

## Identification of resistance sources for brown rust disease (*Puccinia recondiata* f. sp. *Tritici* Eriksson) in *Aegilops tauschii* accessions

Hossein Mohammadi Dehbalaei<sup>1</sup>, Ali Asghar Nasrollahnezhad Ghomi<sup>2\*</sup>, Ali Ashraf Mehrabi<sup>3</sup>,  
Khalil Zeinalinezhad<sup>2</sup>, Hassan Soltanloo<sup>4</sup>, Seyed Taha Dadrezaei<sup>5</sup>

1,2, 4. Department of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, 3. Department of Biotechnology, Research Institute of Forest and Rangelands, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran, 5. Cereals Research Department Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

(Received: December 19, 2021- Accepted: March 12, 2022)

### ABSTRACT

Identification of resistance gene sources in seedling and adult plant stages is important to developing durable wheat cultivars. In this study, 100 genotypes of *Aegilops tauschii*, collected from natural habitats were evaluated in the experimental field of the Iraqi-mahaleh, Gorgan. Seeds were planted on one meter length lines and inoculated with Golestan leaf rust pathotypes in a randomized complete block design with three replications. The reaction of genotypes was also evaluated in greenhouse, by six Iranian pathotypes based on a completely randomized design with two replications in seed and plant improvement institute (SPII). To evaluate resistance in field, we used infection type, AUDPC, final disease severity and coefficient of infection indices. The results showed that in greenhouse, the frequency of resistant, moderately resistant, moderately susceptible and susceptible genotypes were 7, 13, 13 and 67 percent, respectively. In field, the regarding frequencies were 14, 49, 7 and 30 percent. The correlation coefficient between final severity of infection, with the values of coefficient of infection and area under the disease progress curve, were 0.97 and 0.95, respectively. Accordingly, 57 genotypes with the desired characteristics, namely final infection intensity of 3.5-40, infection coefficient of 1.4-30 and rAUDPC, 1-32% were identified with MS and MR responses for resistance. Forty-six genotypes were susceptible in seedling stage and resistant in adult plant stage. Some genotypes originated from Afghanistan, Azerbaijan, China and Uzbekistan were resistant to all isolates which could be considered as appropriate sources of resistance to leaf rust disease for breeding of cultivated wheat species.

**Keywords:** Adult plant resistance, *Aegilops tauschii*, re Under Disease Progress Curve (AUDPC), seedling resistance, wheat leaf rust.

### شناسایی منابع مقاومت به عامل بیماری زنگ قهوه‌ای

### (*Puccinia recondiata* f. sp. *tritici* Eriksson) در ژنوتیپ‌های آژیلوپس تائوشی

حسین محمدی دهبالایی<sup>۱</sup>، علی اصغر نصراله نژادقمی<sup>۲\*</sup>، علی اشرف مهرابی<sup>۳</sup>، خلیل زینلی نژاد<sup>۴</sup>، حسن سلطانلو<sup>۵</sup>، سید طه دادرضایی<sup>۵</sup>

۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی دکتری، استادیار و دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشکده تولید گیاهی دانشگاه کشاورزی و علوم منابع طبیعی گرگان، ۳- دانشیار گروه زیست‌فناوری منابع طبیعی، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ۵- استادیار بخش تحقیقات غلات، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۹/۲۸ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۱۲/۲۱)

### چکیده

شناسایی منابع ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای و گیاه کامل برای ایجاد ارقام گندم دارای مقاومت پایدار، امری ضروری است. در این پژوهش تعداد ۱۰۰ ژنوتیپ آژیلوپس تائوشی جمع‌آوری شده از زیستگاه‌های طبیعی، در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان در خط‌های یک‌متری کشت شده و با پاتوتیپ شایع زنگ قهوه‌ای گرگان تیمار شدند. این آزمایش با طرح بلوک‌های کامل در سه تکرار اجرا شد. واکنش گیاهچه‌ای نیز در گلخانه مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج با شش پاتوتیپ ایران با طرح کاملاً تصادفی در دو تکرار بررسی شد. برای ارزیابی مقاومت از تیپ آلودگی، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، شدت نهایی آلودگی و ضریب آلودگی در مزرعه و تیپ آلودگی در گلخانه استفاده شد. نتایج

\*Corresponding author: nasrollahnejad@gau.ac.ir

نشان داد که در شرایط گلخانه فراوانی ژنوتیپ‌های مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه‌حساس و حساس به ترتیب ۷، ۱۳، ۱۳ و ۶۷ درصد بود. در مزرعه نیز فراوانی این ژنوتیپ‌ها به ترتیب ۱۴، ۴۹، ۷ و ۳۰ درصد مشاهده شد. ضریب همبستگی بین شدت نهایی آلودگی، با ضریب آلودگی و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC)، به ترتیب ۰/۹۷ و ۰/۹۵ بود. ۵۷ ژنوتیپ با توجه به شدت نهایی آلودگی ۴۰-۳/۵، ضریب آلودگی ۳۰-۱/۴ و rAUDPC 1-32 درصد با واکنش نیمه‌حساس و نیمه‌مقاوم شناسایی شدند. در مرحله گیاهچه‌ای، ۴۶ ژنوتیپ حساس به بیماری بودند که در مرحله گیاه بالغ مقاومت نشان دادند. برخی از ژنوتیپ‌ها از افغانستان، آذربایجان، چین و ازبکستان به تمام جدایه‌ها مقاوم بودند که می‌توان از آنها به عنوان منابع ژنتیکی مناسب برای مقاومت به بیماری زنگ برگ در به‌نژادی گندم‌های زراعی بهره گرفت.

**واژه‌های کلیدی:** آزیلوپس تائوشی، زنگ قهوه‌ای گندم، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، مقاومت گیاهچه‌ای، مقاومت گیاه کامل.

## مقدمه

تحت تأثیر قرار می‌دهند. تخمین زده شده است که میزان کاهش سالانه ناشی از این بیمارگرها بین ۵-۴/۳ میلیارد دلار می‌باشد (Huerta-Espino *et al.*, 2020). زنگ قهوه‌ای گندم، با عامل *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* Eriksson که به زنگ برگ نیز معروف می‌باشد، از نظر گستردگی مهمترین بیماری گندم است (Kolmer, 2013). بیمارگر، 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 (Zhang *et al.*, 2019). زنگ قهوه‌ای در ایران اولین بار در سال ۱۹۴۸ میلادی گزارش شده است (Esfandiari, 1948). در حال حاضر اهمیت اقتصادی زنگ قهوه‌ای در ایران، بیش‌تر از زنگ سیاه و کمتر از زنگ زرد است ولی گستردگی آن از زنگ زرد بیشتر است. این بیماری در تمام مناطق ایران به‌خصوص نواحی غرب، شمال غرب، خوزستان و قسمت‌هایی از خراسان و گرگان مشاهده و گزارش شده است (Bamdadian, 1993). استفاده از ارقام مقاوم، مؤثرترین، اقتصادی‌ترین و از نظر زیست‌محیطی

خویشاوندان وحشی گندم از جمله گونه‌ی آزیلوپس تائوشی، منبع بالقوه‌ای از ژن‌های بارز مقاومت به تنش‌های زنده و غیر زنده برای انتقال به گندم هستند (Lagudah & Halloran, 1989). همولوژی کامل ژنوم D آزیلوپس تائوشی با ژنوم D گندم، وضعیت گیاهشناسی مشخص، سازگاری وسیع اکولوژیک، وجود تنوع بسیار بالا در این صفات و سهولت تلاقی با گندم، گونه‌ی *Aegilops tauschii* را به منبع بسیاری مهمی برای انتقال ژن و اصلاح گندم تبدیل کرده است. در پژوهشی از ژن‌های مقاوم به زنگ قهوه‌ای در آزیلوپس تائوشی برای انتقال به تریتیکاله و تولید واریته‌های مقاوم استفاده شد (Ulaszewski & Tomasz, 2020). در تحقیق دیگر بررسی خصوصیات آزیلوپس تائوشی نشان داد که گونه‌ی آزیلوپس تائوشی دارای منابع ژنتیکی ارزشمندی برای مقابله با زنگ قهوه‌ای هستند (Lee *et al.*, 2020). گندم نان با نام علمی *Triticum aestivum* مهم‌ترین گیاه زراعی یکساله است که در سطح گسترده‌ای از جهان تولید و مورد استفاده قرار می‌گیرد. سه بیماری مهم زنگ یعنی زنگ زرد (Stripe rust)، زنگ قهوه‌ای (Leaf rust) و زنگ سیاه (Stem rust) به‌طور مداوم تولید گندم را

آمده‌اند، منابع با ارزشی از تنوع ژنتیکی برای مقاومت مؤثر مقابل عامل بیماری زنگ هستند (Bonman *et al.*, 2015; Sthapit *et al.*, 2014). منابع برخی از ژن‌های مقاومت به زنگ قهوه‌ای از توده‌های بومی گندم و یا خویشاوندان وحشی بوده‌اند؛ به عنوان مثال ژن *Lr79* در یک توده بومی گندم دوروم استرالیایی شناسایی شد (Qureshi *et al.*, 2018). همچنین ژن‌های *Lr9*، *Lr19*، *Lr24* و *Lr76* در نمونه‌ها و خویشاندان بومی گندم شناسایی شده‌اند (McIntosh *et al.*, 1995). برای ارزیابی مواد ژنتیکی نسبت به زنگ از شاخص‌های مختلفی مانند تیپ آلودگی (Infection type)، درصد آلودگی، دوره نهان آلودگی (Latent period) استفاده کرد. دوره نهان آلودگی به صورت تعداد روز از زمان مایه‌زنی تا ظهور اولین جوش‌های زنگ روی برگ‌های گیاه تعریف می‌شود (Van der Plank, 1963). یکی دیگر از شاخص‌های مرتبط با مقاومت، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (Area under the disease progress curve, AUDPC) می‌باشد. این مقیاس یکی از پارامترهای مهم برای ارزیابی بیماری‌های زنگ در غلات است که تحقیقات فراوانی ارتباط معنادار آن با نوع واکنش به عامل بیماری‌زا و همچنین کاهش عملکرد در گیاه میزبان را تایید کردند و به‌عنوان یکی از بهترین معیارهای بررسی مقاومت در مرحله گیاه کامل و بازتابی از شدت و توسعه بیماری شناخته می‌شود (Xu *et al.*, 2005). ژنوتیپ‌های با واکنش مصون دارای مقدار AUPDC صفر بودند. واکنش مصون و بروز حداقل میزان AUPDC احتمالاً به دلیل دارا بودن ژن‌های مقاومت اختصاصی می‌باشد (El-Orabey *et al.*, 2019). در آزمایشی برای ارزیابی فنوتیپی مقاومت به بیماری زنگ در برخی ژنوتیپ‌های

ایمن‌ترین روش برای کنترل بیماری زنگ قهوه ای می‌باشد. تاکنون ۷۹ ژن مقاومت به زنگ قهوه‌ای در گندم شناسایی شده است (McIntosh *et al.*, 1995; Qureshi *et al.*, 2018). اکثر این ژن‌ها مقاومت اختصاصی نژاد اعطا می‌کنند اما هشت ژن، یعنی *Lr34*، *Lr46*، *Lr67*، *Lr68*، *Lr74*، *Lr75*، *Lr77* و *Lr78* باعث مقاومت غیر اختصاصی نژاد می‌شوند (Zhang *et al.*, 2019). مقاومت اختصاصی نژاد معمولاً کیفی بوده و به دلیل تکامل نژادهای بیماری‌زای بالقوه، کوتاه‌مدت می‌باشد. در مقابل، سطوح کافی از مقاومت توسط ژن‌های مقاومت غیر اختصاصی که ممکن است اثرات کم یا متوسط ایجاد کنند، وجود دارد. گیاهان حامل چنین ژن‌هایی در مرحله‌ی گیاهچه‌ای حساس و در مراحل بعد از گیاهچه‌ای مقاوم هستند و منجر به کاهش توسعه بیماری زنگ در گیاه می‌شوند (Huerta-Espino *et al.*, 2020).

مقاومت به زنگ قهوه‌ای در اغلب ارقام گندم توسط یک یا تعداد کمی ژن مقاومت گیاهچه‌ای ایجاد می‌شود. این ژن‌ها در اکثر مواقع ناپایدارند و توسط نژادهای جدید در جمعیت بیمارگر زنگ قهوه‌ای، شکسته می‌شوند. بنابراین با وجود شناسایی و آرایش تعدادی از ژن‌های مقاومت به زنگ برای حفظ عملکرد گندم، ظهور پاتوتیپ‌های بیمارگر می‌تواند پایداری و استفاده از آن‌ها را محدود کند. در نتیجه، تحقیق مداوم برای شناسایی منابع جدید مقاومت جهت استفاده کامل و مؤثر آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی ضروری است (Pathan & Park, 2006).

ارقام بومی گندم منبعی بالقوه از ژن‌های مقاومت جدید هستند، ولی این ارقام به نسبت کمتری در اصلاح نباتات مدرن استفاده شده‌اند. تحقیقات نشان داده است که بعضی از ارقام جدید گندمی که با استفاده از ژن‌های منتقل شده از ارقام بومی به وجود

گندم ایران نیز نتایج مشابه تحقیق حاضر به دست آمد. در این پژوهش محققان میزان AUDPC زیر ۵۰۰ را به عنوان مقاومت قابل قبول، ۲۵۰-۱۵۰ را نیمه مقاوم و زیر ۱۵۰ را به عنوان مقاوم در نظر گرفتند (Dadrezaei *et al.*, 2015). هدف از این پژوهش ردیابی منابع مقاومت گیاهچه‌ای و مقاومت گیاه کامل در ژنوتیپ‌های آزیلوپس تائوشی به زنگ قهوه‌ای بود تا در صورت داشتن مقاومت مناسب از آن‌ها در برنامه‌های به‌نژادی آینده استفاده شود.

## مواد و روش‌ها

### تعیین پاتوتیپ جدایه‌ها

برای تعیین پاتوتیپ یا شناسایی ساختار پرآزاری نمونه‌های زنگ قهوه‌ای براساس فرمول پرآزاری/ناپرآزاری از ۳۸ لاین ایزوژنیک که هر یک تنها حامل یک ژن مقاومت مشخص (*Lr gene*) به بیماری زنگ قهوه‌ای هستند، استفاده شد (جدول ۲). برای تکثیر پاتوتیپ‌ها ابتدا نمونه‌ها به شکل برگ‌های آلوده به زنگ قهوه‌ای در هوای آزاد در حرارت ۲۰-۱۵ درجه سانتی‌گراد خشک و در یخچال نگهداری شدند. برای احیای نمونه‌های جمع‌آوری شده ابتدا نمونه‌های برگ‌ی را در شرایط رطوبت ۱۰۰ درصد به مدت دو ساعت قرار داده تا نمونه‌ها شروع به اسپورزایی نمایند؛ پس از اسپورزایی به روش مالشی روی برگ گیاهچه‌های رقم بولانی مایه‌زنی شدند. بعد از مایه‌زنی، گلدان‌ها ابتدا در شرایط ۲۰-۱۸ درجه سانتی‌گراد، رطوبت اشباع و تاریکی به مدت ۲۴ ساعت قرار داده و سپس به گلخانه‌ی زنگ قهوه‌ای با دمای ۲۴-۲۲ درجه سانتی‌گراد منتقل شدند. نمونه‌ها تا زمان اسپوردهی در دمای فوق به مدت ۱۶ ساعت نور ۱۶۰۰۰ لوکس و ۸ ساعت تاریکی نگه داشته و سپس بعد از ۲۰-۱۴

روز برای تکثیر اسپور از نمونه‌هایی که تولید اسپور نمودند مجدداً به رقم بولانی مایه‌زنی شدند. برای تعیین فرمول پرآزاری/ناپرآزاری ایزوله‌ها، ۳۸ لاین مونوژن (جدول ۲) در گلدان‌هایی به قطر ۱۵ سانتی‌متر حاوی خاک با ماسه و پیت‌ماس کاشته شده و سپس گیاهچه‌های ۱۰ روزه لاین‌ها با مخلوط اسپور زنگ قهوه‌ای و پودر تالک به نسبت ۱:۴ مایه‌زنی شدند. سپس تمامی گلدان‌ها در تاریک‌خانه در شرایط ۲۰-۱۸ درجه سانتی‌گراد و رطوبت اشباع قرار داده و پس از ۲۴ ساعت به گلخانه‌ی زنگ قهوه‌ای با دمای ۲۴-۲۲ درجه سانتی‌گراد منتقل شدند. حدود ۱۰ روز بعد از مایه‌زنی تیپ‌های آلودگی ایجاد شده روی ژنوتیپ‌های مورد نظر بر اساس روش McIntosh *et al.* (1995) در مقیاس ۰-۴ ارزیابی شدند. تیپ‌های آلودگی ۳ تا ۴ به عنوان آلودگی بالا (High) و تیپ‌های ۲-۰ به عنوان تیپ‌های آلودگی پایین (Low) در نظر گرفته شدند. برای تعیین فراوانی فاکتورهای پرآزاری در جدایه‌های زنگ قهوه‌ای، درصد فاکتورهای پرآزار در هر جدایه نسبت به تعداد کل ژن‌های مقاومت محاسبه شد.

### ارزیابی‌های گیاهچه‌ای

برای ارزیابی مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای در مرحله گیاهچه‌ای، ژنوتیپ‌های آزیلوپس تائوشی (تهیه شده از کلکسیون بذر غلات و حبوبات دانشگاه ایلام) در گلخانه‌ی تحقیقاتی مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱). آزمایش گلخانه‌ای با استفاده از شش جدایه زنگ قهوه‌ای در قالب طرح کاملاً تصادفی با دو تکرار انجام و صفات تیپ آلودگی و دوره نهان آلودگی یادداشت برداری شد. در این آزمایش، ژنوتیپ‌ها در گلدان‌هایی به قطر ۱۵ سانتی‌متر حاوی خاک، ماسه و پیت ماس کاشته شده و سپس گیاهچه‌های دو برگ‌ی

در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار اجرا شد. برای مایه‌زنی مصنوعی مزرعه آزمایشی از چهارم اسفند ماه ۱۳۹۹ (هر ۱۰ روز یک‌بار) با استفاده از جدایه‌ی منطقه در هنگام غروب آفتاب و افزایش رطوبت نسبی مزرعه گردپاشی (مخلوط اسپور زنگ و پودر تالک به نسبت یک به ۲۰) صورت گرفت. در این آزمایش یادداشت‌برداری صفت شدت بیماری در مرحله ظهور برگ پرچم و با مشاهده ۵۰ درصد آلودگی روی رقم حساس به صورت هر هفت روز یک‌بار و تا چهار مرحله بر اساس روش اصلاح‌شده کاب انجام شد (Peterson *et al.*, 1948). شدت نهایی آلودگی (Final Disease Severity, FDS) بیان‌کننده اثرات تجمعی همه‌ی فاکتورهای مقاومت شامل دوره کمون، تراکم و اندازه جوش در طول فرآیند همه‌گیری می‌باشد، بنابراین صفت مهمی برای قضاوت است (Parlevliet & Van Ommeren, 1975). تعیین تیپ آلودگی به روش Roelfs *et al.* (1992) در مقیاس صفر تا نه صورت گرفت. ضریب آلودگی (Coefficient of Infection) از حاصل ضرب شدت بیماری در ضریب ثابت مربوط به تیپ آلودگی ( $S=1, MS=0.8, MR=0.4, R=0.2$ ) به دست آمد. همچنین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) با استفاده از فرمول زیر محاسبه شد.

$$A_k = \sum_{i=1}^{N_i-1} \frac{(y_i + y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

در این فرمول  $t_i$ : زمان یادداشت‌برداری،  $t_{i+1}$ : زمان یادداشت‌برداری بعدی،  $y_i$ : ضریب آلودگی در زمان یادداشت‌برداری،  $y_{i+1}$ : ضریب آلودگی در زمان یادداشت‌برداری بعدی و  $N$ : تعداد یادداشت‌برداری برای ارزیابی ضریب آلودگی می‌باشد.

به‌منظور گروه‌بندی ارقام مورد بررسی از نظر مقاومت به زنگ قهوه‌ای، از تجزیه خوشه‌ای به روش وارد

با استفاده از ترکیب پودر تالک با اسپور عامل بیماری‌زا (به نسبت ۴ به ۱) مایه‌زنی شدند. بعد از مایه‌زنی، تمامی گلدان‌ها را ابتدا در شرایط محیطی با دمای ۲۰ تا ۱۸ درجه سانتی‌گراد، رطوبت اشباع و تاریکی قرار داده و پس از ۲۴ ساعت به گلخانه‌ی مخصوص زنگ قهوه‌ای با دمای ۲۴ تا ۲۲ درجه سانتی‌گراد و شرایط نوری ۱۶ ساعت نور ۱۶۰۰۰ لوکس و ۸ ساعت تاریکی منتقل شدند. یادداشت‌برداری تیپ آلودگی حدود ۱۲ تا ۱۴ روز بعد از مایه‌زنی بر اساس روش McIntosh *et al.* (1995) انجام گرفت. تیپ‌های آلودگی ۰-۲، ناپرآزار و ۳-۴ به‌عنوان پرآزار در نظر گرفته شدند. داده‌های اصلی تیپ آلودگی در مرحله گیاهچه‌ای به مقیاس ۰-۹ تبدیل شدند (Zhang *et al.*, 2019).

برای ثبت دوره نهان آلودگی هر روز به دقت تمامی گیاهچه‌ها مورد بررسی قرار گرفتند و در صورت مشاهده جوش‌ها روی برگ در گیاهان مورد بررسی، آن گیاه با یک حلقه رنگی معین برای همان روز نشان‌دار شد و در زمان یادداشت‌برداری نهایی رنگ هر حلقه مشخص‌کننده تعداد روز مشخص از زمان مایه‌زنی تا ظهور اولین جوش‌ها بود.

### آزمایش‌های ارزیابی مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای در مرحله گیاه کامل

تعداد ۱۰۰ ژنوتیپ مورد بررسی در این پژوهش (جدول ۱) در شرایط همه‌گیری بیماری زنگ قهوه‌ای در مزرعه خزانه زنگ قهوه‌ای، ایستگاه تحقیقاتی کشاورزی و منابع طبیعی عراقی محله ی گرگان مورد آزمایش قرار گرفتند. بذر ژنوتیپ‌ها در اواسط آذر ۱۳۹۸ کاشته شدند. هر ژنوتیپ روی یک خط یک-متری روی یک پشته کشت شد. رقم حساس بولانی به فاصله هر هفت ژنوتیپ روی یک پشته و در اطراف خزانه آزمایشی در یک ردیف به‌عنوان شاهد و شیوع‌دهنده (Spreader) بیماری کشت شد. آزمایش

(Ward) از نرم‌افزار SPSS 16.00 استفاده شد. تجزیه همبستگی نیز با استفاده از نرم‌افزار مذکور انجام شد.

جدول ۱- منشأ جمع‌آوری ژنوتیپ‌های آژیلوپس تائوشی استفاده شده در آزمایش

Table 1. The origin of *Aegilops tauschii* genotypes used in the experiment

Genotype No.	Origin	Genotype No.	Origin	Genotype No.	Origin
1	Iran-Guilan	35	Afghanistan	68	Kazakhstan
2	Azerbaijan	36	Turkey	69	Tajikistan
3	Uzbekistan	37	Georgia	70	Kazakhstan
4	Turkey	38	Turkmenistan	71	Uzbekistan
5	Tajikistan	39	Iran- Golestan	72	Armenia
6	Armenia	40	Turkey	73	Tajikistan
7	Uzbekistan	41	Kazakhstan	74	Tajikistan
8	Armenia	42	Uzbekistan	75	Iran-Mazandaran
9	Tajikistan	43	Turkmenistan	76	Azerbaijan
10	Iran-Mazandaran	44	China	77	Iran-Guilan
11	Azerbaijan	45	Georgia	78	Turkmenistan
12	Azerbaijan	46	Kazakhstan	79	Iran- Golestan
13	China	47	Iran-Guilan	80	Tajikistan
14	Turkey	48	Tajikistan	81	Russia
15	Armenia	49	Afghanistan	82	Georgia
16	Iran-Guilan	50	Turkmenistan	83	Turkmenistan
17	Kazakhstan	51	Iran-Guilan	84	Iran-Ardabil
18	Iran-Ardabil	52	Russia	85	Azerbaijan
19	Turkmenistan	53	Tajikistan	86	Turkmenistan
20	Georgia	54	Turkey	87	Turkey
21	Iran-Mazandaran	55	China	88	Turkey
22	Georgia	56	Iran-Mazandaran	89	Iran-Mazandaran
23	Russia	57	Azerbaijan	90	Iran- Golestan
24	Georgia	58	Iran- Golestan	91	Uzbekistan
25	Iran- Golestan	59	Kazakhstan	92	Turkmenistan
26	Turkey	60	Armenia	93	Iran- Golestan
27	Armenia	61	Afghanistan	94	Azerbaijan
28	Turkmenistan	62	Kazakhstan	95	Turkey
29	Afghanistan	63	Iran-Ardabil	96	Afghanistan
30	Kazakhstan	64	Iran-Guilan	97	Turkey
31	Tajikistan	65	china	98	Afghanistan
32	Afghanistan	66	Azerbaijan	99	Iran-Guilan
33	Iran- Golestan	67	Iran- Golestan	100	Iran-Guilan
34	Iran-Ardabil				

## نتایج و بحث

مقاومت ژن *Lr9* و *Lr19* نسبت به تمامی پاتوتیپ‌ها در سایر مطالعات گزارش شده است (Torabi et al., 2001). ژن *Lr9* روی کرموزوم 6B مکان‌یابی شد (Soliman et al., 1963). این ژن نسبت به تغییرات محیطی از جمله دمای محیط واکنش کم نشان می‌دهد. اکثر منابع دارای منابع ژن *Lr9* از آمریکای شمالی منشأ گرفته‌اند. با توجه به اینکه پرآزاری برای این ژن در هیچ‌کدام از پاتوتیپ‌های استفاده‌شده گزارش نشد، این ژن به‌عنوان یک ژن

با توجه به جدول ۴، پاتوتیپ LR-G32 دارای کمترین و پاتوتیپ LR-98-15 دارای بیشترین فاکتورهای پرآزاری بود. ژن‌های *Lr2c*، *Lr3*، *Lr3bg*، *Lr3ka*، *Lr10*، *Lr11*، *Lr14a*، *Lr14b*، *Lr15*، *Lr16*، *Lr17*، *Lr18*، *Lr23*، *Lr24*، *Lr25*، *Lr28*، *Lr30*، *Lr32*، *Lr33*، *Lr34*، *Lr35*، *Lr36* و *LrB* نسبت به تمام پاتوتیپ‌ها حساس و ژن‌های *Lr2a*، *Lr2b*، *Lr9*، *Lr19* و *Lr24* نسبت به تمام پاتوتیپ‌ها مقاوم بودند.

به ترتیب نسبت به جدایه‌های LR-97-11 و LR-98-19 مقاوم و نسبت به سایر جدایه‌ها حساسیت نشان دادند. این خوشه‌ها در مجموع حدود ۱۳ درصد جمعیت را تشکیل دادند که ژنوتیپ‌های نیمه‌حساس (MS) بودند. گروه اصلی دوم که با حرف B مشخص شده است، شامل ژنوتیپ‌های مقاوم بودند که از چند زیرجمعیت تشکیل شده‌اند. در خوشه اول که ژنوتیپ‌هایی با شماره‌های (۹۸،۲،۷،۲۲،۳۲،۵۵،۶۶) قرار گرفته‌اند ژنوتیپ‌هایی هستند که به تمامی جدایه‌های زنگ قهوه‌ای در این تحقیق واکنش کاملاً مقاوم (R) نشان داده بودند. این زیرگروه با سهم ۷ درصدی از جمعیت مورد مطالعه کمترین تعداد را به خود اختصاص داده است. دیگر خوشه‌های تشکیل‌دهنده این گروه شامل ژنوتیپ‌هایی هستند که به ترتیب بر اساس نزدیکی به ژنوتیپ‌های مقاوم نسبت به یک تا سه جدایه حساس و نسبت به سایر جدایه‌ها مقاوم بودند. به‌عنوان مثال ژنوتیپ شماره (۲۶ و ۹۶) که در نزدیک‌ترین خوشه به ژنوتیپ‌های مقاوم قرار گرفته‌اند تنها به جدایه LR-98-19 حساس و نسبت به سایر جدایه‌ها مقاوم بودند و در مقابل ژنوتیپ شماره (۲۰) که در دورترین فاصله نسبت به ژنوتیپ‌های کاملاً مقاوم قرار داشت نسبت به سه جدایه LR-98-15، LR-99-4 و LR-99-15 حساس و نسبت به سایر جدایه‌ها مقاوم بود. این ژنوتیپ‌ها در مجموع حدود ۱۳ درصد جمعیت را تشکیل دادند و ژنوتیپ‌های نیمه‌مقاوم (MR) را شامل شدند. اطلاعات مربوط به واکنش‌های حساس یا مقاوم هرکدام از آنها در جدول ۵ قابل دسترسی می‌باشد.

مؤثر و قابل استفاده در برنامه‌های به‌نژادی کشور توصیه می‌شود. در ارتباط با ژن *Lr19* اظهار شده است که پرآزاری برای این ژن در مقیاس جهانی نادر می‌باشد. با وجود مؤثر بودن این ژن در اکثر نقاط دنیا کاربرد این ژن به دلیل لینکاژ با عامل تولیدکننده زردی رنگ آرد در سطح بین‌المللی محدود می‌باشد (Winzeler et al., 1995).

### واکنش ژنوتیپ‌ها در مرحله گیاهچه‌ای

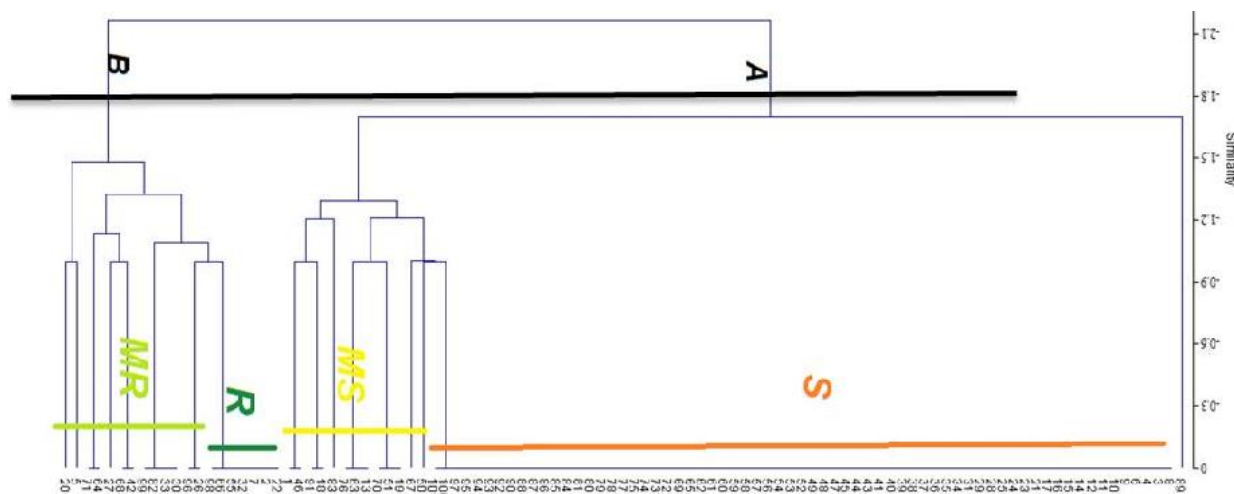
نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها را به دو دسته اصلی تقسیم کرده است (شکل ۱). در دسته اول که با حرف A مشخص شده است ژنوتیپ‌های حساس قرار گرفته‌اند که شامل ژنوتیپ‌های کاملاً حساس و نیمه-حساس هستند. ژنوتیپ‌ها در این خوشه به چند زیرجمعیت تقسیم شده‌اند، ژنوتیپ شماره ۸۹ در زیر-جمعیت اول نسبت به سه جدایه LR-G32، LR-98-15 و LR-99-15 مقاوم و نسبت به بقیه‌ی جدایه‌ها حساس است و از ژنوتیپ‌های نیمه‌حساس (MS) به‌شمار می‌آید. در خوشه بعدی ژنوتیپ‌های شماره (۸، ۴، ۶، ۹۷، ۱۰۰ و ۱۰۱) قرار دارند که نسبت به تمام جدایه‌ها حساس بودند و حدود ۶۷ درصد جمعیت را تشکیل می‌دهند. خوشه‌های بعدی تشکیل‌دهنده گروه A شامل ژنوتیپ‌هایی هستند که بر اساس خوشه‌ای که در آن قرار گرفته‌اند نسبت به یک تا سه جدایه مقاوم و نسبت به سایر جدایه‌ها حساس بودند و ژنوتیپ‌هایی هستند که واکنش نیمه-حساس (MS) داشتند. به‌عنوان مثال ژنوتیپ‌های شماره (۵۰ و ۶۷) که در زیرجمعیت بعدی قرار دارند

جدول ۲- ارقام افتراقی و واکنش آنها به جدایه‌های مورد استفاده +/-، پراآزار/ ناپراآزار

Table 2. Differential cultivars and their response to the isolates used +/-, virulent / avirulent

No.	Gene Name	G-32	Lr-97- 11	LR_98_ 19	Lr-98- 15	Lr_99 _4	Lr-99-15
1	<i>Lr22b</i>	+	+	+	+	+	+
2	<i>Lr1</i>	-	-	-	+	-	-
3	<i>Lr2a</i>	-	-	-	-	-	-
4	<i>Lr2b</i>	-	-	-	-	-	-
5	<i>Lr2c</i>	+	+	+	+	+	+
6	<i>Lr3</i>	+	+	+	+	+	+
7	<i>Lr3ka</i>	+	+	+	+	+	+
8	<i>Lr3bg</i>	+	+	+	+	+	+
9	<i>Lr9</i>	-	-	-	-	-	-
10	<i>Lr10</i>	+	+	+	+	+	+
11	<i>Lr11</i>	+	+	+	+	+	+
12	<i>Lr12</i>	+	+	+	+	+	+
13	<i>Lr13</i>	+	+	+	+	+	+
14	<i>Lr14a</i>	+	+	+	+	+	+
15	<i>Lr14b</i>	+	+	+	+	+	+
16	<i>Lr15</i>	+	+	+	+	+	+
17	<i>Lr16</i>	+	+	+	+	+	+
18	<i>Lr17</i>	+	+	+	+	+	+
19	<i>Lr18</i>	+	+	+	+	+	+
20	<i>Lr19</i>	-	-	-	-	-	-
21	<i>Lr20</i>	-	-	+	+	+	+
22	<i>Lr21</i>	-	+	+	+	+	+
23	<i>Lr22a</i>	+	+	+	+	+	+
24	<i>Lr23</i>	+	+	+	+	+	+
25	<i>Lr24</i>	-	-	-	-	-	-
26	<i>Lr25</i>	+	+	+	+	+	+
27	<i>Lr26</i>	-	-	-	+	+	+
28	<i>Lr10 Lr27</i>	-	-	-	+	+	-
	<i>Lr31</i>						
29	<i>Lr28</i>	+	+	+	+	+	+
30	<i>Lr29</i>	-	-	-	-	-	-
31	<i>Lr30</i>	+	+	+	+	+	+
32	<i>Lr32</i>	+	+	+	+	+	+
33	<i>Lr33</i>	+	+	+	+	+	+
34	<i>Lr34</i>	+	+	+	+	+	+
35	<i>Lr35</i>	+	+	+	+	+	+
36	<i>Lr36</i>	+	+	+	+	+	+
37	<i>Lr37</i>	-	+	+	+	+	+
38	<i>Lrb</i>	+	+	+	+	+	+
39	<i>Bolany</i>	+	+	+	+	+	+





شکل ۱- درختواره تجزیه خوشه‌ای به روش وارد برای ژنوتیپ‌های آژیلوپس نسبت به جدایه‌های زنگ قهوه‌ای در مرحله گیاهچه  
Figure 1. Dendrogram from cluster analysis by Ward method for the reaction of *Aegilops tauschii* genotypes to brown rust isolates at seedling stage

آلودگی، ضریب آلودگی (CI) و شدت نهایی آلودگی (FDS) در سطح معنی‌داری یک درصد وجود داشت که بیانگر تنوع موجود بین ژنوتیپ‌ها از نظر میزان مقاومت به پاتوژن زنگ قهوه‌ای بود. سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) یک معیار کمی از کل مقاومت بوده که حاصل تمام عواملی مثل تفاوت در شرایط محیطی، ژنوتیپ‌ها و جمعیت بیمارگر است که روی توسعه بیماری اثر دارند؛ بنابراین ژنوتیپ‌هایی که از مقدار AUDPC و درصد میزان نسبی سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (rAUDPC) پایینی برخوردارند احتمال دارد دارای ژن‌های مقاومت غیر اختصاصی (APR) یا مقاومت پایدار باشند. مقدار AUDPC ژنوتیپ‌ها در محدوده صفر تا ۱۷۶۰ ( $rAUDPC=0-100\%$ ) بود (شکل ۴).

#### واکنش ژنوتیپ‌ها در مرحله گیاه کامل

برای جدایه‌ی استفاده‌شده در مزرعه در مرحله گیاه کامل بر اساس ارزیابی صفات مزرعه شامل شدت، ضریب آلودگی، تیپ آلودگی و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری در مجموع ۳۷ ژنوتیپ حساس بودند که براساس سطح پرازاری شامل ۳۰ ژنوتیپ کاملاً حساس (S) و ۷ ژنوتیپ نیمه‌حساس (MS) بودند. ۶۳ ژنوتیپ مقاوم بودند که بر اساس سطح ناپرازاری شامل ۱۴ ژنوتیپ کاملاً مقاوم (R) و ۴۹ ژنوتیپ نیمه-مقاوم (MR) بودند. به‌طور کلی در این حالت حدود ۶۳ درصد از ژنوتیپ‌ها مقاوم و ۳۷ درصد حساس بودند که این امر نشان‌دهنده وجود ژن‌های مقاومت در گیاه کامل می‌باشد (شکل ۲). با توجه به نتایج جدول ۴ بین ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص AUDPC، تیپ

جدول ۳- نتایج واکنش ژنوتیپ‌های آژیلوپس نسبت به پاتوتیپ‌های زنگ قهوه‌ای در شرایط گلخانه و مزرعه  
 Table 3. Results of reaction of *Agileops* genotypes to brown rust patotypes in seedling stage under greenhouse and field conditions

Genotype Code	Origin	Genotype No.	Isolates						Field	Field CI	Field IT	Field AUDPC
			LR-98-19	LR-G-32	LR-98-15	LR-99-4	LR-99-15	LR-97-11				
292	Afghanistan	29	+	+	+	+	+	+	-	1s	2	6/3
131		32	-	-	-	-	-	-	-	6s	4	70
233		35	+	+	+	+	+	+	-	16s	3	86/1
335		49	+	+	+	+	+	+	+	95s	8/6	1214/5
128		61	+	+	+	+	+	+	+	48s	5/6	588
c6		96	+	-	-	-	-	-	+	90S	7/6	1393
273	Armenia	98	-	-	-	-	-	-	-	4S	3/3	30/8
24		6	+	+	+	+	+	+	-	6S	3/6	51/8
367		8	+	+	+	+	+	+	-	2S	2	23/8
441		15	+	+	+	+	+	+	-	6S	4	74/2
444		27	+	-	+	+	-	-	-	2S	3/6	28/7
334		60	+	+	+	+	+	+	+	22S	6/3	206/5
360	Azerbaijan	72	+	+	+	+	+	+	-	14S	4	75/6
295		2	-	-	-	-	-	-	-	20S	4	125/3
314		11	+	+	+	+	+	+	+	70S	7/6	670/6
50		12	+	+	+	+	+	+	+	20S	6/3	252
300		57	+	+	+	+	+	+	-	14S	3/3	46/2
9		66	-	-	-	-	-	-	-	4S	2/3	46/2
123	China	76	+	-	+	+	+	+	-	4S	3	43/4
210		85	+	+	+	+	+	+	+	22S	7	196/7
356		94	+	+	+	+	+	+	+	75S	7/3	988/4
374		13	+	-	+	+	+	+	-	1S	2	16/1
187		44	+	+	+	+	+	+	+	70S	6	475/3
221		55	-	-	-	-	-	-	-	2S	2/6	31/5
318	Georgia	65	+	+	+	+	+	+	-	4S	3	50/4
13		20	-	-	+	+	+	-	+	70S	7/3	665
409		22	-	-	-	-	-	-	-	2S	2	15/4
158		24	+	+	+	+	+	+	+	48S	7	410/9
162		37	+	+	+	+	+	+	+	80S	6/3	1099
96		45	+	+	+	+	+	+	+	20S	6	111/3
325	Iran-Golestan	82	-	-	+	-	-	-	-	6S	4	44/8
125		25	+	+	+	+	+	+	-	4S	2/3	55/3
156		33	-	-	+	-	-	-	+	80S	6	1400
356		39	+	+	+	+	+	+	+	60S	4/6	906
19		58	+	+	+	+	+	+	-	6S	4	89/6
186		67	-	+	+	+	+	+	-	2S	3/3	25/2
160	Iran-Ardabil	79	+	+	+	+	+	+	+	95S	8	1522
439		90	+	+	+	+	+	+	-	6S	3/3	74/2
164		93	+	+	+	+	+	+	-	3S	3/3	31/5
296		18	+	+	-	+	-	+	+	80S	7	892/5
71-18		34	+	+	+	+	+	+	-	16S	3/3	149/8
197		63	+	-	+	+	+	+	+	85S	8/3	927/5
330	Iran-Guilan	84	+	+	+	+	+	+	-	4S	3	37/8
41		1	+	+	+	+	-	+	-	1S	3	13/3
350		16	+	+	+	+	+	+	-	2S	2/6	16/8
339		47	+	+	+	+	+	+	+	16S	4/3	188/3
28		51	+	-	+	+	+	-	-	2S	3	28
294		64	-	-	-	+	-	-	-	20S	4	200/2
206		77	+	+	+	+	+	+	-	3S	2/6	32/9
316		100	+	+	+	+	+	+	-	4S	2/6	39/2
214		99	-	-	+	-	-	-	-	3S	3	41/3

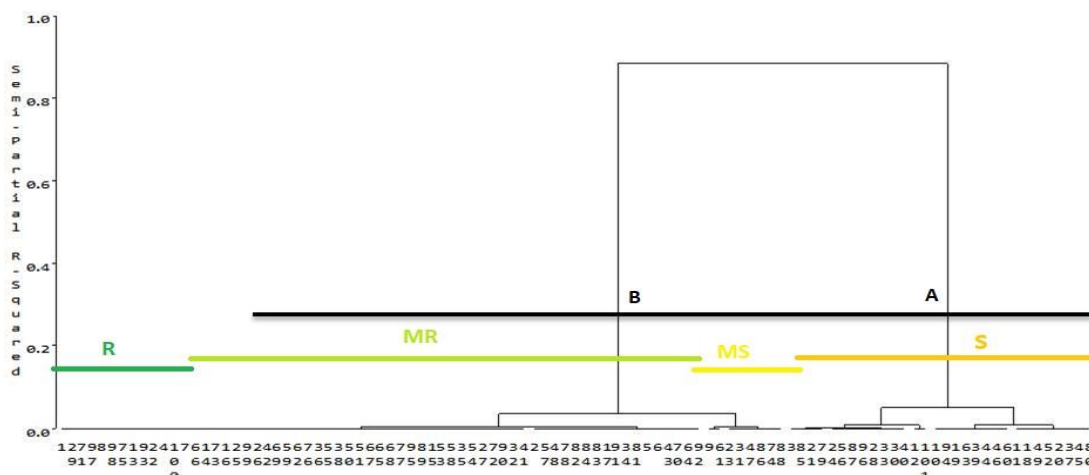
154	Iran-	10	+	+	+	+	+	+	+	75S	7	1117
	Mazandaran											
171		21	+	+	+	+	+	+	+	70S	8	609
74		56	+	+	+	+	+	+	+	70S	8	595/7
361		75	+	+	+	+	+	+	-	3S	2/6	30/1
153		89	+	-	-	+	-	+	+	20	5	339
322	Kazakhstan	17	+	+	+	+	+	+	-	16S	4/3	136/5
445		30	-	-	+	-	-	-	+	90S	8	1347/5
379		41	+	+	+	+	+	+	-	2S	2/6	31/5
14		46	+	+	+	+	-	+	+	75S	6/3	839/3
15		59	+	+	+	+	+	+	-	4S	4	35
70		62	+	+	+	+	+	+	-	2S	3	21
17		68	-	-	+	+	-	-	-	3S	3	43/4
429		70	+	-	+	+	+	-	+	20S	4/6	168
408	Russia	23	+	+	+	+	+	+	+	48S	4/3	399
136		52	+	+	+	+	+	+	+	32S	6	178/5
184		81	+	+	+	+	+	+	-	16S	2/6	154
410	Tajikistan	5	-	-	+	-	+	-	-	2S	4	21
87		9	+	+	+	+	+	+	+	70S	6/3	707
304		31	+	+	+	+	+	+	+	18S	3/6	316
291		48	+	+	+	+	+	+	-	16S	3/6	67
359		53	+	+	+	+	+	+	-	4S	3/3	42
333		69	+	+	+	+	+	+	-	2S	2/6	26/6
281		73	+	+	+	+	+	+	-	3S	2/6	28/7
117		74	+	+	+	+	+	+	+	70S	6	625
82		80	+	+	+	+	+	+	+	90S	7/3	1120
344	Turkey	4	+	+	+	+	+	+	-	4S	3/3	23/8
46		14	+	+	+	+	+	+	-	2S	2/6	13/3
c3,1		26	+	-	-	-	-	-	-	4S	3	37/8
141		36	+	+	+	+	+	+	-	4S	2/6	42
130		40	+	+	+	+	+	+	+	90S	6/6	1183
328		54	+	+	+	+	+	+	-	6S	3/3	83/3
305		87	+	+	+	+	+	+	+	48S	6/3	228/2
414		88	+	+	+	+	+	+	+	52S	4/3	590/8
298		95	+	+	+	+	+	+	-	4S	3	46/2
351		97	+	+	+	+	+	+	-	2S	2	28
7	Turkmenistan	19	+	-	+	+	+	-	+	48S	7	504
72		28	+	+	+	+	+	+	+	70S	6	1085
271		38	+	+	+	+	+	+	-	2S	2/6	18/2
433		43	+	+	+	+	+	+	-	2S	3/3	44/8
444-2		50	+	+	+	+	+	-	-	4S	3	32/2
99		78	+	+	+	+	+	+	-	5S	2/6	51/1
132		83	+	+	+	-	-	+	-	3S	3/3	24/4
299		86	+	+	+	+	+	+	+	52S	5	357
323		92	+	+	+	+	+	+	-	18S	3/3	198/8
105	Uzbekistan	3	+	+	+	+	+	+	+	90	8/6	1171/1
c6		7	-	-	-	-	-	-	-	6S	2/3	42
363		42	-	-	+	+	-	-	-	1S	2/3	39/9
121		71	-	-	-	+	-	-	-	2S	2/6	25/2
124		91	+	+	-	+	-	+	+	14S	5	96/6

جدول ۴ - تجزیه واریانس اجزای مقاومت زنگ قهوه‌ای گندم در شرایط مزرعه

Table 4. Analysis of variance of resistance components of wheat brown rust in field conditions

ANOVA	DF	AUDPC	Infection Type	Coefficient of Infection	Final Disease of Severity
Block	2	130961.8 <sup>ns</sup>	0.012 <sup>ns</sup>	22.99 <sup>ns</sup>	1.73 <sup>ns</sup>
Genotype	100	415522.06 <sup>**</sup>	0.263 <sup>**</sup>	2387.18 <sup>**</sup>	181.28 <sup>**</sup>
Error	200	67926.07	0.032	283.9	183.15

ns: نشان‌دهنده غیر معنی‌داری و \*، \*\* و به ترتیب نشان‌دهنده معنی‌داری در سطح ۵ و ۱ درصد می‌باشند.



شکل ۲- درخت‌واره تجزیه خوشه‌ای به روش وارد برای واکنش ژنوتیپ‌های آژیلوپس تاوشی نسبت به جدایه‌های زنگ قهوه‌ای در مرحله گیاه بالغ.

Figure 2. Dendrogram of cluster analysis by Ward method for the reaction of *Aegilops tauschii* genotypes to brown rust isolates in the adult plant stage.

نیمه‌مقاوم (MR) در نظر گرفته شدند که شامل ۴۹ ژنوتیپ (حدود ۴۹ درصد) بود. ژنوتیپ‌های دارای AUDPC کمتر از ۴۳ به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم (R) در نظر گرفته شدند که متشکل از ۱۴ ژنوتیپ (حدود ۱۴ درصد) بود. ژنوتیپ‌های نیمه‌حساس (MS) و نیمه‌مقاوم (MR) همانند ارقام حساس در ابتدا آلودگی و تولید اسپور نشان داده، ولی برعکس ارقام حساس به مرور رشد تصاعدی بیماری کندتر شده و آلودگی به تأخیر می‌افتد و در نهایت واکنش میزبان به‌صورت لکه‌های کلروتیک و نکروتیک خواهد بود. سایر محققان در بین ژنوتیپ‌های گندم مختلف برای مقاومت Slow rusting در برابر زنگ قهوه‌ای و سایر زنگ‌ها با استفاده از AUDPC و rAUDPC تنوع مشابهی گزارش کردند (Draz et al., 2015; Hei et al., 2017; Safavi et al., 2013). تیپ آلودگی ایجاد شده در شرایط مزرعه‌ای در شکل ۳ نشان داده شده است.

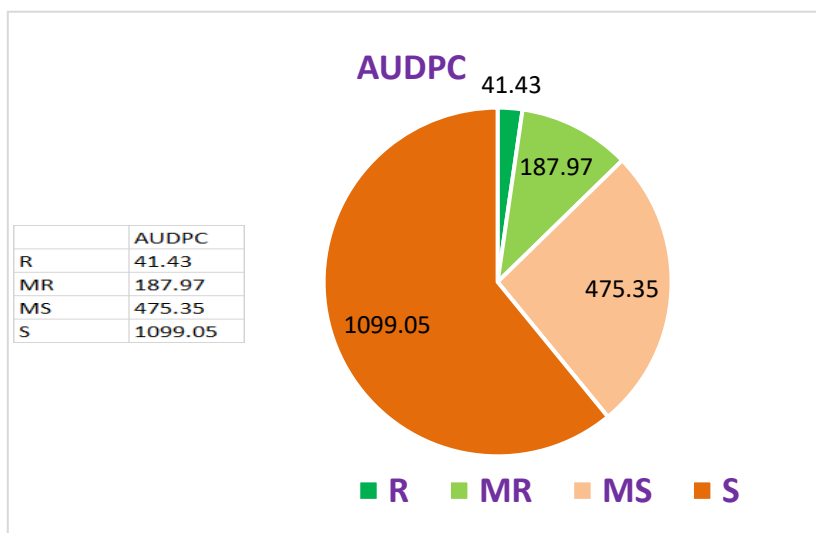
باتوجه به مقدار AUDPC ژنوتیپ‌های دارای AUDPC بیشتر از ۴۷۶ به‌عنوان ژنوتیپ‌های حساس در نظر گرفته شدند (Dadrezai et al., 2015). این گروه شامل ۳۱ ژنوتیپ (AUDPC=476-1757) بود. مقدار AUDPC رقم حساس بولانی ۱۷۵۷ بود. در چنین ژنوتیپ‌هایی بیماری به‌سرعت گسترش می‌یابد. همچنین AUDPC کمتر از ۴۷۶ به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم در نظر گرفته شدند. این گروه ۵۵ ژنوتیپ (AUDPC=42-476) را شامل شد. مقادیر کم AUDPC در این ژنوتیپ‌ها نشان‌دهنده‌ی توانایی این ژنوتیپ‌ها در کند کردن روند پیشرفت بیماری در مرحله‌ی ابتدایی توسعه است (Slow rusting). باتوجه به نتایج شکل ۴ مشخص شد تمام ارقامی که دارای پاسخ MR و MS هستند در این گروه جای می‌گیرند. در این بین ژنوتیپ‌های دارای AUDPC بین ۴۷۶-۱۸۸ به‌عنوان ژنوتیپ‌های نیمه‌حساس (MS) در نظر گرفته شدند، این گروه شامل ۶ ژنوتیپ (۶ درصد) بود. همچنین AUDPC بین ۱۸۸-۴۳ به‌عنوان ژنوتیپ‌های



شکل ۳- تیپ‌های آلودگی مشاهده بر روی برگ ژنوتیپ‌ها در شرایط مزرعه بر اساس روش رولفز و همکاران (۱۹۹۲)  
Figure 3. Observed infection types on the leaves of genotypes in field conditions based on Roelfs *et al.* (1992)

ممکن است دارای ژن‌های مقاومت غیر اختصاصی باشند که توسط اثر ژن‌های مقاومت اختصاصی پوشیده شده است. گروه سوم حساس در هر دو مرحله گیاه کامل و گیاهچه‌ای: این گروه شامل ۳۵ ژنوتیپ بود و فاقد ژن‌های مقاومت اختصاصی نژاد و غیر اختصاصی مؤثر نسبت به پاتوتیپ‌های استفاده‌شده بودند. البته تعداد محدودی از ژنوتیپ‌ها (۵ ژنوتیپ) مقاومت نسبی نسبت به یک تا دو جدایه داشتند. رقم حساس بولانی نیز در این گروه جای داشت. گروه چهارم، مقاوم در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و حساس در مرحله‌ی گیاه کامل شامل ۵ ژنوتیپ بود که نشان‌دهنده‌ی غیر اختصاصی بودن مقاومت در این ژن‌ها است. البته در چهار ژنوتیپ حساسیت نسبت به یک جدایه در گیاهچه‌ها وجود داشت. دادرزایی و همکاران نیز تقسیم‌بندی مشابهی را به کار بردند که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت (Dadrezaei *et al.*, 2015).

بر اساس واکنش ژنوتیپ‌ها در گلخانه و مزرعه می‌توان ژنوتیپ‌ها را در چهار گروه دسته‌بندی کرد. گروه اول حساس در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و مقاوم در مرحله‌ی گیاه کامل: این گروه شامل ۴۵ ژنوتیپ بود. بعضی از ژنوتیپ‌های این گروه در مرحله گیاهچه مقاومت نسبی به یک یا دو جدایه داشتند. این گروه از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند؛ زیرا ممکن است دارای ژن یا ژن‌های شناخته‌شده یا ناشناخته گیاه کامل باشند. از نشانگرهای مولکولی می‌توان در این زمینه کمک گرفت. گروه دوم مقاوم در هر دو مرحله‌ی گیاهچه‌ای و گیاه کامل: این گروه شامل ۱۵ ژنوتیپ بود. البته در این گروه بعضی از ژنوتیپ‌ها نسبت به یک تا دو جدایه حساس بودند. به احتمال زیاد اعضای این گروه دارای ژن‌های اختصاصی وابسته به نژاد هستند. مقاومت در این ارقام از نوع کامل بوده و احتمال شکسته‌شدن مقاومت در این ارقام زیاد است. بایستی در نظر داشت این گروه علاوه بر ژن‌های مقاومت اختصاصی نژاد



شکل ۴- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های آزیلوپس تائوشی بر اساس میزان سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری  
Figure 4. Grouping the genotypes of *Aegilops tauschii* based on the level below the disease progression curve

است. بر همین اساس ۵۷ ژنوتیپ (جدول ۵) با خصوصیات مورد نظر یعنی شدت نهایی آلودگی ۴۰-۳/۵، ضریب آلودگی ۳۰-۱/۴ و rAUDPC یک تا ۳۲ درصد با پاسخ‌های MS و MR برای اصلاح مقاومت شناسایی شدند.

#### گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد بررسی با استفاده از داده‌های تیپ آلودگی گیاهچه‌ای و گیاه کامل، ضریب آلودگی مرحله‌ای گیاه کامل، شدت نهایی آلودگی، AUDPC و rAUDPC انجام شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد نظر در دو خوشه‌ای اصلی قرار گرفتند. هر کدام از این خوشه‌ها از چند زیرگروه تشکیل شده است. در خوشه اول که شامل دو زیرگروه است بر اساس شاخص‌های اندازه‌گیری شده شامل ژنوتیپ‌های حساس و بسیار حساس است که رقم حساس بولانی (شاهد) هم در این خوشه قرار گرفته است.

خوشه دوم که از چند زیرگروه تشکیل شده است در قسمت اول آن ژنوتیپ‌های نیمه‌حساس و نیمه‌مقاوم

به منظور بررسی همبستگی اجزای مقاومت شامل ضریب آلودگی (CI)، شدت نهایی آلودگی (FDS)، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و مقدار نسبی سطح منحنی زیر پیشرفت بیماری (rAUDPC) تجزیه همبستگی صفات انجام شد (جدول ۵). نتایج نشان داد که همبستگی مثبت معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد بین شدت نهایی آلودگی (FDS) با ضریب آلودگی (CI) و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) وجود دارد. همچنین همبستگی مثبت معنی‌داری در سطح احتمال ۰/۰۱ بین ضریب آلودگی (CI) و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری مشاهده شد. همبستگی بالای این اجزا توسط سایر پژوهشگران گزارش شده است (Hei *et al.*, 2017). از آنجایی که شدت نهایی آلودگی (FDS)، ضریب آلودگی (CI) و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) ضرایب مثبت بالا دارند، انتخاب ژنوتیپ‌هایی با شدت نهایی آلودگی کمتر از ۴۰ درصد، ضریب آلودگی بین صفر تا ۴۰ درصد و rAUDPC کمتر از ۴۰ درصد با پاسخ‌های MS و MR معیاری قابل قبول برای اهداف کاربردی

قرار گرفته‌اند که شامل هفت ژنوتیپ نیمه‌حساس و ۴۹ ژنوتیپ نیمه‌مقاوم می‌باشد (شکل ۵).

جدول ۵- ضرایب همبستگی اجزای مقاومت زنگ قهوه‌ای گندم در شرایط مزرعه در ژنوتیپ‌های آزیلوپس تائوشی

Table 5. Correlation coefficients of resistance components of wheat brown rust in field conditions in *Aegilops tauschii*

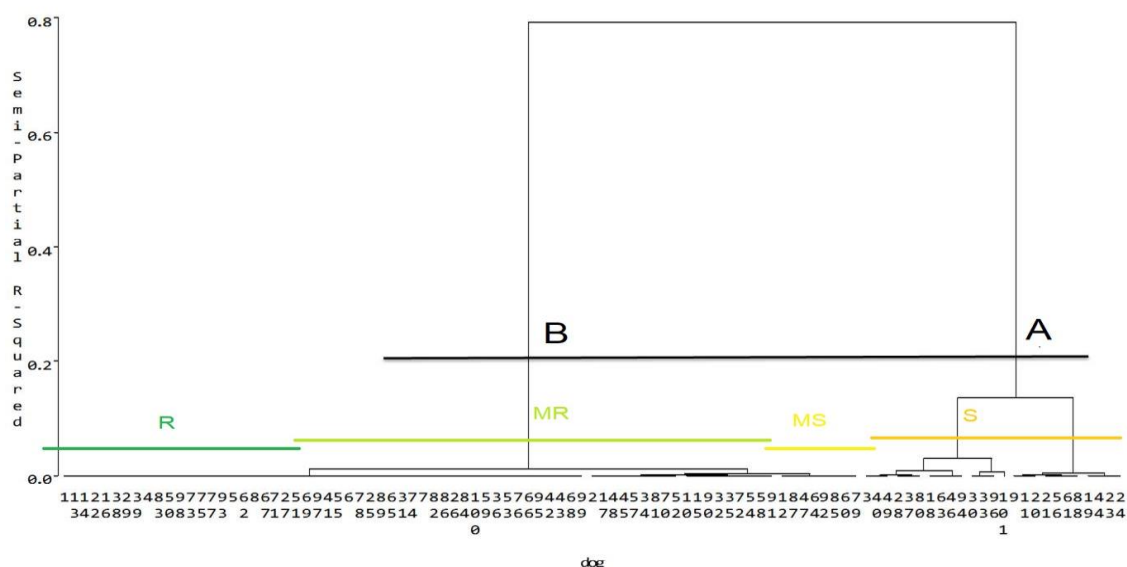
	genotypes			
	Final Disease of Severity	Coefficient of Infection	AUDPC	rAUDPC
Final Disease of Severity	1			
Coefficient of Infection	0.972**	1		
AUDPC	0.952**	0.976**	1	
rAUDPC	0.951**	0.976**	1.000**	1

دارای واکنش MR در مرحله‌ی گیاه کامل بودند. خوشه چهارم (مقاوم) با ۱۴ ژنوتیپ (۱۴ درصد) دارای متوسط تیپ آلودگی  $5/65$  ( $IT=2$ )،  $AUDPC=33$  و  $CI=12.5$  و شدت نهایی آلودگی  $17/5$  و  $rAUDPC=0/02$  بودند.

Ebrahimyan *et al.* (۲۰۱۹) بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ۴۱ ژنوتیپ گندم را تحت اپیدمی زنگ قهوه‌ای در چهار خوشه حساس، مقاوم، نیمه‌مقاوم و نیمه‌حساس گروه‌بندی کردند که با نتایج این تحقیق مطابقت داشت. پژوهشگران دیگر هم از روش تجزیه‌ای خوشه‌ای برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها استفاده کرده‌اند (Li *et al.*, 2017; Mojerlou *et al.*, 2014; ) (Zahravi *et al.*, 2019).

خوشه اول با تعداد ۳۰ ژنوتیپ (حدود ۳۰ درصد) همراه با شاهد (بولانی) را شامل شد. ژنوتیپ‌های این خوشه دارای بالاترین متوسط  $AUDPC$  (۱۲۱۷)، بالاترین مقدار متوسط ضریب آلودگی ( $CI=80$ )، بالاترین میزان شدت نهایی آلودگی (80) و بالاترین متوسط تیپ آلودگی ( $IT=8.43$ ) مرحله‌ی گیاه کامل بودند. خوشه دوم (نیمه‌حساس) با هفت ژنوتیپ (هفت درصد) دارای متوسط تیپ آلودگی هشت ( $IT=3+$ )، میزان  $AUDPC=230.4$ ، شدت نهایی آلودگی ۵۰ و ضریب آلودگی 40S و  $rAUDPC=19\%$  بودند، این خوشه دارای کمترین فراوانی بودند. در مجموع تمام ژنوتیپ‌های این خوشه در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و گیاه کامل مقاومت نشان دادند و تنها در تعداد نسبتاً محدودی از ژنوتیپ‌های این خوشه حساسیت نسبت به یک جدایه مشاهده شد.

زیرگروه سوم متعلق به ژنوتیپ‌های (نیمه‌مقاوم) بود (تعداد ۴۹ ژنوتیپ، ۴۹ درصد) که دارای متوسط تیپ آلودگی ۴،  $AUDPC=89.90$  و  $CI=14S$  و شدت نهایی آلودگی  $28/51$  بود، ژنوتیپ‌های این خوشه



شکل ۵- درختواره تجزیه خوشه‌ای به روش وارد برای ژنوتیپ‌های آزیلویس تائوشی در حالت گیاهچه و گیاه کامل بر اساس تیپ آلودگی در گلخانه و شدت آلودگی، تیپ آلودگی (IT)، ضریب آلودگی (CI) و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری

Figure 5. Dendrogram of cluster analysis using Ward method for *Ae. tauschii* genotypes in seedling and whole plant based on type of infection in greenhouse and severity of infection, type of infection (IT), infection coefficient (CI) and area under disease progression curve.

گیاه کامل بودند. تعداد پنج ژنوتیپ دارای واکنش مقاوم در حالت گیاهچه‌ای و واکنش حساس در مرحله گیاه کامل بودند. در کل بیش از ۵۰ درصد از ژنوتیپ‌ها دارای (مقاومت غیر اختصاصی نژاد) با واکنش MS و MR بودند. این ژنوتیپ‌ها ممکن است دارای ژن‌های مقاومت ناشناخته گیاه کامل (APR) باشند. بنابراین پیشنهاد می‌شود برای مطالعه بیشتر ژن‌های مقاومت این ژنوتیپ‌ها، از نشانگرهای مولکولی نظیر تفاوت تکنوکلوئیدی (SNP) استفاده شود.

### نتیجه‌گیری کلی

نتایج کلی نشان داد که بیش از ۳۰ درصد ژنوتیپ‌های آزیلویس تائوشی نسبت به زنگ قهوه‌ای در مرحله گیاهچه‌ای و گیاه کامل حساس هستند، به بیان دیگر فاقد هر گونه ژن مقاومت گیاهچه‌ای و گیاه کامل نسبت به پاتوتیپ‌های استفاده شده هستند. به علاوه تعداد ۱۵ ژنوتیپ (حدود ۱۵ درصد) حامل ژن‌های مقاوم در مرحله گیاهچه و گیاه کامل بودند. تعداد ۴۵ ژنوتیپ (حدود ۴۵ درصد) دارای واکنش حساس در مرحله گیاهچه و واکنش کاملاً مقاوم در مرحله

### REFERENCES

1. Bamdadian, A. (1993). Evaluation of physiological race of rusts of grass and their modification in Iran. Institute of Evaluation Pests and Plant Disease, Evin, Iran, 10p. (In Farsi)
2. Bonman, J.M., Babiker, E.M., Cuesta-Marcos, A., Esvelt-Klos, K., Brown-Guedira, G., Chao, S., See, D., Chen, J., Akhunov, E. & Zhang, J. (2015). Genetic diversity among wheat accessions from the USDA National Small Grains Collection. *Crop Science*, 55(3), 1243-1253.
3. Dadrezaei, S., Afshari, F. & Patpour, M. (2015). Evaluation of phenotypic resistance to rusts in some Iranian wheat genotypes in greenhouse and field conditions. *Seed and Plant Improvement Journal*, 31(3), 531-546.
4. Draz, I.S., Abou-Elseoud, M.S., Kamara, A.-E.M., Alaa-Eldein, O.A.-E. & El-Bebany, A.F. (2015). Screening of wheat genotypes for leaf rust resistance along with grain yield. *Annals of Agricultural Sciences*, 60(1), 29-39.



5. Ebrahimyan, M., Nasrollahnezhad Ghomi, A.A., Null, K. & Ramezanpour, S.S. (2019). Evaluation of resistance to leaf rust at adult stage in some bread wheat cultivars. *Journal of Plant Production Research*, 26(3), 89-102.
6. El-Orabey, W.M., Hamwieh, A. & Ahmed, S.M. (2019). Molecular markers and phenotypic characterization of adult plant resistance genes *Lr 34*, *Lr 46*, *Lr 67* and *Lr 68* and their association with partial resistance to leaf rust in wheat. *Journal of Genetics*, 98(3), 1-12.
7. Esfandiari, E. (1948). Troisième liste des fungi ramassés en Iran. *Applied Entomology and Phytopathology*, 8, 1-15.
8. Hei, N., Shimelis, H.A. & Laing, M. (2017). Appraisal of farmers wheat production constraints and breeding priorities in rust prone agro-ecologies of Ethiopia. *African Journal of Agricultural Research*, 12(12), 944-952.
9. Huerta-Espino, J., Singh, R., Crespo-Herrera, L.A., Villaseñor-Mir, H.E., Rodriguez-Garcia, M.F., Dreisigacker, S., Barcenás-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.
10. Kolmer, J. (2013). Leaf rust of wheat: Pathogen biology, variation and host resistance. *Forests*, 4(1), 70-84.
11. Lagudah, E. & Halloran, G. (1989). Phylogenetic relationships of *Triticum tauschii*, the D genome donor to hexaploid wheat: 3. Variation in, and the genetics of, seed esterases (Est-5). *Theoretical and Applied Genetics*, 77(6), 851-856.
12. Lee, A., Trinh, A.C., Lee, W.J., Kim, M., Lee, H., Pathiraja, D., Choi, I., Chung, N., Choi, C., Lee, B.C., Lee, H. (2020). Characterization of two leaf rust-resistant *Aegilops tauschii* accessions for the synthetic wheat development. I. *Appl Biol Chem*, 63,13.
13. Li, G., Xu, X., Bai, G., Carver, B.F., Hunger, R. & Bonman, J.M. (2017). Novel sources of leaf rust resistance in winter wheat. *Crop Science*, 57(2), 865-876.
14. McIntosh, R.A., Wellings, C.R. & Park, R.F. (1995). *Wheat rusts: An atlas of resistance genes*: CSIRO publishing. 200 p.
15. Mojerlou, S.H., Safaei, N., Abbasi\_Moghaddam, A. & Shams Bakhsh, M. (2014). Evaluation of some Iranian wheat landraces resistance against stem rust resistance at seeding stage in the greenhouse. *Plant Protection Journal*, 35(4), 69-82. (In Farsi)
16. Parlevliet, J.t. & Van Ommeren, A. (1975). Partial resistance of barley to leaf rust, *Puccinia hordei*. II. Relationship between field trials, micro plot tests and latent period. *Euphytica*, 24(2), 293-303.
17. Pathan, A.K. & Park, R.F. (2006). Evaluation of seedling and adult plant resistance to leaf rust in European wheat cultivars. *Euphytica*, 149(3), 327-342.
18. Peterson, R.F., Campbell, A. & Hannah, A. (1948). A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals. *Canadian Journal of Research*, 26(5), 496-500.
19. Qureshi, N., Bariana, H., Kumran, V.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(5), 1091-1098.
20. Roelfs, A.P., Singh, R.P. and Saari, E.E. (1992). *Rust diseases of wheat: Concepts and methods of disease management*. CIMMYT, Mexico, 80 p..
21. 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.
22. Soliman, A.S., Heyne, E. & Johnston, C. (1963). Resistance to leaf rust in wheat derived from Chinese *Aegilops umbellulata* translocation lines 1. *Crop Science*, 3(3), 254-256.
23. Sthapit, J., Newcomb, M., Bonman, J.M., Chen, X. & See, D.R. (2014). Genetic diversity for stripe rust resistance in wheat landraces and identification of accessions with resistance to stem rust and stripe rust. *Crop Science*, 54(5), 2131-2139.
24. Torabi, M., Nazari, K. & Afshari, F. (2001). Genetic of pathogenicity of *Puccinia recondita* f.sp. *tritici*, the causal agent of leaf rust of wheat. *Iranian Journal Agricultural Science*, 32(3), 625-635. (In Farsi)
25. Ulaszewski, W., Tomasz, M. (2020). *Aegilops* Species for the improvement of the leaf and stripe rust resistance in cultivated triticale (×Triticosecale Wittmack). *Agronomy*, 10,1991.
26. Van der Plank, J. (1963). *Plant diseases*: Elsevier.
27. Winzeler, M., Winzeler, H. & Keller, B. (1995). Endopeptidase polymorphism and linkage of the Ep-D1c null allele with the *Lr19* leaf-rust-resistance gene in hexaploid wheat. *Plant breeding*, 114(1), 24-28.
28. Xu, X., Bai, G., Carver, B.F., Shaner, G.E. & Hunger, R.M. (2005). Molecular characterization of slow leaf-rusting resistance in wheat. *Crop Science*, 45(2), 758-765.
29. Zahravi, M., Afshari, F. & Ebrahimnejad, S. (2019). Study of genetic diversity of resistance to yellow rust in bread wheat germplasm. *Modern Genetics Journal*, 14(3), 263-274.
۳۰. Zhang, 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 55K SNP array. *Plant Disease*, 103(12), 3041-3049.