

بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات

کاربردها و روش‌ها به منظور توسعه ارقام اصلاح شده

ترجمه:

دکتر کریم سرخه

عضو هیئت علمی دانشگاه سید خیران اهواز

مهندس مریم شیرانی بیدآبادی، مهندس سید احسان حسینی

مهندس معصومه حبیبی و مهندس نرگس کرمانی

بهار ۱۳۹۵

فهرست مطالب

۱۱	پیشگفتار مترجمین
۱۳	فصل اول
۱۳	پیشرفت‌های اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی
۱۳	۱-۱- مقدمه
۱۵	۱-۲- تکامل ژنتیک و اصلاح نباتات
۱۶	۱-۳- اثرات پیشرفت‌ها در طی قرن بیستم
۲۱	۱-۴- پیشرفت‌ها و مزیت‌های مورد انتظار بیوتکنولوژی
۲۲	۱-۵- توسعه ابزارها در هزاره سوم
۲۳	۱-۶- کشت بافت
۲۴	۱-۷- مهندسی ژنتیکی
۲۶	۱-۸- نشانگرهای مولکولی و نقشه‌های ژنتیکی
۲۷	۱-۹- ژنومیکس
۲۸	۱-۱۰- سایر Omic‌ها
۲۹	۱-۱۱- ترکیب اصلاح کلاسیک و بیوتکنولوژی
۳۱	۱-۱۲- چشم اندازها
۳۴	منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر
۳۷	فصل دوم
۳۷	نشانگرهای مولکولی
۳۷	۲-۱- مقدمه
۳۸	۲-۲- نشانگرهای مبتنی بر PCR
۳۹	۲-۳- نشانگرهای ریزماهواره
۳۹	۲-۳-۱- اساس ژنتیکی نشانگرهای ریزماهواره
۴۱	۲-۳-۲- آشکارسازی و آنالیز چندشکلی‌ها در ریزماهواره‌ها
۴۸	۲-۴- نشانگرهای ISSR
۴۹	۲-۵- نشانگرهای AFLP
۴۹	۲-۵-۱- پایه ژنتیکی نشانگرهای AFLP
۵۱	۲-۵-۲- آشکارسازی چندشکلی و آنالیز در AFLP
۵۳	۲-۶- نشانگرهای SCAR

۵۳	۲-۷- نشانگرهای مبتنی بر هیبریداسیون.....
۵۴	۲-۸- نشانگرهای DArT.....
۵۸	۲-۹- نشانگرهای مبتنی بر پایه توالی‌یابی.....
۶۰	۲-۱۰- نشانگرهای SNP.....
۷۰	۲-۱۱- انتخاب نشانگر مولکولی.....
۷۳	منابع جهت مطالعه بیشتر.....
۷۷	فصل سوم.....
۷۷	کاربرد بیومتری در تجزیه و تحلیل مولکولی تنوع ژنتیکی.....
۷۷	۳-۱- مقدمه.....
۸۰	۳-۲- تنوع ژنتیکی بین افراد درون جمعیت‌ها.....
۸۱	۳-۳- آنالیز خوشه‌ای.....
۸۱	۳-۴- ضریب تشابه یا عدم تشابه.....
۸۳	ب) نشانگرهای همباز.....
۸۳	۱- شاخص وزنی غیر وزنی.....
۸۴	۲- شاخص وزنی.....
۸۴	۳- شاخص d2 Peakall, Smouse.....
۸۵	۳-۵- روش‌های خوشه‌ای.....
۸۶	۳-۶- بهینه‌سازی روش خوشه‌ای کردن.....
۸۷	۳-۷- روش خوشه‌بندی ترتیبی تجمعی و سلسله مراتبی.....
۸۸	۳-۸- روش اتصال متوسط در میان خوشه‌ها یا UPGMA (روش خوشه‌ای دوتایی غیر وزنی با استفاده از میانگین حسابی).....
۸۹	۳-۹- روش اتصال متوسط وزنی در میان خوشه‌ها یا UPGMA (روش جفت خوشه وزنی با استفاده از میانگین حسابی).....
۹۰	۳-۱۰- روش واریانس حداقل وارد.....
۹۱	۳-۱۱- روش خوشه‌بندی بر مبنای گراف‌های پراکندگی.....
۹۲	۳-۱۲- طرح‌های ۲D.....
۹۹	۳-۱۳- پروژه یا طرح‌های سه بعدی.....
۱۰۳	۳-۱۴- آنالیز خوشه‌ای.....
۱۰۶	۱-۳-۱۴- روش سلسله مراتبی.....
۱۰۹	۲-۳-۱۴- شناسایی از گروه‌ها و اشعاب‌ها.....

۱۰۹	۳-۱۵- روش های بهینه سازی
۱۱۱	۳-۱۶- پراکندگی ترسیمی یا گرافیکی
۱۱۳	۳-۱۷- تنوع و ساختار جمعیت
۱۱۳	۳-۱۸- شناسایی، هتروزیگوسیتی و تنوع ژستی
۱۱۴	۳-۱۹- اندازه گیری شباهت ژنتیکی
۱۱۵	۱-۳-۱۹- شباهت بین زیر جمعیت
۱۱۵	۲-۳-۱۹- شباهت کلی از زیر جمعیت ها
۱۱۵	(b) میانگین با متوسط هتروزیگوسیتی
۱۱۶	۳-۲۰- کل هتروزیگوسیتی ژنتیکی در میان زیر جمعیت ها
۱۱۶	۱-۳-۲۰- هتروزیگوسیتی در بین زیر جمعیت ها
۱۱۶	۲-۳-۲۰- کل هتروزیگوسیتی زیر جمعیت ها
۱۱۷	(C) میانگین متوسط تنوع
۱۱۷	۳-۲۱- تنوع بین زیر جمعیت ها
۱۱۷	۱-۳-۲۱- کل تنوع زیر جمعیت ها
۱۱۸	۳-۲۲- تفاوت بین زیر جمعیت ها
۱۱۹	۳-۲۳- آنالیز واریانس مولکولی ANOVA
۱۲۱	۳-۲۴- خلاصه آنالیز واریانس
۱۲۱	۱-۳-۲۵- تخمین از اجزاء واریانس
۱۲۲	۲-۳-۲۵- آماره هایی از اجزاء واریانس و آماره های χ^2
۱۲۲	منابع جهت مطالعه ی بیشتر
۱۲۴	فصل چهارم
۱۲۴	مطالعات همبستگی ژنومی GWAS
۱۲۴	۴-۱- مقدمه
۱۲۴	۴-۲- آنالیز QTL و انتخاب ژنومی: مفهوم
۱۲۷	۴-۳- آنالیز لینکاژ (LD) و آنالیز عدم تعادل لینکاژی
۱۳۱	۴-۴- مطالعات همبستگی ژنومی
۱۳۱	۱-۴-۴- ضریب و اندازه گیری از عدم تعادل لینکاژی
۱۳۸	۴-۵- روش هایی برای آنالیز QTL از طریق LDA
۱۴۰	۴-۶- نقشه یابی ژنومی از طریق رگرسیون تکی مارکرها
۱۴۲	۴-۷- توانایی آماری و اهمیت پیوستگی برای ردیابی QTL

۱۴۵	۴-۸- نقشه‌یابی وسیع ژنومی با مدل‌های مخلوط هاپلوتیپ
۱۴۷	۴-۹- GWAS جامعه بشری
۱۵۱	۴-۱۰- GWAS از طریق Bayes C π و Bayes D π
۱۵۲	منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر
۱۵۶	فصل پنجم
۱۵۶	انتخاب وسیع ژنومی (GWS)
۱۵۶	۵-۱- مقدمه
۱۵۷	۵-۲- انتخاب وسیع ژنومی (GWS)
۱۶۱	۵-۳- دقت GWS
۱۶۵	۵-۴- جمعیت‌های نامیبت نائید و انتخاب
۱۶۷	۵-۵- همبستگی و رگرسیون بر مدل ارزش‌های ژنتیکی پیش‌بینی شده و فنوتیپ‌ها در جمعیت
۱۶۸	۵-۶- روش‌های آماری در انتخاب ژنومی (GWS)
۱۶۹	۵-۷- توصیف کلی روش‌های GWS
۱۷۷	۵-۸- روش‌های پارامتری ماتریس تلاقی ژنوتیپی
۱۷۹	۵-۹- همبستگی فنوتیپی
۱۸۰	۵-۱۰- روابط بین واریانس ژنتیکی و واریانس مارکرها
۱۸۶	۵-۱۱- آنالیز همزمان افراد با ژنوتیپ‌ها و بدون ژنوتیپ از طریق GBLUP
۱۸۹	۵-۱۲- افزایش درکارایی از انتخاب برای اصلاح گیاهان
۱۹۰	۱۲-۵-۱- گونه‌های گیاهی یک‌ساله و گونه‌های با تکثیر رویشی
۱۹۰	۱۲-۵-۲- گونه‌های گیاهی یک‌ساله دگرگرفته‌افشان
۱۹۱	۱۲-۵-۳- گونه‌های گیاهی یک‌ساله خودگشن
۱۹۱	منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر
۱۹۷	فصل ششم
۱۹۷	چشم انداز ژن‌ها
۱۹۷	۶-۱- مقدمه
۱۹۹	۶-۲- اصول نقشه‌یابی ژنتیکی
۲۰۶	۶-۳- فنوتیپ‌یابی یک جمعیت
۲۰۶	۶-۴- جمعیت‌های نقشه‌یابی

- ۵-۶- جداسازی ژن‌ها با استفاده از تکنیک‌هایی برای ژنوم ساختاری..... ۲۰۹
- ۶-۶- آنالیز پیوستگی و ساختار نقشه..... ۲۱۱
- ۶-۷- ایجاد گروه‌های پیوستگی..... ۲۱۳
- ۶-۸- تعیین فاصله و ترتیب مکان‌های ژنی در نقشه..... ۲۱۴
- ۶-۹- رابطه بین نقشه‌های ژنتیکی و فیزیکی..... ۲۱۶
- ۶-۱۰- نقشه‌یابی فیزیکی و جداسازی مکان‌های ژنی مورد نظر..... ۲۱۷
- ۶-۱۱- جداسازی ژن‌ها از ژنوم دارای عملکرد..... ۲۱۹
- ۶-۱۲- انتخاب یک تکنیک برای کلون کردن ژن دارای عملکرد..... ۲۲۰
- ۶-۱۳- کارن کردن ژن‌ها با استفاده از منابع بیوانفورماتیکی..... ۲۲۴
- ۶-۱۴- تازم ژن‌های کاندید..... ۲۲۶
- ۱۵-۶-۱- بیان بیانی (بار)..... ۲۲۷
- ۱۵-۶-۲- بیان متروپسی در آزمایشگاه..... ۲۲۷
- ۶-۱۶- چشم اندازها برای جداسازی ژن‌های مورد نظر..... ۲۲۸
- منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر..... ۲۲۹
- فصل هفتم..... ۲۳۱
- کاربردهای کشت بافت برای بهبود ژنتیکی گیاهان..... ۲۳۱
- ۱-۷- مقدمه..... ۲۳۱
- ۲-۷- تنوع سوماکلونال..... ۲۳۲
- ۳-۷- منشأ و دلایل تنوع سوماکلونال..... ۲۳۲
- ۴-۷- تنوع در منشأ بافت..... ۲۳۳
- ۵-۷- ناهنجاری‌ها در تقسیم سلولی در لوله آزمایش..... ۲۳۴
- ۶-۷- اهمیت تنظیم‌کنندگان رشد..... ۲۳۵
- ۷-۷- واکنش‌های ژنوم‌های گیاهی..... ۲۳۶
- ۸-۷- جهش‌زایی..... ۲۳۸
- ۹-۷- ترکیب پروتوپلاست..... ۲۴۱
- ۹-۷-۱- روش ترکیب پروتوپلاست..... ۲۴۲
- ۱۰-۷- ترکیب شیمیایی..... ۲۴۳
- ۱۱-۷- الکتروفیوژن..... ۲۴۳
- ۱۲-۷- انتخاب هتروکاریون‌ها و بافت‌های سوماتیک هیبرید..... ۲۴۴

۲۴۵	۱۳-۷- توصیف گیاهان هیبرید سوماتیکی
۲۴۵	۱۴-۷- نجات جنین
۲۴۷	۱۵-۷- کاربردهای کشت جنین
۲۴۷	۱۵-۷-۱- نجات جنین هیبرید زیست‌ناپذیر
۲۴۸	۱۵-۷-۲- غلبه بر عقمی بذر
۲۴۹	۱۶-۷- تولید لاین‌های دابل هاپلوئید
۲۵۲	۱۷-۷- تولید بذر مصنوعی
۲۵۴	۱۸-۷- انتخاب در لوله آزمایش
۲۵۵	۱۹-۷- حفاظت و تبادل ژن پلاسما
۲۵۷	۲۰-۷- رشد آهسته (کرباه مدت)
۲۵۹	۲۰-۷- محافظت در حالت انجماد (از لانی مدت)
۲۶۱	منابع جهت مطالعه بیشتر
۲۶۶	فصل هشتم
۲۶۶	گیاهان تراریخت
۲۶۶	۱-۸- مقدمه
۲۶۷	۲-۸- سازمان یافتن و بیان ژن در یوکاریوت‌ها
۲۶۹	۳-۸- دست‌کاری اسید نوکلئیک
۲۷۰	۴-۸- آنزیم‌های محدود کننده
۲۷۱	۵-۸- وکتورهای کلونینگ
۲۷۲	۶-۸- کتابخانه‌های ژنومی و cDNA
۲۷۳	۷-۸- روش‌هایی برای تولید گیاهان ترانسژن
۲۷۳	۷-۸-۱- انتقال ژن با استفاده از باکتری <i>Agrobacterium tumefaciens</i>
۲۷۹	۷-۸-۲- روش‌های مستقیم
۲۸۰	۷-۸-۳- بیماران ذره‌ای (Biolistic)
۲۸۲	۷-۸-۴- پروتوپلاست الکتروپوریشن
۲۸۳	۸-۸- مراحل آزمایشگاهی برای ایجاد گیاهان ترانسژن شده
۲۸۳	۸-۸-۱- جداسازی و کلون ژن مورد نظر
۲۸۳	۸-۸-۲- تهیه مواد گیاهی
۲۸۴	۸-۸-۳- انتقال DNA
۲۸۵	۸-۸-۴- باززایی گیاهان از سلول‌های ترانسفورم شده

۲۸۶	۵-۸-۸- تشخیص گیاهان ترانسژن شده
۲۸۶	۸-۹- ژن‌های مارکر
۲۸۷	۸-۱۰- ژن‌های گزارشگر
۲۸۸	۸-۱۱- استفاده، اثرات و مدیریت رقم‌های تراریخت
۲۹۱	۸-۱۲- ایمنی زیستی ارقام تراریخته
۲۹۴	۸-۱۳- ارقام ترانسژن تجاری
۲۹۵	منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر
۲۹۷	فصل نهم
۲۹۷	۹-۱- دابل، پلوئیدها
۳۰۰	۹-۲- تولید هاپلوئیدها
۳۰۱	۹-۳- کشت بافت
۳۰۳	۹-۴- تلاقی‌های دره کوهی (Wide crosses)
۳۰۷	۹-۵- لاین‌های القاء کرده ناپوئید
۳۱۲	۹-۶- شناسایی پلوئید و شمارش کوه موزوم‌ها
۳۱۲	۹-۶-۱- مارکرهای فنوتیپی
۳۱۴	۹-۶-۲- شمارش کروموزوم‌ها
۳۱۵	۹-۶-۳- فلوسایتیمتری
۳۱۶	۹-۶-۴- مارکرهای مولکولی
۳۱۷	۹-۷- تولید دابل هاپلوئیدها
۳۲۰	۹-۸- دابل هاپلوئید در اصلاح نباتات
۳۲۲	۹-۹- گیاهان خودگرده‌افشان
۳۲۲	۹-۱۰- گونه‌های دگرگرده‌افشان
۳۲۴	۹-۱۱- مزایا و معایب استفاده از دابل هاپلوئیدها
۳۲۵	۹-۱۲- کاربرد آمار ژنومی
۳۲۶	۹-۱۳- جنبه‌های اقتصادی
۳۲۶	منابع جهت مطالعه‌ی بیشتر
۳۳۱	فصل دهم
۳۳۱	ابزار اصلاح‌کنندگان آینده
۳۳۱	۱۰-۱- مقدمه

۳۳۲	۱۰-۲- ابزارهای ژنتیکی
۳۳۴	۱۰-۳- تکنیک‌های کاربردی برای ژنوم ساختاری
۳۳۹	۱۰-۴- روش‌های عملی در ژنوم کاربردی
۳۴۵	۱۰-۴- حصول مارکرهای با مقیاس متوسط و بزرگ
۳۵۳	۱۰-۵- مفاهیم برای تکنیک‌های جدید برای بهبود ژنتیکی گیاهان
۳۵۴	۱۰-۶- RNAseq و تشخیص SNP
۳۵۶	۱۰-۷- ابزارهای بیوانفورماتیک
۳۶۰	۱۰-۸- بیوکنولوژی در اصلاح نباتات
۳۶۶	۱۰-۹- دیدگاه‌های کمک ژنومی اصلاح نباتات
۳۶۷	منابع جهت مطالعه بیشتر

پیشگفتار مترجمین

با پیشرفت روزافزون فن آوری و علوم مختلف کشور، تحقیقات و پژوهش‌هایی که در ابعاد مختلف علمی انجام می‌گیرد اهمیتی بیش از پیش یافته است. از این رو برعهده تمامی دانشجویان، کارشناسان و متخصصان علوم مختلف است که در جهت ایفای نقش خود در پیشرفت علمی کشور گامی هرچند کوچک در این راه بردارند.

کشمکش‌های تغذیه جهان عظیم است و منجر به این شده که دانشمندان به جستجوی روش‌های تولید غذای کافی بپردازند. از این رو ابداعات بسیاری جهت تولید غذا به منظور مواجهه شدن با رشد تقاضا به اشتراک گذاشته شده است که شامل کشاورزی دقیق، استفاده از عناصر غذایی کم مصرف، کشت حفاظت شده و مدیریت جامع محصول می‌باشد. در میان سایر اختراعات، توسعه ارقام اصلاح شده بیشتر مورد توجه قرار گرفت و مسئول بیش از نیمی از رشد صنایع محصولات غله‌ای در قرن اخیر گردیده است. بدون شک، اصلاح گیاهان، کشاورزی را قادر می‌سازد که به طور دائم غذا، فیبر و انرژی زیستی را برای جامعه فراهم کند. برای مثال به‌نژادی، علوفه و دانه را برای غذای حیوانات جهت تامین گوشت، شیر و تخم مرغ گسترش می‌دهد. نهایت‌ای "توسعه زیستی نیازمند توسعه ارقام مؤثر به منظور تولید انرژی از طریق سوخت، اتانول و بیودیزل می‌باشد. در آینده به‌نژادی قادر به تغییر مؤثر در الگوی کشاورزی به سمت تولید سایر مواد شامل داروها، بیوپلی‌مرها و مواد شیمیایی خواهد بود.

بنابراین در این راه آگاهی از دانش به‌نژادی، بیوتکنولوژی، ژنتیک کمی و مولکولی برای به‌نژادی گیاهان و استفاده از گونه‌های وحشی به عنوان پلاسما و خزانه ژنی مهمترین ژن‌ها می‌تواند محققین را در مسیر بهبود و توسعه ایستادگی اصلاح شده و خلق ارقام جدید در تغذیه جهان یاری نماید. کتابی که پیش روی شماست ترجمه‌ای است با عنوان "بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات: کاربردها و روش‌ها به منظور توسعه ارقام اصلاح شده" بوده که با طرح جزئیات به‌نژادی، مولکولی به‌نژادی گیاهان امکان درک فرایندها و راهکارهای مورد استفاده در نیل به گیاهان اصلاح شده را فراهم می‌نماید.

در فصل اول کتاب حاضر پیشرفت‌های اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی مورد توجه قرار گرفته است. همچنین اثرات پیشرفت‌ها و مزیت‌های مورد انتظار بیوتکنولوژی در

قرن بیستم به بحث پرداخته است. در ادامه به چشم اندازها و ترکیب اصلاح کلاسیک و بیوتکنولوژی پرداخته شده است. در فصل دوم به نشانگرهای مولکولی مبتنی بر PCR، هیبریداسیون و ریزآرایه و در ادامه انتخاب بهترین نشانگر مزایا و محدودیت های هریک از نشانگرها بیان گردید. در سه فصل بعدی (فصل سوم، چهارم و پنجم) به کاربردهای روش های بیومتری در آنالیز مولکولی تنوع ژنتیکی در جوامع مختلف، همبستگی ژنومی و انتخاب وسیع ژنومی به تفصیل همراه با جزئیات ارائه شده است. چشم انداز ژن ها و کاربرد کشت بافت برای بهبود ژنتیک گیاهی در جهت ایجاد تنوع و استفادهی بهینه از تنوع حاصله در به نژاد به تاجب در فصل ششم و هفتم آمده است. در سه فصل پایانی به گیاهان تراریخته و روش های استکاری گیاهان در جهت اهداف زراعی و دارویی، تولید دابل هاپلوئیدها و مزایای استفاده از این قبیل جوامع در شناسایی مکان ژنی کنترل کنندهی صفات مختلف و در ادامه به ابزار مورد استفاده اصلاح کنندگان در آینده همراه با جزئیات به تفصیل پرداخته شده است.

بسیار خوشحال هستیم که این اثر را به دانشجویان و پژوهشگران تقدیم نمائیم و امید است که مورد قبول آنها واقع شود. همچنین از زحمات اساتید محترم گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی که با ارائه نظرات خود ما را در هرچه بهتر کردن این اثر یاری دادند، تشکر و قدردانی نمائیم.

در پایان لازم می دانیم که از کلیه عزیزانی که در تهیه، تدوین، عروف چینی و چاپ این کتاب ما را یاری نمودند، صمیمانه تشکر و سپاسگزاری شود. از انجمن گیاهان و اساتید معظم تقاضا می شود از رهنمودهای خود دریغ نفرمایند و با ارائه نظرات و پیشنهادات با ارزش خود ما را در بهبود این مجموعه در چاپ های بعدی یاری نمایند.

کریم سرخه

مریم شیرانی پیدآبادی

سید احسان سنگی

معصومه حبیبی

نرگس قره قانی پور