ژنتیک نوین
دوره بیستم، شماره۳، پاییز ۱٤۰٤
صفحه ۲۲۰ - ۲۰۵

بررسی اثربخشی ژن‌های مقاومت به بیماری سفیدک پودری جو و تنوع بیماری‌زایی پاتوتیپ‌های *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*

Evaluation of the Effectiveness of Barley Powdery Mildew Resistance Genes and Pathogenicity Diversity of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* Pathotypes

مهدی زهراوی*[۱]، شقایق شهوه[۲]، رضا خلیلی آذر[۲]، مهران پاتپور[۱]، شاهپور ابراهیم‌نژاد[۳]، محمدرضا بی‌همتا[٤]

۱- مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

۲- دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

۳- مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندارن، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

٤- گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

Zahravi M*[1], Shahveh Sh[2], Khaliliazar R[2], Patpour M[1], Ebrahimnejad Sh[3], Bihamta MR[4]

1- Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran
2- Islamic Azad University, Karaj Branch, Karaj, Iran
3- Mazandaran Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran
4- Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: Mehdi.zahravi@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۱٤۰٤/۰۵/۲۸ - تاریخ پذیرش: ۱٤۰۵/۰۳/۲۲)

چکیده

سفیدک پودری یکی از مهم‌ترین بیماری‌های در گیاه جو است. بسیاری از ژن‌های مقاومت به این بیماری در اثر تغییر در جمعیت بیمارگر و ظهور نژادهای بیماری‌زا، بی‌اثر شده‌اند و لذا شناسایی ژن‌های دارای مقاومت مؤثر در برابر پاتوتیپ‌های این بیماری از اهمیت زیادی برخودار است. بدین منظور ابتدا نسبت به جمع‌آوری جدایه‌های بیمارگر از نقاط مختلف کشور اقدام شد. جدایه‌های جمع‌آوری شده، تکثیر، خالص‌سازی و بر روی مجموعه‌ای از لاین‌های ایزوژنیک حاوی ژن‌های مقاومت متفاوت، تلقیح شدند. نتایج واکنش لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌های مورد مطالعه نشان‌دهنده‌ی وجود تنوع زیادی در مقاومت این لاین‌ها و همچنین در پاتوتیپ‌ها از لحاظ تنوع بیماری‌زایی بود. دامنه تیپ آلودگی برای پاتوتیپ‌های مختلف از ۲ تا ٤ و درصد ضریب تغییرات آن از ۱۹/۳۵ تا ٦۲/۸۳ درصد متغیر بود. ژن *mlo5* مؤثرترین مقاومت را ظاهر ساخت و بعد از آن، ژن‌های مقاومت *Mla9* و*Mla13+Ml(Ru3)* بیشترین اثربخشی را نشان دادند. به‌منظور کاهش ابعاد داده‌ها و تفکیک و تمایز بهتر ژن‌های مقاومت، از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد و نتایج نشان داد که ۸۵/۱۷ درصد از تغییرات در داده‌ها توسط پنج مؤلفه اصلی اول قابل توجیه است. ژن‌های مقاومت همچنین با استفاده از تجزیه خوشه‌ای در چهار گروه متمایز شدند. نتایج این تحقیق تنوع بالا و پویایی جمعیت پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو در کشور را نشان داد که بر اهمیت پایش مداوم این تغییرات تأکید دارد. از بین ژن‌های مقاومت مورد بررسی *mlo*، *Mla9* و ترکیب ژنی *Mla13+Ml(Ru3)* کارایی بالاتری نشان دادند که می‌توان هر یک را به‌طور مجزا در برنامه‌های اصلاحی وارد نمود و یا از راهکار تجمیع استفاده نمود. همچنین ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla22*، *Mla1* و *Mla7+Ml(No3)* جهت استفاده در ناحیه ساری و ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *Mla7+Ml(No3)* جهت استفاده در ناحیه گرگان قابل توصیه می‌باشند. از سوی دیگر ترکیب ژنی *Mla12+Ml(Em2)* و ژن مقاومت *Mlh*، غیرمؤثر شناخته شدند و توصیه شد که از کاربرد آن‌ها اجتناب شود و یا راهبردهای احتیاطی لازم در این رابطه اتخاذ شود.

واژه‌های کلیدی

بیمارگر
ژن مقاومت
ژنوتیپ‌های افتراقی
میزبان

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

مقدمه

جو (*Hordeum vulgare* L.) چهارمین محصول مهم در جهان در میان غلات، محسوب می‌شود و در تولید خوراک دام، مالت و غذا مورد استفاده قرار می‌گیرد. در سال‌های اخیر، مصرف جو به‌عنوان ماده غذایی به دلیل خواص سلامت‌بخش آن، محبوبیت بیشتری یافته است (Geng et al. 2022; Lukinac and Juki´c 2022). این غله باستانی اکنون در گستره وسیع‌تری از محیط‌ها نسبت به سایر غلات کشت می‌شود و متوسط سطح برداشت آن در سراسر جهان حدود ٤٨/٩ میلیون هکتار برآورد شده است (Ovesna et al. 2023).

عوامل متعددی از قبیل تنش‌های زیستی و غیرزیستی عملکرد جو را کاهش می‌دهد. از جمله‌ی این عوامل، فقدان ژن‌هایی است که مقاومت پایدار در برابر بیماری‌های قارچی را فراهم می‌کنند. سفیدک پودری یکی از شایع‌ترین بیماری‌های قارچی است که غلات را تحت تأثیر قرار می‌دهد. عامل این بیماری در جو، قارچ اجباری *Blumeria graminis* (DC.) Golovin ex Speer f.sp. *hordei* Em. Marchal (Bgh) می‌باشد (Glawe 2008). این قارچ به‌عنوان یکی از مهم‌ترین بیمارگرهای دارای اهمیت اقتصادی در جو شناخته می‌شود و می‌تواند موجب کاهش قابل توجه عملکرد شود. مطالعات متعددی نشان داده‌اند که قارچ سفیدک پودری جو به‌سرعت نژادهای جدیدی تولید می‌کند و اسپورهای آن توسط باد در مسافت‌های طولانی پراکنده می‌شوند (Czembor and Czembor 2023). این بیماری در اکثر مناطق کشت جو در سراسر جهان، به‌ویژه در نواحی با اقلیم خنک و مرطوب، رخ می‌دهد (Guo et al. 2024). دوره رشد نسبتاً طولانی همراه با اقلیم خنک و مرطوب شرایط، مساعدی را برای رشد Bgh فراهم می‌کند. به همین دلیل، سفیدک پودری شایع‌ترین بیماری جو در اروپا محسوب می‌شود (Jørgensen and Wolfe 1994). علاوه بر این، جو در اروپا در سطوح وسیع کشت می‌شود و بیش از ٦٠ درصد ازتولید جهانی جو از این قاره تأمین می‌گردد (Shakhatreh et al. 2010). کاهش عملکرد گیاه جو به میزان ١٥-١٠ درصد بر اثر سفیدک پودری در سطح جهان رایج است، اما در مناطق با اقلیم معتدل این کاهش می‌تواند به ٤٠ درصد نیز برسد (Czembor 2002; Chaure et al. 2000). علاوه بر کاهش عملکرد دانه در مزارعی که آلودگی سفیدک پودری وجود داشته است، ویژگی‌های کیفی نامطلوب برای تولید مالت از جمله افزایش میزان پروتئین دانه و عدم یکنواختی در اندازه دانه‌ها، رخ می‌دهد (Rehman et al. 2020).

کنترل سفیدک پودری و سایر بیماری‌های قارچی در مزارع جو به‌طور متداول با استفاده از قارچ‌کش‌ها و کشت ارقام مقاوم انجام شده است. استفاده از حفاظت شیمیایی شرایط را برای گزینش و ظهور نژادهای مقاوم به قارچ‌کش فراهم می‌کند (Patel et al. 2014)، اما کشت ارقام جو مقاوم از نظر اقتصادی و زیست‌محیطی مطلوب‌ترین روش محسوب می‌شود. در واقع، کشت ارقام جو مقاوم به بیماری، مؤثرترین راهبرد برای کنترل بیماری‌های منتقل‌شونده از طریق هوا مانند سفیدک پودری است (Burdon et al. 2014). استفاده از ارقام مقاوم، کارآمدترین روش کنترل بیماری در نظام‌های زراعی پایدار محسوب می‌شود که باعث کاهش هزینه‌های مالی و نیروی کار برای کشاورزان می‌شود (Guo et al. 2024). مقاومت مؤثر نه تنها از ارقام زراعی محافظت می‌کند، بلکه تولید زادمایه[1] و گسترش بیمارگر به مناطق وسیع‌تر که منجر به شیوع بیماری می‌شود را کاهش می‌دهد (Hovmoller et al. 2000). در کشت غلات از جمله جو، در اکثر موارد کنترل بیماری‌های قارچی بر اساس اصول مدیریت تلفیقی آفات[2] (IPM) انجام می‌شود (Jørgensen and Wolfe 1994). این رویکرد، ترکیبی از روش‌های بیولوژیکی، زراعی، فیزیکی و شیمیایی است که با هدف کاهش ریسک‌های اقتصادی، بهداشتی و زیست‌محیطی به کار گرفته می‌شود. اخیراً، استفاده از مقاومت ژنتیکی به‌عنوان یکی از اجزای مدیریت تلفیقی آفات اهمیت بیشتری یافته است؛ این امر به دلیل اجرای سیاست‌های کشاورزی دوست‌دار محیط زیست در بسیاری از کشورهای جهان است (Czembor and Czembor 2023).

ژن‌های متعددی برای مقاومت به سفیدک پودری در جو شناسایی شده‌اند (Ames et al. 2015). این ژن‌ها سبب ایجاد مقاومت در مرحله گیاهچه‌ای و/یا مقاومت در گیاه بالغ[3] (APR) می‌شوند.

[1] inoculum
[2] Integrated pest management
[3] Adult Plant Resistance

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

ژن‌هایی که در هر دو مرحله گیاهچه‌ای و بالغ عمل می‌کنند، مقاومت در تمام مراحل رشد[1] (ASR) را ایجاد می‌نمایند. مقاومت می‌تواند کامل (مصونیت) یا ناقص (مقاومت جزئی)، وابسته به نژاد یا غیروابسته به نژاد و پایدار (مانند مقاومت *mlo*) باشد. ژن‌های کیفی، مقاومت میزبان را نسبت به نژادهای ناپرآزار (avirulent) بیمارگر یا حساسیت نسبت به نژادهای پرآزار (virulent) تعیین می‌کنند. تاکنون نزدیک به ۱۰۰ ژن کیفی گزارش شده است که بیشتر آن‌ها در کروموزوم 1H و به‌ویژه به‌صورت آلل‌های *Mla* قرار دارند (Dreiseitl 2020). با این حال، مقاومت ژن-در-مقابل-ژن، اغلب در تعاملات بین گیاهان و بیمارگر سازگار با میزبان مشاهده می‌شود. براساس مدل عملکردی ژن‌های مقاومت (R) در سیستم ژن-در-مقابل-ژن (Flor 1971)، ویژگی‌های ژن مقاومت (R) در میزبان نسبت به ژن پرآزاری در نژاد مکمل بیمارگر، تعیین‌کننده است. در این حالت استفاده از ژن‌های R خاص در نهایت باعث تکامل بیمارگرها و غلبه آن‌ها بر مقاومت می‌شود (Cowger et al. 2018; Golzar et al. 2016). سیستم دیگر تعامل بین میزبان و بیمارگر از نوع مقاومت ژن *mlo* است. ژن *mlo* یک ژن فاقد عملکرد، غیر اختصاصی و مغلوب است و مقاومت گسترده‌ای در برابر کل گونه‌های سفیدک پودری فراهم می‌کند (Dreiseitl 2020). این ژن به‌طور گسترده در برنامه‌های اصلاحی جو بهاره اروپا استفاده شده است (Dreiseitl 2017). هرچند اصلاح‌گران توانسته‌اند اثرات پلیوتروپیک ژن *mlo* شامل لکه‌های نکروتیک برگ و کاهش عملکرد دانه را برطرف کنند، همچنان توصیه می‌شود که این ژن در اصلاح جو پاییزه استفاده نشود؛ چراکه حضور *mlo* در هر دو نوع جو بهاره و پاییزه می‌تواند موجب سازگاری سالانه بیمارگر و در نهایت منجر به تکامل تدریجی و کاهش تدریجی کارایی این ژن مقاومت منحصربه‌فرد شود (Jørgensen 1992).

علاوه بر ژن‌های وابسته به نژاد *Mla* و ژن غیر وابسته به نژاد *mlo*، مکان‌های ژنی کمی (QTL) متعددی برای مقاومت به سفیدک پودری در جوگزارش شده‌اند (Ge et al. 2021; Piechota et al. 2019; 2020; Novakazi et al. 2020; Gupta et al. 2018; Ames et al. 2015; Li and Zhou 2011, Silvar et al. 2010, Shtaya et al. 2006). این QTLها در تمامی هفت کروموزوم جو توزیع شده‌اند و برخی از آن‌ها شامل ژن‌های مقاومت مرحله گیاهچه‌ای/گیاه بالغ هستند. بیشتر این QTLها در ایجاد مقاومت جزئی نقش دارند، با اینحال گزینه مؤثری برای اصلاح ارقام جو مقاوم به سفیدک پودری محسوب می‌شوند (Guo et al. 2024).

این مطالعه با هدف ارزیابی اثربخشی ژن‌های مقاومت به بیماری سفیدک پودری در جو و همچنین ارائه تصویری جامع از تنوع پاتوتیپ‌های این بیماری در کشور انجام شد.

مواد و روش‌ها

به‌منظور جمع‌آوری جدایه‌های سفیدک پودری جو، در بهار سال ۱۳۹۰ به نواحی مختلف در کشور که بر روی گیاه جو، علائم بیماری مشاهده شده بود شامل گنبد، گرگان، هشتگرد، اصفهان، کرج، مشهد، ساری، شهرکرد، شیراز و زرقان عزیمت شد. در این نواحی با جدا کردن برگ‌های آلوده از بوته‌ها و قرار دادن آن‌ها در داخل پاکت‌های کاغذی، نمونه‌برداری شده و نمونه‌های برگی به گلخانه واحد پاتولوژی بخش تحقیقات غلات مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر انتقال داده شد. در مرحله بعد، تکثیر جدایه‌ها بر روی رقم حساس افضل انجام گرفت. بدین منظور رقم افضل از قبل در داخل گلخانه در گلدان کشت شده بود و بعد از انتقال جدایه‌ها (جمع‌آوری شده از نواحی مختلف کشور) به گلخانه، برای تکثیر جدایه‌ها مورد استفاده قرار گرفت. تکثیر جدایه‌ها با مالش برگ‌های آلوده بر روی برگ رقم افضل (در زمان ده روز پس از کشت بذور) انجام شد. دمای گلخانه در طول رشد گیاهچه‌ها و انجام تلقیح بین ۲۰ الی ۲۲ درجه سانتی‌گراد تنظیم شد. بعد از تکثیر جدایه‌ها، نسبت به خالص سازی آن‌ها اقدام شد. بدین منظور تک کلنی قارچ، با مالش گوش‌پاک‌کن از روی برگ‌ها جدا شده و بر روی رقم حساس افضل تلقیح شد. شرایط نگهداری گلدان‌ها حاوی بوته‌های تلقیح شده جهت استقرار و توسعه بیماری مشابه مرحله قبل بود. سپس برای تعیین پاتوتیپ جدایه‌های تکثیر شده، اسپور آن‌ها به‌طور جداگانه بر روی لاین‌های ایزوژنیک تلقیح شد. لاین‌های ایزوژنیک مورد استفاده در این تحقیق، توسط دانشگاه واگنینگن هلند از طریق انجام تلاقی با رقم Pallas به‌عنوان والد مادری، ایجاد شده بودند

[1] All Stage Resistance

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

و هریک، دارای ژن مقاومت منحصر به فردی بودند (جدول ۱). هر لاین در دو تکرار، و در هر تکرار به‌صورت پنج عدد از بذر هر لاین در یک گلدان کشت شد و گلدان‌های مربوط به هر مجموعه از لاین‌های ایزوژنیک در یک سینی قرار داده شد. تلقیح لاین‌های ایزوژنیک به شیوه تکان دادن گلدان‌های حاوی اسپور تکثیر شده (توسط رقم افضل) بر روی آن‌ها انجام شد. بعد از انجام تلقیح، بر روی سینی حاوی گلدان‌ها، درپوش پلاستیکی قرار داده شد تا از اختلاط اسپور پاتوتیپ‌های مختلف جلوگیری شود. گلدان‌ها در شرایطی مشابه با مرحله قبل نگهداری شدند. واکنش گیاهچه لاین‌های ایزوژنیک ده روز پس از تلقیح بر اساس مقیاس صفر تا چهار مینز و دیتز (Mains and Dietz 1930)، یادداشت برداری شد (جدول ۲).

ماتریس واکنش لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌ها با ترسیم نقشه دمایی نشان داده شد. آماره‌های توصیفی شامل حداقل، حداکثر، دامنه، میانگین، انحراف معیار و ضریب تغییرات پاتوتیپ‌ها محاسبه شد. با توجه به اینکه داده‌های مربوط به واکنش ژن‌های مقاومت در برابر پاتوتیپ‌ها ماهیت رتبه‌ای داشتند و الزامی به تبعیت از توزیع نرمال برای آن‌ها وجود نداشت، بررسی ارتباط بین پاتوتیپ‌ها با استفاده از ضریب همبستگی اسپیرمن انجام شد. همبستگی اسپیرمن یک روش ناپارامتری مبتنی بر رتبه‌ها است که نسبت به نرمال نبودن داده‌ها و وجود مقادیر پرت حساسیت کمتری دارد و برای سنجش روابط یکنواخت (صعودی یا نزولی) بین متغیرها مناسب است. استفاده از این روش امکان ارزیابی دقیق‌تر الگوهای همبستگی بین پاتوتیپ‌ها را بدون نقض مفروضات آماری فراهم می‌کند. ابعاد داده‌ها توسط تجزیه به مؤلفه‌های اصلی کاهش داده شد و پراکنش نمونه‌ها در نمودار دو بعدی مؤلفه‌های اصلی بررسی شد. از آنجا که مقادیر واکنش مقاومت در برابر تمامی پاتوتیپ‌ها در بازه یکنواخت و محدود صفر تا ٤ اندازه‌گیری شده بودند، داده‌ها از نظر دامنه تغییرات و واحد اندازه‌گیری همگن تلقی شدند ازاین‌رو، استانداردسازی داده‌ها پیش از انجام تجزیه به مؤلفه‌های اصلی اعمال نگردید. در این شرایط، تجزیه به مؤلفه‌های اصلی بر اساس داده‌های خام و با استفاده از ماتریس کوواریانس انجام شد. این رویکرد از بروز سوگیری ناشی از تفاوت مقیاس متغیرها جلوگیری کرده و امکان حفظ الگوهای واقعی پاسخ زیستی ژن‌های مقاومت نسبت به پاتوتیپ‌های مختلف را فراهم می‌سازد. همچنین با انجام تجزیه خوشه‌ای براساس فواصل اقلیدسی و به روش وارد، ژن‌های مقاومت در قالب گروه‌های مختلف از یکدیگر متمایز شدند. تعیین محل برش دندروگرام بر اساس بررسی همزمان ساختار خوشه‌بندی در دندروگرام، الگوهای واکنش ژن‌ها در نقشه دمایی، و پراکنش نمونه‌ها در نمودارهای کاهش ابعاد (تجزیه به مؤلفه‌های اصلی) صورت گرفت، به‌گونه‌ای که خوشه‌های حاصل ضمن بیشینه‌سازی تمایز بین گروه‌ها از نظر الگوی واکنش مقاومت به پاتوتیپ‌های مختلف، از منظر زیستی نیز قابل تفسیر باشند. فاصله ژن‌های مقاومت با ترسیم نمودار مبتنی بر روش تجزیه مقیاس‌بندی چندبعدی نمایش داده شد.

تجزیه و تحلیل‌های آماری و رسم نمودارها با کدنویسی در نرم‌افزار R، نسخه ۲.۳.٤ تحت محیط R studio، نسخه ۲۰۲۳.۹.۱.٤۹٤ انجام شد.

جدول ۱- لاین‌های ایزوژنیک مورد استفاده برای تفکیک پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو

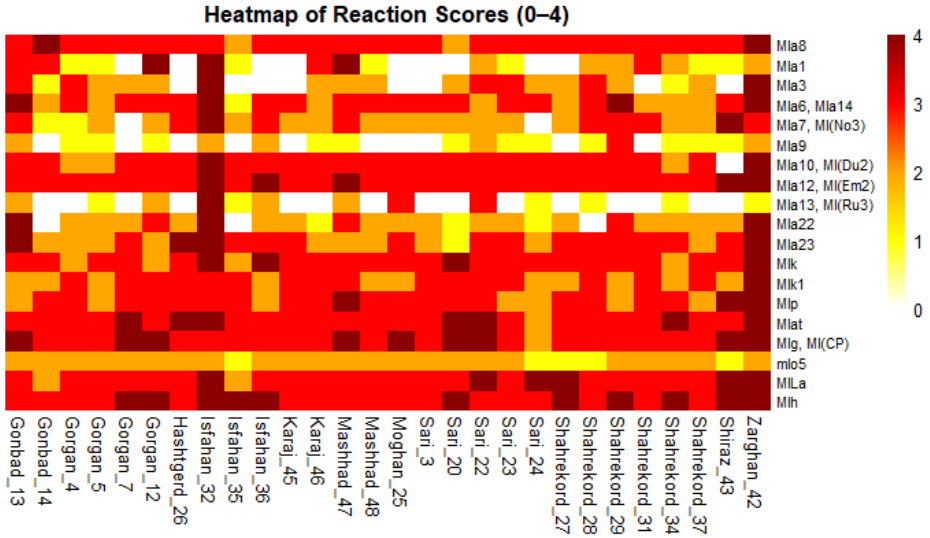
شماره	نام لاین	ژن مقاومت	شماره	نام لاین	ژن مقاومت
۱	Pallas	*Mla8*	۱۱	P-013	*Mla23*
۲	P-01	*Mla1*	۱۲	P-016	*Mlk*
۳	P-02	*Mla3*	۱۳	P-017	*Mlk1*
٤	P-03	*Mla6, Mla14*	۱٤	P-019	*Mlp*
٥	P-04B	*Mla7, Ml(No3)*	۱٥	P-020	*Mlat*
٦	P-08B	*Mla9*	۱٦	P-021	*Mlg, Ml(CP)*
۷	P-09	*Mla10, Ml(Du2)*	۱۷	P-022	*mlo5*
۸	P-010	*Mla12, Ml(Em2)*	۱۸	P-023	*MlLa*
۹	P-011	*Mla13, Ml(Ru3)*	۱۹	P-024	*Mlh*

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

۱۰	P-012	*Mla22*

جدول ۲- مقیاس مینز و دیتز (Mains and Dietz 1930) مورد استفاده برای ارزیابی واکنش لاین‌های ایزوژنیک مورد استفاده در برابر پاتوتیپ‌های سفیدک پودری

تیپ آلودگی	علائم
۰	بدون بروز هرگونه علائم قابل مشاهده (مصونیت کامل)
۱	لکه‌های نکروتیک بسیار ریز، معمولاً به‌صورت نقاط کوچک، بدون رشد میسلیومی و بدون تشکیل اسپور (واکنش فوق‌حساس)
۲	کلروز نسبتاً فراوان، رشد میسلیومی کاهش‌یافته و بدون اسپورزایی یا با اسپورزایی بسیار اندک
۳	رشد میسلیومی متوسط همراه با اسپورزایی متوسط، در برخی موارد کلروز مشاهده می‌شود
٤	اسپورزایی فراوان با کلنی‌های کاملاً توسعه‌یافته و در برخی موارد تشکیل جزایر سبز



شکل ۱- نقشه دمایی واکنش لاین‌های ایزوژنیک (حامل ژن‌های مقاومت) در برابر پاتوتیپ‌های مختلف سفیدک پودری جو بر مبنای واکنش در دامنه صفر تا چهار (Mains and Dietz 1930)

نتایج و بحث

نتایج واکنش لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌های مورد مطالعه نشان‌دهنده‌ی وجود تنوع زیادی در مقاومت این لاین‌ها و همچنین در پاتوتیپ‌ها از لحاظ تنوع بیماری‌زایی بود (شکل ۱). براین اساس ۲۸ پاتوتیپ متفاوت شناسایی شد. که میزان پرآزاری با محاسبه میانگین تیپ آلودگی ظاهر شده در مقابل هر پاتوتیپ قابل بررسی و مقایسه می‌باشد (جدول ۳). آماره‌های توصیفی برای تیپ آلودگی لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌های متفاوت در جدول ۳ ارائه شده است. ملاحظه می‌شود که بزرگ‌ترین میانگین تیپ آلودگی مربوط به پاتوتیپ‌های Isfahan_32، Zarghan_42، Gonbad_13 و Mashhad_47 (به‌ترتیب ۳/۵۸، ۳/٤۷، ۲/۹۵ و ۲/۸۹) و کوچک‌ترین میانگین، مربوط به پاتوتیپ‌های Isfahan_35، Sari_24، Gonbad_14 و Sari_3 (به‌ترتیب ۱/۹۵، ۲/۰، ۲/۱۱ و ۲/۱٦) بود. دامنه تیپ آلودگی برای پاتوتیپ‌های مختلف از ۲ تا ٤ متغیر بود. پاتوتیپ‌های Gorgan_5، Sari_22، Gonbad_13 و Isfahan_32 دارای کمترین دامنه برای تیپ آلودگی (۲) بودند و پاتوتیپ‌های Isfahan_35، Sari_24، Gonbad_14، Shahrekord_27، Gorgan_7، Hashtgerd_26، Moghan_25، Sari_20، Shiraz_43، Isfahan_36 و Shahrekord_29 دامنه کامل (٤) داشتند. همچنین براساس آماره ضریب تغییرات، پاتوتیپ‌های Isfahan_32، Gonbad_13، Sari_22 و Zarghan_42 به ترتیب با ضریب تغییرات ۱۹/۳۵، ۲۳/۹۲، ۲٤/۲۲ و ۲۷/۷٦ درصد، کمترین تنوع و پاتوتیپ‌های Isfahan_35، Shiraz_43، Gorgan_7 و Gonbad_14 به ترتیب با ٦۲/۸۳، ٦۲/۰٦، ۵۸/۳۹ و ۵٦/۸٦ درصد، بیشترین تغییرات در تیپ آلودگی را بر روی لاین‌های مورد بررسی ظاهر نمودند.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

براساس نتایج واکنش لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌های مورد مطالعه (شکل ۱) مشخص شد که پاتوتیپ Isfahan_32 دارای بیشترین میزان پرآزاری می‌باشد به‌طوری که فقط دو لاین حاوی ژن‌های مقاومت *Mla9* و *mlo5* در برابر آن واکنش مقاومت نشان دادند. بعد از آن پاتوتیپ Zarghan_42 قرار دارد که صرفاً برای لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla1* ، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *mlo5* فاقد پرآزاری بود. سه پاتوتیپ Gonbad_13، Shahrekord_28 و Mashhad_47 برای پنج لاین، با ناپرآزاری ظاهر شدند و لذا از لحاظ میزان پرآزاری در رتبه بعدی قرار می‌گیرند. این پاتوتیپ‌ها برای لاین‌های حاوی *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *mlo5* به‌طور مشترک دارای ناپرآزاری بودند. پاتوتیپ‌های Sari_22، Hashtgerd_26، Shahrekord_29 و Shahrekord_31 برای شش لاین، دارای ناپرآزاری بودند. تمام این پاتوتیپ‌ها برای لاین حاوی ژن مقاومت *mlo5* ناپرآزاری داشتند. پاتوتیپ‌های Gorgan_7، Gorgan_12، Sari_23، Moghan_25 و Karaj_45 برای هفت لاین دارای ناپرآزاری بودند. لاین‌های حاوی *Mla7+Ml(No3)*، *Mla9* و *mlo5* به‌طور مشترک در برابر این پاتوتیپ‌ها، مقاوم بودند. پاتوتیپ‌های Sari_3، Isfahan_36،Shiraz_43 و Karaj_46 برای هشت لاین، ناپرآزاری داشتند. لاین‌های حاوی *Mla3*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla22* و *mlo5* در برابر این پاتوتیپ‌ها مقاوم بودند. پاتوتیپ‌های Gorgan_4، Sari_20، Shahrekord_27 و Mashhad_48 با پرآزاری نسبت به نه لاین ظاهر شدند. لاین‌های حاوی *Mla1*، *Mla7+Ml(No3)*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla22* و *mlo5* در برابر این پاتوتیپ‌ها واکنش مقاومت داشتند. پاتوتیپ‌های Gonbad_14 و Shahrekord_37 در برابر ده لاین ناپرآزار بودند. لاین‌های حاوی *Mla3*، *Mla6+Mla14*، *Mla7+Ml(No3)*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla22*، *Mla23* و *mlo5* در برابر این پاتوتیپ‌ها، مقاوم ظاهر شدند. پاتوتیپ‌های Shahrekord_34 و Isfahan_35 نسبت به ۱۱ لاین، ناپرآزار بودند. لاین‌های حاوی *Mla1*، *Mla3*، *Mla6+Mla14*، *Mla7+Ml(No3)*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla22*، *Mlk* و *mlo5* در برابر این پاتوتیپ‌ها، مقاوم بودند. و در نهایت پاتوتیپ‌های Gorgan_5 و Sari_24 با کمترین میزان پرآزاری (نسبت به ۱۲ لاین)،ظاهر شدند. این پاتوتیپ‌ها به‌طور مشترک برای لاین‌های حاوی *Mla1*، *Mla3*، *Mla7+Ml(No3)*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla22*، *Mla23*، *Mlk1*، *Mlp* و *mlo5* فاقد پرآزاری بودند.

براساس واکنش مقاومت لاین‌های ایزوژنیک مشخص شد که لاین‌های حاوی ژن مقاومت *mlo5* در برابر تمام ۲۸ پاتوتیپ، واکنش مقاومت نشان داد، لذا مؤثرترین مقاومت از سوی این ژن تظاهر پیدا کرده است (شکل ۱). بعد از آن، ژن مقاومت *Mla9* مؤثرترین مقاومت را نشان داد به‌طوری که لاین حاوی آن، فقط در برابر پاتوتیپ Shahrekord_29 حساس بود. لاین حاوی ترکیب ژنی *Mla13+Ml(Ru3)* در برابر ۲۵ پاتوتیپ مقاومت نشان داد و در برابر پاتوتیپ‌های Sari_22، Moghan_25 و Isfahan_32 حساس بود. لاین حاوی ژن مقاومت *Mla22* در برابر ۲۲ پاتوتیپ، تظاهر مقاومت داشت و در برابر پاتوتیپ‌های Gorgan_12، Gonbad_13، Shahrekord_29، Isfahan_32، Zarghan_42 و Mashhad_47 حساسیت نشان داد. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla1* و *Mla3* در برابر ۲۱ پاتوتیپ مقاومت نشان دادند. این لاین‌ها از لحاظ حساسیت در برابر پاتوتیپ‌های Gonbad_13 و Isfahan_32 اشتراک داشتند، ولی واکنش متفاوتی در برابر پاتوتیپ‌های Gorgan_4، Gorgan_12، Gonbad_14، Sari_22، Sari_23، Shahrekord_28، Shahrekord_31، Zarghan_42، Shiraz_43، Karaj_46 و Mashhad_47 نشان دادند. لاین حاوی ترکیب ژنی *Mla7+Ml(No3)* در برابر ۱۸ پاتوتیپ مقاومت نشان داد و در برابر پاتوتیپ‌های Gonbad_13، Hashtgerd_26، Shahrekord_28، Shahrekord_29، Shahrekord_31، Isfahan_32، Isfahan_36، Zarghan_42، Shiraz_43 و Mashhad_47 حساس بود. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla23* و *Mlk1* در برابر ۱۱ پاتوتیپ مقاومت نشان دادند. این لاین‌ها از لحاظ حساسیت در برابر پاتوتیپ‌های Gorgan_7، Sari_22، Sari_23، Hashtgerd_26، Shahrekord_28، Shahrekord_31، Isfahan_32، Isfahan_35، Zarghan_42 و Karaj_45 اشتراک داشتند، ولی واکنش متفاوتی در برابر پاتوتیپ‌های Sari_3، Gorgan_4، Gorgan_12، Gonbad_13،

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

Sari_20، Moghan_25، Shahrekord_27، Shahrekord_29، Shahrekord_34، Isfahan_36، Shahrekord_37، Shiraz_43، Karaj_46 و Mashhad_47 نشان دادند. لاین حاوی ترکیب ژن‌های مقاومت *Mla6+Mla14* فقط در برابر ۹ پاتوتیپ شامل Gorgan_5، Gonbad_14، Sari_22، Shahrekord_27، Shahrekord_31، Shahrekord_34، Isfahan_35، Shahrekord_37 و Karaj_46 مقاوم بود ولی در برابر سایر پاتوتیپ‌ها حساسیت نشان داد. لاین حاوی ژن مقاومت *Mlp* فقط در برابر ۷ پاتوتیپ شامل Gorgan_5، Gonbad_13، Sari_23، Sari_24، Shahrekord_29، Isfahan_36 و Shahrekord_37 مقاومت نشان داد، ولی در برابر سایر پاتوتیپ‌ها حساس بود. لاین حاوی ترکیب ژن‌های مقاومت *Ml(Du2)+Mla10* و لاین دارای ژن مقاومت *Mlk* فقط در برابر ٤ پاتوتیپ با تظاهر مقاومت ظاهر شدند. این لاین‌ها از لحاظ مقاومت در برابر پاتوتیپ‌های Gorgan_4 و Shahrekord_34 اشتراک داشتند ولی واکنش آن‌ها در برابر پاتوتیپ‌های Gorgan_5، Gorgan_12، Isfahan_35 و Shiraz_43 متفاوت بود. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla8* و *MlLa* فقط در برابر دو پاتوتیپ مقاوم بودند. این لاین‌ها از لحاظ مقاومت در برابر پاتوتیپ Isfahan_35 مشابه بودند ولی واکنش آن‌ها در برابر پاتوتیپ‌های Gonbad_14 و Sari_20 متفاوت بود. لاین حاوی ژن مقاومت *Mlat* و لاین دارای ترکیب ژن‌های مقاومت *Mlg+Ml(CP)* هر دو فقط در برابر پاتوتیپ Sari_24، به صورت مقاوم ظاهر شدند. لاین حاوی ترکیب ژن‌های مقاومت *Mla12+Ml(Em2)* و لاین حاوی ژن مقاومت *Mlh* در برابر هیچ یک از پاتوتیپ‌ها تظاهر مقاومت نداشتند و به‌عنوان غیرمؤثرترین ژن‌ها برای مقاومت به بیماری سفیدک پودری جو شناسایی می‌شوند.

با در نظر گرفتن منشاء مشابه برای پاتوتیپ‌های مورد بررسی مشاهده می‌شود که ژن‌های مقاومت *mlo5*، *Mla9*، *Mla22*، *Mla1* و *Mla7+Ml(No3)* در برابر هر پنج پاتوتیپ جمع‌آوری شده از ساری (شامل Sari_3، Sari_20، Sari_22، Sari_23 و Sari_24) واکنش مقاومت نشان دادند. ژن‌های مقاومت *mlo5*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *Mla7+Ml(No3)* در برابر هر چهار پاتوتیپ با منشاء گرگان (شامل Gorgan_4، Gorgan_5، Gorgan_7 و Gorgan_12) واکنش مقاومت نشان دادند. ژن‌های مقاومت *mlo5*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *Mlk1* در برابر دو پاتوتیپ Gonbad_13 و Gonbad_14 (با منشاء گنبد) واکنش مقاومت نشان دادند. دو ژن مقاومت *mlo5* و *Mla13+Ml(Ru3)* در برابر پاتوتیپ‌های با خاستگاه شهرکرد (شامل Shahrekord_27، Shahrekord_28، Shahrekord_29، Shahrekord_31، Shahrekord_34 و Shahrekord_37) و دو ژن مقاومت *mlo5* و *Mla9* در برابر پاتوتیپ‌های با خاستگاه اصفهان (شامل Isfahan_32، Isfahan_35 و Isfahan_36) واکنش مقاومت نشان دادند. همچنین ژن‌های مقاومت *mlo5*، *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* ، *Mla22*، *Mla3*، و *Mla7+Ml(No3)* در برابر دو پاتوتیپ Karaj_45 و Karaj_46 (با منشاء کرج) و ژن‌های مقاومت *mlo5*، *Mla9*،*Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla3* و *Mla23* در برابر دو پاتوتیپ (با منشاء Mashhad_47 و Mashhad_48) دارای واکنش مقاومت بودند.

براساس نتایج تجزیه همبستگی، پاتوتیپ‌های Sari_3 و Karaj_45 دارای قوی‌ترین ارتباط (r=۰/۹٤) بودند. بعد از آن‌ها پاتوتیپ‌های Sari_3 و Mashhad_48، و Gorgan_7 و Karaj_45، (به‌ترتیب با r=۰/۹۲ و r=۰/۸۹) بزرگ‌ترین ضریب همبستگی را داشتند (شکل ۲). پاتوتیپ‌های Gorgan_4 و Isfahan_32، Gonbad_14 و Isfahan_32، Isfahan_32 و Sari_3، و Isfahan_32 و Karaj_46، ضریب همبستگی کوچکی (در حد صفر) با یکدیگر داشتند. Isfahan_32 به‌عنوان پرآزارترین پاتوتیپ، بزرگترین همبستگی (به‌ترتیب r=۰/۵۰ و r=۰/۳۱) را با پاتوتیپ‌های Gonbad_13 و Isfahan_36 و کوچکترین همبستگی (به ترتیب r=-۰/۰۱ و r=-۰/۰۲) را با پاتوتیپ‌های Karaj_46 و Sari_3 داشت. پاتوتیپ‌های Karaj_45، Gorgan_7، Mashhad_48، Shahrekord_27 و Sari_3 به‌ترتیب با r=۰/٦۸ ، r=۰/٦۸ ، r=۰/٦۸ ، r=۰/٦۸ و r=۰/٦۷، بزرگ‌ترین متوسط ضریب همبستگی را با سایر پاتوتیپ‌ها دارا بودند. همچنین پاتوتیپ‌های Isfahan_32، Gonbad_13، Shahrekord_29، Mashhad_47 و Gorgan_12 به‌ترتیب با r=۰/۱۲ ، r=۰/۲۹ ، r=۰/٤۱ ، r=۰/٤۱ و r=۰/٤۲، دارای کوچک‌ترین متوسط ضریب همبستگی با سایر پاتوتیپ‌ها بودند.

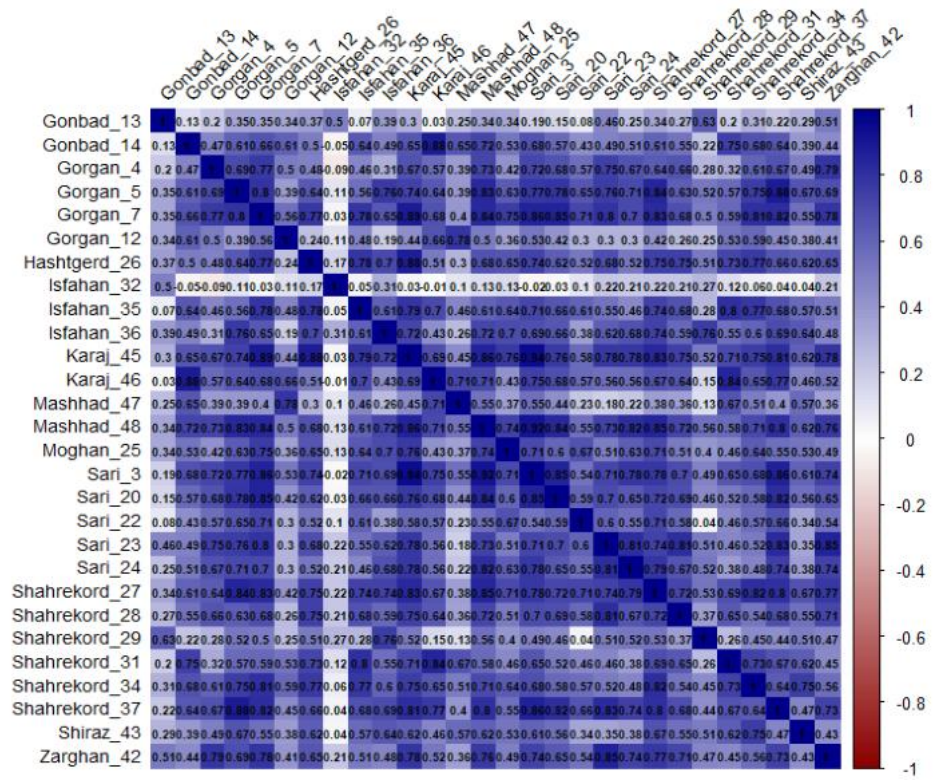
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

جدول ۳- آماره‌های توصیفی برای تیپ آلودگی براساس واکنش لاین‌های ایزوژنیک (حامل ژن‌های مقاومت) نسبت به پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو

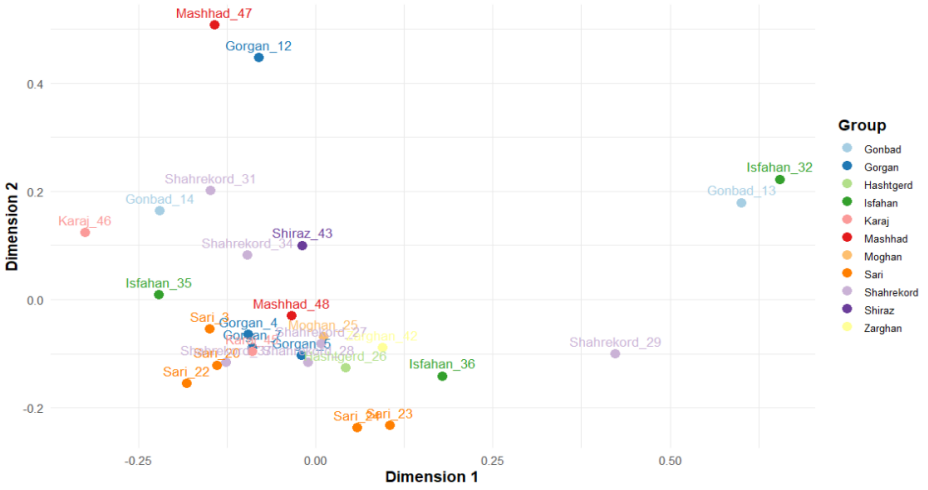
ضریب تغییرات (درصد)	انحراف معیار	میانگین	حداکثر	حداقل	دامنه	پاتوتیپ
۲۳/۹۲	۰/۷۱	۲/۹۵	٤	۲	۲	Gonbad_13
٥٦/۸٦	۱/۲۰	۲/۱۱	٤	۰	٤	Gonbad_14
٤۱/۲٥	۰/۹۳	۲/۲٦	۳	۰	۳	Gorgan_4
۳۲/۲۷	۰/۷۱	۲/۲۱	۳	۱	۲	Gorgan_5
٥۸/۳۹	۱/۳۸	۲/۳۷	٤	۰	٤	Gorgan_7
۲۹/٤٤	۰/۸۱	۲/۷٤	٤	۱	۳	Gorgan_12
٥٦/٦۷	۱/۳٤	۲/۳۷	٤	۰	٤	Hashtgerd_26
۱۹/۳٥	۰/٦۹	۳/٥۸	٤	۲	۲	Isfahan_32
٦۲/۸۳	۱/۲۲	۱/۹٥	٤	۰	٤	Isfahan_35
٤٤/٤۹	۱/۱۲	۲/٥۳	٤	۰	٤	Isfahan_36
٥٥/٥۷	۱/۲۳	۲/۲۱	۳	۰	۳	Karaj_45
۳۷/۷۹	۰/۹۰	۲/۳۷	۳	۰	۳	Karaj_46
۲۷/۹٦	۰/۸۱	۲/۸۹	٤	۱	۳	Mashhad_47
٤۳/۸۰	۰/۹۹	۲/۲٦	۳	۰	۳	Mashhad_48
٤۹/۱۸	۱/۱٦	۲/۳۷	٤	۰	٤	Moghan_25
٥٦/۲٦	۱/۲۱	۲/۱٦	۳	۰	۳	Sari_3
٥٤/۸۹	۱/۳۰	۲/۳۷	٤	۰	٤	Sari_20
۲٤/۲۲	۰/٦۹	۲/۸٤	٤	۲	۲	Sari_22
۳۷/۲٤	۰/۹۰	۲/٤۲	۳	۰	۳	Sari_23
٥٥/۲۸	۱/۱۱	۲/۰	٤	۰	٤	Sari_24
٥٤/۸۰	۱/۲٤	۲/۲٦	٤	۰	٤	Shahrekord_27
۳۸/۹۸	۰/۹٦	۲/٤۷	۳	۰	۳	Shahrekord_28
۳۲/۹۸	۰/۸۹	۲/٦۸	٤	۰	٤	Shahrekord_29
٤۷/۱۲	۱/۱۲	۲/۳۷	۳	۰	۳	Shahrekord_31
۳۷/۷۹	۰/۹۰	۲/۳۷	٤	۱	۳	Shahrekord_34
۳۸/٥۳	۰/۸۷	۲/۲٦	۳	۰	۳	Shahrekord_37
٦۲/۰٦	۱/٥۰	۲/٤۲	٤	۰	٤	Shiraz_43
۲۷/۷٦	۰/۹٦	۳/٤۷	٤	۱	۳	Zarghan_42

به‌منظور بررسی دقیق‌تر ارتباط بین پاتوتیپ‌های مورد بررسی، ضرایب همبستگی آن‌ها با استفاده از روش مقیاس‌بندی چند بعدی در فضای دو بعدی، نگاشت شد (شکل ۳). این نمودار، تفکیک و تمایز پاتوتیپ‌ها را به خوبی نشان داد. به‌عنوان مثال پاتوتیپ‌های Isfahan_32 و Gonbad_13، دورتر از سایر پاتوتیپ‌ها در قسمت سمت راست نمودار قرار گرفتند. همچنین پاتوتیپ‌های Mashhad_47 و Gorgan_12 در قسمت سمت چپ و بالای نمودار، به‌طور مجزا از سایر پاتوتیپ‌ها واقع شدند. موقعیت قرار گرفتن پاتوتیپ‌ها در این نمودار تا حدی با فواصل جغرافیایی تطابق داشت و در برخی موارد با آن در تناقض بود که خود نشان‌دهنده تنوع بالای درون جمعیتی پاتوتیپ‌ها می‌باشد. به‌عنوان مثال پاتوتیپ‌های با منشاء ساری و همچنین اکثر پاتوتیپ‌های با منشاء گرگان در نزدیکی یکدیگر واقع شدند (تجمع نشان دادند)، برعکس پاتوتیپ‌های با منشاء اصفهان در سطح نمودار، پراکنش نشان دادند. پاتوتیپ‌های با منشاء شهرکرد نیز دارای پراکندگی نسبی بودند به عبارت دیگر نه به اندازه پاتوتیپ‌های ساری و گرگان، مجتمع بودند و نه پراکنش گسترده‌ای در حد پاتوتیپ‌های با منشاء اصفهان داشتند.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]



شکل ۲- ماتریس همبستگی بین پاتوتیپ‌های سفیدک پودری براساس واکنش لاین‌های ایزوژنیک مقاوم به سفیدک پودری جو



شکل ۳- نگاشت گرافیکی ارتباط پاتوتیپ‌های سفیدک پودری براساس واکنش لاین‌های ایزوژنیک حاوی ژن‌های مقاومت توسط روش مقیاس‌بندی چند بعدی

نتایج تجزیه به مؤلفه‌های اصلی نشان داد که ۸۵/۱۷ درصد از تغییرات در داده‌ها توسط پنج مؤلفه اصلی اول قابل توجیه است. دو مؤلفه اصلی اول ٦٧/٦٣ درصد از واریانس داده‌ها را در بر داشتند (جدول ٤). در مؤلفه اصلی اول ضریب تمام پاتوتیپ‌ها مثبت بود و پاتوتیپ‌های Mashhad_48، Shahrekord_27، Karaj_45، Sari_3 و Shahrekord_37 ضرایب بزرگتری نسبت به سایر پاتوتیپ‌ها داشتند. ضریب مثبت برای تمام پاتوتیپ‌ها در این مؤلفه اصلی بیانگر این است که مقادیر بزرگ‌تر در این مؤلفه اصلی با تیپ آلودگی بزرگ‌تر لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌ها حاصل می‌شود. لذا مقادیر عددی بزرگ‌تر برای مؤلفه

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

اصلی اول نشان‌دهنده‌ی حساسیت بیشتر نسبت به همه پاتوتیپ‌ها است و برعکس. لذا برای یافتن مؤثرترین ژن‌های مقاومت باید از کوچک‌ترین مقادیر این مؤلفه اصلی انتخاب کرد. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla13+Ml(Ru3)*، *Mla9*، *Mla1*، *Mla3* و *mlo5* دارای کوچک‌ترین مقدار برای این مؤلفه اصلی بودند (شکل ٤).

در مؤلفه اصلی دوم برخی پاتوتیپ‌ها، ضریب مثبت و برخی دیگر، ضریب منفی داشتند. لذا این مؤلفه اصلی برتفکیک ژن‌ها براساس مقاومت اختصاصی آن‌ها تأکید دارد. براساس ضرایب پاتوتیپ‌ها، مقادیر عددی بزرگتر در مؤلفه اصلی دوم، لاین‌های حساس‌تر در برابر پاتوتیپ‌های Sari_24، Isfahan_36، Sari_23 و Shahrekord_29 و مقادیر عددی کوچک‌تر، لاین‌های حساس‌تر در برابر پاتوتیپ‌های Mashhad_47، Gorgan_12، Shahrekord_31، Gonbad_14 و Karaj_46 را متمایز می‌کند. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla3*، *Mla6+Mla14*، *Mlk* و *Mla23* دارای بزرگ‌ترین و لاین‌های *Mla1*، *Mlp*، *Mlg+Ml(CP)*، *Mlk1*، *Mla7+Ml(No3)* و *Mla12+Ml(Em2)* دارای کوچک‌ترین مقدار عددی برای مؤلفه اصلی دوم بودند (شکل ٤).

پاتوتیپ‌های مورد بررسی نیز در نمودار دو بعدی مبتنی بر مؤلفه‌های اصلی اول و دوم به‌صورت بردارهایی تفکیک شدند. بردار پاتوتیپ‌های Sari_24، Isfahan_36، Sari_23، Shahrekord_29، Zarghan_42، Shahrekord_27، Gorgan_5، Gorgan_7، Sari_20، Gorgan_4، Shahrekord_37، Gonbad_13، Hashtgerd_26، Karaj_45، Sari_3، Moghan_25، Mashhad_48 و Sari_22 در ربع اول قرار گرفت که به معنای همبستگی مثبت آن‌ها با هر دو مؤلفه اصلی می‌باشد. از بین این پاتوتیپ‌ها، Sari_24 بیشترین همبستگی را با مؤلفه اصلی دوم داشت و با نزدیک‌ترین فاصله با آن قرار گرفت.

بردار پاتوتیپ‌های Mashhad_47، Gorgan_12، Shahrekord_31، Gonbad_14، Karaj_46، Isfahan_35، Shahrekord_34، Isfahan_32، Shahrekord_28 و Shiraz_43 در ربع چهارم قرار گرفت که به نشان‌دهنده همبستگی مثبت آن‌ها با مؤلفه اصلی اول و همبستگی منفی آن‌ها با مؤلفه اصلی دوم می‌باشد. از بین این پاتوتیپ‌ها، Mashhad_47 قوی‌ترین همبستگی (منفی) را با مؤلفه اصلی دوم داشت و با نزدیک‌ترین فاصله با آن قرار گرفت.

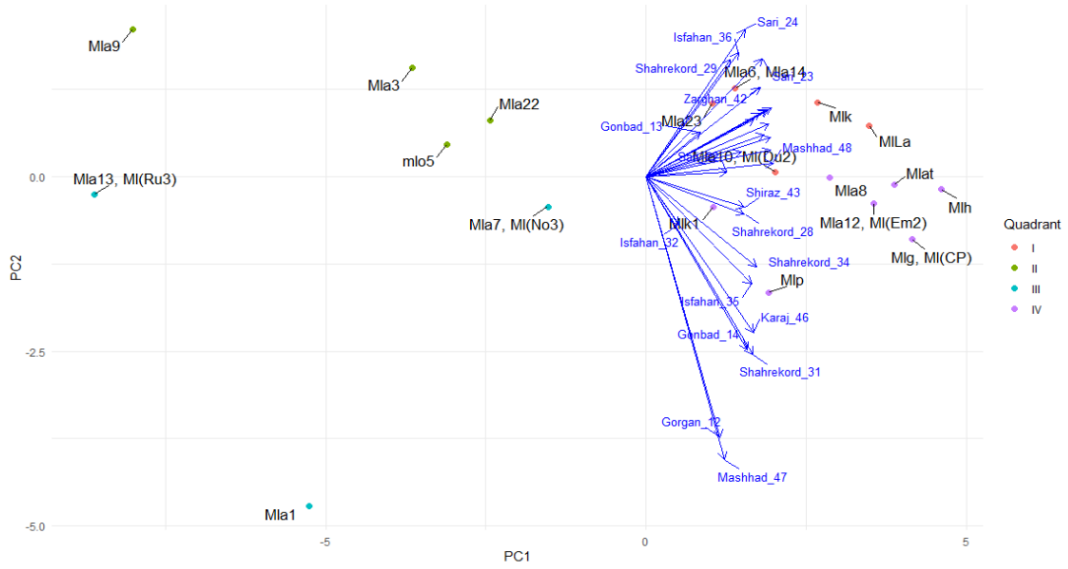
با در نظر گرفتن پاتوتیپ‌ها با منشاء مشابه، مشاهده می‌شود که از بین پاتوتیپ‌های متعلق به گرگان، بردار Gorgan_12 در خلاف جهت بردارهای Gorgan_4، Gorgan_5 و Gorgan_7 و در ربع چهارم قرار گرفت. بردارهای Isfahan_32 و Isfahan_35 همسو با یکدیگر و در خلاف جهت بردار Isfahan_36 واقع شدند. بردار پاتوتیپ‌های متعلق به ساری هم جهت بوده و همگی در ربع اول قرار گرفتند. در مورد پاتوتیپ‌های شهرکرد، بردارهای Shahrekord_27، Shahrekord_29 و Shahrekord_37 هم‌جهت با یکدیگر در ربع اول و بردارهای Shahrekord_28، Shahrekord_31 و Shahrekord_34 در خلاف جهت آن‌ها و در ربع چهارم واقع شدند.

جدول ٤- بردارها و مقادیر ویژه در تجزیه به مؤلفه‌های اصلی تیپ آلودگی لاین‌های ایزوژنیک (حامل ژن‌های مقاومت) در واکنش به پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو

پاتوتیپ	مؤلفه اصلی				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Gonbad_13	۰/۱۰	۰/۰۷	۰/٤۸	−۰/۳۸	۰/۰۷
Gonbad_14	۰/۱۸	−۰/۲۹	−۰/۰۵	۰/۱۸	−۰/۰۹
Gorgan_4	۰/۲۰	۰/۰۹	۰/۱٦	۰/۲۹	−۰/۰۸
Gorgan_5	۰/۲۲	۰/۱۱	−۰/۰۲	۰/۰۳	۰/۰۵
Gorgan_7	۰/۲۲	۰/۱۱	۰/۰	۰/۱۳	۰/۰۷
Gorgan_12	۰/۱۳	−۰/٤۳	۰/۱۹	−۰/۰۲	۰/۰٦
Hashtgerd_26	۰/۲۱	۰/۰۷	−۰/۱٤	−۰/۲۰	−۰/۰۹
Isfahan_32	۰/۰٦	−۰/۰۸	۰/۳٦	−۰/۳۰	۰/۵۲
Isfahan_35	۰/۱۹	−۰/۱۸	−۰/۲۸	−۰/۰۳	۰/۱۱

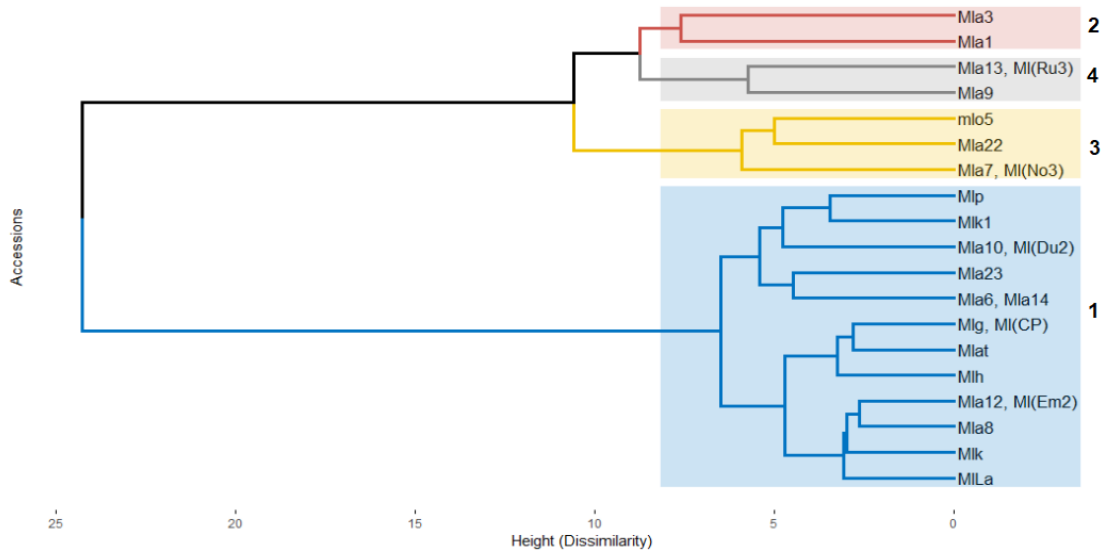
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

Isfahan_36	۰/۱۷	۰/۲۱	−۰/۲۹	−۰/۳۲	−۰/۰۱
Karaj_45	۰/۲۳	۰/۰۷	−۰/۱٤	−۰/۱۳	−۰/۱۱
Karaj_46	۰/۱۹	−۰/۲٦	۰/۰٥	۰/۲٦	−۰/۱٥
Mashhad_47	۰/۱٤	−۰/٤۷	۰/۱۱	−۰/۰۷	۰/۰۱
Mashhad_48	۰/۲۳	۰/۰۲	۰/۱۰	۰/۰٤	−۰/۰٤
Moghan_25	۰/۱۷	۰/۰٤	−۰/۳۰	−۰/۲٦	۰/۲٦
Sari_3	۰/۲۳	۰/۰٤	−۰/۱٤	−۰/۰۸	−۰/۱۳
Sari_20	۰/۲۱	۰/۱۱	−۰/۰۸	۰/۱٦	−۰/۰٤
Sari_22	۰/۱٥	۰/۰۱	−۰/۱٥	۰/۲۲	۰/٥۲
Sari_23	۰/۲۱	۰/۲۰	۰/۲۱	۰/۱٥	−۰/۰٦
Sari_24	۰/۱۸	۰/۲٤	۰/۰۱	۰/۱۷	۰/۲۱
Shahrekord_27	۰/۲۳	۰/۱۱	۰/۰۳	−۰/۰۱	۰/۱۳
Shahrekord_28	۰/۱۸	−۰/۰٦	۰/۰٦	۰/۱۸	۰/۱۳
Shahrekord_29	۰/۱٥	۰/۱۹	۰/۲٦	−۰/۲۰	−۰/۳۸
Shahrekord_31	۰/۱۹	−۰/۳۰	−۰/۰٥	−۰/۱٦	−۰/۱۸
Shahrekord_34	۰/۲۰	−۰/۱٥	−۰/۱۰	−۰/۱۰	۰/۰
Shahrekord_37	۰/۲۲	۰/۰۹	۰/۰٤	۰/۱٥	−۰/۱۱
Shiraz_43	۰/۱۸	−۰/۰٥	−۰/۰۹	−۰/۲٦	−۰/۱٤
Zarghan_42	۰/۲۱	۰/۱٥	۰/۲۷	۰/۰٦	۰/۰
مقدار ویژه	۱٦/۷۹	۲/۱٤	۱/۸۰	۱/۷٦	۱/۳٥
واریانس توجیه شده (درصد)	٥۹/۹۷	۷/٦٥	٦/٤۳	٦/۳	٤/۸۱
واریانس توجیه شده تجمعی (درصد)	٥۹/۹۷	٦۷/٦۳	۷٤/۰٦	۸۰/۳٦	۸٥/۱۷



شکل ٤- پراکنش ژن‌های مقاومت به سفیدک پودری در نمودار مؤلفه‌های اصلی مبتنی بر تیپ آلودگی لاین‌های ایزوژنیک در برابر پاتوتیپ‌های مختلف سفیدک پودری جو

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]



شکل ۵- دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای لاین‌های ایزوژنیک (حامل ژن‌های مقاومت) براساس تیپ آلودگی در برابر پاتوتیپ‌های مختلف سفیدک پودری جو

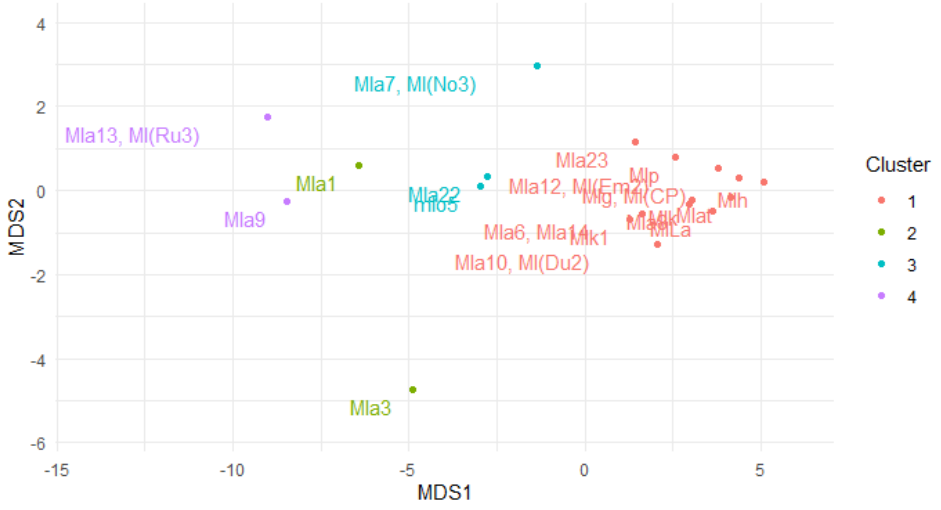
تجزیه خوشه‌ای به‌منظور تفکیک ژن‌های مقاومت از لحاظ اثربخشی انجام شد و لاین‌های مورد بررسی در چهار گروه قرار گرفتند (شکل ۵). لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla8*، *Mla6+Mla14*، *Mla10+Ml(Du2)*، *Mla12+Ml(Em2)*، *Mla23*، *Mlk*، *Mlk1*، *Mlp*، *Mlat*، *Mlg+Ml(CP)* ، *MlLa* و *Mlh* در خوشه اول قرار گرفتند. این خوشه دارای بزرگترین میانگین تیپ آلودگی در برابر تمام پاتوتیپ (به‌جز Isfahan_32) بود و لذا به‌عنوان حساس‌ترین خوشه شناسایی می‌شود (جدول ۵). لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla1* و *Mla3* در خوشه دوم واقع شدند. این گروه بیشترین حساسیت را نسبت به پاتوتیپ Isfahan_32 در بین سایر گروه‌ها نشان داد، به‌صورت اختصاصی در برابر پاتوتیپ‌های Isfahan_36 و Moghan_25 و به‌طور مشترک با خوشه چهارم، در برابر پاتوتیپ‌های Hashtgerd_26، Karaj_45 و Sari_3 مصون بودند. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla7+Ml(No3)*، *Mla22* و *mlo5* در خوشه سوم قرار گرفتند و ویژگی‌های آن‌ها، دارا بودن کم‌ترین میانگین تیپ آلودگی در برابر پاتوتیپ‌های Sari_22 و Sari_24 بود. لاین‌های حاوی ژن‌های مقاومت *Mla9* و *Mla13+Ml(Ru3)* میانگین تیپ آلودگی این خوشه همچنین در برابر سایر پاتوتیپ‌ها در اکثر موارد پایین بود و در گروه مقاومت قرار می‌گرفت. در خوشه چهارم قرار گرفتند و دارای کم‌ترین میانگین تیپ آلودگی در برابر اکثر پاتوتیپ‌ها بود و لذا به‌عنوان مقاوم‌ترین گروه شناسایی می‌شود. پراکنش ژن‌های مقاومت در نمودار مقیاس‌بندی چندبعدی نیز مورد بررسی قرار گرفت. همان‌طور که در شکل ٦ مشاهده می‌شود ژن‌های مقاومت مورد بررسی تمایز واضحی، متناسب با دسته‌بندی حاصل از تجزیه خوشه‌ای نشان دادند به نحوی که ژن‌های متعلق به خوشه اول در منتهی الیه سمت راست نمودار (با رنگ قرمز) واقع شدند. در مجاورت این ژن‌ها در بخش میانی نمودار، نمونه‌های خوشه سوم با رنگ آبی و سپس ژن‌های متعلق به خوشه دوم با رنگ سبز، واقع شدند. در منتهی الیه سمت چپ نمودار نیز ژن‌های خوشه چهارم (با رنگ بنفش) قرار گرفتند.

جدول ۵- میانگین تیپ آلودگی گروه‌های تشکیل شده حاصل از تجزیه خوشه‌ای لاین‌های ایزوژنیک (حامل ژن‌های مقاومت) براساس واکنش در برابر پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو

پاتوتیپ	خوشه			
	اول	دوم	سوم	چهارم
Gonbad_13	۳/۰۸	۳/۰	۳/۰	۲/۰
Gonbad_14	۲/۷۵	۲/۰	۱/۰	۰/۰

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

Gorgan_4	۲/۷۵	۲/۰	۱/۶۷	۰/۵
Gorgan_5	۲/۵۸	۱/۵	۲/۰	۰/۱
Gorgan_7	۳/۲۵	۱/۰	۱/۳۳	۰/۰
Gorgan_12	۳/۰	۳/۰	۲/۳۳	۱/۵
Hashtgerd_26	۳/۱۷	۰/۰	۲/۳۳	۰/۰
Isfahan_32	۳/۶۷	۴/۰	۳/۳۳	۳/۰
Isfahan_35	۲/۶۷	۰/۵	۱/۰	۰/۵
Isfahan_36	۳/۰۸	۰/۰	۲/۳۳	۲/۰
Karaj_45	۳/۰	۰/۰	۲/۰	۰/۰
Karaj_46	۲/۸۳	۲/۵	۱/۶۷	۰/۵
Mashhad_47	۳/۱۷	۳/۰	۲/۶۷	۱/۵
Mashhad_48	۲/۸۳	۱/۵	۲/۰	۰/۰
Moghan_25	۳/۰	۰/۰	۲/۰	۱/۵
Sari_3	۲/۹۲	۰/۰	۲/۰	۰/۰
Sari_20	۳/۰۸	۱/۰	۱/۶۷	۰/۵
Sari_22	۳/۱۷	۲/۵	۲/۰	۲/۵
Sari_23	۲/۹۲	۲/۰	۲/۰	۰/۵
Sari_24	۲/۶۷	۱/۰	۰/۶۷	۱/۰
Shahrekord_27	۳/۰	۱/۰	۱/۶۷	۰/۰
Shahrekord_28	۳/۰	۲/۵	۱/۳۳	۱/۰
Shahrekord_29	۳/۰	۲/۰	۲/۶۷	۱/۵
Shahrekord_31	۲/۹۲	۱/۵	۲/۳۳	۰/۰
Shahrekord_34	۲/۸۳	۱/۵	۲/۰	۱/۰
Shahrekord_37	۲/۷۵	۱/۵	۲/۰	۰/۵
Shiraz_43	۳/۰۸	۰/۵	۲/۳۳	۰/۵
Zarghan_42	۴/۰	۳/۰	۳/۰	۱/۵
تعداد عضو	۱۲	۲	۳	۲



شکل ٦- پراکنش پراکنش ژن‌های مقاومت به سفیدک پودری در نمودار مقیاس‌بندی چندبعدی مبتنی بر تیپ آلودگی در برابر پاتوتیپ‌های مختلف سفیدک پودری جو

با وجود شناسایی تعداد زیادی ژن و آلل مقاومت به سفیدک پودری جو، همچنان نژادهای جدید پرآزار در سراسر جهان شناسایی می‌شوند. لذا پایش مستمر تغییرات بیماری‌زایی و بررسی اثربخشی ژن‌های مقاومت امری اجتناب ناپذیر است. در

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

تحقیق حاضر، تلاش شد با استفاده از پاتوتیپ‌های متنوع، مؤثرترین ژن‌های مقاومت شناسایی شوند. براین اساس ژن مقاومت *mlo5* با مقاومت در برابر تمام ۲۸ پاتوتیپ مورد استفاده، مؤثرترین مقاومت را نشان داد. این ژن مقاومت در طی دهه‌های اخیر نقش کلیدی در مقاومت گیاه به سفیدک پودری ایفا کرده است (Kusch and Panstruga 2017; Jørgensen et al. 1992). *mlo* در حقیقت یک آلل مغلوب است که از لندریس‌های اتیوپی مشأت گرفته و به طور گسترده‌ای وارد ارقام اروپایی شده است (Piechota et al. 2019) ژن *mlo* در بخش میانی بازوی بلند کروموزوم 4H قرار دارد و بیش از ٤٠ الل مختلف از این ژن شناسایی شده است (Reinstädler et al. 2010; Lyngkjær et al. 2000). با این حال، علی‌رغم کارایی ژن *mlo*، این ژن دارای چندین محدودیت است. ژن *mlo* اثر پلیوتروپیک ایجاد می‌کند، به‌گونه‌ای که لکه‌های نکروتیک به‌صورت خودبه‌خود روی برگ‌ها ظاهر می‌شوند، این وضعیت منجر به کاهش فتوسنتز و در نتیجه کاهش اندازه دانه و کاهش عملکرد می‌شود (Kusch and Panstruga 2017). افزون بر این، گیاهان جو دارای الل مقاومت *mlo* نسبت به برخی بیماری‌های لکه‌ای از لکه برگی قهوه‌ای (Spot blotch) و لکه برگی رامولاریا (Ramularia leaf spot) حساس هستند (Genievskaya et al. 2023; McGrann et al. 2014). همچنین اگرچه ژن *mlo* طی ۵۰ سال گذشته کارایی بالایی داشته است، اما جدایه‌های پرآزار نسبت به *mlo* در اروپا، ژاپن، استرالیا و چین گزارش شده‌اند (Wang et al. 2023; Tucker et al. 2013; Lyngkjær et al. 2000).

در تحقیق حاضر علاوه بر *mlo*، ژن‌های با مقاومت در برابر تعداد زیادی از پاتوتیپ‌ها شناسایی شدند که ازجمله می‌توان از ژن مقاومت *Mla9* نام برد که فقط در برابر یک پاتوتیپ (Shahrekord_29) حساسیت نشان داد و ترکیب ژنی *Mla13+Ml(Ru3)* که در برابر ۲۵ پاتوتیپ مقاوم بود. پایداری مقاومت این ژن‌ها در تحقیق زهراوی و همکاران (Zahravi et al. 2018) نیز گزارش شده بود. علاوه بر این، ژن مقاومت *Mla22* در برابر ۲۲ پاتوتیپ مقاوم بود. در تحقیقی دیگر، هیچ یک از ۱۰۷ جدایه سفیدک پودری جو از هفت جمعیت جو زراعی جمع‌آوری شده از نقاط مختلف کشور قزاقستان نسبت به ژن‌های مقاومت *Mla13 + MlRu3*، *Mla6 + Mla14*، *Mla1 + Mla2*، *Mla9* *Mla13 + MlRu3*، *Mla10 + MlDu2*، *Mla7 + MlNo3* و *mlo5* پرآزاری نداشتند (Rsaliyev et al. 2017). ژن *Mla* از جمله ژن‌های مهم مقاومت به سفیدک پودری است که مقاومت وابسته به نژاد در جو ایجاد می‌کند، و در کروموزوم 1H قرار دارد (Leng et al. 2018). با اینحال برخی از آلل‌های *Mla* برای بروز مقاومت کامل به ژن‌های دیگری نیاز دارند، به‌عنوان مثال *Mla10* وابسته به ژن دیگری به نام *Rar1* می‌باشد (Halterman and Wise 2004). با توجه به شناسایی چندین ژن با مقاومت در برابر طیف وسیعی از نژادهای بیمارگر، یکی از راهبردهای افزایش دوام مقاومت، تجمیع[1] این ژن‌ها می‌باشد (Guo *et al.*, 2024). این راهبرد متکی بر تأمین مستمر منابع جدید مقاومت، از جمله ژن‌هایی با وراثت مستقل، برای مقابله با جمعیت‌های در حال تکامل بیمارگر است. با توجه به تعداد محدود ژن‌های مقاومت در ارقام زراعی، پژوهشگران به‌منظور بازیابی مقاومت از دست‌رفته یا جستجوی ژن‌های مقاومت جدید از ذخایر ژرم‌پلاسم بومی، اقدام به وحشی‌سازی مجدد[2] محصولات کشاورزی کرده‌اند (Razzaq et al. 2021b).

در تحقیق حاضر تعدادی از ژن‌ها نیز مقاومت مؤثری را نشان ندادند. ترکیب ژن‌های مقاومت *Mla12+Ml(Em2)* و ژن مقاومت *Mlh* در برابر هیچ یک از پاتوتیپ‌ها تظاهر مقاومت نداشتند. سایر تحقیقات نیز بی اثر شدن برخی از ژن‌های مقاومت به سفیدک پودری جو را گزارش داده‌اند. در قزاقستان، در سال‌های ۲۰۱۵ و ۲۰۱٦ تعداد ۱۰۷ جدایه سفیدک پودری جو از هفت جمعیت جو زراعی در نقاط مختلف کشور جمع‌آوری و از نظر پرآزاری مورد بررسی قرار گرفتند. تمامی این جدایه‌ها نسبت به ژن مقاومت *Mla8* پرآزار بودند (Rsaliyev et al. 2017). مشاهده این موضوع، امری رایج است چراکه ژن‌های مقاومت اصلی، وابسته به‌نژاد هستند و تحت تأثیر چرخه‌ای از تغیرات جمعیت بیمارگر موسوم به رونق و کسادی[3] قرار دارند، به‌طوری که نژادهای بیماری‌زای جدید سرانجام طی چند سال، مقاومت را از بین می‌برند (Piechota et al. 2019).

[1] Pyramiding
[2] Rewilding
[3] Boom and bust effect

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

براساس نتایج تحقیق حاضر همچنین می‌توان در مورد به کار بردن ژن‌های مقاومت به‌صورت محلی و ناحیه‌ای توصیه‌هایی ارائه داد. به‌عنوان مثال با توجه به اینکه ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla22*، *Mla1* و *Mla7+Ml(No3)* در برابر هر پنج پاتوتیپ با منشاء ساری واکنش مقاومت نشان دادند می‌توان استفاده از این ژن‌ها به‌صورت محدود به این ناحیه را مورد بررسی قرار داد. به‌طور مشابه استفاده از ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *Mla7+Ml(No3)* را در ناحیه گرگان می‌توان در نظر گرفت.

نتایج این تحقیق در مجموع تنوع بالا و پویایی جمعیت پاتوتیپ‌های سفیدک پودری جو در کشور را نشان داد و لذا بر اهمیت پایش مداوم این تغییرات تأکید داشت. همچنین ژن‌های مقاومت براساس اثربخشی آن‌ها مورد بررسی و مقایسه قرار گرفتند که در برنامه‌های اصلاحی قابل کاربرد می‌باشند. از بین ژن‌های مقاومت مورد بررسی *mlo*، *Mla9* و ترکیب ژنی *Mla13+Ml(Ru3* کارایی بالاتری نشان دادند که می‌توان هر یک را به‌طور مجزا در برنامه های اصلاحی وارد نمود و یا از راهکار تجمیع استفاده نمود. همچنین ژن‌هایی نیز جهت استفاده در ناحیه محدود جغرافیایی محدود شناسایی شدند بدین ترتیب که ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla22*، *Mla1* و *Mla7+Ml(No3)* جهت استفاده در ناحیه ساری و ژن‌های مقاومت *Mla9*، *Mla13+Ml(Ru3)* و *Mla7+Ml(No3)* جهت استفاده در ناحیه گرگان قابل توصیه می‌باشند. از سوی دیگر ترکیب ژنی *Mla12+Ml(Em2)* و ژن مقاومت *Mlh*، غیرمؤثر شناخته شدند و بایستی یا از استفاده از آن‌ها احتراز شود و یا در صورت حضور این ژن‌ها در شجره ارقام مورد کشت، از طریق تلاقی این ارقام با ژنوتیپ‌های حاوی ژن‌های مقاومت کارآمد، در جهت اصلاح و توسعه ارقام دارای مقاومت مؤثر به بیماری سفیدک پودری جو اقدام نمود.

منابع

Ames N, Dreiseitl A, Steffenson BJ, Muehlbauer GJ (2015) Mining wild barley for powdery mildew resistance. Plant Pathology 64:1396–1406.

Burdon JJ, Barrett LG, Rebetzke G, Thrall PH (2014) Guiding deployment of resistance in cereals using evolutionary principles. Evolutionary Applications 7:609–624.

Chaure P, Gurr SJ, Spanu P (2000) Stable transformation of *Erysiphe graminis* an obligate biotrophic pathogen of barley. Nature Biotechnology18:205–207.

Cowger C, Mehra L, Arellano C, Meyers E, Murphy JP (2018) Virulence differences in *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* from the central and eastern United States. Phytopathology 108:402–411.

Czembor JH (2002) Resistance to powdery mildew in selections from Moroccan barley landraces. Euphytica 125:397–409.

Czembor JH, Czembor E (2023) Sources of resistance to powdery mildew in wild barley (Hordeum vulgare subsp. spontaneum) collected in Jordan, Lebanon, and Libya. Agronomy 13:2462.

Dreiseitl A (2017) Genes for resistance to powdery mildew in European barley cultivars registered in the Czech Republic from 2011 to 2015. Plant Breeding 136:351–356.

Dreiseitl A (2020) Specific resistance of barley to powdery mildew, its use and beyond: a concise critical review. Genes 11:971.

Flor HH (1971) Current status of the gene-for-gene concept. Annu Review of Phytopathology 9:275–296.

Ge C, Wentzel E, D'Souza N, Chen K, Oliver RP, Ellwood SR (2021) Adult resistance genes to barley powdery mildew confer basal penetration resistance associated with broad-spectrum resistance. Plant Genome 14: e20129.

Geng L, Li M, Zhang G, Ye L (2022) Barley: A potential cereal for producing healthy and functional foods. Food Quality and Safety 6: fyac012.

Genievskaya Y, Zatybekov A, Abugalieva S, Turuspekov Y (2023) Identification of quantitative trait loci associated with powdery mildew resistance in spring barley under conditions of southeastern Kazakhstan. Plants 12:2375.

Glawe DA (2008) The powdery mildews: A review of the world's most familiar (yet poorly known) plant pathogens. Annu Review of Phytopathology 46:27–51.

Golzar H, Shankar M, D'Antuono M (2016) Responses of commercial wheat varieties and differential lines to western Australian powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) populations. Australasian Plant Pathology 45:347–355.

Guo J, Zhao C, Gupta S, Platz G, Snyman L, Zhou M (2024) Genome-wide association mapping for seedling and adult resistance to powdery mildew in barley. Theoretical and Applied Genetics137:50.

Gupta S, Vassos E, Sznajder B, Fox R, Khoo KH, Loughman R, Chalmers KJ, Mather DE (2018) A locus on

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]

barley chromosome 5H affects adult plant resistance to powdery mildew. Molecular Breeding 38:1–10.
Halterman DA, Wise RP (2004) A single-amino acid substitution in the sixth leucine-rich repeat of barley MLA6 and MLA13 alleviates dependence on RAR1 for disease resistance signaling. Plant Journal 38:215–226.
Hovmoller MS, Caffier V, Jalli M, Andersen O, Besenhofer G, Czembor JH, Dreiseitl A, Flath K, Fleck A, Heinrics F, et al. (2000) The European barley powdery mildew virulence survey and disease nursery 1993–1999. Agronomie 20:729–744.
Jørgensen IH (1992) Discovery, characterization and exploitation of *Mlo* powdery mildew resistance in barley. Euphytica 63:141–152.
Jørgensen JH, Wolfe M (1994) Genetics of powdery mildew resistance in barley. Critical Reviews in Plant Sciences 13:97–119.
Kusch S, Panstruga R (2017) mlo-based resistance: an apparently universal "weapon" to defeat powdery mildew disease. Molecular Plant and Microbe Interaction 30:179–189.
Leng Y, Zhao M, Wang R, Steffenson BJ, Brueggeman RS, Zhong S (2018) The gene conferring susceptibility to spot blotch caused by Cochliobolus sativus is located at the *Mla* locus in barley cultivar Bowman. Theoretical and Applied Genetics131:1531–1539.
Li H, Zhou M (2011) Quantitative trait loci controlling barley powdery mildew and scald resistances in two different barley doubled haploid populations. Molecular Breeding 27:479–490.
Lukinac J, Jukić M (2022) Barley in the production of cereal-based products. Plants 11:3519.
Lyngkjær MF, Newton AC, Atzema JL, Baker SJ (2000) The barley *mlo*-gene: an important powdery mildew resistance source. Agronomie 20:745–756.
Mains EB., Dietz, SM (1930). Physiologic forms of barley mildew, *Blumeria graminis* f.sp. *hordei*. Phytopathology 20: 229-239.
McGrann GRD, Stavrinides A, Russell J, Corbitt MM, Booth A, Chartrain L, Thomas WTB, Brown JKM (2014) A trade off between *mlo* resistance to powdery mildew and increased susceptibility of barley to Ramularia leaf spot. Journal of Experimental Botany 65:1025–1037.
Novakazi F, Krusell L, Jensen JD, Orabi J, Jahoor A, Bengtsson T, PPP Barley Consortium (2020) You had me at "MAGIC"!: four barley MAGIC populations reveal novel resistance QTL for powdery mildew. Genes 11:1512.
Ovesna J, Chrpova J, Kolarikova L, Svoboda P, Hanzalova A, Palicova J, Holubec V (2023) Exploring wild *Hordeum spontaneum* and *Hordeum marinum* accessions as genetic resources for fungal resistance. Plants 12:3258.
Patel N, Desai P, Patel N, Jha A, Gautam HK (2014) Agronanotechnology for plant fungal disease management: a review. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences 3:71–84.
Piechota U, Czembor PC, Słowacki P, Czembor JH (2019) Identifying a novel powdery mildew resistance gene in a barley landrace from Morocco. Journal of Applied Genetics 60:243–254.
Piechota U, Słowacki P, Czembor PC (2020) Identification of a novel recessive gene for resistance to powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*) in barley. Plant Breeding 139:730–742.
Razzaq A, Saleem F, Wani SH, Abdelmohsen SAM, Alyousef HA, Abdelbacki AMM, Alkallas FH, Tamam N, Elansary HO (2021a) De-novo domestication for improving salt tolerance in crops. Frontiers in Plant Science12:681367.
Razzaq A, Wani SH, Saleem F, Yu M, Zhou M, Shabala S (2021b) Rewilding crops for climate resilience: economic analysis and de novo domestication strategies. Journal of Experimental Botany72:6123–6139.
Rehman S, Amouzoune M, Hiddar H, Aberkane H, Benkirane R, Filali-Maltouf A, Al-Jaboobi M, Acqbouch L, Tsivelikas A, Verma RPS, Kehel, Z (2020) Traits discovery in Hordeum vulgare sbsp. spontaneum accessions and in lines derived from interspecific crosses for enhancing barley breeding efforts. Crop Science 61:219–233.
Reinstädler A, Müller J, Czembor JH, Piffanelli P, Panstruga R (2010) Novel induced mlo mutant alleles reveal functionally important domains in the barley *Mlo* protein. BMC Plant Biology10:31.
Rsaliyev A, Pahratdinova Z, Rsaliyev S (2017) Characterizing the pathotype structure of barley powdery mildew and effectiveness of resistance genes in Kazakhstan. BMC Plant Biology17:178.
Shakhatreh Y, Haddad N, Alrababah M, Grando S, Ceccarelli S (2010) Phenotypic diversity in wild barley accessions collected in Jordan. Genetic Resources and Crop Evolution 57:131–146.
Shtaya M, Marcel TC, Sillero JC, Niks RE, Rubiales D (2006) Identification of QTLs for powdery mildew and scald resistance in barley. Euphytica 151:421–429.
Silvar C, Dhif H, Igartua E, Kopahnke D, Gracia MP, Lasa JM, Ordon F, Casas AM (2010) Identification of quantitative trait loci for resistance to powdery mildew in a Spanish barley landrace. Molecular Breeding 25:581–592.
Tucker MA, Jayasena K, Ellwood SR, Oliver RP (2013) Pathotype variation of barley powdery mildew in Western Australia. Australasian Plant Pathology 42:617–623.
Wang Y, Zhang G, Wang F, Lang X, Zhao X, Zhu J, Hu C, Hu J, Zhang Y, Yao X, Liu, H (2023) Virulence variability and genetic diversity in *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in Southeastern and Southwestern China. Plant Disease107:809–819.
Zahravi M, Norouzi S, Patpour M, Bihamta MR (2018) Evaluation of resistance to powdery mildew disease in some Iranian genotypes of *Hordeum spontaneum*. Seed Plant Journal 33:441–454. (In Farsi)

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-19]