



به نژادی گیاهی مولکولی

«ویراست دوم»

دکتر محسن فرشادفر

«عضو هیئت علمی سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی»

دکتر هومن شیروانی

امروز کتابخوانی و علم‌آموزی نه تنها یک وظیفه‌ی ملی، که یک واجب دینی است.^۱

مقام معظم رهبری

در عصر حاضر یکی از شاخصه‌های ارزیابی رشد، توسعه و پیشرفت فرهنگی هر کشوری میزان تولید کتاب، مطالعه و کتابخوانی مردم آن مرز و بوم است. ایران اسلامی نیز از دیرباز تاکنون با داشتن تمدنی چندهزارساله و مراکز متعدد علمی، فرهنگی، کتابخانه‌های معتبر، علما و دانشمندان بزرگ با آثار ارزشمند تاریخی، سرآمد دولت‌ها و ملت‌های دیگر بوده و در عرصه فرهنگ و تمدن جهانی به‌سان خورشیدی تابناک همچنان می‌درخشد و با فرزندان نیک‌نهاد خویش هنرنمایی می‌کند. چه کسی است که در دنیا با دانشمندان فرزانه و نام‌آور ایرانی همچون ابوعلی سینا، ابوریحان بیرونی، فارابی، خوارزمی و ... همچنین شاعران برجسته‌ای نظیر فردوسی، سعدی، مولوی، حافظ و ... آشنا نباشد و در مقابل عظمت آنها سر تعظیم فرود نیاورد. تمامی این افتخارات ارزشمند، برگرفته از میزان عشق و علاقه فراوان ملت ما به فراگیری علم و دانش از طریق خواندن و مطالعه منابع و کتاب‌های گوناگون است. به شکرانه الهی، تاریخ و گذشته ما، همیشه درخشان و پر بار است. ولی اکنون در این زمینه در چه جایگاهی قرار داریم؟ آمار و ارقام ارائه‌شده از سوی مجامع و سازمان‌های فرهنگی در مورد سرانه مطالعه هر ایرانی، برایمان چندان امیدوارکننده نمی‌باشد.

کتاب، دروازه‌ای به سوی گستره دانش و معرفت است و کتاب خوب، یکی از بهترین ابزارهای کمال بشری است. همه دستاوردهای بشر در سراسر عمر جهان، تا آنجا که قابل کتابت بوده است، در میان دست‌نوشته‌هایی است که انسان‌ها پدید آورده و می‌آورند. در این مجموعه بی‌نظیر، تعالیم الهی، درس‌های پیامبران به بشر، و همچنین علوم مختلفی است که سعادت بشر بدون آگاهی از آنها امکان‌پذیر نیست. کسی که با دنیای زیبا و زندگی‌بخش کتاب ارتباط ندارد بی‌شک از مهم‌ترین دستاورد انسانی و نیز از بیشترین معارف الهی و بشری محروم است. با این دیدگاه، به‌روشنی می‌توان ارزش و مفهوم رمزی عمیق در این حقیقت تاریخی را دریافت که اولین خطاب خداوند متعال به پیامبر گرامی اسلام (ص) این است که «بخوان!» و در اولین سوره‌ای که بر آن فرستاده عظیم‌الشان خداوند، فرود آمده، نام «قلم» به تجلیل یاد

1. <https://farsi.khamenei.ir/message-content?id=2696>

شده است: «إِقْرَأْ وَ رَبُّكَ الْأَكْرَمُ. الَّذِي عَلَّمَ بِالْقَلَمِ» در اهمیت عنصر کتاب برای تکامل جامعه انسانی، همین بس که تمامی ادیان آسمانی و رجال بزرگ تاریخ بشری، از طریق کتاب جاودانه مانده اند.

دانشگاه پیام نور با گستره جغرافیایی ایران شمول خود با هدف آموزش برای همه، همه جا و همه وقت، به عنوان دانشگاهی کتاب محور در نظام آموزش عالی کشورمان، افتخار دارد جایگاه اندیشه سازی و خردورزی بخش عظیمی از جوانان جویای علم این مرز و بوم باشد. تلاش فراوانی در ایام طولانی فعالیت این دانشگاه انجام پذیرفته تا با بهره گیری از تجربه های گرانقدر استادان و صاحب نظران برجسته کشورمان، کتاب ها و منابع آموزشی درسی شاخص و خودآموز تولید شود. در آینده هم، این مهم با هدف ارتقای سطح علمی، روزآمدی و توجه بیشتر به نیازهای مخاطبان دانشگاه پیام نور با جدیت ادامه خواهد داشت. به طور قطع استفاده از نظرات استادان، صاحب نظران و دانشجویان محترم، ما را در انجام این وظیفه مهم و خطیر یاری رسان خواهد بود. پیشاپیش از تمامی عزیزانی که با نقد، تصحیح و پیشنهادهای خود ما را در انجام این وظیفه خطیر یاری می رسانند، سپاسگزاری می نمایم. لازم است از تمامی اندیشمندانی که تاکنون دانشگاه پیام نور را منزلگاه اندیشه سازی خود دانسته و ما را در تولید کتاب و محتوای آموزشی درسی یاری نموده اند، صمیمانه قدردانی گردد. موفقیت و بهروزی تمامی دانشجویان و دانش پژوهان عزیز آرزوی همیشگی ما است.

دانشگاه پیام نور

فهرست مطالب

سیزده

پیشگفتار

فصل اول: اهمیت به‌نژادی و ارزیابی تنوع ژنتیکی

- ۱ هدف کلی
- ۱ هدف‌های یادگیری
- ۱ ۱-۱ اهمیت به‌نژادی
- ۴ ۱-۲ تنوع مولکولی
- ۷ ۱-۳ مقدمه‌ای بر اصطلاحات ژنتیکی
- ۱۱ ۱-۴ کد ژنتیکی
- ۱۴ ۱-۵ ساختار ژنوم و یک نمونه ژن یوکاریوتی
- ۱۷ خلاصه فصل اول
- ۱۸ خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل اول

فصل دوم: تنوع زیستی

- ۱۹ هدف کلی
- ۱۹ هدف‌های یادگیری
- ۱۹ ۲-۱ تنوع زیستی چیست؟
- ۲۱ ۲-۲ اندازه‌گیری تنوع زیستی
- ۲۳ ۲-۲-۱ از بین رفتن جایگاه
- ۲۳ ۲-۲-۲ از بین رفتن گونه‌ها
- ۲۴ ۲-۲-۳ از بین رفتن تنوع ژنتیکی
- ۲۵ ۲-۳ تنوع ژنتیکی و به‌نژادی
- ۲۷ ۲-۴ منظور از نگهداری تنوع زیستی چیست؟
- ۲۷ ۲-۴-۱ حفاظت در جایگاه طبیعی
- ۲۷ ۲-۴-۲ حفاظت در خارج از جایگاه طبیعی

۲۸	خلاصه فصل دوم
۲۹	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل دوم
۳۱	فصل سوم: اندازه‌گیری تنوع ژنتیکی با نشانگرهای مولکولی
۳۱	هدف کلی
۳۱	هدف‌های یادگیری
۳۱	مقدمه
۳۲	۳-۱ انواع نشانگرها
۳۳	۳-۱-۱ نشانگرهای مرفولوژیکی
۳۴	۳-۱-۲ نشانگرهای سیتوژنتیکی
۴۵	۳-۱-۳ نشانگرهای مولکولی
۴۶	۳-۲ انواع نشانگر مولکولی
۴۷	۳-۲-۱ نشانگرهای دارای وزن مولکولی کم
۴۸	۳-۲-۲ نشانگرهای پروتئینی
۴۹	۳-۳ مهم‌ترین خصوصیات مطلوب نشانگرهای مولکولی
۴۹	۳-۴ ژل الکتروفورز
۵۰	۳-۵ تکنیک‌های بارکردن
۵۱	۳-۶ نشانگرهای پروتئینی
۵۱	۳-۷ آیزوایم‌ها و آلوزایم‌ها
۵۳	۳-۸ نشانگرهای مبتنی بر DNA
۵۳	۳-۸-۱ RFLP
۵۶	۳-۹ روش‌های مبتنی بر PCR
۷۹	۳-۱۰ معیارهای انتخاب یک تکنیک
۸۰	خلاصه فصل سوم
۸۱	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل سوم
۸۳	فصل چهارم: تجزیه داده‌های مولکولی
۸۳	هدف کلی
۸۳	هدف‌های یادگیری
۸۳	۴-۱ محاسبه ضریب شباهت بین صفات کیفی
۸۸	۴-۲ تجزیه داده‌ها
۹۰	۴-۳ انتخاب نوع کمیت فاصله ژنتیکی
۹۲	۴-۴ روابط ژنتیکی
۹۴	۴-۵ روش‌های چندمتغیره
۹۴	۴-۵-۱ تجزیه خوشه‌ای
۹۸	۴-۵-۲ نکات مهم در تجزیه ژنتیکی چند متغیره
۹۸	۴-۵-۳ استفاده از مجموعه‌ای از داده‌های متنوع

۱۰۰	۴-۵-۴ تعیین تعداد کلاسترهای مطلوب
۱۰۱	۶-۴ تجزیه مؤلفه‌های اصلی (PCA) و تجزیه مختصات اصلی (PCOA)
۱۰۴	۷-۴ مقیاس‌گذاری چندبعدی (MDS)
۱۰۷	۸-۴ بهره‌وری تکنیک‌های نمونه‌گیری مجدد
۱۱۰	خلاصه فصل چهارم
۱۱۱	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل چهارم
۱۱۳	فصل پنجم: پارامترهای ژنتیک جمعیت
۱۱۳	هدف کلی
۱۱۳	هدف‌های یادگیری
۱۱۳	۱-۵ پارامترهای ژنتیکی جمعیت
۱۱۳	۱-۱-۵ هتروزیگوسیتی (تنوع ژنی)
۱۲۰	۲-۱-۵ تنوع نوکلئوتید و اسیدآمینه
۱۲۳	۲-۵ اندازه‌گیری فاصله ژنتیکی
۱۲۸	۱-۲-۵ نحوه ارائه فواصل ژنتیکی
۱۲۸	۲-۲-۵ تشکیل دندروگرام (درخت فیلوژنتیک)
۱۲۹	۳-۵ تنوع ژنی در جمعیت‌های فرعی
۱۲۹	۴-۵ تجزیه واریانس مولکولی (AMOVA)
۱۳۲	خلاصه فصل پنجم
۱۳۳	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل پنجم
۱۳۵	فصل ششم: نقشه‌یابی ژنوم و تجزیه QTL
۱۳۵	هدف کلی
۱۳۵	هدف‌های یادگیری
۱۳۵	۱-۶ مقدمه و تاریخچه QTL
۱۳۸	۲-۶ ساختن نقشه‌های پیوستگی
۱۳۹	۳-۶ جمعیت نقشه‌یابی
۱۴۳	۴-۶ تجزیه پیوستگی نشانگرها
۱۴۶	۵-۶ فاصله ژنتیکی و توابع نقشه‌یابی
۱۴۸	۶-۶ مفهوم فاصله ژنتیکی
۱۴۹	۱-۶-۶ فاصله والدین
۱۵۱	۲-۶-۶ فاصله کوسامبی و دیگر فواصل
۱۵۴	۳-۶-۶ برآورد میزان نوترکیبی و آزمون‌های لینکاژ
۱۵۷	۴-۶-۶ انحراف در تفکیک‌پذیری
۱۵۸	۵-۶-۶ مبانی نقشه‌های ژنتیکی
۱۶۱	۶-۶-۶ نسبت طول نقشه‌ها
۱۶۲	۷-۶ روابط بین فواصل فیزیکی و ژنتیکی

۱۶۵	۸-۶ تجزیه سازمان ژنوم
۱۶۸	۹-۶ روش‌های نقشه‌یابی ژن‌های اصلی
۱۷۰	۱۰-۶ تجزیه تفرق بالک (BSA)
۱۷۲	۱۱-۶ نقشه‌یابی با شفافیت زیاد
۱۷۳	خلاصه فصل ششم
۱۷۴	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل ششم
۱۷۵	فصل هفتم: نقشه‌یابی و تعیین خصوصیات مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTLs)
۱۷۵	هدف کلی
۱۷۵	هدف‌های یادگیری
۱۷۵	۱-۷ مقدمه و آشنایی QTLها
۱۷۸	۲-۷ اصول نقشه‌یابی QTL
۱۷۹	۳-۷ مکان‌یابی ژن‌ها و تجزیه QTL
۱۸۰	۴-۷ دلایل QTL
۱۸۱	۵-۷ پیشینه روش‌شناسی
۱۸۲	۶-۷ تفرق و همبستگی ژن‌ها
۱۸۳	۷-۷ تعیین محل ژن‌های کنترل‌کننده صفات کمی
۱۸۵	تعداد کل افراد
۱۸۶	۸-۷ تعیین محل پلی‌ژن‌ها در F_2
۱۹۰	۹-۷ مقایسه جمعیت‌های مورداستفاده
۱۹۰	۱-۹-۷ هاپلوئیدهای مضاعف
۱۹۰	۲-۹-۷ مگا گامتوفیت بازدانگان
۱۹۱	۳-۹-۷ جمعیت‌های تلاقی برگشتی
۱۹۲	۴-۹-۷ جمعیت F_2
۱۹۴	۵-۹-۷ لاین‌های اینبرد نو ترکیب
۱۹۷	۶-۹-۷ جمعیت‌های حاصل از والدین تثبیت‌نشده
۱۹۹	۷-۱۰-۷ مزایا و معایب جمعیت‌های مورداستفاده برای شناسایی QTL
۲۰۰	۷-۱۰-۱ نتاج حاصل از والدین هتروزیگوس
۲۰۱	۷-۱۰-۲ جمعیت‌هایی که در آن‌ها زمینه ژنتیکی تا حدی تثبیت شده است
۲۰۲	خلاصه فصل هفتم
۲۰۳	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل هفتم
۲۰۵	فصل هشتم: روش‌های شناسایی QTLها
۲۰۵	هدف کلی
۲۰۵	هدف‌های یادگیری
۲۰۵	۸-۱ روش‌های عمده برای شناسایی QTLها
۲۰۵	۸-۱-۱ تجزیه تک نشانگر یا تجزیه نقطه‌ای

۲۰۸	۸-۱-۲ نقشه‌یابی فاصله‌ای ساده
۲۱۰	۸-۱-۳ نقشه‌یابی فاصله‌ای مرکب
۲۱۱	۸-۲ آزمون‌های معنی و مثبت‌های غلط
۲۱۴	۸-۳ گزارش و تفسیر QTL‌های شناسایی شده حاصل از نقشه‌یابی فاصله‌ای
۲۱۷	۸-۴ فاصله اطمینان QTL
۲۱۷	۸-۵ فاکتورهای اثرگذار در شناسایی QTL
۲۱۷	۸-۵-۱ قدرت شناسایی و واریانس درون‌گروهی
۲۲۰	۸-۵-۲ اندازه جمعیت و تراکم نشانگر
۲۲۱	۸-۶ تأیید نقشه‌یابی QTL
۲۲۲	۸-۷ روش‌های کوتاه برای ردیابی ژن
۲۲۲	۸-۷-۱ روش تجزیه تفرق بالک (BSA)
۲۲۳	۸-۷-۲ ژنوتیپ‌یابی انتخابی
۲۲۶	۸-۸ انحراف از حالت نرمال
۲۲۶	۸-۹ نقشه‌یابی عمومی
۲۳۰	۸-۱۰ تعیین پروفیل ظهور ژن
۲۳۶	۸-۱۱ تجزیه ژنتیکی همبستگی بین صفات
۲۳۷	۸-۱۲ جداسازی ژنتیکی صفات
۲۳۸	۸-۱۳ اثرات محیطی
۲۳۹	۸-۱۴ نقشه‌یابی مقایسه‌ای
۲۴۲	۸-۱۵ کلون‌کردن QTL
۲۴۳	خلاصه فصل هشتم
۲۴۵	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل هشتم
۲۴۷	فصل نهم: نقشه‌یابی ارتباطی و تجزیه ساختار ژنتیکی
۲۴۷	هدف کلی
۲۴۷	هدف‌های یادگیری
۲۴۷	۹-۱ مقدمه و اهمیت تجزیه ارتباط
۲۵۴	۹-۲ چگونه ژنتیک ارتباطی انجام می‌شود؟
۲۵۵	۹-۳ روش‌های تعیین توالی DNA
۲۵۸	۹-۴ عدم تعادل لینکاژ
۲۶۰	۹-۵ مفهوم و تعریف LD
۲۶۳	۹-۶ معیارهای اندازه‌گیری LD (اندازه‌گیری LD)
۲۶۸	۹-۷ محاسبه LD
۲۷۰	۹-۸ بلوک‌های هاپلوتیپ
۲۷۲	۹-۹ عوامل تأثیرگذار بر LD
۲۸۰	خلاصه فصل نهم
۲۸۱	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل نهم

۲۸۳	فصل دهم: انتخاب با نشانگرهای مولکولی
۲۸۳	هدف کلی
۲۸۳	هدف‌های یادگیری
۲۸۳	۱-۱۰ مقدمه‌ای بر انتخاب به کمک نشانگر
۲۸۴	۲-۱۰ عوامل اساسی مؤثر در انتخاب نشانگر
۲۸۴	۳-۱۰ شفافیت زیاد نقشه‌یابی QTLs
۲۸۶	۴-۱۰ تأیید نشانگرها
۲۸۶	۵-۱۰ تبدیل مارکرها
۲۸۷	۶-۱۰ انتخاب به کمک نشانگرها
۲۸۸	۷-۱۰ انتخاب QTL برای MAS
۲۸۹	۸-۱۰ تحلیل سود و زیان MAS
۲۸۹	۹-۱۰ تلاقی برگشتی به کمک نشانگر
۲۹۰	۱۰-۱۰ چشم‌اندازها
۲۹۴	۱۱-۱۰ تلاقی برگشتی به کمک مارکر برای یک صفت تک‌ژنی
۲۹۵	۱۲-۱۰ تلاقی برگشتی به کمک مارکر برای یک صفت پلی‌ژنیک
۲۹۸	۱۳-۱۰ گزینش شجره‌ای به کمک نشانگر
۲۹۹	۱۴-۱۰ گزینش دوره‌ای به کمک نشانگر
۳۰۰	۱۵-۱۰ گزینش دوره‌ای فقط با نشانگرها
۳۰۰	۱۶-۱۰ گزینش دوره‌ای بر مبنای ارزش افزایشی پیش‌بینی شده توسط نشانگرها
۳۰۳	۱۷-۱۰ گزینش مرکب بر مبنای فنوتیپ و نشانگر
۳۰۵	۱۸-۱۰ نتایج شبیه‌سازی
۳۰۵	۱۹-۱۰ مقایسه با ساختن ژنوتیپ‌ها
۳۰۶	۲۰-۱۰ انتخاب بین استفاده از نشانگرها و افزایش تعداد تکرارها
۳۰۷	۲۱-۱۰ سودمندی انتخاب با نشانگرها
۳۱۳	۲۲-۱۰ انتخاب مبتنی بر نشانگر
۳۱۵	۲۳-۱۰ انتخاب با مارکرها در مقابل انتخاب فنوتیپی
۳۱۷	۲۴-۱۰ لاین‌های ایزوژن نزدیک
۳۱۹	خلاصه فصل دهم
۳۲۰	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل دهم
۳۲۱	فصل یازدهم: اومیکس و بهنژادی گیاهی
۳۲۱	هدف کلی
۳۲۱	هدف‌های یادگیری
۳۲۱	مقدمه
۳۲۲	۱-۱۱ ژنومیکس
۳۲۳	۱-۱۱-۱ کلیات ژنومیک

۳۲۴	۲-۱-۱۱ پروژه‌های ژنوم (ملاحظات کاربردی)
۳۲۵	۳-۱-۱۱ ژنومیک ساختمانی
۳۲۵	۲-۱۱ ترانس کریپتومیکس
۳۲۹	۱-۲-۱۱ روش‌های بررسی بیان ژن
۳۲۹	۳-۱۱ پروتئومیکس
۳۳۰	۱-۳-۱۱ PROTEOMICS چیست؟
۳۳۰	۲-۳-۱۱ ضرورت مطالعه پروتئوم‌ها
۳۳۱	۳-۳-۱۱ اهداف پروتئومیکس
۳۳۲	۴-۳-۱۱ اهمیت و کاربرد پروتئومیکس
۳۳۲	۵-۳-۱۱ انواع پروتئومیکس
۳۳۴	۶-۳-۱۱ تکنولوژی پروتئومیکس
۳۳۴	۴-۱۱ متابولومیکس
۳۳۵	۱-۴-۱۱ متابولیت‌ها
۳۳۶	۲-۴-۱۱ جایگاه متابولومیکس
۳۳۷	۳-۴-۱۱ متابولومیکس در واکنش گیاه به تنش
۳۳۹	۴-۴-۱۱ روش‌های شناسایی و مطالعهٔ متابولوم و متابولومیکس
۳۳۹	۵-۱۱ نتیجه‌گیری و چشم‌انداز
۳۴۰	خودآزمایی چهارگزینه‌ای فصل یازدهم
۳۴۳	پاسخنامه
۳۴۵	منابع

پیشگفتار

به نام آن که جان را فکرت آموخت چراغ دل به نور جان برافروخت

قال رسول الله (ص): «لَيْسَ الْعِلْمُ بِكَثْرَةِ التَّعْلَمِ وَإِنَّمَا هُوَ نُورٌ يَقْدِفُهُ اللَّهُ فِي قَلْبٍ مَن يَشَاءُ»

امروزه بر کسی پوشیده نیست که برای دفاع از ارزش‌های انقلاب اسلامی، گسترش فرهنگ اسلام ناب محمدی در پرتو اندیشه‌های امام راحل (ره) و رهبر معظم انقلاب اسلامی، حضرت آیت‌الله خامنه‌ای (مدظله) و زمینه‌سازی برای حاکمیت مطلق قرآن و برقراری حکومت جهانی اسلام به رهبری مهدی آل محمد (عج)، تأمین استقلال علمی جامعه از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. به همین دلیل برعهده کارشناسان، متخصصان و اساتید دانشگاه‌هاست که برای ادای دین خود به نظام مقدس جمهوری اسلامی ایران که یادگار گران‌قدر بزرگ پرچمدار اسلام ناب محمدی حضرت امام خمینی (قدس ره) و شهیدان انقلاب اسلامی است در سنگر علم و دانشگاه به پاسداری از دستاوردهای انقلاب اسلامی بپردازند و علوم و فنون روز را با استفاده از منابع معتبر به رشته تحریر درآورند تا مورد استفاده دانش‌پژوهان، دانشجویان، محققان و اساتید فن قرار گیرد.

با پیشرفت علم و فناوری در ایران اسلامی، پژوهش‌های علمی روزبه‌روز ارزش بیشتری پیدا کرده است. از آنجا که علم ژنتیک، ژنتیک مولکولی، ژنتیک کمی، ژنتیک جمعیت، زیست‌شناسی مولکولی، زیست‌فناوری (بیوتکنولوژی) و نانوتکنولوژی مبنای پیشرفت کشاورزی، دامپروری، زیست‌شناسی و پزشکی است، بنابراین اهمیت شناختن این علوم و استفاده کاربردی از آن‌ها برای توسعه پایدار و دستیابی به خودکفایی علمی که

زیربنای استقلال کشور است، بر کسی پوشیده نیست. کتاب به‌نژادی گیاهی مولکولی از جمله کتاب‌هایی است که براساس سرفصل‌های آموزشی وزارت علوم و دانشگاه پیام نور برای دانشجویان کارشناسی ارشد رشته ژنتیک و به‌نژادی کشاورزی و بیوتکنولوژی با روشی روان به رشته تحریر درآمده است. اصول و روش‌های بیان‌شده در این کتاب برای رشته‌های مختلف علوم پایه، علوم پزشکی نیز قابل استفاده است. **با توجه به اینکه کتاب حاضر با راهنمایی و هدایت استاد علم و اخلاق زنده‌یاد پروفسور عزت‌اله فرشادفر تهیه شده است. مشیت الهی بر این قرار گرفت که ایشان اکنون در میان ما نباشد. تمام ثواب این اثر به روح مولکوتی این عزیز تقدیم می‌گردد.** از همکار گرمی و ارجمندم دکتر هومن شیروانی که زحمت و مساعدت فراوان جهت تدوین اثر نمودند سپاسگزاری می‌کنم. با توجه به اینکه این کتاب عاری از نقص نیست، بنابراین از همه کسانی که با پیشنهادهای سازنده خود بنده را در رفع این نواقص یاری کنند، سپاسگزارم. در پایان از تمام بزرگوارانی که در تهیه، تدوین، حروفچینی، چاپ و انتشارات دانشگاه پیام نور مؤلفان را یاری کردند صمیمانه تشکر و قدردانی می‌شود. از خداوند متعال مسئلت می‌نمایم که به همه ما توفیق خدمتگزاری به اسلام و مسلمین را در پرتو رهنمودهای امام راحل (ره) و مقام معظم رهبری، حضرت آیت‌الله خامنه‌ای عنایت فرماید.

والعلم عندالله

محسن فرشادفر

دانشیار مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی

و منابع طبیعی استان کرمانشاه

هومن شیروانی

دانش‌آموخته دکتری دانشگاه ایلام

فصل اول

اهمیت به‌نژادی و ارزیابی تنوع ژنتیکی

هدف کلی

بیان اهمیت به‌نژادی و نحوه ارزیابی تنوع ژنتیکی.

هدف‌های یادگیری

۱. اهمیت به‌نژادی
۲. تعریف تنوع مولکولی
۳. تعریف اصطلاحات ژنتیک

۱-۱ اهمیت به‌نژادی

اصطلاح «به‌نژادی» دلالت بر تلاش آگاهانه انسان برای اصلاح رقم قدیم و به‌وجودآوردن ارقام جدید از گیاهان زراعی به‌منظور تأمین غذای انسان و دام دارد. آغاز به‌نژادی به آغاز کشاورزی و اهلی کردن گیاهان وحشی یعنی حدوداً ۱۰۰۰۰ سال پیش برمی‌گردد. کار به‌نژادی ابتدا از طریق انتخاب بهترین بذور میوه‌جات و کشت بعدی آن‌ها صورت گرفته، یعنی صرفاً جمع‌آوری ارقام وحشی نبود. جریان انتخاب و اصلاح شرایط برای رشد بهتر و گسترش گیاهان زراعی بسیار کند بود. به‌نژادی در واقع به‌معنی ایجاد آگاهانه یک چیز جدید است، یعنی چیزی که به‌طور معمول در جمعیت‌های طبیعی یافت نمی‌شود. اولین مطالعه روی تولیدمثل جنسی گیاهان

در اروپا و توسط آر. جی. کمرآریوس^۱ صورت گرفت و در سال ۱۶۹۴ انتشار یافت. این واقعیت که گیاهان دارای تولیدمثل جنسی هستند بعد از سال ۱۷۶۰ پذیرفته شد، یعنی وقتی که گیاه‌شناس سوئدی لینه^۲ اعضای جنسی بعضی از گیاهان و دورگ‌های بین واریته‌های خود را معرفی کرد. به نظر می‌رسد که جی جی کولرئوتر^۳ ۱۷۶۰ پیش‌تاز دورگ‌گیری^۴ یعنی آمیزش جنسی بین گیاهانی که از نظر ژنتیکی متفاوت هستند، می‌باشد. وی آمیزش‌های زیادی را بین و داخل گونه‌های گیاهی انجام داد. کارهای داروین پیرامون منشأ انواع، توسط انتخاب طبیعی، تحرک زیادی در به‌نژادی به‌وجود آورد. در سال ۱۸۶۵، گریگول مندل^۵ اکتشافات جدیدی را از طریق آمیزش بین ارقام نخود مطرح کرد. در هر صورت، جامعه انسانی اهمیت این اکتشافات را حتی در ژنتیک و به‌نژادی به‌خوبی درک نکرد. اهمیت کارهای مندل در ژنتیک موقعی شناخته شد که در سال ۱۹۰۰ مجدداً توسط ای. وان شرماک^۶ سی. کورنر^۷ و اچ. دوریس^۸ مورد تأیید قرار گرفت. در این قرن به‌نژادی براساس روش‌های دورگ‌گیری بین واریته‌های متفاوت در داخل یک گونه همراه با روش‌های انتخاب در نسل‌های درحال تفرق بعدی به نتایج فوق‌العاده‌ای رسیده است که به نوبه خود سبب گسترش تولیدات کشاورزی شده است. در قرن گذشته، واریته‌های چغندر قند حدود ۹ درصد قند داشتند اما امروزه ارقامی یافت می‌شوند که بیش از ۲۰ درصد قند دارند. در فاصله بین دو جنگ جهانی اول و دوم ارقام آفتابگردان حدود ۳۰ درصد روغن داشتند اما امروزه هیبریدهای آفتابگردان دارای ۵۰ درصد روغن هستند و حتی ژنوتیپ‌هایی یافت می‌شوند که بیش از ۶۰ درصد روغن دارند. در نیمه اول قرن جاری ارقام ذرت حدود ۵ تن در هکتار محصول داشتند اما امروزه این میزان به ۲۰ تن در هکتار رسیده است (جدول ۱-۱). امروزه ارقام گندم به‌طور متوسط بین ۸-۶ تن در هکتار محصول می‌دهند و گزارش‌های رسیده حاکی از آن است که ارقامی یافت می‌شوند که میزان عملکرد آن‌ها بیش از ۱۰ تن در هکتار است (فرشادفر ۱۳۸۸) (جدول ۱-۱).

1. R. J. Camerius
 2. K. Linneaus
 3. J. G. Kolreuter
 4. Hybridization
 5. Gregormendel
 6. Vontschermak
 7. Correns
 8. Devries

جدول ۱-۱. میزان عملکرد بعضی از گیاهان زراعی

گونه	عملکرد ارقام اصلاح‌شده (تن در هکتار)	افزایش عملکرد نسبت به متوسط عملکرد جهانی
ذرت	۲۳/۹	۳/۴
ذرت خوشه‌ای	۲۱/۵	۶/۵
برنج	۱۴/۴	۵/۸
گندم	۱۴/۱	۷
جو	۱۱/۴	۴/۸
یولاف	۱۰/۶	۶/۲
سویا	۷/۶	۳/۹
سیب‌زمینی	۹۴/۱	۳/۵
چغندر قند	۱۲۰	۲/۴
نیشکر	۱۵۰	۳

سهم واریته‌های جدید زراعی در افزایش تولیدات کشاورزی توسط نتایج تحقیقات ایشی زوکا^۱ در سال ۱۹۶۹ گزارش شده است. وی پی برده است که واریته‌های جدید برنج دارای عملکردی بیش از ۶۰-۵۰ از واریته‌های قدیم هستند؛ یعنی اصلاح برنج در طول ۶۰ سال باعث شده است که در هر سال یک درصد تولید برنج افزایش یابد، همین نتایج در بوسنی توسط بورویویچ^۲ در سال ۱۹۷۸ گرفته شده است. به‌علاوه تعداد زیادی از ارقام با عملکرد و کیفیت بالا، در گیاهانی از قبیل: سیب درختی، گلابی، هلو و سایر میوه‌جات به‌وجود آمده است. علاوه‌بر انگورهای معمولی تعدادی واریته انگور رومیزی^۳ نیز به‌وجود آمده است. این ارقام دارای عملکرد بالا، بدون دانه و مناسب برای حمل‌ونقل و انبارداری هستند. ضمناً، دستاوردهای عجیبی نیز در تولید سبزی‌ها و گیاهان زینتی به‌وجود آمده است. طوری‌که تغییر در رنگ و فوم آن‌ها منافع اقتصادی قابل‌ملاحظه‌ای به بار آورده است. از این نمونه‌ها می‌توان گوجه‌فرنگی، فلفل، کاهو، گلابول و گل میخک را نام برد. بعد از جنگ جهانی دوم همراه با روش‌های مرسوم دورگ‌گیری، روش‌های جدید به‌نژادیات نیز شروع شد. تکنیک‌های جدید شامل، جهش‌های مصنوعی، پلی‌پلوئیدی مصنوعی، مهندسی کروموزوم (افزایش و جایگزینی کروموزوم)، نرعمیمی و جدیدترین

1. Ishizuka

2. Borojevic

3. Table grapes

روش اختلاط پروتوپلاست و دستکاری ژن (مهندسی ژنتیک) است که سبب تولید ارقام و گونه‌های جدیدی خواهند شد که قبلاً وجود نداشته است.

بنابراین، به‌نژادی با پی‌بردن به این واقعیت بیشتر می‌شود که امروزه فقط ۰/۴ از اراضی جهان زیر کشت گیاهان زراعی است و این ظرفیت با افزایش سطح زیر کشت به بیش از دو برابر افزایش نمی‌یابد برای حل مشکلات غذایی جمعیت در حال افزایش جهان، باید میزان تولید در واحد سطح دائماً افزایش یابد. به‌همین منظور، تلاش‌های پیگیر سبب شده است که عملکرد گیاهان زراعی مهم در بعضی از کشورها و در ۳۰ ساله اخیر به دو تا سه برابر افزایش یابد. به‌علاوه این میزان با به‌وجود آوردن ارقام دارای ظرفیت ژنتیکی بیشتر و اصلاح عملیات زراعی روبه‌افزایش خواهد بود. راه اصلی افزایش تولید غذا ایجاد ارقام دارای ظرفیت بالاست، اما این واریته‌ها نیاز به تأمین شرایط مناسب دارند. زمین‌های اسیدی، قلیایی و شور زیادی وجود دارد که قابل کشت نیستند؛ لذا باید ارقام جدیدی به‌وجود آورد تا بتواند بر روی این زمین‌ها رشد کنند.

تلاش دیگر، به‌وجود آوردن ارقامی است که به شرایط خشک و سرما مقاوم باشند. در ضمن باید سعی کرد میوه‌جات، گیاهان دارویی، علف‌ها و گیاهان علوفه‌ای را به زمین‌هایی که شرایط نامساعدتری دارند منتقل کرد و زمین‌های زراعی را در اختیار گیاهان زراعی قرار داد.

همچنین لازم است که با ایجاد ارقام زراعی جدید ژرم پلاسماهای متنوعی از گیاهان زراعی به‌وجود آورد تا نیازهای متنوع غذایی انسان، حیوان و صنایع تأمین شود. در فصل‌های بعد پیرامون مبانی تئوریک و روش‌های تولید واریته‌های جدید در به‌نژادی بحث خواهد شد (فرشادفر، ۱۳۹۷).

۲-۱ تنوع مولکولی

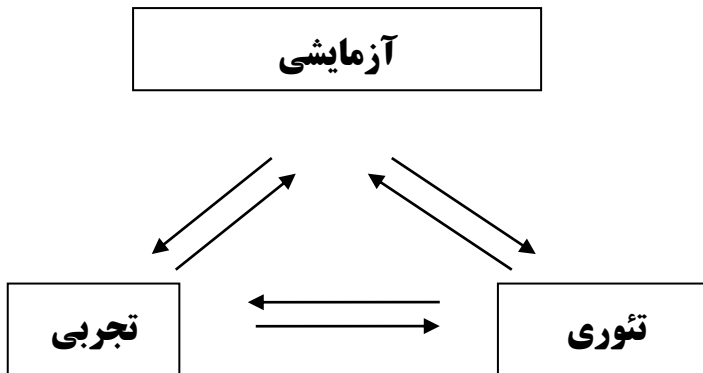
نخستین داده‌های مولکول مربوط به ژنتیک جمعیت مربوط به آلوزایم‌ها و ردیف‌های اسیدهای آمینه بود که در سال ۱۹۶۰ مطرح شد و سپس اطلاعات مربوط به ردیف‌های DNA در سال ۱۹۸۰ به‌وجود آمد که مجموعه‌ای از پرسش‌های جدید را به‌وجود آورد و ژنتیک جمعیت را وارد دنیای جدیدی نمود. تفسیر چنین داده‌های مولکولی یکی از امور مهم به‌شمار می‌رود که به‌عهده ژنتیک جمعیت است. امروزه اطلاعات زیادی از ردیف‌های DNA ژن‌ها در گونه‌های مختلف به‌دست آمده است.

اطلاع از اهمیت تکاملی این تغییرات DNA در بین گونه‌ها و نیز در درون گونه‌ها از مسائلی است که ژنتیک جمعیت با آن روبرو است. در این بخش ابتدا مسائل مقدماتی ژنتیک جمعیت، ژنتیک مولکولی و ابزارهای کمی مربوطه به‌منظور فهم بهتر تنوع ژنتیکی مورد بحث قرار خواهد گرفت. به‌طور کلی به‌منظور بررسی ژنتیک جمعیت و بسیاری از روش‌های زیستی دیگر از سه روش اصلی، تجربی، آزمایشی و تئوری استفاده می‌کنیم.

روش تجربی (توصیفی)^۱ شامل مشاهده وسیع تغییرات ژنتیکی یک ژن یا ژن‌های ویژه در یک جمعیت یا جمعیت‌ها است و نیز شامل اندازه‌گیری عواملی است که بر روی این تغییرات ژنتیکی اثر می‌گذارند (مثل عوامل محیطی). در این روش رابطه بین تغییرات ژنتیکی و سایر عوامل نیز ارزیابی می‌شود. واریانت‌های ژنتیکی که در این تحقیقات تجربی به‌کار می‌روند شامل واریانت‌های مرفولوژیکی، چندشکلی گروه‌های خونی و واژگونی‌های کروموزومی است که بعداً در سال ۱۹۶۰ تنوع آلوزایم نیز به آن پیوست. منظور از تغییرات آلوزایم^۲، تغییرات ژنتیکی آنزیم‌ها و پروتئین‌ها است. در سال‌های اخیر آزمایش‌های تجربی بر روی تنوع حاصل از ردیف‌های DNA بین گونه‌ها و نیز بین افراد متمرکز شده است. به‌منظور تقویت فرضیات حاصل از داده‌های تجربی و اثر عوامل به‌خصوص بر روی میزان و الگوی تغییرات ژنتیکی نیاز به آزمون‌های آزمایشی^۳ است. انجام آزمایش‌ها برای بررسی عوامل مؤثر بر تغییرات ژنتیکی، امروزه شامل مقایسه ردیف‌های DNA بین موجودات یا ژن‌ها که دارای تاریخچه متفاوت، کارکرد متفاوت یا سایر خصوصیات متفاوت هستند نیز می‌شود.

با استفاده از اطلاعات حاصل از داده‌های تجربی و آزمایشی مدل‌های تئوریک ساخته می‌شود تا بتواند داده‌های تجربی و آزمایشی را توجیه کند و به موارد مشابه تعمیم دهد.

شکل ۱-۱ رابطه درونی بین این سه روش را نشان می‌دهد.



شکل ۱-۱. رابطه بین روش‌های تجربی، آزمایشی و تئوری در ژنتیک جمعیت

به‌طور کلی، ابتدا اطلاعات تجربی و مشاهداتی به‌دست می‌آید و سپس یک فرضیه یا یک توضیح ژنتیکی درباره مشاهدات ارائه می‌گردد. سپس آزمایش‌هایی اجرا می‌شود تا صحت فرضیه را تأیید یا آن را رد کند. پس از تکرار چندین بار در زمان و مکان‌های مختلف و رعایت اصول منطقی به یک تئوری در ژنتیک جمعیت تبدیل می‌شود. لازم به یادآوری است که همیشه یافته‌های ژنتیکی یا زیستی را نمی‌توان در این چهارچوب قالب‌بندی کرد. در هر حال برای طراحی و اجرای آزمایش‌ها، ابتدا می‌بایستی تعداد کافی تکرار مستقل در اختیار باشد، سپس می‌بایستی شاهد‌های مناسب داشته باشیم و بالاخره اندازه نمونه می‌بایستی کافی باشد. برای تعیین تعداد تکرار لازم و اندازه نمونه مناسب لازم است که میزان توان آماری را تعیین کنیم. توان آماری یعنی احتمال رد کردن فرض صفر وقتی که غلط است. حتی در آزمایش‌هایی که ردیف انواع DNAهای متفاوت را مقایسه می‌کنند، این مراحل را باید رعایت کرد. برای مثال، آیا ردیف‌های مستقل به‌اندازه کافی وجود دارند؟ آیا گروه‌های مورد مقایسه فقط در خصوصیات مورد نظر با یکدیگر تفاوت دارند؟ توان آماری فراهم‌شده به‌وسیله داده‌ها چقدر است؟ اگرچه طی این مراحل راحت به‌نظر می‌رسد؛ اما در تعمیم نتایج می‌بایستی جانب احتیاط را رعایت کرد. برای مثال، بسیاری از پدیده‌های اساسی ژنتیک به‌وسیله موجودات مدل^۱ و در آزمایش‌های کنترل‌شده اجرا شده است، مثل قانون‌های تفرق و جور شدن مستقل از هم مندل در نخود، جهش‌های طبیعی در آزمایشگاه در مگس سرکه و غیره. از طرف دیگر این داده‌های

آزمایشی حاصل از موجودات مدل مثل مگس سرکه منعکس‌کننده عوامل تکاملی مهم در پستانداران نیست؛ زیرا اندازه نمونه در پستانداران بسیار کمتر از مگس سرکه است و یا آزمایش‌هایی که در شرایط گلخانه و یا در شیشه انجام می‌شود به اندازه کافی ماهیت پیچیده عواملی که در سیستم‌های طبیعی نقش بازی می‌کنند را نشان نمی‌دهد. تعیین تغییرات آلوزایم به‌وسیله الکتروفورز در سال ۱۹۷۰، تعیین تغییرات در ردیف‌های DNA ژن‌های به‌خصوص در موجودات به‌خصوص و رابطه آن‌ها با ردیف‌های دیگر فضای جدیدی را در ژنتیک جمعیت گشوده است. در واقع، مقدار اطلاعات حاصل از ردیف‌های DNA رشته جدیدی به اسم ژنومیک^۱ را به‌وجود آورده است که تلاش می‌کند ماهیت این تغییرات را بفهمد. اگرچه این اطلاعات فرصت‌های جدیدی را در ژنتیک جمعیت برای پاسخ به بسیاری از سؤالات فراهم آورده است، اما داده‌ها برای پاسخ به بسیاری از فرضیه‌های تکامل کافی نیستند؛ زیرا اصولاً برای اهداف دیگری به‌وجود آمده‌اند (فرشادفر ۱۳۸۹; Bernardo, 2003).

۱-۳ مقدمه‌ای بر اصطلاحات ژنتیکی

ابتدا با تعریف ژن^۲ شروع می‌کنیم، در اینجا ژن یک واحد ارثی است که از والدین به فرزندان منتقل می‌شود. مکانی که یک ژن به‌خصوص بر روی یک کروموزوم قرار گرفته است را مکان ژن یا لکوس^۳ می‌نامند که جمع آن لوسای^۴ است. گاهی اوقات اصطلاحات ژن و لکوس به‌جای یکدیگر به‌کار می‌روند. به‌طور کلی، ژن‌ها واحدهای کدکننده‌ای هستند که یا پلی‌پپتیدها را به‌وجود می‌آورند که به نوبه خود تبدیل به پروتئین‌ها یا آنزیم‌ها می‌شوند و یا RNA را به‌وجود می‌آورند.

اما ژن‌های دیگری نیز هستند که در نواحی کدکننده ژنوم قرار ندارند؛ ولی در ژنتیک جمعیت مفید هستند. برای مثال بیشتر کروموزوم Y در انسان و سایر پستانداران از نواحی ساخته شده‌اند که کد نمی‌کنند، اما تنوع موجود بین کروموزوم‌های Y در تعیین نسب و رابطه بین گروه‌های انسانی متفاوت مفید بوده است. فرم‌های مختلف یک ژن را الل یا هم‌ردیف^۵ می‌نامند. بعضی از ژن‌ها تنوع اللی محدودی دارند و بعضی ژن‌های دیگر تنوع اللی وسیعی دارند.

1. Genomics
2. Gene
3. Locus
4. Loci
5. Alleles