

Investigating the response of wheat genotypes to common diseases using machine learning algorithms

Hossein Sabouri 

*Corresponding Author: Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: hossein.sabouri@gonbad.ac.ir

Seyed Javad Sajadi 

Assistant Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: javadsajadi@gmail.com

Fakhtak Taliei 

Assistant Professor, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: taliei.fa@gmail.com

Hossein Ali Fallahi 

Department of Agricultural and Horticultural Sciences Research, Mazandaran Agricultural Resources Research and Education Center, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Sari, Iran. Email address: a.fallahi@gmail.com

Borzo Kazerani 

Former PhD Student, Department of Plant Breeding, Faculty of Agriculture Science, Gorgan Agriculture Science and Natural Resource University, Iran. Email address: borzokazerani@gmail.com

Aylin Zebarjad 

MSc Student, Department of Plant Production, Faculty of Agriculture and Natural Resources, Gonbad Kavous University, Gonbad Kavous, Iran. Email address: aylin.zebarjad@gonbad.ac.ir

Abstract

Objective

This study aimed to predict the response of 297 wheat genotypes to common regional diseases using 71 iPBS and 81 SSR molecular markers.

Materials and Methods

The wheat genotypes were cultivated using an augmented design within a completely randomized layout at the Qarahkil Agricultural Research Station in Qaemshahr. Both molecular and phenotypic data were analyzed. Feature selection and classification algorithms were employed for data analysis, including Random Forest and the InfoGainAttributeEval evaluation model.

Results

The analysis revealed substantial genetic diversity among wheat genotypes at both the molecular and phenotypic levels. However, the effectiveness of the predictive algorithms varied depending on the disease. The algorithms showed limited predictive accuracy for diseases such as tan spot and Fusarium head blight, suggesting that the available data may be insufficient to determine genotype resistance or susceptibility reliably. In contrast, yellow rust demonstrated the highest prediction accuracy, averaging 70%, indicating that the models were highly effective in predicting genotype responses. The algorithms also performed relatively well for powdery mildew and brown rust, achieving average prediction accuracies of 56.00% and 56.28%, respectively. However, prediction accuracy for brown spots was low, averaging 34.90%, indicating limited model performance for this disease.

Further analysis showed that phenotypic data were more effective in predicting responses to powdery mildew, whereas molecular data provided better predictions for brown rust. Overall, the SSR and iPBS markers, combined with the Random Forest classification algorithm and the InfoGainAttributeEval model, enabled accurate prediction of genotype responses for several diseases.

Conclusion

The findings indicate that the predictive power of molecular and phenotypic data varies by disease. While molecular data were more accurate for some diseases, phenotypic data were more effective for others. Notably, both data types accurately predicted genotype responses to yellow rust.

Keywords: Feature selection, Machine learning, Prediction, Wheat diseases.

Paper Type: Research Paper.

Citation: Sabouri H, Sajadi SJ, Taliei F, Fallahi HA, Kazerani B, Zebarjad A (2024) Investigating the response of wheat genotypes to common diseases using machine learning algorithms. *Journal of Genetics and Plant Breeding* 1 (3), 51-88.

Journal of Genetics and Plant Breeding 1 (3), 51-88.

DOI: 10.22103/gpb.2024.4852

Received: May 14, 2024.

Received in revised form: July 17, 2024.

Accepted: July 17, 2024.

Published online: September 28, 2024.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production, Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and Iranian Genetics Society.



© the authors



بررسی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به بیماری‌های رایج با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین

 حسین صبوری

*نویسنده مسئول: استاد، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، گنبدکاووس، ایران. رایانامه: hossein.sabouri@gonbad.ac.ir

 سیدجواد سجادی

استادیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، گنبدکاووس، ایران. رایانامه: javadsajadi@gmail.com

 فاختک طلیعی

استادیار، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، گنبدکاووس، ایران. رایانامه: taliey.fa@gmail.com

 حسین علی فلاحی

گروه تحقیقات علوم کشاورزی و باغبانی، مرکز تحقیقات و آموزش منابع کشاورزی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO)، ساری، ایران. رایانامه: a.fallahi@gmail.com

 برزو کازرانی

دانشجوی سابق دکتری، گروه اصلاح نباتات، دانشکده علوم زراعت، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان، گرگان، ایران. رایانامه: borzokazerani@gmail.com

 آیلین زبرجد

دانشجوی کارشناسی ارشد، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبدکاووس، ایران. رایانامه: aylin.zebarjad@gmail.com

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۲/۲۵ تاریخ دریافت فایل اصلاح شده نهایی: ۱۴۰۳/۰۴/۲۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۴/۲۸

چکیده

هدف: به منظور پیش‌بینی واکنش ۲۹۷ ژنوتیپ گندم به بیماری‌های رایج منطقه، از ۷۱ و ۸۱ نشانگر ipBS و SSR استفاده شد.

مواد و روش‌ها: ژنوتیپ‌های گندم به صورت اگمنت و قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی قراخیل قائمشهر کشت شدند. داده‌های مورد بررسی شامل داده‌های مولکولی و داده‌های فنوتیپی بودند. برای تجزیه و تحلیل

داده‌ها، از الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی مانند RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval استفاده شد.

نتایج: نتایج نشان داد که ژنوتیپ‌های گندم از نظر داده‌های مولکولی و فنوتیپی دارای تنوع ژنتیکی قابل توجهی هستند. با این حال، کارایی الگوریتم‌های به‌کاررفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری‌های مختلف بسته به نوع بیماری متفاوت بود. در مورد بیماری‌های لکه خرمایی و فوزاریوم سنبله، داده‌های مولکولی و الگوریتم‌های مورد استفاده نتوانستند به‌طور مؤثر واکنش ژنوتیپ‌ها را پیش‌بینی کنند. این عدم کارایی نشان می‌دهد که این داده‌ها ممکن است برای تشخیص حساسیت یا مقاومت به این بیماری‌ها کافی نباشند. در مقابل، برای بیماری زنگ زرد، الگوریتم‌های به‌کاررفته نتوانستند واکنش ژنوتیپ‌ها را با دقت بالایی پیش‌بینی کنند. همچنین، میانگین دقت پیش‌بینی برای بیماری لکه خرمایی حدود ۳۴/۹۰ درصد بود که نشان‌دهنده کارایی نسبی پایین این روش در پیش‌بینی این بیماری است. در مورد بیماری‌های سفیدک پودری و زنگ قهوه‌ای، الگوریتم‌های مورد استفاده عملکردی بهتری داشتند. بالاترین دقت پیش‌بینی مربوط به بیماری زنگ زرد بود که به‌طور متوسط ۷۰ درصد دقت نشان داد. به‌طور میانگین، دقت پیش‌بینی برای سفیدک پودری ۵۶/۰۰ درصد و برای زنگ قهوه‌ای ۵۶/۲۸ درصد بود. با این حال، بررسی داده‌ها نشان داد که برای بیماری سفیدک پودری، داده‌های فنوتیپی دقت بیشتری در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها داشتند، درحالی‌که برای زنگ قهوه‌ای، داده‌های مولکولی عملکرد دقیق‌تری ارائه دادند. همچنین، داده‌های مولکولی SSR و iPBS زمانی که با استفاده از الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval مورد بررسی قرار گرفتند، نتوانستند درصد قابل توجهی از واکنش ژنوتیپ‌ها را به‌درستی پیش‌بینی کنند.

نتیجه‌گیری: نتایج نشان داد که پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به برخی بیماری‌ها بر اساس داده‌های مولکولی و به برخی دیگر بر اساس داده‌های مورفولوژیک دقیق‌تر انجام می‌شود. علاوه بر این، در مورد بیماری زنگ زرد، داده‌های مولکولی و فنوتیپی نتوانستند واکنش ژنوتیپ‌ها را با دقت بالایی پیش‌بینی کنند.

کلیدواژه‌ها: انتخاب ویژگی، بیماری‌های گندم، پیش‌بینی، یادگیری ماشین.

نوع مقاله: پژوهشی.

استناد: صبوری حسین، سجادی سیدجواد، طلایی فاختک، فلاحتی حسین علی، کازرانی برزو، زبرجد آیلین (۱۴۰۳) بررسی واکنش ژنوتیپ‌های گندم به بیماری‌های رایج با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین. *مجله ژنتیک و به‌نژادی گیاهی*، ۱(۳)، ۵۱-۸۸.

Publisher: Research and Technology Institute of Plant Production,
Afzalipour Research Institute, Shahid Bahonar University of Kerman and
Iranian Genetics Society



© the authors

علم داده‌کاوی، به کشف الگوهای پنهان و ناشناخته در میان حجم عظیمی از داده‌ها می‌پردازد که گاه از دید متخصصین علوم مختلف، پنهان می‌مانند. در این میان روش‌های مختلفی در زمینه پیش‌بینی به‌کاررفته‌اند که گاهی نتایج حاصل از آن‌ها به‌طور باورنکردنی پشتیبان محققین بوده‌اند (Ghazanfari et al. 2008). الگوریتم‌های مختلفی در علم داده‌کاوی به‌کار می‌روند که طبق تحقیقات متعدد به‌عمل‌آمده در سال‌های اخیر برخی از آن‌ها نتایج بسیار قابل‌قبولی در دنیای واقعی، از خود نشان داده‌اند. الگوریتم‌های داده‌کاوی به کمک نرم‌افزارهای متداول درداده‌کاوی مثل نرم‌افزار کلمنتاین یا «وکا» پیاده‌سازی می‌شوند. «دقت»، «حساسیت» و «ویژگی» سه مورد حائز اهمیت جهت ارزیابی نتایج حاصله هستند (Kohavi 1995). نمی‌توان به این سوال که بهترین الگوریتم به‌کاررفته در مورد تشخیص نوع واکنش گیاه به بیماری کدام است، پاسخ دقیقی داد. علت این موضوع، به هدف از تحقیق، شرایط تحقیق، تعداد داده‌ها و متغیرهای موجود و همچنین بسیاری از فاکتورهای دیگر برمی‌گردد. همچنین، اهداف اصلی تحقیق از قبیل پیش‌بینی کردن میزان اثر پاتوژن، نیز می‌تواند الگوریتم مناسب را تغییر دهد. الگوریتم‌های زیادی برای داده‌کاوی تعریف‌شده است که تعدادی از آن‌ها نیز حاصل ترکیبی از چند الگوریتم هستند. از میان مدل‌های شناخته‌شده، برخی مدل‌ها طی سالیان اخیر در داده‌کاوی علوم مختلف مانند پزشکی کاربرد بیشتری داشته است. همچنین نمونه‌های کلی از کاربرد داده‌کاوی در پزشکی نیز به کمک الگوریتم‌های آن نیز در منابع متعددی ذکر شده است. داده‌کاوی (فرآیند کشف و استخراج الگوهای مخفی از مقادیر زیادی داده) در حوزه‌های مختلفی مانند بازاریابی، کشف جرائم، اکتشافات علمی و پزشکی به‌کار می‌رود (Chen et al. 2011). استفاده از تکنیک‌های داده‌کاوی، به خلق دانش جدید از پایگاه‌های بزرگ داده در علوم مختلف که اغلب بدون استفاده مانده‌اند، کمک می‌کند. استفاده از این تکنیک‌ها در حوزه‌های مختلف به‌منظور پشتیبانی از تصمیم‌گیری‌های مدیریتی، مرتباً رو به افزایش است (Phillips-Wren et al. 2008). در علوم مختلف، داده‌ها اغلب حجیم، اما بدون ارزش می‌باشند. دانش نهفته در داده‌ها آن‌ها را قابل‌استفاده می‌کند. داده‌کاوی به دو روش بدون ناظر (Unsupervised Learning) و با ناظر (Supervised Learning) استفاده می‌شود. در روش با ناظر، متغیرهای هدف معلوم است و تلاش برای کشف الگوریتمی است که بتواند ارتباط بین پارامترهای ورودی و خروجی را پیدا کند؛ اما در روش بدون ناظر متغیرهای هدف نامعلوم می‌باشند. در این حالت، تلاش برای کشف ساختارهایی در بین متغیرها است که روش خوشه‌بندی (Clustering) به‌عنوان معمول‌ترین روش این حالت شناخته می‌شود (Khan et al. 1993; Rastogi et al. 2014).

ماشین یادگیری ابزارهایی را فراهم می‌کند که می‌توان داده‌های بزرگ را به‌صورت خودکار تجزیه و تحلیل نمود. لذا اساس یادگیری ماشین، انتخاب ویژگی است. در انتخاب ویژگی باید از بین مجموعه ویژگی‌های مناسب با استفاده از یک روش تفکیک‌کننده، برجسته‌ترین و بهترین ویژگی‌ها برای یادگیری انتخاب شود. در روش‌های مختلف انتخاب ویژگی زیرمجموعه‌ای با کمترین تعداد ویژگی ممکن (ویژگی‌های تاثیرگذار) هدف مورد نظر را پیدا می‌کند. برخی از الگوریتم‌های انتخاب ویژگی شامل الگوریتم ژنتیک، الگوریتم C5.0، الگوریتم CHAID، الگوریتم Exhaustive CHAID می‌باشند (Gardner & Dorling 1998).

(Larose 2014; Platt 1998; Quinlan 2014; Rish 2001; Svetnik et al. 2003).

در آزمایشی یک سیستم خودکار برای شناسایی و طبقه‌بندی آفات و بیماری‌های گوجه‌فرنگی با استفاده از الگوریتم یادگیری ماشین جنگل تصادفی (Random Forest) طراحی نمودند و نشان دادند که بیماری‌های گوجه‌فرنگی مانند بلایت زودرس، سوختگی شاخ و برگ، لکه برگی سپتوریایی، کنه تارنکبوتی، ویروس موزاییک و ویروس پیچیدگی زرد برگ توسط این سیستم تشخیص داده می‌شوند (Govardhan & Veena 2019). نتایج آزمایشی نشان می‌دهد که تقریباً تمامی تصاویر آزمایشی، بهترین تفکیک را بین کلاس‌های مختلف تصاویر ارائه می‌دهند و عملکرد سیستم با دقت ۹۵ درصد ارزیابی شد. ایشان پیشنهاد نمودند که هرگونه بیماری برگ را می‌توان تنها با آموزش الگوریتم یادگیری ماشین بر روی مجموعه‌ای از تصاویر تشخیص داد (Govardhan & Veena 2019). در تحقیقی یک تکنیک یادگیری عمیق برای تشخیص بیماری‌های گیاهی ارائه کردند (Arsenovic et al. 2019). در پژوهشی با هدف توسعه یک مدل ترکیبی برای تشخیص بیماری‌های گوجه‌فرنگی از یادگیری انتقالی و استراتژی‌های تنظیم دقیق برای بهبود عملکرد مدل‌های از پیش آموزش‌دیده استفاده کردند. از میان هفت مدل شبکه عصبی با معماری مختلف شامل VGG16، ResNet50، EfficientNetB0، EfficientNetB1، EfficientNetB2، EfficientNetB3 و EfficientNetB4، دو مدل برای توسعه مدل ترکیبی برای شناسایی بیماری‌های گوجه‌فرنگی انتخاب شد که با دقت ۰/۹۸۱ قادر به پیش‌بینی بیماری‌ها بود (Moussafir et al. 2022). همچنین در پژوهشی دیگر، مدلی بر مبنای یادگیری عمیق بر اساس یک الگوریتم ژنتیک تطبیقی برای انتخاب پارامترهای بهینه برای تشخیص بیماری‌های برگ زیتون معرفی کردند که نسبت به سایر الگوریتم‌ها عملکرد بهتری داشت و به دقت حدود ۹۶ درصد برای طبقه‌بندی چند کلاسه و ۹۸ درصد برای طبقه‌بندی دو کلاسه دست یافت (Alshammari et al. 2022). در تحقیق دیگری از روش‌های یادگیری ماشین مانند ماشین بردار پشتیبان (Support Vector Machine یا SVM)، شبکه عصبی کانولوشنال (Convolutional Neural Network یا CNN) و K-نزدیک‌ترین همسایه (K-Nearest Neighbor یا K-NN) برای طبقه‌بندی بیماری‌های گوجه‌فرنگی استفاده شده است. دقت مدل پیشنهادی با استفاده از SVM (۸۸ درصد)، K-NN (۹۷ درصد) و CNN (۹۹/۶ درصد) روی نمونه‌های برگ گوجه‌فرنگی دارای بیماری آزمایش شد و نتایج نشان داد که CNN با دقت ۹۹/۶ درصد بهترین عملکرد را در تشخیص بیماری‌های برگ گوجه‌فرنگی دارد. همچنین مقایسه عملکرد روش‌های ML (مانند ماشین بردار پشتیبان (SVM)، جنگل تصادفی (RF) و کاهش گرادین تصادفی (SGD) و DL (مانند VGG-16، VGG-19، Inception-v3) در زمینه تشخیص بیماری‌های مرکبات نشان داد که روش‌های DL عملکرد بهتری نسبت به روش‌های ML در تشخیص بیماری دارند (Sujatha et al. 2021).

کشاورزی حتی در صورت افزایش سریع جمعیت، غذا را برای تمام انسان‌ها تأمین می‌کند. پیش‌بینی بیماری‌های گیاهی در مراحل اولیه در حوزه کشاورزی برای تأمین غذا برای جمعیت کلی ضروری است. در هر مرحله از کشت محصولات، بیماری‌های گیاهی می‌توانند برگ‌ها را تحت تأثیر قرار دهند و منجر به خسارات گسترده در تولید محصولات و کاهش ارزش اقتصادی آن‌ها در

بازار شوند. اما متأسفانه پیش‌بینی بیماری‌ها در مراحل اولیه رشد محصولات دشوار است. بنابراین، در صنعت کشاورزی، شناسایی بیماری‌های برگ نقش حیاتی ایفا می‌کند. با این حال، این فرآیند نیازمند نیروی کار زیاد، زمان آماده‌سازی بیشتر و دانش جامع در مورد عوامل بیماری‌زای گیاهی است. از آنجا که گندم یکی از محصولات استراتژیک است، در این تحقیق رویکردهای Naive K-Nearest Bayes . Multilayer Perceptron (MLP) Sequential Minimal Optimization (SMO) .C4.5, Random و Neighbors (KNN) با استفاده از یک الگوریتم دقیق برای تشخیص بیماری‌های برگ و سنبله گیاه گندم مورد استفاده قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

ارزیابی‌های مزرعه‌ای: برای پیش‌بینی صفات زراعی و مقاومت به بیماری‌های گندم ۲۹۷ ژنوتیپ (جدول ۱) به‌صورت اگمنت و در قالب طرح بلوک کامل تصادفی کشت شدند. هر لاین در دو خط یک متری با فاصله خطوط ۲۰ سانتی‌متر با دست با تراکم ۳۵۰ دانه در متر مربع در مزرعه ایستگاه تحقیقات کشاورزی قراخیل قائمشهر با در عرض جغرافیائی ۳۶/۳۷ و طول جغرافیائی ۵۳/۱۱ با میانگین بارش سالیانه ۷۵۰-۸۰۰ و ارتفاع از سطح دریا ۱۵-۱۰ متر در مورخه ۹۵/۸/۲۰ کشت شدند. آلودگی مصنوعی از طریق کشت ارقام حساس بین لاین‌ها انجام شد. برای اینکار بین هر ده لاین رقم حساس در دو ردیف کشت شد. از میان هر تیمار در کرت‌ها بعد از ظهور اولین علائم بیماری از ۲ خط انتخاب و یادداشت‌برداری شد. یادداشت‌برداری از تیپ و شدت بیماری‌های سفیدک پودری و لکه خرمایی در مقیاس ۹-۰ به‌شرح جدول ۱ انجام شد (Prescott et al. 1986). جهت استفاده از الگوریتم‌های دسته‌بندی و پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها اسکورهای به‌دست آمده برای هر بیماری مطابق جدول ۱ دسته‌بندی شدند.

برای یادداشت‌برداری بیماری زنگ زرد و قهوه‌ای از مقیاس اصلاح شده که پیشنهادی Peterson et al. (1984) و همچنین برای ارزیابی واکنش گیاه به آلودگی (تیپ آلودگی) از روش Roelfs et al. (1992) استفاده شد که به‌شرح زیر می‌باشد.

O=هیچ‌گونه علایمی از آلودگی مشاهده نمی‌شود (مصون)

R=وجود یوریدی‌های بسیار ریز و کوچک، نقاط نکروزه و کلروزه با اسپور دهی ناچیز (مقاوم)

MR=وجود یوریدی‌های کوچک، نقاط نکروزه و کلروزه با اسپوردهی متوسط (نیمه مقاوم)

MS=وجود یوریدی‌های متوسط با اسپوردهی فراوان همراه با کلروز (نیمه حساس)

S=وجود یوریدی‌های بزرگ و کامل با اسپوردهی فراوان بدون کلروز و نکروز (حساس).

برای ارزیابی میزان آلودگی ژنوتیپ‌ها به بیماری فوزاریوم سنبله، شدت بیماری با استفاده از مقیاس van و Rajaram (1994) Ginkel اندازه‌گیری و تعیین گردید (جدول ۲). برای تعیین این عامل در مورد هر رقم در هر تکرار تعداد ۱۰ سنبله مربوط به پنجه‌های اصلی به‌صورت تصادفی انتخاب شد و تک تک سنبله‌ها از نظر وجود یا عدم وجود آلودگی ظاهری و سنبله‌های آلوده از

نظر میزان آلودگی بررسی شد و تعداد سنبلچه‌های نکروتیک در این سنبله‌های آلوده، شمارش و بر مبنای مقیاس زیر درجه‌بندی گردید.

جدول ۱. مقیاس طبقه‌بندی شدت بیماری‌های سفیدک پودری و لکه خرمایی بر اساس روش Prescott et al. (1986).

Table 1. Classification scale for disease severity of powdery mildew and Tan Spot diseases based on prescott et al. (1986)

گروه‌های ایجاد شده در بررسی واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری Groups formed in the evaluation of genotypes response to disease		توصیف مقیاس Description of scale	مقیاس Scale
لکه خرمایی Tan Spot	سفیدک پودری Powdery mildew		
A	A	بدون هیچ گونه آلودگی (مصون) Uncontaminated (immune)	0
A	A	ظهور لکه‌های نکروزه و کلروزه به صورت نقطه ای روی برگ‌های پایین (بسیار مقاوم) Emergence of necrotic and chlorotic spots as punctate lesions on lower leaves (highly resistant)	1
B	B	زخم‌های پراکنده روی برگ‌های اول و دوم که به وضوح آلوده شده اند (مقاوم) Scattered lesions on the primary and secondary leaves showing clear infection (resistant)	2
B	B	یک سوم قسمت پایین گیاه جزیی آلوده شده (مقاوم) Infection is confined to the basal third of the plant (resistant)	3
C	C	آلودگی متوسط برگ‌های پایین با پراکندگی به سمت برگ‌های میانی گیاه (نیمه مقاوم) Moderate infection of lower leaves with spread toward middle leaves (moderately resistant)	4
D	C	آلودگی شدید یک سوم پایین گیاه و لکه‌های پراکنده در وسط گیاه (نیمه حساس) Severe infection in the basal third of the plant with scattered lesions in the middle section (moderately susceptible)	5
D	D	آلودگی شدید یک سوم پایین گیاه و لکه‌های پراکنده که از وسط گیاه هم گذشته (نیمه حساس) Severe infection in the lower third of the plant with scattered lesions extending past the middle section (moderately susceptible)	6
D	D	آلودگی شدید برگ‌های پایین و میانی گیاه تا برگ زیر برگ پرچم (حساس) Severe infection of lower and middle leaves up to the flag leaf (susceptible)	7
D	E	آلودگی شدید برگ‌ها پایین و میانی گیاه و آلودگی برگ پرچم (حساس) Severe infection of lower and middle leaves, including flag leaf infection (susceptible)	8
D	E	آلودگی شدید تمام برگ‌های گیاه حتی سنبله (بسیار حساس) Severe infection of all plant leaves, including the spike (highly susceptible)	9

جدول ۲. مقیاس طبقه‌بندی شدت آلودگی به بیماری فوزاریوم سنبله بر اساس روش van و Rajaram

Ginkel (1994)

Table 2. Classification scale for severity of fusarium Head Blight infection based on Rajaram and van Ginkel (1994)

مقیاس	توصیف مقیاس	گروه‌های ایجاد شده در بررسی
scale	Description of scale	Groups formed in the evaluation of genotypes response to disease
0	تمامی سنبلچه‌های موجود در یک سنبله فاقد هرگونه علائم بیماری است (مصون) All spikelets within a spike show no disease symptoms (immune)	A
1	تا ۲۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (مقاوم) Up to 20% of spikelets per spike are infected (resistant)	B
2	تا ۴۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (نیمه مقاوم) Up to 40% of spikelets per spike are infected (moderately resistant)	C
3	تا ۶۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (نیمه حساس) Up to 60% of spikelets per spike are infected (moderately susceptible)	D
4	تا ۸۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (حساس) Up to 80% of spikelets per spike are infected (susceptible)	E
5	بیش از ۸۰ درصد سنبلچه‌های هر سنبله آلوده‌اند (خیلی حساس) Over 80% of spikelets per spike infected (highly susceptible)	F

همچنین در طرح مذکور صفات بیوماس (گرم)، وزن کاه (گرم)، طول سنبله (سانتی‌متر)، وزن سنبله (گرم)، طول ریشک (سانتی‌متر)، وزن صد دانه (گرم)، طول سنبلچه (سانتی‌متر)، تعداد دانه، ارتفاع (سانتی‌متر) و شاخص برداشت مورد ارزیابی قرار گرفتند.

ارزیابی‌های ژنتیکی: پس از استخراج DNA از ژنوتیپ‌های گندم، از نشانگرهای iPBS و SSR برای تکثیر و تعیین ژنوتیپ افراد استفاده نمودند (Sabouri et al. 2021). نحوه امتیازدهی نوارهای حاصل از تجزیه iPBS بر روی ژل، به صورت صفر و یک (جدول ۴) و برای SSR براساس اندازه باند (جدول ۵) انجام شد. بدین صورت که برای هر مکان iPBS، هر ژنوتیپی که واجد نوار مورد نظر بود امتیاز یک و برای ژنوتیپی که واجد نوار مورد نظر نبود امتیاز صفر اختصاص یافت. از داده‌های ژنوتیپی و فنوتیپی به‌دست آمده به‌عنوان ورودی الگوریتم‌های انتخاب ویژگی استفاده شد.

جدول ۳. شجره و شماره ژنوتیپ‌های گندم مورد بررسی

Table 3. Pedigree and genotype numbers of the studied wheat varieties

شماره Number	شجره Pedigree
1	KACHU/CHONTE
2	KIRITATI//HUW234+LR34/PRINIA/3/BAJ #1
3	ND643/2*WBL1/4/WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBL1
4	SUP152/QUAIU #2
5	SAAR//INQALAB 91*2/KUKUNA/3/KIRITATI/2*TRCH
6	MUNAL*2/WESTONIA
7	MUTUS*2/HARIL #1
8	WHEAR/SOKOLL/4/PRINIA/PASTOR//HUITES/3/MILAN/OTUS//ATTILA/3*BCN
9	Gonbad
10	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/FISCAL/4/DANPHE #1/5/CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92
11	MUTUS//KIRITATI/2*TRCH/3/WHEAR/KRONSTAD F2004
12	KACHU//KIRITATI/2*TRCH
13	MUTUS//ND643/2*WBL1
14	SUP152/QUAIU #2
15	SUP152/5/KIRITATI/4/2*SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ
16	WBL1*2/BRAMBLING//QUAIU
17	QUAIU//2*BRBT1*2/KIRITATI
18	QUAIU*2/KINDE
19	Morvarid
20	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI*2/5/CHONTE
21	WAXWING*2/TUKURU/3/2*WHEAR/VIVITSI/WHEAR
22	WBL1*2/4/YACO/PBW65/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ*2/5/KIRITATI/2*TRCH
23	VILLA JUAREZ F2009//KIRITATI/2*TRCH/3/WBL1*2/BRAMBLING
24	KISKADEE #1*2//KIRITATI/2*TRCH
25	KISKADEE #1*2//KIRITATI/2*TRCH
26	MUNAL/3/HUW234+LR34/PRINIA//PFAU/WEAVER/4/MUNAL #1
27	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBL1/4/WAXWING*2/KRONSTAD F2004
28	WBL1*2/KURUKU//TACUPETO F2001*2/BRAMBLING
29	QUAIU #1/BECARD
30	SW89.5277/BORL95//SKAUZ/3/PRL/2*PASTOR/4/HEILO/5/WHEAR/SOKOLL
31	SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/PBW343*2/TUKURU/5/C80.1/3*BATAVIA//2*WBL1/6/WHEAR/SOKOLL
32	WHEAR/SOKOLL/4/PRINIA/PASTOR//HUITES/3/MILAN/OTUS//ATTILA/3*BCN
33	MILAN/KAUZ//BABAX/3/BAV92/4/WHEAR/SOKOLL
34	TRCH*2//ND643/2*WBL1
35	CROSBILL #1/DANPHE/7/CNDO/R143//ENTE/MEXI_2/3/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/4/WEAVER/5/2*KAUZ/6/PRL/2*PASTOR
36	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/KIRITATI/2*TRCH/6/BAJ #1
37	FRET2*2/BRAMBLING//KIRITATI/2*TRCH/3/FRET2/TUKURU//FRET2
38	KACHU*2/CHONTE
39	KACHU*2/FRNCLN
40	KACHU*2/KISKADEE #1
41	DANPHE #1//ND643/2*WBL1/3/DANPHE
42	DANPHE #1//ND643/2*WBL1/3/DANPHE
43	KIRITATI//HUW234+LR34/PRINIA/3/CHONTE/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
44	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B/4/2*WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBL1
45	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B/4/2*WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBL1
46	MUTUS//KIRITATI/2*TRCH/3/WHEAR/KRONSTAD F2004
47	MUTUS//KIRITATI/2*TRCH/3/WHEAR/KRONSTAD F2004
48	ND643/2*WBL1//2*KACHU
49	ND643/2*WBL1//KIRITATI/2*TRCH/3/ND643/2*WBL1
50	ND643/2*WBL1//MUNAL/3/MUNAL #1
51	MUU/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI/6/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*S
52	ERI
53	MUU*2/PAURAQ
54	PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI/5/KIRITATI/2*TRCH/6/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
54	PAURAQ/ND643/2*WBL1/3/PAURAQ #1

ادامه جدول ۳
Continued table 3

شماره Number	شجره Pedigree
55	MUNAL*2/CHONTE
56	WAXWING*2/TUKURU//2*FRNCLN
57	WAXWING*2/TUKURU//KISKADEE #1/3/FRNCLN
58	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1*2/4/ND643/2*WBLL1
59	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1/4/PAURAQUE #1/5/WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1
60	TAM200/PASTOR//TOBA97/3/FRNCLN/4/WHEAR//2*PRL/2*PASTOR
61	JUP/ZP//COC/3/PVN/4/TNMU/5/TNMU/6/SITE/7/TNMU/8/NAVJ07
62	CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//BORL95/3/PRL/SARA//TSI/VEE#5/4/FRET2/5/KINGBIRD #1
63	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1/4/HUW234+LR34/PRINIA//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
64	CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//BORL95/3/2*MILAN/4/TIMBA/5/KINGBIRD #1
65	SNB//CMH79A.955/3*CNO79/3/ATTILA/4/CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/2*KAUZ/5/KINGBIRD #1
66	PANDORA/PRL
67	PRL/2*PASTOR//WAXWING*2/KRONSTAD F2004/4/PBW343*2/KUKUNA//KRONSTAD F2004/3/PBW343*2/KUKUNA
68	PRL/2*PASTOR//WAXWING*2/KRONSTAD F2004/4/PBW343*2/KUKUNA//KRONSTAD F2004/3/PBW343*2/KUKUNA
69	ATTILA*2/PBW65/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI/6/PFUNYE #1
70	SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/CIRCUS/5/2*PRL/2*PASTOR//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
71	SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/CIRCUS/5/2*PRL/2*PASTOR//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
72	CHWINK/GRACKLE #1//FRNCLN
73	WHEAR/KIRITATI/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1/4/2*KACHU
74	PASTOR/HEILO//HEILO/3/2*PICAFLOR #2
75	BAJ #1*2/3/PBW343*2/KUKUNA//PBW343*2/KUKUNA
76	KACHU*2/PANDORA
77	WBLL1*2/BRAMBLING//SAAR/2*WAXWING/4/PBW343*2/KUKUNA//KRONSTAD F2004/3/PBW343*2/KUKUNA
78	92.001E7.32.5/SLVS/5/NS-732/HER/3/PRL/SARA//TSI/VEE#5/4/FRET2/6/SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU
79	92.001E7.32.5/SLVS/5/NS-732/HER/3/PRL/SARA//TSI/VEE#5/4/FRET2/6/SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU
80	NS-732/HER/3/PRL/SARA//TSI/VEE#5/4/FRET2/5/WHEAR/SOKOLL
81	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/4/HUW234+LR34/PRINIA//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
82	SOKOLL//W15.92/WBLL1/3/BAVIS
83	GRACKLE #1/4/SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU
84	MUNAL #1/11/CROC_1/AE.SQUARROSA
85	(213)//PGO/10/ATTILA*2/9/KT/BAGE//FN/U/3/BZA/4/TRM/5/ALDAN/6/SERI/7/VEE#10/8/OPATA
86	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/4/GLADIUS
87	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/4/GLADIUS
88	HUW234+LR34/PRINIA*2//KIRITATI/3/KINGBIRD #1
89	WHEAR/SOKOLL/4/WBLL1/KUKUNA//TACUPETO F2001/3/UP2338*2/VIVITSI
90	NG8201/KAUZ/4/SHA7//PRL/VEE#6/3/FASAN/5/MILAN/KAUZ/6/ACHYUTA/7/PBW343*2/KUKUNA/8/ROLF07/YANAC//TACU
91	PETO F2001/BRAMBLING
92	BABAX/LR42//BABAX*2/3/PAVON 7S3, +LR47/4/MELON//FILIN/MILAN/3/FILIN
93	DANPHE/3/PBW343*2/KUKUNA//PBW343*2/KUKUNA
94	PBW343*2/KUKUNA//PBW343*2/KUKUNA/8/NG8201/KAUZ/4/SHA7//PRL/VEE#6/3/FASAN/5/MILAN/KAUZ/6/ACHYUTA/7/P
95	BW343*2/KUKUNA
96	PICAFLOR #1/NELOKI
97	PICAFLOR #1/8/NG8201/KAUZ/4/SHA7//PRL/VEE#6/3/FASAN/5/MILAN/KAUZ/6/ACHYUTA/7/PBW343*2/KUKUNA
98	FRNCLN*2/4/HUW234+LR34/PRINIA//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
99	FRNCLN*2/KINGBIRD #1
100	MUNAL #1*2/4/HUW234+LR34/PRINIA//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07
101	BECARD*2/DANPHE #1
102	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU*2/4/PASTOR//MILAN/KAUZ/3/BAV92
103	PASTOR//HXL7573/2*BAU/3/SOKOLL/WBLL1/4/HUW234+LR34/PRINIA//PBW343*2/KUKUNA/3/ROLF07/5/WHEAR/SOKOLL
104	MUNAL #1/3/TRCH/SRTU//KACHU
105	BAJ #1/7/WAXWING/6/PVN//CAR422/ANA/5/BOW/CROW//BUC/PVN/3/YR/4/TRAP#1
106	SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/PBW343*2/KHVAKI/5/PBW343*2/KUKUNA/6/TRCH/SRTU//KACHU
107	INQALAB 91*2/KUKUNA//PFAU/WEAVER/3/INQALAB 91*2/KUKUNA/4/TRCH/SRTU//KACHU
108	ROLF07/YANAC//TACUPETO F2001/BRAMBLING*2/5/KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/SAUAL
	NELOKI*2/6/TRAP#1/BOW/3/VEE/PJN//2*TUI/4/BAV92/RAYON/5/KACHU #1
	WBLL1*2/BRAMBLING//ND643/2*WBLL1
	MERCATO/4/FRAME//MILAN/KAUZ/3/PASTOR/5/WHEAR/SOKOLL

ادامه جدول ۳
Continued table 3

شماره Number	شجره Pedigree
109	BABAX/LR42//BABAX/3/ER2000/4/KA/NAC//TRCH/5/SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU
110	ATTILA*2/PBW65//BERKUT/3/WHEAR/SOKOLL
111	MEX94.2.19//SOKOLL/WBLL1/3/WHEAR/SOKOLL
112	ND643/2*WBLL1//WHEAR/SOKOLL
113	MUTUS//ND643/2*WBLL1
114	MUTUS//ND643/2*WBLL1
115	ND643/2*WBLL1//KACHU
116	ND643/2*WBLL1//KACHU
117	TUKURU//BAV92/RAYON/3/ND643/2*WBLL1
118	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1*2/4/NIINI #1
119	VILLA JUAREZ F2009/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
120	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
121	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/WHEAR/SOKOLL
122	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/WHEAR/SOKOLL
123	BECARD//ND643/2*WBLL1
124	SUP152*2//ND643/2*WBLL1
125	KA/NAC//TRCH*2/3/VORB
126	PFAU/MILAN/3/BABAX/LR42//BABAX/4/WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1
127	Tiger
128	KIRITATI/2*WBLL1//ND643/2*WBLL1
129	MUTUS//ND643/2*WBLL1
130	MUTUS//ND643/2*WBLL1
131	ND643/2*WBLL1//KACHU
132	ND643/2*WBLL1//KACHU
133	TUKURU//BAV92/RAYON/3/ND643/2*WBLL1
134	ND643/2*WBLL1//HEILO
135	BLOUK #1//WBLL1*2/BRAMBLING/3/WBLL1*2/BRAMBLING
136	TACUPETO F2001*2/BRAMBLING/3/KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B/4/ND643/2*WBLL1
137	TACUPETO F2001*2/BRAMBLING/3/KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B/4/ND643/2*WBLL1
138	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/FISCAL*2/4/NIINI #1
139	TACUPETO F2001*2/BRAMBLING*2//BAVIS #1
140	SUP152*2/TINKIO #1
141	WBLL1*2/BRAMBLING//TAM200/TUI/3/VILLA JUAREZ F2009
142	VILLA JUAREZ F2009/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
143	WBLL1*2/BRAMBLING/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
144	WBLL1*2/BRAMBLING/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
145	WBLL1*2/BRAMBLING/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
146	WBLL1*2/BRAMBLING/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
147	ND643/2*WBLL1//BECARD
148	WAXWING/KRONSTAD F2004//FRNCLN
149	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
150	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
151	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/WAXWING*2/KRONSTAD F2004
152	Natasha
153	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/TACUPETO F2001*2/BRAMBLING
154	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/TACUPETO F2001*2/BRAMBLING
155	BLOUK #1/BECARD
156	PFAU/WEAVER*2//TRANSFER#12,P88.272.2/5/BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
157	PFAU/WEAVER*2//TRANSFER#12,P88.272.2/3/WHEAR//2*PRL/2*PASTOR
158	BABAX/LR42//BABAX*2/3/PAVON 7S3, +LR47/4/WBLL1*2/BRAMBLING
159	BECARD//ND643/2*WBLL1
160	WHEAR/SOKOLL//ND643/2*WBLL1
161	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/KIRITATI/2*TRCH/6/BAJ #1
162	TACUPETO F2001*2/BRAMBLING//ND643/2*WBLL1/3/TACUPETO F2001*2/BRAMBLING

ادامه جدول ۳
Continued table 3

شماره Number	شجره Pedigree
163	KACHU*2/3/ND643//2*PRL/2*PASTOR
164	KACHU*2/3/ND643//2*PRL/2*PASTOR
165	KACHU*2/3/ND643//2*PRL/2*PASTOR
166	KACHU*2/3/ND643//2*PRL/2*PASTOR
167	ND643/2*WBLL1//2*KACHU
168	ND643/2*WBLL1/4/CHIBIA//PRLII/CM65531/3/KAUZ/BAV92/5/BECARD
169	ND643/2*WBLL1/3/KIRITATI//2*PRL/2*PASTOR/4/BECARD
170	ND643/2*WBLL1/3/KIRITATI//2*PRL/2*PASTOR/4/BECARD
171	SUP152*2//ND643/2*WBLL1
172	SERI.1B//KAUZ/HEVO/3/AMAD/4/ATTILA//PSN/BOW/3/ATTILA/5/KAUZ'S/SHUHA-15
173	Milan/Sh7//Shanghai#8
174	Milan/Sh7//Shanghai#8
175	Milan/Sh7//Shanghai#8
176	Milan/Sh7//Shanghai#8
177	Milan/Sh7//Shanghai#8
178	Chine-9/3/BACANORA/CHRIS//VEE/NAC
179	Chine-9/3/BACANORA/CHRIS//VEE/NAC
180	Chine-9/3/BACANORA/CHRIS//VEE/NAC
181	MILAN/SHA7//ATRAK/KARAWAN 1
182	MILAN/SHA7//ATRAK/KARAWAN 1
183	MILAN/SHA7//ATRAK/KARAWAN 1
184	MILAN/SHA7//ATRAK/KARAWAN 1
185	MILAN/SHA7//Gascogne/Gds
186	WEAVER/WL3926//SW89.3064/3/ATRAK/WANG-SHUI-BAI
187	BACANORA T 88/E2-95-U/3/ATTILA50Y//ATTILA/BCN
188	BACANORA T 88/E2-95-U/3/ATTILA50Y//ATTILA/BCN
189	BACANORA T 88/E2-95-U/3/ATTILA50Y//ATTILA/BCN
190	SHA4/CHIL /5/JANZ/ATTILA/4/SAN/ALD"S"//AVD/3//6/Luan/4/ V763.23/3/V879.C8//Pvn/4//;Picus/5/Opata
191	MILAN/SHA7/5/JANZ/ATTILA/4/SAN/ALD"S"//AVD/3//6/Nai 60/Hn7//Sy
192	MILAN/SHA7/5/JANZ/ATTILA/4/SAN/ALD"S"//AVD/3//6/Sha4/Chil CM91099-25Y-OM-3N-1Y-OYZ-010M-OY-3M-010
193	MILAN/SHA7/5/JANZ/ATTILA/4/SAN/ALD"S"//AVD/3//6/Sha4/Chil CM91099-25Y-OM-3N-1Y-OYZ-010M-OY-3M-010
194	MILAN/SHA7/5/JANZ/ATTILA/4/SAN/ALD"S"//AVD/3//6/Sha4/Chil CM91099-25Y-OM-3N-1Y-OYZ-010M-OY-3M-010
195	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
196	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
197	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
198	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
199	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
200	SW89.3064/STAR/3/NG8319//SHA4/LIRA/4/Milan/Sh7
201	PRL/BAGULA"S"//6/LAS58/4/KAL/BB//CJ"S"//3/ALD"S"//5/.../7/NG8319//SHA4/LIRA/8/Milan/Sh7
202	ATTILA 50Y//ATTILA/BCN/3/E2-92-U/4/Milan/Sh7
203	F60314.78/MRL//CNO79/3/KAUZ/NAC/4/STAR/5/E1-20T/6/Milan/Sh7
204	F60314.78/MRL//CNO79/3/KAUZ/NAC/4/STAR/5/E2-37-U/6/Milan/Sh7
205	ATTILA50Y//ATTILA/BCN/3/MILAN/SHA7/7/HD2206/Hork//Bul/6/CMH80A.253/2/M2A/CML/Ald/3/Ald*4/5/BH1146/H56.71/BH1146/3/1
206	ATTILA50Y//ATTILA/BCN/3/MILAN/SHA7/7/HD2206/Hork//Bul/6/CMH80A.253/2/M2A/CML/Ald/3/Ald*4/5/BH1146/H56.71/BH1146/3/2
207	ATTILA 50Y//ATTILA/BCN/3/IENAB/BABAX//PASTOR/4/Milan/Sh7
208	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
209	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
210	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
211	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
212	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
213	Fiocco/3/ Attila-4y//Arvand1/Glenon81/4/Milan/Sh7
214	SITE/MO//PASTOR/3/TILHI/4/WAXWING/KIRITATI
215	REEDLING #1
216	ALTAR 84/AE.SQUARROSA (221)/3*BORL95/3/URES/JUN//KAUZ/4/WBLL1/5/MUTUS

ادامه جدول ۳

Continued table 3

شماره Number	شجره Pedigree
217	NAC/TH.AC//3*PVN/3/MIRLO/BUC/4/2*PASTOR/5/KACHU/6/KACHU
218	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92/4/MUNAL #1
219	KACHU//WBLL1*2/BRAMBLING
220	BAJ #1*2/WHEAR
221	PBW343*2/KUKUNA/3/PASTOR//CHIL/PRL/4/GRACK
222	KACHU/BECARD//WBLL1*2/BRAMBLING
223	SUP152*2/TECUE #1
224	WHEAR/KUKUNA/3/C80.1/3*BATAVIA//2*WBLL1/5/PRL/2*PASTOR/4/CHOIX/ STAR/3/HE1/3*CNO79//2*SERI
225	QUAIU*2/KINDE
226	FRNCLN/NIINI #1//FRANCOLIN #1
227	FRNCLN*2/TECUE #1
228	MUTUS*2/TECUE #1
229	FRANCOLIN #1/AKURI #1//FRNCLN
230	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92/4/MUNAL #1
231	KACHU #1//WBLL1*2/KUKUNA
232	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92*2/4/QUAIU
233	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SW89.5181/KAUZ/4/KIRITATI//ATTILA*2/PASTOR/5/ PFAU/WEAVER*2//TRANSFER#12,P88.272.2
234	KACHU/PVN//KACHU
235	PCAFRL/KINGBIRD #1//KIRITATI/2*TRCH
236	PCAFRL/KINGBIRD #1//KIRITATI/2*TRCH
237	SUP152*2/TECUE #1
238	SUP152*2/TECUE #1
239	SITE/MO//PASTOR/3/TILHI/4/MUNAL #1/5/MUNAL
240	SAAR//INQALAB 91*2/KUKUNA/3/KIRITATI/2*TRCH
241	WHEAR/VIVITSI//WHEAR/3/WHEAR/SOKOLL
242	MILAN/KAUZ//BABAX/3/BAV92/4/WHEAR//2*PRL/2*PASTOR
243	PAURAQ//ND643/2*WBLL1/3/PAURAUQUE #1
244	WHEAR/VIVITSI//WHEAR*2/3/KACHU
245	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/4/PARUS/PASTOR
246	SOKOLL/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/4/SOKOLL/WBLL1
247	ND643/2*WBLL1//HEILO
248	SUP152*2/TINKIO #1
249	KACHU*2/3/ND643//2*PRL/2*PASTOR
250	ND643/2*WBLL1/4/CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92/5/BECARD
251	BECARD/3/PASTOR//MUNIA/ALTAR 84
252	PFAU/MILAN//FISCAL/3/VORB/4/MUTUS
253	KIRITATI//ATTILA*2/PASTOR/3/PVN/4/KIRITATI//2*ATTILA*2/PASTOR
254	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92*2/4/GONDO/CBRD
255	CHIR3/4/SIREN//ALTAR 84/AE.SQUARROSA (205)/3/3*BUC/5/PFAU/WEAVER/6/VORB
256	PREMIO/BERKUT
257	MILAN/SHA7/3/THB"S"/TON"S"/VEE"S"/6/LUAN/4/V763.23/3/V879.C8//PVN/PICUS/5/OPATA
258	Gaspard//Milan/Sha7 /3/ Milan/Sha7
259	Gaspard//Milan/Sha7 /3/ Milan/Sha7
260	SW89.3064/STAR//INIA/3/MILAN/SHA7
261	MV17/6/ATRAK/5/4777/FKN/GB/3/VEE"S"/4/BUC"S".../7/MILAN/SHA7
262	UP2338*2/KKTS*2//YANAC
263	UP2338*2/KKTS*2//YANAC
264	ATTILA*2/PBW65*2/4/BOW/NKT//CBRD/3/CBRD
265	KAUZ//ALTAR84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES/7/CAL/NH//H567.71/3/SERI/4/CAL/NH//H567.71/5/2*KAUZ/6/PASTOR
266	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ/5/PARUS/6/FRET2*2/KUKUNA
267	ATTILA*2/PBW65/6/PVN//CAR422/ANA/5/BOW/CROW//BUC/PVN/3/YR/4/TRAP#1/7/ATTILA/2*PASTOR
268	CHAPIO/3/BORL95/2*EXCALIBUR//EXCALIBUR
269	ATTILA*2/PBW65//TNMU
270	ATTILA*2/PBW65//TNMU

ادامه جدول ۳

Continued table 3

شماره	شجره
Number	Pedigree
271	ATTILA*2/PBW65//TNMU
272	MUNAL #1
273	WBL1/KUKUNA//TACUPETO F2001/3/UP2338*2/VIVITSI
274	KACHU/SAUAL
275	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
276	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
277	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
278	FRET2/KUKUNA//FRET2/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
279	FRET2/KUKUNA//FRET2/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
280	WBL1*2/KURUKU//HEILO
271	ATTILA*2/PBW65//TNMU
272	MUNAL #1
273	WBL1/KUKUNA//TACUPETO F2001/3/UP2338*2/VIVITSI
274	KACHU/SAUAL
275	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
276	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
277	SAUAL/3/MILAN/S87230//BAV92
278	FRET2/KUKUNA//FRET2/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
279	FRET2/KUKUNA//FRET2/3/PASTOR//HXL7573/2*BAU/5/FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ
280	WBL1*2/KURUKU//HEILO
281	QUAIU #3//MILAN/AMSEL
282	KACHU//WBL1*2/BRAMBLING
283	MILAN/S87230//BAV92*2/3/AKURI
284	ATTILA*3*BCN//BAV92/3/PASTOR/4/TACUPETO F2001*2/BRAMBLING/5/PAURAQ
285	PFAU/SERI.1B//AMAD/3/WAXWING*2/4/TECUE #1
286	QUAIU #3//MILAN/AMSEL
287	MEX94.27.1.20/3/SOKOLL//ATTILA/3*BCN
288	MURGA/KRONSTAD F2004
289	WBL1*2/TUKURU*2/4/CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//BORL95/3/2*MILAN
290	ROLF07*2/KACHU #1
291	WBL1*2/CHAPIO*2//MURGA
292	KACHU #1/4/CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ/3/SASIA/5/KACHU
293	D67.2/PARANA 66.270//AE.SQUARROSA (320)/3/CUNNINGHAM/4/VORB
294	D67.2/PARANA 66.270//AE.SQUARROSA (320)/3/CUNNINGHAM/4/VORB
295	BABAX/LR39//BABAX/3/VORB/4/SUNCO/2*PASTOR
296	NORM/WBL1//WBL1/3/TNMU/4/WBL1*2/TUKURU
297	ATTILA*2/PBW65*2/5/REH/HARE//2*BCN/3/CROC_1/AE.SQUARROSA (213)//PGO/4/HUITES

جدول ۴. مارکرهای iPBS جهت بررسی مولکولی ژنوتیپ‌های گندم

Table 4. iPBS markers for molecular analysis of wheat genotypes

نام مارکر Name	توالی Sequence	T _A	نام مارکر Name	توالی Sequence	T _A
iPBS 2074	GCTCTGATACCA	50	iPBS 2218	CTCCAGCTCCGATTACCA	51
iPBS 2075	CTCATGATGCCA	50	iPBS 2219	GAACCTATGCCGATACCA	53
iPBS 2076	GCTCCGATGCCA	60	iPBS 2220	ACCTGGCTCATGATGCCA	57
iPBS 2077	CTCACGATGCCA	55	iPBS 2221	ACCTAGCTCACGATGCCA	57
iPBS 2078	GCGGAGTCGCCA	63	iPBS 2222	ACTTGGATGCCGATACCA	53
iPBS 2079	AGGTGGGCGCCA	65	iPBS 2224	ATCCTGGCAATGGAACCA	55
iPBS 2080	CAGACGGCGCCA	63	iPBS 2225	AGCATAGCTTTGATACCA	55
iPBS 2081	GCAACGGCGCCA	65	iPBS 2226	CGGTGACCTTTGATACCA	53
iPBS 2083	CTTCTAGCGCCA	55	iPBS 2228	CATTGGCTCTTGATACCA	53
iPBS 2085	ATGCCGATACCA	53	iPBS 2229	CGACCTGTTCTGATACCA	52
iPBS 2087	GCAATGGAACCA	52	iPBS 2230	TCTAGGCGTCTGATACCA	53
iPBS 2095	GCTCGGATACCA	53	iPBS 2231	ACTTGGATGCTGATACCA	52
iPBS 2374	CCCAGCAAACCA	53	iPBS 2232	AGAGAGGCTCGGATACCA	55
iPBS 2375	TCGCATCAACCA	50	iPBS 2237	CCCCTACCTGGCGTGCCA	55
iPBS 2376	TAGATGGCACCA	52	iPBS 2238	ACCTAGCTCATGATGCCA	55
iPBS 2377	ACGAAGGGACCA	53	iPBS 2239	ACCTAGGCTCGGATGCCA	55
iPBS 2378	GGTCCTCATCCA	53	iPBS 2240	AACCTGGCTCAGATGCCA	55
iPBS 2379	TCCAGAGATCCA	50	iPBS 2241	ACCTAGCTCATCATGCCA	55
iPBS 2380	CAACCTGATCCA	52	iPBS 2242	GCCCCATGGTGGGCGCCA	57
iPBS 2381	GTCCATCTTCCA	50	iPBS 2243	AGTCAGGCTCTGTTACCA	55
iPBS 2382	TGTTGGCTTCCA	52	iPBS 2244	GGAAGGCTCTGATTACCA	50
iPBS 2383	GCATGGCCTCCA	53	iPBS 2245	GAGGTGGCTCTTATACCA	50
iPBS 2384	GTAATGGGTCCA	50	iPBS 2246	ACTAGGCTCTGTATACCA	50
iPBS 2385	CCATTGGGTCCA	50	iPBS 2249	AACCGACCTCTGATACCA	51
iPBS 2386	CTGATCAACCCA	52	iPBS 2251	GAACAGGCGATGATACCA	53
iPBS 2387	GCGCAATACCCA	52	iPBS 2252	TCATGGCTCATGATACCA	52
iPBS 2388	TTGGAAGACCCA	50	iPBS 2253	TCGAGGCTCTAGATACCA	51
iPBS 2389	ACATCCTTCCCA	52	iPBS 2255	GCGTGTGCTCTCATACCA	52
iPBS 2390	GCAACAACCCCA	55	iPBS 2256	GACCTAGCTCTAATACCA	51
iPBS 2391	ATCTGTGAGCCA	52	iPBS 2257	CTCTCAATGAAAGCACCA	52
iPBS 2392	TAGATGGTGCCA	50	iPBS 2295	AGAACGGCTCTGATACCA	60
iPBS 2393	TACGGTACGCCA	50	iPBS 2298	AGAAGAGCTCTGATACCA	60
iPBS 2394	GAGCCTAGGCCA	55	iPBS 2373	GAACCTTGCTCCGATGCCA	51
iPBS 2270	ACCTGGCGTGCCA	65	iPBS 2395	TCCCCAGCGGAGTCGCCA	53
iPBS 2271	GGCTCGGATGCCA	60	iPBS 2398	GAACCCTTGCCGATACCA	51
iPBS 2272	GGCTCAGATGCCA	55	iPBS 2399	AAACTGGCAACGGCGCCA	52
iPBS 2273	GCTCATCATGCCA	55	iPBS 2400	CCCCTCCTTCTAGCGCCA	51
iPBS 2274	ATGGTGGGCGCCA	65	iPBS 2401	AGTTAAGCTTTGATACCA	53
iPBS 2276	ACCTCTGATACCA	50	iPBS 2402	TCTAAGCTCTTGATACCA	52
iPBS 2277	GGCGATGATACCA	50	iPBS 2415	CATCGTAGGTGGGCGCCA	60
iPBS 2278	GCTCATGATACCA	50	iPBS 2218	CTCCAGCTCCGATTACCA	51
iPBS 2279	AATGAAAGCACCA	50	iPBS 2217	ACTTGGATGTCGATACCA	52

جدول ۵. مارکرهای SSR جهت بررسی مولکولی ژنوتیپ‌های گندم

Table 5. SSR markers for molecular analysis of wheat genotypes

نام مارکر Name	ch	T _A	توالی پیشرو Forward sequence	توالی معکوس Reverse sequence
BARC17	1	50	GCGCAACATATTTCAGTCAACA	TCCACATCTCGTCCCTCATAGTTTG
BARC120	1	52	CCCCCTCTCTTCTCAT	ATATAGCTCCCCCATTTTCT
BARC137	1	52	GGCCCATTTCCCACTTTCCA	CCAGCCCCTCTACACATTTT
BARC148	1	52	GCGCAACCACAATGTATGCT	GGGGTGTTCCTATTTCTT
BARC149	1	50	ATCACTTGCCCTTTTAAACTCT	GAGCCGTAGGAAGGACATCTAGTG
BARC152	1	50	CTTCCTAAAAATCGGGCAACCGCTTGTTG	GCGTAATGATGGGAGTGGCTATAGGGCA GTT
BARC181	1	58	CGCTGGAGGGGGTAAGTCATCAC	CGCAAATCAAGAACACGGGAGAAAAGAA
BARC194	1	50	CGCAATCATGTTCTTAAGAATATTTGTCCA	CGCATGTCCCGCTAACCAATAGTCT
BARC213	1	52	GCGTAGATTCTCGGTTTGTGGCTTGC	CCGTCCCTCCTTCTGCTT
BARC229.1	1	58	GGCCGCTGGGATTGCTATGAT	TCGGGATAAGGCAGACCACAT
BARC1042	1	55	GCGCTGCTCCACAATTAATAACCAACTC	GCGCATACCAGATTAGTGACCGAACG
BARC1159	1	55	CGTAGTGCCCAACCCGTTATG	GCGTAAAAGTTGACCGTTGACCAGT
BARC124.2	2	52	TGCACCCCTTCCAAATCT	TGCGAGTCGTGTGGTTGT
BARC145	2	52	GCAGCCTCGAATCACA	GGGGTGTGAAGATGA
BARC201	2	52	GCGTTACTAGCCCAGGATTTACATT	GCGTCGATGTGAGTAGCGGGAAC
BARC208	2	52	GCGTGCTCATATTTCCAACATCAA	GCGTGGTATAACAAAACCTACACAACCTG
BARC220	2	55	CCTCTGCCATAAACATCACCTCTC	GGCCTCAACATCATGTGAAAGA
BARC279	2	57	GCGTTTTTACCTAAAGAAAAGGTGATTG	CGCAACACACATTCCATTCCATTTCAC
BARC292	2	52	GCGTGTGAGTCAATCCGTGCTTTAT	GCGTTGGTTTTAAGAGGTGCTGAA
BARC297	2	50	GCGTAGGAGAGATGCCCCAAAGGTT	GCGTGCGGACTCGTGAATCATTACA
BARC318	2	50	CGACTAACAATTTTTTCATT	TGATTTTCGCTAACAAGGAG
BARC349	2	52	CGAATAGCCGCTGCACAAG	TATGCATGCCTTCTTTACAAT
BARC1027	2	55	GCGCCGTAATAAATTGGTCCCATCTCAG	GTGGTTCTCTTCTCCGTGGACTT
BARC1064	2	50	GCGTATTATTCTCAAGATCAGAGGCACTA	GCGTTCTGGGGATTTCCTCTACCAATTAT
BARC75	3	52	AGGGTTACAGTTTGCTCTTTTAC	CCCGACGACCTATCTATACTTCTCTA
BARC87	3	55	GCTCACC GGCGATTGGGATCA	GCGATGACGAGATAAAGGTGGAGAAC
BARC132	3	50	GCGGGGGAAAAACAAGTTGAGACTTT	GCGGTAGTTTGTGGTGAAAAAATG
BARC284	3	50	GCGTCAGAAATGCAAGAAAAATAGG	GCGGAAGAAAAGGACGAAGACAAG
BARC294	3	50	ACGTCATCGAGCCCTTCTAT	AGAGACACGGTTGCTACAAAGA
BARC310	3	57	GGGCGGCGCATGTGCACCTA	GCGTGGAAGCGACTAAATCAACT
BARC321.2	3	52	TGCACTTCCACACACATC	TTGCCACGTAGGTGATTTATGA
BARC323	3	52	GCGAATCTGATGTGGCATGTTAGTT	GGCATATTTCTTCACAGTTTT
BARC344	3	52	GCGCGTCGACATGTATTCTTGAT	GCGTTTCTCTGGTATCTGGTGTAT
BARC1044	3	55	GCGTATGTATGCTATTTTCTATCT	CCCAATTTTGCTAAGTTCACT
BARC1162	3	52	ACTCCACGGCGCCATACGAT	GTAAAAACGGTGTGTGCATCCCTAGT
BARC1177	3	52	GGAGCTTACCAAGGACTTTGACA	CCCACTCTATTCTCTCGCATCTCTT
BARC52	4	60	GCGCCATCCATCAACCGTCATCGTCATA	GCGAGGAAGGCGGCCACCAGAATGA
BARC60	4	58	CATGCTCACAAAACCCACAAGACT	CTCGAAAGGCGGCACCACTA
BARC206	4	52	GCTTTGCCAGGTGAGCACTCT	TGGCCGGGTATTGAGTTGGAGTTT
BARC217	4	52	GCGTTGTGTTGAAGGCTGAGCATCCA	GCGGAGTAGCCTAACGGCGGTGGAGGA AAC

ادامه جدول ۵

Continued table 5

نام مارکر Name	c h	T A	توالی پیشرو Forward sequence	توالی معکوس Reverse sequence
BARC288	4	52	GGGTTTGTCTTGGTTGACA	CGGGACGATTTTATTTAGGAGT
BARC1001	4	55	GGCGGCTGTAGCGGAGGT	TTTCGCTGGATGAGGATG
BARC1047	4	55	GCGCAGACCGTACCCAACCAGATAG	CATGCCTTGCCCTTGGTTTCA
BARC1052	4	58	CGAAGAGTGCAGCATGAAGATGA	CAGGGTGGCTCGCTTGCCTGAACCTC
BARC1069	4	52	TCCTGTTGTACGCCACTTTTTTCA	CCGCAACAGCTCGCCGTCCTCATC
BARC1096	4	52	GCGTTCGCATATACGTCGTATACAT	GGTGGTGAAGAGGCATGCCAACA AAA
BARC1148	4	50	TACCGGAGAGAAGAAGAGGGAAGA	CCAGCCCAGAGAACGTGTTTA
BARC44	5	50	CCCTACAAAATACGAACATGAAGTCAG	GGGTCCTACTCAGATAGTGACAGTCAAC
BARC56	5	55	GCGGGAATTTACGGGAAGTCAAGAA	GCGAGTGGTTCAAATTTATGTCGT
BARC88	5	55	AGGCCTAGAGACTCAAAGCTG	GCGCTCTTCATCAACACATTCTCATCG
BARC130	5	52	CGGCTAGTAGTTGGAGTGTGG	ACCGCCTCTAGTTATTGCTCTC
BARC180	5	52	GCGATGCTTGTGTTTACTTCTC	GCGATGGAACCTCTTTTGTCTCTA
BARC205	5	52	GCGACAGTTGTAGCGGCAGTAGC	GAGCGTAGTAGAAGCAGAAGGAG
BARC232	5	65	CGCATCCAACCATCCCCACCCAACA	CGCAGTAGATCCACCACCCCGCCAGA
BARC286	5	50	GCGAAGAAAACATTAGACCAAAA	GCGATATGTTTCCCGACAACCTA
BARC303	5	50	GCGAGCTATGATCTGATGAGGAG	GCGTGTCTACTAATCCAACCTTG
BARC316	5	50	GCGTCCCACCTGTCATTAACGTGC	GCGGGCCCACTCCTGTTAGATTA
BARC319	5	50	GCAGAGCTACGGCAATGT	GCGTAAGTCCCGGAAGTAACAGAA
BARC340. 1	5	57	GCAACCAAGGCAGCGTAAATG	GCGTGTAGCCGTCCATAAGCATCAT
BARC1120	5	50	GCGTTTGCGTTACTTGTCTTCAGCGATG T	GCGTTCAAGTCTAATAATCATTTTACAAA
BARC14	6	52	GCGTTGTGGAACCTCAGTTTTGTGATT TA	GCGGAAAGGAACGAAGTACATTTTGTAG A
BARC21	6	55	GCGTCTCCGGTTTTGTTTACTTTTC	GCGTTAGGGCTATGGCGGTGTG
BARC23.2	6	56	GCGTGAAATAGTGCAAGCCAGAGAT	GCGCTAACACCTCGGCAAGACAA
BARC48.2	6	60	GCGAGCTGCAGAGGTCCATC	GCGTTAGTCTTCTTGGTCAATCAC
BARC104	6	50	GCGCTTCCAAGGCTTAGAGGCT	GCGAGCATCAATAATTGAGAAATACATA GA
BARC123	6	52	GGCCGAATTGAAAAAGCC	CCTGCCGTGTGCCGACTA
BARC195	6	50	CCCACATGTCATTGGCTGTTTAA	GCCCGGCCAGAACGATTTAAATG
BARC273	6	52	AATTCAGAGAAAACACACCTCCCTTTTA	ACTCCATCAACCCCGTTTCAATTA
BARC354	6	60	CGTTGTTTGCCTAGAAGGAGGTT	GCGAATGCGGGCGATAAAGTGG
BARC1055	6	55	GCCAGACGCACAGGGACAAGATACACT A	GCCGTACCCTGTTTATTGTTG
BARC29	7	65	GCACGCAGGAGCACCACCACGAC	GCGAGAGTAAGCAGCACCAGGCACGAC
BARC63	7	52	GCGTTATAATTCCGTCCCATCAGAT	GCCCGCAAAAAGTAACATTAAT
BARC72	7	60	CGTCCTCCCCCTCTCAATCTACTCTC	CGTCCCTCCATCGTCTCATCA
BARC111	7	50	GCGGTCACCAGTAGTTCAACA	GCGTATCCCATGCTCTTCTTCACTAAC
BARC121. 2	7	50	ACTGATCAGCAATGTCAACTGAA	CCGGTGTCTTTCCTAACGCTATG
BARC182	7	58	CCATGGCCAACAGCTCAAGGTCTC	CGCAAAACCGCATCAGGGAAGCACCAAT
BARC222	7	55	AAATCCGGCATCTGCTGTATCCATA	GTCCGGCCGCTGAATACTGTT
BARC275	7	50	GCGTTTGGTCAGAATAGGGAAGAT	GCGTATGTTCTGTAGTGTGTTATGC
BARC278	7	52	GCATGCACTACGCTCAGAATAAAC	TAAAAGGCCCGTCAACATACAAGTA
BARC352	7	60	CCCTTTCTCGCTCGCTATCCC	CTGTTTCGCCCAATCTCGGTGTG
BARC1033	7	52	GTCGGAGATCCAACGCCCATGT	CCCTGTAAAATCTTCAACCCGCAAAA
BARC1167	7	60	GCCTCGGTTTGGACATATAAAG	GAGCAACGGGAGTCTCACATAT

در این پژوهش با استفاده از کتابخانه نرم‌افزار Weka و به زبان جاوا دستوری نوشته شد که داده‌ها را از فایل ورودی دریافت کرده و عملیات پردازشی (شامل انتخاب ویژگی و دسته‌بندی) را روی داده‌ها اعمال کند. سپس گزارشی (شامل ویژگی‌های انتخاب‌شده و دقت و خطای دسته‌بندی با استفاده از آن ویژگی‌ها) را به صورت یک فایل اکسل برگرداند. داده‌ها با استفاده از تعدادی الگوریتم‌های انتخاب ویژگی واکاوی شده و هر الگوریتم تعدادی آлл تکثیر شده و تعدادی صفت مورفولوژیک را از بین کلیه آلل‌های تکثیر شده و صفات مورفولوژیک اولیه انتخاب نمود. روش جستجوی Ranker به هر ویژگی یک امتیاز اختصاص می‌دهد که هرچه رتبه یک ویژگی بیشتر باشد بدین معنی است که آن ویژگی از اهمیت بیشتری برخوردار می‌باشد. بنابراین جهت انتخاب ویژگی‌های برتر، یک حد آستانه (Threshold) برای رتبه تعیین شده است. به این صورت که اگر امتیاز یک ویژگی از حد آستانه بیشتر شد، آن ویژگی انتخاب می‌شود. حد آستانه نیز بدین شکل به دست آمده است که ویژگی‌های انتخاب‌شده توسط آن حد آستانه بیشترین دقت را در دسته‌بندی داشته باشند.

الگوریتم‌های یادگیری ماشین شامل دو مرحله آموزش و آزمون هستند. در مرحله آموزش، مدلی ایجاد می‌شود که برای پیش‌بینی وضعیت نمونه‌های جدید استفاده می‌شود. در مرحله آزمون، عملکرد این مدل با استفاده از مجموعه‌ای از داده‌های تست ارزیابی می‌شود. هدف از این ارزیابی، تخمین کارایی الگوریتم از جنبه‌های مختلف است (Dormohammadi et al. 2014). در روش دسته‌بندی، داده‌های آموزشی از پیش برچسب‌گذاری شده‌اند و هدف یافتن تابع یا قوانینی برای طبقه‌بندی داده‌های جدید بر اساس ویژگی‌های داده‌های آموزشی است. در این روش، یکی از ویژگی‌ها به عنوان برچسب دسته یا متغیر هدف در نظر گرفته می‌شود و سایر ویژگی‌ها به عنوان متغیرهای پیش‌بینی کننده استفاده می‌شوند (Han & Kamber 2006). برای ارزیابی عملکرد الگوریتم‌های طبقه‌بندی از ماتریس درهم‌ریختگی (Confusion Matrix) استفاده می‌شود. این ماتریس یک ابزار مهم برای بررسی عملکرد الگوریتم است و اگر تعداد دسته‌ها m باشد، ماتریس درهم‌ریختگی یک ماتریس $m \times m$ خواهد بود. در این ماتریس، عنصر C_{ij} تعداد نمونه‌هایی از دسته i است که توسط الگوریتم به دسته j اختصاص داده شده‌اند. عناصر قطر اصلی ماتریس نشان‌دهنده نمونه‌هایی هستند که به درستی طبقه‌بندی شده‌اند، در حالی که عناصر خارج از قطر اصلی نشان‌دهنده نمونه‌های اشتباه طبقه‌بندی شده هستند (Deng et al. 2012).

برای ارزیابی دقیق‌تر، شاخص‌هایی مانند دقت (Precision)، صحت (Accuracy)، حساسیت (Sensitivity) و تشخیص (Specificity) محاسبه می‌شوند. دقت به معنای نسبت نمونه‌های مثبت صحیح به کل نمونه‌های مثبت پیش‌بینی شده است و با رابطه $Precision = TP / (TP + FP)$ محاسبه می‌شود. صحت به معنای نسبت نمونه‌های صحیح به کل نمونه‌ها است و با رابطه $Accuracy = (TP + TN) / (TP + TN + FP + FN)$ محاسبه می‌شود. حساسیت به معنای نسبت نمونه‌های مثبت صحیح به کل نمونه‌های مثبت واقعی است و با رابطه $Sensitivity = TP / (TP + FN)$ محاسبه می‌شود. تشخیص به معنای نسبت نمونه‌های منفی صحیح به کل نمونه‌های منفی واقعی است و با رابطه $Specificity = TN / (TN + FP)$ محاسبه می‌شود (Mazaheri et al. 2017; Hackeling 2017).

در میان این شاخص‌ها، دقت (Precision) به‌عنوان مهم‌ترین معیار برای ارزیابی کارایی الگوریتم‌های طبقه‌بندی در نظر گرفته می‌شود، زیرا توانایی الگوریتم در تشخیص صحیح نمونه‌ها را نشان می‌دهد (Deng et al. 2012). این شاخص‌ها به‌طور کلی برای ارزیابی عملکرد الگوریتم‌ها در دسته‌بندی داده‌ها و پیش‌بینی متغیر هدف بر اساس متغیرهای پیش‌بینی‌کننده استفاده می‌شوند.

جدول ۶. نتایج طبقه‌بندی بیماری لکه خرمایی با استفاده از صفات نشانگرهای SSR

Table 6. Classification results of Tan Spot disease using SSR marker traits

روش Method	الگوریتم طبقه بندی Classification algorithm	الگوریتم انتخاب ویژگی Feature selection algorithm	
		روش جستجو Search method	مدل ارزیابی Evaluation model
Method 1	J48	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 2	J48	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 3	J48	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 4	J48	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 5	J48	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval
Method 6	SMO	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 7	SMO	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 8	SMO	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 9	SMO	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 10	SMO	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval
Method 11	NaiveBayes	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 12	NaiveBayes	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 13	NaiveBayes	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 14	NaiveBayes	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 15	NaiveBayes	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval
Method 16	MLP	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 17	MLP	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 18	MLP	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 19	MLP	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 20	MLP	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval
Method 21	lazy.IBk	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 22	lazy.IBk	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 23	lazy.IBk	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 24	lazy.IBk	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 25	lazy.IBk	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval
Method 26	RandomForest	Ranker	InfoGainAttributeEval
Method 27	RandomForest	Ranker	GainRatioAttributeEval
Method 28	RandomForest	Ranker	ReliefFAttributeEval
Method 29	RandomForest	Ranker	CorrelationAttributeEval
Method 30	RandomForest	Ranker	SymmetricalUncertAttributeEval

با توجه به ۶ نوع الگوریتم طبقه بندی (J48، SMO، NaiveBayes، MLP، lazy.IBk، RandomForest) و ۵ مدل ارزیابی (InfoGainAttributeEval، GainRatioAttributeEval، ReliefFAttributeEval، CorrelationAttributeEval و SymmetricalUncertAttributeEval)، ۳۰ روش مختلف برای طبقه بندی ژنوتیپها برای نوع واکنش آن ها به بیماری ها به کار گرفته شد (جدول ۶).

نتایج و بحث

تنوع ژنتیکی جمعیت با نشانگر iPBS و SSR: تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم با استفاده از ۷۱ نشانگر iPBS مورد بررسی قرار گرفت. آغازگرهای استفاده شده برای آنالیز تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم در مجموع توانستند ۴۴۶ مکان را شناسایی کنند که ۱۹۴ مکان از آن ها چند شکلی را نشان دادند. نشانگر iPBS2278 با ۳ باند کمترین تعداد باند و نشانگرهای iPBS2393، iPBS2226، iPBS2246 و iPBS2255 با ۱۰ باند بیشترین تعداد باند را به خود اختصاص دادند. آللهای چندشکلی شناسایی شده توسط هر نشانگر بین ۳ تا ۱۰ آلل متغیر بود و به طور متوسط ۲/۷۳ آلل برای هر جایگاه مشاهده شد و محتوای اطلاعات چندشکلی بین ۳۴/۴۶ تا ۵۰ متغیر بود و به طور متوسط ۴۸/۰۱ بود. بیشترین شاخص نشانگری (MI)، ۱۷۵/۰۳ مربوط به نشانگر iPBS2375 و کمترین آن مربوط به نشانگر ترکیبی iPBS2393 با مقدار ۲۲/۷۰ به دست آمد. تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم با استفاده از ۸۱ نشانگر SSR مورد بررسی قرار گرفت. آغازگرهای استفاده شده برای آنالیز تنوع ژنتیکی ارقام مختلف گندم در مجموع توانستند ۲۷۰ مکان را شناسایی کنند. محتوای اطلاعات چندشکلی بین ۰/۳۴ (BARC310) تا ۰/۸ (BARC292) متغیر بود و به طور متوسط ۰/۵۷ بود. کمترین تنوع ژنتیکی مربوط به نشانگر BARC310، ۰/۴۵ و بیشترین آن مربوط به نشانگر ترکیبی BARC292، با مقدار ۰/۸۲ به دست آمد. متوسط تنوع ژنتیکی نشانگرها ۰/۶۲ شد. بیشترین (۰/۶۶) و کمترین (۰/۲۲) فراوانی آلل اصلی نیز به نشانگرهای مذکور تعلق داشت.

کلیه افراد جمعیت برای واکنش به بیماری های لکه خرمایی، سفیدک پودری، زنگ زرد و قهوه ای، فوزاریم سنبله اسکوردھی شده و نتایج آن در جدول ۷ آمده است. همچنین صفات زراعی مهم در ژنوتیپهای مذکور ثبت شدند. نتایج حاکی از وجود تنوع فنوتیپی مناسب برای مرحله بعدی تحقیق (انتخاب برترین ویژگی و دسته بندی) بود. بر اساس داده های جدول ارزیابی ژنوتیپهای گندم، حدود ۴۰ درصد از ژنوتیپها نسبت به بیماری سفیدک پودری مقاومت خوبی از خود نشان دادند. این در حالی است که ۶۰ درصد ژنوتیپها حساسیت متوسط تا بسیار بالا به این بیماری داشتند. این نتایج نشان می دهد که هنوز بخش قابل توجهی از ژنوتیپهای گندم در برابر سفیدک پودری آسیب پذیر هستند و نیاز به توسعه ژنوتیپهای مقاوم تر احساس می شود.

در مورد بیماری زنگ قهوه ای، نتایج امیدوارکننده تر بود. حدود ۶۰ درصد از ژنوتیپهای گندم مقاومت نسبی یا کامل به این بیماری نشان دادند و تنها ۲۶/۷ درصد ژنوتیپها حساسیت کامل داشتند. این یافته ها حاکی از آن است که زنگ قهوه ای نسبت به سایر بیماری ها کنترل بهتری دارد و ژنوتیپهای مقاوم تر در دسترس هستند. اما در مورد زنگ زرد برگ، تنها ۳۳/۳ درصد ژنوتیپها

مقاومت نسبی نشان دادند، در حالی که ۵۳/۴ درصد ژنوتیپ‌ها حساسیت نسبی یا کامل داشتند. این آمار نشان می‌دهد که زنگ زرد برگ یکی از بیماری‌های چالش‌برانگیز برای گندم است و نیاز به توجه بیشتر در برنامه‌های اصلاحی دارد.

بیماری لکه خرمایی نیز چالش‌برانگیز بود. حدود ۴۰ درصد ژنوتیپ‌ها مقاومت خوبی به این بیماری نشان دادند، در حالی که ۶۰٪ ژنوتیپ‌ها حساسیت متوسط تا بسیار بالا داشتند. این نتایج بیانگر نیاز به توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم‌تر برای کاهش خسارات ناشی از لکه خرمایی است.

بیماری فوزاریوم سنبله بیشترین چالش را برای ژنوتیپ‌های گندم ایجاد کرد. تنها ۲۶/۷ درصد ژنوتیپ‌ها مقاومت خوبی به این بیماری نشان دادند، در حالی که ۷۳/۳ درصد حساسیت متوسط تا بسیار بالا داشتند. این نتایج نشان می‌دهد که در خصوص بیماری فوزاریوم سنبله نیز که یکی از مهم‌ترین تهدیدات برای تولید گندم است، نیاز به توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم‌تر و مدیریت بهتر بیماری همچنان احساس می‌شود.

انتخاب ویژگی: صفات مورفولوژیکی مشترک در همه بیماری‌ها شامل وزن ۱۰۰ دانه، وزن سنبله، زیست توده، وزن کاه، ارتفاع بوته، طول ریشک، تعداد سنبلهچه، طول سنبله، شاخص برداشت بود. نشانگرهای رایج SSR در چندین بیماری عبارت بودند از BARC124.2 C, BARC1001 A, BARC194 C, BARC194 B, BARC194 A, BARC137 C, BARC124.2 A, BARC219 A, BARC219 A, BARC219 A, BARC275 A, BARC275 B, BARC1167 B, BARC1167 C, BARC1167 D, BARC1167 E. نشانگرهای مشترک iPBS در بین چندین بیماری عبارتند از iPBS2253 C, iPBS2251 B, iPBS2251 B, iPBS2228 A, iPBS2226 D, iPBS2255 B, iPBS22538, iPBS22538, iPBS2388 C, iPBS2388 A, iPBS2388 B, iPBS2, iPBS2387 C, iPBS2, iPBS22538, iPBS22538, iPBS2384 B, iPBS2384 A, iPBS2384 A, iPBS2383 D, iPBS2383 C, iPBS2383 B, iPBS2383 A, iPBS2382 B, iPBS2382 A, iPBS2381 C, iPBS2381 B, iPBS2381.

رایج‌ترین الگوریتم RandomForest بود. این الگوریتم به طور گسترده در همه بیماری‌ها استفاده می‌شود، به ویژه در هنگام ترکیب نشانگرهای SSR، نشانگرهای iPBS و نشانگرهای مورفولوژیکی. رایج‌ترین روش امتیازدهی CorrelationAttributeEval بود. این روش اغلب برای ارزیابی نشانگرهای SSR و نشانگرهای مورفولوژیکی بخصوص در لکه‌های قهوه ای مایل به زرد و Fusarium graminearum استفاده می‌شود. J48 عمدتاً برای انواع نشانگرهای ساده‌تر (به عنوان مثال SSR یا فقط مورفولوژیکی) استفاده می‌شود. SMO برای مدل‌های پیچیده‌تر، مانند SSR + ترکیبات مورفولوژیکی، به مقدار کم اما موثر استفاده می‌شود. ReliefAttributeEval به شدت در زنگ قهوه‌ای و Fusarium graminearum برای نشانگرهای iPBS و صفات مورفولوژیکی استفاده می‌شود.

جدول ۷. گروه‌بندی واکنش ژنوتیپ‌های گندم برای بیماری‌های رایج در منطقه

Table 7. Grouping of wheat genotype reactions to common diseases in the region

ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه‌ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریه سبیله Fusarium head blight	ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه‌ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریه سبیله Fusarium head blight
1	C	MR	B	S	C	51	B	MR	E	MS	E
2	C	S	C	O	F	52	B	MR	E	MS	D
3	C	O	E	O	F	53	C	O	E	O	E
4	C	O	B	MS	F	54	B	R	D	R	E
5	B	R	C	MS	F	55	C	O	D	MR	E
6	C	O	A	O	F	56	C	MR	D	MS	C
7	B	O	A	O	C	57	B	O	A	O	A
8	B	O	E	O	E	58	B	MR	A	S	C
9	B	S	D	MR	B	59	B	MR	B	MR	D
10	A	O	C	MS	C	60	B	O	C	MR	D
11	B	S	D	MS	D	61	D	R	D	MR	C
12	D	MR	B	MS	C	62	D	MR	C	S	B
13	D	MR	C	MS	C	63	C	MR	C	MS	B
14	D	O	A	MS	F	64	C	O	D	O	A
15	B	O	D	MS	F	65	B	R	C	R	D
16	B	O	B	MS	B	66	B	R	C	R	D
17	A	O	A	MS	A	67	A	O	B	O	D
18	B	R	C	R	A	68	C	O	C	O	D
19	C	S	A	MR	A	69	B	MR	B	MS	C
20	B	O	D	O	E	70	B	O	C	O	C
21	C	MR	C	S	F	71	A	O	B	O	C
22	B	R	C	R	F	72	B	MR	C	MS	B
23	B	O	B	MS	E	73	A	MR	B	MR	B
24	C	S	C	MS	E	74	A	MR	B	MS	B
25	C	S	B	O	D	75	C	MR	B	MR	C
26	C	S	C	O	E	76	C	MR	A	MS	F
27	A	R	A	R	F	77	B	MR	B	MS	C
28	A	MR	A	MS	E	78	C	MR	C	S	F
29	A	O	A	O	D	79	C	MR	B	MS	D
30	A	MR	E	MR	C	80	B	MR	C	MS	C
31	A	MR	A	MS	D	81	B	O	C	O	A
32	B	O	C	O	E	82	B	R	C	S	C
33	B	O	B	O	A	83	A	O	E	O	C
34	B	R	D	MS	C	84	D	R	D	MS	C
35	A	R	C	R	B	85	C	S	D	S	E
36	B	MR	D	S	E	86	B	R	C	MS	B
37	A	O	D	MS	E	87	B	R	D	MS	C
38	D	MR	B	MR	E	88	B	R	B	MR	B
39	B	MR	A	MR	D	89	C	MR	C	MR	C
40	B	O	C	O	F	90	B	O	D	MR	C
41	B	MR	D	MR	F	91	C	O	C	MS	F
42	B	R	C	R	F	92	C	O	B	MS	E
43	C	O	C	O	F	93	B	O	B	MS	B
44	A	O	B	O	F	94	B	R	C	MR	B
45	B	R	C	R	F	95	B	O	D	S	B
46	D	S	B	S	E	96	A	MR	B	MS	F
47	B	O	C	O	B	97	C	S	D	MR	E
48	B	MR	C	MR	B	98	B	MR	D	MR	F
49	D	O	A	MS	F	99	B	MR	C	S	F
50	B	MR	E	MS	E	100	A	MR	B	S	C

ادامه جدول ۷

Continued table 7

ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه‌ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریوم سنبله Fusarium head blight	ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه‌ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریوم سنبله Fusarium head blight
101	A	O	B	MS	C	151	B	MR	C	MS	C
102	A	O	E	MR	C	152	C	R	D	S	D
103	A	O	E	MS	D	153	B	MR	B	MS	D
104	B	O	C	S	D	154	B	R	B	R	E
105	B	O	B	MS	A	155	B	MR	B	S	B
106	B	O	D	MS	B	156	B	MR	B	S	B
107	B	MR	C	MS	D	157	B	MR	B	S	B
108	O	MR	E	MS	A	158	B	MR	C	S	C
109	O	MR	E	S	E	159	B	O	B	O	C
110	B	O	B	MS	D	160	B	MR	D	MS	B
111	B	O	A	MS	C	161	B	MR	D	MS	C
112	B	O	B	MS	B	162	B	MR	E	MS	C
113	B	O	B	MS	F	163	B	MR	D	MS	C
114	B	RR	C	R	F	164	B	O	C	MR	E
115	B	R	B	S	A	165	B	O	C	MR	C
116	C	R	C	R	A	166	C	O	C	MR	D
117	B	R	B	MR	F	167	B	O	B	MS	D
118	B	MR	D	MR	F	168	B	O	D	S	D
119	A	R	A	R	E	169	C	O	D	S	C
120	B	R	C	R	F	170	C	O	A	S	B
121	B	MR	B	MS	E	171	B	O	E	S	C
122	B	MR	C	MS	E	172	B	O	C	S	C
123	C	MR	D	M	F	173	B	S	A	MS	A
124	B	R	D	MR	F	174	B	S	B	S	A
125	C	MR	D	MS	B	175	B	S	A	R	A
126	B	R	E	MR	C	176	B	S	A	S	A
127	C	R	7	S	C	177	B	MR	B	MS	A
128	B	S	D	MS	E	178	D	MR	D	MS	C
129	B	MR	D	MS	E	179	B	S	A	MS	A
130	B	R	D	MS	D	180	C	S	A	MS	A
131	B	R	D	S	B	181	B	S	A	MR	A
132	B	R	E	MR	D	182	B	S	A	MS	A
133	B	R	C	MS	E	183	B	S	A	MR	A
134	C	S	D	MS	D	184	B	S	A	O	A
135	B	MR	C	MS	F	185	B	S	B	O	A
136	B	S	E	MR	E	186	B	S	C	O	A
137	B	MR	D	MR	A	187	B	S	B	O	A
138	A	MR	B	MR	B	188	C	S	B	R	A
139	B	R	C	R	B	189	C	S	B	O	A
140	B	MR	B	MR	B	190	C	O	E	S	A
141	B	MR	D	MS	C	191	B	S	B	R	A
142	C	R	C	MR	E	192	B	R	E	R	A
143	B	O	B	O	F	193	B	O	E	MR	A
144	B	MR	B	MR	F	194	B	S	B	MS	A
145	B	MR	A	MS	F	195	D	R	A	R	B
146	C	R	D	MR	E	196	D	S	A	R	B
147	C	R	C	MS	E	197	D	MR	A	MR	A
148	C	MR	A	MR	E	198	C	S	A	O	B
149	B	MR	B	MR	C	199	D	S	B	R	A
150	B	MR	E	MS	D	200	D	S	A	O	C

ادامه جدول ۷

Continued table 7

ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریوم سبیل Fusarium head blight	ژنوتیپ Genotype	سفیدک پودری Powdery mildew	زنگ قهوه ای Brown rust	لکه خرمایی Tan spot	زنگ زرد برگ Leaf yellow rust	فوزاریوم سبیل Fusarium head blight
201	B	S	B	R	A	251	D	S	C	O	A
202	B	O	C	O	B	252	D	O	D	O	D
203	B	S	C	O	A	253	C	R	B	R	B
204	B	S	D	O	A	254	C	O	A	O	B
205	B	S	B	MS	A	255	C	O	B	O	B
206	B	S	A	MR	A	256	C	MR	B	MR	B
207	D	R	B	MS	A	257	C	MR	B	MS	B
208	C	O	B	MS	A	258	C	R	C	R	B
209	B	MR	C	MS	A	259	C	MR	C	MR	A
210	C	MR	B	S	A	260	C	S	C	R	A
211	C	MR	B	S	A	261	C	MR	B	MS	C
212	B	R	C	MS	A	262	D	S	D	S	A
213	B	MR	B	MS	A	263	D	R	7	R	D
214	C	MR	D	MS	E	264	D	O	E	O	B
215	C	S	D	MR	D	265	D	O	D	O	B
216	B	R	D	R	D	266	D	S	B	O	A
217	B	O	D	O	D	267	D	S	C	MS	E
218	C	O	D	O	C	268	D	S	C	O	F
219	C	O	D	O	C	269	D	S	C	R	C
220	B	S	D	R	F	270	D	O	C	O	E
221	B	S	B	O	D	271	D	MR	C	MR	F
222	C	R	B	MS	D	272	D	O	C	O	F
223	B	S	B	MR	E	273	D	MR	D	MS	E
224	B	S	D	S	E	274	D	S	C	O	E
225	B	R	D	R	C	275	D	S	C	R	C
226	C	R	D	R	E	276	D	S	D	O	B
227	B	MR	D	MR	C	277	D	S	D	R	F
228	B	S	D	O	D	278	D	S	C	O	B
229	B	O	E	O	C	279	D	S	E	MS	F
230	B	O	E	O	C	280	D	R	C	S	A
231	B	R	E	R	B	281	D	MR	B	S	A
232	B	O	7	O	A	282	D	O	C	O	D
233	B	S	8	MS	A	283	D	R	A	S	E
234	B	MR	7	MR	B	284	D	MR	D	R	C
235	B	O	D	R	C	285	D	S	C	O	E
236	B	MR	7	MR	E	286	D	MR	B	MR	A
237	D	MR	C	MS	E	287	D	S	E	MR	D
238	C	O	C	O	E	288	D	S	B	MS	A
239	D	R	D	S	A	289	D	S	C	MR	B
240	B	S	D	MS	B	290	D	S	C	MR	B
241	B	MR	D	MS	B	291	D	S	D	O	C
242	D	MR	B	MS	A	292	D	S	C	O	A
243	D	MR	B	MS	C	293	D	R	C	R	A
244	D	R	C	MS	C	294	D	S	C	R	D
245	D	R	C	MR	A	295	D	S	E	O	C
246	D	MR	D	MR	A	296	D	S	B	MR	B
247	D	O	D	O	A	297	D	S	A	MS	B
248	C	O	C	O	B						
249	C	O	C	O	B						
250	D	O	C	O	C						

پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری‌ها

بیماری لکه خرمایی: برای بیماری لکه خرمایی نتایج نشان‌دهنده عدم کارایی داده‌ها و الگوریتم‌های بکار رفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به این بیماری بود. یکی از دلایل پایین بودن نتایج پیش‌بینی اختصاص ناهماهنگ ژنوتیپ‌ها به دسته‌های موجود در اسکوردهی است به‌نحوی که تعداد ژنوتیپ‌های حساس بسیار کمتر از ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های دیگر بود. به‌طور متوسط الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی حدوداً ۳۵ درصد پیش‌بینی‌ها را برای بیماری لکه خرمایی درست انجام دادند. بیشترین آن مربوط به داده‌های SSR و داده‌های مورفولوژیک با الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval بود. مجموعه ۲۵ ویژگی برای این پیش‌بینی استفاده شد (جدول ۸).

بیماری زنگ زرد: برای بیماری زنگ زرد نتایج نشان‌دهنده کارایی مناسب الگوریتم‌های به‌کار رفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به این بیماری بود. به‌طور متوسط الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی حدوداً ۷۰ درصد پیش‌بینی‌ها را برای بیماری لکه خرمایی درست انجام دادند. زمانی که ملاک ارزیابی داده‌های مولکولی iPBS بود بیشترین درصد صحت (۰/۸۷) مربوط به زمانی بود که مجموع داده‌های مولکولی و فنوتیپی مورد استفاده قرار گرفت. همچنین زمانی که داده‌های مولکولی SSR مورد استفاده قرار گرفت نیز درصد پیش‌بینی‌های درست ۰/۸۷ بود. زمانی که تنها داده‌های مولکولی مورد استفاده قرار گرفتند درصد پیش‌بینی‌های درست به حد قابل توجهی کاهش یافت. به‌نظر می‌رسد برای پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری زنگ زرد تنها داده‌های فنوتیپی مورد نیاز باشند. در اینجا داده‌های مورفولوژیک با الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval بهترین کارایی را نشان دادند. مجموعه ۸ ویژگی فنوتیپی در این پیش‌بینی نقش داشتند (جدول ۹).

بیماری سفیدک پودری: برای بیماری سفیدک پودری نتایج نشان‌دهنده کارایی متوسط داده‌ها و الگوریتم‌های به‌کار رفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به این بیماری بود. در این جا نیز یکی از دلایل پایین بودن نتایج پیش‌بینی اختصاص ناهماهنگ ژنوتیپ‌ها به دسته‌های موجود در اسکوردهی است به‌نحوی که تعداد ژنوتیپ‌های حساس بسیار کمتر از ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های دیگر بود. به‌طور متوسط الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی حدوداً ۵۶ درصد پیش‌بینی‌ها را برای سفیدک پودری درست انجام دادند. نکته قابل توجه در این جا این بود که داده‌های مولکولی SSR و iPBS به‌تنهایی و با استفاده از الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی CorrelationAttributeEva و InfoGainAttributeEval ۶۰ درصد واکنش ژنوتیپ‌ها را به‌درستی پیش‌بینی کردند. برای داده‌های SSR و iPBS به‌ترتیب ۳۴ و ۳۳ آلفا تکثیر یافته برای پیش‌بینی استفاده شد. نتایج برای سفیدک پودری نشان‌دهنده عدم کارایی استفاده از داده‌های فنوتیپی برای پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به بیماری بود (جدول ۱۰).

بیماری زنگ قهوه‌ای: برای بیماری زنگ قهوه‌ای نیز نتایج نشان‌دهنده کارایی متوسط داده‌ها و الگوریتم‌های به‌کار رفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به این بیماری بود. به‌طور متوسط الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی حدوداً ۵۷ درصد پیش‌بینی‌ها را برای زنگ قهوه‌ای درست انجام دادند. نکته قابل توجه در این جا این بود که داده‌های مولکولی SSR و iPBS به‌همراه داده‌های فنوتیپی و با استفاده از الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval به‌طور متوسط ۶۴ درصد واکنش ژنوتیپ‌ها را به درستی پیش‌بینی کردند. برای داده‌های SSR و iPBS به‌ترتیب ۳۹ و ۲۶ آلفا تکثیر یافته برای پیش‌بینی استفاده شد. اما تعداد صفات مورفولوژیک برای انجام پیش‌بینی بسیار کم بود (جدول ۱۱).

بیماری فوزاریوم سنبله: برای بیماری فوزاریوم سنبله نتایج نشان‌دهنده عدم کارایی داده‌ها و الگوریتم‌های به‌کار رفته در پیش‌بینی واکنش ژنوتیپ‌ها به این بیماری بود. یکی از دلایل پایین بودن نتایج پیش‌بینی اختصاص ناهماهنگ ژنوتیپ‌ها به دسته‌های موجود در اسکوردهی است به‌نحوی که تعداد ژنوتیپ‌های حساس بسیار کمتر از ژنوتیپ‌های قرار گرفته در گروه‌های دیگر بود. به‌طور متوسط الگوریتم‌های انتخاب ویژگی و دسته‌بندی حدوداً ۱۷ درصد پیش‌بینی‌ها را برای بیماری فوزاریوم سنبله درست انجام دادند. بیشترین آن مربوط به داده‌های iPBS با الگوریتم دسته‌بندی RandomForest و مدل ارزیابی InfoGainAttributeEval بود. برای این پیش‌بینی از داده‌های ۲۹ آلفا تکثیر یافته استفاده شد (جدول ۱۲).

در مجموع نتایج این بررسی نشان داد که تفاوت قابل ملاحظه‌ای در واکنش ژنوتیپ‌های مختلف گندم نسبت به بیماری‌های برگ و سنبله وجود دارد. بر اساس این نتایج در بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه بیشترین مقاومت نسبت به زنگ قهوه‌ای و کمترین مقاومت نسبت به فوزاریوم سنبله مشاهده شد. همچنین ارتباط بین نشانگرهای مولکولی SSR/iPBS با صفات زراعی و مقاومت به بیماری‌های برگ و سنبله با استفاده از الگوریتم‌های یادگیری ماشین به‌جز برای بیماری لکه خرمایی و فوزاریوم سنبله اثبات گردید. وجود ارتباط بین نشانگرهای مولکولی و صفات زراعی و مقاومت به بیماری‌های گیاهی در ژنوتیپ‌های گندم توسط سایر محققین نیز گزارش شده است (Masoudi et al. 2016; Saravani et al. 2018; Naeimi et al. 2021).

یکی از عوامل کلیدی برای کاهش موفقیت‌آمیز تهدید گیاهان از عوامل بیماری‌زای برگ، تشخیص زود هنگام بیماری است. روش‌های پایش بیماری که امروزه انجام می‌شوند، عمدتاً متکی به بررسی‌های میدانی موردی توسط تیم‌هایی از پرسنل آموزش‌دیده و مجرب هستند. با این حال، این رویکرد به‌ویژه برای مزارع بزرگ، زمان‌بر و پرهزینه است. بنابراین، تلاش‌هایی برای توسعه روش‌های ارزان‌تر، سریع‌تر و قابل‌اعتمادتر در حال انجام است (Jha et al. 2019; Wójtowicz et al. 2021). با توجه به پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های رایانه‌ای مانند تعامل انسان و رایانه (Khan et al. 2021; Haroon et al. 2022) و هوش مصنوعی (Ullah et al. 2021; Yar et al. 2021)، سیستم‌های هوشمند می‌توانند به کشاورزان در شناسایی به هنگام بیماری‌های گندم در مزرعه کمک کنند. این کار با استفاده از روش‌های خودکار، ماشین یادگیری، شبکه عصبی و روش‌های مبتنی بر هوش مصنوعی انجام می‌شود.

جدول ۸. انتخاب‌ها و ویژگی‌های تعیین‌کننده در طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به بیماری لکه خرمایی

Table 8. Selected and features determining in classification of genotypes for resistance to Tan Spot

ویژگی‌ها Features	الگوریتم‌های طبقه‌بندی Classification algorithm	ارزیابی مدل Model evaluation	ویژگی‌های انتخاب‌شده Selected Features
SSR Marker	J48	CorrelationAttributeEval	BARC121.2 A; BARC182 A; BARC220 B; BARC1027 C; BARC318 D; BARC130 D; BARC352 B; BARC321.2 A; BARC222 A; BARC137 C; BARC21 C; BARC180 B; BARC75 E; BARC303 B; BARC1120 B; BARC17 B; BARC273 B
Morphological marker	J48	CorrelationAttributeEval	100 grain weight, spike weight
SSR Marker and Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	Spikelet number; BARC137 A; BARC1159 B; BARC1159 A; BARC194 C; BARC194 B; BARC194 A; BARC1159 C; BARC137 B; BARC349 A; BARC137 C; BARC318 C; BARC318 B; BARC318 A; BARC181 B; BARC181 A; BARC275 B; BARC275 A; BARC29 B; BARC29 A; BARC1055 B; BARC1055 A; BARC195 D; BARC195 C; BARC195 B
iPBS Marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	iPBS2255 D; iPBS2380 B; iPBS2386 A; iPBS2385 B; iPBS2385 A; iPBS2386 B; iPBS2387 A; iPBS2387 B; iPBS2388 B; iPBS2388 A; iPBS2387 C; iPBS2384 B; iPBS2384 A; iPBS2383 E; iPBS2381 B; iPBS2381 A; iPBS2382 A; iPBS2381 C; iPBS2382 B; iPBS2383 D; iPBS2383 C; iPBS2383 B; iPBS2383 A; iPBS2388 C; iPBS2389 A; iPBS2389 B; iPBS2394 B; iPBS2394 A; iPBS2270 B; iPBS2270 A; iPBS2271 A; iPBS2393 C; iPBS2272 A; iPBS2271 C; iPBS2271 B
Morphological marker	J48	CorrelationAttributeEval	100 grain weight, spike weight
iPBS Marker and Morphological marker	RandomForest	CorrelationAttributeEval	iPBS2221 B; iPBS2383 E; iPBS2226 C; iPBS2080 B; iPBS2222 C; iPBS2278 B; iPBS2245 B; iPBS2075 A; iPBS2386 A; iPBS2251 A; iPBS2083 B; iPBS2391 B; iPBS2081 C; iPBS2076 A; iPBS2251 B; iPBS2076 B; iPBS2242 C; iPBS2217 A; iPBS2239 D; iPBS2382 A; iPBS2081 A; iPBS2243 C; iPBS2388 B; iPBS2271 C; iPBS2385 B; iPBS2276 B; iPBS2392 A; iPBS2087 B; 100 grain weight, spike weight; iPBS2378 A; iPBS2277 A; iPBS2374 A; iPBS2230 C; iPBS2270 B; iPBS2246 B; iPBS2229 B; iPBS2228 C; iPBS2273 A; iPBS2230 D; iPBS2381 A; iPBS2238 A; iPBS2378 B; iPBS2075 B; iPBS2390 C

روش‌های مختلفی برای طبقه‌بندی بیماری‌های گندم پیشنهاد شده است. در آزمایشی با استفاده از ویژگی شاخص سطح

برگ و با کمک چهار مدل یادگیری ماشین، واکنش گندم به بیماری زنگ قهوه‌ای را با دقت ۹۹ درصد طبقه‌بندی کردند

(Azadbakht et al. 2019). در آزمایشی دیگر از فرمول مساحت آسیب‌دیده تقسیم بر کل مساحت برگ‌های گندم به‌عنوان یک ویژگی برای طبقه‌بندی واکنش گندم به بیماری سفیدک پودری استفاده کرده و آن را با استفاده از سه مدل یادگیری ماشین شامل SVM، PNN و چارچوب پیشنهادی طبقه‌بندی کردند و به دقت ۹۳/۳۳ درصد رسیدند (Zhao et al. 2020). همچنین در تحقیقی با ادغام سه ویژگی توصیف‌گر که شامل بافت هارالیک (Haralick Texture)، هیستوگرام رنگ و لحظه رنگ (Hue-moment) به دقت ۹۹/۸ درصد در طبقه‌بندی واکنش گندم به دو بیماری زنگ قهوه‌ای و زنگ زرد دست یافتند (Khan et al. 2022).

جدول ۹. ویژگی‌های انتخاب‌شده و تعیین‌کننده در طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به بیماری زنگ زرد

Table 9. Selected and features determining in classification of genotypes for resistance to Strip Rust

ویژگی‌ها Features	الگوریتم‌های طبقه‌بندی Classification alghoritm	ارزیابی مدل Model evaluation	ویژگی‌های انتخاب‌شده Selected Features
SSR Marker	lazy.IBk	InfoGainAttributeEval	BARC1001 A; BARC124.2 C; BARC121.2 B; BARC194 A
Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	100 grain weight, spike weight, biomass, weight of straw, awn length, spikelet number, spike length, harvest index
SSR Marker and Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	100 grain weight, spike weight, biomass, weight of straw, awn length, spikelet number, spike length, harvest index; BARC1001 A; BARC124.2 C; BARC194 B; BARC194 C; BARC275 A; BARC194 A; BARC275 B; BARC1159 A; BARC137 C; BARC1159 B; BARC1159 C
iPBS Marker	SMO	InfoGainAttributeEval	iPBS2255 D; iPBS2380 B; iPBS2386 A; iPBS2385 B; iPBS2385 A; iPBS2386 B; iPBS2387 A; iPBS2387 B; iPBS2388 B; iPBS2388 A; iPBS2387 C; iPBS2384 B; iPBS2384 A; iPBS2383 E; iPBS2381 B; iPBS2381 A; iPBS2382 A; iPBS2381 C; iPBS2382 B; iPBS2383 D; iPBS2383 C
Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	100 grain weight, spike weight, biomass, weight of straw, awn length, spikelet number, spike length, harvest index
iPBS Marker and Morphological marker	RandomForest	SymmetricalUncertAttributeEval	100 grain weight, spike weight, biomass, weight of straw, awn length, spikelet number, spike length, harvest index; iPBS2387 B; iPBS2386 B; iPBS2386 A; iPBS2385 B; iPBS2387 A; iPBS2388 B; iPBS2387 C; iPBS2388 C; iPBS2384 B; iPBS2388 A

در پژوهشی از مدل‌های جنگل تصادفی برای تشخیص علائم بیماری زنگ برگ در گندم و چاودار از طیف‌های خالص جذبی در طول موج‌های مختلف استفاده کردند و نشان دادند که مفیدترین طول موج‌ها در شناسایی علائم زنگ برگ ۴۳۱–۴۳۶ بود و شاخص‌های گیاهی نسبت به طول موج‌ها کارایی کمتری دارند (Wójtowicz et al. 2021). استفاده از این تکنیک‌ها در سال‌های اخیر افزایش یافته است و محققان از آن‌ها در تحقیقات سطح بالا برای پیش‌بینی (Tursunov et al. 2021)، تخمین سن (Ishaq & Kwon 2022) و تحلیل سری‌های زمانی (Maji & Swain 2022) استفاده کرده‌اند.

جدول ۱۰. انتخاب‌ها و ویژگی‌های تعیین‌کننده در طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به سفیدک پودری

Table 10. Selected and features determining in classification of genotypes for resistance to Powdery Mildew

ویژگی‌ها Features	الگوریتم‌های طبقه‌بندی Calssification alghoritm	ارزیابی مدل Model evaluation	ویژگی‌های انتخاب‌شده Selected Features
SSR Marker	RandomForest	CorrelationAttribu teEval	BARC17 C; BARC205 D; BARC75 E; BARC1167 B; BARC321.2 B; BARC278 A; BARC180 C; BARC195 A; BARC1177 C; BARC88 B; BARC1044 C; BARC1177 A; BARC1148 A; BARC130 D; BARC288 C; BARC63 A; BARC1052 C; BARC222 A; BARC279 C; BARC297 E; BARC182 A; BARC319 D; BARC124.2 C; BARC111 B; BARC23.2 A; BARC275 B; BARC354 A; BARC75 B; BARC1001 A; BARC124.2 A; BARC340.1 A; BARC17 B; BARC120 B; BARC1027 B
Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttribute Eval	biomass, weight of straw, spike number, spike weight
SSR Marker and Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttribute Eval	BARC195 A; BARC180 C; BARC321.2 B; BARC1148 A; BARC63 A; BARC1177 C; BARC17 C; BARC88 B; BARC124.2 C; BARC1177 A; BARC1044 C; BARC63 B; BARC1052 C; BARC111 B; BARC222 A; BARC1148 B; BARC294 A; BARC297 E; BARC195 B; BARC130 D; BARC120 B; BARC23.2 A; BARC275 B; BARC75 E; BARC1167 B; BARC205 D; BARC279 C; BARC1027 B; BARC149 A; BARC182 A; BARC278 A; BARC1177 B; BARC124.2 A; BARC44 B; BARC152 C; BARC21 A; BARC1001 A; BARC124.2 B; BARC284 B; BARC288 C; BARC137 A; BARC1167 D; BARC75 B; BARC1027 C; BARC180 E
iPBS Marker	RandomForest	InfoGainAttribute Eval	iPBS2226 C; iPBS2221 A; iPBS2278 A; iPBS2392 C; iPBS2224 B; iPBS2238 A; iPBS2253 B; iPBS2245 B; iPBS2379 A; iPBS2375 E; iPBS2252 B; iPBS2228 B; iPBS2085 B; iPBS2239 D; iPBS2242 C; iPBS2387 A; iPBS2393 D; iPBS2249 A; iPBS2222 D; iPBS2273 B; iPBS2382 B; iPBS2230 B; iPBS2076 A; iPBS2226 E; iPBS2255 B; iPBS2376 B; iPBS2390 A; iPBS2255 C; iPBS2392 A; iPBS2226 B; iPBS2242 A; iPBS2380 C; iPBS2272 B
Morphological marker	RandomForest	SymmetricalUnce rtAttributeEval	biomass, weight of straw, spike number, spike weight
iPBS Marker and Morphological marker	RandomForest	SymmetricalUnce rtAttributeEval	iPBS2226 C; iPBS2221 A; iPBS2278 A; iPBS2392 C; iPBS2224 B; iPBS2245 B; iPBS2238 A; iPBS2253 B; iPBS2379 A; iPBS2375 E; iPBS2252 B; iPBS2393 D; iPBS2228 B; iPBS2085 B; iPBS2273 B; iPBS2239 D; iPBS2242 C; iPBS2387 A; iPBS2249 A; iPBS2222 D; iPBS2076 A; iPBS2382 B; iPBS2230 B; iPBS2376 B; iPBS2226 E; iPBS2255 B; iPBS2390 A; iPBS2255 C; iPBS2392 A; iPBS2226 B; iPBS2390 C; iPBS2230 D; iPBS2380 C; iPBS2242 A; iPBS2272 B; iPBS2231 A; iPBS2383 B; iPBS2272 A; iPBS2273 A; iPBS2243 B; iPBS2270 B; iPBS2276 C; iPBS2255 D; iPBS2271 A

جدول ۱۱. انتخاب‌ها و ویژگی‌های تعیین‌کننده در طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به زنگ قهوه‌ای

Table 11. Selected and features determining in classification of genotypes for resistance to Brown Rust

ویژگی‌ها Features	الگوریتم‌های طبقه‌بندی Calssification alghoritm	ارزیابی مدل Model evaluation	ویژگی‌های انتخاب‌شده Selected Features
SSR Marker	RandomForest	GainRatioAttributeEval	BARC63 B; BARC288 A; BARC1148 B; BARC319 B; BARC195 B; BARC48.2 C; BARC284 A; BARC180 B; BARC21 A; BARC1064 B; BARC195 A; BARC194 C; BARC194 B; BARC104 B; BARC1159 A; BARC137 C; BARC137 A; BARC137 B; BARC1159 C; BARC275 B; BARC1159 B; BARC194 A; BARC29 B; BARC275 A; BARC1055 B; BARC222 A; BARC1055 A; BARC222 C; BARC195 D; BARC222 B; BARC1167 A; BARC195 C; BARC181 A; BARC29 A; BARC1167 D; BARC1167 B; BARC1167 C; BARC1167 E; BARC318 A
Morphological marker	J48	ReliefFAttributeEval	biomass, weight of straw, 100 grain weight, spike weight, plant height
SSR Marker and Morphological marker	RandomForest	InfoGainAttributeEval	biomass, weight of straw, 100 grain weight, spike weight, awn weight, spikelet number, plant height, BARC63 B; BARC288 A; BARC319 B; BARC1148 B; BARC195 B; BARC284 A; BARC48.2 C; BARC180 B; BARC21 A; BARC1064 B; BARC222 B; BARC1055 B; BARC1159 C; BARC1159 A; BARC1159 B; BARC137 A; BARC222 A; BARC137 C; BARC195 C; BARC195 D; BARC1055 A; BARC137 B; BARC194 C; BARC194 A; BARC194 B; BARC1167 E; BARC1167 C; BARC1167 B; BARC1167 A; BARC1167 D; BARC181 B; BARC222 C; BARC29 A; BARC275 B; BARC275 A; BARC29 B; BARC181 A
iPBS Marker	RandomForest	ReliefFAttributeEval	iPBS2253 B; iPBS2251 C; iPBS2225 B; iPBS2375 B; iPBS2255 B; iPBS2224 B; iPBS2388 B; iPBS2085 B; iPBS2081 B; iPBS2376 B; iPBS2076 A; iPBS2240 A; iPBS2077 B; iPBS2230 A; iPBS2226 D; iPBS2255 D; iPBS2080 C; iPBS2387 A; iPBS2080 A; iPBS2243 B; iPBS2377 C; iPBS2085 C; iPBS2252 A; iPBS2387 C; iPBS2238 A; iPBS2375 E
Morphological marker	RandomForest	ReliefFAttributeEval	100 grain weight, spike weight, awn length
iPBS Marker and Morphological marker	RandomForest	CfsSubsetEval	iPBS2251 C; iPBS2251 B; iPBS2253 A; iPBS2252 A; iPBS2244 A; 100 grain weight.; spikelet weight; iPBS2251 A; iPBS2253 B; iPBS2252 B; iPBS2388 C; iPBS2272 B; iPBS2243 A; iPBS2277 A; iPBS2228 A; iPBS2277 C; iPBS2243 C; iPBS2225 B; iPBS2378 B; iPBS2376 A; iPBS2387 C; iPBS2255 C; iPBS2240 B; iPBS2218 B; iPBS2278 B; iPBS2085 B; iPBS2255 A; iPBS2230 A; iPBS2375 B; iPBS2219 D; iPBS2075 B; iPBS2388 B; iPBS2393 D; iPBS2392 A; iPBS2095 A; iPBS2078 A

جدول ۱۲. انتخاب‌ها و ویژگی‌های تعیین‌کننده در طبقه‌بندی ژنوتیپ‌ها برای مقاومت به فوزاریوم سنبله

Table 12. Selected and features determining in classification of genotypes for resistance to *Fusarium graminearum*

ویژگی‌ها Features	الگوریتم‌های طبقه‌بندی Classification algorithm	ارزیابی مدل Model evaluation	ویژگی‌های انتخاب‌شده Selected Features
SSR Marker	NaiveBayes	CorrelationAttributeEval	BARC284 A; BARC1042 A; BARC340.1 A; BARC145 C; BARC344 C; BARC52 B; BARC344 A; BARC137 A; BARC21 A; BARC294 B; BARC14 C; BARC121.2 B; BARC1033 A
Morphological marker	NaiveBayes	CorrelationAttributeEval	Plant height, spikelet number
SSR Marker and Morphological marker	SMO	CorrelationAttributeEval	Plant height; BARC284 A; BARC1042 A; BARC340.1 A; BARC145 C; BARC344 C; BARC52 B; BARC344 A; BARC137 A; BARC21 A; BARC294 B; BARC14 C; BARC121.2 B; BARC1033 A; BARC349 B; BARC201 B; BARC319 B; BARC1042 B; BARC310 A; BARC284 B; BARC288 A; BARC181 A; BARC21 D; BARC87 A; BARC1027 D; BARC352 A
iPBS Marker	RandomForest	ReliefFAttributeEval	iPBS2251 B; iPBS2251 C; iPBS2255 C; iPBS2279 A; iPBS2226 D; iPBS2218 B; iPBS2083 A; iPBS2251 A; iPBS2228 A; iPBS2075 B; iPBS2253 B; iPBS2087 B; iPBS2255 A; iPBS2237 B; iPBS2232 A; iPBS2252 A; iPBS2095 C; iPBS2239 D; iPBS2239 A; iPBS2221 B; iPBS2230 A; iPBS2080 C; iPBS2271 B; iPBS2244 A; iPBS2225 B; iPBS2240 B; iPBS2246 B; iPBS2242 C; iPBS2243 A
Morphological marker	RandomForest	ReliefFAttributeEval	Plant height, spike length, biomass, spikelet number, weight of straw
iPBS Marker and Morphological marker	RandomForest	ReliefFAttributeEval	iPBS2251 B; iPBS2251 C; iPBS2255 C; iPBS2226 D; iPBS2279 A; iPBS2251 A; iPBS2228 A; iPBS2083 A; iPBS2075 B; iPBS2087 B; iPBS2218 B; iPBS2255 A; iPBS2253 B; iPBS2237 B; iPBS2232 A; iPBS2252 A; iPBS2239 D; iPBS2221 B; iPBS2230 A; iPBS2095 C; iPBS2080 C; iPBS2225 B; iPBS2239 A; iPBS2271 B; iPBS2242 C; iPBS2244 A; iPBS2246 B; iPBS2240 B; iPBS2245 A; iPBS2222 C; iPBS2243 C; iPBS2392 C; iPBS2253 A; iPBS2243 A

جدول ۱۳. مناسب‌ترین الگوریتم انتخاب ویژگی و الگوریتم طبقه‌بندی برای بیماری‌های مورد بررسی

Table 13. The most appropriate feature selection algorithm and classification algorithm for the diseases under study

بیماری Disease	الگوریتم طبقه‌بندی Classification algorithm	الگوریتم انتخاب ویژگی با روش جستجو Feature selection algorithm with Ranker search method	کاپای کوهن Cohen's kappa	ریشه مربع خطای نسبی (%) Root relative squared error (%)	تعداد ویژگی‌های انتخاب شده Number of selected features	دقت دسته‌بندی Classification accuracy	
						درصد درست Accuracy percentage	درصد غلط Error percent age
TS لکه خرمایی	SSR data	J48	CorrelationAttributeEval	0.16104	108.05561	17	64.30976
	Morphological data	J48	CorrelationAttributeEval	0.11082	101.91610	2	65.99327
	SSR data + Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.15024	100.47690	25	63.97306
	Average			0.1407	103.4829	14.66667	64.7587
	iPBS data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.13905	99.40115	35	64.98316
	Morphological data	J48	CorrelationAttributeEval	0.11082	101.91610	2	65.99327
	iPBS data + Morphological data	RandomForest	CorrelationAttributeEval	0.12994	101.28972	45	65.31987
	Average			0.126603	100.869	27.33333	65.4321
YR زنگ زرد	SSR data	lazy.IBk	InfoGainAttributeEval	0.12269	101.17681	4	64.98316
	Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.80923	58.70572	8	14.81481
	SSR data + Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.83585	60.25743	19	12.79461
	Average			0.589257	73.37999	10.33333	30.86419
	iPBS data	SMO	InfoGainAttributeEval	0.13611	101.58236	21	63.29966
	Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.82654	58.86385	8	13.46801
	iPBS data + Morphological data	RandomForest	SymmetricalUncertAttributeEval	0.84019	59.20021	19	12.45791
	Average			0.600947	73.21547	16	29.74186
PM سفیدک پودری	SSR data	RandomForest	CorrelationAttributeEval	0.37635	91.28152	34	38.72054
	Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.10665	105.48745	4	55.89226
	SSR data + Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.38414	90.91373	45	37.03704
	Average			0.289047	95.89423	27.66667	43.88328
	iPBS data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.33337	90.87419	33	39.73064
	Morphological data	RandomForest	SymmetricalUncertAttributeEval	0.10665	105.48745	4	55.89226
	iPBS data + Morphological data	RandomForest	SymmetricalUncertAttributeEval	0.37760	89.25246	44	36.70034
	Average			0.27254	95.2047	27	44.10775

ادامه جدول ۱۳

Continued table 13

بیماری Disease	الگوریتم طبقه‌بندی Classification algorithm	الگوریتم انتخاب ویژگی با روش جستجو Feature selection algorithm with Ranker search method	کاپای کوهن Cohen 's kappa	ریشه مربع خطای نسبی (%) Root relative squared error (%)	تعداد ویژگی‌های انتخاب شده Number of selected features	دقت دسته‌بندی Classification accuracy	
						درصد درست Accuracy percentage	درصد غلط Error percent age
BR زنگ قهوه‌ای	SSR data	RandomForest	GainRatioAttributeEval	0.2346 3	98.44454	39	43.43434
	Morphological data	J48	ReliefFAttributeEval	0.4518 4	90.75239	5	59.59596
	SSR data + Morphological data	RandomForest	InfoGainAttributeEval	0.5233 6	84.35389	44	64.98316
	Average			0.4032 77	91.18361	29.33333	56.00449
	iPBS data	RandomForest	CorrelationAttributeEval	0.2238 7	98.17687	26	42.42424
	Morphological data	J48	CorrelationAttributeEval	0.4503 8	89.15320	3	59.59596
	iPBS data + Morphological data	RandomForest	ReliefFAttributeEval	0.5619 94	81.31901	36	67.67677
	Average			0.4120 81	89.54969	21.66667	56.56566
	SSR data	NaiveBayes	CorrelationAttributeEval	0.1917	107.1610	13	34.0067
	Morphological data	NaiveBayes	CorrelationAttributeEval	0.1033	99.2895	2	27.2727
FUS فوزاریوم سنبله	SSR data + Morphological data	SMO	CorrelationAttributeEval	0.1867	100.1048	26	33.3333
	Average			0.1605 67	102.1851	13.66667	31.53757
	iPBS data	RandomForest	ReliefFAttributeEval	0.2561	96.6392	29	38.7205
	Morphological data	RandomForest	ReliefFAttributeEval	0.1269	101.5930	5	28.2828
	iPBS data + Morphological data	RandomForest	ReliefFAttributeEval	0.2490	96.6238	34	38.3838
	Average			0.2106 67	98.28533	22.66667	35.12903
							64.8709 7

نتیجه‌گیری: این بررسی نشان داد که مقاومت ژنوتیپ‌های گندم به بیماری‌های مختلف بسیار متفاوت است. درحالی‌که

برخی بیماری‌ها مانند زنگ قهوه‌ای کنترل بهتری دارند، بیماری‌هایی مانند فوزاریوم سنبله و زنگ زرد برگ نیاز به توجه ویژه در برنامه‌های اصلاحی و مدیریت بیماری داشتند. توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم و استفاده از روش‌های مدیریت تلفیقی بیماری‌ها می‌تواند به کاهش خسارات و افزایش تولید گندم کمک کند. این داده‌ها نشان دادند که بیشترین مقاومت در بین ژنوتیپ‌ها نسبت به زنگ قهوه‌ای (۶۰ درصد) و کمترین مقاومت نسبت به فوزاریوم سنبله (۲۶ درصد) وجود دارد.

مهم‌ترین ویژگی‌ها برای مقاومت در همه بیماری‌ها شامل صفات مورفولوژیکی مانند وزن ۱۰۰ دانه، وزن سنبله، زیست توده، وزن کاه، ارتفاع بوته و نشانگرهای SSR/iPBS مانند BARC1001 A، BARC194 A، BARC137 C، iPBS2255 B، iPBS2226 شناسایی شدند. رایج‌ترین الگوریتم در بین همه بیماری‌ها RandomForest و رایج‌ترین روش

ارزیابی CorrelationAttributeEval بود. این ابزارها برای شناسایی ویژگی‌های مهم در مطالعات اصلاح نباتات، چه با استفاده از نشانگرهای مولکولی یا صفات مورفولوژیکی، موثر هستند.

تشکر و قدردانی نتایج این مقاله مستخرج از طرح شماره ۶/۱۹۴ دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه گنبدکاوس می باشد. از مدیریت پژوهش دانشگاه گنبدکاوس و همچنین مرکز تحقیقات و آموزش منابع کشاورزی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (AREEO) ساری جهت همکاری‌های بی دریغ آن‌ها کمال تشکر و قدردانی را داریم.

References

- Alshammari, H., Gasmi, K., Krichen, M., Ammar, L. B., Abdelhadi, M. O., Boukrara, A., & Mahmood, M. A. (2022). Optimal deep learning model for olive disease diagnosis based on an adaptive genetic algorithm. *Wireless Communications and Mobile Computing*, 2022, 8531213. <https://doi.org/10.1155/2022/8531213>
- Arsenovic, M., Karanovic, M., Sladojevic, S., Anderla, A., & Stefanovic, D. (2019). Solving current limitations of deep learning based approaches for plant disease detection. *Symmetry*, 11(7), 939. <https://doi.org/10.3390/sym11070939>
- Azadbakht, M., Ashourloo, D., Aghighi, H., Radiom, S., & Alimohammadi, A. (2019). Wheat leaf rust detection at canopy scale under different LAI levels using machine learning techniques. *Computers and Electronics in Agriculture*, 156, 119-128. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.11.006>
- Chen, H. Y., Chuang, C. H., Yang, Y. J., & Wu, T. P. (2011). Exploring the risk factors of preterm birth using data mining. *Expert Systems with Applications*, 38(5), 5384-5387. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2010.10.013>
- Deng, N., Tian, Y., & Zhang, C. (2012). *Support vector machines: Optimization based theory, algorithms, and extensions*. CRC Press.
- Dormohammadi, S., Alizadeh, S., Asghari, M., & Shami, M. (2014). Proposing a prediction model for diagnosing causes of infertility by data mining algorithms. *Iranian Journal of Reproductive Medicine*, 12(5), 355-362 [In persian]
- Gardner, M. W., & Dorling, S. R. (1998). Artificial neural networks (the multilayer perceptron)—a review of applications in the atmospheric sciences. *Atmospheric Environment*, 32(14-15), 2627-2636. [https://doi.org/10.1016/S1352-2310\(97\)00447-0](https://doi.org/10.1016/S1352-2310(97)00447-0)
- Ghazanfari, M., Alizadeh, S., & Teimourpour, B. (2008). Data mining and knowledge discovery. *Iranian Journal of Information Processing and Management*, 24(1), 1-20 [In Persian].

- Govardhan, M., & Veena, M. B. (2019, October). Diagnosis of tomato plant diseases using random forest. In *2019 Global Conference for Advancement in Technology (GCAT)* (pp. 1-5). IEEE. <https://doi.org/10.1109/GCAT47503.2019.8978321>
- Hackeling, G. (2017). *Mastering machine learning with scikit-learn*. Packt Publishing Ltd.
- Han, J., & Kamber, M. (2006). *Data mining: Concepts and techniques* (2nd ed.). Morgan Kaufmann Publishers. (pp. 78-82)
- Haroon, U., Ullah, A., Hussain, T., Ullah, W., Sajjad, M., Muhammad, K., & Baik, S. W. (2022). A multi-stream sequence learning framework for human interaction recognition. *IEEE Transactions on Human-Machine Systems*, 52(3), 435-444. <https://doi.org/10.1109/THMS.2022.3164535>
- Ishaq, M., & Kwon, S. (2022). A CNN-assisted deep echo state network using multiple time-scale dynamic learning reservoirs for generating short-term solar energy forecasting. *Sustainable Energy Technologies and Assessments*, 52, 102275. <https://doi.org/10.1016/j.seta.2022.102275>
- Jha, K., Doshi, A., Patel, P., & Shah, M. (2019). A comprehensive review on automation in agriculture using artificial intelligence. *Artificial Intelligence in Agriculture*, 2, 1-12. <https://doi.org/10.1016/j.aiia.2019.05.001>
- Khan, E., & Venkatapuram, P. (1993, March). Neufuz: Neural network based fuzzy logic design algorithms. In *Proceedings of the Second IEEE International Conference on Fuzzy Systems* (pp. 647-654). IEEE. <https://doi.org/10.1109/FUZZY.1993.327442>
- Khan, H., Haq, I. U., Munsif, M., Mustaqeem, Khan, S. U., & Lee, M. Y. (2022). Automated wheat diseases classification framework using advanced machine learning technique. *Agriculture*, 12(8), 1226. <https://doi.org/10.3390/agriculture12081226>
- Khan, N., Muhammad, K., Hussain, T., Nasir, M., Munsif, M., Imran, A. S., & Sajjad, M. (2021). An adaptive game-based learning strategy for children road safety education and practice in virtual space. *Sensors*, 21(11), 3661. <https://doi.org/10.3390/s21113661>
- Kohavi, R. (1995). A study of cross-validation and bootstrap for accuracy estimation and model selection. In *Ijcai* (Vol. 14, No. 2, pp. 1137-1145).
- Larose, D. T., & Larose, C. D. (2014). *Discovering knowledge in data: An introduction to data mining* (2nd ed.). John Wiley & Sons.
- Maji, B., & Swain, M. (2022). Advanced fusion-based speech emotion recognition system using a dual-attention mechanism with Conv-Caps and Bi-GRU features. *Electronics*, 11(9), 1328. <https://doi.org/10.3390/electronics11091328>

- Masoudi, H., Sabouri, H., Taliei, F., & Jafarbay, J. (2016). Investigation of genetic diversity and relationship for morphophonological traits and resistance to powdery mildew in wheat germplasm using IRAP, ISSR and iPBS markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 19(1), 41-56. <https://doi.org/10.1007/s12892-015-0124-7>
- Mazaheri, S., Ashoori, M., & Bechari, Z. (2017). A model to predict heart disease treatment using data mining. *Payavard Salamat*, 11(3), 287-296.
- Moussafir, M., Chaibi, H., Saadane, R., Chehri, A., Rharras, A. E., & Jeon, G. (2022). Design of efficient techniques for tomato leaf disease detection using genetic algorithm-based and deep neural networks. *Plant and Soil*, 479(1-2), 251-266. <https://doi.org/10.1007/s11104-022-05518-x>
- Naeimi Nezamabad, B., Taliei, F., Biabani, A., Sabouri, H., & Kheirgu, M. (2021). Investigation of informative CDBP and SCoT markers for leaf rust, powdery mildew and septoria leaf blotch diseases in spring wheat genotypes. *Crop Biotechnology*, 10(3), 79-96 [In persian].
- Peterson, R. F., Campbell, A. B., & Hannah, A. E. (1984). A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals. *Canadian Journal of Research*, 26(5), 496-500. <https://doi.org/10.1139/cjr48c-033>
- Phillips-Wren, G., Sharkey, P., & Dy, S. M. (2008). Mining lung cancer patient data to assess healthcare resource utilization. *Expert Systems with Applications*, 35(4), 1611-1619. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2007.08.067>
- Platt, J. (1998). Sequential minimal optimization: A fast algorithm for training support vector machines.
- Prescott, J. M., Burnett, P. A., Saari, E. E., Ransom, J., Bowman, J., Milliano, W. S. R., & Bekele, G. (1986). Wheat diseases and pests. A guide to field identification CIMMYT Mexico, 135.
- Quinlan, J. R. (2014). *C4.5: Programs for machine learning*. Elsevier.
- Rajaram, S., & Van Ginkel, M. (1996). *A guide to the CIMMYT bread wheat section*. CIMMYT.
- Rastogi, A. B., & Monika, A. (2014). Study of neural network in diagnosis of thyroid. *International Journal of Computer Technology and Electronics Engineering*, 4(3), 1-6.
- Rish, I. (2001, August). An empirical study of the naive Bayes classifier. In *IJCAI 2001 workshop on empirical methods in artificial intelligence* (Vol. 3, No. 22, pp. 41-46).
- Roelfs, A. P., Singh, R. P., & Saari, E. E. (1992). *Rust diseases of wheat: Concepts and methods of disease management*. CIMMYT.
- Sabouri, H., Taliei F., Sajadi, S. J., Ghasemi, Sh., Tanahei, A., Naeimi, B. (2021). *Estimating resistance and susceptibility to common wheat diseases using image processing and artificial intelligence systems*. Project report. No. 6.272. Gonbad Kavous University.

- Saravani, S., Sabouri, H., Taliei, F., Biabani, A., & Rahemi Karizaki, A. (2018). Evaluation of genetic diversity of wheat genotypes in terms of powdery mildew resistance, grain yield, yield components and molecular markers. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 11(3), 57-82 [In persian]
- Sujatha, R., Chatterjee, J. M., Jhanjhi, N. Z., & Brohi, S. N. (2021). Performance of deep learning vs machine learning in plant leaf disease detection. *Microprocessors and Microsystems*, 80, 103615. <https://doi.org/10.1016/j.micpro.2020.103615>
- Svetnik, V., Liaw, A., Tong, C., Culberson, J. C., Sheridan, R. P., & Feuston, B. P. (2003). Random forest: A classification and regression tool for compound classification and QSAR modeling. *Journal of Chemical Information and Computer Sciences*, 43(6), 1947-1958. <https://doi.org/10.1021/ci034160g>
- Tursunov, A., Mustaqeem, Choeh, J. Y., & Kwon, S. (2021). Age and gender recognition using a convolutional neural network with a specially designed multi-attention module through speech spectrograms. *Sensors*, 21(17), 5892. <https://doi.org/10.3390/s21175892>
- Ullah, W., Ullah, A., Haq, I. U., Muhammad, K., Sajjad, M., & Baik, S. W. (2021). CNN features with bi-directional LSTM for real-time anomaly detection in surveillance networks. *Multimedia Tools and Applications*, 80, 16979-16995. <https://doi.org/10.1007/s11042-021-10631-7>
- Wójtowicz, A., Piekarczyk, J., Czernecki, B., & Ratajkiewicz, H. (2021). A random forest model for the classification of wheat and rye leaf rust symptoms based on pure spectra at leaf scale. *Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology*, 223, 112278. <https://doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2021.112278>
- Yar, H., Hussain, T., Khan, Z. A., Koundal, D., Lee, M. Y., & Baik, S. W. (2021). [Retracted] Vision sensor-based real-time fire detection in resource-constrained IoT environments. *Computational Intelligence and Neuroscience*, 2021, 5195508. <https://doi.org/10.1155/2021/5195508>
- Zhao, J., Fang, Y., Chu, G., Yan, H., Hu, L., & Huang, L. (2020). Identification of leaf-scale wheat powdery mildew (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) combining hyperspectral imaging and an SVM classifier. *Plants*, 9(8), 936. <https://doi.org/10.3390/plants9080936>