



University of Guilan
Faculty of Agricultural Sciences

Cereal Research

Vol. 15, No. 1, Spring 2025 (65-84)

doi: 10.22124/CR.2025.29811.1853

pISSN: 2252-0163 eISSN: 2538-6115



RESEARCH PAPER

OPEN ACCESS

Evaluation of barley landraces for resistance to leaf rust disease (*Puccinia hordei*)

Mehdi Zahravi^{1*} and Shariyar Kia²

1. Research Assistant Professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran (* Corresponding author: mzahravi@spii.ir)
2. Research Assistant Professor, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Gorgan, Iran

Comprehensive abstract

Introduction

Leaf rust caused by the fungal pathogen *Puccinia hordei*, is a major disease in barley that can cause significant damage to barley yield and quality. The use of genetic resistance is the most sustainable strategy for controlling this disease. Genetic resistance to barley leaf rust is divided into two general categories: Seedling resistance or all-stage resistance (ASR) and adult plant resistance (APR). Due to the dynamics of the pathogen population, most ASR genes have become ineffective, and there is limited diversity in APR genes. This highlights the importance of searching and identifying new sources of resistance to this disease. Local genetic resources (landraces) of barley are considered a rich source of disease resistance genes. In this regard, the present study was conducted to screen local germplasm in the barley collection of the National Plant Gene Bank of Iran and to find sources of resistance to barley leaf rust disease.

Materials and methods

A total of 220 accessions from the barley collection of the National Plant Gene Bank of Iran, originating from different regions of the country, were evaluated under natural infection conditions for three consecutive cropping years from 2021-2022 to 2023-2024 in the field of Iraqi-Mahalleh Research Station of Gorgan as the hotspot of leaf rust disease. To determine the resistance of barley accessions, infection type, disease severity, and infection coefficient were evaluated. The relationship between resistance components was examined through correlation analysis. A significant difference in the variance of the infection coefficient was observed among the ten defined groups. The studied accessions were separated in a biplot based on their resistance rank and stability of response rank. Classification of the accessions based on the infection coefficient and stability of resistance response was performed using K-means clustering with K set to 5. The resulting clusters were distinguished from one another in a multidimensional scaling (MDS) plot. All statistical analyses and visualizations were conducted using custom scripts in R software, version 4.3.2, within the RStudio environment, version 2023.9.1.494.

Research findings

The results of the frequency of infection type in the studied germplasm showed that in the first year, seven accessions (3.18%) showed infection type O (immunity reaction), six accessions (2.73%) showed infection type R (resistance), and 11 accessions (5%) showed infection type MR (moderate resistance). In the second year, 22 accessions (10%) had an immunity reaction and 10 (4.55%) and 22 (10%) accessions had infection types R and MR, respectively. In the third year, three (1.36%) and eight (3.46%) accessions showed infection types R and MR, respectively. The average disease severity in the third year was significantly higher than in the first and second years. The accessions located at



the two extreme limits of the coefficient of infection had more stable reactions than the accessions with an intermediate coefficient of infection. The studied germplasm were differentiated into five groups based on the amount and changes in resistance reaction, and the results of statistical analyzes confirmed their proper separation and differentiation.

Conclusion

The results of different methods of data analysis of the research showed evidence of changes in pathogenicity in different years, which indicates the dynamics of the pathogen population in this disease hotspot and the need for continuous search to identify sources with effective resistance. The accessions KC18607, KC70044, KC18653, KC20636, KC19610, KC20924, KC18761, KC18394, KC20560, KC70441 and KC20806 showed stable resistance. Identifying resistant accessions in these landraces indicates their valuable capacity as sources of resistance to leaf rust disease. This resistant germplasm can be used in breeding programs as well as in genetic studies to identify resistance genes and develop markers.

Keywords: Accession, Barley collection, Brown rust, Gene bank, Genetic resources, Landraces

Received: February 8, 2025

Accepted: June 8, 2025

Cite this article:

Zahravi, M., & Kia, Sh. (2025). Evaluation of barley landraces for resistance to leaf rust disease (*Puccinia hordei*). *Cereal Research*, 15(1), 65-84. doi: [10.22124/CR.2025.29811.1853](https://doi.org/10.22124/CR.2025.29811.1853).

ارزیابی ژرم پلاسما بومی جو برای مقاومت به بیماری زنگ برگ (*Puccinia hordei*)مهدی زهراوی^{۱*} و شهریار کیا^۲

۱- استادیار پژوهش، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

* نویسنده مسئول: mzahravi@spii.ir

۲- استادیار پژوهش، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران

چکیده جامع

مقدمه: زنگ برگ با عامل قارچی *Puccinia hordei* یکی از بیماری‌های مهم جو است که می‌تواند سبب خسارت زیادی به عملکرد و کیفیت جو شود. استفاده از مقاومت ژنتیکی پایدارترین راهبرد کنترل این بیماری است. مقاومت ژنتیکی به زنگ برگ جو به دو دسته کلی شامل مقاومت در مرحله رشد گیاهچه یا مقاومت در همه مراحل رشدی (ASR) و مقاومت در مرحله رشدی گیاه بالغ (APR) تقسیم می‌شود. به دلیل پویایی جمعیت بیمارگر، بیش‌تر ژن‌های ASR بی‌اثر شده‌اند و در مورد ژن‌های APR نیز تنوع محدودی وجود دارد. این موضوع، بیانگر اهمیت جستجو و شناسایی منابع جدید مقاومت برای این بیماری را نشان می‌دهد. ذخایر ژنتیکی بومی جو به‌عنوان منبع غنی از ژن‌های مقاومت به بیماری‌ها محسوب می‌شود. در این راستا تحقیق حاضر به‌منظور غربال ژرم پلاسما بومی کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران و با هدف یافتن منابع مقاومت به بیماری زنگ برگ جو انجام شد.

مواد و روش‌ها: تعداد ۲۲۰ نمونه ژنتیکی از کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران با منشأ مناطق مختلف کشور طی سه سال زراعی متوالی (۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲) در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان به‌عنوان کانون بیماری زنگ برگ جو در شرایط آلودگی طبیعی مزرعه‌ای ارزیابی شدند. به‌منظور ارزیابی مقاومت ژنوتیپ‌ها، از صفات تیپ آلودگی، شدت بیماری و ضریب آلودگی استفاده شد. ارتباط بین اجزای مقاومت با محاسبه ضریب همبستگی بررسی شد. تفاوت معنی‌دار واریانس ضریب آلودگی در گروه‌های ده‌گانه مورد بررسی قرار گرفت. نمونه‌های ژنتیکی در نمودار دوطرفه مبتنی بر رتبه مقاومت و رتبه پایداری واکنش تفکیک شدند. نمونه‌های ژنتیکی بر اساس ضریب آلودگی و پایداری واکنش مقاومت با استفاده از تجزیه خوشه‌ای به‌روش K-means و با در نظر گرفتن تعداد پنج خوشه اولیه ($K=5$) گروه‌بندی و سپس گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس نمودار مبتنی بر مقیاس‌بندی چندبعدی از یکدیگر تفکیک شدند. تجزیه و تحلیل‌های آماری و رسم نمودارها با کدنویسی در نرم‌افزار R نسخه ۴،۳،۲ تحت محیط R-studio نسخه ۲۰۲۳،۹،۱،۴۹۴ انجام شد.

یافته‌های تحقیق: نتایج بررسی فراوانی تیپ آلودگی در ژرم پلاسما جو مورد ارزیابی نشان داد که در سال اول، تعداد هفت نمونه (۳/۱۸ درصد) تیپ آلودگی O (واکنش مصنوعیت)، شش نمونه (۲/۷۳ درصد) تیپ آلودگی R (مقاومت)، و ۱۱ نمونه (پنج درصد) تیپ آلودگی MR (نسبتاً مقاوم) نشان دادند. در سال دوم، تعداد ۲۲ نمونه (۱۰ درصد) واکنش مصنوعیت و تعداد ۱۰ (۴/۵۵ درصد) و ۲۲ (۱۰ درصد) نمونه به‌ترتیب دارای تیپ آلودگی R و MR بودند. در سال سوم نیز سه (۱/۳۶ درصد) و هشت (۳/۴۶ درصد) نمونه به‌ترتیب تیپ آلودگی R و MR را نشان دادند. میانگین شدت بیماری در سال سوم به‌طور قابل

توجهی نسبت به سال‌های اول و دوم افزایش یافت. نمونه‌های ژنتیکی واقع در دو حد نهایی ضریب آلودگی، از ثبات واکنش بیش‌تری نسبت به نمونه‌های ژنتیکی با ضریب آلودگی بینابینی برخوردار بودند. نمونه‌های ژنتیکی بر اساس میزان و تغییرات واکنش مقاومت به پنج گروه متمایز تفکیک شدند و نتایج تجزیه‌های آماری، تفکیک و تمایز مناسب آن‌ها را تأیید کرد.

نتیجه‌گیری: نتایج حاصل از روش‌های مختلف تجزیه و تحلیل آماری داده‌های تحقیق، شواهدی از تغییر بیماری‌زایی را طی سال‌های مختلف نشان داد. این موضوع نشان‌دهنده پویایی جمعیت بیمارگر در این کانون آلودگی و لزوم جستجوی مستمر برای شناسایی منابع دارای مقاومت مؤثر است. نمونه‌های ژنتیکی KC18607، KC70044، KC18653، KC20636، KC19610، KC20924، KC18761، KC18394، KC20560، KC70441 و KC20806 مقاومت پایداری را نشان دادند. شناسایی نمونه‌های ژنتیکی مقاوم در ژرمپلاسما بومی بیانگر ظرفیت ارزشمند آن‌ها به‌عنوان منابع مقاومت به بیماری زنگ برگ بود. از این ژرمپلاسما مقاوم می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی و همچنین در مطالعات ژنتیکی برای شناسایی ژن‌های مقاومت به بیماری و توسعه نشانگرهای مولکولی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: بانک ژن، ذخایر ژنتیکی، زنگ قهوه‌ای، کلکسیون جو، نژادهای بومی، نمونه ژنتیکی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۱۱/۲۰

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۳/۱۸

نحوه استناد به این مقاله:

زهرای، مهدی، و کیا، شهریار. (۱۴۰۴). ارزیابی ژرمپلاسما بومی جو برای مقاومت به بیماری زنگ برگ (*Puccinia hordei*). تحقیقات غلات، ۱۵(۱)، ۸۴-۶۵. doi: [10.22124/CR.2025.29811.1853](https://doi.org/10.22124/CR.2025.29811.1853)

مقدمه

جو چهارمین غله مهم جهان است که عمدتاً در تولید مالت و به عنوان خوراک برای دام و غذای انسان استفاده می‌شود. با افزایش اثرات تغییرات آب و هوایی، اهمیت جو به دلیل توانایی آن در تولید محصول در محیط‌های حاشیه‌ای، افزایش یافته است. با این حال، بیماری‌های برگ که باعث کاهش عملکرد، کیفیت دانه و سودآوری می‌شوند، نگران‌کننده هستند (Arifuzzaman et al., 2023). زنگ برگ (یا زنگ قهوه‌ای) جو که توسط قارچ *Puccinia hordei* (Biotrophic) و یکی از بیماری‌های مهم در جو است که منجر به کاهش عملکرد از ۱۵ تا ۲۵ درصد (Whelan et al., 1997) و حتی تا ۶۲ درصد (Park et al., 2015) می‌شود. علائم ظاهری این بیماری به صورت زخم‌های زرد رنگ (Clorotic) کوچک تا جوش‌های نارنجی-قهوه‌ای بزرگ، به اندازه حدود ۰/۵ میلی‌متر متغیر است که اغلب توسط مناطق سبز برگ احاطه شده‌اند (Clifford, 1985). این قارچ عمدتاً به صورت غیرجنسی گسترش می‌یابد، اما در حضور یک میزبان جایگزین (گونه‌های *Ornithogalum*) می‌تواند تحت نوترکیبی جنسی قرار گیرد و منجر به ظهور انواع پاتوتیپ‌های قارچی جدید شود (Jost et al., 2020; Danilova & Volkova, 2022). روش‌های کنترل زنگ برگ جو شامل اقدامات زراعی، سموم شیمیایی و استفاده از رقم‌های مقاوم است. در میان این روش‌ها، مقاومت ژنتیکی، اقتصادی‌ترین، دوست‌دار محیط زیست و پایدارترین راهبرد است (Park, 2008).

مقاومت ژنتیکی به زنگ برگ جو بر اساس مرحله رشد گیاه، به طور کلی به دو دسته، شامل مقاومت در مرحله گیاهچه یا مقاومت در همه مراحل رشدی (ASR; All Stage Resistance) و مقاومت در مرحله رشدی گیاه بالغ (APR; Adult Plant Resistance) تقسیم می‌شود. ژن‌های ASR به راحتی در گلخانه قابل بررسی هستند و به صورت متداول در برنامه‌های به‌نژادی گنجانده می‌شوند، اما به دلیل اینکه معمولاً توسط ژن‌های اصلی منفرد کنترل می‌شوند که مختص نژاد هستند، دوام کم‌تری دارند (Derevnina et al., 2013). تا به امروز، ۲۵ ژن ASR برای مقاومت در برابر *P. hordei* نقشه‌یابی

و فهرست شده‌اند که شامل *Rph1* تا *Rph19*، *Rph21*، *Rph22* و *Rph25* تا *Rph28* می‌باشند، با این حال بیش‌تر این ژن‌ها با تکامل پاتوتیپ‌های جدید *P. hordei* بی‌اثر شده‌اند (Ziems et al., 2023). مقاومت در مرحله گیاه بالغ (APR) فقط در مرحله رشدی گیاه بالغ ظاهر می‌شود و اغلب غیر وابسته به نژاد بیمارگر و بادوام است (Singh et al., 2018). تا به امروز، سه ژن APR شامل *Rph20* (Hickey et al., 2011)، *Rph23* (Singh et al., 2015) و *Rph24* (Ziems et al., 2017)، گزارش و ثابت شده است که مقاومت پایداری را در برابر زنگ برگ جو ایجاد می‌کنند. بی‌اثر شدن بیش‌تر ژن‌های ASR و تنوع محدود ژن‌های APR برای مقاومت در برابر *P. hordei*، اهمیت جستجو و شناسایی منابع جدید مقاومت را برای تنوع بخشیدن به مقاومت موجود برجسته می‌کند (Ziems et al., 2023). تجمع منابع متعدد و متنوع مقاومت در رقم‌های جدید برای مقابله با تکامل مداوم پاتوتیپ‌های جدید و بیماری‌زا در جمعیت عامل بیماری، بهترین رویکرد برای دستیابی به مقاومت پایدار در نظر گرفته می‌شود (Singh et al., 2015). این جستجو در مجموعه‌هایی از ژرم پلاسما جو انجام می‌شود که تحت عنوان کلکسیون‌های مختلف در بانک‌های ژن نگهداری می‌شوند (Czembor, 2023).

ضرورت حفظ و استفاده از منابع ژنتیکی گیاهان در گونه‌های مختلف محصولات زراعی از جمله جو، به خوبی شناخته شده است. مجموعه‌های بزرگ منابع ژنتیکی گیاهی برای بیش‌تر گیاهان زراعی در قالب مجموعه‌های ژرم پلاسما (به اصطلاح بانک‌های ژن یا بانک‌های بذری) در سراسر جهان نگهداری می‌شوند. در حال حاضر، در حدود ۱۸۰۰ بانک ژن با حدود ۷/۴ میلیون نمونه ذخیره شده در سطح جهانی وجود دارد (Milner et al., 2019). حتی برای یک گونه واحد، نمونه‌های بانک‌های ژن تحت عنوان نمونه‌های ژنتیکی (Accession) می‌تواند به ده‌ها هزار برسد. در این راستا، مجموعه‌های گسترده‌ای از ژرم پلاسما جو در ۱۰۰ سال گذشته ایجاد و در بانک‌های ژن مختلف در سراسر جهان نگهداری می‌شوند (Mehnaz et al., 2021). این مجموعه‌ها، تنوع ژنتیکی عظیمی را برای مقاومت در برابر بیماری‌ها و آفات مختلف، از جمله بیماری زنگ برگ جو، در خود جای داده‌اند. برای استفاده مؤثر از ژن‌های مقاومت به زنگ برگ جو در این منابع ژنتیکی، انجام

یک ردیف از رقم افضل به عنوان پخش کننده بیماری (Disease spreader) کشت شد. ارزیابی مقاومت زمانی انجام شد که برگ پرچم رقم حساس افضل به میزان ۸۰ الی ۱۰۰ درصد آلوده شده بود.

برای ارزیابی مقاومت نمونه های مورد مطالعه، دو جزء مقاومت، شامل تیپ آلودگی و شدت بیماری اندازه گیری شد. ارزیابی تیپ آلودگی طبق روش رولفز و همکاران (Roelfs et al., 1992) بر اساس مقیاس مصون (O)، مقاوم (R)، نیمه مقاوم (MR)، حدواسط (M)، نیمه حساس (MS) و حساس (S) و ارزیابی شدت بیماری بر اساس مقیاس اصلاح شده کاب (Peterson et al., 1948) انجام شد. برای انجام تجزیه های آماری مقادیر تیپ آلودگی به ضرایب کمی تبدیل شد، بدین ترتیب که برای گروه های مصون، مقاوم، نیمه مقاوم، حدواسط، نیمه حساس و حساس به ترتیب مقادیر صفر، ۰/۲، ۰/۴، ۰/۶، ۰/۸ و ۱ لحاظ شد. همچنین مقادیر شدت بیماری از صفر تا ۱۰۰ درصد به ضرایب صفر تا یک تبدیل شدند. سپس ضریب آلودگی از حاصل ضرب دو مقدار تبدیل شده فوق (تیپ آلودگی و شدت بیماری) به دست آمد که در این حالت دارای دامنه ای از صفر (تیپ آلودگی مصون و شدت بیماری صفر درصد) تا یک (تیپ آلودگی حساس و شدت بیماری ۱۰۰ درصد) خواهد بود. فراوانی تیپ آلودگی در مواد ژنتیکی طی سال های مختلف مورد بررسی قرار گرفت. آماره های توصیفی برای شدت بیماری و ضریب آلودگی شامل حداقل، حداکثر، دامنه تغییرات، میانگین، انحراف معیار، چولگی و کشیدگی محاسبه شد. ارتباط بین شدت بیماری و تیپ آلودگی در سال های مختلف با محاسبه ضریب همبستگی اسپیرمن بین این دو جزء مقاومت مورد بررسی قرار گرفت. برای بررسی ثبات واکنش مقاومت نمونه های ژنتیکی در سال های مختلف، شاخص لین و بینز (Lin & Binns, 1988) بر اساس ضریب آلودگی با استفاده از رابطه (۱) محاسبه شد و سپس توزیع فراوانی آن در جمعیت مورد بررسی قرار گرفت:

$$P_i = \frac{1}{2n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - M_j)^2 \quad (1)$$

در این رابطه، P_i مقدار شاخص پایداری برای ژنوتیپ i ام، n تعداد محیط ها (در اینجا، سال)، Y_{ij} ضریب آلودگی ژنوتیپ i ام در سال j ام، M_j حداقل ضریب آلودگی مشاهده شده در بین تمامی ژنوتیپ ها در سال j ام است.

غربالگری دقیق فنوتیپی و ارزیابی ژرم پلاسما برای پاسخ به بیماری مهم است (Visoni et al., 2023). کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران یکی از مجموعه های غنی و متنوع ژرم پلاسما جو است و تحقیقات گذشته نشان دهنده ظرفیت و ارزش این مواد ژنتیکی به عنوان منابع تحمل به تنش های محیطی و بیماری ها، از جمله بیماری زنگ برگی جو است (Zahravi & Dehghan, 2018; Zahravi et al., 2021). هدف از اجرای این تحقیق نیز جستجو در بخشی از این ژرم پلاسما برای شناسایی نمونه های ژنتیکی بومی جو مقاوم به بیماری زنگ برگی بود.

مواد و روش ها

در این تحقیق، ۲۲۰ نمونه ژنتیکی از کلکسیون جو بانک ژن گیاهی ملی ایران برای مقاومت به زنگ برگی مورد ارزیابی قرار گرفتند. نمونه های مذکور شامل نژادهای بومی (Landrace) جو زراعی بودند که قبلاً از سراسر کشور جمع آوری شده و با اختصاص یک کد دسترسی در بانک ژن نگهداری می شدند. این مواد ژنتیکی شامل ۵۳ نمونه ژنتیکی از آذربایجان غربی، ۶۴ نمونه ژنتیکی از آذربایجان شرقی، شش نمونه ژنتیکی از بوشهر، سه نمونه ژنتیکی از اصفهان، پنج نمونه ژنتیکی از فارس، چهار نمونه ژنتیکی از ایلام، هفت نمونه ژنتیکی از کرمان، دو نمونه ژنتیکی از خراسان جنوبی، شش نمونه ژنتیکی از خراسان رضوی، ۲۷ نمونه ژنتیکی از خراسان شمالی، ۲۳ نمونه ژنتیکی از خوزستان، دو نمونه ژنتیکی از لرستان، دو نمونه ژنتیکی از استان مرکزی، دو نمونه ژنتیکی از سیستان و بلوچستان و ۱۴ نمونه ژنتیکی از یزد بودند (جدول ۱). نمونه های ژنتیکی مذکور در سه سال زراعی متوالی ۱۴۰۱-۱۴۰۲، ۱۴۰۲-۱۴۰۳ و ۱۴۰۳-۱۴۰۴ در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان، به عنوان کانون بیماری زنگ برگ جو (Zahravi et al., 2021)، در شرایط آلودگی طبیعی مزرعه ای ارزیابی شدند. بدین منظور نمونه های ژنتیکی در ردیف هایی به طول یک متر و فاصله ۳۰ سانتی متر بین ردیف ها در قالب طرح مشاهده ای کشت شدند. علاوه بر مواد ژنتیکی مذکور، سه رقم ماکویی، بهمن و بهرخ به عنوان رقم های شاهد مقاوم تا نیمه مقاوم و رقم افضل به عنوان شاهد حساس نیز همراه با سایر نمونه ها کشت شدند. همچنین به ازای هر ده ردیف از مواد ژنتیکی،

جدول ۱- نمونه‌های ژنتیکی جو بومی بانک ژن گیاهی ملی ایران جهت ارزیابی مقاومت به بیماری زنگ برگی در این مطالعه

Table 1. Local barley accessions of the National Plant Gene Bank of Iran evaluated for resistance to leaf rust disease in this study

No.	Accession	Origin	No.	Accession	Origin
1	KC18030	West Azarbaijan	56	KC19610	Fars
2	KC18031	West Azarbaijan	57	KC19613	Fars
3	KC18032	West Azarbaijan	58	KC20019	Yazd
4	KC18033	West Azarbaijan	59	KC20037	Bushehr
5	KC18034	West Azarbaijan	60	KC20137	Bushehr
6	KC18035	West Azarbaijan	61	KC20142	Bushehr
7	KC18040	Yazd	62	KC20143	Bushehr
8	KC18042	Yazd	63	KC20150	West Azarbaijan
9	KC18394	Khuzestan	64	KC20155	Bushehr
10	KC18396	Yazd	65	KC20160	Bushehr
11	KC18410	Kerman	66	KC20177	East Azarbaijan
12	KC18411	West Azarbaijan	67	KC20178	East Azarbaijan
13	KC18412	West Azarbaijan	68	KC20179	East Azarbaijan
14	KC18414	Kerman	69	KC20181	East Azarbaijan
15	KC18415	West Azarbaijan	70	KC20182	East Azarbaijan
16	KC18429	East Azarbaijan	71	KC20183	East Azarbaijan
17	KC18458	Yazd	72	KC20184	East Azarbaijan
18	KC18501	North Khorasan	73	KC20185	East Azarbaijan
19	KC18504	North Khorasan	74	KC20186	East Azarbaijan
20	KC18505	North Khorasan	75	KC20187	East Azarbaijan
21	KC18506	North Khorasan	76	KC20188	East Azarbaijan
22	KC18509	North Khorasan	77	KC20189	East Azarbaijan
23	KC18513	Yazd	78	KC20190	East Azarbaijan
24	KC18514	Yazd	79	KC20191	East Azarbaijan
25	KC18515	Yazd	80	KC20192	East Azarbaijan
26	KC18517	Yazd	81	KC20193	East Azarbaijan
27	KC18543	North Khorasan	82	KC20194	East Azarbaijan
28	KC18544	North Khorasan	83	KC20195	East Azarbaijan
29	KC18555	Yazd	84	KC20196	East Azarbaijan
30	KC18603	West Azarbaijan	85	KC20197	East Azarbaijan
31	KC18604	West Azarbaijan	86	KC20198	East Azarbaijan
32	KC18605	West Azarbaijan	87	KC20199	East Azarbaijan
33	KC18607	Ilam	88	KC20200	East Azarbaijan
34	KC18608	Ilam	89	KC20203	East Azarbaijan
35	KC18631	South Khorasan	90	KC20204	East Azarbaijan
36	KC18652	West Azarbaijan	91	KC20205	East Azarbaijan
37	KC18653	West Azarbaijan	92	KC20206	East Azarbaijan
38	KC18654	West Azarbaijan	93	KC20210	East Azarbaijan
39	KC18655	West Azarbaijan	94	KC20212	East Azarbaijan
40	KC18656	West Azarbaijan	95	KC20213	East Azarbaijan
41	KC18657	West Azarbaijan	96	KC20215	East Azarbaijan
42	KC18723	Lorestan	97	KC20216	East Azarbaijan
43	KC18725	West Azarbaijan	98	KC20218	East Azarbaijan
44	KC18726	West Azarbaijan	99	KC20219	East Azarbaijan
45	KC18734	Kerman	100	KC20220	East Azarbaijan
46	KC18739	Kerman	101	KC20221	East Azarbaijan
47	KC18743	Kerman	102	KC20222	East Azarbaijan
48	KC18746	Kerman	103	KC20224	East Azarbaijan
49	KC18759	Khorasan razavi	104	KC20225	East Azarbaijan
50	KC18761	South Khorasan	105	KC20227	East Azarbaijan
51	KC18771	Khorasan razavi	106	KC20228	East Azarbaijan
52	KC18774	Khorasan razavi	107	KC20238	West Azarbaijan
53	KC18913	Fars	108	KC20239	West Azarbaijan
54	KC19013	Fars	109	KC20240	West Azarbaijan
55	KC19593	Fars	110	KC20395	Yazd

Table 1. Continued

جدول ۱- ادامه

No.	Accession	Origin	No.	Accession	Origin
111	KC20410	Yazd	166	KC70068	Ilam
112	KC20411	Yazd	167	KC70102	West Azarbaijan
113	KC20418	Yazd	168	KC70103	West Azarbaijan
114	KC20455	West Azarbaijan	169	KC70104	West Azarbaijan
115	KC20456	West Azarbaijan	170	KC70105	West Azarbaijan
116	KC20457	West Azarbaijan	171	KC70106	West Azarbaijan
117	KC20458	West Azarbaijan	172	KC70107	West Azarbaijan
118	KC20551	East Azarbaijan	173	KC70108	West Azarbaijan
119	KC20558	East Azarbaijan	174	KC70109	West Azarbaijan
120	KC20559	East Azarbaijan	175	KC70110	West Azarbaijan
121	KC20560	East Azarbaijan	176	KC70111	West Azarbaijan
122	KC20561	East Azarbaijan	177	KC70113	West Azarbaijan
123	KC20623	Khuzestan	178	KC70114	West Azarbaijan
124	KC20624	Khuzestan	179	KC70115	West Azarbaijan
125	KC20625	Khuzestan	180	KC70116	West Azarbaijan
126	KC20627	Khuzestan	181	KC70117	West Azarbaijan
127	KC20628	Khuzestan	182	KC70118	West Azarbaijan
128	KC20629	Khuzestan	183	KC70119	West Azarbaijan
129	KC20630	Khuzestan	184	KC70121	West Azarbaijan
130	KC20631	Khuzestan	185	KC70122	West Azarbaijan
131	KC20632	Khuzestan	186	KC70123	West Azarbaijan
132	KC20633	Khuzestan	187	KC70124	East Azarbaijan
133	KC20634	Khuzestan	188	KC70125	East Azarbaijan
134	KC20635	Khuzestan	189	KC70126	East Azarbaijan
135	KC20636	Khuzestan	190	KC70134	East Azarbaijan
136	KC20637	Khuzestan	191	KC70135	East Azarbaijan
137	KC20806	North Khorasan	192	KC70138	East Azarbaijan
138	KC20882	Khuzestan	193	KC70139	East Azarbaijan
139	KC20883	Khuzestan	194	KC70140	East Azarbaijan
140	KC20884	Khuzestan	195	KC70141	East Azarbaijan
141	KC20885	Khuzestan	196	KC70142	North Khorasan
142	KC20912	North Khorasan	197	KC70143	North Khorasan
143	KC20913	North Khorasan	198	KC70144	North Khorasan
144	KC20914	North Khorasan	199	KC70150	Khorasan razavi
145	KC20920	West Azarbaijan	200	KC70152	Khorasan razavi
146	KC20924	North Khorasan	201	KC70159	Khorasan razavi
147	KC20929	West Azarbaijan	202	KC70210	North Khorasan
148	KC20932	West Azarbaijan	203	KC70211	North Khorasan
149	KC20951	Khuzestan	204	KC70212	North Khorasan
150	KC20954	East Azarbaijan	205	KC70213	North Khorasan
151	KC20966	Khuzestan	206	KC70229	Esfahan
152	KC20968	East Azarbaijan	207	KC70233	Esfahan
153	KC20969	East Azarbaijan	208	KC70235	Esfahan
154	KC20970	Khuzestan	209	KC70335	North Khorasan
155	KC20971	East Azarbaijan	210	KC70343	North Khorasan
156	KC20972	East Azarbaijan	211	KC70344	North Khorasan
157	KC20975	East Azarbaijan	212	KC70345	North Khorasan
158	KC20981	West Azarbaijan	213	KC70346	North Khorasan
159	KC20982	West Azarbaijan	214	KC70347	North Khorasan
160	KC70012	Kerman	215	KC70348	North Khorasan
161	KC70019	Sistan and Baluchestan	216	KC70352	North Khorasan
162	KC70023	Sistan and Baluchestan	217	KC70441	Khuzestan
163	KC70031	Markazi	218	KC70443	Lorestan
164	KC70044	Markazi	219	KC70485	East Azarbaijan
165	KC70066	Ilam	220	KC70491	East Azarbaijan

برای ارزیابی دقیق تر تغییرات در پایداری واکنش مقاومت، دامنه ضریب آلودگی به ده گروه با فواصل مساوی تقسیم شد که شامل ضریب آلودگی صفر تا ۰/۱ به عنوان گروه اول تا ضریب آلودگی ۰/۹ تا یک به عنوان گروه دهم بود. سپس تفاوت واریانس واکنش نمونه های ژنتیکی در این گروه های ده گانه با استفاده از تجزیه واریانس مورد مقایسه و بررسی قرار گرفت. نمونه های ژنتیکی بر اساس دو پارامتر میانگین و واریانس ضریب آلودگی، رتبه بندی و نمونه های ژنتیکی شاخص از لحاظ این دو پارامتر با ترسیم نمودار دو بعدی، متمایز شدند. همچنین، به منظور گروه بندی نمونه های ژنتیکی مورد مطالعه، تجزیه خوشه ای به روش K-means با فرض وجود پنج گروه ($K=5$) بر مبنای رتبه میانگین و واریانس ضریب آلودگی انجام گرفت. فاصله و تمایز گروه های مذکور از یکدیگر بر اساس تجزیه مقیاس بندی چند بعدی و نگاشت فاصله ها روی نمودار دوبعدی مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه و تحلیل های آماری و رسم نمودارها با کدنویسی در نرم افزار R نسخه ۴,۳,۲ تحت محیط R studio نسخه ۲۰۲۳,۹,۱,۴۹۴ انجام شد.

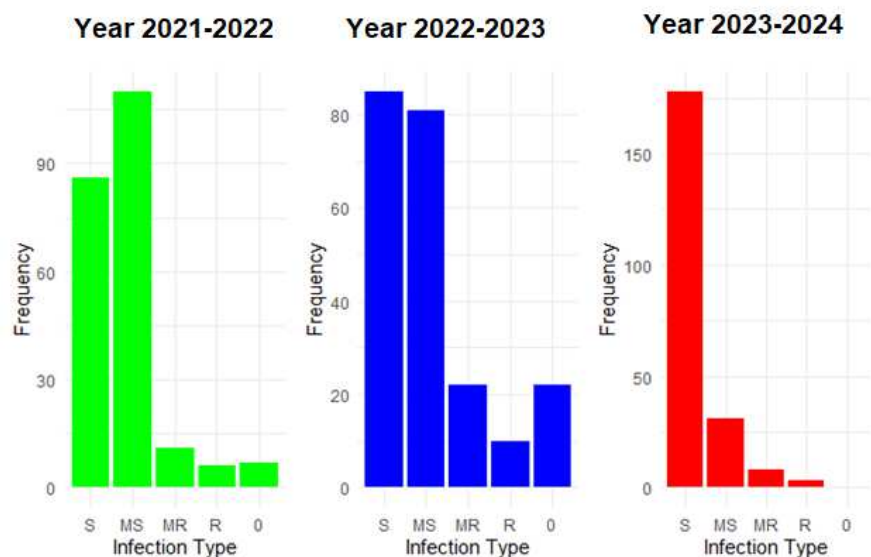
نتایج

نتایج بررسی فراوانی تیپ آلودگی در ژرم پلاسما مورد ارزیابی نشان داد که در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰، تعداد هفت نمونه (۳/۱۸ درصد) واکنش مصونیت (تیپ آلودگی O) نشان دادند. همچنین شش (۲/۷۳ درصد)، ۱۱ (پنج درصد)، ۱۱۰ (۵۰/۰ درصد) و ۸۶ (۳۹/۰۹ درصد) نمونه به ترتیب دارای تیپ آلودگی R، MR، MS و S بودند (شکل ۱). در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱، تعداد ۲۲ نمونه (ده درصد) واکنش مصونیت (تیپ آلودگی O) نشان دادند و ده (۴/۵۵ درصد)، ۲۲ (ده درصد)، ۸۱ (۸۲/۳۶ درصد) و ۸۵ (۳۸/۶۴ درصد) نمونه به ترتیب دارای تیپ آلودگی R، MR، MS و S بودند. در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲، واکنش مصونیت (تیپ آلودگی O) مشاهده نشد، اما سه (۱/۳۶ درصد)، هشت (۳/۴۶ درصد)، ۳۱ (۱۴/۰۹ درصد) و ۱۷۸ (۸۰/۹۱ درصد) نمونه به ترتیب دارای تیپ آلودگی R، MR، MS و S بودند.

مقایسه شدت بیماری مشاهده شده در سه سال مورد مطالعه نشان داد که شدت بیماری در هر دو سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ دارای مقدار حداقل صفر و حداکثر ۱۰۰ درصد با دامنه تغییرات ۱۰۰ درصد بود

(جدول ۲، شکل ۲)، در حالی که میزان شدت بیماری در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ از حداقل پنج درصد تا حداکثر ۱۰۰ درصد با دامنه تغییرات ۹۵ درصد متغیر بود. میانگین شدت بیماری در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ (۷۰/۷۵ درصد) بیش از سال های زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ (۳۸/۵۰ درصد) و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ (۳۲/۱۱ درصد) بود. انحراف معیار شدت بیماری در سه سال تقریباً مشابه بود، اگرچه مقدار آن در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ (۲۷/۸۰ درصد) کمی بیش تر از سال های زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ (۲۳/۱۰ درصد) و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ (۲۵/۸۵ درصد) بود. توزیع فراوانی شدت بیماری در سال های ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ دارای چولگی مثبت به ترتیب با مقدار ۰/۶۹ و ۰/۷۲ و در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ دارای چولگی منفی با مقدار ۰/۶۸- بود که نشان دهنده تمایل به مقادیر پایین تر شدت بیماری در سال های زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و گرایش به مقادیر بالاتر شدت بیماری در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ است. میزان کشیدگی توزیع فراوانی شدت بیماری نیز در هر سه سال زراعی منفی بود، اگرچه در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ بیش ترین مقدار کشیدگی (۰/۶۴-) مشاهده شد و در مقابل در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ مقدار آن نزدیک به صفر (۰/۰۵-) بود.

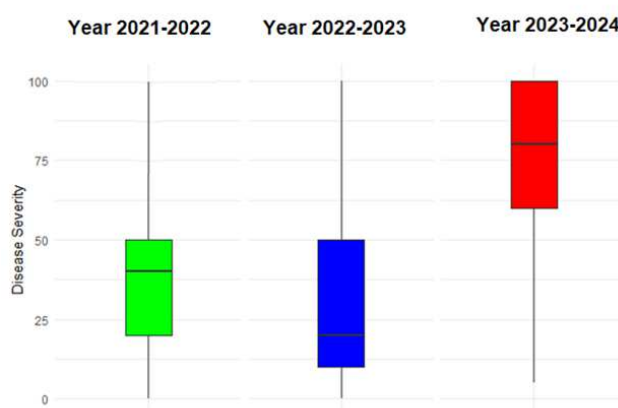
دامنه تغییرات ضریب آلودگی در سال های زراعی مختلف نیز مورد ارزیابی و مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان داد که ضریب آلودگی در سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰، ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲، به ترتیب دارای مقادیر حداقل صفر، صفر و ۰/۱ بود، در حالی که مقدار حداکثر ضریب آلودگی در هر سه سال زراعی مورد مطالعه برابر با یک و بنابراین دامنه تغییرات آن در سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰، ۱۴۰۲-۱۴۰۱ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲ به ترتیب ۱/۰، ۱/۰ و ۰/۹۹ بود. (جدول ۳ و شکل ۳). همچنین، بزرگ ترین میانگین ضریب آلودگی (۰/۶۹) در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ و کوچک ترین میانگین آن (۰/۲۹) در سال زراعی ۱۴۰۲-۱۴۰۱ مشاهده شد. انحراف معیار ضریب آلودگی در سه سال تقریباً برابر بود. توزیع فراوانی ضریب آلودگی در سال های زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ دارای چولگی مثبت (به ترتیب با مقدار ۰/۷۹ و ۰/۸۰) و در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ دارای چولگی منفی (با مقدار ۰/۷۴-) بود، اما مقدار کشیدگی توزیع فراوانی ضریب آلودگی در هر سه سال منفی بود.



شکل ۱- مقایسه توزیع فراوانی تیپ آلودگی در نمونه‌های ژنتیکی جو بومی نسبت به بیماری زنگ برگ در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۲-۱۴۰۳. S، حساس؛ MS، نسبتاً حساس؛ MR، نسبتاً مقاوم؛ R، مقاوم؛ O، مصون.
Figure 1. Frequency distribution of leaf rust infection types in barley landraces at the Araqi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024). S, susceptible; MS, moderately susceptible; MR, moderately resistance; R, resistance; O, immune.

جدول ۲ - آماره‌های توصیفی برای شدت بیماری زنگ برگ در نمونه‌های ژنتیکی جو در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۲-۱۴۰۳

Growing season	Minimum	Maximum	Range	Mean	Standard deviation	Skewness	Kurtosis
2021-2022	0	100	100	38.50	23.10	0.70	-0.05
2022-2023	0	100	100	32.11	25.85	0.72	-0.49
2023-2024	5	100	95	70.75	27.80	-0.68	-0.64



شکل ۲- مقایسه توزیع شدت بیماری زنگ برگ در نمونه‌های ژنتیکی جو با استفاده از نمودارهای باکس پلات در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۲-۱۴۰۳

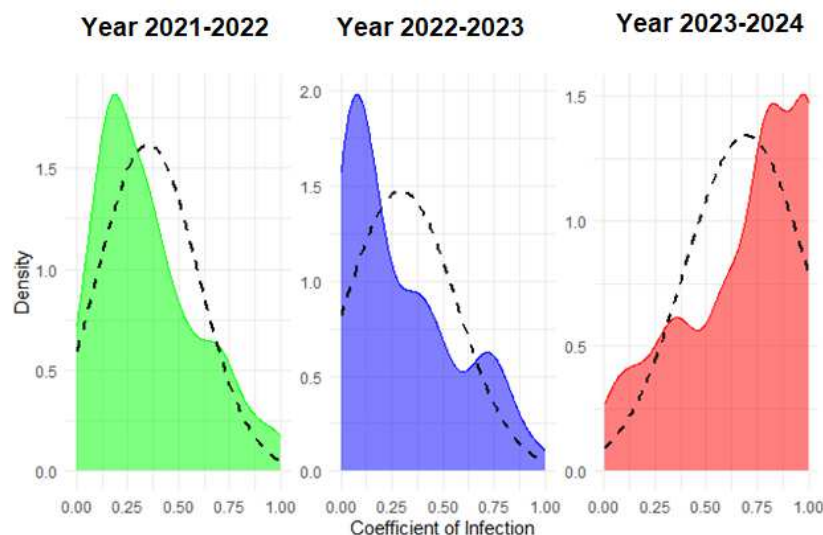
Figure 2. Distribution of leaf rust disease severity in barley landraces using box plots at the Araqimahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

جدول ۳ - آماره‌های توصیفی برای صفت ضریب آلودگی بیماری زنگ برگی در نمونه‌های ژنتیکی بومی جو در ایستگاه تحقیقاتی

عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Table 3. Descriptive statistics for infection coefficient of leaf rust disease in barley landraces at the Araqi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

Growing season	Minimum	Maximum	Range	Mean	Standard deviation	Skewness	Kurtosis
2021-2022	0	1.0	1.0	0.35	0.25	0.79	-0.10
2022-2023	0	1.0	1.0	0.29	0.27	0.80	-0.50
2023-2024	0.01	1.0	0.99	0.69	0.30	-0.74	-0.60



شکل ۳- توزیع فراوانی ضریب آلودگی بیماری زنگ برگی در نمونه‌های ژنتیکی بومی جو در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Figure 3. Frequency distribution of coefficient infection of leaf rust disease in barley landraces at the Araqi Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

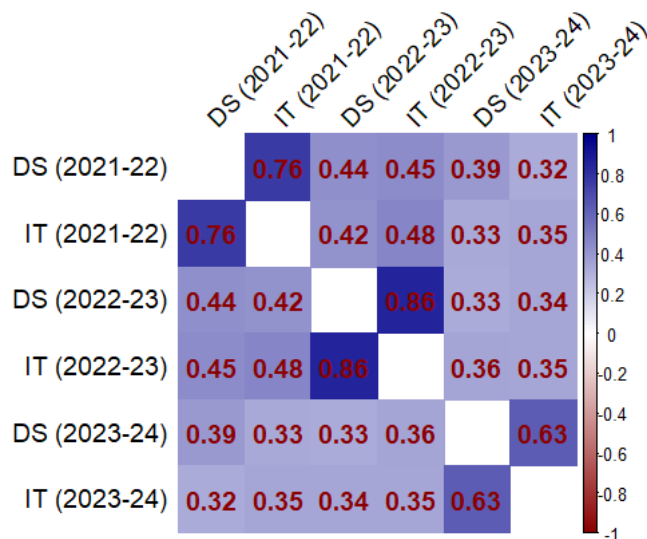
به‌منظور بررسی کلی پایداری واکنش مقاومت نمونه‌های ژنتیکی، شاخص لین و بینز (Lin & Binns, 1988) محاسبه و هیستوگرام مقادیر مربوطه ترسیم شد (شکل ۵). بر این اساس مشاهده شد که نمونه‌های ژنتیکی در گروه نزدیک به صفر (گروه دارای مقدار صفر تا ۰/۱ برای این شاخص) دارای کم‌ترین فراوانی (۰/۲) و در گروه دارای مقدار بین ۰/۴ تا ۰/۵ برای شاخص، دارای بیش‌ترین فراوانی بودند. همچنین مقادیر چارک اول، میانه و چارک سوم برای این شاخص به‌ترتیب برابر با ۰/۳۵، ۰/۵۱ و ۰/۷۵ بود.

به‌منظور بررسی دقیق‌تر پایداری واکنش به بیماری، نمونه‌های ژنتیکی بر اساس دامنه ضریب آلودگی (صفر تا یک) به ده گروه تقسیم شدند، به‌طوری که گروه اول شامل نمونه‌های ژنتیکی دارای متوسط ضریب آلودگی

ارتباط بین مؤلفه‌های مقاومت در سال‌های مختلف آزمایش با استفاده از تجزیه همبستگی مورد بررسی قرار گرفت (شکل ۴). دو صفت تیپ آلودگی و شدت بیماری در سه سال آزمایش همبستگی بالایی با یکدیگر نشان دادند، اما میزان این همبستگی متفاوت بود، به‌طوری که بالاترین میزان همبستگی بین این دو صفت در سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ (۰/۸۶) محاسبه شد. دو صفت تیپ آلودگی و شدت بیماری در سال زراعی ۱۴۰۳-۱۴۰۲ ضریب همبستگی کوچک‌تری (۰/۶۳) نسبت به دو سال دیگر داشتند. همچنین با بررسی همبستگی بین اجزای مقاومت مشابه در سال‌های زراعی مختلف مشاهده شد که سال‌های زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ و ۱۴۰۰-۱۴۰۱ همبستگی بالاتری با یکدیگر نسبت به همبستگی اجزای مقاومت در هر یک از آن‌ها با اجزای مقاومت در سال ۱۴۰۳-۱۴۰۲ داشتند.

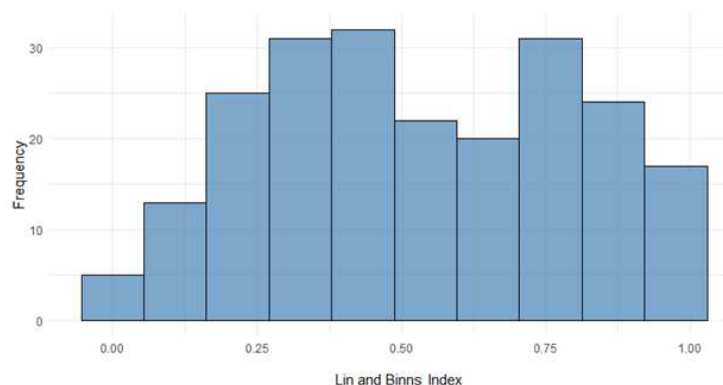
گروه دارای متوسط ضریب آلودگی صفر تا ۰/۱ (گروه اول) دارای کمترین میانگین واریانس بود و پس از آن، گروه‌های دوم (با متوسط ضریب آلودگی ۰/۱ تا ۰/۲) و سوم (با متوسط ضریب آلودگی ۰/۲ تا ۰/۳) و همچنین گروه دهم (با متوسط ضریب آلودگی ۰/۹ تا یک)، کمترین میانگین واریانس را داشتند، در حالی که گروه‌های میانی به‌طور قابل توجهی دارای میانگین واریانس بزرگ‌تری در مقایسه با گروه‌های موجود در دو انتهای توزیع بودند.

صفر تا ۰/۱ و گروه دهم دارای متوسط ضریب آلودگی ۰/۹ تا یک بودند. سپس واریانس داخل گروه‌ها محاسبه و میانگین واریانس گروه‌های ده‌گانه با استفاده از روش تجزیه واریانس مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان‌دهنده اختلاف معنی‌دار بین گروه‌های ده‌گانه از لحاظ تغییرات (واریانس) ضریب آلودگی بود (جدول ۴). برای مشاهده بهتر تفاوت بین میانگین واریانس گروه‌ها، نمودار میله‌ای مربوطه رسم شد (شکل ۶). همان‌طور که مشاهده می‌شود،



شکل ۴- ضریب همبستگی بین تیپ آلودگی (IT) و شدت بیماری (DS) زنگ برگی در نمونه‌های ژنتیکی بومی جو در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲.

Figure 4. Correlation Coefficient between infection type (IT) and disease severity (DS) of leaf rust disease in barley landraces at the Araqi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)



شکل ۵- توزیع فراوانی میزان پایداری لین و بینز (Lin & Binns, 1988) بر اساس ضریب آلودگی به بیماری زنگ در نمونه‌های ژنتیکی بومی جو در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲.

Figure 5. Frequency distribution of Lin & Binns (1988) stability index based on infection coefficient of leaf rust disease in barley landraces at the Araqi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

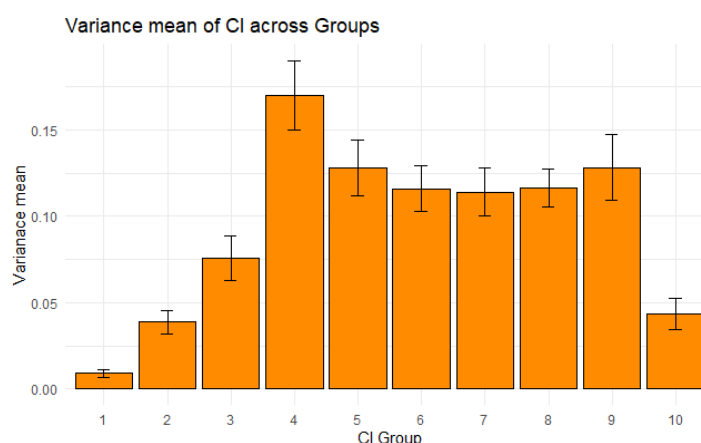
جدول ۴- نتایج تجزیه واریانس بین گروه‌های ده‌گانه نمونه‌های ژنتیکی بومی جو بر اساس ضریب آلودگی (IC) بیماری زنگ برگ طی سه

سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Table 4. Results of analysis of variance among ten groups of barley accessions based on infection coefficient (IC) to leaf rust disease at the Araghi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three growing seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

Source of variation	df	Mean square
IC groups	9	1.933**
Error	214	0.06

** Significant at 1% probability level.



شکل ۶- مقایسه میانگین واریانس بین گروه‌های ده‌گانه نمونه‌های ژنتیکی بومی جو بر اساس ضریب آلودگی (IC) به بیماری زنگ برگ

در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

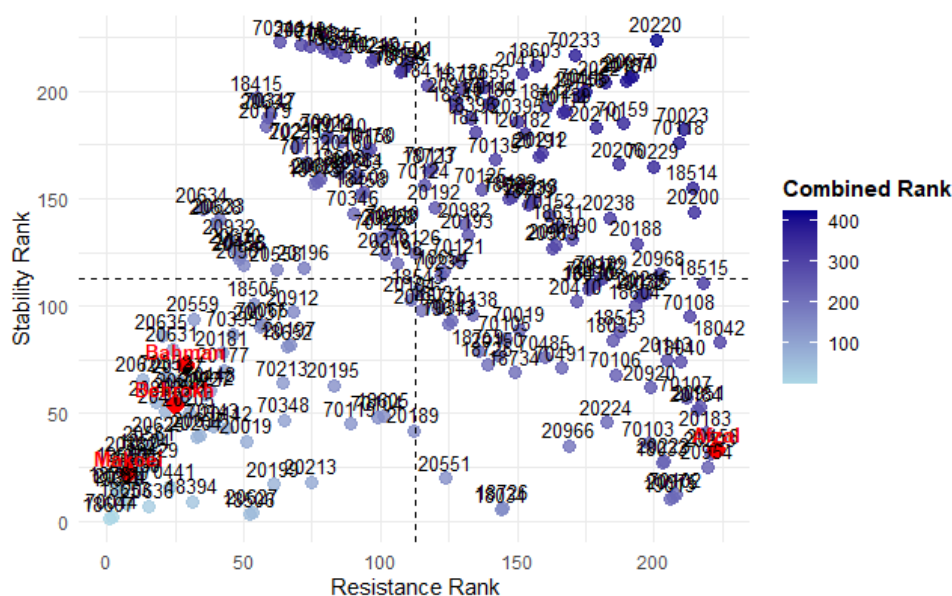
Figure 6. Comparison of the mean variance among ten groups of barley landraces based on infection coefficient (IC) to leaf rust disease at the Araghi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three cropping seasons (from 2021-22 to 2023-24)

آلودگی پایین، تغییرات واکنش زیادی را طی سال‌های آزمایش نشان دادند. بنابراین، احتمال می‌رود این نمونه‌ها دارای مقاومت اختصاصی باشند که طی سال‌های آزمایش میزان پرآزاری جمعیت بیمارگر برای آن تغییر یافته است. نمونه‌های ژنتیکی KC70344، KC20219، KC70141، KC70031، KC70345، KC18657، KC18544، KC70210، KC20215، KC18501، KC70142، KC70134، KC18656، KC18415، KC70347 و KC20632 در این ناحیه بیش‌ترین تغییرات در واکنش را داشتند. نمونه‌هایی که در ناحیه سمت راست و بالای نمودار واقع شده‌اند، ضریب آلودگی بالایی را به‌صورت متغیر طی سال‌های آزمایش نشان دادند که نشان دهنده تغییرات واکنش آن‌ها در طیف حساسیت است. نمونه‌های KC20220، KC70233، KC18603، KC20411، KC20970، KC20914، KC20187، KC20221، KC18414 و KC18655 در این ناحیه دارای بیش‌ترین

به‌منظور شناسایی ژرم‌پلاسما دارای مقاومت پایدار، نمونه‌های ژنتیکی مورد مطالعه در نمودار دوبعدی رتبه ضریب آلودگی و رتبه پایداری واکنش از یکدیگر تفکیک شدند (شکل ۷). در این نمودار، نمونه‌هایی که در ناحیه سمت چپ و پایین واقع شده‌اند، ضریب آلودگی پایین و با تغییرات کم و بنابراین مقاومت پایداری دارند. هر سه رقم شاهد مقاوم (ماکویی، بهرخ و بهمن) در این ناحیه قرار گرفتند و از بین آن‌ها رقم ماکویی نزدیک‌ترین فاصله را با مبدأ مختصات داشت که به معنی پایداری بیش‌تر مقاومت این رقم نسبت به رقم‌های شاهد دیگر است. تعداد یازده نمونه ژنتیکی فاصله کم‌تری از مبدأ مختصات نسبت به رقم ماکویی داشتند. این نمونه‌ها شامل KC18607، KC70044، KC18653، KC20636، KC19610، KC20924، KC18761، KC18394، KC20560، KC70441 و KC20806 بودند. نمونه‌هایی که در ناحیه سمت چپ و بالا واقع شده‌اند، با وجود دارا بودن ضریب

کمترین فاصله را با این خط داشتند که از بین آنها نمونه‌های ژنتیکی KC20194, KC20457, KC20189 و KC18543 بر اساس رتبه پایداری در گروه واکنش باثبات تر و نمونه‌های ژنتیکی KC70126, KC70124, KC18414, KC70134, KC70142 و KC18501 در گروه واکنش متغیر قرار می‌گیرند. همچنین، نمونه‌هایی که در نزدیکی خط افقی در وسط نمودار (عمود منصف محور عمودی مربوط به رتبه پایداری مقاومت)، قرار دارند، وضعیت متوسطی از لحاظ رتبه پایداری دارند. نمونه‌های KC70235, KC18515, KC70109, KC20972, KC18654, KC18410, KC70116, KC20968, KC18030, KC20558, KC18543, KC20196 و KC20216 کمترین فاصله را با این خط داشتند که از بین آنها نمونه‌های KC20981, KC20198 و KC20558 بر اساس رتبه واکنش در گروه واکنش مقاوم تر و در مقابل نمونه‌های KC18543, KC70235, KC18654, KC18030, KC70109, KC20972, KC70116, KC18410 و KC20216 در گروه واکنش حساس قرار می‌گیرند.

تغییرات در واکنش بودند. نمونه‌هایی که در ناحیه سمت راست و پایین نمودار قرار دارند، ضریب آلودگی بالا اما با تغییرات کم را طی سال‌های آزمایش نشان دادند. این نمونه‌ها به‌طور مستمر و با تغییرات کم و یا بدون تغییر در طیف حساسیت واکنش نشان داده‌اند و می‌توان گفت فاقد ژن مقاومت (حداقل در برابر پاتوتیپ‌های رایج در ناحیه طی سال‌های این تحقیق) بودند. رقم افضل (شاهد حساس) به‌همراه نمونه‌های KC18034, KC18726, KC19013, KC20975, KC70102, KC20551, KC20954, KC18033, KC20222, KC20203, KC20456 و KC20966 در این ناحیه قرار گرفتند و کمترین تغییرات در واکنش به بیماری را نشان دادند. فاصله نمونه‌ها از خطوط جدا کننده نواحی چهار گانه نیز اطلاعات خوبی را می‌تواند فراهم کند. خط عمودی در وسط نمودار، عمود منصف محور افقی رتبه مقاومت است و نمونه‌هایی که کمترین فاصله را با آن دارند، از لحاظ رتبه میانگین آلودگی وضعیت بینابین (نه کاملاً حساس و نه کاملاً مقاوم) دارند. نمونه‌های KC20189, KC70126, KC20194, KC18543, KC20457, KC18501, KC70124, KC70142, KC18414 و KC70134



بحث

نژادهای محلی جو، منابع مهمی برای تنوع ژنتیکی مربوط به مقاومت به بیماری‌ها محسوب می‌شوند (Oğuz, 2019). این ذخایر ژنتیکی در شناسایی ژن‌ها و منابع مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای نیز از اهمیت زیادی برخوردار هستند (Zahravi & Dehghan, 2018). نتایج مطالعه حاضر نیز امکان شناسایی منابع مقاومت به بیماری زنگ قهوه‌ای در ژرم پلاسما بومی جو را نشان داد. تحقیقات دیگران نیز بر ظرفیت ژرم پلاسما جو به عنوان منابع ژنتیکی مقاومت و امکان شناسایی ژن‌های جدید با مقاومت مؤثر تأکید شده است. به عنوان مثال، زیمس و همکاران (Ziems *et al.*, 2023) با مطالعه ۱۱۴ لاین جو با تنوع ژنتیکی بالا، احتمال حضور ژن APR جدید برای مقاومت به بیماری زنگ برگی را در تعداد ۴۸ ژنوتیپ (۵۷/۱ درصد) دادند. از لحاظ میزان فراوانی منابع مقاومت، مشاهده شد که از بین مواد ژنتیکی مورد بررسی طی سال‌های مختلف، شش الی ده درصد از نمونه‌ها به صورت مصون یا مقاوم و پنج تا ۲۲ درصد از نمونه‌ها به صورت نیمه مقاوم ظاهر شدند. میزان فراوانی ژنوتیپ‌های مقاوم و نیمه مقاوم در ارزیابی مجموعه‌های ژرم پلاسما در تحقیقات گوناگون، متفاوت گزارش شده است، ولی ژنوتیپ‌های حساس و متمایل به حساس در اغلب موارد از اکثریت برخوردار هستند. ولکووا و همکاران (Volkova *et al.*, 2019) با مطالعه ۲۰۸ جدایه زنگ برگی، گزارش کردند که بیش‌تر آن‌ها نسبت به تعداد زیادی از ژن‌های مقاومت پرازار بودند. همچنین، در بررسی مجموعه متنوعی از ۳۱۶ ژنوتیپ جو، فقط ۱۴ ژنوتیپ (۴/۴ درصد) در مرحله گیاهچه‌ای نسبت به هر دو جدایه زنگ برگی مورد استفاده مقاوم بودند و ۱۲ ژنوتیپ (۳/۴ درصد) به صورت مقاوم یا نیمه مقاوم در مرحله گیاه بالغ طی دو سال زراعی ظاهر شدند (Amouzoune *et al.*, 2022). عاریف‌الزمان و همکاران (Arifuzzaman *et al.*, 2023) نیز در ارزیابی ۲۸۷ لاین جو (به نام مجموعه EEB)، مشاهده کردند که ۸۸ درصد از آن‌ها نسبت به پرازارترین نژاد زنگ برگی مورد استفاده (PSH-72) حساس بودند.

نتایج تجزیه خوشه‌ای به روش K-means به منظور دسته‌بندی نمونه‌های ژنتیکی بر اساس ضریب آلودگی و پایداری واکنش مقاومت با در نظر گرفتن $K=5$ در جدول ۵ ارائه شده است. بر اساس این تجزیه، گروه چهارم با کم‌ترین میانگین برای ضریب آلودگی و واریانس آن به عنوان مطلوب‌ترین گروه شناسایی شد. تعداد ۵۴ نمونه ژنتیکی به همراه ارقام شاهد بهمن، بهرخ و ماکویی در این گروه قرار گرفتند. گروه اول مشتمل بر ۲۱ نمونه ژنتیکی به طور متوسط دارای بزرگ‌ترین واریانس ضریب آلودگی بود. گروه دوم با ۵۵ نمونه ژنتیکی از لحاظ واریانس ضریب آلودگی در حد متوسط سایر گروه‌ها قرار داشت و ویژگی مطلوب آن قرار گرفتن در رتبه دوم از لحاظ کوچک‌تر بودن میانگین ضریب آلودگی در سال‌های ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۳-۱۴۰۲ نسبت به سایر گروه‌ها بود. گروه سوم با ۵۰ عضو از لحاظ میانگین واریانس در جایگاه دوم (مایل به واریانس کوچک‌تر) قرار داشت، ولی دارای بزرگ‌ترین میانگین ضریب آلودگی در سال‌های ۱۴۰۱-۱۴۰۰ و ۱۴۰۲-۱۴۰۱ بود. بنابراین با وجود ثبات نسبی واکنش مقاومت، به دلیل بالا بودن ضریب آلودگی در سال‌های مذکور، گروه مطلوبی محسوب نمی‌شود. رقم حساس افضل نیز در این گروه قرار گرفت. گروه پنجم ۴۱ نمونه ژنتیکی نیز از لحاظ رتبه ضریب آلودگی در هر سه سال ارزیابی و همچنین از لحاظ واریانس ضریب آلودگی در جایگاه چهارم (مایل به مقدار بزرگ‌تر) قرار داشت و بنابراین این گروه نیز فاقد ویژگی مطلوب بود.

برای نمایش فاصله بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای (جدول ۶) و همچنین فاصله بین نمونه‌های ژنتیکی، از روش مقیاس‌بندی چندبعدی استفاده و پراکنش نمونه‌های ژنتیکی در نمودار دو بعدی رسم شد (شکل ۸). همان‌طور که مشاهده می‌شود، گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای به خوبی از یکدیگر تفکیک شده‌اند و گروه چهارم که در تجزیه خوشه‌ای به عنوان بهترین گروه شناسایی شد، در سمت چپ نمودار از سایر گروه‌ها تفکیک شده است. با مقایسه فاصله مرکز ثقل گروه‌ها در مختصات بعدی مشاهده می‌شود که گروه چهارم بیش‌ترین فاصله را با گروه اول و سپس پنجم دارد.

جدول ۵ - ویژگی گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای نمونه‌های ژنتیکی بومی جو به روش K-means بر اساس میانگین و واریانس ضریب آلودگی (IC) به بیماری زنگ برگی در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۰-۱۴۰۱ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Table 5. Characteristics of the groups derived from K-means clustering of barley landraces based on mean and variance of infection coefficient (IC) to leaf rust disease at the Araghi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three cropping seasons (from 2021-22 to 2023-24)

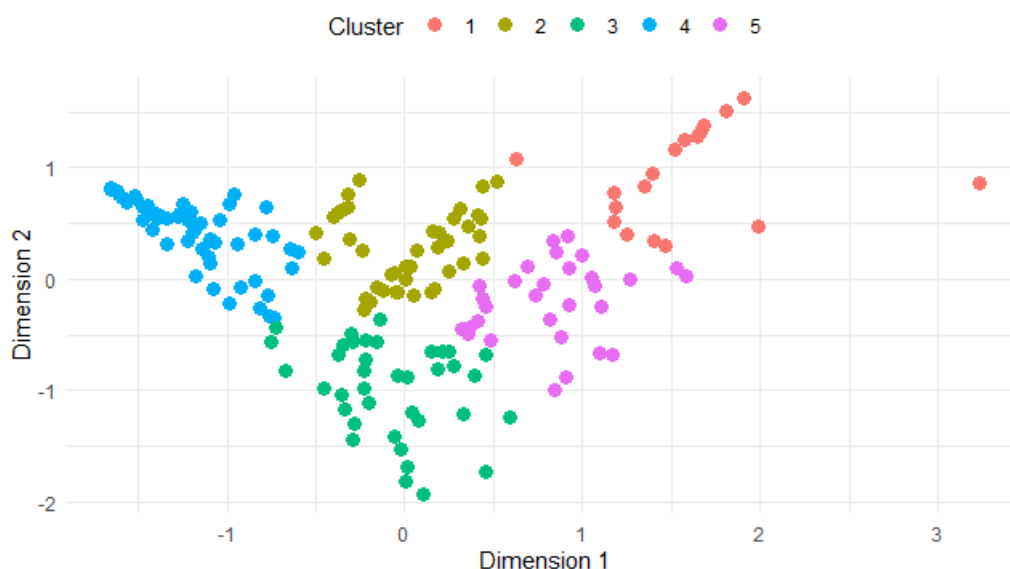
Group	Accession	Mean of IC			Variance of IC
		First year	Second year	Third year	
1	KC18414, KC18415, KC18501, KC18544, KC18603, KC18655, KC18656, KC18657, KC18774, KC20215, KC20219, KC20220, KC20411, KC70031, KC70134, KC70141, KC70142, KC70210, KC70233, KC70344, KC70345	0.27	0.11	0.97	0.25
2	KC18031, KC18458, KC18505, KC18509, KC18543, KC18608, KC18654, KC18723, KC18743, KC18913, KC19613, KC20155, KC20160, KC20178, KC20179, KC20192, KC20193, KC20194, KC20196, KC20198, KC20218, KC20225, KC20228, KC20457, KC20458, KC20558, KC20623, KC20628, KC20630, KC20632, KC20633, KC20634, KC20884, KC20885, KC20912, KC20929, KC20932, KC20981, KC20982, KC70012, KC70068, KC70110, KC70111, KC70117, KC70121, KC70122, KC70124, KC70126, KC70140, KC70150, KC70211, KC70235, KC70343, KC70346, KC70347	0.26	0.20	0.69	0.11
3	KC18030, KC18032, KC18033, KC18034, KC18035, KC18040, KC18042, KC18410, KC18513, KC18515, KC18604, KC18725, KC18726, KC18734, KC18759, KC19013, KC20143, KC20150, KC20183, KC20184, KC20185, KC20188, KC20189, KC20203, KC20216, KC20222, KC20224, KC20410, KC20456, KC20551, KC20920, KC20951, KC20954, KC20966, KC20968, KC20972, KC20975, KC70019, KC70102, KC70103, KC70105, KC70106, KC70107, KC70108, KC70109, KC70116, KC70138, KC70485, KC70491, Afzal	0.60	0.50	0.84	0.05
4	KC18394, KC18429, KC18504, KC18506, KC18605, KC18607, KC18652, KC18653, KC18761, KC18771, KC19593, KC19610, KC20019, KC20037, KC20137, KC20142, KC20177, KC20181, KC20195, KC20197, KC20199, KC20204, KC20205, KC20213, KC20227, KC20240, KC20418, KC20559, KC20560, KC20561, KC20624, KC20625, KC20627, KC20629, KC20631, KC20635, KC20636, KC20637, KC20806, KC20882, KC20883, KC20924, KC70044, KC70066, KC70104, KC70119, KC70143, KC70212, KC70213, KC70335, KC70348, KC70352, KC70441, KC70443, Bahman, Behrokh, Makoei	0.17	0.10	0.28	0.02
5	KC18396, KC18411, KC18412, KC18514, KC18517, KC18555, KC18631, KC18739, KC18746, KC20182, KC20186, KC20187, KC20190, KC20191, KC20200, KC20206, KC20210, KC20212, KC20221, KC20238, KC20239, KC20395, KC20455, KC20913, KC20914, KC20969, KC20970, KC20971, KC70023, KC70113, KC70114, KC70115, KC70118, KC70123, KC70125, KC70135, KC70139, KC70144, KC70152, KC70159, KC70229	0.45	0.45	0.92	0.15

جدول ۶- فاصله اقلیدسی بین گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای (K-means) نمونه‌های ژنتیکی بومی جو بر اساس میزان و پایداری واکنش مقاومت در برابر بیماری زنگ برگی در ایستگاه تحقیقاتی عراقی محله گرگان طی سه سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۰ تا ۱۴۰۳-۱۴۰۲

Table 6. Euclidean distances among the groups derived from K-means clustering of barley landraces based on value and stability of the resistance reaction to leaf rust disease at the Araghi-Mahalleh Research Station, Gorgan, Iran, during three cropping seasons (from 2021-2022 to 2023-2024)

Group	1	2	3	4
2	1.59			
3	2.50	1.33		
4	2.73	1.21	1.78	
5	1.28	0.94	1.25	2.09

MDS (Multidimensional Scaling) for Clusters



شکل ۸- نمایش گروه‌های حاصل از تجزیه خوشه‌ای (K-means) نمونه‌های ژنتیکی بومی جو بر اساس مقیاس‌بندی چندبعدی

Figure 8. Visualization of the groups obtained from K-means clustering of barley landraces using multidimensional scaling plot

همکاران (Arifuzzaman *et al.*, 2023) با مشاهده چولگی در منحنی توزیع فراوانی واکنش مقاومت در مجموعه لاین‌های EEB جو به سمت حساسیت، آن را به حضور تعداد محدود نمونه‌های ژنتیکی مقاوم نسبت دادند. تغییر در ترکیب فراوانی واکنش‌های مقاومت طی سال‌های مختلف آزمایش و یا تغییر بیماری‌زایی در جمعیت بیمارگر زنگ برگی جو در تحقیقات سایرین نیز به دفعات گزارش شده است. در ارزیابی ۳۱۶ ژنوتیپ جو برای مقاومت به زنگ برگی در مرحله گیاه بالغ تحت شرایط مزرعه، در سال اول آزمایش، ۴۶ ژنوتیپ (۱۵ درصد) مقاوم و ۱۷ ژنوتیپ (۵/۵ درصد) نیمه‌مقاوم و در سال دوم آزمایش، شش ژنوتیپ (۲ درصد) مقاوم و ۴۰ ژنوتیپ (۱۳/۶۰ درصد)

در نتایج تحقیق حاضر شواهدی از تغییر جمعیت بیمارگر از لحاظ بیماری‌زایی یا تغییر احتمالی پاتوتیپ‌های رایج بیمارگر مشاهده شد. در این رابطه می‌توان به کاهش فراوانی تیپ‌های آلودگی مقاوم و نیمه‌مقاوم و افزایش تیپ آلودگی حساس و همچنین افزایش میانگین شدت بیماری در سال سوم نسبت به سال اول و دوم اشاره داشت. به نظر می‌رسد که پاتوتیپ‌های رایج در سال سوم از پرازاری بیش‌تری نسبت به پاتوتیپ‌های رایج در سال‌های اول و دوم آزمایش برخوردار بودند. چولگی منفی منحنی توزیع فراوانی ضریب آلودگی در سال سوم در مقایسه با سال‌های اول و دوم نیز نشان‌دهنده گرایش به افزایش فراوانی حساسیت در ژرم پلاسما مورد بررسی بود. عاریف‌الزمان و

درصد) نیمه‌مقاوم ظاهر شدند (Amouzoune *et al.*, 2022). در بررسی جدایه‌های زنگ برگی جو جمع‌آوری شده از جنوب روسیه، تعداد جدایه‌هایی که برای ژن‌های مقاومت *Rph5* و *Rph7* پرازاری داشتند، کاهش نشان داد. در سال‌های ۲۰۱۷ و ۲۰۱۹ جدایه‌های دارای تعداد زیادی از آلل‌های پرازار، از اکثریت برخوردار بودند، ولی در سال ۲۰۱۸ اکثریت متعلق به جدایه‌هایی با تعداد کم و یا متوسط آلل‌های پرازار و یا جدایه‌های ناپرازار بود (Danilova & Volkova, 2022). در بررسی جدایه‌های جمع‌آوری شده از قفقاز شمالی، مشاهده شد که در سال ۲۰۱۷-۲۰۱۶ نسبت سال ۲۰۱۵-۲۰۱۴، تعداد جدایه‌های دارای پرازاری نسبت به ژن‌های مقاومت *Rph9* و *Rph19* کاهش و تعداد جدایه‌های دارای پرازاری نسبت به ژن‌های مقاومت *Rph2+ Rph19* و *Rph2+ Rph21* افزایش یافته بود (Volkova *et al.*, 2019).

در این تحقیق از دو جزء مقاومت شامل تیپ آلودگی و شدت بیماری و تلفیق آن دو برای ارزیابی نمونه‌های ژنتیکی استفاده شد. اگرچه این دو مؤلفه منعکس کننده واکنش نمونه‌ها می‌باشند، ولی باید توجه داشت که هر یک از آن‌ها ناظر به جنبه متفاوتی از مقاومت هستند و به این دلیل، اگرچه در سال‌های مختلف همبستگی بالایی نشان دادند، ولی میزان ضریب این همبستگی کامل (یک) نبود و از ۰/۶۳ تا ۰/۸۶ متغیر بود. دلیل این تغییرات نیز در نحوه تغییر در واکنش مقاومت نمونه‌ها پنهان است، به‌طوری که گاهی تیپ آلودگی میزبان در مواجهه با شرایط جدید ثابت می‌ماند و شدت بیماری افزایش و یا کاهش می‌یابد. با این‌حال، علامت همبستگی مثبت نشان‌دهنده همسو بودن تغییرات در هر دو مؤلفه مقاومت است.

در بحث مقاومت ژنتیکی آنچه دارای اهمیت بیش‌تری است، پایداری مقاومت می‌باشد. از این‌رو در تحقیق حاضر از روش‌های مختلف تجزیه برای بررسی پایداری واکنش مقاومت و شناسایی نمونه‌های ژنتیکی دارای مقاومت مؤثر استفاده شد. یکی از شاخص‌هایی که برای پایداری مورد استفاده قرار می‌گیرد، شاخص لین و بینز (Lin & Binns, 1988) است. این شاخص دارای دامنه‌ای بین صفر و یک است که مقادیر نزدیک به صفر آن بیانگر پایداری بیش‌تر است. توزیع فراوانی این شاخص نشان‌دهنده امکان شناسایی منابع با ثبات نسبی واکنش

در مواد ژنتیکی مورد مطالعه بود، به‌طوری که هر چند که مقادیر پایین‌تر این شاخص از فراوانی کم‌تری برخوردار بود، ولی با توجه به میانه توزیع (۰/۵۱) می‌توان گفت که حداقل نیمی از مواد ژنتیکی مورد بررسی، پایداری بینابین تا زیاد داشتند. نتایج بررسی تغییرات واکنش مقاومت در نمونه‌های ژنتیکی (شکل ۶) نشان داد که میزان این تغییرات به نوع واکنش مقاومت بستگی دارد و نمونه‌های ژنتیکی مقاوم (در طیف ضریب آلودگی کم‌تر از ۰/۱) به‌طور متوسط کم‌ترین تغییرات واکنش را در سال‌های مختلف نشان دادند. از سوی دیگر، حساس‌ترین نمونه‌های ژنتیکی نیز تغییرات واکنش کمی داشتند. بنابراین، بیش‌ترین تغییرات واکنش را می‌توان از نمونه‌هایی انتظار داشت که در دامنه بینابین (بین دو حد نهایی مقاومت و حساسیت) قرار دارند. البته در استفاده و تعمیم این بخش از نتایج بایستی احتیاط کرد، زیرا ثبات مقاومت به‌ویژه از نوع مصونیت می‌تواند نوعی از مقاومت وابسته به نژاد باشد که پاتوتیپ‌های رایج منطقه طی چند سال ارزیابی نسبت به آن پرازاری نداشتند و با تغییر جمعیت بیمارگر در سال‌های آتی به‌سمت ایجاد یا افزایش پرازاری نسبت به آن، ممکن است شکست مقاومت رخ دهد.

نکته دیگری که در رابطه با پایداری واکنش مقاومت باید توجه داشت این است که ضمن اینکه ثبات نسبی واکنش دارای اهمیت است، ولی هنگام انتخاب نمونه‌های مطلوب باید دقت شود که مقدار عددی واکنش نیز در دامنه مقاومت قرار گیرد، در غیر این‌صورت نمونه‌هایی که واکنش با ثباتی را در دامنه حساسیت ظاهر ساخته‌اند نیز ممکن است در زمره نمونه‌های دارای واکنش پایدار تلقی شوند. بدین منظور نمودار دو طرفه بر مبنای میزان واکنش و تغییرات آن ترسیم شد. در این نمودار، نمونه‌هایی که فاصله کم‌تری از مبدأ مختصات دارند، هم تغییرات واکنش کم‌تری داشتند و هم مقدار پایین‌تری از واکنش (به‌سمت مقاومت) یودند. این موضوع مبنای خوبی برای تمایز نمونه‌های برتر فراهم می‌کند. در این رابطه، تعداد یازده نمونه ژنتیکی شامل KC18607، KC70044، KC18653، KC20636، KC19610، KC20924، KC18761، KC18394، KC20560، KC70441 و KC20806 شناسایی شدند. شناسایی نمونه‌های ژنتیکی با مقاومت پایدار در سال‌های مختلف آزمایش با توجه به احتمال تغییر نژادهای رایج بیماری طی این سال‌ها می‌تواند نویدبخش وجود ژن یا ژن‌های مقاومت مؤثر در

KC70441 و KC20806 مقاومت پایدار نشان دادند. از نمونه‌های مقاوم می‌توان در برنامه‌های به‌نژادی و همچنین در مطالعات ژنتیکی برای شناسایی ژن‌های مقاومت و توسعه نشانگرهای مولکولی استفاده کرد.

تضاد منافع

نویسندگان تایید می‌کنند که این تحقیق در غیاب هرگونه روابط تجاری یا مالی می‌تواند به عنوان تضاد منافع بالقوه تعبیر شود، انجام شده است.

رعایت اخلاق در نشر

نویسندگان اعلام می‌کنند که در نگارش این مقاله به‌طور کامل از اخلاق نشر از جمله سرقت ادبی، سوء رفتار، جعل داده‌ها و انتشار دوگانه، پیروی کرده‌اند. همچنین این مقاله حاصل یک کار تحقیقاتی اصیل بوده و تاکنون به‌طور کامل به هیچ زبانی و در هیچ نشریه یا همایشی چاپ و منتشر نشده است و هیچ اقدامی نیز برای انتشار آن در هیچ نشریه یا همایشی صورت نگرفته و نخواهد گرفت.

اجازه انتشار مقاله

نویسندگان با چاپ این مقاله به‌صورت دسترسی باز موافقت کرده و کلیه حقوق استفاده از محتوا، جدول‌ها، شکل‌ها، تصویرها و غیره را به ناشر واگذار می‌کنند.

این نمونه‌ها باشد. شناسایی منابع ژنتیکی و یا ژن‌های دارای مقاومت مؤثر نسبت به بیماری زنگ برگی جو در تحقیقات دیگر نیز گزارش شده است. به‌عنوان مثال، در بررسی ۹۵ جدایه زنگ قهوه‌ای جو توسط ۱۷ رقم افتراقی، هیچ‌یک از جدایه‌ها برای ژن مقاومت *Rph13* پرآزاری نداشتند (Danilova & Volkova, 2022). در تحقیق دیگری، هیچ یک از ۲۰۸ جدایه زنگ برگی طی چهار سال ارزیابی (از ۲۰۱۴ تا ۲۰۱۷)، برای ژن مقاومت *Rph13* پرآزار نبودند (Volkova et al., 2019). بر اساس این نتایج، نمونه‌های ژنتیکی مقاوم شناسایی شده در این تحقیق می‌تواند کاندیدای خوبی جهت بررسی‌های آینده برای پی بردن به حضور ژن‌های دارای مقاومت مؤثر باشد.

نتیجه‌گیری کلی

نتایج این مطالعه، شواهدی از تغییر بیماری‌زایی طی سال‌های مختلف را نشان داد که بیانگر پویایی جمعیت بیمارگر در این کانون آلودگی است. بنابراین، جستجوی مستمر برای شناسایی منابع دارای مقاومت مؤثر ضروری است. وجود نمونه‌های ژنتیکی مقاوم در ژرم پلاسما بومی بیانگر ظرفیت ارزشمند آن‌ها به‌عنوان منابع مقاومت به بیماری زنگ برگی است. نمونه‌های ژنتیکی KC18607، KC70044، KC18653، KC20636، KC19610، KC20924، KC18761، KC18394، KC20560.

References

- Amouzoune, M., Rehman, S., Benkirane, R., Verma, S., Gyawali, S., Al-Jaboobi, M., Verma, R. P. S., Kehel, Z., & Amri, A. (2022). Genome-wide association study of leaf rust resistance at seedling and adult plant stages in a global barley panel. *Agriculture*, 12(11), 1829. doi: [10.3390/agriculture12111829](https://doi.org/10.3390/agriculture12111829).
- Arifuzzaman, M., Jost, M., Wang, M., Chen, X., Perovic, D., Park, R. F., Rouse, M., Forrest, K., Hayden, M., Khan, G. A., & Dracatos, P. M. (2023). Mining the Australian grains gene bank for rust resistance in barley. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(13), 10860. doi: [10.3390/ijms241310860](https://doi.org/10.3390/ijms241310860).
- Clifford, B. (1985). Barley leaf rust. In: Roelfs, A. P., & Bushnell, W. R. (Eds.). *The Cereal Rusts. Volume II: Diseases, Distribution, Epidemiology, and Control*. Elsevier. 650 p.
- Czembor, J. H. (2023). Barley genetic resources: Advancing conservation and applications for breeding. *Agronomy*, 13(12), 2901. doi: [10.3390/agronomy1312290](https://doi.org/10.3390/agronomy1312290).
- Danilova, A. V., & Volkova, G. V. (2022). Virulence of barley leaf rust in the South of Russia in 2017-2019. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 20(1), e10SC01. doi: [10.5424/sjar/2022201-18337](https://doi.org/10.5424/sjar/2022201-18337).
- Derevnina, L., Singh, D., & Park, R. F. (2013). Identification and characterization of seedling and adult plant resistance to *Puccinia hordei* in Chinese barley germplasm. *Plant Breeding*, 132(6), 571-579. doi: [10.1111/pbr.12082](https://doi.org/10.1111/pbr.12082).
- Hickey, L. T., Lawson, W., Platz, G. J., Dieters, M., Arief, V. N., German, S., Fletcher, S., Park, R. F., Singh, D., Pereyra, S., & Franckowiak, J. (2011). Mapping *Rph20*: A gene conferring adult plant resistance to *Puccinia hordei* in barley. *Theoretical & Applied Genetics*, 123, 55-68. doi: [10.1007/s00122-011-1566-z](https://doi.org/10.1007/s00122-011-1566-z).

- Jost, M., Singh, D., Lagudah, E., Park, R. F., & Dracatos, P. (2020). Fine mapping of leaf rust resistance gene *Rph13* from wild barley. *Theoretical & Applied Genetics*, 133(6), 1887-1895. doi: [10.1007/s00122-020-03564-6](https://doi.org/10.1007/s00122-020-03564-6).
- Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar×location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68, 193-198. doi: [10.4141/cjps88-018](https://doi.org/10.4141/cjps88-018).
- Mehnaz, M., Dracatos, P. M., Park, R. F., & Singh, D. (2021). Mining Middle Eastern and Central Asian barley germplasm to understand diversity for resistance to *Puccinia hordei*, causal agent of leaf rust. *Agronomy*, 11(11), 2146. doi: [10.3390/agronomy11112146](https://doi.org/10.3390/agronomy11112146).
- Milner, S. G., Jost, M., Taketa, S., Mazón, E. R., Himmelbach, A., Oppermann, M., Weise, S., Knüpfner, H., Basterrechea, M., König, P., & Schüller, D. (2019). Genebank genomics highlights the diversity of a global barley collection. *Nature Genetics*, 51(2), 319-326. doi: [10.1038/s41588-018-0266-x](https://doi.org/10.1038/s41588-018-0266-x).
- Oğuz, A. Ç. (2019). Resistance of wild barley (*Hordeum spontaneum*) and barley landraces to leaf stripe (*Drechslera graminea*). *Phytopathologia Mediterranea*, 58(3), 485-496. doi: [10.14601/Phyto-10885](https://doi.org/10.14601/Phyto-10885).
- Park, R. F. (2008). Breeding cereals for rust resistance in Australia. *Plant Pathology*, 57(4), 591-602. doi: [10.1146/annurev-phyto-080614-120324](https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080614-120324).
- Park, R. F., Golegaonkar, P. G., Derevnina, L., Sandhu, K. S., Karaoglu, H., Elmansour, H. M., Dracatos, P. M., & Singh, D. (2015). Leaf rust of cultivated barley: Pathology and control. *Annual Review of Phytopathology*, 53(1), 565-589. doi: [10.1146/annurev-phyto-080614-120324](https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080614-120324).
- Peterson, R. F., Campbell, A. B., & Hannah, A. E. (1948). A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals. *Canadian Journal of Research*, 26(5), 496-500. doi: [10.1139/cjr48c-033](https://doi.org/10.1139/cjr48c-033).
- Roelfs, A. P., Singh, R. P., & Saari, E. E. (1992). Rust Diseases of Wheat: Concepts and Methods of Disease Management. CIMMYT, Mexico.
- Singh, D., Dracatos, P., Derevnina, L., Zhou, M., & Park, R. F. (2015). *Rph23*: A new designated additive adult plant resistance gene to leaf rust in barley on chromosome 7H. *Plant Breeding*, 134(1), 62-69. doi: [10.1111/pbr.12229](https://doi.org/10.1111/pbr.12229).
- Singh, D., Ziem, L. A., Dracatos, P. M., Pourkheirandish, M., Tshewang, S., Czembor, P., German, S., Fowler, R. A., Snyman, L., Platz, G. J., & Park, R. F. (2018). Genome-wide association studies provide insights on genetic architecture of resistance to leaf rust in a worldwide barley collection. *Molecular Breeding*, 38, 43. doi: [10.1007/s11032-018-0803-4](https://doi.org/10.1007/s11032-018-0803-4).
- Visioni, A., Basile, B., Amri, A., Sanchez-Garcia, M., & Corrado, G. (2023). Advancing the conservation and utilization of barley genetic resources: Insights into germplasm management and breeding for sustainable agriculture. *Plants*, 12(18), 3186. doi: [10.3390/plants12183186](https://doi.org/10.3390/plants12183186).
- Volkova, G. V., Danilova, A. V., & Kudina, O. A. (2019). The virulence of the barley leaf rust pathogen in the North Caucasus in 2014-2017. *Agricultural Biology*, 54(3), 589-596. doi: [10.15389/agrobiol.2019.3.589eng](https://doi.org/10.15389/agrobiol.2019.3.589eng).
- Whelan, H., Gaunt, R., & Scott, W. (1997). The effect of leaf rust (*Puccinia hordei*) on yield response in barley (*Hordeum vulgare* L.) crops with different yield potentials. *Plant Pathology*, 46(4), 397-406. doi: [10.1046/j.1365-3059.1997.d01-23.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-3059.1997.d01-23.x).
- Zahravi, M., & Dehghan, M. (2018). Identification of genetic resources of field resistance to barley leaf rust in local germplasm of cultivated barley. *Iranian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 7(2), 1-12. [In Persian]. doi: [10.30479/ijgpb.2019.9786.1215](https://doi.org/10.30479/ijgpb.2019.9786.1215).
- Zahravi, M., Safavi, S. A., & Ghazvini, H. (2021). Identification of sources of resistance to yellow rust in barley landraces grown in the northwest regions of Iran. *Iranian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 10(2), 13-23. [In Persian]. doi: [10.30479/IJGPB.2023.18050.1330](https://doi.org/10.30479/IJGPB.2023.18050.1330).
- Ziem, L. A., Hickey, L. T., Platz, G. J., Franckowiak, J. D., Dracatos, P. M., Singh, D., & Park, R. F. (2017). Characterisation of *Rph24*: A gene conferring adult plant resistance to *Puccinia hordei* in barley. *Phytopathology*, 107(7), 834-841. doi: [10.1094/PHYTO-08-16-0295-R](https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-16-0295-R).
- Ziem, L. A., Singh, L., Dracatos, P. M., Dieters, M. J., Sanchez-Garcia, M., Amri, A., Verma, R. P. S., Park, R. F., & Singh, D. (2023). Characterization of leaf rust resistance in international barley germplasm using genome-wide association studies. *Plants*, 12(4), 862. doi: [10.3390/plants12040862](https://doi.org/10.3390/plants12040862).