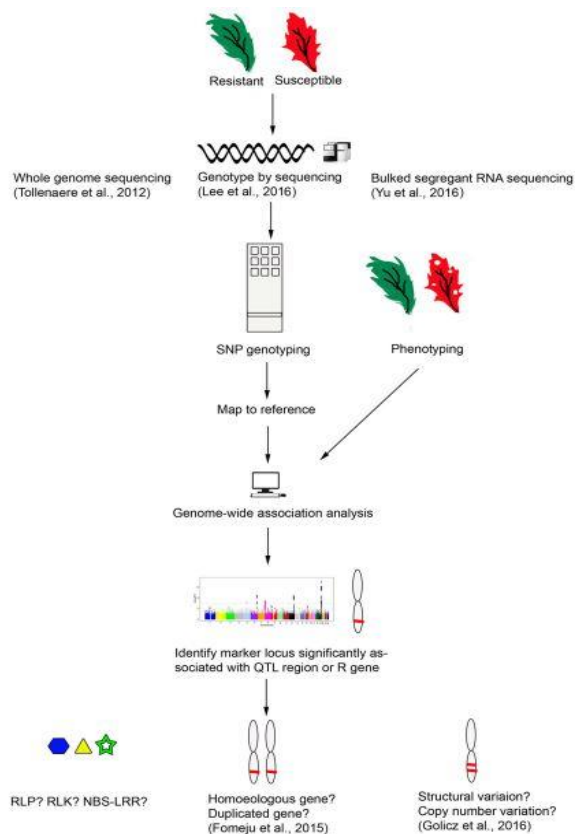


## چالش های فراروی شناسایی ژنهای مقاومت به عوامل بیماری زا در کلزا (بخش ششم)

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



در ادامه مطالب درج شده در خبرنامه شماره ۱۰۲، در خصوص معرفی منابع ژنتیکی مقاومت در کلزا و سهولت نقشه یابی این منابع در گیاهان با توجه به پیشرفتهای اخیر در حوزه ژنومیک مطالبی عنوان شده که در این خصوص و در این شماره تصویر شماتیکی از مراحل ردیابی ژن های مقاومت نشان داده شده است. در ادامه به معرفی ژنهای بیماریزا در عامل بیماری زای *Leptosphaeria maculans* و تنوع آنها پرداخته خواهد شد. ۱۶ ژن و ناحیه بیماریزا در نژادهای بیمارگر *L. maculans* از سال ۲۰۰۲ تا کنون شناسایی شده اگرچه هنوز جایگاه ژنی چهار مورد (*AvrLepR1*، *AvrLepR2*، *AvrLepR3*، *AvrLepR4*) از نواحی ژنتیکی مذکور به طور کامل شناسایی نشده است اما سایر ژن های بیماری زا توسط پژوهشگران مختلف به شرح جدول ذیل معرفی و تایید شده اند.

Gene	Publication	Gene	Publication
AvrLm1	Gout <i>et al.</i> , 2006	AvrLm7	Balesdent <i>et al.</i> , 2002; Parlange <i>et al.</i> , 2009
AvrLm2	Ghanbarnia <i>et al.</i> , 2015	AvrLm8	Balesdent <i>et al.</i> , 2002
AvrLm3	Plissonneau <i>et al.</i> , 2016	AvrLm9	Balesdent <i>et al.</i> , 2005
AvrLm4-7	Parlange <i>et al.</i> , 2009	AvrLm10	Petit <i>et al.</i> , 2016
AvrLm5 later known as AvrLmJ1	Van de Wouw <i>et al.</i> , 2014; Plissonneau <i>et al.</i> , 2017b	AvrLm11	Balesdent <i>et al.</i> , 2013
AvrLm6	Fudal <i>et al.</i> , 2007	AvrLmS	Van de Wouw <i>et al.</i> , 2009

همانطور که در مطلب شماره قبل نیز عنوان شد مطالعات بین ژنومیک اطلاعات خوبی را برای محققین جهت بررسی بهتر ساختارهای ژنومی در ژنوم براسیکا با بهره گیری از توالی یابی کامل ژنوم و تجزیه و تحلیل اطلاعات مربوط به بیان ژن ها و تحقیقات متیلشن به خصوص مبانی مربوط به مقاومت فراهم می کند (Parkin *et al.*, 2014; Golicz *et al.*, 2016). تنوع تعداد نسخه های ژنی (CNV)

به خصوص در ژنهای مقاومت علیه بیماری ساق سیاه کلزا از دیگر مواردی است که توسط محققین مختلف در حال بررسی و پژوهش است (Batley et al. 2016). علاوه بر کلزا در سایر محصولات نیز مثل غلات (ذرت و برنج)، سویا و خانواده سیب زمینیان (بادمجانیان) نیز این نوع مطالعات ژنومی برای شناسایی حداکثری ژن های بیماریزا در حال انجام است (Springer et al. 2009; McHale et al., 2012; Saxena et al., 2014; Wei et al., 2016)

#### چالش‌های مربوط به ژنوم کلزا

گیاه کلزا در نتیجه یکسری فرایندهای پلوئیدی شدن ایجاد گردیده و از طرفی تاریخچه تکاملی چندان قدیمی هم ندارد (Mason and Snowdon 2016). پس از یکسری تغییراتی که در اجدا دیپلوئید کلزا (*B. oleracea* و *B. rapa*) و یکسری دگرگونی‌های افزایشی و کاهش‌ی ژنومی و تغییرات ساختاری که در آن رخ داده شده، گونه‌های امروزی کلزا ایجاد گردیده است (Town et al., 2006). علی رغم پیچیدگی‌های ژنومی گونه‌های براسیکا در حال حاضر از این گیاهان نیز به عنوان گیاهان مدل استفاده می‌شود (Liu et al., 2014). مطالعات ژنومی روی ژن های مشابه نشان داد کلزا در مقایسه با دو گونه اجدادی خود تنوع ژنتیکی کمتری دارد.

#### منابع

- Batley J, Dolatabadian A, Yang H, et al (2016) “The more the merrier? Investigating copy number variation in Brassica disease resistance,” in Plant and Animal Genome. Conf Asia
- 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>
- 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/10.1038/ncomms4930>
- Mason AS, Snowdon RJ (2016) Oilseed rape: learning about ancient and recent polyploid evolution from a recent crop species. Plant Biol 18:883–892. <https://doi.org/10.1111/plb.12462>
- McHale LK, Haun WJ, Xu WW, et al (2012) Structural Variants in the Soybean Genome Localize to Clusters of Biotic Stress-Response Genes. Plant Physiol 159:1295–1308. <https://doi.org/10.1104/pp.112.194605>
- 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>
- Saxena RK, Edwards D, Varshney RK (2014) Structural variations in plant genomes. Brief Funct Genomics 13:296–307. <https://doi.org/10.1093/bfpg/elu016>
- Springer NM, Ying K, Fu Y, et al (2009) Maize inbreds exhibit high levels of copy number variation (CNV) and presence/absence variation (PAV) in genome content. PLoS Genet. 5:e1000734. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1000734>
- Town CD, Cheung F, Maiti R, et al (2006) Comparative Genomics of Brassica oleracea and Arabidopsis thaliana Reveal Gene Loss, Fragmentation, and Dispersal after Polyploidy. Plant Cell 18:1348–1359. <https://doi.org/10.1105/tpc.106.041665>
- Wei C, Chen J, Kuang H (2016) Dramatic Number Variation of R Genes in Solanaceae Species Accounted for by a Few R Gene Subfamilies. {PLOS} {ONE} 11:e0148708. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148708>

ادامه دارد ...