

## ارزیابی چندساله مقاومت به زنگ قهوه‌ای در ۱۹۲ ژنوتیپ گندم نان تحت شرایط مزرعه‌ای

حمید رامرودی<sup>۱</sup>، محمدهادی پهلوانی<sup>۲\*</sup>، خلیل زینلی‌نژاد<sup>۳</sup>، آندراس برنر<sup>۴</sup>، محسن ابراهیمی<sup>۵</sup>

۱. دانشجوی دکتری، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
۲. استاد، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
۳. استادیار، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران
۴. استاد، گروه بانک ژن، مؤسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی و گیاهان زراعی لاینیز (IPK)، آلمان
۵. دانشیار، گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، دانشگاه ابوریحان، دانشگاه تهران، پاکدشت، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۳۰

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۱/۱۸

## چکیده

عامل بیماری زنگ قهوه‌ای گندم قارچی با نام *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* می‌باشد. این پژوهش طی سال‌های ۱۳۹۸ الی ۱۴۰۰ به مدت سه سال به‌منظور بررسی مقاومت جامعه‌ای متشکل از ۱۹۲ ژنوتیپ گندم نان بهاره انجام شد. بر اساس صفت سطح منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) در سال اول، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه‌حساس و حساس، در سال دوم، به سه گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم و نیمه‌حساس و در سال سوم به پنج گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، حساس، نیمه‌حساس و خیلی حساس تقسیم شدند. کشت‌ها در هر سال در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار انجام شد. میانگین صفت AUDPC برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سه سال مورد پژوهش به ترتیب ۱۵۴/۰۴، ۱۰۷/۰۸ و ۲۹۶/۶۶ درصد در روز محاسبه شد. هم‌چنین براساس نتایج حاصل از تجزیه واریانس در سه سال مورد آزمایش ژنوتیپ‌ها از لحاظ صفات مورد بررسی اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد داشتند. بیش‌ترین ضریب همبستگی مثبت بالای معنی‌دار به ترتیب بین شدت آلودگی و AUDPC (r=0.960-0.981)، شدت آلودگی و تیپ آلودگی (r=0.833-0.855) و تیپ آلودگی و AUDPC (r=0.829-0.864) مشاهده شد. بررسی تنوع ژنتیکی مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای با محاسبه AUDPC و تخمین سطح مقاومت در این جمعیت متنوع گندم نان بهاره وجود اختلاف معنی‌داری برای این صفت را نشان داد که حاکی از ارزش بودن این مواد ژنتیکی برای برنامه‌های به‌نژادی گندم نان است.

کلیدواژه‌گان: شدت آلودگی، ضریب همبستگی، مقاومت گیاهچه‌ای، مقاومت گیاه کامل

## مقدمه

به‌نژادگران گندم دارای اهمیت زیادی است. چالش عمده برای اصلاح گندم، مقابله با توانایی پاتوژن برای جهش به نژادهای جدید است که ممکن است گونه‌های مقاوم قبلی را آلوده کند. خوشبختانه برای مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای در ژنوتیپ‌های گندم سطوح مختلف مقاومت در برابر این بیماری وجود دارد که بیانگر وجود تنوع ژنتیکی می‌باشد.

مقاومت نژاد اختصاصی توسط یک ژن یا ترکیبی از ژن‌ها ایجاد می‌شود که واکنش‌های متوسط تا زیادی را در برابر نژادهای بیماری‌زای خاص ایجاد می‌کند (Lingzhi *et al.*, 2016). به‌علاوه این ژن‌ها در هر دو مرحله گیاهچه‌ای و مرحله گیاه کامل بروز و نمود داشته و قابل تشخیص هستند و سطح بالایی از مقاومت را در برابر بیماری ایجاد می‌کنند اما، ممکن است به‌علت تغییر در پرازاری (Virulence) قارچ مقاومت عامل بیماری شکسته شود (Jin *et al.*, 2010). برای جلوگیری از شکست مقاومت چنین ارقامی بهتر است ترکیب دو نوع مقاومت اختصاصی و غیراختصاصی در یک رقم به‌کار گرفته شود. مقاومت غیراختصاصی در مرحله گیاه کامل باعث ایجاد مقاومت نسبی در برابر کلیه نژادهای عامل بیماری شده و به‌طور معمول مقاومت تدریجی در گیاه را به‌دنبال دارد. اثرات این ژن‌ها به‌تنهایی، متوسط است، اما در ترکیب ژنی با ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای یا با سایر ژن‌های مقاومت گیاه کامل باعث ایجاد اثرات افزایشی می‌شوند و در نتیجه سطوح بالایی از مقاومت پایدار را ایجاد می‌کنند (Huerta-Espino *et al.*, 2020). برای کنترل بیماری، تشخیص به‌موقع پاتوژن بسیار ضروری است. توسعه ارقام متعدد مقاوم به بیماری به‌منظور کنترل کاهش عملکرد ضروری‌تر است. اگرچه مواد ژنتیکی مقاوم اصلی دارای مشکلات متفاوتی هستند، اما معمولاً در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار می‌گیرند (Bahar *et al.*, 2018). از جمله روش‌های ارزیابی مقاومت که در مزرعه در مرحله گیاه بالغ به‌طور وسیعی مورد استفاده قرار می‌گیرد، منحنی سطح پیشرفت بیماری (Area Under the Disease Progress Curve) می‌باشد که بازتابی از شدت و توسعه بیماری شناخته شده است. این مقیاس در بسیاری از مطالعات ارزیابی مقاومت غیراختصاصی به‌عوامل بیماری‌زا، به‌عنوان شاخص روند توسعه بیماری مورد استفاده قرار گرفته است (Wu *et al.*, 2017). سطح زیر منحنی پیشرفت

تولید گندم به‌عنوان مهم‌ترین محصول زراعی جهان با چالش‌های جدی از جمله تغییرات اقلیمی و تنش‌های زنده و غیرزنده روبرو است. این چالش‌ها تولید گندم و افزایش آن در واحد سطح را مورد تهدید قرار داده‌اند. از آنجا که برای افزایش سطح زیر کشت گندم محدودیت‌های جدی وجود دارد، مهم‌ترین راهکار برای مقابله با این چالش‌ها، معرفی ارقام اصلاح شده با عملکرد بالاتر توسط متخصصین اصلاح نباتات می‌باشد (Dadrezaei *et al.*, 2021). شناسایی منابع ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای (تک ژنی) و گیاه کامل (چند ژنی) برای هرمی کردن ژن‌ها، آرایش ژنی و ایجاد ارقام گندم دارای مقاومت پایدار، به‌منظور کنترل زنگ قهوه‌ای (برگی) گندم، امری ضروری است (Delfan *et al.*, 2021). با توجه به وسعت سطح زیر کشت گندم و قدمت زراعت آن، این گیاه در طول دوره رشد مورد حمله بسیاری از عوامل بیماری‌زا از جمله زنگ‌ها قرار می‌گیرد. عامل بیماری زنگ قهوه‌ای گندم (*Puccinia recondita*) پهنک برگ را مورد حمله قرار می‌دهد، اگرچه در اپیدمی‌های شدیدتر در ارقام حساس، غلاف ساقه و گلوم‌ها نیز مورد حمله قرار می‌گیرند؛ تحت شرایط همه‌گیری شدید این بیماری می‌تواند تا بیش از ۴۰ درصد عملکرد را از طریق کاهش وزن هزار دانه و تعداد دانه در سنبله تحت تأثیر قرار دهد (Zangh *et al.*, 2019). اپیدمی زنگ قبل از گلدهی یا همزمان با آن اتفاق می‌افتد و آلودگی سنبله زیان فراوانی را به‌بار می‌آورد (Wu *et al.*, 2017). تخمین زده شده، میزان کاهش سالانه ناشی از این بیمارگرها بین ۳-۵ تا ۴ میلیارد دلار می‌باشد (Huerta-Espino *et al.*, 2020). تاکنون ۷۹ ژن مقاومت به زنگ قهوه‌ای شناسایی شده است (Qureshi *et al.*, 2018). اکثر این ژن‌ها مقاومت اختصاصی اعطا می‌کنند اما، هشت ژن *Lr34*، *Lr46*، *Lr67*، *Lr68*، *Lr74*، *Lr75*، *Lr77* و *Lr78* باعث مقاومت غیراختصاصی می‌شوند (Zangh *et al.*, 2019). مطالعه مبانی ژنتیکی مقاومت گیاه، جستجوی ژن‌های موثر و معرفی آن‌ها در کشت گندم نان، به‌طور قابل توجهی از شیوع بیماری جلوگیری کرده و عملکرد را پایدار می‌کند. با استفاده از روش‌های مختلف ژنتیکی و بیوشیمیایی، تلاش‌هایی برای مطالعه ژن‌های کلیدی مسئول مقاومت در برابر پاتوژن زنگ قهوه‌ای گندم انجام شده است (Huseynova *et al.*, 2013). اطلاع از ژن‌های مقاومت و انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم برای

بیماری نشان‌دهنده پیشرفت بیماری در زمان می‌باشد، به‌طوری‌که در ارقام حساس شدت بیماری در مدت کوتاهی به حداکثر میزان می‌رسد، در صورتی‌که در ارقام مقاوم و یا ارقامی که دارای مقاومت نسبی و تدریجی می‌باشند پیشرفت بیماری خیلی کند بوده و مدت زمان بیش‌تری لازم است تا بیماری توسعه یابد. با چندین بار یادداشت‌برداری از درصد بیماری، منحنی سطح پیشرفت بیماری به‌عنوان الگوی برای مقاومت تدریجی قابل محاسبه است. Bux و همکاران (۲۰۱۲) در پژوهشی جهت بررسی زنگ زرد گندم با اندازه‌گیری صفت AUDPC یک جمعیت از ژرم‌پلاسم گندم متشکل از ۲۰ رقم بهاره چینی، ۹۵ لاین تجاری و ۸۵ لاین پیشرفته در مرحله گیاهچه‌ای، حضور احتمالی ژن‌های مقاومت به زنگ زرد شامل *Yr5*، *Yr3*، *Yr10*، *Yr15*، *YrSP* و *YrCV* را در لاین‌های تجاری مورد بررسی قرار دادند. نتایج نشان داد لاین‌های پیشرفته و ارقام چینی که اکثراً در مرحله گیاهچه حساس بودند، در مرحله گیاه کامل مقاومت نشان دادند. Dadrezaei و همکاران (۲۰۱۳) جهت بررسی اثر *Lr34* در ایجاد مقاومت به بیماری‌های زنگ برگ، با استفاده از نشانگر *csLV34* در ۱۳۰ رقم تجاری و لاین‌های پیشرفته گندم در شرایط اپیدمی زنگ برگ نتیجه گرفتند که ۴۳ رقم حاوی ژن *Lr34* بوده‌اند و مقدار محاسبه شده AUDPC برای ارقام حاوی *Lr34* بین ۳-۴۴۰ درصد در روز بوده که نسبت به سایر ارقام کمتر برآورد شد. Fahmi و همکاران (۲۰۱۵) با مطالعه ۲۶ ژنوتیپ گندم از نظر سطوح مقاومت گیاه بالغ به زنگ قهوه‌ای دریافتند که برخی از ژنوتیپ‌ها دارای مقاومت نژاد اختصاصی، برخی دیگر دارای مقاومت تدریجی و گروه آخر بسیار حساس بود و این واریته‌ها مقادیر بالاتری از شدت آلودگی و AUDPC را نشان دادند و در ارقام مقاوم وجود ژن مقاومت گیاه بالغ *Lr34* روی بازوی کوتاه کروموزوم 7D گندم تایید شد. Hei (2017) در پژوهشی بر روی بیماری زنگ قهوه‌ای گندم با بررسی تنوع مقاومت تدریجی در میان ۱۸ رقم گندم اصلاح شده، پارامترهای شدت آلودگی (Final Rust Severity)، ضریب آلودگی (Coefficient of Infection)، Relative area under the disease progress (Rate) و میزان آلودگی ظاهری (AUDPC curve) را اندازه‌گیری کردند. نتایج نشان داد ارقام دارای FRS کمتر از ۳۰ درصد، CI بین صفر تا ۲۰ درصد و rAUDPC کمتر از ۳۰ درصد با پاسخ نیمه‌مقاوم (MS)،

دارای مقاومت تدریجی بوده و می‌توانند در برنامه‌های اصلاحی گندم استفاده شوند. Safavi و همکاران (۲۰۱۳) جهت بررسی مقاومت ویژه روی ۲۰ رقم جو (*Hordeum vulgare* L.) به‌همراه ارقام شاهد مقاوم و حساس در برابر زنگ زرد و برآورد مقاومت تدریجی از طریق متغیرهای اپیدمیولوژیک شامل FRS، Inf-rate، AUDPC و CI مشاهده کردند که برخی ارقام دارای مقادیر FRS، CI، Inf-rate و AUDPC پایین (مقاوم)، برخی دارای مقادیر متوسط (نیمه‌مقاوم یا نیمه‌حساس) و بقیه ارقام که مقادیر بالایی از پارامترهای کمی داشتند، دارای مقاومت تدریجی پایین (حساس) گروه‌بندی شدند. ضریب همبستگی بین پارامترهای مختلف مقاومت تدریجی به‌طور قابل توجهی بالا بود ( $r=0.83-0.98$ ). Singla و همکاران (۲۰۱۶) با بررسی Quantitative Trait Loci نشان‌دهنده مقاومت زنگ برگ در جمعیت نوترکیب Arina×Forno با استفاده از دو گروه ژن *Lr75* و *Lr34* نشان دادند که گروه Recombinant (RIL Inbred Line) حاوی *Lr34* بیش‌ترین مقاومت در برابر زنگ برگ داشت. مقدار AUDPC در گروه ژنی *Lr75* ۲۳۸ درصد در روز بود که کمتر از گروه حساس با مقدار ۳۸۸/۶ درصد در روز بود. با این‌حال، ترکیب *Lr75* و *QLr.sfr-7BL* باعث بروز مقاومت به زنگ برگ گندم در مقایسه با *Lr34* شد که یافته قبلی مبنی بر وجود اثر افزایشی بین *Lr75* و *QLr* را تایید کرد. Wu و همکاران (۲۰۱۷) در مطالعه‌ای جهت پیدا کردن مقاومت ژنتیکی زنگ زرد بین دو رقم گندم Napo 63 (مقاوم به بیماری) و Avocet S (حساس به بیماری) از روش تجزیه و تحلیل توده در حال تفرق BSA (Bulked Segregant Analysis) و نشانگرهای (Single Nucleotide Polymorphism) SNP استفاده کردند و مشخص شد که ۲۷۵ مورد از ۵۱۱ مورد چند شکلی SNP دیده شده روی کروموزوم 2B وجود داشت. با محاسبه FRS و AUDPC داده‌ها مشخص شد که مقاومت رقم Napo 63 در هر دو مرحله گیاهچه‌ای و گیاه کامل پایدار بود. منحنی سطح پیشرفت بیماری نشان‌دهنده پیشرفت بیماری در زمان می‌باشد، به‌طوری‌که در ارقام حساس شدت بیماری در مدت کوتاهی به حداکثر میزان می‌رسد، در صورتی‌که در ارقام مقاوم و یا ارقامی که دارای مقاومت نسبی و تدریجی می‌باشند پیشرفت بیماری خیلی کند می‌باشد و مدت زمان بیش‌تری لازم است تا بیماری توسعه یابد. با چندین بار یادداشت‌برداری از درصد بیماری،

توده‌های محلی می‌باشند. کشت این ارقام با در نظر گرفتن دو تکرار در هر سال در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی انجام شد. با توجه به معنی‌دار شدن اثر متقابل سال×ژنوتیپ مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها نیز در هر سال به‌طور جداگانه صورت گرفت که در قسمت نتایج و بحث آورده شده است. برای این منظور قبل از انجام تجزیه واریانس مرکب آزمون یکنواختی واریانس خطاها (بارتلت) صورت پذیرفت. کشت هر ژنوتیپ روی یک ردیف به‌طول دو متر با فاصله پنج سانتی‌متر بین بذور و با فواصل ۵۰ سانتی‌متر بین ردیف‌ها نسبت به سایر کرت‌ها صورت گرفت. تاریخ کشت در سال اول، دوم و سوم به‌ترتیب ۱۳۹۸/۱۱/۲۰، ۱۳۹۹/۱۱/۲۹ و ۱۴۰۰/۱۰/۳۰ بود. با توجه به شرایط اقلیمی حاکم در منطقه گرگان و وجود رطوبت مناسب برای گسترش و توسعه یکنواخت بیماری زنگ قهوه‌ای، ژنوتیپ حساس این بیماری (بولانی) در اطراف آزمایش سه ردیف و در بین هر هشت ژنوتیپ دو ردیف (کلاً ۴۴ ردیف) به‌عنوان منبع پخش‌کننده طبیعی بیماری و اوردیوسپور برای سایر ژنوتیپ‌ها کشت شد. آلودگی کامل روی رقم بولانی صورت گرفت که حاکی از مساعد بودن شرایط برای وقوع و همه‌گیری بیماری زنگ قهوه‌ای بود.

منحنی سطح پیشرفت بیماری به‌عنوان الگویی برای مقاومت تدریجی قابل محاسبه است. هدف از انجام این مطالعه بررسی تنوع ژنتیکی برای مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای در یک جامعه از گندم نان بهاره عمدتاً غیر ایرانی و همچنین تخمین سطح مقاومت در این مواد ژنتیکی بود.

### مواد و روش‌ها

این پژوهش طی سه سال زراعی از ۱۳۹۸ الی ۱۴۰۰ در مزرعه آموزشی و پژوهشی دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان با عرض جغرافیایی ۳۶ درجه و ۴۹ دقیقه شمالی، طول جغرافیایی ۵۴ درجه و ۱۹ دقیقه شرقی و ۱۲ متر ارتفاع از سطح دریا انجام شد. بافت خاک مزرعه از نوع لوم رسی سیلتی، اسیدیته خاک ۷/۹-۸، هدایت الکتریکی ۰/۷ دسی زیمنس بر متر تعیین شد. متوسط دمای ماهانه و مقدار بارش سال‌های مربوط به مطالعه در جدول ۱ آورده شده است. مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش، جامعه‌ای متشکل از ۱۹۲ رقم گندم نان بهاره بود که از موسسه تحقیقات ژنتیک گیاهی کشور آلمان، بانک ژن کشور چک، موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج و موسسه ایکاردا دریافت شد (جدول ۲). برخی از این ژنوتیپ‌ها اصلاح شده و برخی دیگر از

جدول ۱- متوسط دمای ماهانه و مقدار بارش سال‌های مربوط به مطالعه بررسی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به زنگ قهوه‌ای

ماه	سال ۱۳۹۸		سال ۱۳۹۹		سال ۱۴۰۰		سال ۱۴۰۱	
	دما (dC)	بارش (mm)	دما (dC)	بارش (mm)	دما (dC)	بارش (mm)	دما (dC)	بارش (mm)
فروردین	۱۳/۶	۷۷/۵	۱۳/۰	۶۴/۰	۱۶/۵	۱۷/۵	۱۴/۸	۲۲/۳
اردیبهشت	۱۹/۰	۴۲/۴	۱۷/۹	۴۷/۱	۲۱/۴	۲۲/۸	۱۹/۱	۴۷/۵
خرداد	۲۶/۱	۰/۶	۲۵/۴	۲/۴	۲۶/۹	۷/۴	۲۵/۸	۲/۲
تیر	۲۸/۵	۳۹/۶	۲۸/۳	۲۸/۶	۳۰/۶	۴/۰	۲۸/۹	۰/۰
مرداد	۲۸/۲	۷/۸	۲۸/۵	۴/۳	۳۰/۶	۳/۹	۲۹/۲	۱۸/۶
شهریور	۲۲/۹	۲۴/۵	۲۶/۱	۱۹/۵	۲۷/۸	۴/۵	۲۷/۹	۱۱/۰
مهر	۲۲/۲	۵۱/۷	۲۱/۲	۳۷/۴	۲۰/۷	۶۳/۰	۲۴/۵	۲۲/۱
آبان	۱۴/۱	۱۲۲/۴	۱۶/۷	۲۸/۸	۱۳/۰	۴۳/۵	۱۶/۳	۸۵/۶
آذر	۹/۹	۷/۵	۸/۶	۳۵/۲	۱۲/۷	۲۰/۰	۱۱/۴	۱۳۵/۸
دی	۱۰/۴	۲/۷	۸/۳	۲۸/۳	۹/۸	۱۳/۵	۷/۶	۳۴/۳
بهمن	۹/۹	۸۲/۸	۱۰/۱	۳۶/۱	۹/۰	۱۴۱/۰	۷/۸	۳۱/۱
اسفند	۱۱/۵	۵۹/۳	۹/۴	۷۸/۷	۱۲/۱	۶۷/۹	۱۴	۱۱/۳

زمانی هفت روز ادامه یافت. در هر پلات یادداشت‌برداری روی پنج بوته انجام شد. ارزیابی شدت آلودگی بر اساس مقیاس اصلاح شده (Peterson et al, 1948) انجام شد. صفت تیپ آلودگی (IT: Infection Type) یک نوبت (هم‌زمان با آخرین مرحله یادداشت‌برداری از صفت شدت آلودگی) ثبت شد. ارزیابی واکنش گیاه به آلودگی (تیپ آلودگی) با مشاهده ۸۰ درصدی شدت آلودگی روی رقم

مراقبت‌های زراعی لازم طبق روش‌های مرسوم منطقه انجام شد. یادداشت‌برداری‌های متعدد برای یافتن نوع واقعی مقاومت بسیار مفید است. جهت بررسی مقاومت ژنوتیپ‌ها به بیماری زنگ قهوه‌ای گندم در مرحله گیاه بالغ در مزرعه، یادداشت‌برداری از صفت شدت آلودگی (PS: Percentage Severity) بعد از مشاهده اولین علائم بیماری روی برگ پرچم و برگ ماقبل آن آغاز گردید و در چهار نوبت به فاصله

تجزیه داده‌ها با استفاده از نرم‌افزارهای SAS ver9.4 و Excel انجام شد. بدین صورت که قبل از انجام تجزیه واریانس، بررسی فرضیات آن انجام شد و مشخص گردید که فرض نرمال بودن توزیع فراوانی خطاها مخدوش است. مطابق معمول از تبدیل داده‌ها برای نرمال نمودن خطاهای آزمایشی استفاده نمودیم و از آنجایی که تبدیل داده‌ها تاثیری بر معنی‌داری یا غیر معنی‌داری میانگین مربعات منابع تغییر در جدول تجزیه واریانس نگذاشته بود، تصمیم گرفته شد تا از داده‌های تبدیل نشده (داده‌های اصلی آزمایش) در تجزیه‌ها استفاده گردد. مجدداً تاکید می‌گردد که چنان‌چه از تبدیل داده‌ها نیز استفاده می‌گردید، باز هم همین نتایج در معنی‌دار شدن منابع تغییر مشاهده می‌گشت.

حساس بولانی بر اساس مقیاس صفر تا نه به روش (Mcneal et al, 1971) ثبت گردید. سپس بر اساس داده‌های یادداشت‌برداری شده از صفات شدت آلودگی و تیپ آلودگی، صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری (AUDPC) محاسبه گردید (Jeger and Viljanen-Rollinson, 2001). منحنی سطح پیشرفت بیماری با استفاده از فرمول (Wilcoxson et al, 1974) محاسبه شد.

$$AUDPC = \sum_{i=1}^k 1/2(S_i + S_{i+1}) * d$$

که در این فرمول  $S_i$ : درصد آلودگی در مرحله  $i$ ام،  $k$ : تعداد دفعات ارزیابی بیماری و  $d$ : فاصله بین دو ارزیابی می‌باشد.

### جدول ۲- ژنوتیپ‌های گندم مورد مطالعه

ردیف	شماره ژنوتیپ در بانک ژن مربوطه	کشور منشا	ردیف	شماره ژنوتیپ در بانک ژن مربوطه	کشور منشا	ردیف	شماره ژنوتیپ در بانک ژن مربوطه	کشور منشا	ردیف	شماره ژنوتیپ در بانک ژن مربوطه	کشور منشا
۱	۴	هند	۴۴	۲۳۴	ایران	۸۷	۴۹۰	مصر	۱	۴	ایران
۲	۶	هند	۴۵	۲۵۶	بنگلادش	۸۸	۵۱۸	آمریکا	۲	۶	هند
۳	۱۴	هند	۴۶	۲۶۳	پاکستان	۸۹	۵۱۹	آمریکا	۳	۱۴	هند
۴	۱۶	افغانستان	۴۷	۲۷۲	هند	۹۰	۵۲۰	کانادا	۴	۱۶	افغانستان
۵	۱۹	ترکیه	۴۸	۲۷۳	هند	۹۱	۵۲۱	آلمان	۵	۱۹	ترکیه
۶	۲۳	ترکیه	۴۹	۲۷۵	هند	۹۲	۵۲۲	ایتالیا	۶	۲۳	ترکیه
۷	۲۹	ترکیه	۵۰	۲۸۰	عراق	۹۳	۵۲۳	ژاپن	۷	۲۹	ترکیه
۸	۳۲	هند	۵۱	۲۹۴	هند	۹۴	۵۲۴	ژاپن	۸	۳۲	هند
۹	۴۷	ترکیه	۵۲	۲۹۸	هند	۹۵	۵۲۵	استرالیا	۹	۴۷	ترکیه
۱۰	۵۱	ترکیه	۵۳	۳۰۲	هند	۹۶	۵۲۷	انگلستان	۱۰	۵۱	ترکیه
۱۱	۵۵	هند	۵۴	۳۱۲	ترکیه	۹۷	۵۲۸	مکزیک	۱۱	۵۵	هند
۱۲	۵۸	نیپال	۵۵	۳۱۵	پاکستان	۹۸	۵۲۹	مکزیک	۱۲	۵۸	نیپال
۱۳	۵۹	نیپال	۵۶	۳۱۶	پاکستان	۹۹	۵۳۰	مکزیک	۱۳	۵۹	نیپال
۱۴	۶۱	نیپال	۵۷	۳۱۹	ترکیه	۱۰۰	۵۳۱	استرالیا	۱۴	۶۱	نیپال
۱۵	۶۴	نیپال	۵۸	۳۳۵	هند	۱۰۱	۵۳۲	استرالیا	۱۵	۶۴	نیپال
۱۶	۶۵	نیپال	۵۹	۳۵۴	عراق	۱۰۲	۵۳۳	شوروی سابق	۱۶	۶۵	نیپال
۱۷	۷۵	نیپال	۶۰	۳۵۶	عراق	۱۰۳	۵۳۴	مکزیک	۱۷	۷۵	نیپال
۱۸	۷۶	افغانستان	۶۱	۳۵۷	عراق	۱۰۴	۵۳۵	ژاپن	۱۸	۷۶	افغانستان
۱۹	۸۳	افغانستان	۶۲	۳۶۱	عراق	۱۰۵	۵۳۶	مکزیک	۱۹	۸۳	افغانستان
۲۰	۸۹	نیپال	۶۳	۳۶۲	عراق	۱۰۶	۵۳۷	نامعلوم	۲۰	۸۹	نیپال
۲۱	۹۳	افغانستان	۶۴	۳۶۳	عراق	۱۰۷	۵۴۰	نامعلوم (حاصل از ارقام ایتالیایی)	۲۱	۹۳	افغانستان
۲۲	۹۵	افغانستان	۶۵	۳۶۴	عراق	۱۰۸	۵۴۱	نامعلوم	۲۲	۹۵	افغانستان
۲۳	۹۶	افغانستان	۶۶	۳۶۷	ترکیه	۱۰۹	۵۴۳	آمریکا	۲۳	۹۶	افغانستان
۲۴	۹۷	افغانستان	۶۷	۳۶۸	ترکیه	۱۱۰	۵۴۴	مکزیک	۲۴	۹۷	افغانستان
۲۵	۹۹	افغانستان	۶۸	۳۷۲	ترکیه	۱۱۱	۵۴۵	فرانسه	۲۵	۹۹	افغانستان
۲۶	۱۰۲	افغانستان	۶۹	۳۷۴	تاجیکستان	۱۱۲	۵۵۵	ژاپن	۲۶	۱۰۲	افغانستان
۲۷	۱۰۳	افغانستان	۷۰	۳۸۱	تاجیکستان	۱۱۳	۵۵۶	مکزیک	۲۷	۱۰۳	افغانستان
۲۸	۱۰۴	افغانستان	۷۱	۳۸۸	هند	۱۱۴	۵۵۷	نامعلوم	۲۸	۱۰۴	افغانستان
۲۹	۱۰۹	افغانستان	۷۲	۴۰۱	پاکستان	۱۱۵	۵۶۰	آمریکا	۲۹	۱۰۹	افغانستان

استرالیا	01C0203840	۵۶۵	۱۱۶	پاکستان	ATRI 28730	۴۰۱	۷۳	افغانستان	ATRI 2817	۱۱۹	۳۰
جمهوری چک	01C0204799	۵۶۷	۱۱۷	افغانستان	ATRI 28818	۴۰۶	۷۴	افغانستان	ATRI 2850	۱۲۹	۳۱
آمریکا	01C0204826	۵۶۸	۱۱۸	ایران	HTRI 6339	۴۱۴	۷۵	افغانستان	ATRI 2899	۱۳۶	۳۲
انگلستان	01C0204897	۵۷۰	۱۱۹	ایران	HTRI 6515	۴۴۰	۷۶	افغانستان	ATRI 2900	۱۳۷	۳۳
افغانستان	ICBW 127724	۵۷۴	۱۲۰	ایران	HTRI 6605	۴۵۲	۷۷	افغانستان	ATRI 2916	۱۴۱	۳۴
افغانستان	ICBW 90192	۵۷۶	۱۲۱	ایران	HTRI 6614	۴۵۴	۷۸	افغانستان	ATRI 2956	۱۴۶	۳۵
افغانستان	ICBW 90185	۵۷۸	۱۲۲	ایران	HTRI 6689	۴۶۸	۷۹	افغانستان	ATRI 3157	۱۴۹	۳۶
افغانستان	ICBW 90161	۵۷۹	۱۲۳	ایران	HTRI 7162	۴۷۵	۸۰	افغانستان	ATRI 3572	۱۶۶	۳۷
ترکمستان	ICBW 141200	۵۸۲	۱۲۴	ایران-اصلاح شده	Morvarid	۴۷۸	۸۱	ایران	ATRI 5489	۱۸۳	۳۸
ترکمستان	ICBW 138690	۵۸۵	۱۲۵	ایران-اصلاح شده	Ghods	۴۷۹	۸۲	ایران	ATRI 5498	۱۸۵	۳۹
ترکمستان	ICBW 138668	۵۸۶	۱۲۶	ایران-اصلاح شده	Roshan	۴۸۰	۸۳	ایران	ATRI 5727	۲۱۱	۴۰
ترکمستان	ICBW 138599	۵۸۷	۱۲۷	ایران-اصلاح شده	Kavir	۴۸۱	۸۴	ایران	ATRI 5938	۲۲۹	۴۱
ترکمستان	ICBW 138429	۵۸۸	۱۲۸	ایران-اصلاح شده	Pishtaz	۴۸۲	۸۵	ایران	ATRI 5947	۲۳۲	۴۲
ترکمستان	ICBW 138397	۵۹۰	۱۲۹	ایران-اصلاح شده	Sorkhtokhm	۴۸۴	۸۶	ایران	ATRI 5956	۲۳۳	۴۳
ایران-اصلاح شده	Setareh	۸۹۰	۱۷۲	ایران-اصلاح شده	Arta	۶۸۵	۱۵۱	ترکمستان	ICBW 138363	۵۹۱	۱۳۰
ایران-اصلاح شده	Ofogh	۸۹۱	۱۷۳	ایران-اصلاح شده	Sirvan	۶۸۶	۱۵۲	ترکیه	ICBW 42741	۵۹۷	۱۳۱
ایران-اصلاح شده	Pishgam	۸۹۲	۱۷۴	ایران-اصلاح شده	Tajan	۷۱۵	۱۵۳	ترکیه	ICBW 42498	۵۹۸	۱۳۲
ایران-اصلاح شده	Sirvan	۸۹۳	۱۷۵	عراق	تک سنبله از ردیف ۶۰۳/۲	۷۷۶	۱۵۴	ترکیه	ICBW 42283	۶۰۱	۱۳۳
ایران-اصلاح شده	Pishtaz	۸۹۴	۱۷۶	سوریه	تک سنبله از ردیف ۶۳۰/۳	۷۷۸	۱۵۵	عراق	ICBW 108753	۶۰۸	۱۳۴
ایران-اصلاح شده	Morvarid	۸۹۵	۱۷۷	آذربایجان	تک سنبله از ردیف ۶۳۳/۲	۷۷۹	۱۵۶	عراق	ICBW 108748	۶۰۹	۱۳۵
ایران-اصلاح شده	Gonbad	۸۹۶	۱۷۸	آذربایجان	تک سنبله از ردیف ۶۳۶/۲	۷۸۰	۱۵۷	عراق	ICBW 108740	۶۱۰	۱۳۶
ایران-اصلاح شده	Mehrgan	۸۹۷	۱۷۹		Nodel	۸۶۳	۱۵۸	عراق	ICBW 108723	۶۱۱	۱۳۷
ایران-اصلاح شده	Behrang	۸۹۸	۱۷۹		10071	۸۶۴	۱۵۹	پاکستان	ICBW 43232	۶۱۴	۱۳۸
ایران-اصلاح شده	Barzegar	۸۹۹	۱۸۱		S-90-5	۸۶۸	۱۶۰	پاکستان	ICBW 43196	۶۱۵	۱۳۹
ایران-اصلاح شده	Parsi	۹۰۰	۱۸۲		DH-260 U	۸۶۸	۱۶۱	پاکستان	ICBW 41274	۶۱۹	۱۴۰
ایران-اصلاح شده	Chamran 2	۹۰۱	۱۸۳	ایران-اصلاح شده	Heidari	۸۸۰	۱۶۲	سوریه	ICBW 141055	۶۲۳	۱۴۱
ایران-اصلاح شده	Ehsan	۹۰۲	۱۸۴	ایران-اصلاح شده	Mihan	۸۸۱	۱۶۳	سوریه	ICBW 138789	۶۲۵	۱۴۲
ایران-اصلاح شده	Kalateh	۹۰۳	۱۸۵	ایران-اصلاح شده	Torabi	۸۸۲	۱۶۴	سوریه	ICBW 110707	۶۲۶	۱۴۳
ایران-اصلاح شده	Baharan	۹۰۴	۱۸۶	ایران-اصلاح شده	Khalil	۸۸۳	۱۶۵	سوریه	ICBW 42689	۶۳۰	۱۴۴
ایران-اصلاح شده	Zarrineh	۹۰۵	۱۸۷	ایران-اصلاح شده	Sarang	۸۸۴	۱۶۶	آذربایجان	ICBW 141350	۶۳۲	۱۴۵
ایران-اصلاح شده	Barat	۹۰۶	۱۸۸	ایران-اصلاح شده	Tirgan	۸۸۵	۱۶۷	آذربایجان	ICBW 140887	۶۳۳	۱۴۶
ایران-اصلاح شده	Shoush	۹۰۷	۱۸۹	ایران-اصلاح شده	Rakhshan	۸۸۶	۱۶۸	ایران-اصلاح شده	Arvand	۶۵۲	۱۴۷
ایران-اصلاح شده	Shabrang	۹۰۸	۱۹۰	ایران-اصلاح شده	Talaie	۸۸۷	۱۶۹	ایران-اصلاح شده	Hirmand	۶۶۲	۱۴۸
ایران-اصلاح شده	Meraj	۹۰۹	۱۹۱	ایران-اصلاح شده	Hana	۸۸۸	۱۷۰	ایران-اصلاح شده	Alborz	۶۷۰	۱۴۹
ایران-اصلاح شده	Narin	۹۱۰	۱۹۲	ایران-اصلاح شده	Aran	۸۸۹	۱۷۱	ایران-اصلاح شده	Chenab	۶۸۳	۱۵۰

## نتایج و بحث:

ژنتیکی را انجام داد. با توجه به اثر متقابل سال×ژنوتیپ برخی از ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سال‌های مورد بررسی نسبت به بیماری زنگ قهوه‌ای در گروه‌های متفاوتی از نظر مقاومت و یا حساسیت قرار گرفتند. از آنجایی که بر اساس تجزیه واریانس مرکب اثر متقابل سال×ژنوتیپ معنی‌دار بود، مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها و تجزیه واریانس هر سال بصورت جداگانه صورت گرفت (جدول ۴).

نتایج تجزیه واریانس متغیرهای ثبت شده در جدول ۳ نمایش داده شده است. همان‌طور که مشاهده می‌گردد اثر منابع تغییر شامل سال، ژنوتیپ و اثر متقابل سال×ژنوتیپ برای صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری در مزرعه در سطح ۱ درصد معنی‌دار شده است که نشان‌دهنده وجود تنوع ژنتیکی برای این صفت بود و در نتیجه می‌توان تجزیه

جدول ۳- نتایج تجزیه مرکب صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه طی سال‌های ۱۴۰۰-۱۳۹۸

منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات
سال	۲	۷۲۸۹۹۶۲/۳۷	۳۶۴۴۹۸۱/۱۹**
بلوک (سال)	۳	۸۲۴۴۸۵/۳۰	۲۷۴۸۲۸/۴۳**
ژنوتیپ	۱۹۱	۲۳۸۰۳۷۳۷/۱۱	۱۲۴۶۲۶/۹۰**
سال*ژنوتیپ	۳۸۲	۱۱۵۹۲۱۶۲/۱۱	۳۰۳۴۵/۹۷**
خطا	۵۷۳	۱۱۵۷۸۴۶۳/۶۱	۲۰۲۰۶/۷۴
ضریب تغییرات (درصد)	-	-	۷۵/۲۶

\*\* معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ‌های گندم نان طی سال‌های مورد مطالعه

سال	منابع تغییرات	درجه آزادی	مجموع مربعات	میانگین مربعات
۱۳۹۹-۱۳۹۸	بلوک	۱	۳۰۰۴۶/۶۴	۳۰۰۴۶/۶۴**
	ژنوتیپ	۱۹۱	۸۳۵۵۴۰۱/۳۲	۴۳۷۴۵/۵۵**
	خطا	۱۹۱	۳۴۹۸۰۸۲/۵۱	۱۸۳۱۴/۵۷
	ضریب تغییرات	-	-	۸۳/۰۸
۱۴۰۰-۱۳۹۹	بلوک	۱	۱۳۷۴۸۶/۳۴	۱۳۷۴۸۶/۳۴**
	ژنوتیپ	۱۹۱	۳۹۴۱۱۷۵/۶۵	۲۰۶۳۴/۴۳**
	خطا	۱۹۱	۲۲۴۶۵۸۴/۱۵	۱۱۷۶۲/۲۲
	ضریب تغییرات	-	-	۱۰/۱۲۸
۱۴۰۱-۱۴۰۰	بلوک	۱	۶۵۶۹۵۲/۳۲	۶۵۶۹۵۲/۳۲**
	ژنوتیپ	۱۹۱	۲۳۰۹۹۳۲۲/۲۴	۱۲۰۹۳۸/۸۶**
	خطا	۱۹۱	۵۸۳۳۷۹۵/۹۳	۳۰۵۴۳/۴۳
	ضریب تغییرات (درصد)	-	-	۵۸/۹۱

\*\* معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد

## تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفت

## AUDPC در سال ۱۳۹۹-۱۳۹۸

بر اساس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری در سال ۱۳۹۹-۱۳۹۸ به روش LSD، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، حساس و نیمه‌حساس تقسیم شدند (جدول ۵) که تصاویر مربوط به هر گروه در شکل ۱ آورده شده است. Ali Mohammadzadeh و همکاران (۲۰۲۰) با مطالعه بیماری زنگ قهوه‌ای روی ارقام دیگری در مورد این صفات به نتایج مشابهی دست یافتند. بر اساس مطالعه Dadrezaei و همکاران (۲۰۱۳)، AUDPC بین ۸۰۰-۵۰۰ درصد در روز حساس (S: Susceptible)، AUDPC بین ۲۵۰ الی ۵۰۰ درصد در روز به‌عنوان نیمه‌حساس یا نسبتاً مقاوم (MS<sup>1</sup>)، AUDPC بین ۱۵۰ الی ۲۵۰ درصد در روز نیمه‌مقاوم (MS: Moderately Susceptible) و AUDPC با مقادیر کمتر از ۱۵۰ درصد در روز نسبت به بیماری مقاوم (R: Resistant) است. در این مطالعه، AUDPC رقم حساس

بولانی ۱۲۰۲/۲۵ درصد در روز محاسبه شد که نشان‌دهنده حساسیت بالای آن است و این تفاوت در AUDPC نتیجه اثر محیط است. در چنین ژنوتیپ‌هایی بیماری به‌سرعت گسترش (Fast rusting) می‌یابد (Delfan et al, 2021). در این سال زراعی ژنوتیپ‌هایی مانند ۶۱۹ (۷۷۲/۶۳)، ۵۹۷ (۷۲۰/۱۳)، ۶۰۸ (۷۱۰/۵۰) و ۷۷۶ (۶۲۱/۲۵) درصد در روز در گروه حساس قرار گرفتند که ۵۵ درصد از ژنوتیپ‌ها را شامل شد. AUDPC کمتر از ۵۰۰ درصد در روز به‌عنوان مقاومت قابل قبول در نظر گرفته شد. گروه نیمه‌حساس ۳۱ ژنوتیپ (۱۶ درصد) را شامل شد و مقدار آن برای ژنوتیپ‌های ۱۰۲ (۴۵۲/۳۸)، ۳۵۴ (۴۵۲/۳۸)، ۳۷۴ (۲۵۰/۲۵) و ۱۰۹ (۲۵۳/۸۸) درصد در روز بود. گروه سوم (نیمه‌مقاوم) شامل ۴۷ ژنوتیپ (۲۵ درصد) نظیر ۵۸۷ (۲۴۸/۵۰)، ۴۸۰ (۲۴۶/۷۵)، ۲۷۲ (۱۵۴/۸۸) و ۵۲۸ (۱۵۴/۰۰) بود. آخرین AUDPC که مقدار آن کمتر از ۱۵۰ درصد در روز بود (مقاوم)، متعلق به ژنوتیپ‌هایی بود که

شدت‌های مختلف بیماری زنگ قهوه‌ای در شرایط مزرعه‌ای در شکل ۱ نشان داده شده است.

به‌دلیل ژن‌های مقاومت نژاد اختصاصی مقاوم بودند و ۱۰۶ ژنوتیپ (۵۵ درصد) نظیر ترابی (۱۴/۰۰)، خلیل (۰/۰۰)، تیرگان (۱۴/۰۰) و حنا (۰/۰۰) در این گروه قرار گرفتند.



شکل ۱- شدت‌های مختلف بیماری زنگ قهوه‌ای در شرایط مزرعه‌ای (ماخذ: نگارنده)

جدول ۵- تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سال اول (۱۳۹۹-۱۳۹۸)

نوع واکنش	AUDPC ژنوتیپ‌ها (درصد در روز)			
مقاوم	۶۸۵ (۱۴۹/۶۳)، ۴۸۴ (۱۴۷/۸۸)، ۲۲۹ (۱۴۷/۰۰)، ۸۶۳ (۱۴۵/۲۵)، ۵۳۳ (۱۴۲/۶۳)، ۷۷۸ (۱۴۲/۶۳)، ۵۵ (۱۴۱/۷۵)، ۱۹ (۱۳۷/۳۸)، ۴۹۰ (۱۳۶/۵۰)، ۱۸۳ (۱۳۴/۷۵)، ۵۱۸ (۱۳۳/۸۸)، ۲۳۲ (۱۲۹/۵۰)، ۵۷۹ (۱۲۶/۸۸)، ۵۸ (۱۲۴/۲۵)، ۶۲۳ (۱۲۳/۳۸)، ۴۷ (۱۱۹/۸۸)، ۵۲۲ (۱۱۹/۸۸)، ۵۲۳ (۱۱۹/۸۸)، ۶۳۲ (۱۱۷/۲۵)، ۸۹۱ (۱۱۷/۲۵)، ۷۱۵ (۱۱۶/۳۸)، ۸۹۴ (۱۱۵/۵۰)، ۷۵ (۱۱۴/۶۳)، ۵۳۰ (۱۱۴/۶۳)، ۵۶۷ (۱۱۴/۶۳)، ۸۹۲ (۱۰۸/۵۰)، ۵۵۷ (۱۰۵/۸۸)، ۵۷۶ (۹۸/۸۸)، ۵۸۸ (۹۸/۸۸)، ۲۹ (۹۸/۰۰)، ۵۳۶ (۸۷/۵۰)، ۹۱۰ (۸۷/۵۰)، ۳۷۲ (۸۶/۶۳)، ۵۱۹ (۸۴/۸۸)، ۸۹۲ (۸۴/۸۸)، ۵۳۷ (۸۲/۲۵)، ۶۲۶ (۷۷/۸۸)، ۴۶۸ (۷۴/۳۸)، ۱۳۶ (۷۲/۶۳)، ۵۷۰ (۷۲/۶۳)، ۴ (۷۰/۸۸)، ۳۶۷ (۷۰/۸۸)، ۴۷۸ (۷۰/۸۸)، ۲۳۴ (۷۰/۸۸)، ۳۳۵ (۷۰/۰۰)، ۳۳۵ (۷۰/۰۰)، ۵۲۷ (۶۸/۲۵)، ۷۶ (۶۵/۶۳)، ۴۰۴ (۶۵/۶۳)، ۳۲ (۶۴/۷۵)، ۵۲۱ (۶۴/۷۵)، ۹۰۰ (۶۴/۷۵)، ۲۳ (۶۳/۸۸)، ۲۷۳ (۶۳/۸۸)، ۵۲۵ (۶۳/۸۸)، ۵۲۹ (۶۱/۲۵)، ۵۴۳ (۶۱/۲۵)، ۸۸۱ (۶۱/۲۵)، ۹۰۱ (۵۹/۵۰)، ۶۴ (۵۷/۷۵)، ۱۳۷ (۵۷/۷۵)، ۲۱۱ (۵۶/۰۰)، ۴۸۲ (۵۶/۰۰)، ۵۳۴ (۵۳/۳۸)، ۵۴۰ (۵۲/۵۰)، ۵۲۰ (۵۰/۷۵)، ۴۴۰ (۴۹/۰۰)، ۵۳۵ (۴۵/۵۰)، ۸۸۴ (۴۵/۵۰)، ۶۵ (۴۲/۰۰)، ۲۷۵ (۴۲/۰۰)، ۷۸۰ (۴۲/۰۰)، ۵۸۵ (۳۹/۳۸)، ۵۹۰ (۳۸/۵۰)، ۵۹۰ (۳۶/۷۵)، ۲۵۶ (۳۵/۰۰)، ۵۷۴ (۳۵/۰۰)، ۶۳۳ (۳۵/۰۰)، ۹۰۵ (۲۹/۷۵)، ۲۷ (۲۷/۱۳)، ۵۳۲ (۲۶/۲۵)، ۵۴۱ (۲۵/۳۸)، ۸۹۳ (۲۵/۳۸)، ۸۹۶ (۲۵/۳۸)، ۸۹۸ (۲۴/۶۳)، ۵۳۱ (۲۳/۷۵)، ۸۹۵ (۲۳/۷۵)، ۴۰۱ (۱۹/۲۵)، ۷۷۹ (۱۷/۵۰)، ۳۱۲ (۱۶/۶۳)، ۴۰۶ (۱۵/۷۵)، ۸۸۲ (۱۵/۷۵)، ۸۸۵ (۱۴/۰۰)، ۲۹۴ (۸/۷۵)، ۵۹۱ (۸/۷۵)، ۹۰۴ (۷/۸۸)، ۸۸۹ (۷/۰۰)، ۹۰۹ (۷/۰۰)، ۳۰۲ (۶/۱۳)، ۵۴۵ (۶/۱۳)، ۹۰۶ (۶/۱۳)، ۹۰۷ (۶/۱۳)، ۸۸۷ (۳/۵۰)، ۸۹۷ (۲/۶۳)، ۹۰۲ (۲/۶۳)، ۵۵۶ (۰/۰۰)، ۸۸۳ (۰/۰۰)، ۸۸۶ (۰/۰۰)، ۸۸۸ (۰/۰۰)، ۹۰۸ (۰/۰۰)			
	نیمه‌مقاوم	۵۸۷ (۲۴۸/۵۰)، ۴۸۰ (۲۴۶/۷۵)، ۵۶۰ (۲۴۵/۸۸)، ۱۴۱ (۲۴۵/۰۰)، ۴۵۲ (۲۴۴/۱۳)، ۸۹ (۲۳۷/۱۳)، ۱۸۵ (۲۳۴/۵۰)، ۵۹۸ (۲۳۲/۷۵)، ۱۰۳ (۲۳۲/۷۵)، ۹۰۳ (۲۲۷/۵۰)، ۱۴۹ (۲۲۳/۱۳)، ۶۲۵ (۲۲۰/۵۰)، ۲۳۳ (۲۱۷/۰۰)، ۴۷۹ (۲۱۴/۳۸)، ۴۵۴ (۲۱۲/۶۳)، ۵۶۸ (۲۱۰/۰۰)، ۳۶۱ (۲۱۰/۰۰)، ۵۶۵ (۲۰۹/۱۳)، ۸۶۵ (۲۰۷/۳۸)، ۸۶۸ (۲۰۳/۸۸)، ۶ (۱۹۹/۵۰)، ۱۰۴ (۱۹۹/۵۰)، ۸۳ (۱۹۷/۷۵)، ۶۱ (۱۹۶/۰۰)، ۳۶۸ (۱۹۴/۲۵)، ۵۱ (۱۸۸/۱۳)، ۶۰۹ (۱۸۳/۷۵)، ۲۹۸ (۱۸۱/۱۳)، ۴۱۴ (۱۸۱/۱۳)، ۱۱۹ (۱۷۷/۶۳)، ۳۸۸ (۱۷۶/۷۵)، ۵۸۶ (۱۷۶/۷۵)، ۸۹۹ (۱۷۶/۷۵)، ۸۸۰ (۱۷۶/۷۵)، ۶۳۰ (۱۷۱/۵۰)، ۲۶۳ (۱۷۰/۶۳)، ۱۶ (۱۶۶/۲۵)، ۵۸۳ (۱۶۶/۲۵)، ۸۶۴ (۱۶۵/۳۸)، ۵۲۴ (۱۶۴/۵۰)، ۳۶۲ (۱۶۲/۷۵)، ۵۴۴ (۱۶۲/۷۵)، ۶۵۲ (۱۶۰/۱۳)، ۱۴۶ (۱۵۶/۶۳)، ۳۱۵ (۱۵۶/۶۳)، ۲۷۲ (۱۵۴/۸۸)، ۵۲۸ (۱۵۴/۰۰)		
		نیمه‌حساس	۱۰۲ (۴۵۲/۳۸)، ۳۵۴ (۴۵۲/۳۸)، ۶۸۶ (۴۴۱/۰۰)، ۵۹ (۴۳۳/۱۳)، ۶۶۲ (۴۲۷/۸۸)، ۴۸۱ (۳۹۲/۰۰)، ۶۸۳ (۳۷۸/۸۸)، ۶۱۵ (۳۷۸/۲۵)، ۶۱۱ (۳۷۰/۱۳)، ۱۶۶ (۳۶۲/۲۵)، ۳۵۷ (۳۳۹/۵۰)، ۹۹ (۳۳۹/۸۸)، ۳۱۶ (۳۲۲/۰۰)، ۵۷۸ (۳۱۹/۳۸)، ۶۱۴ (۳۱۳/۲۵)، ۶۱۰ (۳۰۰/۱۳)، ۹۷ (۲۹۷/۵۰)، ۵۵۵ (۲۹۷/۵۰)، ۳۱۹ (۲۸۷/۰۰)، ۹۳ (۲۸۰/۸۸)، ۱۲۹ (۲۷۷/۳۸)، ۳۸۱ (۲۷۱/۲۵)، ۱۴ (۲۷۰/۳۸)، ۳۵۶ (۲۶۷/۷۵)، ۳۶۳ (۲۶۲/۵۰)، ۶۷۰ (۲۵۹/۰۰)، ۸۹۰ (۲۵۵/۵۰)، ۴۷۵ (۲۵۳/۷۵)، ۱۰۹ (۲۵۲/۸۸)، ۳۷۴ (۲۵۰/۲۵)	
			حساس	۶۰۸ (۷۱۰/۵۰)، ۷۷۶ (۷۱۰/۲۵)، ۹۵ (۶۲۱/۲۵)، ۷۷۶ (۶۲۱/۲۵)، ۲۸۰ (۵۸۹/۷۵)، ۳۶۴ (۵۸۹/۳۸)، ۹۶ (۵۳۹/۰۰)
			فوق حساس	Bolani (۱۲۰۲/۲۵)
			LSD (٪)	۲۶۶/۹۴



جدول ۶- تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سال دوم (۱۴۰۰-۱۳۹۹)

نوع واکنش	AUDPC ژنوتیپ‌ها (درصد در روز)
مقاوم	۱۲۹ (۱۴۸/۷۵)، ۵۱ (۱۴۳/۵۰)، ۵۲۳ (۱۴۳/۵۰)، ۶۶۲ (۱۴۱/۷۵)، ۶۱۴ (۱۴۰/۰۰)، ۹۳ (۱۳۸/۲۵)، ۶۰۹ (۱۳۸/۲۵)، ۶۱۵ (۱۳۶/۵۰)، ۴۸۴ (۱۳۴/۷۵)، ۶۵۲ (۱۳۴/۷۵)، ۱۸۵ (۱۳۱/۲۵)، ۵۲۹ (۱۲۷/۷۵)، ۶۸۵ (۱۲۷/۷۵)، ۵۱۹ (۱۲۰/۷۵)، ۳۷۲ (۱۱۳/۷۵)، ۴۵۴ (۱۱۳/۷۵)، ۵۲۵ (۱۱۳/۷۵)، ۶۷۰ (۱۱۲/۰۰)، ۶۸۶ (۱۱۰/۲۵)، ۳۷۲ (۱۰۸/۵)، ۷۶ (۱۰۵/۰۰)، ۱۰۴ (۱۰۵/۰۰)، ۵۹ (۱۰۳/۲۵)، ۸۹۳ (۱۰۱/۵۰)، ۷۵ (۹۹/۷۵)، ۳۱۵ (۹۶/۲۵)، ۳۸۱ (۹۶/۲۵)، ۶۲۶ (۹۶/۲۵)، ۷۱۵ (۹۶/۲۵)، ۵۳۶ (۹۴/۵۰)، ۱۴۶ (۹۲/۷۵)، ۵۸۸ (۹۲/۷۵)، ۸۹۱ (۹۱/۰۰)، ۱۶ (۸۹/۲۵)، ۵۷۹ (۸۹/۲۵)، ۶۵ (۸۷/۵۰)، ۲۳۲ (۸۷/۵۰)، ۵۱۸ (۸۷/۵۰)، ۶۱ (۸۴/۰۰)، ۵۴۴ (۸۰/۵۰)، ۸۳ (۷۸/۷۵)، ۶۳۲ (۷۸/۷۵)، ۳۲ (۷۳/۵۰)، ۲۱۱ (۷۳/۵۰)، ۴۷۸ (۷۱/۷۵)، ۵۷۸ (۷۱/۷۵)، ۵۳۴ (۷۰/۰۰)، ۵۳۷ (۷۰/۰۰)، ۵۸۳ (۷۰/۰۰)، ۸۸۴ (۷۰/۰۰)، ۸۹ (۶۸/۲۵)، ۵۴۱ (۶۸/۲۵)، ۴۷۸ (۶۸/۲۵)
	۱۸۳ (۶۳/۰۰)، ۴۹۰ (۶۳/۰۰)، ۶ (۶۱/۲۵)، ۵۵ (۵۹/۵۰)، ۵۵۵ (۵۹/۵۰)، ۵۶۰ (۵۹/۵۰)، ۱۹ (۵۷/۷۵)، ۳۸۸ (۵۷/۷۵)، ۵۲۷ (۵۷/۷۵)، ۵۴۰ (۵۷/۷۵)، ۸۸۳ (۵۷/۷۵)، ۵۲۲ (۵۶/۰۰)، ۸۸۵ (۵۶/۰۰)، ۸۹۲ (۵۴/۲۵)، ۲۹۴ (۵۲/۵۰)، ۶۰۱ (۵۲/۵۰)، ۱۳۷ (۴۵/۵۰)، ۵۶۷ (۴۵/۵۰)، ۲۶۳ (۴۵/۵۰)، ۳۶۷ (۴۰/۲۵)، ۵۷۶ (۳۸/۵۰)، ۸۶۴ (۳۸/۵۰)، ۴ (۳۶/۷۵)، ۸۸۱ (۳۶/۷۵)، ۲۳۴ (۳۵/۰۰)، ۳۳۵ (۳۳/۲۵)، ۵۴۳ (۳۳/۲۵)، ۷۸۰ (۲۹/۷۵)، ۹۰۹ (۲۹/۷۵)، ۵۲۸ (۲۸/۰۰)، ۸۹۸ (۲۶/۲۵)، ۴۰۱ (۲۴/۵۰)، ۴۴۰ (۲۱/۰۰)، ۸۸۰ (۲۱/۰۰)، ۸۸۹ (۲۱/۰۰)، ۲۹ (۲۱/۰۰)، ۱۸۳ (۱۹/۲۵)، ۵۲۱ (۱۹/۲۵)، ۵۵۷ (۱۹/۲۵)، ۷۷۸ (۱۹/۲۵)، ۶۴ (۱۷/۵۰)، ۱۳۶ (۱۷/۵۰)، ۴۶۸ (۱۷/۵۰)، ۵۳۱ (۱۷/۵۰)، ۵۹۰ (۱۷/۵۰)، ۸۸۲ (۱۷/۵۰)، ۹۰۳ (۱۷/۵۰)، ۲۵۶ (۱۵/۷۵)، ۳۱۹ (۱۴/۰۰)، ۳۱۹ (۱۴/۰۰)، ۵۲۰ (۱۴/۰۰)، ۵۶۵ (۱۴/۰۰)، ۸۶۳ (۱۴/۰۰)، ۸۹۶ (۱۴/۰۰)، ۹۰۰ (۱۴/۰۰)، ۹۰۵ (۱۴/۰۰)، ۳۰۲ (۱۰/۵۰)، ۷۷۹ (۸/۷۵)، ۸۹۵ (۸/۷۵)، ۹۰۱ (۸/۷۵)، ۹۰۶ (۸/۷۵)، ۵۳۰ (۷/۰۰)، ۲۷۳ (۵/۲۵)، ۵۳۲ (۵/۲۵)، ۸۹۷ (۵/۲۵)، ۹۰۲ (۵/۲۵)، ۴۸۲ (۳/۵۰)، ۵۵۶ (۳/۵۰)، ۵۸۵ (۳/۵۰)، ۸۶۵ (۳/۵۰)، ۸۹۴ (۳/۵۰)، ۵۷۰ (۱/۷۵)، ۹۰۴ (۱/۷۵)، ۲۳۳ (۰/۰۰)، ۳۱۲ (۰/۰۰)، ۴۰۴ (۰/۰۰)، ۴۰۶ (۰/۰۰)، ۵۷۴ (۰/۰۰)، ۵۸۷ (۰/۰۰)، ۵۹۱ (۰/۰۰)، ۸۸۶ (۰/۰۰)، ۸۸۷ (۰/۰۰)، ۸۸۸ (۰/۰۰)، ۹۰۷ (۰/۰۰)، ۹۰۸ (۰/۰۰)
	۳۵۴ (۲۴۸/۵۰)، ۴۱۴ (۲۳۱/۰۰)، ۵۴۵ (۲۳۱/۰۰)، ۱۱۹ (۲۲۷/۵۰)، ۳۶۳ (۲۲۷/۵۰)، ۶۱۰ (۲۲۷/۵۰)، ۹۶ (۲۱۸/۷۵)، ۶۱۱ (۲۱۱/۷۵)، ۴۸۰ (۲۰۳/۰۰)، ۳۶۱ (۲۰/۲۵)، ۱۶۶ (۱۹۹/۵۰)، ۶۲۵ (۱۹۷/۷۵)، ۴۷ (۱۹۴/۲۵)، ۱۴۹ (۱۹۴/۲۵)، ۳۷۴ (۱۹۲/۵۰)، ۵۳۳ (۱۸۹/۰۰)، ۸۶۸ (۱۸۷/۲۵)، ۴۵۲ (۱۸۳/۷۵)، ۲۳ (۱۸۲/۰۰)، ۴۸۱ (۱۸۲/۰۰)، ۷۷۶ (۱۸۰/۲۵)، ۵۸۶ (۱۷۶/۷۵)، ۲۹۸ (۱۷۵/۰۰)، ۶۱۹ (۱۷۵/۰۰)، ۸۹۹ (۱۷۱/۵۰)، ۹۱۰ (۱۶۸/۰۰)، ۱۴ (۱۶۶/۲۵)، ۱۰۳ (۱۶۶/۲۵)، ۶۳۰ (۱۶۲/۷۵)، ۱۰۲ (۱۶۱/۰۰)، ۵۸ (۱۵۹/۲۵)، ۹۹ (۱۵۹/۲۵)، ۳۶۸ (۱۵۷/۵۰)، ۶۳۳ (۱۵۲/۲۵)، ۵۶۸ (۱۵۰/۵۰)، ۶۸۳ (۱۵۰/۵۰)، ۸۹۰ (۱۵۰/۵۰)
	۶۰۸ (۴۷۷/۷۵)، ۳۶۴ (۴۷۰/۷۵)، ۶۲۳ (۴۲۱/۷۵)، ۵۲۴ (۴۰۴/۲۵)، ۲۲۹ (۳۹۷/۲۵)، ۳۵۶ (۳۶۰/۵۰)، ۹۷ (۳۵۵/۲۵)، ۴۷۹ (۳۴۱/۲۵)، ۱۴۱ (۳۲۳/۷۵)، ۲۸۰ (۳۲۰/۲۵)، ۵۹۷ (۳۱۸/۵۰)، ۹۵ (۲۸۱/۷۵)، ۲۷۵ (۲۸۰/۰۰)، ۵۹۸ (۲۶۷/۷۵)، ۳۵۷ (۲۶۲/۵۰)، ۱۰۹۰ (۲۶۰/۷۵)، ۴۷۵ (۲۵۹/۰۰)، ۴۷۵ (۲۵۷/۲۵)، ۳۱۶ (۲۵۳/۷۵)
	Bolani (۵۱۸/۰۰)
	-
	۲۱۳/۹۲
	حساس
	فوق حساس
	LSD(Δ/)

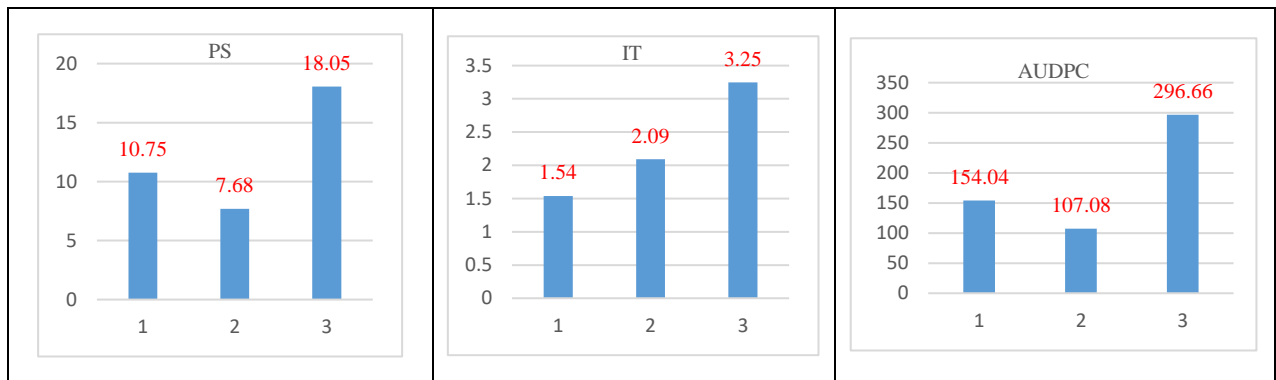
در روز (حساس) که سرعت گسترش بیماری در آن‌ها زیاد است در ۳۱ ژنوتیپ (۱۶ درصد) مانند ۳۶۴ (۷۸۷/۵۰)، ۳۸۱ (۷۲۶/۵۰)، ۱۶۶ (۵۰۲/۲۵) و ۲۹۸ (۵۰۰/۵۰) دیده شد. در این آزمایش AUDPC بین ۲۵۰ الی ۵۰۰ درصد در روز شامل ۵۷ ژنوتیپ (۳۰ درصد) بود و مقدار آن در ژنوتیپ‌های ۵۱۸ (۴۹۸/۷۵)، ۲۶۳ (۴۹۳/۵۰)، ۵۷۶ (۲۵۳/۷۵) و ۸۸۰ (۲۵۳/۷۵) بود که به‌عنوان نیمه‌حساس یا نسبتاً مقاوم در نظر گرفته شدند. گروه بعدی با AUDPC بین ۱۵۰ الی ۲۵۰ درصد در روز (نیمه‌مقاوم) در ۳۱ ژنوتیپ (۱۶ درصد) مشاهده گردید و شامل ژنوتیپ‌هایی نظیر ۹۰۱ (۲۴۸/۵۰)، ۵۵ (۲۴۵/۰۰)، ۵۲۱ (۱۵۴/۰۰) و ۸۶۵ (۱۵۲/۲۵) بود. آخرین AUDPC با مقدار کمتر از ۱۵۰ درصد در روز شامل ۶۵ ژنوتیپ (۳۴ درصد) بود و در ژنوتیپ‌هایی نظیر ترابی (۰/۰۰)، خلیل (۰/۰۰)، تیرگان (۷۷/۰۰) و حنا (۰/۰۰) مشاهده گردید که به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم در نظر گرفته شدند. Delfan و همکاران

### تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌های مورد مطالعه برای صفت AUDPC در سال ۱۴۰۰-۱۴۰۱

در سال ۱۴۰۰-۱۴۰۱ گروه‌بندی به‌روش LSD نشان داد که ژنوتیپ‌ها بر اساس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری به پنج گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، حساس، نیمه‌حساس و فوق حساس تقسیم شدند (جدول ۷). AUDPC رقم حساس بولانی، ۸۶۱/۰۰ درصد در روز محاسبه شد که این تفاوت در AUDPC نتیجه اثر محیط است. میانگین بارندگی در این سال زراعی به‌خصوص در ماه‌های پایانی سال نسبت به دو سال گذشته بیش‌تر بود (جدول ۱). در نتیجه آلودگی کامل روی رقم بولانی صورت گرفت و شرایط برای همه‌گیری بیماری زنگ قهوه‌ای روی سایر ژنوتیپ‌ها فراهم شد. نتایج نشان داد که AUDPC بیش‌تر از ۸۰۰ درصد در روز (خیلی حساس) در هشت ژنوتیپ (۴ درصد) نظیر ۹۵ (۱۳۰۷/۲۵)، ۹۳ (۹۷۴/۷۵)، ۶۱۹ (۸۴۸/۷۵) و ۱۴۹ (۸۴۱/۷۵) وجود داشت. AUDPC بین ۸۰۰-۵۰۰ درصد

رشد تصاعدی بیماری کندتر شده و آلودگی به تاخیر می‌افتد و در نهایت واکنش میزبان به صورت لکه‌های کلروتیک و نکروتیک خواهد بود؛ زیرا وقوع چندین جهش نقطه‌ای در شرایط محیطی نرمال بسیار نادر است (Hei, 2010; Tsilo *et al*, 2017). سایر محققان در بین ژنوتیپ‌های مختلف گندم برای مقاومت تدریجی در برابر زنگ قهوه‌ای و سایر زنگ‌ها با استفاده از AUDPC انواع مشابهی گزارش کردند (Hei, 2017) و (Safavi *et al*, 2020).

(۲۰۲۱) تقسیم‌بندی مشابهی را به کار بردند که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت. طبق تحقیقات گذشته مقادیر پایین AUDPC در این ژنوتیپ‌ها نشان‌دهنده توانایی این ژنوتیپ‌ها در کند کردن روند پیشرفت بیماری در مرحله ابتدایی توسعه است و مانند ژن مقاومت *Lr34* این ژن‌ها نیز دارای اثرات کوچک بوده و اغلب به صورت افزایشی عمل می‌کنند (Chen, 2013) و (Singla *et al*, 2016). این نوع مقاومت به دلیل اثرات افزایشی مدت زمان طولانی‌تری پایدار می‌ماند و بنابراین بایستی بیش‌تر مورد توجه محققان قرار بگیرند (Chen, 2013). دو گروه از ژنوتیپ‌ها (با پاسخ MR و MS) همانند ارقام حساس در ابتدا آلودگی و تولید اسپور نشان داده، ولی برعکس ارقام حساس، به‌مرور



شکل ۲- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم در سال‌های مورد مطالعه نسبت به بیماری زنگ قهوه‌ای گندم با استفاده از میانگین شدت آلودگی (PS)، میانگین تیپ آلودگی (IT) و میانگین منحنی سطح پیشرفت بیماری (AUDPC). اعداد ۱، ۲ و ۳ پایین شکل به ترتیب مربوط به سال اول، سال دوم و سال سوم مطالعه است.

جدول ۷- تقسیم‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در سال سوم (۱۴۰۱-۱۴۰۰)

نوع واکنش	AUDPC ژنوتیپ‌ها (درصد در روز)	
مقاوم	۱۳۷ (۱۴۷/۰۰), ۶۴ (۱۴۵/۲۵), ۲۹۴ (۱۴۳/۵۰), ۵۳۷ (۱۴۳/۵۰), ۳۶۱ (۱۴۱/۷۵), ۷۶ (۱۴۰/۰۰), ۴۰۴ (۱۳۱/۲۵), ۵۵۷ (۱۳۱/۲۵)	
	۱۶ (۱۲۴/۲۵), ۱۳۶ (۱۲۴/۲۵), ۸۶۳ (۱۲۴/۲۵), ۵۲۰ (۱۲۲/۵۰), ۵۶۷ (۱۱۵/۵۰), ۸۸۴ (۱۱۲/۰۰), ۴۷۸ (۱۱۰/۲۵)	
	۹۰۷ (۱۰۸/۵۰), ۲۹ (۱۰۳/۲۵), ۷۱۵ (۹۸/۰۰), ۵۲۷ (۹۴/۵۰), ۷۸۰ (۹۴/۵۰), ۲۵۶ (۸۹/۲۵), ۸۹۹ (۸۴/۰۰), ۵۲۸ (۷۸/۷۵)	
	۸۸۵ (۷۷/۰۰), ۵۶۸ (۷۵/۲۵), ۵۳۱ (۷۱/۷۵), ۸۹۵ (۶۸/۲۵), ۵۳۲ (۶۶/۵۰), ۹۰۰ (۶۶/۵۰), ۳۰۲ (۶۴/۷۵), ۳۱۲ (۶۴/۷۵)	
	۲۷۵ (۵۲/۵۰), ۴۰۱ (۵۰/۷۵), ۵۴۱ (۵۰/۷۵), ۳۲ (۴۷/۲۵), ۵۹۰ (۴۵/۵۰), ۷۷۹ (۴۳/۷۵), ۸۶۴ (۳۱/۵۰), ۵۳۶ (۲۸/۰۰)	
	۶۵ (۱۹/۲۵), ۹۰۵ (۱۹/۲۵), ۵۴۵ (۱۷/۵۰), ۴ (۱۰/۵۰), ۸۹۶ (۱۰/۵۰), ۶۳۳ (۸/۷۵), ۹۰۴ (۸/۷۵), ۵۹۱ (۵/۲۵)	
	۸۸۷ (۳/۵۰), ۹۰۹ (۳/۵۰), ۵۴۰ (۱/۷۵), ۴۰۶ (۰/۰۰), ۵۲۵ (۰/۰۰), ۵۵۶ (۰/۰۰), ۵۷۰ (۰/۰۰), ۵۷۴ (۰/۰۰), ۸۶۸ (۰/۰۰)	
	۸۸۳ (۰/۰۰), ۸۸۲ (۰/۰۰), ۸۸۶ (۰/۰۰), ۸۸۸ (۰/۰۰), ۸۸۹ (۰/۰۰), ۸۹۷ (۰/۰۰), ۸۹۸ (۰/۰۰), ۹۰۲ (۰/۰۰), ۹۰۸ (۰/۰۰)	
	نیمه‌مقاوم	۹۰۱ (۲۴۸/۵۰), ۵۵ (۲۴۵/۰۰), ۵۸۸ (۲۴۳/۲۵), ۵۸ (۲۳۸/۰۰), ۳۱۹ (۲۳۲/۷۵), ۳۶۷ (۲۲۹/۲۵), ۹۰۳ (۲۱۸/۷۵), ۳۶۲ (۲۱۷/۰۰)
		۸۹۲ (۲۱۷/۰۰), ۹۹ (۲۱۵/۲۵), ۵۲۳ (۲۱۵/۲۵), ۸۹۱ (۲۱۳/۵۰), ۳۱۶ (۲۱۰/۰۰), ۵۸۵ (۲۰۶/۵۰), ۲۱۱ (۲۰۴/۷۵)
۴۶۸ (۲۰۳/۰۰), ۶۸۶ (۲۰۱/۲۵), ۵۴۴ (۱۹۶/۰۰), ۵۳۵ (۱۹۲/۵۰), ۵۴۳ (۱۸۹/۰۰), ۲۷۳ (۱۸۵/۵۰), ۶۰۹ (۱۸۳/۷۵)		
۵۲۲ (۱۸۲/۰۰), ۱۹ (۱۷۵/۰۰), ۴۸۲ (۱۶۹/۷۵), ۴۴۰ (۱۶۶/۲۵), ۳۳۵ (۱۶۴/۵۰), ۲۳۴ (۱۵۷/۵۰), ۵۱۹ (۱۵۴/۰۰)		
۵۲۱ (۱۵۴/۰۰), ۸۶۵ (۱۵۲/۲۵), ۵۱۸ (۱۴۸/۷۵), ۲۶۳ (۱۴۳/۵۰), ۱۰۹ (۱۴۱/۷۵), ۶۸۳ (۱۳۹/۷۵), ۳۵۴ (۱۳۳/۰۰), ۶۱ (۱۲۷/۲۵), ۵۷۸ (۱۲۵/۷۵), ۴۸۱ (۱۲۴/۵۰)		
۹۷ (۱۲۳/۰۰), ۶۱۵ (۱۲۲/۵۰), ۳۶۸ (۱۲۱/۲۵), ۱۸۳ (۱۱۹/۲۵), ۶۸۵ (۱۱۸/۰۰), ۶۰۱ (۱۱۷/۲۵), ۱۴۶ (۱۱۶/۵۰)		
۴۷۹ (۱۱۴/۷۵), ۲۳۳ (۱۱۳/۵۰), ۲۷۲ (۱۱۲/۵۰), ۲۷۲ (۱۱۱/۵۰), ۶۳۲ (۱۱۰/۲۵), ۴۱۴ (۱۰۹/۲۵), ۶۲۳ (۱۰۸/۰۰), ۶۱۰ (۱۰۷/۵۰)		
۱۸۵ (۱۰۶/۷۵), ۶۳۰ (۱۰۵/۷۵), ۳۵۷ (۱۰۴/۰۰), ۸۹۴ (۱۰۳/۲۵), ۸۹۳ (۱۰۲/۵۰), ۸۹۰ (۱۰۱/۷۵), ۵۲۴ (۱۰۰/۷۵), ۳۷۲ (۹۹/۷۵)		
۴۷۵ (۹۸/۲۵), ۳۷۲ (۹۷/۷۵), ۹۱۰ (۹۶/۷۵), ۶۱۴ (۹۵/۵۰), ۲۳ (۹۴/۰۰), ۳۸۸ (۹۳/۰۰), ۷۷۶ (۹۲/۰۰), ۴۷۵ (۹۱/۷۵)		
۳۱۵ (۹۰/۷۵), ۶۲۵ (۸۹/۲۵), ۹۰۶ (۸۸/۵۰), ۱۰۴ (۸۷/۰۰), ۴۷ (۸۶/۲۵), ۶۲۶ (۸۵/۲۵), ۶ (۸۴/۲۵), ۳۱۵ (۸۳/۰۰)		
حساس	۵۷۹ (۲۹۷/۵۰), ۵۳۳ (۲۹۰/۵۰), ۵۱ (۲۸۸/۷۵), ۷۵ (۲۸۳/۵۰), ۵۲۹ (۲۷۸/۲۵), ۱۴ (۲۷۶/۵۰), ۶۶۲ (۲۷۶/۵۰)	
	۱۲۹ (۲۶۶/۰۰), ۲۲۹ (۲۶۶/۰۰), ۲۳۲ (۲۶۶/۰۰), ۸۸۱ (۲۶۰/۷۵), ۵۳۰ (۲۵۹/۰۰), ۵۷۶ (۲۵۳/۷۵), ۸۸۰ (۲۵۳/۷۵)	
	۳۸۱ (۷۲۶/۵۰), ۷۷۸ (۷۲۴/۵۰), ۸۹ (۷۱۹/۲۵), ۴۵۴ (۷۱۹/۰۰), ۵۶۵ (۷۱۷/۲۵), ۵۹۸ (۷۱۷/۲۵), ۵۸۶ (۷۱۷/۲۵)	
	۵۸۷ (۶۶۰/۵۰), ۴۵۲ (۶۳۳/۵۰), ۶۷۰ (۶۳۳/۵۰), ۳۷۴ (۶۳۰/۰۰), ۵۳۴ (۶۲۸/۲۵), ۳۶۳ (۶۲۴/۷۵), ۳۵۶ (۶۲۴/۷۵)	
	۵۸۳ (۶۱۲/۵۰), ۲۸۰ (۶۰۰/۲۵), ۶۵۲ (۵۹۱/۵۰), ۴۹۰ (۵۸۲/۷۵), ۱۱۹ (۵۸۱/۰۰), ۱۰۲ (۵۷۹/۲۵), ۵۹۷ (۶۱۹/۵۰)	
	۴۸۴ (۵۷۲/۲۵), ۸۳ (۵۴۲/۵۰), ۴۸۰ (۵۴۰/۷۵), ۱۴۱ (۵۳۷/۲۵), ۱۰۳ (۵۳۳/۷۵), ۵۵۵ (۵۳۳/۷۵), ۶۱۱ (۵۳۳/۷۵)	
	۱۶۶ (۵۰۲/۲۵), ۲۹۸ (۵۰۰/۵۰), ۹۳ (۹۷۴/۷۵), ۶۰۸ (۹۶۰/۷۶), ۹۶ (۹۲۷/۵۰), ۵۶۰ (۸۷۶/۷۵), ۵۹ (۸۶۲/۷۵), ۶۱۹ (۸۴۸/۷۵), ۱۴۹ (۸۴۱/۷۵)	
	۱۶۶ (۵۰۲/۲۵), ۲۹۸ (۵۰۰/۵۰), ۹۳ (۹۷۴/۷۵), ۶۰۸ (۹۶۰/۷۶), ۹۶ (۹۲۷/۵۰), ۵۶۰ (۸۷۶/۷۵), ۵۹ (۸۶۲/۷۵), ۶۱۹ (۸۴۸/۷۵), ۱۴۹ (۸۴۱/۷۵)	
	۱۶۶ (۵۰۲/۲۵), ۲۹۸ (۵۰۰/۵۰), ۹۳ (۹۷۴/۷۵), ۶۰۸ (۹۶۰/۷۶), ۹۶ (۹۲۷/۵۰), ۵۶۰ (۸۷۶/۷۵), ۵۹ (۸۶۲/۷۵), ۶۱۹ (۸۴۸/۷۵), ۱۴۹ (۸۴۱/۷۵)	
	۱۶۶ (۵۰۲/۲۵), ۲۹۸ (۵۰۰/۵۰), ۹۳ (۹۷۴/۷۵), ۶۰۸ (۹۶۰/۷۶), ۹۶ (۹۲۷/۵۰), ۵۶۰ (۸۷۶/۷۵), ۵۹ (۸۶۲/۷۵), ۶۱۹ (۸۴۸/۷۵), ۱۴۹ (۸۴۱/۷۵)	

Bolani (۸۶۱/۰۰)

۳۴۴/۷۲

LSD(۵٪)

سالم کمتری برای پیشرفت بیماری در دسترس است. علاوه بر این همبستگی معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد بین تیپ آلودگی و منحنی سطح پیشرفت بیماری در سه سال مورد آزمایش به ترتیب به مقدار  $r=0.829$   $\alpha=0.858$  و  $r=0.864$  مشاهده شد که همبستگی بالای این اجزا با نتایج Ali Mohammadzadeh و همکاران (۲۰۲۰)، Hei (2017) و Jeger و Viljanen-Rollinson (2001) مطابقت داشت. از آنجایی که شدت آلودگی و منحنی سطح پیشرفت بیماری ضرایب مثبت بالا دارند، انتخاب ژنوتیپ‌هایی با شدت نهایی آلودگی کم با پاسخ‌های MR و MS، معیاری قابل قبول برای اهداف کاربردی (اصلاح مقاومت) است. عملی بودن اندازه‌گیری Slow rusting تحت شرایط مزرعه بر مبنای شدت آلودگی پایین توسط سایر محققان گزارش شده است (Safavi et al, 2013) و (Hei, 2017).

همبستگی پارامترهای مقاومت تدریجی زنگ قهوه‌ای گندم در مرحله گیاه کامل بین اجزای مقاومت شامل صفات شدت آلودگی (PS)، تیپ آلودگی (IT) و منحنی سطح پیشرفت بیماری (AUDPC) اندازه‌گیری شد. نتایج (جدول ۸) برای سال‌های ۱۳۹۸-۱۴۰۰ نشان داد که همبستگی مثبت بالای معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد در سه سال مورد آزمایش بین شدت آلودگی و تیپ آلودگی به ترتیب به مقدار  $r=0.855$   $\alpha=0.833$  و  $r=0.850$  وجود داشت. همچنین مقدار همبستگی بالای معنی‌داری بین شدت آلودگی و منحنی سطح پیشرفت بیماری در سه سال مورد آزمایش به ترتیب به مقدار  $r=0.980$   $\alpha=0.960$  و  $r=0.981$  مشاهده شد. در این مورد اگرچه شدت یا ناحیه منحنی سطح پیشرفت بیماری افزایش می‌یابد، اما با پیشرفت همه‌گیری میزان بیماری کاهش می‌یابد زیرا بافت گیاهی

جدول ۸- ضرایب همبستگی اجزای مقاومت گیاه کامل زنگ قهوه‌ای گندم در شرایط مزرعه‌ای در ژنوتیپ‌های مورد آزمایش طی سال‌های مطالعه

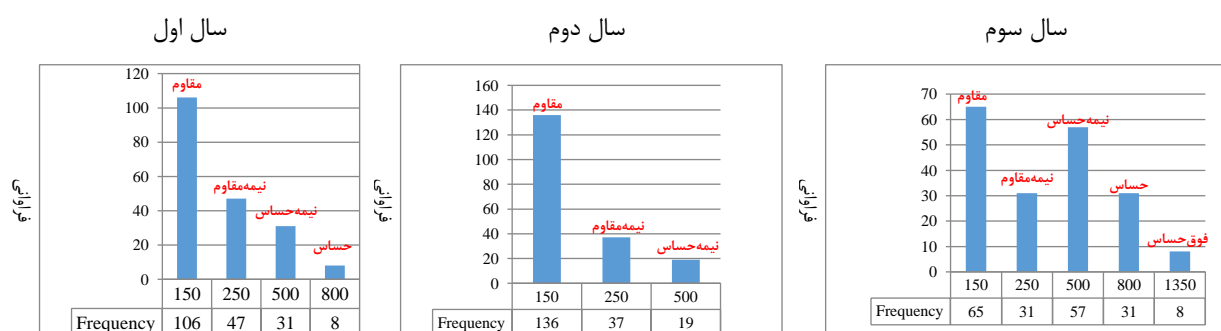
	PS	IT	AUDPC	سال
PS	۱	۰/۸۳۳**	۰/۹۸۰**	۱۳۹۹-۱۳۹۸
IT		۱	۰/۸۵۸**	
AUDPC			۱	
PS	۱	۰/۸۵۵**	۰/۹۶۰**	۱۴۰۰-۱۳۹۹
IT		۱	۰/۸۲۹**	
AUDPC			۱	
PS	۱	۰/۸۵۰**	۰/۹۸۱**	۱۴۰۱-۱۴۰۰
IT		۱	۰/۸۶۴**	
AUDPC			۱	

این موضوع بایستی توسط نشانگرهای مولکولی بررسی شود (Dadrezaei et al, 2015). گروه دوم (نیمه‌مقاوم) در سال‌های مورد آزمایش به ترتیب شامل ۴۷، ۳۷ و ۳۱ ژنوتیپ مقاوم در مرحله گیاه بالغ و حساس در مرحله گیاهچه‌ای بود. مقاومت در این ارقام از نوع کامل بوده و احتمال شکسته شدن مقاومت در این ارقام زیاد است. بایستی در نظر داشت این گروه علاوه بر ژن‌های مقاومت نژاد اختصاصی ممکن است دارای ژن‌های مقاومت غیراختصاصی غیر از *Lr34* باشند که توسط اثر ژن‌های مقاومت اختصاصی پوشیده شده است. گروه سوم (نیمه‌حساس) در سال‌های مورد آزمایش به ترتیب شامل ۳۱، ۱۹ و ۵۷ ژنوتیپ حساس در هر دو مرحله گیاهچه‌ای

با توجه به هیستوگرام بیماری زنگ قهوه‌ای گندم (شکل ۳) مربوط به سال‌های ۱۳۹۸-۱۴۰۰ گروه اول (مقاوم) به ترتیب شامل ۱۰۶، ۱۳۶ و ۶۵ ژنوتیپ بود؛ از آنجایی که این ژنوتیپ‌ها در مرحله گیاهچه‌ای و گیاه کامل مقاوم بودند، دارای ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای هستند به طوری که ژن مورد نظر در مرحله گیاهچه‌ای تظاهر پیدا کرده و تا پایان مرحله رشد، فنوتیپ مقاومت نشان می‌دهد. این ژنوتیپ‌ها بسیار مهم هستند زیرا احتمال دارد حامل ژن یا ژن‌های مقاومت مرحله گیاه بالغ (ژن‌های موثر نژاد غیراختصاصی) غیر از *Lr34* باشند. از آنجایی که پلی‌ژن‌ها اثر عمده دارند، مطالعه و شناسایی آن‌ها می‌تواند نقش مهمی در کمک به شناسایی منابع مقاومت داشته باشد و

هستند به دلیل داشتن دوره نهان آلودگی طولانی، سرعت همه‌گیری بیماری را کاهش داده و به‌طور مستقیم روی تغییر پاتوتیپ‌ها اثرگذار نیستند. در این ارقام یا لاین‌ها، مقاومت توسط تعدادی ژن کوچک‌اثر کنترل می‌شوند که غلبه بر آن زمان طولانی‌تری را در مزرعه خواهد گرفت. عوامل مختلفی نظیر جهش (موتاسیون)، نوترکیبی حاصل از تولید مثل جنسی یا هیبریداسیون، مهاجرت در مسافت‌های طولانی و فشار انتخابی ژنوتیپ میزبان روی بیمارگر می‌توانند ژنتیک بیماری‌زایی زنگ‌های غلات را تغییر دهند (Singh et al, 2015). بنابراین محققین، با توجه به توانایی بالای بیمارگر در تغییر پرازاری، بایستی چند ژن مقاومت نسبی (نژاد غیراختصاصی) یا ترکیب نژاد ژن مقاومت غیراختصاصی با مقاومت گیاهچه‌ای (نژاد اختصاصی) را به‌جای استفاده صرف از مقاومت نژاد اختصاصی به‌کار گیرند.

و گیاه بالغ بودند. این گروه فاقد ژن‌های مرحله گیاه بالغ و ژن‌های ویژه نژاد مؤثر در جدایه مورد استفاده بودند. گروه چهارم (حساس) در سال‌های ۱۳۹۹-۱۳۹۸ و ۱۴۰۱-۱۴۰۰ به‌ترتیب شامل هشت و ۳۱ ژنوتیپ حساس بود که این ژنوتیپ‌ها در مرحله گیاهچه‌ای مقاوم و یا ایمن، اما در مرحله گیاه بالغ حساس بودند، اما در سال ۱۳۹۹-۱۴۰۰ ژنوتیپ حساس به بیماری زنگ قهوه‌ای مشاهده نشد. شایان ذکر است که تنها در سال ۱۴۰۱-۱۴۰۰، هشت ژنوتیپ فوق حساس به این بیماری مشاهده شده که نشان داد این هشت ژنوتیپ‌ها فاقد ژن مقاومت مرحله گیاه بالغ بوده و توسط نژادهای بیماری‌زا به‌غیر از نژادهای موجود در مرحله گیاهچه‌ای در مزرعه تحت تأثیر قرار گرفتند. Dadrezaei و همکاران (۲۰۱۵ و ۲۰۲۱) نیز تقسیم‌بندی مشابهی را به‌کار بردند که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت. ارقام یا لاین‌هایی که دارای مقاومت نسبی (تدریجی) مطلوب



شکل ۳- هیستوگرام بیماری زنگ قهوه‌ای گندم برای صفت منحنی سطح پیشرفت بیماری (AUDPC) در سال ۱۳۹۸-۱۳۹۹ (سال اول)، ۱۳۹۹-۱۴۰۰ (سال دوم) و ۱۴۰۱-۱۴۰۰ (سال سوم)

ایرانی بودند، تقسیم شدند. در سال سوم این پژوهش ژنوتیپ‌ها به پنج گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه‌حساس، حساس و خیلی حساس که به‌ترتیب ۳۵، ۳۲، ۳۲، ۱۹ و چهار درصد هر گروه، مربوط به ژنوتیپ‌های اصلاح شده و لندریس‌های ایرانی بودند تقسیم شدند. قابل ذکر است که در این سال زراعی گروه خیلی حساس شامل لندریس‌هایی از کشورهای افغانستان، پاکستان، نپال، آمریکا و عراق بود و ژنوتیپ‌های ایرانی در این گروه قرار نگرفتند. با انجام پژوهش حاضر می‌توان گفت ژنوتیپ‌هایی که از درصد AUDPC پایینی برخوردارند، احتمال دارد دارای ژن‌های مقاومت گیاه کامل باشند که بتواند ما را به مقاومت پایدار نزدیک کند و همان‌طور که مشخص شد این ویژگی در اکثر

### نتیجه‌گیری کلی

با بررسی مقاومت ۱۹۲ ژنوتیپ گندم نان نسبت به بیماری زنگ قهوه‌ای بر اساس صفت AUDPC در سال اول، ژنوتیپ‌ها به چهار گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه‌حساس و حساس که به‌ترتیب ۳۵، ۱۳، ۱۹ و چهار درصد هر گروه شامل ژنوتیپ‌های اصلاح شده و لندریس‌های ایرانی بودند تقسیم شدند. تنها در گروه حساس ژنوتیپ‌های لندریس وجود داشت که از کشورهای افغانستان، پاکستان، ترکیه و عراق بود و ژنوتیپ‌های اصلاح شده و لندریس‌های ایرانی در آن دیده نشد. در سال دوم، ژنوتیپ‌ها به سه گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم و نیمه‌حساس که به‌ترتیب ۳۶، ۲۲ و ۱۶ درصد آن‌ها مربوط به ژنوتیپ‌های اصلاح شده و لندریس‌های

### سیاسگزاری

بدین وسیله از دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان جهت فراهم‌سازی امکانات این پژوهش تشکر و قدردانی می‌گردد. هم‌چنین از بانک ژن جهان‌نما این دانشگاه برای تامین مواد ژنتیکی این مطالعه تشکر می‌گردد.

ارقام اصلاح شده ایرانی وجود دارد. مقادیر پایین AUDPC در این ژنوتیپ‌ها نشان‌دهنده توانایی این ژنوتیپ‌ها در کند کردن روند پیشرفت بیماری بوده و باید بیش‌تر مورد توجه محققان قرار بگیرد. بنابراین پیشنهاد می‌شود برای مطالعه بیش‌تر ژن‌های مقاومت این ژنوتیپ‌ها، از نشانگرهای مولکولی نظیر تفاوت تک نوکلئوتیدی (SNP) استفاده شود.

### منابع

- Ali Mohammadzadeh, S., Nasrollahnezhad Ghomi, A.S., Zaynali Nezhad, K., Ramezanpour, S.S., & Dehghan, M.A. (2020). Correlation analysis of some SSR markers with brown rust resistance indices in some bread wheat cultivars. *Journal of Crop Breeding*, 12(35), 177-188. (In Persian).
- Bahar, A., Munir, I., Iqbal, A., Ahmad, M.A., Maqsood, I., & Hafeez, M. (2018). Molecular characterization of wheat advanced lines for leaf rust resistant genes using SSR markers. *Microbial Pathogenesis*, 123, 348-352.
- Chen, X. (2013). Review Article: High-temperature Adult-Plant Resistance, Key for sustainable control of stripe rust. *American Journal of Plant Sciences*, 4, 608-627.
- Dadrezaei, S.T., Afshari, F., & Patpour, M. (2015). Evaluation of phenotypic resistance to rusts in some iranian wheat genotypes in greenhouse and field conditions. *Behnjadi Magazine of Seedling and Seeds*, 31(1), 531-546. (In Persian).
- Dadrezaei, S.T., Dehghan, M.A., Safavi, S.A., Dalvand, M., & Shahbazi, K. (2021). Resistance evaluation of advanced and commercial genotypes of iranian wheat to leaf rust at seedling and adult plant stages. *Journal of Applied Research in Plant Protection*, 11 (4), 1-13. (In Persian).
- Dadrezaei, S.T., Nazari, K., Afshari, F., & Mohammadi Goltapeh, E. (2013). Phenotypic and molecular characterization of wheat leaf rust resistance gene *Lr34* in iranian wheat cultivars and advanced Lines. *American Journal of Plant Sciences*, 4, 1821-1833.
- Dadrezaei, S.T., Tabatabai, S.N., Lakzadeh, I., Jafarnezhad, A., Afshari F., & Hassanbayat, Z. (2018). Evaluation of tolerance to leaf rust disease in some selected bread wheat genotypes. *Entomology and Phytopathology*, 86(1), 29-40. (In Persian).
- Delfan, S., Bihamta, M.R., Dadrezaei, S.T., & Alipoor, H. (2021). Identification sources of resistance for leaf rust (*Puccinia triticina* Erikss.) in iranian wheat genotypes. *Iranian Journal of Plant Protection*, 51(2), 115-133. (In Persian).
- Fahmi, A.I., El-Shehawi, A.M., & El-Orabey, W.M. (2015). Leaf rust resistance and molecular identification of *Lr34* gene in egyptian wheat. *Journal of Microbial and Biochemical Technology*, 7(6), 338-343.
- Feuillet, C., & Keller, B. (1999). High gene density is conserved at syntenic loci of small and large grass genomes. *Institute of Plant Biology*, 96, 8265-8270.
- Hei, N.B. (2017). Evaluation of wheat cultivars for slow rusting resistance to leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks) in ethiopia. *African Journal of Plant Science*, 11(2), 23-29.
- Huerta-Espino, J., Singh, R., Crespo-Herrera, L.A., Villasenor-Mir, H.E., Rodriguez-Garcia, M.F., Dreisigacker, S., Barcenas-Santana, D., & Lagudah, E. (2020). Adult plant slow rusting genes confer high levels of resistance to rusts in bread wheat cultivars from mexico. *Frontiers in Plant Science*, 11(824), 1-15.
- Huseynova, I.M., Guliyeva, F.B., Rustamova, S.M., & Aliyev, J.A. (2013). PCR-based molecular markers linked to the leaf rust resistance gene *Lr19* in different bread wheat cultivars. *Advances in Biological Chemistry*, 3, 153-158.
- Jeger, M.J., & Viljanen-Rollinson, S.L.H. (2001). The use of the area under the disease-progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 102, 32-40.
- Jin, Y., Szabo L.J., & Carson, M. (2010). Century-old mystery of *Puccinia striiformis* life history solved with the identification of *berberis* as an alternate host. *Phytopathology*, 100, 432-435.
- Krattinger, S.G., Lagudah, E.S., Spielmeier, W., Singh, R.P., Huerta-Espino, J., & McFadden, H. (2009). A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. *Science*, 323, 1360-1363.
- Lingzhi, S.H.I., Zaifeng, L.I., Wang, X., Kang, Z., Zhu, L., Ren, Z., Li, X., & Liu, D. (2016). Genetic analysis and molecular mapping of a leaf rust resistance gene in the wheat line 19HRWSN-129. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 52(1), 1-5.

- Mcneal, F.H., Konzak, C.F., Smith, E.P., Tate, W.S., & Russell, T.S. (1971). A uniform system for recording and processing cereal research data. *Agricultural Research Service Bulletin*, 42 pp.
- Peterson, R.F., Camphell, A.B., & Hannah, A.E. (1948). A diagramatic scale for estimating rust intensity of leaves and stem of cereals. *Canadian Journal of Research*, 26, 496-500.
- Qureshi, N., Bariana, H., Venu Kumran, V., Muruga, S., Forrest, K.L., Hayden, M.J., & Bansal, U. (2018). A new leaf rust resistance gene *Lr79* mapped in chromosome 3BL from the durum wheat landrace Aus26582. *Theoretical and Applied Genetics*, 131, 1091-1098.
- Safavi, S.A., & Malhipour, A. (2020). Partial resistance of some wheat cultivars and candidate lines against stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*). *Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, 43(1), 31-53 (In Persian).
- Safavi, S.A., Ahari, A.B., Afshari, F., & Arzanlou, M. (2013). Slow rusting resistance in iranian barley cultivars to *Puccinia striiformis* f. sp. *hordei*. *Journal of Plant Protection Research*, 53(1), 5-11.
- Singh, R.P., Hodson, D.P., Jin, Y., Lagudah, E.S., Ayliffe, M.A., Bhavani, S., Rouse, M.N., Pretorius, Z.A., Szabo, L.J., Huerta-Espino, J., Basnet, B.R., Lan, C., & Hovmoller, M.S. (2015). Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: Continued threat to food security and prospects of genetic control. *Phytopathology*, 105, 872-84.
- Singla, J., Linda Luthi, L., Wicker, T., Bansal, U., Krattinger, S.G., & Keller, B. (2016). Characterization of *Lr75*: a partial, broad-spectrum leaf rust resistance gene in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 30, 1-12.
- Tsilo, T.J., Jin, Y., & Anderson, J.A. (2010). Identification of flanking markers for the stem rust resistance gene *Sr6* in wheat. *Crop Science Society*, 50, 1967-1970.
- Wilcoxson, R.D., Atif, A.H., & Skowvmand, B. (1974). Slow rusting of wheat varieties in the field correlated with stem rust severity on detached leaves in the greenhouse. *Plant Disease*, 58, 1058-1088.
- Wu, J., Wang, Q., Liu, S., Huang, S., Mu, J., Zeng, Q., Huang, L., Han, D., & Kang, Z. (2017). Saturation mapping of a major effect QTL for stripe rust resistance on wheat chromosome 2B in cultivar napo 63 using SNP genotyping arrays. *Journal Frontiers in Plant Science*, 8(653), 1-13.
- Zangh, P., Li, x., Gebrewahid, T.W., Liu, H., Xia, X., He, Z., Li, Z., & Liu, D. (2019). QTL mapping of adult-plant resistance to leaf and stripe rust in wheat cross SW 8588/thatcher using the wheat 55/K SNP array. *Plant Disease*, 103, 3041-3049.

## Multi-year evaluation of brown rust resistance in 192 bread wheat genotypes under field conditions

Hamid Ramroudi <sup>1</sup>, Mohammad Hadi Pahlavani <sup>\*2</sup>, Khalil Zaynali Nezhad <sup>3</sup>, Andreas Boerner <sup>4</sup>,  
Mohsen Ibrahimi

1 Ph.D. student, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

2 Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

3 Assistant Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran

4 Professor, Department of Genebank, Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Leibniz, Germany

5 Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding Sciences, College of Aburaihan, University of Tehran, Pakdasht, Iran

Received: 21-12-2023

Accepted: 07-02-2024

### Abstract

wheat brown rust is caused by *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*. This research was conducted in three years from 2019 to 2021 to investigate the resistance of 192 spring bread wheat cultivars to brown rust. Based on the area under the disease progress curve (AUDPC) criteria, in the first year, the genotypes were grouped into resistant, moderately resistant, moderately susceptible and susceptible; in the second year, they grouped into resistant, moderately resistant, and moderately susceptible, and in the third year into five groups of resistant, moderately resistant, susceptible, moderately susceptible, and highly susceptible. A complete randomized block design with two replicates was used in each year. Mean AUDPC trait for the studied cultivars in the three years was 154.04, 107.08, and 296.66% per day, respectively. Furthermore, the results of the analysis of variance in the three years showed that the genotypes are significantly different in their evaluated traits at 0.01 significant level. The highest significant positive correlation coefficient was observed between percentage severity and AUDPC ( $r=0.960-0.981$ ), percentage severity and infection type ( $r=0.833-0.855$ ), and infection type and AUDPC ( $r=0.864-0.829$ ). Investigating the genetic diversity of resistance to brown rust disease using AUDPC and estimating the level of resistance in this population of spring bread wheat genotypes showed significant diversity among the genotypes that can be employed in bread wheat breeding programs.

**Keywords:** Percentage severity, correlation coefficient, seedling resistance, adult plant resistance

**Citation:** Ramroudi H., H Pahlavani, M. H., & Zaynali Nezhad, KH., Boerner, A., & Ibrahimi, M. (2024). Multi-year evaluation of brown rust resistance in 192 bread wheat genotypes under field conditions. *Plant Production and Genetics*, 5(1), 1-16. <https://doi.org/10.22034/PLANT.2024.139913.1077>.

#### Copyrights:

Copyrights rights for this article is retained by the author (s), with publication rights granted to Plant Production and Genetics. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.



\*Corresponding Author Email: [hpahlavani@gau.ac.ir](mailto:hpahlavani@gau.ac.ir)