

ارزیابی مولکولی و افزایش فراوانی ژن مقاومت به نماتد مولد سیستم در طی چند نسل خود گرده افشانی چغندر قند

پیمان نوروزی^۱

۱- دانشیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند، (نویسنده مسئول: norouzi@sbsi.ir)

تاریخ دریافت: ۹۱/۸/۹ تاریخ پذیرش: ۹۲/۴/۱۸

چکیده

به منظور افزایش فراوانی ژن مقاومت به نماتد مولد سیستم چغندر قند از توده اصلاحی (20314*W-1009)*261 که حامل ژن $Hs1^{pro-1}$ بود استفاده شد. این توده در سال اول در برنامه سلکسیون قرار گرفت و بوته‌ها در مزرعه علامت گذاری و نمونه‌های برگ‌ی جهت استخراج DNA تهیه گردید و سپس ارزیابی مولکولی گیاهان حامل ژن مقاومت با استفاده از نشانگر مولکولی STS و آزمون PCR اختصاصی انجام گرفت. در سال دوم این تحقیق، ریشه‌های ورنالیزه شده حامل ژن مقاومت پس از یادداشت برداری وضعیت حضور علائم گال روی ریشه‌ها در زیر کیج جهت تهیه بذر S1 در مزرعه ایزوله کشت گردیدند. بذور برداشت شده S1 همزمان در گلخانه جهت آزمون مولکولی و در مزرعه اشتک‌لینگ جهت تهیه ریشه کشت و در طول فصل زمستان در داخل مزرعه ورنالیزه شدند. نتایج آزمون مولکولی گیاهان S1 با استفاده از نشانگر $Hs1^{pro-1}$ نشان داد که حضور ژن مقاومت در لاین‌های S1 بین ۲۵ تا ۶۳ درصد متغیر است. در سال سوم، مانند سال قبل، ریشه‌های حامل ژن مقاومت که در زمستان سال قبل ورنالیزه شده بودند در زیر کیج جهت تهیه بذر S1 جدید در مزرعه ایزوله کشت گردیدند. بذور برداشت شده S1 در گلخانه جهت آزمون مولکولی کشت شدند. نتایج آزمون مولکولی گیاهان S1 با استفاده از نشانگر $Hs1^{pro-1}$ نشان داد که حضور ژن مقاومت در لاین‌های S1 منتخب افزایش یافته است و بین ۳۹ تا ۸۰ درصد متغیر می‌باشد. بنابراین نتایج نشان داد که با چند نسل خودگرده افشانی لاین‌های حامل ژن مقاومت به همراه انتخاب ژنوتیپی گیاهان مقاوم با استفاده از نشانگر مولکولی می‌توان به لاین‌های با درصد بالای ژن مقاومت دست یافت.

واژه‌های کلیدی: چغندر قند، نماتد مولد سیستم، مقاومت، گرده افشان، دیپلوئید، نشانگر مولکولی

مقدمه

چغندر قند یکی از دو محصول مهم تأمین کننده قند در جهان می باشد. سطح کشت جهانی آن بالغ بر ۹ میلیون هکتار است. چغندر قند در حال حاضر بیش از ۳۴ میلیون تن از تولید شکر جهانی (۲۹ درصد) را به خود اختصاص داده است که تقریباً ۲۷ میلیون تن آن در اروپا، ۴/۵ میلیون تن در آمریکای مرکزی و شمالی، ۲/۵ میلیون تن در آسیا، ۸۴۰ هزار تن در آفریقا و ۴۵۰ هزار تن در آمریکای جنوبی تولید می شود (۷). میزان تولید ریشه چغندر قند در داخل کشور حدود چهار میلیون و ششصد هزار تن در سال قبل بوده است (۱).

خسارت نماتدها در کشاورزی حدود ۷۷ میلیارد دلار در سال در جهان است (۱۰) و کاهش عملکرد چغندر قند در اثر حمله نماتدها حدود ۱۰ درصد برآورد شده است (۲۴). نماتد سیستمی یا مولد سیستم چغندر قند^۱ مهم ترین نماتد چغندر قند است و بیش از یکصد سال است که موضوع مطالعات گسترده ای می باشد. دامنه میزبانی وسیعی شامل گونه های زیادی از خانواده کنوپودیاسه و کروسیفیره را دارا می باشد. در ایران مناطقی از استان های خراسان، اصفهان، فارس، آذربایجان غربی، کرمانشاه و کرمان، آلوده به این نماتد هستند (۲). نماتد سیستمی، تقریباً در تمام مناطق چغندر کاری دنیا یافت می شود و بسته به شرایط اقلیمی بین ۵-۲ نسل در سال تولید می کند. علائم بیماری در مزرعه به صورت لکه های موضعی همراه با ضعف و زردی بوته ها در اواسط دوره رشد بروز می کند که پس از

خارج کردن ریشه ها از خاک وجود ریشه های فرعی^۲ زیاد و سیستم های شیری رنگ نماتد روی ریشه های فرعی نمایان است. در گیاهان آلوده، ریشه اصلی کوتاه و ریشه های فرعی متعددی ایجاد می شود (۱۶). نماتدها را می توان به وسیله تناوب زراعی، ضد عفونی با سموم نماتد کش و یا کاشت ارقام مقاوم کنترل نمود. کنترل شیمیایی به علت خطر سموم و اثرات زیست محیطی با محدودیت مواجه است. بنابراین اصلاح واریته های مقاوم به عنوان امید بخش ترین راه کنترل پیشنهاد می شود (۱۱).

در ارتباط با استفاده از مقاومت ژنتیکی در مبارزه با نماتد، دونی و ویتنی (۶) در آمریکا و های بروک (۹) در هلند با ارزیابی ژرم پلاسما های چغندر قند و مواد اصلاحی آن معلوم نمودند که منبع مقاومت در گونه *Beta vulgaris sub.sp.vulgaris* وجود ندارد. درون گونه های وحشی چغندر حداقل سه ژن مقاومت به نماتد روی کروموزوم های مختلف بخش Procumbents قرار دارند که شامل ژن *Hs1* در کروموزوم شماره یک هر سه گونه Procumbents، ژن *Hs2* در کروموزوم شماره هفت گونه های *Beta procumbens* و *B. webbiana* و ژن *Hs3* در کروموزوم شماره هشت گونه *B. webbiana* می باشد (۱۱). پس از تلاقی بین گونه ای بین چغندر قند و چغندر وحشی *B. procumbens* و تولید چغندرهایی با یک کروموزوم اضافی^۳ از گونه وحشی، منوسومیک های مقاوم به نماتد بدست آمد. ژن *Hs1* با منشا گونه *procumbens* موسوم به *Hs1 pro-1* بوده که

بیش از سایر منابع جهت انتقال به ارقام زراعی چغندر قند بکار رفته است. این ژن مقاومتی تک ژنی و غالب را ایجاد می‌نماید (۱۱). این ژن مقاومت روی کروموزوم شماره یک *B. procumbens* قرار دارد و به ژن *Hs1^{pro1}* مشهور است که توسط کای و همکاران (۳) جداسازی و تعیین توالی گردید.

همچنین در گونه وحشی *Beta maritima* مقاومت به نماتد سیستی وجود دارد که وراثت آن چند ژنی و با ژن‌های مغلوب کنترل می‌شود. ژن‌های مقاومت به نماتد سیستی چغندر قند از خزانه ژنی گونه‌های وحشی جنس *Beta* به درون لاین‌های اصلاحی وارد شده‌اند (۴).

با توجه به آنکه روش‌های کلاسیک گزینش مقاومت به بیماری، از نوع فتوتیپی بوده و وابسته به شرایط محیطی و یکنواختی عامل آلوده کننده هستند و در فصل خاصی از سال انجام می‌گیرند و نیز بعضی گیاهان از عامل آلوده کننده به نحوی می‌گزینند و به ظاهر مقاوم تلقی می‌شوند، از این رو با استفاده از روش‌های مولکولی، به عنوان روش تکمیلی و یا جایگزین می‌توان گیاهان در بردارنده ژن مقاومت را در سطح ژنوتیپی شناسایی نمود. بنابراین نشانگرهای مولکولی DNA می‌توانند ابزاری مفید برای انتخاب ژنوتیپ‌های مقاوم باشند و باعث صرفه‌جویی در زمان ارزیابی و افزایش دقت انتخاب گردند (۸، ۱۷، ۱۸). مصباح و همکاران (۱۴) موفق به شناسایی سه قطعه توالی DNA تکراری به نام‌های OP-X2، PB6-4 و Sat-121 در ژنوم گونه‌های وحشی چغندر از

گروه Procumbents شدند که با ژن‌های مقاومت به نماتد پیوستگی ژنتیکی داشتند.

لنگ و دی باک (۱۲) با مشاهده حضور Sat-121 در گیاهانی که یک قطعه و یا کل کروموزوم شماره یک از *B. patellaris* یا *B. procumbens* به آنها اضافه شده بود، نتیجه گرفتند توالی فوق می‌تواند به عنوان نشانگر محل ژنی ژن‌های (*Hs1^{pro-1}* و *Hs1^{pat-1}*) به کار برده شود. ساندل و همکاران (۲۰) در بین گیاهانی که ژن *Hs1* به آنها منتقل شده بود، گیاهان مقاومی یافتند که ژن *Hs1* را از دست داده بودند و همچنین نوار حدود ۱۵۹bp توالی تکراری Sat-121 نیز در این گیاهان مقاوم دیده نشد. آنها وجود حداقل یک ژن دیگر را برای ایجاد مقاومت در مقابل نماتد مولد سیست چغندر قند ضروری دانسته‌اند. واحدی و همکاران (۲۳) در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند گام‌های اولیه در جهت تعیین منابع مقاومت به نماتد مولد سیست چغندر قند برداشتند و طی دو سال آزمایش مزرعه‌ای نتیجه گرفتند که، تعدادی از توده‌های مورد آزمون که با ژنوتیپ W-1009 تلاقی یافته‌اند، از نظر کیفی و مقاومت برتری خوبی نسبت به والدین و شاهد خود بودند. سلطانی (۲۱) در آزمایشی مقاومت ۱۲ رقم از ارقام داخلی و خارجی را در دو منطقه خراسان و آذربایجان غربی با استفاده از شاخص تولید مثل (RF) نسبت به نماتد مولد سیست ارزیابی کرد. نتایج این آزمایش نشان داد که ارقام Paulina و Pauletta در هر دو منطقه نسبت به این نماتد مقاومت در خور توجهی داشتند و نسبت به سایر تیمارها برتری

داشتند. در بین هیبریدهای داخلی هیبرید ۲۷۰۶۰ نسبت به سایر هیبریدها از نظر صفات مورد بررسی از وضعیت بهتری برخوردار بودند. برای شناسایی گیاهان مقاوم، روش‌های فنوتیپی (در گلخانه و مزرعه) و ژنوتیپی (در آزمایشگاه با استفاده از نشانگرهای مولکولی) وجود دارد. استفاده از نشانگر *Hs1* برای گزینش ژنوتیپ‌های چغندر قند مقاوم به نماتد در کشور برای اولین بار در سال ۲۰۰۳ مطرح شد (۱۷). وجود همبستگی نشانگر مولکولی ژن *Hs1* با مقاومت به نماتد سیستی در موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذر چغندر قند توسط مصباح و همکاران (۱۵) نیز تأیید گردید. نوروزی (۱۸) در طی مطالعه نشانگر ژن *Hs1^{pro-1}* در تک بوته‌های مقاوم توده‌های اصلاحی حاصل از تلاقی رقم مقاوم با رقم حساس نشان داد که درصد حضور ژن مقاومت در بین توده‌ها از صفر تا ۶۰ درصد متغیر است و در مجموع توده‌ها ۳۴ درصد گیاهان مقاوم دارای ژن *Hs1^{pro-1}* بوده‌اند و با توجه به این مشاهدات اینگونه نتیجه‌گیری نمود که در گیاهان مقاوم به نماتد یا ژن‌های مقاومت دیگری وجود داشته است که با آغازگر اختصاصی ژن *Hs1^{pro-1}* قابل تکثیر نبوده و یا بوته‌های مقاوم در واقع حساس بوده و در ارزیابی گلخانه‌ای به طریقی از لاروهای نماتد گریز نموده‌اند. ایشان بیان داشت که با توجه به آنکه حضور این نشانگر مولکولی همواره مقاومت فنوتیپی گیاهان مورد آزمون را نشان داده است، می‌توان از این نشانگر در غربال ژنوتیپ‌های چغندر قند مقاوم به نماتد مولد سیست در شرایط آزمایشگاهی استفاده نمود و

بدین ترتیب در پروسه‌های تهیه رقم، زمان اصلاحی را کاهش و دقت انتخاب تک بوته‌ها را از طریق ارزیابی ژنوتیپی با نشانگر افزایش داد. برای این منظور حداقل نیاز به یک والد مقاوم به نماتد است که در تهیه رقم تجارتي به کار رود. با انجام تحقیق حاضر به یک یا چند والد گرده افشان دیپلوئید مقاوم به نماتد دست خواهیم یافت که در تهیه بذر هیبرید تجارتي مقاوم قابل استفاده خواهند بود.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی

توده اصلاحی چغندر قند (20314*W-1009)*261 کسه از تلاقی چغندر زراعی (*Beta vulgaris* L.) با لاین جابجائی W-1009 (با منشأ *B. procumbens*) بدست آمده است، مواد گیاهی این تحقیق را تشکیل داد. بذر این توده در اوایل بهار در مزرعه سلکسیون کشت شد و مراقبت‌های مرحله داشت صورت گرفت.

نمونه‌برداری گیاهان از مزرعه

از حدود ۲۰۰ تک بوته شماره‌گذاری شده در مزرعه، نمونه برگ جداسازی و به آزمایشگاه منتقل و در فریزر منهای ۸۰ درجه سانتی‌گراد تا زمان استفاده نگه‌داری گردید.

استخراج DNA

پس از نمونه‌برداری برگ از گیاهان موردنظر، استخراج DNA با روش تغییر یافته دلاپورتا و همکاران (۵) انجام شد.

آزمون PCR

پس از رقیق کردن DNA های استخراجی با آب مقطر، واکنش استاندارد PCR با ۷۵ نانوگرم DNA ژنومی، بافر dNTP، PCR ۲۰۰ میکرومولار، ۲۵ نانوگرم آغازگرهای اختصاصی ژن *Hs1^{pro-1}* و یک واحد آنزیم تک پلیمراز^۱ در حجم کلی واکنش ۲۵ میکرولیتر به شرح زیر صورت گرفت: ۵ دقیقه در ۹۴°C و ۳۵ چرخه شامل (یک دقیقه واسرشته سازی در ۹۴°C، ۵۰ ثانیه اتصال آغازگر در ۵۰°C و ۸۰ ثانیه توسعه یا بسط آغازگر در ۷۲°C) و یک مرحله ۱۰ دقیقه ای بسط در ۷۲°C برای تکمیل طول قطعات تکثیر شده، سپس الکتروفورز محصولات PCR در ژل آگارز ۱/۲ درصد انجام گرفت و ژل در محلول اتیدیوم بروماید یک میلی گرم در لیتر به مدت ۲۰-۱۰ دقیقه رنگ آمیزی شد و نوارهای DNA توسط دستگاه مستند سازی ژل^۲ تحت نور ماورای بنفش رؤیت گردیده و عکس برداری شد.

ورنالیزه کردن ریشه ها

پس از مشخص شدن نتایج مولکولی، ریشه گیاهان حامل ژن *Hs1* از مزرعه برداشت و به سردخانه موسسه جهت ورنالیزاسیون منتقل شدند.

تهیه بذر S1

ریشه های بوته های انتخاب شده حامل ژن مقاومت به نماتد که زمستان سال قبل ورنالیزه شده بودند ابتدا از نظر ظاهری و وضعیت گال روی ریشه یادداشت برداری

شدند. ریشه ها پس از دو نیم شدن و ضدعفونی با محلول قارچکش، به مزرعه منتقل و در زیر کیج کشت شدند. مراقبت های مرحله داشت شامل آبیاری، کوددهی و وجین علف های هرز تا زمان گلدهی و تولید بذر S1 در مزرعه صورت گرفت.

کشت بذر S1 در گلخانه و آزمون مولکولی

از شماره بذرهای S1 که بذر به اندازه کافی تولید نموده بودند در گلدان های ۲۴ تائی در گلخانه کشت شدند و پس از یک ماه از این گیاهان نمونه برداری برگ و استخراج DNA و آزمون PCR به روش مرسوم در آزمایشگاه انجام شد و میزان حضور ژن مقاومت در نتاج هر یک از بذور S1 بدست آمد.

کشت اشتکلینگ^۳ در مزرعه

بذر S1 برداشت شده از کیج ها پس از بوجاری در مزرعه اشتکلینگ در شهر یور به صورت جداگانه کشت شدند. مراقبت های مرحله داشت شامل آبیاری، کوددهی و وجین علف های هرز در طول پاییز انجام گرفت و بوته ها در داخل مزرعه در طول فصل زمستان ورنالیزه شدند.

ارزیابی مولکولی گیاهان توده های گرده افشان S1 کشت شده در مزرعه

با توجه به نتایج آزمون مولکولی توده های گرده افشان که در گلخانه صورت گرفته بود و هیچ یک از توده ها از نظر ژن *Hs1* به صورت خالص نبودند،

مولکولی غربال شوند، به طوری که فقط بوته‌های حامل ژن *Hs1* باقی بمانند و حساس‌ها حذف شوند.

تصمیم گرفته شد که گیاهان اشتکلینگ مربوط به این توده‌ها پس از انتقال به مزارع ایزوله و استقرار و رشد بوته‌ها و قبل از گلدهی، با استفاده از نشانگر



شکل ۱- نتایج آزمون PCR با آغازگر اختصاصی ژن *Hs1^{pro-1}* در تعدادی از تک بوته‌ها. M: نشانگر تعیین اندازه DNA. ستون یک گیاه شاهد مقاوم واجد ژن مورد نظر (رقم نمایی). ستون ۲ گیاه شاهد حساس فاقد ژن مورد نظر (رقم رسول) و ستون‌های ۲۱-۳ تک بوته‌هایی از توده اصلاحی چغندرقد که در تعدادی از آنها محصول ۱۳۲۳ جفت بازی حاصل از تکثیر ژن *Hs1^{pro-1}* دیده می‌شود.

نتایج و بحث

ارزیابی مولکولی سال اول

نتایج انگشت‌نگاری نمونه‌ها و مقایسه الگوی نوارهای DNA گیاهان مورد بررسی به همراه شاهد‌های حساس و مقاوم به نماتد، در شکل یک نشان داده شده است. آغازگر اختصاصی ژن *Hs1^{pro-1}* در تعدادی از گیاهان مقاوم تولید محصول ۱۳۲۳ جفت بازی مورد انتظار را نمود.

لنگ و دی بوک (۱۲) با مشاهده حضور نشانگر Sat-121 در گیاهانی که یک قطعه و یا کل کروموزوم شماره یک از *B.patellaris* یا *B.procumbens* به آنها اضافه شده بود، بیان کردند توالی فوق می‌تواند به عنوان نشانگر محل ژنی ژن‌های *Hs1^{pro-1}* و *Hs1^{pat-1}* به کار برده شود. همبستگی توالی تکراری Sat-121 با محل ژنی *Hs1^{pro-1}* توسط سالنتین و همکاران (۱۹) با دو جمعیت مختلف تلاقی برگشتی

مورد آزمایش قرار گرفت. تفاوت در الگوی باند دهی وجود باند حدود ۱۵۹ جفت بازی در گیاهان مقاوم در مقابل عدم حضور این باند در گیاهان حساس بود. نوروزی (۱۸) با غربال مولکولی ۱۵ توده اصلاحی چغندرقد که از تلاقی چغندر زراعی (*Beta vulgaris* L.) با لاین جابجائی W-1009 (با منشأ *B. procumbens*) بدست آمده بودند، نتیجه گرفت که نشانگر ژن *Hs1^{pro-1}* به خوبی قادر به تفکیک ژنوتیپ‌های حساس از مقاوم می‌باشد. در تحقیق حاضر، ریشه‌های حامل ژن مقاومت *Hs1^{pro-1}* از نظر شکل ظاهری، وزن ریشه و علائم گال با یکدیگر متفاوت بوده که نتایج آن در جدول ۱ خلاصه شده است. وجود گال احتمالاً به دلیل انتقال بخشی از کروموزوم گونه بتا پروکامبنس به چغندر زراعی است که در نمونه‌هایی که حامل ژن مقاومت بوده ولی فاقد علائم گال هستند

احتمالاً در طی میوز قطعات ژنی مرتبط با گال
را از دست داده اند. از ریشه‌های حامل ژن
مقاومت و فاقد علائم گال برای تولید نسل S1
استفاده گردید.

جدول ۱- وضعیت ریشه های منتخب حامل ژن مقاومت $Hs1^{pro-1}$ و میزان بذر S1 حاصل از تک ریشه‌ها					
ردیف	شماره ریشه	علائم گال ریشه	وزن ریشه (گرم)	شکل ظاهری ریشه	میزان بذر S1 (گرم)
۱	BC-N1	بدون گال	۷۵۰	طبیعی کشیده	عدم ساقه روی و گلدهی
۲	BC-N2	حامل ۴ گال بزرگ	۷۵۰	کشیده دارای انشعاب	۱۳۵
۳	BC-N3	حامل ۵ گال کوچک	۵۵۰	کشیده	۱۵
۴	BC-N5	بدون گال	۳۰۰	طبیعی کشیده	۱۳۵
۵	BC-N6	بدون گال	۲۰۰	طبیعی	حذف در مزرعه
۶	BC-N7	بدون گال	۲۰۰	طبیعی	۱۰
۷	BC-N8	یک گال بزرگ	۲۰۰	منشعب	۲۸
۸	BC-N9	بدون گال	۱۵۰	طبیعی	۲۳
۹	BC-N10	بدون گال	۱۵۰	طبیعی	۲۰ عدد
۱۰	BC-N11	بدون گال	۱۵۰	طبیعی	۲۰
۱۱	BC-N12	بدون گال	۱۵۰	طبیعی	۲۰
۱۲	BC-N13	بدون گال	۷۵	طبیعی	حذف در مزرعه
۱۳	BC-N14	بدون گال	۷۵	طبیعی	۱
۱۴	BC-N15	بدون گال	۷۵	طبیعی	حذف در مزرعه

ارزیابی مولکولی سال دوم

میزان حضور ژن مقاومت در بین گیاهان مربوط به نتاج S1 بین ۲۵ تا ۶۳ درصد متفاوت بود (جدول ۲) که احتمالاً به علت هتروزیگوت بودن گیاه والدی آنها بوده است. البته احتمال وجود لوپ در مرحله میوز در گیاه والدی که باعث از دست رفتن ژن $Hs1$ در گامت‌ها شده و بخشی از نتاج فاقد ژن مربوط خواهند شد

را نیز بایستی در نظر گرفت. به هر حال با توجه به درصد حضور ژن مقاومت، عدم تشکیل گال در ریشه گیاه والدی و داشتن گیاه اشتکلینگ کافی در مزرعه، از بین S1های کشت شده در مزرعه، شماره‌های N11 و N12 جهت انتخاب تک بوته برای تولید مجدد بذر S1 در سال بعد انتخاب شدند.

جدول ۲- نتایج آزمون مولکولی گیاهان S1 گلخانه‌ای و وضعیت گال در ریشه گیاه والدی آنها

ردیف	شماره لاین در گلخانه	گال ریشه	تعداد گیاهان PCR شده	تعداد گیاهان $Hs1^+$	درصد $Hs1^+$
۱	N2	+	۱۲	۴	۳۳
۲	N3	+	۳۰	۱۹	۶۳
۳	N5	-	۱۲	۴	۳۳
۴	N7	-	۱۱	۷	۶۴
۵	N8	+	۱۱	۶	۵۵
۶	N9	-	۱۲	۳	۲۵
۷	N11	-	۵۱	۱۴	۲۸
۸	N12	-	۶۹	۳۵	۵۱
۹	N14	-	۱۲	۶	۵۰

ارزیابی مولکولی سال سوم

میزان حضور ژن مقاومت در بین گیاهان مربوط به نتاج S1 بین ۳۹ تا ۸۰ درصد متفاوت بود (جدول ۳) که احتمالاً به علت هتروزیگوت بودن گیاه والدی آنها بوده است. بر اساس اظهارات سالنتین و همکاران (۱۹) در نتاج حاصل از لاین

جایابی (W1009) حدود ۴۵/۱۶٪ نوار مربوط به $Hs1$ دیده شد. نتایج معدنی (۱۳) نیز نشان داد که درصد حضور ژن مقاومت در بین توده‌های اصلاحی بسیار متغیر است و از مجموع ۶۰ گیاه مقاوم به نماتد حدود ۲۷ درصد، نوار مربوط به ژن $Hs1^{pro-1}$ را نشان دادند.

جدول ۳- نتایج آزمون مولکولی گیاهان گلخانه‌ای و نمره رشد آنها در گلدان با مقیاس ۱ تا ۵

ردیف	شماره لاین در گلخانه	تعداد گیاهان آزمون شده	تعداد گیاهان $Hs1^{pro1}$ مثبت	درصد گیاهان $Hs1^{pro1}$ مثبت	نمره رشد	شماره لاین در اشتکلینگ
۱	N11-49	۳۰	۲۴	۸۰	۵	N1-1
۲	N12-3	۱۸	۱۰	۵۶	۳/۵	N1-2
۳	N12-6	۱۸	۷	۳۹	۳	N1-3
۴	N12-11	۴۵	۳۱	۶۹	۳/۵	N1-4
۵	N12-16	۱۸	۹	۵۰	۳	N1-5
۶	N12-18	۴۵	۲۹	۶۴	۳	N1-6
۷	N12-20	۱۸	۹	۵۰	۳	N1-7

موسسات خصوصی اصلاح بذور چغندر قند در کشورهای اروپایی با استفاده از خاصیت ترکیب پذیری لاین‌های جایابی^۱ حامل ژن $Hs1$ با ژنوتیپ‌های چغندر قند موفق به تولید

ارقام تجارتي چغندر قند مقاوم به نماتد شده‌اند که در سطح تجارتي امروزه استفاده می‌گردد. در طی سال‌های اخیر با تلاش محققان موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه بذور چغندر قند تلاقی‌هایی بین

1- Translocation lines

رگه‌های زراعی چغندر قند با لاین جابجایی حامل ژن *Hs1* از گونه *procumbens* انجام گردیده و توده‌های اصلاحی مقاوم به نماتد بدست آمده است (۱۵). با ارزیابی این توده‌ها معلوم شده است که در بین ژرم پلاسماهای مورد ارزیابی اختلاف معنی‌داری وجود دارد (۲۲). همچنین از آنجائیکه تلاقی بین هیبریدها و چغندر قند بر مبنای نر عقیم ژنتیکی اتایپ‌های موجود انجام گرفت، بنابراین نسبت ژنوتیپ‌های حفظ کننده نر عقیمی در این توده‌ها افزایش یافته است و پس از دو نسل احتمال تشخیص اتایپ‌های متحمل از داخل این توده‌ها میسر است و در صورت اصلاح والدین مناسب و تلاقی‌های ممکن بین آنها در برنامه معرفی رقم جدید قرار خواهند گرفت (۱۵).

لنگ و دی باک (۱۲) و کلاین و همکاران (۱۱) بیان کردند که مقاومت به نماتد می‌تواند توسط پاتوتایپ بیماریزای نماتدمولد سیستم شکسته شود. بنابراین ژن‌های مقاوم جدیدی باید در ارقام چغندر قند معرفی و اصلاح شوند تا یک مقاومت پایدار بدست بیاید. در ژرم پلاسما وحشی چغندر حداقل دو ژن مقاوم دیگر (روی کروموزوم‌های ۷ و ۸) وجود دارد (۱۱). بنابراین مجموع ژن‌های *Hs1*، *Hs2* و *Hs3* در یک رقم می‌توانند یک مقاومت پایدار را بوجود آورند. در حال حاضر شرکت‌های خصوصی تولید بذر در اروپا مثل KWS و واندرهاو^۱ با استفاده از منابع

مقاومت تک ژنی و چند ژنی اقدام به تهیه ارقام مقاوم به نماتد نموده‌اند و ارقامی با مقاومت تک ژنی در سطح تجاری به بازار عرضه شده است. در داخل کشور با توجه به وسعت آلودگی مزارع چغندر قند به نماتد در استان‌های خراسان، اصفهان، آذربایجان غربی و فارس، نیاز به معرفی ارقام تجاری مقاوم به نماتد محسوس است. بنابراین ضروری به نظر می‌رسد بتوان با بهره‌گیری از روش‌های نوین به‌نژادی در موسسه تحقیقات چغندر قند به ارقامی تجاری دست یافت که برای مناطق آلوده به نماتد در کشور قابل استفاده باشند. البته هنوز گزارشی در مورد تهیه ارقام تجاری حامل ژن‌های مقاومت *Hs2* و *Hs3* از سوی شرکت‌های تولیدکننده بذر چغندر قند منتشر نشده است.

در مجموع با توجه به آنکه حضور نشانگر مولکولی حاصل همواره مقاومت فنوتیپی گیاهان مورد آزمون را در توده‌های اصلاحی با منشاء ژنتیکی مختلف نشان داده است (۱۷، ۱۸)، می‌توان از این نشانگر در غربال ژنوتیپ‌های چغندر قند مقاوم به نماتدمولد سیستم در شرایط آزمایشگاهی استفاده نمود و بدین ترتیب در مراحل تهیه رقم، زمان اصلاح را کاهش و دقت انتخاب تک بوته‌ها و در نتیجه سودمندی انتخاب را افزایش داد.

در این تحقیق از منابع اصلاحی مقاوم به نماتد که در سال‌های اخیر در موسسه

1- Vanderhave

همچنین برای تهیه لاین‌های هموزیگوت مقاوم پیشنهاد می‌شود تعدادی بوته از توده گرده‌افشان مقاوم در مزارع سلکسیون کشت شوند تا پس از انتخاب بوته‌های حامل ژن مقاومت در آینده از آنها مجدداً بذر S1 تهیه و جهت یافتن لاین صددرصد خالص افراد توده‌های S1 آزمون مولکولی شوند.

بدست آمده است، جهت تهیه والد گرده‌افشان برای ارقام تجارتي چغندر قند مقاوم به نماتد استفاده شد و بر اساس انتخاب ژنوتیپی تعدادی توده S1 مقاوم به نماتد مولد سیست بدست آمد که پس از تلاقی با والد مادری و تعیین قدرت ترکیب پذیری بهترین آنها به عنوان والد گرده‌افشان (پدری) در تهیه بذر هیبرید تجارتي استفاده خواهند شد.

منابع

1. Abdollahian, M. 2012. Utilization Statistics of sugar factories of Iran. http://www.sbsi.ir/sugar_facts. (In Persian)
2. Ahmadi, A., A. Sharifi Tehrani, A. Kheiri and G. Hajarood. 1998. Isolation of *Paecilomyces* spp and *Fusarium solani* and their efficiency in biological control of nematode eggs in lab conditions. Iranian Journal of plant pathology, 34: 186-197. (In Persian)
3. Cai, D., M. Kleine, S. Kifle, H.J. Harloff, N.N. Sandal, K.A. Marcker, R.M.K. Lankhorst, E.M.J. Salentijn, W. Lange, W.J. Stiekema, U. Wyss, M.W. Grundler and C. Jung. 1997. Positional cloning of a gene for nematode resistance in sugar beet. Science, 275: 832-834.
4. De Bock, T.S.M. 1986. The genus *Beta* domestication, taxonomy and interspecific hybridization for plant breeding. Acta Horticulture, 182: 334-335.
5. Dellaporta, S.L., J. Wood and J.B. Hicks. 1983. A plant DNA miniprep preparation version II. Plant Molecular Biology Reporter, 1: 19-21.
6. Doney, D.L. and E.D. Whitney. 1969. Screening sugar beet for resistance to *Heterodera schachtii*. Journal of American Society Beet Technologists. 15: 546-552.
7. Draycott, A.P. 2006. Sugar Beet (World Agriculture Series). Wiley-Blackwell. London. 496 pp.
8. Francis, S.A., M. Redfearn, D.M. Chwarszczynska and M.J.C. Asher. 1998. Use of molecular markers in breeding for disease resistance in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). In: Protection and production of sugar beet and potatoes (by Dale, M.F.B., A.M. Dewar, S.J. Fisher, P.P.J. Haydock, K.W. Jaggard, M.T. May, H.G. Smith, R.M.J. Storey and J.J. Wiltshire) Association of Applied Biologists, Aspects of Applied Biology, 52: 14-16 December. Churchill College, Cambridge.
9. Heijbroek, W. 1977. Partial resistance of sugar beet to beet cyst eelworm (*Heterodera schachtii*). Euphytica, 26: 257-262.
10. Jung, C., D. Cai and M. Kleine. 1998. Engineering nematode resistance in crop species. Trends in Plant Science, 3(7): 266-271.

11. Kleine, M., H. Voss, D. Cai and C. Jung. 1998. Evaluation of nematode resistant sugarbeet (*Beta vulgaris* L.) lines by molecular analysis. Theoretical and Applied Genetics, 97: 896-904.
12. Lange, W. and T.S.M. De Bock. 1994. Pre-breeding for nematode resistance in beet. Journal of Sugar Beet Research, 31: 13-26.
13. Madani, F. 2005. To determine correlation between beet cyst nematode resistance and *Hs1* gene molecular marker in progenies derived from back cross and selfing of resistance plants. M.Sc. degree thesis. Agricultural biothechnology Dept. Science and Research Unit. Islamic Azad University, 102 pp. (In Persian)
14. Mesbah, M., T.S.M. Bock, J.M. Sandbrink, R.M.K. Lankhorst and W. Lange. 1997. Molecular and morphological characterization of monosomic additions in *Beta vulgaris*, carrying extra chromosomes of *B. procumbens* or *B. patellaris*. Molecular Breeding, 3: 147-157.
15. Mesbah, M., P. Norouzi, S.B. Mahmoudi, M. Baghaeikia, S. Vahedi, R. Parvizi and J. Soltani. 2005. To transfer beet cyst nematode resistance genes from *B. maritima* to *B. vulgaris* L. Final report of project. Sugar Beet Seed Institute. 23 pp. (In Persian)
16. MohammadiGoltapeh, A., B. Pakdaman and Y. Rezaei Danesh. 1999. Biotic diseases in sugar beet. TarbiatModarres Univ. Publishing, 84-891. pp. (In Persian)
17. Norouzi, P. 2003. Application of molecular markers in sugar beet breeding. Plant breeding workshop manual. Sugar Beet Seed Institute, 30-37 pp. (In Persian)
18. Norouzi, P. 2007. Screening of plants resistance to beet cyst nematode by using molecular marker. The Second National Congress of Molecular and Cellular Biology. Kerman. 9-10 Bahman. (In Persian)
19. Salentijn, E.M.J. 1995. Molecular characterization of the beet cyst nematode (*Heterodera schachtii*) resistance locus *Hs1*. Ph.D Thesis. Wageningen University. Netherlands, 75-88 pp.
20. Sandal, N.N., E.M.J. Salentijn, M. Kleine, D. Cai, M.R. Reuver, M.V. Druten, T.S.M. Bock, W. Lange, P. Steen, C. Jung, K. Marcker, W.J. Stiekema and R.M.K. Lankhorst. 1997. Backcrossing of nematode-resistant sugarbeet: a second nematode resistance gene at the locus containing *Hs1^{pro-1}*. Molecular Breeding, 3: 471-480.
21. Soltani, J. 2006. Evaluation of resistance of internal and forien commercial varieties against beet cyst nematode. Final report of project. Sugar Beet SeedInstitute. 20 pp. (In Persian)
22. Vahedi, S. and S.B. Mahmoudi. 2006. Evaluation of resistance of new sugar beet breeding populations to beet cyst nematode. Project annual report. Plant Breeding Dept. Sugar Beet Seed Institute. 32 pp. (In Persian)
23. Vahedi, S., P. Mehdikhani, J. Soltani and S.B. Mahmoudi. 2007. Evaluation of resistance of new sugar beet breeding populations to beet cyst nematode. Final report of project. Sugar Beet Seed Institute. 42 pp. (In Persian)
24. Whitney, E.D. and E. Duffus. 1991. Compendium of Beet Diseases and Insects, APS Press. 76 pp.

Molecular Evaluation and Increase of Cyst Nematode Resistance Gene Frequency During Several Generations of Self Pollination in Sugar Beet

Peyman Norouzi¹

1- Associate Professor, Sugar Beet Seed Institute (Corresponding author: norouzi@sbsi.ir)

Received: October 30, 2012

Accepted: July 9, 2013

Abstract

In order to increase beet cyst nematode resistance gene frequency, one population named 261*(20314*W-1009) that contains Hs1pro-1 was used in present research. In first year, the population was planted in selection plots in field. Single plants were labeled and leaf samples were prepared. Then DNA extraction from leaves was done and molecular analysis of plants containing resistance gene accomplished using STS marker and specific PCR test. In second year, gall signs onto resistant vernalized roots were noted and the roots were planted under cages in isolated plots to produce S1 seeds. The S1 seeds were sowed in greenhouse for molecular analysis and in the steckling field to produce the roots. The roots were vernalized in the field in winter season. The molecular results of the S1 plants by Hs1pro-1 marker showed that presence of the resistant gene among the S1 lines is varied 25 to 63 percent. In third year, the vernalized roots were planted under cages in isolated plots to produce new S1 seeds. The new S1 seeds were grown in greenhouse for molecular analysis. The molecular results of the new S1 plants by Hs1pro-1 marker showed enhancement of the resistant gene among the S1 lines that varied 39 to 80 percent. The results showed that resistance gene frequency can be increased by increasing in selfing number and genotypic selection by molecular marker.

Keywords: Sugar beet, CYST nematode, Resistance, Pollinator, Diploid, Molecular marker