



Identification of races of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stem rust, in the west and north west of Iran in 2021-2022

Morteza Sadeghi¹ , Ramin Roohparvar² , Mansoor Karimi-Jashni³

1. Department of Plant Pathology, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran. E-mail: morteza.sdgi75@gmail.com
2. Agricultural and Horticultural Sciences Research Department, East Azerbaijan Province Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Tabriz, Iran. Department of Cereal research, Seed Breeding Research Center, Karaj, Iran. E-mail: r.roohparvar@areeo.ac.
3. Corresponding author, Department of Plant Pathology, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran. E-mail: mkjashni@modares.ac.ir

Article Info	ABSTRACT
Article type: Research Article	<i>Puccinia graminis</i> f. sp. <i>tritici</i> (Pgt), is an obligate biotrophic fungus and causes stem rust disease in wheat. This fungus evolves continuously, threatening commercial wheat varieties with resistance genes. The emergence of virulent strains, particularly, has undermined the resistance of cultivated varieties. Understanding the population genetics and pathogenicity genes of this fungus is crucial for managing resistant wheat varieties, especially given the significance of wheat in the region. To identify Pgt races, field surveys conducted in mid-June to mid-July of 2021 and 2022 in western and northwestern Iran involved the collection of 35 samples from Ardabil, Hamadan, and Lorestan provinces. The rust samples were postulated and purified on the susceptible wheat cultivar Morocco. The physiological races of 18 pure isolates were analyzed using 20 differential cultivars with known resistance genes. Infection types were scored based on a 0-4 standard scale, and races were determined using a 5-letter standard coding system. Results showed that most of the differential lines carrying specific genes were susceptible to the evaluated isolates. These findings indicated that these isolates belonged to two TTTTF and TKTTF races. Fungal virulence was observed in the majority of lines carrying <i>Sr</i> genes, and only the <i>Sr24</i> and <i>Sr31</i> genes exhibited full effectiveness against all these isolates.
Article history: Received: 8 July 2025 Revised: 4 August 2025 Accepted: 8 August 2025 Published online: Autumn and Winter 2024	
Keywords: diversity, infection type, resistance gene, obligate parasite, virulence.	

Cite this article: Sadeghi, M., Roohparvar, R. & Karimi-Jashni, M. (2024). Identification of races of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stem rust, in the west and north west of Iran in 2021-2022. *Iranian Journal of Plant Protection Science*, 55 (2), 283-294. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijpps.2025.397992.1007085>



© The Author(s).

Publisher: The University of Tehran Press.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijpps.2025.397992.1007085>

Extended Abstract

Introduction

The fungus *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (Pgt) is an obligate biotrophic fungus and causes stem rust disease in wheat. This fungus evolves continuously, threatening commercial wheat varieties with resistance genes. The emergence of virulent strains, particularly, has undermined the resistance of cultivated varieties. Understanding the population genetics and pathogenicity genes of this fungus is crucial for managing resistant wheat varieties, especially given the significance of wheat in the region. To identify Pgt races, field surveys conducted in mid-June to mid-July of 2021 and 2022 in western and northwestern Iran involved the collection of 35 samples from Ardabil, Hamadan, and Lorestan provinces. The rust samples were postulated and purified on the susceptible wheat cultivar Morocco. The physiological races of 18 pure isolates were analyzed using 20 differential cultivars with known resistance genes. Infection types were scored based on a 0-4 standard scale and races were determined using a 5-letter standard coding system. Results showed that most of the differential lines carrying specific genes were susceptible to the evaluated isolates. These findings indicated that these

isolates belonged to two TTTTF and TKTTF races. Fungal virulence was observed in the majority of lines carrying *Sr* genes, and only the *Sr24* and *Sr31* genes exhibited full effectiveness against all these isolates.

Materials and Methods

Infected wheat samples containing Pgt pustules were collected from Ardabil, Hamadan, and Lorestan provinces (Fig. 1). To purify and multiply all isolates, seedlings of the sensitive cultivar Morocco were inoculated at 25 °C with 80–90% relative humidity, light intensity of 12,000 lx, and 16 h light: 8 h dark for 2 weeks. Virulence study of Pgt isolates was evaluated on 20 North American standard differential lines comparable to those of the purification. Infection types were assessed at 14 dpi based on the 0 to 4 scale. Infection types 0 to 2 are regarded as incompatible reactions, and infection types 3 and 4 are considered as compatible reactions (Fig. 2). The physiological race of isolates was indicated based on the five-letter code of the North American nomenclature system for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (Fig. 3), using infection types 0 to 2 as low (L), and infection types 3 and 4 as high (H). The frequency of each race, their distribution in different geographic regions, and the frequency of virulence among the isolates for each resistance gene were determined.

Results and Discussion

In this study, among 18 Pgt isolates collected from the 3 provinces, 2 physiological races (TTTTF, TKTTF) were identified (Table 1). According to sampling from Ardabil, Lorestan and Hamedan provinces, the pathogenicity spectrum of TKTTF strains was recorded at 76% and TTTTF strain at 24% (Table 2). TTTTF strain is one of the strains with the widest pathogenicity spectrum and the most destructive stem rust. The TKTTF race has also been reported from Lorestan, Hamedan, Ardabil, and Mazandaran provinces in previous years, and the TTTTF race has been reported from Golestan, Lorestan, Ardabil, and Hamedan provinces. Based on the genomic polymorphism grouping, most of the isolates related to these two races belong to clade IV (Szabo *et al.*, 2022). The dominant population of wheat stem rust strains in Iran has shifted from the Ug99-related group (clade I) to group IV. These two races have also been identified in previous studies (Khanboluki *et al.*, 2024; Omrani *et al.*, 2018). TTTTF strain has a pathogenicity formula that is almost similar to TKTTF but is distinctly different from the stem rust strain TTKSK (Ug99), as the TTKSK strain is not pathogenic on both *Sr24* and *Sr31*. Varieties containing *Sr11*, *Sr24*, and *Sr31* are effective against TKTTF strain, but varieties containing *Sr11* are susceptible to TTTTF strain. Overall, the present study demonstrates that the disease had a lower prevalence and racial diversity in 2022 and 2023. If environmental conditions are favorable in the coming years, these two races could become more prevalent and cause regional epidemics.

Author Contributions

MKJ and RR conceptualized the project. MS and MKJ performed the experiments and wrote the manuscript. MKJ and RR edited the manuscript. All authors read and approved the manuscript.

Data Availability Statement

Data are available upon request from the authors.

Acknowledgements

We acknowledge TMU, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural and Horticultural Sciences Research centers of Lorestan and Ardebil, Azerbaijan, for their hosting and financial support.

Ethical considerations

The authors avoided data fabrication, falsification, plagiarism, and misconduct.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.



شناسایی نژادهای قارچ *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* عامل بیماری زنگ ساقه گندم در

شمال غرب و غرب ایران در سال های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱

مرتضی صادقی^۱ | رامین روح پرور^۲ | منصور کریمی جشنی^۳ ✉

۱. گروه بیماری شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران. رایانامه: morteza.sdgi75@gmail.com

۲. بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان آذربایجان شرقی، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تبریز، ایران. بخش تحقیقات غلات، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران. رایانامه:

r.roohparvar@areeo.ac.ir

۳. گروه بیماری شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران. رایانامه: mekjashni@modares.ac.ir

اطلاعات مقاله	چکیده
نوع مقاله: مقاله پژوهشی تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۴/۱۷ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۴/۰۵/۱۳ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۱۷ تاریخ انتشار: پاییز و زمستان ۱۴۰۳ کلیدواژه‌ها: تنوع، تیپ آلودگی، ژن‌های مقاومت، پارانیت اجباری، پرازاری.	قارچ <i>Puccinia graminis</i> f. sp. <i>tritici</i> (Pgt) یک بیوتروف اجباری بوده و موجب بروز بیماری زنگ ساقه در گندم می‌گردد. ژنتیک این قارچ مرتب در حال تغییر بوده و در دو دهه گذشته با ظهور نژادهای پرازار این قارچ موجب شکسته شدن مقاومت ارقام مختلف گندم مورد استفاده شده است. با توجه به اهمیت استراتژیک گندم و تغییرات سریع این قارچ، شناخت کافی از ژنتیک جمعیت و ژن‌های دخیل در پرازاری آن، می‌تواند در مدیریت کشت ارقام گندم برای کاهش خطر بیماری مورد استفاده قرار گیرد. در این پژوهش با هدف شناسایی نژادهای قارچ در مناطق شمال غرب و غرب کشور، تعداد ۳۵ نمونه گندم آلوده به بیماری از اواسط خرداد ماه تا اواسط تیر ماه سال‌های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ از استان‌های اردبیل، همدان و لرستان جمع‌آوری گردید. در شرایط گلخانه هر یک از جدایه‌ها روی رقم حساس موروکو خالص سازی و ۱۸ جدایه با موفقیت خالص و جهت مطالعات بعدی تکثیر شدند. سپس بصورت جداگانه الگوی آلودگی هر کدام از جدایه‌ها بر اساس مقیاس ۰-۴ و با استفاده از گیاهچه‌های ۲۰ رقم افتراقی استاندارد حاوی تک‌ژن‌های شناخته شده مقاومت به زنگ ساقه گندم مورد بررسی قرار گرفت و با استفاده از سیستم کددهی پنج حرفی متداول نژادها نامگذاری شدند. نتایج بررسی حاضر نشان داد که جدایه‌های جمع‌آوری شده مربوط به دو نژاد TTTTF و TKTTF می‌باشند. نتایج نشان داد که روی اغلب ژن‌های مورد بررسی پرازاری وجود دارد و ارقام گندم حاوی دو ژن <i>Sr24</i> و <i>Sr31</i> به همه جدایه‌ها مقاوم بودند.

استناد: صادقی، مرتضی؛ روح پرور، رامین و کریمی جشنی، منصور (۱۴۰۳). شناسایی نژادهای قارچ *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* عامل بیماری زنگ ساقه گندم در شمال غرب و غرب ایران در سال های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱. نشریه دانش گیاهپزشکی ایران، ۵۵ (۲)، ۲۸۳-۲۹۴. DOI: <https://doi.org/10.22059/ijpps.2025.397992.1007085>



© نویسندگان.

DOI: <https://doi.org/10.22059/ijpps.2025.397992.1007085>

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران.

مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از محصولات مهم و استراتژیک زراعی در جهان و به‌ویژه در ایران به‌شمار می‌رود که نقشی اساسی در امنیت غذایی روزانه انسان‌ها دارد. گندم با سطح زیر کشت گسترده و مصرف بالا، همواره در معرض تهدید عوامل زیستی مختلفی از جمله بیماری‌های قارچی شامل زنگ زرد، زنگ ساقه، زنگ قهوه‌ای، سیاهک‌ها، سفیدک‌ها، لکه سپتوریویایی برگ و بلایت فوزاریومی سنبله می‌باشند. در این میان، زنگ ساقه گندم که عامل آن قارچ *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* است، یکی از خسارت‌بارترین بیماری‌های این گیاه به‌شمار می‌آید. این بیماری می‌تواند در شرایط مساعد، عملکرد محصول را تا بیش از ۷۰ درصد کاهش دهد و در مواردی موجب نابودی کامل مزارع گردد. در شرایط مناسب و حساسیت گیاه، این بیماری می‌تواند منجر به آلودگی ساقه گندم و حتی تا برگ پرچم و ریشک‌ها بشود و باعث کاهش شدید محصول گردد (Mehta, 2014; Roelfs, 1992). به دلیل داشتن میزبان واسط زرشک و جهش‌های ژنتیکی، همواره نژادهای جدید از این قارچ تولید می‌گردند که توانایی غلبه بر تعداد بیشتری از ارقام حاوی ژن‌های مقاومت را دارند (Singh et al., 2008). به همین دلیل، پایش دائمی ژنتیک پرآزاری، شناخت دقیق پراکنش، تنوع ژنتیکی و ساختار جمعیتی آن در مناطق مختلف، امری ضروری در مدیریت بیماری و اصلاح ارقام مقاوم به‌شمار می‌رود. در این مطالعه طی سال‌های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱، جدایه‌های مربوط به قارچ عامل بیماری از مناطق شمال غرب و غرب کشور جمع‌آوری و با استفاده از ارقام افتراقی نژادهای آنها مورد ارزیابی قرار گرفت.

پیشینه پژوهش

زنگ ساقه گندم به دلیل تکثیر و انتشار سریع و ایجاد نژادهای جدید و مهاجم، تهدیدی دائمی برای تولید پایدار گندم محسوب می‌شود. بروز نژادهای مختلف قارچ در مناطق مختلف دنیا، از جمله نژادهای پرخطر مانند Ug99 و نژادهای نوظهور در آسیا و آفریقا، موجب نگرانی‌های جهانی در خصوص مقاومت ارقام گندم و گسترش بیماری شده است. این نژادها نه‌تنها قابلیت غلبه بر ژن‌های مقاومت رایج را دارند، بلکه به سرعت در حال گسترش جغرافیایی می‌باشند. نژاد Ug99 (TTKSK) در سال ۱۹۹۹ در اوگاندا شناسایی شد و به‌سرعت در شرق آفریقا گسترش یافت (Pretorius et al., 2000). ویژگی بارز آن، توانایی غلبه بر ژن مقاومت *Sr31* است که در بسیاری از ارقام تجاری گندم با منشا سیمیت وجود داشت. تاکنون چندین نژاد فرعی مانند نژاد TTKTK (Newcomb et al., 2016)، TTTSK (Jin et al., 2009) و TKTTF (Patpour et al., 2022) از این نژاد منشعب شده‌اند. پس از آن نژادهای دیگر مانند TRTTF و TTTTF در مناطق مختلف از جمله خاورمیانه، آسیا، و اخیراً اروپا و آسیای میانه گزارش شده‌اند (Szabo et al., 2022).

تاکنون همه‌گیری‌های مختلف در مناطق اصلی تولید گندم ایران اتفاق افتاده است (Esfandiari, 1946; Khazra & Bamdadian, 1974) در سال ۲۰۰۷ رسماً نژاد TTKSK از ایران گزارش شد (Nazari et al., 2009) و در سالهای بعد نژادهای دیگر شامل (Nazari, 2013; Omrani et al., 2018; Omrani & Roohparvar, 2021a, 2021b) و پس از آن نژاد TTKSK و نژادهای TKTTK، TTTTK، و PTTTK از این گروه در ایران شناسایی شده‌اند (Khanboluki et al., 2024). به نظر می‌رسد که در حال حاضر جمعیت غالب نژادهای عامل بیماری در ایران غیر از گروه TTKSK باشند (Khanboluki et al., 2024). مطالعات سالهای ۱۳۹۸ و ۱۳۹۹ حاکی از شیوع نژادهای TTTTF، TKTTF، TTTTK، TTTTK، و PTTTK داشته است (Khanboluki et al., 2024).

روش شناسی پژوهش

جمع آوری نمونه

در این مطالعه از مزارع گندم آلوده به بیماری از مناطق ذکر شده در جدول ۱ مربوط به استان‌های لرستان، همدان و اردبیل که بیماری در آنها شیوع بیشتری داشت، طی ماههای خرداد و تیرماه سال‌های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ نمونه برداری گردید. نمونه برداری در مناطقی که آلودگی در آن‌جا شیوع داشت، به فاصله ۵ تا ۱۰ کیلومتری صورت گرفت و در برخی مناطق هم که به دلیل خشکسالی فاقد نمونه کافی در مزارع بود، فقط از مزارع آلوده جهت نمونه برداری استفاده شد. جمع آوری نمونه‌ها در زمان خوشه دهی انجام شد. ساقه‌های آلوده به طول ۵ تا ۱۰ سانتی‌متر از گیاه بریده شده و برای جلوگیری از آلودگی نمونه‌ها به بیماری‌های ثانویه از قبیل قارچ‌ها درون پاکت کاغذی قرار داده شدند (Stakman et al., 1962). نمونه‌های جمع آوری شده با درج نام منطقه، مختصات جغرافیایی (ارتفاع، طول و عرض جغرافیایی) و تاریخ جمع آوری جهت ادامه تحقیقات به آزمایشگاه منتقل شدند.

جداسازی، خالص سازی و تکثیر جدایه‌های قارچ

برای انجام فرایند خالص سازی نمونه‌های جمع آوری شده از رقم حساس مک نیر استفاده گردید و پس از خالص سازی با استفاده از رقم حساس به زنگ ساقه گندم مورکو تکثیر شدند. بذور این رقم در گلدان‌هایی به قطر ۱۲ سانتی‌متر حاوی ترکیبی از خاک رس، خاک‌برگ و پرلیت کشت داده شد. گیاهچه‌ها جهت رشد مناسب در شرایط محیطی با دمای بین ۱۸ تا ۲۵ درجه سلسیوس و رطوبت نسبی ۵۰ درصد قرار گرفتند. گیاهچه‌های کشت شده در مرحله‌ی تک‌برگی با افزودن ۱۰۰ میلی‌لیتر از هورمون مالتیک‌هیدرازید با دز ۲٫۵ گرم در ۱۰ لیتر آب به پای هر گلدان با قطر ۱۲ سانتیمتر تیمار شدند. استفاده از هورمون هدف پهن‌تر شدن برگ‌ها، ایستاده نگه‌داشتن گیاهچه‌ها و اسپورزایی بیشتر قارچ روی آنها انجام می‌گیرد. گیاهچه‌ها در مرحله تک‌برگی به روش مالشی با استفاده از جدایه‌های قارچ قارچ مایه‌زنی شده و پس از آن به مدت ۲۰ ساعت در شرایط تاریکی و رطوبت نسبی اشباع و دمای ۱۸ درجه سلسیوس قرار گرفتند. پس از آن گیاهچه‌ها در دمای ۲۳-۲۵ درجه‌ی سلسیوس با دوره‌ی نوری ۸ ساعت تاریکی و ۱۶ ساعت روشنایی که با استفاده از لامپ‌های سدیمی مخصوص رشد با شدت نوری ۱۴۰۰۰ لوکس تأمین می‌شد، قرار داده شدند. دو هفته پس از مایه زنی و ظهور علائم بیماری، با استفاده از گوش پاک‌کن تک‌جوش‌های مشاهده شده روی گیاهچه‌ها برداشته شده و مجدداً روی گیاهچه‌های جدید مایه‌زنی شدند و این کار برای بار سوم نیز تکرار شد تا از خالص شدن جدایه اطمینان حاصل شود. در نهایت، اسپورهای جمع آوری شده به کمک دستگاه وکیوم (مکش) درون میکروتیوب‌های مخصوص ریخته شده و جهت از بین بردن رطوبت آن‌ها به مدت چهار روز در دمای ۴ درجه سلسیوس درون دسیکاتور نگهداری شدند. نمونه‌هایی که بررسی آنها به اتمام رسید در فریزر ۸۰- جهت مطالعات دیگر ذخیره شدند.

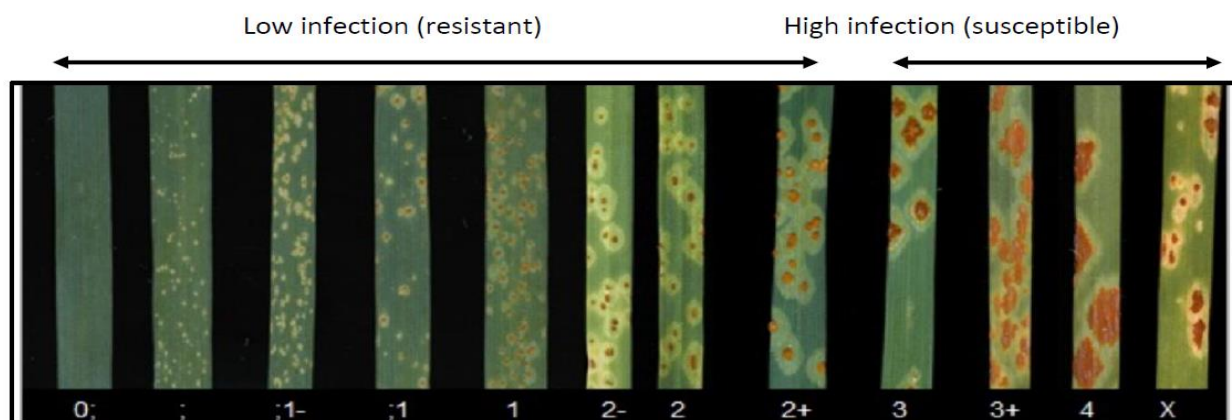
کشت و مایه‌زنی ارقام افتراقی

به منظور تعیین نژادهای جدایه‌های جمع آوری شده، یک مجموعه ۲۰ تایی از ارقام افتراقی موسوم به مجموعه آمریکای شمالی که از سرویس تحقیقات کشاورزی وابسته به وزارت کشاورزی آمریکا (USDA-ARS) تهیه گردیده بود، استفاده شد. هر کدام از این ارقام حاوی یک ژن مقاومت به زنگ سیاه گندم است. تمامی ارقام ذکر شده جهت تعیین نژاد به همراه شاهد حساس به بیماری (موروکو) در گلدان‌هایی به قطر ۷ سانتی‌متر با سه تکرار در اتاق رشد کشت شدند. به طور معمول گیاهچه‌ها هفت روز پس از کشت آماده مایه‌زنی بودند. برای انجام مایه‌زنی ارقام افتراقی از روش مایه‌زنی مالشی با استفاده از گوش پاک‌کن استفاده شد. برای این منظور، ابتدا گیاهچه‌ها با استفاده از چند قطره Tween20 مرطوب شده و اسپورها به کمک گوش پاک‌کن روی برگ‌ها مالیده شدند.

بررسی تیپ آلودگی ارقام افتراقی مایه‌زنی شده با جدایه‌های قارچ

الگوی آلودگی گیاهچه‌ها پس از دو هفته براساس مقیاس ۰ تا ۴ نمره‌دهی شدند (Stakman *et al.*, 1962). در این روش و بر اساس شکل ۲، نمره ۰ به معنی عدم هیچ گونه علائم بر روی برگ، نمره ۱ گیاهچه دارای جوش‌های ریز همراه با هاله زرد رنگ و نمره ۲ جوش کوچک و گرد همراه با کلروز و هاله سبز و زرد در نظر گرفته شدند. ارقام با الگوی آلودگی ۳ دارای جوش‌های متوسط و با شکل نامنظم بوده و پس از پاره نمودن لایه اپیدرم بیرون می‌آید. الگوی آلودگی ۴ دارای جوش‌های بزرگ و همراه با بقایای اپیدرم پاره شده می‌باشد. از کاراکتر منفی (-) برای اشاره الگوی آلودگی وقتی که جوش‌های جاوی یوردینیوم تا حدودی کوچکتر از حد معمول برای یک الگوی آلودگی و کاراکتر مثبت (+) برای وقتی که جوش‌ها تا حدی بزرگتر از حد معمول برای آن نوع آلودگی می‌باشد استفاده می‌گردد.

از این رو الگوی آلودگی پایین («۰»، «۱»، «۱+»، «۲»، «۲+») واکنش ناسازگاری و مقاومت و الگوی آلودگی بالا «۳» و «۴» واکنش سازگاری و حساسیت منظور گردید (Stakman *et al.*, 1962).



شکل ۱. انواع الگوی آلودگی حاصل از مایه‌زنی قارچ عامل زنگ ساقه گندم روی ارقام افتراقی گندم (Stakman *et al.*, 1962).

تعیین نژاد جدایه‌ها

برای نامگذاری نژاد شناسایی شده، بر اساس واکنش هر جدایه روی ارقام افتراقی، از کد پنج حرفی از سیستم نامگذاری آمریکای شمالی استفاده شد که ترکیب یک کد سه حرفی (Roelfs & Martens, 1988) و یک کد دو حرفی (Jin *et al.*, 2008) است. رتبه‌بندی‌های تعریف شده به دو دسته Low (۱ تا ۲) و High (۳ تا ۴) تقسیم و بر اساس اینکه هر ست (دسته) نشان دهنده کدام یک از حروف باشند نژادها مشخص می‌شوند (شکل ۲).

	Four gene differential sets				
	<i>Sr5</i>	<i>Sr21</i>	<i>Sr9e</i>	<i>Sr7b</i>	Set 1
	<i>Sr11</i>	<i>Sr6</i>	<i>Sr8a</i>	<i>Sr9g</i>	Set 2
	<i>Sr36</i>	<i>Sr9b</i>	<i>Sr30</i>	<i>Sr17</i>	Set 3
	<i>Sr9a</i>	<i>Sr9d</i>	<i>Sr10</i>	<i>SrTmp</i>	Set 4
Pgt letter	<i>Sr24</i>	<i>Sr31</i>	<i>Sr38</i>	<i>SrMcN</i>	Set 5
B	L	L	L	L	
C	L	L	L	H	
D	L	L	H	L	
F	L	L	H	H	
G	L	H	L	L	
H	L	H	L	H	
J	L	H	H	L	
K	L	H	H	H	
L	H	L	L	L	
M	H	L	L	H	
N	H	L	H	L	
P	H	L	H	H	
Q	H	H	L	L	
R	H	H	L	H	
S	H	H	H	L	
T	H	H	H	H	

H = High Infection Type (3-4 on standard evaluation scale)
L = Low Infection Type (0-2 on standard evaluation scale)

شکل ۲. شیوه نامگذاری نژادهای *Puccinia graminis f. sp. tritici* شناسایی شده در این پژوهش براساس الگوی بیماریزایی آنها روی ۲۰ لاین ایزوژن استاندارد افتراقی گندم.

یافته های پژوهش

تعیین نژاد و شدت علائم بیماری زنگ ساقه ی گندم

نتایج نشان داد که جدایه های قارچ عامل زنگ ساقه ی گندم در مناطق مورد مطالعه دارای طیف بیماریزایی متغیری روی ژن های مقاومت به زنگ ساقه بودند، به دلیل کاهش بارندگی و رطوبت و افزایش دما، از عامل بیماری زنگ ساقه گندم تنها در استان های همدان، لرستان و اردبیل نمونه برداری صورت گرفت. در برخی از استان ها مانند لرستان جدایه های مطالعه شده دارای تنوع نژادی کم و مربوط به یک گروه نژادی بودند و جدایه های مطالعه شده نیز دارای تنوع نژادی کم و مربوط به دو گروه نژادی TKTTF و TTTTF بودند. نژاد TKTTF در سالهای گذشته نیز از استانهای لرستان، همدان، اردبیل و مازندران و نژاد TTTTF از استان های گلستان، لرستان اردبیل و همدان گزارش شده اند. بر اساس گروه بندی پلی مورفیسم ژنومی، بیشتر ایزوله های مربوط به این دو نژاد به گروه چهار (clade IV) تعلق دارند (Szabo et al., 2022) و انتظاری رود نژادهای شناسایی شده در این مطالعه نیز به این گروه تعلق داشته باشند. به هر حال به نظرمی رسد که جمعیت غالب نژادهای عامل زنگ ساقه گندم از گروه مربوط به Ug99 (clade I) به گروه چهار تغییر یافته باشد. نژادهای مرتبط با گروه چهار در مطالعات قبل نیز شناسایی شده اند (Khanboluki et al., 2024; Omrani et al., 2018). نژاد TTTTF دارای فرمول بیماریزایی است

که تقریباً شبیه به TKTTF است ولی به طور مشخص با نژاد زنگ ساقه (Ug99) TTKSK متفاوت است، زیرا نژاد TTKSK بیماری‌زایی بر روی Sr24 و Sr31 توامان وجود ندارد. ارقام حاوی Sr11، Sr24 و Sr31 نسبت به نژاد TKTTF موثر هستند اما ارقام حاوی Sr11 نسبت به نژاد TTTTF حساس می‌باشند (جدول ۱).

جدول ۱. مختصات جغرافیایی و نوع نژاد شناسایی شده در این پژوهش برای هر جدایه عامل زنگ ساقه گندم.

استان	محل جمع‌آوری	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	نژاد	جدایه
همدان	همدان جاده لامیان	48.24748	34.45567	TKTTF	Pgt1400-1(1)
اردبیل	ورودی اردبیل از سمت اردبیل مشکین‌شهر	48.37746	38.24134	TKTTF	Pgt1400-4(2)
	اردبیل مشکین‌شهر	48.246764	38.298127	TKTTF	Pgt1400-10
	اردبیل مشکین‌شهر	48.253186	38.30138	TKTTF	Pgt1400-11(1)
	اردبیل مشکین‌شهر	48.23468	38.37265	TKTTF	Pgt1400-12
	اردبیل آبی‌بیگلر	48.56894	38.30883	TKTTF	Pgt1400-17(1)
	ورودی اردبیل از سمت اردبیل آبی‌بیگلر	48.38755	38.24631	TKTTF	Pgt1400-17(2)
	اردبیل آبی‌بیگلر	48.40759	38.2498	TKTTF	Pgt1400-18(1)
	اردبیل آبی‌بیگلر	48.44056	38.24462	TKTTF	Pgt1400-18(2)
	اردبیل آبی‌بیگلر	48.35153	38.24289	TTTTF	Pgt1400-23(2)
	جاده اردبیل - سقزچی	48.03441	38.004453	TTTTF	Pgt1401-1
	جاده اردبیل - سقزچی	48.04835	38.01831	TKTTF	Pgt1401-2
	جاده اردبیل - سقزچی	48.0282	38.09902	TKTTF	Pgt1401-3
	اردبیل آبی‌بیگلر	48.56542	38.27494	TKTTF	Pgt1401-4
لرستان	بروجرد - مزرعه	48.787198	33.826720	TTTTF	Pgt1401-5
	بروجرد - مزرعه	48.787300	33.826025	TTTTF	Pgt1401-6
	بروجرد - مزرعه	48.786423	33.826217	TKTTF	Pgt1401-7
	بروجرد - مزرعه	48.788116	33.825873	TKTTF	Pgt1401-8

بررسی درصد فراوانی بیماری‌زایی نژادهای Pgt در جدایه‌های جمع‌آوری شده

طبق نمونه‌برداری از استان‌های اردبیل، لرستان و همدان، طیف بیماری‌زایی مربوط به نژادهای TKTTF با ۷۶ درصد و نژاد TTTTF با ۲۴ درصد ثبت شد. نژاد TTTTF یکی از نژادهایی است که وسیع‌ترین طیف بیماری‌زایی و مخرب‌ترین زنگ ساقه را دارد. اولین بار در سال ۲۰۰۰ در ایالات متحده شناسایی شد (Jin et al., 2007؛ Jin et al., 2008). در ایران در سال‌های ۲۰۱۰ و ۲۰۱۴ از نمونه‌های جمع‌آوری شده، شناسایی شده بود (Patpour et al., 2014) همچنین در گزارشی از عمرانی و همکاران در سال ۲۰۱۸ نژادهای TKTTF و TTTTF به عنوان نژادهای رایج عامل زنگ ساقه در ایران تعیین شدند (Omran et al., 2018).

نژاد TTTTF با فراوانی ۲۴٪ که از لحاظ الگوی بیماری‌زایی بسیار شبیه نژاد قبل بوده که از مزارع استان اردبیل (سقزچی) و استان لرستان (مزرعه تحقیقاتی در بروجرد) به‌دست آمد (جدول ۲). نژاد غالب TKTTF با فراوانی ۷۶٪ از نمونه‌های جمع‌آوری شده از مزارع استان اردبیل (منطقه آبی‌بیگلر) و استان لرستان (مزرعه تحقیقاتی در بروجرد) و استان همدان (جاده لامیان چاشخوره) به‌دست آمد. تاکنون نژاد TKTTF در ایران (۲۰۱۰)، لبنان (۲۰۱۲)، مصر (۲۰۱۳)، آذربایجان، اریتره و یمن و همچنین

در کنیا از نمونه‌های جمع‌آوری شده در سال‌های ۲۰۱۴ و ۲۰۱۵ شناسایی شده است (Olivera et al., 2015). همچنین بر طبق گزارشاتی که از آلمان در فصل زراعی ۲۰۱۴-۲۰۱۳ موجود است، نژاد TKTTF در میان نژادهایی که باعث شیوع غیرعادی زنگ ساقه گندم نیز مشاهده شد (Olivera Firpo et al., 2017). نژاد TKTTF در ایران در سال ۲۰۱۸ توسط عمرانی نیز گزارش شده است. در این تحقیق نژاد TKTTF در نمونه‌های جمع‌آوری شده از آبی‌بیگلر استان اردبیل و مزرعه تحقیقاتی بروجرد به‌دست آمد.

جدول ۲. فراوانی نژادهای مرتبط با جدایه های عامل زنگ ساقه گندم در این پژوهش.

نژاد	نام جدایه	فراوانی(%)
TTTTF	Pgt1401-1 Pgt1401-5, Pgt1401-6, Pgt1400-23(2)	22%
TKTTF	Pgt1400-1(1), Pgt1400-4(2), Pgt1400-10, Pgt1400-11(1), Pgt1400-12, Pgt1400-17(1), Pgt1400-17(2), Pgt1400-18(1), Pgt1400-18(2), Pgt1401-2, Pgt1401-3, Pgt1401-4, Pgt1401-7, Pgt1401-8,	77%

بحث

زنگ ساقه‌ی گندم یکی از بیماری‌های مهم و خسارت‌زای گندم در سراسر جهان است که توسط قارچ *Puccinia graminis f. sp. tritici* (Pgt) ایجاد می‌شود. این بیماری به‌ویژه در شرایط اقلیمی مناسب می‌تواند سبب کاهش شدید عملکرد محصول گردد. بررسی‌های اخیر در مناطق مختلف ایران حاکی از آن است که تحت تأثیر تغییرات اقلیمی نظیر کاهش بارندگی، کاهش رطوبت نسبی و افزایش دما، پراکنش و تنوع نژادی این بیماری دستخوش تغییراتی شده است. در پژوهش حاضر، به دلیل شرایط اقلیمی یادشده، تنها از استان‌های همدان، لرستان و اردبیل نمونه‌برداری از جمعیت قارچ عامل زنگ ساقه صورت گرفت. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل نمونه‌ها نشان داد که در برخی مناطق مانند استان لرستان، تنوع نژادی نسبتاً پایین بوده و بیشتر جدایه‌ها به گروه‌های نژادی مشخصی تعلق داشتند. دو نژاد غالب شناسایی‌شده شامل TKTTF با فراوانی ۷۶٪ و TTTTF با فراوانی ۲۴٪ بودند. نژاد TKTTF پیش‌تر از استان‌های مختلف ایران نظیر لرستان، همدان، اردبیل و مازندران گزارش شده است (Patpour et al., 2014; Omrani et al., 2018). همچنین نژاد TTTTF از استان‌های گلستان، لرستان، اردبیل و همدان نیز شناسایی شده است. این دو نژاد از نظر ژنتیکی غالباً به گروه چهارم (clade IV) طبق گروه‌بندی تنوع ژنومی تعلق دارند (Szabo et al., 2022) که بیانگر غالب شدن نسبی این گروه نژادی در ایران در سال‌های اخیر است.

نژاد TKTTF از نظر الگوی بیماری‌زایی به نژاد TTTTF شباهت دارد، اما هر دو از نژاد TTKSK (Ug99) متمایز هستند؛ چرا که Ug99 توانایی غلبه هم‌زمان بر ژن‌های مقاومت *Sr24* و *Sr31* را داراست، در حالی که TKTTF و TTTTF فاقد این ویژگی هستند (Jin et al., 2007; Jin et al., 2008). در این مطالعه، ارقام حاوی *Sr11*، *Sr24* و *Sr31* در برابر TKTTF مقاوم بوده ولی در برابر TTTTF، ارقام دارای *Sr11* حساس نشان داده‌اند. نژاد TTTTF نخستین بار در سال ۲۰۰۰ در ایالات متحده شناسایی شد (Jin et al., 2007) و در ایران نیز در سال‌های ۲۰۱۰ و ۲۰۱۴ گزارش شده است (Safavi et al., 2014; Patpour et al., 2014). در این مطالعه، این نژاد از مناطق سقزچی اردبیل و مزارع تحقیقاتی بروجرد لرستان جداسازی شد. در مقابل، نژاد TKTTF که بیشترین فراوانی را داشت، از مناطق آبی‌بیگلر اردبیل، بروجرد لرستان و منطقه چاشخور همدان به‌دست آمد. این نژاد علاوه بر ایران، در کشورهای متعددی همچون لبنان، مصر، آذربایجان، اریتره، یمن و حتی آلمان نیز گزارش شده است (Olivera et al., 2015; Olivera Firpo et al., 2017).

نتیجه‌گیری و پیشنهادها

درمجموع، بنظر می‌رسد که در سال‌های ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ بیماری زنگ ساقه گندم به دلیل شرایط نامساعد (وضعیت خشکسالی و همچنین دمای شبانه زیر ۱۵ درجه سلسیوس در فصول اردیبهشت و خرداد) قارچ عامل بیماری دارای شیوع و تنوع نژادی کمتری داشته است. در این تحقیق دو نژاد TKTTF و TTTTF شناسایی شد که در سال‌های گذشته نیز گزارش

شده اند و به نظر می‌رسد که در حال حاضر در ایران نسبت به دیگر نژادها جمعیت غالب باشند. بر اساس نتایج این مطالعه و گزارش‌های پیشین، می‌توان نتیجه گرفت که ساختار جمعیتی *P. graminis* f. sp. *tritici* در ایران در حال گذار از گروه نژادی Clade I مربوط به Ug99 به سمت غالب شدن نژادهای متعلق به Clade IV است. این امر نیازمند توجه ویژه در برنامه‌های اصلاحی و استفاده از ژن‌های مقاومت پایدار و مؤثر در ارقام گندم است. شناسایی دقیق نژادهای غالب و پایش مستمر آنها می‌تواند به طراحی استراتژی‌های دقیق‌تر برای مدیریت بیماری کمک نماید. در صورتی که در سال‌های آتی شرایط محیطی برای توسعه‌ی زنگ ساقه‌ی گندم فراهم باشد، این بیماری می‌تواند شیوع بیشتری داشته باشد و موجب اپیدمی‌های منطقه‌ای بشود.

سپاسگزاری

از دانشگاه تربیت مدرس که تامین مالی پایان نامه دانشجو را برعهده داشته است و از موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر و مراکز تحقیقاتی بروجرد و اردبیل که در نمونه برداری همکاری داشته اند سپاسگزاری می‌گردد.

تعارض منافع

هیچگونه تعارض منافع بین نویسندگان وجود ندارد.

منابع

عمرانی، علی و روح پرور، رامین (۱۳۹۹). اولین گزارش نژاد TTRTF عامل زنگ ساقه گندم *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* از شمال غرب ایران (شمال غرب، اقلیم سرد). *پژوهش‌های کاربردی در گیاهپزشکی*. دوره ۹ شماره ۴. صفحات ۱۰۱-۱۰۳.
عمرانی، علی؛ اهری زاد، سعید؛ روح پرور، رامین؛ خداکرمی، منوچهر و تورچی، محمود (۱۳۹۷). فاکتورهای بیماری‌زایی جدایه‌های زنگ ساقه (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) و شناسایی منابع مقاومت در ژنوتیپ‌های سینتتیک گندم سمیت. *پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی*. دوره ۱۰ شماره ۲۷. صفحات ۸۴-۹۳.

REFERENCES

- Esfandiari, E. (1946). A second list of fungi collected in Iran. *Entomologie et Phytopathologie Appliquees*, 2(?), 10-16.
- Jin, Y., Singh, R. P., Ward, R. W., Wanyera, R., Kinyua, M., Njau, P., Fetch, T., Pretorius, Z. A., & Yahyaoui, A. (2007). Characterization of seedling infection types and adult plant infection responses of monogenic *Sr* gene lines to race TTKS of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*, 91(9), 1096-1099. <https://doi.org/10.1094/PDIS-91-9-1096>
- Jin, Y., Szabo, L. J., Pretorius, Z. A., Singh, R. P., Ward, R., & Fetch Jr, T. (2008). Detection of virulence to resistance gene *Sr24* within race TTKS of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*, 92(6), 923-926. <https://doi.org/10.1094/PDIS-92-6-0923>
- Jin, Y., Szabo, L. J., Rouse, M. N., Fetch, T., Jr., Pretorius, Z. A., Wanyera, R., & Njau, P. (2009). Detection of Virulence to Resistance Gene *Sr36* Within the TTKS Race Lineage of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*, 93(4), 367-370. <https://doi.org/10.1094/pdis-93-4-0367>
- Khanboluki, F., Nasrollahi, M., & Karimi-Jashni, M. (2024). Virulence analysis of wheat stem rust isolates (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) in Iran using differential lines. *Journal of General Plant Pathology*, 90(5), 267-272. <https://doi.org/10.1007/s10327-024-01188-y>
- Khazra, H., & Bamdadian, A. (1974). The wheat disease situation in Iran. *CABI Databases*, 292-299.
- Mehta, Y. R. 2014. Wheat diseases and their management. In *Wheat diseases and their management*. 256. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-06465-9>
- Nazari, K., & Mafi, M. (2013). Physiological races of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in Iran and

- evaluation of seedling resistance to stem rust in Iranian wheat cultivare. *Phytopathologia Mediterranea*, 110–122. <http://www.jstor.org/stable/42685388>
- Nazari, K., Mafi, M., Yahyaoui, A., Singh, R. P., & Park, R. F. (2009). Detection of wheat stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) race TTKSK (Ug99) in Iran. *Plant Disease*, 93(3), 317. <https://doi.org/10.1094/PDIS-93-3-0317B>
- Newcomb, M., Olivera, P. D., Rouse, M. N., Szabo, L. J., Johnson, J., Gale, S., Luster, D. G., Wanyera, R., Macharia, G., Bhavani, S., Hodson, D., Patpour, M., Hovmoller, M. S., Fetch, T. G., Jr., & Jin, Y. (2016). Kenyan isolates of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* from 2008 to 2014: virulence to *SrTnp* in the Ug99 race group and implications for breeding programs. *Phytopathology*, 106(7), 729–736. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-12-15-0337-R>
- Olivera Firpo, P. D., Newcomb, M., Flath, K., Sommerfeldt-Impe, N., Szabo, L. J., Carter, M., Luster, D. G., & Jin, Y. (2017). Characterization of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* isolates derived from an unusual wheat stem rust outbreak in Germany in 2013. *Plant Pathology*, 66(8), 1258–1266. <https://doi.org/10.1111/ppa.12674>
- Olivera, P., Newcomb, M., Szabo, L. J., Rouse, M., Johnson, J., Gale, S., Luster, D. G., Hodson, D., Cox, J. A., & Burgin, L. (2015). Phenotypic and genotypic characterization of race TKTF of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* that caused a wheat stem rust epidemic in southern Ethiopia in 2013–14. *Phytopathology*, 105(7), 917–928. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-11-14-0302-FI>
- Omrani, A., Aharizad, S., Roohparvar, R., Khodarahmi, M., & Toorchi, M. (2018). Virulence factors of wheat stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) isolates and identification of resistance sources in CIMMYT wheat synthetic genotypes. *Journal of Crop Breeding*, 10(27), 84–93. <https://doi.org/10.29252/jcb.10.27.84>. (In persian)
- Omrani, A., & Roohparvar, R. (2021b). Occurrence of the TTKSK (Ug99) race of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in northwest of Iran (Hashtrood region). *Journal of Applied Research in Plant Protection*, 10(2), 91–93. <https://doi.org/10.22034/arpp.2021.12838>. (In persian)
- Omrani, A., & Roohparvar, R. (2021a). First report of TTRTF race of the wheat stem rust pathogen, *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* from Iran (Northwest, Cold Zone). *Journal of Applied Research in Plant Protection*, 9(4), 101–103. <https://doi.org/10.22034/arpp.2021.12363>. (In persian)
- Patpour, M., Afshari, F., Hasan Bayat, Z., & Nazari, K. (2014). Pathotype identification of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stem rust under greenhouse condition. Seed and plant improvement institute-SPII, Karaj, Iran.
- Patpour, M., Hovmøller, M. S., Rodriguez-Algaba, J., Randazzo, B., Villegas, D., Shamanin, V. P., Berlin, A., Flath, K., Czembor, P., Hanzalova, A., Sliková, S., Skolotneva, E. S., Jin, Y., Szabo, L., Meyer, K. J. G., Valade, R., Thach, T., Hansen, J. G., & Justesen, A. F. (2022). Wheat stem rust back in Europe: diversity, prevalence and impact on host resistance. *Frontiers in Plant Science*, 13(882440). <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.882440>
- Pretorius, Z. A., Singh, R. P., Wagoire, W. W., & Payne, T. S. (2000). Detection of Virulence to Wheat Stem Rust Resistance Gene Sr31 in *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* in Uganda. *Plant Disease*, 84(2), 203. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.2.203B>
- Roelfs, A. P. (1992). Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management. CIMMYT. 81pp. <https://books.google.com/books?id=GHOD3FOZRfAC>
- Roelfs, A. P., & Martens, J. W. (1988). An international system of nomenclature for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Phytopathology*, 78(5), 526–533. <https://doi.org/10.1094/Phyto-78-526>
- Singh, R. P., Hodson, D. P., Huerta-Espino, J., Jin, Y., Njau, P., Wanyera, R., Herrera-Foessel, S. A., & Ward, R. W. (2008). Will stem rust destroy the world's wheat crop? *Advances in Agronomy*, 98, 271–309.
- Stakman, E. C., Stewart, D. M., & Loegering, W. Q. (1962). Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici*. USDA Washington. Washington, DC, USA: US Department of Agriculture Agricultural Research Service. Publication No. E617. 53pp.
- Szabo, L. J., Olivera, P. D., Wanyera, R., Visser, B., & Jin, Y. (2022). Development of a Diagnostic

- Assay for Differentiation Between Genetic Groups in Clades I, II, III, and IV of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*, 106(8), 2211-2220. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-21-2161-RE>
- Visser, B., Herselman, L., Park, R. F., Karaoglu, H., Bender, C. M., & Pretorius, Z. A. (2011). Characterization of two new *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* races within the Ug99 lineage in South Africa. *Euphytica*, 179, 119–127. <https://doi.org/10.1007/s10681-010-0269-x>