مجله بیوتکنولوژی کشاورزی

علمی-پژوهشی و ISC

شناسایی منابع مقاومت به بیماری لکه برگی سپتوریایی با عامل *Zymoseptoria tritici* در ژنوتیپ‌های گندم نان

شعبان کیا[۱]، کامران رهنما*[۲]، حسن سلطانلو[۳]، ولی اله بابایی زاد[۴]، محمد علی آقاجانی[۵]

[۱] بترتیب دانشجوی دکتری بیماری‌شناسی گیاهی، [۲و ۳]دانشیاران بخش گیاه پزشکی و بخش اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان. گرگان، ایران.

[۴] دانشیار گروه گیاه پزشکی ، دانشکده علوم زراعی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری. ساری، ایران.

[۵]دانشیار بخش تحقیقات گیاه پزشکی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران.

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۰۷/۳۰، تاریخ پذیرش: ۱۳۹۶/۱۱/۰۳

چکیده

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی گندم (STB) با عامل *Zymoseptoria tritici* یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در جهان و ایران به شمار می‌رود. مقاومت ژنتیکی مهم‌ترین و اقتصادی‌ترین روش برای کنترل این بیماری می‌باشد. بنابراین شناسایی منابع مقاومت جدید در ژنوتیپ‌های گندم برای کنترل این بیماری ضروریست. در این پژوهش، واکنش ۳۳ ژنوتیپ گندم نان در برابر پنج جدایه از قارچ *Z. tritici* در مرحله گیاهچه‌ای مورد بررسی قرار گرفتند. از بین ژنوتیپ‌های مورد بررسی، ۱۱ ژنوتیپ در برابر یک یا چند جدایه مقاومت نشان دادند. از بین این‌ها سه ژنوتیپ نوگال، آرتا و N-92-9 مقاومت بیشتری به تمام جدایه‌های مورد بررسی داشتند که نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها دارای ژن‌های مقاومت موثر می‌باشند و می‌توانند به عنوان منابع مقاومت به STB در برنامه‌های اصلاح ارقام گندم به‌کار روند. هفت ژنوتیپ در برابر یک یا چند جدایه نیمه مقاوم بودند و سایر ژنوتیپ‌ها در برابر جدایه‌های مورد بررسی حساسیت نشان دادند. پنج جدایه‌ی مورد بررسی در این پژوهش دارای درجات مختلفی از پرآزاری و تهاجم روی ژنوتیپ‌های گندم بودند که این امر بیانگر وجود تفاوت در ژن‌های ناپرآزاری این بیمارگر است. جدایه‌ی BK94 پرآزارترین و مهاجم‌ترین جدایه و جدایه‌ی BK56 کم‌ترین پرآزاری و قدرت تهاجمی را داشت.

کلمات کلیدی: *ژنوتیپ، مقاومت، پرآزاری، STB، Zymoseptoria tritici*

*نویسنده مسئول: کامران رهنما تلفن: ۰۹۱۱۲۷۰۳۶۱۷ Email: Kamranrahnama1995@gmail.com

مقدمه

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی گندم[1] با عامل *Zymoseptoria tritici* (Desm.) Quaedvlieg & Crous. (Synonyms: *Mycosphaerella graminicola* and *Septoria tritici*) یکی از مخرب‌ترین بیماری‌های برگی گندم در اروپا و بسیاری از مناطق دیگر کشت گندم از جمله ایران، استرالیای غربی، آمریکای شمالی و آسیا به‌شمار می‌رود (Eyal, 1999; Chungu *et al*., 2001; Quaedvlieg *et al*., 2011). خسارت ناشی از بیماری لکه‌برگی سپتوریایی در شرایط آب و هوایی مساعد و مدیریت کمتر بیماری، می‌تواند به بیش از ۵۰ درصد افزایش یابد (Eyal, 1999; Duveiller *et al*., 2007; Simon *et al*., 2012).

در سال‌های اخیر، بیماری لکه‌برگی سپتوریایی در بعضی از مناطق کشت گندم در ایران شامل استان‌های گلستان، خوزستان، فارس و اردبیل گسترش یافته و منجر به همه گیری شدید و کاهش محصول در این مناطق شده است (Abrinbana *et al*., 2010) مطالعه انجام شده در استان گلستان نشان می‌دهد که این بیماری با توجه به نوع رقم، مرحله آلودگی و شدت آن می‌تواند باعث ۹/۱۷ تا ۲۸/۹۵ درصد کاهش محصول گردد (Kia and Torabi, 2008). کاربرد قارچ‌کش‌ها یک روش معمول برای کنترل این بیماری به‌شمار می‌رود ولی استفاده گسترده‌ی آن‌ها علاوه بر هزینه‌های بالا و نگرانی‌های زیست‌محیطی، منجر به ظهور سویه‌های مقاوم به قارچ‌کش شده است که می‌تواند باعث کنترل ناموفق این بیماری شود (Fraaije *et al*., 2007; Leroux *et al*., 2007). برخی جدایه‌های مقاوم قارچ *Z. tritici* به قارچ‌کش‌های استروبیلورین‌ها و آزول‌ها، دو گروه عمده از قارچ‌کش‌ها در اروپا و سایر نقاط جهان، گزارش شده است (Fraaije *et al*., 2003, 2007). استفاده از ارقام مقاوم و ترکیب‌کردن ژن‌های مقاومت به داخل ارقام گندم، موثرترین، اقتصادی‌ترین و از نظر زیست‌محیطی سازگارترین روش برای مدیریت موفق بیماری به‌شمار می‌رود (Eyal *et al*., 1987; Eyal 1999).

واکنش گندم به STB به دو نوع مقاومت اختصاصی و جزئی تقسیم می‌شود. مقاومت کمی یا جزئی نوعی مقاومت ناقص و غیراختصاصی است که توسط ژن‌هایی با اثر کم کنترل می‌شود و براساس بیماریزائی جدایه‌های *Z. tritici* روی ارقام گندم در مرحله‌ی گیاهچه‌ای و بالغ گزارش شده است (Chartrain *et al*., 2004; Arraiano & Brown, 2006). مقاومت کیفی یا اختصاصی، نوعی مقاومت کامل یا نزدیک به کامل است که توسط ژن‌هایی با اثر زیاد کنترل می‌شود و از مدل ژن برای ژن پیروی می‌کند و اولین بار بین *Z. tritici* جدایه‌ی IPO323 و رقم Flame نشان داده شد (Kema *et al*., 2000; Brading *et al*., 2002).

[1] Septoria tritici blotch(STB)

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

تاکنون ۱۸ ژن مقاومت (*Stb1* تا *Stb18*) به *Z. tritici* در گندم مکان‌یابی و شناسایی شده است (Tabib Ghaffary *et al*., 2012). وجود تنوع ژنتیکی بالا در جمعیت بیمارگر *Z.tritici* در مناطق مختلف زیر کشت گندم در ایران (Abrinbana *et al*., 2010) باعث می‌شود تا اثربخشی ژن‌های مقاومت به سرعت از بین برود. با توجه به تغییرات زیاد ژنتیکی در جمعیت بیمارگر و محدودیت استفاده از قارچ‌کش‌ها به علت نگرانی‌های زیست‌محیطی و همچنین مقاومت جدایه‌های بیمارگر به قارچ‌کش‌ها، شناسایی مداوم منابع جدید مقاومت به STB و استفاده از آن‌ها در برنامه های اصلاحی برای مدیریت پایدار این نوع بیماری ضروری است (Eslahi *et al*., 2013). این پژوهش با هدف شناسایی منابع مقاومت نسبی یا اختصاصی در میان ژنوتیپ‌های گندم نان در برابر تعدادی از جدایه‌های بیمارگر *Z. tritici* انجام شد.

مواد و روش ها

برگ‌های گندم دارای نشانه‌های لکه‌برگی سپتوریایی از مزارع گندم استان گلستان جمع‌آوری و به آزمایشگاه منتقل شدند. برای جداسازی و خالص‌سازی قارچ بیمارگر ابتدا تکه‌های برگ آلوده دارای پیکنید، پس از ضدعفونی سطحی با هیپوکلریت سدیم یک درصد و سه بار شستشو با آب مقطر سترون، روی لام شیشه‌ای چسبانده شدند. سپس لام‌های شیشه‌ای به درون تشتک پتری حاوی کاغذ صافی سترون مرطوب منتقل و به مدت ۲۴-۱۲ ساعت در داخل انکوباتور با دمای ۲۴ درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شدند. ترشحات[1] حاوی پیکنیدیوسپورها که از دهانه پکنیدها خارج شدند با استفاده از یک سوزن سترون نازک برداشته و به محیط کشت سیب‌زمینی، دکستروز، آگار[2] حاوی آنتی‌بیوتیک استرپتومایسین (۵۰ میلی‌گرم در لیتر) منتقل و به مدت ۵-۳ روز در داخل انکوباتور ۲۰ درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شدند. سپس پرگنه‌های رشد کرده به محیط کشت PDA برده شدند. برای خالص‌سازی، اسپورهای شبه مخمری به‌صورت خط‌کشی روی محیط PDA کشت داده شدند و تک پرگنه‌های ظاهر شده به عنوان کشت خالص قارچ به محیط PDA جدید منتقل شدند(Eyal *et al*.1987). جدایه‌های به‌دست آمده براساس وجود پیکنیدهای نیمه‌کروی با دهانه مرکزی و به رنگ قهوه‌ای تیره در بافت نکروتیک برگ، تشکیل کنیدی‌های شفاف و باریک سیلندری در پیکنید و رشد شبه مخمری در محیط کشت آگار مورد شناسایی قرارگرفتند (Quaedvlieg *et al*., 2011). از بین جدایه‌های جمع‌آوری شده از مناطق مختلف استان گلستان پنج جدایه برای استفاده در این پزوهش انتخاب شدند (جدول ۱).

[1] Ooze
[2] Potato Dextrose Agar (PDA)

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

جدول ۱- جدایه‌های *Zymoseptoria tritici* مورد استفاده در این بررسی.

Table 1- *Zymoseptoria tritici* isolates used in this study.

City	شهر	Isolates Code	کد جدایه ها	No.	شماره
Gorgan	گرگان	BK94		1	
Agh-Qala	آق قلا	BK49		2	
Gonbad	گنبد	BK95		3	
Kordkuy	کردکوی	BK79		4	
Azadshahr	آزادشهر	BK56		5	

برای تهیه‌ی زادمایه‌ی جدایه‌های *Z.tritici*، از محیط کشت مایع عصاره مخمر سوکروز[1] استفاده شد. برای انجام این کار قطعاتی از پرگنه‌ی ۵-۳ روزه قارچ دارای اسپورهای شبه مخمری از سطح محیط کشت PDA برداشته و به داخل فلاسک‌های حاوی محیط کشت منتقل گردید. فلاسک‌ها در داخل شیکر انکوباتور با سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه و دمای حدود ۲۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از مدت ۷-۵ روز، سوسپانسیون اسپور داخل فلاسک‌ها با استفاده از پارچه ململ دو لایه صاف و سپس با استفاده از لام گلبول‌شمار[2] شمارش و غلظت آن‌ها به مقدار $۱۰^{۷}$ اسپور در هر میلی‌لیتر تنظیم گردید. برای کاهش کشش سطحی و افزایش سطح تماس اسپور قارچ با سطح برگ، مقدار ۰/۱ درصد توویین ۲۰ به سوسپانسیون اسپور اضافه شد(Eyal *et al*., 1987). آزمون بیماریزایی جدایه‌ها با مایه‌زنی سوسپانسیون اسپور هر جدایه با غلظت $۱۰^{۷}$ اسپور در هر میلی‌لیتر روی گیاهچه‌های گندم رقم تجن انجام شد. گیاه شاهد نیز با آب مقطر سترون مایه‌زنی شد. با ظهور نشانه‌های بیماری و تشکیل پیکنید در برگ‌های آلوده، قارچ بیمارگر دوباره جداسازی و شناسایی گردید. دراین پژوهش، ۳۳ ژنوتیپ گندم نان شامل ارقام تجاری و لاین‌های دردست معرفی برای ارزیابی واکنش آن‌ها به جدایه‌های *Z. tritici* مورد استفاده قرارگرفتند (جدول ۲). رقم تجن نیز به عنوان شاهد حساس در این بررسی استفاده شد. در این مرحله ۱۰ عدد بذر از هر ژنوتیپ در گلدان‌های پلاستیکی به قطر ۱۵ سانتی‌متر حاوی مخلوط ماسه، خاک‌برگ و خاک مزرعه سترون شده به نسبت ۱:۱:۱ کاشته و در گلخانه با دمای ۲±۲۰ نگه‌داری شدند. گیاهچه‌های دوبرگی ۱۲ روزه با زادمایه قارچ بیمارگر و با استفاده از آبفشان 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

[1] Yeast Extract, Sucrose (YS)
[2] Hemocytometer

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

زیر پوشش پلاستیکی با رطوبت اشباع قرارگرفتند. سپس گلدان‌ها در دمای ۲±۲۰ درجه سانتی‌گراد، ۱۶ ساعت روشنایی و رطوبت ۸۵ درصد در گلخانه نگه‌داری شدند. این آزمایش بصورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار برای هر تیمار در شرایط گلخانه‌ای انجام شد. ارزیابی شدت بیماری[1] براساس درصد سطح برگ پوشیده شده با لکه‌های نکروتیک حاوی پیکنیدیوم، ۲۱ روز پس از مایه‌زنی انجام شد (Kema *et al.,* 1996, Brading *et al.,* 2002; Chartrain *et al.,* 2004). سپس براساس مقیاس ۱ تا ۹ درجه‌ای Zhang *et al.* (1999)، ژنوتیپ‌ها بر اساس واکنش به آلودگی (مقدار کلروز و نکروز و تراکم پیکنیدیوم) به چهار دسته ژنوتیپ‌های مقاوم[2] (میانگین مقیاس بیماری از ۱ تا ۴/۹)؛ ژنوتیپ‌های نسبتاً مقاوم[3] (میانگین مقیاس بیماری از۵ تا تا ۶/۹)، ژنوتیپ‌های نسبتاً حساس[4] (میانگین مقیاس بیماری از ۷ تا ۷/۹) و ژنوتیپ‌های حساس[5] (میانگین مقیاس بیماری از ۸ تا ۹) تقسیم‌بندی شدند. داده‌های حاصل از ارزیابی شدت بیماری با استفاده از تبدیل ریشه مربع آرکسینوس نرمال‌سازی شدند. سپس با استفاده از مدل تلفیقی خطی[6] و نرم افزارآماری استتگرافیکس[7] تجزیه واریانس انجام شد. برای مقایسه واکنش ژنوتیپ‌ها در برابر جدایه‌ها بر اساس میانگین شدت بیماری نیز از آزمون حداقل اختلاف معنی دار[8] در سطح احتمال پنج درصد استفاده گردید. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم بر اساس میانگین شدت بیماری، تجزیه خوشه‌ای با استفاده از میانگین ارتباط بین گروهی و فاصله اقلیدسی و روش وارد[9] و توسط نرم افزار SPSS 16.0 در برنامه ویندوز انجام شد.

نتایج و بحث

جدایه‌های قارچ *Z. tritici* دارای پیکنیدهای کنیدی‌زای نیمه فرورفته، نیمه‌کروی با دهانه مرکزی و به رنگ قهوه‌ای تیره تا سیاه در بافت نکروتیک برگ است که پیکنیدیوسپورهای شفاف و باریک سیلندری تا نوک تیز در داخل پیکنید تشکیل می‌شود (شکل ۱. A، B). پرگنه‌ها به رنگ کرم تا صورتی و به‌صورت شبه مخمری در محیط کشت آگار رشد کرده و دارای کنیدی‌زایی میکروسیکلیک می‌باشند (شکل ۱. C، D). در این پژوهش پس از جداسازی، خالص‌سازی و شناسایی جدایه‌های به‌دست آمده از مزارع مختلف استان گلستان، پنج جدایه *Z. tritici* به عنوان نماینده مناطق مختلف استان، انتخاب و مورد استفاده قرارگرفتند.

[1] Disease severity
[2] Resistant (R)
[3] Moderately Resistant (MR)
[4] Moderately Susceptible (MS)
[5] Susceptible (S)
[6] Linear Mixed Model
[7] Statgraphics
[8] Least Significant Difference (LSD)
[9] Ward

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

جدول ۲- مشخصات ژنوتیپ های گندم مورد استفاده در این مطالعه.

Table 2- Characterization of wheat genotypes used in this study.

شماره No.	ژنوتیپ Genotype	شجره Pedigree	منشاء Origin
1	تجن Tajan	Bow″ s ″/Nkt ″ s ″ (CM67428-GM-LR-5M-3R-LB-Y)	سیمیت CIMMYT
2	فلات Falat	Kvz/Buhu"s"//Kal/Bb=Seri82	سیمیت CIMMYT
3	مروارید Morvarid	MILAN/SHA7CM97550-0M-2Y-030H-3Y-3Y-0Y-1M-010Y	سیمیت CIMMYT
4	گنبد Gonbad	ATRAK/WANG-SHUI-BAI	ایران Iran
5	مهرگان Mehrgan	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR	سیمیت CIMMYT
6	احسان Ehsan	SABUF/7/ALTAR84/AE.SQUARROSA(224)//YACO/6/CROC_1/	ایران Iran
7	کوهدشت Kouhdasht	BB/RON//CNO67/TOTA/3/JAR TR810200-29R-1R-6R-0R-0IRN	ایکاردا ICARDA
8	کریم Karim	Hamam-4	ایکاردا ICARDA
9	قابوس Qabus	KAUZ/PASTOR//BAV92/RAYON CMSS00M02400S-030M...	ایکاردا ICARDA
10	آفتاب Aftab	THELIN/3/BABAX/LR42//BABAX/4/BABAX/LR42//BABAX…	ایکاردا ICARDA
11	لاین ۱۷ Line 17	JUP/ALD"S"//ATT"S"/3/WEE"S"/6/...	ایکاردا ICARDA
12	تایگر Tiger	French Cultivar	فرانسه France
13	ناتاشا Natasha	French Cultivar	فرانسه France
14	نوگال Nogal	French Cultivar	فرانسه France
15	رادیا Radia	French Cultivar	فرانسه France
16	ناز Naz	Jupateco 73	ایران Iran
17	اینیا Inia	Lr64/Sn64	ایران Iran
18	گلستان Golestan	Alondra"s"	ایران Iran
19	خزر ۱ Khazar 1	P4160F3)*Nr69)LR64)	ایران Iran
20	اترک Atrak	Kauz"s"	سیمیت CIMMYT
21	پاستور Pastour	Pastour	سیمیت CIMMYT
22	شیرودی Shiroudi	Attila	سیمیت CIMMYT
23	رسول Rasoul	Kvz/Buho"s"//Kal?Bb	ایران Iran
24	هیرمند Hirmand	Byt/4/Jar//Cfn/Sr70/Jup"s"	ایران Iran
25	آرتا Arta	(HD2206/Hork//Bul//6/CMH80A…	سیمیت CIMMYT
26	مغان۳ Moghan 3	Luan/3/V763.23/V879.c8//Pvn	سیمیت CIMMYT
27	دریا Darya	SHA4/CHILCM91099-25Y…	سیمیت CIMMYT
28	N-91-8	PFAU/MILAN/5/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//	سیمیت CIMMYT
29	N-91-9	PFAU/MILAN/3/SKAUZ/KS94U215//SKAUZ	سیمیت CIMMYT
30	N-92-9	VOROBEY	سیمیت CIMMYT
31	N-92-19	PBW343/TONI//TROST/3/SOVA	سیمیت CIMMYT
32	UR-92-13	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES ...	ایکاردا ICARDA
33	UR-92-15	PBW343*2/KUKUNA*2//YANACCGSS05B00258T-099TOPY-..	ایکاردا ICARDA

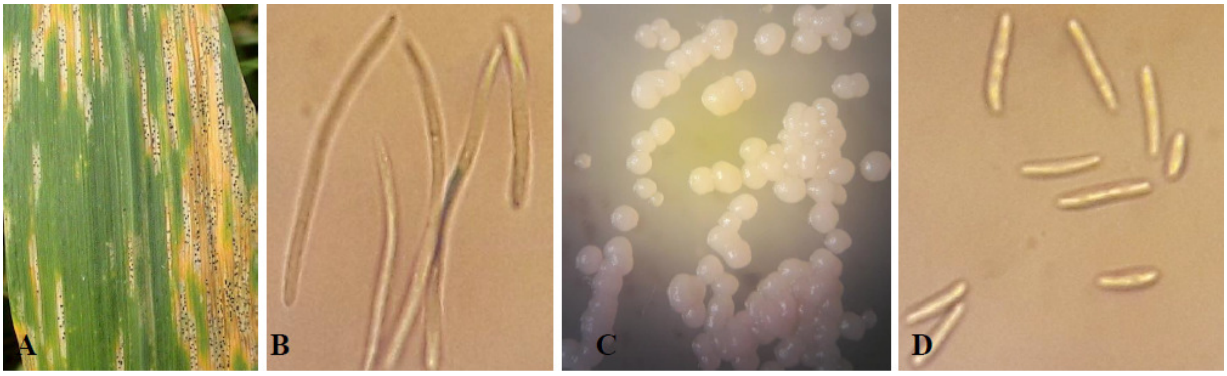
Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

نتایج تجزیه واریانس داده‌های آماری به‌دست آمده از واکنش ژنوتیپ‌های گندم به پنج جدایه‌ی قارچ عامل بیماری لکه‌برگی سپتوریایی نشان داد که از نظر مقدار شدت بیماری بین ژنوتیپ‌های گندم اختلاف معنی‌دار (P<0.01) وجود دارد که نشان‌دهنده‌ی تفاوت بین ژنوتیپ‌ها در واکنش به جدایه‌های *Z.tritici* می‌باشد. همچنین جدایه‌های مورد بررسی نیز دارای اختلاف معنی‌دار (P<0.01) بودند که نشان می‌دهد جدایه‌ها از نظر پرآزاری و تهاجم بر روی ژنوتیپ‌های گندم بررسی شده تفاوت دارند. اثر متقابل جدایه و ژنوتیپ نیز دارای اختلاف معنی‌دار (P<0.01) بود که نشان‌دهنده واکنش اختصاصی در بر همکنش بین ژنوتیپ‌های گندم و جدایه‌های *Z.tritici* می‌باشد (جدول ۳). از بین ۳۳ ژنوتیپ گندم مورد بررسی، ۱۱ ژنوتیپ به یک یا چند جدایه مقاوم بودند. از این تعداد سه ژنوتیپ نوگال، آرتا و N-92-9 به ترتیب با میانگین شدت بیماری ۳، ۲۸ و ۲۷ درصد مقاومت بالایی به همه جدایه‌ها داشتند که نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها دارای ژن‌های مقاومت موثر در برابر تعدادی از جدایه‌های *Z. tritici* هستند (شکل ۲. A، B). هشت ژنوتیپ پاستور، قابوس، آفتاب، دریا، هیرمند، UR-92-13 ، UR-92-15 و مغان۳ به ترتیب در برابر جهار، سه، سه، سه، دو، دو، دو و یک جدایه مقاومت نشان دادند.

هفت ژنوتیپ مروارید، اینیا، شیرودی، رادیا، رسول، لاین ۱۷، و N-92-19 در برابر یک یا چند جدایه نیمه مقاوم بودند (شکل ۲ C). ۱۵ ژنوتیپ باقی‌مانده با میانگین شدت بیماری بالای ۶۰٪ در برابر جدایه‌های مورد بررسی نیمه حساس تا حساس بودند (شکل ۲. D، E) و هیچ‌گونه مقاومتی نشان ندادند (جدول ۴).

پنج جدایه‌ی *Z. tritici* مورد استفاده در این پژوهش در پرآزاری و قدرت تهاجمی روی ۳۳ ژنوتیپ گندم تفاوت داشتند. جدایه‌ی BK94 با پرآزاری روی ۲۸ ژنوتیپ گندم و جدایه‌ی BK56 با پرآزاری روی ۲۳ ژنوتیپ گندم به ترتیب بیش‌ترین و کم‌ترین پرآزاری را روی ژنوتیپ‌های گندم داشتند. از نظر قدرت تهاجمی، جدایه‌ی BK94 با بیش‌ترین شدت بیماری (۶۱٪) و جدایه‌ی BK56 با کم‌ترین شدت بیماری (۴۹٪) روی ژنوتیپ‌های گندم به ترتیب بالاترین و پایین‌ترین قدرت تهاجمی را داشتند (جدول ۴).

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500



شکل ۱- ریخت شناسی *Zymoseptoria tritici* : A. تشکیل پیکنیدها در سطح برگ گندم؛ B. پیکنیدیوسپور تشکیل شده در پیکنید؛ C. پرگنه برجسته صورتی رنگ با رشد شبه مخمری؛ D. کنیدی تشکیل شده با کنیدی‌زایی میکروسیکلیک

Figure 1- Morphology of *Zymoseptoria tritici*:A. Pycnidia forming on wheat leaves; B. pycnidiospores formed from pycnidia; C. pink-colored colonies with yeast-like growth; D. conidia formed via microcyclic conidiation.

جدول ۳- تجزیه واریانس درصد بافت مردگی حاوی پیکنیدیوم سطح برگ ژنوتیپ‌های گندم بر اثر *Zymoseptoria tritici*

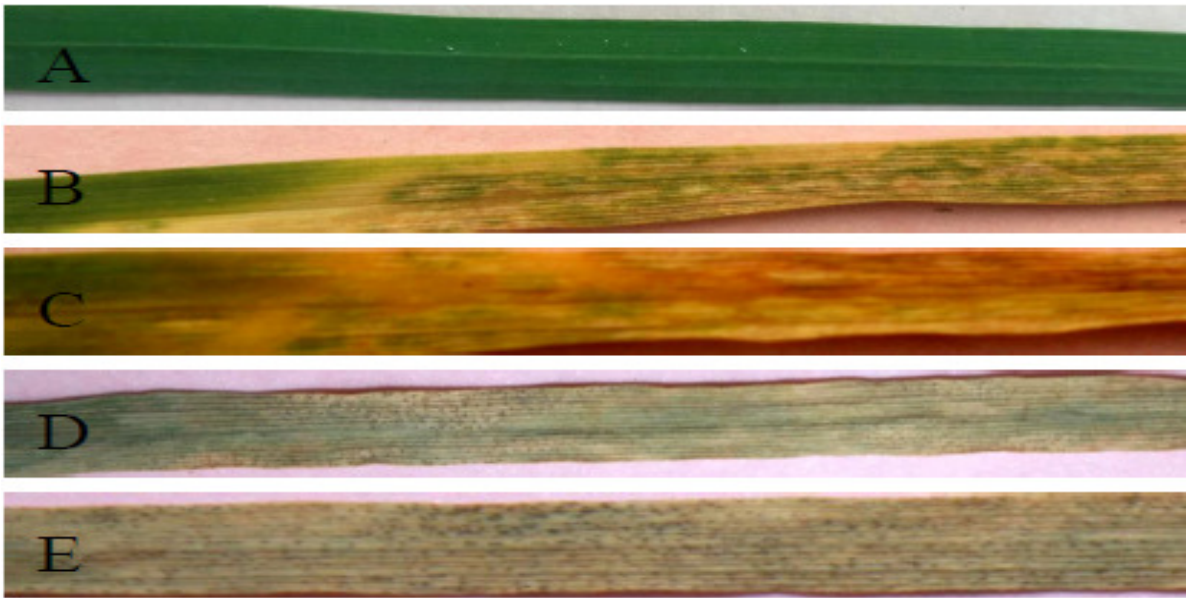
Table 3- Analysis of variance of percentage of leaf area necrosis bearing pycnidia of wheat genotypes caused by *Zymoseptoria tritici* isolates.

منابع تغییرات Source of variance	درجه آزادی df	میانگین مربعات Mean Squares	سطح احتمال P-Value
تکرار Replication	2	81.87^{ns}	0.1815
جدایه Isolate	4	747.37**	0.0000
ژنوتیپ Genotype	32	1453.53**	0.0000
جدایه×ژنوتیپ Genotype×Isolate	128	108.14**	0.0000
خطا Error	428	26.93	

ns و ** به ترتیب غیر معنی دار و معنی دار در سطح احتمال ۱ درصد.

ns and **: non significant and significant at 1% probability levels, respectively.

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500



شکل ۲- واکنش ژنوتیپ‌های مختلف به *Zymoseptoria tritici* بر اساس مقدار کلروز و نکروز و تراکم پیکنید. A، مقیاس بیماری ۱ (مقاوم ، بدون نشانه‌های بیماری و سبز ماندن برگ‌ها). B، مقیاس بیماری ۳ (مقاوم، لکه‌های کلروتیک گسترده گاهی دارای بافت مردگی در محل آلوده). C، مقیاس بیماری ۵ (نیمه مقاوم، ادغام لکه‌ها و خشک شدن نیمی از برگ‌ها در اثر بافت مردگی). D، مقیاس بیماری ۷ (نیمه حساس، مشاهده پیکنید در محل آلوده و اشغال کمتر از ۳۰ درصد برگ توسط لکه‌های دارای پیکنید). E، مقیاس بیماری ۸ (حساس، اشغال ۵۰ تا ۷۰ درصد برگ در محل آلوده توسط پیکنید) (Zhang *et al.*1999).

Figure 2- Reactions of different genotypes to *Zymoseptoria tritici*. A, Disease scores 1 (resistance, no visible symptoms are observed, and the leaf remains green). B, Disease scores 3 (resistant, Extensive chlorotic lesions are present. Lesions occasionally have necrosis at the infection sites).C, Disease scores 5 (moderately resistant, Lesions fully merge, and more than half of the leaf is desicated by necrosis). D, Disease scores 7 (moderately susceptible, A few pycnidia are visible on the infected sites, and less than 30% of the leaf is occupied by pycnidia covered lesions). E, Disease scores 8 (susceptible, Pycnidia occupy 50 to 70% of the leaf on the infected sites) (Zhang *et al*. 1999).

براساس تجزیه خوشه‌ای و در نظر گرفتن میانگین شدت بیماری، ژنوتیپ‌های گندم در سه خوشه‌ی اصلی قرار گرفتند (شکل ۳). خوشه A با ۲۱ ژنوتیپ به دو زیر خوشه شامل ژنوتیپ‌های حساس تا نیمه‌حساس تقسیم می‌شود. در یک زیر خوشه ۱۶ ژنوتیپ حساس با میانگین شدت بیماری ۷۰٪ تا ۷۹٪ در زیر خوشه‌ی دیگر پنج ژنوتیپ نیمه‌حساس با میانگین شدت بیماری ۵۸٪ تا ۶۷٪ گروه‌بندی شدند.

جدول۴- مقایسه میانگین درصد بافت‌مردگی حاوی پیکنید سطح برگ ژنوتیپ‌های گندم بر اثر جدایه‌های *Zymoseptoria tritici*

Table 4- Analysis of variance of percentage of leaf area necrosis bearing pycnidia of wheat genotypes caused by *Zymoseptoria tritici* isolates.

ژنوتیپ Genotype	جدایه ها Isolate s										میانگین Mean
	BK94		BK49		BK95		BK79		BK56		
	شدت بیماری Disease severity (٪)	مقیاس Scale	شدت بیماری Disease severity (٪)	مقیاس Scale	شدت بیماری Disease severity (٪)	مقیاس Scale	شدت بیماری Disease severity (٪)	مقیاس Scale	شدت بیماری Disease severity (٪)	مقیاس Scale	
تجن Tajan	89	8	75	8	83	8	78	8	72	7	79
فلات Falat	84	8	73	7	78	8	72	7	66	7	75
مروارید Morvarid	46	5	44	5	45	5	41	5	42	5	44
گنبد Gonbad	65	7	56	6	54	7	62	7	52	6	58
مهرگان Mehrgan	67	7	62	6	64	7	64	6	52	6	62
احسان Ehsan	68	7	61	6	65	7	65	7	57	6	63
کوهدشت kuhdasht	76	7	64	7	74	7	68	6	57	6	68
کریم Karim	70	7	62	6	58	7	67	7	54	6	61
قابوس Qabus	41	4*	26	3*	37	4*	65	6	54	5	45
آفتاب Aftab	54	5	33	3*	43	4*	62	6	42	4*	47
لاین Line۱۷۱	56	5	56	6	53	6	55	5	44	5	52
تایگر Tiger	68	8	62	7	67	7	66	6	61	6	65
ناتاشا Natasha	74	8	71	7	71	7	72	6	64	6	70
نوگال Nogal	10	1*	0	1*	0	1*	5	1*	0	1*	3
رادیا Radia	59	6	62	5	56	6	64	6	54	5	58
ناز Naz	78	7	71	6	75	7	72	7	65	7	72
اینیا Inia	66	5	54	5	63	6	56	6	51	5	58
گلستان Golestan	68	7	60	6	72	7	65	7	56	6	64

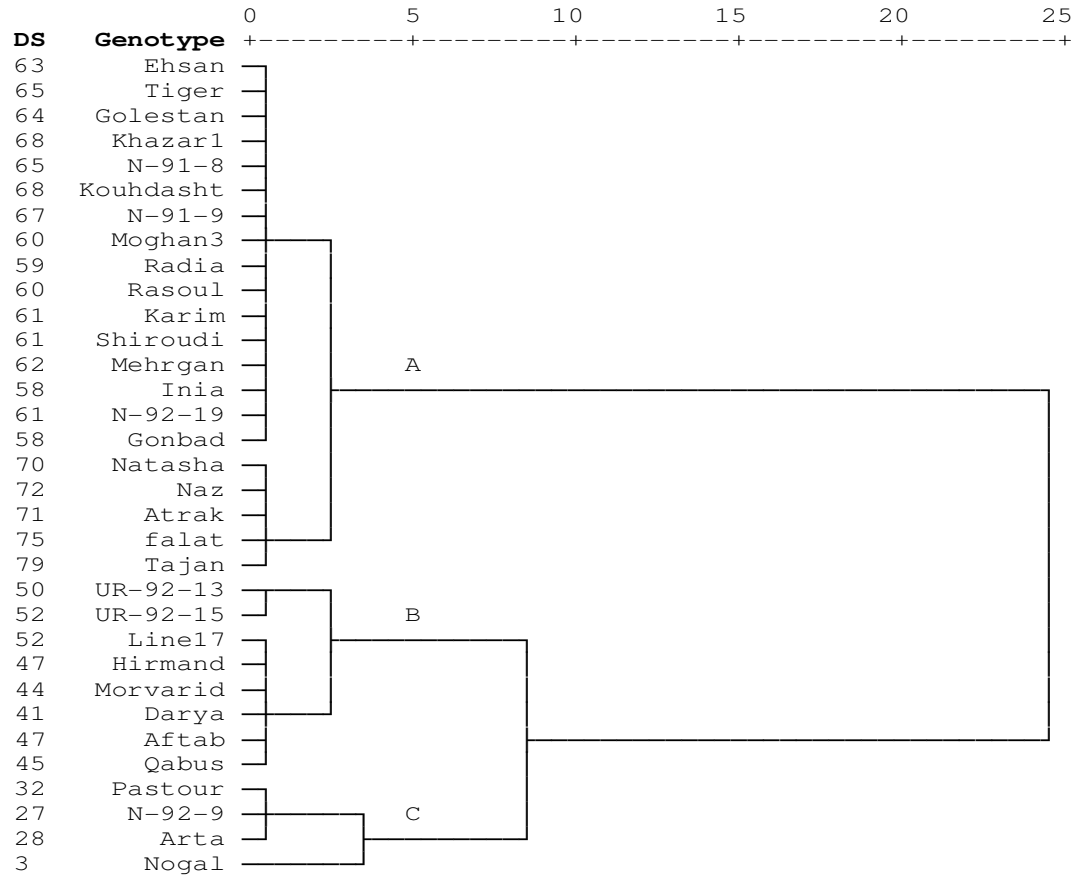
Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

ادامه جدول ۴ **Table 4 –continued**

خزر Khazar1[1]	73	8	64	6	70	7	69	7	64	6	68
اترک Atrak	77	8	72	7	75	8	70	8	62	7	71
پاستور Pastour	25	3*	24	2*	37	4*	47	5	28	3*	32
شیرودی Shiroudi	65	7	62	5	62	6	66	6	53	5	61
رسول Rasoul	63	6	60	6	61	7	62	6	55	5	60
هیرمند Hirmand	46	5	42	4*	53	6	50	5	43	4*	47
آرتا Arta	28	2*	32	3*	23	2*	34	3*	25	3*	28
مغان۳ Moghan3	75	8	41	3*	56	6	71	7	55	6	60
دریا Darya	48	5	36	4*	47	5	43	3*	32	3*	41
N-91-8	67	7	66	7	65	6	67	7	62	6	65
N-91-9	81	8	55	6	72	7	68	7	61	6	67
N-92-9	32	3*	24	3*	29	3*	27	3*	22	3*	27
N-92-19	71	7	62	6	65	7	61	6	48	5	61
UR-92-13	61	6	52	5	63	6	43	4*	32	3*	50
UR-92-15	73	6	72	6	52	5	38	3*	27	3*	52
میانگین[1] Mean	61		53		55		58		49		

[1]: میانگین شدت بیماری، *: واکنش مقاومت ژنوتیپ

خوشه‌ی B شامل دو زیر خوشه با هشت ژنوتیپ نیمه مقاوم می‌باشد. دو ژنوتیپ UR-92-13 و UR-92-15 با میانگین شدت بیماری ۵۰٪ و۵۲٪ در یک زیر خوشه و شش ژنوتیپ قابوس، آفتاب، دریا، مروارید، هیرمند ولاین ۱۷ با میانگین شدت بیماری ۴۱٪ تا ۵۲٪ در زیر خوشه‌ی دیگر گروه‌بندی شدند. خوشه‌ی C نیز شامل چهار ژنوتیپ مقاوم می‌باشد که در دو زیر خوشه قرار می‌گیرند. یک زیر خوشه شامل ژنوتیپ‌های آرتا، پاستور و N-92-9 با میانگین شدت بیماری ۲۸٪ و ۳۲٪ و زیر خوشه‌ی دیگر شامل رقم مقاوم نوگال با میانگین شدت بیماری ۳٪ می‌باشد.



شکل ۳- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های گندم بر اساس میانگین شدت بیماری جدایه‌های *Z. tritici* بر روی آن‌ها با استفاده از آنالیز خوشه‌ای به روش Ward. میانگین شدت بیماری (DS) و اسامی ژنوتیپ های گندم نشان داده شده است.

Figure 3- Grouping of wheat genotypes based on mean disease severity of *Z. tritici* isolates using cluster analysis and Ward method. The mean disease severity (DS) and the name of wheat genotypes are indicated.

بیماری لکه‌برگی سپتوریایی یکی از مهمترین بیماری‌های گندم در سراسر دنیاست. قارچ بیمارگر *Z. tritici* بخاطر چرخه‌های غیر جنسی و جنسی فعال و فرآیند انتشار موثر اسپور به عنوان یک بیمارگر مخرب و پرخطر به‌شمار می‌رود. این ویژگی باعث می‌شود تا این بیمارگر ژن‌های مقاومت میزبان را بی‌اثر کند (Mehrabi *et al.*, 2015). بررسی‌های انجام شده نشان داده است که در برهمکنش بین ژنوتیپ‌های گندم و جدایه‌های *Z. tritici* مقاومت موجود از قانون ژن برای ژن پیروی می‌کند (Kema *et al.*, 2000: Brading *et al.*, 2002). در مقاومت اختصاصی معمولا ژن ناپرآزاری[1](avir) بیمارگر توسط ژن مقاومت[2](R) رقم مقاوم شناسایی و به‌دنبال آن با القای واکنش

[1] Avirulence
[2] Resistance

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

فوق حساسیت [1](HR)، مقاومت در سطح بالا در گیاه ایجاد می‌شود. با توجه به اینکه ژنوتیپ‌های نوگال، آرتا و N-92-9 در برابر جدایه‌های *Z.tritici* مقاومت بیشتری نشان دادند انتظار می‌رود که این ژنوتیپ‌ها دارای مقاومت اختصاصی باشند که قادر به شناسایی ژن‌های ناپرآزاری بیمارگر هستند. پنج جدایه مورد بررسی در این پژوهش از نظر پرآزاری بر روی ژنوتیپ‌های مورد بررسی متفاوت بودند، جدایه‌ی BK94 (گرگان) پرآزارترین جدایه بود و بنابراین باید تعداد کمتری ژن‌های ناپرآزاری داشته باشد، در مقابل، جدایه‌ی BK56 (آزادشهر) کم آزارترین جدایه بود و بایستی تعداد بیشتری ژن‌های ناپرآزاری داشته باشد. نتایج این پژوهش وجود مقاومت اختصاصی در ژنوتیپ‌های گندم و همچنین تنوع ژنتیکی جدایه‌های بیمارگر منطقه را نشان می‌دهد که با نتایج یافته‌های سایر پژوهشگران مطابقت دارد (Abrinbana *et al*. 2012; Davari *et al*.,2012; Hosseinnezhad *et al*., 2014).

کشت ارقام مقاوم در مدت زمان طولانی در یک سطح وسیع ممکن است باعث فشار انتخاب روی جمعیت بیمارگر، غلبه بر ژن مقاومت و در نتیجه ایجاد آلودگی شود. برای مثال مقاومت ارقام دارای ژن‌های مقاومت *Stb1* و *Stb4* در اُرگون، پنج سال پس از آزادشدن بخاطر تکامل ژنوتیپ بیمارگر شکسته شد (Adhikari *et al*., 2003; Chartrain *et al*., 2004).

براساس نتایج این پژوهش، سه ژنوتیپ نوگال، آرتا وN-92-9 مقاومت بیشتری به همه‌ی جدایه‌ها داشتند که نشان می‌دهد این ژنوتیپ‌ها ممکن است دارای یک یا چند ژن مقاومت موثر ناشناخته در برابر جدایه‌های *Z.tritici* باشند که باعث مقاومت آن‌ها در برابر این جدایه‌ها شده است (Chartrain *et al*., 2005). بیشتر ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی در این پژوهش در برابر جدایه‌های بیمارگر حساس بودند به‌طوری‌که حدود نیمی از ژنوتیپ‌ها به همه‌ی جدایه‌های بیمارگر و تعدادی نیز به یک یا چند جدایه حساسیت نشان دادند.

بنابراین، این ژنوتیپ‌های حساس فاقد ژن‌های مقاومت و در برابر *Z. tritici* آسیب‌پذیر هستند و می‌توانند باعث بروز همه‌گیری بیماری لکه‌برگی‌سپتوریایی در مناطق مورد کشت شوند. براساس پژوهش‌های انجام شده در ایران به‌نظر می‌رسد که بیشتر ژنوتیپ‌های گندم در کشور در برابر جدایه‌های *Z.tritici* حساس باشند و فقط تعداد بسیار کمی از آن‌ها مقاوم هستند (Kia and Soghi, 2012; Davari *et al*., 2012; Makhdoomi *et al*., 2014; Fallahi Motlagh *et al*., 2015;). بنابراین، بررسی پرآزاری جمعیت بیمارگر و ارزیابی مداوم واکنش ژنوتیپ‌های گندم در برابر آن‌ها برای شناسایی و معرفی منابع مقاومت

[1] Hypersensitivity Reaction

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

جدید و جایگزینی آن‌ها با ارقام حساس در کنار سایر راهبردهای مدیریت بیماری ضروری است.

ژنوتیپ‌های قابوس، آفتاب، پاستور، هیرمند، مغان۳، دریا، UR-92-13 و UR-92-15 به یک یا چند جدایه مقاوم و در برابرسایر جدایه‌ها حساس بودند، بنابراین یک ژنوتیپ می‌تواند در یک منطقه مقاومت داشته اما دارای مقاومت مناسبی در سایرمناطق نباشد. ژنوتیپ‌های مروارید، اینیا، شیرودی، رادیا، رسول، لاین ۱۷، و N-92-19 می‌توانند به عنوان ژنوتیپ‌هایی با مقاومت قابل قبول(نیمه مقاوم) مورد استفاده قرار گیرند. در بررسی Abrinbana *et al.* (2012) رقم مروارید در برابر شش جدایه مقاوم بود، ولی Hosseinnezhad *et al.* (2014) گزارش دادند که رقم مروارید در برابر همه جدایه‌ها حساس می‌باشد.

نتایج این پژوهش نشان داد که جدایه‌های عامل بیمارگر *Z. tritici* مورد بررسی در آلگوی پرآزاری روی ژنوتیپ‌های گندم تفاوت داشتند که بیانگر تنوع ژنتیکی بالا در جمعیت قارچ بیمارگر در منطقه می‌باشد. این تنوع ژنتیکی و پرآزاری بیشتر جدایه‌های بیمارگر در منطقه می‌تواند به دلیل وجود تولید مثل جنسی قارچ بیمارگر باشد که با بررسی Abrinbana *et al.* (2010) روی ساختار ژنتیکی جمعیت *Z.tritici* احتمال وجود تولید مثل جنسی نشان داده شده است. این تنوع ژنتیکی بالا در میان جدایه‌های بیمارگر نشان می‌دهد که *Z. tritici* ممکن است قادر به سازگاری سریع با ارقام مقاوم باشد. بنابراین، منابع جدید مقاومت در ژنوتیپ‌های گندم باید به طور منظم شناسایی و معرفی شوند. به طوری که اصلاح‌گران بتوانند ارقام گندم را در برابر این بیماری، بهبود و مقاوم سازند.

ایران در هلال حاصلخیز یکی از مناطقی که اهلی کردن گندم در آنجا آغاز شد قرار دارد و همزمان تکامل قارچ *Z.tritici* نیز اتفاق افتاده است (Stukenbrock *et al.*, 2007). توده‌های گندم جمع آوری شده از هلال حاصلخیز ممکن است دارای ژن‌های مقاومت موثر و با طیف گسترده باشند که شناسایی آن‌ها می‌تواند در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرند (Ghaneie *et al.*, 2012) .

با وجود حساسیت بیشتر ژنوتیپ‌های مورد بررسی در این پژوهش به *Z. tritici*، تعدادی از ژنوتیپ‌ها در برابر جدایه‌های مورد بررسی مقاومت نشان دادند که با بررسی ژنتیک مقاومت و شناسایی ژن‌های عامل بروز مقاومت در آن‌ها، می‌توان از آن‌ها به عنوان منابع مقاومت برای بهبود مقاومت ارقام گندم در برابر جدایه‌های قارچ *Z. tritici* در منطقه استفاده کرد. با توجه به تنوع ژنتیکی بالای عامل بیمارگر، بررسی کامل‌تری از برهمکنش گندم و *Z. tritici* با استفاده از تعداد بیشتری از جدایه‌های *Z.tritici* و مجموعه گسترده‌ای از ژنوتیپ‌های گندم ضروریست تا بینش عمیقی از تنوع ژنتیکی پرآزاری و مقاومت در برهمکنش بین گندم و *Z.tritici* بدست آید و منابع مقاومت بیشتر و موثرتری شناسایی شوند.

Journal of Agricultural Biotechnology; Printing ISSN: 2228-6705, Electronic ISSN: 2228-6500

منابع

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

Abrinbana M, Mozafari J, Shamsbakhsh M, 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, Goodwin SB (2003). Identification and molecular mapping of a gene in wheat conferring resistance to *Mycosphaerella graminicola*. Phytopathology 93: 1158-1164.

Arraiano LS, 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.

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

Chartrain L, Berry ST, Brown JKM (2005). Resistance of wheat line Kavkaz-K4500 L.6.A.4 to *Septoria tritici* blotch controlled by isolate-specific resistance genes. Phytopathology 94: 664 – 671.

Chartrain L, Brading PA, Widdowson JP, Brown JKM (2004). Partial resistance to *Septoria tritici* blotch (*Mycosphaerella graminicola*) in wheat cultivars Arina and Riband. Phytopathology 94: 497–504.

Chungu C, Gilbert J, Townley SF (2001). *Septoria tritici* blotch development as affected by temperature, duration of leaf wetness, inoculum concentration, and host. Plant Disease 85: 430 – 435.

Davari M, Abrinbana M, Asghari Zakaria R, Arzanlou M (20120. Assesment of wheat cultivars for resistance to *Mycosphaerella graminicola* isolates from Moghan plain at seedling stage under greenhouse conditions Iranian Journal of Plant Protection Science43: 379-389.

Duveiller E, Singh RP, Nicol JM (2007). The challenges of maintaining wheat productivity: pests, diseases, and potential epidemics. Euphytica 157: 417 – 430.

Eslahi M R, Safaie N, Saidi A, and Shams-Bakhsh M (2013). In vitro plant extract test for screening relative resistance of wheat cultivars against *Mycosphaerella graminicola.* Journal of Agricultural Biotechnology, 5(4):1-15.

Eyal Z, (1999). The *Septoria tritici* and *Stagonospora nodorum* blotch diseases of wheat. European Journal of Plant Pathology 105: 629 – 641.

Eyal Z, Scharen AL, Prescott JM, Van Ginkel M (1987). The Septoria Disease of Wheat. Concepts and methods of disease management. Mexico, D. F. CIMMYT 52 p.

Fallahi Motlagh S, Roohparvar R, Kia Sh, Zamanizadeh H (2015). Evaluation of resistance of some wheat cultivars and lines to *Septoria tritici* blotch at seedling and adult plant stages. Seed and Plant 31: 509-529 (In Persian).

Fraaije BA, Cools HJ, Kim SH, Motteram J, Clark WS, Lucas JA (2007). A novel substitution I381 V in the sterol 14 alpha-demethylase (CYP51) of *Mycosphaerella graminicola* is differentially selected by azole fungicides. Molecular Plant Pathology 8: 245 – 254.

Fraaije BA, Lucas JA, Clark WS, Burnett FJ (2003). QoI resistance development in populations of cereal pathogens in the UK. The BCPC Conference Pests and Diseases. The British Crop Protection Council, Alton, Hampshire, UK, pp. 689-94

Ghaneie A, Mehrabi R, Safaie N, Abrinbana M, Saidi A, Aghaee M (2012). Genetic variation for resistance to *Septoria tritici* blotch in Iranian tetraploid wheat landraces. European Journal of Plant Pathology 132: 191–202.

Hosseinnezhad A, Khodarahmi M, Rezaee S, Mehrabi R, Roohparvar R (2014). Effectiveness determination of wheat genotypes and Stb resistance genes against Iranian *Mycosphaerella graminicola* isolates. Archives of Phytopathology and Plant Protection 47: 2051–2069.

Kema CHJ, Verstappen ECP, Waalwijk G (2000). Avirulence 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, Yu D, Rijkenberg FHJ, Shaw MW, Baayen RP (1996). Histology of the pathogenesis of *Mycosphaerella graminicola* in wheat. Phytopathology 86: 777-786.

Kia Sh, Torabi M (2008). Effects of infection with septoria leaf blotch (*Septoria tritici* Rob. Ex. Desm.) at different growth stages on yield and yield components of wheat cultivars in Gorgan. Seed and Plant 24: 237-250 (In Persian).

Kia Sh, Soghi H (2012). Reaction of bread wheat advanced genotypes to *Mycosphaerella graminicola* the causal agent of *Septoria tritici* leaf blotch in greenhouse and field conditions. Seed and Plant Improvement Journal 28: 133-147 (In Persian).

Leroux P, Albertini C, Gautier A, Gredt M, 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 Management Science 63: 688 – 698.

Makhdoomi MA, Mehrabi R, Arshad Y (2014). Identification of resistance sources to *Septoria tritici* blotch in Iranian wheat landraces. Seed and Plant Improvement Journal 30:561-572 (In Persian).

Mehrabi R, Makhdoomi A, Aghaie MJ (2015). Identification of new sources of resistance to septoria tritici blotch caused by *Zymoseptoria tritici*. Journal of Phytopathology 163: 84–90.

Quaedvlieg W, Kema GHJ, Groenewald JZ, Verkley GJM, Seifbarghi S, Razavi M, Mirzadi Gohari A, Mehrabi R, 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, Börner A (2012). Population structure of *Mycosphaerella graminicola* and locatio of genes for resistance to the pathogen: recent advances in Argentina. International Journal of Agronomy 2012: 1 – 7.

Stukenbrock EH, Banke S, Javan-Nikkhah M, McDonald BA (2007). Origin and domestication of the fungal wheat pathogen *Mycosphaerella graminicola* via sympatric speciation. Molecular Biology and Evolution 24: 398 – 411.

Tabib Ghaffary SM, Faris JD, Friesen TL, Visser RG, van der Lee TA, Robert O, Kema GH (2012). New broad-spectrum resistance to *Septoria tritici* blotch derived from synthetic hexaploid wheat. Theoretical and Applied Genetics 124: 125-142.

Zhang X, Haley SD, Jin Y (1999). Diallel analysis of *Septoria tritici* blotch resistance in winter wheat. In van Ginkel M, McNab A, Krupinsky J (eds.), *Septoria* and *Stagonospora* Diseases of Cereals: A compilation of global research. CIMMYT, Mexico D.F .pp. 56–58.

Identification of Resistance Sources to *Septoria tritici* Blotch with Causal Agent *Zymoseptoria tritici* in Bread Wheat Genotypes

Kia S.[1], Rahnama K.[2*], Soltanloo H.[3], Babaeizad V.[4], Aghjani M.A.[5]

[1]Ph.D. Student of Plant Pathology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resource, Gorgan, Iran.
[2] Associate Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.
[3]Associate Professor, Department of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.
[4] Associate Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Plant Production, Gorgan University of Agricultural Sciences and Natural Resources, Gorgan, Iran.
[5] Research Associate Professor, Plant Protection Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran.

Abstract

The *Septoria tritici* blotch disease (STB) caused by *Zymoseptoria tritici* is one of the most important wheat diseases in the world as well as Iran. Genetic resistance is one of the most efficient and economical strategies to control this disease. Identification of resistance sources in wheat genotypes is necessary to control STB. In this study, 33 spring bread wheat genotypes were evaluated against five *Z. tritici* isolates at seedling stage. Of 33 genotypes, 10 genotypes showed resistance to one or more isolates., Nogal, Arta and N-92-9 genotypes were highly resistant to all isolates tested that show these genotypes possess known or novel effective resistance genes that can be used as resistance sources to the STB in wheat breeding programs. Seven genotypes were moderately resistant against one or more of isolates. The other wheat genotypes were susceptible to isolates tested. The five isolates studied in this study had varying degrees of virulence and invasion on wheat genotypes, which indicates difference in avirulence genes of this pathogen. The isolate BK94 was the most virulent and invasive isolate on wheat genotypes, and the isolate BK56 had the least virulence and invasion.

Keywords: *Genotype,Resistance, Virulence, STB, Zymoseptoria tritici.*

* Corresponding Author: Rahnama K. Tel: 09112703617 Email: Kamranrahnama1995@gmail.com