علی زمان میرآبادی
Zaman.a@arc-ordc.ir
رئیس مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر، شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

چالش‌های فراروی شناسایی ژن‌های مقاومت به عوامل بیماری‌زا در کلزا (بخش سوم)

Current Status and Challenges in Identifying Disease Resistance Genes in *Brassica napus*

در ادامه مطالب درج شده در خبرنامه شماره ۹۸، عنوان شد که حدود ۱۲ ژن بیماری‌زا در جمعیت‌های مختلف قارچ ساق سیاه کلزا گزارش شده است، اما اینکه تمامی این ژن‌ها با یکدیگر متفاوت باشد و یا اینکه برخی ممکن است شبیه یکدیگر ولی با عناوین مختلف نامگذاری شده باشند مشخص نیست و تحقیقات بیشتری در این خصوص باید انجام شود. این تردیدها مربوط به مطالعات محققان مختلف به دلیل تفاوت در نوع کراس‌ها، اختلاف در جدایه‌های قارچی و بعضا استفاده از نشانگرهای مختلف می‌باشد. به‌عنوان مثال ژن‌های LmR1، cRLMm، cRLMrb و LEM1 همگی در کروموزم شماره هفت در گونه براسیکا ارقام استرالیایی (Shiralee، Maluka، Skipton) و یک رقم فرانسوی (Major) به ترتیب شناسایی شده‌اند(Ferreira et al. 1995; Mayerhofer et al. 1997; Balesdent et al. 2001; Delourme et al. 2006). اگرچه تا زمانی که این ژن‌ها کلون نشوند مشخص نیست که این موارد یک جایگاه ژنی هستند یا خیر. زمانی اصلاحگران قادر خواهند بود برای تولید ارقام مقاوم برنامه‌ریزی نمایند، که بدانند چه منابعی از ژن‌های مقاوم باید استفاده کنند. مثال دیگر از یکسان بودن ژن‌ها ارتباط LepR3 در براسیکا با ژن بیماری‌زای AvrLm1 می‌باشد(Larkan et al. 2013). اگرچه مطالعات فنوتیپی نیز حاکی از ارتباط این ژن بیماری‌زا با ژن مقاومت Rlm1 است(Rouxel and Balesdent 2013) که بیانگر احتمال یکی بودن ژن اخیر با ژن مقاومت LepR3 می‌باشد. یا موضوع ارتباط بین ژن‌های مقاومت Rlm4 (Raman et al. 2012) و Rlm7 (West et al. 2002) بوده که نشان دهنده ارتباط ژن‌های بیماری‌زای AvrLm4 و AvrLm7 در پدیده فوق حساسیت در کلزا است. نتایج کلون این عملگرهای بیماری‌زا نشان می‌دهد که این دو ژن بیماری‌زا در واقع الل‌های یک ژن هستند که به صورت AvrLm4-7 نشان داده می‌شود. ارقامی که دارای یکی از ژن‌های مقاومت Rlm4 و یا Rlm7 هستند می‌توانند نسبت به جدایه‌های حامل یکی از این ژن‌های بیماری‌زا مقاوم باشند(Parlange et al. 2009). همچنین به نظر می‌رسد ژن‌های مقاومت Rlm3,Rlm4 و Rlm7 واریانت های الیک یک ژن بیماری‌زا باشند، چرا که تا کنون در یک رقم خالص یا یکدیگر مشاهده نشده‌اند(Delourme et al. 2004; Larkan et al. 2016; Plissonneau et al. 2017). لذا به نظر می‌آید در خصوص نام‌گذاری این ژن‌های بیماری‌زا باید تجدید نظر شود. نمونه دیگر، تشابه ژنی AvrLmJ1 و AvrLm5 بوده که این موضوع نیز باید بررسی شود (Plissonneau et al. 2017). در مقایسه با دیگر عوامل خسارت‌زا روی کلزا، بر روی ژن‌های بیماری‌زایی بیماری ساق سیاه کلزا کارهای بسیاری انجام شده است. برخی این ژن‌های بیماری زا نیز رابطه مستقیمی با یکدیگر دارند مثل ژن‌های avrLm6 و avrLm1. بنابراین بر این اساس توصیه می‌شود مثلا اگر ما زمانی از ارقام دارای ژن مقاومت Rlm1 استفاده کردیم رقم بعدی ما فاقد ژن مقاومت Rlm6 باشد و بالعکس.

ادامه دارد...

منابع

Balesdent, M. H., Attard, A., … & Ansan-Melayah, D. (2001). Genetic Control and Host Range of Avirulence Toward *Brassica napus* Cultivars Quinta and Jet Neuf in *Leptosphaeria maculans*. Phytopathology 91:70–76. doi: 10.1094/PHYTO.2001.91.1.70

Delourme, R., Chèvre, A. M., … & Brun, H. (2006). Major Gene and Polygenic Resistance to *Leptosphaeria maculans* in Oilseed Rape (*Brassica napus*). Eur J Plant Pathol 114:41–52. doi: 10.1007/s10658-005-2108-9

Delourme, R., Pilet-Nayel, M. L., …& Archipiano, M. (2004). A Cluster of Major Specific Resistance Genes to *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus*. Phytopathology 94:578–583. doi: doi:10.1094/PHYTO.2004.94.6.578

Ferreira, M. E., Rimmer, S. R., Williams, P. H., Osborn, T. C. (1995). Mapping loci controlling *Brassica napus* resistance to *Leptosphaeria maculans* under different screening conditions. Phytopathology 85:213–217

Larkan, N. J., Lydiate, D. J., …& Parkin. I. A. P. (2013). The *Brassica napus* blackleg resistance gene LepR3 encodes a receptor-like protein triggered by the *Leptosphaeria maculans* effector AVRLM1. New Phytol 197:595–605. doi: 10.1111/nph.12043

Larkan, N. J., Raman, H., …& Lydiate, D. J. (2016). Multi-environment QTL studies suggest a role for cysteine-rich protein kinase genes in quantitative resistance to blackleg disease in *Brassica napus*. BMC Plant Biol 16:183. doi: 10.1186/s12870-016-0877-2

Mayerhofer, R., Bansal, V. K., …& Thiagarajah, M. R. (1997). Molecular mapping of resistance to *Leptosphaeria maculans* in Australian cult ivars of *Brassica napus*. Gene 301:294–301

Parlange, F., Daverdin, G., …& Fudal, I. (2009). *Leptosphaeria maculans* avirulence gene AvrLm4-7 confers a dual recognition specificity by the Rlm4 and Rlm7 resistance genes of oilseed rape, and circumvents Rlm4-mediated recognition through a single amino acid change. Mol Microbiol 71:851–863. doi: 10.1111/j.1365-2958.2008.06547.x

Plissonneau, C., Blaise, F., … & Ollivier, B. (2017). Unusual evolutionary mechanisms to escape effector-triggered immunity in the fungal phytopathogen *Leptosphaeria maculans*. Mol Ecol 26:2183–2198. doi: 10.1111/mec.14046

Raman, R., Taylor. B., … & Marcroft, S. (2012). Molecular mapping of qualitative and quantitative loci for resistance to *Leptosphaeria maculans* causing blackleg disease in canola (*Brassica napus* L.). Theor Appl Genet 125:405–418. doi: 10.1007/s00122-012-1842-6

Rouxel, T., Balesdent, M. H. (2013). From model to crop plant-pathogen interactions: Cloning of the first resistance gene to *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus*. New Phytol. 197:356–358

West , J. S., Fitt, B. D. L. L., …& Leech, P. K. (2002). Effects of timing of *Leptosphaeria maculans* ascospore release and fungicide regime on phoma leaf spot and phoma stem canker development on winter oilseed rape (*Brassica napus*) in southern England. Plant Pathol 51:454–463. doi: 10.1046/j.1365-3059.2002.00726.x