

کارآیی ژن‌های مقاومت به بیماری لکه‌برگی سپتوریایی (*Stb*) در ارقام افتراقی گندم در برابر جدایه‌های *Zymoseptoria tritici*

شعبان کیا^۱، کامران رهنما^{۱*}، حسن سلطانیلو^۲، ولی اله بابایی زاد^۳ و محمدعلی آقاجانی^۴

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری بیماری شناسی گیاهی و دانشیار گروه گیاه پزشکی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان.

۲- دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان.

۳- دانشیار گروه گیاهپزشکی، دانشکده علوم زراعی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری.

۴- دانشیار پژوهش بخش تحقیقات گیاه پزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران.

* مسئول مکاتبه Kamranrahnama1995@gmail.com

تاریخ پذیرش: ۹۶/۳/۱۷

تاریخ دریافت: ۹۵/۸/۲۰

چکیده

بیماری لکه برگی سپتوریایی گندم ناشی از *Zymoseptoria tritici* از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در جهان و ایران به‌شمار می‌رود. مقاومت ژنتیکی مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین راهبرد برای کنترل این بیماری می‌باشد. بنابراین پایش مداوم جمعیت قارچ بیمارگر برای بررسی اثربخشی ژن مقاومت *Stb* در برابر جدایه‌های *Z. tritici* ضروری است. در این پژوهش، الگوی پرآزاری پنج جدایه‌ی مختلف روی ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت و اثر بخشی این ژن‌ها در برابر جدایه‌ها در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و در شرایط گلخانه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که جدایه‌های BK94 و BK95 پرآزارتین جدایه بودند که روی تعداد بیشتری از ارقام افتراقی بیماریزایی داشتند و در مقابل، جدایه‌ی BK56 کم‌ترین پرآزاری را روی ارقام افتراقی نشان داد. ارقام M3 و Arina در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاوم بودند. ارقام TE9111، Riband و Flame به‌ترتیب در برابر چهار، سه و دو جدایه‌ی مورد بررسی مقاومت نشان دادند. بقیه‌ی ارقام افتراقی در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساس بودند. ژن‌های *Stb15*، *Stb16* و *Stb17* موثرترین ژن‌های مقاومت در برابر همه‌ی جدایه‌ها بودند، بنابراین ارقام محتوی این ژن‌ها، می‌توانند به‌عنوان منابع مقاومت موثر در برنامه‌های اصلاح ارقام جهت مقاومت در برابر لکه برگی سپتوریایی گندم مورد استفاده قرار گیرند.

واژه‌های کلیدی: گندم، ارقام افتراقی، پرآزاری، STB، AUDPC و *Zymoseptoria tritici*.

مقدمه

از مناطق دیگر کشت گندم آسیا از جمله ایران، استرالیای غربی و آمریکای شمالی به‌شمار می‌رود (ایال ۱۹۹۹، چانگو و همکاران ۲۰۰۱، کوادوللیج و همکاران ۲۰۱۱). در اثر آلودگی، میزان دانه بندی کاهش می‌یابد، پرشدن دانه‌ها ضعیف می‌شود و دانه‌های چروکیده هنگام برداشت از بین می‌روند (وایز و همکاران ۱۹۹۱). خسارت ناشی از بیماری لکه برگی سپتوریایی در شرایط آب و هوایی

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی گندم^۱ که توسط

Zymoseptoria tritici (Desm.) Quaedvlieg & Crous. (synonyms: *Mycosphaerella graminicola* and *Septoria tritici*) ایجاد می‌شود، یکی از خسارت‌زاترین بیماری‌های برگی گندم در اروپا و بسیاری

¹*Septoria tritici* blotch (STB)

گروه عمده از قارچ‌کش‌ها در اروپا و سایر نقاط جهان است گزارش شده است (فرایچ و همکاران ۲۰۰۳، ۲۰۰۷).

استفاده از ارقام مقاوم و وارد کردن ژن‌های مقاومت به داخل ارقام گندم، موثرترین، اقتصادی‌ترین و از نظر زیست محیطی سازگارترین راهبرد برای مدیریت موفق بیماری به شمار می‌رود (ایال و همکاران ۱۹۸۷، ایال ۱۹۹۹). برای شناسایی و انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم، آگاهی از میزان پرآزاری جمعیت قارچ عامل بیماری روی ژن‌های مقاومت شناخته شده ضروری است. ژنتیک برهمکنش بین گندم و عامل بیماریگر *M. graminicola* بسته به ژنوتیپ بیماریگر و میزبان می‌تواند متفاوت باشد. در طول دهه‌ی گذشته هر دو نوع مقاومت اختصاصی و کمی در برابر *M. graminicola* در ژنوتیپ‌های مختلف گندم گزارش شده است. مقاومت کمی یا جزئی نوعی مقاومت ناقص است که توسط ژن‌هایی با اثر کم کنترل می‌شود و بر اساس آزمون بیماریزائی جدایه‌های *Z. tritici* بر روی ارقام گندم در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و بالغ گزارش شده است (آرایایانو و براون ۲۰۰۶). در مقابل، مقاومت اختصاصی، مقاومت کامل یا نزدیک به کامل را بوجود آورده و از مدل ژن برای ژن پیروی می‌کند و اولین بار بر اساس آنالیز ژنتیکی بین *M. graminicola* جدایه‌ی IPO323 و رقم Flame نشان داده شد (کما و همکاران ۲۰۰۰، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲). تاکنون ۱۸ ژن مقاومت (*Stb1* تا *Stb18*) باعامل *Z. tritici* در گندم مکان‌یابی و شناسایی شده است (طیب غفاری و همکاران ۲۰۱۱، ۲۰۱۲).

بنا بر بررسی‌ها تنوع ژنتیکی بالایی از جمعیت *Z. tritici* در استان‌های مورد کشت گندم در ایران وجود دارد (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰). بنابراین، شناسایی ژن‌های موثر در مقاومت و الگوی بیماریزایی و پرآزاری جمعیت *Z. tritici* برای شناسایی منابع مقاومت به STB و جایگزینی ارقام گندم حساس با ژنوتیپ‌های مقاوم در کشور ضروری است. هدف از پژوهش حاضر تعیین

مساعد و مدیریت کمتر بیماری، می‌تواند به بیش از ۵۰ درصد برسد (ایال ۱۹۹۹، دویلر و همکاران ۲۰۰۷، سیمون و همکاران ۲۰۱۲).

قارچ بیماریگر *Z. tritici* دارای دو شکل است: فرم شبه مخمری با کنیدی زایی به روش جوانه‌زنی، و شکل ریشه‌ای که به گیاه میزبان حمله می‌کند. برخلاف بسیاری دیگر از بیماریگرهای قارچی غلات، *Z. tritici* اپرسوریوم یا چنگک تشکیل نمی‌دهد ولی از راه روزنه و بدون ساختار آلودگی متمایز کننده به برگ‌های گندم نفوذ می‌کند. قارچ *Z. tritici* یک بیماریگر نیمه‌بیوتروف با یک فاز بیوتروفی برای حدود ۱۰ روز بوده و به دنبال آن تغییر حالت سریع به نکروتروفی مشاهده می‌شود. در نتیجه، نشانه‌های بیماری شامل زخم‌های نامنظم کلروزه به صورت لکه‌های نکروز حامل اندام‌های باروری غیر جنسی و جنسی توسعه می‌یابد (کما و همکاران ۱۹۹۶، دانکن و هووارد ۲۰۰۰).

در سال‌های اخیر بیماری لکه‌برگی سپتوریایی در بعضی از مناطق کشت گندم در ایران از جمله استان‌های گلستان، خوزستان، فارس و اردبیل گسترش یافته و منجر به اپیدمی شدید و کاهش محصول در این مناطق شده است (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰). تحقیقات انجام شده در استان گلستان نشان داد که این بیماری با توجه به نوع رقم، مرحله‌ی آلودگی و شدت آن می‌تواند باعث ۹/۱۷ تا ۲۸/۹۵ درصد کاهش محصول گردد (کیا و ترابی ۱۳۸۷). میزان کاهش محصول در خوزستان نیز ۶/۹۹ تا ۲۰/۳۸ درصد برآورد شده است (دادرضایی و همکاران ۱۳۸۱).

در شرایط آب و هوایی مساعد، کاربرد قارچ‌کش یک روش معمول برای کنترل این بیماری به شمار می‌رود. کاربرد گسترده‌ی قارچ‌کش‌ها علاوه بر هزینه‌های بالا و نگرانی‌های زیست محیطی، منجر به ظهور سریع سویه‌های مقاوم به قارچ‌کش شده است که می‌تواند باعث کنترل ناموفق این بیماری شود (فرایچ و همکاران ۲۰۰۷، لروکس و همکاران ۲۰۰۷). در قارچ *Z. tritici*، برخی جدایه‌های مقاوم به استروبیولورین‌ها و آزول‌ها که دو

حاوی محیط کشت منتقل شده و داخل شیکر انکوباتور با سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه و دمای حدود ۲۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از مدت هفت روز، سوسپانسیون اسپور داخل ارلن‌ها با استفاده از پارچه مملد دو لایه صاف و سپس با استفاده از لام گلبول شماره^۴ شمارش و غلظت آن‌ها به مقدار 10^7 اسپور در هر میلی لیتر تنظیم گردید. برای کاهش کشش سطحی و افزایش سطح تماس اسپور قارچ با سطح برگ، مقدار ۰/۱ درصد توپین ۲۰ به سوسپانسیون اسپور اضافه شد.

واکنش ارقام افتراقی گندم در برابر جدایه‌ها

در این پژوهش از ۲۱ رقم افتراقی دارای یک یا چند ژن مقاومت *Stb* دریافتی از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه‌ی نهال و بذر استفاده شد. پنج جدایه *Z. tritici* شامل سه جدایه‌ی جمع‌آوری شده از مزارع گندم استان گلستان و دو جدایه‌ی دریافتی از مراکز تحقیقات کشاورزی دزفول و اردبیل برای بررسی واکنش ارقام استفاده شدند. بذور هر ژنوتیپ به تعداد ۱۰ عدد در گلدان‌های پلاستیکی به قطر ۱۵ سانتی متر حاوی مخلوط ماسه، خاک‌برگ و خاک مزرعه سترون شده به نسبت ۱:۱:۱ کاشته شد. گلدان‌ها به مدت ۱۲ روز در شرایط مناسب نگهداری شده و سپس گیاهچه‌ها در مرحله‌ی دوبرگی با زادمایه قارچ عامل بیماری با استفاده از آبه‌شان دستی مایه‌زنی شدند. جهت حفظ رطوبت لازم برای جوانه‌زنی، نفوذ و رشد قارچ عامل بیماری، گلدان‌های حاوی گیاهچه‌های مایه‌زنی شده به مدت ۴۸ ساعت در زیر پوشش پلاستیکی با رطوبت اشباع قرار گرفتند، سپس گلدان‌ها در دمای ۲۰ درجه‌ی سانتی‌گراد، ۸:۱۶ ساعت روشنایی_تاریکی و رطوبت ۸۵ درصد در گلخانه نگهداری شدند. این آزمایش بصورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار در شرایط گلخانه‌ای انجام شد.

الگوهای پرآزاری جدایه‌های *Z. tritici* از استان‌های گلستان، خوزستان و اردبیل با استفاده از مجموعه ارقام افتراقی گندم دارای ژن‌های مقاومت شناخته شده (*Stb1- Stb8*) و تعیین اثر بخشی این ژن‌های مقاومت در برابر جدایه‌های مورد استفاده بود.

مواد و روش‌ها

جداسازی قارچ بیمارگر و تهیه‌ی زادمایه

برگ‌های گندم دارای نشانه‌های لکه‌برگی سپتوریایی از مزارع استان گلستان جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. سپس جداسازی و خالص‌سازی قارچ بیمارگر با استفاده از روش مستقیم ایال و همکاران (۱۹۸۷) انجام شد. تکه‌های برگ آلوده دارای پکنید، پس از ضد عفونی سطحی با هیپوکلریت سدیم یک درصد و سه بار شستشو با آب مقطر سترون، روی لام شیشه‌ای چسبانده شده و درون تشتک پتری حاوی کاغذ صافی استریل مرطوب منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۴ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۲۴-۱۲ ساعت نگهداری شدند. سپس ترشحات^۱ حاوی پکنیدیوسپورها که از دهانه‌ی پکنیدها خارج می‌شدند با استفاده از یک سوزن سترون نازک برداشته شده و به محیط کشت سیب‌زمینی، دکستروز، آگار^۲ حاوی آنتی بیوتیک استرپتومایسین (۵۰ میلی گرم در لیتر) منتقل و داخل انکوباتور با دمای ۲۰ درجه‌ی سانتی‌گراد به مدت ۳-۵ روز نگهداری شدند. کلنی‌های رشد کرده به صورت مخطط روی محیط PDA کشت داده و سپس برای خالص‌سازی، تک‌کلنی‌ها به محیط PDA جدید منتقل و در همان شرایط نگهداری شدند.

برای تهیه‌ی زادمایه‌ی قارچ جهت مایه‌زنی ژنوتیپ‌ها، از محیط کشت مایع عصاره‌ی مخمر، عصاره‌ی مالت، ساکارز^۳ استفاده شد. قطعاتی از کلنی رشد کرده‌ی قارچ از سطح محیط کشت PDA برداشته و به داخل ارلن‌های

¹ Ooze

² Potato Dextrose Agar(PDA)

³ Yeast Extract, Malt Extract, Sucrose(YMS)

⁴ Hemocytometer

تجزیه خوشه‌ای

تجزیه خوشه‌ای مقادیر میانگین شدت بیماری ارقام افتراقی گندم و میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری با استفاده از میانگین ارتباط بین گروهی و فاصله اقلیدسی و روش وارد^{۱۰} و توسط نرم افزار SPSS 16.0 در برنامه ویندوز انجام شد.

نتایج و بحث

مشخصات ارقام افتراقی و جدایه های *Z. tritici* مورد استفاده در این پژوهش به ترتیب در جداول ۱ و ۲ نشان داده شده‌اند. نتایج تجزیه واریانس داده های آماری به دست آمده از واکنش ارقام افتراقی گندم به پنج جدایه‌ی قارچ عامل بیماری لکه‌برگی سپتوریایی نشان داد که بین این ارقام از نظر شدت بیماری، اختلاف معنی دار ($P < 0.01$) وجود داشت که نشان دهنده ی تفاوت بین ارقام افتراقی در واکنش به جدایه های ایرانی *Z. tritici* می‌باشد. همچنین جدایه های مورد استفاده از نظر پرازاری و قدرت تهاجمی نیز دارای اختلاف معنی دار ($P < 0.01$) بودند که نشان می‌دهد جدایه ها در پرازاری و تهاجم به ارقام افتراقی گندم تفاوت داشتند. اثر متقابل جدایه و ژنوتیپ نیز دارای اختلاف معنی دار ($P < 0.01$) بود که نشان می‌دهد واکنش اختصاصی در برهمکنش بین ارقام افتراقی و *Z. tritici* رخ داده است (جدول ۳).

ارزیابی شدت بیماری^۱ بر اساس درصد سطح برگ پوشیده شده با لکه‌های نکروتیک حاوی پیکنید چهار بار در فاصله زمانی ۱۲ تا ۲۱ روز پس از مایه‌زنی انجام شد (کما و همکاران ۱۹۹۶، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲، چارترین و همکاران ۲۰۰۴). سپس بر اساس مقیاس یک تا ۹ ژانگ و همکاران (۱۹۹۹) ژنوتیپ‌ها طبق واکنش به آلودگی (مقدار کلروز و نکروز و تراکم پیکنید) به چهار دسته طبقه‌بندی شدند: مقاوم^۲ (میانگین مقیاس بیماری از یک تا ۴/۹)؛ نسبتاً مقاوم^۳ (میانگین مقیاس بیماری از پنج تا ۶/۹)، نسبتاً حساس^۴ (میانگین مقیاس بیماری از هفت تا ۷/۹) و حساس^۵ (میانگین مقیاس بیماری از هشت تا ۹). همچنین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC)^۶ با استفاده از فرمول زیر برای شدت بیماری محاسبه شد (ملدوان و همکاران ۲۰۰۵ و ویلگاس فرناندز و همکاران ۲۰۱۱).

$$AUDPC = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{(y_i + y_{i+1})}{2} (t_{i+1} - t_i)$$

y_i شدت بیماری در زمان t_i ، $t_{i+1} - t_i$ فاصله زمانی (روز) بین دو یادداشت برداری بیماری، n_i تعداد زمان‌های یادداشت برداری می‌باشند. ابتدا داده های به دست آمده با استفاده از تبدیل ریشه مربع آرکسینوس نرمال‌سازی شدند. سپس با استفاده از مدل تلفیقی خطی^۷ و نرم‌افزار آماری استاتگرافیکس^۸ آنالیز واریانس انجام شد. برای مقایسه واکنش ارقام نسبت به جدایه‌ها (میانگین شدت بیماری)، از آزمون حداقل اختلاف معنی‌دار^۹ استفاده شد.

¹ Disease severity

² Resistant (R)

³ Moderately Resistant (MR)

⁴ Moderately Susceptible (MS)

⁵ Susceptible (S)

⁶ Area Under Disease Progress Curve (AUDPC)

⁷ Linear Mixed Model

⁸ Statgraphics

⁹ Least Significant Difference (LSD)

¹⁰ Ward

جدول ۱- ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت *Stb* مورد استفاده در این پژوهش.

شماره	رقم	منشاء	ژن‌های مقاومت <i>Stb</i>
۱	Oasis	آمریکا	<i>Stb1</i>
۲	Sullivan	آمریکا	<i>Stb1</i>
۳	Bulgaria 88	بلغارستان	<i>Stb1</i> and <i>Stb6</i>
۴	Veranopolis	برزیل	<i>Stb2</i> and <i>Stb6</i>
۵	Israel 493	اسرائیل	<i>Stb3</i> and <i>Stb6</i>
۶	Tadinia	آمریکا	<i>Stb4</i> and <i>Stb6</i>
۷	Cs synthetic (6X) 7D	چین-آمریکا	<i>Stb5</i>
۸	Flame	انگلستان	<i>Stb6</i>
۹	Shafir	اسرائیل	<i>Stb6</i>
۱۰	Estanzuela Federal	اروگوئه	<i>Stb7</i>
۱۱	M6 synth (W7984)	آمریکا	<i>Stb8</i>
۱۲	Courtot	فرانسه	<i>Stb9</i>
۱۳	Kavkaz-K4500	سیمیت	<i>Stb6</i> , <i>Stb7</i> , <i>Stb10</i> and <i>Stb12</i>
۱۴	TE 9111	پرتقال	<i>Stb6</i> , <i>Stb7</i> and <i>Stb11</i>
۱۵	Obelisk	هلند	Susceptible check
۱۶	Taichung 29	ژاپن	Susceptible check
۱۷	Salamouni	کانادا	<i>Stb13</i> and <i>Stb14</i>
۱۸	Arina	سوئیس	<i>Stb6</i> and <i>Stb15</i>
۱۹	Riband	انگلستان	<i>Stb15</i> or another
۲۰	M3	سیمیت	<i>Stb16</i> and <i>Stb17</i>
۲۱	Balance	فرانسه	<i>Stb6</i> and <i>Stb18</i>

جدول ۲- جدایه‌های *Zymoseptoria tritici* مورد استفاده در این پژوهش.

شماره	کد جدایه	استان	شهر
۱	BK94	گلستان	گرگان
۲	BK49	گلستان	آق قلا
۳	BK95	گلستان	گنبد
۴	BK79	خوزستان	دزفول
۵	BK56	اردبیل	مغان

M6 synth و Obelisk، Taichung 29، Salamouni (W7984) بیشترین مقدار سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری را داشتند (جدول ۵). پنج جدایه‌ی مورد استفاده در این پژوهش در پرآزاری و تهاجم روی ۲۱ رقم افتراقی گندم تفاوت داشتند. جدایه‌های BK94 و BK95 پرآزارترین جدایه بود که روی ۱۸ رقم افتراقی بیماریزا بود و درمقابل جدایه BK56 کم‌آزارترین جدایه بود و روی ۱۶ رقم افتراقی بیماریزایی داشت. از نظر تهاجم، جدایه‌ی BK94 با بالاترین شدت بیماری (۵۳ درصد) مهاجم‌ترین جدایه بود، درحالی‌که جدایه‌ی BK56 با کم‌ترین شدت بیماری (۴۲ درصد) پایین‌ترین قدرت تهاجمی را داشت (جدول ۴).

نتایج نشان داد که ارقام M3 حاوی ژن‌های *Stb16* و *Stb17* و *Arina* حاوی ژن *Stb15* در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاوم بودند. رقم Riband حاوی ژن *Stb15* در برابر جدایه‌های BK79، BK49، BK94 و BK56 مقاومت نشان داد. رقم TE9111 حاوی ژن *Stb11* در برابر جدایه‌های BK49، BK79 و BK56، و رقم Flame حاوی ژن *Stb6* در برابر جدایه‌های BK95 و BK56 مقاومت نشان دادند. بقیه‌ی ارقام افتراقی در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساس بودند. از بین ژن‌های *Stb*، ژن‌های *Stb15*، *Stb16* و *Stb17* موثرترین ژن‌های مقاومت بودند که در برابر همه جدایه‌ها مقاومت نشان دادند (جدول ۴).

مقایسه میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری نشان داد که ارقام M3، Arina، TE9111 و Riband کم‌ترین مقدار و ارقام Estanzuela Federal

جدول ۳- تجزیه واریانس درصد سطح نکرز برگ همراه با پوشش پیکنید و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری لکه برگ سیتوریایی روی ارقام افتراقی گندم.

میانگین مربعات		درجه آزادی	منابع تغییرات
سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری	شدت بیماری		
۹۶۰/۱ ^{ns}	۲۴۳/۹۶۵ ^{ns}	۲	تکرار
۲۰۵۵۳/۵ ^{**}	۵۹۱/۵۰۵ ^{**}	۴	جدایه
۱۴۴۴/۸ ^{**}	۱۴۵۳/۵۳ ^{**}	۲۰	رقم
۳۳۷۱/۳ ^{**}	۱۱۵/۸۹ ^{**}	۸۰	جدایه × رقم
۴۷۶/۱	۲۳/۴۶۶۱	۲۰۸	خطا

ns و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار بودن در سطح احتمال یک درصد.

جدول ۴- واکنش ارقام افتراقی گندم حاوی ژن‌های مقاومت *Stb* در برابر جدایه های *Zymoseptoria tritici*

میانگین	ارقام افتراقی										شماره	
	BK56		BK79		BK95		BK49		BK94			
	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس	شدت بیماری	مقیاس		
۵۷	۵	۴۸	۵	۵۲	۸	۶۳	۶	۴۴	۸	۷۸	Oasis	۱
۵۶	۵	۴۸	۶	۵۶	۷	۵۹	۶	۵۲	۷	۶۷	Sulivan	۲
۵۳	۵	۴۸	۶	۵۶	۶	۵۶	۵	۴۸	۶	۵۶	Bulgaria 88	۳
۵۰	۶	۵۲	۵	۴۸	۶	۵۹	۵	۴۸	۵	۴۴	Veranopolis	۴
۵۱	۵	۴۴	۶	۵۲	۶	۵۲	۶	۴۸	۶	۵۹	Israel 493	۵
۴۹	۶	۴۸	۶	۴۸	۶	۴۸	۵	۴۸	۶	۵۲	Tadinia	۶
۴۵	۵	۴۱	۵	۴۴	۶	۵۲	۶	۴۴	۵	۴۴	Cs synthetic(6X)7D	۷
۲۳	۲*	۱۴	۷	۶۸	۳*	۲۲	۵	۴۸	۵	۵۶	Flame	۸
۵۷	۶	۵۶	۶	۵۹	۶	۵۲	۶	۵۶	۷	۶۳	Shafir	۹
۶۷	۶	۵۶	۷	۶۳	۸	۷۰	۷	۶۷	۸	۸۱	Estanzuela Federal	۱۰
۵۸	۶	۴۸	۶	۵۲	۷	۶۳	۷	۶۳	۷	۶۳	M6 synth (W7984)	۱۱
۵۱	۶	۵۶	۶	۴۸	۶	۵۲	۶	۴۸	۶	۵۲	Courtot	۱۲
۵۲	۶	۵۲	۶	۵۶	۸	۶۷	۵	۴۱	۶	۴۴	Kavkaz-K4500	۱۳
۳۶	۲*	۸	۳*	۲۲	۷	۶۳	۲*	۱۵	۶	۴۴	TE 9111	۱۴
۵۹	۷	۵۲	۶	۵۶	۶	۵۹	۷	۵۶	۸	۷۴	Obelisk	۱۵
۶۸	۶	۵۹	۷	۶۳	۸	۷۰	۷	۶۷	۸	۸۱	Taichung 29	۱۶
۶۶	۸	۶۳	۸	۶۵	۷	۶۳	۶	۵۹	۸	۸۱	Salamouni	۱۷
۱۴	۱*	۰	۲*	۴	۲*	۶	۱*	۰	۲*	۹	Arina	۱۸
۳۱	۴*	۳۴	۴*	۳۶	۶	۵۹	۲*	۸	۳*	۱۲	Riband	۱۹
۷	۱*	۰	۱*	۰	۲*	۴	۱*	۰	۲*	۸	M3	۲۰
۵۱	۶	۴۴	۵	۴۴	۶	۵۶	۶	۵۲	۶	۵۹	Balance	۲۱
-		۴۱		۴۷		۵۲		۴۳		۵۳		میانگین

* واکنش مقاومت رقم و ناپرآزاری بیمارگر

جدول ۵- میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری روی ارقام افتراقی گندم حاوی ژنهای مقاومت *Stb* در برابر جدایه‌های *Zymoseptoria tritici*

میانگین	جدایه					ارقام افتراقی	شماره
	BK56	BK79	BK95	BK49	BK94		
۳۸۴	۲۸۱	۳۳۳	۶۱۵	۲۰۷	۴۸۱	Oasis	۱
۳۸۱	۲۱۵	۳۰۴	۵۶۳	۳۶۳	۴۵۹	Sullivan	۲
۳۵۶	۱۸۵	۲۶۷	۵۵۶	۳۳۳	۴۳۷	Bulgaria 88	۳
۳۶۴	۳۳۳	۳۲۶	۵۳۳	۳۲۶	۳۰۴	Veranopolis	۴
۳۸۴	۲۹۶	۳۱۱	۴۵۲	۴۰۰	۴۵۹	Israel 493	۵
۳۸۱	۴۰۷	۴۱۵	۴۴۴	۲۹۶	۳۴۱	Tadinia	۶
۳۶۷	۳۴۱	۳۸۵	۴۳۰	۳۷۸	۳۰۴	Cs synthetic (6X) 7D	۷
۳۹۶	۳۹۳	۴۵۲	۴۸۹	۲۸۹	۳۵۶	Flame	۸
۴۶۸	۵۱۱	۵۱۱	۴۵۲	۳۱۹	۵۴۸	Shafir	۹
۶۳۳	۵۳۳	۵۷۰	۶۷۴	۶۴۴	۷۴۱	Estanzuela Federal	۱۰
۵۰۵	۴۴۴	۴۷۴	۵۰۴	۵۵۶	۵۴۸	M6 synth (W7984)	۱۱
۴۰۳	۵۴۸	۴۶۷	۲۶۷	۲۹۶	۴۳۷	Courtot	۱۲
۴۸۷	۴۶۷	۴۹۶	۶۵۲	۳۱۹	۵۰۴	Kavkaz-K4500	۱۳
۳۳۹	۳۱۱	۳۳۳	۵۱۹	۲۲۲	۳۱۱	TE 9111	۱۴
۵۱۰	۴۸۱	۴۹۶	۴۷۴	۴۵۲	۶۴۴	Obelisk	۱۵
۵۳۶	۳۶۳	۳۲۶	۶۴۴	۵۸۵	۷۶۳	Taichung 29	۱۶
۵۸۷	۵۶۳	۵۴۱	۶۱۵	۴۵۲	۷۶۳	Salamouni	۱۷
۲۵۳	۲۲۲	۲۶۷	۴۰۰	۲۳۷	۱۴۱	Arina	۱۸
۳۶۰	۴۵۲	۴۴۴	۵۳۳	۱۷۸	۱۹۳	Riband	۱۹
۱۱۳	۱۱۱	۱۰۴	۱۶۳	۱۱۹	۶۷	M3	۲۰
۴۴۰	۳۴۸	۳۶۳	۵۱۹	۳۴۸	۶۲۲	Balance	۲۱
-	۲۸۹	۳۰۴	۵۸۵	۲۵۲	۲۷۴		میانگین

در برابر جدایه‌ها مقاوم نبودند. در خوشه D رقم Flame قرار دارد که در برابر دو جدایه مقاومت داشت. خوشه E شامل دو رقم Arina و M3 می‌باشد که در برابر تمام جدایه‌ها مقاوم بودند.

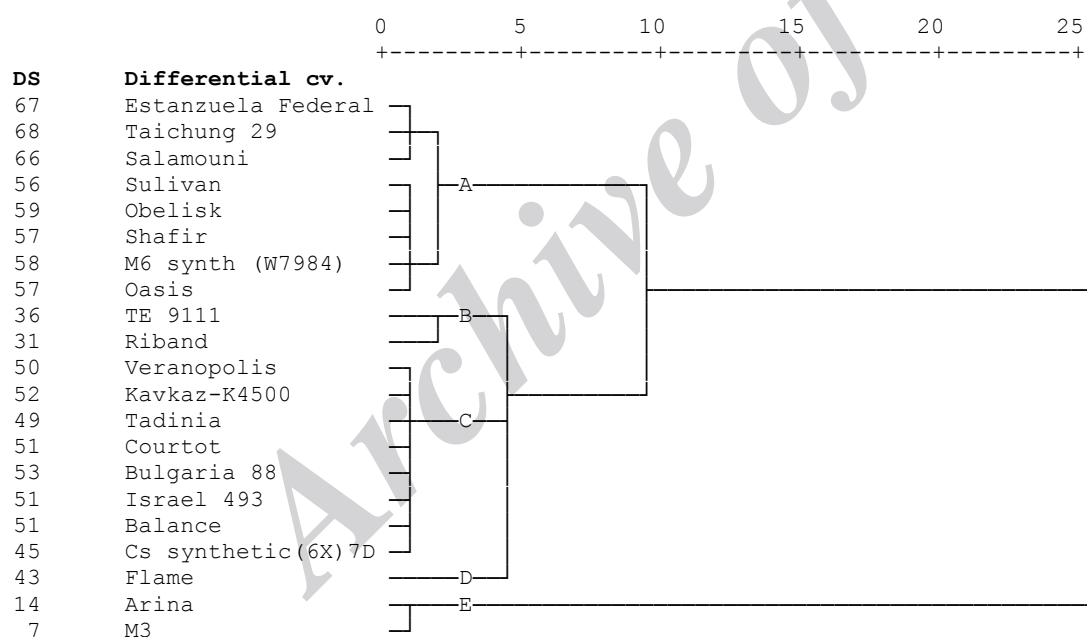
تجزیه خوشه‌ای براساس سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری، ارقام افتراقی گندم را در پنج خوشه اصلی گروه

تجزیه خوشه‌ای براساس میانگین شدت بیماری، ارقام افتراقی گندم را در پنج خوشه اصلی گروه بندی کرده است (شکل ۱). خوشه A شامل هشت رقم افتراقی گندم می‌باشد که به دو زیر خوشه تقسیم شده است. همه‌ی این ارقام در برابر تمام جدایه‌ها حساس بودند. در خوشه B دو رقم TE 9111 و Riband قرار گرفتند که به ترتیب در برابر سه و دو جدایه مقاومت نشان دادند. خوشه C شامل هشت رقم افتراقی می‌باشد که هیچ کدام

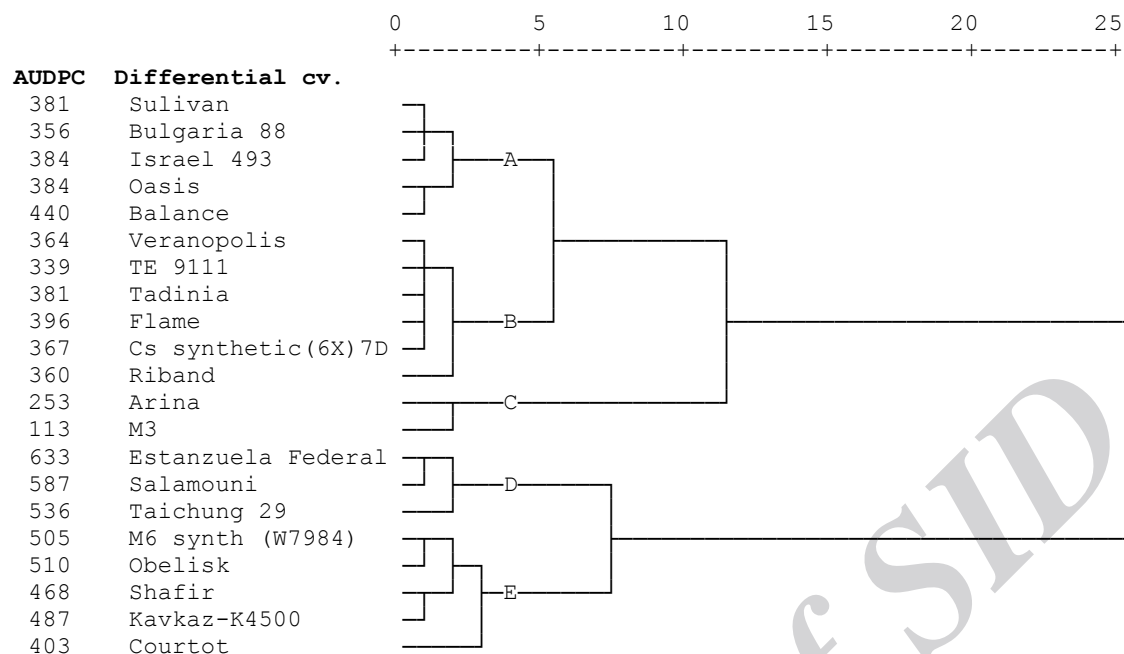
بیمارگر مخرب و پر خطر به شمار می‌رود. این ویژگی باعث می‌شود تا قارچ بیمارگر ژن‌های مقاومت را بی‌اثر کند (مهرابی و همکاران ۲۰۱۵). جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* تنوع ژنتیکی بالایی داشته و بطور قابل توجهی روی بیشتر ارقام افتراقی حاوی ژن‌های *Stb* پرآزاری دارند (ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۰، ۲۰۱۱، حسین نژاد و همکاران ۲۰۱۴). با توجه به این‌که بیشتر ژن‌های *Stb* در برابر بیشتر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* موثر نیستند، بنابراین منابع جدید مقاومت باید بطور مداوم شناسایی و در برنامه‌های اصلاح ارقام وارد شوند.

بندی کرده است (شکل ۲). خوشه A شامل پنج رقم افتراقی حساس می‌باشد که در دو زیر خوشه گروه‌بندی شدند. در خوشه B شش رقم افتراقی در دو زیر خوشه گروه‌بندی شدند که تعدادی از آن‌ها در برابر تعدادی از جدایه‌ها مقاوم بودند. در خوشه C دو رقم مقاوم Arina و M3 قرار گرفتند. خوشه D شامل سه رقم افتراقی خیلی حساس می‌باشد. خوشه E شامل پنج رقم افتراقی می‌باشد که در دو زیر خوشه گروه‌بندی شدند.

بیماری لکه‌برگی سیپتوریایی یکی از مهمترین بیماری‌های گندم در سراسر دنیا است. قارچ بیمارگر *Z. tritici* بخاطر چرخه‌های غیر جنسی و جنسی فعال در سال و مکانیسم انتشار موثر اسپوره‌ایش، به عنوان یک



شکل ۱- گروه‌بندی ارقام افتراقی گندم با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و بر اساس میانگین شدت بیماری آن‌ها در برابر جدایه‌های *Z. tritici* با استفاده از فاصله اقلیدسی و به روش Ward با استفاده از نرم افزار SPSS 16.0 ver. 16. میانگین شدت بیماری (DS) و اسامی ارقام افتراقی گندم نشان داده شده است.



شکل ۲- گروه‌بندی ارقام افتراقی گندم با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و بر اساس میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری لکه برگ سپتوریایی با استفاده از فاصله اقلیدسی و به روش Ward با استفاده از نرم افزار SPSS 16.0 ver. 16. میانگین سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری (AUDPC) و اسامی ارقام افتراقی گندم نشان داده شده است.

آلودگی شود. برای مثال مقاومت ارقام دارای ژن‌های مقاومت *Stb1* و *Stb4* در آرگون، پنج سال پس از آزاد شدن آن بخاطر تکامل ژنوتیپ بیماری‌گر شکسته شد (ادهیکاری و همکاران ۲۰۰۳، چارترین و همکاران ۲۰۰۴). نتایج این پژوهش نشان داد که جدایه‌های مورد بررسی دارای الگوی بیماری‌زایی متفاوتی بودند و روی بیشتر ژن‌های *Stb* پرازاری داشتند که با یافته‌های ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲)، حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴)، مازندرانی و همکاران (۱۳۹۳) و مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) تا حدودی مطابقت دارد. تحقیقات انجام شده در نقاط مختلف دنیا نشان داده که ژن‌های *Stb* در برابر حمله‌ی جدایه‌های عامل بیماری لکه برگ سپتوریایی آسیب پذیر هستند (کوگر و همکاران ۲۰۰۰، ادهیکاری و همکاران ۲۰۰۳، چارترین و همکاران ۲۰۰۴، ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۲). این پژوهش نیز نشان داد بیشتر این

بررسی‌های انجام شده نشان داد که در برهمکنش بین ژنوتیپ‌های گندم و جدایه‌های *Z. tritici*، مقاومت از مدل ژن برای ژن پیروی می‌کند (کما و همکاران ۲۰۰۰، بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲). درمقاومت اختصاصی معمولاً ژن ناپرازاری (*avir*) بیمارگر توسط ژن مقاومت (*R*) رقم مقاوم شناسایی و بدنبال آن با القای HR مقاومت در سطح بالا در گیاه ایجاد می‌شود. پنج جدایه‌ی مورد بررسی در این پژوهش از نظر پرازاری در برابر ژنوتیپ‌های مورد بررسی متفاوت بودند، جدایه‌ی BK94 (گرگان) پرازاترین جدایه بود و بنابراین باید تعداد کمتری ژن‌های ناپرازاری داشته باشد، در مقابل جدایه‌ی BK56 (مغان) کم آزارترین جدایه بود و بایستی تعداد بیشتری ژن‌های ناپرازاری داشته باشد.

کشت ارقام مقاوم در مدت زمان طولانی در یک سطح وسیع ممکن است باعث فشار انتخاب روی جمعیت بیمارگر و در نتیجه غلبه بر ژن مقاومت و شکستن مقاومت و ایجاد

(۲۰۱۲)، حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) و مخدومی و همکاران این رقم به ترتیب در برابر چهار، شش و سه جدایه مقاومت نشان داد.

ارقام Arina و Riband دارای ژن‌های *Stb6* و *Stb15* می‌باشند (آریانو و ۲۰۰۷). رقم Riband در این پژوهش در برابر چهار جدایه مقاوم بود. در بررسی حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) این رقم در برابر ۱۲ جدایه مقاومت اختصاصی داشت. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) این رقم در برابر تمام جدایه‌ها مقاومت نشان داد. بر اساس نتایج این پژوهش رقم Arina در برابر تمام جدایه‌های مورد بررسی مقاومت نشان داد. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) این رقم در برابر تمام جدایه‌ها مقاوم بود. در بررسی‌های پژوهشگران دیگر نیز رقم Arina در برابر شش، ۱۰ و ۱۸ جدایه مقاومت نشان دادند (مازندرانی و همکاران ۱۳۹۳، ابرین بنا و همکاران ۲۰۱۲، حسین نژاد و همکاران ۲۰۱۴).

بر اساس نتایج بدست آمده در این پژوهش، رقم M3 (حاوی ژن‌های *Stb16* و *Stb17*) به تمام جدایه‌ها مقاوم بود که با نتایج حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴)، مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) و مازندرانی و همکاران (۱۳۹۳) مطابقت دارد. بنابراین رقم M3 دارای ژن‌های مقاومت موثر در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* است که می‌تواند به عنوان یک منبع مقاومت موثر در برنامه‌های اصلاح ارقام جهت مقاومت در برابر STB مورد استفاده قرار گیرد.

سزمبور و همکاران (۲۰۱۱) با بررسی الگوی تعداد ۲۳ جدایه‌ی قارچ عامل بیماری لکه‌برگی سیپتوریایی روی ارقام افتراقی نشان دادند که ارقام Synthetic، Cs، Veranopolis و Arina به ترتیب با دارا بودن ژن‌های *Stb2*، *Stb5* و *Stb15* مقاوم‌ترین ارقام در برابر جدایه‌های اروپایی بیمارگر بودند. نتایج این پژوهش نشان داد که جدایه‌های مورد بررسی روی بیشتر ژن‌های مقاومت پرآزاری داشته و فقط تعداد معدودی از ژن‌ها، مقاومت موثری در برابر جدایه‌ها داشتند. ژن‌های *Stb6*، *Stb7*، *Stb11*، *Stb15*، *Stb16* و *Stb17* به یک یا چند جدایه

ژن‌های *Stb* در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* ژن‌های مقاومت موثری نیستند.

این تنوع ژنتیکی نشان می‌دهد که *Z. tritici* ممکن است قادر به سازگاری سریع با ارقام مقاوم باشد. بنابراین، منابع جدید مقاومت باید به طور منظم برای مدیریت این بیماری معرفی شوند. مقرون به صرفه‌ترین راهبرد برای کنترل این بیماری، استفاده از مقاومت ژنتیکی است. بنابراین، شناسایی منابع جدید مقاومت و گسترش ذخیره ژنی گندم برای مدیریت این بیماری ضروریست.

بر اساس نتایج این پژوهش، ژن‌های *Stb1*، *Stb2*، *Stb3*، *Stb4*، *Stb5*، *Stb6*، *Stb7*، *Stb8*، *Stb9*، *Stb10*، *Stb11*، *Stb12*، *Stb13*، *Stb14* و *Stb18* در برابر جدایه‌های مورد بررسی غیر موثر بودند، بنابراین نمی‌توانند منابع مقاومت مناسبی در برابر جدایه‌های ایرانی *Z. tritici* باشند. در بررسی حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) ژن‌های *Stb2*، *Stb5*، *Stb6*، *Stb7*، *Stb13* و *Stb14* در برابر جدایه‌ی ایرانی *Z. tritici* موثر نبودند. ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲)، گزارش کردند که ارقام Shafir (حاوی ژن *Stb6*)، Stanzuela Federal (حاوی ژن *Stb7*) و Courtot (حاوی ژن *Stb9*)، در برابر همه جدایه‌ها حساس بودند. در این پژوهش، رقم Flame (حاوی ژن *Stb6*) (بریدینگ و همکاران ۲۰۰۲) در برابر دو جدایه مقاوم بود و در برابر جدایه‌های دیگر حساسیت نشان داد. در بررسی حسین نژاد و همکاران (۲۰۱۴) این رقم در برابر سه جدایه مقاومت اختصاصی نشان داد. ابرین بنا و همکاران (۲۰۱۲) نشان دادند که رقم Flame در برابر شش جدایه مقاومت اختصاصی داشت. در بررسی مخدومی و همکاران (۲۰۱۵) نیز این رقم در برابر سه جدایه مقاوم بود. رقم TE9111 از منابع مقاومت به STB می‌باشد که ژن‌های *Stb6*، *Stb7*، *Stb8* و *Stb11* در آن شناسایی شده است (چارترین و همکاران ۲۰۰۵b). در این پژوهش، این رقم در برابر سه جدایه مقاومت نشان داد. در بررسی ابرین بنا و همکاران

الگوهای پرآزاری متفاوت بر بیشتر ژن‌های *Stb* شناخته شده غلبه کرده و می‌توانند برای سنجش اثربخشی ژن‌های جدید *Stb* در آینده و برای بررسی مقاومت ژنوتیپ‌های گندم به STB در دیگر مناطق جهان بکار روند. با توجه به اهمیت این بیماری در مناطق مهم کشت گندم کشور به ویژه در استان‌های گلستان، خوزستان و اردبیل، بررسی مداوم تغییرات ژنتیکی جمعیت قارچ عامل بیماری و شناسایی منابع ژنتیک مقاومت دارای ژن‌های مقاومت موثر در برابر جدایه‌های بیمارگر ضروری می‌باشد.

مقاومت داشتند و بقیه ی ژن‌ها مقاومت نشان ندادند. از بین ارقام افتراقی ارقام M3, Arina, Riband و TE9111 بیشترین مقاومت را در برابر جدایه‌ها داشتند، بنابراین می‌توان از آن‌ها در برنامه‌های اصلاح ارقام برای مقاومت به این بیماری استفاده کرد.

به دلیل اینکه ایران به عنوان مرکز مبداء گندم و قارچ *M. graminicola* محسوب می‌شود (استاکنبروک و همکاران ۲۰۰۷) و عامل بیمارگر و گیاه میزبان از هزاران سال پیش در تعامل و تکامل مستمر بوده‌اند، بنابراین جدایه‌های ایرانی *M. graminicola* با تنوع ژنتیکی بالا و

منابع مورد استفاده

دادرزایی س ط، میناسیان و، ترابی م و لطفعلی آینه غ، ۱۳۸۱. اثر آلودگی ناشی از *Septoria tritici* در مراحل مختلف رشد بر عملکرد و اجزاء عملکرد سه رقم گندم نان. نهال و بذر، جلد ۱۹، شماره ۱. صفحه های ۱۰۱ تا ۱۱۶.

کیا ش و ترابی م، ۱۳۸۷. تاثیر آلودگی به سپتوریوز برگ در مراحل مختلف رشد بر عملکرد و اجزای عملکرد ارقام گندم در گرگان. نهال و بذر، جلد ۲۴. صفحه های ۲۳۷ تا ۲۵۰.

مازندرانی ف ت، مهرابی ر و ملکی م، ۱۳۹۳. اثر بخشی ژن‌های مقاومت به لکه برگی سپتوریایی گندم (*Stb*) در برابر جدایه های *Mycosphaerella graminicola* استان فارس. مجله به نژادی نهال و بذر، جلد ۱-۳۰، شماره ۳. صفحه های ۶۶۹ تا ۶۸۲.

Abrinbana M, Mozafari J, Shams-bakhsh M and Mehrabi R, 2010. Genetic structure of *Mycosphaerella graminicola* populations in Iran. *Plant Pathol* 59:829 – 838.

Abrinbana M, Mozafari J, Shamsbakhsh M and Mehrabi R, 2012. Resistance spectra of wheat genotypes and virulence patterns of *Mycosphaerella graminicola* isolates in Iran. *Euphytica* 186: 75-90.

Adhikari TB, Anderson JM and Goodwin SB, 2003. Identification and molecular mapping of a gene in wheat conferring resistance to *Mycosphaerella graminicola*. *Phytopathology* 93: 1158-1164.

Arraiano LS and Brown JKM, 2006. Identification of isolate-specific and partial resistance to *Septoria tritici* blotch in 238 European wheat cultivars and breeding lines. *Plant Pathology* 55, 726 – 738.

Arraiano LS, Chartrain L, Bossolini E, Slatter HN, Keller B and Brown JKM, 2007. A gene in European wheat cultivars for resistance to an African isolate of *Mycosphaerella graminicola*. *Plant Pathology* 56: 73-78.

Brading PA, Verstappen ECP, Kema GHJ and Brown JKM, 2002. A gene-for-gene relationship between wheat and *Mycosphaerella graminicola*, the *Septoria tritici* blotch pathogen. *Phytopathology* 92: 439 – 445.

Chartrain L, Brading PA, Makepeace JC and Brown JKM, 2004. Sources of resistance to *Septoria tritici* blotch and implications for wheat breeding. *Plant Pathol* 53:454 – 460.

- Chartrain L, Joaquim P, Berry ST, Arraiano LS, Azanza F and Brown JKM, 2005b. Genetics of resistance to *Septoria tritici* blotch in the Portuguese wheat breeding line TE 9111. *Theoretical and Applied Genetics* 110: 1138-1144.
- Chungu C, Gilbert J and Townley SF, 2001. *Septoria tritici* blotch development as affected by temperature, duration of leaf wetness, inoculum concentration, and host. *Plant Dis* 85:430 – 435.
- Cowger C, Hoffer MJL and Mundt CC, 2000. Specific adaptation by *Mycosphaerella graminicola* to a resistant wheat cultivar. *Plant Pathology* 49: 445-451.
- Czembor PC, Radecka-Janusik M and Mańkowski D, 2011. Virulence spectrum of *Mycosphaerella graminicola* isolates on wheat genotypes carrying known resistance genes to *Septoria tritici* blotch. *Journal of Phytopathology* 159: 146-154.
- Duncan KE and Howard RJ, 2000. Cytological analysis of wheat infection by the leaf blotch pathogen *Mycosphaerella graminicola*. *Mycol. Res* 104:1074-1082.
- Duveiller E, Singh RP and Nicol JM, 2007. The challenges of maintaining wheat productivity: pests, diseases, and potential epidemics. *Euphytica* 157:417 – 430.
- Eyal Z, 1999. The *Septoria tritici* and *Stagonospora nodorum* blotch diseases of wheat. *Eur J Plant Pathol* 105:629 – 641.
- Eyal Z, Scharen AL, Prescott JM and Van Ginkel M, 1987. The Septoria Disease of Wheat . Concepts and Methods of Disease Management. Mexico, D. F. CIMMYT 52 p.
- Fraaije BA, Cools HJ, Kim SH, Motteram J, Clark WS and Lucas JA, 2007. A novel substitution I381 V in the sterol 14 alpha-demethylase (CYP51) of *Mycosphaerella graminicola* is differentially selected by azole fungicides. *Mol Plant Pathol* 8:245 – 254.
- Fraaije BA, Lucas JA, Clark WS and Burnett, FJ, 2003. QoI resistance development in populations of cereal pathogens in the UK. Farnham: British Crop Protection Council.
- Hosseinnezhad A, Khodarahmi M, Rezaee S, Mehrabi R and Roohparvar R, 2014. Effectiveness determination of wheat genotypes and Stb resistance genes against Iranian *Mycosphaerella graminicola* isolates. *Arch Phytopathol Plant Prot* 47:2051–2069
- Kema CHJ, Verstappen ECP and Waalwijk G, 2000. A virulence in the wheat *Septoria tritici* leaf blotch fungus *Mycosphaerella graminicola* is controlled by a single locus. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 13: 1375 – 1379.
- Kema GHJ, Annone JG, Sayoud R, Van Silfhout CH, Van Ginkel M and De Bree J, 1996. Genetic variation for virulence and resistance in the wheat- *Mycosphaerella graminicola* pathosystem. I. Interactions between pathogen, isolates and host cultivars. *Phytopathology* 86:200 – 212.
- Kema GHJ, Yu D, Rijkenberg FHJ, Shaw MW and Baayen RP, 1996. Histology of the pathogenesis of *Mycosphaerella graminicola* in wheat. *Phytopathology* 86:777-786.
- Leroux P, Albertini C, Gautier A, Gredt M and Walker AS, 2007. Mutations in the CYP51 gene correlated with changes in sensitivity to sterol 14 alpha-demethylation inhibitors in field isolates of *Mycosphaerella graminicola*. *Pest Manage Sci* 63:688 – 698.
- Mehrabi R, Makhdoomi A and Aghaie MJ, 2015. Identification of New Sources of Resistance to *Septoria tritici* blotch caused by *Zymoseptoria tritici*. *Journal of Phytopathology* 163: 84–90.
- Moldovan V, Moldovan M and Kadar R, 2005. Assessment of winter wheat cultivars for resistance to Fusarium heat blight. *Annual Wheat New letter* 51: 97-98.

- Palmer CL and Skinner W, 2002. *Mycosphaerella graminicola*: latent infection, crop devastation and genomics. *Molecular Plant Pathology* 3: 63-70.
- Quaedvlieg W, Kema GHJ, Groenewald JZ, Verkley GJM, Seifbarghi S, Razavi M, Mirzadi Gohari A, Mehrabi R and Crous PW, 2011. *Zymoseptoria* gen. nov.: a new genus to accommodate *Septoria*-like species occurring on graminicolous hosts. *Persoonia* 26: 57–69.
- Simón MR, Cordo CA, Castillo NS, Struik PC and Börner A, 2012. Population Structure of *Mycosphaerella graminicola* and location of genes for resistance to the pathogen: recent advances in Argentina. *Int J Agron* 2012:1 – 7.
- Stukenbrock EH, Banke S, Javan-Nikkhah M and McDonald BA, 2007. Origin and domestication of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola* via sympatric speciation. *Mol Biol Evol* 24:398 – 411.
- Tabib Ghaffary SM, Faris JD, Friesen TL, Visser RG, van der Lee TA, Robert O and Kema GH, 2012. New broad-spectrum resistance to *Septoria tritici* blotch derived from synthetic hexaploid wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 124: 125-142.
- Villegas-Fernandez AM, Sillero JC and Rubiales D, 2011. Screening faba bean for chocolate spot resistance: evaluation methods and effects of age of host tissue and temperature. *European Journal of Plant Pathology* 132: 443-453.
- Wiese MV, 1991. Compendium of wheat diseases. 2nd ed. APS Press, Minnesota, USA. 112pp
- Zhang X, Haley SD and Jin Y, 1999. Diallel Analysis of *Septoria tritici* blotch Resistance in Winter Wheat. Pp. 56–58. In: van Ginkel M, McNab A and Krupinsky J, (eds.), *Septoria and Stagonospora Diseases of Cereals: A Compilation of Global Research*. CIMMYT, Mexico D.F .

Effectiveness of Resistance Genes to *Septoria tritici* Blotch (*Stb*) in Differential Cultivars of Wheat against *Zymoseptoria tritici* Isolates

Shaban Kia¹, Kamran Rahnama^{1*}, H Soltanloo², V Babaeizad³ and MA Aghajani⁴

¹ Ph.D. Student of Plant Pathology and Associate Professor, Respectively, Department of Plant Protection, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan-Iran,

² Associate Professors, Department of Plant Breeding & Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan-Iran,

³ Associate Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Crop Sciences, University of Agricultural Sciences & Natural Resources, Sari-Iran

⁴ Research Associate Professor, Division of Plant Protection Research, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center. Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran.

*Corresponding author: Kamranrahnama1995@gmail.com

Received: 23 October 2016

Accepted: 7 June 2017

Abstract

Septoria leaf blotch (STB) disease, caused by *Zymoseptoria tritici*, is one of the most important diseases of wheat in all over the world and Iran. Genetic resistance is the most important and economical strategy to control this disease. Continuous monitoring of the fungus populations is indispensable to study the efficiency of *Stb* resistant genes. In this study, virulence pattern of five different isolates on differential cultivars of wheat with resistance genes and the effectiveness of these genes against isolates were studied at seedling stage under greenhouse conditions. The results showed that BK94 and BK56 were the most and the least virulent isolates on differential cultivars, respectively. M3 and Arina were resistant to all isolates. TE9111, Riband and Flame were resistant to three, two and two isolates, respectively. The other differential cultivars were susceptible against the tested isolates. Among the *Stb* genes, *Stb15*, *Stb16* and *Stb17* were the most effective resistance genes to all isolates, therefore they can be used as resistance sources to STB in breeding programs in Iran.

Keywords: Differential cultivars, Virulence, STB, AUDPC, *Zymoseptoria tritici*.