University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research
Vol. 15, No. 2, Summer 2025 (133-148)
doi: 10.22124/CR.2025.29962.1859
pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115

RESEARCH PAPER **OPEN ACCESS**

Assessing resistance to *Fusarium* head blight in bread and durum wheat genotypes under field conditions

Shahriyar Kia[1*] and Naser Mohammadi[2]

1. Research Assistant Professor , Department of Crop and Horticulture Science Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran ([*] Corresponding author: sh.kia@areeo.ac.ir)
2. Research Assistant Professor, Dryland Agricultural Research Institute (DARI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Maragheh, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

Fusarium head blight (FHB), caused by the fungus *Fusarium graminearum*, is one of the most important and damaging fungal diseases of wheat in different regions of the world, especially in warm and humid regions. FHB reduces grain yield as well as grain quality by contamining grains with mycotoxins. Widespread epidemics have occurred in different parts of the world in the last few decades. The most efficient, economical, and environmentally healthy method for managing and controlling this disease is to use resistant or tolerant wheat varieties. Resistant wheat varieties to FHB that are well adapted to the climatic conditions of all wheat production regions in the world have not yet been identified. The present study was conducted to identify resistant bread and durum wheat genotypes to *Fusarium* head blight. The findings of this study will provide breeders with valuable information about the resistance and susceptibility of bread and durum wheat genotypes to *Fusarium* head blight, which they can use to develop resistant wheat varieties in future breeding programs.

Materials and methods

In this study, 138 bread and durum wheat genotypes obtained from the Dryland Agricultural Research Institute, Maragheh, Iran, were evaluated for resistance to *Fusarium* head blight disease at the Araghi-Mahaleh Agricultural Research Station, Gorgan, Iran, during two cropping years (2022-23 and 2023-24). Spikes were inoculated using a suspension of pathogenic fungal spores twice at 50% flowering stage with an interval of two days. The evaluated traits in each genotype included disease incidence, disease severity, and disease index. For statistical analysis of the data, first the frequency distribution of each measured traits in the studied population was assessed, and then the pairwise correlation among the traits was separately calculated in each year. To group the studied bread and durum wheat genotypes, K-means cluster analysis was also used, and the relationship between the genotypes and the resulting clusters was examined using the multidimensional scaling method.

Research findings

The results of this study on bread and durum wheat genotypes evaluated in two years 2022-23 and 2023-24 showed that the average disease incidence was 32.36% and 39.35%, the average disease severity was 26.27% and 27.5%; and the average disease index was 11.27% and 13.14%, respectively. The studied genotypes using K-means cluster analysis grouped into seven distinct groups, and the third group consisting of 33 genotypes exhibited the lowest average disease incidence, disease severity, and disease index compared to the other groupes, and was identified as the most resistant group. These genotypes included G01 (Baran), G02 (Sadra), G04 (Jam), G06 (Shalan), G07 (Hoor), G11, G14, G16,

G17, G18, G19, G20, G27, G29, G30, G31, G32, G34, G36, G37, G39, G42, G44, G45, G46, G47, G48, G54, G83, G94, G117, G132 and G139.

Conclusion

Among the 138 bread and durum wheat genotypes evaluated in this study, 33 genotypes were identified as resistant to *Fusarium* head blight. These genotypes which probably contain valuable resistance genes against *Fusarium* head blight disease, are recommended for use in future breeding programs to develop resistant varieties in bread and durum wheat.

Keywords: Disease index, FHB, Fungal toxin, Germplasm

Received: March 1, 2025 Accepted: August 6, 2025

Cite this article:

Kia, S., & Mohammadi, N. (2025). Assessing resistance to *Fusarium* head blight in bread and durum wheat genotypes under field conditions. *Cereal Research*, *15*(2), 133-148. doi: 10.22124/CR.2025.29962.1859.

تحقیقات غلات
دوره پانزدهم، شماره دوم، تابستان ۱۴۰۴ (۱۴۸-۱۳۳)
doi: 10.22124/CR.2025.29962.1859
مقاله پژوهشی
دسترسی آزاد

بررسی مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم در شرایط مزرعه

شهریار کیا[1]* و ناصر محمدی[2]

۱- استادیار پژوهش، بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران (* نویسنده مسئول: sh.kia@areeo.ac.ir)
۲- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، مراغه، ایران

چکیده جامع

مقدمه: بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله (FHB) که توسط قارچ *Fusarium graminearum* ایجاد می‌شود، یکی از مهم‌ترین و خسارت‌زاترین بیماری‌های قارچی گندم در مناطق مختلف جهان به‌ویژه مناطق گرم و مرطوب می‌باشد. این بیماری علاوه بر کاهش عملکرد دانه از طریق تولید توکسین‌های قارچی، باعث کاهش کیفیت محصول نیز می‌شود. این بیماری طی چند دهه گذشته، همه‌گیری‌های گسترده‌ای در مناطق مختلف جهان ایجاد کرده است. کارآمدترین، اقتصادی‌ترین و سالم‌ترین روش از نظر زیست‌محیطی برای مدیریت و کنترل این بیماری، استفاده از رقم‌های گندم مقاوم یا متحمل است. رقم‌های گندم مقاوم به این بیماری که به‌خوبی با شرایط اقلیمی تمامی مناطق تولید گندم در جهان سازگار باشند، تا کنون شناسایی نشده‌اند. این پژوهش به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مقاوم به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله انجام شد. یافته‌های این مطالعه، اطلاعات ارزش‌مندی در مورد مقاومت و حساسیت ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله ارائه خواهد داد که می‌توان از آن به‌منظور تهیه ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری در برنامه‌های به‌نژادی آینده استفاده کرد.

مواد و روش‌ها: در این پژوهش، تعداد ۱۳۸ ژنوتیپ گندم نان و دوروم که از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور (مراغه) دریافت شد، از نظر مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله گندم در ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی محله گرگان به‌مدت دو سال زراعی (۱۴۰۳-۱۴۰۱) مورد ارزیابی قرار گرفتند. مایه‌زنی سنبله‌ها با استفاده از سوسپانسیون اسپورهای قارچ بیمارگر، دو بار با فاصله دو روز در مرحله ۵۰ درصد گلدهی انجام شد. صفات ارزیابی شده در هر ژنوتیپ، شامل میزان وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری بود. برای تجزیه و تحلیل آماری داده‌ها، ابتدا توزیع فراوانی هر یک از صفات اندازه‌گیری شده در جمعیت مورد مطالعه، بررسی و سپس همبستگی دو به دوی بین صفات به‌طور جداگانه در هر سال محاسبه شد. به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مطالعه شده نیز از تجزیه خوشه‌ای به‌روش K-means استفاده شد و سپس ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و خوشه‌های به‌دست آمده با روش مقیاس‌بندی چندبعدی مورد بررسی قرار گرفت.

یافته‌های تحقیق: نتایج این پژوهش نشان داد که میانگین وقوع بیماری در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مورد بررسی در دو سال ۰۲-۱۴۰۱ و ۰۳-۱۴۰۲ به‌ترتیب ۳۲/۳۶ و ۳۹/۳۵ درصد، میانگین شدت بیماری به‌ترتیب ۲۶/۲۷ و ۲۷/۵ درصد و میانگین شاخص بیماری به‌ترتیب ۱۱/۲۷ و ۱۳/۱۴ درصد بود. ژنوتیپ‌های مورد بررسی با تجزیه خوشه‌ای به‌روش K-means

در هفت گروه متمایز دسته‌بندی شدند و گروه سوم با ۳۳ ژنوتیپ، دارای کم‌ترین میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری نسبت به سایر گروه‌ها بود و به‌عنوان مقاوم‌ترین گروه شناخته شد. این ژنوتیپ‌ها شامل G01 (باران)، G02 (صدرا)، G04 (جم)، G06 (شالان)، G07 (هور)، G11، G14، G16، G17، G18، G19، G20، G27، G29، G30، G31، G32، G34، G36، G37، G39، G42، G44، G45، G46، G47، G48، G54، G83، G94، G117، G132 و G139 بودند.

نتیجه‌گیری: تعداد ۳۳ ژنوتیپ از مجموع ۱۳۸ ژنوتیپ گندم نان و دوروم ارزیابی شده در این پژوهش، به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله گندم شناسایی شدند. این ژنوتیپ‌ها که احتمالاً حاوی ژن‌های مقاوم ارزش‌مندی در مقابله با بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله هستند، برای استفاده در برنامه‌های به‌نژادی آینده به‌منظور تهیه واریته‌های مقاوم در گندم نان و دوروم پیشنهاد می‌شوند.

واژه‌های کلیدی: توکسین قارچی، ژرم‌پلاسم، شاخص بیماری، FHB

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۲/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۱۵

نحوه استناد به این مقاله:

کیا، شهریار، و محمدی، ناصر. (۱۴۰۴). بررسی مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم در شرایط مزرعه. *تحقیقات غلات*، *۱۵* (۲)، ۱۴۸-۱۳۳. doi: 10.22124/CR.2025.29962.1859

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) مهم‌ترین گیاه راهبردی در سراسر جهان به‌شمار می‌رود که با تأمین پروتئین، نشاسته، مواد معدنی و و یتامین‌ها، نقش بسیار حیاتی در رژیم غذایی انسان‌ها دارد (Ebrahimi *et al*., 2024). با توجه به کشت گسترده گندم در سراسر جهان، هر ساله بخشی از عملکرد محصول تحت تاثیر تنش‌های زیستی از بین می‌رود. بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله (FHB; *Fusarium* head blight) یکی از مهم‌ترین و خسارت‌زاترین بیماری‌های قارچی گندم در مناطق مختلف جهان به‌ویژه در مناطق گرم و مرطوب می‌باشد (Bai & Shaner, 2004). این بیماری باعث کاهش کمی و کیفی محصول، تخریب ذخایر نشاسته، پروتئین و آسیب به دیواره سلولی دانه‌ها و کاهش کیفیت نانوایی می شود (Siranidou *et al*., 2002). بیماری FHB هر دو نوع گندم نان و گندم دوروم را آلوده می‌کند و یک چالش برای به‌نژادگران گندم در سراسر جهان است (He *et al*., 2014). این بیماری توسط چندین گونه فوزاریوم ایجاد می‌شود که علایم مشابهی را به‌همراه دارد. عامل شایع بیماری FHB در سراسر جهان و در مناطق گرم و مرطوب، مجموعه گونه‌های *Fusarium graminearum* Schwabe (telomorph: *Gibberella zeae* Schw. (Petch)) هستند (Parry *et al*., 1995; Leonard *et al*., 2003). همه‌گیری‌های گسترده این بیماری طی سه دهه اخیر در نقاط مختلف جهان گزارش شده است. همه‌گیری این بیماری در سال ۱۹۸۰ در شرق کانادا و در سال ۱۹۹۳ در مانیتوبا اتفاق افتاد (Gilbert & Haber, 2013). همه‌گیری این بیماری در سال‌های ۲۰۰۷، ۲۰۰۸ و ۲۰۱۵ در برخی مناطق آمریکا نیز ایجاد شد (Bolanos-Carriel *et al*., 2016). در چین نیز طی یک دهه گذشته در سال‌های ۲۰۱۰، ۲۰۱۲ و ۲۰۱۵ همه‌گیری‌های شدید این بیماری گزارش شده است (Chen, 2016). در ایران این بیماری از سال‌های پیش به‌طور پراکنده وجود داشته و یکی از بیماری‌های مهم در استان‌های گلستان، مازندران و اردبیل (دشت مغان) بوده است (Hasanvand *et al*., 2023).

دوره گلدهی، حساس‌ترین مرحله رشدی برای حمله قارچ بیمارگر و ایجاد بیماری است. هنگامی که رطوبت و دما در زمان گلدهی مناسب باشد، لکه‌های آب‌سوخته روی گلچه‌های آلوده ظاهر می‌شوند و موجب سوختگی سنبلچه و تولید دانه‌های تغییر شکل‌یافته می‌شود که معمولاً به‌عنوان دانه‌های آسیب‌دیده در اثر FHB (FHB-damaged kernels, FDK) نامیده می‌شوند (Dweba *et al*., 2017). علاوه بر این، قارچ عامل بیماری با تولید توکسین‌های دئوکسی‌نیوالنول (DON)، نیوالنول (NIV) و مشتقات استیله‌شده آن‌ها، کیفیت دانه را کاهش می‌دهد و باعث آلودگی مواد غذایی می‌شود که برای انسان و حیوانات اهلی مضر است (Somma *et al*., 2014; Nakagawa *et al*., 2017). تریکوتسن‌های نوع B مانند DON، فیتوتوکسیک هستند و می‌توانند به‌عنوان فاکتورهای پرآزاری روی گندم عمل کنند. اغلب یک همبستگی مثبت بین تولید این توکسین‌های قارچی و شدت بیماری مشاهده می‌شود (Kumar *et al*., 2020).

کارآمدترین، ایمن‌ترین و سالم‌ترین روش مدیریت این بیماری از نظر زیست‌محیطی، استفاده از رقم‌های گندم مقاوم یا متحمل است که با راهکارهای به‌نژادی مرسوم و نوآورانه به‌دست می‌آید (Bai & Shaner, 1994; Stephen, 2015; Buerstmayr *et al*., 2020). اصلاح رقم‌ها برای مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله پیچیده است، زیرا تحمل به فوزاریوم تحت ساختار وراثت چندژنی و تعامل قابل‌توجه محیط و ژنوتیپ کنترل می‌شود (Xu & Nicholson, 2009). شش نوع مختلف مقاومت به FHB وجود دارد: نوع اول، مقاومت در برابر آلودگی اولیه؛ نوع دوم، مقاومت در برابر انتشار آلودگی؛ نوع سوم، مقاومت در برابر آلودگی دانه؛ نوع چهارم، تحمل به از دست دادن عملکرد ناشی از FHB؛ نوع پنجم، مقاومت در برابر تجمع DON؛ و نوع ششم، مقاومت در برابر بهبود اجزای دانه (Fernando *et al*., 2021). تغییرات در بروز بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله (Disease Incidence) برای ارزیابی نوع اول و شدت بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله (Disease Severity) برای تجزیه و تحلیل نوع دوم مقاومت شناخته شده است (Xu & Nicholson, 2009). بنابراین، حداکثر سطح تنوع تهاجمی ثبت شده در جدایه‌های سوختگی فوزاریومی سنبله گندم باید در پیشرفت راه‌کارهای غربال‌گری در نظر گرفته شود (Xue *et al*., 2019). مقاومت به FHB توسط جایگاه صفت کمی (QTL) با اثر افزایشی اصلی بین جایگاه‌های ژنی نیز گزارش شده است. تا کنون بیش از ۶۰۰ جایگاه صفت کمی مربوط به مقاومت به سوختگی فوزاریومی سنبله با استفاده از نقشه‌های پیوستگی دووالدی

و تجزیه پیوستگی کل ژنوم در ۲۱ کروموزوم مکان‌یابی و هفت ژن/QTL مقاومت به FHB (شامل *Fhb1-Fhb7*) نام‌گذاری شده است (Huang *et al*., 2023). هم‌اکنون منابع مختلف مقاومت به این بیماری در گندم شناخته شده‌اند. Sumai-3 از چین، Shinchunaga، Nyu Bai و Nobeokabouzu-Komugi از ژاپن، Fraontana و Incruzilhada از برزیل از جمله منابع مقاومت به FHB به‌شمار می‌روند (Bai & Shaner, 2004). رقم‌های زمستانه اروپایی Arina، Renan و Prag-8 نیز به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم به FHB شناخته شده‌اند (Gervais *et al*., 2003). همچنین چند رقم گندم معرفی شده در آمریکا شامل Truman (McKendry *et al*., 2005)، Steele-ND (Mergoum *et al*., 2005) و Glenn (Mergoum *et al*., 2006) نیز دارای مقاومت به FHB بودند. در سال ۲۰۰۹ در چین یک رقم گندم زمستانه با نام Shengxuan 6 معرفی شد که علاوه بر عملکرد بالا، مقاومت خوبی در برابر FHB دارد (Cai & Lu, 2016). با این‌حال، تا کنون منابع بسیار کمی از مقاومت به FHB در گندم دوروم شناسایی شده است.

در ایران نیز پژوهش‌هایی در زمینه ارزیابی ژنوتیپ‌های گندم برای شناسایی منابع مقاومت به سوختگی فوزاریومی سنبله در شرایط مزرعه‌ای و گلخانه‌ای انجام شده و چند ژنوتیپ مقاوم به FHB نیز شناسایی و معرفی شده است. ملیحی‌پور و همکاران (Malihipour *et al*., 2018) پنج ژنوتیپ N-92-2، N-92-3، N-92-4، N-92-9، N-92-19 و رقم مروارید را به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم به FHB شناسایی کردند. حسنوند و همکاران (Hasanvand *et al*., 2023) رقم‌های ایرانا، نیک‌نژاد، گهر، مروارید و زاگرس را به‌عنوان مقاوم و ژنوتیپ‌های Wa-82-9 و اکبری را به‌عنوان نیمه‌مقاوم گزارش کردند. ابراهیمی و همکاران (Ebrahimi *et al*., 2024) نیز رقم‌های شیراز، پیشتاز، قدس و مروارید۲ را به‌عنوان مقاوم‌ترین ژنوتیپ‌ها معرفی کردند.

با توجه به اینکه بیماری FHB به‌عنوان تهدیدی برای کشت گندم در مناطق مرطوب شمال کشور به‌شمار می‌رود، غربال ژرم‌پلاسم‌های مختلف گندم جهت شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم یا نسبتاً مقاوم ضروری است. این مطالعه به‌منظور بررسی ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم برای شناسایی منابع مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله به‌مدت دو سال در شرایط مزرعه انجام شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

در این پژوهش، تعداد ۱۳۸ ژنوتیپ گندم نان و دوروم شامل ۴۸ ژنوتیپ پیشرفته گندم نان مناطق سردسیر دیم (ERBWYT)، ۴۷ ژنوتیپ پیشرفته گندم نان مناطق گرمسیر و نیمه‌گرمسیر دیم (URBWYT) و ۴۳ ژنوتیپ پیشرفته گندم دوروم مناطق گرمسیر و نیمه‌گرمسیر دیم (ERDYT) از موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور (آذربایجان شرقی، مراغه) تهیه و از نظر مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله گندم مورد ارزیابی قرار گرفتند (جدول ۱).

جداسازی، خالص‌سازی و شناسایی قارچ بیمارگر

سنبله‌های آلوده به سوختگی فوزاریومی در مرحله خمیری دانه‌ها، جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. پس از شستشوی سنبله‌های آلوده با آب و برش آن‌ها به قطعات کوچک، به‌مدت یک تا سه دقیقه با محلول یک درصد هیپوکلریت سدیم، ضدعفونی سطحی و سه مرتبه با آب مقطر سترون شستشو شدند. برای جداسازی و رشد قارچ‌ها، سه تا چهار قطعه از هر نمونه به تشتک حاوی محیط کشت سیب‌زمینی- دکستروز- آگار (PDA) منتقل و در دمای ۲۵ درجه سلسیوس نگهداری شدند. پس از یک هفته با رشد پرگنه قارچی، خالص‌سازی به‌روش نوک ریسه و تک‌اسپور روی محیط آب- آگار انجام شد. شناسایی جدایه‌ها در شرایط نوری و دمایی توصیه‌شده در منابع معتبر (Leslie & Summerell, 2006; Crous *et al*., 2021) بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی، شامل رنگ پرگنه، نرخ رشد، میسلیوم هوایی، وجود یا عدم وجود رنگدانه از رو و پشت تشتک محیط کشت، شکل ماکرو و میکروکنیدی، فیالید و کلامیدوسپور روی محیط کشت PDA و برگ میخک- آگار (CLA) و SNA انجام شد.

تهیه زادمایه قارچ بیمارگر

برای تهیه زادمایه قارچ بیمارگر، از مخلوط چند جدایه قارچ *F. graminearum* بر اساس روش تعدیل‌شده وگنر (Wegener, 1992) استفاده شد. برای این کار، مقدار پنج گرم پودر کاه گندم داخل ارلن‌های ۲۵۰ میلی‌لیتری ریخته، سپس ۱۲۵ میلی‌لیتر آب مقطر به آن اضافه شد و دو بار با فاصله ۲۴ ساعت به‌مدت ۳۰ دقیقه در اتوکلاو ضدعفونی شد. پس از سرد شدن ارلن‌ها، چند قطعه پنج

میلی‌متری از محیط کشت هفت روزه قارچ بیمارگر به ارلن‌های حاوی پودر کاه و آب اضافه شد و ارلن‌ها به‌مدت ۹۶ ساعت روی شیکر انکوباتور با سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه در دمای ۳۰-۲۵ درجه سلسیوس قرار داده شدند. پس از گذشت این مدت، زادمایه به‌دست آمده از پارچه ململ عبور داده شد تا بقایای گیاهی و قارچی روی پارچه باقی‌مانده و اسپورهای عاری از بقایا به‌دست آید. غلظت سوسپاسیون اسپور با استفاده از لام هماسیتومتر ۵×۱۰^{۴} کنیدی در میلی‌لیتر تنظیم شد.

جدول ۱- ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مطالعه شده جهت ارزیابی مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله

Table 1. Bread and durum wheat genotypes studied in evaluating resistance to *Fusarium* head blight

Genotype	Source †	Genotype	Source †	Genotype	Source †
G01	Baran	G53	30th ERBWYT	G105	Mahtab
G02	Sadra	G54	30th ERBWYT	G106	Qaboos
G03	Varan	G55	Saji	G107	Aseman
G04	Jam	G56	Zahab	G108	Kabir
G05	Rijaw	G57	Saverz	G109	Paya
G06	Shalan	G58	Sepand	G110	18th URBWYT
G07	Hoor	G59	Tabesh	G111	18th URBWYT
G08	29th ERBWYT	G60	29th ERDYT	G112	18th URBWYT
G09	29th ERBWYT	G61	29th ERDYT	G113	18th URBWYT
G10	29th ERBWYT	G62	29th ERDYT	G114	18th URBWYT
G11	29th ERBWYT	G63	29th ERDYT	G115	18th URBWYT
G12	29th ERBWYT	G64	29th ERDYT	G116	18th URBWYT
G13	29th ERBWYT	G65	29th ERDYT	G117	18th URBWYT
G14	29th ERBWYT	G66	29th ERDYT	G118	18th URBWYT
G15	29th ERBWYT	G67	29th ERDYT	G119	18th URBWYT
G16	29th ERBWYT	G68	29th ERDYT	G120	18th URBWYT
G17	29th ERBWYT	G69	29th ERDYT	G121	18th URBWYT
G18	29th ERBWYT	G70	29th ERDYT	G122	18th URBWYT
G19	29th ERBWYT	G71	29th ERDYT	G123	19th URBWYT
G20	30th ERBWYT	G72	29th ERDYT	G124	19th URBWYT
G21	30th ERBWYT	G73	29th ERDYT	G125	19th URBWYT
G22	30th ERBWYT	G74	29th ERDYT	G126	19th URBWYT
G23	30th ERBWYT	G75	29th ERDYT	G127	19th URBWYT
G27	30th ERBWYT	G79	29th ERDYT	G131	19th URBWYT
G28	30th ERBWYT	G80	29th ERDYT	G132	19th URBWYT
G29	30th ERBWYT	G81	29th ERDYT	G133	19th URBWYT
G30	30th ERBWYT	G82	29th ERDYT	G134	19th URBWYT
G31	30th ERBWYT	G83	29th ERDYT	G135	19th URBWYT
G32	30th ERBWYT	G84	29th ERDYT	G136	19th URBWYT
G33	30th ERBWYT	G85	30th ERDYT	G137	19th URBWYT
G34	30th ERBWYT	G86	30th ERDYT	G138	19th URBWYT
G35	30th ERBWYT	G87	30th ERDYT	G139	19th URBWYT
G36	30th ERBWYT	G88	30th ERDYT	G140	20th URBWYT
G37	30th ERBWYT	G89	30th ERDYT	G141	20th URBWYT
G38	30th ERBWYT	G90	30th ERDYT	G142	20th URBWYT
G39	30th ERBWYT	G91	30th ERDYT	G143	20th URBWYT
G40	30th ERBWYT	G92	30th ERDYT	G144	20th URBWYT
G41	30th ERBWYT	G93	30th ERDYT	G145	20th URBWYT
G42	30th ERBWYT	G94	30th ERDYT	G146	20th URBWYT
G43	30th ERBWYT	G95	30th ERDYT	G147	20th URBWYT
G44	30th ERBWYT	G96	30th ERDYT	G148	20th URBWYT
G45	30th ERBWYT	G97	30th ERDYT	G149	20th URBWYT
G46	30th ERBWYT	G98	30th ERDYT	G150	20th URBWYT
G47	30th ERBWYT	G99	30th ERDYT	G151	20th URBWYT
G48	30th ERBWYT	G100	30th ERDYT	G152	20th URBWYT
G49	30th ERBWYT	G101	Aftab	G153	20th URBWYT

† ERBWYT, Elite region bread wheat yield trial; ERDYT, elite region dorum wheat yield trial; URBWYT, uniformity region bread wheat yield trial; 18th , 19th , 20th , 29th and 30th are set of the studied genotypes.

ارزیابی واکنش ژنوتیپ‌های گندم

ژنوتیپ‌های مورد نظر از نظر مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی‌محله گرگان طی دو سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲ تحت شرایط مزرعه مورد ارزیابی قرار گرفتند. ژنوتیپ‌ها به‌طور تصادفی در قالب طرح آگمنت با شش بلوک کشت شدند و در هر بلوک ۲۳ ژنوتیپ به‌همراه سه رقم شاهد نیمه‌حساس تا حساس به FHB شامل رقم‌های هشترود و کریم (دو رقم گندم نان مناسب اقلیم معتدل سردسیر دیم) و رقم دهدشت (گندم دوروم مناسب اقلیم گرمسیر دیم) در نظر گرفته شد. هر ژنوتیپ در یک خط به‌طول یک متر و با فاصله ۶۰ سانتی‌متر از یکدیگر کشت شد. عملیات زراعی شامل کوددهی، کنترل علف‌های هرز و آبیاری در طول مراحل رشدی برای رشد و نمو مطلوب گیاهان انجام شد. مایه‌زنی سنبله‌های گندم با سوسپانسیون اسپور قارچ بیمارگر در مرحله ۵۰ درصد گلدهی ژنوتیپ‌ها انجام و مایه‌زنی دو روز بعد تکرار شد (Bentivenga *et al*., 2021). برای افزایش رطوبت و کمک به پیشرفت بیماری از سیستم آبیاری مه‌پاش (Mist) استفاده شد. حدود ۳۰ روز پس از اولین مایه‌زنی، ارزیابی بیماری برای هر ژنوتیپ بر اساس بروز بیماری (Disease incidence)، شدت بیماری (Disease severity) و شاخص بیماری (Disease index) انجام شد. بروز بیماری به‌صورت تعداد سنبله‌های آلوده تقسیم بر تعداد کل سنبله‌ها در هر کرت ضرب در ۱۰۰، شدت بیماری به‌صورت تعداد سنبلچه‌های آلوده تقسیم بر تعداد کل سنبلچه‌ها در هر سنبله ضرب در ۱۰۰ و شاخص بیماری از حاصل‌ضرب شدت بیماری در بروز بیماری تقسیم بر ۱۰۰ محاسبه شد (Bentivenga *et al*., 2021).

تجزیه و تحلیل داده‌ها

داده‌های به‌دست آمده از معیارهای بروز بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری در تجزیه‌های آماری استفاده شد. به‌منظور شناسایی ژنوتیپ‌های برتر بر اساس واکنش مقاومت آن‌ها در برابر بیماری در مجموع دو سال آزمایش، تجزیه‌های آماری روی تمام داده‌ها و برای ژنوتیپ‌های مشترک در آزمایش انجام شد. تجزیه واریانس رقم‌های شاهد جهت یکنواختی و عدم یکنواختی بلوک‌ها در هر سال آزمایش انجام شد. توزیع فراوانی صفات مورد ارزیابی در ژنوتیپ‌ها مورد بررسی قرار گرفت. همبستگی بین صفات مورد ارزیابی برای هر سال به‌طور جداگانه محاسبه شد. گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها بر اساس میانگین صفات مورد ارزیابی در مجموع دو سال آزمایش با تجزیه خوشه‌ای به‌روش K-Means انجام و ارتباط بین ژنوتیپ‌ها و خوشه‌ها با روش مقیاس‌بندی چندبعدی بررسی شد. تمام تجزیه‌های آماری و رسم نمودارها با نرم‌افزار SPSS نسخه ۱۶ و کدنویسی در محیط R نسخه ۳/۲/۲ انجام شد.

نتایج

قبل از تجزیه واریانس، داده‌های پرت حذف و سپس با استفاده از آزمون‌های کولموگروف-اسمیرنوف و شاپیرو-ویلک، نرمال بودن خطای آزمایشی تایید شد (جدول ۲). نتایج تجزیه واریانس رقم‌های شاهد نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین بلوک‌ها وجود نداشت و بلوک‌ها یکنواخت بودند و بنابراین نیازی به تصحیح داده‌ها نبود (جدول ۳).

بررسی میانگین وقوع بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های مورد بررسی طی دو سال آزمایش نشان داد که در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ میانگین وقوع بیماری ۳۲/۳۶ درصد بود و در ۱۸/۸۴ درصد از ژنوتیپ‌ها، وقوع بیماری کم‌تر از ۱۰ درصد مشاهده شد (شکل ۱). در حالی‌که در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ میانگین وقوع بیماری ۳۹/۳۵ درصد بود و ۱۳ درصد از ژنوتیپ‌ها، وقوع بیماری کم‌تر از ۱۰ درصد را نشان دادند. بررسی میانگین شدت بیماری نشان داد که در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ میانگین شدت بیماری ۲۶/۲۷ درصد بود و ۱۸/۱۱ درصد از ژنوتیپ‌ها دارای شدت بیماری کم‌تر از ۱۰ درصد بودند، در صورتی‌که در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ میانگین شدت بیماری ۲۷/۵ درصد بود و ۱۴/۴۹ درصد از ژنوتیپ‌ها شدت بیماری کم‌تر از ۱۰ درصد داشتند. میانگین شاخص بیماری نیز در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ در حدود ۱۱/۲۷ واحد بود و ۵۷/۹۷ درصد از ژنوتیپ‌ها دارای شاخص بیماری کم‌تر از ۱۰ واحد بودند، در صورتی‌که در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ میانگین شاخص بیماری ۱۳/۱۴ بود و در ۵۵/۷۹ درصد از ژنوتیپ‌ها، شاخص بیماری کم‌تر از ۱۰ واحد مشاهده شد (شکل ۱). بررسی روند تغییرات میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی طی دو سال آزمایش نشان داد که میانگین هر سه صفت ارزیابی شده در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ نسبت به سال ۱۴۰۲-۱۴۰۱ بیش‌تر بود و روند افزایشی داشت.

بررسی ضرایب همبستگی بین صفات ارزیابی شده در هر سال آزمایش، وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری را در هر سال نشان داد (شکل ۲). نتایج به‌دست آمده بیانگر وجود همبستگی مثبت و معنی‌دار بین وقوع بیماری با شدت بیماری و شاخص بیماری، و شدت بیماری با شاخص بیماری در هر دو سال بود. همچنین، وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری در سال ۱۴۰۲ با همین صفات در سال ۱۴۰۳ همبستگی مثبت و معنی‌دار داشت.

تجزیه خوشه‌ای به‌روش K-means ژنوتیپ‌های مورد مطالعه را بر اساس معیارهای ارزیابی سوختگی فوزاریومی سنبله در هفت گروه قرار داد (جدول ۴). گروه اول شامل ۴۰ ژنوتیپ، دارای کم‌ترین میانگین شاخص بیماری بعد از گروه سوم در ارزیابی سال ۱۴۰۲-۱۴۰۱ بود. گروه دوم با نه ژنوتیپ، بیش‌ترین میانگین وقوع بیماری را پس از گروه هفتم در سال ۱۴۰۲-۱۴۰۱ داشت. گروه سوم شامل ۳۳ ژنوتیپ بود و دارای کم‌ترین میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری در هر دو سال آزمایش بود و به‌عنوان مقاوم‌ترین گروه شناخته شد. گروه چهارم با ۲۵ ژنوتیپ، دارای بیش‌ترین میانگین وقوع بیماری و شاخص بیماری پس از گروه هفتم در ارزیابی سال ۱۴۰۳-۱۴۰۲ بود. گروه پنجم متشکل از شش ژنوتیپ بود و بیش‌ترین میانگین شدت بیماری را بعد از گروه هفتم در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ داشت. گروه ششم با ۱۸ ژنوتیپ، کم‌ترین میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری را پس از گروه سوم در سال ۱۴۰۳-۱۴۰۲ داشت. در نهایت گروه هفتم با ۱۰ ژنوتیپ، دارای بیش‌ترین میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری در هر دو سال آزمایش بود و به‌عنوان حساس‌ترین گروه شناسایی شد.

به‌منظور بررسی دقیق‌تر ارتباط بین خوشه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای و ژنوتیپ‌های مورد بررسی طی دو سال، از روش مقیاس‌بندی چندبعدی (Multi-dimensional scaling) استفاده شد (شکل ۳). نتایج نشان داد که گروه سوم (به‌رنگ سبز)، شامل ژنوتیپ‌های G01 (باران)، G02 (صدرا)، G04 (جم)، G06 (شالان)، G07 (هور)، G11، G14، G16، G17، G18، G19، G20، G27، G29، G30، G31، G32، G34، G36، G37، G39، G42، G44، G45، G46، G47، G48، G54، G83، G94، G117، G132 و G139 که در تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان خوشه برتر با ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری FHB شناخته شد، از گروه‌های دیگر جدا شد و نزدیک‌ترین و شبیه‌ترین گروه به آن از لحاظ صفات ارزیابی شده، گروه اول (قرمز رنگ) است. گروه هفتم (صورتی رنگ) نیز که در تجزیه خوشه‌ای به‌عنوان خوشه ضعیف‌تر با ژنوتیپ‌های حساس شناسایی شد، دورتر از سایر گروه‌ها به‌ویژه اول و سوم قرار گرفت و تفاوت بیش‌تری با آن‌ها دارد.

جدول ۲- نتایج آماره‌های کولموگروف-اسمیرنوف و شاپیرو-ویلک برای آزمون نرمال بودن خطاهای آزمایشی در رقم‌های شاهد

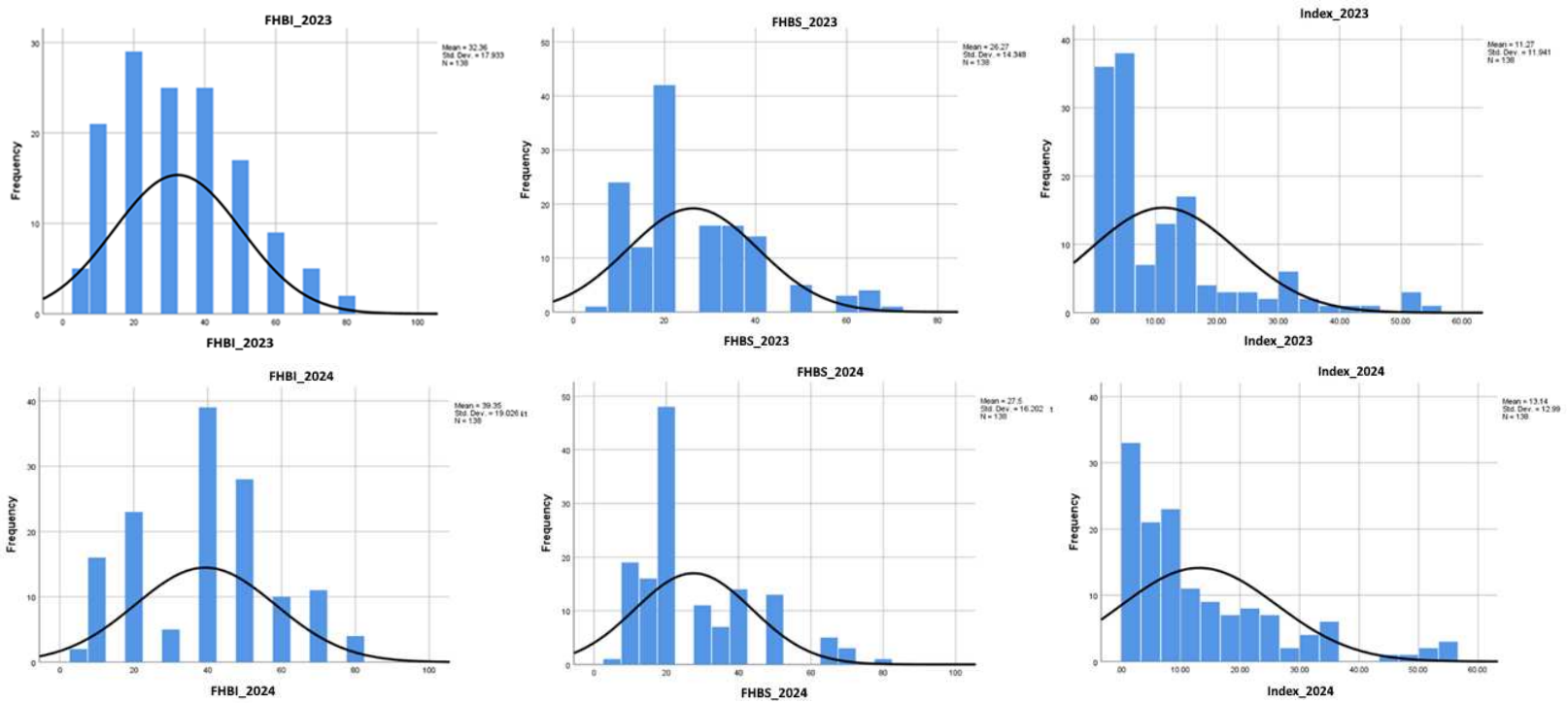
Table 2. Results of Kolmogorov-Smirnov and Shapiro-Wilk statistics to test the normality of experimental errors in check varieties

Trait	Kolmogorov-Smirnov			Shapiro-Wilk		
	Statistic	df	Significant level	Statistic	df	Significant level
Disease incidence in 2022-2023	0.141	18	0.200	0.925	18	0.159
Disease severity in 2022-2023	0.119	18	0.200	0.965	18	0.695
Disease index in 2022-2023	0.91	18	0.200	0.972	18	0.833
Disease incidence in 2023-2024	0.254	18	0.003	0.884	18	0.030
Disease severity in 2023-2024	0.133	18	0.200	0.954	18	0.485
Disease index in 2023-2024	0.127	18	0.200	0.956	18	0.528

جدول ۳- نتایج تجزیه واریانس صفات وقوع بیماری (FHBI)، شدت بیماری (FHBS) و شاخص بیماری (Index) برای ارزیابی بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در رقم‌های شاهد طی دو سال ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲

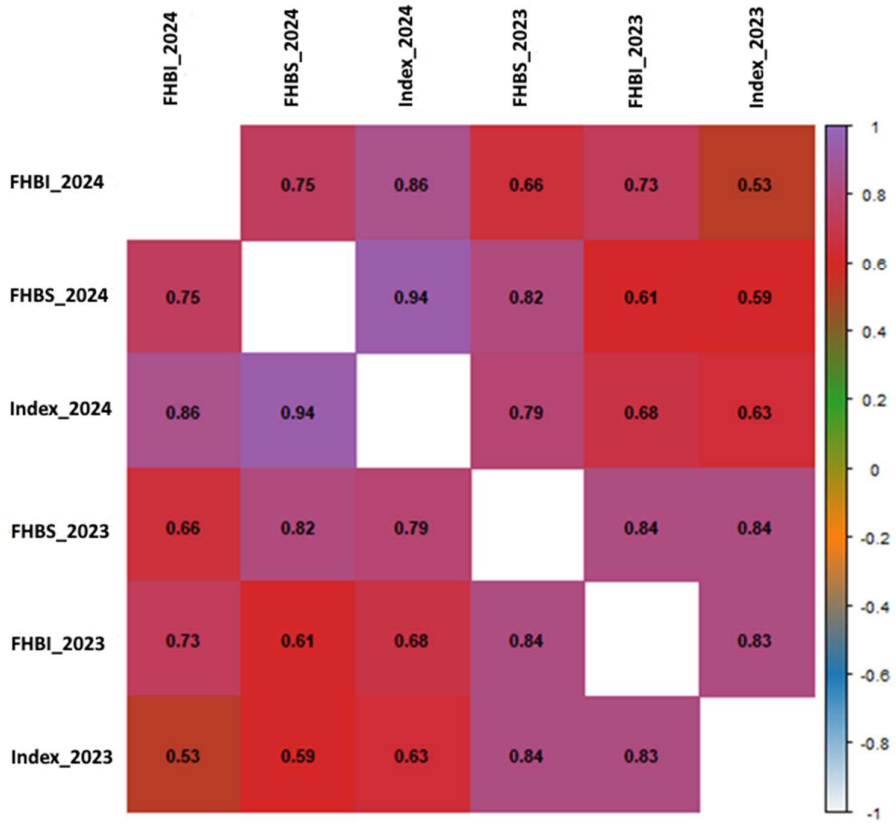
Table 3. Results of analysis of variance of disease incidence (FHBI), disease severity (FHBS), and disease index (Index) for evaluating *Fusarium* head blight in check varieties during two years, 2022-2023 and 2023-2024

Source of variation	df	Mean square					
		FHBI-2023	FHBS-2023	Index-2023	FHBI-2024	FHBS-2024	Index-2024
Check varieties	2	972.222**	2768.056**	1598.764**	622.222**	337.500**	167.722**
Replication	5	48.889 ^{ns}	52.222 ^{ns}	49.556 ^{ns}	22.222 ^{ns}	55.833 ^{ns}	29.856 ^{ns}
Error	10	45.556	51.389	36.897	15.556	40.833	19.856



شکل ۱- توزیع فراوانی وقوع بیماری (FHBI)، شدت بیماری (FHBS) و شاخص بیماری (Index) سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مورد بررسی طی دو سال ۰۲-۱۴۰۱ و ۰۳-۱۴۰۲

Figure 1. Frequency distribution of disease incidence (FHBI), disease severity (FHBS) and disease index (Index) of *Fusarium* head blight in bread and durum wheat genotypes studied in two years, 2022-2023 and 2023-2024



شکل ۲- ضرایب همبستگی بین وقوع بیماری (FHBI)، شدت بیماری (FHBS) و شاخص بیماری (Index) سوختگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم طی دو سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲

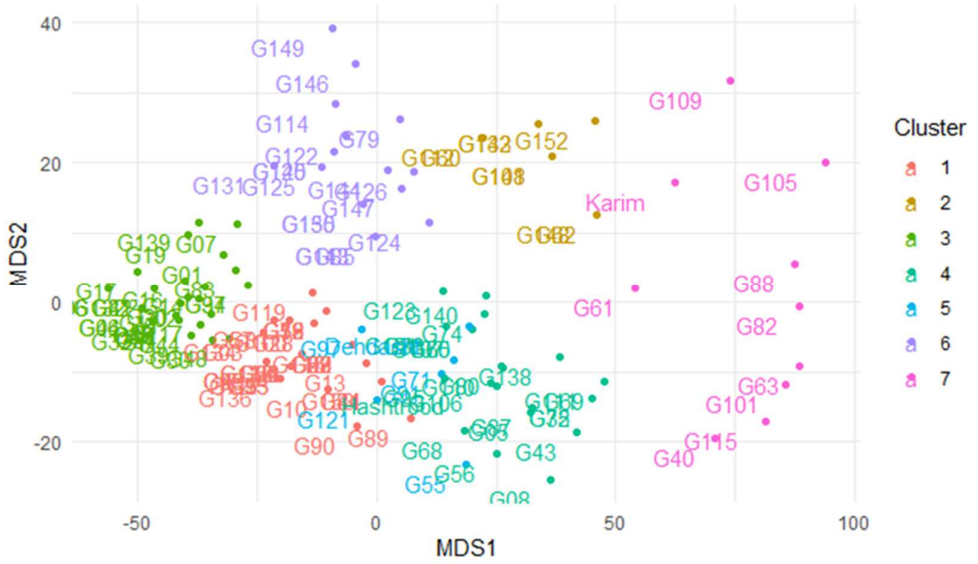
Figure 2. Correlation coefficients among disease incidence (FHBI), disease severity (FHBS) and disease index (Index) of *Fusarium* head blight in bread and durum wheat genotypes during two cropping years, 2022-2023 and 2023-2024

جدول ۴- میانگین وقوع بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله در گروه‌های به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای بر اساس واکنش ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم ارزیابی شده طی دو سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Table 4. Average disease incidence, disease severity and disease index of *Fusarium* head blight in groups resulting from cluster analysis based on reaction of bread and durum wheat genotypes evaluated in two cropping years, 2022-2023 and 2023-2024

Trait †	1	2	3	4	5	6	7
FHBI in 2022-2023	25.00	63.33	11.67	42.07	25.56	44.44	63.83
FHBS in 2022-2023	17.50	45.56	13.48	33.53	38.19	29.17	62.08
FHBIndex in 2022-2023	4.45	28.78	2.37	13.28	9.90	17.69	39.87
FHBI in 2023-2024	42.25	51.11	14.24	59.07	36.11	31.67	69.00
FHBS in 2023-2024	21.13	33.33	14.24	42.40	51.25	17.22	66.00
FHBIndex in 2023-2024	9.05	17.22	2.01	25.37	18.58	5.56	45.90
Number of members	40	9	33	25	6	18	10
Percent	28.36	6.38	23.4	17.73	4.25	12.76	7.1

† FHBI, *Fusarium* head blight incidence; FHBS, *Fusarium* head blight severity; FHBIndex, *Fusarium* head blight index, respectively.



شکل۳- ارتباط بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی و گروه‌های به‌دست آمده از تجزیه خوشه‌ای با استفاده از روش مقیاس‌بندی چندبعدی

Figure 3. Relationship between the studied genotypes and the groups resulting from cluster analysis using the Multi-dimensional scaling method

بحث

بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله گندم (FHB) می‌تواند تهدید جدی برای کشت و تولید گندم نان و دوروم در مناطقی با شرایط آب و هوایی گرم و مرطوب باشد، مناطقی که دارای شرایط اقلیمی مساعد برای ایجاد آلودگی و تولید مایکوتوکسین‌ها هستند. بنابراین، از ویژگی‌های اصلی رقم‌های کشت شده در این مناطق، باید مقاومت یا تحمل به FHB باشد. در این پژوهش منابع متنوعی از ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم با ویژگی‌های فنوتیپی و مورفولوژیک متفاوت مانند زودرسی، دیررسی و زمان گلدهی از نظر مقاومت و حساسیت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله مورد ارزیابی قرار گرفتند که در نتیجه آن، تعدادی از آن‌ها به‌عنوان ژنوتیپ‌های مقاوم تا نسبتاً مقاوم شناسایی شدند.

نتایج تجزیه‌های آماری مختلف انجام شده در این پژوهش در رابطه با شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم به FHB تا حدود زیادی مطابقت داشتند. همان‌طور که در نتایج تجزیه خوشه‌ای مشاهده شد، گروه سوم شامل ۳۳ ژنوتیپ به‌عنوان مقاوم‌ترین گروه شناخته شد که از این تعداد، ۲۸ ژنوتیپ گندم نان زمستانه و دیررس مناطق سردسیر دیم، سه ژنوتیپ گندم نان بهاره و زودرس مناطق گرمسیر و نیمه‌گرمسیر دیم و دو ژنوتیپ گندم دوروم مناطق گرمسیر و نیمه‌گرمسیر دیم بودند. همچنین، گروه هفتم حاصل از تجزیه خوشه‌ای نیز به‌عنوان حساس‌ترین گروه شناسایی شد که شامل پنج ژنوتیپ گندم نان و پنج ژنوتیپ گندم دوروم مناطق نیمه‌گرمسیر و گرمسیر دیم بود.

علاوه بر این، میزان مقاومت و حساسیت ژنوتیپ‌های گندم دوروم نسبت به ژنوتیپ‌های گندم نان از نظر میزان وقوع، شدت و شاخص بیماری نیز مقایسه شد. نتایج نشان داد که بیش‌تر ژنوتیپ‌های گندم دوروم بر اساس صفات مورد ارزیابی تقریباً حساس به FHB بودند و در گروه‌های حساس قرار گرفتند. بنتیونگا و همکاران (Bentivenga *et al.*, 2021) در بررسی حساسیت رقم‌های گندم دوروم به FHB بر اساس بروز بیماری، شدت بیماری و شاخص بیماری، نشان دادند که تمامی رقم‌های گندم دوروم نسبت به FHB حساس یا بسیار حساس بودند. ارزیابی‌های مزرعه‌ای رقم‌های گندم نان و دورم برای مقاومت در برابر جدایه‌های قارچ عامل بیماری بلایت فوزاریومی سنبله طی سال‌های ۲۰۲۱-۲۰۱۹ در سوریه توسط ساکر (Sakr, 2020, 2023) نیز نشان داد که مقدار وقوع و شدت بیماری در رقم‌های گندم نان کم‌تر و در نتیجه مقاومت آن‌ها نسبت به رقم‌های گندم دوروم بیش‌تر بود.

بررسی ارتباط بین میزان مقاومت به بیماری FHB با ویژگی‌های مورفولوژیک ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم مورد مطالعه نظیر زودرسی، دیررسی و زمان گلدهی در این پژوهش نشان داد که بیش‌تر ژنوتیپ‌های دیررس با

تیپ زمستانه و زمان گلدهی دیرهنگام، مقاومت بیش‌تری به FHB نشان دادند و آلودگی کم‌تری داشتند و در گروه‌های مقاوم قرار گرفتند. به‌عبارت دیگر، همبستگی منفی بین حساسیت به FHB و زمان گلدهی در این پژوهش مشاهده شد که می‌تواند به‌عنوان یک صفت فنوتیپی بارز در اجرای برنامه‌های به‌نژادی گندم برای مقاومت به FHB مورد استفاده قرار گیرد. مطابق با نتایج این پژوهش، بورستماری و همکاران (Buerstmayr *et al*., 2019) نیز همبستگی منفی قوی بین حساسیت به FHB و زمان گلدهی را گزارش کردند، اگرچه شرایط محیطی، مانند دما و رطوبت در طول دوره گلدهی، ممکن است بر آلودگی به FHB و توسعه بیماری تأثیر بگذارد. همبستگی‌های فنوتیپی و روابط ژنتیکی بین ارتفاع گیاه، زمان گلدهی و حساسیت به FHB به‌طور گسترده در رقم‌های گندم گزارش شده است (He *et al*., 2013; Yi *et al*., 2018; Bentivenga *et al*., 2021). بر اساس یافته‌های بنتیونگا و همکاران (Bentivenga *et al*., 2021)، همبستگی منفی بین حساسیت رقم‌های گندم به FHB با ارتفاع گیاه و زمان گلدهی وجود داشت، به‌طوری‌که رقم‌های گندم با دوره گلدهی زودهنگام، طول دوره رشد کوتاه‌تر و ارتفاع کم‌تر، آلودگی بیش‌تری به FHB داشتند.

ارزیابی مقاومت رقم‌های گندم به FHB در بیش‌تر آزمایش‌های انجام شده در شرایط مزرعه، صرف نظر از شرایط محیطی، نشان داده است که همبستگی معنی‌داری بین ارتفاع گیاه و حساسیت به FHB وجود دارد، به‌طوری که گیاهان بلندتر دارای مقاومت بیش‌تری در برابر FHB بودند. بقایای محصول روی سطح خاک به‌عنوان منبع زادمایه برای آلودگی اولیه عمل می‌کند و در نتیجه، سنبله گیاهان پاکوتاه به‌راحتی توسط آسکوسپورها و کنیدی‌های پراکنده و توسط قطرات باران آلوده می‌شوند، در حالی‌که گیاهان پابلند از آلودگی فرار می‌کنند. از طرفی، احتمالاً ارتفاع گیاه بر شرایط اقلیمی از جمله رطوبت نسبی، مدت زمان خیس بودن برگ و دما، در سطح سنبله تأثیر بگذارد. گیاهان پاکوتاه بیش‌تر تحت تأثیر رطوبت خاک و شبنم قرار می‌گیرند و ساختار متراکم کانوپی گردش هوا را کاهش می‌دهد. رطوبت و دمای بالا، آلودگی و توسعه بیماری را تسهیل می‌کند و ممکن است منجر به افزایش فشار بیماری در گیاهان پاکوتاه شود (Buerstmayr *et al*., 2019). در بررسی واکنش ۱۱۷ توده بومی گندم نان و دوروم نسبت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله، توده‌های گندم دیررس دارای میانگین بروز، شدت و شاخص بیماری کم‌تری بودند و علت آلودگی کم‌تر توده‌های دیررس فرار از بیماری بیان شد (Malihipour *et al*., 2017). در یک بررسی جامع دیگر، نقش بالقوه انتخاب ژرم‌پلاسم و صفات مورفولوژیک برای بهبود مقاومت به FHB در گندم نشان داده شد (Haile *et al*., 2019). انتخاب فنوتیپی برای بهبود مقاومت به FHB در طول یک دوره طولانی تنها گزینه در اصلاح مقاومت به بیماری بود، اگرچه پیشرفت قابل توجهی در دانش کنترل ژنتیکی مقاومت و اصلاح گندم برای مقاومت به FHB نسبت به انتخاب ژنومی طی ۲۰ سال گذشته حاصل شده است (Zhao *et al*., 2018; Ma *et al*., 2020). از این‌رو، به‌دست آوردن داده‌های فنوتیپی با کیفیت بالا مطمئناً برای پیشرفت بیش‌تر در بهبود مقاومت ضروری است.

اساس ژنتیکی مقاومت در گندم دوروم به‌طور کامل شناخته نشده است. اگرچه QTL های مشابهی برای کنترل شدت بیماری و ارتفاع گیاه مکان‌یابی شده‌اند، اما در همه موارد تأیید نشده است. جالب توجه است که ژن نیمه‌پاکوتاه *Rht1* که بر ارتفاع گیاه موثر است و به‌طور گسترده در اصلاح گندم مدرن استفاده می‌شود، حساسیت به FHB را افزایش می‌دهد. ژن‌های دیگر، از جمله ژن عدم حساسیت دوره نوری *Ppd-D1a (2DS)*، ژن‌های بهاره‌سازی *Vrn-A1 (5AL)* و *Vrn-B1 (5BL)* و ژن اصلی اهلی‌سازی گندم *Q(5AL)* نیز با ارتفاع گیاه و مقاومت به FHB مرتبط هستند (Buerstmayr *et al*., 2019).

مقاومت به بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله گندم با فرضیه کلاسیک ژن برای ژن مطابقت ندارد و یک پاسخ مقاومت پایه معمولی است. اگرچه اصلاح گندم برای مقاومت به FHB پیشرفت زیادی داشته است، اما انتخاب سریع گونه‌های گندم با مقاومت بالا با استفاده از روش‌های اصلاحی مرسوم دشوار است. از این‌رو، بررسی عمیق مکانیسم مولکولی آلودگی بیمارگر و مکانیسم مقاومت به بیماری در گیاه میزبان و نیز بهبود روش‌های استفاده از مقاومت در برابر بیماری، جهت ایجاد راه‌کارهای کارآمدتر اصلاح مقاومت و گشودن راه‌های جدید اصلاح رقم‌های مقاوم به بیماری ضروری است (Zhu *et al*., 2019).

به‌نژادی و تولید رقم‌های مقاوم به FHB یک راه‌کار موثر برای حل آسیب‌های ناشی از FHB و توکسین آن در گندم است. اگرچه پیشرفت‌های قابل‌توجهی در زمینه همکاری‌های بین‌المللی جهت تبادل منابع، فناوری و اطلاعات در مورد اصلاح رقم‌های گندم مقاوم، پژوهش در

مورد انواع مقاومت به FHB، فناوری و شاخص‌های ارزیابی و شناسایی ژرم‌پلاسم مقاوم به FHB، مکان‌یابی ژن‌های کمی (QTLs)، انتخاب نشانگرهای کمکی، کلون کردن ژن‌های کلیدی و سایر جنبه‌ها صورت گرفته است، اما با توجه به محدودیت‌های اصلاحی و استفاده از منابع موجود مقاومت گندم و مواد مقاومت خارجی، باید یک سیستم ارزیابی دقیق فنوتیپی برای مقاومت به FHB را به‌منظور شناسایی ژرم‌پلاسم‌ها و ژن‌های جدید مقاومت به FHB ایجاد و تقویت کرد. همچنین، باید ژن‌های کلیدی مقاومت اصلی QTL را کلون و مکانیسم‌های مولکولی آن‌ها را مشخص کرد و به‌نژادی مرسوم گندم را با انتخاب به‌کمک نشانگر یا انتخاب ژنومی برای بهبود مستمر کارایی و سطح به‌نژادی مقاومت به FHB ترکیب و رقم‌های گندم با مقاومت مطلوب به FHB و با ویژگی‌های جامع عالی و مناسب را کشت کرد (Mawcha *et al*., 2022).

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این مطالعه، مقاومت و حساسیت تعدادی از ژنوتیپ‌های گندم نان و دوروم ارزیابی شده را بر اساس داده‌های فنوتیپی تحت فشار بیماری بالا در شرایط آزمایش مزرعه‌ای نشان داد. از ۱۳۸ ژنوتیپ گندم نان و دوروم مطالعه شده در این آزمایش، تعداد ۳۳ ژنوتیپ (۲۳/۹ درصد) به بیماری FHB مقاوم بودند، در حالی‌که بیش‌تر آن‌ها در گروه‌های نسبتاً حساس تا حساس قرار گرفتند. نتایج این بررسی اطلاعات ارزش‌مندی در مورد مقاومت و حساسیت به FHB در ژنوتیپ‌های مطالعه شده گندم نان و دوروم ارائه داد که می‌تواند با موفقیت در برنامه‌های به‌نژادی برای مقاومت به FHB مورد استفاده قرار گیرد. به‌طور کلی، غربال جامع اولیه ژرم‌پلاسم‌های گندم نان و دوروم در محیط‌های متنوع و تحت شرایط محیطی کنترل شده، اساس هر برنامه اصلاحی برای مقاومت به FHB است که می‌تواند با استفاده از روش‌های مولکولی مرسوم یا پیشرفته‌تر دنبال می‌شود.

سپاسگزاری

این پژوهش، بخشی از پروژه‌های تحقیقاتی ملی موسسه تحقیقات کشاورزی دیم کشور با شماره‌های ۰۳-۱۵-۱۵۰۳-۰۷۹-۰۱۱۲۵۰ و ۰۳-۱۵-۱۵۰۳-۰۵۸-۰۲۱۰۰۹ است و هزینه‌های اجرای آن توسط این موسسه تامین شده است. از مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان به‌خاطر فراهم آوردن امکانات اجرای آزمایش‌ها و از آقای دکتر مهدی زهراوی برای انجام تجزیه‌های آماری داده‌ها صمیمانه سپاسگزاری می‌شود.

تضاد منافع

نویسندگان تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هر گونه روابط تجاری یا مالی که می‌تواند به‌عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسندگان اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تا کنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده است و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسندگان با چاپ این مقاله به‌صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

References

Bai, G., & Shaner, G. (1994). Scab of wheat: prospects for control. *Plant Disease*, *78*(8), 760-766. doi: 10.1094/PD-78-0760.

Bai, G., & Shaner, G. (2004). Management and resistance in wheat and barley to *Fusarium* head blight. *Annual Review of Phytopathology*, *42*, 135-161. doi: 10.1146/annurev.phyto.42.040803.140340.

Bentivenga, G., Spina, A., Ammar, K., Allegra, M., & Cacciola, S. O. (2021). Screening of durum wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. *durum* (Desf.) Husn.] Italian cultivars for susceptibility to *Fusarium* head blight incited by *Fusarium graminearum*. *Plants*, *10*, 68. doi: 10.3390/plants10010068.

Bolanos-Carriel, C., Wegulo, S. N., Hallen-Adams, H., Baenziger, P. S., Eskridge, K. M., & Funnell-Harris, D. (2016). Effects of cultivar resistance, fungicide application timing, and fungicide

chemical class on FHB and DON in winter wheat. Proceedings of the National *Fusarium* Head Blight Forum, 4-6 Dec. 2016, St. Louis, MO, USA.

Buerstmayr, M., Steiner, B., & Buerstmayr, H. (2020). Breeding for *Fusarium* head blight resistance in wheat. Progress and challenges. *Plant Breeding, 139*(3), 429-454. doi: 10.1111/pbr.12797.

Cai, H., & Lu, W. Z. (2016). Resistance analysis and utilization research on scab-resistant winter wheat Shengxuan 6. Proceedings of the 5th International Symposium on *Fusarium* Head Blight, 6-10 Apr. 2016, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brazil.

Chen, P. (2016). Improvement of wheat *Fusarium* head blight (FHB) resistance in China. Proceedings of the 5th International Symposium on *Fusarium* Head Blight. 6-10 Apr. 2016, Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brazil.

Dweba, C. C., Figlan, S., Shimelis, H. A., Motaung, T. E., Sydenham, S., Mwadzingeni, L., & Tsilo, T. J. (2017). *Fusarium* head blight of wheat: Pathogenesis and control strategies. *Crop Protection*, *91*, 114-122. doi: 10.1016/j.cropro.2016.10.002.

Ebrahimi, M. N., Ahmadi, H., Darvishnia, M., & Goodarzi, D. (2024). Identification of bread wheat resistant genotypes to *Fusarium* head blight disease and heritability estimation for some traits for bread wheat genotypes. *Plant Genetic Researches*, *10*(2), 137-152. [In Persian]. doi: 10.22034/PGR.10.2.1.

Fernando, W. G. D., Oghenekaro, A. O., Tucker, J. R., & Badea, A. (2021). Building on a foundation: Advances in epidemiology, resistance breeding, and forecasting research for reducing the impact of *Fusarium* head blight in wheat and barley. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *43*(4), 495-526. doi: 10.1080/07060661.2020.1861102.

Gervais, L., Dedryver, F., Morlais, J. Y., Bodusseau, V., Negre, S., Bilous, M., Groos, C., & Trottet, M. (2003). Mapping of quantitative trait loci for field resistance to *Fusarium* head blight in an European winter wheat. *Theoretical & Applied Genetics*, *106*(6), 961-970. doi: 10.1007/s00122-002-1160-5.

Gilbert, J., & Haber, S. (2013). Overview of some recent research developments in *Fusarium* head blight of wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *35*(2), 149-174. doi: 10.1080/07060661.2013.772921.

Hasanvand, E., Darvishnia, M., Mirzaei Najafgholi, H., & Pakbaz, S. (2023). Evaluation of the response of 25 commonly cultivated wheat genotypes to *Fusarium* head blight disease under greenhouse conditions. *Journal of Applied Research in Plant Protection*, 12(2), 213-224. [In Persian]. doi: 10.22034/arpp.2023.16368.

Haile, J. K., N'Diaye, A., Walkowiak, S., Nilsen, K. T., Clarke, J. M., Kutcher, H. R., Steiner, B., Buerstmayr, H., & Pozniak, C. J. (2019). *Fusarium* head blight in durum wheat: Recent status, breeding directions, and future research prospects. *Phytopathology*, *109*, 664-1675. doi: 10.1094/PHYTO-03-19-0095-RVW.

He, X., Singh, P. K., Duveiller, E., Schlang, N., Dreisigacker, S., & Singh, R. P. (2013). Identification and characterization of international *Fusarium* head blight screening nurseries of wheat at CIMMYT, Mexico. *European Journal of Plant Pathology*, *136*, 123-134. doi: 10.1007/s10658-012-0146-7.

He, X., Singh, P. K., Schlang, N., Duveiller, E., Dreisigacker, S., Payne, T., & He, Z. (2014). Characterization of Chinese wheat germplasm for resistance to *Fusarium* head blight at CIMMYT, Mexico. *Euphytica*, *195*, 383-395. doi: 10.1007/s10681-013-1002-3.

Huang, F., Li, X., Du, X., Li, S., Li, N., Lv, Y., Zou, S., Zhang, Q., Wang, L., Ni, Z., Han, Y., & Xing, J. (2023). SNP-based identification of QTLs for thousand-grain weight and related traits in wheat 8762/Keyi 5214 DH lines. *Journal of Integrative Agriculture*, *10*, 2949-2960. doi: 10.1016/j.jia.2023.03.004.

Kumar, J., Rai, K. M., Pirseyedi, S., Elias, E. M., Xu, S., Dill-Macky, R., & Kianian, S. F. (2020). Epigenetic regulation of gene expression improves *Fusarium* head blight resistance in durum wheat. *Scientific Reports*, *10*, 17610. doi: 10.1038/s41598-020-73521-2.

Leonard, K. J., & Bushnell, W. R. (2003). *Fusarium* Head Blight of Wheat and Barley. APS Press. The American Phytopathological Society, St. Paul, Minnesota, USA. 512 p.

Ma, Z., Xie, Q., Li, G., Jia, H., Zhou, J., Kong, Z., Li, N., & Yuan, Y. (2020). Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat *Fusarium* head blight. *Theoretical & Applied Genetics*, *133*(5), 1541-1568. doi: 10.1007/s00122-019-03525-8.

Mawcha, K. T., Zhang, N., Wang, Y. A., & Yang, W. X. (2022). Advances in wheat breeding for resistance to *Fusarium* head blight. *Czech Journal of Genetics & Plant Breeding*, *58*(4), 167-188. doi: 10.17221/1/2022-CJGPB.

Malihipour, A., Dehghan, M. A., Shahbazi, K., & Barati, A. (2017). Reaction of Iranian wheat landraces to *Fusarium* head blight (FHB) under field and greenhouse conditions. *Journal of Applied Research in Plant Protection*, *6*(4), 53-66. [In Persian].

Malihipour, A., Dehghan, M. A., & Shahbazi, K. (2018). Analysis of resistance to *Fusarium* head blight (FHB) among the genotypes of 2012 elite wheat enotypes of the north warm and humid zone in Iran. *Iranian Journal of Field Crop Science*, *49*(2), 115-130. [In Persian]. doi: 10.22059/ijfcs.2017.218342.654203.

McKendry, A. L., Tague, D. N., Wright, R. L., Tremain, J. A., & Conley, S. P. (2005). Registration of 'Truman' wheat. *Crop Science*, *45*(1), 421-423. doi: 10.2135/cropsci2005.0421.

Mergoum, M., Frohberg, R. C., Miller, J. D., & Stack, R. W. (2005). Registration of 'SteeleND' wheat. *Crop Science*, *45*(3), 1163-1164. doi: 10.2135/cropsci2004.308CV.

Mergoum, M., Frohberg, R. C., Miller, J. D., Stack, R. W., Olsona, T., Friesen, T. L., & Rasmussen, J. B. (2006). Registration of 'Glenn' wheat. *Crop Science*, *46*(1), 473-474. doi: 10.2135/cropsci2005.0287.

Nakagawa, H., He, X., Matsuo, Y., Singh, P. K., & Kushiro, M. (2017). Analysis of the masked metabolite of deoxynivalenol and *Fusarium* resistance in CIMMYT wheat germplasm. *Toxins (Basel)*, *9*(8), 238. doi: 10.3390/toxins9080238.

Parry, D. W., Jenkinson, P., & McLeod, L. (1995). *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals - A review. *Plant Pathology*, *44*(2), 207-238. doi: 10.1111/j.1365-3059.1995.tb02773.x.

Sakr, N. (2020). Components of quantitative resistance to *Fusarium* head blight agents in durum and bread wheat plants grown under Mediterranean conditions. *Archives of Phytopathology & Plant Protection*, *53*(15-16), 731-748. doi: 10.1080/03235408.2020.1795457.

Sakr, N. (2023). Resistance to *Fusarium* head blight in some Syrian wheat and barley cultivars. *Sarhad Journal of Agriculture*, *39*(1), 80-94. doi: 10.17582/journal.sja/2023/39.1.80.94.

Siranidou, E., Kang, Z., & Buchenauer, H. (2002). Studies on symptom development, phenolic compounds and morphological defense responses in wheat cultivars differing in resistance to *Fusarium* head blight. *Phytopathology*, *150*(4-5), 200-208. doi: 10.1046/j.1439-0434.2002.00738.x.

Somma, S., Petruzzella, A. L., Logrieco, A. F., Meca, G., Cacciola, O. S., & Moretti, A. (2014). Phylogenetic analyses of *Fusarium graminearum* strains from cereals in Italy, and characterisation of their molecular and chemical chemotypes. *Crop & Pasture Science*, *65*(1), 52-60. doi: 10.1071/CP13314.

Stephen, N. (2015). Management of *Fusarium* head blight of wheat and barley. *Crop Protection*, *73*, 100-107. doi: 10.1016/j.cropro.2015.02.025.

Wegener, M. (1992). Optimierung von saatgutpillierungen mit mikrobiellen antagonisten zur biologischen biologischen bekampfung von *Fusarium culmorum* (W. G. Smith) Sacc. in weizen. Diplomarbeit, Georg-August-Universitaet Göttingen, Göttingen, Germany.

Xu, X., & Nicholson P. (2009). Community ecology of fungal pathogens causing wheat head blight. *Annual Review of Phytopathology*, *47*, 83-103. doi: 10.1146/annurev-phyto-080508-081737.

Xue, A. G., Chen, Y., Seifert, K., Guo, W., Blackwell, B. A., Harris, L. J., & Overy. D. P. (2019). Prevalence of *Fusarium* species causing head blight of spring wheat, barley and oat in Ontario during 2001-2017. *Canadian Journal of Plant Pathology*, *41*(3), 392-402. doi: 10.1080/07060661.20191582560.

Yi, X., Cheng, J., Jiang, Z., Hu, W., Bie, T., Gao, D., Li, D., Wu, R., Li, Y., Chen, S., Cheng, X., Liu, J., Zhang, Y., & Cheng, S. (2018). Genetic analysis of *Fusarium* head blight resistance in CIMMYT bread wheat line C615 using traditional and conditional QTL mapping. *Frontiers in Plant Science*, *9*, 573. doi: 10.3389/fpls.2018.00573.

Zhao, M. X., Leng, Y. Q., Chao, S. M., Xu, S. S., & Zhong, S. B. (2018). Molecular mapping of QTL for *Fusarium* head blight resistance introgressed into durum wheat. *Theoretical & Applied Genetics*, *131*, 1939-1951. doi: 10.1007/s00122-018-3124-4.

Zhu, Z., Hao, Y., Mergoum, M., Bai, G., Humphreys, G., Cloutier, S., Xia, X., & He, Z. (2019). Breeding wheat for resistance to *Fusarium* head blight in the Global North: China, USA, and Canada. *The Crop Journal*, *7*(6), 730-738. doi: 10.1016/j.cj.2019.06.003.