پژوهش‌های کاربردی در گیاه‌پزشکی ۱۲ (۲): ۲۲۴-۲۱۳ (۱۴۰۲)- مقاله پژوهشی
Journal of Applied Research in Plant Protection 12 (2): 213–224 (2023)-*Research Article*

https://dx.doi.org/10.22034/arpp.2023.16368

ارزیابی واکنش ۲۵ ژنوتیپ گندم رایج کشت به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله در شرایط گلخانه

احسان حسنوند، مصطفی درویش‌نیا✉، حسین میرزایی نجفقلی، سمیرا پاکباز

دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه لرستان، خرم آباد، ایران. ✉darvishnia.m@lu.ac.ir

دریافت: ۱۴۰۱/۰۵/۰۹ بازنگری: ۱۴۰۱/۰۸/۲۷ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۸/۳۰

چکیده

بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم باعث ایجاد خسارت اقتصادی روی این محصول استراتژیک می‌شود. این بیماری با کاهش عملکرد دانه و کیفیت محصول راندمان تولید در واحد سطح را کاهش داده و از طریق تولید زهرابه‌های قارچی مانند نیوالنول و دِاکسی نیوالنول باعث به خطر افتادن سلامت مصرف‌کنندگان می شود. در این مطالعه، واکنش ۲۵ ژنوتیپ گندم رایج کشت به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم در شرایط گلخانه بررسی شدند. ژنوتیپ‌ها در دو نوبت در زمان تشکیل سنبله و گل‌دهی مایه‌زنی شدند و پس از گذشت ده روز، وقوع بیماری و شدت بیماری روی ژنوتیپ‌های تیمار شده محاسبه شد. نتایج تجزیه داده‌های مربوط به میزان وقوع و شدت بیماری و نیز میزان آلودگی دانه (وزن هزار دانه و تعداد دانه در هر سنبله) در شرایط گلخانه نشان داد که برای صفات یاد شده تفاوت معنی‌دار آماری بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد. هم‌چنین ژنوتیپ‌های Irana، نیک‌نژاد، گهر، مروارید و زاگرس به ترتیب جزو ژنوتیپ‌های مقاوم، Wa-82-9 و اکبری به عنوان ژنوتیپ‌های نیمه مقاوم، چمران، کاروان، پاستور، چمران۲، Chenab، Weebille 264 و کراس روشن بهار به عنوان ژنوتیپ نیمه حساس و S-90-5، مهرگان، شعله، فلات، هیرمند، الوند، داراب، سیستان، زرین و استار به عنوان ژنوتیپ‌های حساس و هم‌چنین ژنوتیپ باژ به عنوان ژنوتیپ‌های خیلی حساس شناخته شدند. با ارزیابی مقاومت ارقام مقاوم و نیمه مقاوم معرفی شده در این تحقیق در شرایط مزرعه، امکان استفاده از رقم ها در برنامه های کشت در مناطق مختلف کشور امکان پذیر خواهد شد.

کلمات کلیدی: *Fusarium graminearum*، بلایت خوشه، شدت بیماری، مقاومت، لرستان

Evaluation of the response of 25 commonly cultivated wheat genotypes to Fusarium head blight disease under greenhouse conditions.

Ehsan Hasanvand, Mostafa Darvishnia✉, Hossein Mirzaei Najafgholi, Samira Pakbaz

Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Lorestan University, Khorramabad, Iran. ✉darvishnia.m@lu.ac.ir

Received: 31 July 2022 Revised: 18 November 2022 Accepted: 21 November 2022

Abstract

Fusarium head blight disease of wheat causes economic damage on this strategic crop. This disease reduces crop yield and quality by lowering the grain yield and pose health risks to consumers via production of fungal toxins such as nivalenol and deoxynivalenol on the seeds. In this study the reaction of 25 commonly cultivated wheat genotypes were evaluated to Fusarium head blight disease under greenhouse conditions.The genotypes were inoculated twice at the time of spike formation and flowering, and after ten days, the disease incidence and the disease severity were calculated. Analytical results of data related to disease incidence, disease severity and seed contamination rate (thousand seed weight and number of seeds per spike) in greenhouse conditions showed that there is a significant difference between genotypes regarding the mentioned characteristics. Also, Irana, Niknejad, Gahar, Morvarid and Zagros were resistant genotypes, Wa-82-9 and Akbari genotypes were semi-resistant, Chamran, Karvan, Pastor, Chamran 2, Chenab, weebile 264 and Spring BC Roushan were semi-susceptible genotypes, S-90-5, Mehregan, Sholah, Flat, Hirmand, Alvand, Darab, Sistan, Zarin and Star genotypes were sensitive and also Bazh was recognized as very sensitive genotype. With the evaluation of resistance and semi resistance genotypes designated in this study, against this disease under field conditions, it will possible to recommend these genotypes for wheat production programs in different parts of Iran.

Keywords: *Fusarium graminearum*, head blight, disease severity, resistance, Lorestan

How to cite:
Hasanvand E, Darvishnia M, Mirzaei Najafgholi H, Pakbaz S, 2023. Evaluation of the response of 25 commonly cultivated wheat genotypes to Fusarium head blight disease under greenhouse conditions. *Journal of Applied Research in Plant Protection* 12 (2): 213–224.

مقدمه

گندم (*Triticum aestivium* L.) یکی از مهم‌ترین گیاهان زراعی، با سطح زیر کشت بیش از ۲۱۵ میلیون هکتار و تولید بیش از ۷۵۰ میلیون تن در سال در سطح وسیعی از زمین‌های کشاورزی در دنیا حتی در نواحی خشک و سردسیر کشت می‌شود (CGIAR 2018). این محصول استراتژیک بیش از ۴۵ درصد پروتئین و ۵۵ درصد از کالری مورد نیاز انسان را تأمین می‌کند. قسمت بزرگی از مواد غذایی دانه گندم، مواد غیرازته می‌باشد که منبع اصلی کربوهیدرات در بدن انسان را تشکیل می‌دهد (Ahmadi *et al.* 2017). در ایران نیز این گیاه به عنوان مهم‌ترین و راهبردی‌ترین محصول کشاورزی شناخته می‌شود. سطح زیر کشت گندم در ایران در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۷ حدود ۶/۷ میلیون هکتار با تولید سالانه حدود ۱۲/۷ میلیون تن می‌باشد. از طرفی نیاز سالانه کشور به گندم حدود ۱۴ میلیون تن است (Ahmadi *et al.* 2019). گندم هر ساله در نتیجه ابتلا به بیماری‌های مختلف به‌ویژه بیماری‌های قارچی متحمل آسیب زیادی می‌شود (Rezaei *et al.* 2013). یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم که در مناطق مختلف جهان به‌ویژه در اقلیم گرم و مرطوب باعث آسیب به این محصول می‌شود بیماری بلایت فوزاریومی سنبله (Fusarium head blight) است که به نام اسکب (Scab) شناخته می‌شود. حدود ۱۷ گونه از جنس فوزاریوم عامل این بیماری شناخته شده است که در این بین Schwabe *Fusarium graminearum* به‌عنوان عامل اصلی این بیماری، اغلب عملکرد و کیفیت گندم را به شدت تحت تاثیر قرار می‌دهد. در سه دهه اخیر همه‌گیری‌های گسترده‌ای از این بیماری در مناطق مختلف جهان روی داده است. ایالات متحده آمریکا، کانادا و چین سه کشوری هستند که بیماری در آن‌ها به‌شدت مشکل‌ساز بوده است. در سال‌های ۲۰۰۷، ۲۰۰۸ و ۲۰۱۵ بیماری در برخی مناطق آمریکا به‌صورت همه‌گیری درآمده است (Bolanos-Carriel *et al.* 2016). در چین بیماری در یک دهه گذشته از دره‌های میانی و پایینی رود یانگ‌تسه (Yangtze River) به مناطق کشت گندم زمستانه‌ی رود زرد (Yellow River) و رود هوای (Huai River) گسترش یافته و همه‌گیری‌های شدیدی از بیماری در سال‌های ۲۰۱۰، ۲۰۱۲ و ۲۰۱۵ روی داده است (Chen 2016). این بیماری از سال‌ها پیش به‌طور پراکنده در ایران وجود داشته و یکی از بیماری‌های مهم گندم در استان‌های مازندران، گلستان، زنجان، فارس و اردبیل (دشت مغان) به حساب می‌آید (Sabz-Ali *et al.* 2021). بیماری بلایت خوشه گندم با تخریب ذخایر نشاسته، پروتئین و آسیب به دیواره سلولی دانه‌ها موجب کاهش کیفیت نانوایی محصول می‌شود (Siranidou *et al.* 2002). بیماری با آسیب رساندن به جنین، موجب کاهش قوه‌نامیه و بنیه بذر شده و باعث ایجاد بلایت گیاهچه در کشت بعدی محصول می‌شود هم‌چنین آلودگی دانه‌ها به زهرابه‌های قارچی (Mycotoxins) نیوالنول، زرالنول و داکسی‌نیوالنول به‌عنوان خطری جدی برای سلامت انسان و دام محسوب می‌شود (Zhang *et al.* 2020; Darvishnia *et al.* 2013). به‌منظور مبارزه با بلایت فوزاریومی روش‌های گوناگونی شامل روش‌های کنترل زراعی، کنترل شیمیایی و در نهایت اصلاح واریته‌های مقاوم ارایه شده است. روش‌های کنترل زراعی شامل استفاده از تناوب مناسب، روش‌های صحیح آبیاری، استفاده بهینه از کود و عملیات صحیح تهیه زمین است. در این میان، اصلاح برای ایجاد ارقام مقاوم، مؤثرترین روش در کنترل این بیماری است. استفاده از این روش علاوه‌بر این‌که متناسب با حفظ محیط زیست است، هم‌زمان با کاهش خسارت ناشی از کاهش عملکرد، خسارت ناشی از کاهش کیفیت و تجمع زهرابه‌های قارچی در دانه را پوشش می‌دهد (Stephen 2015). Abedini-Esfahlani *et al.* (2000) به‌منظور بررسی روش‌های مختلف ارزیابی مقاومت به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله، واکنش ۲۸ ژنوتیپ گندم بهاره را در سال ۱۳۷۷ نسبت به دو جدایه *F. graminearum* در شرایط گلخانه مورد ارزیابی قرار دادند و نتیجه گرفتند که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها برای هر سه روش ارزیابی (روش مایه‌زنی نقطه‌ای، روش محاسبه سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری و روش محاسبه درصد آلودگی محور خوشه) معنی‌دار بوده و همبستگی بین آن‌ها نیز مثبت و معنی‌دار بود. هدف از انجام این تحقیق ارزیابی ژنوتیپ‌های مختلف گندم نسبت به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله در شرایط گلخانه می‌باشد. استفاده از این روش علاوه‌بر اینکه موافق با حفظ محیط زیست است، هم‌زمان با کاهش خسارت ناشی از کاهش عملکرد، خسارت ناشی از کاهش کیفیت و تجمع زهرابه‌های قارچی در دانه را پوشش می‌دهد. با توجه به اهمیت منابع مقاومت به بیماری و این‌که ممکن است منابع ارزشمندی از مقاومت به بیماری در بین این ژنوتیپ‌ها وجود داشته باشند که می‌توانند برای اصلاح ارقام جدید گندم قابل استفاده باشند. تحقیق حاضر به منظور شناسایی منابع مقاومت و معرفی آن به بخش اجرا و سایر دست‌اندرکاران گندم کشور برای تولید ارقام گندم پرمحصول و مقاوم به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم انجام شد.

جدول ۱. نام، خاستگاه و سال معرفی ژنوتیپ‌های بررسی شده در این تحقیق به همراه شاهدهای مقاوم و حساس.

Table 1. Name, origin and year of introduction of genotypes evaluated in this study with resistant and sensitive controls.

Number	Genotype	Origin	Year of introduction
1	Irana	CIMMYT Mexico	2014
2	Niknejad	ICARDA Syria	1995
3	Morvarid	Iran	2006
4	Gahar	ICARDA Syria	1996
5	Zagros	ICARDA Syria	1996
6	Wa-82-9	Iran	2007
7	Akbari	Iran	2006
8	Chamran	CIMMYT Mexico	1997
9	Caravan	ICARDA Syria	1996
10	Pastor	CIMMYT Mexico	1996
11	Chamran2	Iran	2013
12	Chenab	ICARDA Syria	1995
13	Weebille 264	CIMMYT Mexico	2014
14	Spring BC Roushan	Iran	1991
15	S-90-5	CIMMYT Mexico	2014
16	Mehregan	CIMMYT Mexico	2014
17	Shole	Iran	1991
18	Falat	CIMMYT Mexico	1991
19	Hirmand	Iran	1991
20	Alvand	Iran	1995
21	Darab	CIMMYT Mexico	1995
22	Sistan	CIMMYT Mexico	2006
23	Zarin	ICARDA Syria	1995
24	Star	CIMMYT Mexico	1995
25	Bazh	CIMMYT Mexico	2006

مواد و روش‌ها

تهیه قارچ عامل بیماری

قارچ عامل بیماری با شماره CBS130621 از آزمایشگاه گروه گیاه‌پزشکی دانشکده کشاورزی دانشگاه محقق اردبیلی تهیه شد.

تهیه ژنوتیپ‌های گندم

در این تحقیق، ۲۳ ژنوتیپ گندم به همراه تیمارهای شاهد مقاوم (مروارید) و حساس (فلات) به بیماری بررسی شدند. جزییات ژنوتیپ‌های مورد استفاده در این بررسی در جدول ۱ نشان داده شده است. شایان ذکر است که از بین ژنوتیپ‌های آزمایشی نام برده در جدول ۱ ژنوتیپ‌های چمران و چمران۲ هم اکنون در اقلیم گرم و خشک جنوب کشت می‌شوند.

آزمون جوانه‌زنی و قوه‌ی نامیه بذر

بذرهای ژنوتیپ‌های مختلف گندم در آغاز به مدت سه ساعت در آب جاری قرار داده شد و سپس در اتانول ۷۰ درصد برای دو دقیقه و هم‌چنین در هیپوکلریت سدیم دو درصد برای ۱۰ دقیقه به صورت سطحی ضدعفونی شدند. آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار انجام شد. برای اندازه-

گیری سرعت جوانه‌زنی، هر ۱۲ ساعت بذرهای جوانه‌زده شمارش شد. تنها هنگامی که طول ریشه‌چه به دو میلی‌متر می‌رسید، بذر به عنوان جوانه‌زده به شمار می‌آمد. در پایان روز دهم درصد جوانه‌زنی و شاخص بنیه اندازه‌گیری شد. همه اندازه‌گیری‌ها بر پایه‌ی دستورکارهای ISTA انجام شد. سرعت جوانه‌زنی (Abdul Baki & Anderson 1973) و شاخص بنیه (Magurie 1962) با استفاده از معادله‌های زیر محاسبه شدند:

$$\text{سرعت جوانه‌زنی} = \frac{\sum(\text{بذرهای جوانه‌زده در هر بار شمارش})}{\text{زمان شمارش}}$$

$$\text{شاخص بنیه} = \text{درصد جوانه‌زنی} \times (\text{میانگین طول ساقه‌چه} + \text{میانگین طول ریشه‌چه})$$

تهیه مایه تلقیح قارچ F. graminearum CBS130621

تهیه مایه تلقیح با استفاده از روش تعدیل شده Wegner (1992) انجام گرفت. به منظور اثبات بیماری‌زایی، اقدام به آلودگی توسط میکروپیپت در سنبلچه میانی ۱۰ سنبله در مرحله ظهور بساک‌ها شد. پس از اثبات بیماری‌زایی، جدایه F. graminearum CBS130621 روی محیط کشت سیب-زمینی دکستروز آگار (PDA) کشت شد. برای تهیه سوسپانسیون اسپوری قارچ، مقدار ۲/۵ گرم پودر کاه گندم و ۲/۵ گرم پودر کاه جو را در ارلن‌های ۲۵۰ میلی‌لیتری ریخته و ۱۲۵ میلی‌لیتر آب به آن افزوده شد. ارلن‌ها دوبار با فاصله ۲۴ ساعت به مدت ۳۰ دقیقه درون اتوکلاو با دمای ۱۲۱ درجه سانتی‌گراد و فشار یک‌ونیم اتمسفر سترون شدند (Wegner 1992). ارلن‌ها توسط قارچ رشد یافته روی محیط کشت PDA مایه‌زنی شدند. ارلن‌ها در شیکر انکوباتور در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و ۱۲۰ دور در دقیقه قرار گرفتند. پس از ۹۶ ساعت محتویات ارلن با گذراندن از یک پارچه ململ استریل جمع‌آوری شد. غلظت کنیدیوم‌ها با استفاده از لام هموسیتومتر محاسبه و با افزودن آب مقطر سترون به ۵×۱۰^{۴} کنیدیوم در میلی‌لیتر رسانده شد.

بررسی واکنش ۲۵ رقم گندم در شرایط گلخانه

برای بررسی واکنش ژنوتیپ‌های مورد بررسی در شرایط گلخانه از طرح بلوک‌های کامل تصادفی با سه تکرار استفاده شد. گلدان‌های پلاستیکی به قطر و ارتفاع ۱۵ سانتی‌متر که در آن‌ها مخلوط خاک معمولی (۶۰ درصد) و پیت ماس (۴۰ درصد) ریخته شده بود به‌عنوان واحدهای آزمایشی در نظر گرفته شد. تعداد ۱۰-۸ بذر ضدعفونی سطحی شده از هرکدام از ژنوتیپ‌هادر این گلدان‌ها کاشته و در گلخانه با دمای ۳۰-۲۵ درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. ۱۰ تا ۱۴ روز بعد از سبز شدن بذرها اقدام به تنک کردن گیاهان و رساندن تعداد آنها به چهار گیاهچه در هر گلدان شد. سپس، به‌منظور پنجه‌زنی بهتر گیاهچه‌ها دمای گلخانه کاهش و به ۲۰-۱۵ درجه سانتی‌گراد رسانده شد. حدود یک ماه بعد از رشد گیاهان در این شرایط دمایی، دوباره دمای گلخانه افزایش و به ۳۰-۲۵ درجه سانتی-گراد رسانده شد تا گیاهان در شرایط مناسب‌تری برای سنبله-دهی آماده شوند. بعد از رساندن گیاهان به مرحله‌ی سنبله-دهی، دست کم چهار سنبله از هر گلدان (تکرار) که حدود ۵۰ درصد گل‌دهی داشتند یعنی زمانی‌که بساک‌ها از وسط سنبله شروع به بیرون آمدن کردند، هر سنبلچه با ۱۰ میکرولیتر از محلول اسپوری جدایه قارچ به کمک میکروپیپت به روش نقطه‌ای مایه‌زنی شدند و این‌کار دو روز دیگر تکرار شد. برای کمک به توسعه بیماری، آبیاری مه‌پاش (Mist) در گلخانه نیز برقرار شد. حدود سه هفته پس از اولین اسپورپاشی، یادداشت-برداری از بیماری شامل میزان وقوع بیماری (Disease incidence) و شدت بیماری (Disease severity) انجام گرفت (Zadoks *et al.* 1974).

برای محاسبه درصد وقوع بیماری از رابطه زیر استفاده شد (Gillbert & Woods 2006).

$$\text{درصد وقوع بیماری} = \frac{\text{تعداد سنبله‌های حاوی سنبلچه‌های آلوده}}{\text{تعداد کل}} \times 100$$

برای محاسبه شدت بیماری، سنبله‌های مورد ارزیابی براساس درصد سنبلچه‌های آلوده در هر سنبله به صورت زیر درجه‌بندی شدند:

۰= تمامی سنبلچه‌های موجود در یک سنبله فاقد هر گونه علایم بیماری است، ۱= تا ۲۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند، ۲= تا ۴۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند، ۳= تا ۶۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند، ۴= تا ۸۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند، ۵= بیش از ۸۰ درصد از سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (جدول ۲) و سپس با استفاده از رابطه زیر، شدت بیماری محاسبه شد (Nemati & Homalipour 2012).

$$\text{شدت بیماری} = \frac{(5 \times \text{تعداد سنبله های با درجه } 5) + \cdots + (2 \times \text{تعداد سنبله‌های با درجه } 2) + (1 \times \text{تعداد سنبله‌های با درجه } 1)}{5 \times \text{تعداد سنبله‌های آلوده}} \times 100$$

جدول ۲ . ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌ها براساس شدت بیماری و درصد وقوع بیماری.

Table 2. Evaluation of the reaction of genotypes based on the disease severity and the percentage of the diseaseincidence.

Reaction	Disease severity (%)	Disease incidence (%)
Immune	0	0
Resistant	1-20	1-5
Semi resistant	20-40	6-25
Semi susceptible	40-60	26-50
Susceptible	60-80	51-75
Very susceptible	>80	>75

جهت تعیین وزن هزار دانه در زمان رسیدگی کامل بوته‌ها، از هر تیمار ۲۰۰ دانه بوسیله دستگاه Seed Counter شمارش شد و به‌وسیله ترازوی دیجیتالی با خطای ۰/۰۱ درصد وزن شدند و سپس عدد به‌دست آمده پنج برابر شد و وزن هزار دانه بدست آمد. هم‌چنین تعداد دانه در سنبله برای هر تیمار شمارش گردید.

تجزیه و تحلیل آماری

آزمایش در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در هر تیمار انجام گرفت. داده‌های اولیه در نرم‌افزار Excel وارد و تجزیه آماری با استفاده از نرم‌افزار SAS در قالب طرح بلوک کامل تصادفی در سه تکرار انجام شد. مقایسه میانگین‌ها براساس روش چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال پنج درصد انجام شد.

نتایج

سرعت جوانه‌زنی

ژنوتیپ‌های زاگرس، فلات، چمران و Irana به ترتیب با میانگین ۱۶/۶۹، ۱۶/۶۲، ۱۶/۵۹ و ۱۶/۵۳ بیشترین و ژنوتیپ‌های شعله، زرین و سیستان به ترتیب با میانگین ۱۰/۴۲، ۱۰/۸۰ و ۱۱/۳۶ کمترین سرعت جوانه‌زنی بذور را نشان دادند (جدول ۵). براساس جدول ۴ تجزیه واریانس ساده ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد از نظر سرعت جوانه‌زنی اختلاف معنی‌داری نشان داد.

درصد جوانه‌زنی

ژنوتیپ‌های زاگرس، چمران و Irana به ترتیب با میانگین ۱۰۰، ۱۰۰ و ۹۷/۷۷ درصد بیشترین و ژنوتیپ شعله با میانگین ۲۶/۶۶ درصد کمترین میانگین درصد جوانه‌زنی بذور را نشان دادند (جدول ۵). براساس جدول ۴ تجزیه واریانس ساده ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال یک درصد از نظر درصد جوانه‌زنی اختلاف معنی‌داری دارند.

شاخص بنیه

ژنوتیپ‌های زاگرس و Irana به ترتیب با میانگین ۱۷۰۷/۴۹ و ۱۵۸۹/۴۹ بیشترین و ژنوتیپ شعله با میانگین ۳۱۶/۹۵ کمترین میانگین شاخص بنیه بذور را نشان دادند (جدول ۵). براساس جدول ۴ تجزیه واریانس ساده ژنوتیپ‌ها در سطح احتمال آماری یک درصد از نظر شاخص بنیه اختلاف معنی‌داری دارند.

ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به قارچ F. graminearum با استفاده از علایم و شدت بیماری

نتایج نشان داد که به ترتیب ژنوتیپ‌های Irana، نیک‌نژاد، گهر، مروارید و زاگرس مقاوم، ژنوتیپ‌های Wa-82-9 و اکبری نیمه مقاوم، ژنوتیپ‌های چمران، کاروان، پاستور، چمران۲، Chenab، Weebile 264 و کراس روشن بهار نیمه حساس، ژنوتیپ‌های S-90-5، مهرگان، شعله، فلات، هیرمند، الوند، داراب، سیستان، زرین و استار حساس و هم‌چنین ژنوتیپ باژ با ۸۶ درصد شدت بیماری به عنوان خیلی حساس شناخته شدند (جدول ۳).

جدول ۳. مقایسه شدت بیماری در ژنوتیپ‌های مختلف گندم آلوده به بلایت فوزاریومی سنبله.

Table 3. Comparison of disease severity in different genotypes of wheat infected to FHB.

Number	Genotype	Scale					
		0	1	2	3	4	5
1	Irana	8	3	1	0	0	0
2	Niknejad	7	3	2	0	0	0
3	Morvarid	7	2	3	0	0	0
4	Gahar	5	4	1	0	0	0
5	Zagros	6	6	2	0	0	0
6	Wa-82-9	1	6	3	0	0	0
7	Akbari	0	2	6	0	0	0
8	Chamran	0	2	5	3	0	0
9	Caravan	0	1	4	5	0	0
10	Pastor	0	0	3	4	1	0
11	Chamran2	0	0	4	4	2	0
12	Chenab	0	0	3	6	1	0
13	Weebille 264	0	0	3	6	1	0
14	Spring BC Roushan	0	1	3	3	3	0
15	S-90-5	0	0	2	6	1	1
16	Mehregan	0	0	1	6	3	0
17	Shole	0	0	0	8	2	0
18	Falat	0	0	1	6	2	1
19	Hirmand	0	0	0	7	3	0
20	Alvand	0	0	0	4	4	0
21	Darab	0	0	0	5	4	1
22	Sistan	0	0	0	4	7	1
23	Zarin	0	0	0	3	11	0
24	Star	0	0	0	3	6	1
25	Bazh	0	0	0	1	5	4

جدول ۴. تجزیه واریانس ساده سرعت جوانه‌زنی بذر، درصد جوانه‌زنی، شاخص بنیه، شدت بیماری، وقوع بیماری، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله.

Table 4. Simple variance analysis of seed germination rate (SGR), seed germination percentage (SGP), vigor index (VI), disease severity (DS), disease incidence (DI), thousand seed weight (TSW) and number of seeds per spike (NSPS).

		Mean squares						
Sum of squares	df	SGR	SGP	VI	DS	DI	TSW	NSPS
Genotype	24	10.47^{**}	1026.28^{**}	347749.77^{**}	1696.97^{**}	1622.29^{**}	47.65^{**}	16.73^{**}
Rep	2	0.03^{ns}	338.37^{ns}	51960.07^{*}	0.80^{ns}	284.98^{*}	7^{**}	0.06^{ns}
CV	***	1.21	7.84	9.06	8.91	11.71	4.70	2.27

* and ** respectively significant at 5% and 1% probability levels, ns non-significant levels.

جدول ۵. مقایسه میانگین داده‌های صفات اندازه‌گیری شده در ژنوتیپ‌های مورد مطالعه براساس آزمون دانکن.

Table 5. Comparison of mean data of traits measured in studied genotypes based on Duncan's test.

	Mean						
Genotype	**SGR**	**SGP**	**VI**	**DS**	**DI**	**TSW**	**NSPS**
Irana	16.53a	97.77ab	1589.49ab	8.3m	6.66i	30.86a	12b
Niknejad	12.62i	73.33egf	1080.43gfh	11.66m	8.88i	29.80ab	12b
Morvarid	15.84b	95.55abc	1629.03ab	12m	8.88i	26.30egf	10c
Gahar	15.64bc	93.33abc	1557.47ab	13.33m	13.33hi	28.28bcd	12b
Zagros	16.69a	100a	1707.49a	14.28m	15.55hi	28.61bc	14a
Wa-82-9	13.65g	71.11gf	1051.40gh	24l	15.55hi	24.81gfhi	10c
Akbari	15.43c	86.66bcd	1344.67cde	35k	19.99h	24.36ghi	8d
Chamran	16.59a	100a	1449.67bcd	42kj	33.33g	26.45def	10c
Caravan	13.11h	79.99def	926.78h	48ij	39.99gf	21.18klj	10c
Pastor	13.23h	66.66g	1094.83ghf	52.50ih	46.66ef	23.81hi	8d
Chamran2	13.32h	86.66bcd	1588.31ab	55.33gih	46.66ef	19.43lmn	10c
Chenab	12.67i	80def	1260.83def	56gfih	51.10de	21.17klj	10c
Weebille 264	14.23f	95.55abc	1313.10de	56gfih	51.10de	27.66cde	10c
Spring BC Roushan	14.63e	79.99def	1156.39egf	58gfeh	46.66ef	19.43lmn	10c
S-90-5	15.05d	79.99def	1115.92ghf	62gfed	59.99cd	25.53gfh	10c
Mehregan	15.73b	91.10abcd	1527.01abc	63.33gfed	66.66bc	19.41lmn	10c
Shole	10.42l	26.66j	316.96j	64cedf	53.33de	20.26lmno	10c
Falat	16.62a	95.53abc	1521.11abc	66cde	64.44bc	21.88jk	10c
Hirmand	15.09d	84.44cde	1170.47egf	66cde	59.99cd	21.41jkl	10c
Alvand	12.73i	66.66g	986.83gh	70bcd	59.99cd	18.85mn	8d
Darab	14.75e	71.10gf	919.54h	72bc	59.99cd	22.88ij	10c
Sistan	11.36j	53.33h	1055.98gh	75b	66.66bc	18.70mn	12b
Zarin	10.80k	39.99i	698.86i	75.71b	66.66bc	18.58mn	14a
Star	12.57i	62.22gh	730.68i	76b	73.33b	18.43mn	10c
Bazh	13.71g	79.99def	925.14h	86a	86.66a	18.03n	10c

Means with common letters in the same column do not have a significant difference at the 5% probability level.

ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های آزمایشی در شرایط گلخانه و تجزیه واریانس ساده داده‌های مربوط به میزان وقوع بیماری، شدت بیماری، وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله نشان داد، از نظر هر چهار صفت گفته شده، در سطح احتمال یک درصد تفاوت معنی‌داری بین این ژنوتیپ‌ها وجود دارد (جدول ۴). مقایسه میانگین صفات اندازه‌گیری شده با استفاده از آزمون چنددامنه‌ای دانکن در سطح احتمال پنج درصد انجام شد که نتایج مربوطه در جدول ۵ آمده است. با توجه به جدول ۵ بیشترین میانگین شدت بیماری و وقوع بیماری به ترتیب با مقادیر ۸۶ و ۸۶/۶۶ درصد مربوط به ژنوتیپ باژ (Bazh) و کمترین میانگین شدت بیماری و وقوع بیماری به ترتیب با مقادیر ۸/۳ و ۶/۶۶ مربوط به ژنوتیپ Irana بود. هم‌چنین بیشترین میانگین وزن هزار دانه با مقدار ۳۰/۸۶ مربوط به ژنوتیپ Irana و کمترین میانگین وزن هزار دانه با مقدار ۱۸/۰۳ مربوط به ژنوتیپ Bazh بود. بیشترین میانگین تعداد دانه در سنبله با مقدار ۱۴ مربوط به ژنوتیپ‌های زاگرس و زرین و کمترین میانگین تعداد دانه در سنبله با مقدار ۸ مربوط به ژنوتیپ‌های پاستور، اکبری و الوند بود.

تجزیه همبستگی پیرسون، نشان داد که همبستگی منفی و معنی‌داری بین وزن هزار دانه با شدت بیماری و وقوع بیماری وجود دارد (ضریب همبستگی ۰/۹۳- و ۰/۹۱- و سطح احتمال یک درصد معنی‌دار). هم‌چنین شدت بیماری و وقوع بیماری دارای ضریب همبستگی ۰/۹۷ و اختلاف معنی‌دار است (جدول ۶).

جدول ۶. نتایج تجزیه همبستگی پیرسون بین شدت بیماری، وقوع بیماری و وزن هزار دانه.

Table 6. The result of Pearson correlation analysis between the disease severity, disease incidence and thousand seed weight.

	DS	DI	TSW
DS	1		
DI	0.97**	1	
TSW	-0.93**	-0.91**	1

** Significant at the 1% probability level.

شکل ۱. A: علائم بیماری ده روز بعد از مایه‌زنی روی ژنوتیپ Bazh، B: علائم بیماری روی ژنوتیپ باژ، C: به‌ترتیب ژنوتیپ‌های باژ، استار، زرین و سیستان آلوده به بلایت فوزاریومی، D1: بذور مقاوم ژنوتیپ Irana، D2: بذور حساس ژنوتیپ باژ.

Fig 1. A: Disease symptoms ten days post inoculation on Bazh genotype, B: Symptoms of the disease on the Bazh genotype, D1: Resistant seeds of Irana genotype, D2: Sensitive seeds of Bagh genotype, C: Bazh, Star, Zarin and Sistan genotypes infected to FHB respectively.

بحث

بلایت فوزاریومی سنبله یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در ایران است. این بیماری در اقلیم گرم و مرطوب شمال و شمال غرب کشور شایع بوده و سبب کاهش عملکرد و کیفیت محصول، پایین آمدن کیفیت بذر و ایجاد مشکلات بهداشتی و سلامتی مرتبط با مصرف نان حاصل از گندم تولیده شده در این اقلیم می‌گردد. این بیماری از اقلیم گرم وخشک جنوب نیز گزارش شده و چند مورد اپیدمی از آن در این اقلیم باعث ایجاد خسارت به محصول گندم شده است. با توجه به دیررس بودن دو ژنوتیپ زاگرس و Wa-82-9، مشخص نیست که مقاومت مشاهده شده در آن‌ها اساس ژنتیکی داشته باشد. بلکه این مقاومت ممکن است به علت عدم دریافت اسپور کافی در زمان مناسب و یا برخورد گیاه با شرایط انتهای فصل و در نتیجه عدم توسعه‌ی کامل بیماری روی این مواد اتفاق افتاده باشد. در واقع عدم ظهور و توسعه بیماری در چنین ژنوتیپ‌هایی معمولا به علت فرار آن‌ها از بیماری اتفاق می‌افتد. هم‌چنین ژنوتیپ‌های زاگرس و Irana با دارا بودن بیشترین مقادیر جوانه‌زنی و شاخص بنیه بذر را، می‌توان به عنوان دلیلی جهت مقاومت به

بیماری بلایت فوزاریومی دانست. ممکن است درصد جوانه‌زنی دو توده بذر با بنیه‌های متفاوت در آزمایشگاه تفاوتی با هم نداشته باشند ولی در شرایط گلخانه و مزرعه تحت تاثیر تنش-های زیستی و غیرزیستی، بذرهایی با بنیه قوی‌تر می‌توانند در مقایسه با بذرهای با بنیه ضعیف‌تر ظهور گیاهچه بهتری داشته باشند. به‌طوری که کیفیت بذر می‌تواند بر عملکرد گیاهان زراعی به‌طور مستقیم و یا غیرمستقیم اثر بگذارند (Bayat *et al.* 2016). میزان عملکرد و ثبات محصول از مهم‌ترین اهداف زراعی است. هرگونه تنشی که باعث کاهش عملکرد در گیاه شود به‌طور مستقیم باعث ایجاد خسارت اقتصادی می‌شود. بلایت فوزاریومی سنبله به عنوان یک عامل تنش زنده، عملکرد را کاهش می‌دهد. دانه‌های روی گیاه گندم آلوده به فوزاریوم معمولا همراه با کاه و پوشال طی عملیات برداشت دور ریخته می‌شوند. در ژنوتیپ‌های بسیار حساس حدود ۳۰ تا ۷۰ درصد دانه‌ها به این صورت دور ریخته می‌شوند (Miedaner 1997). بلایت فوزاریومی سنبله پس از تشکیل دانه‌ها با تاثیر بر روند پر شدن دانه‌ها با انسداد آوندهای گیاه و هم‌چنین با آلوده کردن دانه‌های گندم به‌طور مستقیم به قارچ، باعث کاهش وزن هزار دانه در ژنوتیپ‌های حساس به بیماری شد. این موضوع نشان می‌دهد که حتی در صورت تاثیر اندک بلایت فوزاریومی سنبله بر کاهش عملکرد از طریق عدم تشکیل بذر و نیز در صورت مساعد شدن شرایط محیطی برای گسترش عامل بیماری پس از تشکیل دانه‌ها، قارچ عامل بیماری می‌تواند باعث کاهش وزن هزار دانه و در نهایت کاهش عملکرد در واحد سطح می‌شود. بلایت فوزاریومی سنبله، وزن دانه را به دو صورت کاهش می-دهد. در دانه‌هایی که آلوده شده‌اند، گلچه‌ها به رنگ صورتی، سفید گچی و یا خاکستری کم رنگ بوده، دانه‌ها چروکیده و با آندوسپرم کم یا بدون آندوسپرم هستند. در این دانه‌ها وزن حجمی به‌طور معنی‌داری کم است. در ژنوتیپ‌های بسیار حساس، تا ۸۰ درصد گلچه‌ها می‌توانند چنین علایمی را نشان دهند که باعث کاهشی آشکار در وزن دانه‌ها خواهد شد (Jones & Mirocha 1999). دومین اثر بلایت فوزاریومی سنبله بر کاهش وزن دانه‌ها بدون آلودگی مستقیم اتفاق می‌افتد. هنگامی‌که محور سنبله به‌وسیله میسلیوم‌های قارچ آلوده می-شود، پیری گلچه‌ها در بالا و پایین نقطه‌ی آلودگی بر پر شدن دانه‌ها اثر می‌گذارد. در هر حال کاهش وزن دانه‌ها به این دلیل است که به‌علت بسته شدن بافت آوندی میزان مواد غذایی دریافتی دانه‌ها کاهش می‌یابد (Bai and Shaner 1994).

Mawcha *et al.* (2022)در بررسی مروری، از پیشرفت به‌روز شده مطالعات ژنتیکی در مورد مقاومت به *F. graminearum* با تاکید بر منابع مقاومت به *F. graminearum*، استخراج ژن مقاومت/مکان‌های صفت کمی (QTL) و شبیه‌سازی (cloning) ژن مقاومت را توسط نشانگرهای مولکولی و مکانیسم‌های مقاومت ارائه دادند. دستاوردهای مقاومت و اصلاح نژاد براساس انتخاب فنوتیپ و نشانگرهای مولکولی نیز خلاصه شد. براساس تجزیه و تحلیل سیستماتیک محدودیت‌های اصلاحی و استفاده از مواد مقاوم به FHB، نویسندگان سه پیشنهاد ارائه کردند: اول ارقام مقاوم باید شناسایی شوند و غربال‌گری ژن‌های مقاوم باید تقویت شود، دوم استفاده از اثر افزایشی ژن‌های مقاومت کمی انباشته‌شده از ارقام موجود برای کاهش هزینه‌های مقاومت به منظور ایجاد واریته‌های مقاوم با عملکرد بالا، ثالثاً افزایش تحقیقات و استفاده از ژن های جدید است. تولید و استفاده از ارقام مقاوم، عملی‌ترین، اقتصادی‌ترین و سالم‌ترین روش از نظر زیست‌محیطی برای کنترل پایدار بیماری فوزاریومی سنبله است (Yang *et al.* 2005). بسیاری از قارچ‌کش‌ها در جلوگیری از پاتوژن FHB و کاهش آلودگی مایکوتوکسین در گندم موثر هستند اما نگرانی‌هایی در رابطه با مقاومت ژن پاتوژن و مسائل زیست محیطی وجود دارد. استفاده از ارقام مقاوم از نظر ژنتیکی بی‌خطرترین، موثرترین و مقرون به صرفه‌ترین رویکرد برای کاهش تلفات ناشی از این پاتوژن است. با این حال، تضاد بین مقاومت FHB و عملکرد بالا حتی در حال حاضر یک مشکل اساسی برای پرورش گندم در سطح جهان است (Malihipour *et al.* 2017). علاوه بر این، مقاومت میزبان یک صفت چند ژنی است. به همین دلیل، تقویت تحقیقات ژنتیکی و اصلاحی مقاومت میزبان به FHB و کشت ارقام گندم با بهبود هم افزایی عملکرد و مقاومت، بسیار ضروری است. برای به‌دست آوردن ارقام بهبود یافته مقاوم به FHB از روش های شناسایی مقاوم بسیاری استفاده شده و منابع اصلاحی متعددی با استفاده از نشانگرهای مولکولی در دهه‌های اخیر غربالگری شده است. تاکنون بیش از ۴۰۰ QTL (Quantitative trait loci) مقاوم شناسایی شده است (Jia *et al.* 2018; Ma *et al.* 2020) و عمدتاً بر روی کروموزوم‌های A5، B3، B6، D6 و D7 هستند (Ren *et al.* 2019). جست‌وجو برای یافتن منابع مقاومت به بیماری در مناطق مستعد این بیماری و استفاده از آنها در برنامه‌های اصلاح گندم همیشه در دستور کار بیماری‌شناسان و به‌نژادگران گندم قرار داشته است (Sabz-Ali *et al.* 2021). برخی گندم‌های بومی با منشأ چین، به‌ویژه سومای-۳ و مشتقات به‌دست آمده از آن که مقاومت آن‌ها نسبت به بیماری

بلایت فوزاریومی سنبله مورد تأیید قرار گرفته است، در برنامه-های اصلاح گندم در مناطق مختلف جهان جهت انتقال مقاومت به سایر ارقام گندم مورد استفاده قرار گرفته‌اند. از این گندم‌های مکان ژنی کنترل‌کننده صفت کمی QTL با اثر بالا روی مقاومت به بیماری تحت عنوان ndsu-3BS (Waldron *et al.* 1999) که به نام ژن FHB1 نیز نامیده می‌شود (Lin *et al.* 2006)، به‌طور گسترده در اصلاح ارقام گندم و تولید ارقام مقاوم به بیماری مورد استفاده قرار گرفته است. هم‌چنین، غربال ژرم‌پلاسم‌های پیشرفته گندم امریکا نسبت به این بیماری منجر به شناسایی چندین ژنوتیپ مقاوم با منشأ امریکایی شده است (Eckard *et al.* 2015). ارقام امریکایی ارنی و فریدم دارای سطحی از مقاومت به بیماری بوده‌اند که با سطح بیماری القا شده توسط ژن FHB1 به‌دست آمده از گندم سومای-۳ متفاوت است (Jin *et al.* 2013). هرمی کردن مکان-های ژنی صفات کمی یا ژن‌های به‌دست آمده از منابع مختلف با ژن FHB1 به‌دست آمده از سومای-۳ می‌تواند مقاومت به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله در گندم را افزایش دهد (Shi *et al.* 2008; Burlakoti *et al.* 2009). جست‌وجوی منابع مقاومت در بین توده‌های گندم بومی ایران، شناسایی مکان‌های ژنی صفات کمی یا ژن‌های مقاومت موجود در آنها و در نهایت تلفیق آنها با سایر عوامل مقاومت دریافت شده از منابع خارجی به منظور هرمی کردن ژن‌های مقاومت به این بیماری در گندم حایز اهمیت زیادی می‌باشد (Malihipour *et al.* 2017). اهداف مهم در این تحقیق شامل دستیابی به منابع مقاومت و استفاده از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی، ارزیابی مقاومت ژنوتیپ‌های امیدبخش و در دست معرفی متخصصین به نژادی و اصلاح نباتات در بررسی پایداری مقاومت و بررسی شاخص‌های مختلف بیماری و تعیین همبستگی بین آن‌ها برای ارزیابی دقیق‌تر و آسان‌تر ژنوتیپ‌ها بود. براساس تحقیق حاضر و نتایج بدست آمده، ژنوتیپ‌های Irana، نیک‌نژاد، گهر، مروارید و زاگرس را می‌توان به عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم به بلایت فوزاریومی گندم معرفی کرد که می‌توانند برای اصلاح ارقام جدید گندم قابل استفاده باشند. این نتایج نشان دهنده وجود تنوع کافی بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی بوده و این فرصت را به‌دست می‌دهد که بتوان ژنوتیپ‌های مناسب را جهت معرفی انتخاب نمود. پیشنهاد می‌شود با استفاده از نشانگرهای مولکولی به بررسی ژن‌های عامل مقاومت در ژنوتیپ‌های یاد شده پرداخته شود و در صورت امکان با وارد کردن این ژن‌ها به‌طور هم‌زمان در یک ژنوتیپ اقدام به تولید واریته‌هایی با مقاومت بالا شود. هم‌چنین لازم است قبل از انتخاب نهایی، واکنش این ژنوتیپ‌ها نسبت به سایر بیماری‌ها به‌ویژه زنگ‌ها و عملکرد محصول ژنوتیپ‌های پیشنهادی نیز مدنظر قرار گیرد.

References

Abdul Baki AA, Anderson JD, 1973. Vigor determination in soybean seed by multiple criteria. *Crop Science* 13: 630–633.

Abedini-Esfahlani M, Saidi M, Karimizade Gh & Alizade A, 2000. Investigating different methods of assessing resistance to the spread of *Fusarium graminearum* in wheat spikes. *Seedlings and Seeds* 16: 481–494 (in Persian with English abstract).

Ahmadi K, Qolizadeh H, Ebadzadeh H, Hosseinpour R, Abdshah H, *et al.*, 2017. Crop Agri. Database 2015–2016.

Ahmadi K, Ebadzade HR, Hatami F & Abas-Taghani R, 2019. Statistics of agricultural and horticultural products. Ministry of Agriculture. *Publications of the Planning and Program Department of the Ministry of Agricultural Jihad*, Tehran. Pp. 18-22 (in Persian with English abstract).

Bai GH, Shaner G, 1994. Scab of wheat: prospects for control. *Plant Disease* 78: 760–765.

Bayat P, Ghobadi M, Mohamadi Gh, 2016. Estimation of standard seed germination capability in laboratory conditions for predicting the appearance and deployment of seedlings in the field. *Iranian Seed Science and Technology Journal* 5: 27-38 (in Persian with English abstract).

Bolanos-Carriel C, Wegulo SN, Hallen-Adams H, Baenziger PS, Eskridge KM, *et al.*, 2016. Effects of cultivar resistance, fungicide application timing, and fungicide chemical class on FHB and DON in winter wheat. In: S. Canty, A. Clark, K. Wolfe, and D. van Sanford (Eds.), *Proceedings of the 2016 National Fusarium Head Blight Forum*. East Lansing, MI/Lexington, KY, USA. P. 10.

Burlakoti RR, Mergoum M, Kianian SF, Adhikari TB, 2009. Combining different resistance components

enhances resistance to Fusarium head blight in spring wheat. *Euphytica* 172(2): 197–205.

CGIAR report, 2018. Research program on wheat, (https://wheat.org/wheat-in-the-world/)

Chen P, 2016. Improvement of wheat Fusarium head blight (FHB) resistance in China. In: E.M. Del Ponte, G.C. Bergstrom, W. Pavan, A. Lazzaretti, and J.M.C. Fernandes (Eds.), *Proceedings of the 5th International Symposium on Fusarium Head Blight*. Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brazil. P. 18.

Darvishnia M, Senshenas S, Bazgir E, Darvishnia F, 2023. Identification of *Fusarium verticillioides* fumonisin B1 mycotoxin and the effects of pH, relative humidity and light on its production on maize substrate. *Journal of Applied Research in Plant Protection* 11(4):15–27.

Eckard JT, Gonzalez-Hernandez JL, Caffe M, Berzonsky W, Bockus WW, Marais GF, Baenziger OS, 2015. Native Fusarium head blight resistance from winter wheat cultivars 'Lyman,' 'Overland,' 'Ernie,' and 'Freedom' mapped and pyramided onto 'Wesley'-Fhb1 backgrounds. *Molecular Breeding* 35: 6–16.

Gilbert J, Woods SM, 2006. Strategies and considerations for multi-location FHB screening nurseries. The global *Fusarium* initiative for international collaboration. *Institutional Multimedia Publications Repository*. Pp: 93–102.

Jia HY, Zhou JY, Xue SL, Li GQ, Yan HS, *et al.*, 2018. A journey to understand wheat Fusarium head blight resistance in the Chinese wheat Wangshuibai. *The Crop Journal*, 6: 48–59.

Jin F, Zhang D, Bockus W, Baenziger PS, Carver B, *et al.*, 2013. Fusarium head blight resistance in U.S. winter wheat cultivars and elite breeding lines. *Crop Science* 53(5): 2006–2013.

Jones RK, Mirocha CJ, 1999. Quality parameters in small grains from Minnesota affected by Fusarium head blight. *Plant Disease* 83: 506–511.

Nemati M, Hokmalipour S., 2012. The study of the relationship between traits and resistance to Fusarium head blight (FHB) in spring wheat genotypes. *Weed Applied Science Journal*. 18(10): 1329-1335.

Lin F, Xue SL, Zhang ZZ, Zhang CQ, Kong ZX, *et al.*, 2006. Mapping QTL associated with resistance to Fusarium head blight in the Nanda2419 x Wangshuibai population. II: Type I resistance. *Theoretical and Applied Genetics*. 112: 528–535.

Ma Z, Xie Q, Li G, Jia H, Zhou J, *et al.*, 2020. Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat Fusarium head blight. *Theoretical and Applied Genetics* 133: 1541–1568.

Maguire JD, 1962. Speed of germination-aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Science*. 2: 176–177.

Malihipour A, Dehghan MA, Shahbazi K, Barati A, 2017. Reaction of Iranian Wheat Landraces to Fusarium Head Blight (FHB) under Field and Greenhouse Conditions. *Journal of Applied Research in Plant Protection*. 6(4): 53–66 (in Persian with English abstract).

Mawcha KT, Zhang N, Wang Y, Yang W, 2022. Advances in wheat breeding for resistance to Fusarium head blight. *Genetics and Plant Breeding* 4: 167–188

Miedaner T, 1997. Breeding wheat and rye for resistance to Fusarium diseases. *Plant Breeding* 116(3): 201-220.

Ren J, Wang Z, Du Z, Che M, Zhang Y, *et al.*, 2019. Detection and validation of a novel major QTL for resistance to Fusarium head blight from *Triticum aestivum* in the terminal region of chromosome 7DL. *Theoretical and Applied Genetics* 132: 241–255.

Rezaei A, Asghari A, Moharramnejad S, Nasrollahzadeh Asl V, Yusefi M, 2023. Impact of *Fusarium verticillioides* on superoxide dismutase activity and leaf proteins of two corn lines by two-dimensional gel electrophoresis. *Journal of Applied Research in Plant Protection* 12(1): 59-69.

Sabz-Ali F, Kazemi H, Askari A, 2021. Executive order: Management of Fusarium head blight of wheat. *Plant Protection Organization* Pp. 12 (in Persian with English abstract).

Siranidou E, Kang Z, Buchenauer H, 2002. Studies on symptom development, phenolic compounds and morphological defense responses in wheat cultivars

differing in resistance to Fusarium head blight. *Phytopathology* 150: 200–208.

Shi JR, Xu DH, Yang HY, Lu QX, Ban T, 2008. DNA marker analysis for pyramided of Fusarium head blight (FHB) resistance QTLs from different germplasm. *Genetica* 133(1): 77–84.

Stephen N, 2015. Management of Fusarium head blight of wheat and barley. *Crop Protection* 73: 100–107.

Waldron BL, Moreno-Sevilla B, Anderson JA, Stack RW, Frohberg RC, 1999. RFLP mapping of QTL for Fusarium head blight resistance in wheat. *Crop Science* 39(3): 805–811.

Wegener M, 1992. Optimierung von saatgutpillierungen mit mikrobiellen antagonisten zur biologischen biologischen bekampfung von *Fusarium culmorum* (W. G. Smith) Sacc. in weizen. Diplomarbeit, Georg -August -Universitaet Göttingen, Göttingen, Germany (in Germany with English abstract).

Yang Z, Gilbert J, Fedak G, Somers DJ, 2005. Genetic characterization of QTL associated with resistance to Fusarium head blight in a doubled-haploid spring wheat population. *Genome* 48: 187–196.

Zadoks JC, Chang TT, Konzak CF, 1974. A decimal code for the growth stage of cereals *Weed Research* 14: 415–421.

Zhang W, Boyle K, Fobert PR, 2020. Genetic Characterization of Multiple Components Contributing to Fusarium Head Blight Resistance of FL62R1, a Canadian Bread Wheat Developed Using Systemic Breeding. *Frontiers in Plant Breeding* 11: 163–179.

This is an open access article under the CC BY NC license (https://creativecommons .org/licenses/by-nc/2.0/)