

ولی در تلاقی‌های دور گاهی نرخ نوترکیبی و جفت شدن کروموزوم‌ها به شدت سرکوب می‌شود و این سبب کاهش دقت در تخمین مکان در جایگاه ژنی می‌شود. در برخی گونه‌های گیاهی نظیر نخود تنوع حاصل از تلاقی بین ارقام کم می‌باشد. در این موارد استفاده از جوامع نقشه‌یابی حاصل از تلاقی دور می‌تواند مفید باشد. هیبرید F_1 حاصله این تلاقی‌های دور باید خودگشن شود تا جامعه مدنظر شکل بگیرد. علاوه بر این نقشه حاصل از چنین جمعیتی باید هم خطی (collinear) داشته باشد. با این حال برخی از نتایج تحقیقات نشان می‌دهد که ترسیم نقشه با استفاده از تلاقی درون‌گونه‌ای بین والدین بومی به دلیل بازآرایی کروموزومی آسان‌تر از تلاقی بین‌گونه‌ای است.

جمعیت F_2

یک جمعیت F_2 نقشه‌یابی، در نتیجه تلاقی دو والد انتخابی و خودگشایی یا خویش‌آمیزی نتاج F_1 حاصل می‌شود. افراد F_1 در تمامی جایگاه ژنی (لوکوس) که والدین آنها متمایز هستند هتروزیگوت می‌باشند. انتظار می‌رود هر فرد F_2 ترکیبی منحصر به فرد از بلوک‌های پیوستگی ژنی دو والد داشته باشد و این تفاوت‌ها مبنای تشخیص پیوستگی بین دو جایگاه ژنی است. به دلیل اینکه نسل F_2 محصول یک میوز (در گیاهان F_1) است تنها یک دوره از نوترکیبی می‌تواند بین دو جایگاه ژنی رخ دهد. نسبت مورد انتظار در جامعه F_2 برای نشانگرهای غالب ۳:۱ و برای نشانگرهای همباز ۱:۲:۱ است. جمعیت F_2 در یک بلوک آزمایشی در مزرعه بدون تکرار رشد می‌کنند و صفات مورد نظر در هر بوته برآورد می‌شوند. این برآوردها زمانی از اعتبار بالایی برخوردار هستند که وراثت پذیری صفت مورد ارزیابی نزدیک به ۱۰۰ درصد باشد و تقریباً برای صفات



مهندس مصطفی حق‌پناه

کارشناس مرکز تحقیقات کاربردی و تولید بذر

شرکت توسعه کشت دانه‌های روغنی

نقشه‌یابی ژنتیکی

تجزیه QTL

قسمت دوم

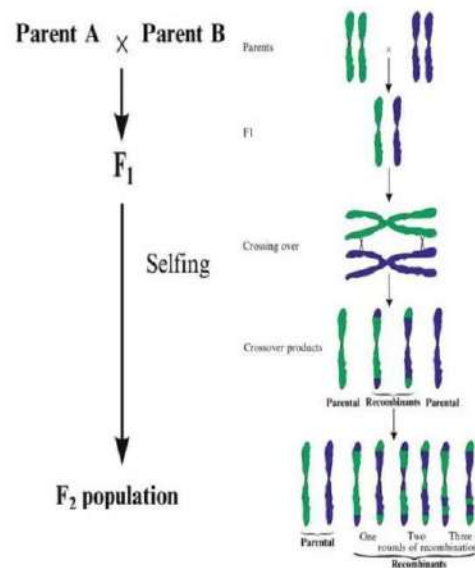
انتخاب والدین به منظور تهیه جامعه نقشه‌یابی

انتخاب والدین مناسب در موفقیت ترسیم نقشه‌یابی ژنتیکی بسیار مهم است. دو لاین والدی انتخاب شده به‌عنوان والد ۱ (P_1) و والد ۲ (P_2) می‌بایست کاملاً هموزیگوت باشند و در صورت امکان بهتر است از لاین‌های دابل‌هاپلوئید برای جلوگیری از مشکلات و خطاهای ناشی از هتروزیگوسیتی استفاده شود. شدت همبستگی بین صفت - نشانگر در ترسیم نقشه ژنتیکی نیز بسیار حائز اهمیت بوده و از این رو می‌بایست سعی شود در صورت امکان والدین انتخابی برای تولید جامعه نقشه‌یابی در بسیاری از صفات کمی و کیفی متفاوت باشند. بهتر است قبل از انتخاب والدین آنالیز انگشت نگاری DNA انجام شود و ژنوتیپ‌هایی که بیشترین فاصله ژنتیکی را نسبت به هم دارند انتخاب شوند.

کلیه جمعیت‌های در حال تفرق حاصل از تلاقی‌های دور مثل تلاقی‌های بین گونه و بین جنس (cross wide) از نظر چندشکلی بسیار متنوع‌تر نسبت به جمعیت‌های در حال تفرق حاصل از تلاقی‌های نزدیک (تلاقی بین دو توده بومی) می‌باشند

ایده آل می‌باشند. به دلیل اینکه جمعیت F_2 بعد از یک دور نوترکیبی حاصل می‌شود به احتمال فراوان فاصله نشانگر پیوسته تا ژن مورد نظر در این جمعیت نسبت به جمعیت لاین‌های نوترکیب بیشتر است و فاصله کاذب بین نشانگر و ژن مورد نظر وجود دارد. از آنجا که هر فرد در جمعیت F_2 از لحاظ ژنتیکی با افراد دیگر متمایز می‌باشد نمی‌توان در بررسی صفاتی که برای محاسبه آنها نیاز به تکرار در زمان و مکان باشد از این جمعیت استفاده کرد، به جز محصولاتی که می‌توان به صورت غیرجنسی هم تکثیر نمود. بنابراین نمی‌توان با استفاده از جمعیت F_2 ارزیابی دقیقی برای صفات کمی و اثر متقابل ژنوتیپ \times محیط داشت. از این رو این جمعیت برای نقشه یابی دقیق (Fine mapping) و نقشه یابی QTLها مطلوب نمی‌باشد. جمعیت F_2 ثابت نمی‌باشند و نمی‌توان از تفرق آن در نسل بعد جلوگیری کرد از این رو داشتن یک کپی دقیق از نسل F_2 امکان‌پذیر نیست و مقدار بذریه برای هر فرد از نسل F_2 نیز محدود است. در گونه‌های گیاهی که تولید مثل غیرجنسی امکان‌پذیر است، گیاهان F_2 را می‌توان به صورت کلونی (clones) تکثیر و نگهداری کرد البته اگر هزینه و حجم بالای کار توجیه‌پذیر باشد. استفاده از ریزازدیادی (Micropropagation) نیز برای نگهداری نسل F_2 گونه‌های گیاهی در شرایط آزمایشگاهی می‌تواند مناسب باشد. اما در بسیاری از گونه‌های گیاهی با تکثیر جنسی یک جمعیت F_2 برای نقشه‌یابی تا استخراج DNA و نگهداری آن در شرایط مناسب (۲۰- سانتی‌گراد) قابل استفاده است. ماهیت ژنتیکی یک جمعیت F_2 را با استفاده از روش‌های خاص می‌توان در فرزندان جمعیت F_3 تحت عنوان جمعیت $(F_2:3)$ یا F_2 مشتق شده از F_3 (F_2 -Derived F_3) نگهداری کرد.

کمی به دلیل تحت تاثیر محیط قرار گرفتن این روش ارزیابی چندان معتبر نیست.



در گیاهان دگرگشن مانند ذرت معنی‌داری صفات کمی را تنها می‌توان در افراد و یا جمعیت هتروزیگوت بررسی کرد مانند نسل F_2 . این امر به دلیل سهم بالای واریانس غالبیت و اپیستازی از واریانس کل در این گیاهان است. اجزای این واریانس‌ها (واریانس غالبیت و اپیستازی) تنها در افراد هتروزیگوت قابل محاسبه است. علاوه بر این در برخی از گیاهان افراد F_2 با یک تستر (Tester) مناسب تلاقی داده می‌شوند و نسل حاصل از آن جهت بررسی صفت مورد مطالعه استفاده می‌گردد. به طور ایده‌آل بهتر است بیش از یک Tester برای تولید نسل تلاقی آزمون استفاده شود که تأثیر Tester بر روی F_2 مورد بررسی قابل محاسبه و حذف شدن باشد.

تولید جمعیت F_2 نسبت به جمعیت‌های دیگر نقشه‌یابی آسان‌تر می‌باشد و با استفاده از این جمعیت می‌توان واریانس اثر افزایشی، اپیستاتیک و غالبیت ژن‌ها را برآورد کرد. این جمعیت حامل نوترکیبی از هر دو والد نر و ماده بوده و اگر عدم تکرار محدودیت ایجاد نکند برای شناسایی QTLهای هتروزیس