



Investigation of resistance responses in elite wheat lines and cultivars to brown rust (*Puccinia triticina* Eriks.) in the Moghan plain

A. Omrani ^{1*}, S. T. Dadrezaei ²

1. ***Corresponding Author:** Assistant Professor, Crop and Horticultural Science Research Department, Ardabil Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Moghan, Iran (a.omrani@areeo.ac.ir)
2. Associate Professor, Cereal Research Department, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 1 April 2024

Accepted: 7 June 2024

Abstract

Background and Objectives

Brown rust, or leaf rust, of wheat, caused by *Puccinia triticina* Eriks., is one of the most damaging diseases affecting wheat worldwide, including in Iran. Under epidemic conditions, brown rust can reduce wheat yields by 20 to 50%. This disease's impact is exacerbated by the fungus's sexual cycle and the resulting new genetic recombinations, which occur in regions where intermediate hosts are present. Additionally, the fungus's asexual cycle thrives under favorable weather conditions. The high genetic diversity and flexibility of *Puccinia triticina*, driven by mutation, migration, and selection pressure from host resistance genes, enable the production of new physiological races that can overcome existing genetic resistance. These new races can rapidly spread between regions via wind, increasing racial diversity in other areas' disease populations. The most reliable and fundamental method for controlling and managing brown rust is through genetic resistance. Accurate knowledge of the pathogenic population's genetic structure in each region is essential for developing effective and stable genetic resistance in wheat. This can be achieved by monitoring harmful pathogenic factors using differential genotypes of brown rust in trap nurseries.

Materials and Methods

The effectiveness of resistance genes in international differential cultivars of brown rust was investigated in the Moghan region of Ardabil Province, a major wheat production area in Iran, over two consecutive crop years (2022-2023). To identify resistance sources against the local races of brown rust, the responses of 40 commercial wheat varieties and 40 promising wheat lines were evaluated. Resistance was assessed at the full plant stage under natural infection conditions. Parameters measured included the coefficient of infection (CI), final disease severity (FDS), and the relative value of the area under the disease progress curve (rAUDPC). These evaluations were conducted at the research station of the Research and Training Center for Agriculture and Natural Resources of Ardabil Province (Moghan).

Results

The populations of brown rust races in the Moghan region varied between the two years studied. The results indicated that the pathogenic fungus population in both years was resistant to differential cultivars carrying the resistance genes *Lr18*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr22a*, and *Lr29*. Thus, these genes were effective in providing resistance against brown rust pathogenic races in the Moghan region. Additionally, differential cultivars with resistance genes *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr9*, *Lr17*, *Lr21*, *Lr23*, *Lr10/Lr27/Lr31*, *Lr33*, and *Lr34* demonstrated relatively acceptable resistance to the brown rust pathogenic strains in the Ardabil region. The resistance reactions of these genotypes were race-specific, showing resistance in one year and semi-resistant to semi-sensitive reactions with 5-20% infection intensity in another year. Commercial cultivars and promising wheat lines that exhibited effective resistance and the lowest values for the measured traits were identified as sources of effective genetic resistance to the brown rust pathogenic population in the Moghan region and similar hot and humid climates in the country. These include the cultivars Sahar, Rakhshan, Shush, Farin, Sirvan, Araz, Meraj, Danesh, Talai, Sana, Aran, Tirgan, Taban, Hana, Mehrgan, Avan, Arman, Fallah, and Tektaz, as well as the lines N-95-6, N-98-8, S-95-3, S-96-15, S-96-16, S-97-10, S-98-11, S-98-22, M-97-12, M-97-18, M-98-18, CD-91-12, C-97-4, CD-97-19, C-98-7, C-98-8, CD-98-17, MS-92-5, MS-94-5, D-97-15, and D-97-16.

Discussion

Correct and conscious use of the effective resistance genes identified in this research can foster more stable resistance to brown rust. The resistance genes present in the identified resistant genotypes can be utilized in multi-breeding programs to pyramid resistance genes in desirable wheat genotypes. This approach aims to combine agricultural traits, yield, and other physiological characteristics to produce cultivars with stable resistance, which would be better equipped to combat brown rust.

Keywords: *Commercial cultivars and promising wheat lines, Differential cultivars, Leaf rust, Virulence factors*

Associate editor: S. Abasi (Ph.D.)

Citation: Omrani, A. & Dadrezaei, S. T. (2024). Investigation of Resistance Responses in Elite Wheat Lines and Cultivars to Brown Rust (*Puccinia triticina* Eriks.) in the Moghan Plain. *Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, 47(1), 1-20. <https://doi.org/10.22055/ppr.2024.46519.1737>.



بررسی واکنش مقاومت ارقام و لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای (*Puccinia triticina* Eriks.) در دشت مغان

علی عمرانی*^۱ و طه دادرضایی^۲

- ۱- * نویسنده مسوول: استادیار پژوهش، بخش علوم زراعی و باغی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مغان، ایران (a.omrani@areeo.ac.ir)
- ۲- دانشیار، بخش تحقیقات غلات، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
- تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۱/۱۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۳/۱۸

چکیده

زنگ قهوه‌ای یا زنگ برگی گندم با عامل قارچی *Puccinia triticina* Eriks. یکی از خسارت‌زاترین بیماری‌های گندم در سراسر جهان از جمله ایران به حساب می‌آید. بهترین و کاربردی‌ترین روش مدیریت این بیماری، استفاده از ارقام مقاوم (مقاومت ژنتیکی) می‌باشد. اطلاع دقیق از ساختار ژنتیکی جمعیت نژادی بیمارگر در هر منطقه اولین گام و نقشه راه رسیدن به مقاومت‌های موثر و پایدار ژنتیکی در گندم می‌باشد. این امر از طریق بررسی فاکتورهای پرآزادی بیمارگر روی ژنوتیپ‌های افتراقی زنگ قهوه‌ای در خزانه‌های تله میسر می‌گردد. اثر بخشی ژن‌های مقاومت ارقام افتراقی بین‌المللی زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان استان اردبیل به‌عنوان یکی از قطب‌های مهم تولید گندم ایران در دو سال زراعی متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) بررسی شد. به‌منظور شناسایی منابع مقاومت نسبت به نژادهای موجود در این منطقه، واکنش مقاومت ۴۰ رقم تجاری و ۴۰ لاین امیدبخش گندم ارزیابی گردید. بررسی واکنش مقاومت در مرحله گیاه کامل تحت شرایط آلودگی طبیعی، توسط پارامترهای ضریب آلودگی (CI)، شدت نهایی بیماری (FDS) و مقدار نسبی سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (rAUDPC) در ایستگاه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان) اندازه‌گیری شد. نتایج حاکی از آن بود که در هر دو سال آزمایش جمعیت نژادی قارچ بیمارگر دارای ناپرآزادی برای ارقام افتراقی حامل ژن‌های مقاومت *Lr18 Lr19 Lr20 Lr22a* و *Lr29* بودند. بنابراین این ژن‌ها کارایی لازم برای ایجاد مقاومت‌های مؤثر نسبت به نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان را دارند. ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم که دارای واکنش مقاومت مؤثر و کم‌ترین مقدار را برای صفات اندازه‌گیری شده داشتند، به‌عنوان منابع مقاومت ژنتیکی مؤثر نسبت به جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان و مناطق مشابه در اقلیم گرم و مرطوب کشور معرفی می‌شوند، که شامل ارقام سحر، رخشان، شوش، فرین، سیروان، آراز، معراج، دانش، طلائی، ثنا، آران، تیرگان، تابان، هانا، مهرگان، آوان، آرمان، فلاح، تکتاز و لاین‌های C-91-12، M-98-18، M-97-18، M-97-12، S-98-22، S-98-11، S-97-10، S-96-16، S-96-15، S-95-3، N-98-8، N-95-6، C-97-4، D-97-15، MS-94-5، MS-92-5، CD-98-17، C-98-8، C-98-7، CD-97-19، D-97-16 و D-97-15 بودند. می‌توان از ژن‌های مقاومت موجود در این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی برای هر می‌سازای ژن‌های مقاومت در ژنوتیپ‌های مطلوب گندم از نظر صفات زراعی، عملکرد و سایر خصوصیات فیزیولوژیک، در تولید ارقام مقاوم پایدار نسبت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای بهره‌برداری نمود.

کلیدواژه‌ها: زنگ قهوه‌ای، ارقام افتراقی، فاکتورهای پرآزادی، ارقام گندم و لاین‌های امیدبخش گندم

دبیر تخصصی: دکتر سعید عباسی

مقدمه

زنگ قهوه‌ای یا برگی گندم با عامل *Puccinia triticina* Eriks. یکی از خسارت‌زاترین بیماری‌های قارچی گندم با پراکندگی بسیار وسیع در سراسر جهان است. این بیماری نخستین بار در انگلستان در سال ۱۸۵۴ شناسایی و گزارش شد (Kolmer & Ordoñez, 2007; Kolmer, 2013).

در مزارع گندم، زنگ قهوه‌ای معمولاً بعد از ظهور زنگ زرد، مشاهده می‌شود. بیمارگر در دمای ۱۵ تا ۲۵ درجه سلسیوس و رطوبت نسبی بالا، بیشترین رشد و تکثیر را دارد. در یک بازه زمانی کوتاه می‌تواند چندین بار چرخه زیستی خود را تکمیل نماید و در صورت عدم کنترل این بیماری می‌تواند به سرعت در مناطق مختلف گسترش یابد. علائم اولیه بیماری روی میزبان‌های حساس به صورت جوش‌های کوچک و پراکنده روی برگ‌ها ظاهر می‌شود که به مرور زمان گسترش پیدا می‌کند. بیمارگر با ایجاد جوش‌های قهوه‌ای رنگ روی برگ‌ها، ساقه و خوشه‌های گیاه گندم با کاهش سطح فتوسنتزی برگ‌ها و کاهش انتقال مواد غذایی به دانه‌ها موجب افت شدید عملکرد و کیفیت محصول می‌گردد (Roelfs et al., 1992; McIntosh et al., 1995).

خسارت جهانی زنگ‌ها (زنگ زرد، زنگ قهوه‌ای و زنگ سیاه) به محصول گندم حدود سه میلیارد دلار در سال برآورد شده است (Huerta-Espino et al., 2020). زنگ قهوه‌ای در شرایط همه‌گیری می‌تواند عملکرد گندم در مزارع را ۲۰ تا ۵۰ درصد کاهش دهد (Figueroa et al., 2020). طبق برآوردها این بیماری سالانه باعث از دست رفتن ۱۰ تا ۴۰ میلیون تن از محصول گندم در سطح جهان می‌شود (Huerta-Espino et al., 2020). در ایران، میزان خسارت زنگ قهوه‌ای در ۲۰ ژنوتیپ گندم به‌طور متوسط ۲۵ درصد تعیین شده است (Dadrezaei et al., 2018).

جلوگیری از شیوع زنگ‌ها از جمله زنگ قهوه‌ای علاوه بر استفاده از ارقام مقاوم (مقاومت‌های ژنتیکی)، نیازمند یک رویکرد مدیریتی یکپارچه و مداوم است، استفاده از قارچ‌کش‌های سیستمیک و ترکیبی مناسب، مدیریت صحیح

زرعی و کاهش منابع محلی آلودگی یا حذف منابع آلودگی از طریق تناوب کشت محصولات از جمله این رویکردها برای کنترل و مدیریت این بیمارگر خطرناک است (Draz et al., 2019; Zhang et al., 2015).

استفاده از کنترل شیمیایی توسط سموم قارچ‌کش علاوه بر هزینه‌های سنگین تحمیلی، آلودگی شدید محیط زیست، فشار حاصل از گزینش شدید روی بیمارگر که منجر به تغییر الگوی پرآزاری نژادهای فیزیولوژیک می‌شود از دیگر معایب کنترل شیمیایی محسوب می‌شوند (Singh et al., 2004).

قارچ عامل بیماری زنگ قهوه‌ای به دلیل داشتن چرخه جنسی و نوترکیبی‌های ژنتیکی جدید حاصل از آن (وجود میزبان‌های حدواسط در اکثر مناطق)، چرخه غیرجنسی در شرایط آب و هوایی مساعد (احتمال رخ دادن تلاقی‌های غیرجنسی) و همچنین احتمال رخ دادن پدیده‌هایی همچون جهش، مهاجرت و فشار حاصل از گزینش توسط ژن‌های مقاومت میزبان از تنوع ژنتیکی (تنوع نژادهای فیزیولوژیک) و انعطاف‌پذیری ژنتیکی (تغییرپذیری) بالایی برخوردار است که با تولید نژادهای جدید با الگوی پرآزاری کاملاً متفاوت می‌تواند بر مقاومت‌های ژنتیکی ایجاد شده غلبه نماید. نژادهای جدید ایجاد شده می‌توانند از یک ناحیه به ناحیه دیگر منتقل شوند و سبب افزایش تنوع نژادی در جمعیت بیمارگر مناطق دیگر شوند (Figueroa et al., 2020).

تاکنون بیش از ۸۰ ژن مقاومت به زنگ قهوه‌ای شناسایی شده است که به استثنای ژن‌های *Lr68*، *Lr67*، *Lr46*، *Lr34*، *Lr74*، *Lr75*، *Lr77* و *Lr78* که از نوع ژن‌های مقاومت غیراختصاصی یا گیاه کامل هستند، بقیه جزو ژن‌های مقاومت اختصاصی یا گیاهچه به‌شمار می‌روند (Kumar et al., 2022; Zhang et al., 2019; Qureshi, 2017). ژن‌های مقاومت *Lr3bg*، *Lr3ka*، *Lr3*، *Lr2c*، *Lr10*، *Lr11*، *Lr12*، *Lr13*، *Lr14a*، *Lr14b*، *Lr17*، *Lr18*، *Lr24*، *Lr25*، *Lr26*، *Lr30*، *Lr32*، *Lr33*، *Lr34*، *Lr35*، *Lr36*، *Lr37* و *Lr7b* در برابر نژادهای پویای زنگ قهوه‌ای در سطح جهان تقریباً

و گیاه بالغ ۱۰۰ ژنوتیپ بومی گندم به همراه ده رقم تجاری گندم نسبت به زنگ قهوه‌ای ارزیابی شد که در مجموع ۲۴ درصد از ژنوتیپ‌ها در هر دو مرحله رشدی از مقاومت خوبی برخوردار بودند (Taheri-Ardestani et al., 2024).

با توجه به شیوع گسترده بیماری زنگ قهوه‌ای گندم طی سال‌های گذشته در دشت مغان (اقلیم گرم و مرطوب شمال)، که یکی از مهم‌ترین مناطق تولید محصول گندم می‌باشد، انجام یک آزمایش برای شناخت ماهیت جمعیت نژادی این بیمارگر و مدیریت اصولی آن در دشت مغان ضروری به نظر آمد. در این پژوهش بررسی تنوع نژادی، روند تغییرات الگوی پرآزاری قارچ عامل بیماری و میزان اثر بخشی ژن‌های مقاومت گندم در برابر جمعیت بیمارگر موجود از طریق واکنش ژنوتیپ‌های افتراقی حامل ژن‌های مقاومت در خزانه‌های تله در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) بررسی شد. همچنین بررسی واکنش مقاومت برخی از ارقام و لاین‌های امیدبخش گندم تولید شده در اقلیم‌های مختلف کشور نسبت به این بیمارگر به منظور شناسایی منابع مقاومت مؤثر، نیز انجام شد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌های آزمایشی گندم در این پژوهش شامل ژنوتیپ‌های افتراقی بین‌المللی زنگ قهوه‌ای (مجموعه ۳۹ تایی از ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های مقاومت به همراه شاهد حساس بولانی)، ۴۰ رقم تجاری گندم و ۴۰ لاین امیدبخش گندم بودند (جدول ۱).

کشت خزانه تله بیماری زنگ قهوه‌ای که تمامی نمونه‌های آزمایشی در آن قرار داشت، در منطقه مغان تحت شرایط مزرعه‌ای در ایستگاه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان) واقع در پارس‌آباد با طول جغرافیای ۴۷ درجه و ۸۸ دقیقه و عرض جغرافیایی ۳۹ درجه و ۳۹ دقیقه و ارتفاع از سطح دریا ۷۸ متر به مدت دو سال زراعی متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) تحت شرایط آلودگی طبیعی (بدون مایه‌زنی) ارزیابی شدند.

کارایی لازم را ندارند و بی‌اثر شده‌اند. ژن‌های مقاومت *Lr2a*، *Lr2b*، *Lr9*، *Lr10/Lr27/Lr31*، *Lr19* و *Lr28* از جمله ژن‌های مقاومت مؤثر در برابر اغلب نژادهای زنگ قهوه‌ای و سایر ژن‌های مقاومت مثل *Lr1*، *Lr15*، *Lr16*، *Lr20*، *Lr21*، *Lr22a*، *Lr23* و *Lr29* در برابر تعداد محدودی از نژادهای زنگ قهوه‌ای در سطح جهان کارایی دارند (Kolmer & Anderson, 2011; Soleiman et al., 2016; Kolmer, 2019; Huerta-Espino et al., 2020; Hanzalova et al., 2020; Kokhmetova et al., 2021; Zhang et al., 2022; Ren et al., 2023). در ایران نیز گزارش‌هایی در خصوص اثربخشی ژن‌های مذکور علیه اکثر نژادهای زنگ قهوه‌ای ثبت شده است (Dadrezaei et al., 2022).

برای تدوین برنامه‌های به‌نژادی برای ایجاد مقاومت‌های مؤثر به زنگ قهوه‌ای گندم نیاز به پایش منظم و مستمر فاکتورهای پرآزاری برای درک بهتر الگوهای همه‌گیری، اطلاع از ساختار ژنتیکی جمعیت بیمارگر و تغییرات ژنتیکی بیمارگر زنگ قهوه‌ای می‌باشد (Park et al., 2011; Riaz et al., 2016). بررسی روند تغییر الگوی پرآزاری جمعیت‌های بیمارگر موجود در هر منطقه و همچنین بررسی اثربخشی ژن‌های مقاومت موجود در ژنوتیپ‌های افتراقی از طریق بررسی واکنش ژنوتیپ‌های افتراقی بین‌المللی زنگ قهوه‌ای گندم در قالب کشت خزانه‌های تله میسر می‌شود، این اطلاعات نقش کلیدی ایفا می‌نمایند و همچون نقشه راه برای تولید ارقام مقاوم پایدار می‌باشد (Figuroa et al., 2020).

شناسایی منابع مقاومت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای در سطوح مختلف ژنتیکی در مراحل مختلف رشدی گندم به‌طور دائم در حال انجام است تا با ورود منابع مقاومت شناسایی شده به برنامه‌های به‌نژادی، تولید ارقام گندم مقاوم میسر گردد. به‌عنوان مثال در یک آزمایش واکنش مقاومت ۲۱۸ ژنوتیپ گندم بومی نسبت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای در مراحل گیاهچه-ای و گیاه بالغ بررسی شد که در مجموع ۳۰ ژنوتیپ بومی از نظر مقاومت در هر دو مرحله مطلوب شناسایی شدند (Delfan et al., 2022). در یک آزمایش نیز واکنش مقاومت گیاهچه‌ای

جدول ۱ - فهرست ارقام افتراقی زنگ قهوه‌ای گندم، ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم مورد مطالعه

Table 1 - The List of differential cultivars of leaf rust, commercial cultivars and elite wheat lines under study

No.	Name/Pedigree	Lr gene/s	No.	Cultivars	No.	Elite Lines
1	Thatcher	<i>Lr22b</i>	1	Taktaz	1	N-95-6
2	TC*6/CENTENARIO (RL6003)	<i>Lr1</i>	2	Araz	2	N-97-20
3	TC*6/WEBSTER (RL6016)	<i>Lr2a</i>	3	Arman	3	N-98-8
4	TC*6/CARINA(RL6019)	<i>Lr2b</i>	4	Meraj	4	N-98-16
5	TC*6/LOROS(RL6047)	<i>Lr2c</i>	5	Kalateh	5	N-98-20
6	TC*6/DEMOCRAT(RL6002)	<i>Lr3</i>	6	Tirgan	6	S-95-3
7	TC*6/ANIVERSARIO(RL6007)	<i>Lr3ka</i>	7	Ehsan	7	S-96-15
8	BAGE/8*TC(RL6042)	<i>Lr3bg</i>	8	Gonbad	8	S-96-16
9	TRANSFER/6*TC(RL6010)	<i>Lr9</i>	9	Fallah	9	S-97-6
10	TC*6/EXCHANGE(RL6004)	<i>Lr10</i>	10	Sahar	10	S-97-10
11	HUSSAR(W976)	<i>Lr11</i>	11	Setareh	11	S-98-7
12	EXCHANGE/6*TC(RL6011)	<i>Lr12</i>	12	Sarang	12	S-98-11
13	MANITUOU	<i>Lr13</i>	13	Khalil	13	S-98-22
14	SELKIRK/6*TC(RL6013)	<i>Lr14a</i>	14	Barat	14	M-97-12
15	TC*6/MARIA ESCOBAR(RL6006)	<i>Lr14b</i>	15	Shoush	15	M-97-18
16	TC*6/KENYA1483(RL6052)	<i>Lr15</i>	16	Mehregan	16	M-98-18
17	TC*6/EXCHANGE(RL6005)	<i>Lr16</i>	17	Shavour	17	CD-91-12
18	KLEIN LUCERO/6*TC(RL6008)	<i>Lr17</i>	18	Chamran 2	18	C-96-8
19	TC*7/AFRICA43(RL6009)	<i>Lr18</i>	19	Ayneh	19	CD-96-10
20	TC*7/TR(RL6040)	<i>Lr19</i>	20	Danesh	20	C-97-4
21	THEW(W203)	<i>Lr20</i>	21	Amin	21	C-97-16
22	TC*6/RL5406(RL6043)	<i>Lr21</i>	22	Farin	22	CD-97-19
23	TC*6/RL5404(RL6044)	<i>Lr22a</i>	23	Torabi	23	C-98-5
24	LEE310/6*TC(RL6012)	<i>Lr23</i>	24	Talaei	24	C-98-7
25	TC*6/AGENT(RL6064)	<i>Lr24</i>	25	Rakhshan	25	C-98-8
26	TC*7/TRANSEC	<i>Lr25</i>	26	Baharan	26	C-98-11
27	TC*6/ST-1-25(RL6078)	<i>Lr26</i>	27	Sirvan	27	C-98-12
28	GATCHER(W3201)	<i>Lr10 / Lr27 + / Lr31</i>	28	Simin	28	CD-98-9
29	CS2D-2M	<i>Lr28</i>	29	Heyran	29	CD-98-17
30	TC*6/CS7AG#11(RL6080)	<i>Lr29</i>	30	Zarrineh	30	MS-92-5
31	TC*6/TERENZ10(RL6049)	<i>Lr30</i>	31	Heydari	31	MS-94-5
32	TCLR32(RL5497)	<i>Lr32</i>	32	Barzgar	32	MS-94-14
33	TC*6/PI58548(RL6057)	<i>Lr33</i>	33	Narin	33	MS-95-4
34	TC*6/PI58548(RL6058)	<i>Lr34</i>	34	Ofogh	34	MS-95-9
35	RL5711	<i>Lr35</i>	35	Avan	35	MS-96-4
36	E84018(NEP/AE.SPELTOIDES.2-9-w...	<i>Lr36</i>	36	Taban	36	MS-97-4
37	TC*6/VPM(RL6081)	<i>Lr37</i>	37	Sana	37	MS-98-3
38	TC*6//CARINA(RL6051)	<i>Lrb</i>	38	Aran	38	MS-98-8
39	WL711	<i>Lr13</i>	39	Hana	39	D-97-15
40	Bolani (Suceptible check)		40	Shabrang	40	D-97-16

نکروز؛ (M) جوش‌ها در اندازه‌های ریز و درشت همراه با کلروز و یا نکروز؛ (MS) جوش‌های متوسط بدون نکروز اما ممکن است لکه‌های کلروزه وجود داشته باشد و (S) جوش‌های بزرگ بدون کلروز و یا نکروز.

محاسبه سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) بر اساس روش (Milus & Line, 1986) مطابق با فرمول:

$$AUDPC = ((N1(X1+X2)/2) + (N2(X2+X3)/2))$$

محاسبه شد که در این فرمول AUDPC: سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، N1 فاصله اولین یادداشت‌برداری با دومین یادداشت‌برداری به روز، N2 فاصله دومین یادداشت‌برداری با سومین یادداشت‌برداری و X1، X2، X3 به ترتیب ضریب آلودگی اولین، دومین و سومین یادداشت‌برداری می‌باشند.

همچنین برای محاسبه مقدار نسبی سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (rAUDPC) از فرمول زیر استفاده شد.

$$rAUDPC = \frac{AUDPC}{AUDPC \times 100} \text{ (هر لاین) =}$$

جهت انجام تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های افتراقی براساس صفات اندازه‌گیری شده مذکور نیز از روش وارد ۲ و نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۲ استفاده گردید.

نتایج

واکنش ارقام استاندارد و افتراقی بین‌المللی زنگ قهوه‌ای

کشت ارقام استاندارد و افتراقی زنگ قهوه‌ای، برخی از ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم در قالب خزانه تله به-مدت دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در ایستگاه تحقیقاتی مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان) در مرحله گیاه کامل تحت شرایط آلودگی طبیعی، انجام شد. براساس نتایج بدست آمده (جدول ۲) در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ در جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان دارای پرازاری برای ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های مقاومت *Lr1*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr3*, *Lr3ka*, *Lr3bg*, *Lr9*, *Lr10*

پس از آماده سازی بستر بذر در اوایل فصل پاییز، برای کاشت نمونه‌های آزمایشی در اواخر آبان ماه سال‌های (۱۴۰۱ - ۱۴۰۲) بذور هر کدام از ژنوتیپ‌های افتراقی زنگ قهوه‌ای، ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم (۲۰۰ عدد بذر) روی دو خط یک متری با فاصله ۲۵ سانتی‌متر از همدیگر روی یک پشته کاشته شدند. به‌ازای هر ده شماره از نمونه‌های مورد مطالعه، به‌منظور استقرار بهتر و گسترش بیشتر بیماری زنگ قهوه‌ای در خزانه تله رقم حساس بولانی و در کل حاشیه آزمایش نیز روی دو خط یک متری (یک پشته) رقم حساس مذکور کشت گردید. در طول فصل زراعی عملیات داشت شامل وجین علف‌های هرز به‌صورت دستی، کودپاشی و آبیاری طبق عرف منطقه مغان (در پنج نوبت) انجام شد.

یادداشت‌برداری از شدت بیماری زنگ قهوه‌ای (سطح برگ آلوده شده از ۰ تا ۱۰۰ درصد)، در سه نوبت و به فاصله هر ۶-۷ روز یک‌بار از زمان ظهور ۳۰ درصد بیماری روی شاهد حساس براساس مقیاس اصلاح شده کاب پیشنهادی Peterson et al. (1948) انجام شد. زمانی که فعالیت بیمارگر روی برگ پرچم پیشرفت کرد از تیپ آلودگی^۱ براساس روش Roelfs et al. (1992) یادداشت‌برداری گردید. یادداشت‌برداری از مرحله ظهور برگ پرچم تا مرحله خمیری دانه گندم در نمونه‌های آزمایشی ادامه داشت (Parlevliet, 1979). برای محاسبه ضریب آلودگی داده‌های مربوط به شدت بیماری و تیپ آلودگی با هم ترکیب شدند. به‌عبارت دیگر، ضریب آلودگی از ضرب شدت بیماری در ثابت مربوط به واکنش میزبان (Immune=0.0, R=0.2, MR=0.4, M=0.6, Stubbs et al., 1986) به‌دست آمد (MS=0.8, MSS=0.9, S=1).

تیپ‌های آلودگی در این مقیاس عبارت بودند از: (O) بدون آلودگی؛ (R) ظهور لکه‌های نکروز همراه و یا بدون جوش‌های ریز؛ (MR) جوش‌های ریز احاطه شده با لکه‌های

واکنش ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای

مندرجات جدول ۳ واکنش ارقام تجاری گندم نسبت به جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای را نشان می‌دهد. تجزیه خوشه‌ای (شکل ۲) نیز واکنش ارقام تجاری گندم را براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی در چهار گروه اصلی طبقه‌بندی نمود. در گروه اول ارقام دارای واکنش حساسیت شدید (حدود ۱۵ درصد از ارقام تجاری)، بالاترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی در گروه دوم ارقام دارای واکنش نیمه حساسیت تا حساسیت کم (حدود ۱۵ درصد از ارقام تجاری)، در گروه سوم ارقام دارای واکنش مقاومت (حدود ۴۷ درصد از ارقام تجاری) و در گروه چهارم نیز ارقام دارای واکنش نیمه مقاومت (حدود ۲۳ درصد از ارقام تجاری) بودند.

مندرجات جدول ۴ واکنش لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای را نشان می‌دهد. تجزیه خوشه‌ای (شکل ۳) نیز واکنش لاین‌های امیدبخش گندم را براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی در سه گروه اصلی طبقه‌بندی نمود. در گروه اول لاین‌ها دارای واکنش مقاومت (حدود ۵۲ درصد از لاین‌ها)، در گروه دوم لاین‌ها دارای واکنش نیمه مقاومت تا نیمه حساسیت (حدود ۳۳ درصد از لاین‌ها) و در گروه سوم نیز لاین‌ها دارای واکنش حساسیت (حدود ۱۵ درصد از لاین‌ها) بودند. لاین‌های این گروه بالاترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی داشتند.

در آزمایش دیگری واکنش مقاومت ۴۱ رقم تجاری گندم بررسی شد که واکنش ارقام نسبت به نژادهای بیمارگر براساس طبقه‌بندی ارائه شده توسط (2019) Ebrahimyan et al. به چهار گروه مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه حساس و حساس طبقه‌بندی شدند.

Lr17, Lr16, Lr15, Lr14b, Lr14a, Lr13, Lr12, Lr34, Lr33, Lr32, Lr30, Lr28, Lr26, Lr25, Lr24, Lr35, Lr36, Lr37 بودند.

در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ پرآزاری بر روی لاین‌های حامل ژن‌های مقاومت *Lr1, Lr2c, Lr3, Lr3ka, Lr3bg, Lr10, Lr12, Lr13, Lr14a, Lr14b, Lr15, Lr16, Lr23, Lr24, Lr25, Lr26, Lr28, Lr30, Lr32, Lr35, Lr36, Lr37* و *Lrb* مشاهده شد. ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های فوق دارای واکنش تیپ حساسیت (S, MSS و MS) با شدت آلودگی بالای ۳۰ تا ۱۰۰ درصد داشتند. بنابراین این ژن‌ها کارایی لازم برای ایجاد مقاومت‌های مؤثر نسبت به نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای رایج در منطقه اردبیل (مغان) را ندارند. در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ در جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان پرآزاری برای ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های مقاومت *Lr17, Lr18, Lr19, Lr20, Lr21, Lr22a, Lr29* مشاهده نشد. در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ نیز پرآزاری بر روی لاین‌های حامل ژن‌های مقاومت *Lr9, Lr2b, Lr2a, Lr17, Lr18, Lr19, Lr20, Lr22a, Lr27, Lr31, Lr33, Lr34* و *Lr29* مشاهده نشد.

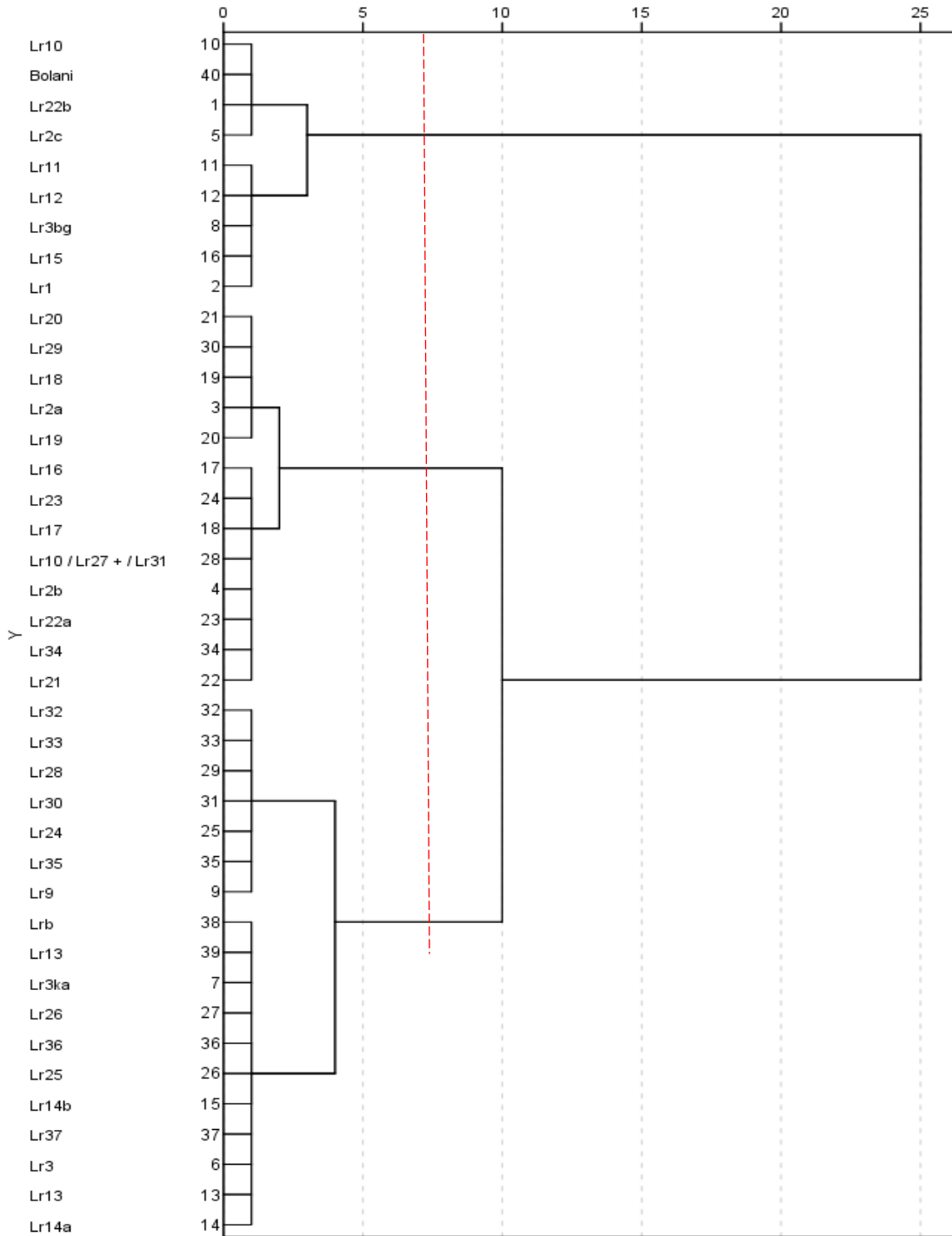
تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های افتراقی حامل ژن‌های مقاومت را براساس صفات اندازه‌گیری شده در دو سال متوالی با استفاده از روش وارد به سه گروه اصلی تقسیم نمود (شکل ۱). گروه اول شامل ژنوتیپ‌های دارای واکنش حساسیت در دو سال بودند (حدود ۲۳ درصد از ارقام افتراقی) که بالاترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی داشتند. گروه دوم شامل ژنوتیپ‌های دارای واکنش مقاومت در دو سال بودند (حدود ۳۲ درصد از ارقام افتراقی) که کمترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی داشتند. گروه سوم که بیشتر ژنوتیپ‌های افتراقی در این گروه قرار گرفتند، دارای واکنش نیمه حساسیت در دو سال بودند (حدود ۴۵ درصد از ارقام افتراقی).

جدول ۲- اثربخشی ژن‌های مقاومت ارقام افتراقی نسبت به زنگ قهوه‌ای براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در منطقه مغان

Table 2 - Effectiveness of resistance genes of differential cultivars to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

Code	Gene	Year		Final reaction in two years	
		2022	2023	Coefficient of infection	Relative area under disease progress curve
1	<i>Lr22b</i>	Ineffective	Ineffective	90	100
2	<i>Lr1</i>	Ineffective	Ineffective	70	77
3	<i>Lr2a</i>	Effective	Effective	6	6
4	<i>Lr2b</i>	Effective	Effective	12	13
5	<i>Lr2c</i>	Ineffective	Ineffective	90	100
6	<i>Lr3</i>	Ineffective	Ineffective	60	66
7	<i>Lr3ka</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
8	<i>Lr3bg</i>	Ineffective	Ineffective	70	77
9	<i>Lr9</i>	Ineffective	Effective	32	35
10	<i>Lr10</i>	Ineffective	Ineffective	90	100
11	<i>Lr11</i>	Ineffective	Ineffective	80	88
12	<i>Lr12</i>	Ineffective	Ineffective	80	88
13	<i>Lr13</i>	Ineffective	Ineffective	60	66
14	<i>Lr14a</i>	Ineffective	Ineffective	60	66
15	<i>Lr14b</i>	Ineffective	Ineffective	60	66
16	<i>Lr15</i>	Ineffective	Ineffective	70	77
17	<i>Lr16</i>	Ineffective	Ineffective	24	26
18	<i>Lr17</i>	Effective	Effective	12	13
19	<i>Lr18</i>	Effective	Effective	8	8
20	<i>Lr19</i>	Effective	Effective	2	2
21	<i>Lr20</i>	Effective	Effective	8	8
22	<i>Lr21</i>	Effective	Effective	16	17
23	<i>Lr22a</i>	Effective	Effective	18	20
24	<i>Lr23</i>	Effective	Ineffective	24	26
25	<i>Lr24</i>	Ineffective	Ineffective	32	35
26	<i>Lr25</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
27	<i>Lr26</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
28	<i>Lr10 / Lr27 + / Lr31</i>	Effective	Effective	12	13
29	<i>Lr28</i>	Ineffective	Ineffective	40	44
30	<i>Lr29</i>	Effective	Effective	8	8
31	<i>Lr30</i>	Ineffective	Ineffective	40	44
32	<i>Lr32</i>	Ineffective	Ineffective	40	44
33	<i>Lr33</i>	Ineffective	Effective	40	44
34	<i>Lr34</i>	Ineffective	Effective	18	20
35	<i>Lr35</i>	Ineffective	Ineffective	32	35
36	<i>Lr36</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
37	<i>Lr37</i>	Ineffective	Ineffective	60	66
38	<i>Lrb</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
39	<i>Lr13</i>	Ineffective	Ineffective	50	55
40	Bolani	Ineffective	Ineffective	90	100

Ineffective genes / Effective genes = ژن‌های مقاومت مؤثر / ژن‌های مقاومت غیر مؤثر



شکل ۱ - تجزیه خوشه‌ای ارقام افتراقی نسبت به زنگ قهوه‌ای گندم براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در منطقه مغان

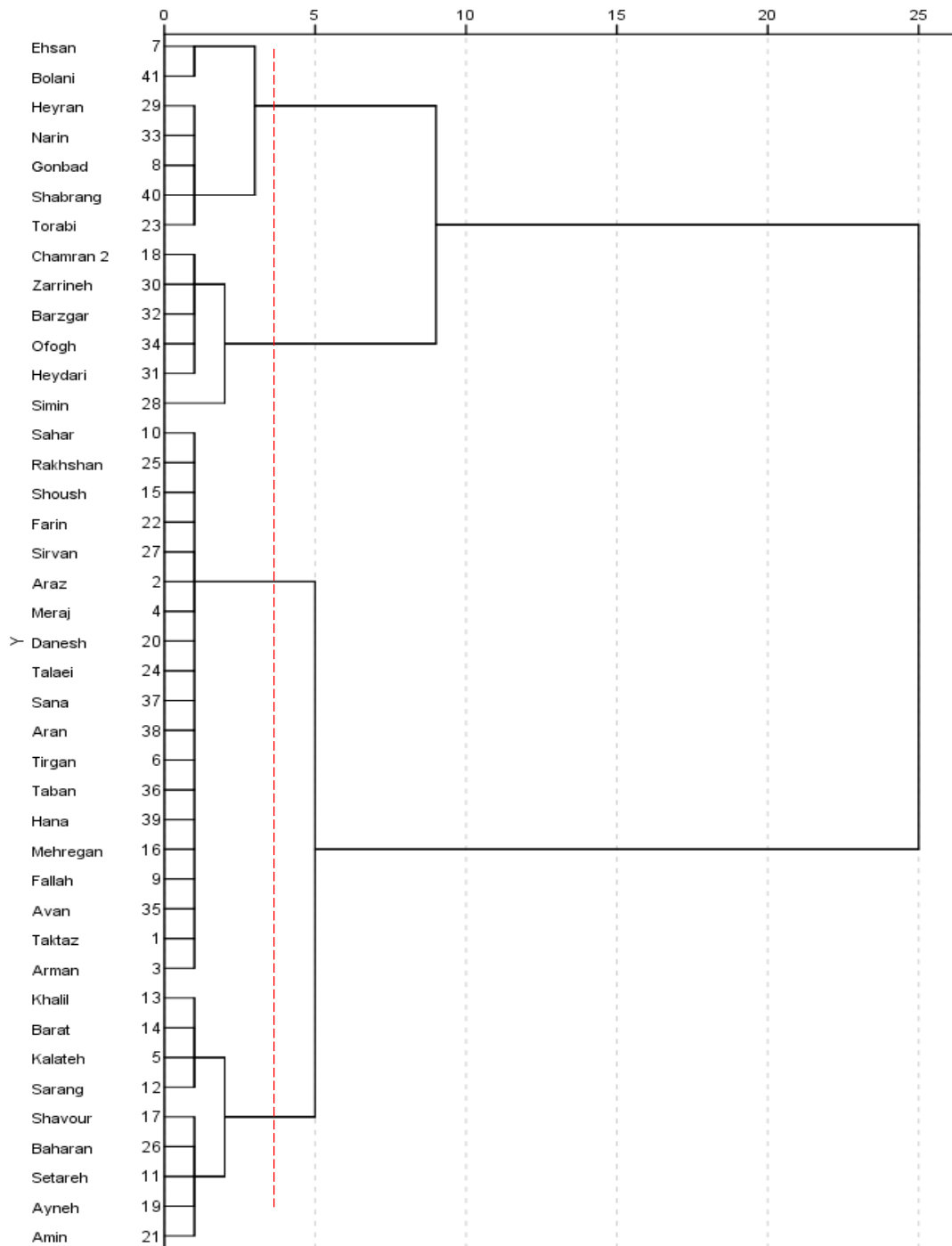
Figure 1 - Cluster analysis of differential cultivars to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

جدول ۳ - واکنش مقاومت ارقام تجاری گندم نسبت به زنگ قهوه‌ای براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در منطقه مغان

Table 3 - Reaction of resistance of commercial cultivars to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

Code	Gene	Year		Final reaction in two years		
		2022	2023	Final disease severity and infection type	Coefficient of infection	Relative area under disease progress curve
1	Taktaz	Resistance	Resistance	5MR	2	2
2	Araz	Resistance	Resistance	10MS	8	8
3	Arman	Resistance	Resistance	5MR	2	2
4	Meraj	Resistance	Resistance	20MR	8	8
5	Kalateh	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
6	Tirgan	Resistance	Resistance	0	0	0
7	Ehsan	Resistance	Susceptible	90S	90	100
8	Gonbad	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
9	Fallah	Resistance	Resistance	5MR	2	2
10	Sahar	Resistance	Resistance	30MR	12	13
11	Setareh	Resistance	Susceptible	40MS	32	35
12	Sarang	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
13	Khalil	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
14	Barat	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
15	Shoush	Resistance	Resistance	40MR	16	17
16	Mehregan	Resistance	Resistance	10MR	4	4
17	Shavour	Resistance	Susceptible	40MS	32	35
18	Chamran 2	Resistance	Susceptible	50MSS	45	50
19	Ayneh	Susceptible	Susceptible	40MSS	36	40
20	Danesh	Resistance	Resistance	20MR	8	8
21	Amin	Resistance	Susceptible	50MS	40	44
22	Farin	Resistance	Resistance	20MR	8	8
23	Torabi	Resistance	Susceptible	80S	80	88
24	Talaei	Resistance	Resistance	15MR	6	6
25	Rakhshan	Resistance	Resistance	30MR	12	13
26	Baharan	Resistance	Susceptible	40MS	32	35
27	Sirvan	Resistance	Resistance	20MR	8	8
28	Simin	Susceptible	Susceptible	60S	60	66
29	Heyran	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
30	Zarrineh	Susceptible	Susceptible	50MSS	45	50
31	Heydari	Susceptible	Susceptible	50S	50	55
32	Barzgar	Susceptible	Susceptible	60MSS	54	60
33	Narin	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
34	Ofogh	Susceptible	Susceptible	60MSS	54	60
35	Avan	Resistance	Resistance	5MR	2	2
36	Taban	Resistance	Resistance	10MR	4	4
37	Sana	Resistance	Resistance	0	0	0
38	Aran	Resistance	Resistance	0	0	0
39	Hana	Resistance	Resistance	10MR	4	4
40	Shabrang	Susceptible	Resistance	80MSS	72	80
	Bolani	Susceptible	Susceptible	90S	90	100

مقاومت / حساسیت = Resistance / Susceptible



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای ارقام تجاری گندم نسبت به زنگ قهوه‌ای گندم براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در منطقه مغان

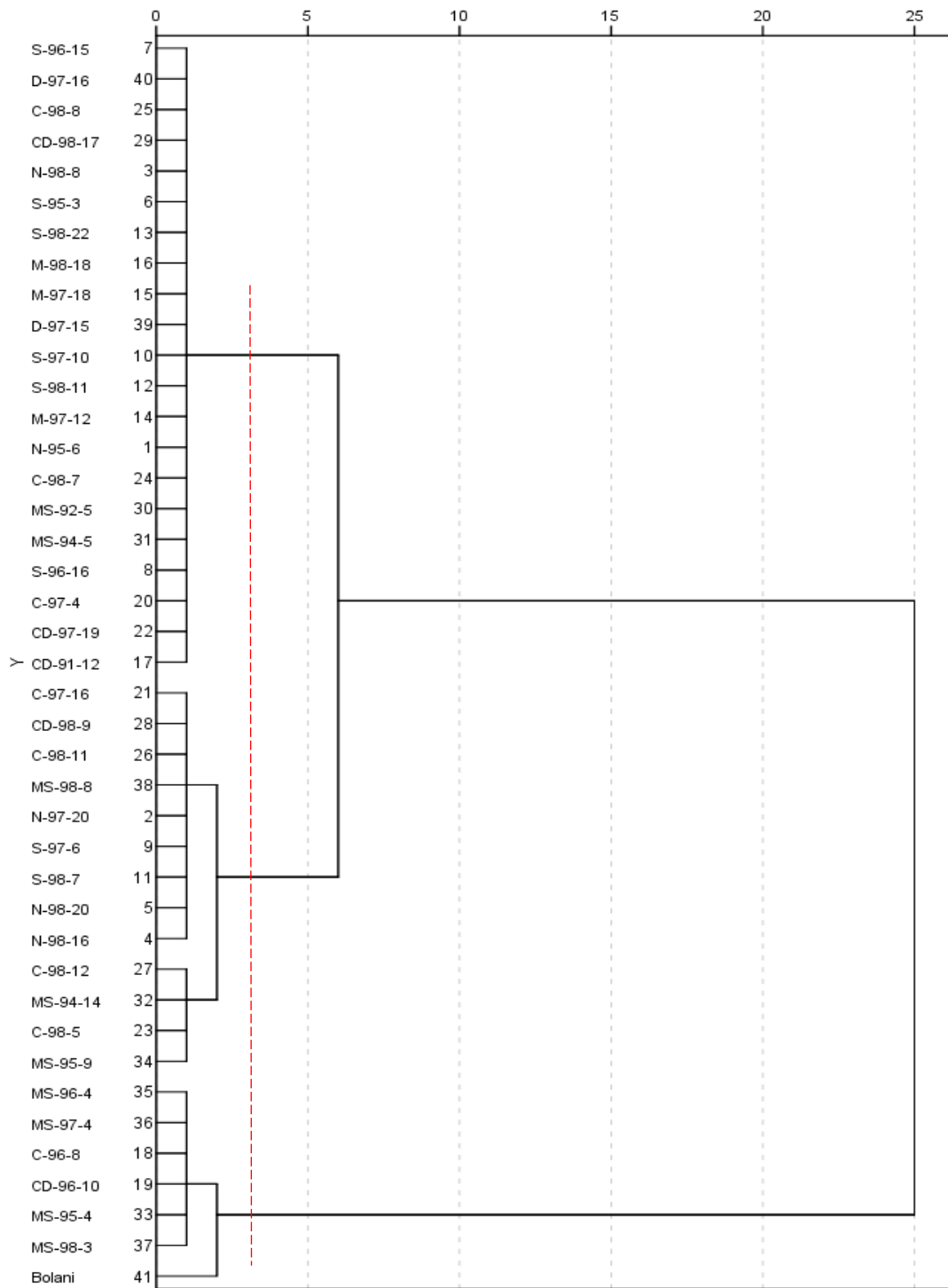
Figure 2 - Cluster analysis of commercial cultivars to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

جدول ۴ - واکنش مقاومت لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به زنگ قهوه‌ای براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۱-۱۴۰۲) در منطقه مغان

Table 4 - Reaction of resistance of elite wheat lines to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

Code	Gene	Year		Final reaction in two years		
		2022	2023	Final disease severity and infection type	Coefficient of infection	Relative area under disease progress curve
1	N-95-6	Resistance	Resistance	15MS	12	13
2	N-97-20	Susceptible	Resistance	30MS	24	26
3	N-98-8	Resistance	Resistance	5MS	4	4
4	N-98-16	Susceptible	Susceptible	30MSS	27	30
5	N-98-20	Susceptible	Susceptible	30MS	24	26
6	S-95-3	Resistance	Resistance	5MS	4	4
7	S-96-15	Resistance	Resistance	10MS	8	8
8	S-96-16	Resistance	Resistance	20MS	16	17
9	S-97-6	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
10	S-97-10	Resistance	Resistance	5MR	2	2
11	S-98-7	Susceptible	Susceptible	30MS	24	26
12	S-98-11	Resistance	Resistance	5MR	2	2
13	S-98-22	Resistance	Resistance	10MR	4	4
14	M-97-12	Resistance	Resistance	0	0	0
15	M-97-18	Resistance	Resistance	5MR	2	2
16	M-98-18	Resistance	Resistance	15MR	6	6
17	CD-91-12	Resistance	Resistance	20MS	16	17
18	C-96-8	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
19	CD-96-10	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
20	C-97-4	Resistance	Susceptible	20MS	16	17
21	C-97-16	Resistance	Susceptible	30S	30	33
22	CD-97-19	Resistance	Resistance	40MR	16	17
23	C-98-5	Susceptible	Susceptible	50MSS	45	50
24	C-98-7	Resistance	Resistance	30MR	12	13
25	C-98-8	Susceptible	Resistance	5MS	4	4
26	C-98-11	Susceptible	Susceptible	30MS	24	26
27	C-98-12	Susceptible	Susceptible	40S	40	44
28	CD-98-9	Susceptible	Susceptible	40MS	32	35
29	CD-98-17	Susceptible	Resistance	5MS	4	4
30	MS-92-5	Susceptible	Resistance	20MS	16	17
31	MS-94-5	Susceptible	Resistance	20MS	16	17
32	MS-94-14	Susceptible	Susceptible	50MS	40	44
33	MS-95-4	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
34	MS-95-9	Susceptible	Susceptible	50S	50	55
35	MS-96-4	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
36	MS-97-4	Susceptible	Susceptible	70S	70	77
37	MS-98-3	Susceptible	Susceptible	80S	80	88
38	MS-98-8	Resistance	Susceptible	30MS	24	26
39	D-97-15	Resistance	Resistance	5MR	2	2
40	D-97-16	Resistance	Resistance	20MR	8	8
	Bolani	Susceptible	Susceptible	90S	90	100

حسابیت / مقاومت = Resistance / Susceptible



شکل ۳ - تجزیه خوشه‌ای لاین‌های امیدبخش گندم نسبت به زنگ قهوه‌ای گندم براساس صفات شدت بیماری، تیپ آلودگی و ضریب آلودگی در دو سال متوالی (۱۴۰۲-۱۴۰۱) در منطقه مغان

Figure 3 - Cluster analysis of elite wheat lines to leaf rust based on disease severity, infection type and coefficient of infection in two consecutive years (2022-2023) in Moghan region

بحث

بر اساس نتایج ارقام استاندارد و افتراقی مورد استفاده که هر یک دارای ژن‌های مقاومت متفاوتی بودند، نسبت به نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای موجود در منطقه مغان در دو سال آزمایش، واکنش یکسانی نداشتند. بنابراین می‌توان استنباط نمود نژاد غالب بیمارگر در منطقه دشت مغان در هر دو سال، متفاوت بود. تنوع ژنتیکی در جمعیت پویا بیمارگرهای زنگ گندم بسیار وسیع می‌باشد (Wan et al., 2016). گزارش‌های فراوانی در خصوص تنوع ژنتیکی بالا در جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای در ایران ثبت شده است (Dadrezaei et al., 2021; Dadrezaei et al., 2023).

از دلایل بالا بودن تنوع بیمارگر زنگ قهوه‌ای گندم در ایران می‌توان به موارد زیر اشاره نمود. ایران یکی از خاستگاه‌های اصلی گندم و همچنین یکی از مراکز مهم تنوع برای بیماری زنگ قهوه‌ای به حساب می‌آید. یکی از دلایل تنوع در جمعیت این بیمارگر، وجود میزبان‌های حدواسط زنگ قهوه‌ای است که در نقاط مختلف کشور به فراوانی یافت می‌شوند، اشاره نمود. میزبان‌های حدواسط از ملزومات زادآوری جنسی بیمارگر به شمار می‌آید و به تبع آن با ایجاد نو ترکیبی‌های ژنی جدید سبب تنوع ژنتیکی در جمعیت بیمارگر می‌گردد.

تغییرات اقلیمی در سطح جهان در دهه اخیر از جمله گرم شدن سراسری دمای کره زمین، یکی دیگر از پدیده‌های مهمی است که باعث تغییر در میزان فعالیت بیمارگرها و میزان شدت و بروز بیماری‌ها در عرض‌های جغرافیایی مختلف شده است (Xiao et al., 2020). وجود تنوع ژنتیکی (نژادی) و تنوع در شدت بروز بیماری زنگ قهوه‌ای بین سال‌های مختلف آزمایش طبق نظر برخی محققین می‌تواند ناشی از تغییرات شرایط آب و هوایی (از جمله دما و رطوبت) و تأثیر آن در فراوانی جمعیت‌های مختلف بیمارگر زنگ قهوه‌ای باشد (Kumar et al., 2022). شرایط آب و هوایی در چند سال اخیر در دشت مغان از لحاظ دما و رطوبت نسبی هوا برای فعالیت بیمارگر زنگ قهوه‌ای بسیار ایده‌آل بود به طوری که بالاترین شدت بیماری روی رقم بولانی (شاهد حساس) مشاهده شد.

مهم‌ترین هدف از کشت ارقام افتراقی زنگ‌ها از جمله زنگ قهوه‌ای تعیین اثربخشی ژن‌های مقاومت و روند تغییرات در الگوی پرآزاری نژادهای زنگ‌ها در یک منطقه می‌باشد و بر اساس تغییراتی که در الگوی پرآزاری نژادهای منطقه در حال شکل‌گیری است، ژن‌های مقاومت مؤثر نسبت به نژادهای موجود در منطقه، باید شناسایی و معرفی شوند.

در هر دو سال آزمایش ارقام افتراقی حامل ژن‌های مقاومت *Lr18*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr22a* و *Lr29* دارای واکنش تیپ مقاومت (R, MR و M) با شدت آلودگی پایین بودند. بنابراین این ژن‌ها کارآیی لازم برای ایجاد مقاومت‌های مؤثر نسبت به نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای رایج در منطقه دشت مغان را دارند. استفاده از ژن‌های مقاومت نامبرده شده در برنامه‌های به-نژادی گندم برای تولید ارقام مقاوم به زنگ قهوه‌ای در اقلیم گرم و مرطوب کشور توصیه می‌شود. ارقام افتراقی حامل ژن‌های مقاومت *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr9*, *Lr17*, *Lr21*, *Lr23* و *Lr31/Lr27/Lr10/Lr33* و *Lr34* نیز مقاومت نسبتاً قابل قبولی به نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای منطقه اردبیل نشان دادند. به-عبارت دیگر در یک سال واکنش مقاومت و در سال دیگر واکنش نیمه مقاومت تا نیمه حساسیت با شدت آلودگی ۵ تا ۲۰ درصد داشتند. از این ژن‌ها می‌توان در ترکیب با ژن‌های مقاومت مؤثر شناسایی شده در برنامه‌های به-نژادی تولید ارقام مقاوم گندم به زنگ قهوه‌ای در منطقه مغان (استان اردبیل) و مناطق مشابه در اقلیم گرم و مرطوب کشور استفاده نمود. برای تولید ارقام مقاوم پایدار چند ژنی از نشانگرهای مولکولی مرتبط با ژن‌های مقاومت (برای بیشتر ژن‌های مقاومت نشانگر مولکولی اختصاصی شناسایی شده است) به همراه روش‌های کلاسیک دورگ‌گیری استفاده می‌شود. استفاده از ترکیبات مختلف ژن‌های مقاومت مؤثر در مراحل مختلف رشدی گندم (اختصاصی و غیر اختصاصی) در تولید ارقام مقاوم به زنگ سیاه، مطرح شده است (Singh et al., 2011).

در بررسی خزانه‌های تله در هشت منطقه از کشور در طی چهار سال، بر روی گیاهان ارقام افتراقی زنگ قهوه‌ای حامل

CD-91-12، M-98-18، M-97-18، M-97-12، C-97-4، MS-MS-92-5، CD-98-17، C-98-8، C-98-7، CD-97-19، 94-5، D-97-15 و D-97-16 بودند. خوشبختانه در لاین‌های امیدبخش گندم تولید شده فراوانی واکنش مقاومت بالا بود که نشان از ورود ژنوتیپ‌های دارای مقاومت مؤثر نسبت به جمعیت نژادی بیمارگر زنگ قهوه‌ای به برنامه‌های به‌نژادی گندم کشور و هدفمند بودن تلاقی‌های انجام شده برای تولید لاین‌های مورد آزمایش می‌باشد. در مطالعه دیگری واکنش مقاومت ۵۶ لاین امیدبخش گندم نسبت به نژادهای زنگ سیاه در مراحل گیاهچه‌ای و گیاه کامل ارزیابی شد. در مجموع شش لاین امیدبخش گندم مقاومت قابل قبولی نسبت به نژادهای زنگ سیاه نشان دادند (Malhipour & Esmaeilzadeh, 2023). (Moghaddam, 2023).

منابع مقاومت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای در تمام سطوح ژنتیکی و مراحل مختلف رشدی گندم شناسایی می‌شوند. در آزمایشی ۱۰۰ ژنوتیپ گندم آزیلوبس تائوشی (خویشاوندان وحشی گندم) در مراحل گیاه کامل و گیاهچه‌ای ارزیابی شدند و در مجموع ۱۵ ژنوتیپ به‌عنوان منابع مقاومت معرفی شدند (Mohammadi Dehbalaei et al., 2022).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این مطالعه نشان داد که ارقام استاندارد و افتراقی مورد مطالعه واکنش‌های متنوعی نسبت به جمعیت بیمارگر زنگ قهوه‌ای در سال‌های آزمایش نشان دادند. به‌عبارت دیگر جمعیت نژادهای موجود در منطقه مغان در هر دو سال متفاوت از یکدیگر بودند.

به کارگیری صحیح و آگاهانه از ترکیب ژن‌های مقاومت مؤثر نژاد-اختصاصی (که اکثراً در مرحله گیاهچه‌ای بروز پیدا می‌کنند) و ژن‌های غیر نژاد-اختصاصی (یا ژن‌های مقاومت تدریجی که غالباً در مرحله گیاه کامل بروز می‌یابند) شناسایی شده در این تحقیق می‌تواند مقاومت‌های پایدارتری نسبت به زنگ قهوه‌ای ایجاد نماید.

ژن‌های *Lr2a*، *Lr2b*، *Lr19*، *Lr34* و ترکیب ژنی *Lr10/Lr27+/Lr31* پرآزاری گزارش نشده است (Dadrezai et al., 2021).

نتایج متفاوت از اثربخشی ژن‌های مقاومت به بیمارگر زنگ قهوه‌ای در مناطق مختلف نشان دهنده این مطلب می‌باشد که نژادهای بیمارگر موجود در مناطق مختلف کشور از لحاظ الگوی بیماری‌زایی با یکدیگر اختلاف دارند. نژادهای متفاوت از نظر الگوی بیماری‌زایی در مناطق مختلف توسط محققین دیگر نیز گزارش شده است (Dadrezai et al., 2023; Dadrezai et al., 2021).

یکی از ژن‌های مقاومت که در برنامه‌های به‌نژادی مقاومت به زنگ قهوه‌ای گندم در سطح جهان مورد استفاده قرار گرفته و از جمله ژن‌های مقاومت در مرحله گیاه کامل می‌باشد، ژن مقاومت *Lr34* است و بیشترین مطالعات مولکولی نیز برای ردیابی این ژن در ژنوتیپ‌های مختلف گندم انجام شده است (Randhawa et al., 2018).

به‌دلیل متفاوت بودن نژادهای بیمارگر زنگ قهوه‌ای موجود در منطقه دشت مغان در سال‌های آزمایش، تنوع در واکنش ارقام تجاری و لاین‌های امیدبخش گندم مورد مطالعه، مشاهده شد. ارقام تجاری گندم که دارای واکنش مقاومت مؤثر به جمعیت نژادی زنگ قهوه‌ای منطقه مغان و کم‌ترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی داشتند شامل ارقام سحر، رخشان، شوش، فرین، سیروان، آراز، معراج، دانش، طلائی، ثنا، آران، تیرگان، تابان، هانا، مهرگان، آوان، آرمان، فلاح و تکتاز بودند.

واکنش مقاومت لاین‌های امیدبخش گندم قبل از معرفی به‌عنوان رقم تجاری باید نسبت به بیمارگرهای زنگ گندم ارزیابی شوند. لاین‌های امیدبخش گندم که دارای واکنش مقاومت مؤثر به جمعیت نژادی زنگ قهوه‌ای منطقه مغان و کم‌ترین مقدار را برای صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی داشتند شامل لاین‌های *N-98-8*، *N-95-6*، *S-98-22*، *S-98-11*، *S-97-10*، *S-96-16*، *S-96-15*، *S-95-3*

برنامه‌های به‌نژادی برای تولید ارقام مقاوم می‌تواند بسیار سودمند باشد.

سپاس‌گزاری

این مقاله مستخرج از نتایج پروژه ملی با کد مصوب ۰۳-۰۳-۰۳۱۶-۱۳۷-۰۰۱۰۳۲ می‌باشد. بدین وسیله از ریاست و معاونت محترم مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، ریاست محترم مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان اردبیل (مغان) که شرایط اجرای این تحقیق را فراهم نمودند، و همچنین از زحمات آقایان و خانم‌های مهندس زهره حسن‌بیات، الهام الاحسنی، امیرکبیری، اسماعیل ابراهیمی، داود رنجبر و جعفر میکائیلی تقدیر و تشکر می‌گردد.

ارقام تجاری و لاین‌های گندم که در برابر نژادهای متفاوت بیمارگر زنگ قهوه‌ای در منطقه دشت مغان مقاومت مؤثری از خود نشان دادند، می‌توانند به‌عنوان منابع ژنتیکی مقاومت در برابر این بیماری برای منطقه دشت مغان و مناطق مشابه در اقلیم گرم و مرطوب معرفی شوند. در برنامه‌های به‌نژادی می‌توان ژن‌های مقاومت از این منابع را استخراج و به‌صورت هرمی (ترکیب چند ژن مقاومت) در ژنوتیپ‌های گندم مطلوب از نظر عملکرد، صفات زراعی و خصوصیات فیزیولوژیکی دیگر، وارد نمود تا ارقام مقاوم پایدار تولید شوند.

استفاده از نشانگرهای مولکولی مرتبط با ژن‌های مقاومت به زنگ قهوه‌ای نیز می‌تواند در انتخاب والد‌ها برای تلاقی‌ها و افزودن سرعت کار در انتخاب ژنوتیپ‌های واجد شرایط در

REFERENCES

- Dadrezaei, S. T., Dehghan, M. A., Safavi, S., Dalvand, M., & Shahbazi, K. (2023). 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 with English abstract). doi: 10.22034/arpp.2022.15742.
- Dadrezaei, S. T., Delfan, S., & Allahassani, E. (2022). Identification of the pathotypes and physiologic races of *Puccinia triticina*, the causal agent of wheat leaf rust in Iran. *Journal of Applied Research in Plant Protection*, 11(3), 1-15. (In Persian with English abstract). doi: 10.22034/arpp.2021.13545.
- Dadrezaei, S. T., Dehghan, M. A., Safavi, S. A., Dalvand, M., Shahbazi, K., Tabatabai, N., & Hassan Bayat, Z. (2021). Study of Virulence Factors of Causal Agent of Wheat Leaf Rust (*Puccinia triticina* Eriks.) in Iran during 2017-2021. *Seed and Plant Journal*, 37(2), 149-169. (In Persian with English abstract). doi: 10.22092/sppi.2021.356417.1234.
- Dadrezaei, S. T., Tabatabai, N., Lakzadeh, I., Jafarnezhad, A., Afshari, F., & BAYAT, Z. H. (2018). Evaluation of tolerance to leaf rust disease in some selected bread wheat genotypes. *Applied Entomology and Phytopathology*, 86(1), 29-40. (In Persian with English abstract).
- Delfan, S., Bihamta, M., Dadrezaei, S. T., Abbasi, A., & Alipour, H. (2022). Identification sources of resistance for leaf rust (*Puccinia triticina* Erikss.) in Iranian wheat genotypes. *Iranian Journal of Plant Protection Science*, 52(2), 115-133. (In Persian with English abstract).
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.aos.2015.01.001>

- 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. (In Persian with English abstract).
- Figuroa, M., Dodds, P. N., & Henningsen, E. C. (2020). Evolution of virulence in rust fungi- multiple solutions to one problem. *Current opinion in plant biology*, 56,20-27. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.02.007>
- Hanzalova, A., Dumalasova, V., & Zelba, O. (2020). Wheat leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks.) virulence frequency and detection of resistance genes in wheat cultivars registered in the Czech Republic in 2016–2018. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 56(3),87-92.
- Huerta-Espino, J., Singh, R., Crespo-Herrera, L. A., Villaseñor-Mir, H. E., Dreisigacker, S., & 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),540659. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00824>.
- Kokhmetova, A., Rsaliyev, S., Atishova, M., Kumarbayeva, M., Malysheva, A., Keishilov, Z., & Bolatbekova, A. (2021). Evaluation of wheat germplasm for resistance to leaf rust (*Puccinia triticina*) and identification of the sources of *Lr* resistance genes using molecular markers. *Plants*, 10(7),1484.
- Kolmer, J. (2013). Leaf rust of wheat: pathogen biology, variation and host resistance. *Forests*, 4(1),70-84.
- Kolmer, J. A. (2019). Virulence of *Puccinia triticina*, the wheat leaf rust fungus, in the United States in 2017. *Plant disease*, 103(8),2113-2120. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-18-1638-SR>
- Kolmer, J. A., & Anderson, J. A. (2011). First detection in North America of virulence in wheat leaf rust (*Puccinia triticina*) to seedling plants of wheat with *Lr21*. *Plant Disease*, 95(8),1032-1032. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-11-0275>
- Kolmer, J. A., & Ordoñez, M. E. (2007). Genetic differentiation of *Puccinia triticina* populations in Central Asia and the Caucasus. *Phytopathology*, 97(9),1141-1149.
- Kumar, K., Jan, I., Saripalli, G., Sharma, P. K., Mir, R. R., Balyan, H. S., & Gupta, P. K. (2022). An update on resistance genes and their use in the development of leaf rust resistant cultivars in wheat. *Frontiers in Genetics*, 13,816057. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.816057>.
- Malihipour, A. & Esmailzadeh Moghaddam, M. (2023). Reaction of the south warm agro-climate zone elite wheat lines of Iran to stem rust at seedling and adult-plant stages. *Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, 46(1), 87-103. <https://doi.org/10.22055/ppr.2023.42776.1674>
- McIntosh, R. A., Wellings, C. R., & Park, R. F. (1995). *Wheat rusts: an atlas of resistance genes*. CSIRO publishing, Melbourne, 208. doi:10.1007/978-94-011-0083-0
- Milus, E. A., & Line, R. F. (1986). Gene action for inheritance of durable, high-temperature, adult-plant resistance to stripe rust in wheat. *Phytopathology*, 76(4),411-435.
- Mohammadi Dehbalaei, H., Nasrollahnezhad Ghomi, A. A., Mehrabi, A. A., Zeinalinezhad, K., Soltanloo, H., & Dadrezaei, S. T. (2022). Identification of resistance sources for brown rust disease

(*Puccinia recondiata* f. sp. *tritici* Eriksson) in *Aegilops tauschii* accessions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 53(4), 185-201. (In Persian with English abstract).

Park, R., Fetch, T., Hodson, D., Jin, Y., Nazari, K., Prashar, M., & Pretorius, Z. (2011). International surveillance of wheat rust pathogens: progress and challenges. *Euphytica*, 179, 109-117.

Parlevliet, J. E. (1979). Components of resistance that reduce the rate of epidemic development. *Annual review of phytopathology*, 17(1), 203-222.

Peterson, R. F., Campbell, A. B., & Hannah, A. E. (1948). A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals. *Canadian journal of research*, 26(5), 496-500.

Qureshi, N., Bariana, H., Kolmer, J. A., Miah, H., & Bansal, U. (2017). Genetic and molecular characterization of leaf rust resistance in two durum wheat landraces. *Phytopathology*, 107(11), 1381-1387.

Randhawa, M. S., Lan, C., Basnet, B. R., Bhavani, S., Huerta-Espino, J., Forrest, K. L., & Singh, R. P. (2018). Interactions among genes *Sr2/Yr30*, *Lr34/Yr18/Sr57* and *Lr68* confer enhanced adult plant resistance to rust diseases in common wheat (*Triticum aestivum* L.) line 'Arula'. *Australian Journal of Crop Science*, 12(6), 1023-1033. doi: 10.21475/ajcs.18.12.06.PNE1305

Ren, X., Wang, C., Ren, Z., Wang, J., Zhang, P., Zhao, S., & Wang, X. (2023). Genetics of resistance to leaf rust in wheat: an overview in a genome-wide level. *Sustainability*, 15(4), 3247.

Roelfs, A. P., Singh, R. P., & Saari, E. E. (1992). *Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management*. Mexico, D.F. CIMMYT. 81 pp.

Riaz, A., Athiyannan, N., Periyannan, S., Afanasenko, O., Mitrofanova, O., Aitken, E. A., & Hickey, L. T. (2017). Mining Vavilov's treasure chest of wheat diversity for adult plant resistance to *Puccinia triticina*. *Plant disease*, 101(2), 317-323.

Soleiman, N. H., Martel, I. S., Soliman, M. H., Tort, D. V., Sánchez, F. A., Calpe, C. R., & Moreno, F. M. (2016). Emergence of a new race of leaf rust with combined virulence to *Lr14a* and *Lr72* genes on durum wheat. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 14(3), 24. <https://doi.org/10.5424/sjar/2016143-9184>

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., Huerta-Espino, J., Pfeiffer, W., & Figueroa-Lopez, P. (2004). Occurrence and impact of a new leaf rust race on durum wheat in northwestern Mexico from 2001 to 2003. *Plant disease*, 88(7), 703-708.

Stubbs, R. W., Prescott, J. M., Saari, E. E., & Dubin, H. J. (1986). *Cereal disease methodology manual*. CIMMYT, Mexico, DF. 46 pp.

Taheri-Ardestani, S., Saremi, H., Abbasi-Moghadam, A., Bihamta, M. R., & Dadrezaei, S. T. (2024). Evaluation of leaf rust resistance in selected bread wheat accessions from the National Plant Gene Bank of Iran. *Iranian Journal of Plant Protection Science*, 54(2), 261-284. (In Persian with English abstract).

Wan, A., Chen, X., & Yuen, J. (2016). Races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the United States in 2011 and 2012 and comparison with races in 2010. *Plant disease*, *100*(5),966-975.

Xiao, D., Li Liu, D., Wang, B., Feng, P., Bai, H., & Tang, J. (2020). Climate change impact on yields and water use of wheat and maize in the North China Plain under future climate change scenarios. *Agricultural Water Management*, *238*,106238.

Zhang, L., Shi, C., Li, L., Li, M., Meng, Q., Yan, H., & Liu, D. (2019). Race and virulence analysis of *Puccinia triticina* in China in 2014 and 2015. *Plant Disease*, *104*(2),455-464. <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-20-0047-RE>.

Zhang, L., Zhao, X., Liu, J., Wang, X., Gong, W., Zhang, Q., & Liu, D. (2022). Evaluation of the resistance to Chinese predominant races of *Puccinia triticina* and analysis of effective leaf rust resistance genes in wheat accessions from the US National Plant Germplasm System. *Frontiers in Plant Science*, *13*,1054673.



© 2024 by the authors. Licensee SCU, Ahvaz, Iran. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International (CC BY-NC 4.0 license) (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>)