تولید و ژنتیک گیاهی
جلد ۴، شماره ۲، پاییز و زمستان ۱۴۰۲، صفحه ۲۰۴-۱۹۱
مقاله پژوهشی

Plant Production and Genetics
Vol. 4, No. 2, Autumn & Winter 2023, p. 191-204
DOI: 10.22034/PLANT.2024.140541.1081

وراثت‌پذیری و تنوع ژنتیکی صفات گیاهچه‌ای ژنوتیپ‌های گندم در شرایط آلودگی به بیماری زنگ سیاه (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*)

آرمین واحدرضائی[۱]، علی اصغری[۲]، مجید نوروزی[۳]، سعید اهری‌زاد[۴]، رامین روح‌پرور[۵]، اشکبوس امینی[۳]

۱.دانشجوی دکتری، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۲. استاد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران
۳. دانشیار، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۴. استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۵. استادیار، موسسه تحقیقات اصلاح تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی،کرج، ایران
۶. دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۱۰/۲۷
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۱۲/۰۵

چکیده

به منظور برآورد وراثت‌پذیری و تنوع ژنتیکی برخی صفات بیومتریک گیاهچه‌ای در پاسخ به بیماری زنگ سیاه (زنگ ساقه)، ۲۴ ژنوتیپ گندم در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در گلخانه تحقیقاتی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تحت شرایط آلودگی و عدم آلودگی به نژاد بومیTKTTF زنگ سیاه و در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار مورد ارزیابی قرار گرفت. بر اساس نتایج آزمایش، اثر متقابل ژنوتیپ × شرایط بیماری برای تمامی صفات در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد. همچنین تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها از نظر ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه مشاهده شد. نتایج نشان داد که آلودگی به پاتوژن باعث کاهش ارتفاع گیاهچه و افزایش وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه به دلیل وجود پاستول‌های عامل بیماری می‌گردد. در شرایط آلودگی به بیماری زنگ سیاه بالاترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط وزن خشک گیاهچه (۴۲/۸۵ درصد) و کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت ارتفاع گیاهچه (۸/۷۸ درصد) بود. در شرایط عدم آلودگی به بیماری زنگ سیاه بالاترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به نسبت وزن تر به وزن خشک گیاهچه (۵۳/۶۶ درصد) و کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت ارتفاع گیاهچه (۵۱/۲۵ درصد) بود. نتایج این پژوهش نشان داد آلودگی به زنگ سیاه صفات گیاهچه‌ای را تحت تاثیر قرار می‌دهد و می‌توان از تنوع بین ژنوتیپ‌ها برای اصلاح ژنوتیپ‌های گندم استفاده کرد.

کلیدواژگان: تنوع ژنتیکی، زنگ سیاه، گندم، گیاهچه، وراثت‌پذیری

*ایمیل نویسنده مسئول: a_asghari@uma.ac.ir

مقدمه

به طور میانگین، سالانه حدود ۲۰ درصد از تولید جهانی گندم به‌علت آلودگی به پاتوژن‌ها و آفات از بین می‌رود که این خسارت چیزی در حدود ۱۴۰ میلیون تن و معادل ۳۵ بیلیون دلار می‌باشد (FAOSTAT, 2019). گزارشات حاکی از آن است که پاتوژن‌های قارچی، باکتریایی و ویروسی باعث ایجاد تلفات در عملکرد گندم در مقیاس جهانی می‌شوند که در کنار آن تغییرات آب و هوایی جهان با تاثیر بر تحولات زیستی این پاتوژن‌ها باعث تشدید خسارات می‌گردند (Serfling *et al.*, 2017). بنابراین، برای دست‌یابی به افزایش تولید جهانی گندم مورد نیاز برای تغذیه جمعیت رو به رشد ضروری است که تلفات حاصل از رشد پاتوژن‌ها کاهش یابند (Singh *et al.*, 2015). بیماری‌های قارچی همچون زنگ (*Puccinia* ssp.)، لکه برگی سپتوریا (*Septoria* spp.)، سفیدک پودری (*Blumeria graminis*) و گونه‌های فوزاریوم، از جمله مهم‌ترین پاتوژن‌ها هستند که اپیدمی آن‌ها در کنار سایر عوامل زیستی باعث کاهش عملکرد گندم، مهم‌ترین گیاه زراعی جهان، می‌گردند (Dean *et al.*, 2012).

زنگ سیاه یا ساقه (*Puccinia graminis* f. sp. *Tritici*)، یکی از انواع مهم زنگ‌های گندم می‌باشد که به‌طور گسترده در سراسر جهان توزیع یافته است (Figueroa *et al.*, 2018; Leonard & Szabo, 2005) و در مناطقی یافت می‌شوند که در آن شرایط آب و هوایی گرم و مرطوب حاکم است (Kolmer, 2005). زنگ سیاه یا زنگ ساقه گندم، با عامل بیماری *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* در طول قرن‌های گذشته موجب بروز قحطی‌های بسیاری در همه قاره‌ها شده است (Roelfs *et al.*, 1992). زنگ ساقه در مناطق تولید گندم شامل آفریقا، خاورمیانه، آسیا به‌جز آسیای مرکزی، استرالیا، نیوزلند، اروپا، آمریکای شمالی و جنوبی یک مشکل اساسی به شمار می‌رود (Saari & Prescott, 1985). زنگ ساقه گندم از سال ۱۹۰۴، حداقل نه همه‌گیری مهم را در آمریکا به‌وجود آورده است. در سال ۱۹۳۰ در شمال آمریکا نژادی که بر روی ژن‌های *Sr7b*، *Sr28*، *Sr5* و *SrTmp* پرآزاری داشت، باعث ایجاد اپیدمی شد. شدیدترین همه‌گیری زنگ ساقه در آمریکا در سال ۱۹۵۳ رخ داده است (Jin *et al.*, 2010). شدیدترین همه‌گیری زنگ ساقه گندم در اروپا درسال‌های ۱۹۳۲ و ۱۹۵۱ به‌وقوع پیوست. در سال‌های ۱۹۶۰ و ۱۹۶۲ همه‌گیری زنگ ساقه به‌ترتیب از کشورهای پرتغال و چک گزارش شد (Roelfs, 1985). در قاره آفریقا زنگ ساقه به‌کرات به‌صورت همه‌گیری در آمده است (Pretorius *et al.*, 2007). ارتفاعات شرق قاره آفریقا برای توسعه نژادهای جدید زنگ ساقه دارای شرایط ایده‌آلی هستند. توسعه نژادهای جدید در کشور کنیا بیشتر از جاهای دیگر قاره آفریقا می‌باشد. در آفریقای جنوبی خسارت ۳۵ درصدی این بیماری به محصول گندم گزارش شده است. آخرین همه‌گیری شدید این بیماری در قاره آفریقا سال ۲۰۱۴ در جنوب اتیوپی به‌وقوع پیوست که میزان خسارت در بعضی از مناطق با نابودی کامل محصول گندم به ۱۰۰ درصد رسید (Olivera *et al.*, 2015). در ایران اولین گزارش مربوط به خسارت زنگ ساقه به محصول گندم در سال ۱۳۲۶ توسط اسفندیاری به طور رسمی ثبت شده و تاکنون همه‌گیری آن دو بار گزارش گردیده است. اولین همه‌گیری در سال ۱۳۴۵ در مناطق شمالی و شمال‌غرب گزارش شد که خسارت آن را در بعضی از مزارع بسیار بالا ذکر نموده‌اند (Sharif *et al.*, 1970) و دومین همه‌گیری در سال ۱۳۵۵ در نقاط جنوبی و جنوب‌شرقی ایران ثبت شد که در مناطق مختلف بین ۵۰ تا ۹۰ درصد به محصول گندم خسارت وارد نمود (Bamdadian & Torabi, 1978). زنگ سیاه یک قارچ دی‌کاریوتیک است که شامل دو هسته مجزای هاپلوئید می‌باشد و علائم آلودگی آن معمولاً به‌صورت توده‌هایی بر روی غلاف‌های برگ، ساقه، گلوم و ریشک گیاهان حساس ظاهر می‌شوند (Kolmer, 2005). خسارت‌های ایجاد شده توسط عامل بیماری زنگ سیاه می‌تواند بیش از سایر عوامل بیماری‌زا در غلات باشد و اهمیت آن به‌نحوی است که میلیون‌ها هکتار از مزارع سالم با پتانسیل بالای تولید محصول را می‌تواند در کمتر از یک ماه به‌طور کامل تخریب نماید (Singh *et al.*, 2015). خسارت به گیاهان توسط زنگ سیاه به‌وسیله از دست رفتن بخش‌های فتوسنتز کننده، بازداری انتقال آب و عناصر غذایی، کاهش رشد ریشه، ورس و شکستن ساقه وارد می‌شود. زنگ سیاه، بسته به زمان شروع حمله و شدت حمله می‌تواند شدت‌های مختلفی از چروکیدگی دانه‌ها و کاهش عملکرد را ایجاد کند. ورس گیاه در نتیجه زنگ سیاه مشکلاتی را در برداشت محصول به بار می‌آورد و آلودگی شدید در مرحله اولیه رشد گیاه می‌تواند کاهش کل محصول را در بر داشته باشد (Knott, 2012). بر اساس نتایج

آزمایشات سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 2011) زنگ سیاه با ایجاد جوش‌های تاول مانند بر روی ساقه، غلاف برگ، برگ، سنبله و ریشک‌ها ظاهر می‌شود و این جوش‌ها زمانی اهمیت پیدا می‌کنند که محصول به‌ظاهر سالم چند هفته قبل از برداشت در اثر سیاه شدن و شکستگی ساقه و چروکیدگی دانه از بین می‌رود. رولفز و همکاران (Roelfs *et al.*, 1992) با انجام آزمایشی گزارش کردند که زنگ سیاه گندم باعث ایجاد سنبله‌های عقیم، پوک و فاقد دانه می‌شود و علت گسترش بیماری زنگ ساقه در سال‌های شیوع آن مربوط به باران‌های بهاره و مساعد بودن شرایط جوی است. تنوع ژنتیکی گیاهان پایه و اساس تحقیقات به نژادی گیاهان و از ارکان اصلی کشاورزی پایدار است. موفقیت برنامه‌های به نژادی به میزان تنوع ژنتیکی موجود در گیاهان زراعی و خویشاوندان وحشی آن‌ها بستگی دارد و براساس آن ظرفیت گیاه برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی تعیین می‌شود (Haussmann *et al.*, 2004). شناخت تنوع ژنتیکی موجود در یک گونه گیاهی و گزینش درست والدین برای استفاده در برنامه اصلاحی می‌تواند در نهایت به افزایش عملکرد در واحد سطح و ایجاد ارقام پر محصول و یا خصوصیات کمی و کیفی مطلوب منتهی و به نوعی در ارتقاء تولید غذا در دنیا نقش آفرینی کند (Govindaraj *et al.*, 2015). نژادهای مختلف عامل بیماری زنگ سیاه گندم مسئول کاهش عملکرد گندم به شمار می‌آید. بر این اساس اکثر مطالعات در مورد ارزیابی مقاومت و تجزیه تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های مختلف گندم امری مهم در مبارزه با این عامل بیماری می‌باشد (Knott, 2012). از طرف دیگر تعیین مشخصات و بررسی وراثت‌پذیری ژرم‌پلاسم به اصلاح‌گران امکان می‌دهد تا در نمونه‌گیری از جمعیت‌ها دچار مشکل نشوند (Manly & Alberto, 2016). اصلاح برای مقاومت ژنتیکی ارقام گندم به‌عنوان راهبردی پیشگیرانه، بیشترین تاثیر را در کاهش خسارت زنگ‌ها دارد. به‌گونه‌ای که، این کار منجر به شناسایی بیش از ۱۵۰ ژن مقاومت به زنگ‌ها در گندم شده است (Bolton *et al.*, 2008; Lagudah, 2011). این ژن‌های شناسایی شده در دو گروه قرار می‌گیرند که عمده آن‌ها ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای یا مقاومت به نژاد اختصاصی هستند. این ژن‌ها در دو مرحله گیاهچه‌ای و مرحله گیاه کامل بروز و نمود دارند و قابل تشخیص هستند و در تمام مراحل، فنوتیپ مقاومت را بروز می‌دهند که اغلب ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای منجر به عکس‌العمل فوق حساسیت و یا لیگنینه شدن دیواره‌های سلولی می‌شوند (Bolton *et al.*, 2008). گروه دوم ژن‌های مقاومت در مرحله گیاه کامل یا مقاومت به نژاد غیراختصاصی هستند. زیرا، رابطه‌ای بین ژن‌های میزبان و ژن‌های پاتوژن وجود ندارد و نسبت به کلیه نژادهای پاتوژن مقاومت ایجاد می‌کنند. این ژن‌ها عموماً پس از مرحله گیاهچه‌ای قابل تشخیص هستند و اغلب مقاومت مزرعه‌ای دارند و ارقام حامل این ژن‌ها در مرحله گیاهچه‌ای حساس و در مرحله گیاه کامل دارای مقاومت نسبی با سطوح متفاوتی از شدت بیماری هستند (Lagudah, 2011). نتایج تحقیقات گسترده اخیر در زمینه شناسایی منابع جدید مقاومت برای پاسخ به نژادهای جدید و مشتق شده از نژادهای قبلی نشان داده است که در بین ژن‌های موجود در خزانه ژنی مقاومت به زنگ سیاه ، تنها ژن‌های *Sr2*، *Sr13*، *Sr14*، *Sr22*، *Sr26*، *Sr28*، *Sr33*، *Sr35*، *Sr42* و *Sr45* مقاومت موثری در برابر نژادهای زنگ داشته‌اند. هم‌چنین حاصل این مطالعات منجر به نامگذاری ۱۲ ژن جدید (*Sr46* تا *Sr57*) و نیز کشف و شناسایی چندین ژن دیگر که احتمالاً این ژن‌ها نیز منابع جدیدی از مقاومت هستند، گردیده است (Ghazvini, 2012; Ghazvini, Hiebert, Zegeye, & Fetch, 2012; Ghazvini, Hiebert, Zegeye, Liu, *et al.*, 2012; Hiebert *et al.*, 2010; Jin *et al.*, 2007; Singh *et al.*, 2011). هدف از این مطالعه ارزیابی و برآورد وراثت‌پذیری و تنوع ژنتیکی برخی صفات بیومتریک گیاهچه‌ای در پاسخ به بیماری زنگ ساقه بود.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۳۹۹ در گلخانه تحقیقاتی موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر اجرا گردید. در این پژوهش، ۲۴ ژنوتیپ گندم نان پائیزه شامل ۸ رقم و ۱۶ لاین امیدبخش منتج از برنامه به نژادی اقلیم سرد بخش تحقیقات غلات موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در طی سال‌های ۱۳۷۱ تا ۱۳۹۷ مورد استفاده قرار گرفت. خصوصیات، خاستگاه، سال معرفی و شجره این ژنوتیپ‌ها در جدول شماره ۱ نشان داده شده است. شایان ذکر است که دو رقم MV-17 (رقم مقاوم به بیماری) و Morocco (رقم حساس به بیماری) به دلیل رفتار متفاوت در مقاومت به زنگ سیاه (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) گندم به عنوان شاهد در این مطالعه انتخاب شدند. مواد گیاهی مورد آزمایش در دو شرایط آلودگی و عدم‌آلودگی و در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با ۴ تکرار

مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای این منظور، مخلوطی از خاک مزرعه و پیت ماس با نسبت‌های ۱:۲ به‌عنوان بستر کشت بذر در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت پاستوریزه شد و در گلدان‌های پلاستیکی به قطر ۶ و عمق ۸ سانتی‌متر حاوی این مخلوط به صورت فشرده ریخته شد و به تعداد ۱۰ عدد بذر با آرایش خاص آن‌ها کشت گردید. آبیاری به طریقه نشتی بعد از کاشت و در هر دو شرایط آلودگی و عدم‌آلودگی به‌منظور تسریع در سبز شدن و رشد صورت گرفت و تا مرحله ارزیابی ادامه یافت. گلدان‌ها در دمای ۲±۲۰ درجه سانتی‌گراد و رطوبت نسبی ۵±۶۰ درصد نگهداری شد. در طی مراحل ارزیابی، عملیات داشت شامل کوددهی، کنترل دمای گلخانه و کنترل عدم آلودگی به سایر پاتوژن‌ها به‌صورت مرتب صورت گرفت. برای مایه-زنی گیاهچه‌های کشت شده از اسپورهای جدایه جمع‌آوری شده زنگ سیاه (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*)، تعیین نژاد شده و نگهداری شده در دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد با نام TKTTF استفاده شد. به‌منظور فعال نمودن این اسپورها قبل از انجام عمل مایه‌زنی، اوردیوسپورها تحت تأثیر یک شوک حرارتی ۴۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه قرار گرفتند. مایه‌زنی به روش سوسپانسیون و با استفاده از روغن سالترول ۱۷۰ با غلظت ۱ به ۲۰ انجام شد. بدین منظور، اسپورها بر روی کاغذ آلومینیومی با این روغن مخلوط شد و بر روی برگ‌های گیاهچه‌های هفت روزه مایه‌زنی شدند. به‌دلیل این که اسپورها برای جوانه‌زنی نیاز به آب آزاد دارند، لذا گیاهچه‌های آماده ابتدا به وسیله آب مقطر مه پاشی شدند. مایه‌زنی با استفاده از قلم مو و به آرامی انجام شد و پوشش ظریف و یکنواختی از مخلوط اسپور بر روی سطح برگ قرار گرفت و دوباره مه پاشی با محلول قبلی و به ملایمت انجام شد. برای حفظ رطوبت اشباع و هم‌چنین جلوگیری از اختلاط نژادها در گلخانه، گلدان‌ها داخل سرپوش‌های شیشه‌ای شفاف (دارای تهویه) قرار داده شد. به منظور ایجاد شرایط مطلوب برای مراحل جوانه‌زنی و نفود پاتوژن گلدان‌های کشت شده بر اساس دستورالعمل مطالعه بیماری زنگ سیاه سازمان تحقیقات کشاورزی اتیوپی (Woldeab *et al.*, 2017) به مدت ۱۶ ساعت در تاریک‌خانه، ۴ ساعت در شرایط روشنایی و رطوبت نسبی در حد اشباع (بیش از ۹۵ درصد) نگهداری شدند. برای گذراندن دوره نهان بیماری و اسپوردهی مناسب، گلدان‌ها به مدت سه روز به سالن‌های تکثیر با دمای ۷ تا ۱۲ درجه سانتی‌گراد، رطوبت نسبی ۵±۷۰ درصد، دوره‌ی نوری ۱۶ ساعت روشنایی طبیعی و مصنوعی با شدت بالا (۱۶۰۰۰ لوکس) و ۸ ساعت تاریکی منتقل گردیدند. حدود دو هفته پس از مایه‌زنی و قرار گرفتن در دمای ۱۸ تا ۲۵ درجه سانتی‌گراد جوش‌ها ظاهر و اسپورزایی آغاز شد. پس از گذشت دو هفته از آلودگی ژنوتیپ‌ها توسط عامل بیماری، ارزیابی صفات بیومتریک شامل ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه صورت گرفت. برای صفات متریک شامل طول‌ها و وزن‌ها با استفاده از خط کش و ترازو حساس مورد اندازه-گیری قرار گرفتند. پس از جمع‌آوری داده‌ها، تجزیه واریانس مرکب بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی، مقایسه میانگین به روش دانکن، واریانس ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی، ضریب تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی و وراثت پذیری با استفاده از نرم‌افزارهای MSTAT-C و SPSS انجام گرفت. واریانس‌های ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی و وراثت‌پذیری عمومی با استفاده از معادلات فالکونر (Falconer, 1967) و ضریب تغییرات ژنتیکی، فنوتیپی و محیطی به ترتیب با استفاده از معادلات سینک و چائودری (Singh & Chaudhury, 1985) محاسبه شد.

(۱) واریانس ژنتیکی $V_G = \frac{MSg - MSe}{r}$

(۲) واریانس فنوتیپی $V_P = V_G + V_E$

(۳) واریانس محیطی $V_E = \frac{MSe}{r}$

(۴) وراثت‌پذیری $H_b = \frac{V_G}{V_P}$

(۵) ضریب تغییرات فنوتیپی $CV_P = \frac{\sqrt{V_P}}{\bar{X}} \times 100$

(۶) ضریب تغییرات ژنتیکی $CV_G = \frac{\sqrt{V_G}}{\bar{X}} \times 100$

(۷) ضریب تغییرات محیطی $CV_E = \frac{\sqrt{V_E}}{\bar{X}} \times 100$

جدول ۱- مشخصات ژنوتیپ‌های گندم مورد استفاده در آزمایش

ردیف	نام ژنوتیپ	نام رقم	خاستگاه	سال	شجره
1	C-98-1	Mihan	Mihan	1388	*Bkt/90-Zhong 87*
2	C-98-2	Haydari	Haydari	1393	*Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
3	C-98-3	Zarrineh	Zarrineh	1395	*Omid/4/Bb/Kal//Ald/3/Y50E/Kal*3//Emu"s"/5/Zrn/6/Zrn/Shiroodi*
4	C-98-4	Zareh	Zareh	1388	*130L1,11//F35,70/Mo73/4/Ymh/Tob//Mcd/3/Lira*
5	C-98-5	-	-	-	*Alvd/4/Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
6	C-98-6	-	-	-	*Alvd/4/Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
7	C-98-7	-	-	-	*Charger//CMH80A.768/3*Cno79/3/Zrn*
8	C-98-8	-	-	-	*Charger//CMH80A.768/3*Cno79/3/Zrn*
9	C-98-9	-	-	-	*Spb"s"//K1349/Go/3/Vee"s"/4/Bkt/90-Zhong 87*
10	C-98-10	-	-	-	*Shahpasand/Norman*
11	C-98-11	-	-	-	*Alvd/4/Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
12	C-98-12	-	-	-	*Alvd/4/Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
13	C-98-13	-	-	-	*Alvd/4/Ghk"s"/Bow"s"//90Zhong87/3/Shiroodi*
14	C-98-14	-	-	-	*Spb"s"//K1349/Go/3/Vee"s"/4/Pishgam*
15	C-98-15	-	-	-	*AU/3/MINN//HK/38MA/4/YMH/ERA/5/PMF//CNO/GLL/6/KAUZ//ALTAR84/AOS/7/TAM105/3/NE70654/BBY//BOW"S"/4/Century*3/TA2450*
16	C-98-16	-	-	-	*GRK79/TUKURU*
17	C-98-17	-	-	-	*MV NEMERE*
18	C-98-18	-	-	-	*ARS97135-9/O3A-B4//KS06O3A~49*
19	CD-94-9	-	-	-	*Zarrin/Shiroodi/6/Zarrin/5/Omid/4/Bb/Kal//Ald/3/Y50E/Kal*3//Emu*
20	CD-94-5	-	-	-	*Ga961565-27-6/La95283Ca-78-1-2*
21	MV-17	MV-17	MV-17	1371	*SLAVIA/MV-FT//BARANJK*
22	CD-92-6	Heyran	Heyran	1397	*Lufer-1/Kinaci97*
23	Morocco	Morocco	Morocco	-	Susceptible check
24	Bolany	Bolany	Bolany	-	Susceptible check

نتایج و بحث

تجزیه واریانس مرکب

با توجه به نتایج تجزیه واریانس مرکب برای صفات مختلف بیومتریک شامل ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه در مرحله گیاهچه (جدول ۲) مشاهده شد اثر متقابل ژنوتیپ × شرایط بیماری برای صفات ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد که نشان دهنده عدم همسانی اختلاف ژنوتیپ‌ها برای صفات مورد مطالعه در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی به بیماری می‌باشد. تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی از نظر تمام صفات مورد نظر در سطح احتمال یک درصد وجود دارد که گویای تنوع ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه است. هم‌چنین، برای تمام صفات اندازه‌گیری شده بین دو سطح مختلف آلودگی به بیماری اختلاف معنی‌دار وجود داشت که نشان از تاثیر پاتوژن زنگ سیاه بر صفات اندازه‌گیری شده دارد. بالاترین ضریب تغییرات مربوط به وزن تر گیاهچه (۱۶/۱۲ درصد) بود که نشان می‌دهد این صفت بیشتر تحت‌تأثیر آلودگی به بیماری بوده است و کمترین ضریب تغییرات متعلق به وزن خشک گیاهچه (۸/۱۷ درصد) بود. واحدرضائی و همکاران (Vahed Rezaei *et al.*, 2023) نیز با استفاده از شاخص‌های پاتولوژیک مرتبط با زنگ سیاه و ژنوتیپ‌های مطالعه شده در این آزمایش وجود تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها را در شرایط مطالعه گلخانه‌ای (گیاهچه) و مزرعه‌ای (گیاه بالغ) گزارش کردند.

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورفولوژیک حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به زنگ سیاه در مرحله گیاهچه

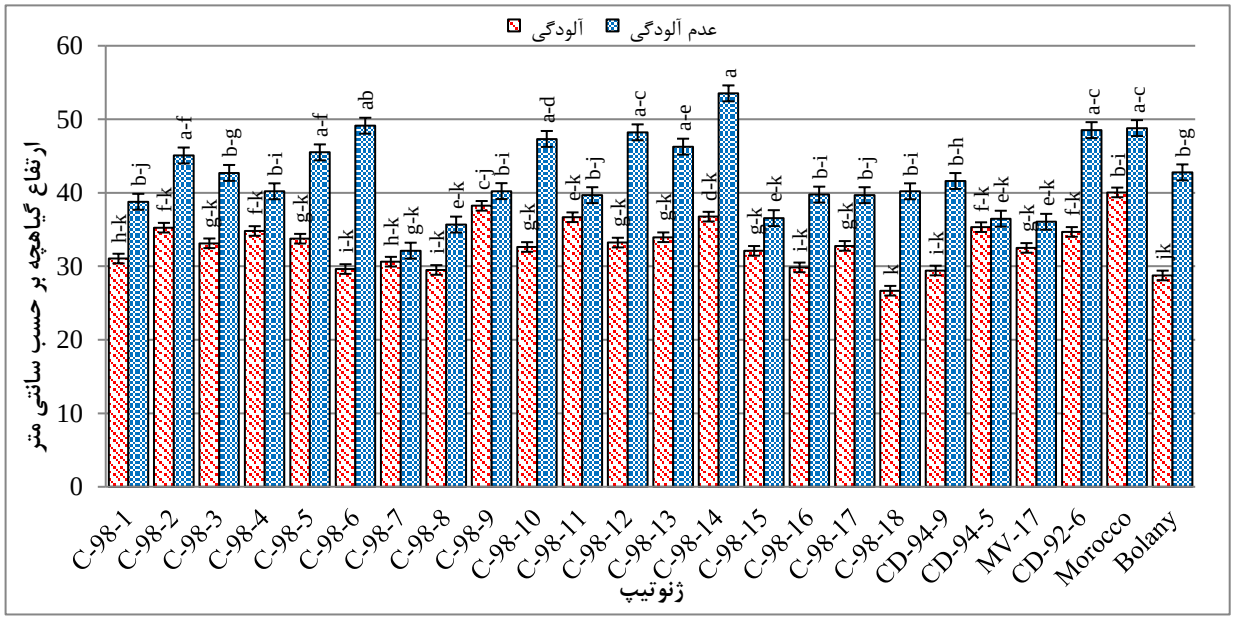
منابع تغییر	درجه آزادی	میانگین مربعات			
		ارتفاع گیاهچه	وزن تر گیاهچه	وزن خشک گیاهچه	نسبت وزن تر به خشک گیاهچه
بیماری	۱	۴۱۶۳/۶۱**	۳/۹۹**	۰/۲۸**	۴/۵۳**
تکرار / بیماری	۶	۷۸/۴۷	۰/۰۷۰	۰/۰۰۵	۰/۰۶۸
ژنوتیپ	۲۳	۱۰۰/۳۶**	۰/۱۴۰**	۰/۰۱۰**	۰/۱۶۰**
بیماری × ژنوتیپ	۲۳	۵۳/۶۴**	۰/۰۵۵**	۰/۰۰۴**	۰/۰۷۰**
خطا	۱۳۸	۲۵/۷۴	۰/۰۲۳	۰/۰۰۲	۰/۰۲۵
ضریب تغییرات (٪)		۱۳/۴	۱۶/۱۲	۸/۱۷	۸/۲۱

** معنی‌دار در سطح احتمال ۱٪

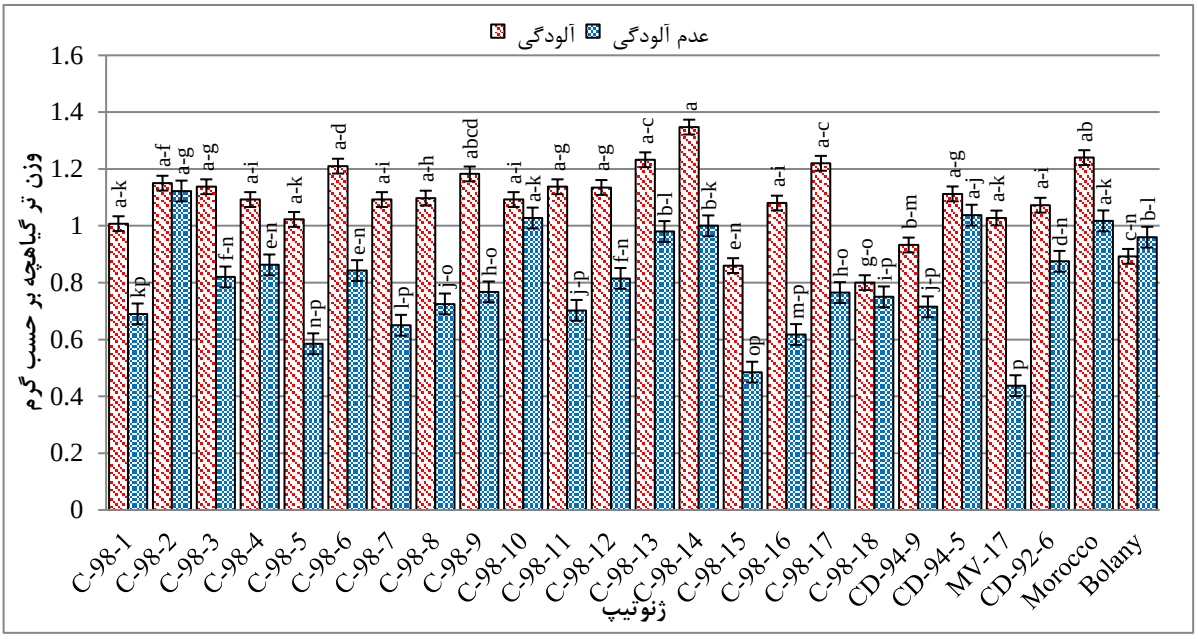
مقایسه میانگین

نتایج مقایسه میانگین به روش دانکن ژنوتیپ‌های مورد مطالعه به صورت نمودارهای ستونی برای صفات مختلف بیومتریک شامل ارتفاع گیاهچه (شکل ۱)، وزن تر گیاهچه (شکل ۲)، وزن خشک گیاهچه (شکل ۳) و نسبت وزن تر به وزن خشک گیاهچه (شکل ۴) در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی به بیماری در مرحله گیاهچه ارائه شده است. براساس نتایج مقایسه میانگین، بیشترین ارتفاع گیاهچه در شرایط آلودگی به بیماری به ترتیب برای ژنوتیپ موروکو و کمترین آن تحت همین شرایط، مربوط به بولانی، CD-94-9، C-98-18 و C-98-9 بود. در شرایط عدم آلودگی نیز C-98-14 و C-98-6 به ترتیب بیشترین ارتفاع گیاهچه و ژنوتیپ‌های MV-17، CD-94-5 و C-98-7 دارای کمترین ارتفاع گیاهچه بودند. از نظر صفت وزن تر گیاهچه، ژنوتیپ‌های موروکو، C-98-14، C-98-13 و C-98-17 به ترتیب بیشترین و ژنوتیپ‌های CD-94-9 و C-98-15 ، بولانی و حیران کمترین مقدار را در شرایط آلودگی به خود اختصاص دادند. بیشترین مقدار صفت وزن تر گیاهچه، تحت شرایط عدم آلودگی به بیماری به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های حیدری، موروکو، C-98-10 و CD-94-5 و کمترین مقدار مربوط به ژنوتیپ‌های MV-17، C-98-17 و C-98-15 بود. ژنوتیپ‌های C-98-13، C-98-14 ، C-98-6 و C-98-17 در شرایط آلودگی به ترتیب بیشترین و ژنوتیپ‌های MV-17، C-98-18 و C-98-15 کمترین مقدار وزن خشک گیاهچه را نشان دادند. این در حالی است که، در شرایط عدم آلودگی برای صفت فوق، ژنوتیپ‌هایی که دارای بیشترین مقدار بودند، میهن، حیدری و CD-94-5 بود و کمترین مقادیر نیز متعلق به ژنوتیپ‌های MV-17، C-98-15، C-98-16 و C-98-5 بود. ژنوتیپ‌های C-98-13،

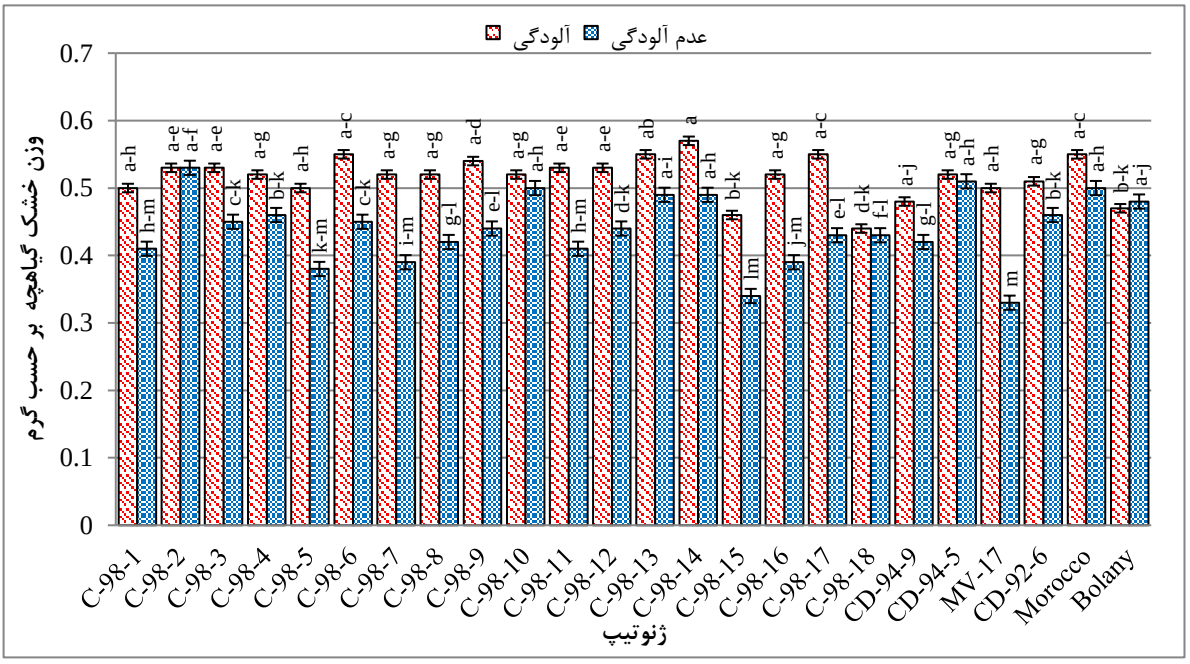
C-98-14،C-98-6 و C-98-17 در شرایط آلودگی دارای بیشترین نسبت وزن تر به خشک گیاهچه و ژنوتیپ‌های C-98-18 و C-98-5 نیز به ترتیب در همین شرایط، کمترین نسبت وزن تر به خشک گیاهچه را داشتند. بیشترین وزن تر به خشک گیاهچه، در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه در شرایط عدم آلودگی مربوط به حیدری و CD-94-5 و همین‌طور کمترین مقدار آن تحت همین شرایط، مربوط به ژنوتیپ‌های MV-17 و C-98-15 بود. نتایج نشان داد که آلودگی به بیماری زنگ ساقه در مقایسه با شرایط عدم آلودگی اغلب باعث کاهش ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به وزن خشک گیاهچه شد. براساس نتایج مشاهده شده رقم حیدری و لاین C-98-13، C-98-14 و C-98-17 از نظر برخی صفات بیومتریک بیشترین ارزش را در پاسخ به آلودگی به نژاد بومیTKTTF عامل بیماری زنگ سیاه گندم داشتند در حالی که ژنوتیپ‌های MV-17، C-98-18 و C-98-15 کمترین ارزش را از خود نشان دادند. به عبارتی دیگر از نظر صفات بیومتریک در مرحله گیاهچه ژنوتیپ‌های حیدری و لاین C-98-13، C-98-14 و C-98-17 به ترتیب بهعنوان رقم و لاین مقاوم به عامل بیماری زنگ سیاه گندم شناسایی شدند. این درحالی است که MV-17، C-98-18 و C-98-15 به ترتیب به عنوان ارقام و لاین‌های حساس به بیماری در مرحله گیاهچه تشخیص داده شدند.



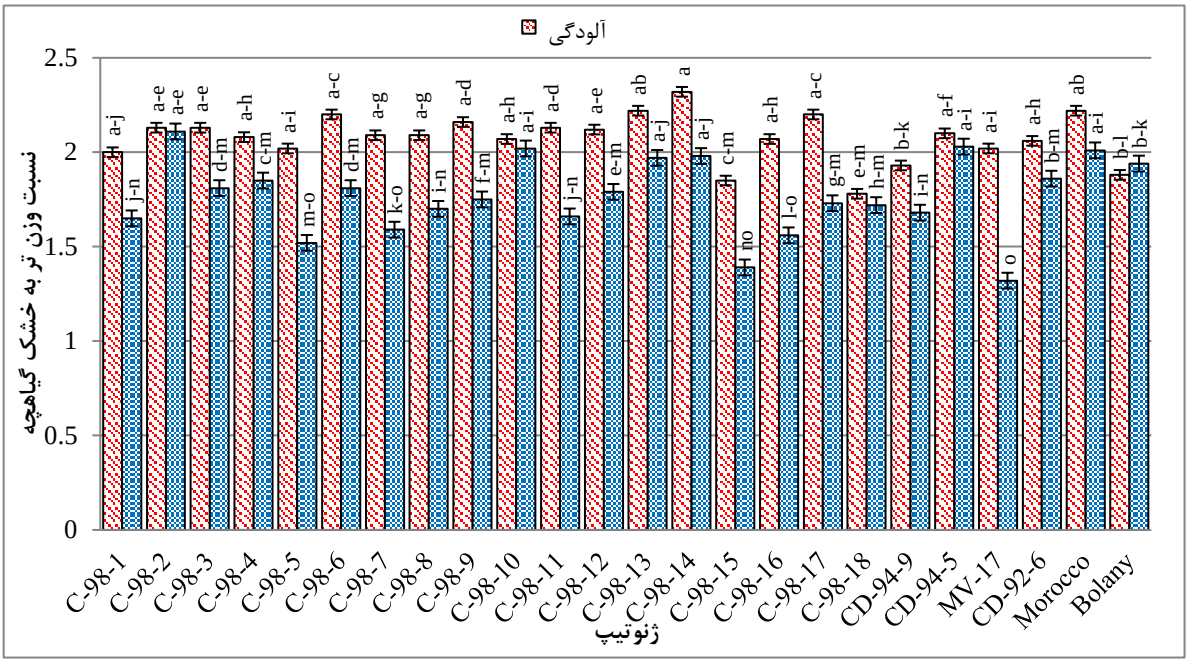
شکل ۱- مقایسه میانگین صفت ارتفاع گیاهچه حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم
به زنگ سیاه در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی در مرحله گیاهچه به روش دانکن



شکل ۲. مقایسه میانگین صفت وزن‌تر گیاهچه حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به رنگ سیاه
در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی در مرحله گیاهچه به روش دانکن



شکل ۳. مقایسه میانگین صفت وزن خشک گیاهچه حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم
به رنگ سیاه در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی در مرحله گیاهچه به روش دانکن



شکل ۴- مقایسه میانگین صفت نسبت وزن تر به خشک گیاهچه حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به زنگ سیاه در دو شرایط آلودگی و عدم آلودگی در مرحله گیاهچه به روش دانکن گیاهچه به روش دانکن

پارامترهای ارزیابی تنوع

بر اساس ارزیابی‌های انجام شده میانگین کل، میانگین حداقل و حداکثر، انحراف معیار، واریانس ژنتیکی، واریانس فنوتیپی، واریانس محیطی، ضریب تغییرات ژنتیکی، ضریب تغییرات فنوتیپی، ضریب تغییرات محیطی و وراثت‌پذیری برای صفات مختلف بیومتریک شامل ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به وزن خشک گیاهچه در مرحله گیاهچه در هر دو شرایط آلودگی (جدول ۳) و عدم آلودگی (جدول ۴) به زنگ سیاه گندم برآورد شده است. در شرایط آلودگی به عامل بیماری زنگ سیاه گندم بالاترین مقدار واریانس ژنتیکی به برای صفت ارتفاع گیاهچه به‌دست آمد، اما برای صفت وزن خشک گیاهچه واریانس ژنتیکی دارای کمترین مقدار بود. در مورد واریانس فنوتیپی در شرایط آلودگی به بیماری زنگ سیاه، همانند واریانس ژنتیکی بیشترین مقدار برای صفت ارتفاع گیاهچه به‌دست آمد. همچنین برای صفت وزن خشک گیاهچه واریانس فنوتیپی همانند واریانس ژنتیکی دارای کمترین مقدار در شرایط آلودگی به بیماری بود. ضریب تغییرات ژنتیکی در شرایط آلودگی به بیماری برای صفت وزن تر گیاهچه دارای بیشترین و برای صفت ارتفاع گیاهچه دارای کمترین مقدار بود. همچنین در این شرایط ضریب تغییرات فنوتیپی برای صفت ارتفاع گیاهچه دارای بیشترین و برای صفت وزن تر گیاهچه دارای کمترین مقدار بود. بالا بودن میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و دهنده دامنه وسیع تغییرات است. (Kanouni *et al.*, 2012). در این پژوهش نیز بالا بودن میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی به ترتیب برای صفات وزن تر گیاهچه و ارتفاع گیاهچه در شرایط آلودگی به بیماری نشان دهنده دامنه وسیع تغییرات برای این صفات در آزمایش فوق بود. تفاوت زیاد و عدم نزدیکی مقادیر ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی نشان دهنده این است که اثرات محیطی در بیشترین حد ممکن و انتخاب والدین با استفاده از این صفات برای دورگ‌گیری نامناسب است. به‌طور کلی نزدیک بودن مقدار ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی دلالت بر ناچیز بودن اثرات محیطی بر بیان ژن صفات است در حالی که تفاوت بسیار بالا ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی دلالت بر بالا بودن اثرات محیطی دارد (Singh *et al.*, 2014) در پژوهش مانیز تفاوت زیاد و عدم نزدیکی مقادیر ضریب تغییرات ژنتیکی و

فنوتیپی تمام صفات در شرایط آلودگی به بیماری نشان داد اثرات پاتوژن (محیطی) در بیشترین حد ممکن برای بیان صفات مورد مطالعه بوده است و این صفات بیشتر توسط عوامل محیطی کنترل می‌شوند و انتخاب والدین با استفاده از این صفات برای دورگ‌گیری نامناسب است. در این پژوهش در شرایط آلودگی به بیماری زنگ سیاه بالاترین مقدار وراثت‌پذیری به ترتیب مربوط وزن خشک گیاهچه (۴۲/۸۵ درصد) و کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت ارتفاع گیاهچه (۸/۷۸ درصد) بود که محاسبه کمترین مقدار وراثت‌پذیری برای صفات فوق نشان داد این صفات بیشتر تحت تاثیر پاتوژن (محیط) قرار گرفته‌اند. کریپا و همکاران (Crippa *et al.*, 2009) نیز گزارش کردند بالا بودن وراثت‌پذیری صفات نشان‌دهنده پائین بودن اثر محیط بر صفات مورد مطالعه است. در شرایط عدم آلودگی به عامل بیماری زنگ سیاه گندم بالاترین مقدار واریانس ژنتیکی برای صفت ارتفاع گیاهچه به‌دست آمد، اما برای صفت وزن خشک گیاهچه واریانس ژنتیکی دارای کمترین مقدار بود. در مورد واریانس فنوتیپی در شرایط عدم آلودگی به بیماری زنگ سیاه، همانند واریانس ژنتیکی بیشترین مقدار صفت ارتفاع گیاهچه به‌دست آمد. همچنین برای صفت وزن خشک گیاهچه واریانس فنوتیپی همانند واریانس ژنتیکی دارای کمترین مقدار در شرایط عدم آلودگی به بیماری بود. در شرایط عدم آلودگی به بیماری ضریب تغییرات ژنتیکی برای وزن تر گیاهچه دارای بیشترین و برای صفت نسبت وزن خشک به وزن تر گیاهچه دارای کمترین مقدار بود. ضریب تغییرات فنوتیپی در این شرایط برای وزن تر گیاهچه دارای بیشترین و برای صفت نسبت وزن تر به خشک گیاهچه دارای کمترین مقدار بود. بالا بودن میزان ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای صفت وزن تر گیاهچه در شرایط عدم آلودگی به بیماری نشان دهنده دامنه وسیع تغییرات برای این صفات در آزمایش فوق بود که با مفاهیم ارائه شده در پژوهش انجام شده توسط سینگ و همکاران (Singh *et al.*, 2014) مطابقت دارد. علاوه بر این تفاوت زیاد و عدم نزدیکی مقادیر ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برای تمام صفات در شرایط عدم آلودگی به بیماری نشان داد اثرات پاتوژن (محیطی) در بیشترین حد ممکن برای بیان صفات مورد مطالعه بوده است و این صفات بیشتر توسط عوامل محیطی کنترل می‌شوند و انتخاب والدین با استفاده از این صفات برای دورگ‌گیری نامناسب است. در این پژوهش در شرایط عدم آلودگی به بیماری زنگ سیاه بالاترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به نسبت وزن تر به وزن خشک گیاهچه (۵۳/۶۶ درصد) و کمترین مقدار وراثت‌پذیری مربوط به صفت ارتفاع گیاهچه (۵۱/۲۵ درصد) بود. وراثت‌پذیری مهم‌ترین پارامتر در مطالعات ژنتیکی صفات کمی است و در تصمیم‌گیری برای گزینش یک صفت نقش حیاتی ایفا می‌کند (Lotfi Aghmioni *et al.*, 2015).

جدول ۳- پارامترهای ارزیابی تنوع در صفات بیومتریک حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به زنگ سیاه تحت شرایط آلودگی به بیماری در مرحله گیاهچه

پارامتر	صفات			
	ارتفاع گیاهچه (g)	وزن تر گیاهچه (g)	وزن خشک گیاهچه (g)	نسبت وزن تر به خشک گیاهچه
میانگین کل	۳۲/۹۷۰۸	۱/۰۹۰۶	۰/۵۲۰۱	۲/۰۸۰۹
حداکثر مقادیر	۴۶/۷	۱/۴۹	۰/۶۱	۲/۴۴
حداقل مقادیر	۲۰/۵	۰/۷	۰/۴۲	۱/۶۷
انحراف معیار	۵/۹۶۰۸۷	۰/۱۸۹۵۴	۰/۰۴۵۷۳	۰/۱۸۲۱۹
واریانس ژنتیکی	۲/۸۷۴۲۵	۰/۰۱۰۷۵	۰/۰۰۰۷۵	۰/۰۱۰۵
واریانس فنوتیپی	۳۲/۷۱۶۲۵	۰/۰۳۲۷۵	۰/۰۰۱۷۵	۰/۰۳۰۵
واریانس محیطی	۲۹/۸۴	۰/۰۲۲	۰/۰۰۱	۰/۰۲
ضریب تغییرات ژنتیکی (٪)	۵/۱۴۲۰۰۸۴۳۹	۹/۵۰۶۸۹۵۹	۵/۲۶۵۵۵۰۴۴۷	۴/۹۲۴۲۸۷۹۳۶
ضریب تغییرات فنوتیپی (٪)	۱۷/۳۴۸۱۱۴۲۷	۱۶/۵۹۳۵۸۲	۸/۰۴۳۲۶۱۱۶۶	۸/۳۹۲۶۴۲۲۲
ضریب تغییرات محیطی (٪)	۱۶/۵۶۸۵۴۹۰۶	۱۳/۶۰۰۲۱۷	۶/۰۸۰۱۳۳۹۳۶	۶/۷۹۶۱۶۳۰۱۸
وراثت‌پذیری عمومی (٪)	۸/۷۸۵۳۸۹۵۲۴	۳۲/۸۲۴۴۲۷	۴۲/۸۵۷۱۴۲۸۶	۳۴/۴۲۶۲۲۹۵۱

جدول ۴- پارامترهای ارزیابی تنوع در صفات بیومتریک حاصل از واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم به زنگ سیاه تحت شرایط عدم آلودگی به بیماری در مرحله گیاهچه

پارامتر	صفات			
	ارتفاع گیاهچه (g)	وزن تر گیاهچه (g)	وزن خشک گیاهچه (g)	نسبت وزن تر به خشک گیاهچه
میانگین کل	۴۲/۲۸۴۴	۰/۸۰۲۱	۰/۴۴۳۳	۱/۷۷۳۶
حداکثر مقادیر	۵۸/۴	۱/۴	۰/۵۹	۲/۳۷
حداقل مقادیر	۲۶/۹	۰/۳۶	۰/۳	۱/۲
انحراف معیار	۶/۶۴۱۱۴	۰/۲۲۲۱۹	۰/۰۶۲۷۹	۰/۲۵۱۳۹
واریانس ژنتیکی	۲۲/۷۵۷۲۵	۰/۰۲۶۲۵	۰/۰۰۲۲۵	۰/۰۳۴۷۵
واریانس فنوتیپی	۴۴/۳۹۹۲۵	۰/۰۵۰۲۵	۰/۰۰۴۲۵	۰/۰۶۴۷۵
واریانس محیطی	۲۱/۶۴۲	۰/۰۲۴	۰/۰۰۲	۰/۰۳
ضریب تغییرات ژنتیکی (٪)	۱۱/۲۸۱۸۳۴۳۲	۲۰/۱۹۹۲۹۲	۱۰/۷۰۰۲۴۰۲۲	۱۰/۵۱۰۴۶۰۰۱
ضریب تغییرات فنوتیپی (٪)	۱۵/۷۵۸۲۳۷۶	۲۷/۹۴۷۲۷۸	۱۴/۷۰۶۰۷۳۵۵	۱۴/۳۴۷۱۰۲۶۷
ضریب تغییرات محیطی (٪)	۱۱/۰۰۱۹۲۱۰۴	۱۹/۳۱۴۲۱۷	۱۰/۰۸۸۲۸۳۲۳	۹/۷۶۵۷۳۵۲۷
وراثت‌پذیری عمومی (٪)	۵۱/۲۵۵۹۳۳۳۸	۵۲/۲۳۸۸۰۶	۵۲/۹۴۱۱۷۶۴۷	۵۳/۶۶۷۹۵۳۶۷

نتیجه‌گیری کلی

بررسی تنوع ژنتیکی گندم، اصلاح‌گران را در شناسایی پتانسیل و ظرفیت ژنتیکی واقعی صفات مرتبط با اهداف به نژادی از جمله عملکرد و اجزای عملکرد، کمک می‌نماید. آگاهی از اختلاف بین ژنوتیپ های مختلف گندم و چگونگی روابط این تفاوت با عملکرد بالقوه آنها در بهبود و پیشرفت عملکرد ارقام جدید بسیار حیاتی است (Kabiri *et al.*, 2023). در این پژوهش تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه، از نظر صفات ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه مشاهده شد که فرصت خوبی را برای بهبود صفات گیاهچه‌ای مرتبط با تحمل بیماری در برنامه‌های اصلاحی زنگ ساقه گندم فراهم می‌کند که نتایج فوق مشابه نتایج گزارش شده توسط واحدرضائی و همکاران (Vahed Rezaei *et al.*, 2023) دگت و چالا (Degete & Chala, 2019)، هاندی (Hundie *et al.*, 2018) و سورا (Soresa, 2018) بود. نتایج مطالعه حاضر نشان داد که رقم حیدری و لاین C-98-13، C-98-14 و C-98-17 از نظر برخی صفات بیومتریک بیشترین ارزش را در پاسخ به آلودگی به نژاد بومی TKTTF عامل بیماری زنگ سیاه گندم داشتند در حالی که ژنوتیپ‌های MV-17، C-98-18 و C-98-15 کمترین ارزش را از خود نشان دادند. به عبارتی دیگر از نظر صفات بیومتریک در مرحله گیاهچه ژنوتیپ‌های حیدری و لاین C-98-13، C-98-14 و C-98-17 به ترتیب به‌عنوان رقم و لاین مقاوم به عامل بیماری زنگ سیاه گندم شناسایی شدند. این درحالی است که MV-17، C-98-18 و C-98-15 به ترتیب به عنوان ارقام و لاین‌های حساس به بیماری در مرحله گیاهچه تشخیص داده شدند که می‌توان از این اطلاعات برای تولید ارقام جدید و برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد. واحدرضائی و همکاران (Vahed Rezaei *et al.*, 2023) با بررسی مقاومت ژنوتیپ‌های گندم به بیماری زنگ سیاه در شرایط گیاه بالغ و گیاهچه‌ای، لاین C-98-17 را ژنوتیپ مقاوم و لاین‌های C-98-14 و C-98-9 را ژنوتیپ‌های حساس به بیماری زنگ سیاه گندم گزارش کردند. این مطالعه تاثیر نژاد TKTTF زنگ ساقه آذربایجان شرقی بر صفات بیومتریک ارقام زمستانه و لاین‌های امید بخش گندم را نشان داد. این نژاد باعث ایجاد تغییرات در صفات ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه مورد مطالعه در هر دو شرایط آزمایشی شد که از این خروجی می‌توان نتیجه گرفت که لاین‌های مقاوم نسبت به رقم تجاری مقاوم به بیماری بوده و توصیه می‌شود به عنوان لاین‌های انتخابی در برنامه‌های اصلاحی استفاده شود. نتایج پارامترهای ارزیابی تنوع ژنتیکی نشان داد که تنوع ژنتیکی مناسبی برای صفات ارتفاع گیاهچه، وزن تر گیاهچه، وزن خشک گیاهچه و نسبت وزن تر به خشک گیاهچه مورد مطالعه وجود دارد و می‌توان از این تنوع‌ها برای اصلاح ژنوتیپ‌های گندم زمستانه استفاده کرد. همچنین بالا بودن وراثت پذیری وزن خشک گیاهچه در

شرایط آلودگی و عدم آلودگی شاخص مناسبی برای انتخاب والدین در برنامه های دورگ‌گیری است. بررسی صفات مختلف در شرایط محیطی مختلف نشان داده است که با تغییر شرایط محیطی، نحوه عمل و پاسخ ژنوتیپ ها به پاتوژن تغییر می‌کند. برای این کار باید این مطالعات در چند سال و محیط‌های مختلف انجام شود. همچنین توصیه می‌شود آزمایش فوق با استفاده از صفات زراعی در مرحله گیاه بالغ و نیز صفات فیزیولوژیک و بیوشیمیایی مرتبط با بیماری نیز اجرا گردد.

سپاسگزاری

بدینوسیله از زحمات پرسنل محترم گلخانه تحقیقاتی بخش غلات موسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر سرکار خانم مهندس زهره بیات که در اجرای این پروژه یاری رساندند، تقدیر و تشکر می‌گردد.

منابع

Bamdadian, A., & Torabi, M. (1978). Epidemiology of wheat stem rust in southern areas of Iran in 1976. *Iranian Journal of Plant Pathology, 14*(1/4), 20-19.(In persian)

Bolton, M. D., Kolmer, J. A., & Garvin, D. F. (2008). Wheat leaf rust caused by Puccinia triticina. *Molecular plant pathology, 9*(5), 563-575.

Crippa, I., Bermejo, C., Espósito, M. A., Martin, E. A., Cravero, V., Liberatti, D., & Cointry, E. L. (2009). Genetic variability, correlation and path analyses for agronomic traits in Lentil genotypes. *International Journal of Plant Breeding, 3*(2), 76-80.

Dean, R., Van Kan, J. A., Pretorius, Z. A., Hammond-Kosack, K. E., Di Pietro, A., Spanu, P. D., & Ellis, J. (2012). The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. *Molecular plant pathology, 13*(4), 414-430.

Degete, A. G., & Chala, A. (2019). Effects of Stem Rust (Puccinia graminis f. sp. tritici) on Yield, Physical and Chemical Quality of Durum Wheat Varieties in East Shoa Zone, Ethiopia. *American Journal of Agriculture and Forestry, 7*(2), 78-83.

Falconer, D. S. (1967). *Introduction to quantitative genetics*. Retrieved from

FAOSTAT, F. (2019). Agriculture Organization of the United Nations Statistical Database (http://www. faostat. fao. org). *Ultima consulta, 26*.

Figueroa, M., Hammond-Kosack, K. E., & Solomon, P. S. (2018). A review of wheat diseases—a field perspective. *Molecular plant pathology, 19*(6), 1523-1536.

Ghazvini, H. (2012). *Emergence and current status of Ug99 races of Puccinia graminis f. sp. tritici and overview of recent progresses in deployment of stem rust resistance genes for effective control of disease (keynote presentation).* Paper presented at the Proceedings Of 12th Congress of Agronomy and Plant Breeding, Karaj.

Ghazvini, H., Hiebert, C. W., Zegeye, T., & Fetch, T. (2012). Inheritance of stem rust resistance derived from Aegilops triuncialis in wheat line Tr129. *Canadian Journal of Plant Science, 92*(6), 1037-1041.

Ghazvini, H., Hiebert, C. W., Zegeye, T., Liu, S., Dilawari, M., Tsilo, T., & Fetch, T. (2012). Inheritance of resistance to Ug99 stem rust in wheat cultivar Norin 40 and genetic mapping of Sr42. *Theoretical and Applied Genetics, 125*(4), 817-824.

Govindaraj, M., Vetriventhan, M., & Srinivasan, M. (2015). Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. *Genetics research international, 2015*.

Haussmann, B., Parzies, H., Presterl, T., Susic, Z., & Miedaner, T. (2004). Plant genetic resources in crop improvement. *Plant genetic resources, 2*(1), 3-21.

Hiebert, C. W., Fetch, T. G., & Zegeye, T. (2010). Genetics and mapping of stem rust resistance to Ug99 in the wheat cultivar Webster. *Theoretical and Applied Genetics, 121*(1), 65-69.

Hundie, B., Yirga, F., Kassa, D., Hailu, E., Negash, T., Tesfaye, T., & Zegaye, H. (2018). Evaluation of Advanced Bread Wheat Lines for Field and Seedling Resistance to Stem Rust (Puccinia graminis f. sp. tritici). *American Journal of Biological and Environmental Statistics, 4*(2), 74-82.

Jin, Y., Singh, R., Ward, R., Wanyera, R., Kinyua, M., Njau, P., & Yahyaoui, A. (2007). Characterization of seedling infection types and adult plant infection responses of monogenic Sr gene lines to race TTKS of Puccinia graminis f. sp. tritici. *Plant Disease, 91*(9), 1096-1099.

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*(5), 432-435

Kabiri, A., Zaefaian, F., Omrani, A., & Abassian, A. (2023). Evaluation of yield and yield components in promising wheat lines using multivariate statistical methods. *Journal of Crop Breeding, 15*(45), 135-148. doi:10.52547/jcb.15.45.135

Kanouni, H., Shahab, M., Imtiaz, M., & Khalili, M. (2012). Genetic variation in drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes.

Knott, D. R. (2012). *The wheat rusts—breeding for resistance* (Vol. 12): Springer Science & Business Media.

Kolmer, J. A. (2005). Tracking wheat rust on a continental scale. *Current opinion in plant biology, 8*(4), 441-449.

Lagudah, E. S. (2011). Molecular genetics of race non-specific rust resistance in wheat. *Euphytica, 179*(1), 81-91.

Leonard, K. J., & Szabo, L. J. (2005). Stem rust of small grains and grasses caused by Puccinia graminis. *Molecular plant pathology, 6*(2), 99-111.

Lotfi Aghmioni, M., Jaffar Aghaei, M., Vaezi, S., & Majidi Heravan, E. (2015). Evaluation of genetic diversity, heritability and genetic progress in Kabuli type chickpea genotypes. *Iranian Journal Pulses Research, 6*(1), 100-107. (In persian)

Manly, B. F., & Alberto, J. A. N. (2016). *Multivariate statistical methods: a primer*: CRC press.

Olivera, P., Newcomb, M., Szabo, L. J., Rouse, M., Johnson, J., Gale, S., & Burgin, L. (2015). Phenotypic and genotypic characterization of race TKTTF of Puccinia graminis f. sp. tritici that caused a wheat stem rust epidemic in southern Ethiopia in 2013–14. *Phytopathology, 105*(7), 917-928.

Pretorius, Z., Pakendorf, K., Marais, G., Prins, R., & Komen, J. (2007). Challenges for sustainable cereal rust control in South Africa. *Australian Journal of Agricultural Research, 58*(6), 593-601.

Roelfs, A. (1985). Epidemiology in North America. In *Diseases, Distribution, Epidemiology, and Control* (pp. 403-434): Elsevier.

Roelfs, A. P., Singh, R. P., & Saari, E. (1992). *Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management*: Cimmyt.

Saari, E. E., & Prescott, J. (1985). World distribution in relation to economic losses. In *Diseases, distribution, epidemiology, and control* (pp. 259-298): Elsevier.

Serfling, A., Kopahnke, D., Habekuss, A., Novakazi, F., & Ordon, F. (2017). Wheat diseases: an overview. *Achieving sustainable cultivation of wheat*, doi:10.19103/AS.2016.0004.19

Sharif, G., Bamdadian, A., & Daneshpajoh, B. (1970). Physiological races of wheat stem rust in Iran (1965-1970). *Journal of Applied Entomology and Phytopathology, 6*, 73-100.

Singh, R., & Chaudhury, B. (1985). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis kalyani publishers, New Delhi*. Retrieved from

Singh, R. P., Hodson, D. P., Huerta-Espino, J., Jin, Y., Bhavani, S., Njau, P., & 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, R. P., Hodson, D. P., Jin, Y., Lagudah, E. S., Ayliffe, M. A., Bhavani, S., . . . Huerta-Espino, J. (2015). Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: continued threat to food security and prospects of genetic control. *Phytopathology, 105*(7), 872-884.

Singh, T., Raiger, H., Kumari, J., Singh, A., & Deshmukh, P. (2014). Evaluation of Chickpea genotypes for variability in seed protein content and yield components under restricted soil moisture condition. *Indian Journal of Plant Physiology, 19*, 273-280.

Soresa, D. N. (2018). Evaluation of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for resistance against stem rust (Puccinia graminis f. sp. *tritici*) diseases at seedling and adult stages. *African Journal of Agricultural Research, 13*(52), 2904-2910.

Vahed Rezaei, A., Asghari, A., Norouzi, M., Aharizad, S., Roohparvar, R., & Amini, A. (2023). Biometrical analysis of resistance to stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) in the winter wheat genotypes. *Journal of Plant Physiology and Breeding*, 113-130. doi:10.22034/jppb.2022.51478.1271

Woldeab, G., Hailu, E., & Bacha, N. (2017). Protocols for race analysis of wheat stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*). In: Ethiopian Institute of Agricultural Research, Ambo Plant Protection Research.

Plant Production and Genetics **تولید و ژنتیک گیاهی**

Vol.4 , No. 1, Spring & Summer 2023, p. 191-204 **جلد ۴، شماره ۱، پاییز و زمستان ۱۴۰۲، صفحه ۲۰۴-۱۹۱**

Research Article DOI: 10.22034/PLANT.2024.140541.1081

Heritability and genetic diversity of seedling biometric traits involved in resistance to wheat black rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) disease

Armin Vahed Rezaei[1], Ali Asghari [2], Majid Norouzi [3], Saied Aharizad [4], Ramin Roohparvar [5], Ashkboos Amini[6]

1. Ph.D. student, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
2. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran
3. Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran
4. Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Tabriz, Iran
5. Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
6. Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 17-01-2024
Accepted: 24-02-2024

Abstract

In order to estimate the heritability and genetic diversity of some seedling biometric traits in response to black rust (stem rust) disease, 24 wheat genotypes in the 2020 at the research greenhouse of the Seedling and Seed Breeding Research Institute was evaluated in the form of a randomized complete block design with four replications under the conditions of infection and non- infection to the native race TKTTF black rust. Based on the results, the genotype × disease condition interaction, was significant for all traits at the 1% probability level. Also, a significant difference between the genotypes in terms of seedling height, seedling fresh weight, seedling dry weight, and seedling fresh weight to dry weight ratio was observed. The results showed that pathogen infection causes a decrease in seedling height and an increase in seedling fresh weight, seedling dry weight, and seedling fresh weight to dry weight ratio due to the presence of pustules caused by disease. Under black rust infection, the highest heritability was observed for seedling dry weight (42.85%) and the lowest heritability was related to seedling height trait (8.78%). In the absence of black rust disease, the highest heritability was observed for the ratio of fresh weight to dry weight of seedlings (53.66%) and the lowest heritability was related to seedling height (51.25%). The results showed that black rust infection affects seedling traits and the diversity between genotypes can be used to improve wheat genotypes

Keywords: Black rust, genetic diversity, heredity, seedlings

Citation: Vahed Rezaei, A., Asghari, A., Norouzi, M., Aharizad, S Roohparvar.R., & Amin, A. (2023). Heritability and genetic diversity of seedling biometric traits involved in resistance to wheat black rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) disease. *Plant Production and Genetics*, 4(2), 191-204. https://doi.org/10.22034/PLANT.2024.140541.1081.

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: a_asghari@uma.ac.ir