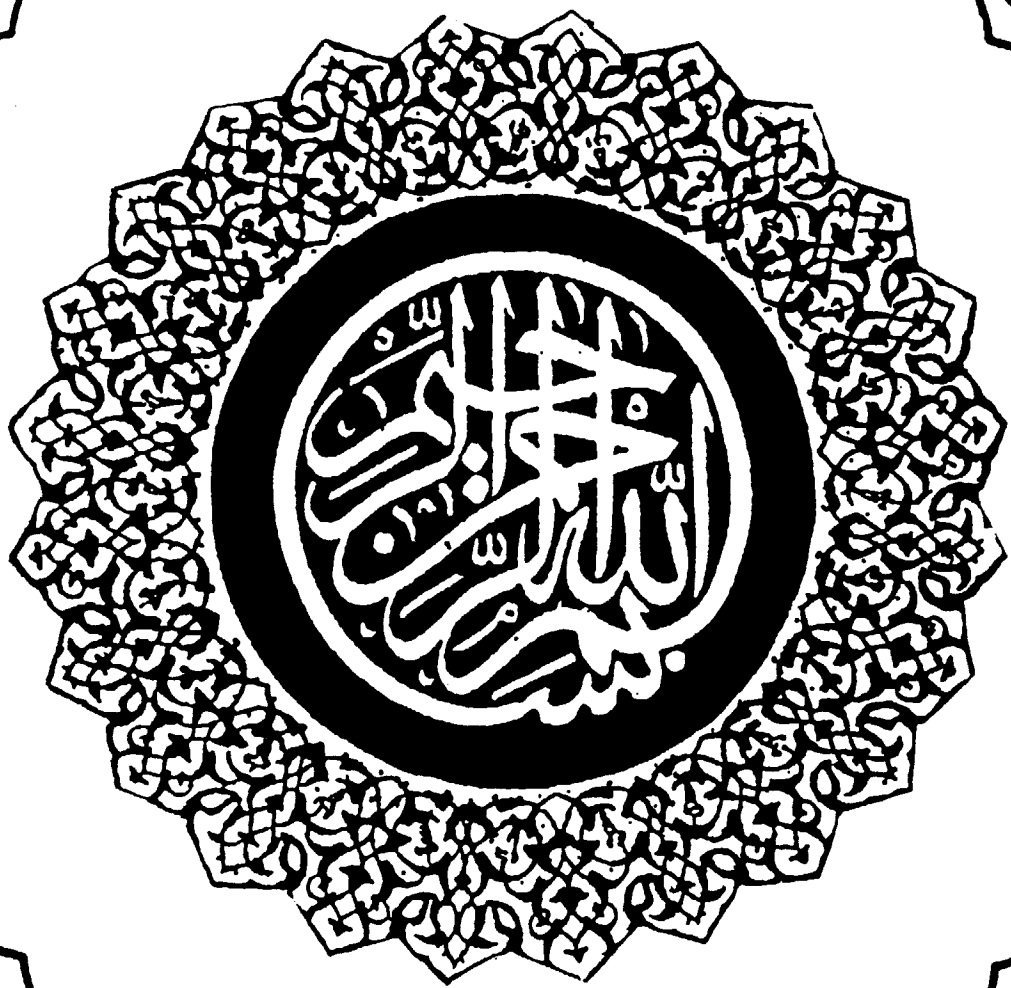

٢٦٥٧٢

۱۳۷۸ /۷/ ۱۲

دانشگاه تبریز

دانشکده کشاورزی

گیاهپزشکی

پایان‌نامه:

برای دریافت درجهٔ کارشناسی ارشد در رشته بیماری‌شناسی گیاهی

عنوان:

بررسی مقاومت ارقام و لاین‌های پیشرفته گندم نان نسبت بـه زنگ زرد گندم در مراحل گیاهچه‌ای و گیاه کامل و تعیین احتمالی ژنوتیپ آنها بـا استفاده از نظریه ژن برای ژن

استاد راهنما:

دکتر محمد ترابی

۱۰۵۸۸/۲

استادان مشاور:

دکتر مصطفی ولی‌زاده و Dr. Roy Johnson

پژوهشگر:

کیومرث نظری

دی ماه ۱۳۷۷

شماره ۱۹

۲۶۵۷۲

این پایان نامه را خاضعانه به محضر:

پدر و مادر بزرگوارم، که گذشت و فداکاری را

همسر مهربانم، که صبر و مهربانی را

و به کشاورزان زحمتکش، که لذت امید و بارآوری را

به من آموخته‌اند، تقدیم می‌نمایم

سپاسگزاری

حمد و سپاس خدای را که لذت آموختن را بر من ارزانی داشت و توفیق داد تا مقطع دیگری از تحصیلات را به پایان رسانم.

از آقای دکتر محمد ترابی استاد راهنمای محترم اینجانب و ریاست محترم واحد پاتولوژی غلات که در تمام مدت فعالیت های تحقیقاتی اینجانب و خصوصاً در اجرای این پژوهش همواره راهنمائی صبور، دوستی همراه و همکاری دلسوز بوده اند، صمیمانه تشکر و سپاسگزاری می شود.

از آقای دکتر Roy Johnson مشاور محترم اینجانب که در خصوص پایه ریزی و درک مباحث ژنتیک مقاومت در این پژوهش و در اختیار گذاشتن منابع و بذور مورد استفاده مرا یاری داده اند، تقدیر و تشکر می شود.

از آقای دکتر مصطفی ولیزاده بخاطر تقبل مشاورت اینجانب و راهنمائی های ارزشمند اصلاحی در اجرای این تحقیق صمیمانه سپاسگزاری می شود.

از آقای دکتر عباس سعیدی ریاست محترم بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر به پاس مساعدت و همکاری در اجرای این پژوهش تشکر و قدردانی می گردد.

از سرکار خانم ها نسرین طلائی و زهره بیات، همکاران محترم گلخانه های زنگ زرد واحد پاتولوژی غلات که همواره در تمام مراحل اجرای این تحقیق از هیچ مساعدتی دریغ نورزیده اند، صمیمانه قدردانی می شود.

از زحمات همکاران زحمتکش این گلخانه، سر کار خانم رمضانی، آقایان حبیب پور، مصرآبادی و عابدینی که با تقبل زحمت در اجرای آزمایشات گلخانه ای و مزرعه ای بنده را یاری نموده اند، قدردانی می شود.

از همکاری و مساعدت مسؤلین فنی گلخانه های مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، آقایان لطفی مهر، سالاری، مایلی و طاهری سپاسگزاری می شود.

از آقای مهندس عبدالرسول غفاری ریاست محترم بخش آمار و کامپیوتر مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر که با صبر و حوصله فراوان در تمام مراحل انجام محاسبات آماری و تهیه این پایان نامه با روی گشاده پذیرای اینجانب بوده اند، کمال تشکر و قدردانی را دارم.

در انجام محاسبات کامپیوتری از کمک و راهنمائی های آقایان مهندس تجاسب، مهندس مهرور و مهندس سمیع زاده بهره بسیار برده ام، که بدینوسله از زحمات ایشان قدردانی می گردد.

از سر کار خانم ها بازگشا و شهسوار بخاطر زحماتی که در تایپ کامپیوتری این پایان نامه متقبل شده اند، تشکر می شود و از سر کار خانم مهندس تکاپوی نیز بخاطر راهنمائی در انجام امور کامپیوتری تقدیر و تشکر می شود.

در نهایت از همسر مهربانم بخاطر آنچه را که از او و فرزند دلبندمان در طول تمام مدت زندگی مشترک، و بویژه در طی انجام این تحقیق دریغ کرده ام، صمیمانه پوزش طلبیده و از همه آنچه که ایشان به من اهداء کرده اند، تقدیر و تشکر می نمایم.

بسمه تعالی

نام خانوادگی دانشجو: نظری **نام:** کیومرث

عنوان پایان نامه: بررسی مقاومت ارقام و لاینهای پیشرفته گندم نان نسبت به زنگ زرد گندم در مراحل گیاهچه ای و گیاه کامل و تعیین احتمالی ژنوتیپ آنها با استفاده از نظریه ژن برای ژن

مقطع تحصیلی: کارشناسی ارشد **رشته:** مهندسی کشاورزی-گیاهپزشکی **گرایش:** بیماری شناسی گیاهی

دانشگاه: تبریز **دانشکده:** کشاورزی **تاریخ فارغ التحصیلی:** ۱۳۷۷/۱۰/۳۰ **تعداد صفحه:** ۱۷۹

کلید واژه ها:

زنگ زرد گندم، *Puccinia striiformis* West. f.sp. *tritici*، مقاومت، تعیین نژاد، تعیین ژنوتیپ مقاومت، تجزیه به مؤلفه های اصلی، تجزیه کلاستر

چکیده:

به منظور ارزیابی مقاومت گیاهچه ای و گیاه کامل ۳۰۰ رقم و لاین پیشرفته گندم ۱۰ جدایه از قارچ عامل بیماری زنگ زرد گندم (*Puccinia striiformis* West f.sp. *tritici*) به روش جانسون و همکاران (۱۹۷۲) تعیین نژاد گردیدند. نژاد های تعیین شده برای جدایه های جمع آوری شده از مناطق قوچان، مغان(۲ جدایه)، کرج(۲ جدایه)، میاندوآب، گرگان، اردبیل، همدان و اهواز به ترتیب عبارت بودند از: $^{+}$70E16A، $^{+}$134E40A، $^{+}$134E134A، $^{-}$6E0A، $^{+}$6E14A، $^{+}$134E134A، $^{+}$6(134)E14A، $^{+}$20E2A، $^{-}$2E14A و $^{+}$4E32A.

بر اساس نتایج تعیین نژاد جدایه های مذکور، ویرولانس برای ژنهای *Yr2*، *Yr6*، *Yr7*، *Yr8*، *Yr9*، *Yr10*، *Yr19*، *Yr22*، *Yr23*، *Yr24*، *Yr*Su، *Yr*ND، *Yr*CV و *Yr*A تعیین گردید. ویرولانس برای ژنهای *Yr2*، *Yr6*، *Yr7*، *Yr9*، *Yr22*، *Yr23* و *Yr*A بصورت مشترک وجود داشت. اگرچه نژاد $^{+}$134E134A برای جدایه های مغان(۱ جدایه) و میاندوآب مشابه است، ولی قدرت تهاجمی جدایه مغان بیشتر ارزیابی گردید.

در ارزیابی مقاومت گیاهچه ای از ۵ نژاد $^{+}$70E16A، $^{+}$134E134A (جدایه مغان)، $^{-}$6E0A، $^{+}$6(134)E4A و $^{+}$134E134A(جدایه میاندوآب) استفاده شد.

گروهبندی بر اساس تیپ های آلودگی گیاهچه ای در محدوده های صفر تا ۲، ۳ تا ۶ و ۷ تا ۹ برای کلیه ژنوتیپ ها و همچنین گروه های بذری که بر اساس منشاء دریافت گروهبندی شده بودند، صورت گرفت. بر اساس این نتایج مشاهده گردید که روند کاهش درصد فراوانی ژنوتیپ های قرار گرفته در محدوده تیپ آلودگی صفر تا ۲، که در نتیجه وجود مقاومت کامل حادث می شود، با افزایش توان بیماری زائی و ویرولانس نژاد مورد استفاده، شدیداً افزایش می یابد. این موضوع متأثر از حضور ژنهای مقاومت گیاهچه ای در این ژنوتیپ ها می باشد.

در ارزیابی مقاومت در شرایط مزرعه ای، نژاد $^{+}$134E134A(جدایه مغان) استفاده شد. کلیه ژنوتیپ ها، تحت شرایط آبیاری مصنوعی کاشته شدند و در مراحل مختلف رشدی با اسپور نژاد فوق به روش پودرپاشی تلقیح مصنوعی گردیدند. یادداشت برداری از تیپ و شدت آلودگی در ۳ مرحله و به فواصل زمانی ۱۰ روز صورت گرفت و سطح زیر منحنی پیشرفت بیماری برای ژنوتیپ های مورد آزمایش بوسیله نرم افزار AUDPC محاسبه شد. در نتیجه مقایسه این عامل با تیپ های آلودگی گیاهچه ای نسبت به همین نژاد، مشخص گردید که تعدادی از ژنوتیپ ها دارای مقاومت در مرحله گیاه کامل هستند.

ادامه چکیده پایان نامه:

نتایج حاصل از واکنش ژنوتیپ های مقاومت در شرایط مزرعه ای، عدم ویرولانس برای ژنهای *Yr11*، *Yr12*، *Yr13*، *Yr14* و *Yr16*، که از ژن های مقاومت در مرحله گیاه کامل هستند، را اثبات نمود. رقم Anza و لاین 'Jupateco'73R که هر دو حامل *Yr18* هستند، بترتیب واکنش های MSS ۸۰ و MSMR ۴۰-۳۰ را نشان دادند. واکنش ژن *Yr18* بصورت منفرد MSMR ۴۰-۳۰ ارزیابی می گردد.

در تعیین احتمالی ژنوتیپ های مقاومت از تیپ های آلودگی گیاهچه ای ۴۹ ژنوتیپ از منابع بذری مختلف نسبت به نژاد های $6E0A^-$، $70E16A^+$ و $134E134A^+$(جدایه مغان) استفاده گردید. ضریب نهائی آلودگی و سطح نسبی زیر منحنی پیشرفت بیماری این ژنوتیپ ها نسبت به جدایه مغان در تعیین وجود ژنهای مقاومت مزرعه ای استفاده شدند. ژنهای *Yr6*، *Yr7*، *Yr9*، *Yr22*، *Yr23* و *YrA* در حالت های منفرد و یا در ترکیب با یکدیگر در این ژنو تیپ ها تعیین گردیدند. در بعضی از این ژنوتیپ ها علاوه بر ژنهای فوق وجود ژن یا ژنهای مقاومت در مرحله گیاه کامل تعیین گردید. تعیین دقیق حضور هر یک از این ژنها به تنهائی، نیاز به طیف متنوع تری از نظر فاکتورهای ویرولانس فوق الذکر دارد.

به منظور کاهش داده ها در ژنوتیپ های مورد آزمایش، نتایج یادداشت برداری از تیپ های آلودگی برگ اول و برگ دوم، ضریب نهائی آلودگی برگ پرچم و سطح نسبی زیر منحنی پیشرفت بیماری در تجزیه به مؤلفه های اصلی مورد استفاده قرار گرفتند. بر اساس مقادیر ویژه مؤلفه های اصلی، ۳ مؤلفه تحت نام مؤلفه های ویرولانس بالا، ویرولانس متوسط و ویرولانس پائین تعیین و انتخاب شدند. داده های استاندارد شده مقادیر ۳ مؤلفه اصلی برای ۳۰۰ ژنوتیپ مورد آزمایش در تجزیه کلاستر به روش کا-مینز[1] استفاده شدند.

نتایج حاصل از کلاستر بندی موجب تعیین ۴ کلاستر گردید که در کلاستر ۱، کلیه ژنوتیپ ها در مرحله گیاه کامل واکنش مقاومت نشان دادند و در کلاستر ۲ ارقامی با صفت مقاومت اسلو راستینگ[2] قرار گرفتند. در دو کلاستر دیگر تنوع نوع مقاومت دیده شد.

1- K-means clustering
2- Slow rusting

فهرست مطالب

عنوان — صفحه

۱- بررسی منابع ---- ۲

۱-۱- میزبان (گندم) ---- ۲

۱-۱-۱- تاریخچه ---- ۲

۱-۱-۲- مبداء و سیر تکاملی ---- ۴

۱-۱-۳- طبقه بندی گندم ---- ۵

۱-۲- عامل بیماری زا: زنگ زرد گندم ---- ۶

۱-۲-۱- اهمیت اقتصادی بیماری ---- ۶

۱-۲-۲- تاریخچه و نام گذاری عامل بیماری ---- ۷

۱-۲-۳- اپیدمیولوژی ---- ۸

۱-۲-۴- میزبان های عامل بیماری ---- ۱۰

۱-۲-۴-۱- میزبان واسط ---- ۱۰

۱-۲-۴-۲- میزبانهای ثانویه ---- ۱۱

۱-۲-۴-۳- میزبانهای اصلی ---- ۱۲

۱-۲-۵- چرخه زندگی ---- ۱۲

۱-۲-۶- کنترل بیماری ---- ۱۳

۱-۲-۶-۱- عملیات زراعی ---- ۱۴

۱-۲-۶-۲- کنترل شیمیائی ---- ۱۴

۱-۲-۶-۳- استفاده ار مقاومت ژنتیکی ---- ۱۶

۱-۲-۶-۳-۱- هرمی نمودن ژن های مقاومت ---- ۱۷

۱-۲-۶-۳-۲- مدیریت استفاده از ژن های مقاومت ---- ۱۸

۱-۲-۶-۳-۳- مولتی لاین ها و مخلوط ارقام ---- ۲۰

۱-۳- ژنتیک بیماری زائی در عامل بیماری زا ---- ۲۲

۱-۳-۱- فرایندهای ایجاد تنوع ژنتیکی ---- ۲۲

۱-۳-۲- فرم های اختصاصی ---- ۲۳

۱-۳-۳- نژادهای فیزیولوژیک، بیوتیپ، نمونه و جدایه ---- ۲۴

۱-۳-۳-۱- روش های تعیین نژاد ---- ۲۶

۱-۳-۳-۲- ژن های مقاومت به زنگ زرد ---- ۳۶

عنوان | صفحه

۴-۱- ژنتیک مقاومت میزبان ---- ۵۶

۱-۴-۱- مقدمه ---- ۵۶

۲-۴-۱- نظریه ژن برای ژن ---- ۵۶

۳-۴-۱- سیر تکاملی سیستم های ژن برای ژن در مزرعه ---- ۵۹

۴-۴-۱- کاربرد نظریه ژن برای ژن در تعیین ژنوتیپ مقاومت ارقام ---- ۶۱

۵-۴-۱- مقاومت های Race specific و Race non-specific ---- ۶۲

۶-۴-۱- مقاومت پایدار ---- ۶۴

۷-۴-۱- به نژادی برای مقاومت پایدار ---- ۶۶

۵-۱- یادداشت برداری ---- ۶۷

۱-۵-۱- مرحله گیاهچه ای ---- ۶۷

۲-۵-۱- مرحله گیاه کامل ---- ۶۸

۶-۱- روش های آماری چند متغیره ---- ۷۱

۲-۶- تجزیه کلاستر ---- ۷۲

۲- مواد و روش ها ---- ۷۴

۱-۲- جمع آوری نمونه های زنگ ---- ۷۴

۲-۲- تکثیر ---- ۷۴

۳-۲- جمع آوری و نگهداری نمونه ها ---- ۷۶

۴-۲- تعیین نژاد نمونه ها ---- ۸۴

۵-۲- بررسی مقاومت ---- ۸۶

۱-۵-۲- بررسی مقاومت گیاهچه ای ---- ۸۶

۲-۵-۲- بررسی مقاومت در شرایط مزرعه ای ---- ۸۶

۳- نتایج و بحث ---- ۸۹

۱-۳- مطالعات گلخانه ای ---- ۸۹

۱-۱-۳- تعیین نژاد با استفاده از ارقام افتراقی ---- ۸۹

۲-۱-۳- تعیین ویرولانس با استفاده از لاینهای ایزوژنیک زنگ زرد ---- ۹۳

۳-۱-۳- بررسی مقاومت گیاهچه ای ---- ۹۴

۴-۱-۳- تعیین احتمالی ژن های مقاومت گیاهچه ای ---- ۱۱۷

عنوان | صفحه

۲-۳- آزمایش های مزرعه ای ---------- ۱۲۳

۱-۲-۳- بررسی وضعیت ژنوتیپ های مقاومت گیاهچه ای و گیاه کامل ---------- ۱۲۳

۲-۲-۳- بررسی مقاومت در مرحله گیاه کامل ---------- ۱۲۵

۳-۳- نتایج تجزیه و تحلیل آماری ---------- ۱۲۸

۱-۳-۳- کاهش داده ها به روش تجزیه به مؤلفه های اصلی ---------- ۱۲۸

۲-۳-۳- تجزیه کلاستر ---------- ۱۴۶

۴- منابع مورد استفاده ---------- ۱۵۵

۱-۴- منابع فارسی ---------- ۱۵۵

۲-۴- منابع لاتین ---------- ۱۵۶

مقدمه

گندم معمولی *T. aestivum* L. em Thall در مناطق وسیعی از محدوده‌های شرایط آب و هوایی درسراسر جهان کشت می‌گردد و در واقع سازگارترین گیاه در بین گونه‌های مورد کشت و زرع غلات است. اغلب اراضی زراعی کره زمین به کشت گندم اختصاص یافته است. گندم مقام اول را از نظر تغذیه مستقیم انسان دارا است و تولید آن در بالاترین سطح نسبت به سایر محصولات کشاورزی بدست می‌آید(بریگل و کورتیس، ۱۹۸۷). تولید آن بین عرض‌های جغرافیایی ۳۰ و ۶۰ درجه شمالی و ۲۷ و ۳۰ درجه جنوبی متمرکز شده است(نوتونسون، ۱۹۵۵). گندم به دلیل ارزانی و فراوانی، در الگوی غذایی سه چهارم جمعیت جهان جایگاه مهمی دارد(بی نام، ۱۳۷۷). گندم دارای خواص پخت منحصربفردی است که مهمترین آن خاصیت کششی[1] گلوتن آن است میزان و کیفیت گلوتن تولید شده بوسیله هر ژنوتیپ[2] از اولین موارد تعیین کیفیت آرد است(بوشوک و راگلی، ۱۹۷۴).

برخلاف سایر غلات و دیگر محصولات، گلوتن می‌تواند باعث ورآمدن خمیر شده و طی تشکیل سلولهای کوچک گازی می‌تواند موجب حفظ دی‌اکسیدکربن تولید شده در طی فرآیند تخمیری مخمرها گردد(اینگلت، ۱۹۷۴؛ کوتون و پونته، ۱۹۷۴؛ بوشوک و رایگلی، ۱۹۷۴ و بریگل، ۱۹۸۰). نان تخمیری و غیر تخمیری غذای پایه انسان در طی طول تاریخ بوده‌اند و احتمالاً برای زمان‌های طولانی بعنوان غذای اساسی تولید شده از گندم استفاده شده‌اند. علاوه بر تغذیه مستقیم، گندم به شکل غیر مستقیم در مصرف دام و طیور و صنایع نقش بسزایی در زندگی انسانها ایفا نموده است(میلر، ۱۹۷۴ و ریتز، ۱۹۶۷).

براساس اطلاعات سازمان خواربار و کشاورزی جهانی، فائو[3]، در سال ۱۹۹۷ سطح زیرکشت گندم جهان ۲۲۸ میلیون و ۳۳۶ هزار هکتار بوده است که معادل ۱۶٪ از مجموع زمین‌های زیر کشت جهان است. براساس آخرین آمارگیری در سال زراعی ۷۶-۱۳۷۵ سطح زیر کشت گندم در ایران ۶ میلیون و ۲۲۹ هزار هکتار بوده است که سهمی برابر ۲/۸ درصد از کل اراضی زیر کشت گندم جهان را در بر می‌گیرد. اراضی زیر کشت گندم کشور در مجموع نیمی از اراضی زیر کشت زراعی کشور را شامل می‌شود. از کل اراضی زیر کشت گندم کشور، ۳۶ درصد را آبی و ۶۴ درصد را اراضی دیم تشکیل می‌دهند. براساس آخرین اطلاعات منتشر شده از سوی فائو، مقدار تولید گندم جهان در سال ۱۹۷۷ برابر ۶۰۱/۵ میلیون تن بوده است. تولید گندم ایران در سال زراعی ۷۶-۱۳۷۵ برابر ۱۰ میلیون تن بوده است که سهمی برابر ۱/۷ درصد از از کل تولید جهان را در بر دارد. در سال ۱۹۹۷، متوسط عملکرد گندم در سطح جهان، ۲۶۳۴ کیلوگرم در هکتار بوده است و در سال زراعی ۷۶-۱۳۷۵، عملکرد در هکتار گندم در ایران به طور متوسط ۱۵۹۵ کیلوگرم (آبی و دیم) در هکتار بوده که نسبت به متوسط جهانی ۶۰/۶ درصد است(بی نام ، ۱۳۷۷). وجود ارقام پر محصول و پاکوتاه با پتانسیل کودپذیری بالا و نیز توسعه کشت ارقام با ریخته ژنتیکی یکسان بعد از انقلاب سبز[4] در سطح جهان در کنار تبادل مواد ژنتیکی بین کشورهای مختلف باعث گردیده است که آفات و امراض گیاهی که از مهمترین عوامل جلوگیری کننده توسعه کشت و یا کاهش شدید محصول می‌باشند، هم سنگ با سایر عوامل موثر در افزایش عملکرد مورد توجه قرار گیرند. گندم‌های دوروم ونان مورد حمله تعداد زیادی از آفات وبیماری‌های گیاهی قرار می‌گیرند(هاچت و همکاران، ۱۹۸۷؛ شینر، ۱۹۸۷؛ ویز، ۱۹۸۷؛ زیلینسکی، ۱۹۸۳ و جونز و کلی‌فورد، ۱۹۸۳).

1-Elasticity 2- Genotype 3-FAO 4- Green revelution

بعضی از این عوامل بیماری‌زا [1] و آفات در محدوده وسیعی دیده می‌شوند و بعضی در مناطق محدودی ظاهر می‌گردند، بعضی خسارت بسیار شدیدی به محصول وارد می‌سازند و بعضی دارای خسارت کمتری هستند(مکینتاش، ۱۹۸۸). زنگ‌های غلات(زنگ زرد یا نواری[2]، قهوه‌ای یا برگی[3] و سیاه یا ساقه[4]) از مهمترین بیماری‌های گندم می‌باشند، که نه تنها از نظر میزان خسارت، پراکنش و نقش بارز آنها در تغییر سرنوشت ملت‌ها، بلکه از نظر پیچیدگی روابط فی مابین آنها با میزبان‌هایشان و بالاخص گندم، در شکل‌گیری و توسعه فعالیت علمی و تحقیقاتی نقش بسزایی داشته‌اند(مکینتاش و همکاران، ۱۹۹۵).

زنگ زرد گندم با عامل *Puccinia striiformis* Westend f.sp. *tritici* که از عوامل بیماری‌زای قارچی از راسته Uredinales و رده Basidiomycets می‌باشد در مناطق سرد و مرتفع مهمترین بیماری گندم است (مکینتاش، ۱۹۹۸).

این بیماری نسبت به زنگ سیاه و قهوه‌ای دارای درجه حرارت بهینه پائین‌تری جهت رشد و نمو می‌باشد(رولفز و همکاران، ۱۹۹۲). در صورت وجود شرایط محیطی مناسب و میزبان حساس خسارات هنگفتی در اثر همه جاگیر شدن[5] این بیماری حادث می‌شود. خسارت بیش از ۷۰ درصد برای این بیماری گزارش شده است(مکینتاش، ۱۹۹۵).

در ایران این بیماری مهمترین بیماری گندم می‌باشد که خصوصاً در سال‌های اخیر باعث خسارت هنگفتی گردیده است، کاهش محصول در اثراین بیماری در سال زراعی ۷۲-۱۳۷۱، حدود ۳۰ درصد محصول کل کشور گزارش شده است(ترابی و همکاران، ۱۹۹۵).

علیرغم موثر بودن سموم قارچ کش در کنترل این بیماری، در اکثر نقاط دنیا کاربرد سموم قارچ کش به دلیل هزینه اقتصادی کاربرد سموم و آلایندگی محیط زیست چندان ابزار مناسبی نبوده است. راهبردهای موثر استفاده از ارقام مقاوم در کنترل زنگ زرد گندم به دلیل وجود منابع مقاومت متنوع، سهولت در کاربرد و ایمنی در حفظ محیط زیست از گزند آلاینده‌های شیمیایی، مطمئن‌ترین و با صرفه‌ترین روش جلوگیری از خسارت این بیماری است.کاربرد مقاومت وراثت‌پذیر در مقابل این بیماری بر پایه دانش ژنتیک مقاومت در میزبان و ژنتیک بیماری‌زائی در عامل بیماری استوار است .

در این تحقیق ریخته ژنتیکی میزبان و کیفیت بیماریزایی چند نمونه از قارچ عامل بیماری بااستفاده از ارقام متمایز کننده نژادهای زنگ زرد گندم تعیین و با استفاده از آنها مقاومت تعدادی از ارقام ولاینهای پیشرفته گندم در مراحل گیاهچه‌ای و گیاه کامل مشخص گردیده است. تعیین ژنوتیپ ناشناخته مقاومت در این ارقام[6] با استفاده از نژادهای تعیین شده نمونه‌های مورد استفاده به کمک نظریه ژن برای ژن[7](فلور، ۱۹۴۲؛ ۱۹۴۶ و ۱۹۴۷) تا آنجا که طیف ویرولانس[8] نژادهای مورد استفاده اجازه داده است مورد بحث و تجزیه وتحلیل قرار گرفته است. وضعیت مقاومت ژنوتیپ‌های مورد استفاده در مرحله گیاه کامل نیز مورد مطالعه قرار گرفت . نتایج حاصل از این تحقیق در معرفی منابع مقاومت به جهت استفاده در برنامه‌های به‌نژادی ملی و منطقه‌ای، نحوه و میزان استفاده از ارقام تجاری موجود و تصمیم‌گیری در جهت معرفی لاینهای پیشرفته برنامه به‌نژادی و به منظور معرفی ارقام جدید قابل استناد می‌باشند.

1-Pathogen 2- Yellow or stripe rust 3- Brown or leaf rust 4- Black or stem rust 5- Epiphytotic
6- Gene postulation 7- Gene-for-Gene hypothesis 8- Virulence spectrum

۱-بررسی منابع

۱-۱-میزبان(گندم)

۱-۱-۱-تاریخچه

واژه گندم عموماً به گونه‌هایی از جنس *Triticum* از تیره Graminea=Poacea اتلاق می‌شود که مورد کشت و زرع قرار می‌گیرند. جنس *Triticum* جنس پیچیده‌ای است که شامل گروه‌های دیپلوئید[1]، تتراپلوئید[2] و هگزاپلوئید[3] می‌باشد. اگر چه گونه‌های متعددی از این جنس طی سال‌های متمادی مورد کشت و کار قرار گرفته‌اند، اما در حال حاضر کشت آن اغلب منحصر به گندم‌های تتراپلوئید دوروم (*T. turgidum* L.) و یا گندم‌های هگزاپلوئید معمولی یا گندم نان (*T. aestivum*) شده است(نات، ۱۹۸۹).

گفته می‌شود که موطن اولیه گندم‌های گروه Monococcum که دیپلوئید نامیده می‌شوند، در آسیای صغیر بوده است و گندم‌های گروه Dicoccoides که تتراپلوئید هستند در جنوب غربی آسیا(ایران، عراق، سوریه و فلسطین)، جمهوری عربی مصر و اتیوپی می‌باشد. قدیمی‌ترین گندم کشف شده، از این نوع بوده که ضمن حفاری در اطراف رودخانه نیل بدست آمده است و مربوط به ۴۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح می‌باشد. یکی از باستان شناسان به نام شوین فورث[4] گندمهای مومیایی شده از نوع Dicoccoides را در اطراف این رودخانه کشف کرده است. به این دلیل حدس زده می‌شود که گندم‌های زراعی لخت این گروه مثل *T. durum* و یا *T. turgidum* از زمان‌های بسیار قدیم در شمال و شمال شرقی آفریقا(جمهوری عربی مصر و اتیوپی)، شمال غربی ایران و همچنین شمال هندوستان کاشته می‌شده‌اند.به عقیده تاریخ نویس معروف چینی زی‌ماتین[5] از ۲۷۳۷ سال قبل از میلاد مسیح در چین این قبیل گندم‌ها به عمل می‌آمده‌اند. همچنین از زمان‌های گذشته در کشورهای یونان باستان و روم قدیم این گونه گندم‌های لخت کاشته می‌شده‌اند. باستان شناسان شوروی سابق بعضی از انواع گندم‌های لخت این گروه را در جمهوری آذربایجان کشف کرده‌اند که مربوط به ۳۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح بوده است.

مبدأ اصلی گندم‌های زراعی پوشینه دار گروه Speltoides بطور دقیق معلوم نیست، ولی به گفته هرودوت[6] و پلینیوس[7] این نوع گندم‌ها به خصوص *T. spelta* از زمان‌های بسیار قدیم در جمهوری عربی مصرکاشته شده است. تئوفراست[8] (وفات ۲۸۶ سال قبل از میلاد مسیح) در کتاب خود به نام تاریخ گیاهان از گندم‌های گونه *T. spelta* چنین یاد کرده است:

> "از گندم‌ها، یولاف‌ها و جوها گندم *T. spelta* قادر است به خوبی در زمین رشد و نمو نماید و دارای ریشه و ساقه‌های قوی بشود "

مبدأ اصلی گندم‌های زراعی لخت گروه Speltoides جنوب و جنوب غربی آسیا است و نیز در حفاری هایی که در اروپا انجام گرفته است انواع *T. compactum* بدست آمده است که مربوط به ۲۵۰۰ تا ۳۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح بوده است. علاوه بر این در بعضی از کشورهای اروپایی مثل مجارستان، شمال ایتالیا، جنوب آلمان، چکسلواکی و جنوب فرانسه گندم‌هایی از انواع *T. vulgare* و *T. compactum* بدست آمده‌اند که مربوط به ۱۰۰۰ تا ۲۰۰۰ سال قبل از میلاد مسیح بوده‌اند.

1- Diploid 2- Tetraploid 3- Hexaploid 4- Schwein Forth 5- Sze Matien 6- Herodotus 7- Plinius 8- Theopherastus

۲-۱-۱- مبدأ و سیر تکاملی

گندم (*T. aestivum* L.) ترکیبی از گونه‌های آلوهگزاپلوئید[1] با ژنوم AABBDD و دارای ۴۲ کروموزم است که در اثر دورگ بین گندم‌های امر[2] زراعی (*T. turgidum*) با ژنوم AABB و تعداد کروموزوم ۲۸ و گونه‌ای ازگرامینه‌های وحشی (*T. tauchii*) با ژنوم DD و تعداد کروموزم ۱۴ حاصل شده‌است(مکینتاش و همکاران، ۱۹۹۵).

ساکامورا(۱۹۱۸) نشان داد که انواع گندم در سه گروه با تعداد کروموزم های ۱۴، ۲۸ و ۴۲ قرار دارند. بنابر این عدد پایه کروموزمی و تعداد کروموزم‌های موجود در یک ژنوم ۷ می‌باشد. متعاقب تحقیقات ساکامورا، کیهارا(۱۹۱۹ و ۱۹۲۴) تحقیقات بسیار گسترده‌ای را بر روی گندم و خویشاوندان نزدیک آن با استفاده از تجزیه و تحلیل ژنومی[3] آغاز کرد. ساکس(۱۹۲۲) نیز خصوصیات سیتولوژیکی حاصل از تلاقی‌های بین سه گروه کروموزمی(۱۴، ۲۸و ۴۲ کروموزومی) را مورد مطالعه قرار داد.

ژنوم‌های A در سه گونه بالا طی نسل‌های متمادی جدا شده‌اند. این تمایز که ممکن است همراه با جابجایی کروموزمی نیز باشد بدون شک به وقوع پیوسته است. در تلاقی بین گندم‌های اینکورن[4] و دوروم کمتراز ۷ جفت کروموزم ممکن است بوجود آید و یا در نتیجه جابجایی کروموزمی حالت ۴ برابری کروموزمی حاصل شود. پس از دوره‌های متمادی تکاملی، ژنوم‌های مشترک در گونه‌های مختلف در سطوح مختلفی از تنوع می‌توانند وجود داشته باشند. با این وجود، تجزیه و تحلیل ژنومی در شناسایی ارتباط بین ژنوم‌ها در گونه‌های *Triticum*های زراعی مطابق شکل ۱-۱ تکامل پیداکرده‌اند.

T. monococcum x گونه ناشناس

(2n= ۱۴، AA) ⇓ (2n= ۱۴، BB)

T. turgidum x *T. tauchii*

(2n= ۲۸، AABB) (2n= ۱۴، DD)

T. aestivum

(2n= ۴۲، AABB)

شکل ۱-۱- مبدأ تکاملی گندم دوروم(*Triticum turgudum*) و گندم نان(*T. aestivum*)

دراین سیر تکاملی دهنده ژنومD ، گونه *Aegilops squarrosa* (درحال حاضر اغلب *T. tauchii* نامیده می‌شود) بوده است. گونه دهنده ژنوم B هنوز مشخص نشده است، هرچند که حدس زده می‌شود گونه‌ای از گروه *Sitopsis* (که اغلب در حال حاضر در جنس *Triticum* جای داده می‌شوند) دهنده این ژنوم باشند(کربای و کاسپیرا، ۱۹۸۷؛ میلر، ۱۹۸۷ و مکینتاش و همکاران، ۱۹۹۵).

1-Allohexaploid wheat 2- Emmer wheat 3- Genomic analysis 4- Einkorn

۳-۱-۱- طبقه بندی گندم

اصولاً جنس *Triticum* گونه‌هایی را شامل می‌شود که دارای ژنوم A باشند. هر یک از سه سطح پلوئیدی[1] مقدمتاً براساس خصوصیات ظاهری در دو یا چند گونه (جدول ۱-۱) قرار داده شده‌اند(مکینتاش و همکاران، ۱۹۹۵ و نات، ۱۹۸۹).

جدول ۱-۱- اسامی گونه‌ها، فرمول ژنوم و هم نام‌های جنس *Triticum* و خویشاوندان نزدیک به آن

گونه	ژنوم	هم نام ها
1- DIPLIODS		
Triticum monococcum L.	AA	*T. boeticum* Bioss
Triticum comosum (Sibth. & Sm.) Richter	MM	*Aegilops comosa* Sibth. & Sm.
Triticum speltoides (Tauch) Gren ex Richter	SS	*Ae. speltoides* Tausch
Triticum tauchii (Coss.) Schal.	DD	*Ae. squarosa* L.
Triticum umbellulatum (Zhuk.) Bowden	UU	*Ae. umbellulatum* Zhuk.
Secalea cereale L.	RR	
2- TETRAPLOID		
Triticum turgidum L.	AABB	*T. dicoccoides* Körn *T. dicoccum* Schronk *T. durum* Desf.
Triticum timopheevii (Zhuk.)	AAGG	*T. timopheevi* Zhuk. *T. araraticum* Jakubz.
Triticum ventricosum Ces.	DDUnUn	*Ae. ventricos* Tausch
3-HEXAPLOIDS		
Triticum aestivun L.	AABBDD	*T. macha* Dek. & Men. *T. spelta* L. *T. vulgare* Host
Tinipyrum intermedium (em Thell. Host)	E1E1E2E2 XX	*Agropyrum intermedium*
4-DECAPLOID		
Tinopyrum pontium		*Agropyrum elongatum*
Lophopyrum pontium (Podp.) Löve		*Lophopyrum pontium* (Podp.) Löve

1- Ploidy level