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 دوم)

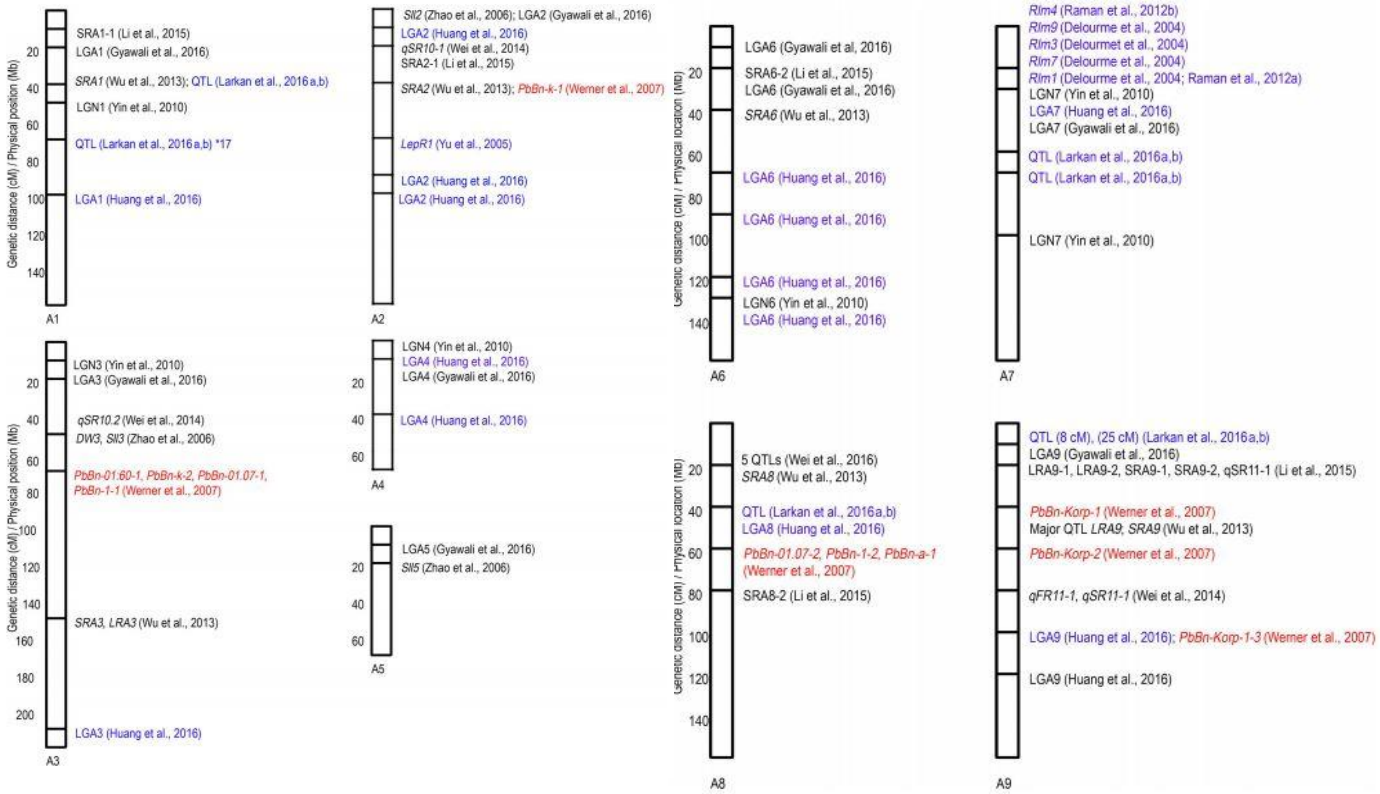
Current Status and Challenges in Identifying Disease Resistance Genes in Brassica napus (part tow)

در ادامه مطالب قبلی و بیان و تفکیک ژن‌های مقاومت در گیاهان می‌بایست عنوان نمود که ژن‌های تخصصی بروز مقاومت در گیاهان(R) در مقابل عملگرهای عامل بیمارگر زمانی بیان می‌شوند که این پاتوژن به‌طور اختصاصی با گیاه میزبان ارتباط داشته باشند. این ایمنی اختصاصی گیاه میزبان در مقابل عامل بیمارگر را ETI[1] می‌نامند که باعث مرگ موضعی سلول‌های آلوده و نهایتاً یک واکنش فوق حساسیت (HR[2]) خواهد شد. عمدتاً گیاهان در پاسخ به عوامل بیمارگر دارای مقاومت از نوع عمومی یا همان PTI[3] هستند که در مطالب بخش اول بدان اشاره گردید هستند، بدین صورت که این مقاومت یک مقاومت عمومی در مقابل تمامی عوامل بیمارگر می‌باشد. اگرچه سیستم‌ها و مکانیسم‌های دیگری از مقاومت مثل تولید دامنه‌ایی از هورمون‌ها در گیاهان وجود دارد که تأثیر این دسته نیز در تحمل یا مقاومت گیاهان به اثبات رسیده است. از این گروه می‌توان به جاسمونات‌ها[4]، سالیسیلات‌ها[5]، اتیلن[6]، آبسیزیک‌اسید[7] و براسینواستروئیدها[8] اشاره نمود. این نوع مقاومت را مقاومت اکتسابی سیستمیک SAR[9] نیز می‌گویند که دامنه تأثیر گسترده و طولانی مدتی نیز دارد. برخی بررسی‌ها نیز نشان می‌دهد مکانیسم ژن‌های مقاومت R در تنظیم مقاومت اکتسابی هورمونی نیز تأثیرگذار بوده است. در گیاه کلزا هر دو نوع مقاومت R و QTL در بروز مقاومت از جانب گیاه در مقابل پاتوژن‌های کلیدی اشاره شده در بخش اول این مقاله در بولتن قبلی (شماره ۹۷) نقش دارند. اگرچه تحقیقات اخیر انجام شده در حوزه ژنومیک ژن‌های مقاومت در کلزا ابزارهای خوبی را در اختیار محققین برای بررسی عملکرد این مکانیسم‌ها گذاشته است. در این مقاله نیز به بررسی مجموعه مطالعات اخیر در خصوص ژن‌های مقاومت R بر روی طیفی از گونه‌های براسیکا با تمرکز بر چهار عامل بیمارگر ریشه گرزی خاجیان، ساق سیاه کلزا، پوسیدگی سفید ساقه کلزا و سفیدک داخلی پرداخته خواهد شد. در این مقاله به بررسی منابع ژنی مقاومت برای هر بیمارگر بر اساس نواحی نقشه‌یابی شده در میزبان‌های گونه‌های کلزا و امکان استفاده از این منابع در برنامه‌های اصلاحی با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیک پرداخته خواهد شد. اولین مطالعات انجام شده در خصوص بیماری ساق‌سیاه کلزا بر می‌گردد به دهه ۱۹۷۰ در غرب استرالیا که یک میزان زیادی از خسارت بر روی ارقام حساس به بیماری مشاهده گردید. متعاقباً در دهه ۲۰۰۰ با شکستن مقاومت در یکی از ارقام کلزا خسارت‌های ناشی از این بیماری گسترش یافت. این بیماری در انگلستان، کانادا و اروپا نیز خسارت‌های زیادی را ایجاد نموده است و این درحالی است که نژادهای موجود در چین و بخشی از نیوزلند عمدتاً مربوط به گونه غیرمهاجم هستند. مقالات مربوط به

[1] Effector-triggered immunity
[2] Hypersensitive response
[3] PAMP-triggered immunity
[4] jasmonates
[5] salycylates
[6] ethylene
[7] Abscisic acid
[8] brassinosteroids
[9] Systemic acquired resistance

ژن‌های مقاومت به خصوص مقاومت کمی در کلزا نسبت به بیماری ساق‌سیاه در حال افزایش است که برای این منظور می‌بایست یک ارتباط بین مطالب ارائه شده از قبل تاکنون برای پر کردن این خلا زمانی ایجاد نمود. تاکنون ۱۲ ژن مقاومت در کلزا شناسایی شده و اکثراً نیز در ژنوم کلزا نقشه‌یابی شده‌اند. مجموعه مقالات مربوط به گزارش ژن‌های مقاومت ۱۲ گانه در کلزا و جایگاه ژن‌های مقاومت بر روی کروموزوم‌های A و C کلزا

- B. napus (GWAS panel of 179 accessions from DH population SAgS described in Raman R. et al. (2016), evaluated for resistance against 12 single spore isolates): Major R gene for adult plant resistance Rlm12 on chromosome A1 (Raman H. et al., 2016) Allelic variant Rlm2 (Larkan et al., 2015)
- B. napus (DH populations from cultivar "AG-Castle" and "AV-Sapphire" (R) × "Topas" (S), field experiment in Australia): Three QTL for adult plant resistance on chromosome A1, A8, A9, and C6 where candidate genes include cysteine-rich receptor-like kinases on A1 (Larkan et al., 2016a)LepR3 (Larkan et al., 2013)
- B. napus (DH lines from BnaDYDH mapping population derived from "Darmor-bzh"(R) × "Yudal" (S) and developed in France, field experiments in the UK and France): 17 QTL for adult plant resistance across 13 LGs (Huang et al., 2016)
- B. napus (Worldwide accessions from Germplasm Resources Information Network, using PG-4 isolate): one major QTL on chromosome A1 (Rahman M. et al., 2016)
- B. napus ("DH12075" derived from cultivar "Cresor" that has R gene LmR1 × Westar, (S) using natural ascospores released from infected stubble): LepR4 recessive on A genome (Yu et al., 2013)
- B. napus (186 DH population SASDH, derived from Rlm4 cultivar "Skipton" and "Ag-Spectrum," using 11 single spore isolates from the national blackleg isolate collection in Australia): Single major gene Rlm4 mapped on chromosome A7 (Raman et al., 2012b). Characterization of Rlm4 candidate genes in the same population (Tollenaere et al., 2012)
- B. napus (DH "Maxol" and "Columbus"): Mapped Rlm1 on chromosome A7 (Raman et al., 2012a) - B. napus (SASDH population derived from "Skipton"/"Ag-Spectrum," using Australian isolates): Rlm4 major qualitative locus mapped on chromosome A7 (Raman et al., 2012b)
- B. napus (Mapping populations of cultivar "Surpass 400" (R) × "Westar" (S), using isolate 87-41): BLMR1 and BLMR2, single major gene on chromosome N10 (Long et al., 2011)
- B. napus (Two different mapping populations,"DH12075" from cultivar "Cresor" (R) × re-synthesized line "PSA12" (S) and "Shiralee" (R) × "PSA12" (S), using unknown source of isolate): ClmR1 same genetic interval as LmR1 on chromosome A7 (Mayerhofer et al., 2005)
- B. napus (Mapping population of cultivars carrying published Rlm gene, using isolate PHW1245 (IBCN74) and IBCN56): Rlm9 single gene control (Delourme et al., 2004)
- B. napus (Cultivar "Surpass 400," using 31 isolates from Canada, Australia, Europe, Mexico and USA comprising PG2-4): LepR3 single dominant allele, same linkage group as LepR2 on the A genome (Li and Cowling, 2003; Yu et al., 2008)
- B. napus (DH population, "DHP95" and "DHP96" with resistance introgressed from B. rapa subsp. sylvestris, using 30 isolates from Canada, Australia, Europe, and Mexico): LepR1 (complete, inhibit growth) and LepR2 (incomplete, reduced growth) on A genome chromosome A2 and A10 respectively (Yu et al., 2005)
- B. napus (Cultivars based on published differential set, using isolates from France, Australia, New Zealand, England and Portugal): Rlm3, Rlm7 single gene control (Balesdent et al., 2002)
- B. napus (DH and F2 : 3 populations from "Darmor" (R) × "Samourai" (S), field experiment in France): 16 genomic regions for field resistance (Pilet et al., 1998, 2001)
- B. napus (Cultivar "Doublol," "Vivol," "Columbus," and "Capitol," "Jet Neuf," using isolate PG2-4): Rlm4 linked to Rlm1 (Balesdent et al., 2001)
- B. napus (DH from cultivar "Maluka," "Cresor," and "RB87-62" × "Westar" (S), using isolate PG2): cRLMm, cRLMrb cited in single resistance gene at cotyledon stage and, aRLMc and aRLMrb adult stage linked to cRLMm and cRLMrb (Rimmer et al., 1999)
- B. napus (Cultivar "Westar," "Quinta," and "Glacier," using isolate PG2, PG3, and PG4): Rlm1 single dominant gene (Ansan- Melayah et al., 1995; Ansan-Melayah et al., 1998)
- B. napus (Cultivar "Westar," "Quinta," and "Glacier," using isolate PG2-4): Rlm2 single dominant gene (Ansan-Melayah et al., 1998)
- B. napus (DH population from cultivar "Shiralee" and "Maluka" (R) × advanced breeding lines (S), using five single spore virulent isolates collected from provinces in Canada): LmR1 single major locus, could be linked/identical (Mayerhofer et al., 1997)
- B. napus (DH population from cultivar "Major" (R) × "Stellar" (S), using isolate PHW1245): LEM1 single major locus (Ferreira et al., 1995)
- B. napus (DH from cultivar "Cresor" (R) × "Westar" (S), using canola residues infected with virulent L. maculans and pycnidiospores of isolate Leroy): LmFr1 single major gene (Dion et al., 1995)
- B. rapa (Accession "02-159-4-1" (R) × DH "Z1" (S), and with "Darmor" and "Eurol," using 31 isolates from the IBCN and IMASCORE collections): Rlm11 single gene introgressed into B. napus (Balesdent et al., 2013)
- B. rapa (Line "156-2-1"): Rlm8 single control (Balesdent et al., 2002)
- B. juncea (Cultivar "Aurea" and "Picra"): Rlm5 and Rlm6 epistatic interaction (Balesdent et al., 2002)
- B. juncea (F2 population from F1 progeny of Cultivar "AC Vulcan" × Inbred line "UM3132," using PG2 isolate): Two independent genes, one dominant and one recessive (Christianson et al., 2006)



ادامه نقشه ژنتیکی جایگاه ژن‌های مقاومت بر روی کروموزوم‌های A و C کلزا