مجله پژوهش‌های تولید گیاهی
جلد هفدهم، شماره چهارم، ۱۳۸۹
www.gau.ac.ir/journals

بررسی اثرات صفات مرفولوژیک ژنوتیپ‌های گندم بهاره با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله

سیاوش سلیمیان‌ریزی[۱]، *سعید نواب‌پور[۲]، حسن سلطانلو[۲] و مهدی کلاته‌عربی[۳]

[۱]دانشجوی کارشناسی‌ارشد اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان،
[۲]استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان،
[۳]عضو هیات‌علمی مرکز تحقیقات کشاورزی استان گلستان

تاریخ دریافت: ۸۸/۲/۱۷ ؛ تاریخ پذیرش: ۸۹/۱۰/۲۶

چکیده

درک بهتر ارتباط میان صفات مورفولوژیک گیاه و مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله می‌تواند در اجرای یک برنامه اصلاحی موفق، مؤثر باشد. در این آزمایش به بررسی ارتباط میان مقاومت به بیماری و صفات مورفولوژیک ارتفاع بوته، طول پدانکل و تراکم سنبلچه‌ها در ۲۸ رقم گندم بهاره و دو رقم گندم دوروم پرداخته شد. همبستگی منفی و معنی‌داری میان ارتفاع بوته و طول پدانکل با حساسیت به بادزدگی فوزاریومی مشاهده شد. پابلندی در گندم به‌عنوان یک صفت نامطلوب زراعی به‌شمار می‌رود، در این پژوهش با رسم دیاگرام دوبعدی ارتفاع بوته در برابر مولفه‌ی حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله، اقدام به گزینش ژنوتیپ‌های پاکوتاه با مقاومت مناسب در برابر بادزدگی فوزاریومی شد. با توجه به‌نتایج به‌دست آمده ارقام فرونتانا، وانگشوبای و فرونتانا ام‌ایکس به‌عنوان ارقام مقاوم در برابر بادزدگی فوزاریومی سنبله، در گروه پابلندترین ارقام قرار گرفتند. با توجه به اهمیت زراعی طول پدانکل در غلات در توانایی گیاه در فتوسنتز و تشکیل دانه، به بررسی ارتباط میان این صفت با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله پرداخته شد. با توجه به نتایج به‌دست آمده شش واریته‌ی با مقاومت بالا و پدانکل بلند در این آزمایش شناسایی شدند. با توجه به تاثیر تراکم سنبلچه‌ها

*مسئول مکاتبه: s.navabpour@gau.ac.ir

روی عملکرد دانه در گندم، استفاده از دیاگرام دوبعدی تراکم سنبلچه در برابر مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در این آزمایش به انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم همراه با تراکم بالای سنبلچه‌ها برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک کرد.

واژه‌های کلیدی: گندم، بادزدگی فوزاریومی سنبله، مقاومت، صفات مورفولوژیک، دیاگرام دوبعدی

مقدمه

بادزدگی فوزاریومی سنبله (*FHB*)[1] از بیماری‌های مهم گندم در سرتاسر جهان است. حدود ۱۷ گونه از قارچ *Fusarium* عامل این بیماری شناخته شده‌است که در این بین *F. graminearum* و *F. culmorum* به‌عنوان عوامل اصلی این بیماری شناخته شده‌اند (توث و همکاران، ۲۰۰۸). این بیماری از سال‌ها پیش به‌طور پراکنده در ایران وجود داشته و یکی از بیماری‌های مهم گندم در استان‌های مازندران، گلستان، زنجان، فارس و اردبیل (دشت مغان) به‌حساب می‌آید (برنوسی و همکاران، ۲۰۰۲). بادزدگی فوزاریومی سنبله گندم در کشورهای مختلف جهان نظیر روسیه، سوئد، فرانسه، ایتالیا، آلمان، استرالیا، برزیل، نروژ، ژاپن و کانادا گزارش شده است. در بیشتر گزارش‌ها *F. graminearum* به‌عنوان عامل اصلی بیماری معرفی شده است (پری و همکاران، ۱۹۹۵). خسارت‌های این بیماری به محصول گندم دارای ابعاد گوناگونی است. افت عملکرد دانه از طریق کاهش تعداد و وزن دانه‌ها از ۳۰ تا ۷۰ درصد گزارش شده است. بادزدگی فوزاریومی سنبله با تخریب ذخایر نشاسته، پروتئین و آسیب به دیواره سلولی دانه‌ها موجب کاهش کیفیت نانوایی محصول می‌شود (سیرانیدو و همکاران، ۲۰۰۲). این بیماری با آسیب رساندن به جنین، موجب کاهش قوه نامیه، بنیه بذر و ایجاد بلایت گیاهچه در کشت بعدی محصول می‌شود، همچنین آلودگی دانه‌ها به زهرابه‌های قارچی[2] نیوالنول، زرالنول و دی‌اکسی نیوالنول به‌عنوان خطری جدی برای سلامت انسان و دام محسوب می‌شود.

به‌منظور کنترل بادزدگی فوزاریومی روش‌های گوناگونی شامل روش‌های کنترل زراعی، کنترل شیمیایی و در نهایت اصلاح واریته‌های مقاوم بیان شده است. روش‌های کنترل زراعی شامل استفاده از

1- Fusarium Head Blight
2- Mycotoxins

تناوب مناسب، روش‌های صحیح آبیاری، استفاده بهینه از کود و عملیات صحیح تهیه زمین است (پری و همکاران، ۱۹۹۵) در این میان، اصلاح برای ایجاد واریته‌های مقاوم، موثرترین روش در کنترل این بیماری است. استفاده از این روش علاوه بر این‌که مطابقت با محیط زیست دارد، با افزایش میزان عملکرد، میزان کاهش عملکرد ناشی از بیماری را پوشش داده و هم‌چنین میزان کاهش کیفیت و تجمع زهرابه‌های قارچی ناشی از بیماری در دانه‌ها را کاهش می‌دهد. (میدنر و همکاران، ۲۰۰۸).

مسترهازی (۱۹۹۵) پنج مکانیسم مختلف را به‌عنوان مکانیسم‌های مقاومت فعال[1] در مقابل بادزدگی فوزاریومی سنبله معرفی کرد. این مکانیسم‌ها شامل تیپ یک مقاومت یا مقاومت در برابر آلودگی اولیه، تیپ دو مقاومت یا مقاومت در برابر گسترش آلودگی درون سنبله، تیپ سوم یا مقاومت در برابر آلوده شدن دانه‌ها در سنبلچه‌های آلوده، تیپ چهارم مقاومت یا مقاومت در برابر کاهش عملکرد و تیپ پنجم مقاومت یا مقاومت در برابر تجمع زهرابه‌ها[2] در دانه‌های آلوده است.

مکانیسم‌های مقاومت غیرفعال[3] شامل مقاومت‌های مکانیکی و مکانیسم‌های فرار شامل خصوصیات مورفولوژیک مانند ارتفاع گیاه، وجود ریشک، تراکم سنبلچه‌ها، زمان گل‌دهی و دوام آن، گلوم‌های دارای پوشش واکسی و میزان درجه باز بودن سنبلچه‌ها است (بای و شینر، ۱۹۹٤). درک بهتر ارتباط میان صفات مورفولوژیک گیاه و مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله می‌تواند در اجرای یک برنامه اصلاحی موفق، مؤثر باشد (چو و همکاران، ۲۰۰٤). گرویس و همکاران (۲۰۰۳) با استفاده از نشانگرهای ژنتیکی ریزماهواره[4] و *AFLP*[5] و *RFLP*[6] به بررسی ارتباط میان صفات ارتفاع بوته، زمان به سنبله رفتن و وجود ریشک با مقاومت به بلایت فوزاریومی سنبله پرداختند که با توجه به نتایج به‌دست آمده، مکان‌های ژنی کمی[7] (*QTL*) مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله با مکان‌های ژنی کمی مربوط به صفات مذکور همپوشانی دارد. کلار و همکاران (۲۰۰۷) با بررسی مکان‌های ژنی مرتبط با زمان به سنبله رفتن و همچنین ارتفاع بوته مشخص کردند که مکان ژنی کمی ***Qfhs.whs*** روی کروموزوم ***B*** ۵ مربوط به مقاومت بادزدگی فوزاریومی سنبله در گندم، با مکان ژنی ارتفاع بوته روی این کروموزوم همراه است. مائو و همکاران (۲۰۱۰) با بررسی نتایج دیگر پژوهش‌ها در مورد

1- Active Resistance Mechanisms
2- *Toxins*
3- Passive resistance mechanisms
4- *Microsatellites*
5- Amplified Fragment Length Polymorphism
6- *Restriction Fragment Length Polymorphism*
7- *Quantitative trait loci*

مکان‌های ژنی کمی مربوط به مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله به این نتیجه رسیدند که مکان ژنی کمی مقاومت واقع روی کروموزوم ۳*A* با مکان ژنی کمی مربوط به ارتفاع گیاه روی این کروموزوم همراه است. البته طبق نظر این مقاله با توجه به این‌که این گزارش در مورد کروموزوم ۳*A* پیش از این گزارش نشده، نیاز به پژوهش بیشتری در مورد این قضیه وجود دارد. ما و همکاران (۲۰۰۰) با استفاده از نشانگر *RFLP*[1] به بررسی پیوستگی بین مکان‌های ژنی کمی[2] مرتبط با صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل و تراکم سنبلچه‌ها با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در گیاه جو پرداختند. با توجه به نتایج این آزمایش چهار مکان ژنی کمی مربوط به ارتفاع بوته با مکان‌های ژنی کمی مربوط به‌شدت بیماری و تجمع زهرابه‌ی قارچی دی اکسی نیوالنول در جوهای شش ردیفه مورد بررسی همپوشانی داشت. چو و همکاران (۲۰۰٤) ارتباط بین صفات مورفولوژیک در جو به بادزدگی فوزاریومی سنبله را مورد بررسی قرار دادند. با توجه به نتایج این آزمایش ارتفاع بوته در تمام محیط‌های مورد بررسی همبستگی معنی‌داری با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله نشان داد. هولزاپفل و همکاران (۲۰۰۸) ارتباط میان مکان‌های ژنی کمی مرتبط با پاکوتاهی ژنوتیپ‌ها با حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در ژنوتیپ‌های گندم پاییزه‌ی اروپایی را مورد آزمون قرار دادند که با توجه به نتایج به‌دست آمده آلل نیمه‌پاکوتاهی Rht-D1b اصلی‌ترین علت حساسیت در این ژنوتیپ‌هاست.

رائو و همکاران (۲۰۰۷) یاد کردند که طول پدانکل یکی از صفات مهم زراعی در جو است که با تاثیر بر توانایی گیاه از در آمدن از غلاف سنبله، نه تنها بر دگرگشنی گیاه موثر است، بلکه تاثیر قابل ملاحظه‌ای بر فتوسنتز و تشکیل دانه روی سنبله دارد و QTL موجود روی کروموزوم ۳H در جو، مسوول کنترل این صفت است. همچنین در پژوهش ربتزکه و همکاران (۲۰۰۱) روی گندم، مکان ژنی کمی Rht-B1 واقع بر روی کروموزوم ٤B حدود ٤۹ درصد واریانس ژنتیکی طول پدانکل و ارتفاع گیاه را توجیه می‌کرد. در پژوهش دیگر در مورد ارتباط صفات موروفولوژیکی با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله، هدف اصلی از انجام این پژوهش شناسایی و تشخیص منابع ژنتیکی مقاوم به بادزدگی فوزاریومی سنبله برای استفاده در برنامه‌های اصلاحی بود که همزمان صفات مطلوب زراعی مانند پاکوتاهی و سنبلچه‌های متراکم را داشته و مکان‌های ژنی کمی مربوط به مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در آن‌ها با صفات نامطلوبی از قبیل پابلندی همپوشانی نداشته و بتوان هم‌زمان مقاومت و صفات مطلوب مورد نظر را در یک واریته جمع کرد.

1-Restriction Fragment Length Polymorphism

مواد و روش‌ها

۳۰ ژنوتیپ گندم بهاره در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی عراقی‌محله گرگان به‌صورت دو آزمایش مجزا در شرایط آلودگی (آلودگی مصنوعی با مایه تلقیح قارچ *F. graminearum*) و بدون آلودگی (کنترل بیماری با استفاده از قارچ‌کش تیلت) مورد ارزیابی قرار گرفتند. کشت هر ژنوتیپ روی ردیف‌های دو متری با عرض ٦٠ سانتی‌متر در دو خط و فاصله بوته ۳۰ سانتی‌متر به‌صورت دستی انجام شد. به این منظور تعداد ۳۰ ژنوتیپ گندم بهاره شامل ۲۸ ژنوتیپ گندم نان (*Triticum aestivum*) و ۲ واریته گندم دوروم (*Triticum durum*) استورک و یاوارس مورد ارزیابی قرار گرفت (جدول ۱).

صفات مورفولوژیک: پانزده بوته به‌طور تصادفی در داخل هر کرت اندازه‌گیری شد. برای اندازه‌گیری میانگین ارتفاع و طول پدانکل از قسمت طوقه تا انتهای سنبله برحسب سانتی‌متر یادداشت گردید. تراکم سنبلچه‌ها با رابطه‌ی زیر محاسبه گردید (ما و همکاران، ۲۰۰۰).

(۱)

$$\text{تراکم سنبلچه} = \frac{\text{تعداد سنبلچه روی سنبله}}{\text{طول سنبله}}$$

آلوده‌کردن ژنوتیپ‌ها: قارچ مورد نظر *F.graminearum* (اهدایی از دکتر هاشمی) از مرکز اصلاح نهال و بذر کرج تهیه شد. به‌منظور اثبات بیماری‌زایی، اقدام به آلودگی توسط میکروپیپت در سنبلچه میانی ده سنبله در مرحله‌ی ظهور بساک‌ها[1] شد. پس از اثبات بیماری‌زایی، جدایه‌ی یاد شده روی محیط کشت سیب‌زمینی دکستروز آگار[2] کشت شد. برای تهیه سوسپانسیون قارچ از روش اسفهلانی و همکاران (۲۰۰۰) استفاده شد. تعداد ماکروکنیدی در میلی‌لیتر با استفاده از لام هموسیتومتر شمارش شد و غلظت اسپور نهایی روی ۱×۱۰^{٦} ماکروکنیدی در میلی‌لیتر تنظیم شد.آلودگی با استفاده از اسپورپاشی روی سنبله‌ها در اوایل مرحله گل‌دهی زمانی‌که بساک‌ها از وسط سنبله شروع به بیرون آمدن کردند، یعنی در مرحله ٦٠ زادوکس (۱۹۷٤)، انجام شد. عمل اسپورپاشی به تعداد چهار بار با فاصله زمانی دو روز روی کل ژنوتیپ‌ها انجام شد.

1- Anthesis
2- Potato-Dextrose-agar (PDA)

جدول ۱- فهرست ژنوتیپ‌های مورد استفاده در آزمایش.

	ژنوتیپ		ژنوتیپ		ژنوتیپ		ژنوتیپ		ژنوتیپ		ژنوتیپ
۱	اترک	٦	آتیلا/میلان	۱۱	زاگرس	۱٦	شانگهای۳	۲۱	فلات	۲٦	میلان/شانگهای
۲	اترک/وانگشوبای	۷	آرتا	۱۲	زمارا۸	۱۷	شانگهای۸	۲۲	کتبیرد	۲۷	نینگ ۸۳٤۳
۳	استورک (دوروم)	۸	تجن	۱۳	سومای‌تری	۱۸	شیرودی	۲۳	کوهدشت	۲۸	نینگمای *8026*
٤	اس‌دبلیو ۸۹۳۰٦٤/ استار	۹	چمران	۱٤	شا۳/کتبیرد	۱۹	فرونتانا	۲٤	مغان۳	۲۹	وانگشوبای
۵	ای-۲-۹۲-یو	۱۰	دسکنسیدو	۱۵	شا٤/چیل	۲۰	فرونتاناام‌ایکس	۲۵	میلان/امسل/کتبیرد	۳۰	یاوارس(دوروم)

محاسبه شاخص‌های بیماری: پیش از ظاهر شدن علائم آلودگی، به‌طور تصادفی تعداد ۳۰ سنبله‌ی گندم از هر کرت انتخاب شده و شماره زده شد. پس از ظهور علایم آلودگی، تعداد سنبلچه‌های آلوده در سنبله‌های شماره‌دار شمارش شد. در این پژوهش درصد وقوع‌بیماری و شدت بیماری به‌ترتیب به‌عنوان شاخص‌های تیپ اول و دوم مقاومت محاسبه شدند. برای محاسبه درصد وقوع بیماری[1] به‌عنوان شاخص مقاومت تیپ یک، از رابطه زیر استفاده شد (گیلبرت و وودز، ۲۰۰۶).

(۳)

$$\text{درصد وقوع بیماری} = \frac{\text{تعداد سنبله‌های حاوی سنبلچه‌های آلوده}}{۳۰}$$

شدت بیماری[2] با درجه‌بندی سنبله‌های آلوده براساس روش ون و همکاران (۱۹۹۷) محاسبه شد. سنبله‌های مورد ارزیابی بر اساس درصد سنبلچه‌های آلوده در هر سنبله به‌این صورت درجه‌بندی شد: ۰- سنبلچه‌های موجود در یک سنبله فاقد هر گونه علائم بیماری هستند، ۱- سنبلچه‌های هر سنبله تا ۲۰ درصد آلوده‌اند، ۲- سنبلچه‌های هر سنبله تا ٤۰ درصد آلوده‌اند، ۳- سنبلچه‌های هر سنبله تا ٦۰ درصد آلوده‌اند، ٤- سنبلچه‌های هر سنبله تا ۸۰ درصد آلوده‌اند، ۵- از سنبلچه‌های هر سنبله بیش از ۸۰ درصد آلوده‌اند.

در زمان رسیدگی کامل بوته‌ها، برداشت دستی به‌صورت کف‌بر انجام شد. به‌طور تصادفی تعداد ۱۵ سنبله از سنبله‌های شماره‌گذاری شده انتخاب شد و برای جلوگیری از ریزش دانه‌ها سر سنبله‌ها درون پاکت‌های کاغذی قرار داده شد. دانه‌های سنبله‌های انتخاب شده به‌طور دستی از سنبله‌ها جدا شد و تعداد کل دانه‌ها و تعداد دانه‌های آلوده شمارش شد. درصد دانه‌های آلوده[3] (FDK) با استفاده از رابطه زیر محاسبه شد.

(۳)

$$\text{درصد دانه‌های آلوده} = \frac{\text{تعداد دانه‌های آلوده}}{\text{تعداد کل دانه‌ها}}$$

پس از خرمن‌کوبی، دانه‌های حاصل از شرایط بیماری و شاهد توزین شدند و با استفاده از رابطه‌ی زیرشاخص حساسیت[4] برای کاهش عملکرد محاسبه شد (فیشر و مورر، ۱۹۷۸).

1- Disease Incidence
2- Disease Severity
3- Fusarium Damaged Kernels
4- Stress Susceptibility Index

$$SSI = \frac{1-(\frac{Y_s}{Y_p})}{SI} \qquad (٤)$$

که در این رابطه Yp عملکرد ژنوتیپ مورد نظر در شرایط بدون تنش و Ys عملکرد ژنوتیپ مورد نظر در شرایط دارای تنش است و SI به‌عنوان شدت تنش با استفاده از رابطه‌ی زیر محاسبه شد:

$$SI = 1-\frac{\overline{Y}_s}{\overline{Y}_P} \qquad (٥)$$

محاسبات آماری: محاسبات مربوط به ضرایب همبستگی با استفاده از رویه‌ی کور[1] و تجزیه واریانس با استفاده از رویه‌ی جی‌ال‌ام[2] و تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از رویه‌ی پرینکامپ[3] در نرم‌افزار آماری *SAS*، محاسبات مربوط به مقادیر آن در نرم افزار *Excel* و رسم دیاگرام‌های دوبعدی با استفاده از نرم‌افزار *SPSS* انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس نشان داد که تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد برای شاخص‌های درصد وقوع، شدت بیماری و درصد دانه‌های آلوده بین ژنوتیپ‌ها وجود داشت (جدول ۲).

جدول ۲- تجزیه واریانس برای شاخص‌های درصد وقوع بیماری، شدت بیماری و درصد دانه‌های آلوده.

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات		
		درصد وقوع بیماری	شدت بیماری	درصد دانه‌های آلوده
رقم	۲۹	۴۷/۲۹۲۷**	۷۵/۵۱۰**	۲۲/۱۰۲**
بلوک	۲	۸۷/۱۰۷**	۹۶/۱۱۹**	۵۱/۱^{ns}
اشتباه	۵۸	۲۷/۱۴	۷۶/۱۳	۵۹/۰
ضریب تغییرات		۰۷/۱۰	۹۵/۱۲	۱۳/۱۴

**: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد، ^{ns}: غیر معنی‌دار

با توجه به تفاوت معنی‌دار بین ژنوتیپ‌ها از نظر شاخص‌های بیماری، ژنوتیپ‌ها براساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن[4] در سطح احتمال ۱ درصد گروه‌بندی شدند (جدول ۳).

1- Corr Procedure
2- Glm Procedure
3- Princomp Procedure
4- Duncan's Multiple Range Test

جدول ۳- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی براساس شاخص‌های ارزیابی مقاومت با استفاده از آزمون چند دامنه‌ای دانکن در سطح احتمال معنی‌داری ۱ درصد.

درصددانه‌های آلوده	شدت بیماری	درصد وقوع	ژنوتیپ	درصد دانه‌های آلوده	شدت بیماری	درصد وقوع	ژنوتیپ
۰/۲۵K	۲۰GH	۹/۳۳KLM	نینگ ۸۳٤۳	۱۰/۸۷CD	۳۲/۰٦CDE	٤۳/۲۲G	آرتا
۳/۷۷HI	۲۵/۰۸EFGH	۳۳/۳۳H	نینگمای۸۰۲٦	۷/۱۲G	۲۱/۷۸FGH	٤۱/۷۸G	آتیلا/میلان
۱/٦۲JK	۲۰/۸۳GH	۱۲/۲۲KL	شا۳/کتبیرد	۱٦/٤۳B	۲۹/۳۳DEFG	۹۲/۲۲A	اترک
۳/۵۹HI	۲۷/۳۳DEFG	۲۸/۸۹HI	شا٤/چیل	۲/۷۷IJ	۲۷/۳٤DEF	٤۵/۵٦FG	اترک/وانگشوبای
۰/۱۷K	۲۰GH	٤/٤٤LM	شانگهای۸	۰/٦۳K	۲۰GH	٦/٦۷KLM	کتبیرد
۰/٦۲K	۳۰/٦۷CDEF	٤/٤٤LM	شانگهای۳	۷/۸۸FG	٤٤/۸٦B	٦٦/۱۱CD	چمران
۵/۲٦H	۳۹BC	۵۲/۲۲EF	شیرودی	۹/٦۲DEF	۳٤/٦۵CD	۵۸/۸۹DE	دسکنسیدو
۸/٦۲EFG	٦۱/۱۳A	۹۱/۱۱A	استورک	۰/۲۸K	۲۰GH	۳/۳۳LM	ای۲-۹۲-یو
۰/۷٦K	۳/۳۳I	۱/۱۱M	سومای۳	۲۱/۹٤A	٤٦/۷٦B	۹۰A	فلات
۱۲/۵۱C	۲۹/٤۱DEFG	۷۳/۳۳BC	اس‌دبلیو ۸۹۳۰٦٤/استار	۰/۷۲K	۲۰I	٤/٤٤LM	فرونتاناام ایکس
۳/۷۹HI	۲٦/۵۹DEFG	۵۰FG	تجن	۰/٤٤K	۳/۳۳GH	۱/۱۱M	فرونتانا
۰/۵۲K	۲۰GH	۷/۷۸KLM	وانگشوبای	۲/۷۲IJ	۲۳/۷٦EFGH	٤٦/٦۷FG	کوهدشت
۱٦/۹۵B	٦۰/۰۱A	۷۸/۵۵B	یاوارس	۰/٤۷K	۳۲/۵٦CDE	۱٤/٦۷JK	میلان/امسل/کتبیرد
٤/۱HI	۳٦CD	۲۲/۲۲IJ	زاگرس	۰/۱۸K	۱٦/٦۷H	۲/۲۲M	میلان/شانگهای
۸/۵۱FG	۳۵/۳۵CD	۸۰B	زمارا۸	۱۰/۳۳DE	۳۱/۳۱CDE	٦۰/۲۲DE	مغان۳

در مورد هر صفت مقادیری که حداقل دارای یک حرف مشترک هستند، اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد ندارند.

S.E برای درصد وقوع بیماری برابر با ۳/۷۳، شدت بیماری برابر با ۳/۷۱ و درصد دانه‌های آلوده برابر با ۰/۷۷ است.

به‌منظور رسیدن به یک شاخص کلی برای حساسیت ژنوتیپ‌ها در مزرعه، تجزیه به مولفه‌های اصلی با استفاده از شاخص‌های درصد وقوع بیماری[1] (*DIC*)، شدت بیماری[2] (*DSV*)، درصد دانه‌های

1- Disease incidence
2- Disease severity

آلوده[1] (*FDK*) و شاخص حساسیت به تنش عملکرد[2] (*SSI*) به‌ترتیب به‌عنوان شاخص‌های نوع اول، دوم، سوم و چهارم مقاومت بیماری انجام شد. مولفه اول که حدود ۷۹ درصد از تغییرات حساسیت به بادزدگی فوزایومی سنبله را توجیه می‌کرد به‌صورت:

$$Z1= (۰/۵۳\times DIC)+(۰/٤۷\times DSV)+(۰/۵۱\times FDK)+(۰/٤۸\times SSI)$$

به‌عنوان مولفه حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله نام‌گذاری شد.

صفات مورفولوژیک: نتایج تجزیه واریانس نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین ارقام از نظر ارتفاع بوته، طول پدانکل و تراکم سنبلچه‌ها وجود داشت (جدول ٤). همبستگی منفی و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد بین شاخص‌های بیماری و ارتفاع گیاه وجود داشت (جدول ۵).

جدول ٤- تجزیه واریانس صفات مورفولوژیک ژنوتیپ‌ها.

	میانگین مربعات			
منابع تغییرات	درجه آزادی	ارتفاع بوته	طول پدانکل	تراکم سنبلچه
رقم	۲۹	۲۰۳/۱**	٤۷/۵۷**	۰/۲۷**
بلوک	۲	۲۱/۹۹^{ns}	۰/٤٦^{ns}	۰/۰۰۵^{ns}
خطا	۵۸	۷/۰۷	۰/۸۱	۰/۰۳
ضریب تغییرات		۳/۱۲	۲/۵۹	۸/٦۳

^{ns}؛ ** به‌ترتیب غیرمعنی‌دار و: معنی‌دار در سطح احتمال ۱ درصد.

جدول ۵- مقادیر ضرایب همبستگی صفات مورفولوژیک با شاخص‌های بیماری.

	ارتفاع	طول پدانکل	تراکم سنبلچه
درصد دانه‌های آلوده	-۰/٤۳**	۰/٤۷**	۰/۱۲^{ns}
درصد وقوع بیماری	-۰/۵۱**	-۰/٤۷**	۰/۰۵^{ns}
شدت بیماری	-۰/۵۳**	-۰/۳۸*	۰/۱٤^{ns}
شاخص SSI	-۰/٤۲*	-۰/٤۷**	-۰/۰۲^{ns}
مولفه‌ی حساسیت	-۰/۵۳**	-۰/۵۱**	۰/۱۱^{ns}

^{**,*,ns} به‌ترتیب غیرمعنی‌دار و: معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد.

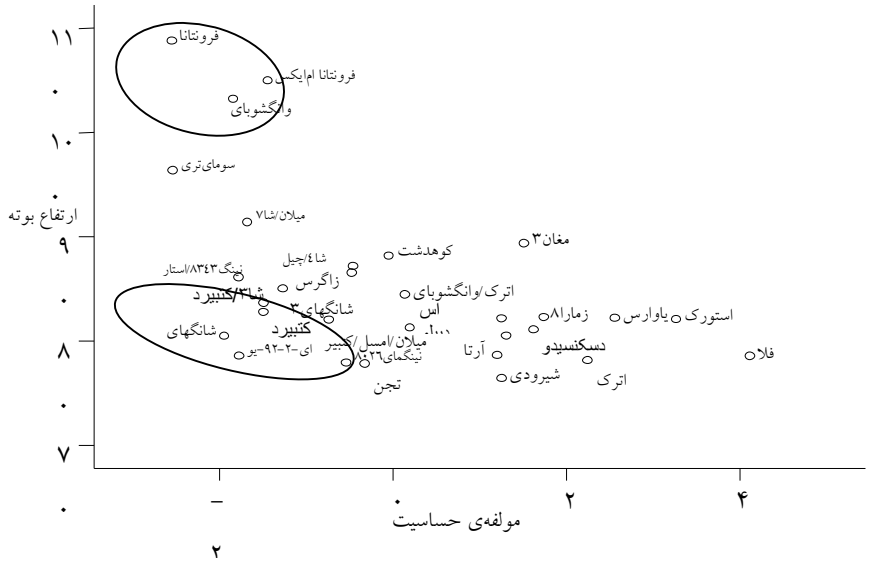
1- Fusarium Damaged Kernels
2- Stress Susceptibility Index

رقم فرونتانا به‌عنوان پابلندترین رقم در میان ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی، به‌عنوان ژنوتیپ مقاوم قرار گرفت. پس از آن ارقام وانگشوبای و فرونتانا ام ایکس با بیش از ۱۰۰ سانتی‌متر ارتفاع در گروه ارقام با مقاومت نسبی بالا قرار گرفتند. ارقام فلات، استورک و یاوارس به‌عنوان حساس‌ترین ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی، در گروه ژنوتیپ‌های با ارتفاع بوته پایین قرار گرفتند. بین ژنوتیپ‌های پاکوتاه و پابلند، ژنوتیپ‌های پاکوتاه در شرایط طبیعی آلودگی، حساسیت بیشتری به بادزدگی فوزاریومی سنبله داشتند که علت این امر را می‌توان به نزدیک بودن سنبله‌ها به سطح خاک نسبت داد. اصولاً ژنوتیپ‌های با ارتفاع کمتر از ۱۰۰ سانتی‌متر به بقایای گیاهی سطح خاک نزدیک‌ترند که این امر باعث بالا رفتن احتمال آلودگی سنبله‌ها و افزایش میزان حساسیت به بیماری می‌شود (مسترهازی، ۱۹۹۵). براساس نظر چو و همکاران (۲۰۰٤) یکی از علل مقاومت بیشتر ژنوتیپ‌های با ارتفاع بلندتر در آزمایش‌های مزرعه‌ای این است که سنبله‌های این ژنوتیپ‌ها توسط سنبله‌های کرت‌های اطراف به‌عنوان منابع پخش‌کننده آلودگی احاطه نشده‌اند.

در پژوهش‌های اخیر مشخص شده که تعداد زیادی از مکان‌های ژنی کمی مربوط به مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله با مکان‌های ژنی کمی مربوط به ارتفاع گیاه پیوستگی دارند (چو و همکاران، ۲۰۰٤). با توجه به این‌که آلودگی در این آزمایش به‌صورت مصنوعی ایجاد شد می‌توان همبستگی بین ارتفاع گیاه و شاخص‌های بیماری را با پیوستگی مکان‌های ژنی کمی در مورد این صفات مرتبط دانست. در پژوهش گرویس و همکاران (۲۰۰۳) روی گندم‌های پاییزه مشخص شد که مکان‌های ژنی کمی واقع روی کروموزوم $5A$ مربوط به حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله با مکان‌های ژنی کمی مرتبط با ارتفاع گیاه پیوستگی دارد که با نتایج همبستگی در این آزمایش همخوانی دارد. همبستگی میان ارتفاع بوته و مقاومت به بلایت فوزاریومی سنبله با نتایج کلار و همکاران (۲۰۰۷) و مائو و همکاران (۲۰۱۰) در گندم همخوانی دارد. این محققین علت این مساله را همراهی مکان‌های ژنی کمی مربوط به مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله و مکان ژنی کمی ارتفاع گیاه به‌ترتیب روی کروموزوم $5B$ و $3A$ یاد کردند.

پابلندی در گندم به‌عنوان یک صفت نامطلوب زراعی به‌شمار می‌رود، بنابراین همبستگی بین این صفت با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله برای اصلاح‌گران مناسب نیست. ژن‌های عامل مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در منابع مقاومتی گوناگون متفاوت است، بنابراین استفاده از ژنوتیپ‌های مقاوم و پاکوتاه با قدرت ترکیب‌پذیری مناسب می‌تواند در اصلاح برای مقاومت به بادزدگی

فوزاریومی سنبله مناسب باشد. ژنوتیپ‌های "ای۲-۹۲-یو"، "شانگهای ۸"، "شا۳/کتبیرد" و "کتبیرد" با وجود پاکوتاهی در گروه ژنوتیپ‌های با مقاومت مناسب در برابر بادزدگی فوزاریومی سنبله قرار گرفتند (شکل ۱). با توجه به این نکته، در صورت قدرت ترکیب‌پذیری مناسب این ژنوتیپ‌ها می‌توان از آنها به‌عنوان منابع مقاومتی مناسب در برنامه‌های اصلاحی استفاده کرد.

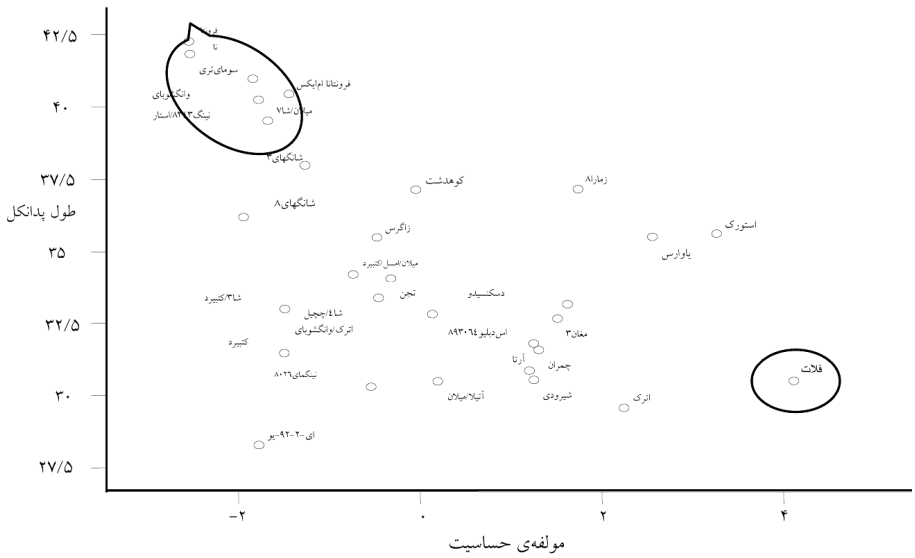


شکل ۱- دیاگرام دوبعدی مولفه حساسیت ژنوتیپ‌ها به بادزدگی فوزاریومی سنبله در برابر ارتفاع بوته.

همبستگی منفی و معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد میان درصد وقوع بیماری به‌عنوان شاخصی برای مقاومت تیپ اول بیماری با آلودگی اولیه در برابر بیماری با طول پدانکل وجود داشت (جدول ۵). همبستگی منفی و معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد بین شدت بیماری به‌عنوان شاخصی برای مقاومت تیپ دوم و طول پدانکل وجود داشت. ژنوتیپ‌های دارای طول پدانکل بلندتر دارای مقاومت بیشتری نسبت به این بیماری هستند و این صفت به‌عنوان یکی از صفات مورفولوژیک مرتبط با مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله یاد شده است (مسترهازی، ۱۹۹۵). در این آزمایش همبستگی معنی‌داری میان شاخص بیماری و طول پدانکل مشاهده نشد (جدول ۵). رائو و همکاران (۲۰۰۷) طول پدانکل را به‌عنوان صفتی یاد کردند که هم بر روی ارتفاع گیاه و هم تاریخ گلدهی تاثیرگذار

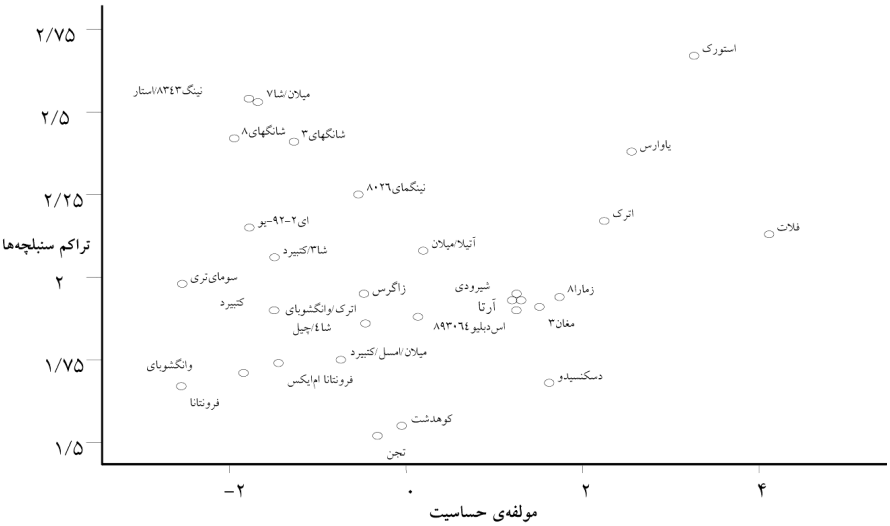
است. بر این اساس با توجه به این‌که تاریخ خروج سنبله‌ها و همچنین ارتفاع گیاه به‌عنوان صفات مورفولوژیک موثر در مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله یاد شده‌اند (چو و همکاران، ۲۰۰٤، ما و همکاران، ۲۰۰۰) بنابراین همبستگی منفی میان طول پدانکل و حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در گندم را هم می‌توان ناشی از ارتباط این صفت با ارتفاع گیاه و تاریخ به سنبله رفتن گیاه دانست.

به‌منظور بررسی بیشتر رابطه میان مقاومت ژنوتیپ‌ها در مزرعه و طول پدانکل، دیاگرام دوبعدی مولفه‌ی حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در برابر طول پدانکل ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی رسم شد (شکل ۲). همان‌گونه که مشاهده می‌شود ژنوتیپ‌های فرونتانا و سومای‌تری با کمترین میزان مولفه حساسیت در برابر بادزدگی فوزاریومی سنبله، دارای بیشترین طول پدانکل در میان ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی هستند. ژنوتیپ‌های فرونتانا ام ایکس، وانگشوبای، نینگ ۸۳٤۳/استار و میلان/شا۷ با طول پدانکل به نسبت بلند در میان ژنوتیپ‌های با مقاومت نسبی بالا قرار گرفتند. رقم حساس فلات دارای طول پدانکل به نسبت پایین در میان ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی طبقه‌بندی شد. با وجود رابطه منفی میان طول پدانکل و حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در گندم، ژنوتیپ "ای۲-۹۲-یو" با وجود واکنش مقاومت نسبی در برابر بادزدگی فوزاریومی سنبله در گروه ژنوتیپ‌های با طول پدانکل پایین قرار گرفت.



شکل ۲- دیاگرام دوبعدی مولفه‌ی حساسیت به بادزدگی فوزاریومی سنبله در برابر طول پدانکل.

دیاگرام دوبعدی مولفه حساسیت در برابر تراکم سنبلچه‌ها رسم شد (شکل ۳). ارقام مقاوم فرونتانا، فرونتانا ام ایکس و وانگشوبای در گروه ارقام با کم‌ترین تراکم سنبلچه قرار گرفتند و هم‌چنین رقم حساس استورک دارای بیشترین تراکم سنبلچه در میان ارقام مورد بررسی بود. با توجه به این‌که متراکم بودن سنبلچه‌ها می‌تواند باعث نگهداری بیشتر رطوبت بین سنبلچه‌های یک سنبله شود، می‌توان انتظار داشت که همبستگی مثبتی بین میزان فشرده بودن سنبلچه‌ها روی سنبله و شاخص‌های بیماری وجود داشته باشد (برستمایر، ۲۰۰۰؛ رود و همکاران، ۲۰۰۱). در این آزمایش همبستگی معنی‌داری بین مقاومت به بادزدگی فوزاریومی سنبله و میزان تراکم سنبلچه‌ها مشاهده نشد. با توجه به اینکه می‌توان تراکم بالای سنبلچه را یک صفت مثبت و مؤثر در عملکرد در نظر گرفت بنابراین ژنوتیپ‌هایی مقاوم دارای تراکم بالای سنبلچه‌ها می‌تواند به‌عنوان ژنوتیپ‌های مطلوب در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد.



شکل ۳- دیاگرام دو بعدی مولفه‌ی حساسیت در برابر تراکم سنبلچه‌ها روی سنبله

همان‌گونه که در شکل ۳ مشاهده می‌شود ارقام شانگهای ۳، شانگهای ۸، میلان/شا۷ و نینگ۸۳٤۳/استار با وجود تراکم سنبلچه‌ی بالا، در گروه ژنوتیپ‌های با مقاومت به نسبت بالا قرار گرفتند که در صورت مناسب بودن دیگر اجزای عملکرد از قبیل تعداد سنبله و وزن هزار دانه‌ی مناسب می‌توان از این ارقام در برنامه‌های اصلاحی آینده به‌عنوان والدین در برنامه‌های اصلاحی آینده استفاده کرد.

منابع

1.Bai, G.H. and Shaner, G. 1994. Scab of wheat: prospects for control. Plant Disease 78:760-765.
2.Bernusi, I., Ghanadha, M.R., Omidi, M., Samadi, B.Y. and Hosseinzadeh, A. 2002. Inheritance of resistance to fusarium within a spike of wheat. Pajouhesh and Sazandegi 63:57-62.
3.Buerstmayr, H., Steiner, B., Lemmens. M. and Ruckenbauer, P. 2000. Resistance to Fusarium Head Blight in Winter Wheat: Heritability and Trait Associations. Crop Sci. 40:1012-1018.
4.Choo, T.M., Vigier, B., Shen, Q.Q., Martin, R.A., Ho, K.M. and Savard, M. 2004. Barley traits associated with resistance to fusarium head blight and deoxynivalenol accumulation. Phytopathology, 94:1145-50.
5.Esfahlani, M., Saeedi, A., Karimzadeh, G. and Alizadeh, A.A. 1998. Study of different assessment methods of resistance to *Fusarium graminearum* spread in wheat spikes. Seed and plant improvement journal. 4: 481-94
6.Fischer R.A. and Maurer, R. 1978. Drought resistance in spring wheat cultivars. I. Grain yield responses. Australian J. Agri. Rese. 29(5): 897-912.
7.Gervais, L., Dedryver, F., Morlais, J.Y., Bodusseau, V., Negre, S., Bilous, M., Groos, C. and Trottet, M. 2003. Mapping of quantitative trait loci for field resistance to Fusarium head blight in a European winter wheat. Theoretical and Applied Genetics 106, 961–70.
8.Gilbert, J. and Woods, S.M. 2006. Strategies and considerations for multi-location FHB screening nurseries. The global Fusarium initiative for international collaboration: 93-102.
9.Holzapfel, J., Voss, H.H., Miedaner, T., Korzun, V., Haberle, J., Schweizer, G., Mohler, V., Zimmermann, G. and Hartl, L. 2008. Inheritance of resistance to Fusarium head blight in three European winter wheat populations. Theor Appl Genet 117:1119-28.
10.Klahr, A., Zimmermann, G., Wenzel, G. and Mohler, V. 2007. Effects of environment, disease progress, plant height and heading date on the detection of QTLs for resistance to Fusarium head blight in an European winter wheat cross. Euphytica 157:17-28.
11.Ma, Z., Steffenson, B.J., Prom, L.K. and Lapitan, N.L. 2000. Mapping of quantitative trait Loci for fusarium head blight resistance in barley. Phytopathology 90:1079-88.
12.Mao, S.L., Wei, Y.M., Cao, W., Lan, X.J., Yu, M., Chen, Z.M., Chen, G.Y. and Zheng, Y.L. 2010. Confirmation of the relationship between plant height and Fusarium head blight resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.) by QTL meta-analysis. Euphytica 174:343-356.
13.Mesterhazy, A. 1995. Types and components of resistance to Fusarium head blight of wheat. Plant Breeding 114.

14.Miedaner, T., Wilde, F., Korzun, V. and Ebmeyer, E. 2008. Phenotypic selection for high resistance to Fusarium head blight after introgression of quantitative trait loci (QTL) from exotic spring wheat and verification by simple sequence repeat markers a posteriori. Plant Breeding 127:217-221.
15.Parry, D.W., Jenkinson, J. and Mcleod, I. 1995. Fusarium ear blight (scab) in small grain cereals-a review. Plant pathology, 44:207-238.
16.Rao H.S., Basha O.P., Singh N.K., Sato, K. and Dhaliwal, H.S. 2007. Frequency distributions and composite interval mapping for QTL analysis in 'Steptoe' x 'Morex' barley mapping population. Barley Genetics NL 37: 5-20
17.Gebetzke, G.J., Appels, R., Morrison, A.D., Richards, R.A., McDonald, G., Ellis, M.H., Spielmeyer, W. and Bonnett, D.G. 2001. Quantitative trait loci on chromosome 4B for coleoptile length and early vigour in wheat (Triticum aestivum L.). Australian J. Agri. Rese. 52(12):1221-1334.
18.Rudd, J.C., Horsley, R.D., McKendry, A.L. and Elias, E.M. 2001. Host plant resistance genes for Fusarium head blight: sources, mechanisms, and utility in conventional breeding systems. Crop Sci. 41:620-627.
19.Siranidou, E., Kang, Z. and Buchenauer, H. 2002. Studies on symptom development, phenolic compounds and morphological defense responses in wheat cultivars differing in resistance to Fusarium head blight
20.Toth, B., Kaszonyi, G., Bartok, T., Varga, J. and Mesterhazy, A. 2008. Common resistance of wheat to members of the *Fusarium graminearum* species complex and *F. culmorum*. Plant Breeding 127:1-8.
21.Wan, Y.F., Yen, C. and Yang, J.L. 1997. Sources of resistance to head scab in Triticum. Euphytica 94:31-36
22.Zadoks, J.C., Chang, T.T. and Konzak, C.F. 1974. A decimal code for the growth stage of cereals Weed research 14:415-421.

Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources
J. of Plant Production, Vol. 17(4), 2010
www.gau.ac.ir/journals

Study of morphological traits in spring wheat genotypes in related to Fusarium head blight resistant

S. Salimian Rizi[1], *S. Navabpour[2], H. Soltanloo[2] and M. Kalateh Arabi[3]
[1]M.Sc. Student of Plant Breeding, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, [2]Assistant Prof., Dept. of Plant Breeding and Biotechnology, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, [3]Scientific Member, Golestan Center of Agricultural Researches
Received: 7,5,2009 ; Accepted: 16,1,2011

Abstract

Good perception of relation-sheep among plant morphological traits and resistance to fusarium head blight of wheat is quite effective to make a good success in plant breeding project. In this experiment this relation has been checked out. The morphological traits were included plant height, peduncle length and spike density. We used 28 spring wheat genotypes and 2 durum genotypes. There was significant negative correlation among plant height, peduncle length and susceptibility to fusarium head blight. In general plant tallness is an undesirable agronomic trait. In this research the biplot diagram among plant height and susceptibility index to head blight has been drown. This diagram is useful to select head blight resistant and dwarf genotypes at the same time. According to our results Frontana, Wangshoby and Frontana M.X have been selected as a most resistant genotypes to head blight, these genotypes belonged to tall plant group. Six genotypes have been selected as a resistant and had long peduncle at the same time, since long peduncle in wheat is quite important for increasing photosynthesis and grain yield, this result could be quite interesting. The biplot diagram among spike density and head blight resistance was helpful to select resistant genotypes. Since spike density is an important component to increase grain yield, this result could be useful for breeding project.

***Keywords*:** Wheat, Fusarium head blight, Resistant, Morphological trait, Biplot diagram

* Corresponding Author; Email: s.navabpour@gau.ac.ir