

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

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

گیاه کلزا (*B. napus*) یکی از دانه‌های روغنی مهم در جهان است. روغن دانه کلزا نه تنها برای غذا و سوخت بلکه در لوازم آرایش، جوهر، آفت‌کش‌ها، روان‌کننده‌ها و خنک‌کننده‌ها نیز استفاده می‌شود. ترکیبات خاص اسیدچرب متفاوت روغن‌ها، آن را نسبت به گیاهان مختلف برای استفاده‌های ویژه مناسب می‌سازد. برای مثال کاربرد سلکسیون و اصلاح، محتوای اروسیک اسید و گلوکوزینات کم (خیلی کم یا در حد صفر) در بذور کلزا (تحت‌عنوان کانولا) توسعه یافته که اجازه نمو واریته کانولا از این محصول را فراهم نموده است. کانولا دانه‌هایی تولید می‌کند که برای تولید روغن بسیار مناسب هستند، چربی اشباع‌شده پایین‌تری دارند و اسیدهای چرب امگا۳ بالاتری نسبت به روغن‌های تجاری در دسترس تولید می‌کنند. تحقیقات نشان داده که این ویژگی‌ها در دانه کلزا تأثیر مثبت قابل توجهی بر سلامت انسان دارند و باعث کاهش بیماری‌هایی از قبیل سرطان، ناراحتی‌های قلبی و بعضی از اختلالات عصبی می‌شوند. تغییر در سطوح و انواع اسیدهای چرب موجود در روغن دانه از نظر ژنتیکی کنترل شده است اما اخیراً، عمده‌ترین دست‌ورزی ژنتیکی در گیاهان با استفاده از روش‌های تراریخته با ورود ژن‌های خارجی به گیاه صورت می‌گیرد که این ژن‌ها تقریباً با روش‌های کلاسیک جهت تولید بیشترین عملکرد اصلاح شده‌اند. تکنیک TILLING (هدف‌گیری آسیب‌های مکانی القا شده در ژنوم) می‌تواند تغییرات ژنتیکی مورد نیاز برای بهبود محصولات بدون کاربرد ترانس‌ژن‌ها را فراهم کند. این روش برای همه گونه‌هایی که جمعیتی از جهش‌یافته‌ها یا دارای تنوع طبیعی هستند سازگار است. به‌علاوه یکی از محدودیت‌های این است که برای استفاده در گونه‌های پلی‌پلوئید مثل کلزا مناسب است. ژنتیک کلاسیک و معکوس در گونه‌های پلی‌پلوئیدی به‌خاطر این واقعیت که هر ژن با کپی‌های متعددی وجود دارد پیچیده هستند. بنابراین، یک جهش در یک مکان ژنی منفرد شاید با جهش در یک غربالگری ژنتیکی پیش‌رونده یکی نباشد. زیرا از دست رفتن نقش آن ژن شاید با فعالیت ژن‌های همولوگ، محافظت شده باشد. ژنتیک معکوس یک روش عملی برای تجزیه و تحلیل عملکردی ژن در گونه‌های پلی‌پلوئیدی است. از طریق تکنیک TILLING جهش‌ها در ژن‌های همولوگ فرد می‌تواند به‌طور مستقل شناسایی شده و سپس به‌منظور مشاهده فنوتیپ ممتاز و شناسایی نقش این ژن در گیاه، به همان لاین وارد شوند. رویکرد مشابه آن می‌تواند، جهت رفع مشکلات ژنتیکی در دیپلوئیدها اعمال شود بویژه زمانی که هر همولوگ از خانواده چندژنی بتواند به‌طور مستقل مورد هدف قرار گرفته و با استفاده از تلاقی‌های ژنتیکی در یک لاین واحد ترکیب شود. پیش‌نیاز ضروری برای تکنیک TILLING در کلزا یک جمعیت با تنوع ژنتیکی قابل توجه است. چنین جمعیتی (جهش‌یافته یا طبیعی) می‌تواند برای غربالگری تنوع در ژن‌های با پتانسیل بهبود صفات مهم مؤثر زراعی (برای مثال وعده غذایی برای تغذیه و خوراک حیوانات) و ایجاد تنوع در محتوای روغن دانه (برای مصارف تغذیه‌ای و صنعتی) استفاده شود.

منابع:

christ, E. J., Ch. H. D. Sidebottom, Ch. Sh. Koh, T. MacInnes¹, A. G. Sharpe, G. W. Haughn. 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.

¹ Targeting Induced Local Lesions in Genomes (TILLING)