

## عنوان مقاله:

بررسی بیان ژن های دخیل در مقاومت درخت سیب به شانکر اروپایی با استفاده از آنالیز داده های ترانسکریپتوم

## محل انتشار:

فصلنامه بیوتکنولوژی کشاورزی، دوره 16، شماره 2 (سال: 1403)

تعداد صفحات اصل مقاله: 22

## نویسندگان:

مرجان قاسم خانی - نویسنده مسئول: استادیار، پژوهشگاه علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی و فناوری پیشرفته کرمان، کرمان، ایران

هیلهه نیوم - استاد، گروه اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی سوئد، کیخانستاد، سوئد

## خلاصه مقاله:

چکیده: یکی از مخرب ترین بیماری های درختان میوه، بیماری شانکر اروپایی با عامل قارچ بیماری زای *Neonectria ditissima*، در کشورهای تولید کننده سیب با هوای خنک می باشد. از آنجایی که کنترل این بیماری به دلیل حضور قارچ بیماری زا در طول کل سال دشوار است، این تحقیق به منظور بررسی الگوی بیان ژن های پاسخ دهنده به این عامل بیماری زا در سیب انجام شد که می تواند درک بهتر از تعامل بین میزبان و پاتوژن در جهت بهبود استراتژی های مدیریتی فراهم کند. مواد و روش ها: بدین منظور رقم نیمه مقاوم سیب ("جانانان"، منشا نیویورک) با سوسپانسیون قارچ تلقیح داده شد و نمونه های شاهد و تلقیح داده شده برای استخراج RNA و توالی یابی در سه نقطه زمانی 5، 15 و 30 روز پس از تلقیح برداشت شدند. پس از کنترل کیفی و کمی RNA کل استخراج شده، توالی یابی کل ژنوم به صورت دو سویه توسط شرکت ایلومینا و دستگاه توالی یاب Hiseq2000 انجام شد. کنترل کیفیت داده ها توسط نرم افزار FastQC صورت پذیرفت. سپس خوانش ها با استفاده از نرم افزار TopHat2 با ژنوم مرجع سیب نقشه یابی شدند. نرمال سازی و تجزیه و تحلیل ژن های با بیان متفاوت با نرم افزار DESeq2 و آنالیز غنی سازی مسیره های DEGs با نرم افزار KEGG انجام شد. یافته ها: تجزیه و تحلیل های غنی سازی GO و KEGG در ژن های دارای بیان افتراقی (Differentially expressed genes, DEGs)، تعدادی ژن مرتبط با پاسخ دفاعی را شناسایی نمود. در رقم سیب تلقیح شده با *N. ditissima*، تغییرات قابل توجهی در ژن های مرتبط با دفاع و ژن های دخیل در سم زدایی، پراکسیداز و متابولیسم فنیل پروپانویید مشاهده شد. بالاترین سطح بیان ژن های مرتبط با دفاع، 30 روز پس از تلقیح با *N. ditissima* دیده شد. این موضوع می تواند بیانگر این باشد که پاتوژن برای ایجاد آلودگی نیاز به زمان دارد و به سرعت نمی تواند در بافت گیاه گسترش پیدا کند. نتیجه گیری: ژن های شناسایی شده درگیر در بیماری زایی *N. ditissima* دخیل در لیگنین شدن، سم زدایی، فسفوریلاسیون و دفاع پاتوژن بوده و منبعی ارزشمند در تحقیقات ژنتیکی هستند و به ما این امکان را می دهد تا تعامل پاتوژن با گیاه میزبان را بهتر درک کنیم و می توانند در برنامه های اصلاحی کنترل این بیماری مورد استفاده قرار گیرند.

## کلمات کلیدی:

پاسخ دفاعی، توالی یابی نسل جدید، RNA-Seq, *Malus × domestica*

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/2017898>

