

جمعیت موتانت کلزا برای شناسایی تنوع ژنتیکی جدید با استفاده از TILLING و توالی‌یابی نسل بعدی (بخش اول)

A Mutant *Brassica napus* (Canola) Population for the Identification of New Genetic Diversity via TILLING and Next Generation Sequencing (First Part)

بکار بردن ایتیل‌متان‌سولفونات (EMS) یا ایتیل‌نیتروسورا (ENU) برای تولید جهش‌های نقطه‌ای (SNPs) در توالی DNA تعداد زیادی از گونه‌های گیاهی برای تحقیقات کاربردی و بنیادی مورد استفاده قرار گرفته است. جهش‌های القا شده در این روش به‌طور تصادفی در سراسر ژنوم توزیع می‌شود و در یک فرکانس به اندازه کافی بالا انجام آزمون‌های عملکردی ژن روی سطح ژنوم را امکان‌پذیر می‌سازد. آن‌ها می‌توانند در یک رقم منجر به از دست دادن عملکرد و یا به ندرت به دست آوردن عملکرد فنوتیپ‌ها شوند. از دست رفتن عملکرد آلل‌ها ممکن است از طریق جهش‌های بی‌معنی یا پیوستگی، عملکرد ژن را به‌طور کامل حذف کند، اما اغلب نتیجه آلل‌ها بی‌معنی هستند یا منجر به از دست دادن جزئی فعالیت شده که این مسئله می‌تواند طیف وسیعی از آلل‌ها با اثرپذیری مختلف برای هر ژن را شامل شود. جهش‌های نقطه‌ای که به ندرت باعث غالبیت افزایش عملکرد فنوتیپ‌ها می‌شود، نیز توصیف شده‌است.

منبع:

Gilchrist, E. J., Ch. H. D. Sidebottom, Ch. Sh. Koh, T. MacInnes, A. G. Sharpe, G. and. Haughn, W. 2013. A Mutant *Brassica napus* (Canola) Population for the Identification of New Genetic Diversity via TILLING and Next Generation Sequencing. *Plus One*, 8(12), 1-11

نسل‌ها است که انسان‌ها اصلاح و کشت گیاهان را برای استفاده از برتری تنوع ژنتیکی که در طول زمان تداوم دارد و در سراسر ژنوم گیاهان توزیع شده‌است، انجام می‌دهند. برای شناسایی نقش تعداد زیادی از ژن‌های درگیر در رشد و نمو گیاه از نسل‌شناسی رو به جلو استفاده شده است. با این حال با ظهور توالی‌یابی ژنوم، در حال حاضر نقش اکثر ژن‌ها ناشناخته است و تنها از طریق شباهت توالی یا الگوهای بیان می‌توان نقش آن‌ها را پیش‌بینی نمود. به همین دلیل، چندین تکنیک ژنتیک معکوس ارائه گردیده است که محققان را قادر می‌سازد تا گیاهان را با جهش‌هایی در توالی ژن شناخته شده، شناسایی کنند. با توجه به مشخصات یک گیاه حامل جهش‌های خاص، برای دیدن اینکه آیا تغییرات در ژن روی صفات فنوتیپی مؤثر است، این بررسی می‌تواند صورت گیرد. هدف‌گیری آسیب‌های مکانی القا شده در ژنوم¹ (TILLING) یک تکنیک ژنتیک معکوس است که به‌طور مستقیم اجازه می‌دهد غربال‌گری مقرون به‌صرفه برای جهش‌های نقطه‌ای یا چندشکلی‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) در یک ژن خاص مورد نظر در یک بازه زمانی قابل قبول برای اکثر پروژه‌ها صورت گیرد. TILLING می‌تواند برای غربال تنوع ژنتیکی طبیعی در جمعیت‌های وحشی یا برای چندشکلی‌های القا شده در جمعیت‌های جهش‌یافته استفاده شود. جهش‌زایی شیمیایی با

¹ Targeting Induced Local Lesions in Genomes (TILLING)