



**مهندس مصطفی حق پناه**

کارشناس مجتمع تحقیقات کاربردی و تولید بذر  
شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

با پیشرفت تکنولوژی و روی کار آمدن تکنیک‌هایی نظیر توالی‌یابی نسل جدید (NGS) توالی‌یابی کل ژنوم یک موجود زنده به امری معمول در تحقیقات ژنومی بدل شده است. رقم 82 Williams اولین وارسته گیاه سویا می‌باشد که ژنوم آن توالی‌یابی شده و به عنوان رفرنس ژنوم در پایگاه اطلاعات داده‌ها نظیر NCBI و Gramene قرار گرفته است.

با استفاده از اطلاعات توالی‌یابی ژنوم می‌توان با دقت بسیار بالا ژن (ها) و یا QTL های درگیر در بروز صفات را بررسی کرد. امروزه از NGS به‌طور گسترده در بررسی ژنوتیپ‌های مختلف (ژنوتایپینگ) استفاده می‌شود که به اصطلاح به آن Genotyping by sequencing گویند. این تکنیک قدرتمند محققین را قادر می‌سازد تا صفات پیچیده‌ای نظیر مقاومت به خشکی و تحمل به شوری را در گیاهان از لحاظ ژنومی بررسی کنند و با استفاده از اطلاعات بدست آمده گیاه مورد نظر را اصلاح نمایند.

یکی از مهم‌ترین تکنیک‌های NGS بررسی RNA های یک موجود زنده است که به آن RNA-seq گویند. این تکنیک به دلیل بررسی گسترده بیان ژن‌ها، دارای اهمیت بسیاری است. از این تکنیک می‌توان جهت شناسایی ژن‌های درگیر در فرایندهای مختلف بیوشیمیایی نظیر واکنش به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، سنتز اسیدهای چرب و غیره استفاده نمود.

## ژنتیک مولکولی کاربردی در اصلاح گیاهان

لزوم اصلاح ژنتیکی گیاهان شناخت کافی از ماهیت ژنومی آن‌ها می‌باشد. از این رو در اختیار داشتن توالی اسیدآمینۀ ژن یا ژن‌های مورد بررسی در علم ژنتیک و اصلاح نباتات بسیار حائز اهمیت است.

یکی از اولین و کاربردی‌ترین روش‌های توالی‌یابی DNA توسط فردریک سانگر و همکاران در سال ۱۹۷۷ ارائه شد. اساس این روش استفاده از دی‌دئوکسی نوکلئوتیدها برای خاتمه دادن به سنتز DNA است که می‌توان بوسیله الکتروفورز، قطعات حاصله را تعیین توالی کرد. از معایب اصلی این روش کاربردی، عدم توانایی استفاده از نمونه‌های زیاد، هزینه بالا و محدودیت در طول قطعه مورد بررسی می‌باشد. با این حال هنوز هم این روش در مطالعات ژنومی، جایگاه خاص خود را دارد.