



ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

# شکستن مقاومت میزبان توسط نیای تکاملی مستقل ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند شامل ایجاد یک موتاسیون C/U موازی در ژن P25 آن است

شکستن مقاومت ناشی از RZ1 چغندر قند در برابر عفونت ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند (BNYVV) که توسط ژنتیک معکوس مشخص شده است ناشی از یک موتاسیون در ژن P25 می باشد. با این حال، احتمال جهش متناوب رد نشده است. برای بررسی تنوع طبیعی ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند (BNYVV) در مزرعه و تاثیر آن بر غلبه بر ژن های P2 شکنده مقاومت و انواع وحشی و RZ1 از مناطق تولیدی متنوع امریکای شمالی، شناسایی شدند. غلظت نسبی WT p25 همبستگی معکوسی با بیان بیماری در گیاهان RZ1 از مینه سوتا و کالیفرنیا داشت. در مینه سوتا، WT p25، آمینو اسید A67C68 را رمز گذاری می کند، در حالی که در کالیفرنیا، A67L68 را رمز گذاری می کند. در هر دو منطقه، این نشانه های wt با آلودگی ها و عفونت های ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند (BNYVV) رقم RZ1 همراه است. تحلیل بیشتر گیاهان مقاوم نشان داد که در مینه سوتا، WT A<sub>67</sub>C<sub>68</sub> با V<sub>67</sub>C<sub>68</sub> جایگزین شد و این در حالی است که در کالیفرنیا، WT A<sub>67</sub>L<sub>68</sub> با V<sub>67</sub>L<sub>68</sub> جایگزین شد. از این روی، v67 اهمیت زیادی در غلبه بر rZ1 در دو فوتوسیستم برخوردار است. فاصله ژنتیکی بین ایزوله ها از مناطق جغرافیایی مختلف بیشتر از فاصله بین WT و RB همان منطقه نشان می دهد که تغییر از C به U به طور مستقل در نیای BNYVV صورت می گیرد.

**کلمات کلیدی:** ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند، بنیویروس، تکامل همگرا، ریزومانیا

برای غلبه بر ژن های مقاومت گیاهی، ویروس ها بایستی تحت شرایط محدود کننده میزبان برای اعمال تغییرات ژنتیکی سازشی، همانند سازی کنند. نوع، تعداد، ترتیب و سرعت این تغییرات ویروسی بر دوام مقاومت گیاه اثر دارد (3). اگرچه بیشتر ژن های مقاومت مورد استفاده در برابر عفونت های ویروسی، بیش از 25 سال در مزرعه طول کشیده است، اثر بخشی RZ1، که ایجاد مقاومت جزئی در برابر ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند

می کند، عامل ریزومانیا در چغندر قند، با ظهور مجدد بیماری پس از 15 سال استفاده مزرعه ای از rz1 در امریکای شمالی به مخاطره افتاده است (18-19-27).

ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند یک ویروس RNQ تک رشته ای و چند بخشی است. RNA1-2، عناصر ضروری برای همانند سازی و انتقال سلولی است، و این در حالی است که RNA-3-4 و RNA-5، پروتین های موجود در پاتوژنز، انتقال وکتور و مهار خاموشی ژن را کد گذاری می کنند (17-25-31). علی رغم ژنوم تقسیم شده آن و پتانسیل عفونت های ترکیبی با سویه های مختلف، پایداری ژنتیکی بالا بین جمعیت های تفکیک شده از نظر زمانی و مکانی امری طبیعی است. در یک ژنوم ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند، P25 و P26 از متغیر ترین مناطق ژنومی هستند و انتخاب مثبت بر روی برخی کدون ها صورت می گیرد (28). این تغییرات به طور هم افزایی عمل کرده و موجب تشدید علایم در ارقام خاصی از چغندر قند (10-17) می شوند، و این در حالی است که P25 عامل اصلی بیان ریزومانیا است.

ریزومانیا دارای تکثیر ریشه های جانبی، محدودیت رشد راست ریشه، نکروزیس ریشه و کلروزیس برگ بدون عفونت ویروسی برگ است. مکانیسم های مقاومت تحت کنترل RZ1 به طور فنوتیپی با محدود سازی تجمع ویروس در راست ریشه ها و توقف رشد ریزومانیا بیان می شود. در سطح بیوشیمیایی، مقاومت با بیان ژن ها در پاتوژنز و رشد هورمونی گیاه همراه است (4-15-29). علی رغم این پاسخ های دفاعی گیاه، ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند در سطوح پایین در ریشه های الوده گیاهان rz1 تجمع می یابند.

کانینگ (12) با ژنتیک معکوس، نشان داده است که برای ایزوله های نوع E12 a و S8 ف والین در موقعیت 67 پروتین BNYVV PP25، برای غلبه بر مقاومت RZ1 نیاز بوده و امکان همانند سازی ویروس را می دهد. این جایگزینی آمینو اسید مربوط به تجزیه RZ1 در گیاهان الوده مزرعه ای از دره امپریال کالیفرنیا می باشد. با این حال لیو و لولن (18) یک همبستگی بین توالی های p25 ایزوله های مختلف امریکای شمالی و غلظت آن ها در گیاهان RZ1 در تست های گل خانه ای یافته اند. از این روی، هدف این مطالعه، کشف و بررسی تنوع ژنتیکی ژن BNYVV P25 می باشد که با بیان ریزومانیا در گیاهان RZ1 در مزرعه همراه است.

مواد و روش ها

نمونه برداری مزرعه ای: برای بررسی اولیه توالی های ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند ، این ویروس از نمونه های خاکی برداشته شد(2). این نمونه های خاکی الوده، که برخی از آن ها در 1991 جمع اوری شده اند، مربوط به ریزوسفر یا محیط ریشه گیاهان RZ1 و گیاهان حساس از مناطق مختلف تولید چغندر قند در امریکا بوده اند. نام این ایزوله ها، اطلاعاتی را در مورد مبدا آن ها ، کشور و سال جمع اوری آن ها در اختیار می گذارد. ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند به ندرت بخش های هوایی چغندر قند را الوده می کند بلکه گیاهان الوده معمولا برگ های راست با کلروزیس در طی بلوغ دارند. این علائم برگی موجب تسهیل شناسایی گیاهان با ریزومانیا می شود که دارای توزیع خوشه ای در مزرعه است(27).

برای اندازه گیری و تعیین ژنوتیپ ویروس با استفاده از پروب های TaqMan، چهار تاشش گیاه RZ1 از درون و بیرون لکه زرد گیاهان با ریزومانیا جمع اوری شده و به طور انفرادی از نظر عفونت ویروسی تحلیل می شوند. هر نمونه متشکل از 0.1 گرم ریشه بیمار می باشد.

استخراج RNA کل: نمونه های ریشه در لوله های میکروپیوژ 2 میلی لیتری جمع اوری شده و سپس در دمای -80 درجه تا زمان فراوری قرار گرفتند. در طی استخراج RNA، بافت های گیاهی ابتدا پودر شده و سپس در مایع نیتروژن قرار گرفت. از این روی کل RNA بر اساس کیت مینی RNeasy استخراج شد. همه فیلتراسیون ها و خشک سازی فیلتر با سانتریفیوژ در 16000 به مدت 1 دقیقه در دمای اتاق انجام شد. این پروتوکل، تولید RNA کل در هر نمونه در 200 تا 500 نانوگرم بر میکرولیتر شد.

کمی سازی RNA ویروسی واکنش زنجیره پلیمرز رونویسی معکوس زمان واقعی: غلظت اسید نوکلئیک در نمونه های RNA کل از طریق طیف سنجی برآورد شده و با 20 نانوگرم بر میکرولیتر برای کمی سازی RNA ویروسی برآورد شد. مقدار توالی های کد گذاری RNA ویروسی تشخیص داده شده توسط پروب های TaqMan با واکنش زنجیره پلی مرز رونویسی معکوس یا مقادیر استانه سیکل بدون استفاده از استاندارد ها در واکنش RT-PCR برآورد می شود. RQ توسط روش  $\Delta\Delta C_t$  با استفاده از RNA ریبوزومی به عنوان یک مرجع درون زا و یک نمونه RNA گیاهی با کم ترین غلظت ویروسی به عنوان کالیبراتور محاسبه شد. این روش ، نشان داد که مولکول RNA هدف یابی شده با TaqMan بالاتر از نمونه کالیبراتور بود. برای برآورد غلظت BNYVV RNA-2، پرایمر های (5'-CCGTTTTCCACAGACACTAACTATGTA-3') 50F و (5'- 51R

TaqMan NYCP (6FAM- پروب و TGCTAACCTGAATCAGTTAAAGTACTT-3')  
(TGCACCTTGTGTTATATGTTAATCTGTCTGACCCAG-TAMRA) در RT-PCR تک  
مرحله ای برای هدف یابی ژن پروتین پوششی تلقیح شد. برای تشخیص و کمی سازی توالی های کد کننده  
RNA-3، در منطقه کد گذاری P25، پرایمر های الی و پروب های TaqMan استفاده شد. واکنش های  
زمان واقعی توسط سیستم ABI Prism 7000 با استفاده از شرایط توالی زیر انجام شد: رونویسی معکوس در 48  
C ° به مدت 30 دقیقه، ترانس کریپتاز معکوس غیر فعال در 95 ° C به مدت 10 دقیقه، و تقویت در طول 40  
سیکل دناتوره در 95 ° C به مدت 15 ثانیه و سرد شدن آهسته در 60 درجه سانتی گراد به مدت 1 دقیقه.  
RT-PCR، کلونینگ و توالی یابی: CDNA تک رشته ای با استفاده از کیت ترانس کریپتاز معکوس بر طبق  
توصیه های شرکت توالی یابی شد. RNA کل در 75 درجه به مدت 5 دقیقه قبل از سرد شدگی با 0.5 میکرو  
گرم پرایمر oligo-dT<sub>12-18</sub> و انکوباسیون برای پلیمریزاسیون CNFA در دمای 37 درجه به مدت 1 ساعت  
دناتوره شد. PCR در دومین لوله با قرار دادن 1 واحد واکنش 50 میکرو لیتری پلیمرز قرار داده شد. پرایمر های  
NYP25-R1 (5'- و NYP25-F1 (5'-TTCCTGACCGACCAAATCCA-3')  
(GTAAACGGACGGGAACACCA-3') در 0.5 میکرو مول قرار داده شده و بقیه معرف ها در غلظت های  
توصیه شده توسط کارخانه بودند.

تکثیر دی ان ای در طی 30 دور دنانوراسیون در 94 درجه به مدت 30 ثانیه انجام شد. پلازمید DNA از کلون  
ها با استفاده از کیت QIAprep Spin Miniprep استخراج شد. برای کاهش خطای آزمایشی، DNA کلون  
شده در معرض موتاژن ها قرار نگرفت و کلون های باکتریایی استفاده نشدند. امپلیکون ها و DNA پلازمید در  
هر دو جهت توسط یک شرکت خصوصی توالی یابی شدند.

تحلیل توالی RNA ویروسی: فراوری اولیه توالی های CDNA نظیر مونتاژ، تصحیح و ارایش، با بسته نرم افزاری  
لیزرژن صورت گرفت. تا از حضور جهش، آگاهی حاصل شود. ارایشات توالی در فرمت فاستا ذخیره شد تا وارد  
برنامه های مختلف مورد استفاده شود. درختان پلی ژنتیکی با الگوریتم همسایه در MAGA3.1 باز سازی  
شد. این نرم افزار برای محاسبه فواصل ژنتیکی بین توالی های فردی و گروه های توالی استفاده شد. تمایز  
ژنتیکی بین جفت جمعیت از نظر اماری توسط شاخص رایت FST برآورد شد.

## نتایج

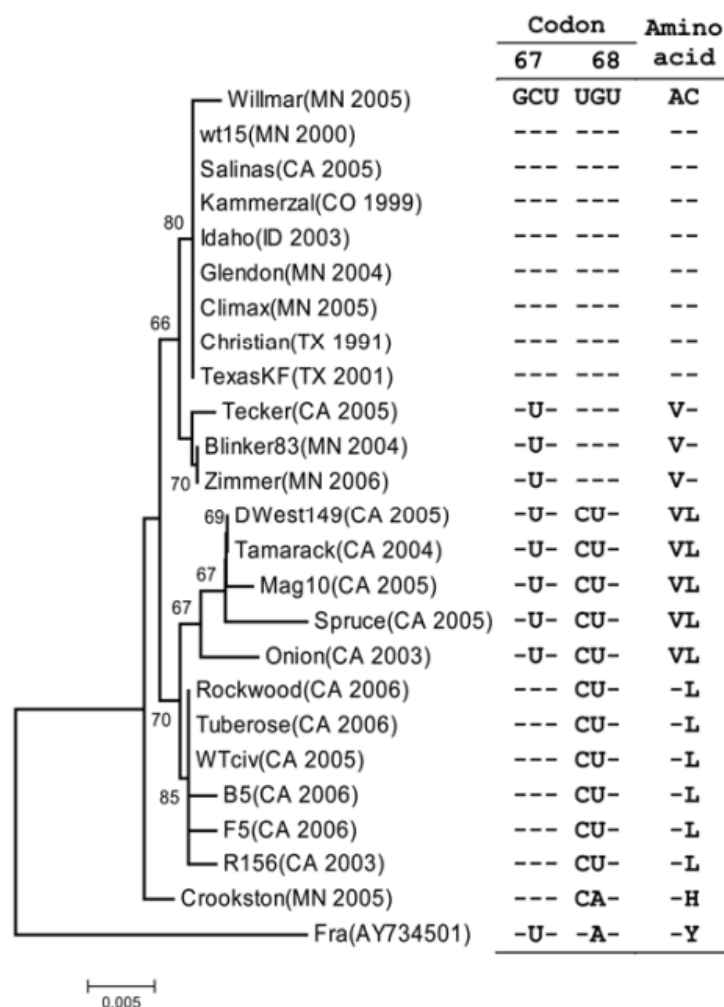
موتیف A67C68 p25 نوع وحشی BNYVV در ژنوتیپ های حساس چغندر قند از مناطق مختلف امریکای شمالی غالب است: تحلیل پلی ژنتیک توالی های RNA-3 24 توالی از هفت منطقه در امریکا و یک توالی از فرانسه انجام شد. ایزوله ها به شرح زیر است (Willmar [MN 2005], wt15 [MN 2000], Salinas [CA 2005], Kammerzal [CO 1999], Idaho [ID 2003], Glendon [MN 2004], TexasKF [TX], Climax [MN 2005], Christian [TX 1991], (2001)). این ایزوله ها دارای یک ویژگی زیستی مشترک می باشند که از ارقام حساس چغندر قند گرفته شده است. بر اساس این اطلاعات، این نه ایزوله، معرف های مربوط به یکی از ژنوتیپ های BNYVV (WT) می باشد. در سطح ژنومی، ایزوله های W، الانین و سیستئین را در مناطق امینو اسیدی پلی مورفیک 67 و 68 از P25 کد گذاری کرد. این امینو اسید A567C68 با توالی یابی ایزوله های BNYVV از گیاهان مقاوم RZ1 شناسایی شد.

به جز تکرار (CA2005)، ایزوله های جمع اوری شده از گیاهان مقاوم به RZ1 در Civ، موجب کد گذاری لوسین به جای سیستئین و یا هیستیدین در منطقه 68 شد. خوشه بندی پلی ژنتیک این ایزوله های CIV با پاتوژنیسیته را در گیاهان RZ1 همبستگی دارد. از این روی ایزوله های RB، Tamarack، DWest149 [CA 2005] (i.e., Onion [CA] و [CA 2004], Mag10 [CA 2005], Spruce [CA 2005], (2003) ایجاد دسته ای کرده است که از ایزوله های WT CIV متمایز شده است (Rockwood [CA 2006], Tuberosa [CA 2006], Wtciv [CA 2005], B5 [CA 2006], F5 [CA 2006], (R156 [CA 2003]).

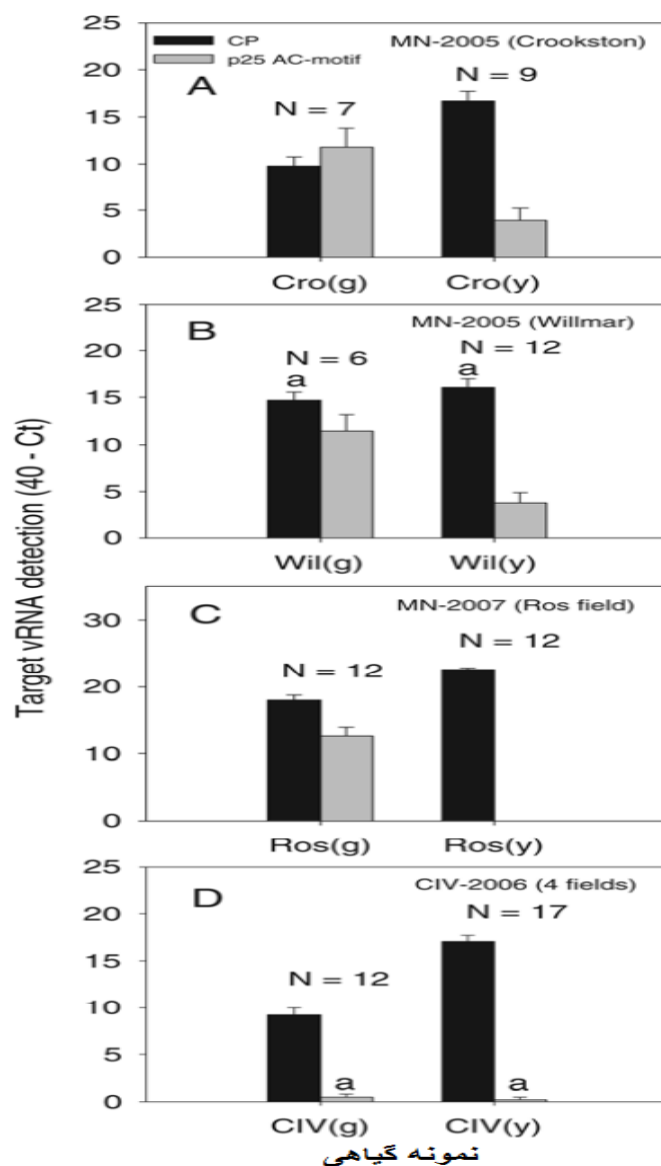
پاتوژنیسیته BNYVV در گیاهان RZ1 با کاهش یا ناپدید شدن مولکول های RNA3 کد گذاری A67C68 ارتباط دارد: غلظت نسبی P25 کد کننده ژن موتی در رابطه با غلظت کل BNYVV در گیاهان RZ1 جمع اوری شده از سه منطقه در MN و چهار مزرعه از CIV در طی 2005 تا 2007 تاثیر داشت. این مناطق تولید نشان

دهنده دو فتو سیستم متضاد است. در MN، گیاهان چغندر قند از آوریل تا اکتبر رشد یافتند و علاوه بر BNYVV، گیاه تحت ویروس موزاییک خاک چغندر BSBMV قرار گرفت. در CIV، گیاهان چغندر قند از سپتامبر تا ژولای تحت ابیاری کشت شد و NBYVV تنها ویروس بنوویروس بود.

پروپ های TaqMan ویژه، که یکی منطقه RNA3 را هدف یابی می کند، کدون های GCU و UGC برای A67C68 و دیگر منطقه کد گذاری CP بر روی Rna2، برای برآورد WT p25 و کل غلظت ویروس استفاده شد. به طور کلی، 37 گیاه سبز و 5 گیاه زرد الوده به ویروس رگبرگ تحلیل شدند. همان طور که انتظار می رفت، ریشه های گیاهان زرد، دارای غلظت RNA2 ویروسی بیشتری از گیاهان سبز بودند. مقایسات اماری بین غلظت های یکسان توالی RNA هدف یابی شده از یک محل انجام شدند.



شکل 1: فیلوگرام یا نمودار تباری 24 ایزوله از ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند



شکل 2: رابطه بین غلظت های RNA2 و ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند و  $A_{67}C_{68}$  کد گذاری RNA3

در گیاهان RZ1 جمع اوری شده از سه مزرعه مینه سوتا و چهار مزرعه از دره کالیفرنیا. غلظت های RNA ویروسی به طور نیمه کمی از طریق مقادیر استانه با واکنش زنجیره پلیمرز رونویسی معکوس زمان واقعی برآورد شد. به این ترتیب، مقادیر محور Y متناسب با غلظت RNA است. N تعداد گیاهان سبز و زرد الوده در تحلیل است.

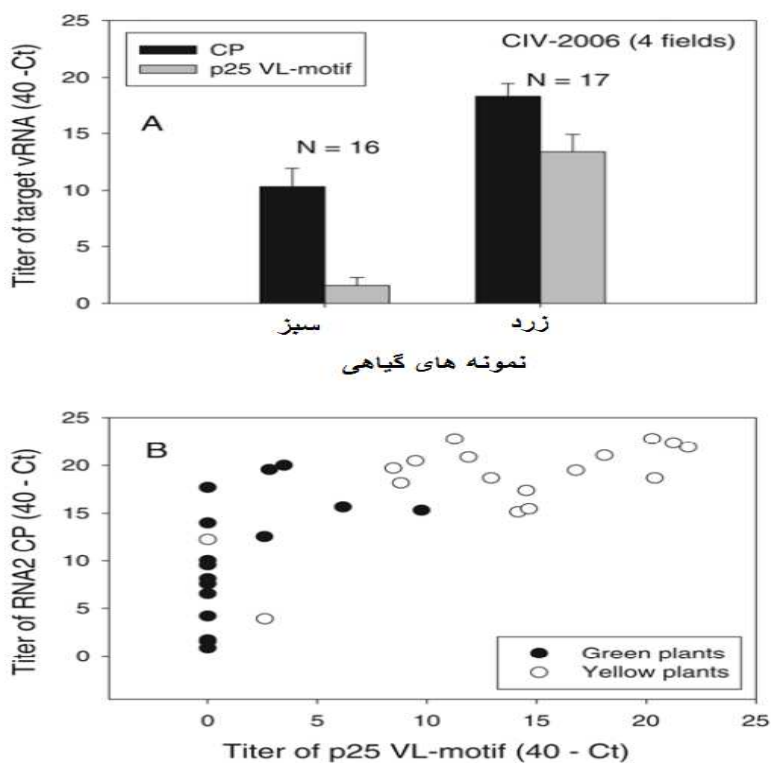
غلظت بالای RNA-2 در گیاهان زرد، با غلظت پایین  $A_{67}C_{68}$  p25 در جمعیت ویروسی همبستگی داشت.

این مشاهده نشان می دهد که بیشتر گیاهان الوده به RZ1 حامل یک  $BNYVV$  p25 ناشناخته بوده است. به

علاوه، با هدف یابی نمونه ها از MN با پروب *TaqMan* برای تشخیص  $RB \bar{V}_{67}L_{68}$  p25، مشاهده شده است



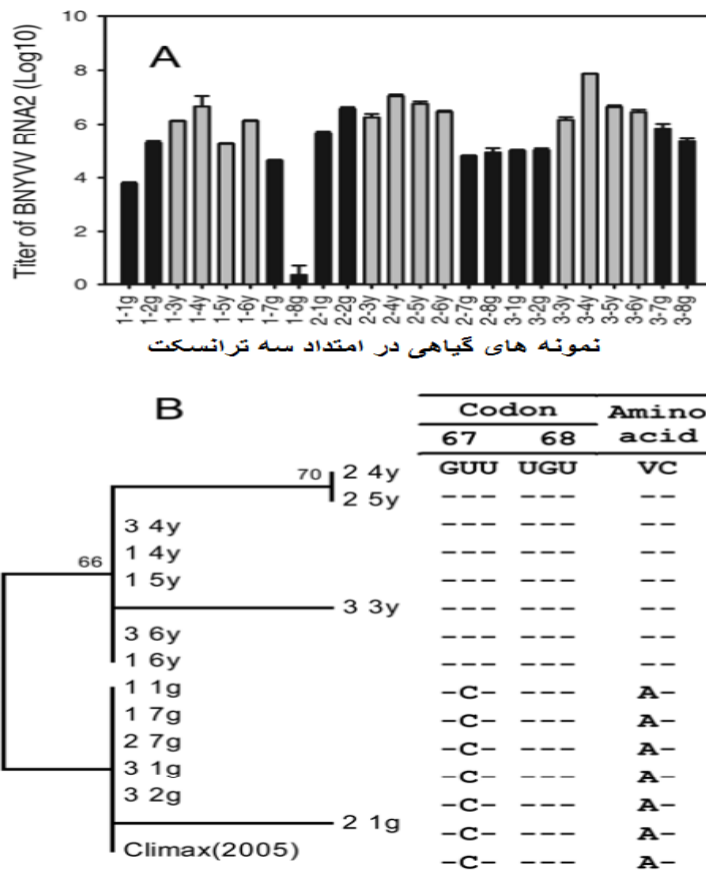
که این ایزوله ها، فاقد این ال RB خاص هستند. در Civ، این وضعیت متفاوت است. RNA-3 کد گذرای  $V_{67L68}$  در گیاهان زرد غالب بوده و غلظت آن متناسب با محتوی ویروس بود. بر عکس، در گیاهان سبز، شناسایی  $V_{67L68} p25$  نشد



شکل 3: رابطه بین غلظت های RNA-2 و ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند و RNA-3 کد کننده  $V_{67L68}$  در گیاهان RZ1 مقاوم از دره امپریال کالیفرنیا. غلظت های RNA ویروسی به طور نیمه کمی از طریق مقادیر استانه با واکنش زنجیره پلیمرز رونویسی معکوس زمان واقعی برآورد شد. به این ترتیب، مقادیر محور Y متناسب با غلظت RNA است. N تعداد گیاهان سبز و زرد الوده در تحلیل است.

جایگزینی نوکلوتید C-U در منطق کد گذاری p25 با تجزیه و شکست مقاومت rz1 در MN-CIV ارتباط دارد: غلظت ویروس و توالی های DNA در ایزوله های WT و RB برای بررسی تشخیص *TaqMan* RNA3 کد کننده  $A7=67C68$  با استفاده از کدون های GCU UHC در گیاهان زرد از MN2007 استفاده شدند. گیاهان زرد و سبز به طور تقریبی در هر متر در طول ترانسکت 10 متری نمونه گیری شدند. سه لکه زرد با فاصله 200 نا 400 متری نمونه برداری شدند.

کمی سازی BNYVV توسط RT-PCR زمان واقعی نشان داد که گیاهان زرد در مرکز لکه های زرد حاوی بالاترین غلظت RNA2 ویروسی و گیاهان سبز در انتهای ترانسکت حاوی کم ترین میزان ( $RQ \text{ Log}_{10} = 4.89 \pm 1.33$ ) بودند.



شکل 4: رابطه بین غلظت ویروس در گیاهان RZ1 در امتداد سه ترانسکت و ژنوتیپ ویروسی در ژن p25. کمی سازی نسبی rna2 ویروس رگبرگ زرد توسط واکنش زنجیره پلیمرز رونویسی معکوس در گیاهان. غلظت های بین گیاهان تفاوت معنی داری را در سطح 0.001 نشان داد.

گیاهان در CIV توسط ژنوتیپ WT BNYVV الوده می شوند: علی رغم انتشار و توزیع WT A<sub>67</sub>C<sub>68</sub> p25 در آمریکای شمالی، این ژنوتیپ در گیاهان RZ1 سبز از CIV شناسایی شدند. نتایج نشان داد که بیشتر عفونت ها ناشی از ایزوله های WT BNYVV می باشند که کد کننده A67L68P25 می باشد. در این فتوسیستم، پلی مورفیزم در موقعیت آمینو اسیدی 135 از P25 با پاتوژنز ارتباط داشت. برای تعیین ترکیب ژنتیکی جمعیت های WT BNYVV در CIV، کلون های ویروسی RNA-3 cDNA از گیاهان RZ1 توالی یابی شدند. RNA-3 ویروسی رمز گذاری A<sub>67</sub>C<sub>68</sub>D<sub>135</sub> در یک گیاه مشاهده شد و هم زمان با مولکول های V<sub>67</sub>L<sub>68</sub>E<sub>135</sub> کد

گذاری شد. همان طور که انتظار می رفت، WT A<sub>67</sub>L<sub>68</sub>D<sub>135</sub> p25 یک بار در 78 درصد نمونه مشاهده شد. هم چنین هاپلوتایپ RB با V<sub>67</sub>L<sub>68</sub>E<sub>135</sub> تنها در ایزوله Tub(7g) شناسایی شد.

واریانت های RB از MN و CIV ناشی از نیای BNYVV در طی رویداد های مستقل: به جز، BNYVV-Tecker، تمایز فیلوژنتیکی بین ایزوله ها از CIV و سایر بخش های امریکا همراه با تشابه بالای بین WT-RB از MN نشان داد که موتاسیون برای غلبه بر RZ1 بین گروه های CIV-MN ایزوله ها رخ داد. برای تست این ازمون، فواصل ژنتیکی بین ایزوله های WT-RB از هر دو منطقه، دقیقا برآورد شد. توالی های ایزوله ها از CIV و MN مورد استفاده برای شکل 1 و همه توالی های مورد استفاده برای شکل 4B بر طبق پاتوژنز در RZ1 گروه بندی شد. سپس تعداد متوسطی از درصد ها و تفاوت های ژنتیکی بین این چهار گروه محاسبه شد. این تحلیل نشان داد که ایزوله های WT و RB از MN ارتباط معنی داری را داشتند

جدول 1: تعداد هاپلوتایپ های ویروس رگربرگ زرد نکروتیک چغندر قند با موتیف امینو اسید خاص در

P25 تشخیص داده شده در ایزوله های گیاهان چغندر قند

ایزوله	BNYVV p25 motif			کل در هر گیاه
	ACD	ALD	VLE	
RocS(1g)	0	7	0	7
RocS(2g)	0	4	9	13
RocN(1g)	4	0	5	9
RocN(2g)	0	3	0	3
RocN(9g)	0	6	0	6
Tri(2g)	0	2	0	2
Tub(2g)	0	8	0	8
Tub(7g)	0	0	8	8
Tub(8g)	0	8	0	8
Total per motif	4	38	22	64 <sup>a</sup>

#### بحث

این مطالعه نشان داد که ایزوله های BNYVV در ژنوتیپ های چغندر قند حساس، که فاقد الل غالب RZ1 است، امینو اسید های A<sub>67</sub>C<sub>68</sub>D<sub>135</sub> را در P25 بیشتر مناطق کشت چغندر قند در امریکا، کد گذاری می کنند. از این روی این ژنوتیپ WT با حداقل تغییرات از 1991 همراه بوده است و این از زمان تجاری سازی ارقام RZ1 بوده است. هم چنین BNYVV WT در گیاهان RZ1 از MN و برخی از مناطق تولید چغندر گزارش شده است. با این حال، احتمال جهش متناوب رد نشده است. برای بررسی تنوع طبیعی ویروس رگربرگ

زرد نکروتیک چغندر قند (BNYVV) در مزرعه و تاثیر آن بر غلبه بر ژن های P2 شکننده مقاومت و انواع وحشی و RZ1 از مناطق تولیدی متنوع امریکای شمالی، شناسایی شدند. غلظت نسبی WT p25 همبستگی معکوسی با بیان بیماری در گیاهان RZ1 از مینه سوتا و کالیفرنیا داشت. در مینه سوتا، WT p25، آمینو اسید A67C68 را رمز گذاری می کند، در حالی که در کالیفرنیا، A67L68 را رمز گذاری می کند. در هر دو منطقه، این نشانه های wt با آلودگی ها و عفونت های ویروس رگبرگ زرد نکروتیک چغندر قند (BNYVV) رقم RZ1 همراه است. تحلیل بیشتر گیاهان مقاوم نشان داد که در مینه سوتا، WT A<sub>67</sub>C<sub>68</sub> با V<sub>67</sub>C<sub>68</sub> جایگزین شد و این در حالی است که در کالیفرنیا، WT A<sub>67</sub>L<sub>68</sub> با V<sub>67</sub>L<sub>68</sub> جایگزین شد. از این روی، v67 اهمیت زیادی در غلبه بر RZ1 در هر دو فوتوسیستم برخوردار است. فاصله ژنتیکی بین ایزوله ها از مناطق جغرافیایی مختلف بیشتر از فاصله بین WT و RB همان منطقه نشان می دهد که تغییر از C به U به طور مستقل در نیای BNYVV صورت می گیرد. حداقل دو سناریوی تکاملی می توانند منشا ایزوله های RB کد کننده V<sub>67</sub>C<sub>68</sub>D<sub>135</sub> و V<sub>67</sub>L<sub>68</sub>E<sub>135</sub> را توجیه کنند. در اولین سناریو، جایگزینی A<sub>67</sub>V می تواند ریشه در نیای P25 داشته باشد. در دومین سناریو، نتایج RB گروه های RB<sub>MN</sub> و RB<sub>CIV</sub> مستقیماً بر گرفته از ایزوله های A<sub>67</sub>C<sub>68</sub>D<sub>135</sub> و A<sub>67</sub>L<sub>67</sub>E<sub>135</sub> می باشد. اولین فرض کم تر محتمل است زیرا نیازمند تعداد زیادی از رویداد های جهشی است. جدول 2: فواصل ژنتیکی بین گروه های شکست مقاومت نوع وحشی رگبرگ زرد نکروتیک جمع اوری شده از دره کالیفرنیا و مینه سوتا

مقایسه زوجی	تفاوت های نوکلئوتید	
	تعداد	درصد
WT <sub>CIV</sub> versus WT <sub>MN</sub>	3.40 ± 1.40	0.35 ± 0.14
WT <sub>CIV</sub> versus RB <sub>MN</sub>	4.40 ± 1.72	0.45 ± 0.17
WT <sub>CIV</sub> versus RB <sub>CIV</sub>	4.08 ± 1.42	0.42 ± 0.15
WT <sub>MN</sub> versus RB <sub>MN</sub>	1.80 ± 1.00	0.18 ± 0.10
WT <sub>MN</sub> versus RB <sub>CIV</sub>	5.65 ± 1.92	0.58 ± 0.19
RB <sub>MN</sub> versus RB <sub>CIV</sub>	4.65 ± 1.70	0.48 ± 0.17

در ابتدا، فرض بر این بود که A67 در P25 یکی از عوامل ایجاد مقاومت RZ1 ناشی از BNYVV می باشد و این مورد در اثرات متقابل ژن ناسازگار از جمله در ویروس ها نیز گزارش شده است. با این حال مشاهدات زیر در اثر

متقابل **BNYVV-Rz1** نشان می دهد که **A67** قادر به ایجاد پاسخ های دفاعی عمومی نیست. در ابتدا، الانین و والین کد کننده هاپلوتایپ می تواند بیان شود. دوما، هیچ آمینو اسیدی به غیر از والین در موقعیت **67** مرتبط با توانایی **BNYYV** برای غلبه بر **RZ1** مرتبط نبوده است. از این روی اثر متقابل **p25-Rz1** برای توسعه بیماری به جای فعال ساز یدفاعی لازم است. این اثر متقابل **p25-Rz1** برای تاخیر در پاسخ های دفاعی **Rz1** مناسب است. مهار ویروسی خاموش سازی ژن یک نمونه مناسب از تشخیص گیاهی و ویروسی است که منجر به حساسیت گیاه می شود. با این حال، رویداد های تشخیصی مشابه موجب مهار سایر مکانیسم های دفاعی می شود. با توجه به وراثت غالب مقاومت **rz1**، ال مغلوب **rz1** موجب کد گذاری مکانیسم دفاعی می شود. این توجیه می کند که چرا گیاهان حساس **rz1** حساس با هاپلوتایپ های **bnyyvv** الوده می شوند که کد کننده الانین و سایر آمینو اسید هاست از جمله والین. از این روی در این اثر متقابل ویروس-گیاه، ارتباط مولکولی **p25-rz1** برای ویروس لازم است.



این مقاله، از سری مقالات ترجمه شده رایگان سایت ترجمه فا میباشد که با فرمت PDF در اختیار شما عزیزان قرار گرفته است. در صورت تمایل میتوانید با کلیک بر روی دکمه های زیر از سایر مقالات نیز استفاده نمایید:

لیست مقالات ترجمه شده ✓

لیست مقالات ترجمه شده رایگان ✓

لیست جدیدترین مقالات انگلیسی ISI ✓

سایت ترجمه فا ؛ مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده از نشریات معتبر خارجی