Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

Journal of Plant ProductionResearch

Print ISSN: 2322-2050
Online ISSN: 2322-2778

Evaluation of diversity of bread wheat genotypes based on yield and yield-related traits under yellow rust disease stress condition (*Puccinia striiformis*)

Amin Afzalifar[1], Farzad Afshari[2], Leila Fahmideh[*3], Saleheh Ganjali[4], Mohammad Reza Bihamta[5], Hadi Alipour[6]

1. Ph.D. Student of Plant Breeding, Dept. of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran. E-mail: amin.afzalifar@gmail.com
2. Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran. E-mail: fafshari2003@yahoo.com
3. Corresponding Author, Associate Prof., Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources and University of Zabol, Iran. E-mail: l.fahmideh@gau.ac.ir
4. Assistant Prof., Dept. of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, University of Zabol, Zabol, Iran. E-mail: salehe.ganjali@gmail.com
5. Full Professor, Dept. of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agriculture, University of Tehran, Iran. E-mail: mrghanad@ut.ac.ir
6. Assistant Prof., Dept. of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran. E-mail: ha.alipour@urmia.ac.ir

Article Info

Article type:
Full Length Research Paper

Article history:
Received: 01.19.2021
Revised: 02.09.2021
Accepted: 03.19.2021

Keywords:
Factor analysis,
Cluster analysis,
Correlation Analysis,
Path Analysis,
Yield Components

ABSTRACT

Background and Objectives: Yellow rust is one of the most important wheat diseases worldwide. This disease can cause high damage to the plant by affecting the yield and yield components. Also, due to the high recombination of the causative agent of this disease, new breeds appear in it every year, which has forced breeders to constantly study this disease and find resistant genotypes. The aim of this research was to evaluate the effect of yellow rust disease on some agronomic characteristics of bread wheat genotypes Includes 297 commercial cultivars and landraces of Iran.

Materials and Methods: A field experiment conducted in alpha-lattice layout with two replications in the Seed and Plant Improvement Institute (SPII) farm. After sowing the seeds and artificially infecting the plants with the disease, some important agronomic traits including yield and related traits as well as infection type and infection percentage were examined.

Results: The results of analysis of variance showed that wheat genotypes have significant differences in terms of all studied traits. An effective correlation coefficient was observed between single plant yields with all traits. The results of stepwise regression analysis showed that the number of grains per spike, 100-kernel weight, grain width, grain length, spike length, grain thickness and spike width have the highest coefficients of determination, respectively. Based on the results of path analysis, the highest direct effect was observed between the number of grains per spike, 100-kernel weight and grain width with grain yield, respectively. The results of factor analysis showed that there were five factors with a justification of about 70% of the total variance, among which the traits had the highest coefficient of explanation in the first three factors. The first factor was called the yield component factor, the second factor was called the spike features factor, and the third factor was called the grain features factor. Based on the results of cluster analysis, genotypes were divided into three groups. In the first group, 53 genotypes with the highest average of

single plant yield, number of single plant seeds and spike length; in the second group there were 110 genotypes with the highest mean of plant height, spike density and 100-kernel weight and in the third group there were 129 genotypes with the highest mean values for other traits. A total of 52 wheat genotypes had resistance reaction to pathotype studied in this study.

Conclusion: The study of wheat genotypes under stress conditions of wheat yellow rust (*Puccinia striiformis*) based on statistical analysis and multivariate analysis showed a significant difference in yield and yield components. Therefore, as in previous studies, the disease studied on wheat was recognized as one of the most important diseases affecting wheat yield. To evaluate cultivars and genotypes with higher grain yield, selection should be done using yield-related traits such as number of seeds per spike and number of single plant seeds. Also, based on infection type and percentage, resistance genes can be identified intermediate resistance to the studied pathotype in this study and used in future breeding programs for resistance to wheat yellow rust.

Cite this article: Afzalifar, Amin, Afshari, Farzad, Fahmideh, Leila, Ganjali, Saleheh, Bihamta, Mohammad Reza, Alipour, Hadi. 2022. Evaluation of diversity of bread wheat genotypes based on yield and yield-related traits under yellow rust disease stress condition (*Puccinia striiformis*). *Journal of Plant Production Research*, 29 (1), 61-83.

© The Author(s).
DOI: 10.22069/JOPP.2022.18779.2769
Publisher: Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources

نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی

شاپا چاپی: ۲۳۲۲-۲۰۵۰
شاپا آنلاین: ۲۳۲۲-۲۷۷۸

بررسی تنوع ژنوتیپ‌های گندم نان براساس عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد (*Puccinia striiformis*)

امین افضلی‌فر[۱]، فرزاد افشاری[۲]، لیلا فهمیده*[۳]، صالحه گنجعلی[۴]، محمدرضا بی‌همتا[۵]، هادی علی‌پور[۶]

۱. دانشجوی دکتری اصلاح نباتات، گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران. رایانامه: amin.afzalifar@gmail.com

۲. استاد پژوهش، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران. رایانامه: fafshari2003@yahoo.com

۳. نویسنده مسئول، دانشیار دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان و دانشگاه زابل، ایران. رایانامه: l.fahmideh@gau.ac.ir

۴. استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، ایران. رایانامه: salehe.ganjali@gmail.com

۵. استاد گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، ایران. رایانامه: mrghanad@ut.ac.ir

۶. استادیار گروه تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران. رایانامه: ha.alipour@urmia.ac.ir

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله کامل علمی- پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۰/۳۰
تاریخ ویرایش: ۱۳۹۹/۱۱/۲۱
تاریخ پذیرش: ۱۳۹۹/۱۲/۲۹

واژه‌های کلیدی:
اجزای عملکرد،
تجزیه به عامل‌ها،
تجزیه خوشه‌ای،
تجزیه علیت،
تجزیه همبستگی

چکیده

سابقه و هدف: زنگ زرد یا زنگ نواری یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در سراسر جهان می‌باشد. این بیماری با تأثیر بر روی عملکرد و اجزای عملکرد می‌تواند خسارت بالایی را در گیاه ایجاد کند. هم‌چنین به‌دلیل ایجاد نوترکیبی بالا در عامل بیماری این بیماری هرساله نژادهای جدیدی در آن به وجود می‌آید که همین موضوع به‌نژادگران را وادار به مطالعه دائم این بیماری و یافتن ژنوتیپ‌های مقاوم گردانده است. هدف پژوهش حاضر ارزیابی اثر بیماری زنگ زرد بر برخی ویژگی‌های زراعی ژنوتیپ های گندم نان شامل ۲۹۷ رقم تجاری و ژنوتیپ بومی ایران می باشد.

مواد و روش‌ها: آزمایش مزرعه‌ای در سال زراعی ۱۳۹۸-۱۳۹۹ در قالب طرح آلفا لاتیس با دو تکرار اجرا شد. پس از کاشت بذرها و آلوده‌سازی مصنوعی بوته‌ها به بیماری، برخی صفات مهم زراعی شامل عملکرد و صفات مرتبط با آن و هم‌چنین صفات تیپ و درصد آلودگی موردبررسی قرار گرفت.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان داد که ژنوتیپ‌های گندم ازلحاظ تمام صفات موردبررسی دارای اختلاف معنی‌داری بودند. ضریب همبستگی مؤثر بین عملکرد تک بوته با تمام صفات مشاهده شد. نتایج تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام نشان داد صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صددانه، عرض دانه، طول دانه، طول سنبله، قطر دانه و عرض سنبله به ترتیب دارای بیش‌ترین

ضریب تبیین بودند. براساس نتایج تجزیه علّیت، بالاترین تأثیر مستقیم به ترتیب بین صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صددانه و عرض دانه با عملکرد دانه مشاهده شد. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که پنج عامل با حدود توجیه ۷۰ درصدی واریانس کل وجود داشت که در میان این عوامل صفات در سه عامل اول دارای بالاترین ضریب تبیین بودند. عامل اول به نام عامل اجزای عملکرد، عامل دوم عامل خصوصیات سنبله و عامل سوم بانام خصوصیات دانه نام‌گذاری شد. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به سه گروه تفکیک شدند که در گروه اول ۵۳ ژنوتیپ با بالاترین میانگین صفات عملکرد تک بوته، تعداد دانه تک بوته و طول سنبله؛ در گروه دوم ۱۱۰ ژنوتیپ با بالاترین میانگین صفات ارتفاع گیاه، تراکم سنبله و وزن صددانه و در گروه سوم ۱۲۹ ژنوتیپ با بالاترین مقادیر میانگین برای بقیه صفات وجود داشت. تعداد ۵۲ ژنوتیپ گندم دارای واکنش مقاومت به پاتوتیپ موردبررسی در این پژوهش بودند.

نتیجه‌گیری: بررسی ژنوتیپ‌های گندم در شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم (*Puccinia striiformis*) بر اساس تجزیه‌وتحلیل‌های آماری و تحلیل‌های چندمتغیره نشان‌دهنده تفاوت معنی‌دار ازنظر عملکرد و اجزای عملکرد بود. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش پیشنهاد می‌شود برای ارزیابی و انتخاب ارقام و ژنوتیپ‌های دارای عملکرد دانه بالاتر، گزینش به کمک صفات مرتبط با عملکرد هم‌چون تعداد دانه در سنبله و تعداد دانه تک بوته انجام شود. هم‌چنین براساس صفات تیپ و درصد آلودگی می‌توان ژن‌های مقاومت موجود در ژنوتیپ‌های دارای مقاومت حدواسط نسبت به پاتوتیپ موردبررسی در این پژوهش را شناسایی و از آن‌ها در برنامه‌های اصلاحی آتی برای مقاومت به زنگ زرد گندم استفاده کرد.

استناد: افضلی‌فر، امین، افشاری، فرزاد، فهمیده، لیلا، گنجعلی، صالحه، بی‌همتا، محمدرضا، علی‌پور، هادی (۱۴۰۱). بررسی تنوع ژنوتیپ‌های گندم نان براساس عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد (*Puccinia striiformis*). *نشریه پژوهش‌های تولید گیاهی*، ۲۹ (۱)، ۸۳-۶۱.

DOI: 10.22069/JOPP.2022.18779.2769

ناشر: دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

© نویسندگان.

مقدمه

زنگ زرد یا زنگ نواری یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در اغلب مناطق دنیا محسوب می‌شود. شیوع این بیماری در شرایط دمایی ۱۵-۲۰ درجه سانتی‌گراد در مناطقی با ارتفاع بالاتر و عرض‌های جغرافیایی شمالی‌تر و هم‌چنین سال‌های خنک و مرطوب بیش‌تر است. این بیماری می‌تواند باعث کاهش وزن دانه تا ۵۰ و در برخی از موارد تا ۱۰۰ درصدی شود (۱). بر اساس گزارش پژوهش‌گران (۲) تحمل ارقام منتخب گندم به بیماری زنگ زرد متفاوت بوده و خسارت کاهش عملکرد دانه واردشده به ارقام گندم موردبررسی از ۳/۵ تا ۵۷ درصد متغیر بوده است.

همواره بخش قابل‌توجهی از محصول گندم تولیدشده بر اثر تنش‌های زیستی و غیر زیستی از بین می‌رود. زنگ‌های غلات (*Puccinia* spp) به‌عنوان عوامل اصلی و محدودکننده تولید گندم در سراسر جهان و ایران به شمار می‌روند (۳). کشت ارقام حساس، تغییرپذیری در عوامل بیماری‌زا و وجود شرایط اقلیم مناسب باعث بروز همه‌گیری ویران‌کننده این بیماری‌ها می‌شود (۴). علی‌رغم مؤثر بودن سموم قارچ‌کش در کنترل زنگ‌ها، به‌دلیل آلایندگی محیط‌زیست، مبارزه شیمیایی ابزار مناسبی نبوده و توصیه نمی‌شود (۴). راهبرد استفاده از ارقام مقاوم در جهت مدیریت کنترل زنگ‌ها مطمئن‌ترین و باصرفه‌ترین روش جلوگیری از خسارت زنگ‌هاست (۵). ایران به‌عنوان خاستگاه و مرکز تنوع اولیه گونه‌های گندم (*Triticum aestivum* L.) دارای تنوع ژنتیکی بسیار غنی برای اصلاح گندم و ایجاد ارقام پر محصول و سازگار است (۶). امروزه آگاهی از تنوع ژنتیکی و مدیریت منابع ژنتیکی به‌عنوان اجزای مهم پروژه‌های اصلاح نباتات تلقی می‌شود (۷). در شروع هر برنامه به‌نژادی به اطلاعات جامعی از خصوصیات ریخت‌شناختی ژرم‌پلاسم موجود نیاز می‌باشد، ازاین‌رو جهت حفظ تنوع ژنتیکی لازم، معرفی ارقام جدید با دارای بودن زمینه ژنتیکی متفاوت و جلوگیری از خسارت‌های غیرقابل‌پیش‌بینی ناشی از یکنواختی ارقام، ضروری است که ارقام و لاین‌های موجود ازنظر خصوصیات مهم ریخت‌شناختی موردبررسی و ارزیابی قرار گیرند (۸).

اطلاع از مبانی ژنتیکی مقاومت در برنامه‌های به نژادی بسیار سودمند است. زیرا چنین اطلاعاتی باعث استفاده کارآمد از منابع ژنتیکی در تلاقی و گزینش نتایج و نیز سهولت تولید لاین‌های ایزوژنیک برای مطالعه سازوکارهای مقاومت می‌شود (۹). با توجه به اهمیت اقتصادی و زراعی گیاه گندم و ارزش راهبردی آن لازم است برنامه‌های به‌نژادی و غربالگری در کشورهای متفاوت از جمله ایران که دارای تنوع ژنتیکی بالا از لحاظ ارقام و ژنوتیپ‌های مقاوم به بیماری زنگ زرد گندم است، براساس جدیدترین مجموعه‌های افتراقی[1] و استاندارد که حاوی جدیدترین ژن‌های شناخته شده مقاومت به این بیماری می‌باشند، انجام گیرد. غربال کردن ارقام نسبت به زنگ زرد، درنتیجه پویایی بیمارگر (در جهت تکامل) بایستی کار پیوسته و ادامه‌داری باشد، زیرا بیمارگر زنگ زرد از طریق جهش، هیبریداسیون و احتمالاً نوترکیبی جنسی به‌سرعت به نژادهای جدید تغییر می‌یابد (۱۰ و ۱۱). به علت هوازاد بودن بیمارگر، نژادهای محلی می‌توانند به نواحی دیگری مهاجرت نموده و همه‌گیری‌های منطقه‌ای و حتی قاره‌ای را موجب شوند (۱۲). به‌منظور مطالعه تغییرات سالیانه نژادها و عوامل بیماری‌زایی بیمارگر زنگ زرد گندم آزمایش‌های ملی در کشورهای مختلف انجام می‌شود (۱۳، ۱۴، ۱۵ و ۱۶). پرآزاری برای اغلب ژن‌های مقاومت گیاهچه‌ای و تعدادی از ژن‌های مقاومت گیاه کامل نسبت به زنگ زرد در دنیا (۵، ۱۶ و ۱۷) و ازجمله ایران (۱۸، ۱۹ و ۲۰) شناخته‌شده است.

با توجه به اهمیت اقتصادی و زراعی گیاه گندم و ارزش راهبردی آن لازم است در راستای اهداف برنامه‌های

1- Differential line

به نژادی گندم در کشور تنوع ژنتیکی ارقام مقاوم و سایر ارقام به زنگ زرد در مناطق مختلف با استفاده از جدیدترین مجموعه ارقام اقترافی دنیا که هرکدام حاوی یک ژن یا چند ژن شناخته‌شده مقاومت به بیماری می‌باشند، بررسی شوند. در این راستا هدف از این پژوهش ارزیابی و بررسی تنوع موجود در بین ژنوتیپ‌های گسترده گندم نان بر اساس عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد تحت شرایط بیماری زنگ زرد گندم بوده است.

مواد و روش‌ها

به‌منظور ارزیابی و بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان ازلحاظ عملکرد و صفات مرتبط با عملکرد، آزمایشی در قالب طرح آلفا لاتیس در دو تکرار انجام شد. این آزمایش در سال زراعی ۹۹-۱۳۹۸ در مزرعه مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر (بخش تحقیقات غلات) اجرا شد. ۲۹۷ ژنوتیپ موردمطالعه گندم نان شامل ۲۰۸ ژنوتیپ بومی و تعداد ۸۹ رقم تجاری به همراه شاهد بولانی بودند، که به‌ترتیب از بانک ژن دانشگاه تهران و مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر کرج و مؤسسه تحقیقات دیم مراغه تهیه شدند (جدول ۱). زمین محل اجرای آزمایش ابتدا آبیاری و در اوایل مهر شخم زده شد. کاشت گیاه، عملیات تهیه زمین شامل شخم دیسک و همه اعمال داشت مانند وجین، سله‌شکنی، کوددهی و آبیاری برای تمام سطح آزمایش به‌طور یکنواخت و در زمان‌های لازم بر اساس دستورالعمل مؤسسه انجام شد.

ارزیابی ژنوتیپ‌های گندم موردمطالعه نسبت به بیماری زنگ زرد در شرایط مزرعه‌ای و پس از آلوده‌سازی مصنوعی بوته‌ها به بیماری در مرحله ساقه رفتن گیاهان انجام شد. پاتوتیپ بیمارگر قبلاً در گلخانه واحد بیماری‌های غلات بخش مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر تهیه‌شده بود. این پاتوتیپ حاصل از جدایه جمع‌آوری‌شده از منطقه کرج بود که به‌صورت تک جوش، خالص‌سازی و تکثیر گردید. تعیین نژاد جدایه با استفاده از روش جانسون و تیلور (۱۹۷۲) با استفاده از هشت ژنوتیپ جهانی و هشت ژنوتیپ اروپایی که هریک حامل یک یا چند ژن مقاومت بودند و هم‌چنین تعداد هشت لاین تکمیلی گندم انجام شد و بر اساس نتایج این ارزیابی جدایه کرج دارای نژاد +174E158A بود. به‌دلیل این‌که کاشت گیاهان در شهر کرج استان البرز انجام شد و بنابر الزامات کار با بیماری‌های گیاهی باید از پاتوتیپ کرج در این پژوهش استفاده می‌گردید. پس از تعیین نژاد مزرعه برای اطمینان از ایجاد بیماری در دو مرحله با فاصله یک‌هفته‌ای اسپورپاشی انجام شد. سپس در مرحله شیری شدن دانه یادداشت‌برداری برای تیپ آلودگی انجام گرفت.

به‌منظور بررسی خصوصیات زراعی و ریخت‌شناختی ژنوتیپ‌های گندم نان از هر ژنوتیپ پنج بوته در هر تکرار به‌صورت تصادفی انتخاب شد و صفات ارتفاع گیاه (PH)؛ طول سنبله (SpL)؛ عرض سنبله (SpW)؛ تراکم سنبله (SD)؛ طول ریشک (AL)؛ تعداد سنبلچه در سنبله (SPS)؛ عملکرد تک بوته (PGY)؛ وزن صددانه (100KW)؛ تعداد دانه تک بوته (PGN)؛ تعداد دانه در سنبله (GPS)؛ قطر دانه (GT)؛ عرض دانه (GW)؛ طول دانه (GL)؛ نسبت طول دانه به عرض دانه (GL/GW) پس از برداشت گیاهان اندازه‌گیری و بررسی شدند.

پس از اجرای آزمون یکنواختی واریانس خطاهای آزمایشی (آزمون بارتلت)، تجزیه واریانس داده‌ها انجام شد. تجزیه واریانس داده‌ها و تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام پیش‌رونده با استفاده از نرم‌افزار SAS 9.4؛ تجزیه همبستگی به روش پیرسون با استفاده از نرم‌افزار XLSTAT 2019.2.2.59614؛ تجزیه علیت با استفاده از نرم‌افزار Path72؛ تجزیه به عامل‌ها براساس تجزیه به مؤلفه‌های اصلی و رسم نمودارهای مرتبط با آن با نرم‌افزار R 4.0.3 و به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌های موردمطالعه از تجزیه خوشه‌ای بر اساس فواصل اقلیدسی به روش وارد[1] با نرم‌افزار Past 4.03 انجام شد.

1- Ward

جدول ۱- ژنوتیپ‌های گندم نان موردبررسی در این پژوهش.

Table 1. Studied bread wheat genotypes of this study.

ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No
Mahdavi	148	Bayat	127	67880	106	72194	85	71352	64	67144	43	Shahriar	22	7335-1	1
Azar-2	149	54866	128	Shanghai	107	71169	86	DN-11	65	Reijav	44	55891	23	Frontana	2
71888	150	57693	129	56702	108	54903	87	72392	66	57692	45	Sirvan	24	54471	3
Khazar-1	151	Saison	130	72458	109	Pishgam	88	Karaj-3	67	74547	46	6218-2	25	71348	4
Bzostaya	152	67751	131	72463	110	Rashid	89	71025	68	67524	47	Kavir	26	74508	5
5938-7	153	54871	132	55234	111	54496	90	57745	69	74254	48	67795	27	55600	6
Morvarid	154	55657	133	54738	112	71353	91	6070-1	70	54676	49	Chamran	28	Toobari	7
Mugan-3	155	57747	134	55727	113	Shiraz	92	Kaveh	71	Falat	50	71625	29	74495	8
Maroon	156	74680	135	Karaj-1	114	54729	93	57793	72	Sivand	51	70970	30	Adl-1	9
Naz	157	Dez	136	54737	115	57242	94	74252	73	71892	52	Shirodi	31	71586	10
Niknezhad	158	71929	137	Zarrin	116	Akbari	95	71221	74	54656	53	Dayhim	32	Aqua	11
71852	159	Bisotoun	138	71040	117	54897	96	74531	75	6267-4	54	55276	33	54724	12
54848	160	74256	139	Kascogen	118	6301-1	97	Azadi	76	55230	55	54641	34	71022	13
73432	161	71789	140	57730	119	74548	98	54756	77	54602	56	54849	35	Foung	14
57240	162	6291-1	141	67794	120	Tajan	99	55542	78	Golestan	57	57247	36	54636	15
54690	163	5747-3	142	Ofogh	121	Pishtaz	100	72063	79	Inya	58	74537	37	72118	16
55919	164	Verinak	143	74193	122	55193	101	7333-1	80	74198	59	71344	38	5208-3	17
54661	165	Hamoon	144	71177	123	Marvdasht	102	71953	81	Sistan	60	55011	39	54569	18
54894	166	Arvand	145	71916	124	Navid	103	74214	82	54672	61	Reyhani	40	71371	19
67210	167	56757	146	74261	125	56703	104	Sepahan	83	57068	62	57455	41	Darab-1	20
54857	168	Atrak	147	Qaboos	126	67672	105	55130	84	72383	63	55659	42	74170	21

ادامه جدول ۱-

Continue Table 1.

شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype	شماره No	ژنوتیپ Genotype
169	71913	187	67883	205	73421	223	Gahar	241	54547	259	Bahar	277	55927	295	55192
170	Darya	188	70975	206	71582	224	54613	242	71373	260	71918	278	74356	296	55920
171	Sabalan	189	Tak-Ab	207	54538	225	6503-2	243	67761	261	Zagros	279	74540	297	71179
172	67758	190	Panjamo	208	Dastjerdi	226	70894	244	55795	262	54704	280	57057		
173	5255-2	191	72729	209	74544	227	74159	245	71853	263	54670	281	Shahpasand		
174	71356	192	Alborz	210	Qods	228	74546	246	Homa	264	57746	282	72119		
175	Arum	193	55596	211	71411	229	71203	247	70927	265	54851	283	71907		
176	73422	194	74296	212	74509	230	72271	248	71910	266	Nishapur	284	Parsi		
177	55610	195	55256	213	74564	231	Chamran-2	249	71020	267	55267	285	54858		
178	71931	196	Alvand	214	55642	232	67769	250	Mugan-1	268	71008	286	57161		
179	73433	197	57722	215	Bam	233	71875	251	70976	269	55508	287	74139		
180	54674	198	57463	216	57495	234	MV-17	252	57460	270	74186	288	71351		
181	Karim	199	71739	217	74167	235	55188	253	72495	271	55746	289	55893		
182	Mihan	200	Shahi	218	54778	236	74501	254	67881	272	71007	290	71938		
183	Azar-1	201	Arta	219	55260	237	56798	255	71781	273	57721	291	67670		
184	Darab-2	202	Zare	220	Aflak	238	70918	256	54502	274	Toos	292	Roshan		
185	Kohdasht	203	71841	221	55665	239	57017	257	5778-5	275	54727	293	Ohadi		
186	57733	204	72398	222	55723	240	Karaj-2	258	1761-2	276	57019	294	Mugan-2		

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس عملکرد تک بوته و صفات مرتبط با عملکرد نشان‌دهنده ارتباط بسیار معنی‌دار برای تمام ژنوتیپ‌های گندم موردمطالعه بود (نتایج نشان داده نشده است). بین ژنوتیپ‌ها ازنظر تمامی صفات مورد مطالعه اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد مشاهده شد و اثر ژنوتیپ‌ها در بلوک‌های هر تکرار ازلحاظ تمامی صفات به‌غیراز صفات عملکرد تک بوته، وزن ۱۰۰ دانه و تعداد دانه تک گیاه تفاوت معنی‌داری نشان دادند.

بر اساس نتایج تجزیه واریانس این مطالعه می‌توان بیان کرد که تأثیر بیماری زنگ زرد روی محصول نهایی (صفت عملکرد تک بوته) و مهم‌ترین اجزای عملکرد گیاه گندم (وزن ۱۰۰ دانه و تعداد دانه تک‌بوته) تأثیر به‌سزایی داشته است. به‌عبارت دیگر ژنوتیپ‌های مختلف گندم موردبررسی نیز دارای تنوع ژنتیکی نسبت به بیماری زنگ زرد گندم بوده‌اند. پژوهش‌گران (۲۱) گزارش کردند که در تجزیه واریانس بین ژنوتیپ‌های موردمطالعه تفاوت معنی‌داری ازنظر صفات موردمطالعه وجود دارد که با نتایج این آزمایش مطابقت داشت. در پژوهش‌های دیگر صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد دانه دارای تفاوت بسیار معنی‌دار و تعداد سنبلچه در سنبله معنی‌دار نبود (۲۲). عملکرد بوته، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، وزن هزاردانه معنی‌دار بود (۲۱). نتایج مطالعه حاضر مطابق با نتایج گزارش‌شده (۵) و (۱) برای صفت عملکرد دانه که آزمایشی را روی عملکرد، اجزای عملکرد و واکنش به بیماری در چند لاین امیدبخش گندم نان در مغان انجام داده بودند، می‌باشد. معنی‌دار شدن صفات عملکرد دانه تک بوته و وزن ۱۰۰ دانه در این آزمایش توسط یافته‌های پژوهش‌گران دیگری (۱۴) نیز تأیید شد.

عملکرد دانه حاصل اثر فرایندهای فیزیولوژیکی و زیست شیمیایی در سطوح مختلف سازمانی گیاه است که هریک از این فرایندها نیز تحت کنترل ژنتیکی هستند و هریک تأثیری بر عملکرد دارند (۴). به‌نژادگران علاقه‌مند به شناسایی ویژگی‌هایی غیر از عملکرد هستند که بتوانند از آن‌ها به‌عنوان معیار انتخاب در انتخاب والدین و یا در انتخاب تک بوته در نسل‌های در حال تفکیک استفاده کنند. بر اساس پژوهش‌های گذشته انتخاب اجزای عملکرد پیشرفت ژنتیکی بیش‌تری را نسبت به انتخاب بر اساس خود عملکرد در افزایش عملکرد داشته است. در پژوهشی (۱۱) مهم‌ترین دلیل کاهش طول پر شدن دانه در اثر بیماری زنگ زرد، کاهش سطح سبز گیاه، کاهش محتوای کلروفیل برگ و کاهش دوام سطح برگ بیان شد. آن‌ها هم‌چنین به این نتیجه رسیدند که تأثیر تنش بیماری زنگ زرد بر وزن هزاردانه گندم معنی‌دار بود که با نتایج ذکرشده با نتایج پژوهش حاضر مطابقت داشت. در یک بررسی (۲۳) ارزیابی اثر زنگ زرد بر عملکرد و اجزای عملکرد دانه ارقام بهاره گندم نان مشخص شد که زنگ زرد باعث کاهش ۳۱ درصدی در وزن هزاردانه ارقام حساس در شرایط تنش شده است. برخی پژوهش‌گران نیز نشان داده‌اند که ارقام مختلف تحت شرایط متفاوت آلودگی دارای وزن هزاردانه متفاوتی بودند (۱۵ و ۲۴). در بررسی دوساله خسارت عملکرد گندم روی بیماری زنگ نواری (زرد) در مصر (۸) مشخص شد که وزن هزاردانه و عملکرد دانه پلات آزمایشی تحت این بیماری تفاوت معنی‌داری دارند. در بررسی دیگری (۱۰) وزن هزاردانه بین چند ژنوتیپ گندم تحت بیماری زنگ زرد معنی‌دار بود. یافته‌ها روی گندم مشخص کرد که

وزن هزاردانه و عملکرد دانه در شرایط بیماری زنگ زرد معنی‌دار است که مطابق نتایج مطالعه حاضر می‌باشد (۲۲) (نتایج نشان داده نشده است).

نتایج تجزیه همبستگی (جدول ۲) نشان داد که بیش‌ترین همبستگی مثبت و منفی بین صفت تعداد دانه تک بوته با تعداد دانه در سنبله و صفت عرض دانه باصفت نسبت طول دانه به عرض دانه به ترتیب با اعداد ۰/۹۹۵ و ۰/۷۴۱- مشاهده شد. هم‌چنین مهم‌ترین صفت موردمطالعه، عملکرد تک بوته دارای همبستگی مثبت و معنی‌دار با صفات تعداد دانه تک‌بوته (۰/۸۸۰)، تعداد دانه در سنبله (۰/۸۷۸)، قطر دانه (۰/۴۳۹)، طول دانه (۰/۳۲۸) و عرض دانه (۰/۵۶۷) بود و رابطه منفی باصفت وزن صددانه (۰/۴۶۰-) و نسبت طول دانه به عرض دانه (۰/۳۴۷-) داشت.

برای نشان دادن مقدار عددی روابط بین صفات موردمطالعه و تأثیر هرکدام از آن‌ها بر یکدیگر، از تجزیه همبستگی استفاده شد و بالاترین مقادیر همبستگی مثبت بین تعداد دانه تک گیاه، تعداد دانه در سنبله و عرض دانه با عملکرد؛ بیش‌ترین مقدار ضریب همبستگی منفی بین صفت وزن صددانه و عملکرد به‌دست آمد. نتایج پژوهش‌گران دیگر تأییدکننده یافته‌های حال حاضر است (۶ و ۲۱). در این مطالعه، صفات ارتفاع بوته و تعداد سنبله بالاترین همبستگی را با عملکرد داشتند و مقدار مثبت آن بیانگر اهمیت تعداد سنبله در افزایش عملکرد است، می‌توان چنین استنباط نمود که ارقام با تعداد سنبله بیش‌تر دارای عملکرد بالاتری می‌باشند. در آزمایشی (۶) تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه و ارتفاع گیاه همبستگی مثبت و معنی‌دار گزارش کردند. هرچند بین عملکرد و ارتفاع بوته، طول سنبله همبستگی وجود دارد اما این میزان همبستگی متوسط بوده و چنین استنباط می‌شود که بهبود عملکرد در درجه اول ناشی از تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله می‌باشد (۲۱). همبستگی منفی بین وزن هزاردانه و تعداد دانه می‌تواند رقابت بین گلچه‌ها برای مواد فتوسنتزی جاری باشد که موجب کاهش وزن دانه‌ها می‌گردد (۲۱). نتایج این پژوهش تأییدکننده یافته‌های دیگر پژوهش‌گران مبنی بر همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه و وزن هزاردانه (۲۲)، وزن هزاردانه و تعداد دانه‌های هر سنبله (۱۹) بود. نتایج نشان داد که چگونه زنگ زرد بر روی عملکرد گندم با کاهش تعداد دانه/سنبله تأثیر می‌گذارد، این یافته‌ها مشابه با نتایج دیگر پژوهش‌گران (۲۵) است که تأثیر مشابهی از زنگ زرد و بیماری‌های زنگ برگ را بر روی ژنوتیپ‌های متفاوت گندم در عراق نشان دادند.

روش رگرسیون گام‌به‌گام برای تعیین سهم اثر تجمعی صفات در تعیین عملکرد دانه، استفاده شد. قبل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، فرض‌های تجزیه رگرسیون چندگانه شامل خطی بودن رابطه، یکنواختی واریانس‌های درون متغیرهای مستقل، نرمال بودن خطاها و مستقل بودن خطاهای آزمایشی انجام شد. نتایج حاصل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام برای عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به‌عنوان متغیرهای مستقل در جدول ۳ ارائه‌شده است. همان‌طور که از جدول ۳ مشخص است هفت متغیر مستقل (صفت) درمجموع ۸۹/۷ تغییرات عملکرد دانه را تفسیر کرده است که این متغیرها عبارت‌اند از تعداد دانه تک بوته، عملکرد دانه تک بوته، قطر دانه، عرض دانه، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله و عرض سنبله. با توجه به نتایج رگرسیون گام‌به‌گام برای ارقام زراعی و توده‌های بومی، ضریب تبیین بالای مدل رگرسیون (۰/۸۹۰) نشان‌دهنده ارتباط قوی صفات تعداد دانه در سنبله (X9)، وزن صددانه (X7)، عرض دانه (X11)، طول دانه (X12)، طول سنبله (X2)، عرض سنبله (X3) و قطر دانه (X10) باصفت عملکرد دانه تک‌بوته بود.

جدول ۲- نتایج ضرایب همبستگی بین صفات ارزیابی‌شده در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم.

Table 2. Correlation coefficients results between evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1	کد صفات Code of traits
0.065	-0.050	-0.108	0.024	-0.205*	-0.206*	0.158*	-0.169*	0.066	-0.060	-0.118*	-0.172*	0.162*	1	1
0.040	0.003	-0.046	-0.082	-0.075	-0.075	0.060	-0.116*	0.634**	-0.128*	-0.404**	0.206*	1		2
-0.038	0.202*	0.185*	0.049	0.189*	0.189*	-0.146*	0.213*	0.247*	0.368*	0.065	1			3
-0.023	0.017	0.043	0.128*	0.143*	0.144*	-0.116*	0.143*	0.294*	0.087	1				4
0.034	0.074	0.003	0.032	0.048	0.050	0.019	0.097	-0.052	1					5
-0.045	-0.014	0.028	0.030	0.094	0.095	-0.048	0.065	1						6
-0.347*	0.328*	0.576**	0.439**	0.878**	0.880**	-0.460**	1							7
0.313*	0.007	0.273*	-0.152*	-0.735**	-0.733**	1								8
-0.360*	0.139*	0.447**	0.293*	0.995**	1									9
-0.360*	0.139*	0.447**	0.293*	1										10
-0.319*	0.548**	0.642**	1											11
-0.741**	0.489*	1												12
0.192*	1													13
1														14

* و ** به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

* and ** Significant and high-significant at 5% and 1% probability level, respectively

نام صفات براساس کد صفات در جدول به ترتیب زیر است: ۱- ارتفاع گیاه، ۲- طول سنبله، ۳- عرض سنبله، ٤- تراکم سنبله، ٥- طول ریشک، ٦- تعداد سنبلچه در سنبله، ۷- عملکرد تک بوته، ۸- وزن صددانه، ۹- تعداد دانه تک بوته، ۱۰- تعداد دانه در سنبله، ۱۱- قطر دانه، ۱۲- عرض دانه، ۱۳- طول دانه، ١٤- نسبت طول دانه به عرض دانه

The names of the traits based on the traits code in the table are as follows: 1-Plant Height, 2- Spike Length, 3- Spike Width, 4- Spike Density, 5- Awn Length, 6- Spikelet per Spike, 7- Plant Grain Yield, 8- Plant Height, 9- 100 Kernel Weight, 10- Plant Grain Number, 11- Grain per Spike, 12- Grain Thickness, 13- Grain Width, Grain Length, 14- Grain Length/Grain Width.

جدول ۳- نتایج رگرسیون گام‌به‌گام بین صفات ارزیابی‌شده در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم.

Table 3. Stepwise regression results between evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

گام Step	متغیر واردشده Input Variable	پارامترهای مدل (ضرایب رگرسیون) Model Parameters (Regression Coefficients)	ضریب تبیین (مجذور R) R^2	معیار انتخاب بهترین مدل C(p)	مقدار F F value
	عرض از مبدأ Intercept	-12.69			
1	X9 (تعداد دانه در سنبله) Grain per Spike	0.808	0.773	306.29	1008.14**
2	X7 (وزن صددانه) 100 Kernel Weight	0.928	0.847	112.81	142.33**
3	X11 (عرض دانه) Grain Width	1.344	0.876	37.99	68.84**
4	X12 (طول دانه) Grain Length	0.735	0.885	15.31	23.84**
5	X2 (طول سنبله) Spike Length	-0.228	0.888	10.31	6.90**
6	X10 (قطر دانه) Grain Thickness	1.048	0.890	7.15	5.15*
7	X3 (عرض سنبله) Spike Width	1.176	0.897	5.83	3.35

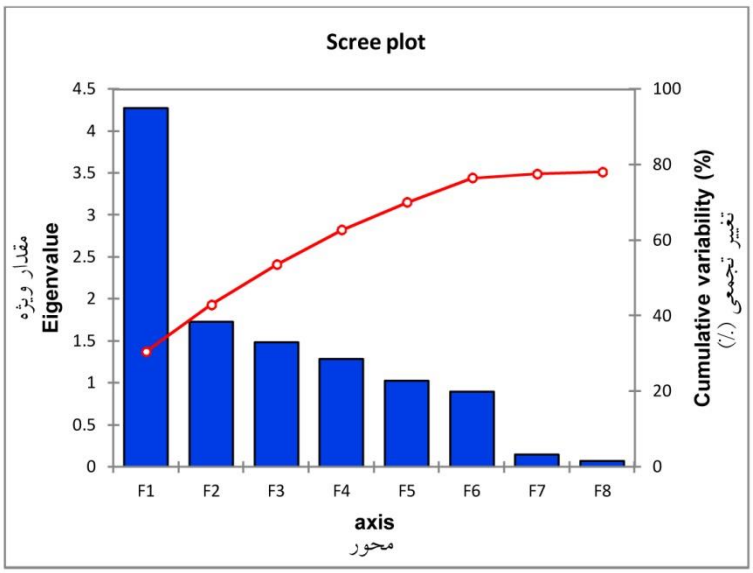
$$Y = -12/69 - 0/228X_2 + 1/176X_3 + 0/928X_7 + 0/808X_9 + 1/048X_{10} + 1/344X_{11} + 0/735X_{12}$$

تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام برای نشان دادن تأثیر هریک از صفات موردبررسی روی عملکرد دانه تک‌بوته، انجام شد و نتایج رگرسیون گام‌به‌گام به‌دست‌آمده در این پژوهش مطابق با یافته‌های (۲۱) برای صفات تعداد سنبله، وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله بود. به نظر می‌رسد صفات تعداد دانه در سنبله و عملکرد تک بوته در برنامه‌های در شرایط هجوم بیماری زنگ زرد روی ژنوتیپ‌های گندم مورداستفاده در این پژوهش برای افزایش وزن صددانه دارای سهم بسزایی هستند. هم‌چنین نتایج این پژوهش با یافته‌های (۲۵) و (۲۶) در شرایط تنش‌های غیر زیستی مختلف نیز مطابقت داشت.

نتایج تجزیه علیت در جدول ۴ نشان داده‌شده است. نتایج برای صفت عملکرد دانه تک بوته نشان داد که تعداد دانه در سنبله دارای بیش‌ترین اثر مستقیم (۱/۰۶۴) بر عملکرد تک بوته بود و به‌طور غیرمستقیم از طریق وزن ۱۰۰ دانه (۰/۲۶۱-) بر عملکرد تأثیر داشته است. دومین صفت که بیش‌ترین اثر مستقیم را بر عملکرد دانه تک‌بوته داشت، وزن صددانه (۰/۳۵۷) بود که بیش‌ترین اثر غیرمستقیم را از طریق تعداد دانه در سنبله (۰/۷۸۰-) داشت. سومین صفت با بیش‌ترین تأثیر مستقیم بر عملکرد دانه تک بوته صفت عرض دانه (۰/۱۰۳) بود که از طریق تعداد دانه در سنبله دارای بیش‌ترین اثر غیرمستقیم (۰/۴۷۶) بود.

به‌منظور تعیین شاخص‌های گزینش برای انتخاب ژنوتیپ‌هایی با عملکرد بالا، نتایج تجزیه همبستگی و رگرسیون به‌وسیله تجزیه علیت موردمطالعه قرار گرفت. روابط اساسی میان صفات، طی تجزیه علیت بیان می‌گردد و هدف از این تجزیه این است که توضیحات قابل‌پذیرش از همبستگی میان صفات بر پایه مدل علّت و معلولی ارائه شود و اهمیت صفات مؤثر بر یک صفت خاص برآورد گردد. در این روش ضرایب همبستگی مستقیم و غیرمستقیم مجموعه‌ای از متغیرهای مستقل یک وابسته تقسیم و اهمیت آن‌ها اندازه‌گیری می‌شود (۱۱). نتایج تجزیه علیت نشان داد که بالاترین تأثیر مستقیم به ترتیب بین صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صددانه و عرض دانه با عملکرد دانه وجود دارد. هم‌چنین بالاترین در صفت وزن صددانه از طریق تعداد دانه در سنبله با عملکرد و صفت عرض دانه از طریق تعداد دانه در سنبله وجود داشت. نتایج به‌دست‌آمده در تجزیه علیت پژوهش حاضر مطابق با یافته‌های (۲۷)، (۲۲) و (۲۱) در شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم و هم‌چنین یافته‌های (۲۸) در دو شرایط مختلف بود.

بر اساس نتایج تجزیه به عامل، در شکل ۱ با توجه به تعریف مقدار ویژه که نسبتی از واریانس کل متغیرها را که توسط آن عامل تبیین شده است نشان می‌دهد، صفاتی که دارای مقادیر ویژه بالاتر از یک بود انتخاب شد (شکل ۲). بر اساس مقادیر ویژه بالاتر از یک می‌توان مشاهده کرد که پنج عامل این ویژگی را احراز می‌کنند. نتایج این تجزیه نشان‌دهنده پنج عامل با مقدار ویژه بالاتر از یک بود و این عوامل روی‌هم‌رفته ۷۰/۰۲ درصد از واریانس صفات را توجیه کردند (جدول ۵). دو عامل اول دارای بالاترین مقدار تأثیر بر صفات بودند. نتایج بردار ویژه و عامل بارگذاری ضرایب همبستگی نشان‌دهنده تأثیر هر صفت موردبررسی در این تجزیه روی صفات است. نتایج بارگذاری صفات موردبررسی با نتایج ضرایب عاملی فوق مطابقت دارند اما در عامل اول به‌خوبی نتوانستند خصوصیات دانه را از اجزای عملکرد تفکیک کنند. نتایج این تجزیه به‌صورت رسم نمودار بای پلات دو عامل اول در شکل ۲ ارائه‌شده است. اندازه و تأثیر هرکدام از صفات در تفسیر واریانس کل را می‌توان به‌راحتی در این نمودار مشاهده کرد.



شکل ۱- نمودار Scree صفات موردبررسی در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط بیماری زنگ زرد گندم.

Fig. 1. Scree plot of evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

جدول ۴- نتایج تجزیه علیت بین صفات ارزیابی‌شده در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم.

Table 4. Path analysis results between evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

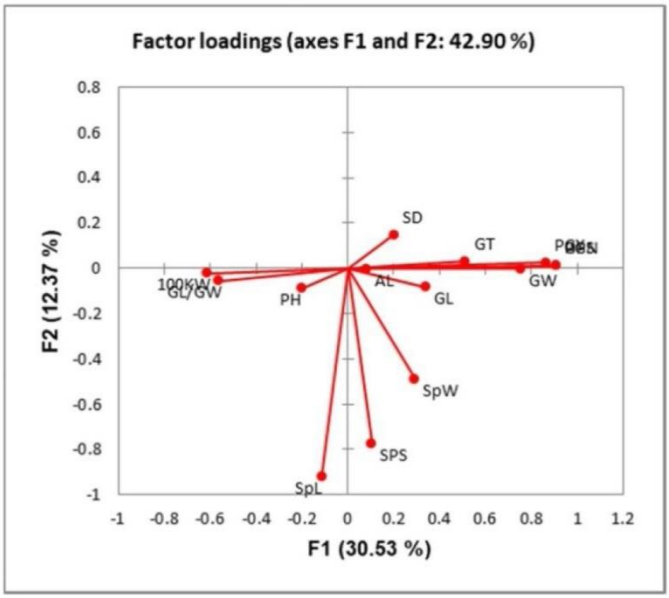
متغیر variable	اثر مستقیم Direct Effects	اثرات غیرمستقیم Indirect Effects						
		ارتفاع گیاه Plant Height	طول سنبله Spike Length	وزن صددانه 100 Kernel Weight	تعداد دانه در سنبله Grain per Spike	قطر دانه Grain Thickness	عرض دانه Grain Width	طول دانه Grain Length
ارتفاع گیاه Plant Height	0.016		-0.008	0.056	-0.021	-0.001	-0.011	-0.004
طول سنبله Spike Length	-0.050	0.002		-0.021	-0.080	-0.004	-0.004	-0.0002
وزن صددانه 100 Kernel Weight	0.357	0.002	-0.033		-0.780	-0.008	-0.028	0.0006
تعداد دانه در سنبله Grain per Spike	1.064	-0.003	0.003	-0.261		0.017	0.046	0.013
قطر دانه Grain Thickness	0.058	0.003	0.004	-0.054	0.311		0.066	0.052
عرض دانه Grain Width	0.103	-0.001	0.002	-0.097	0.476	0.037		0.046
طول دانه Grain Length	0.095	-0.0008	-0.0001	0.002	0.147	0.032	0.050	

جدول ۵- نتایج تجزیه به عامل‌ها بین صفات ارزیابی‌شده در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم.

Table 5. Factor analysis results between evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

	F1	F2	F3	F4	F5
مقدار ویژه Eigen Value	4.27	1.73	1.48	1.28	1.02
تغییر (درصد) Variation (%)	30.51	12.37	10.59	9.20	7.36
تجمعی (درصد) Cumulative (%)	30.51	42.89	53.49	62.69	70.02

بارگذاری‌های عاملی (محورهای F1 و F2)



شکل ۲- نمودار بای پلات عوامل اول و دوم در تجزیه به عامل‌های ژنوتیپ‌های گندم نان تحت بیماری زنگ زرد گندم.

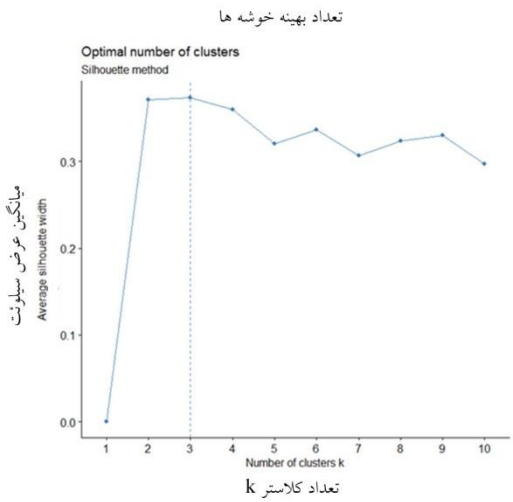
Fig. 2. Biplot diagram of first and second factors in factor analysis of evaluated traits in bread wheat genotypes under wheat yellow rust disease condition.

در ادامه برای از بین بردن روابط پنهانی بین صفات و به دست آوردن ارتباطی خاص بر اساس یک مدل فرضی در بین صفات تجزیه به عامل انجام شد. این روش ارائه‌دهنده مجموعه‌ای از متغیرها برحسب تعداد کم‌تری از متغیرهای فرضی است به‌بیان‌دیگر تعداد زیادی از متغیرها برحسب تعداد کمی از ابعاد یا سازه‌ها بیان می‌شوند که آن‌ها را فاکتور یا عامل می‌نامند. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد که پنج عامل با حدود توجیه ۷۰ درصدی واریانس کل وجود دارد. در میان این عوامل صفات در سه عامل اول دارای بالاترین ضریب تبیین بودند. در عامل اول صفات عملکرد تک بوته (۰/۴۱۷)، وزن صددانه (۰/۲۹۶-)، تعداد دانه تک بوته (۰/۴۴۵) و تعداد دانه در سنبله (۰/۴۴۷) دارای بالاترین ضرایب بودند. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده در این عامل، به آن عامل اجزای عملکرد گفته شد. عامل دوم دارای بالاترین ضرایب ازلحاظ صفات طول سنبله (۰/۷۰۱-)، تعداد سنبلچه در سنبله (۰/۵۸۸-) و عرض سنبله (۰/۳۷۲-) بود که عامل خصوصیات سنبله نام‌گذاری گردید. عامل سوم دارای بالاترین ضرایب ازلحاظ صفات طول دانه (۰/۵۹۷-)، قطر دانه (۰/۴۳۷-) و عرض دانه (۰/۴۰۷-) بود که عامل خصوصیات دانه نام‌گذاری شد. با توجه به نتایج مشاهده‌شده در تجزیه همبستگی، صفات واردشده به مدل از تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام و هم‌چنین تجزیه علیت کاملاً مشهود است که نتایج تجزیه به عامل‌ها تأییدکننده این موارد می‌باشد. نتایج این پژوهش با یافته‌های دیگر پژوهش‌گران (۲۹) و (۳۰) مطابقت داشت.

تجزیه خوشه‌ای به روش Ward و با استفاده از مربع فاصله اقلیدسی به‌منظور تعیین قرابت ژنوتیپ‌ها و گروه‌بندی آن‌ها بر مبنای ژنوتیپ های موردمطالعه و هم‌چنین براساس صفات موردبررسی، انجام شد. ژنوتیپ‌های موردبررسی بر اساس روش آرنج[1] در چهار گروه (شکل ۳) و بر اساس روش سیلوئت[2] در سه گروه دسته‌بندی شدند (شکل ۴) اما با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از مشاهدات (بر اساس نظر

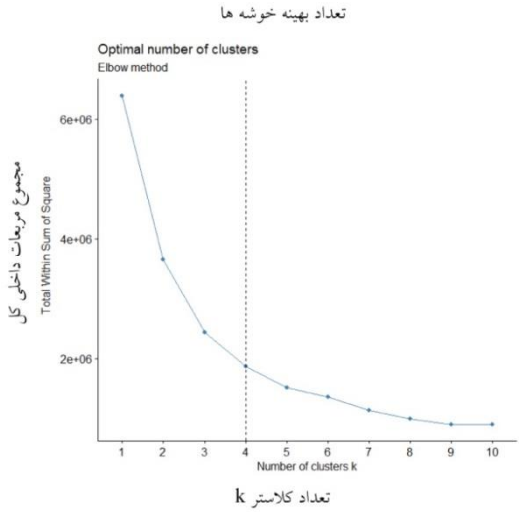
1- Elbow method
2- Silhouette method

پژوهش‌گر) دسته‌بندی روش سیلوئت که ژنوتیپ‌های گندم نان را به سه گروه دسته‌بندی کرده بود قابل‌قبول‌تر بود. ژنوتیپ‌های موردبررسی در هر گروه به ترتیب ۵۳ ژنوتیپ در گروه اول، ۱۱۰ ژنوتیپ در گروه دوم و ۱۲۹ ژنوتیپ در گروه سوم قرار گرفتند (شکل ۵). ژنوتیپ‌های گروه اول دارای بالاترین میانگین صفات عملکرد تک بوته، تعداد دانه تک بوته و طول سنبله بودند. در گروه دوم میانگین بالاترین مقادیر به صفات ارتفاع گیاه، تراکم سنبله و وزن صددانه اختصاص داشت. بقیه صفات نیز در گروه سوم دارای بیش‌ترین میانگین بودند.



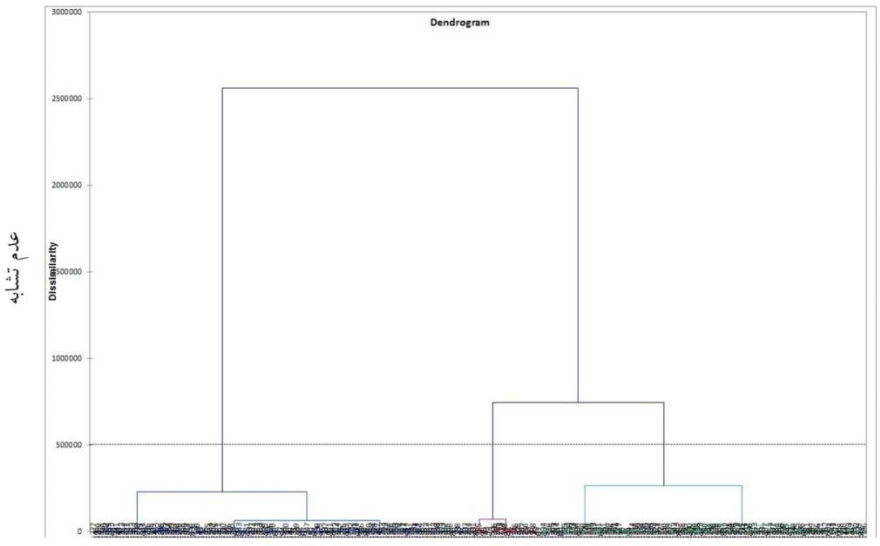
شکل ۳- نمودار آرنج برای تعیین تعداد گروه خوشه‌بندی در ژنوتیپ‌های گندم نان.

Fig. 3. Elbow diagram to determine the number of clustering group in bread wheat genotypes.



شکل ۴- نمودار سیلوئت برای تعیین تعداد گروه خوشه‌بندی در ژنوتیپ‌های گندم نان.

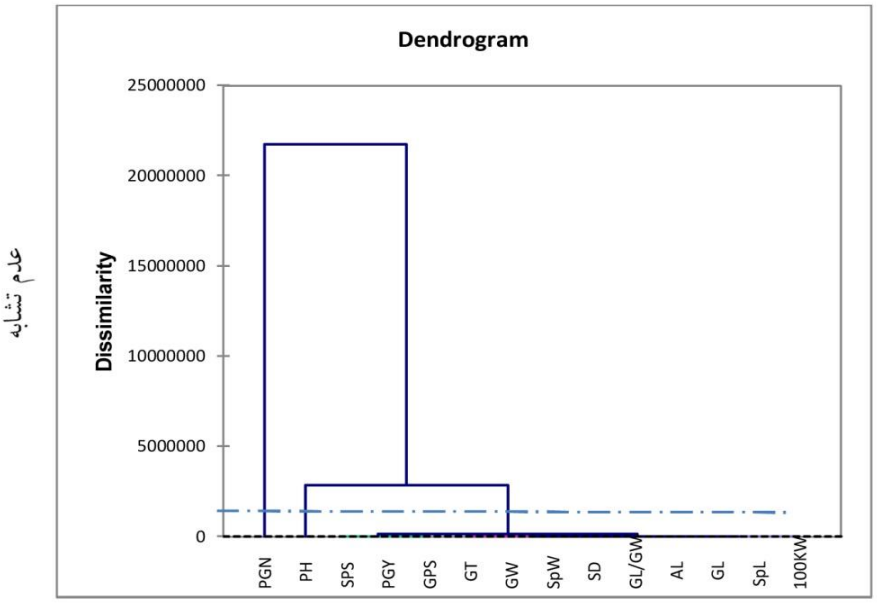
Fig. 4. Silhouette diagram to determine the number of clustering group in bread wheat genotypes.



شکل ۵- نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های گندم.

Fig. 5. Dendrogram of cluster analysis of bread wheat genotypes.

تجزیه خوشه‌ای براساس صفات مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های گندم نان تحت بیماری زنگ زرد گندم نشان داد (شکل ۶) که ۱۴ صفت موردبررسی در این آزمایش بر اساس ماتریس فاصله اقلیدسی و روش Ward را می‌توان به سه گروه مجزا تفکیک نمود. گروه اول شامل صفت تعداد دانه تک بوته، گروه دوم شامل صفت ارتفاع گیاه و گروه سوم بقیه صفات را در برمی‌گیرد.



شکل ۶- نمودار درختی حاصل از تجزیه خوشه‌ای صفات در ژنوتیپ‌های گندم.

Fig. 6. Dendrogram of traits cluster analysis of bread wheat genotypes.

تجزیه خوشه‌ای برای مشاهده روابط بین ژنوتیپ‌ها و صفات موردبررسی انجام شد و بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها به سه گروه تفکیک شدند که در گروه اول ۵۳ ژنوتیپ با بالاترین میانگین صفات عملکرد تک بوته، تعداد دانه تک بوته و طول سنبله؛ در گروه دوم ۱۱۰ ژنوتیپ با بالاترین میانگین صفات ارتفاع گیاه، تراکم سنبله و وزن صددانه و در گروه سوم ۱۲۹ ژنوتیپ با بالاترین مقادیر میانگین بقیه صفات وجود داشت. تجزیه خوشه‌ای براساس صفات موردبررسی در بین ژنوتیپ‌های گندم نان نیز سه گروه مجزا را تفکیک نمود. گروه اول شامل صفت تعداد دانه تک بوته، گروه دوم شامل صفت ارتفاع گیاه و گروه سوم بقیه صفات بودند، بر اساس این نتایج می‌توان این‌گونه استنباط کرد که مهم‌ترین صفات در گزینش ژنوتیپ‌های گندم تحت شرایط بیماری زنگ زرد گندم تعداد دانه تک بوته و ارتفاع گیاه می‌باشند. پژوهش‌گران دیگر (۲۴) و (۳۱) نیز نتایج مشابهی از تجزیه خوشه‌ای را نمایشان ارقام/ لاین‌های گندم تجاری گزارش کردند. پژوهش‌گران (۳۲) لاین‌های اصلاح‌شده گندم پاکستان را ارزیابی و وجود درجات متفاوتی از مقاومت تدریجی را نسبت به زنگ زرد برای لاین‌های آزمایش‌شده نشان دادند.

نتایج حاصل از بررسی از صفات تیپ آلودگی و شدت آلودگی در بین ژنوتیپ‌های موردمطالعه نسبت به پاتوتیپ کرج (174E158A+) در جدول ۶ نشان داده شده است. نتایج نشان داد که ۵۲ ژنوتیپ (۱۷/۵ درصد) مقاوم، ۳۱ ژنوتیپ (۱۰/۴ درصد) نیمه مقاوم، ۲۸ ژنوتیپ (۹/۴ درصد) متوسط، ۲۳ ژنوتیپ (۷/۷ درصد) نیمه حساس و ۱۶۳ ژنوتیپ (۵۵ درصد) نسبت به پاتوتیپ کرج دارای واکنش حساسیت بوده است (جدول ۶).

جدول ٦- واکنش ژنوتیپ‌های گندم نان در مرحله گیاه کامل نسبت به پاتوتیپ کرج (+174E158A).

Table 6. Reaction of bread wheat genotypes under adult plant stage to Karaj pathotype (174E158A+).

شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction
1	30R	22	100S	43	10R	64	30R	85	100S	106	100S	127	100S	148	20R
2	100S	23	90MS	44	10R	65	100S	86	100S	107	100S	128	90S	149	10R
3	100S	24	100S	45	20MR	66	50MR	87	100S	108	100S	129	80MR	150	80M
4	100S	25	10R	46	100S	67	100S	88	10R	109	10R	130	10R	151	80MS
5	15R	26	100S	47	80M	68	5R	89	10R	110	100S	131	100S	152	100S
6	60MS	27	100S	48	80MS	69	100S	90	80M	111	100S	132	100S	153	90M
7	40MR	28	70MS	49	100S	70	10R	91	100S	112	100S	133	100S	154	10R
8	100S	29	100S	50	80MS	71	100S	92	100S	113	100S	134	100S	155	10R
9	20R	30	100S	51	70MS	72	20MR	93	100S	114	100S	135	100S	156	100S
10	100S	31	100S	52	100S	73	10R	94	100S	115	10R	136	100S	157	100S
11	90S	32	100S	53	90M	74	20R	95	90M	116	80M	137	60MR	158	100S
12	100S	33	90MS	54	5R	75	100S	96	10R	117	10MR	138	100S	159	80M
13	15MR	34	10R	55	100S	76	50M	97	100S	118	70M	139	100S	160	80M
14	10R	35	100S	56	100S	77	80M	98	10R	119	90M	140	100S	161	100S
15	90MR	36	5R	57	100S	78	10R	99	100S	120	10R	141	30MR	162	10R
16	-	37	100S	58	5R	79	100S	100	30MR	121	70M	142	10R	163	100S
17	100S	38	100S	59	70MR	80	10R	101	10R	122	100S	143	100S	164	100S
18	100S	39	10R	60	100MS	81	100S	102	100S	123	100S	144	100MR	165	100S
19	100S	40	100S	61	10R	82	40MR	103	90M	124	90S	145	100S	166	10R
20	100S	41	100S	62	100S	83	100S	104	100S	125	10R	146	10R	167	100S
21	100S	42	100S	63	10R	84	100S	105	100S	126	100S	147	40MS	168	100S

ادامه جدول ٦-

Continue Table 6.

شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction	شماره No	واکنش Reaction
169	90MS	189	90MS	209	100S	229	100S	249	10R	269	100S	289	100S		
170	40M	190	10R	210	100S	230	70M	250	80MS	270	100S	290	100S		
171	100S	191	100S	211	90M	231	60M	251	80MR	271	100S	291	100S		
172	100S	192	100S	212	90MR	232	100S	252	100S	272	100S	292	100S		
173	100S	193	-	213	80M	233	100S	253	90M	273	100S	293	100S		
174	90MS	194	10R	214	100S	234	100S	254	100S	274	60MR	294	10R		
175	100S	195	10R	215	100S	235	100S	255	100S	275	100S	295	100S		
176	100S	196	100S	216	100S	236	10R	256	100S	276	80MS	296	-		
177	100S	197	100S	217	100S	237	100MS	257	70M	277	100S	297	100S		
178	70MR	198	40MR	218	100S	238	10MR	258	60MR	278	100S				
179	100S	199	70M	219	90S	239	30MR	259	60M	279	100S				
180	10R	200	10R	220	10R	240	30MR	260	100S	280	100S				
181	10R	201	60MS	221	10R	241	100MS	261	100S	281	80MS				
182	100S	202	30R	222	60M	242	20R	262	100S	282	90M				
183	100S	203	100S	223	100S	243	80MR	263	80MS	283	10R				
184	100S	204	100S	224	100S	244	30MR	264	20MR	284	60MR				
185	80M	205	100S	225	30MR	245	100S	265	100S	285	80MS				
186	90MS	206	100S	226	100S	246	50M	266	40MR	286	100S				
187	100S	207	10R	227	100S	247	100S	267	100MS	287	100S				
188	10R	208	100S	228	100S	248	70MR	268	100S	288	100S				

گزارش‌های قبلی به‌دست‌آمده از صفات تیپ آلودگی و شدت آلودگی نشان می‌دهد که این صفات به‌وسیله چندین ژن کنترل می‌شود (۳۳)، بنابراین با توجه به نتایج تعیین پاتوتیپ پژوهش حاضر نیز می‌توان پیش بینی کرد که ژنوتیپ‌های مقاوم احتمالاً حامل بیش از یک ژن مقاومت می‌باشند. نتایج این پژوهش نشان داد که داده‌ها به دلیل وجود چندین ژن حساسیت به سمت ژنوتیپ‌های حساس‌تر دارای چولگی هستند. بر اساس نتایج به‌دست‌آمده می‌توان اعلام کرد که از بین ژنوتیپ‌های گندم نان موردبررسی، ژنوتیپ‌های ۱، ۵، ۹، ۱۴، ۲۵، ۳۴، ۳۶، ۳۹، ۴۳، ۴۴، ۵۹، ۵۸، ۶۱، ۶۳، ۶۴، ۶۸، ۷۰ ۷۳، ۷۴، ۷۸، ۸۰، ۸۸، ۸۹، ۹۶، ۹۸، ۱۰۱، ۱۰۹، ۱۱۵، ۱۱۷، ۱۲۰، ۱۲۵، ۱۳۵، ۱۴۲، ۱۴۶، ۱۴۸، ۱۴۹، ۱۵۴، ۱۵۵، ۱۶۲، ۱۶۶، ۱۸۰، ۱۸۱، ۱۸۸، ۱۹۰، ۱۹۴، ۱۹۵، ۲۰۲، ۲۰۷، ۲۲۰، ۲۲۱، ۲۳۶، ۲۴۲، ۲۴۹، ۲۸۳ و ۲۹۴ حامل ژن‌های مقاومت *Yr1*، *Yr4*، *Yr5*، *Yr10*، *Yr15*، *Yr17*، *Yr24*، *Yr26*، *Yr27*، *Yr32*، *YrSU* و *YrSP* هستند. در مطالعات انجام‌شده (۱۸، ۳۴ و ۳۵) روی زنگ زرد در طی سال‌های ۲۰۰۸ تا ۲۰۱۳ نیز برای ژن‌های *Yr1*، *Yr4*، *Yr5*، *Yr10*، *Yr15*، *Yr24* و *YrCV* بیماری‌زایی گزارش نشده است که با پژوهش حاضر مطابقت داشت. تاکنون تعداد زیادی از ژن‌ها شامل *Yr16*، *Yr18*، *Yr29*، *Yr30*، *Yr31*، *Yr36*، *Yr39*، *Yr46*، *Yr48* و *Yr52* به‌عنوان ژن‌های مقاومت گیاه کامل (APR) به زنگ زرد مشخص‌شده‌اند که در نتایج این پژوهش هیچ‌یک از این ژن‌ها شناسایی نشدند (۲، ۷ و ۳۶)، هم‌چنین گزارش‌های قبلی نشان داد که ژن‌های مقاومت تدریجی زنگ زرد *Yr18*، *Yr29*، *Yr30* و *Yr46* و ژن‌های مقاومت گیاه کامل در دمای زیاد[1] همانند *Yr36*، *Yr39* و *Yr52* ازجمله منابع اصلی مقاومت پایدار به زنگ زرد می‌باشند (۲۰ و ۳۶). از میان ژنوتیپ‌های موردمطالعه در این پژوهش ۵۲ ژنوتیپ گندم نان در مرحله گیاه کامل مقاومت نشان دادند که احتمال دارد ژن‌های مقاومت از نوع گیاهچه‌ای نیز در این ژنوتیپ‌ها وجود داشته باشد.

نتیجه‌گیری نهایی

نتایج این پژوهش نشان داد که عملکرد و اجزای عملکرد ژنوتیپ‌های گندم تحت‌تأثیر بیماری زنگ زرد گندم قرار گرفت و این بیماری تأثیر به‌سزایی در کاهش عملکرد گیاه گندم دارد. نتایج بررسی همبستگی بین صفات موردمطالعه نشان داد که بالاترین مقادیر همبستگی مثبت بین عملکرد دانه با صفات تعداد دانه تک گیاه، تعداد دانه در سنبله و عرض دانه وجود دارد. پس از انجام تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام، صفات تعداد دانه در سنبله، وزن صددانه، عرض دانه، طول دانه، طول سنبله، قطر دانه و عرض سنبله با بیش‌ترین تأثیرگذاری بر روی عملکرد دانه وارد مدل شدند. بر اساس نتایج این تجزیه می‌توان بیان کرد که صفات ذکرشده در بالا مهم‌ترین صفات زراعی مؤثر بر عملکرد گندم در شرایط تنش بیماری زنگ زرد گندم هستند و برای ارزیابی ارقام و ژنوتیپ‌های گندم جهت داشتن عملکرد مناسب در این شرایط باید انتخاب بر اساس این صفات مدنظر قرار گیرد. پس از مشخص کردن صفاتی که بیش‌ترین تأثیر را بر روی عملکرد دانه‌دارند برای یافتن ارتباطات مستقیم و غیرمستقیم صفات روی عملکرد دانه تجزیه علیت انجام و مشخص شد که بالاترین تأثیر مستقیم را صفات تعداد دانه در سنبله، وزن

1- High Temperature Adult Plant Resistance

صددانه و عرض دانه با عملکرد دانه و بالاترین تاثیر غیرمستقیم را صفت وزن صددانه از طریق تعداد دانه در سنبله با عملکرد و صفت عرض دانه از طریق تعداد دانه در سنبله نشان دادند. نتایج تجزیه به عامل‌ها نشان داد سه عامل بالاترین ضریب را نشان دادند. عامل اول دارای بالاترین مقادیر ازلحاظ صفات وزن صددانه، تعداد دانه تک گیاه و تعداد دانه در سنبله بود که به آن عامل اجزای عملکرد اطلاق گردید. عامل دوم دارای بالاترین مقادیر ازلحاظ صفات عرض سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله و عرض سنبله بود که این عامل، خصوصیات سنبله نام‌گذاری شد. عامل سوم با نام خصوصیات دانه نیز دارای بالاترین مقادیر صفات طول دانه، قطر دانه و عرض دانه بود. در انتها تجزیه خوشه‌ای انجام شد و نتایج آن تأییدکننده نتایج تجزیه همبستگی با ضریب همبستگی مثبت و بالا بین صفات عملکرد دانه با تعداد دانه در سنبله و تعداد دانه تک‌بوته؛ تجزیه رگرسیون گام‌به‌گام برای اولین صفت واردشده به مدل که صفت تعداد دانه در سنبله؛ تجزیه علیت با بالاترین اثر مستقیم این صفت در میان بقیه صفات و بیش‌ترین مقدار بردار ویژه در اولین عامل تجزیه به عامل‌ها برای صفات تعداد دانه در سنبله، عملکرد تک‌بوته و تعداد دانه تک‌بوته بود. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌های موردمطالعه در سه گروه مختلف تفکیک شدند و هم‌چنین نتایج تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات موردمطالعه در بین ژنوتیپ‌های گندم نان نیز نشان‌دهنده سه گروه مجزا بود که صفت تعداد دانه تک بوته و ارتفاع گیاه در دو گروه مجزا و بقیه صفات نیز در یک گروه تفکیک شدند. با توجه به نتایج به‌دست‌آمده از این پژوهش پیشنهاد می‌شود برای ارزیابی و انتخاب ارقام و ژنوتیپ‌های دارای عملکرد دانه بالاتر، گزینش به کمک صفات مرتبط با عملکرد هم‌چون تعداد دانه در سنبله و تعداد دانه تک‌بوته انجام شود. درمیان ژنوتیپ‌های موردبررسی در این پژوهش تعداد ۵۲ ژنوتیپ دارای پایین‌ترین درصد آلودگی و تیپ آلودگی مقاومت به پاتوتیپ موردبررسی بودند که می‌توان آن‌ها را برای مناطقی که این پاتوتیپ شایع است توصیه کرد. به‌علاوه از میان ژنوتیپ‌های با مقاومت متوسط نیز می‌توان برای برنامه‌های اصلاحی آتی در شجره هیبریدهای تولیدی استفاده کرد زیرا این ژنوتیپ‌ها منابع خوبی برای مقاومت به حساب می‌آیند.

منابع

1. Vahabzadeh, M., Ghasemi, M., Kalateh, M., Alt Jafar Bay, J. and Khavarinejad, S. 2006. Introduction of a bread wheat cultivar tolerant to yellow rust and fusarium head blight for cultivation in flat coastal region of Caspian Sea. The 9th Iranian Crop Sciences Congress. Aboureyhan Campus-University of Tehran. Iran. pp. 336-337.
2. Herrera-Foessel, S.A., Lagudah, E.S., Huerta-Espino, J., Hayden, M.J., Bariana, H.S., Singh, D. and Singh, R.P. 2011. New slow-rusting leaf rust and stripe rust resistance genes Lr67 and Yr46 in wheat are pleiotropic or closely linked. Theo. Appl. Gen. 122: 239-49.
3. Singh, R.P., Huerta-Espino, J. and William, H.M. 2005. Genetics and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts in wheat. Turkish J. Agri. Forest. 29: 121-127.
4. Farshadfar, A., Zamani, M.R., Motallebi, M. and Emam Jomeh, A. 2001. Selection for drought resistance in chickpea lines. Iranian J. Agric. Sci. 32: 4. 65-77. (In Persian)
5. McIntosh, R.A., Wellings, C.R. and Park, R.F. 1995. Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes. CSIRO, Australia, 200p.

6.Rezaei Moradali, M., Eivazi, A.R. and Shir-Alizadeh, Sh. 2020. Effect of yellow rust disease on agronomic and physiological characteristics of winter and facultative bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars. Iranian J. Crop Sci. 22: 1. 81-93. (In Persian)

7.Singh, R.P., Hodson, D.P., Jin, Y., Lagudah, E.S., Ayliffe, M.A., Bhavani, S., Rouse, M.N., Pretorius, Z.A., Szabo, L.J., Huerta-Espino, J., Basnet, B.R., Lan, C. and Hovmoller, M.S. 2015. Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: Continued threat to food security and prospects of genetic control. Phyto. 105: 872-884.

8.Allahgholipour, M., Farshadfar, E. and Rabiei, B. 2015. Morphological and physico-chemical diversity in different rice cultivars by factor and cluster analysis. Cereal Res. 4: 4. 293-307. (In Persian)

9.Agrios, G.N. 2005. Plant Pathology. 5th edition. Academic Press, San Diego, USA. 332p.

10.Hovmøller, M.S., Walter, S., Bayles, R.A., Hubbard, A., Flath, K., Sommerfeldt, N., Leconte, M., Czembor, P., Rodriguez-Algaba, J., Thach, T., Hansen, J.G., Lassen, P., Justsen, A.F., Ali, S. and de Vallavieille-Pope, C. 2016. Replacement of the European wheat yellow rust population by new races from the centre of diversity in the near-Himalayan region. Plant Path, 65: 402-411.

11.Khezrpour Soojeh, O. 2013. Investigation of yellow rust disease frequency and impact of it on yield and yield components of some bread wheat cultivars. The Thesis Submitted for the Degree of Master of Science On Plant Breeding, Urmia University. 73p.

12.El-Orabey, W.M., Ashmawy, M.A., Shahin, A.A. and Ahmed, M.I. 2020. Screening of CIMMYT wheat genotypes against yellow rust in Egypt. Int. J. Phytopathol. 9: 1. 51-70.

13.Afshari, F. 2013. Determination of Number of Resistance Genes to Stem Rust Disease (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*), Race Ug99 in Two Wheat Cultivars. Agric. Biotech. 12: 27-33. (In Farsi with English Summary)

14.Dadrezaei, S.T., Jafar Nejad, A., Lakzadeh, I., Afshari, F., Hasan Bayat, Z. and Tabatabaei, S.N. 2017. Evaluation of Tolerance to Yellow Rust Disease in Some Selected Bread Wheat Cultivars. Seed and Plant Improv. J. 1: 34. 2. 125-142.

15.Han, D.J., Wang, Q.L., Zang, L., Wei, G.R., Zeng, Q.D. and Zhao, J. 2010. Evaluation of Resistance of CurrentWheat Cultivars to Stripe Rust in Northwest China, North China and the Middle and Lower Reaches of Changjiang River Epidemic Area. Sci. Agric. Sinica. 14: 2889-2896.

16.Noorkhalaj, K., Khodarahmi, M., Amini, A., Esmaeilzadeh, M. and Sadegh Ghol Moghaddam, R. 2011. Study of correlation and causal relationships of morphological indices on synthetic wheat lines. J. Agro. Plant Breed. 6: 3. 1-7.

17.Wellings, C.R. 2007. *Puccinia striiformis* in Australia: A review of the incursion, evolution and adaptation of stripe rust in the period 1979-2006. Australian J. Agric. Res. 58: 567-575.

18.Afshari, F. 2008. Prevalent pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Iran. J. Agric. Sci. Tech. 10: 67-78.

19.Afzal, S.N., Haque, M.I., Ahmedani, M.S., Bashir, S. and Rattu, A.R. 2007. Assessment of yield losses caused by *Puccinia striiformis* triggering stripe rust in the most common wheat varieties. Pakistan J. Bot. 39: 2127-2134.

20.Zakeri, A., Afshari, F., Rajaee, S., Yassaie, M., Nikzad, A.R. and Hassani, F. 2014. Inheritance of resistance to stripe rust in several commercial cultivars and selected elite genotypes of wheat from Fars province. Iranian J. Plant Patho. 50: 163-174.

21.Bazgir, M. 2012. Detection of resistant cultivars to yellow rust and path analysis on bread wheat. The Thesis Submitted for the Degree of Master of Science On Plant Breeding, Lorestan University. 105p.
22.Kumar, K., Holtz, M.D., Xi, K. and Turkington, TK. 2012. Virulence of *Puccinia striiformis* on wheat and barley in central Alberta. Canadian J. Plant Path. 34: 551-561.
23.Abdennour, S., Sahbi, F. and Houcine, B. 2018. Yellow rust effects on grain yield, and yield components of some spring bread wheat cultivars under rainfed conditions. World J. Agric. Res. 6: 2. 65-69.
24.Line, R.F. and Chen, X.M. 2007. Genetics and molecular mapping of genes for race-specific all-stage resistance and non-race-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar. Theo. Appl. Gen. 114: 1277-1287.
25.AL-Azawi, E. 2005. Epidemiological studied of wheat leaf rust and its effects on quantities and qualities characters of grains, M.Sc. thesis, University of Baghdad, Collage of Agriculture.
26.Yaghoubian, Y., Alamisaeid, K., Pirdashti, H., Mohammadi Goltapeh, E., Feiziasl, V. and Esfandiari, E. 2013. Effect of *Glomus mosseae* and *Piriformospora indica* and different levels of organic matter on the relationships between related characters with wheat yield. Cereal Res. 3: 3. 211-226.
27.Arminian, A., Hoshmand, S. and Shiran, B. 2010. Investigating genetic diversity and classification of diverse wheat genotypes using multivariate analysis methods. Elec. J. Crop Prod. 5: 4. 105-120.
28.Akanda, S.I. and Mundt, C.C. 1996. Path coefficient analysis of the effects of stripe rust and cultivar mixtures on yield and yield components of winter wheat. Theo. Appl. Gen, 92: 6. 666-672. doi: 10.1007/BF00226087.
29.Hovmøller, M.S., Sørense, C.K., Walter, S. and Justesen, A.F. 2011. Diversity of *Puccinia striiformis* on Cereals and Grasses. Ann. Rev. Phyto. 49: 197-217.
30.Amini, A., Amirnia, R. and Gazvini, H. 2016. Evaluation of relationship between physiological and agronomic traits related to salinity tolerance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. Iranian J. Crop Sci. 17: 4. 329-348. (In Persian)
31.Ali, S., Jawad, S.A., Shah, I.H., Khalil, H., Raman, Maqbool, K. and Wasee, U. 2009. Partial resistance to yellow rust in introduced winter wheat germplasm at the north of Pakistan. Aust. J. Crop Sci. 3: 1. 37-43.
32.Alipour, H., Bihamta, M.R., Mohammadi, V., Peyghambari, S.A., Bai, G. and Zhang, G. 2017. Genotyping-by-Sequencing (GBS) Revealed Molecular Genetic Diversity of Iranian Wheat Landraces and Cultivars. Frontiers Plant Sci. 8: 1-14.
33.Young, N.D. 1996. QTL mapping and quantitative disease resistance in plants. Ann. Rev. Phyto. 34: 1. 479-501.
34.Afshari, F. 2011. Status of wheat stripe rust disease in Iran during 2009-2010. International wheat stripe rust symposium; April. Aleppo, Syria: ICARDA, pp. 18-21.
35.Afshari, F. 2013. Race analysis of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Iran. Archiv. Phytopath. Plant Prot. 46: 15. 1785-1796.
36.Ebrahimnejad, S. and Rameeh, V. 2016. Correlation and Factor Analysis of Grain Yield and Some Important Component Characteristics in Spring Bread Wheat Genotypes. Cercetări Agro. în Moldova, Vol. XLIX, No. 1: 165. 5-15.