

Identification of Bread Wheat Resistant Genotypes to Fusarium Head Blight Disease and Heritability Estimation for Some Traits for Bread Wheat Genotypes

Mohammad Nader Ebrahimi¹, Hadi Ahmadi^{2,*}, Mostafa Darvishnia³
and Dariush Goodarzi⁴

- 1- Former M.Sc. Student, Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 2- Associate Professor, Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 3- Professor, Department of Plant Protection, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran
- 4- Lecturer, Production Engineering and Plant Genetics Department, Faculty of Agriculture, Lorestan University, Khorramabad, Iran

*Corresponding author ✉: ahmadi.ha@lu.ac.ir

Citation: Ebrahimi, M.N., Ahmadi, H., Darvishnia, M. and Goodarzi, D. (2024). Identification of bread wheat resistant genotypes to fusarium head blight disease and heritability estimation for some traits for bread wheat genotypes. *Plant Genetic Researches*, **10(2)**: 137-152. <http://dx.doi.org/10.22034/PGR.10.2.1>

(Received: July 3, 2023; Final Revised: September 10, 2023; Accepted: October 14, 2023; Published online: March 17, 2024)

Extended abstract

Introduction

Hexaploid winter wheat (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) is an important small-grain cereal crop grown for food and feed. In Iran, wheat is the most cultivated cereal crop where winter wheat is ranked 1st in terms of production. As the world population continues to rise, projections suggest that wheat production will need to double to adequately supply the nutritional needs of an estimated 10 billion people by the year 2050. The current global wheat production is significantly influenced by a multitude of environmental factors, including both abiotic and biotic stresses, as well as the adverse impacts of climate change. Meeting the world population demand is becoming increasingly dependent on the genetic improvement of new cultivars and developing novel techniques for agricultural practices. Investing in the advancement of novel breeding methodologies for cultivar improvement has emerged as a pivotal strategy in addressing the multifaceted challenges by 2050. Such challenges encompass poverty alleviation, the imperative task of nourishing 10 billion people, and mitigating greenhouse gas emissions. The main objective of the present study was to screen bread wheat genotypes resistance to Fusarium Head Blight (FHB) disease.

Materials and methods

Twenty-seven bread wheat genotypes sourced from Iran were assessed for Fusarium head blight (FHB) resistance in a field experiment conducted at the experimental research field of the Faculty of Agriculture, Lorestan University. These isolates were obtained from naturally infected wheat heads in the Plant Protection laboratory of Mohaghegh Ardabili University in 2017 and were selected based on their high DON productivity and high aggressiveness in greenhouse experiments. At anthesis, the field plots were sprayed with an inoculum of 10^6 spores/ml, and the procedure was repeated 2 days later to reinforce the infection. To estimate the heritability of



©2023 The author(s). This is an open access article distributed under [Creative Commons Attribution 4.0 International License \(CC BY 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/), which permits use, sharing, adaptation, distribution and reproduction in any medium or format, as long as you give appropriate credit to the original author(s) and the source.

some traits of the investigated genotypes Genotypes were sown in a randomized complete block design with three replications. The experimental plots consisted of 6 rows of 2.5 m length with 30 cm spaces and they were sown by hand.

Results and discussion

The results of this study revealed that there was a significant diversity among the 27 varieties of bread wheat tested in terms of growth traits, yield components, and grain yield. The results of the Duncan's test for comparing means indicated that cultivars Ghods, Shiraz, Morvarid 2, and Pishtaz exhibited significantly higher grain yields compared to the other cultivars. The findings of Pearson correlation analysis, alongside the stepwise regression analysis, underscored the significance of several key traits in determining grain yield. Specifically, the analysis revealed that 1000 seed weight, plant height, number of seeds per spike, number of spikes, and spike length exerted substantial influence on grain yield. This highlights the pivotal role of such traits in determining the productivity and yield potential. Given the values of broad-sense heritability and genetic gain observed for plant height, coupled with its high correlation with seed yield, plant height emerges as a promising trait for enhancing seed yield through selective breeding. These results suggest that selecting for optimal plant height can effectively contribute to improving overall seed yield in the targeted plant species. Furthermore, the comprehensive analysis indicates that cultivars such as Shiraz, Pishtaz, Ghods, and Morvarid 2 exhibit promising potential for transferring resistance to wheat spike blight disease within breeding initiatives. This underscores the suitability of these cultivars for inclusion in bread wheat breeding programs aimed at enhancing disease resistance in bread wheat varieties.

Conclusions

The present study revealed that grain yield had a strong and positive genotypic correlation with plant height and number of seeds per spike. Therefore, it can be concluded that these two traits may be considered as the selection criteria for the improvement of grain yield. The findings of the present study imply that the yield trait exhibited the highest broad-sense heritability and genetic advancement. Therefore, selecting traits with both high heritability and significant genetic progress concurrently can greatly enhance the success of future bread wheat breeding programs. By prioritizing traits that demonstrate substantial heritability and genetic advancement, breeders can effectively target improvements in yield potential and overall performance within the desired plant population.

Keywords: Fusarium head blight disease, Wheat, Heritability



شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم گندم نان به بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم و تخمین وراثت پذیری برخی از صفات در ژنوتیپ‌های گندم نان

محمد نادر ابراهیمی^۱، هادی احمدی^{۲*}، مصطفی درویش‌نیا^۳ و داریوش گودرزی^۴

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۲- دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۳- استاد، گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

۴- مربی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۴/۱۲؛ تاریخ آخرین ویرایش: ۱۴۰۲/۰۶/۱۹؛ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۷/۲۲؛ تاریخ انتشار برخط: ۱۴۰۲/۱۲/۲۸)

چکیده

گندم (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) مهم‌ترین گیاه استراتژیک در سراسر جهان به‌شمار می‌رود که با تأمین پروتئین، نشاسته، مواد معدنی و ویتامین‌ها، نقش بسیار حیاتی در رژیم غذایی انسان‌ها دارد. بیماری بلایت خوشه گندم (Fusarium head blight: FHB) یکی از مهم‌ترین بیماری‌های گندم در مناطق گرم و مرطوب دنیا است که باعث کاهش محصول و کیفیت دانه می‌شود. عامل بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم قارچ *Fusarium graminearum* می‌باشد. در مطالعه حاضر، به‌منظور تعیین ژنوتیپ‌های مقاوم گندم نان و بررسی برخی صفات مرتبط با عملکرد، ۲۷ رقم و لاین گندم نان در مدت یک‌سال در مزرعه پژوهشی، دانشکده کشاورزی دانشگاه لرستان کشت و مورد آزمون قرار گرفتند. به‌منظور اعمال تیمار، خوشه‌ها در مرحله آغاز گل‌دهی به‌صورت اسپور پاشی، به عامل بیماری آلوده شدند. نتایج تجزیه واریانس، اختلاف معنی‌دار آماری بین ۲۷ ژنوتیپ گندم نان مورد بررسی از نظر صفات رشدی، اجزای عملکرد و همچنین عملکرد دانه نشان داد. از نظر عملکرد دانه ارقام ۱ (مهدوی)، ۳ (شیراز) و ۱۴ (دز) برتری معنی‌داری در مقایسه با سایر ارقام داشتند. نتایج همبستگی ساده بین صفات و همچنین رگرسیون گام به گام نشان داد که صفات وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، طول ریشک و ارتفاع بوته از صفات بسیار مهم در تعیین عملکرد دانه می‌باشند. بنابراین انتخاب ارقامی که دارای صفات مورد نظر باشند، می‌تواند تولید عملکرد دانه بالا را تضمین نماید. از نظر میزان درصد بیماری FHB، ارقام شیراز، پیشتاز، قدس و مروارید ۲ به‌عنوان مقاوم‌ترین ژنوتیپ‌ها شناسایی شدند. با توجه به مقادیر وراثت‌پذیری عمومی و پیشرفت ژنتیکی برای ارتفاع بوته و همچنین ثبت همبستگی بالای این صفت با عملکرد دانه، می‌توان از این صفت به‌عنوان صفت مطلوب برای بهبود عملکرد دانه از طریق گزینش استفاده نمود. علاوه بر این، نتایج کلی مطالعه حاضر نشان داد که استفاده از ارقام شیراز، پیشتاز، قدس و مروارید ۲ در برنامه‌های بهنژادی برای انتقال ژن‌های صفت مقاومت به بیماری بلایت سنبله گندم، مناسب می‌باشد.

واژگان کلیدی: بیماری بلایت فوزاریومی، گندم، وراثت‌پذیری

مقدمه

گندم مهم‌ترین گیاه استراتژیک در سراسر جهان به‌شمار می‌رود که با تأمین پروتئین، نشاسته، مواد معدنی و ویتامین‌ها، نقش بسیار حیاتی در رژیم غذایی انسان‌ها دارد (Ahmadvand and Najafpour, 2010). با توجه به حوزه وسیع کشت گندم در سرتاسر جهان، این گیاه نیز مانند سایر محصولات زراعی از شرایط تنش‌زای زیستی و غیرزیستی محیط پیرامون خود در امان نمانده و هر ساله بخشی از عملکرد آن توسط این عوامل تنش‌زا از بین می‌رود. از جمله مهم‌ترین عوامل افت عملکرد گندم در سرتاسر جهان می‌توان به بیماری‌های قارچی اشاره نمود. از مهم‌ترین عوامل قارچی ایجاد کننده بیماری‌های خسارت‌زا به گندم، می‌توان به بیماری‌های مرتبط با قارچ‌های هیفومیست خاکزی جنس *Fusarium* اشاره نمود. این جنس شامل بسیاری از گونه‌های فوزاریوم از جمله *Fusarium pseudograminearum*، *F. culmorum*، *graminearum*، *F. gramineum* و گونه‌های دیگر است که به محصول گندم و سایر غلات میزان خسارت می‌زنند (Darvishnia et al., 2006). اغلب گونه‌های فوزاریوم به شکل ساپروفیت اختیاری در خاک به سر می‌برند و دارای قدرت بیماری‌زایی بالایی هستند (Taghikhani et al., 2018; Darvishnia et al., 2010).

بیماری بلایت فوزاریومی سنبله (Fusarium head blight: FHB) یکی از بیماری‌های مهم گندم است که عامل آن قارچ *Fusarium graminearum* می‌باشد. این بیماری در مناطق مختلف دنیا مانند آمریکا، کانادا، اروپا و هند گزارش شده و خسارت ناشی از آن به محصول گندم بین ۳۰ تا ۷۰ درصد برآورد می‌گردد (Asadian et al., 2015). همچنین بررسی منابع نشان می‌دهند که چندین گونه از فوزاریوم بیمارگرهایی که غلات دانه ریز (گندم نان و دوروم، جو، چاودار، تریتیکاله، برنج، سورگوم، ارزن و ذرت) را در مناطق استوایی و نیمه‌استوایی مرطوب مورد حمله قرار داده باعث پوسیدگی ریشه، ساقه و سنبله می‌شود (Bottalico, 1989). این بیماری در ایران، برای اولین بار در سال ۱۳۵۶ در منطقه دشت ناز گزارش شد.

سموم تولید شده توسط قارچ *Fusarium graminearum* بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم (FHB) را به‌عنوان

یک بیماری بسیار پیچیده و یک چالش بزرگ در تولید گندم تبدیل کرده است. بسیاری از عوامل ژنتیکی و غیرژنتیکی پاسخ به این بیماری را تغییر می‌دهند (Mesterhazy, 2020) آلودگی اصلی حاصل از بیماری، خوشه گندم و سایر غلات را در زمان گلدهی آلوده می‌سازد. پس از آلودگی، بیمارگرها از طریق سنبله پخش شده و دانه‌ها را آلوده می‌کنند. پس از برداشت اگر محتوای آب دانه خیلی زیاد باشد، رشد بیمارگر و تشکیل مایکوتوکسین ممکن است ادامه یابد (Vogelgsang, 2008). در نتیجه این بیماری طیف وسیعی از توکسین‌ها شامل تریکوتسین‌ها (Tricothecenes) فومونیزین‌ها (Fumonisin) و فوزاریک اسید تولید شده که عواملی سرطان‌زا به‌شمار رفته و یا در تولید متابولیت‌های ثانویه‌ای مانند جیبرلین عمل می‌کنند که نوعی هورمون رشد است (Darvishnia et al., 2006). برای کنترل بیماری فوزاریومی سنبله گندم تمام روش‌های زراعی، شیمیایی، بیولوژیکی مؤثر هستند؛ اما برای مقابله با این بیماری استفاده از ارقام مقاوم به‌همراه روش‌های تلفیقی مختلف مبارزه و مدیریت صحیح بیماری توصیه می‌شود (Bia and Shaner, 1994).

از ارقام مقاوم به‌عنوان روشی مؤثر در مدیریت بیماری بلایت فوزاریومی سنبله گندم استفاده می‌شود. این پژوهش به‌منظور شناسایی منابع جدید مقاومت به این بیماری در بین تعدادی از ارقام ایرانی و ژنوتیپ‌های جدید گندم و همچنین تخمین وراثت‌پذیری صفات مهم اقتصادی این محصول راهبردی انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی: به‌منظور بررسی واکنش ۲۷ ژنوتیپ گندم (جدول ۱)، شامل ارقام و لاین‌های منتخب، به همراه رقم شاهد مقاوم (مرورید) و شاهد حساس (فلات) به قارچ بلایت فوزاریومی سنبله گندم، آزمایشی در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار، در سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ در مزرعه پژوهشی، دانشکده کشاورزی دانشگاه لرستان با موقعیت طول جغرافیایی ۴۷ درجه ۱۵ دقیقه و ۳۶ ثانیه و عرض جغرافیایی ۳۳ درجه ۲۶ دقیقه و ۱۶ ثانیه و ارتفاع ۱۰۹۳ متر از سطح دریا، اجرا گردید.

جدول ۱- ارقام گندم استفاده شده در آزمایش

Table 1. Wheat cultivars used in the experiment

شماره No.	رقم Cultivar	شماره No.	رقم Cultivar
1	مهدوی (Mahdavi)	15	روشن (Roushan)
2	سپاهان (Sipahan)	16	مروارید (Morvarid)
3	شیراز (Shiraz)	17	مغان ۳ (Moghan3)
4	آزادی (Azadi)	18	کویر (Kavir)
5	بهاران (Baharan)	19	قدس (Qods)
6	سیروان (Sirvan)	20	بم (Bam)
7	بهار (Bahar)	21	آرتا (Arta)
8	پیشناز (Pishtaz)	22	ویرناک (Vierynak)
9	تجن (Tajan)	23	افلاک (Aflak)
10	پیشگام (Pishgam)	24	افق (Ofogh)
11	شیروودی (Shiroodi)	25	ارگ (Arg)
12	اوروم (Oroum)	25	فلات (Folat)
13	دریا (Darya)	27	مروارید ۲ (Morvarid2)
14	دز (Dez)		

سرعت ۱۲۰ دور در دقیقه در دمای ۲۵-۲۸ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. بدین ترتیب اسپور قارچ به اندازه کافی تولید گردید. برای تلقیح آن را از پارچه ململ سترون شده عبور داده و به وسیله لام هماسیتومتر جمعیت اسپورها تعیین گردید. در مرحله گلدهی ژنوتیپ‌ها با استفاده از سوسپانسیون اسپور با غلظت 10^6 اسپور در هر میلی‌لیتر مایه‌زنی شدند و برای اطمینان از ایجاد آلودگی ۴۸ ساعت بعد، مایه زنی تکرار گردید (Sepahvand et al., 2009). به‌منظور تعیین درصد وقوع بیماری، تعداد سنبله‌های آلوده در هر لاین و تعداد کل سنبله‌های موجود در هر رقم، شمارش و در نهایت از روش‌های ویلکینسون و همکاران (Wilkinson et al., 2012) و با استفاده از رابطه (۱)، درصد وقوع بیماری محاسبه گردید.

آلودگی مصنوعی ارقام گندم در مزرعه: اسپور قارچ از خوشه‌های گندم آلوده در آزمایشگاه گیاه‌پزشکی دانشگاه محقق اردبیلی در سال ۱۳۹۶ جمع‌آوری گردید و بر اساس بهره‌وری بالای توکسین و قدرت تهاجمی بالا در آزمایش‌های گلخانه‌ای انتخاب شدند. به‌منظور تولید زادمایه بیماری از روش تعدیل شده وگنر استفاده شد (Wegener, 1992). به این صورت که در ارلن-های ۵۰۰ میلی‌لیتری، ۱۰ گرم کاه و کلش گندم و جو آسیاب شده ریخته و سپس ۲۵۰ میلی‌لیتر آب مقطر اضافه شد و دوبار به فاصله ۲۴ ساعت، با استفاده از دستگاه اتوکلاو سترون گردید. بعد از سرد شدن به آن چند قطعه به ابعاد ۵ میلی‌متر از محیط کشت تازه قارچ فوزاریوم اضافه شد و سپس به مدت ۹۶ ساعت بر روی شیکر انکوباتور با

برقراری پیش‌فرض‌های لازم تجزیه واریانس با استفاده از نرم‌افزار SAS انجام شد (Little and Hills, 1978). علاوه بر این به منظور محاسبه وراثت‌پذیری عمومی، واریانس ژنوتیپی (بر اساس امیدریاضی میانگین مربعات)، واریانس فنوتیپی (بر اساس میانگین تیمار و از طریق امیدریاضی میانگین مربعات)، ضریب تنوع ژنتیکی، ضریب تنوع فنوتیپی و پیشرفت ژنتیکی به ترتیب از روابط ۳ تا ۸ استفاده شد (Singh and Chaudhury, 1985).

$$h^2 = \frac{\delta^2 g}{\delta^2 p} \quad (\text{رابطه ۳})$$

$$\delta^2 g = \frac{MSg - MSe}{r} \quad (\text{رابطه ۴})$$

$$\delta^2 p = \delta^2 g + \frac{\delta^2 e}{r} \quad (\text{رابطه ۵})$$

$$GCV = \frac{\delta^2 g}{\bar{x}} \quad (\text{رابطه ۶})$$

$$PCV = \frac{\delta^2 p}{\bar{x}} \quad (\text{رابطه ۷})$$

$$GA = h^2_{b \times k \times \sqrt{v_p}} \quad (\text{رابطه ۸})$$

که در این روابط h^2 : وراثت‌پذیری عمومی؛ $\sigma^2 g$: واریانس ژنتیکی؛ $\sigma^2 p$: واریانس فنوتیپی؛ MSg : میانگین مربعات ژنوتیپ‌ها؛ MSe : میانگین مربعات خطای آزمایشی؛ GCV : ضریب تغییرات ژنوتیپی؛ GCP : ضریب تغییرات فنوتیپی؛ GA : پیشرفت ژنتیکی و K : مقدار شدت انتخاب می‌باشد.

برای انجام تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) و مقیاس فاصله اقلیدسی و همچنین برای انجام تجزیه رگرسیون گام به گام از نرم‌افزارهای SPSS (نسخه ۲۲) و MINITAB (نسخه ۱۷) استفاده شد.

نتایج و بحث

بر اساس نتایج تجزیه واریانس داده‌ها، صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، طول ریشک، تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزاردانه، عملکرد دانه، درصد سنبله‌های آلوده و درصد سنبله‌های آلوده در ارقام مختلف گندم نان تفاوت معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد داشتند و صفات تعداد پنجه، تعداد سنبله‌ها و طول پدانکل در سطح احتمال پنج درصد اختلاف معنی‌داری نشان دادند (جدول ۲).

$$Dinc = N^{Tinf} / N^T \times 100 \quad (\text{رابطه ۱})$$

که در آن $Dinc$: درصد وقوع بیماری؛ N^{Tinf} : تعداد سنبله‌های آلوده و N^T : تعداد کل سنبله‌ها را نشان می‌دهند.

برای گروه‌بندی ارقام از نظر درصد وقوع بیماری از سیستم نمره‌دهی صفر تا ۱۰۰ استفاده شد، به طوری که ارقام با $Dinc$ صفر، یک تا پنج، شش تا ۲۵، ۲۶ تا ۵۰، ۵۱ تا ۷۵ و ۷۶ تا ۱۰۰ به ترتیب به عنوان ارقام مصون، مقاوم، نیمه‌مقاوم، نیمه‌حساس، حساس و خیلی حساس محسوب شدند (Dehghan and Ebrahimnejad, 2017).

شدت بیماری: برای تعیین شدت بیماری از سیستم نمره‌دهی یک تا پنج استفاده شد (Dehghan and Ebrahimnejad, 2017). بدین منظور در هر پلات ۵۰ سنبله به صورت تصادفی انتخاب و تعداد سنبله‌های آلوده در هر سنبله آلوده شمارش و سپس با استفاده از رابطه (۲)، شدت بیماری محاسبه و ارقام درجه‌بندی شدند.

$$D^{sev} = (N^1 \times 1 + N^2 \times 2 + N^5 \times 5) / N^{Tinf} \times 100 \quad (\text{رابطه ۲})$$

که در این رابطه D^{sev} : شدت بیماری در یک ژنوتیپ؛ N^1 : تعداد سنبله با شدت بیماری ۱؛ N^2 : تعداد سنبله با شدت بیماری ۲؛ N^5 : تعداد سنبله با شدت بیماری ۵ و N^{Tinf} : تعداد کل سنبله‌های آلوده را نشان می‌دهد. نمره ۱ تا ۵ در این رابطه صفر = سنبله فاقد آلودگی (مصون)؛ ۱ = ۲۹ درصد سنبله‌های هر سنبله آلوده اند (مقاوم)؛ ۲ = ۲۱-۴۰ درصد سنبله‌های هر سنبله آلوده اند (نیمه‌مقاوم)؛ ۳ = ۶۰-۴۱ درصد سنبله‌های هر سنبله آلوده‌اند (حساس)؛ ۴ = ۸۰-۶۱ درصد سنبله‌های هر سنبله آلوده اند (حساس) و ۵ = همه سنبله‌های هر سنبله آلوده اند (خیلی حساس) می‌باشد (Tuite et al., 1990).

تجزیه و تحلیل آماری: قبل از تجزیه واریانس، پیش‌فرض‌های متداول آماری از جمله آزمون نرمال بودن توزیع داده‌های آزمایشی و همگنی واریانس خطای آزمایش با استفاده از نرم‌افزار SAS (نسخه ۱۶) آزمون شدند. در این راستا با توجه به وجود عدد صفر در میان داده‌ها و همچنین رعایت پیش‌فرض آزمون نرمال بودن توزیع داده‌ها، از تبدیل جذری $\sqrt{x+0.5}$ استفاده شد. پس از

جدول ۲- وراثت‌پذیری عمومی و تجزیه واریانس پارامترهای رشدی، اجزای عملکرد و عملکرد گندم نان تحت آلودگی بیماری بلایت خوشه فوزاریوم در شرایط مزرعه‌ای

Table 2. Broad sense heritability and analysis of variance for growth parameters, yield components and bread wheat yield infected with Fusarium head at field conditions

منابع تغییرات (SOV)	درجه آزادی (df)	میانگین مربعات (MS)											
		ارتفاع بوته	طول سنبله	طول پدانکل	طول ریشک	تعداد پنجه	تعداد سنبله	تعداد سنبلچه	تعداد دانه در سنبله	وزن هزار دانه	عملکرد دانه	درصد سنبله‌های آلوده	درصد سنبلچه‌های آلوده
		Plant height	Spike length	Peduncle length	Awn length	No. of tillers	No. of spikes	No. of spikelets	No. of seeds per spike	1000-seed weight	Grain yield	Percentage of infected spikes	Percentage of infected spikelets
بلوک	2	937.5**	1.28 ^{ns}	62.4*	6.24*	1.11*	1.26**	5.93 ^{ns}	94.5*	20.8 ^{ns}	309.8 ^{ns}	1.32 ^{ns}	3.37 ^{ns}
رقم	26	103.3**	3.19**	68.18*	5.45**	0.45*	0.26 ^{ns}	7.73*	425.9**	55.2**	2386.2**	9.93**	10.34**
خطا	52	35.58	1.27	18.5	1.42	0.24	0.24	4.56	19.83	18.4	666.9	1.89	1.82
ضریب تغییرات (%)	-	10.98	11.24	18.74	17.53	15.99	18.42	11.08	7.72	12.51	16.55	21.18	21.66

^{ns}, * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}, * and **: Non-significant and significant at 5% and 1% probability levels, respectively

جدول ۳- همبستگی ساده بین صفات رشدی، عملکردی و درصد آلودگی ارقام مختلف گندم نان تحت تأثیر بیماری بلایت خوشه فوزاریوم

Table 3. Pearson's correlation between growth, performance traits and percentage infection for different bread wheat cultivars infected with Fusarium head blight disease.

12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1		
												1	1
										1	0.50**		2
									1	0.60**	0.79**		3
								1	0.50**	0.49**	0.64**		4
							1	0.08 ^{ns}	0.29*	0.32*	0.18 ^{ns}		5
						1	0.86**	0.23*	0.38**	0.44**	0.34*		6
					1	0.15 ^{ns}	0.06 ^{ns}	0.25*	0.16 ^{ns}	0.65**	0.17 ^{ns}		7
				1	0.42**	0.29*	0.39**	-0.20 ^{ns}	0.27*	0.19 ^{ns}	0.08 ^{ns}		8
			1	-0.42**	-0.47**	-0.11 ^{ns}	-0.09 ^{ns}	0.08 ^{ns}	-0.12 ^{ns}	-0.23 ^{ns}	0.06 ^{ns}		9
		1	0.12 ^{ns}	0.83**	0.15 ^{ns}	0.25*	0.38**	0.09 ^{ns}	0.24*	0.06 ^{ns}	0.71**		10
	1	0.03 ^{ns}	0.37*	-0.23*	-0.27*	-0.01 ^{ns}	-0.01 ^{ns}	0.23*	0.40**	0.11 ^{ns}	0.31*		11
1	0.97**	0.04 ^{ns}	0.44**	-0.26*	-0.27*	-0.14 ^{ns}	-0.13 ^{ns}	0.20 ^{ns}	0.32*	0.50 ^{ns}	0.23 ^{ns}		12

۱: ارتفاع بوته؛ ۲: طول سنبله؛ ۳: طول پدانکل؛ ۴: طول ریشک؛ ۵: تعداد پنجه؛ ۶: تعداد سنبله؛ ۷: تعداد سنبلچه؛ ۸: تعداد دانه در سنبله؛ ۹: وزن هزار دانه؛ ۱۰: عملکرد دانه؛ ۱۱: درصد سنبله‌های آلوده؛ ۱۲: درصد سنبلچه‌های آلوده

1: Plant height; 2: Spike length; 3: Peduncle length; 4: Awn length; 5: No. of tillers; 6: No. of spikes; 7: No. of spikelets; 8: No. of seeds per spike; 9: Thousand grain weight; 10: Grain yield; 11: Percentage of infected spikes; 12: Percentage of infected spikelets

^{ns}، * و **: به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵ و ۱ درصد

^{ns}، * and **: Non-significant and significant at 5 and 1% probability levels, respectively

$$Y = -85.6 - 0.421(\text{ارتفاع بوته}) + 3.09(\text{طول ریشک}) + 1.573(\text{تعداد دانه در سنبله}) + 2.619(\text{تعداد سنبلچه}) + 3.573(\text{وزن هزاردانه})$$

درصد بیماری بلایت خوشه در ارقام مختلف گندم نان:
درصد بیماری ارقام مختلف گندم نان تحت شرایط کشت مزرعه‌ای در جدول ۵ ارائه شده است. براساس نتایج به‌دست آمده از نظر درصد بیماری ارقام شیراز، پیشتاز، قدس، ارگ و مروارید ۲ نیمه‌مقاوم دسته‌بندی شدند و ارقام مهدوی، سپاهان، آزادی، پیشگام، روشن، کویر و فلات حساس به بیماری بودند. از طرف دیگر، از نظر شدت بیماری، شیراز، پیشتاز، قدس و مروارید ۲ مقاوم و ارقام روشن، ویرناک، افلاک، افق و فلات حساس به بیماری شناخته شدند (جدول ۵).

شدت آلودگی بیماری بلایت خوشه در ارقام مختلف گندم نان: نتایج مقایسه‌ای ۲۷ رقم گندم نان از نظر شدت آلودگی به بیماری بلایت خوشه فوارپیوم و تقسیم‌بندی آنها در جدول ۵ ارائه شده است. از نظر شدت آلودگی ارقام آزادی، سیروان، پیشتاز، اروم، دز، مروارید، قدس، ارگ و فلات خیلی حساس بودند در حالی که رقم ویرناک مصون و همچنین ارقام شیروودی، روشن، مغان ۳ و افلاک نیمه مقاوم بودند. از نظر شدت آلودگی، ارقام بهاران، تجن، شیروودی، روشن، آرتا، ویرناک، افلاک و مروارید ۲ مقاوم بودند در حالی که سیروان، پیشتاز، دز، مروارید، قدس و فلات خیلی حساس دسته‌بندی شدند.

وراثت‌پذیری عمومی صفات: واریانس ژنتیکی و فنوتیپی، ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفات مختلف در جدول ۶ نمایش داده شده است. در مطالعات ژنتیکی صفات کمی وراثت‌پذیری یکی از مهم‌ترین پارامترها به‌شمار می‌رود (Crippa et al., 2009) به‌طوری که در تصمیم‌گیری برای گزینش یک صفت خاص نقش حیاتی ایفاء می‌کند (Lotfi Aghmioni et al., 2015). براساس نتایج به‌دست آمده بیشترین وراثت‌پذیری در صفات ارتفاع بوته (۹۸/۱۳)،

همبستگی ساده بین صفات در شرایط مزرعه‌ای: نتایج همبستگی ساده بین صفات رشدی، عملکرد و اجزای عملکرد و همچنین درصد سنبله‌ها و سنبلچه‌ها آلوده به بیماری در جدول ۳ ارائه شده است که نشان از وجود همبستگی مثبت و منفی معنی‌دار در بین برخی از صفات مورد مطالعه داشت. به‌طور مثال، عملکرد دانه با صفات طول پدانکل، تعداد پنجه، تعداد سنبله و تعداد دانه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. از طرف دیگر درصد سنبله‌های آلوده به بیماری، با صفات ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول ریشک، وزن هزاردانه و درصد سنبلچه‌های آلوده همبستگی مثبت و معنی‌دار و با صفات تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله همبستگی منفی و معنی‌داری داشتند.

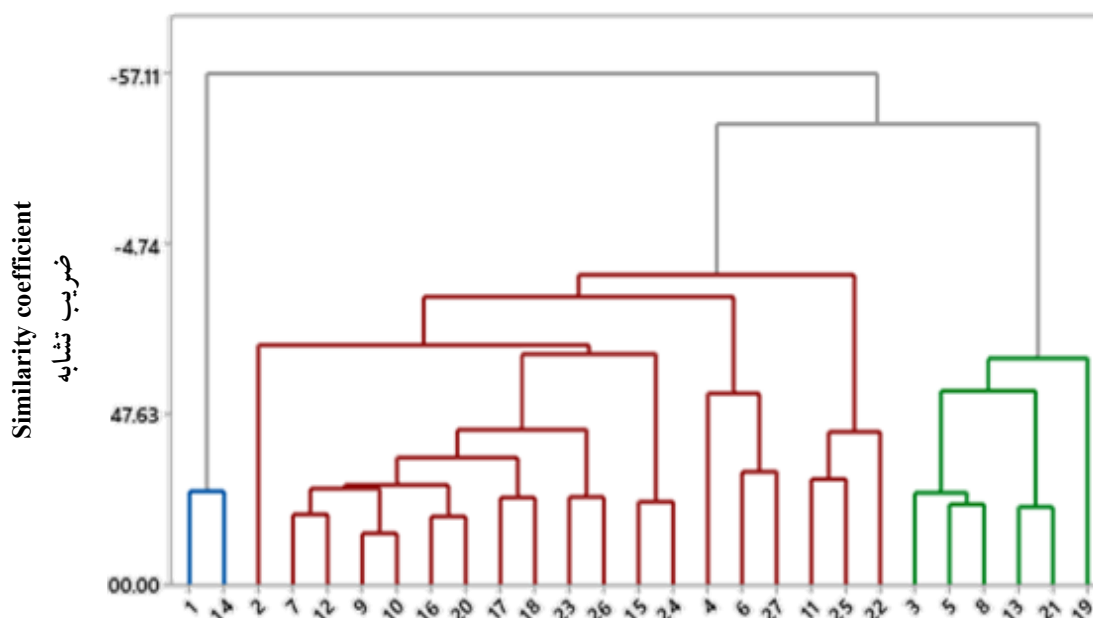
تجزیه خوشه‌ای: نتایج تجزیه خوشه‌ای (کلاستر) ۲۷ رقم گندم مورد آزمایش تحت شرایط کشت مزرعه‌ای در شکل ۱ ارائه شده است. دسته‌بندی ۲۷ رقم در سه خوشه انجام شد به‌طوری که خوشه اول با ۲ رقم (۱ و ۱۴) از نظر صفات ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل، طول ریشک، تعداد پنجه، تعداد سنبله، تعداد سنبلچه، عملکرد دانه دارای برتری معنی‌دار بودند. خوشه دوم با بیشترین درصد فراوانی ارقام (۱۹ رقم شامل ۲، ۷، ۱۲، ۹، ۱۰، ۱۶، ۲۰، ۱۷، ۱۸، ۲۳، ۲۶، ۱۵، ۲۴، ۴، ۶، ۲۷، ۱۱، ۲۵ و ۲۲) از نظر صفات وزن هزاردانه و درصد سنبله‌های آلوده و سنبلچه‌های آلوده برتری داشتند. خوشه آخر نیز با دارا بودن ۶ رقم از نظر صفات مورد بررسی هیچ برتری در مقایسه با دو خوشه دیگر نداشتند.

تجزیه رگرسیونی گام به گام: نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام که در آن عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات رشدی و عملکردی به‌عنوان صفات مستقل در نظر گرفته شده بودند، در جدول ۴ ارائه شده است. نتایج تجزیه رگرسیونی گام به گام نشان داد که ۵ صفت ارتفاع بوته، طول ریشک، تعداد سنبلچه، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه وارد مدل رگرسیونی شده که در مجموع ۹۶/۵۵ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه نمودند. معادله رگرسیونی تخمین زده شده برای عملکرد دانه به‌عنوان صفت وابسته به شرح زیر به‌دست آمد.

وراثت‌پذیری با پیشرفت ژنتیکی نسبت به وراثت‌پذیری به تنهایی، برای تخمین اثرات انتخاب مفیدتر است (Kanouni *et al.*, 2012).

عملکرد دانه و ارتفاع بوته بالاترین پیشرفت ژنتیکی و تعداد سنبله و طول سنبله پایین‌ترین مقدار برای پیشرفت ژنتیکی را نشان دادند. پایین بودن پیشرفت ژنتیکی صفات احتمالاً دلالت بر وجود اثرات اپیستازی در مکان‌های ژنی کنترل‌کننده این صفات است (Gul *et al.*, 2013). بررسی منابع نشان می‌دهد که وراثت‌پذیری بالا همیشه با پیشرفت ژنتیکی بزرگ همراه نیست (Ogunniyan and Olakojo, 2014)؛ از طرف دیگر پیوسته بودن وراثت‌پذیری بالا با پیشرفت ژنتیکی پایین برای برخی صفات نشان دهنده اثرات غالبیت و اپیستازی ژن‌های کنترل‌کننده این صفات است (Zali *et al.*, 2011). نتایج به‌دست آمده نشان داد بالاترین میزان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی برای صفت عملکرد دانه وجود دارد. انتخاب برای صفاتی که همزمان وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی بالایی دارند می‌تواند موفقیت‌آمیز باشد (Nikooseresh and Njafian, 2016).

طول پدانکل (۹۷/۴۰) و عملکرد دانه (۸۸/۰۹) مشاهده شد؛ در حالی که صفت تعداد سنبله (۲/۵۶)، طول سنبله (۹/۴۰) و تعداد سنبلچه (۱۲/۸۲) کمترین وراثت‌پذیری را به خود اختصاص دادند. ضریب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی برای ارتفاع بوته، طول پدانکل وزن هزاردانه دارای بیشترین در صفات تعداد پنجه و تعداد دانه در سنبله دارای کمترین مقدار بود. بالا بودن ضریب تغییرات فنوتیپی برای صفات نشان دهنده این است که بیان این صفات تا حدود زیادی تحت تأثیر محیط قرار می‌گیرد (Kanouni *et al.*, 2012). همچنین بالا بودن ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی برای صفات نشان دهنده دامنه گسترده تغییرات برای این صفات است (Singh *et al.*, 2014). بالا بودن وراثت‌پذیری نشان می‌دهد که انتخاب ژنوتیپ‌های مطلوب با توجه به فنوتیپ قابل اطمینان است (Singh *et al.*, 2014). اگر چه وراثت‌پذیری بالا مؤثر بودن گزینش مبتنی بر فنوتیپ را نشان می‌دهد اما هیچ‌گونه شاخصی از مقدار پیشرفت ژنتیکی را برای گزینش بهترین افراد نشان نمی‌دهد. این مورد با استفاده از پیشرفت ژنتیکی امکان‌پذیر است. ترکیب



شکل ۱- گروه‌بندی ارقام مختلف گندم نان تحت تأثیر بیماری بلایت خوشه فوزاریومی

Figure 1. Grouping of different varieties of bread wheat infected with Fusarium head blight disease

جدول ۴- تجزیه رگرسیونی گام به گام عملکرد دانه گندم نان به‌عنوان متغیر وابسته و سایر صفات به‌عنوان متغیر مستقل

Table 4. Stepwise regression analysis with bread wheat seed yield as a dependent variable and other traits as independent variables

متغیر اضافه شده به مدل Variables into the model	ضریب رگرسیون Coef	ضریب خطای استاندارد SE Coef	مقدار تی T-Value	مقدار معنی‌داری P-Value
عدد ثابت Constant	-58.6	21.800	-3.92	0.001
ارتفاع بوته (X1) Plant height (X1)	-0.421	0.230	-1.83	0.008
طول ریشک (X2) Awn length (X2)	3.09	1.040	2.98	0.070
تعداد سنبلچه (X3) No. of spikelets (X3)	-1.573	0.800	-1.97	0.036
تعداد دانه در سنبله (X4) No. of seeds per spike (X4)	2.619	0.101	26.04	0.000
وزن هزار دانه (X5) 1000 grain weight (X5)	3.573	0.288	12.39	0.000

ضریب تبیین
R-Sq(adj)= 96.55%

تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه از ویژگی‌های شاخص در تفسیر تغییرات عملکرد دانه محسوب می‌شوند (Aharizadeh *et al.*, 2013) و از این نظر، ارقام مورد آزمایش تفاوت معنی‌داری نشان دادند. در پژوهش‌های مشابه گزارش شده است که صفات وزن دانه و تعداد دانه در واحد سطح دو جز مهم در تعیین عملکرد دانه در غلات محسوب می‌شوند که از بین این دو صفت تعداد دانه از شاخص‌ترین صفات اثرگذار بر عملکرد دانه می‌باشد (Salehravan *et al.*, 2016). در پژوهش حاضر نتایج همبستگی ساده بین صفات نشان از همبستگی مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه و تعداد دانه بود که تأییدی بر مطالب ارائه شده می‌باشد. همچنین نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام نیز نشان داد که تعداد دانه در سنبله از صفات بسیار مهم و اثرگذار بر عملکرد دانه گندم محسوب می‌شود.

نتایج پژوهش حاضر نشان داد که تفاوت معنی‌داری در اکثر صفات مورد مطالعه در بین ارقام گندم مشاهده شد و در مقابل صفت تعداد سنبله در بوته تفاوت معنی‌دار آماری در بین ارقام مختلف گندم نشان نداد. در مطالعات مشابه یافته‌هایی هم راستا با نتایج به‌دست آمده در پژوهش گزارش شده است (Fazebakhsh and Soughi, 2017; Halim *et al.*, 2017; Sadeghghole Moghadam *et al.*, 2020). به‌نظر می‌رسد وجود تفاوت معنی‌دار از نظر صفت ارتفاع بوته در بین ارقام مختلف گندم مربوط به قدرت ارقام مختلف در استفاده از منابع از قبیل آب، نور و عناصر غذایی باشد (Fazebakhsh and Soughi, 2017).

تعداد پنجه در بوته در گیاه گندم، تحت کنترل عوامل ژنتیکی است ولی مدیریت‌های زراعی در برخی از موارد می‌تواند منجر به ایجاد تفاوت گردد (Fazebakhsh and Soughi, 2017). براساس نتایج مطالعات پیشین دو صفت

جدول ۵- درصد و شدت آلودگی به بیماری بلایت خوشه فوزاریوم در ارقام مختلف گندم نان تحت شرایط مزرعه‌ای

Table 5. Percentage and severity of infection with Fusarium head blight disease in different varieties of bread wheat under field conditions

شماره No.	نام رقم Var. name	درصد بیماری Incident	شدت بیماری Severity
1	مهدوی Mahdavi	53.3	نیمه مقاوم Semi-resistant
2	سپاهان Sipahan	53.3	نیمه مقاوم Semi-resistant
3	شیراز Shiraz	20.0	مقاوم Resistant
4	آزادی Azadi	53.3	نیمه حساس Semi-susceptible
5	بهاران Baharan	26.0	نیمه مقاوم Semi-resistant
6	سیروان Sirvan	26.6	نیمه مقاوم Semi-resistant
7	بهار Bahar	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
8	پیش‌تاز Pishtaz	13.3	مقاوم Resistant
9	تجن Tajan	46.6	نیمه مقاوم Semi-resistant
10	پیشگام Pishgam	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
11	شیرودی Shiroodi	40.0	نیمه حساس Semi-susceptible
12	اروم Oroum	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
13	دریا Darya	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
14	دز Dez	40.0	نیمه مقاوم Semi-resistant
15	روشن Roushan	73.3	حساس Susceptible
16	مروارید Morvarid	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
17	مغان ۳ Moghan3	40.0	نیمه مقاوم Semi-resistant
18	کویر Kavir	53.3	نیمه حساس Semi-susceptible
19	قدس Qods	6.6	مقاوم Resistant
20	بم Bam	46.6	نیمه حساس Semi-susceptible
21	آرتا Arta	33.3	نیمه مقاوم Semi-resistant
22	ویرناک Vierynak	80.0	حساس Susceptible
23	افلاک Aflak	80.0	حساس Susceptible
24	افق Ofogh	80.0	حساس Susceptible
25	ارگ Arg	33.3	نیمه مقاوم Semi-resistant
26	فلات Folat	66.6	حساس Susceptible
27	مروارید ۲ Morvarid2	13.3	مقاوم Resistant

جدول ۶- پارامترهای ژنتیکی برای صفات عملکرد و اجزا عملکرد در ژنوتیپ‌های گندم نان مورد مطالعه

Table 6. Genetic parameters for yield and yield components in bread wheat genotypes

صفات Traits	وارانس ژنوتیپی Phenotypic variance	وارانس ژنوتیپی Genotypic variance	وراثت‌پذیری عمومی Heritability (Broad sense)	پیشرفت ژنتیکی Genetic advance	ضریب تنوع ژنوتیپی Genotypic coefficient of variation	ضریب تنوع فنوتیپی Phenotypic coefficient of variation
ارتفاع بوته Plant height	23.00	22.57	98.13	9.70	41.13	42.04
طول سنبله Spike length	6.81	0.64	9.40	0.51	6.96	73.99
طول پدانکل Peduncle length	17.03	16.56	97.24	8.27	60.66	62.39
طول ریشک Awn length	1.42	1.34	94.37	2.32	17.68	18.73
تعداد پنجه No. of tillers	0.12	0.07	58.33	0.42	0.61	1.02
تعداد سنبله No. of spikes	1.56	0.04	2.56	0.07	0.70	27.37
تعداد سنبلهچه No. of spikelets	7.67	1.06	13.82	0.79	4.87	35.33
تعداد دانه در سنبله No. of seeds per spike	8.16	2.02	24.75	1.46	2.40	9.68
وزن هزار دانه Thousand grain weight	18.40	12.27	66.68	5.89	30.52	45.66
عملکرد دانه Grain yield	650.60	573.10	88.09	46.29	21.40	29.75

در پژوهشی نتایج تجزیه رگرسیون گام به گام در ارقام مختلف گندم نشان داد که صفات تعداد سنبله، تعداد دانه در سنبله و همچنین وزن هزاردانه هنگامی که عملکرد دانه به‌عنوان متغیر وابسته در نظر گرفته شد وارد مدل رگرسیونی می‌شوند (Sadeghghole Moghadam *et al.*, 2020). در پژوهش حاضر نیز صفات وارد شده به مدل رگرسیونی شامل ارتفاع بوته، طول ریشک، تعداد سنبلهچه، تعداد دانه در سنبله و وزن هزاردانه بودند که در مجموع ۹۶/۵۵ درصد از تغییرات عملکرد دانه را توجیه می‌کردند؛ از این رو ارقامی که دارای مقادیر بالا در این پنج صفت بودند می‌توانند عملکرد دانه بالاتری نیز تولید کنند. قادری و همکاران (Ghaderi *et al.*, 2009) در پژوهشی بیان داشتند که صفات

وزن هزاردانه در گیاه گندم، به‌شدت در کنترل عوامل ژنتیکی است. ولی در برخی از موارد علاوه بر خصوصیات ژنتیکی، شرایط محیطی نیز بر آن اثرگذار است (Fazebakhsh and Soughi, 2017) در مطالعه صادقی و همکاران (Sadeghi *et al.*, 2022) پس از تجزیه ژنتیکی و تحلیل گرافیکی تلاقی‌های گندم نان انجام و تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده نتایج نشان از وجود اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد در تمامی صفات داشت که وجود تنوع کافی در میان ژنوتیپ‌های ارزیابی شده (۱۰ رقم گندم نان) را تأیید می‌نمود و هم‌راستا با یافته‌های پژوهش حاضر مبنی بر وجود اختلاف معنی‌دار مابین صفات از نظر صفات اندازه‌گیری شده بود.

تعداد سنبله در واحد سطح و ارتفاع بوته از مهم‌ترین صفات مؤثر بر عملکرد دانه گندم محسوب می‌شوند. نتایج مطالعه حاضر نشان از وجود همبستگی مثبت و منفی معنی‌دار و غیرمعنی‌دار مابین صفات اندازه‌گیری شده بود. در همین راستا، آل‌طبال و همکاران (Al-Tabbal *et al.*, 2020) گزارش کردند که عملکرد دانه با صفات وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله، و تعداد سنبلچه در سنبله همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت. این پژوهشگران نتیجه‌گیری کردند که دو صفت تعداد سنبله و همچنین تعداد دانه در سنبله از صفات بسیار مهم و اثرگذار در عملکرد دانه گندم محسوب می‌شوند که تأثیری بر یافته‌های پژوهش حاضر می‌باشد. در پژوهش دیگری گزارش شد که همبستگی فنوتیپی و ژنوتیپی معنی‌دار و غیرمعنی‌داری ما بین صفات عملکردی و کیفی ارقام مختلف گندم وجود دارد (Taneva *et al.*, 2020). این پژوهشگران همچنین گزارش کردند که صفات پروتئین دانه و وزن هزاردانه دارای بیشترین ضریب وراثت‌پذیری بودند که در تطابق با نتایج آن‌ها در پژوهش حاضر نیز وزن هزاردانه دارای بیشترین وراثت‌پذیری بود.

همچنین در پژوهش حاضر نتایج وراثت‌پذیری عمومی صفات نشان داد که طول پدانکل، تعداد دانه در سنبله و عملکرد دانه از وراثت‌پذیری بالایی برخوردار بودند (جدول ۲). وراثت‌پذیری بیش از ۸۰ درصد (وراثت‌پذیری بالا) منجر به تسهیل در گزینش برای آن صفت خواهد شد و دلیل آن، ارتباط بسیار نزدیک فنوتیپ و ژنوتیپ و سهم حداقلی محیط در شکل دادن فنوتیپ می‌باشد (Sadeghghole Moghadam *et al.*, 2020). به نظر می‌رسد وراثت‌پذیری بالایی این سه صفت ناشی از واریانس ژنتیکی بالایی آن‌ها می‌باشد. در پژوهش رحمتی و همکاران (Rahmati *et al.*, 2018) نتایج مشابهی مبنی بر وراثت‌پذیری بالایی تعداد دانه در سنبله و همچنین عملکرد دانه در گیاه گندم گزارش شده است (Rahmati *et al.*, 2018). اهری‌زاده و همکاران (Aharizadeh *et al.*, 2004) شاخص‌های ارزیابی لاین‌های گندم نان از نظر مقاومت به

فوزاریوم سنبله را در مطالعه‌ای بررسی نموده و چنین گزارش کردند که لاین‌های گندم تفاوت معنی‌داری از نظر صفات درصد آلودگی و شدت آلودگی داشتند که با نتایج به دست آمده از پژوهش حاضر همسو بود. علاوه بر این در پژوهش اهری‌زاد و همکاران (Aharizadeh *et al.*, 2004) درصد آلودگی سنبله و سنبلچه‌ها به بیماری فوزاریوم با صفات عملکرد دانه، وزن هزاردانه و تعداد دانه در سنبله منفی و معنی‌دار بود که به طور مشابه در پژوهش حاضر نیز تعداد سنبلچه و تعداد دانه در سنبله با درصد آلودگی سنبلچه‌ها همبستگی منفی و معنی‌دار داشتند. طوطیابی و همکاران (Toutiaei *et al.*, 2001) در آزمایشی گزارش کردند که در اقام گندم بین صفات درصد آلودگی سنبله با صفات وزن هزاردانه و تراکم سنبله همبستگی منفی و معنی‌دار وجود دارد. علاوه بر این درصد آلودگی سنبلچه با صفات ارتفاع بوته و همچنین وزن هزاردانه همبستگی منفی و معنی‌دار نشان داد که بخشی از نتایج این پژوهش هم‌راستا با یافته‌های پژوهش حاضر مبنی بر وجود همبستگی منفی و معنی‌دار بین صفات عملکردی و میزان آلودگی سنبله و سنبلچه می‌باشد.

به‌طور کلی نتایج مطالعه حاضر تنوع زیادی مابین ۲۷ رقم گندم نان مورد آزمایش از نظر صفات رشدی، اجزای عملکرد و همچنین عملکرد دانه نشان داد. از نظر عملکرد دانه ارقام ۱ (مهدوی)، ۳ (شیراز) و ۱۴ (دز) برتری معنی‌داری در مقایسه با سایر ارقام داشتند. نتایج همبستگی ساده بین صفات و همچنین رگرسیون گام به گام نشان داد که صفات وزن هزاردانه، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه، طول ریشک و ارتفاع بوته از صفات بسیار مهم در تعیین عملکرد دانه به‌خصوص در شرایط کشت مزرعه‌ای می‌باشند. بنابراین انتخاب ارقامی که دارای صفات ذکر شده بالایی باشند که می‌تواند تولید عملکرد دانه بالا را تضمین نمایند. از نظر میزان درصد بیماری بلایت خوشه فوزاریوم در شرایط کشت مزرعه‌ای ارقام شیراز، پشتاز، قدس، ارک و مروارید ۲ نیمه‌مقاوم بودند.

References

- Aharizadeh, S., Moghadam, M., Ghanadha, M.R., Alizadeh, A. and Babaye Ahari, A.** (2004). Investigating the evaluation indexes of wheat lines in terms of resistance to Fusarium head blight. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, **5(4)**: 273-284 (In Persian)
- Ahmadvand, M. and Najafpour, Z.** (2010). Study of the level of cultivation, production and supportive policies of wheat during the first to fourth development plans. *Journal of Economic Research and Policy*, **18(53)**: 59-76 (In Persian).
- Al-Tabbal, J.A., Al-Balqa, A., and Al-Fraihat, A.H.** (2012). Heritability studies of yield and yield associated traits in wheat genotypes. *Journal of Agricultural Science*, **4(4)**: 11-22.
- Asadian, M., Gharangic, S., Musavi, A. and Farokhi, N.** (2015). Molecular analysis and efficiency evaluation of yeast acetyltransferase gene (AYT1) in second generation transgenic wheat lines. *Shahroud University of Technology*, **7(4)**: 21-34 (In Persian).
- Bia, G. and Shaner, G.** (1994). Scab of wheat: prospects for control. *Plant Disease*, **78**: 760-766.
- Bottalico, A.,** (1989). Fusarium diseases of cereals: species complex and related mycotoxin profiles, in Europe. *Journal of Plant Pathology*, **80**: 85-103.
- Crippa, I., Bermejo, C., Espósito, M.A., Martín, E.A., Cravero, V., Liberatti, D., Anido, F.S.L. and COUNTRY, E.L.** (2009). Genetic variability, correlation and path analyses for agronomic traits in Lentil genotypes. *International Journal of Plant Breeding*, **3(2)**: 76-80.
- Darvishnia, M., Alizadeh, A., Zare, R. and Mohammadi Goltapeh, E.** (2006). Three new *Fusarium* taxa isolated from gramineous plants in Iran. *Rostaniha*, **11(1)**: 193-212 (In Persian).
- Darvishnia, M., Alizageh, A. and Zare, R.** (2010). Four new *Fusarium* taxa isolated from gramineous plants in Iran. *Rostaniha*, **11(1)**: 55-67 (In Persian).
- Dehghan, M. and Ebrahimnejad, S.** (2017). Evaluation of Fusarium head blight resistance and damage rate on elite and advanced wheat genotypes in hot and humid conditions of northern Iran. *Journal of Crop Breeding Research*, **8(20)**: 151-142 (In Persian).
- Fazebakhsh, M. and Soughi, H.** (2017). Evaluation of yield response and yield components of bread wheat genotypes with respect to early and late planting dates. *Journal of Agricultural Applied Research*, **30(1)**: 64-82 (In Persian).
- Ghaderi, M.G., Zanali Khanghah, H., Hossainzadeh, A., Taleei, A. and Naghavi, L.R.** (2009). Evaluation of grain yield relationships, yield components and other characteristics related to grain yield in bread wheat using multivariate analysis. *Iranian Journal of Agricultural Research*, **7(2)**: 573-582 (In Persian).
- Gul, R., Khan, H., Bibi, M., Ain, Q.U. and Imran, B.** (2013). Genetic analysis and interrelationship of yield attributing traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *The Journal of Animal & Plant Sciences*, **23(2)**: 521-526.
- Halim, G., Imam, Y. and Shakeri, A.** (2017). Evaluation of yield, yield components and stress tolerance indexes in bread wheat cultivars in conditions of irrigation interruption after flowering. *Journal of Production and Processing of Agricultural and Horticultural Products*, **7(4)**: 121-134 (In Persian).
- Kanouni, H., Shahab, M.R., Imtiaz, M. and Khalili, M.** (2012). Genetic variation in drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. *Crop Breeding Journal*, **2(2)**: 133-138.
- Little, M.L. and Hills, J.** (1987). *Agricultural Experiment*. Valley, California, USA.
- Lotfi Aghmioni, M., Jaffar Aghaei, M., Vaezi, S. and Majidi Heravan, E.** (2015). Evaluation of genetic diversity, heritability and genetic progress in Kabuli type chickpea genotypes. *Iranian Journal Pulses Research*, **6(1)**: 100-107 (In Persian).
- Mesterhazy, A.** (2020). Updating the breeding philosophy of wheat to Fusarium head blight (FHB): Resistance components, QTL identification, and phenotyping—A review. *Plants*, **9(12)**: 702.
- Nikooseresht, R. and Najafian, G.** (2016). Genetic diversity and heritability for the selection in bread wheat lines in Kermanshah. *Plant Genetic Researches*, **3(1)**: 75-88 (In Persian).
- O'Donnell, K., Ward, T.J., Geiser, D.M., Kistler, H.C. and Aoki, T.** (2004). Genealogical concordance between the mating type locus and seven other nuclear genes supports formal recognition of nine phylogenetically distinct species within the *Fusarium graminearum* clade. *Fungal Genetics and Biology*, **41(6)**: 600-623.

- Ogunniyan, D.J. and Olakojo, S.A.** (2014). Genetic variation, heritability, genetic advance and agronomic character association of yellow elite inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Nigerian Journal of Genetics*, **28(2)**: 24-28.
- Rahmati, M., Ahmadi, A. and Hossainpour, T.** (2018). Investigating genetic diversity, heritability and the relationship between grain yield and yield component in bread wheat genotypes under dry conditions. *Journal of Crop Breeding*, **25**: 167-175 (In Persian).
- Sadeghhole Moghadam, R., Saba, J., Shekari, F. and Roustaei, M.** (2020). Investigating the relationships between root traits and yield and yield components of bread wheat under rainfed conditions. *Journal of Crop Breeding Research*, **12(36)**: 136-150 (In Persian).
- Sadeghi, K., Pahlavani, M.H., Esmailzadeh Moghadam, M. and Zanalinejad, K.** (2022). Genetic analysis and graphic analysis of di-allele crossings of bread wheat using GGE biplot. *Crop Production*, **15(1)**: 163-186 (In Persian).
- Salehravan, M., Galeshi, S., Zanali, A., Mohammadi, R., and Rahemi Karizaki, A.** (2016). Investigating the effect of genotype and planting time on the yield and yield components of wheat under rainfed conditions. *Plant Ecophysiology Applied Research Journal*, **3(1)**: 85-104 (In Persian).
- Sepahvand, N., Hadari, F., Toutiaei, A., Seraj Azari, M. and Mozafari, J.** (2009). Field and molecular evaluation of resistance of Iranian wheat to wheat Fusarium head blight. *Journal of Agricultural Biotechnology*, **1(1)**: 1-20 (In Persian).
- Singh, T.P., Raiger, H.L., Kumari, J., Singh, A. and Deshmukh, P.S.** (2014). Evaluation of Chickpea genotypes for variability in seed protein content and yield components under restricted soil moisture condition. *Indian Journal of Plant Physiology*, **19**: 273-280.
- Taghikhani, S., Ramshini, H., Sadat-Noori, S.A., Lotfi, M., Izadi Darbakdi, A., Sousaraei, N. and Varvani Farahani, A.** (2018). SNP Marker assisted Selection for identification of fusarium resistant melon plants. *Plant Genetic Researches*, **5(1)**: 63-76 (In Persian).
- Taneva, K., Bozhanova, V. and Petrova, I.** (2019). Variability, heritability and genetic advance of some grain quality traits and grain yield in durum wheat genotypes. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, **25(2)**: 288-295.
- Toutiaei, A., Alizadeh, A. and Ghanadha, M.R.** (2001). Investigating the correlation of several morphological and physiological traits of wheat with the intensity infection of Fusarium head blight. *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, **3(4)**: 1-7 (In Persian).
- Tuite, J., G. Shaner and Everson, R.G.** (1990). Wheat scab in soft red winter wheat in Indiana in 1986 and its relation to some quality measurements. *Plant Disease*, **74**: 595-962.
- Vogelgsang, S., Sulyok, M., Bänziger, I., Krska, R., Schuhmacher, R. and Forrer, H.R.** (2008). Effect of fungal strain and cereal substrate on in vitro mycotoxin production by *Fusarium poae* and *Fusarium avenaceum*. *Food Additives and Contaminants*, **25(6)**: 745-757.
- Wegener, M.** (1992). "Optimierung Von Saatgutpillierungen mit mikrobiellen antagonistischen zur biologischen Bekämpfung Von *Fusarium culmorum* (WG SM) Sacc.," *Weizen. Diplomarbeit, Univ. Göttingen*.
- Wilkinson P.A., Winfield M.O., Barker G.L.A., Allen A.M., Burridge A., Coghill J.A., Burridge A. and Edwards K.J.** (2012). CerealsDB 2.0: an integrated resource for plant breeders and scientists. *BMC Bioinformatics*, **13**: 219.
- Zali, H., Farshadfar, E. and Sabaghpour, S.H.** (2011). Genetic variability and interrelationships among agronomic traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.) genotypes. *Crop Breeding Journal*, **1(2)**: 127-132.