Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)

49(1), Spring, 2026

10.22055/ppr.2026.51287.1866

Accelerated double transfer of resistance genes (*Yr5+Yr15*) into bread wheat: A marker-assisted strategy for enhanced yellow rust protection

Sh. Foroodi Safat[1], S. Pourtabrizi[2*], A. Kazemipour[3], R. Abdolshahi[4]

1. Ph.D.Student, Department of Plant Production and Genetics, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
2. ***Corresponding Author:** Ph.D, Department of Plant Production and Genetics, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran (s.pourtabrizi@empl.uk.ac.ir)
3. Associate Professor, Department of Plant Production and Genetics, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran
4. Professor, Department of Plant Production and Genetics, Shahid Bahonar University of Kerman, Kerman, Iran

Received: 1 December 2025 Revised: 14 February 2026 Accepted: 16 February 2026

Abstract

Background and Objective

The rapid evolution of plant pathogens has challenged the effectiveness of resistance genes as biological assets. Wheat yellow rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, YR) is a prominent example of this challenge. As one of the limiting factors for producing satisfactory yields, wheat yellow rust can significantly reduce yields under favorable conditions; therefore, developing strategies to confer resistance against it is particularly important. Wheat disease, once confined to colder regions, now occupies a wide geographical range, causing significant damage to wheat production. Wheat resistance to biotic and abiotic stresses, to some extent, is controlled by genetic components. This offers an opportunity to develop adaptable, yellow rust-resistant wheat varieties with higher yields. Gene pyramiding is an effective and inexpensive method for producing resistant plants by selecting genotypes that carry different combinations of genes involved in disease resistance. Research to combat this disease emphasizes the identification and development of resistance genes. *Yr15* and *Yr5* genes are among the known genes that have shown substantial resistance to various yellow rust disease races. Resistance genes such as *Yr15*, derived from closely related wild sources and retaining their effectiveness longer globally, are particularly important in developing resistant varieties. Pyramiding these two genes can confer effective resistance, with studies indicating that the resistance conferred by the combination of *Yr5* and *Yr15* has not been broken. This emphasizes the importance of conserving and utilizing these genes in wheat breeding programs. Various studies have recommended pyramiding the *Yr5+Yr15* genes to overcome resistance breakdown. Marker-assisted breeding (MAB) for pyramiding genes is being carried out worldwide.

Materials and Methods

In this research, cultivation was conducted at the Shahid Bahonar University of Kerman's research farm from 2017 to 2025. In this study, with the ultimate aim of pyramiding *Yr5* and *Yr15* into the early-heading NILs of Kalheydari, two yellow rust resistance genes were transferred at the seedling stage in separate backcrossing programs using molecular markers from standard donor parents for *Yr15* and *Yr5 (Yr15/6*Avocet 'S'* and *Yr5/6*Avocet 'S')* into the early-heading NILs of Kalheydari. To identify rust resistance genes in segregating populations, leaf samples were collected, and DNA was extracted. Polymerase chain reaction

was performed using specific primers in a gradient thermal cycler to amplify resistance or susceptibility alleles. All molecular experiments were repeated twice throughout the project to ensure reproducibility. The resulting products were separated on agarose gel using 0.5x TBE buffer, stained with DNA Green Viewer safe stain, and visualized under ultraviolet light using a gel documentation system.

Results

After five generations of backcrossing and identification of yellow rust–resistant genotypes in the BC5F1 generation using molecular markers, genotypes carrying *Yr5* and *Yr15* were crossed to pyramid the genes and enhance resistance efficiency. In the next generation, through selfing and marker-assisted selection, resistant and stable isogenic lines to wheat yellow rust were obtained. Marker-assisted backcrossing has emerged as a powerful tool in plant breeding programs. Studies have demonstrated that employing Marker-assisted backcrossing in backcross breeding is more efficient than phenotypic selection. This approach accelerates the breeding process by approximately two years compared to traditional marker-free backcrossing methods.

Discussion

Yellow rust disease has consistently posed a threat to wheat production. While numerous race-specific resistance genes have been identified, the resistance conferred by these genes is unstable due to the rapid evolution of the pathogen. Transferring and pyramiding yellow rust resistance genes into wheat cultivars not only prevents yield losses during epidemic years and establishes durable resistance but also has positive environmental impacts. Utilizing a combination of classical breeding and marker-assisted backcrossing can accelerate transferring of yellow rust resistance genes into superior bread wheat cultivars and lines. Developing early-heading isogenic lines of the Kalheydari variety can help to prevent disease epidemics and economic losses during both epidemic and drought years. It can also play a crucial role in developing resistant cultivars and reducing the costs of disease control.

Keywords: Gene Pyramiding, Kalheydari, Durable resistance, Seedling resistance, Strip rust

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

Citation: Foroodi Safat, Sh., Pourtabrizi, S., Kazemipour, A. & Abdolshahi, R (2026). Accelerated double transfer of resistance genes (*Yr5+ Yr15*) into bread wheat: A marker-assisted strategy for enhanced yellow rust protection. *Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, *49*(1), 41-55. https://doi.org/10.22055/ppr.2026.51287.1866

گیاه‌پزشکی (مجله علمی کشاورزی)
جلد ۴۹، شماره ۱، بهار ۱۴۰۵
10.22055/ppr.2026.51287.1866

تسریع در انتقال مضاعف ژن‌های مقاومت (*Yr5+Yr15*) به گندم نان: یک راهبرد با کمک نشانگر برای محافظت بهینه در برابر زنگ زرد

شهرزاد فرودی صفات[۱]، ثریا پورتبریزی*[۲]، علی کاظمی پور[۳]، روح اله عبدالشاهی[۴]

۱- دانشجو دکتری تخصصی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان،کرمان، ایران
۲- * **نویسنده مسوول**: دکتری تخصصی، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان،کرمان، ایران
۳- دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان،کرمان، ایران
۴- استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۹/۱۰ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۱۱/۲۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۱۱/۲۷

چکیده

تکامل سریع عوامل بیماری‌زای گیاهی، کارآمدی ژن‌های مقاومت را به عنوان سرمایه‌های زیستی، با چالش مواجه کرده است. عامل بیماری زنگ زرد گندم(*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, YR) یک نمونهٔ بارز از این چالش است. بیماری زنگ زرد گندم، به‌عنوان یکی از عوامل محدودکنندهٔ تولید محصول با عملکرد مطلوب، در شرایط مناسب می‌تواند تا میزان قابل توجهی عملکرد محصول را کاهش دهد، بنابراین توسعهٔ راهکارهای ایجاد مقاومت در برابر آن، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. ژن‌های *Yr15* و *Yr5* از جمله ژن‌های شناخته شده‌ای هستند که مقاومت قابل توجهی در برابر نژادهای مختلف زنگ زرد نشان داده‌اند. مطالعات مختلف، برای غلبه بر شکست مقاومت، ترکیب ژن‌های *Yr5+Yr15* را توصیه کرده‌اند. در این پژوهش با هدف نهایی هرمی کردن ژن‌های*Yr5* و*Yr15* در رقم گندم کل‌حیدری زودرس، دو ژن مقاومت به زنگ زرد در مرحلهٔ گیاهچه‌ای در برنامه‌های تلاقی برگشتی جداگانه و به کمک نشانگرهای مولکولی از طریق والدهای بخشندهٔ استاندارد *Yr15* و *Yr5* (*Yr15/6*Avocet 'S'* و *Yr5/6*Avocet 'S'*) به رقم کل‌حیدری زودرس منتقل شدند. پس از انجام پنج نسل تلاقی برگشتی و شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به زنگ زرد در نسل BC_5F_1 با استفاده از نشانگرهای مولکولی، ژنوتیپ‌های دارای ژن‌های *Yr5* و*Yr15* به منظور هرمی‌کردن و افزایش کارایی مقاومت با یکدیگر تلاقی داده شدند. در نسل بعد، با انجام خودگشنی و انتخاب به کمک نشانگر، لاین‌های ایزوژن مقاوم و پایدار به زنگ زرد گندم حاصل شد. این دستاورد می‌تواند از بروز اپیدمی‌های بیماری و خسارات اقتصادی جلوگیری کرده و نقش مهمی در توسعهٔ ارقام مقاوم و کاهش هزینه‌های مبارزه ایفا کند.

کلیدواژه‌ها: کل‌حیدری، زنگ نواری، مقاومت پایدار، مقاومت گیاهچه‌ای، هرمی سازی ژن

دبیر تخصصی: دکتر سعید عباسی

مقدمه

تولید سالانه بیش از ۷۶۰ میلیون تن گندم از سطحی بالغ بر ۲۲۰ میلیون هکتار در سراسر جهان نشان‌دهندهٔ اهمیت گندم (*Triticum aestivum L.*) به عنوان محصولی راهبردی و منبع اصلی تامین غذای جمعیت جهانی است. با افزایش جمعیت، پیش‌بینی می‌شود تقاضا برای گندم تا سال ۲۰۵۰ با رشد ۳۳ درصدی معادل نرخ سالانه ۱٫۶ درصد، روبرو شود (FAO, 2010; Msundi et al., 2021). مطالعات و گزارش‌ها در دنیا نشان داده است، حدود ۱۶ درصد از خسارت محصول گندم، ناشی از عوامل بیماری‌زا است (Strange & Scott, 2005). زنگ نواری یا زرد (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, YR)، یکی از مهم‌ترین بیماری‌های قارچی گندم محسوب می‌شود که به عنوان عامل محدودکنندهٔ تولید، نقش حیاتی در کاهش عملکرد این گیاه ایفا می‌کند (Afzalifar et al., 2022; Soweizy et al., 2016). بنابراین توسعهٔ راهکارهای ایجاد مقاومت در برابر این بیماری، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است (Singh et al., 2005). بیماری زنگ با جذب مواد غذایی از بافت‌های برگ علاوه بر کاهش فتوسنتز و رشد گیاه، منجر به افت کیفیت دانه و عملکرد نیز می‌شود (Liu et al., 2020; Chen, 2005; Line, 2002). این بیماری که پیش‌تر محدود به مناطق سردسیر بود، اکنون دامنهٔ جغرافیایی وسیعی پیدا کرده و خسارات قابل توجهی به تولید گندم وارد می‌آورد.

مقاومت گندم در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی تا حدودی تحت کنترل مولفه‌های ژنتیکی است، که این امر فرصتی را برای توسعهٔ ارقام گندم سازگار و مقاوم با عملکرد بالاتر فراهم می‌آورد. برنامه‌های به‌نژادی گندم، از جمله فعالیت‌های مرکز بین‌المللی بهبود ذرت و گندم[1]، با ادغام تنوع ژنتیکی مرتبط با مقاومت به بیماری‌ها و ویژگی‌های زراعی مطلوب، به توسعهٔ ارقامی منجر شده‌اند که عملکرد بالا و سازگاری مناسبی با شرایط محیطی مختلف دارند (Msundi et al., 2021). اثر بخشی ژن‌های مقاومت که به عنوان منابع زیستی ارزشمند شناخته می‌شوند، به دلیل تکامل سریع بیمارگرها با مشکلاتی مواجه شده است. زنگ زرد گندم به‌عنوان یک نمونهٔ برجسته، نمایانگر این چالش است. پژوهش‌ها در راستای مهار این بیماری، بر شناسایی و توسعهٔ ژن‌های مقاوم متمرکز شده است. ژن‌های *Yr15* و *Yr5* از جمله ژن‌های شناخته شده‌ای هستند که مقاومت قابل توجهی در برابر نژادهای مختلف زنگ زرد از خود نشان داده‌اند. در گونه *Triticum dicoccoides* در سال ۱۹۸۹، ژن *Yr15* شناسایی و بعد از تلاقی این گونه با *Triticum turgidum*، مقاومت از طریق پل ژنتیکی به گندم منتقل شد (Gerechter-Amitai et al., 1989). ژن *Yr15* در ابتدا به صورت سیتوژنتیکی و سپس با نشانگرهای آر اف ال پی [2] و رپید[3] نقشه‌برداری شد. مکان‌های کروموزومی این ژن‌ها از قبل مشخص شده است (McIntosh et al., 2018; Murphy et al., 2009; Sun et al., 1997). ژن *Yr15* بر روی بازوی کوتاه کروموزوم 2B قرار دارد (Yaniv et al., 2015). یکی دیگر از ژن‌های مقاومت، ژن *Yr5* است که روی بازوی بزرگ کروموزوم 2B قرار دارد و مقاومت به زنگ زرد را از مرحلهٔ گیاهچه تا گیاه بالغ فراهم می‌آورد (Law, 1976)، که همانند ژن قبلی، این ژن نیز به صورت سیتوژنتیکی نقشه‌برداری شده است (McIntosh et al., 2018; Murphy et al., 2009; Sun et al., 1997). مطالعات متعددی نشان می‌دهند که ژن‌هایی مانند *Yr15*، *Yr62* و *Yr65* توان ایجاد مقاومت کامل و طولانی‌مدتی در برابر زنگ زرد را دارا هستند (Liu et al., 2020).

پژوهش‌های متعددی بر روی ژن‌های زنگ زرد صورت گرفته است. در پژوهشی که در قزاقستان بر روی ۷۰ ژنوتیپ گندم زمستانه انجام شد، مشخص گردید که در اغلب این ژنوتیپ‌ها، ژن‌های مقاومت به زنگ زرد *Yr10*، *Yr5* و *Yr15* وجود دارند و منابع ارزشمندی در برنامه‌های به‌نژادی به منظور بهبود مقاومت گندم زمستانه به زنگ زرد هستند

[1] CIMMYT

[2] Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP)

[3] Random amplified polymorphic DNA (RAPD)

(Kokhmetova et al., 2021). در کالیفرنیا از میان ژن‌های شناخته شدهٔ مقاومت به زنگ، ژن‌های *Yr5* و *Yr15* مقاومت کامل‌تری نسبت به نژادهای موجود زنگ زرد نشان دادند و برای غلبه بر شکست مقاومت به این بیماری، ترکیب *Yr15+Yr5* مورد استفاده قرار گرفته است (Marchal et al., 2018). در پژوهش‌هایی که برای مطالعه مقاومت به زنگ زرد در چین نیز انجام شده است ژن‌های *Yr5* و *Yr15* مقاومت خود را نسبت به این بیماری حفظ کرده‌اند (Liu et al., 2020). در پژوهشی که قبل از این پژوهش حاضر انجام شد، انتقال دو ژن مقاومت به زنگ زرد، *Yr5* و *Yr15*، در برنامه‌های تلاقی برگشتی به کمک نشانگر به ارقام روشن، مهدوی، شیراز و کل‌حیدری به عنوان راهکاری برای ایجاد مقاومت در سال‌های با بارندگی مطلوب و امکان بروز اپیدمی در این بیماری، ارائه شده است (Pouryousefi et al., 2022a, b). نشانگرهای اختصاصی ژن *Yr5* که یکی از پایدارترین ژن‌های مقاومت در مرحله گیاهچه‌ای است، در سال ۲۰۱۸ شناسایی شد (Marchal et al., 2018). نشانگرهای اختصاصی ژن *Yr15* که از ارقام وحشی خویشاوند گندم، به ارقام گندم نان منتقل شده است، نیز در همین سال معرفی شدند (Klymiuk et al., 2018).

انتخاب به کمک نشانگر[1] به عنوان ایده‌ای نوین به‌نژادگران را کمک می‌کند تا انتخاب دقیق‌تری بر اساس ژنتیک انجام دهند (Gupta et al., 2010). مطالعات نشان داده‌اند که انتخاب با کمک نشانگر در تلاقی برگشتی، کارآمدتر از گزینش فنوتیپی است. این روش، فرآیند به‌نژادی را در مقایسه با تلاقی برگشتی بدون نشانگر، حدود دو سال تسریع می‌کند (Rutkoski et al., 2022). لذا، این شیوه، نقش مهمی در هرمی کردن ژن‌ها و توسعهٔ لاین‌های گندم ایفا می‌نماید (Koebner & Summers, 2003). هرمی کردن ژن‌ها، چشم‌انداز روشن‌تری برای دستیابی به مقاومت پایدار در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی دارد. اگرچه این راهکار طولانی و هزینه‌بر است، اما با کمک انتخاب توسط نشانگر می‌تواند هرمی شدن ژن‌ها را به‌طور مؤثر در یک زمینهٔ ژنتیکی تسهیل کند (Joshi & Nayak, 2010). از سوی دیگر توالی‌یابی و توسعهٔ نشانگرهای مولکولی اختصاصی، مشکلات اجرایی و زمان‌بر بودن این روش را به خوبی برطرف کرده است.

تکامل سریع عوامل بیماری‌زا به شکست مقاومت اکثر ژن‌های شناسایی شده منجر می‌شود (Beddow et al., 2015). از این رو هرمی کردن ژن‌ها با استفاده از روش انتخاب به کمک نشانگر، می‌تواند دستیابی به مقاومت پایدار را در برابر زنگ زرد در گیاه بالغ را در پی داشته باشد (Msundi et al., 2021; Liu et al., 2020). مطالعات نشان داده‌اند ژن‌های *Yr5*، *Yr15*، *Yr18*، *Yr36* و *Yr46* به دلیل الگوهای متفاوت ژنتیکی بروز مقاومت در برابر زنگ زرد، گزینه‌های مناسبی برای هرمی کردن هستند (Klymiuk et al., 2018). بر اساس این یافته‌ها، هرمی کردن چند ژنی، با بیش از چهار ژن *Yr*، به عنوان یک روش مؤثر در بهبود مقاومت پایدار در برابر این بیماری قارچی شناخته می‌شود. این شیوه، روشی مؤثر و ارزان برای تولید گیاهان مقاوم با استفاده از انتخاب کارآمد ژنوتیپی است که ترکیبی متفاوت از ژن‌ها را برای مقاومت در برابر بیماری دارا می‌باشند. لاین‌های هرمی با حداکثر ژن‌های مقاوم به زنگ می‌توانند به عنوان گیاهانی با عملکرد مناسب و مقاومت بیشتر کشت شوند (Bibi et al., 2022). شایان ذکر است، ژن‌های مقاومت مانند *Yr15*، که از منابع وحشی نزدیک به گونه مشتق شده‌اند، در تولید ارقام مقاوم از اهمیت خاصی برخوردارند. زیرا معمولاً مدت زمان بیشتری، مقاومت خود را در سطح جهانی حفظ می‌کنند. افزون بر این، پژوهش‌ها نشان می‌دهند که هرمی کردن ژن‌های متعدد اثر منفی قابل توجهی بر صفات مهم زراعی مانند ارتفاع گیاه، طول سنبله، تعداد پنجه و وزن هزار دانه ندارد (Liu et al., 2020). این پژوهش بر این نکته تأکید دارد که، با در نظر گرفتن اهمیت نظریه هرمی کردن ژن‌ها، احتمال شکست همزمان مقاومت ژن‌های *Yr5* و *Yr15* بسیار اندک است. در نتیجه، در صورتی‌که مقاومت یکی از این ژن‌ها شکسته شود، ژن دوم

[1] Marker-Assisted Selection (MAS)

تضمین‌کننده تداوم مقاومت ژنتیکی در رقم خواهد بود. با وجود آنکه مقاومت مبتنی بر دو ژن نسبت به مقاومت تک‌ژنی به مراتب پایداری بیشتری دارد، امکان شکسته شدن مقاومت هر دو ژن در بلندمدت منتفی نیست. با این حال، از آنجا که عمر مفید اقتصادی ارقام زراعی عموماً کمتر از یک دهه است، شانس پایداری بالای مقاومت در لاین جدید ایجاد شده، قابل توجیه خواهد بود. بر اساس این دیدگاه، هدف پژوهش حاضر، در ادامهٔ مطالعات قبلی، هرمی کردن ژن‌های *Yr5* و *Yr15*در لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس، از طریق روش انتخاب به کمک نشانگر است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

در این پژوهش بذور لاین‌های استاندارد *Yr15/6*Avocet 'S'* و *Yr5/6*Avocet 'S'* تهیه شده از مؤسسهٔ تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به‌عنوان والدین مقاوم به بیماری زنگ زرد (والد بخشنده) و رقم کل‌حیدری و لاین ایزوژن نزدیک کل حیدری زودرس در دو مرحله از این پژوهش به‌عنوان والدین گیرنده (تکراری) مورد استفاده قرار گرفتند. کل‌حیدری یک رقم گندم نان زمستانه و مقاوم به خشکی است که به طور گسترده در شرایط دیم در مناطق غربی ایران کشت می‌شود. با توجه به کمبود آب در بیشتر مناطق ایران حتی گندم آبی نیز ناگزیر در چنین شرایطی درجه‌ای از تنش خشکی را تجربه می‌کند. بر این اساس، تحمل به خشکی یک ویژگی مهم برای انواع ارقام گندم محسوب می‌شود. این رقم (کل حیدری)، نیمه دیررس است (Abdolshahi et al., 2013). از سوی دیگر، رقم اکسکلیبر[1] یک رقم استرالیایی بهاره و زودرس می‌باشد. در یک برنامهٔ به‌نژادی مجزا از پژوهش حاضر، با استفاده از تلاقی برگشتی، زودرسی از رقم استرالیایی اکسکلیبر (والد بخشنده) به رقم ایرانی کل‌حیدری منتقل شد و پس از ۵ نسل تلاقی برگشتی و خودگشنی (BC_5F_5)، لاین‌های ایزوژن نزدیک[2] به دست آمدند. افزایش قابل توجه عملکرد دانهٔ لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس در مقایسه با والد اصلی آن در مناطق دیم، در واقع نویدبخش جبران خسارات ناشی از کاهش بارندگی در طول فصل و تنش خشکی انتهای فصل بر عملکرد دانه در این مناطق بود. راهبرد زودرسی گندم می‌تواند به طور بالقوه به حفظ یا حتی بهبود عملکرد در مناطق دیم که با چنین چالش‌هایی روبرو هستند،کمک کند (Dorrani-Nejad et al., 2022). لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس برخلاف خصوصیات مثبت، پتانسیل مقاومت مطلوب در برابر زنگ را ندارد.

ایجاد لاین‌های ایزوژن

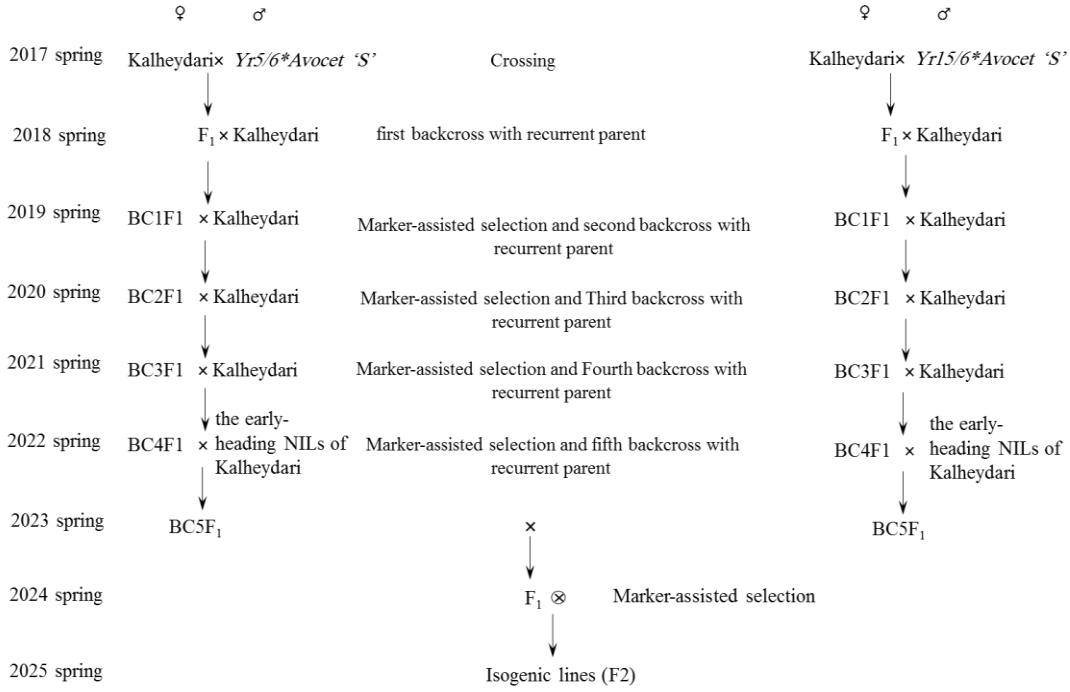
از تلاقی رقم کل حیدری با والدین دارای ژن مقاومت و انجام سه تلاقی برگشتی، جمعیت اولیه برای ایجاد مقاومت به زنگ زرد در پژوهش‌های قبل ایجاد شد (Pouryousefi et al., 2022a). پژوهش حاضر، در مزرعهٔ تحقیقاتی دانشگاه شهید باهنر کرمان با مختصات ۳۰/۲۸ درجهٔ عرض جغرافیایی شمالی و ۵۷/۰۳ درجهٔ طول جغرافیایی شرقی انجام شد. کاشت بذور به‌صورت دستی انجام شد. فاصلهٔ بین و روی ردیف‌ها به ترتیب ۴۰ و ۲۰ سانتی‌متر و عمق کاشت ۵-۴ سانتی‌متر لحاظ شد. آبیاری غرقابی با دور ده روز یکبار انجام شد. این مطالعه با هدف انتقال ژن‌های مقاومت *Yr5* و *Yr15*از سال ۱۳۹۶، در دو برنامهٔ تلاقی برگشتی مجزا و با تلاقی بین والدین بخشنده و والد تکراری کل‌حیدری آغاز شد. عملیات دورگ‌گیری در طول پروژه شامل انتخاب پایهٔ مادری مناسب، اخته نمودن سنبلهٔ مادری، آماده نمودن پایهٔ پدری و انجام عملیات گرده‌افشانی بود (شکل ۱).

تا سال ۱۴۰۰، ضمن انجام سه نسل تلاقی برگشتی با والد تکراری(کل‌حیدری)، انتخاب نتاج به کمک نشانگرهای مولکولی انجام شد (شکل۲ و۳). در یک پژوهش موازی و جداگانه، زودرسی با استفاده از روش تلاقی برگشتی از رقم استرالیایی اکسکلیبر (والد بخشندهٔ زودرس) به رقم کل‌حیدری (والد تکراری نیمه دیررس) منتقل شد. در نسل BC_5F_5 حاصل از پژوهش زودرسی، لاین‌های ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس به‌دست آمد. در ادامهٔ پژوهش زنگ زرد از این لاین‌های ایزوژن نزدیک به عنوان والد

[1] Excalibur

[2] Near-isogenic lines (NILs)

تکراری و جایگزین مناسب رقم نیمه دیررس کل‌حیدری استفاده شد و پژوهش در بهار سال ۱۴۰۱ با انجام تلاقی برگشتی چهارم در هر دو برنامهٔ انتقال ژن‌های مقاومت *Yr5* و *Yr15* ادامه یافت. بعد از آنکه در این نسل، نتاج هموزیگوت به کمک نشانگرهای مولکولی شناسایی شدند، در بهار سال ۱۴۰۲ بین نتاج هموزیگوت حاوی ژن مقاومت *Yr5* و نتاج هموزیگوت حاوی ژن مقاومت *Yr15* تلاقی انجام شد. برای توسعهٔ لاین ایزوژن حاوی هر دو ژن مقاومت *Yr5* و *Yr15* (هرمی) در پس‌زمینهٔ ژنتیکی لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس، نتاج انتخاب شده توسط نشانگرهای مولکولی، خودگشن شدند.



شکل ۱- توسعهٔ لاین‌های ایزوژن (ILs) برای ژن‌های *Yr5* و *Yr15* با استفاده از تلاقی برگشتی به کمک نشانگر

Figure 1. Development of isogenic lines (ILs) for *Yr5*, *Yr15* genes using marker assisted backcrossing

آزمایش‌های مبتنی بر پی سی آر و نشانگرهای مولکولی

جهت شناسایی ژن‌های مقاومت به زنگ در جمعیت‌های در حال تفرق، نمونه‌های برگی تهیه و استخراج دی ان ای ژنومی با ایجاد تغییراتی در روش Zhang et al. (1998) انجام شد. کیفیت و کمیت دی ان ای استخراج شده با روش‌های اسپکتروفتومتری[۱] و الکتروفورز ژل آگارز ارزیابی شد. برای بررسی حضور یا عدم حضور ژن *Yr5* از نشانگر مولکولی *KASP Yr5* استفاده شد (Marchal et al., 2018). از دلایل محبوبیت این نشانگر در ارزیابی مقاومت، می‌توان به هم‌بارز بودن و تولید باندهای واضح و قابل‌شمارش اشاره کرد، علاوه بر این، سهولت استفاده از آن به‌دلیل تفاوت اندازهٔ آلل‌های پیوسته با مقاومت و آلل حساسیت، از دیگر مزایای این نشانگر محسوب می‌شود. آلل پیوسته با مقاومت در این نشانگر با اندازهٔ ۸۵۸ جفت باز و آلل حساسیت با اندازهٔ ۸۳ جفت باز روی ژل آگارز مشاهده می‌شوند (Marchal et al., 2018). نشانگر مولکولی برای شناسایی ژن *Yr15* با استفاده از آغازگر *UHW-250* تکثیر شد. در این نشانگر، طول باند آلل پیوسته با مقاومت برابر ۱۳۵۵ جفت باز است و آلل حساسیت بدون باند می باشد (Klymiuk et al., 2018). توالی آغازگرهای مورد استفاده در جدول ۱ آورده شده است. برای تکثیر آلل‌های مقاومت یا حساسیت، واکنش

[۱] Epoch-BioTek

زنجیره‌ای پلیمراز در دستگاه ترموسایکلر گرادیان و مطابق جدول ۲ انجام شد. تمامی آزمایش‌های مولکولی در طول پروژه به‌منظور اطمینان از تکرارپذیری، دوبار تکرار شدند. در ادامه، محصولات به‌دست آمده روی ژل آگارز یک درصد TBE:0.5x جداسازی و با رنگ ایمن رنگ‌آمیزی و با اشعهٔ ماورابنفش در دستگاه عکس‌برداری از ژل مشاهده شدند. مارکر استفاده شده جهت تایید طول باندهای مورد نظر در ژل های الکتروفورز، مارکر $100bp^{+}$ محصول شرکت سیناژن بوده است.

با شناسایی ژنوتیپ‌های دارای هر یک از ژن‌های *Yr5* و *Yr15* تلاقی بین آن‌ها به منظور هرمی‌کردن این دو ژن مقاومت، صورت گرفت. در نسل بعد خودگشنی و انتخاب به کمک نشانگر صورت گرفت. جهت اطمینان از انتخاب صحیح بوته‌های دارای هر دو ژن مقاومت، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز تکرار و بعد از الکتروفورز و عکس‌برداری، صحت انتخاب تایید شد.

جدول ۱- جزئیات آللی و توالی پرایمرها برای تکثیر ژن‌های *Yr5*و *Yr15*

Table1. Allelic details and primers sequence to amplify *Yr5, Yr15* genes

Gene name	Primer name	Primer sequence	Target allele	Amplicon size (bp)	Tm	Reference
Yr5	Common Kasp	F:ATGTCGAAATATTGCATAACA TGG R:CTAGCAATCAAACAAGCTAA ATA	Resistance Sensitive	858 83	50.9	Marchal *et al.*, (2018)
Yr15	Uhw250	F:CTGCTCACTTTTTGCCTGTG R:AAAAGTTGTTGCTCTGCTTTT	Resistance Sensitive	1355 No band	53.5	Klymiuk *et al.*, (2018)

جدول ۲ - دما و زمان مراحل مختلف واکنش زنجیره‌ای پلیمراز

Table 2. Temperature and time of different stages of Polymerase Chain Reaction

Gene name	Temperature (°C)	Initial denaturation	Denaturation	Annealing	Extension	Final extension	Cycles
Yr5	دما(°C)	94	94	50.9	72	72	38
	زمان	2min	30 sec	30 sec	30 sec	45 sec	
Yr15	دما (°C)	94	94	53.5	72	72	38
	زمان	2min	30 sec	30 sec	30 sec	45 sec	

نتایج

تلاقی برگشتی به کمک نشانگر ژن *Yr5*

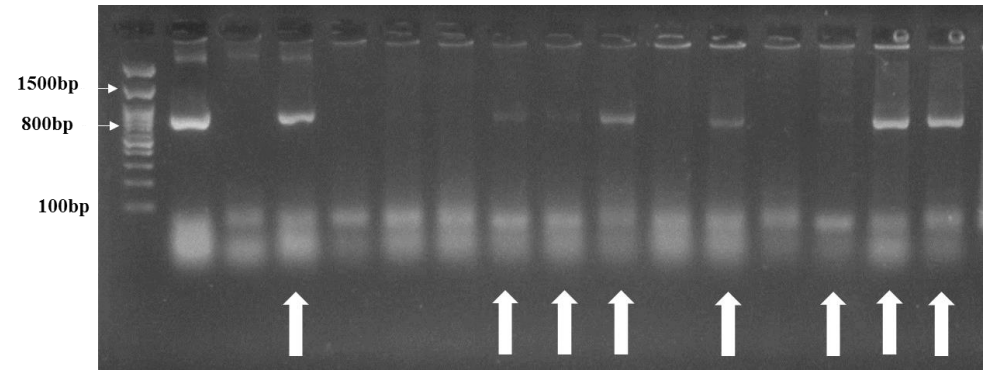
در برنامهٔ به‌نژادی گندم در دانشگاه شهید باهنر کرمان با روش تلاقی برگشتی به کمک نشانگر، این ژن به رقم گندم نان ایرانی کل‌حیدری منتقل شد. در این پژوهش، تکثیر باندی با طول ۸۵۸ جفت باز در رقم *Yr5/6*Avocet 'S'* به‌عنوان والد بخشنده و باندی به طول ۸۳ جفت باز در رقم گندم نان ایرانی کل‌حیدری، به‌ترتیب حضور آلل‌های مقاومت و حساسیت به زنگ نواری را تأیید کرد. از این تنوع ژنتیکی در گزینش و رسیدن به ژنوتیپ‌های هتروزیگوت حاصل از تلاقی برگشتی اول تا سوم استفاده شد. برخلاف حضور باند آلل حساسیت در تمامی نتاج، تنها برخی از نتاج هر دو باند آلل حساسیت و مقاومت را دارا هستند (هتروزیگوت می‌باشند). این نتاج تا تلاقی برگشتی چهارم گزینش شدند. نتایج به خوبی نشان می‌دهد که الگوی توارث این ژن هم‌بارزی است. بنابراین در مرحلهٔ آخر پژوهش و پس از خودگشنی لاین‌های به‌دست آمده از نسل آخر تلاقی برگشتی، نتاج هموزیگوت حساس (طول باند ۸۳ جفت باز)، هتروزیگوت (طول باند ۸۵۸ و ۸۳ جفت باز) و هموزیگوت مقاوم (طول باند ۸۵۸ جفت باز) به خوبی قابل ژنوتیپ‌یابی بودند (شکل ۲).

تلاقی برگشتی به کمک نشانگر ژن *Yr15*

در این ژن، آلل مقاوم دارای طول باند ۱۳۵۵ و آلل حساس بدون باند است. جمعیت حساس مورد مطالعه در این پژوهش نیز بدون باند بود. ژنوتیپ‌هایی که باند ۱۳۵۵ جفت باز را نشان دادند گزینش شدند (شکل۳). با توجه به اینکه در پژوهش حاضر بوته‌های حساس بر روی ژل باند نمی‌دهند و الگوی باندی نشانگر این ژن اختصاصی، غالبیت کامل است، در نسل‌های بعد برای تفکیک دو ژنوتیپ هموزیگوت مقاوم و هتروزیگوت، باید بذرهای هر بوته به‌صورت جداگانه روی یک خط کشت و هر بوته جداگانه ژنوتیپ‌یابی شود. به این ترتیب خطوط کامل با آلل مقاوم به عنوان ژنوتیپ‌های خالص گزینش خواهند شد.

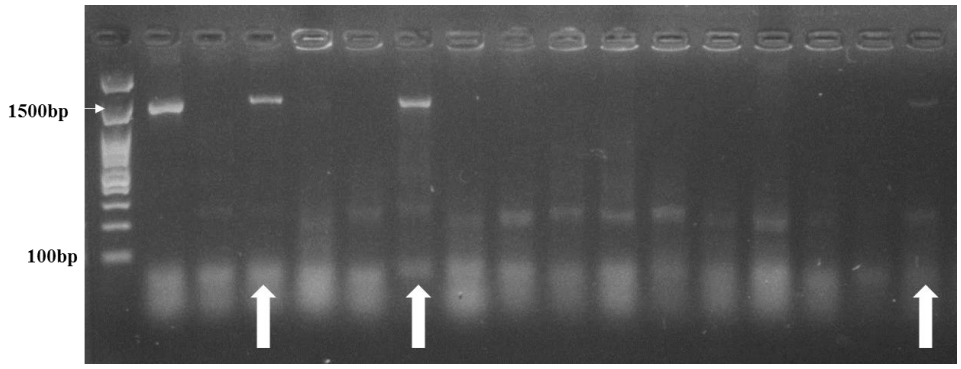
گزینش همزمان برای دو ژن *Yr5 +Yr15*

در این پژوهش، به منظور ایجاد مقاومت پایدار، هرمی کردن دو ژن *Yr15* و *Yr5* از طریق تلاقی متقابل بین ژنوتیپ‌های هتروزیگوت گزینش شده در دو ژن صورت گرفت. به منظور ژنوتیپ‌یابی، نتاجی که درآل‌های هر دو ژن هتروزیگوت بودند، گزینش شدند. به این ترتیب نتاجی که برای ژن *Yr5* هر دو طول باند ۸۵۸ و ۸۳ جفت باز و برای ژن *Yr15* طول باند ۱۳۵۵ و بدون باند را نشان دادند، مورد گزینش قرار گرفتند (شکل ۴). نتایج تکرارپذیر بررسی‌های مولکولی، نشان‌دهندهٔ انتقال موفق هر دو ژن به جمعیت مورد مطالعه در این پژوهش بود.



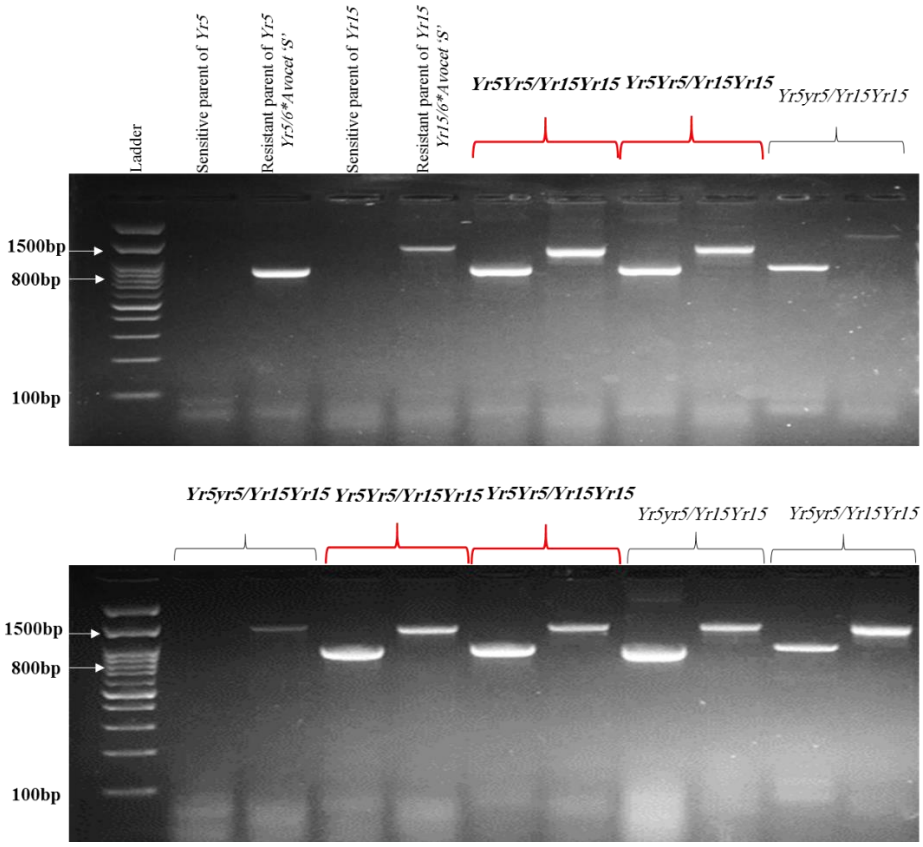
شکل ۲- تنوع ژنتیکی نتاج حاوی ژن(*Yr5*) . برخی نتایج آورده شده است.(۱) نشانگر (۱۰۰ جفت باز)؛ (۲) لاین استاندارد *Yr5/6*Avocet'S* با آلل مقاومت ژن *Yr5* (سایز باند: ۸۵۸ جفت باز)؛ (۳) رقم کل‌حیدری دارای آلل حساسیت (سایز باند: ۸۳ جفت باز). سایر ستون‌ها نتاج حاصل از تلاقی برگشتی پنجم. نتاج گزینش شده برای ژن *Yr5* (دارای دو باند مقاومت و حساسیت) با فلش نشان داده شده‌اند (برخی از نتاج آورده شده است).

Figure 2. Genetic diversity of progeny containing the gene (*Yr5*) .Some filial are shown. (1) 100bp^{+} marker (2) Standard line *Yr5/6*Avocet'S' with resistance allele of *Yr5* gene (band size 858 bp) (3) Kalheydari cultivar with sensitivity allele (band size 83 bp). The other columns are the result of the fifth backcross. The progeny selected for the *Yr5* gene (with two bands of resistance and sensitivity) are shown with arrows (some of the progenies are shown).



شکل ۳- تنوع ژنتیکی نتاج حاویژن(*Yr15*). برخی نتایج آورده شده است. (۱) نشانگر (۱۰۰ جفت باز)؛ (۲) لاین استاندارد *Yr15/6Avocet'S' با آلل مقاومت ژن *Yr15* (طول باند ۱۳۵۵ جفت باز)؛ (۳) رقم کل‌حیدری دارای آلل حساسیت (بدون باند). سایر ستون‌ها نتاج حاصل از تلاقی برگشتی پنجم. نتاج گزینش شده برای ژن *Yr15* (دارای دو باند مقاومت و حساسیت) با فلش نشان داده شده‌اند(برخی از نتاج آورده شده است).**

Figure 3. Genetic diversity of progeny containing the gene (*Yr15*). Some filial are shown.(1) 100bp^{+}marker; (2) Standard line *Yr15/6Avocet'S' with resistance allele of *Yr15* gene (band length 1355 bp); (3) Kalheydari cultivar with sensitivity allele (no band). The other columns are the result of the fifth backcross. The progeny selected for the *Yr15* gene (with two bands of resistance and sensitivity) are shown with arrows (some of the progenies are shown).**



شکل ٤- تنوع ژنتیکی نتاج حاوی دو ژن (*Yr5+ Yr15*). برخی از نتایج آورده شده است. ژنوتیپ‌های هدف با بریس پررنگ نشان داده شده اند. آلل مقاومت در ژن *Yr5*،۸۵۸ جفت باز و آلل حساس ژن *Yr5*، ۸۳ جفت باز، آلل مقاوم ژن*Yr15*، ۱۳۵۵ جفت باز و آلل حساس ژن*Yr15* بدون باند می‌باشد.

Figure 4. Genetic diversity of progeny containing the two genes (*Yr5+Yr15).* Some filial are shown. Target genotypes are indicated by bold braces. The resistant allele of the *Yr5* gene is 858 base pairs, the susceptible allele of the *Yr5* gene is 83 bp, the resistant allele of the *Yr15* gene is 1355 bp, and the susceptible allele of the *Yr15* gene shows no band.

بحث

رقم کل‌حیدری از ارقام قدیمی ایران است که بیش از هفتاد سال در استان های فارس، کهگیلویه و بویر احمد و بخش هایی از استان اصفهان کشت می‌شود. این رقم دارای تیپ رشد نیمه دیررس می‌باشد (Abdolshahi et al., 2013). در مقابل، رقم اکسکلیبر یک رقم بهاره و زودرس با منشأ استرالیایی است. با استفاده از روش تلاقی برگشتی، صفت زودرسی از والد بخشندهٔ استرالیایی (اکسکلیبر) به رقم مادری ایرانی (کل‌حیدری) منتقل گردید. پس از پنج نسل تلاقی برگشتی و خودگشنی (BC_5F_5)، لاین‌های ایزوژن نزدیک حاصل شدند. افزایش معنادار در عملکرد دانهٔ لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس در مقایسه با والد اصلی آن در شرایط دیم، نشان‌دهندهٔ کارایی این راهبرد برای جبران افت عملکرد ناشی از کاهش بارندگی فصلی و تنش خشکی پایانی فصل در این مناطق است. با این وجود، این لاین علی‌رغم دارا بودن خصوصیات مثبت ذکر شده، فاقد پتانسیل مقاومت مطلوب در برابر بیماری زنگ است.

در رابطه با زنگ زرد، علی رغم تعداد زیاد ژن‌های مقاومت نژاد اختصاصی شناسایی شده، به دلیل تکامل سریع بیمارگر، طول عمر این ژن‌ها، کوتاه گزارش شده است. به‌طوری‌که پژوهش‌ها در کالیفرنیا و چین نشان می‌دهد که فقط مقاومت دو ژن *Yr15* و *Yr5* شکسته نشده است (Marchal et al., 2018; Liu et al. 2020). در این پژوهش نیز ژن‌های *Yr15* و*Yr5* به عنوان ژن‌های مقاوم به زنگ نواری، ابتدا به رقم کل‌حیدری و در نهایت به لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس منتقل شدند. انتقال و گزینش ژن‌های مقاومت به زنگ نواری (زرد) در گندم، از جمله ژن‌های*Yr5* و*Yr15* با استفاده از نشانگرهای مولکولی، رویکردی کارآمد در برنامه‌های به‌نژادی گندم به شمار می‌رود چرا که استفاده از نشانگرهای مولکولی امکان گزینش دقیق و کارآمد ژن‌های مقاومت به زنگ زرد در گندم را فراهم می‌آورد. در ژن *Yr5* تکثیر باندی با طول ۸۵۸ جفت باز در رقم *Yr5/6*Avocet 'S'* به‌عنوان والد بخشنده و باندی به طول ۸۳ جفت باز در رقم گندم نان ایرانی کل‌حیدری به‌ترتیب حضور آلل‌های مقاومت و حساسیت به زنگ نواری را تأیید کرد (Marchal et al., 2018). از این تنوع ژنتیکی در گزینش و رسیدن به ژنوتیپ‌های هتروزیگوت حاصل از تلاقی برگشتی استفاده شد. نتایج به خوبی نشان می‌دهد که الگوی توارث این ژن هم‌بارزی است. بنابراین در مرحلهٔ آخر پژوهش و پس از خودگشنی لاین‌های به‌دست آمده از نسل آخر تلاقی برگشتی، نتاج هموزیگوت حساس (طول باند ۸۳ جفت باز)، هتروزیگوت (طول باند ۸۵۸ و ۸۳ جفت باز) و هموزیگوت مقاوم (طول باند ۸۵۸ جفت باز) به خوبی قابل ژنوتیپ‌یابی بودند که با نتایج Marchal et al., (2018) مطابقت دارد. پس از ۵ نسل تلاقی برگشتی، سهم ژنتیکی والد کل‌حیدری زودرس ۹۶/۸۷ درصد است. بنابراین با توجه این‌که سهم بالایی از درصد ژنتیکی والد تکراری حاصل شد، در ادامه پژوهش هرمی کردن ژن‌ها انجام شد. نشانگر ژن *Yr15* که از طریق تلاقی برگشتی به ارقام گندم نان منتقل شده و مقاومت پایداری را به این ارقام بخشیده است، الگوی باندی غالبیت کامل دارد. بنابراین لازم است در نسل‌های خالص‌سازی، بذرهای هر بوته جداگانه روی یک خط کشت و از هر بوته جداگانه نمونه‌گیری صورت گیرد. خطوطی که تمام بوته‌ها آلل مقاومت را داشته باشند خالص هستند و بایستی گزینش شوند. حائز اهمیت است که بدانیم وجود مقاومت تک ژنی مسالهٔ ایجاد مقاومت پایدار را با مشکل مواجه می‌سازد به عبارتی هرمی کردن ژن‌ها روش موثری برای ایجاد مقاومت پایدار به بیماری زنگ زرد است (Liu et al., 2020). ترکیب ژن‌های*Yr1*، *Yr5* ، *Yr10*، *Yr15*، *Yr24*، *YrSU* و*YrSP* موجب ایجاد مقاومت پایدار نسبت به بیماری زنگ می‌شود (Omrani et al., 2024). هرمی کردن ژن‌ها، به‌ویژه ترکیب ژن‌های *Yr5* و*Yr15* به عنوان یک راهکار مؤثر برای ایجاد مقاومت پایدار شناخته شده است (Fuchs, 2017). این دو ژن، با داشتن سازوکارهای ویژه، از مهم‌ترین ژن‌های منتخب برای هرمی کردن هستند. به‌طوری که مطالعات نشان می‌دهد که مقاومت حاصل از ترکیب دو ژن *Yr5* و*Yr15* شکسته نشده است (Marchal et al., 2018; Liu et al., 2020). هرمی کردن ژن‌های مقاومت به بیماری باعث ایجاد مقاومت

پایدارتری می‌شود. به‌نژادی به کمک نشانگر جهت هرمی کردن ژن‌ها در دنیا در حال انجام است (Kaur et al., 2020). با توجه به نظریهٔ هرمی کردن ژن‌ها، احتمال شکسته شدن همزمان این ژن ها بسیار کم است و در صورتی‌که مقاومت یکی از این ژن‌ها شکسته شود، ژن دیگر باعث ادامهٔ مقاومت ژنتیکی رقم می‌شود. اگر چه مقاومت دو ژنی نسبت به مقاومت تک ژنی پایداری بیشتری دارد ولی امکان شکسته شدن مقاومت هر دو ژن در بلند مدت وجود دارد. با این وجود با توجه به اینکه عمر مفید هر رقم کمتر از ده سال است شانس پایداری مقاومت می تواند در لاین ایجاد شده بالا باشد.

انتقال و هرمی کردن ژن‌های مقاومت به زنگ زرد در ارقام گندم، علاوه بر جلوگیری از کاهش عملکرد در سال‌های اپیدمی و ایجاد مقاومت پایدار، اثرات مطلوبی بر محیط زیست دارد. استفاده از ترکیب به‌نژادی کلاسیک و تلاقی برگشتی به کمک نشانگر[1] می‌تواند انتقال ژن‌های مقاومت به زنگ زرد را به ارقام و لاین‌های برتر گندم نان سرعت بخشد. انتقال توام ژن‌های مقاومت به زنگ زرد به ارقام و ژنوتیپ‌های حساس، مانند کل‌حیدری زودرس، می‌تواند از کاهش عملکرد ناشی از شیوع زنگ زرد جلوگیری کند. در پژوهش انجام شده روی انتقال چهار ژن مقاومت به زنگ زرد به گندم رقم کل حیدری با روش تلاقی برگشتی به کمک نشانگر، مطالعه تا نسل BC_3F_1 پیش رفت (Pouryousefi et al., 2022a). اما در این پژوهش علاوه بر پیشرفت نسل‌های تلاقی برگشتی، به منظور دستیابی به مقاومت پایدار در برابر بیماری‌ها، استراتژی هرمی کردن ژن از طریق انتقال دو ژن *Yr5* و *Yr15* مورد استفاده قرار گرفت. این عمل با انجام تلاقی‌های متقابل بین ژنوتیپ‌های هتروزیگوت گزینش‌شده در هر دو ژن صورت پذیرفت. در این فرایند بعد از انجام تلاقی بین لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس با نتاج هتروزیگویت گزینش شده در نسل BC_5F_1 در دو ژن *Yr5* و *Yr15* نسل F_1 در هر یک از برنامه های انتقال ژن *Yr5* و *Yr15* بدست آمد. این پژوهش با انجام تلاقی‌های بین دو جمعیت F_1 ادامه یافت. بعد از تولید نسل و انتخاب ژنوتیپ های هموزیگوت برای هر دو ژن، تکثیر به روش خودگشنی انجام (F_2) و لاین‌های ایزوژن هرمی شده برای دو ژن *Yr5* و *Yr15* حاصل شد. علاوه بر این در پژوهش اخیر برای اولین بار مقاومت به زنگ زرد و زودرسی در زمینه ژنتیکی رقم کل حیدری هرمی شده‌اند.

نتیجه‌گیری نهایی

در این پژوهش با هدف هرمی کردن ژن‌های *Yr5* و *Yr15* در لاین ایزوژن نزدیک کل‌حیدری زودرس، از طریق انتخاب به کمک نشانگر، لاین‌های ایزوژن مقاوم و پایدار در برابر زنگ زرد گندم به دست آمد. با توجه به بروز اپیدمی زنگ زرد در سال‌های با بارندگی مطلوب، لاین‌های مقاوم ایجاد شده در این پژوهش با کاهش عملکرد روبرو نخواهند بود و این باعث بهبود عملکرد نسبت به رقم کل حیدری حساس به زنگ است. بنابراین، این امر می‌تواند از بروز اپیدمی‌های بیماری و خسارات ناشی از آن جلوگیری کرده و نقش مهمی در توسعهٔ ارقام مقاوم، کاهش خسارات اقتصادی و هزینه‌های مبارزه ایفا نماید.

سپاس‌گزاری

نویسندگان مقاله از دانشگاه شهید باهنر کرمان به خاطر حمایت مالی این تحقیق و از مؤسسهٔ تحقیقات اصلاح و تهیهٔ نهال و بذر، به‌ویژه آقای دکتر افشاری به خاطر در اختیار قرار دادن بذور والدهای *Yr15/6*Avocet 'S'* و *Yr5/6*Avocet 'S'* سپاس‌گزاری می‌نمایند.

REFERENCES

Abdolshahi, R., Safarian, A., Nazari, M., Pourseyedi, S., & Mohamadi-Nejad, G. (2013). Screening drought-tolerant genotypes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using different

[1] Marker-Assisted Backcrossing (MAB)

multivariate methods. *Archives of Agronomy and Soil Science*, *59* (5), 685-704. https://doi.org/10.1080/03650340.2012.667080

Afzalifar, A., Ganjali, S., Afshari, F., Fahmideh, L., Bihamta, M. R., & Alipour, H. (2022). Assessment of diversity of bread wheat genotypes based on yield and yield-related traits under yellow rust disease stress condition (*Puccinia striiformis*). (In Farsi with English summary)

Beddow, J. M., Pardey, P. G., Chai, Y., Hurley, T. M., Kriticos, D. J., Braun, H. J. & Yonow, T. (2015). Research investment implications of shifts in the global geography of wheat stripe rust. *Nature Plants*, *1* (10), 1-5. https://doi.org/10.1038/nplants.2015.132

Bibi, S., Qayyum, A., Ullah, I., Baigum, K., Ali, H., & Ullah, R. (2022). Gene pyramiding for stripe rust resistance in wheat (*Triticum aestivum*). *Journal of Xi'an Shiyou University, Natural Science Edition*, *18* (12), 1192-1201.

Chen, X. M. (2005). Epidemiology and control of stripe rust on wheat (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *27*, 314-337. https://doi.org/10.1080/07060660509507230

Dorrani-Nejad, M., Kazemipour, A., Maghsoudi-Moud, A. A., & Abdolshahi, R. (2022). Wheat breeding for early heading: does it improve grain yield under drought stress and well-watered conditions? *Environmental and Experimental Botany*, *200*, 104902. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2022.104902

FAO, (2010). The State of food insecurity in the world addressing food insecurity in protracted crises. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy.

Fuchs, M. (2017). Pyramiding resistance-conferring gene sequences in crops. *Current Opinion in Virology*, *26*, 36-42. https://doi.org/10.1016/j.coviro.2017.07.004

Gerechter-Amitai, Z. K., Van Silfhout, C. H., Grama, A., & Kleitman, F. (1989). *Yr 15* a new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. *Euphytica*, *43*(1), 187-190. https://doi.org/10.1007/BF00037912

Gupta, P.K., Kumar, J., Mir, R. R., & Kumar, A. (2010). 4 Marker-assisted selection as a component of conventional plant breeding. *Plant breeding reviews*, *33*, 145. https://doi.org/10.1002/9780470535486.CH4

Joshi, R. K., Nayak, S. (2010). Gene pyramiding-A broad spectrum technique for developing durable stress resistance in crops. *Biotechnol. Mol. Biol. Rev*, *5* (3), 51-60. https://academicjournals.org/journal/BMBR/article-full-text-pdf/226183611416

Kaur, S., Kaur, J., Mavi, G. S., Dhillon, G. S., Sharma, A., Singh, R., & Chhuneja, P. (2020). Pyramiding of high grain weight with stripe rust and leaf rust resistance in elite Indian wheat cultivar using a combination of marker assisted and phenotypic selection. *Frontiers in genetics*, *11*, 593426. https://doi.org/10.3389/fgene.2020.593426

Klymiuk, V., Yaniv, E., Huang, L., Raats, D., Fatiukha, A., Chen, S. & Fahima, T. (2018). Cloning of the wheat *Yr15* resistance gene sheds light on the plant tandem kinase-pseudokinase family. *Nature communications*, *9* (1), 3735. https://doi.org/10.1038/s41467-018-06138-9

Koebner, R. M., & Summers, R. W. (2003). 21st century wheat breeding: plot selection or plate detection? *TRENDS in Biotechnology*, *21* (2), 59-63. https://doi.org/10.1016/S0167-7799(02)00036-7

Kokhmetova, A., Rsaliyev, A., Malysheva, A., Atishova, M., Kumarbayeva, M., & Keishilov, Z. (2021). Identification of stripe rust resistance genes in common wheat cultivars and breeding lines from Kazakhstan. *Plants, 10* (11), 2303. https://doi.org/10.3390/plants10112303

Law, C.N. (1976). Genetic control of yellow rust resistance in *Triticum speltaalbum*. Plant Breeding Institute, Cambridge, Annual Report 108-109.

Line, R.F. (2002). Stripe rust of wheat and barley in North America: a retrospective historical review. *Annual Review of Phytopathology, 40,* 75–118. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.40.020102.111645

Liu, R., Lu, J. and Zhou, M. (2020). Developing stripe rust resistant wheat (*Triticum aestivum* L.) lines with gene pyramiding strategy and marker-assisted selection. *Genetic Resources and Crop Evolution, 67,* 381-391. https://doi.org/10.1007/s10722-019-00868-5

Marchal, C., Zhang, J., Zhang, P., Fenwick, P., Steuernagel, B., Adamski, N. M. & Uauy, C. (2018). BED-domain-containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust. *Nature plants, 4* (9), 662-668. https://doi.org/10.1038/s41477-018-0236-4

McIntosh, R.A., Hart G.E., Gale, M.D. (2018). Catalog of gene symbols for wheat-1991 supplement. *Cereal Res Commun, 19,* 491-508. https://www.jstor.org/stable/23784297

Msundi, E. A., Owuoche, J. O., Oyoo, M. E., Macharia, G., Singh, R. P., & Randhawa, M. S. (2021). Identification of bread wheat genotypes with superior grain yield and agronomic traits through evaluation under rust epiphytotic conditions in Kenya. *Scientific Reports, 11* (1), 21415. https://doi.org/10.1038/s41598-021-00785-7

Murphy, L. R., Santra, D., Kidwell, K., Yan, G., Chen, X., & Campbell, K. G. (2009). Linkage maps of wheat stripe rust resistance genes *Yr5* and *Yr15* for use in marker-assisted selection. *Crop Science*, *49* (5), 1786-1790. https://doi.org/10.2135/cropsci2008.10.0621

Omrani, A., Afshari, F., Shahbazi, K., & Kabiri, A. (2024). Investigating the reaction of resistance to stripe rust disease (Puccinia striiformis f. sp. tritici) in commercial cultivars and promising wheat lines (candidate to be introduced as a commercial cultivar). *Plant Protection* (*Scientific Journal of Agriculture*), 47(3), 79-97. (In Farsi with English summary). https://doi.org/10.22055/PPR.2024.48221.1769

Pouryousefi, K., Pourtabrizi, S., Mohamadinejad, G., Ghaderi, M., Nakhoda, B., & Abdolshahi, R. (2022a). Transferring four yellow rust resistance genes to wheat cv. Kalhaydari using marker assisted backcrossing. *Plant pathology, 57* (4): 291-301. (In Farsi with English summary). https://doi.org/10.22034/IJPP.2022.545750.377

Pouryousefi, K., Afshari, F., Pourtabrizi, S., Abdolshahi, R. (2022b). Transferring of Yr5 and Yr15 genes using marker assisted back cross to confer yellow rust resistance. *Modern Genetics Journal, 17* (1): 79-85. (In Farsi with English summary).

Rutkoski, J. E., Krause, M. R., & Sorrells, M. E. (2022). Breeding methods: population improvement and selection methods. In wheat improvement: Food Security in a Changing Climate, pp. 83-96. Cham: Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_6

Singh, R. P., Huerta-Espino, J. U. L. I. O., & William, H. (2005). Genetics and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts in wheat. *Turkish journal of agriculture and forestry, 29* (2), 121-127.

Soweizy, M., Afshari, F., & Rezaee, S. (2016). The Pathogenicity of Puccinia striiformis f. sp. tritici in Iran in 2012-2013 growing season. *Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, *39*(2), 13-22. https://doi.org/10.22055/PPR.2016.11971

Strange, R. N., Scott, P. R. (2005). Plant disease: a threat to global food security. *Annu. Rev. Phytopathol., 43* (1), 83-116. https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.43.113004.133839

Sun, G. L., Fahima, T., Korol, A. B., Turpeinen, T., Grama, A., Ronin, Y. I., & Nevo, E. (1997). Identification of molecular markers linked to the *Yr15* stripe rust resistance gene of wheat originated in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Theoretical and Applied Genetics*, *95* (4), 622-628. https://doi.org/10.1007/s001220050604

Yaniv, E., Raats, D., Ronin, Y., Korol, A. B., Grama, A., Bariana, H. & Fahima, T. (2015). Evaluation of marker-assisted selection for the stripe rust resistance gene *Yr15*, introgressed from wild emmer wheat. *Molecular breeding*, *35* (1), 43. https://doi.org/10.1007/s11032-015-0238-0

Zhang, Y. P., Uyemoto, J. K., & Kirkpatrick, B. C. (1998). A small-scale procedure for extracting nucleic acids from woody plants infected with various phytopathogens for PCR assay. *Journal of Virological Methods, 71* (1), 45-50. https://doi.org/10.1016/S0166-0934(97)00190-0

© 2026 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/.