# بررسی مقاومت گیاهچه‌ای در ژرم‌پلاسم گندم سیمیت (CIMMYT) نسبت به نژادهای قارچ *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*

علی عمرانی[1*]، منوچهر خدارحمی[2] و رامین روح‌پرور[3]

۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مغان، ایران.

۲- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

۳- استادیار بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی آذربایجان‌شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران.

*نویسنده مسئول: ali_omrani90@yahoo.com

تاریخ دریافت: ۹۸/۱۰/۲۹ تاریخ پذیرش: ۹۹/۵/۲۶

**چکیده**

زنگ ساقه یا سیاه با عامل قارچی (*Pgt*) *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* یکی از خسارت‌زاترین بیماری‌های گندم در جهان و از جمله ایران به‌شمار می‌رود. بررسی پرآزاری (Virulence) عامل بیماری بر روی ژن‌های مقاومت گندم، شناسایی منابع مقاومت به زنگ ساقه و تعیین ژن‌های مقاومت موثر موجود در ژنوتیپ‌های مقاوم، از ملزومات استفاده از مقاومت ژنتیکی (تولید ارقام مقاوم) به‌عنوان کارآمدترین و سالم‌ترین روش کنترل این بیماری محسوب می‌شود. در این پژوهش، مقاومت گیاهچه‌ای ۳۰ ژنوتیپ گندم تولید شده در مرکز سیمیت (CIMMYT) معرفی شده به‌عنوان منابع مقاومت به زنگ ساقه، نسبت به شش نژاد متفاوت *Pgt* در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار مورد بررسی قرار گرفت. ابتدا جدایه‌های قارچ مورد استفاده در گلخانه‌های زنگ بخش غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تعیین نژاد شدند و پرآزاری آن‌ها روی ژن‌های مقاومت به زنگ ساقه موجود در مجموعه ارقام افتراقی شناسایی گردید. بر همین اساس نژادها به‌صورت TKTTF، TTTTF، PKSTC، TTRTF، TKSTF و PTRTF تعیین گردیدند. ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های *Sr22*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr33* و *Sr40* با ایجاد واکنش مقاومت نسبت به تمام نژادهای مورد مطالعه قارچ بیمارگر، به‌عنوان ارقام افتراقی دارنده‌ی ژن‌های مقاومت موثر معرفی می‌گردد. اجزای مقاومت ژنتیکی اندازه‌گیری شده در شرایط گلخانه برای غربال ژنوتیپ‌های مقاوم شامل تیپ آلودگی و دوره‌ی کمون بود. نتایج حاصل از بررسی اجزای مقاومت ژنتیکی، وجود تنوع فنوتیپی در واکنش ژنوتیپ‌ها نسبت به نژادهای زنگ ساقه را نشان داد. از ژنوتیپ‌های مقاوم شناسایی شده در این مطالعه (ژنوتیپ‌های شماره ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۵، ۲۶، ۲۷، ۲۸ و ۲۹) می‌توان به‌عنوان منابع دارنده‌ی مقاومت گیاهچه‌ای در برنامه‌های ملی به‌نژادی گندم برای مقاومت ژنتیکی به زنگ ساقه در اقلیم‌های مختلف کشور استفاده نمود.

**واژه‌های کلیدی**: پرآزاری، تنوع فنوتیپی، زنگ سیاه یا ساقه، ژنوتیپ، منابع مقاومت گیاهچه‌ای.

**مقدمه**

گندم یکی از منابع اصلی و عمده‌ی تامین پروتئین و کالری دریافتی روزانه‌ی مردم در سرتاسر جهان به‌ویژه در کشورهای کمتر توسعه یافته به‌شمار می‌رود. در سال-های اخیر متوسط تولید کل سالیانه گندم در جهان حدود ۷۲۲ میلیون تن و تولید آن در ایران نیز به‌طور متوسط حدود ۱۲/۵ میلیون تن بوده است (FAO, 2018).

با توجه به محدودیت‌های مرتبط با توسعه سطح زیرکشت گندم و پایین بودن میانگین عملکرد گندم در اکثر مناطق کشور، افزایش عملکرد می‌تواند یکی از راهکارهای عملی برای پاسخگویی به نیازهای کشور باشد. افزایش

عملکرد محصول در واحد سطح از یک دیدگاه می‌تواند مرتبط با افزایش پتانسیل عملکرد و از سوی دیگر به کاهش میزان خسارت‌های حاصل از تنش‌های زنده و غیرزنده مرتبط گردد. طبق آمارهای جهانی، سالیانه به‌طور متوسط بیش از ۱۵ درصد از محصولات کشاورزی توسط عوامل بیماری‌زای گیاهی از بین می‌روند که با توجه به حجم تولید محصولات، مقدار بسیار قابل توجهی می‌باشد. تولید گندم نیز همانند سایر محصولات کشاورزی از این امر مستثنی نبوده و در طول دوره‌ی رشد تحت تاثیر انواع تنش‌های زنده و غیرزنده قرار می‌گیرد و سالیانه حدود ۱۳ تا ۱۵ درصد محصول گندم تولیدی در جهان توسط عوامل بیماری‌زا از بین می‌رود (Agrios, 2005).

از میان تنش‌های زنده، زنگ‌ها (زنگ زرد، سیاه و قهوه‌ای) با عوامل قارچی از گسترده‌ترین و خسارت‌زاترین بیماری‌های گندم به‌شمار می‌روند (Singh *et al*., 20015). از این رو محققین همیشه به‌دنبال معرفی ارقام گندم با پتانسیل تولیدی بالا و پایداری عملکرد تحت شرایط تنش‌های محیطی و مقاومت به بیماری‌ها و آفات می‌باشند.

بیماری زنگ سیاه یا زنگ ساقه‌ی گندم *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (*Pgt*) از زمان‌های بسیار دور یکی از مشکلات عمده‌ی گندمکاران در بسیاری از مناطق جهان بوده است (Singh *et al*., 2011). دو گونه گندم نان و دوروم میزبان‌های اصلی و بسیاری از گرامینه‌ها از جمله جو و تریتیکاله و گاهی چاودار نیز میزبان‌های ثانویه‌ی عامل زنگ ساقه‌ی گندم محسوب می‌شوند. اخیرا در کانادا نژادهای جدیدی از زنگ ساقه با پرآزاری بیشتر روی یولاف شناسایی شده است (Fetch *et al*., 2018). قارچ بیمارگر زنگ ساقه از زنگ‌های بلند چرخه[1]و دارای میزبان حد واسط (گونه‌های مختلف زرشک) می‌باشد. این قارچ با داشتن میزبان واسط دارای سازوکار نوترکیبی جنسی بوده و به‌مراتب نژادهای جدید بیشتری تولید می‌نماید (Leonard and Szabo, 2005).

بیماری زنگ ساقه‌ی گندم در صورت مساعد بودن شرایط محیطی و وجود میزبان‌های حساس و استقرار بیمارگر در زمان مناسب می‌تواند به‌صورت همه‌گیری در یک منطقه ظاهر شده و خسارت سنگینی (در حد نابودی کامل) را به تولید گندم وارد نماید. همه‌گیری‌های زنگ ساقه بین سال‌های ۱۹۱۹ تا ۱۹۵۵ یکی از شدیدترین و در عین حال آخرین همه‌گیری‌های زنگ ساقه در قاره آمریکای شمالی بود که باعث نابودی حدود ۴۰ درصد از گندم‌های بهاره و ۸۰ درصد از گندم‌های دوروم تولید شده گردید (Singh *et al*., 2008). در ایران نیز عامل بیماری زنگ ساقه خسارت فراوانی به محصول گندم در سال‌های ۱۳۴۳، ۱۳۴۵ ،۱۳۵۵، ۱۳۷۲، ۱۳۷۳ و ۱۳۷۴ در مناطق مختلف به‌ویژه در مناطق شمالی و جنوبی کشور وارد کرده است (Bamdadyan and Torabi, 1999; Sharif *et al*., 1970).

استفاده از ژن‌های مقاومت موثر نسبت به زنگ ساقه در برنامه‌های به‌نژادی گندم و انتقال آن‌ها به ارقام زراعی باعث کاهش چشم‌گیر خسارت و حتی ایجاد تصور ریشه‌کنی قریب‌الوقوع این بیماری شد؛ اما در سال‌های ۱۹۹۳ و ۱۹۹۴ در کشور اتیوپی همه‌گیری شدیدی ناشی از حساسیت رقم رایج گندم انکوی (Enkoy) نسبت به نژادهای جدید بیمارگر زنگ ساقه موجود در منطقه اتیوپی، ظاهر گردید. در سال ۱۹۹۸ نژاد جدیدی از زنگ ساقه در اوگاندا مشاهده شد که روی ژن مقاومت *Sr31* پرآزاری[2]داشت (Pretorius *et al*. 2000). این نژاد که متاثر از اولین گزارش آن در سال ۱۹۹۹، Ug99 نام گرفت، به‌عنوان نژاد TTKSK مورد شناسایی قرار گرفت. نژاد Ug99 در سال ۲۰۰۷ وارد ایران شد (Nazari *et al*., 2009). این نژاد می‌تواند از بخش‌های شرقی ایران به کشورهای آسیای مرکزی و شبه قاره هند گسترش یابد که در این صورت تولید گندم در جهان با تهدید بسیار جدی مواجه می‌گردد (Singh *et al*., 2011).

بررسی ژنتیک بیماری‌زایی در قارچ‌های عامل زنگ‌های گندم و شناسایی منابع مقاومت و ژن‌های مقاومت در

[1]- Macrocyclic

[2] Virulence

میزبان و انتقال آن‌ها به ارقام زراعی و هرمی نمودن این ژن‌ها در ژرم‌پلاسم سازگار به‌منظور تولید ارقام مقاوم پایدار از راهکارهای اصلی برای کنترل نژادهای جدید بیمارگرهای عامل زنگ‌های گندم می‌باشد.

در اتیوپی ۲۳ رقم تجاری گندم نان و ۱۴ رقم گندم دوروم نسبت به نژاد TTKSK در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و گیاه کامل ارزیابی شدند که تنها دو رقم گندم نان واکنش مقاومت کامل و دو رقم نیز واکنش نیمه مقاوم تا نیمه حساس را در مرحله‌ی گیاهچه‌ای نشان دادند. از ارقام دوروم چهار رقم واکنش حساسیت در مرحله‌ی گیاهچه‌ای نشان دادند. در بررسی واکنش مرحله‌ی گیاه کامل نیز بجز تعداد معدودی که واکنش نیمه مقام تا نیمه حساس نشان دادند، اکثرا دارای واکنش حساسیت بودند (Denbel *et al*., 2013).

در اتیوپی واکنش مقاومت ۲۰ رقم از برنامه‌ی به‌نژادی گندم نسبت به زنگ ساقه توسط چهار نژاد(Ug99) TTKSK، TRTTF، TTTTF و JRCQC مورد ارزیابی قرار گرفت. براساس نتایج، از بین ارقام مورد ارزیابی ۱۶ رقم نسبت به نژاد TTKSK، ۱۹ رقم به نژاد TRTTF، ۱۶ رقم به نژاد TTTTF و ۱۸ رقم نیز به نژاد JRCQC واکنش مقاومت نشان دادند (Letta, 2018).

در دهه‌ی اخیر نژادهای TKTTF و TTTTF با ایجاد خسارت‌های فراوان در حال گسترش در سطح جهان می‌باشند (Singh *et al*., 2015). گسترش نژادهای *Pgt* فوق در بسیاری از مناطق اروپا به‌ویژه در انگلستان بسیار چشم‌گیر بوده و با توجه به شرایط اقلیمی این مناطق بیم آن وجود دارد که همه‌گیری‌های وسیع زنگ ساقه در سال‌های پیش‌رو رخ دهد چراکه بررسی‌های انجام شده نشان داد تنها حدود ۲۰ درصد ژنوتیپ‌های گندم موجود در این کشور دارای مقاومت موثر نسبت به زنگ ساقه هستند و بقیه ژنوتیپ‌های گندم در این بررسی‌ها واکنش حساسیت نشان داده‌اند (Lewis *et al*., 2018).

در تحقیق دیگری در آلمان، ارزیابی ۱۵ رقم بهاره و ۸۲ رقم زمستانه‌ی گندم نسبت به ۱۳ نژاد بیمارگر زنگ ساقه در مرحله‌ی گیاهچه‌ای نشان داد که تنها چهار رقم نسبت به همه نژادها مقاوم می‌باشند (Flath *et al*., 2018).

از آنجا که استفاده از منابع مقاومت وارد شده از مراکز بین‌المللی در برنامه‌های ملی به‌نژادی گندم، پس از تایید واکنش مقاومت آن‌ها نسبت به نژادهای فعال عوامل زنگ‌ها در داخل کشور منطقی به‌نظر می‌رسد، در تحقیق حاضر، واکنش مقاومت ۳۰ ژنوتیپ گندم تولید شده در مرکز بین‌المللی اصلاح ذرت و گندم سیمیت[1]که به‌عنوان منابع مقاومت به زنگ‌ها وارد کشور شده بودند، نسبت به نژادهای متفاوت از نظر الگوی بیماری‌زای عامل زنگ ساقه‌ی گندم که از اقلیم‌های مختلف کشور جمع‌آوری شده بودند، مورد بررسی قرار گرفت.

## مواد و روش‌ها

در سال زراعی ۹۵-۱۳۹۴ به‌منظور تعیین الگوی پرآزاری و ناپرآزاری شش جدایه زنگ ساقه جمع‌آوری شده از اقلیم‌های گرم و مرطوب شمال، گرم و خشک جنوب و اقلیم سرد (جدول ۱) بر روی ژن‌های مقاومت به زنگ ساقه و تعیین نژاد جدایه‌ها از دو مجموعه ارقام استاندارد و افتراقی شامل مجموعه اصلی۲۰تایی آمریکای شمالی دریافتی از سیمیت و مجموعه ۴۵تایی تکمیلی دریافتی از ایکاردا (جهت تایید واکنش مجموعه ۲۰تایی آمریکایی و تعیین واکنش سایر ژن‌ها) استفاده گردید. تمامی آزمایش‌ها در گلخانه‌ی زنگ سیاه بخش تحقیقات غلات موسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج انجام شدند. واکنش گیاهچه‌ای ۳۰ ژنوتیپ گندم تولید شده در مرکز سیمیت نسبت به شش جدایه تعیین نژاد شده قارچ *Pgt* در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار مورد بررسی قرار گرفت. شجره‌ی هر یک از ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی در جدول ۲ ارایه شده است.

پژوهشگران در شناسایی نژاد و تعیین فرمول ناپرآزاری/ پرآزاری جدایه‌های زنگ‌ها همواره سعی دارند از لاین‌های گندمی که حامل تک ژن مقاومت اختصاصی

[1]- CIMMYT: The International Maize and Wheat Improvement Center

هستند (لاین‌های ایزوژن[1]) استفاده کنند. هر یک از لاین‌های ایزوژن از نظر تک ژن مقاومت منحصر به فرد موجود در آنها از لحاظ ژنتیکی با یکدیگر متفاوتند. در صورت به‌کارگیری لاین‌های ایزوژن، تعیین موثر یا غیرموثر بودن ژن‌های مقاومت در برابر نژادهای زنگ‌ها به‌طور دقیق آشکار می‌گردد (Jin *et al*., 2008). لاین‌های ایزوژن برای تعیین نژاد جدایه‌های زنگ زرد تقریبا تولید شده و در دسترس محققین قرار دارند، در صورتی که چنین لاین‌هایی برای تعیین نژاد جدایه‌های زنگ سیاه و زنگ قهوه‌ای به‌تعداد محدودتری موجود می‌باشند.

کاشت ژنوتیپ‌ها شامل ارقام استاندارد و افتراقی زنگ ساقه و ژنوتیپ‌های مورد بررسی تولید شده در سیمیت در مخلوط خاک مناسب مزرعه و پیت‌ماس به نسبت ۲:۱ در داخل گلدان‌های به قطر ۱۰ سانتی‌متر به تعداد هشت بذر از هر ژنوتیپ انجام شده و گیاهچه‌های هفت روزه با زادمایه‌ی نژادهای قارچ مایه‌زنی شدند.

هر یک از جدایه‌های قارچ پس از جداسازی، خالص سازی، تک جوش شدن، به‌طور جداگانه با استفاده از سوسپانسیون یوردینیوسپور خالص در روغن سالترول ۱۷۰ بر روی گیاهچه‌ها مایه‌زنی شدند. پس از مایه‌زنی، گیاهچه‌ها به‌مدت ۲۴ ساعت در اتاق کاملا تاریک با دمای ۱۸ درجه‌ی سانتی‌گراد و شرایط رطوبتی در حد اشباع قرار گرفتند. سپس گیاهچه‌های مایه‌زنی شده به گلخانه با دمای ۲۴ درجه‌ی سانتی‌گراد و رطوبت نسبی ۶۵ درصد با تناوب نوری ۱۶ ساعت روشنایی (با شدت نوری ۱۶۰۰۰ لوکس) انتقال داده شدند.

در همه‌ی آزمایش‌های بررسی مقاومت گیاهچه‌ای ژنوتیپ‌های تولیده شده در مرکز سیمیت نسبت به نژادهای عامل زنگ ساقه، ارقام و لاین‌های افتراقی زنگ ساقه نیز به‌طور جداگانه برای هر آزمایش به‌عنوان شاهد جهت تایید نژاد به‌کار گرفته شده، مورد استفاده قرار گرفتند.

اجزای ژنتیکی مقاومت شامل تیپ آلودگی گیاهچه‌ای و دوره‌ی کمون برای غربال کردن ژنوتیپ‌های گندم در شرایط گلخانه‌ای اندازه‌گیری گردید. برای اندازه‌گیری صفت دوره‌ی کمون یا نهان بیماری (مدت زمان بین مایه‌زنی تا ظهور اولین جوش‌های زنگ بر روی برگ‌ها) از حلقه‌های پلاستیکی رنگی متفاوت برای روزهای مختلف تا ۱۴ روز بعد از مایه‌زنی استفاده شد. بررسی تیپ آلودگی ژنوتیپ‌ها ۱۴ روز پس از مایه‌زنی با یادداشت برداری از واکنش گیاهچه‌ها نسبت به نژادهای زنگ ساقه با استفاده از مقیاس تغییر یافته صفر تا چهار مک‌اینتاش و همکاران (McIntosh *et al*., 1995) انجام گرفت. مقادیر عددی ۲-۰ با تظاهر ژنی ناپرآزاری به‌عنوان تیپ آلودگی پایین، مقادیر ۴-۳ با تظاهر ژنی پرآزاری به‌عنوان تیپ آلودگی بالا و مقادیر عددی بین این دو گروه به‌عنوان تیپ‌آلودگی نیمه مقاومت در نظر گرفته شدند.

فرمول ناپرآزاری و پرآزاری و شناسایی نژاد براساس روش جین و همکاران (Jin *et al*., 2008) تعیین گردید. در این سیستم شناسایی و نام‌گذاری نژاد، پنج خانواده ژنی وجود دارد که هر خانواده شامل چهار ژن می‌باشد که هر یک حامل تک ژن مقاومت به زنگ ساقه می‌باشند. نام‌گذاری با توجه به نوع آلودگی (بالا یا پایین) برای اعضا هر یک از گروه‌ها، برای هر ترکیب پرآزاری/ ناپرآزاری در یک خانواده ژنی (سری ژنی) یک حرف انگلیسی از حرف B تا T در نظر گرفته می‌شود که مجموعا۱۶ حالت ممکن تعیین شده است. وجود پنج خانواده ژنی سبب شده تا برای هر نژاد یک نام پنج حرفی ایجاد شود.

لازم به ذکر است در آزمایش‌های تعیین نژاد، تیپ‌آلودگی نیمه مقاومت به‌عنوان ناپرآزاری در نظر گرفته شد در حالی که در بررسی مقاومت گیاهچه‌ای، ژنوتیپ‌های مورد بررسی به‌صورت گروه مجزا در نظر گرفته می‌شود.

برای تجزیه و تحلیل داده‌های مربوط به بررسی مقاومت گیاهچه‌ای ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه به‌علت انجام آزمایش‌ها در زمان‌های مختلف از تجزیه واریانس مرکب استفاده شد. هر جدایه معادل محیط در تجزیه

[1] Isogenic lines

واریانس مرکب در نظر گرفته شد. به‌منظور بررسی نرمال بودن توزیع انحرافات برای صفات مورد مطالعه

**جدول ۱- مشخصات محل جمع‌آوری جدایه‌های زنگ ساقه به تفکیک استان، شهر و اقلیم اکولوژیکی مربوطه**

**Table 1- Specifications of the location of collection of stem rust isolates by province, town and relevant ecological climate**

| کد جدایه<br>Isolate code | استان<br>Province | شهر<br>Town | اقلیم اکولوژیکی<br>Ecological zone |
|---|---|---|---|
| 94-1 | گلستان<br>Golestan | گرگان<br>Gorgan | اقلیم گرم و مرطوب شمال<br>Northern Warm and Humid Zone |
| 94-3 | خوزستان<br>Khozestan | اهواز<br>Ahvaz | اقلیم گرم و خشک جنوب<br>Southern Warm and Dry Zone |
| 94-15-1 | مازندران<br>Mazandaran | کلاردشت<br>Kelardasht | اقلیم گرم و مرطوب شمال<br>Northern Warm and Humid Zone |
| 94-22 | آذربایجان شرقی<br>East Azarbaijan | سمیران- هوراند<br>Samiran- horand | اقلیم سرد<br>Cold Zone |
| 94-31 | آذربایجان غربی<br>West Azarbaijan | اشنویه–نقده<br>Oshnavieh–Naghadeh | اقلیم سرد<br>Cold Zone |
| 94-50-1 | آذربایجان شرقی<br>East Azarbaijan | کلیبر–اهر<br>Kaleibar-Ahar | اقلیم سرد<br>Cold Zone |

**جدول ۲- مشخصات شجره‌ی ژنوتیپ‌های گندم تولید شده در مرکز سیمیت (CIMMYT)**

**Table 2- Pedigree characteristics of wheat genotypes produced in CIMMYT center**

| No. | Pedigree شجره |
|---|---|
| 1 | BEZOSTAYA |
| 2 | JI5418/MARAS//KAMB1*2/KUKUNA |
| 3 | SPARTANKA*2/4/SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ |
| 4 | BONITO-36/BILINMIYEN96.55 |
| 5 | SKIPHYANKA*2//WBLL1*2/KUKUNA |
| 6 | N87V107/BETTY/4/ID800994W/VEE//F900K/3/PONY/OPATA |
| 7 | KS96WGRC39/JAGGER/3/ABI 86*3414/X84W063-9-39-2//KARL92 |
| 8 | AGRI/NAC//ATTILA/3/DORADE-6 |
| 9 | F885K1.1/SXL/3/OMBUL/A1AMO//MV11/4/BONITO-36 |
| 10 | AGRI/NAC//ATTILA/4/ERIT58-87//KS82W409/SPN/3/KRC66/SERI |
| 11 | JCAM/EMU//DOVE/3/JGR/4/THK/5/ATAY/GALVEZ87/6/BLOYKA |
| 12 | PRL/2*PASTOR//N566/OK94P597(OK03522) |
| 13 | SAULESKU #44/TR810200//IZGI |
| 14 | 87-461 A 63-555/4/ERIT58-87//KS82W409/SPN/3/KRC66/SERI |
| 15 | MV-PANTALIKA |
| 16 | ATTILA*2/PASTOR//OK95553/OK92403(OK03318)/3/KS970274 |
| 17 | SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/NALIM-3/5/ATAY/GALVEZ87 |
| 18 | ALPU01/4/338-K1-1//ANB/BUC/3/KIRGIZ |
| 19 | SPARTANKA/KUKUNA |
| 20 | MERC/4/BJY/COC//PRL/BOW/3/FRTL/5/MRS/CI14482//YMH/HYS/3/H84160/4/RMN//F12.71/JUP |
| 21 | SHARK/F4105W2.1//AUS 4930.7/2*PASTOR/3/ORKINOS-1 |
| 22 | KAMBARA1/KALYOZ-17 |
| 23 | YUBILEINAYA75/3/AGRI/BJY//VEE/4/SAULESKU #26/PARUS |
| 24 | F02150G6-102 |
| 25 | ES14/SITTA//AGRI/NAC/3/MV18-2000/4/PYN/BAU |
| 26 | 87-461 A 63-555//SAULESKU #26/PARUS/3/AGRI/NAC//ATTILA |
| 27 | ZCL/3/PGFN//CNO67/SN64/4/SERI/5/UA.2837/6/ATTILA/3*BCN/7/ZARGANA-6 |
| 28 | 87-461 A 63-555//SAULESKU #26/PARUS/3/BONITO-36 |
| 29 | DORADE-5/3/SHI#4414/CROWS"//GK SAGVARI/CA8055 |
| 30 | WIM930363/OR9900553 |
| 31 | Morocco (Susceptible control) |

آزمون‌های شاپیرو ویلک و کلموگراف اسمیرنوف استفاده شد. توزیع خطاهای درون گروهی از روند خاصی پیروی نکرد،بنابراین فرض یکنواختی واریانس درون گروه‌ها صادق بود. داده‌ها با اعمال تبدیل جذری نرمال گردید. برای تعیین روابط در پاسخ ژنوتیپ‌های گندم نسبت به نژادهای زنگ ساقه، با استفاده از اجزای مقاومت اندازه-گیری شده از تجزیه خوشه‌ای به روش Ward استفاده شد.

برای انجام تجزیه واریانس مرکب طرح‌های آزمایشی از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۳، Excel نسخه ۲۰۱۳ و برای انجام تجزیه خوشه‌ای از نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ و برای آزمون نرمال بودن توزیع انحرافات از نرم‌افزار Minitab نسخه ۱۶ استفاده شد.

## نتایج و بحث

### تعیین نژاد و شناسایی پرآزاری جدایه‌های *P.graminis* f. sp. *tritici* بر روی ژن‌های مقاومت *Sr*

با توجه به مقادیر عددی ارزش‌های تعیین شده برای تیپ آلودگی و در نتیجه پایین یا بالا بودن تیپ آلودگی بر روی هر یک از ارقام استاندارد و افتراقی بین‌المللی زنگ ساقه مورد استفاده در این تحقیق، براساس مقیاس تغییر یافته‌ی صفر تا چهار مک‌اینتاش و همکاران (McIntosh *et al*., 1995) جدایه‌ی مربوط به منطقه‌ی گرگان با کد 1-94 (اقلیم گرم و مرطوب شمال) به‌عنوان نژاد TKTTF، جدایه‌ی مربوط به منطقه‌ی اهواز با کد 3-94 (اقلیم گرم و خشک جنوب) به‌عنوان نژاد TTTTF، جدایه‌ی مربوط به منطقه‌ی کلاردشت با کد 1-15-94 (اقلیم گرم و مرطوب شمال) به‌عنوان نژاد PTRTF، جدایه‌ی متعلق به منطقه‌ی سمیران–هوراند، اشنویه–نقده و کلیبر–اهر با کدهای 94-22، 31-94 و 1-50-94 (اقلیم سرد) به‌ترتیب به‌عنوان نژادهای PKSTC، TTRTF و TKSTF شناسایی شدند. اطلاعات مربوط به تعیین ژنتیک بیماری‌زایی جدایه‌های مورد استفاده در این پژوهش شامل کارایی هر یک از ژن-های مقاومت *Sr* در برابر این جدایه‌ها به‌صورت الگوی ژنی غیرموثر/موثر در جدول ۳ ارایه شده است.

براساس نتایج حاصل از واکنش ارقام استاندارد و افتراقی گندم حامل ژن‌های مختلف مقاومت به زنگ ساقه (*Sr*) نسبت به نژادهای قارچ (*Pgt*)، همه نژادهای مورد بررسی بر روی ژن‌های *Sr5*، *Sr6*، *Sr7b*، *Sr8a*، *Sr8b*، *Sr9a*، *Sr9b*، *Sr9d*، *Sr9e*، *Sr9g*، *Sr10*، *Sr12*، *Sr14*، *Sr15*، *Sr16*، *Sr17*، *Sr18*، *Sr19*، *Sr20*، *Sr23*، *Sr28*، *Sr34*، *Sr36*، *Sr37*، *SrTmp* و *SrMcN* (۲۶ ژن مقاومت) پرآزاری داشتند در صورتی که بر روی ژن‌های *Sr22*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr33* و *Sr40* (هفت ژن مقاومت) ناپرآزاری نشان دادند. ژن‌های مذکور به‌عنوان ژن‌های مقاومت موثر در برابر نژادهای مورد بررسی معرفی می‌گردند. ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr11* در برابر نژادهای TKTTF، PKSTC و TKSTF واکنش مقاومت و در برابر سایر نژادهای مورد مطالعه واکنش حساسیت نشان دادند. ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های *Sr13*، *Sr27*، *Sr39* در برابر همه نژادهای مورد مطالعه بجز PTRTF واکنش مقاومت نشان دادند. ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr7a* در برابر نژاد PTRTF، ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr21* در برابر نژادهای PKSTC و PTRTF، ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr25* در برابر نژادهای PKSTC، TTRTF و TKSTF، ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr29* در برابر نژاد PKSTC، ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr30* در برابر نژاد TTRTF، ژنوتیپ-های حامل ژن *Sr35* در برابر نژادهای TKTTF و PKSTC و ژنوتیپ‌های حامل ژن *Sr38* در برابر نژاد PKSTC واکنش مقاومت نشان دادند.

فچ و همکاران (Fetch *et al*., 2020) در پژوهشی ساختار جمعیت نژادهای *Pgt* موجود در سه منطقه کانادا را با استفاده از دو مجموعه ارقام استاندارد و افتراقی شامل مجموعه اصلی۲۰تایی آمریکای شمالی و ژنوتیپ-های افتراقی تکمیلی مورد مطالعه قرار دادند. نژادهای شناسایی شده شامل QFCSC، MCCFC، QTHJF، RFCSC، RKQSC وTMRTF بودند. نتایج تحقیق آنها نشان داد که نژادهای فوق روی ژن‌های *Sr5*، *Sr8a*، *Sr9a*، *Sr9d*، *Sr9g*، *Sr10*، *Sr17*، *Sr21* و *SrMcN* بیشترین پرآزاری و روی ژن-های *Sr6*، *Sr7b*، *Sr9b*، *Sr9e*، *Sr10*، *Sr11*، *Sr24*، *Sr30*، *Sr31*،

*Sr36*، *Sr38* و*SrTmp* کمترین میزان پرآزاری را نشان دادند. همچنین نژادهای فوق روی ژن‌های *Sr7a*، *Sr8b*، *Sr12*، *Sr14*، *Sr15*، *Sr16*، *Sr18*، *Sr20*، *Sr28*، *Sr34* و*Sr35* موجود در مجموعه ژنوتیپ‌های افتراقی تکمیلی نیز پرآزاری نشان دادند.

فعالیت‌های مربوط به جمع‌آوری نمونه در مناطق مختلف اقلیم سرد نشان داد که بیماری زنگ ساقه در این اقلیم به‌طور قابل ملاحظه‌ای بر روی میزبان گندم گسترش یافته است. یکی از دلایل گسترش زنگ ساقه در اقلیم سرد کشور را می‌توان به وقوع تغییرات اقلیمی و گرم شدن جهانی کره زمین نسبت داد که در مناطق مختلف مربوط به این اقلیم هم‌زمان با شروع فعالیت قارچ عامل بیماری در اواخر فصل با دمای بالای مناسب برای گسترش آلودگی مصادف شده است. بنابراین به‌منظور تولید ارقام مقاوم به زنگ ساقه برای اقلیم سرد، اطلاعات مربوط به نژادهای موجود بیمارگر در این اقلیم می‌تواند برای پژوهشگران بیماری‌شناسی و به‌نژادی گندم کشور بسیار ارزشمند و کاربردی باشد. از آن‌جا که در گذشته زنگ ساقه‌ی گندم از اهمیت کمتری در اقلیم سرد برخوردار بود، به‌نظر می‌رسد که همین امر سبب غفلت در تدوین و اجرای پژوهش‌های مربوط به افزایش مقاومت به بیماری و وارد کردن ژن‌های مقاومت موثر به زنگ ساقه در ژنوتیپ‌های مطلوب متعلق به این اقلیم شده، و از این رو در سال‌های اخیر شاهد گسترش تدریجی بیماری در اقلیم سرد می‌باشیم.

**مقاومت ژنوتیپ‌های گندم نسبت به زنگ ساقه در مرحله گیاهچه‌ای**

به‌منظور بهره‌برداری از منابع مقاومت تولید شده در مرکز بین‌المللی اصلاح ذرت و گندم (سیمیت: CIMMYT)، مقاومت گیاهچه‌ای ۳۰ ژنوتیپ گندم سیمیت نسبت به شش نژاد پرآزار *Pgt* متفاوت مورد بررسی قرار گرفت. پر واضح است که استفاده از منابع مقاومت وارد شده از مراکز بین‌المللی در برنامه‌های ملی به‌نژادی گندم، پس از تایید واکنش مقاومت ژنوتیپ‌های وارداتی نسبت به نژادهای فعال عوامل زنگ‌ها در داخل کشور امکان‌پذیر خواهد بود.

نتایج تجزیه واریانس مرکب تیپ آلودگی و دوره‌ی کمون ژنوتیپ‌های گندم (جدول ۴) نشان داد که در بین ژنوتیپ‌ها تفاوت‌های ژنتیکی برای اجزای ژنتیکی مذکور در سطح احتمال یک درصد وجود دارد. براساس اطلاعات جدول ۵ تنوع فنوتیپی در پاسخ ژنوتیپ‌های گندم نسبت به نژادهای مورد استفاده کاملا مشهود است.

معنی‌دار شدن میانگین مربعات اثر متقابل ژنوتیپ × نژاد در سطح احتمال یک درصد، ضمن این که ثابت می‌کند ژنوتیپ‌ها در مقابل نژادهای مورد مطالعه واکنش یکسان ندارند، وجود مقاومت اختصاصی ژنوتیپ‌ها را نسبت به این نژادها تایید می‌نماید. عمرانی و همکاران (Omrani *et al.*, 2018) نیز تنوع ژنتیکی بالایی در ژنوتیپ‌های سینتتیک گندم نسبت به زنگ ساقه گزارش کردند.

بررسی واکنش مقاومت ۳۰ ژنوتیپ آزمایشی و شاهد حساس مورد استفاده نسبت به هر یک از نژادهای مورد مطالعه و تجزیه خوشه‌ای (شکل ۱) با استفاده از روش وارد (Ward) نشان داد، واکنش مقاومت ژنوتیپ‌ها، در سه گروه اصلی مقاوم، حساس و نیمه مقاوم قرار گرفتند. ژنوتیپ‌های گروه نیمه مقاوم دارای واکنش مقاومت اختصاصی بودند. به‌عبارت دیگر واکنش ژنوتیپ-های دارای مقاومت اختصاصی در برابر برخی از نژادهای مورد مطالعه به‌صورت مقاومت قابل قبول و در برابر برخی دیگر از نژادها به‌صورت حساسیت بود. بنابراین طول دوره‌ی کمون برای این ژنوتیپ‌ها بسته به نژاد بیمارگر مایه‌زنی شده متفاوت بود. ژنوتیپ‌های گروه مقاوم دارای بیشترین دوره‌ی کمون و پایین‌ترین علایم بیماری (تیپ آلودگی) بودند.

ژنوتیپ‌های مقاوم شناسایی شده در این مطالعه (ژنوتیپ‌های ۴، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹، ۱۱، ۱۳، ۱۴، ۱۶، ۱۷، ۱۸، ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۵، ۲۶، ۲۷، ۲۸ و ۲۹ نسبت به همه نژادها واکنش مقاومت نشان دادند) را می‌توان به‌عنوان ژنوتیپ‌های دارنده‌ی مقاومت گیاهچه‌ای در برنامه‌های ملی به‌نژادی

گندم برای مقاومت به زنگ ساقه در اقلیم‌های مختلف کشور، استفاده نمود. برخی از منابع مقاومت وارد شده به کشور و مورد بررسی در این پژوهش نسبت به نژادهای قارچ عامل زنگ ساقه موجود در داخل کشور غیرموثر شناخته شدند.

به‌دلیل تعدد و تنوع ژن‌های موثر در مقاومت، ردیابی و تعیین دقیق ژن‌های موثر مقاومت برای ژنوتیپ-هایی که در مرحله‌ی گیاهچه‌ای مقاومت نشان دادند، مشکل است. با این حال احتمال وجود ژن‌های *Sr22*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr33* و *Sr40* به‌صورت انفرادی و یا ترکیبات مختلف از آنها در ژنوتیپ‌های مقاوم وجود دارد. استفاده از نژادهای بیشتر جهت فراهم نمودن شرایط اختصاصی‌تر در برهم‌کنش بیمارگر و میزبان می‌تواند شناسایی دقیق‌تر ژن‌های مقاومت موثر در هر ژنوتیپ را امکان‌پذیر نماید. همچنین استفاده از نشانگرهای مولکولی مرتبط با ژن‌های مقاومت گزارش شده می‌تواند اطلاعات ارزشمندی را برای تشخیص و تایید ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای موثر در ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی فراهم نماید.

ارزیابی مقاومت ژنوتیپ‌ها در مرحله‌ی گیاه کامل نیز می‌تواند به شناسایی ژن‌های مقاومت مرحله‌ی گیاه کامل در ژنوتیپ‌ها که پر اهمیت‌تر از ژن‌های مقاومت مرحله‌ی گیاهچه‌ای هستند، منجر شود. وجود ژن‌های مقاومت مرحله‌ی گیاه کامل در یک ژنوتیپ حتی در صورت حساسیت ژنوتیپ در مرحله‌ی گیاهچه‌ای می‌تواند در برنامه‌های به‌نژادی گندم برای ایجاد مقاومت به زنگ در ارقام جدید مورد استفاده قرار گیرد.

**نتیجه‌گیری کلی**

بیماری زنگ ساقه گندم چون مختص مناطق گرم محسوب می‌شود استفاده از مقاومت ژنتیکی نسبت به زنگ ساقه برای اقلیم سرد کشور در اولویت قرار نگرفته است. در سال‌های اخیر با توجه به تغییرات کاملا مشهود شرایط آب و هوایی در اکثر مناطق کشور به‌ویژه در قسمت‌های غرب و شمال‌غرب کشور (اقلیم سرد)، زنگ ساقه شیوع نسبتا بالایی داشته است. از طرف دیگر در ارقام معرفی شده برای این مناطق، ژن‌های مقاومت خیلی محدود هستند.

مطالعات انجام یافته توسط محققین در سال‌های گذشته حاکی از آن است که تنوع نژادی برای بیماری زنگ ساقه‌ی گندم در اقلیم‌های مختلف کشور، بسیار بالا می‌باشد. از جمله نژادهای غالب و پرآزار موجود در بسیاری از مناطق می‌توان به نژادهای TTRTF، TKTTF، TTTTF و همچنین نژاد Ug99 و واریانت‌های مشتق از آن که در حال گسترش هستند، اشاره نمود. نژادهای مذکور اثر بخشی بسیاری از ژن‌های مقاومت نسبت به زنگ ساقه را از بین برده‌اند (Omrani, 2018; Patpour, 2013). بنابراین برای جلوگیری از گسترش فعالیت نژادهای پرآزار موجود در داخل اقلیم‌های کشور بایستی منابع مقاومت موثر در برابر آنها شناسایی شوند.

با توجه به نتایج این پژوهش و نتایج مشابه سایر محققین کشور، بهترین راهبرد برای ایجاد مقاومتی قابل قبول و پایدار استفاده از ژن‌های مقاومت *Sr22*، *Sr24*، *Sr26*، *Sr31*، *Sr32*، *Sr33* و *Sr40* که در برابر نژادهای مختلف *Pgt* کمترین پرآزاری را داشتند در کنار سایر ژن-های مقاومت موثر معرفی شده به‌صورت مقاومت چندژنی و ترکیبات مختلف این ژن‌ها با یکدیگر و به‌ویژه ترکیب این ژن‌ها با ژن‌های مقاومت در مرحله‌ی گیاه بالغ، می‌باشد.

نتایج این پژوهش همچنین نشان داد برخی از منابع مقاومت وارد شده به کشور از مراکز بین المللی از جمله سیمیت در برابر نژادهای زنگ ساقه موجود در داخل کشور بی‌اثر بوده. بنابراین ارزیابی این منابع مقاومت توسط نژادهای پرآزار و متفاوت موجود در داخل کشور قبل از بکارگیری آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی تولید ارقام مقاوم نسبت به زنگ ساقه مشخص نمود کدام منابع مقاومت وارد شده در چه اقلیم‌هایی می‌تواند مفید فایده باشد و در برنامه‌های به‌نژادی گندم مختص آن مناطق استفاده گردد.

**جدول ۳- الگوی غیرموثر/موثر ژن‌های مقاومت *Sr* برای نژادهای قارچ *P.graminis* f. sp. *tritici* مورد استفاده در ارزیابی مقاومت ژنوتیپ‌های گندم**

Table 3. Ineffective / effective pattern of *Sr* resistance genes for *P.graminis* f. sp. *tritici* used in the evaluation of resistance of wheat genotypes

| کد جدایه Isolate code | نژاد race | استان Province | شهر Town | ژن‌های موثر / ژن‌های غیرموثر Ineffective genes / Effective genes |
|---|---|---|---|---|
| 94-1 | TKTTF | گلستان Golestan | گرگان Gorgan | *Sr5, 6, 7a, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19,20, 21, 23, 25, 28, 29, 30, 32, 34, 36, 37, 38, Tmp, Mcn* / ***Sr11, 13, 22, 24, 26, 27, 31, 32, 33, 35, 39, 40*** |
| 94-3 | TTTTF | خوزستان Khozestan | اهواز Ahvaz | *Sr5, 6, 7a, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17 18, 19, 20, 21, 23, 25, 28, 29, 30, 32, 34, 35, 36, 37, 38, Tmp, Mcn* / ***Sr13, 22, 24, 26, 27, 31, 32, 33, 39, 40*** |
| 94-15-1 | PTRTF | مازندران Mazandaran | کلاردشت kelardasht | *Sr5, 6, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 25, 27, 28, 29, 34, 35, 36, 37, 38, 39, Tmp, Mcn* / ***Sr7a, 21, 22, 23, 24, 26, 30, 31, 32, 33, 40*** |
| 94-22 | PKSTC | آذربایجان شرقی East Azarbaijan | سمیران-هوراند | *Sr5, 6, 7a, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 23, 28, 30, 34, 36, 37, Tmp, Mcn* / ***Sr11, 13, 21, 22, 24, 25, 26, 27, 29, 31, 32, 33, 35, 38, 39, 40*** |
| 94-31 | TTRTF | آذربایجان غربی West Azarbaijan | اشنویه-نقده Oshnavieh Naghadeh | *Sr5, 6, 7a, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 23, 28, 29, 33, 34, 35, 36, 37, 38, Tmp, Mcn* / ***Sr13, 22, 24, 25, 26, 27, 30, 31, 32, 33, 39, 40*** |
| 94-50-1 | TKSTF | آذربایجان شرقی East Azarbaijan | کلیبر-اهر Kaleibar-Ahar | *Sr5, 6, 7a, 7b, 8a, 8b, 9a, 9b, 9d, 9e, 9g, 10, 12, 14, 15, 16, 17 18, 19, 20, 21, 23, 28, 29, 30, 34, 35, 36, 37, 38, Tmp, Mcn* / ***Sr11, 13, 22, 24, 25, 26, 27, 31, 32, 33, 39, 40*** |

**جدول۴ - تجزیه واریانس مرکب صفات تیپ آلودگی و دوره‌ی کمون در ژنوتیپ‌های گندم نسبت به نژادهای *P.graminis* f. sp. *tritici***

**Table 4. Combined analysis of variance for infection type and latent period in wheat genotypes to *P.graminis* f. sp. *tritici* races**

| منابع تغییرات S.O.V | درجه آزادی Df | میانگین مربعات Ms | |
|---|---|---|---|
| | | تیپ آلودگی Infection type (IT) | دوره کمون Latent period (LP) |
| نژاد Race | 5 | 3.92** | 2.76** |
| نژاد/تکرار Error (1) | 12 | 0.98 | 0.84 |
| ژنوتیپ Genotype | 30 | 25.73** | 28.53** |
| ژنوتیپ × نژاد Genotype× Race | 150 | 8.89** | 9.63** |
| خطا Error (2) | 360 | 1.36 | 1.12 |
| ضریب تغییرات CV% | | 10.37 | 9.78 |

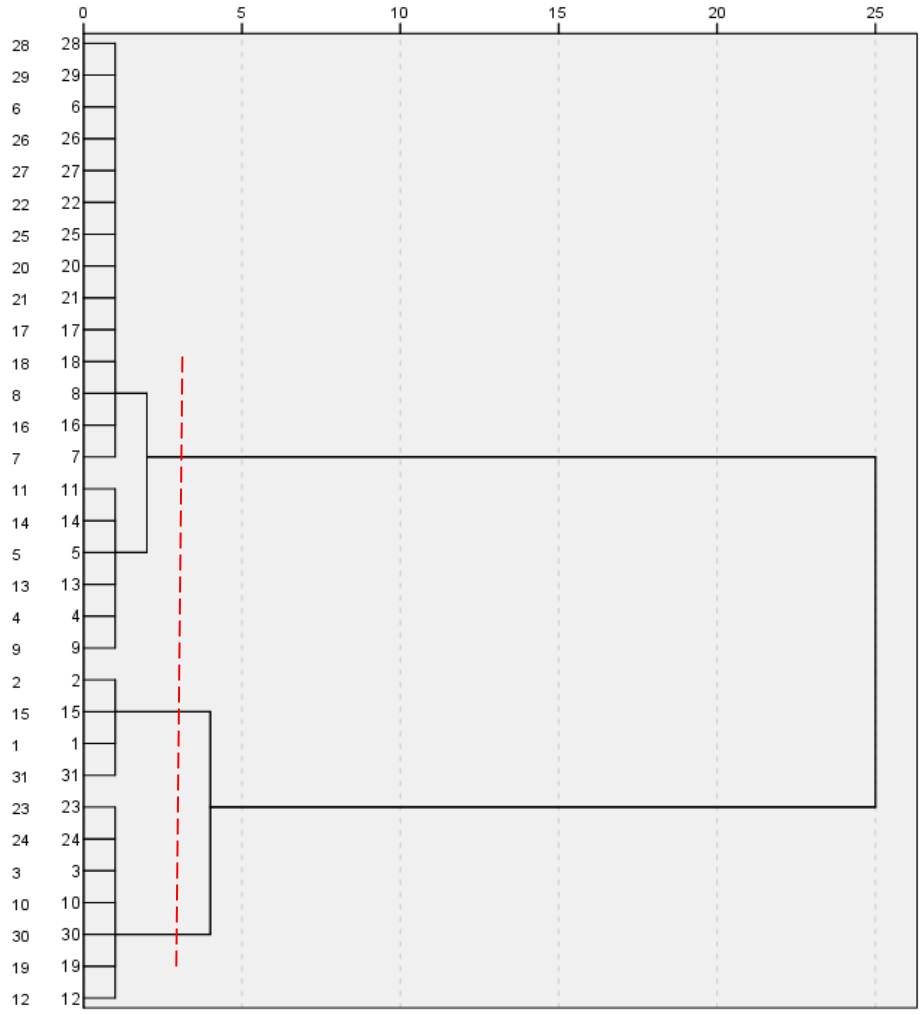
* و ** به ترتیب معنی‌داری در سطح احتمال پنج و یک درصد می‌باشد

***Significant level of 5% ** Significant level of 1% ns. Not significant**

جدول ۵- مقادیر تیپ آلودگی و دوره‌ی کمون ژنوتیپ‌های گندم در برابر نژادهای قارچ *P.graminis* f. sp. *tritici*

**Table 5- Values of infection type and latent period of wheat genotypes to *P.graminis* f. sp. *tritici***

| شماره ژنوتیپ No. | نژاد Race | TKTTF | | TTTTF | | PKSTC | | TTRTF | | PTRTF | | TKSTF | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون | IT تیپ آلودگی | LP دوره‌ی کمون |
| 1 | | 3 | 9 | 3+ | 8 | 3+ | 8 | 3 | 9 | 3+ | 8 | 3+ | 8 |
| 2 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 3- | 9 | 3 | 9 | 3 | 9 | 3- | 9 |
| 3 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 2+ | 10 | 2+ | 11 | 2+ | 11 | 2+ | 11 |
| 4 | | ;1 | 13 | 1 | 14 | 1+ | 12 | 2- | 12 | 2- | 12 | 1 | 13 |
| 5 | | ;1 | 13 | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | 0 | 14 | ; | 14 |
| 6 | | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 |
| 7 | | 0 | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 |
| 8 | | 0; | 14 | ;1 | 14 | ; | 14 | ;1 | 14 | 0 | 14 | ;1 | 14 |
| 9 | | 1 | 13 | 1+ | 13 | 1+ | 12 | 1 | 14 | 0 | 14 | 1 | 13 |
| 10 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 2+ | 10 | 2+ | 11 | 2+ | 11 | 2+ | 11 |
| 11 | | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | 1 | 13 | ; | 14 |
| 12 | | 3- | 10 | 3- | 10 | 2 | 11 | 2 | 12 | 2 | 13 | 3- | 10 |
| 13 | | 1 | 13 | 1 | 14 | ;1 | 14 | ;1 | 13 | 1 | 13 | 1 | 13 |
| 14 | | ; | 14 | ;1 | 14 | 0 | 14 | ; | 14 | 1 | 13 | ;1 | 14 |
| 15 | | 3 | 9 | 3 | 8 | 3 | 9 | 3 | 9 | 3 | 9 | 3 | 9 |
| 16 | | 0 | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 |
| 17 | | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | ; | 14 |
| 18 | | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 |
| 19 | | 3 | 9 | 3 | 8 | 3- | 10 | 2+ | 10 | 2 | 12 | 2+ | 11 |
| 20 | | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 |
| 21 | | ; | 14 | ;1 | 14 | ; | 14 | ; | 14 | 0 | 14 | ;1 | 14 |
| 22 | | ;1 | 14 | ; | 14 | ; | 14 | ;1 | 14 | 0 | 14 | ; | 14 |
| 23 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 2 | 11 | 2+ | 11 | 2 | 12 | 2+ | 10 |
| 24 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 2 | 11 | 2+ | 11 | 2 | 12 | 2+ | 10 |
| 25 | | 0; | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 |
| 26 | | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 | ; | 14 |
| 27 | | 0 | 14 | 0; | 14 | 0 | 14 | 0; | 14 | ; | 14 | 0 | 14 |
| 28 | | 0 | 14 | 0; | 14 | 0; | 14 | 0; | 14 | ; | 14 | 0 | 14 |
| 29 | | 0; | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | 0 | 14 | ; | 14 | 0; | 14 |
| 30 | | 3 | 9 | 3 | 9 | 2+ | 10 | 2 | 11 | 2 | 12 | 2+ | 10 |
| 31 | | 3+ | 8 | 4 | 7 | 3+ | 8 | 4 | 8 | 4 | 8 | 3+ | 8 |




**شکل ۱- دندروگرام حاصل از تجزیه‌ی خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها نسبت به نژادهای قارچ *P.graminis* f. sp. *tritici* با استفاده از روش Ward**

**Figure 1- Dendrogram obtained from the analysis of cluster of genotypes to *P.graminis* f. sp. *tritici* using the Ward method**


## سپاس‌گزاری

بدین وسیله از ریاست محترم موسسه‌ی تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج جناب آقای دکتر نجفیان و ریاست قبلی بخش تحقیقات غلات جناب آقای دکتر اسماعیل‌زاده مقدم بابت فراهم نمودن امکانات لازم برای انجام آزمایش‌ها و همچنین از آقایان و خانم‌ها مهندسین علیرضا دربندی، اسمعیل ابراهیمی میمند، امیر کبیری، زهره حسن‌بیات، الهام الاحسنی و جناب آقای دکتر سجاد محرم نژاد که در انجام این پژوهش مساعدت و همکاری داشتند، تشکر و قدردانی می‌گردد.


## منابع


Agrios GN, 2005. *Plant Pathology* (5th ed.), California, USA. Elsevier Academic Press. 952 pp.

Bamdadyan A and Torabi M, 1999. Study on epidemic of wheat stem rust in the south parts of Iran in 1977. Entomology and Phytopathology Journal 14: 19-24. (in Farsi)

Denbel W, Badebo A, Alemu T, 2013. Evaluation of Ethiopian commercial wheat cultivars for resistance to stem rust of wheat race UG99. International journal of Agronomy and Plant Production 4(1): 15-24.

FAO, 2018. FAOSTAT Database on Agriculture, Food and Agriculture Organization of the United Nations. www.fao.org

Fetch T, Mitchell Fetch J, Zegeye T and Xue A, 2018. Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2011 and 2012. Canadian Journal of Plant Pathology 40:11–21.

Fetch T, Mitchell Fetch J, Zegeye T and Xue A, 2020. Races of *Puccinia graminis* on barley, oat, and wheat in Canada in 2013 and 2014. Canadian Journal of Plant Pathology pp.1-7.

Flath K, Miedaner T, Olivera PD, Rouse MN and Jin Y, 2018. Genes for wheat stem rust resistance postulated in German cultivars and their efficacy in seedling and adult-plant field tests. Plant Breeding 137(3): 301-312.

Jin Y, Szabo LJ, Pretorius ZA, Singh RP, Ward R and Fetch JT, 2008. Detection of virulence to resistance gene *Sr24* within race TTKS of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. Plant Disease 92(6): 923-926.

Leonard KJ and Szabo LJ, 2005. Stem rust of small grains and grasses caused by *Puccinia graminis*. Molecular plant pathology *6*(2): 99-111.

Letta T, 2018. Seedling Resistance to Stem Rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) and Molecular Marker Analysis of Resistance Genes in Some Wheat Cultivars. Plant 6(1): 16-23.

Lewis CM, Persoons A, Bebber DP, Kigathi RN, Maintz J, Findlay K, ... and Berlin A, 2018. Potential for re-emergence of wheat stem rust in the United Kingdom. Communications biology 1(1):13.

McIntosh RA, Wellings CR and Park RF, 1995. *Wheat rusts: an atlas of resistance genes*. Csiro Publishing. 200 pp.

Nazari K, Mafi M, Yahyaoui A, Singh RP and Park RF, 2009. Detection of wheat stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) race TTKSK (Ug99) in Iran. Plant Disease 93(3): 317-317.

Omrani A, 2018. Inheritance of resistance to stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) in bread wheat, and identification of resistance sources using phenotypic and molecular data. Ph.D. Thesis in plant breeding, University of Tabriz, Tabriz, Iran, 184 pp.

Omrani A, Aharizad S, Roohparvar R, Khodarahmi M and Toorchi M, 2018. Virulence factors of wheat stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) isolates and identification of resistance sources in CIMMYT wheat synthetic genotypes. Journal of Crop Breeding 10(27): 84-93. (in Farsi)

Patpour M, 2013. Study on genetic and virulence diversity of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* populations in Iran and stem rust resistance genes in wheat. Ph.D. Thesis in agricultural biotechnology, National Institute of Genetic Engineering and Biotechnology, Tehran, Iran, 165 pp.

Pretorius ZA, Singh RP, Wagoire WW and Payne TS, 2000. Detection of virulence to wheat stem rust resistance gene *Sr31* in *Puccinia graminis*. f. sp. *tritici* in Uganda. Plant Disease 84(2): 203-203.

Sharif Gh, Bamdadian A and Daneshpajoh B, 1970. Physiological races of wheat stem rust in Iran (1965-1970). Plant Pest and Disease 6: 73-100. (in Farsi)

Singh RP, Hodson DP, Huerta-Espino J, Jin Y, Bhavani S, Njau P, Herrera-Foessel S, Singh PK, Singh S and Govindan V, 2011. The emergence of Ug99 races of the stem rust fungus is a threat to world wheat production. Annual Review of Phytopathology 49: 465-481.

Singh RP, Hodson DP, Huerta-Espino J, Jin Y, Njau P, Wanyera R, Herrera-Foessel SA and Ward RW, 2008. Will stem rust destroy the world's wheat crop? Advances in Agronomy 98: 271-309.

Singh RP, Hodson DP, Jin Y, Lagudah ES, Ayliffe MA, Bhavani S, Rouse MN, Pretorius ZA, Szabo LJ, Huerta-Espino J, Basnet BR, Lan C and Hovmøller MS, 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.

# Investigation of seedling resistance of CIMMYT wheat germplasm to *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* races

**A Omrani[1*], M Khodarahmi[2] and R Roohparvar[2,3]**

[1]Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Moghan, Iran.
[2]Assist. Prof., Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
[3]Assist. Prof., Crop and Horticultural Science Research Department, East Azarbaijan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Tabriz, Iran.
*Corresponding Author's: ali_omrani90@yahoo.com

Received: 19 January 2020 Accepted: 16 August 2020

**Abstract**

Stem or black rust caused by *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (*Pgt*) is one of the most destructive wheat diseases in the world, including Iran. Investigation of virulence factors on wheat resistance genes, identification of resistance sources to stem rust among host genotypes and determination of effective resistance genes in resistant wheat genotypes are the requirements of using genetic resistance (production of resistant cultivars) as the most efficient and healthy way to control this disease. To assess the seedling resistance of 30 wheat genotypes, which produced CIMMYT Center (International Maize and Wheat Improvement Center), and introduced as resistance sources to stem rust was investigated with six different *Pgt* races base on randomized complete block design with three replications. Race analysis of *Pgt* isolates was done to identify of their virulence on resistance genes (*Sr*) of stem rust at the greenhouses of the cereal section of the Seed and Plant Improvement Institute. The results indicated that the races were TKTTF, TTTTF, PKSTC, TTRTF, TKSTF and PTRTF. Genotypes carrying the genes *Sr22*, *Sr24*, *Sr26*, *Sr31*, *Sr32*, *Sr33* and *Sr40* were resistance against all the *Pgt* races, and are introduced as the differential cultivars with effective *Sr* resistance genes. Genetic resistance components including infection type and latent period for each genotype were recorded under greenhouse conditions. The results of the genetic resistance components showed the existence of phenotypic variation in the response of genotypes to stem rust races. Resistant genotypes identified in this study (genotypes 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 13, 14, 16, 17, 18, 20, 21, 22, 25, 26, 27, 28 and 29) can be used as seedling resistance resources in national wheat breeding programs for genetic resistance to stem rust in different climates of the country.

**Keywords:** Genotype, Phenotypic variation, Stem or black rust, Seedling sources of resistance, Virulence.