

## چالش‌های فراوی شناسایی ژنهای مقاومت به عوامل بیماری‌زا در کلزا (بخش پنجم)

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

در ادامه مطالب درج شده در خبرنامه شماره ۱۰۱ در خصوص توارث ژنتیکی منابع مقاومت کمی و کیفی بیماری ساق سیاه کلزا، علی‌رغم نقشه یابی ژنتیکی تعدادی از منابع مقاومت در گیاه میزبان این بیماری (کلزا)، تاکنون فقط دو ژن مقاومت در کلزا کلون شده‌اند. یکی ژن LepR3 که در رقم کلزا Surpass 400 (حاصل تلاقی بین *B. oleracea* spp. *alboglabra* و *B. rapa* spp. *sylvestris*) (Larkan et al. 2013) و دیگری Rlm2، شکل دیگری از واریانت LepR3 که در رقم Glacier DH24287 وارد شده است (Larkan et al. 2015). بررسی مشخصات ژن LepR3 نشان می‌دهد این ناحیه ژنی عملکردی شبیه ژن Cf-9 در گوجه فرنگی که در مقاومت نسبت به قارچ آسکومیست *Cladosporium fulvum* نقش دارد (Jones et al. 1994)، همان عملکرد را نسبت به *L. maculans* نشان می‌دهد (Stotz et al. 2014). هر دو ژن LepR3/Rlm2 تحت عنوان گیرنده‌های شبه پروتئینی یا receptor like proteins (RLP) نام دارند که به ترتیب با عملگرهای عامل بیماری‌زا تحت عنوان AvrLm1 و AvrLm2 در سطح سلول‌های گیاهی واکنش نشان می‌دهند. این رده پروتئین‌های مقاومت در گیاهان، شبیه ژنهای رده NBS-LRRs نیستند، لذا این سوال مطرح خواهد شد که آیا RLPs به عنوان effector triggered immunity (ETI) یا عملگرهای همراه واکنش ایمنی در گیاه محسوب می‌شوند؟ در راستای شناسایی این نقطه مبهم، استوتز و همکاران (Stotz et al. 2014) تقسیم بندی جدیدی را برای این دسته از ژنهای مقاومت بیان می‌کنند مبنی بر اینکه مکانیسم دفاعی (ETD) effector-triggered defense که عملگرهای RLPs را درگیر می‌کند در سطح بیرون از سلول‌های سیتوپلاسمی میزبان عمل می‌کند. طیف وسیعی از مطالعات ژنومی گونه‌های براسیکا عمدتاً روی ژنهای NBS-LRR متمرکز شده‌اند در حالیکه باید بر روی RLPs و RLKs نیز مطالعات بیشتری انجام گیرد (Rameneni et al. 2015; Sekhwal et al. 2016; Li et al. 2015). تکنولوژی اخیر در توالی‌یابی ژنوم و مقایسه این توالی‌ها در گونه‌های نزدیک و یا ژنوم مرجع همان‌گونه، امکانات زیادی را برای نقشه یابی ژنتیکی در اختیار ما قرار می‌دهد (Bevan et al. 2017). با استفاده از ژنوم مرجع موقعیت فیزیکی نشانگرها در نقشه QTL های مرتبط با ژنهای مد نظر، تعیین خواهد شد (Zhang et al. 2016). اخیراً توالی‌های ژنومی گونه‌های مختلف براسیکا مانند: *B. rapa* (Wang et al. 2011; Cai et al. 2017) *B. oleracea* (Liu et al. 2014; Parkin et al. 2014) *B. nigra* (Yang et al. 2016) *B. napus* (Chalhoub et al. 2014; Bayer et al. 2017) و همچنین *B. nigra* (Yang et al. 2016) در دسترس می‌باشد. به موازت این پیشرفت‌ها، دسترسی به ابزارهای ژنتیکی سرعت زیادی در شناسایی دقیق‌تر منابع مقاومت ایجاد کرده است. مطالعات جدید با استفاده از روش Pan-genome توانسته اطلاعات زیادی را برای ما در جهت شناسایی تمامی ژنهای درگیر در فعالیت گیاهی فراهم نماید. به عنوان مثال در مطالعات انجام شده بر روی ۹ لاین *B. oleracea* تنها ۸۱ درصد کل ژنهای موجود در تمامی این گونه‌ها یکسان بودند (Golicz et al. 2016).

## منابع:

Bayer PE, Hurgobin B, Golicz AA, et al (2017) Assembly and comparison of two closely related *Brassica napus* genomes. *Plant Biotechnol J* 15:1602–1610. <https://doi.org/10.1111/pbi.12742>

Bevan MW, Uauy C, Wulff BBH, et al (2017) Genomic innovation for crop improvement. *Nature* 543:346–354. <https://doi.org/doi: 10.1038/nature22011>

Cai C, Wang X, Liu B, et al (2017) *Brassica rapa* Genome 2.0: A Reference Upgrade through Sequence Re-

assembly and Gene Re-annotation. *Mol. Plant* 10:649–651

**Chalhoub B, Denoeud F, Liu S, et al (2014)** Early allopolyploid evolution in the post-Neolithic *Brassica napus* oilseed genome. *Science* (80- ) 345:950–953. <https://doi.org/10.1126/science.1253435>

**Golicz AA, Bayer PE, Barker GC, et al (2016)** The pangenome of an agronomically important crop plant *Brassica oleracea*. *Nat Commun* 7:. <https://doi.org/10.1038/ncomms13390>

**Jones D, Thomas C, Hammond-Kosack K, et al (1994)** Isolation of the tomato Cf-9 gene for resistance to *Cladosporium fulvum* by transposon tagging. *Science* (80- ) 266:789–793 <https://doi.org/10.1126/science.7973631>

**Larkan NJ, Lydiate DJ, Parkin IAP, et al (2013)** The *Brassica napus* blackleg resistance gene *LepR3* encodes a receptor-like protein triggered by the *Leptosphaeria maculans* effector AVR<sub>LM1</sub>. *New Phytol* 197:595–605. <https://doi.org/10.1111/nph.12043>

**Larkan NJ, Ma L, Borhan MH (2015)** The *Brassica napus* receptor-like protein RLM2 is encoded by a second allele of the *LepR3/Rlm2* blackleg resistance locus. *Plant Biotechnol J* 13:983–992 <https://doi.org/10.1111/pbi.12341>

**Li P, Quan X, Jia G, et al (2016)** RGAugury: a pipeline for genome-wide prediction of resistance gene analogs (RGAs) in plants. *BMC Genomics* 17:852. <https://doi.org/doi:10.1186/s12864-016-3197-x>

**Liu S, Liu Y, Yang X, et al (2014)** The *Brassica oleracea* genome reveals the asymmetrical evolution of polyploid genomes. *Nat Commun* 5:3930. <https://doi.org/doi:10.1038/ncomms4930>

**Parkin IAP, Koh C, Tang H, et al (2014)** Transcriptome and methylome profiling reveals relics of genome dominance in the mesopolyploid *Brassica oleracea*. *Genome Biol* 15:R77. <https://doi.org/10.1186/gb-2014-15-6-r77>

**Rameneni JJ, Lee Y, Dhandapani V, et al (2015)** Genomic and post-translational modification analysis of leucinerich-repeat receptor-like kinases in *Brassica rapa*. *PLoS ONE* 10:e0142255. <https://doi.org/doi:10.1371/journal.pone.0142255>

**Sekhwil MK, Li P, Lam I, et al (2015)** Disease resistance gene analogs (RGAs) in plants. *Int J Mol Sci* 16:19248–19290. <https://doi.org/doi:10.3390/ijms160819248>

**Stotz HU, Mitrousia GK, de Wit PJGM, Fitt BDL (2014)** Effector-triggered defence against apoplastic fungal pathogens. *Trends Plant Sci* 19:491–500. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.04.009>

**Wang X, Wang H, Wang J, et al (2011)** *Brassica rapa* genome sequencing project consortium. The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. *Nat Genet* 43:1035–1039. <https://doi.org/doi:10.1038/ng.919>

**Yang J, Liu D, Wang X, et al (2016)** The genome sequence of allopolyploid *Brassica juncea* and analysis of differential homoeolog gene expression influencing selection. *Nat Genet* 48:1225–1232. <https://doi.org/10.1038/ng.3657>

**Zhang Y-M, Shao Z-Q, Wang Q, et al (2016)** Uncovering the dynamic evolution of nucleotide-binding site-leucinerich repeat (NBS-LRR) genes in Brassicaceae. *J Integr Plant Biol* 58:165–177. <https://doi.org/doi:10.1111/jipb.12365>

ادامه دارد ...