و همکاران(۲۰۱۴) این رقم در برابر ۱۲ جدایه مقاومت اختصاصی داشت. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) این رقم در برابر تمام جدایه‌ها مقاومت نشان داد. بر اساس نتایج این پژوهش رقم Arina در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاومت نشان داد. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) این رقم در برابر تمام جدایه‌ها مقاوم بود. در بررسی‌های پژوهشگران دیگر نیز رقم Arina در برابر شش، ۱۰ و ۱۸ جدایه مقاومت نشان دادند (مازندرانی و همکاران ۱۳۹۳، ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۲، حسین نژاد و همکاران ۲۰۱۴).

براساس نتایج بدست آمده در این پژوهش، رقم M3 (حاوی ژن‌های *Stb16* و *Stb17*) به تمام جدایه‌ها مقاوم بود که با نتایج حسین نژاد و همکاران(۲۰۱۴)، مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) و مازندرانی و همکاران (۱۳۹۳) مطابقت دارد. بنابراین رقم M3 دارای ژن های مقاومت موثر در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* است که می‌تواند به عنوان یک منبع مقاومت موثر در برنامه‌های اصلاح ارقام جهت مقاومت در برابر STB مورد استفاده قرار گیرد.

سزمبور و همکاران (۲۰۱۱) با بررسی الگوی تعداد ۲۳ جدایه‌ی قارچ عامل بیماری لکه‌برگی سپتوریایی روی ارقام افتراقی نشان دادند که ارقام Cs Synthetic، Veranopolis و Arina به ترتیب با دارا بودن ژن‌های *Stb5*، *Stb2* و *Stb15* مقاوم‌ترین ارقام در برابر جدایه‌های اروپایی بیمارگر بودند. نتایج این پژوهش نشان داد که جدایه‌های مورد بررسی روی بیشتر ژن‌های مقاومت پرآزاری داشته و فقط تعداد معدودی از ژن‌ها، مقاومت موثری در برابر جدایه‌ها د اشتند. ژن‌های *Stb6*، *Stb7*، *Stb11*، *Stb15*، *Stb16* و *Stb17* به یک یا چند جدایه

مقاومت داشتند و بقیه ی ژن‌ها مقاومت نشان ندادند. از بین ارقام افتراقی ارقام M3، Arina ، Riband و TE9111 بیشترین مقاومت را در برابر جدایه‌ها داشتند، بنابراین می توان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاح ارقام برای مقاومت به این بیماری استفاده کرد.

به دلیل اینکه ایران به عنوان مرکز مبداء گندم و قارچ *M. graminicola* محسوب می‌شود (استاکنبروک و همکاران ۲۰۰۷) و عامل بیمارگر و گیاه میزبان از هزاران سال پیش در تعامل و تکامل مستمر بوده‌اند، بنابراین جدایه‌های ایرانی *M. graminicola* با تنوع ژنتیکی بالا و الگوهای پرآزاری متفاوت بر بیشتر ژن‌های *Stb* شناخته شده غلبه کرده و می توانند برای سنجش اثربخشی ژن‌های جدید *Stb* در آینده و برای بررسی مقاومت ژنوتیپ‌های گندم به STB در دیگر مناطق جهان بکار روند. با توجه به اهمیت این بیماری در مناطق مهم کشت گندم کشور به ویژه در استان‌های گلستان، خوزستان و اردبیل، بررسی مداوم تغییرات ژنتیکی جمعیت قارچ عامل بیماری و شناسایی منابع ژنتیک مقاومت دارای ژن‌های مقاومت موثر در برابر جدایه‌های بیمارگر ضروری می‌باشد.

منابع مورد استفاده

دادرضایی س ط، میناسیان و، ترابی م و لطفعلی آینه غ، ۱۳۸۱. اثر آلودگی ناشی از *Septoria tritici* درمراحل مختلف رشد برعملکرد واجزاء عملکرد سه رقم گندم نان. نهال وبذر، جلد ۱۹، شماره ۱. صفحه های ۱۰۱ تا ۱۱۶.

کیا ش و ترابی م، ۱۳۸۷. تاثیر آلودگی به سپتوریوز برگ در مراحل مختلف رشد بر عملکرد و اجزای عملکرد ارقام گندم در گرگان. نهال و بذر، جلد ۲۴. صفحه های ۲۳۷ تا ۲۵۰.

مازندرانی ف ت، مهرابی ر و ملکی م، ۱۳۹۳. اثر بخشی ژن‌های مقاومت به لکه برگی سپتوریایی گندم (*Stb*) در برابر جدایه های *Mycosphaerella graminicola* استان فارس. مجله به نژادی نهال و بذر، جلد ۱-۳۰، شماره ۳. صفحه های ۶۶۹ تا ۶۸۲.

Abrinbana M, Mozafari J, Shams-bakhsh M and Mehrabi R, 2010. Genetic structure of *Mycosphaerella graminicola* populations in Iran. Plant Pathol 59:829 – 838.

Abrinbana M, Mozafari J, Shamsbakhsh M and Mehrabi R, 2012. Resistance spectra of wheat genotypes and virulence patterns of *Mycosphaerella graminicola* isolates in Iran. Euphytica 186: 75-90.

Adhikari TB, Anderson JM and Goodwin SB, 2003. Identification and molecular mapping of a gene in wheat conferring resistance to *Mycosphaerella graminicola*. Phytopathology 93: 1158-1164.

Arraiano LS and Brown JKM, 2006. Identification of isolate-specific and partial resistance to Septoria tritici blotch in 238 European wheat cultivars and breeding lines. Plant Pathology 55, 726 – 738.

Arraiano LS, Chartrain L, Bossolini E, Slatter HN, Keller B and Brown JKM, 2007. A gene in European wheat cultivars for resistance to an African isolate of *Mycosphaerella graminicola*. Plant Pathology 56: 73-78.

Brading PA, Verstappen ECP, Kema GHJ and Brown JKM, 2002. A gene-for-gene relationship between wheat and *Mycosphaerella graminicola*, the *Septoria tritici* blotch pathogen. Phytopathology 92: 439 – 445.

Chartrain L, Brading PA, Makepeace JC and Brown JKM, 2004. Sources of resistance to *Septoria tritici* blotch and implications for wheat breeding. Plant Pathol 53:454 – 460.

Chartrain L, Joaquim P, Berry ST, Arraiano LS, Azanza F and Brown JKM, 2005b. Genetics of resistance to *Septoria tritici* blotch in the Portuguese wheat breeding line TE 9111. Theoritical and Applied Genetics 110: 1138-1144.

Chungu C, Gilbert J and Townley SF, 2001. *Septoria tritici* blotch development as affected by temperature, duration of leaf wetness, inoculum concentration, and host. Plant Dis 85:430 – 435.

Cowger C, Hoffer MJL and Mundt CC, 2000. Specific adaptation by *Mycosphaerella graminicola* to a resistant wheat cultivar. Plant Pathology 49: 445-451.

Czembor PC, Radecka-Janusik M and Mańkowski D, 2011. Virulence spectrum of *Mycosphaerella graminicola* isolates on wheat genotypes carrying known resistance genes to *Septoria tritici* blotch. Journal of Phytopathology 159: 146-154.

Duncan KE and Howard RJ, 2000. Cytological analysis of wheat infection by the leaf blotch pathogen *Mycosphaerella graminicola*. Mycol. Res 104:1074-1082.

Duveiller E, Singh RP and Nicol JM, 2007. The challenges of maintaining wheat productivity: pests, diseases, and potential epidemics. Euphytica 157:417 – 430.

Eyal Z, 1999. The *Septoria tritici* and *Stagonospora nodorum* blotch diseases of wheat. Eur J Plant Pathol 105:629 – 641.

Eyal Z, Scharen AL, Prescott JM and Van Ginkel M, 1987. The Septoria Disease of Wheat . Concepts and Methods of Disease Management. Mexico, D. F. CIMMYT 52 p.

Fraaije BA, Cools HJ, Kim SH, Motteram J, Clark WS and Lucas JA, 2007. A novel substitution I381 V in the sterol 14 alpha-demethylase (CYP51) of *Mycosphaerella graminicola* is differentially selected by azole fungicides. Mol Plant Pathol 8:245 – 254.

Fraaije BA, Lucas JA, Clark WS and Burnett, FJ, 2003. QoI resistance development in populations of cereal pathogens in the UK. Farnham: British Crop Protection Council.

Hosseinnezhad A, Khodarahmi M, Rezaee S, Mehrabi R and Roohparvar R, 2014. Effectiveness determination of wheat genotypes and Stb resistance genes against Iranian *Mycosphaerella graminicola* isolates. Arch Phytopathol Plant Prot 47:2051–2069

Kema CHJ, Verstappen ECP and Waalwijk G, 2000. A virulence in the wheat *Septoria tritici* leaf blotch fungus *Mycosphaerella graminicola* is controlled by a single locus. Molecular Plant-Microbe Interactions 13: 1375 – 1379.

Kema GHJ, Annone JG, Sayoud R, Van Silfhout CH, Van Ginkel M and De Bree J, 1996. Genetic variation for virulence and resistance in the wheat- *Mycosphaerella graminicola* pathosystem. I. Interactions between pathogen, isolates and host cultivars. Phytopathology 86:200 – 212.

Kema GHJ, Yu D, Rijkenberg FHJ, Shaw MW and Baayen RP, 1996. Histology of the pathogenesis of *Mycosphaerella graminicola* in wheat. Phytopathology 86:777-786.

Leroux P, Albertini C, Gautier A, Gredt M and Walker AS, 2007. Mutations in the CYP51 gene correlated with changes in sensitivity to sterol 14 alpha-demethylation inhibitors in field isolates of *Mycosphaerella graminicola*. Pest Manage Sci 63:688 – 698.

Mehrabi R, Makhdoomi A and Aghaie MJ, 2015. Identification of New Sources of Resistance to Septoria tritici blotch caused by *Zymoseptoria tritici*. Journal of Phytopathology 163: 84–90.

Moldovan V, Moldovan M and Kadar R, 2005. Assesment of winter wheat cultivars for resistance to Fusarium heat blight. Annual Wheat New letter 51: 97-98.

Palmer CL and Skinner W, 2002. *Mycosphaerella graminicola*: latent infection, crop devastation and genomics. Molecular Plant Pathology 3: 63-70.

Quaedvlieg W, Kema GHJ, Groenewald JZ, Verkley GJM, Seifbarghi S, Razavi M, Mirzadi Gohari A, Mehrabi R and Crous PW, 2011. *Zymoseptoria* gen. nov.: a new genus to accommodate *Septoria*-like species occurring on graminicolous hosts. Persoonia 26: 57–69.

Simón MR, Cordo CA, Castillo NS, Struik PC and Börner A, 2012. Population Structure of *Mycosphaerella graminicola* and location of genes for resistance to the pathogen: recent advances in Argentina. Int J Agron 2012:1 – 7.

Stukenbrock EH, Banke S, Javan-Nikkhah M and McDonald BA, 2007. Origin and domestication of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola* via sympatric speciation. Mol Biol Evol 24:398 – 411.

Tabib Ghaffary SM, Faris JD, Friesen TL, Visser RG, van der Lee TA, Robert O and Kema GH, 2012. New broad-spectrum resistance to *Septoria tritici* blotch derived from synthetic hexaploid wheat. Theorytical and Applied Genetics 124: 125-142.

Villegas-Fernandez AM, Sillero JC and Rubiales D, 2011. Screening faba bean for chocolate spot resistance: evaluation methods and effects of age of host tissue and temperature. European Journal of Plant Pathology 132: 443-453.

Wiese MV, 1991. Compendium of wheat diseases. 2nd ed. APS Press, Minnesota, USA.112pp

Zhang X, Haley SD and Jin Y, 1999. Diallel Analysis of *Septoria tritici* blotch Resistance in Winter Wheat. Pp. 56–58. In: van Ginkel M, McNab A and Krupinsky J, (eds.), Septoria and Stagonospora Diseases of Cereals: A Compilation of Global Research. CIMMYT, Mexico D.F .

Effectiveness of Resistance Genes to *Septoria tritici* Blotch (*Stb*) in Differential Cultivares of Wheat against *Zymoseptoria tritici* Isolates

Shaban Kia[1], Kamran Rahnama[1*], H Soltanloo[2], V Babaeizad[3] and MA Aghajani[4]

[1] Ph.D. Student of Plant Pathology and Associate Professor, Respectively, Department of Plant Protection, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan-Iran,
[2] Associate Professors, Department of Plant Breeding & Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan-Iran,
[3]Associate Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Crop Sciences, University of Agricultural Sciences & Natural Resources, Sari-Iran
[4]Research Associate Professor, Division of Plant Protection Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran.
*Corresponding author: Kamranrahnama1995@gmail.com

Received: 23 October 2016 Accepted: 7 June 2017

Abstract

Septoria leaf blotch (STB) disease, caused by *Zymoseptoria tritici*, is one of the most important diseases of wheat in all over the world and Iran. Genetic resistance is the most important and economical strategy to control this disease. Continuous monitoring of the fungus populations is indispensable to study the efficiency of *Stb* resistant genes. In this study, virulence pattern of five different isolates on differential cultivars of wheat with resistance genes and the effectiveness of these genes against isolates were studied at seedling stage under greenhouse conditions. The results showed that BK94 and BK56 were the most and the least virulent isolates on differential cultivars, respectively. M3 and Arina were resistant to all isolates. TE9111, Riband and Flame were resistant to three, two and two isolates, respectively. The other differential cultivars were susceptible against the tested isolates. Among the *Stb* genes, *Stb15*, *Stb16* and *Stb17* were the most effective resistance genes to all isolates, therefore they can be used as resistance sources to STB in breeding programs in Iran.

Keywords: Differential cultivars, Virulence, STB, AUDPC, *Zymoseptoria tritici.*