

## Using wild relatives and related species to build climate resilience in *Brassica* crops

### مقدمه

تغییرات آب و هوایی سبب تشدید وقایع آب و هوایی و افزایش جوامع آفات و بیماری‌ها خواهد شد. افزایش غلظت گازهای گلخانه‌ای در نتیجه‌ی فعالیت های صنعتی، از طریق اثر گلخانه‌ای، سبب گرم‌تر شدن کره‌ی زمین می‌شود. دمای کره‌ی زمین تا سال ۲۰۵۰ براساس سیاست‌های نادرست آب و هوایی، باعث افزایش دمای کره‌ی زمین از ۰/۴ الی ۲/۶ سانتی‌گراد خواهد شد (IPCC; 2014). این افزایش دما، موجب افزایش امواج گرمایی می‌شود (Shukla et al. 2019). تنش حرارتی به‌واسطه‌ی تخریب غشای سلولی و پایداری پروتئین، محدود شدن رشد گیاه در تمام مراحل نمو، بویژه مرحله‌ی گلدهی تاثیر منفی بر رشد گیاه دارد (Bita and Gerats 2013; Bailey-Serres et al. 2019). در میان اثرات مستقیم، افزایش دما می‌تواند دو اثر جانبی نامطلوب دیگر بر آب و هوای محلی داشته باشد: در دماهای بالاتر، ظرفیت نگهداری رطوبت در هوا به ازای هر درجه، ۷٪ افزایش خواهد یافت، که این مورد می‌تواند موجب افزایش وقوع باران‌های سنگین و احتمال وقوع روان‌آب و سیل شود (Trenberth 2011; Kodra et al. 2020). در عین حال، افزایش تبخیر موجب تسریع خشکی خاک و احتمال خشکسالی‌ها می‌شود (Trenberth 2011; Lu et al. 2019). این که کدام نتیجه محتمل‌تر است به فصل و منطقه‌ی جغرافیایی بستگی دارد.

### استفاده از خویشاوندان وحشی و گونه‌های مرتبط برای بهبود گیاهان زراعی در براسیکا

خانواده‌ی براسیکاسه تحت عنوان خردل یا کروسیفر، خانواده‌ای از گیاهان گلدار می‌باشد که شامل ۳۳۸ جنس و ۳۷۰۹ گونه است (Al-Shehbaz et al. 2006; Warwick et al. 2006). این خانواده شامل چندین گونه‌ی مستعد برای پژوهش‌های علمی هستند که شامل گیاهان مدلی مانند *Arabidopsis thaliana*، *Raphanus sativus* (radish)، *Eruca sativa*، *Sinapis alba* (mustard seed) و *Brassica napus* (rapeseed) می‌باشد. برخی از گونه‌ها نظیر *Aurinia saxatilis* (basket-of-gold)، *Iberis sempervirens* (candytuft)، *Matthiola incana* (stocks)، *Erysimum cheiri* (wallflowers) and *Lunaria annua* (honesty) بعنوان گیاهان زینتی بکار می‌روند. زیر خانواده‌ی (قبیله) براسیکا (Brassicaceae) یکی از ۴۹ عضو در این خانواده می‌باشد و گروهی شامل تعدادی از دودمان فیلوژنیک منشأ گرفته از یک کلاس (clade) می‌باشد. این قبیله شامل گونه‌هایی با سطوح پلوئیدی متفاوت بوده که در ۸۰٪ گونه‌ها عدد هاپلوئیدی از  $n=6$  تا  $n=75$  متغیر است (Warwick and Anderson 1993). جنس براسیکا در این قبیله از ۳۷ گونه تشکیل شده که اکثر گونه‌های زراعی در این جنس قرار دارند (Gomez; Campo. 1980). رابطه‌ی نزدیک میان گونه‌های این جنس، همراه با خویشاوندان وحشی فراوان و گونه‌های مینیاتوری در این قبیله گسترده، آن را به مدلی جالب توجه برای پژوهش‌های دورگ‌گیری به منظور بهبود تولید گیاهان زراعی تبدیل کرده است (Katche et al. 2019).

مثلث یو انتشار یافته توسط سیتولوژیست کره‌ای، Nagaharu U (U 1935)، روابط تکاملی و کروموزومی میان ژنوم‌های A, B, C گونه‌های دیپلوئید (*B. rapa* (AA, 2n = 20; turnip rape, turnip, Chinese cabbage, Pak choi) و *B. oleracea* (BB, 2n = 16; black mustard) CC, 2n = 18; cabbage, cauliflower, broccoli, kale, ) و *B. carinata* (AABB, 2n = 34; Abyssinian or Ethiopian) و آلوتتراپلوئیدهای (kohlrabi, Brussels sprouts BBCC, 2n = 36; ) *B. juncea* و *B. napus* (AACC, 2n = 38; oilseed rape, spring rape, swede) (mustard Indian or brown mustard) را نشان می‌دهد. Oilseed rape، Rapeseed یا کانولا (Canadian Oil Low Acid) سومین دانه روغنی مهم در جهان می‌باشد. Oilseed rape عموماً به هر عضو از جنس براسیکا (عموماً *B. rapa*، *B. napus*، *B. juncea*، درحالی‌که عموماً اشاره به rapeseed به *B. napus* دارد) اطلاق می‌شود که برای تولید روغن خوراکی کشت می‌شوند. بدنال برنامه‌های اصلاحی متعدد، Rapeseed به لاین‌هایی با اروسیک اسید پائین (کمتر از ۲٪)، محتوای گلوکوزینولات پائین (کمتر ۳۰ میکرومول بر گرم در کنجاله) و عملکرد بالا مبدل گردید و بعنوان منبع روغن خوراکی گیاهی، اهمیت اقتصادی زیادی پیدا کرد. ویژگی‌هایی که سبب می‌شود تا روغن کانولا گزینه‌ای مناسب برای متخصصین تغذیه و مصرف کنندگان در سراسر دنیا می‌شود، شامل محتوای بالای اسید چرب غیر اشباع چند زنجیره‌ای لینولنیک اسید (سرشار از امگا ۳، ۱۰٪) و اولئیک اسید بالا، ۶۰٪ می‌باشد (Iniguez-Luy and Federico 2011; Friedt et al. 2018). از سوی دیگر این گونه (*B. napus*) بدلیل عملکرد بالا و کیفیت بالای بذر توسط مهاجرین از اروپا (زیستگاه اولیه) به سایر نقاط جهان فرستاده شد (Zou et al. 2010) و در نتیجه پروژه‌های اصلاحی و انتخاب‌های صورت گرفته تنوع ژنتیکی در خزانه‌ی ژنی این محصول کاهش یافت (Snowdon and Luy 2012). به هر حال تعادل در مصرف جنس براسیکا باید حفظ شود، زیرا در سطح جهانی بعد از حذف استفاده از روش کنترل شمیایی توسط اتحادیه‌ی اروپا، ارزش براسیکای علوفه‌ای از کلزای زراعی (*B. napus*) پیشی گرفته است.

### صفات مفید شناسایی شده در گیاهان زراعی جنس براسیکا و آل‌های وحشی

هر شش گونه‌ی زراعی این جنس شامل صفات زراعی منحصر به فردی هستند که برای بهبود کولتیوارهای برتر و یا غنی‌سازی خزانه‌های ژنی درون گونه‌ای مورد استفاده قرار گیرند. درحالی‌که هر گونه اغلب با فنوتیپ‌های خاص همراه است، بعنوان مثال *B. napus*، به دانه روغنی با عملکرد بالا شناخته می‌شود و *B. oleracea* برای مصارف سبزیجات بسیار معروف است (Cheng et al. 2016). در هر یک از این گونه‌ها تعداد زیادی صفات مطلوب وجود دارد که در بین گونه‌های خویشاوند نزدیک قابل انتقال هستند.

### صفات مقاومت به بیماری

مقاومت به بیماری‌ها می‌تواند توسط یک ژن ("R-gene") و یا چند ژن با اثرات کوچک (quantitative resistance) کنترل شود. اگرچه تعدادی از گونه‌ها دارای ژن (های) مقاومت به بیماری بودند ولی تحت شرایط ناشی از فشار انتخابی، مقاومت این ژن‌ها شکسته شد، بنابراین لزوم احیای گونه‌های مقاوم به بیماری، فرایندی پویا خواهد بود. بیماری پوسیدگی ریشه، از بیماری-

های مهم در کولتیوارهای براسیکا می‌باشد (Dixon 2009). مقاومت به این بیماری در *Brassica rapa* دیده شده است (Karling and Karling 1942; Piao et al. 2009; Zhang et al. 2015a). در آزمون غربالگری در گونه‌های مختلف (*B. rapa*, *B. nigra*, *B. oleracea*, *B. napus*, *B. juncea*, and *B. carinata*) بیشتر منابع مقاومت در *B. juncea* یا *B. oleracea*, *B. rapa* and *B. napus* وجود داشتند (ولی هیچ منبع مقاومتی در *B. juncea* یا *B. carinata* یافت نشد) (Fredua & Agyeman et al. 2019). پوسیدگی ساقه‌ی اسکروتینیا یکی دیگر از بیماری‌های شایع در گونه‌های این جنس می‌باشد که منجر به کاهش عملکرد محسوس می‌گردد. مقاومت به این بیماری در *B. oleracea* (Mei et al. 2011, 2013) و *B. napus* (Taylor et al. 2015) مشاهده شده است، در مقابل در *B. juncea* (Li et al. 2009) حساسیت بالایی یافت شده است. اخیراً مقاومت به این بیماری در گونه‌های دارای ژنوم C یافت می‌شود، که از طریق روش پل هیبریدی هگزاپلوئید بین گونه‌ای به *B. napus* منتقل شد (Mei et al. 2015, 2020). بیماری ساق سیاه (فوما) از دیگر بیماری‌های مهم می‌باشد که هر ساله خسارات زیادی را به محصول کلزا وارد می‌آورد. یکی از راه‌های کنترل این بیماری استفاده از کولتیوارهای مقاوم است، بنابراین توسعه‌ی ارقام مقاوم یک استراتژی کارا در این بحث می‌باشد. ژن‌های مقاومت در *B. napus* (Delourme et al. 2006; Rimmer 2006; Light et al. 2011) و *B. rapa* (Yu et al. 2005, 2008) یافت شده‌اند. تا به امروز ژن مقاومتی در ژنوم C یافت نشده است، اگر چه در مطالعات بیوانفورماتیکی اخیر مواردی پیشنهاد شده است (Ferdous et al. 2020).

### دورگ‌گیری برای بهبود گیاهان زراعی در جنس براسیکا

تنوع ژنتیکی درون و بین گونه‌ای پیش‌نیاز به‌نژادی گیاهی است. به‌منظور افزایش عملکرد، افزایش مقاومت به بیماری و اصلاح کیفیت روغن در مصارف تغذیه‌ای و صنعتی، معرفی منابع جدید واجد تنوع ژنتیکی در وارته‌های برتر کنونی، امری ضروری می‌باشد (Allender and King 2010). در خانواده‌ی براسیکاسه، تنوع جدید بوسیله‌ی دورگ‌گیری کولتیوارهای سازگار شده، گونه‌های وحشی و توده‌ی بومی یا ژرم پلاسم خارجی نظیر گونه‌های متفاوت قابل دستیابی است (Friedt et al. 2018). رویکردهای متفاوتی برای انتقال صفات از طریق دورگ‌گیری بین گونه‌ای وجود دارد. موفقیت در تلاقی بین دو والد با مشاهده‌ی جوانه‌زنی دانه‌گرفته، رشد لوله‌گرفته، توسعه‌ی جنین و تشکیل دانه تعیین می‌شود (Bhat and Sarla 2004).

### انتقال صفات مفید از خویشاوندان وحشی به گونه‌های زراعی: چگونه انجام می‌شود؟

اولین گام در انتقال صفات مفید از خویشاوندان وحشی به محصولات زراعی این است که مشخص شود کدام ژرم پلاسم وحشی حامل صفت مورد نظر است و اینکه مبنای ژنتیکی این صفت چگونه است. در حالت ایده‌آل، ژرم پلاسم هدف در همان گونه قرار داشته و این صفت تحت کنترل یک مکان ژنی بزرگ اثر قرار دارد. متأسفانه این وضعیت به ندرت یافت می‌شود. اولاً، بسیاری از گونه‌های که از لحاظ خویشاوندی اینبرد (خالص) هستند، فاقد تنوع ژنتیکی و صفاتی لازم برای بهبودهای اختصاصی هستند. در جنس *Brassica*، این امر به ویژه در گونه‌های اصلی زراعی (*B. napus*) کلزا صادق است، که هیچ گونه "وحشی" برای آن وجود ندارد (Dixon, 2007) و برای مثال تصور می‌شود که مقاومت کمی در برابر حشرات وجود نداشته

باشد (Rimmer, 2006; Lefon et al. 2007) از این رو، اغلب لازم است به مخزن ژرم پلاسم اولیه برای صفات نگاه کنید. ثانياً، اگرچه برخی از صفات اغلب توسط ژن‌های اصلی کنترل می‌شوند، مانند مقاومت در برابر بیماری ساق سیاه/فوما (Fletcher et al. 2015, 2016; Zhu et al. 2016) یا تحمل به خشکی (Lefon et al., 2007, Remmer, 2006) زمان رشد (Schiessl et al. 2015) و عملکرد (Zhou et al. 2014; Luo et al. 2017) معمولاً محصول چندین ژن، عوامل ژنتیکی یا شبکه‌های ژنی هستند. بر این اساس بهتر است صفاتی داشته باشیم که: الف) در گونه‌های نزدیک به هم وجود داشته باشند. ب) توسط یک مکان ژنی منفرد کنترل شوند، در این حالت انتقال صفات از ژرم پلاسم وحشی به گونه‌های زراعی آسان تر است. انتقال فیزیکی مواد ژنتیکی بین دو گروه ژرم پلاسمی معمولاً باید از طریق یک یا چند کراسینگ اوور بین کروموزوم‌ها در هیبریدی که بین آنها تولید شده است انجام شود که (معمولاً) ۵۰٪ ماده ژنتیکی هر یک از والدین را دارا می‌باشد.

### افزایش شانس معرفی صفات مفید در گیاهان زراعی برای افزایش تاب‌آوری شرایط آب و هوایی

برای تسهیل انتقال مکان‌های ژنی و صفات مورد علاقه از خویشاوندان وحشی به محصولات برای ایجاد انعطاف‌پذیری نسبت به شرایط آب و هوایی، چه کاری می‌توانیم انجام دهیم؟ برنامه ریزی تجربی خوب و دانش قبلی کلید بهبود میزان موفقیت است. اگرچه در برخی موارد اطلاعات بسیار کمی در مورد کنترل ژنتیکی صفت یا فنوتیپ مورد نظر، سهولت تولید ارقام هیبرید، فراوانی توزیع کراسینگ اوور در هیبریدهای بین گونه‌ای وجود دارد، در بسیاری از مواقع حداقل برخی از این اطلاعات باید از قبل شناخته شده باشند و می‌توان از آنها برای پیش بینی زمان و تلاش احتمالی مورد نیاز برای دستیابی به این اهداف استفاده کرد. پیش‌بینی می‌شود که پیشرفت‌های اخیر در تکنیک‌های ژنومیک و بیوانفورماتیک کمک زیادی در این زمینه کند.

موفقیت در انتقال صفات مرتبط از نظر زراعی بین گونه‌ها به عواملی مانند شباهت بین ژنوم منبع (به عنوان مثال خویشاوندان وحشی) و ژنوم هدف (به عنوان مثال محصول)، سهولت تولید هیبرید، فراوانی و توزیع کراسینگ اوور در فرایند میوز هیبریدی بین گونه‌ای و متعاقباً سهولت بازیابی لاین‌های دورگه بستگی دارد. صرف نظر از مشکلات قابل توجهی که در استفاده از خویشاوندان وحشی برای بهبود محصول وجود دارد، این روش پتانسیل زیادی را برای بهبود محصولات براسیکا و در بهبود انعطاف‌پذیری و مقاومت گیاهان زراعی در مواجهه با تغییرات آب و هوایی جهانی ارائه می‌دهد، اگرچه هنوز کشف نشده است.

### منابع:

- 1- Allender, CJ., King, GJ. 2010. Origins of the amphiploid species *Brassica napus* L. investigated by chloroplast and nuclear molecular markers. BMC Plant Biol 10:54. <https://doi.org/10.1186/>
- 2- Al-Shehbaz, IA., Beilstein, MA., Kellogg, EA. 2006. Systematics and phylogeny of the Brassicaceae (Cruciferae): an overview. Plant Syst Evol 259:89–120. <https://doi.org/10.1007/s00606-006-0415-z>
- 3- Bailey-Serres, J., Parker, JE., Ainsworth, EA. 2019. Genetic strategies for improving crop yields. Nature 7781:109–118. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1679-0>
- 4- Bhat, S., Sarla, N. 2004. Identification and overcoming barriers between *Brassica rapa* L. em. Metzg. and *B. nigra* (L.) Koch crosses for the resynthesis of *B. juncea* (L.) Czern. Genet Resour Crop Evol 51:455–469. <https://doi.org/10.1023/B:GRES.0000024154.19867.cd>
- 5- Bitá, CE., Gerats, T. 2013. Plant tolerance to high temperature in a changing environment: scientific fundamentals and production of heat stress-tolerant crops. Front Plant Sci 4:273. <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00273>

- 6- Cheng, F., Sun, R., Hou, X. 2016. Subgenome parallel selection is associated with morphotype diversification and convergent crop domestication in *Brassica rapa* and *Brassica oleracea*. *Nat Genet* 48:1218–1224. <https://doi.org/10.1038/ng.3634>
- 7- Delourme, R., Chèvre, AM., Brun, H. 2006. Major gene and polygenic resistance to *Leptosphaeria maculans* in oilseed rape (*Brassica napus*). *Eur J Plant Pathol* 114:41–52. <https://doi.org/10.1007/s10658-005-2108-9>
- 8- Dixon, GR. 2009. The occurrence and economic impact of Plasmodiophora brassicae and Clubroot Disease. *J Plant Growth Regul* 28:194–202. <https://doi.org/10.1007/s00344-009-9090-y>
- 9- Ferdous, MJ., Hossain, MR., Park, JI. 2020. In-silico identification and differential expressions of LepR4-syntenic disease resistance related domain containing genes against blackleg causal fungus *Leptosphaeria maculans* in *Brassica oleracea*. *Gene Reports* 19:100598. <https://doi.org/10.1016/j.genrep.2020.10059>
- 10- Fletcher, RS., Herrmann, D., Mullen, JL. . 2016. Identification of polymorphisms associated with drought adaptation QTL in *Brassica napus* by resequencing. *G3 Genes Genomes. Genet* 6:793–803. <https://doi.org/10.1534/g3.115.021279>
- 11- Fletcher, RS., Mullen, JL., Heiliger, A., McKay, JK. 2015. QTL analysis of root morphology, flowering time, and yield reveals trade-offs in response to drought in *Brassica napus*. *J Exp Bot* 66:245–256. <https://doi.org/10.1093/jxb/eru423>
- 12- Iniguez-Luy, FL., Federico, ML. 2011. The genetics of *Brassica napus*. In: Schmidt R, Bancroft I (eds) *Genetics and Genomics of the Brassicaceae*. Springer, pp 291–322
- 13- Karling, JS., Karling, JS. 1942. *The Plasmodiophorales; including a complete host index, bibliography, and a description of diseases caused by species of this order*, 1st edn. The author, New York city
- 14- Katche, E., Quezada-Martinez, D., Katche, EI. 2019. Interspecific hybridization for Brassica crop improvement. *Crop Breed Genet Genom* 1:e190007
- 15- Kodra, E., Bhatia, U., Chatterjee, S. 2020. Physics-guided probabilistic modeling of extreme precipitation under climate change. *Sci Rep* 10:10299. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-67088-1>
- 16- Lefon, M., Brun, H., Eber, F. 2007. Detection, introgression and localization of genes conferring specific resistance to *Leptosphaeria maculans* from *Brassica rapa* into *B. napus*. *Theor Appl Genet* 115:897–906. <https://doi.org/10.1007/s00122-007-0616-z>
- 17- Li, CX., Liu, SY., Sivasithamparam, K., Barbetti, MJ. 2009. New sources of resistance to *Sclerotinia stem rot* caused by *Sclerotinia sclerotiorum* in Chinese and Australian *Brassica napus* and *B. juncea* germplasm screened under Western Australian conditions. *Australas Plant Pathol* 38:149–152. <https://doi.org/10.1071/Ap08087>
- 18- Luo, Z., Wang, M., Long, Y. 2017. Incorporating pleiotropic quantitative trait loci in dissection of complex traits: seed yield in rapeseed as an example. *Theor Appl Genet*. <https://doi.org/10.1007/s00122-017-2911-7>
- 19- Mei, J., Liu, Y., Wei, D. 2015. Transfer of sclerotinia resistance from wild relative of *Brassica oleracea* into *Brassica napus* using a hexaploidy step. *Theor Appl Genet* 128:639–644. <https://doi.org/>
- 20- Piao, Z., Ramchiary, N., Lim, YP. 2009. Genetics of clubroot resistance in Brassica species. *J Plant Growth Regul* 28:252–264. <https://doi.org/10.1007/s00344-009-9093-8>
- 21- Rimmer, SR. 2006. Resistance genes to *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus*. *Can J Plant Pathol* 28:S288–S297. <https://doi.org/10.1080/07060660609507386>
- 22- Schiessl, S., Iniguez-Luy, F., Qian, W., Snowdon, RJ. 2015. Diverse regulatory factors associate with flowering time and yield responses in winter-type *Brassica napus*. *BMC Genomics* 16:737
- 23- Shukla, PR., Skea, J., Slade, R. 2019 *Climate Change and Land. An IPCC Special Report on climate change, desertification, land degradation, sustainable land management, food security, and greenhouse gas fluxes in terrestrial ecosystems. Technical Summary.*
- 24- Snowdon, RJ., Luy, FLI. 2012. Potential to improve oilseed rape and canola breeding in the genomics era. *Plant Breed* 131:351–360. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2012.01976.x>
- 25- Taylor, A., Coventry, E., Jones, JE., Clarkson, JP. 2015. Resistance to a highly aggressive isolate of *Sclerotinia sclerotiorum* in a *Brassica napus* diversity set. *Plant Pathol* 64:932–940. <https://doi.org/10.1111/ppa.12327>
- 26- Trenberth, KE. 2011. Changes in precipitation with climate change. *Clim Res* 47:123–138. <https://doi.org/10.3354/cr00953>
- 27- Warwick, S., Anderson, J. 1993. *Guide to the wild germplasm of Brassica and allied crops: Part II: Chromosome numbers in the tribe Brassicaceae (Cruciferae)*. Agric Canada Res Branch, Tech Bull 15E:22

- 28- Yu, F., Lydiate, DJ., Rimmer, SR. 2005. Identification of two novel genes for blackleg resistance in *Brassica napus*. *Theor Appl Genet* 110:969–979. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1919-y>
- 29- Yu, F., Lydiate, DJ., Rimmer, SR. 2008. Identification and mapping of a third blackleg resistance locus in *Brassica napus* derived from *B. rapa* subsp. *sylvestris*. *Genome* 51:64–72. <https://doi.org/10.1139/G07-103>
- 30- Zhang, H., Feng, J., Zhang, S. 2015. Resistance to *Plasmodiophora brassicae* in *Brassica rapa* and *Brassica juncea* genotypes from China. *Plant Dis* 99:776–779. <https://doi.org/10.1094/PDIS-08-14-0863-RE>
- 31- Zhou, Q-H., Fu, D-H., Mason, AS. 2014. In silico integration of quantitative trait loci for seed yield and yield-related traits in *Brassica napus*. *Mol Breed* 33:881–894. <https://doi.org/10.1007/s11032-013-0002-2>
- 32- Zhu, J., Huang, S.2010. Broadening the avenue of intersubgenomic heterosis in oilseed Brassica. *Theor Appl Genet* 120:283–290. <https://doi.org/10.1007/s00122-009-1201-4>