Archive of SID

Iranian Journal of Field Crop Science
Vol 51, No 2, Summer 2020 (63-74)
DOI: 10.22059/ijfcs.2019.271876.654560

علوم گیاهان زراعی ایران
دورهٔ ۵۱، شمارهٔ ۲، تابستان ۱۳۹۹ (ص۷۴-۶۳)

بررسی تنوع ژنتیکی مقاومت به بیماری بلاست در برخی ژنوتیپ‌های برنج ایرانی و هوازی

فاطمه علی نژاد[۱]، عاطفه صبوری*[۲]، صدیقه موسی نژاد[۳]
۱ و ۲- به ترتیب دانشجوی کارشناسی‌ارشد و دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان،
۳- استادیار، گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۷/۹/۲۹ - تاریخ پذیرش: ۱۳۹۸/۲/۳)

چکیده

بلاست با عامل قارچی *Magnaporthe oryzae* B.C. Couch و با فرم غیرجنسی *Pyricularia grisea* Cooke Sacc. از مهم‌ترین بیماری‌های گیاهی جهان می‌باشد که به علت انتشار سریع و مخرب آن در شرایط مناسب رطوبتی، بیماری اصلی برنج است. این پژوهش به منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی ۵۳ ژنوتیپ شامل برنج‌های ایرانی و هوازی غیرایرانی از لحاظ مقاومت به بیماری بلاست انجام گرفت. آزمایش در دو سال و به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه، طی بهار و تابستان ۱۳۹۶ و ۱۳۹۷ صورت گرفت. به‌منظور محاسبه سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری AUDPC از زمان ظهور لکه‌های بلاست، نمونه‌برداری در پنج مرحله انجام شد. پس از مقایسه میانگین و با هدف کسب یک نتیجه کلی از میزان مقاومت ژنوتیپ‌ها، رتبه‌بندی آن‌ها به روش آروناچالام انجام گرفت و نتایج نشان داد که ارقام نعمت، سپیدرود، 2-67-IR82310-B-B، IR83749-B-B-46-1، IR82589-B-B-114-3، IR81422-B-B-200-4، IR82616-B-B-64-3، IR82589-B-B-84-3و IR82635-B-B-143-1 بیشترین رتبه را کسب کردند و در نتیجه در گروه مقاوم قرار گرفتند و ارقام حسن سرایی، چمپابودار، قصرالدشتی، شاه پسند، دمسیاه، عنبر بو، اهلمی طارم، صدری، رشتی سرد و غریب با بیشترین مقدار آلودگی، کمترین مقدار رتبه را به خود اختصاص دادند در نتیجه جزو ژنوتیپ‌های بسیار حساس و نیمه حساس قرار گرفتند. بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها در شش گروه قرار گرفتند و نتایج، تأیید کننده نتایج آروناچالام بود. تجزیه تابع تشخیص با در نظر گرفتن دو گروه برنج‌های ایرانی و غیرایرانی با داشتن آماره لاندای ویلک ۰/۵۶۱، اختلاف معنی‌داری را بین دو گروه نشان داد (P<0.001) و بر اساس این تجزیه، دو گروه، بیشترین تمایز را از لحاظ تیپ آلودگی، سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و شدت آلودگی در مرحله سوم نشان دادند.

واژه‌های کلیدی: برنج هوازی، بیماری قارچی، تجزیه‌های چند متغیره، رتبه بندی آروناچالام، *Magnaporthe oryzae*.

Evaluation of genetic diversity of resistance to blast disease in some Iranian and aerobice rice genotypes

Fatemeh Alinezhad[1], Atefeh Sabouri*[1] and Sedigheh Mousanejad[2]
1. Departmant of Agronomy and Plant Breeding, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan,
2. Department of Plant Protection, Facutly of Agricultural Sciences, University of Guilan
(Received: December 20, 2019 - Accepted: April 23, 2019)

ABSTRACT

The blast disease with the causal agent *Magnaporthe oryzae* B. C. Couch and anamorph *Pyricularia grisea* Cooke Sacc is one of the most important plant diseases in the world. Because of its rapid and destructive release under favorable conditions of relative umidity, it is the main disease of rice. This research was conducted to evaluate the genetic diversity of 53 rice genotypes inclouding Iranian lowland and non-local aerobic rice in terms of resistance to blast disease. The field experiments were conducted in two years as a randomized complete block design with three replications during spring and summer 2017 and 2018. To calculate the area under the disease progress curve (AUDPC), sampling was done in five steps from the occurrence of blast disease. After mean comparison, genotype ranking was done by Arunachalam method to determine general resistance. The result showed that Nemat, Sepidrood, IR82589-B-B-84-3, IR82589-B-B-114-3, IR82635-B-B-143-1, IR83749-B-B-46-1, IR81422-B-B-200-4, IR82310-B-B-67-2, IR82616-B-B-64-3 cultivars achived the highest scores, and as a result, they were in the resistant group. Hassan Saraei, Chamapudar, Ghasroldashti, Shahpasad, Domsiah, Anbarbou, Ahlamitarom, Sadri, Rashtisard cultivars with the highest disease severity, received the lowest rating and were classified as highly susceptible and semi-sensitive genotypes. Genotypes were divided into 6 groups based on cluster analysis results and confirmed the results of Arunachalam. Discriminant function analysis considering two groups of Iranian and non-local rice with Wilks' lambda statistics 0.561 showed a significant difference between two groups (p<0.001). Based on this analysis, two groups showed the most difference based on infection type, AUDPC and severity of disease in third stage.

Keywords: Aerobic rice, Arunachalam ranking fungal disease, multivariate analysis, *Magnaporthe oryzae*.

* Corresponding author E-mail: a.sabouri@guilan.ac.ir

www.SID.ir

Archive of SID

مقدمه

برنج با ارزش‌ترین و مهم‌ترین ماده غذایی برای بیش از ۵۰ درصد مردم جهان است (Miah *et al*., 2013). مصرف و تقاضا برای برنج در حال افزایش است و مطالعات مختلف نشان داده است که برای رفع افزایش تقاضای برنج، میزان تولید تا سال ۲۰۳۰ باید بیش از ۴۰ درصد افزایش یابد (Kush, 2005) و این چالش باید با معرفی ارقام متحمل به تنش‌های زیستی و زیست محیطی برطرف شود (Selvarj *et al*., 2011). با توجه به اهمیت این محصول زراعی، بیماری‌های آن نیز از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند (Abedi *et al*., 2011). مبارزه با آفات و بیماری‌ها به روش‌های مختلف در گیاهان از جمله برنج، همواره مورد توجه محققین بوده است. گیاهان در طول دوره رشد با انواع تنش‌های زنده و غیر زنده مواجه می‌شوند (Moumeni *et al*., 2003) که به‌طور جدی بر آن‌ها تأثیر می‌گذارند. تقریباً ۷۰ نوع بیماری با عوامل قارچی، باکتریایی، ویروسی و نماتودی در برنج گزارش شده است که در نتیجه، خسارت و آسیب زیادی به محصول برنج وارد می‌کنند (Mousavi *et al*., 2014). یکی از مهم‌ترین بیماری‌ها، بیماری بلاست با عامل قارچی *Magnaporthe oryzae* Couch است که در مناطق معتدل و نیمه‌گرمسیری آسیا، برنج را به شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد و برای برنج آپلند در مناطق گرمسیری آسیا، آمریکای لاتین و آفریقا بسیار مخرب است. به‌دلیل توزیع در سراسر جهان و شرایط محیطی مناسب، این بیماری به‌عنوان یکی از مخرب‌ترین بیماری‌های برنج در نظر گرفته شده است (Wang *et al*., 2014) و کاهش شدید محصول ارقام حساس به این بیماری را در پی دارد (Moumeni *et al*., 2003)؛ به‌همین دلیل، تحقیقات گسترده‌ای از جنبه‌های مختلف روی آن صورت گرفته است و شناسایی منابع ژنی مقاومت و تهیه ارقام اصلاح شده مقاوم، سیستم‌های پیش‌آگاهی، تهیه و مصرف انواع قارچکش‌ها، تعیین عوامل مؤثر بر توسعه و شدت بیماری مانند عناصرغذایی، دما و رطوبت از موضوعات مهم مورد تحقیق بوده است. قارچ عامل این بیماری، گیاه برنج را در مراحل مختلف نشاکاری، پنجه‌زنی و خوشه‌دهی مورد حمله قرار می‌دهد (Moradi *et al*., 2009) و بر حسب نوع اندام آلوده گیاه، این بیماری به نام‌های بلاست برگ، بلاست گردن خوشه و بلاست خوشه نامیده می‌شود (Moumeni *et al*., 2003).

از دیدگاه به‌نژادی ثابت شده است که استفاده از ارقام مقاوم برنج در برابر این بیماری، می‌تواند راهکار مؤثری برای کنترل آن باشد (Sing *et al*., 2015) که ضمن اجتناب از مصرف انواع سموم شیمیایی، باعث جلوگیری از آلودگی محیط‌زیست، پایداری تولید محصول برنج و کاهش هزینه تولید می‌شود (Moradi *et al*., 2009). در یک بررسی که روی تعدادی از ارقام برنج ایرانی و همچنین ارقام مربوط به برنامه‌های مختلف به‌نژادی در آسیا برای تعیین اجزای مقاومت نسبی به بلاست صورت گرفت نشان داده شد که بین ارقام مختلف از حیث اجزای مختلف مقاومت و وضعیت توسعه بیماری، تفاوت معنی‌داری وجود دارد. همچنین آن‌ها وجود اثر متقابل میزبان و پاتوژن را در ارقام برنج ایرانی گزارش کردند (Moumeni *et al*., 2009a). در پژوهشی به منظور بررسی درجه مقاومت نسبی ارقام برنج به بیماری بلاست، تعدادی ارقام ایرانی، محلی و اصلاح شده، به همراه تعدادی ارقام خارجی با استفاده از نژادهای بلاست برنج برای صفات تیپ آلودگی، تعداد لکه، اندازه لکه، درصد سطح آلودهٔ برگ، دوره کمون و قابلیت اسپورزایی مورد ارزیابی قرار گرفتند؛ نتایج حاکی از وجود تفاوت معنی‌دار بین ارقام انتخابی برای کلیه صفات مورد مطالعه بود. ارقام نعمت، ندا وCO63 دارای تیپ آلودگی حساس، قابلیت اسپورزایی بالا و دوره کمون کوتاه بودند؛ ارقام IR64 و واندانا دارای تیپ آلودگی نیمه حساس تا حساس و قابلیت اسپورزایی متوسط تا پایین بودند و ارقام محلی ایرانی عنبربو، طارم محلی، دمسیاه به همراه سان هوان ژان -۲ از چین، دارای تیپ آلودگی مقاوم و قابلیت اسپورزایی پایین بودند (Moumeni *et al*., 2012). در پژوهشی دیگر، هشت ژنوتیپ برنج به همراه دو رقم

www.SID.ir

Archive of SID

نعمت (شاهد مقاوم) و بی‌نام (شاهد حساس) برای مقاومت به بلاست مورد ارزیابی قرار گرفتند و نتایج نشان داد که در آزمایش مزرعه‌ای، ژنوتیپ‌های بی‌نام، B40، IRBLZT-T از نظر بیماری در گروه حساس قرار گرفتندو سه ژنوتیپ IRBLKP-K60، IRBLZ5-CA، GAMMA بیشترین آلودگی خوشه را داشتند اما به طور معنی‌داری بلاست برگی کمتری را نشان دادند. لازم به ذکر است که غالباً ژنتیک مقاومت به بلاست برگ، از ژنتیک مقاومت به بلاست خوشه مجزاست، به‌طوری‌که اغلب ارتباطی با یکدیگر ندارند. بسیاری از ارقام که در مرحله بلاست برگ مقاوم هستند، در مرحله خوشه حساس هستند. ژنوتیپ های مورد مطالعه بر اساس صفات تیپ آلودگی و تعداد لکه اسپورزا در آزمایش گلخانه‌ای نیز به دو گروه تقسیم شدند؛ گروه اول شامل ژنوتیپ های FLAGMAN، IRI522، نعمت، IRBLTA2-RE، IRBLKP-K60، GAMMA بودند و از نظر تیپ آلودگی بین صفر تا دو قرار گرفتند و مقاوم شناخته شدند. گروه دوم شامل IRBLZ5-CA، IRBLZT-T، بی‌نام، B40 بودند که از نظر تیپ آلودگی در گروه حساس قرار داشتند (Pasha *et al.*, 2017).

گرم شدن زمین و تغییرات شرایط آب و هوایی سبب وقوع خشکسالی در اغلب مناطق کره زمین شده است و از آن‌جا که کشت و کار در اغلب مناطق برنج خیز از جمله ایران مبتنی بر آبیاری دائم است (Moumeni, 2016) و با توجه به این‌که آب یکی از منابع مهم محدودکننده در تولید برنج است (Vial, 2007)، از این رو تغییر شیوه زراعت از غرقابی به هوازی با استفاده از ژنوتیپ های خاصی از برنج به نام برنج هوازی که بذر آن‌ها به صورت خشک و در خاک غیر غرقاب و زهشکی شده، بدون گلخرابی کشت می‌شوند و عملکرد مناسبی تولید می‌کنند، می‌تواند موجب پایداری تولید برنج در شرایط کم‌آبی شود (Moumeni, 2016). مطالعاتی که توسط موسسه بین المللی تحقیقات برنج (IRRI) صورت گرفته است حاکی از آن است که کارایی مصرف آب در برنج‌های هوازی، به طور قابل ملاحضه‌ای بیشتر از غرقاب بوده است؛ در نتیجه معرفی ژنوتیپ‌هایی از برنج هوازی تحت شرایط آبی که قادر باشند در خاک‌های هوازی رشد کنند لازم به نظر می‌رسد (Bounman *et al.*, 2002). با توجه به این‌که ارقام هوازی می‌توانند به عنوان یک راهکار برای مقابله با کمبود آب مورد توجه قرار گیرند، ضروری است که این ارقام از لحاظ توانایی مقابله با تنش‌های زیستی از جمله بیماری مهم بلاست، با ارقام ایرانی مقایسه شوند. در این راستا، این تحقیق با هدف مقایسه مقاومت به بلاست ارقام ایرانی و ژنوتیپ‌های برنج هوازی و شناسایی ارقام مقاوم به این بیماری طرح‌ریزی شد.

مواد و روش ها

مواد گیاهی آزمایش شامل ۵۳ ژنوتیپ از برنج‌های ایرانی و هوازی غیرایرانی بود که بذرهای اولیه آن‌ها برای نخستین بار در سال ۲۰۱۰، به‌ترتیب از مؤسسه تحقیقات برنج کشور در رشت و مؤسسه تحقیقات بین المللی برنج در فیلیپین (IRRI) تهیه شد (جدول ۱).

مواد گیاهی در بخش ارزیابی بیماری در مزرعه پژوهشی گروه گیاهپزشکی دانشکده کشاورزی دانشگاه گیلان، در دو سال و به صورت طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار در مزرعه و در فصل بهار و تابستان سال‌های ۱۳۹۶ و ۱۳۹۷ کشت شدند. به‌منظور بررسی میزان مقاومت ارقام مختلف برنج در خزانه بلاست، بذرهای ارقام مورد آزمایش در اواخر خرداد ماه که مصادف با تراکم بلاست برگ در منطقه بود و شرایط برای ایجاد و توسعه آلودگی فراهم بود، در بستر خزانه‌ای که دارای خاک نرم و سبک و حاصلخیز و سایه‌دار بود کاشته شدند. هم‌زمان با کشت، ۵۰ کیلوگرم نیتروژن خالص از منبع اوره و ۵۰ کیلوگرم فسفر از منبع P_2O_5 (بر حسب هکتار) همراه با مقادیر فراوان کود دامی با خاک مخلوط شدند. بذرها به صورت خطی روی خطوطی به طول۵۰ سانتی‌متر و به فواصل ۱۰ سانتی‌متر از همدیگر کشت شدند. برای گسترش آلودگی، در دو طرف ارقام مورد آزمایش و عمود بر آن‌ها، رقم حساس هاشمی برای گسترش آلودگی در دو ردیف کشت شد.

www.SID.ir

Archive of SID

جدول۱- نام و منبع تهیه ژنوتیپ های مورد مطالعه

Table1. Name and source of the studied rice genotypes

NO	Name	Parentage or Origin	NO	name	Parentage or Origin
1	Palawan	Unknown	28	IR 83752-B-B-12-3	IR 71524-44-1-1/2*UPL RI 7
2	IR66417–18–1-1–1	IRRI	29	Panda	India
3	IR71525–19–1-1	IRRI	30	Vandana	C22/Kalakeri
4	IR60080-46A	IRRI	31	NonaBokra	India
5	IR65907–116–1-B	IRRI	32	Ghasroldashti	Iran (native)
6	IRAT170	IRRI	33	Sangetarom	Iran (native)
7	Caiapo	IRAT13/B.CAMPO//CNAx104/PEROLA	34	Sange jo	Iran (native)
8	Pegaso	Unknown	35	Rashtisard	Iran (native)
9	IRAT216	Colombia 1/M 312 A-74-2-8-8	36	Shahpasand	Iran (native)
10	IR 81024-B-254-1-B	IRRI 143/IR 71525-19-1-1	37	Anbarbou	Iran (native)
11	IR 81422-B-B-200-4	IR 74371-3-1-1/IR 64	38	Salari	Iran (native)
12	IR 82310-B-B-67-2	IR 74371-46-1-1/2*IR 64	39	Neda	Iran (improved)
13	IR 82590-B-B-32-2	CAUDH 1/IR 74371-54-1-1	40	Ahlamitarom	Iran (native)
14	IR 82616-B-B-64-3	IR 71524-44-1-1/IR 76569-259-1-2-1	41	Alikazemi	Iran (native)
15	IR 82635-B-B-82-2	IR 78875-176-B-2/IR 78875-207-B-3	42	Khazar	Iran (improved)
16	IR 82639-B-B-103-4	IR 78875-176-B-2/IR 78908-143-B-4	43	Hashemi	Iran (native)
17	IR 82639-B-B-118-3	IR 78875-176-B-2/IR 78908-143-B-4	44	Champaboudar	Iran (native)
18	IR 82639-B-B-140-1	IR 78875-176-B-2/IR 78908-143-B-4	45	Gharib	Iran (native)
19	IR 83749-B-B-46-1	IR 71524-44-1-1/2*IR 74371-54-1-1	46	Domsiyah	Iran (native)
20	IR 82589-B-B-114-3	IRRI 132/IR 74371-54-1-1	47	Sepidroud	Iran (improved)
21	IR 82589-B-B-84-3	IRRI 132/IR 74371-54-1-1	48	Kadous	Iran (improved)
22	IR 82590-B-B-90-4	CAUDH 1/IR 74371-54-1-1	49	Dorfak	Iran (improved)
23	IR 82590-B-B-94-4	CAUDH 1/IR 74371-54-1-1	50	Gohar	Iran (improved)
24	IR 82590-B-B-98-2	CAUDH 1/IR 74371-54-1-1	51	Hasansarai	Iran(native)
25	IR 82635-B-B-143-1	IR 78875-176-B-2/IR 78875-207-B-3	52	Nemat	Iran (improved)
26	IR 82635-B-B-32-4	IR 78875-176-B-2/IR 78875-207-B-3	53	Sadri	Iran (native)
27	IR 83749-B-B-87-3	IR 71524-44-1-1/2*IR 74371-54-1-1			

ده روز بعد از کشت و بر اساس نیاز وپس از محاسبه ، ۵۰ کیلوگرم در هکتار کود نیتروژن خالص از منبع اوره نیز به صورت سرک روی خزانه پاشیده شد. علاوه بر آلودگی طبیعی، سوسپانسیون اسپور سوش‌های مختلف قارچ عامل بیماری که مخلوطی از نژادهای مورد نظر بود (توضیح:در پژوهش‌های مزرعه‌ای نیز تحقیق حاضر ملاک عمل نژاد خاصی نیست) از نقاط مختلف استان تهیه شد و سپس با غلظت۱۰۰ هزار در هر میلی‌لیتر به وسیله اسپورپاش به‌طور یکنواخت روی خزانه پاشیده شد. از زمان ظهور لکه‌های بلاست روی برگ‌های گیاهچه‌های برنج، کار نمونه‌برداری و اندازه‌گیری بیماری با فواصل زمانی مشخص (هر شش روز یک بار) انجام گرفت. برای اندازه‌گیری بیماری و بررسی میزان مقاومت ژنوتیپ‌ها به بیماری بلاست، صفاتی مانند شدت بیماری در پنج مرحله و تیپ آلودگی به کمک مقیاس بین‌المللی (شکل ۱؛ IRRI, 1996) مورد ارزیابی قرار گرفتند. سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری[1](AUDPC) نیز بر اساس رابطه ۱ محاسبه شد:

رابطه ۱ $$AUDPC = \sum_{i=1}^{K} \frac{(X_{i+1} + X_i)}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

که در آن، Xi: ضریب آلودگی در نمونه برداری i ام و ti: زمان (روز) بین دو نمونه برداری است.

پس از ثبت داده‌ها، آزمون فرضیات تجزیه واریانس، از جمله یکنواختی واریانس‌های خطا در دو سال و نرمال بودن توزیع خطاهای آزمایشی انجام شد. با توجه به این‌که خطاهای آزمایشی متغیرهای تیپ و درصد آلودگی دارای توزیع نرمال نبودند، از تبدیل داده بر اساس رابطه ۲ و ۳ استفاده شد. در این روابط، x به ترتیب متغیرهای تیپ و درصد آلودگی است.

رابطه ۲ $\sqrt{x + 0.5}$

رابطه ۳ $\arcsin\sqrt{x + 0.5}$

[1] . Area Under the Disease Progress Curve

www.SID.ir

Archive of SID

شکل ۱- تیپ و درصد آلودگی به بیماری بلاست برنج بر اساس مقیاس (IRRI, 1996)

Figure 1. Infection type and disease severity of rice leaves based on the scale (IRRI, 1996)

همچنین با توجه به غیرمعنی‌دار بودن آزمون بارتلت[1] مبنی بر یکنواختی واریانس‌های آزمایشی در دو سال، تجزیه واریانس مرکب با استفاده از نرم افزار SAS V.9.4انجام شد. به منظور مقایسه ژنوتیپ‌ها، ابتدا مقایسه میانگین به روش توکی در سطح پنج درصد انجام شد و سپس بر اساس نتایج مقایسه میانگین، رتبه بندی ژنوتیپ‌ها به روش Arunachalam & Bandyopadhyay (۱۹۹۴) صورت گرفت؛ بدین صورت که ابتدا رتبه بندی در هر صفت بر اساس تعداد حروف در مقایسهٔ میانگین مربوط به آن صفت انجام گرفت، سپس رتبهٔ نهایی هر ژنوتیپ با توجه به مجموع رتبه‌های آن ژنوتیپ برای صفات مختلف محاسبه شد. به‌منظور گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از نرم افزار SPSS به چند روش و الگوریتم انجام گرفت. با توجه به مطلوب بودن نتایج حاصل از الگوریتم Ward با فاصله توان دوم اقلیدسی، از نظر تفکیک مناسب و واضح ژنوتیپ‌ها و همچنین عدم زنجیره‌ای شدن نمودار درختی، از این روش برای رسم نمودار درختی و تفسیر گروهبندی ژنوتیپ‌ها استفاده شد. صحت نقطه برش نمودار درختی نیز با استفاده از تجزیه تابع تشخیص تعیین شد. همچنین به‌منظور مقایسه دو گروه ارقام برنج ایرانی و غیرایرانی از لحاظ کلیه متغیرهای مرتبط با مقاومت به بیماری بلاست و تعیین مهم‌ترین متغیرهای متمایز کننده دو گروه، از تجزیه تابع تشخیص با استفاده از نرم افزار SPSS استفاده شد تا صفاتی که نقش بیشتری در تفکیک دو گروه ارقام ایرانی و خارجی را از نظر مقاومت به بلاست دارند تعیین شوند.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس در جدول ۲ آمده است. بر اساس این نتایج، تفاوت ژنوتیپ‌ها برای هر هفت صفت در سطح یک درصد معنی دار بود؛ از این رو می توان نتیجه گرفت که بین ژنوتیپ ها از نظر واکنش به بیماری، تنوع ژنتیکی قابل توجهی وجود دارد.

همچنین بر اساس نتایج، برهمنکنش بین ژنوتیپ و سال برای تمامی متغیرها غیرمعنی‌دار بود، بنابراین برای مقایسه میانگین ژنوتیپ‌ها از میانگین دو سال آن‌ها استفاده شد و پس از انجام مقایسه میانگین با استفاده از آزمون توکی در سطح پنج درصد و برای جمع‌بندی میزان مقاومت نسبی ژنوتیپ‌ها از لحاظ کلیه متغیرهای اندازه‌گیری شده، از رتبه‌بندی آروناچالام Arunachalam & Bandyopadhyay (1994) استفاده شد (جدول ۳).

[1] . Bartlett's Test

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات بررسی شده در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی

Table 2. Variance Analysis of the studied traits in a randomized complete block design

Sources of Variation	DF	Mean Squares						
		Severity of disease stage1	Severity of disease stage2	Severity of disease stage3	Severity of disease stage4	Severity of disease stage5	Infection type	Area Under the Disease Progress Curve (AUDPC)
Year	1	0.019**	0.005^{ns}	0.005^{ns}	0.007^{ns}	0.008^{ns}	1.209**	202.312^{ns}
Block(Year)	4	0.008	0.013	0.007	0.005	0.017	0.145	856.701
Genotype	52	0.007**	0.008**	0.007**	0.005**	0.005**	0.402**	938.608**
Genotype*Year	52	0.003^{ns}	0.003^{ns}	0.002^{ns}	0.003^{ns}	0.004^{ns}	0.106^{ns}	209.258^{ns}
Error	208	0.003	0.002	0.001	0.002	0.003	0.080	225.95
CV (%)		0.02	8.34	6.11	7.64	9.00	22.60	98.10

ns و ** به ترتیب بیانگر عدم تفاوت معنی دار و معنی داری در سطح احتمال یک درصد

ns and **: non-significant and significant at 1% of probability level, respectively

بر اساس نتایج، ارقام ایرانی نعمت و سپیدرود و ارقام هوازی IR82310-B-B–67–2، IR83749-B-B-46-1، IR82589-B-B-114-3، IR82589-B-B-843، IR81422-B-B-200-4، IR82616-B-B-64-3 و IR82635-B-B-143-1، بالاترین رتبه را به خود اختصاص دادند و با توجه به این‌که بالاترین رتبه‌ها به کمترین امتیازات تیپ و درصد آلودگی اختصاص می‌یابد، می‌توان نتیجه گرفت که این ژنوتیپ‌ها کمترین میزان حساسیت را نسبت به بلاست نشان دادند و می‌توان آن‌ها را در گروه مقاوم قرار داد.

جدول ۳-رتبه مستخرج از نتایج مقایسه میانگین ژنوتیپ ها به روش آروناچالام (Aronachalam & Bandyopadhyay 1994)

Table 3. Genotype ranks derived from the results of mean comparison based on the Arunachalam method) Aronachalam & bandyopadhyay 1994)

NO	Genotype	Rank	NO	Genotype	Rank
26	IR 82635-B-B-32-4	9	3	IR71525–19–1-1	21.5
44	Champaboudar	13.5	6	IRAT170	21.5
51	Hasansarai	13.5	8	Pegaso	21.5
32	Ghasroldashti	14.5	23	IR 82590-B-B-94-4	21.5
36	Shahpasand	16	24	IR 82590-B-B-98-2	21.5
46	Domsiyah	16.5	29	Panda	21.5
37	Anbarbou	17	42	Khazar	21.5
40	Ahlamitarom	17.5	48	Kadous	21.5
53	Sadri	18	9	IRAT216	22
35	Rashti sard	18.5	13	IR 82590-B-B-32-2	22
10	IR 81024-B-254-1-B	19	17	IR 82639-B-B-118-3	22
43	Hashemi	19	18	IR 82639-B-B-140-1	22
45	Gharib	19	30	Vandana	22
16	IR 82639-B-B-103-4	19.5	33	Sangetarom	22
27	IR 83749-B-B-87-3	19.5	49	Dorfak	22
1	Palawan	20	5	IR65907–116–1-B	22.5
38	Salari	20	31	NonaBokra	22.5
41	Alikazemi	20	14	IR 82616-B-B-64-3	23
4	IR60080-46A	20.5	21	IR 82589-B-B-84-3	23
15	IR 82635-B-B-82-2	20.5	25	IR 82635-B-B-143-1	23
28	IR 83752-B-B-12-3	20.5	11	IR 81422-B-B-200-4	23.5
39	Neda	20.5	47	Sepidroud	23.5
7	Caiapo	21	19	IR 83749-B-B-46-1	24
22	IR 82590-B-B-90-4	21	20	IR 82589-B-B-114-3	24
34	Sange jo	21	52	Nemat	25.5
50	Gohar	21	12	IR 82310-B-B-67-2	26
2	IR66417–18–1-1–1	21.5			

www.SID.ir

Archive of SID

در مقابل، ارقام حسن‌سرایی، چمپابودار، قصرالدشتی، شاه پسند، دمسیاه، عنبر بو، اهلمی طارم، صدری، رشتی سرد، غریب و رقم هوازی IR82635-B-B-32-4، کمترین رتبه را به خود اختصاص دادند و می‌توان دریافت که بیشترین مقدار آلودگی را در طی آزمایش و بر اساس متغیرهای مختلف نشان دادند و بنابراین در گروه ژنوتیپ‌های بسیار حساس و نیمه حساس قرار گرفتند.

شکل ۲ نتایج تجزیه خوشه‌ای را به روش Ward به صورت نمودار درختی نشان می‌دهد. برای صحت محل برش نمودار درختی، از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. در نقطه برش برای تشکیل شش گروه، مقدار لاندای ویلک برابر ۰/۸۷ (P<0.01) و در نقطه برش برای تشکیل سه گروه، مقدار لاندای ویلک برابر ۰/۷۴ (P<0.001) به‌دست آمد. به‌عبارت دیگر، برش نمودار درختی در هر دو حالت معنی‌دار بود و با توجه به این‌که با تشکیل شش گروه و انتساب تعداد کمتر ژنوتیپ‌ها به هر گروه، می‌توان به بررسی دقیق‌تر ویژگی ژنوتیپ‌ها پرداخت، بنابراین از گروه‌بندی شش گروه برای تفسیر نتایج استفاده شد.

با انتخاب نقطه برش گفته شده، تمام ژنوتیپ‌ها به شش گروه تقسیم شدند. به منظور بررسی وضعیت ژنوتیپ‌های هر گروه از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده، میانگین صفات برای هر گروه محاسبه شد و انحراف میانگین آن‌ها از میانگین کل، مورد بررسی قرار گرفت و با توجه به مقادیر بدست آمده، به‌ترتیب از مقاوم-ترین تا حساس‌ترین گروه‌ها مورد بحث قرار گرفتند. تعداد هفت ژنوتیپ شامل ارقام هوازی IR82589-B-B-114-3، IR82616-B-B-64-3، IR82310-B-B-67-2، IR82589-B-B-84-3 و ارقام ایرانی نعمت، سنگ طارم و سپیدرود که در گروه ششم قرار گرفتند، با داشتن کمترین مقادیر برای صفات اندازه‌گیری شده و در نتیجه بیشترین انحرافات منفی از میانگین کل نسبت به سایر ژنوتیپ‌ها، مقاوم‌ترین ژنوتیپ‌ها به بیماری بلاست شناخته شدند (جدول ۴). میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی این گروه به‌ترتیب برابر با ۴/۷۸ و ۰/۴۰ بود که نشان دهنده کمترین آلودگی این ژنوتیپ‌ها در طی مراحل این آزمایش می‌باشد. در رتبه‌بندی آروناچالام، ژنوتیپ‌های این گروه، بالاترین رتبه (۲۶-۲۳) را در بین ژنوتیپ‌ها کسب کردند.

بر اساس اطلاعات جدول ۴، گروه بعدی از لحاظ کسب کمترین میانگین صفات مرتبط با مقاومت به بیماری بلاست، گروه دوم بود که شامل ۲۳ ژنوتیپ بود. میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی این گروه به‌ترتیب برابر با ۸/۸۳ و ۰/۸۲ بود که نشان دهنده مقاومت نسبی آن‌ها به بیماری بلاست بود. از ۲۳ ژنوتیپ این گروه، تنها چهار رقم علی‌کاظمی، درفک، کادوس و ندا، جزو ارقام ایرانی و ۱۹ ژنوتیپ دیگر غیرایرانی بودند.

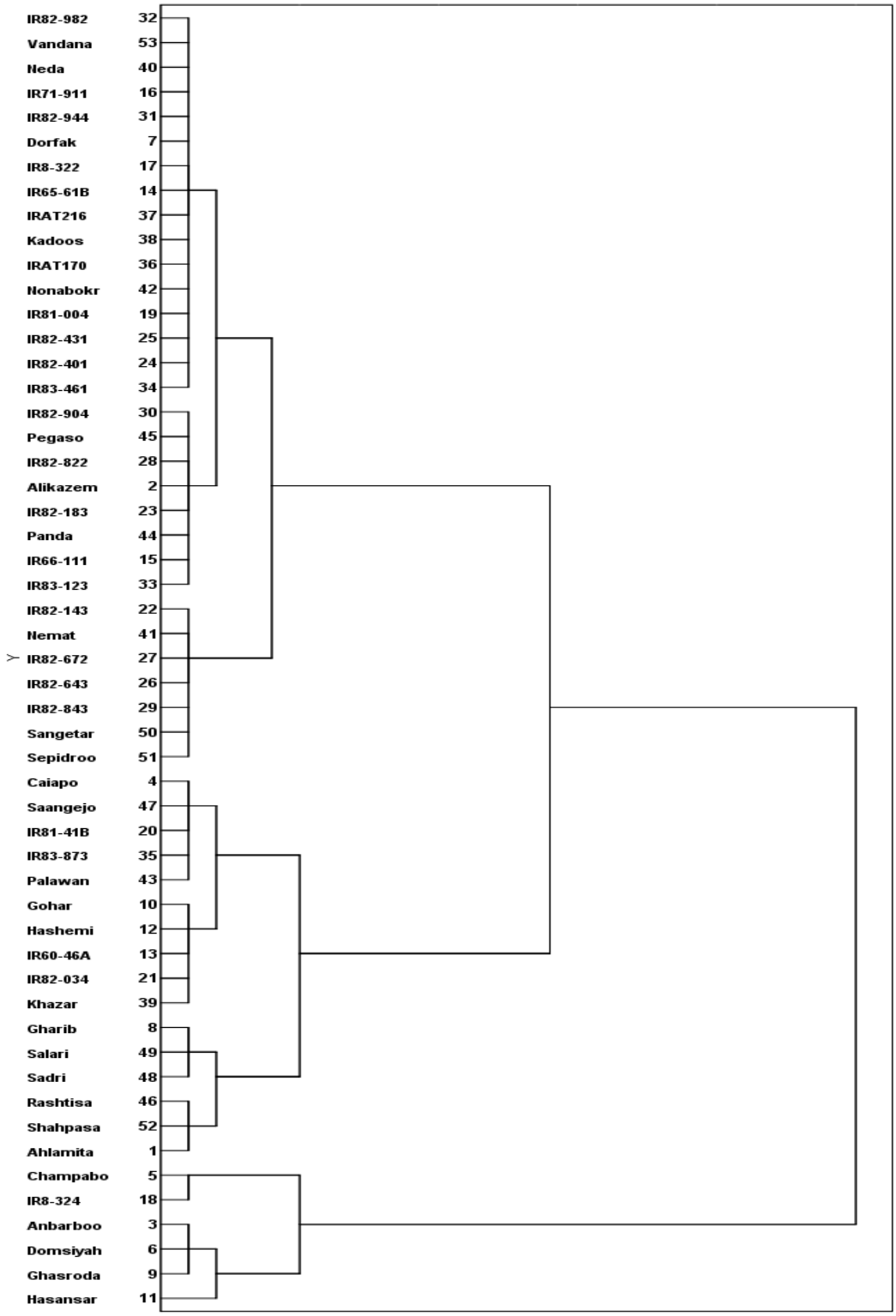
چهار ژنوتیپ شامل ارقام ایرانی خزر، گوهر، هاشمی، سنگ‌جو و پنج ژنوتیپ هوازی شامل Palawan, IR82639-B-103-4, IR81024-B-254-1-B, IR60080-46A, IR83749-B-B-87-3 در گروه چهارم قرار گرفتند. میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی این گروه به‌ترتیب برابر با ۱۵/۲۶ و ۱/۰۸ بود که نشان دهنده حساسیت نسبی ارقام این گروه به بیماری بلاست بود (جدول ۴).

گروه یک شامل شش رقم ایرانی اهلمی طارم، غریب، رشتی سرد، سالاری، صدری، شاه پسند بود (جدول ۴) که میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی آن به‌ترتیب ۲۴/۷۳ و ۱/۲۶ بود. این گروه با داشتن مقادیر نسبتاً بالا برای صفات اندازه گیری شده، ژنوتیپ های حساس به بیماری شناخته شدند. گروه بعدی با داشتن مقادیر بالا برای صفات اندازه گیری شده مرتبط با بیماری و انحراف از میانگین کل، گروه سوم بود که حساسیت نسبتاً بالایی را نسبت به بیماری بلاست از خود نشان داد و شامل چهار ژنوتیپ ایرانی عنبربو، دمسیاه، قصرالدشتی، حسن سرایی بود میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی در این گروه به‌ترتیب ۳۷/۷۳و ۱/۶۳ بود.(جدول۴). همچنین با توجه به اطلاعات جدول ۴، حساس ترین گروه با بیشترین مقادیر برای صفات مورد بررسی و کمترین انحراف از میانگین کل، گروه پنج بود که

www.SID.ir

Archive of SID

شامل یک ژنوتیپ ایرانی چمپابودار و یک ژنوتیپ هوازی IR82635-B-B-32-4 بود.



شکل ۲- نمودار درختی تجزیه خوشه ای ژنوتیپ‌های برنج از لحاظ صفات مختلف مرتبط با مقاومت به بلاست به روش Ward

Figure 2. Dendrogram of the cluster analysis of rice genotypedifferent traits related to blast resistance based on Ward method

www.SID.ir

Archive of SID

جدول ۴- گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه ای همراه با میانگین و انحراف از میانگین کل

Table 4. Groups drived from cluster analysis with means and the deviation from the total average

Claster	Genotype	Treat	Average	Deviation from total average
1	salari	Severity of Disease Stage 1	0.665	0.753
	Shahpasand	Severity of Disease Stage 2	0.670	0.891
	ahlamitarom	Severity of Disease Stage 3	1.143	0.760
	Gharib	Severity of Disease Stage 4	1.670	0.661
	sadri	Severity of Disease Stage 5	1.010	0.193
	Rashti sard	Infection Type	1.256	0.140
		Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	24.734	0.418
2	Alikazemi, Dorfak, Kadous, Neda	Severity of Disease Stage 1	0.302	-0.519
	Vandana, Panda, Pegaso, NonaBokra, IRAT216	Severity of Disease Stage 2	0.171	-0.392
	IR82635-B-B-82-2, IR66417-18-1-1-1	Severity of Disease Stage 3	0.477	-0.560
	IR71525-19-1-1, IR81422-B-B-200-4, IRAT170	Severity of Disease Stage 4	0.325	-0.336
	IR82590-B-B-32-2, IR65907-116-1-B	Severity of Disease Stage 5	0.319	-0.409
	IR82639-B-B-118-3, IR82639-B-B-140-1	Infection Type	0.815	-0.297
	IR83749-B-B-46-1, IR83752-B-B-12-3	Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	8.826	-0.307
	IR82590-B-B-94-4, IR82590-B-B-98-2			
	IR82590-B-B-90-4, IR82639-B-B-103-4			
3	Ghasroldashti	Severity of Disease Stage 1	1.233	1.792
	Domsiyah	Severity of Disease Stage 2	1.422	1.886
	Hasansarai	Severity of Disease Stage 3	1.407	1.868
	Anbarbou	Severity of Disease Stage 4	1.407	1.336
		Severity of Disease Stage 5	2.498	1.765
		Infection Type	1.628	1.766
		Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	37.7375	1.792
4	Hashemi, Gohar, Saiapo	Severity of Disease Stage 1	0.191	-0.005
	IR60080-46A	Severity of Disease Stage 2	0.469	-0.107
	IR81024-B-254-1-B	Severity of Disease Stage 3	0.504	0.218
	IR82639-B-B-103-4	Severity of Disease Stage 4	0.882	0.114
	IR83749-B-B-87-3	Severity of Disease Stage 5	0.398	0.168
	Sang jo ، Palawan،Khazar	Infection Type	1.088	0.080
		Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	15.260	0.153
5	Champapoudar	Severity of Disease Stage 1	1.843	3.366
	IR-82635-B-B-324	Severity of Disease Stage 2	2.280	2.361
		Severity of Disease Stage 3	2.556	2.643
		Severity of Disease Stage 4	2.623	2.861
		Severity of Disease Stage 5	2.670	2.058
		Infection Type	3.927	2.177
		Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	57.413	3.579
6	Sepidrood	Severity of Disease Stage 1	0.074	-0.842
	IR82589-B-B-114-3	Severity of Disease Stage 2	0.091	-0.734
	IR82616-B-B-64-3	Severity of Disease Stage 3	0.269	-0.864
	IR82310-B-B-67-2	Severity of Disease Stage 4	0.105	-1.135
	IR82589-B-B-84-3	Severity of Disease Stage 5	0.298	-1.210
	Nemat	Infection Type	0.406	-0.617
	Sange jo	Area Under The Disease Progress Carve (AUDPC)	4.778	-1.100

میانگین سطح زیرمنحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و تیپ آلودگی در این گروه به‌ترتیب ۵۷/۴۱ و ۳/۹۳ بود. در رتبه‌بندی آروناچالام، ژنوتیپ‌های این گروه، پایین‌ترین رتبه (۱۳/۵-۹) را در بین ژنوتیپ‌ها کسب کردند؛ بنابراین در مقایسه نسبی ژنوتیپ‌های مورد بررسی، هفت ژنوتیپ در گروه بسیار مقاوم، ۲۴ ژنوتیپ در گروه مقاوم، ۱۰ ژنوتیپ در گروه تقریباً مقاوم، شش ژنوتیپ در گروه نیمه حساس، چهار

www.SID.ir

Archive of SID

ژنوتیپ در گروه حساس و دو ژنوتیپ در گروه بسیار حساس قرار گرفتند (جدول۴). شایان ذکر است که این گروه بندی با گروه‌بندی نتایج آروناچالام مطابقت داشت، به این صورت که در گروه‌بندی آروناچالام، ژنوتیپ‌ها در گروه ارقام بسیار مقاوم بیشترین رتبه (۲۳-۲۶) را داشتند. سایر گروه‌ها شامل ارقام مقاوم (۲۱-۲۲/۵)، ارقام نیمه مقاوم (۱۹/۵-۲۰/۵)، ارقام نیمه حساس (۱۷/۵-۱۹)، ارقام حساس (۱۴/۵-۱۷) و ارقام بسیار حساس (۹-۱۳/۵) بودند که گروه ارقام بسیار حساس، پایین ترین رتبه را کسب کردند (جدول ۳).

در پژوهشی، مقاومت به بلاست بر روی ۹۲۲ رقم برنج که همه از آسیا جمع آوری شده بودند، بررسی شد که این ارقام بر اساس تجزیه خوشه ای به شش گروه به نام های A-F طبقه بندی شدند. بیشترین حساسیت مربوط به خوشه B و C بود که اغلب ارقامی از شرق (ژاپن) را شامل می‌شد؛ گروه F و E مقاوم‌ترین گروه شناخته شدند و ارقامی از آسیای شرقی و آسیای جنوب شرقی، بیشترین فراوانی را در این دو گروه داشتند و گونه‌های جنوب آسیا بیشترین تنوع را داشتند و در همه خوشه‌ها حضورداشتند اما در خوشه B کمتر دیده شدند (Telabanco-Yanoria *et al*., 2008). در تحقیق حاضر نیز نشان داده شد که ارقام غیرایرانی، مقاومت بیشتری نسبت به بلاست از خود نشان دادند و بیشترین اعضای گروه‌های مقاوم، ارقام غیرایرانی و برنج‌های هوازی بودند.

در بررسی بر روی ۱۱۶ ژنوتیپ، بالاترین میزان بیماری در خزانه بلاست مربوط به ارقام محلی شامل زیره، طارم امیری، هاشمی، به‌ترتیب با میزان بیماری ۳۱۳/۴، ۲۹۴/۵، ۲۸۰/۵ واحد بود و نتایج تجزیه خوشه‌ای داده‌های مولکولی نیز ژنوتیپ‌ها را به سه گروه مقاوم و حساس و یک گروه مقاوم مجزا که حاصل تلاقی ارقام ایرانی با مقاوم خارجی بودند و زمینه ژنتیکی نزدیکی داشتند، تقسیم کرد و ارقام ایرانی نعمت، سپیدرود و فجر در گروه مقاوم و ارقام دیلمانی، علی کاظمی، خزر و بینام در گروه حساس قرارگرفتند (Moumeni *et al*., 2009). در پژوهش حاضر نیز ارقام ایرانی نعمت، ندا و سپیدرود در گروه مقاوم و ارقام هاشمی، بینام، علی کاظمی در گروه حساس قرار گرفتند. واکنش ۱۱۶ ژنوتیپ برنج نسبت به قارچ *Magnaporthr grisea* و هشت نژاد شناسایی شده آن در شرایط گلخانه‌ای مورد ارزیابی قرار گرفت. به منظور بررسی نحوه توسعه بیماری با گذشت زمان، از زمان ظهور اولین لکه‌های بلاست بر روی گیاهچه-های برنج، کار نمونه‌برداری و اندازه‌گیری شدت بیماریانجام شد و ۳۰ روز پس از کشت نیز تیپ آلودگی و درصد نهایی سطح برگ آلوده تعیین شد. نتایج نشان داد که ارقام ایرانی خزر، سپیدرود، نعمت، ندا، کادوس، سنگ طارم، سالاری، درفک، مقاوم و ارقام فجر، بجار، سنگ جو، عنبر بو، چمپا بودار نیمه حساس بودند. همچنین ژنوتیپ‌های بینام، حسن سرایی و انواع طارم، شاهپسند، غریب، حسنی، دمسیاه، هاشمی و صدری حساس بودند و تفاوت معنی‌داری بین ارقام در سطح احتمال یک درصد مشاهده شد (Mosanezhad *et al*., 2010). در پژوهش حاضر نیز ارقام ایرانی نعمت، ندا، سپیدرود، سنگ طارم، کادوس و درفک مقاوم معرفی شدند. همچنین ارقام صدری، سنگ جو، غریب، قصرالدشتی، بینام، اهلمی طارم، هاشمی، شاهپسند، عنبر بو، چمپابودار در گروه ارقام حساس و نیمه حساس قرار گرفتند. تعداد ۵۸ رقم محلی و لاین‌های امیدبخش برنج در گلخانه و مزرعه با استفاده از نژادهای مختلف بلاست مورد بررسی قرارگرفتند. رقم IR24 و لاین‌های F725 و F120-2 کمترین شدت بیماری و سطح زیر منحنی بیماری را نشان دادند و ارقام و لاین‌هایی نظیر دمسیاه، حسنی و F64-1، F63-3 بیشترین شدت بیماری و سطح زیر منحنی را دارا بودند. همچنین نتایج حاصل از ارزیابی گلخانه‌ای نشان داد که واکنش ژنوتیپ‌ها در مقابل دو نژاد عامل بلاست IA-90 و IA-82 متفاوت بود و به‌طور کلی ژنوتیپ‌ها در سه دسته مقاوم، متحمل و حساس دسته بندی شدند (Abedi *et al*., 2011). در پژوهش حاضر که مخلوطی از نژادهای مورد نظر بر روی ارقام بررسی شدند نیز در ارقام حسنی و دمسیاه، شدت بیماری بلاست، بالا بود و با

www.SID.ir

Archive of SID

نتایج پژوهش بالا مطابقت داشت.

تجزیه تابع تشخیص

در پاسخ به یک سوال مهم که آیا در تحقیق حاضر به‌طور کلی از لحاظ میزان مقاومت به بیمای بلاست، بین ارقام ایرانی و غیر ایرانی تفاوت معنی‌داری وجود دارد یا خیر و همچنین به‌منظور تعیین مهم‌ترین صفات متمایز کننده بین دو گروه برنج ایرانی و غیرایرانی و میزان تأثیرگذاری آن‌ها، از تجزیه تابع تشخیص استفاده شد. نتایج بیانگر این مطلب بود که بین دو گروه برنج از لحاظ صفات اندازه‌گیری شده به عنوان شاخص مقاومت به بلاست، با داشتن آماره لاندای ویلک برابر ۰/۵۶۱، اختلاف معنی‌داری ($P<0.001$) وجود داشت و بر اساس مدل استاندارد شده تابع تشخیص (رابطه ۴)، بیشترین تمایز دو گروه برنج ایرانی و غیرایرانی از لحاظ تیپ آلودگی، AUDPC (سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری) و شدت بیماری، در مرحله سوم نمونه برداری برآورد شد؛ بنابراین می‌توان بیان داشت که این ویژگی‌ها به ترتیب می‌توانند در تفکیک ژنوتیپ‌ها و شناسایی ارقام ایرانی و غیر ایرانی موفق‌تر عمل نمایند.

$$Y= 1.658\ (type) -3.418\ (AUDPC) + 2.162\ (Severity\ of\ disease\ stage3)$$ رابطه ۴

همچنین میزان درصد جایگزینی صحیح پس از انجام تجزیه تابع تشخیص بر اساس سه صفت فوق، به‌طور متوسط ۸۸/۷ درصد بدست آمد (جدول ۵). بر اساس نتایج، این مدل قادر بود ۹۰/۳ درصد از ژنوتیپ‌های گروه غیرایرانی و ۷۲/۷ درصد از ژنوتیپ‌های ایرانی را به‌طور صحیح شناسایی نماید که نشان دهنده قدرت مدل تابع تشخیص در شناسایی ارقام ایرانی و غیرایرانی بر اساس صفات مرتبط با مقاومت به بیماری بلاست است.

جدول ۵- گروهبندی حاصل از مدل تابع تشخیص در مقایسه با گروهبندی اولیه. گروه اول برنج‌های غیر ایرانی و گروه دوم برنج‌های ایرانی بود

Table 5. Grouping of genotypesdrived from discriminant function analysis conpared to original grouping. Frist group was non-Iranaina rice and second group was Iranian rice.

Count and percentage of groups		Predicted count and percentage of each group membership		
	group	1.00	2.00	Total
Count	1.00	28	3	31
	2.00	6	16	22
Percentage	1.00	90.3	9.7	100.0
	2.00	27.3	72.7	100.0

نتیجه گیری کلی

با توجه به نتایج این آزمایش، ژنوتیپ‌ها واکنش‌های متفاوتی نسبت به بیماری بلاست از خود نشان‌دادند و بر اساس نتایج تجزیه خوشه‌ای، ژنوتیپ‌ها در شش گروه طبقه بندی شدند. از ۳۱ ژنوتیپ هوازی، ۲۵ ژنوتیپ نسبت به بیماری بلاست مقاوم بودند و از ۲۲ ژنوتیپ ایرانی، تنها هفت ژنوتیپ نسبت به بیماری از خود مقاومت نسبی نشان دادند. در مجموع، نتایج آزمایش، مقاومت بالاتر ارقام هوازی را در مقابل ارقام ایرانی به بیماری بلاست نشان داد. با توجه به این‌که شناسایی ارقام مقاوم، از مؤثرترین روش‌ها برای مدیریت بیماری است، امید است پس از تأیید نتایج این پژوهش، در آزمایش‌های دیگر از ژنوتیپ های شناسایی شده استفاده شود.

REFERENCES

1. Abedi, F., Babaeiyan, N., Moumeni, A. & Nematzadeh, G. (2011). Evaluation of partial resistance to *Magnaporthe grisea* Sacc. In: Rice cultivars at the seedling stage under upland nursery and greenhouse conditions. *Journals of Agronomy Science*s, 4(4), 31-42. (In Persian).
2. Arunachalam, V. & Bandyopadhyay, A. (1984). A method to make decisions jointly on a number of dependent characters. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 44, 419-424.
3. Bouman, B. A. M., Xiaoguang, Y., Huaqi, W., Zhiming, W., Junfang, Z., Changgui, W. & Bin, C. (2002). Aerobic rice (Han Dao): A new way of growing rice in water short areas. In:

www.SID.ir

Archive of SID

Proceedings of the 12th ISCO Conference, 26-31 May, Beijing, China. Pp.177-181.
4. Farshadfar, E. A. (2010). *Multivariate Printciples and Procedures of Statistics* (3th ed.). Razi University Press. (In Persian).
5. IRRI. (1996). Standard Evaluation System for Rice (4th edn). International Rice Research Institute, Los Baños, Philippines.
6. Moumeni, A., Yazdi Samadi, B. & Lee Ung, H., (2003). An assessment of partial resistance to *pyricularia grisea* in rice cultivars. *Iranian Journal of Agricultural Science*, 34 (2), 483-493. (In Persian).
7. Moumeni, A., Mosanezhad, S., Ebadi, M. A., Habibi, V. & Khosravi, V. (2009a). *Correction study for resistance to blast disease in a number of local and modified rice cultivars*. The final report of the research project of the Rice Research Institute of the country.56. (In Persian).
8. Moumeni, A., Mosanezhad, S. & Noneiryan, N. (2009b). Efficiency of blast resistance genes in Iranian rice varieties and its variety. *In: Proceedings of 11th Iranain Crop Science Congress*,24-26 July., Enviromental Sciences Research Institute, Shahid Beheshti University,Tehran, pp. 348-351. (In Persian).
9. Moumeni, A. & Mosanezhad, S. (2012). Genetic analysis of resistance to races of *magnaporthe grisea* the causal agent of blast disease in some Iranian rice cultivars. *Seed and Plant Improvment Journal*, 1-29(3), 423-441. (In Persian).
10. Moumeni, A. (2016). An overview on potential of rice production in water crisis conditions in Iran. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 18(3), 179-195. (In Persian).
11. Mosanezhad, S., Moumeni, A. & Javannikhah, M. (2010). Evaluation of the blast resistance components in some rice cultivars. *Iranian Journal of Plant Pathology*, 46(1), 23-36. (In Persian).
12. Moradi, Z., Salari, M., Ramzani, M., Moumeni, A., & Mousanejad, S. (2009). Genetic analysis of resistance of rice to leaf blast using diallel methods. *Iranian Journal of Plant Protection Science*, 40(2), 109-116. (In Persian).
13. Mousavi, S. H., Babaie-Zadeh, V. A., Sharif-Nabi, B., Tajik-Ghanbari, M. A., Masah, A. & Alavi, S. M. (2014) . Induction of blast disease resistance in rice plants by endophyte funus *piriformospora indica. Iranian Journal of Plant Pathology*, 50(3), 255-267. (In Persian).
14. Miah, G., Rafii, M. Y., Ismail, M. R., Puteh, A. B., Rahim, H. A., Asfaliza, R. & Latif, M. A. (2013) . Blast resistance in rice: a review of conventional breeding to molecular approaches. *Molecular Biology Reports*, 40, 2369-2388.
15. Pasha, A., Bagheri, N. A., Babaeiyan, N. & Nematzadeh, G. A. (2017**)**. Evaluation of resistance to *pyricularia oryzae* in rice genotypes .*Plant Protection (Scientific Journal of Agriculture)*, 394, 27-36. (In Persian).
16. Selvaraj, C. I., Nagarajan, P., Thiyagarajan, K., Bharathi, M. & Rabindran, R. (2011). Studies on heterosis and combining ability of well known blast resistant rice genotypes with high yielding varieties of rice (*Oryza sativa* L.). *International Journal of Plant Breeding and Genetics*, 5(2), 111–129.
17. Singh, A. K., Singh, P. K. Arya, M., Singh, N. K. & Singh. U. S. (2015). Molecular screening of blast resistance genes in rice using SSR markers. *Plant Pathology Journal*, 31(1), 12–24.
18. Telebanco-YanorIa, M. J., Ohsawa, R., Senoo, S., Kobayashi, N. & Fukuta, N. (2008). Diversity analysis for resistance of rice (*Oryza sativa* L.) to blast disease [*Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr.] using differential isolates from the Philippines. *Plant Breeding Journal*, 127, 355-363.
19. Vial, L. K. (2007**).** Aerobic and alternate wet and dry (AWD) rice systems. *Nuffield Australia Publishing.* Griffith NSW 2680, Australia.
20. Wang, X., Lee, S. Wang, J. Ma, J. Bianco. T. A. & Jia, Y. (2014). Current advances on genetic resistance to rice blast disease. In: Weungui, Y (Ed), *Rice germplasm, genetics and improvement*. Intechopen, pp.196-217.

www.SID.ir