

نشانگرهای مولکولی

www.ketab.ir

تالیف

دکتر محمد رضا نقوی، دکتر بهزاد قره یاضی، دکتر قاسم حسینی سالکده



انتشارات دانشگاه تهران

شماره ۲۷۱۶

شماره مسلسل ۵۱۰۷

نقوی، محمدرضا، ۱۳۵۰-
 نشانگرهای مولکولی / تألیف محمدرضا نقوی، بهزاد قره‌یاضی، قاسم حسینی‌سالکده-
 تهران: دانشگاه تهران، مؤسسه انتشارات و چاپ، ۱۳۸۴.
 شافزده، ۳۱۷ ص: مصور (بخشی رنگی)، جدول- (انتشارات دانشگاه تهران؛
 شماره ۲۷۱۶).
 ISBN 964-03-5107-5: ۲۲۰۰۰ ریال
 M. R. Naghavi, B. Ghariazi, G. Hosseini Salekdeh عنوان اصلی:
 Molecular Markers.
 فهرست‌نویسی براساس اطلاعات فیبا.
 واژه‌نامه. کتابنامه.
 نمایه.
 ۱. ژنتیک مولکولی. ۲. نشانگرهای ژنتیکی. ۳. گیاهان - - پرورش. الف. قره‌یاضی،
 بهزاد، ۱۳۳۸- ب. حسینی‌سالکده، قاسم. ج. دانشگاه تهران، مؤسسه انتشارات و چاپ.
 د. عنوان.
 ۵۷۲/۸ QH ۴۴۲ / ۵۷۵۵
 ۸۴-۱۶۲۸۱ کتابخانه ملی ایران

شابک ISBN 964-03-5107-5 ۹۶۴-۰۳-۵۱۰۷-۵

عنوان: نشانگرهای مولکولی

تألیف: دکتر محمدرضا نقوی، دکتر بهزاد قره‌یاضی و دکتر قاسم حسینی‌سالکده

ناشر: مؤسسه انتشارات و چاپ دانشگاه تهران

شمارگان: ۱۰۰۰ نسخه

تاریخ انتشار: ۱۳۸۴ (چاپ اول)

چاپ و صحافی: مؤسسه انتشارات و چاپ دانشگاه تهران

مسئولیت صحت مطالب کتاب با مؤلفان است.

«کلیه حقوق برای دانشگاه تهران محفوظ است»

بها: ۲۲۰۰۰ ریال

پست الکترونیک: Press@ut.ac.ir - آدرس سایت: Press.ut.ac.ir

پیشگفتار سیزده

فصل اول- تعریف نشانگر و انواع آن ۱

۱-۱- نشانگر چیست؟ ۱

۱-۲- انواع نشانگرهای ژنتیک ۳

۱-۲-۱- نشانگرهای مورفولوژیک ۳

۱-۲-۲- نشانگرهای پروتئینی ۴

۱-۲-۳- نشانگرهای مولکولی دی.ان.ا و آر.ان.ا ۵

منابع اصلی مورد استفاده ۹

فصل دوم- نشانگرهای دی.ان.ای غیر مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلیمراز ۱۱

۲-۱- آنزیم‌های محدودگر ۱۱

۲-۱-۱- نامگذاری آنزیم‌های محدودگر ۱۲

۲-۱-۲- انواع آنزیم‌های محدودگر ۱۲

۲-۱-۲-۱- انواع آنزیم‌های محدودگر براساس نوع انتهای دی.ان.ای تولید شده ۱۳

۲-۱-۲-۲- آنزیم‌های محدودگر آیزویشیزومر ۱۴

۲-۱-۲-۳- آنزیم‌های محدودگر تولیدکننده انتهای سازگار ۱۴

۲-۱-۲-۴- تقسیم‌بندی آنزیم‌های محدودگر بر مبنای حساسیت آنها به متیل‌گذاری ۱۶

۲-۱-۲-۵- تقسیم‌بندی آنزیم‌های محدودگر بر مبنای تعداد نوکلئوتیدهای موجود

در ردیف مورد شناسایی آنها ۱۶

۲-۲- استخراج دی.ان.ا برای هضم توسط آنزیم‌های محدودگر ۱۸

۲-۳- الکتروفورز ۲۸

۲-۴- تفاوت طول قطعه‌های حاصل از هضم یا آر.اف.آل.پی ۳۰

۲-۵- لکه‌گذاری دی.ان.ا یا انتقال قطعه‌های دی.ان.ا به غشای نایلونی یا

۳۶	نیتروسلولوزی
۳۸	۲-۶- کاوشگر (پروپ) و نحوه تهیه آن
۳۹	۲-۷- تهیه کتابخانه‌های ژنومی
۴۰	۲-۸- تهیه کتابخانه‌های سی.دی.ان.ا
۴۰	۲-۹- نشاندار کردن کاوشگرها برای شناسایی قطعه‌های خاص
۴۰	۲-۹-۱- روش ترجمه بریدگی
۴۱	۲-۹-۲- استفاده از آغازگرهای تصادفی
۴۱	۲-۹-۳- نشاندار کردن با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز
۴۱	۲-۹-۴- روش نشاندار کردن انتهای
۴۲	۲-۹-۵- نشاندار کردن مستقیم
۴۳	۲-۱۰- دورگ گیری
۴۳	۲-۱۱- آشکارسازی قطعه‌های دورگ شده
۴۴	۲-۱۲- مراحل اجرای آر.اف.ال.پی
۴۸	۲-۱۳- محاسن آر.اف.ال.پی
۵۰	۲-۱۴- معایب آر.اف.ال.پی
۵۰	۲-۱۵- استفاده از آر.اف.ال.پی برای تهیه نقشه‌های ژنتیک
۵۱	۲-۱۵-۱- انتخاب والدین مناسب
۵۲	۲-۱۵-۲- تهیه جمعیت‌های در حال تفرق
۵۳	۲-۱۵-۳- نمره دهی آر.اف.ال.پی‌ها در جمعیت‌های تفرق
۵۳	۲-۱۵-۴- تجزیه پیوستگی
۵۴	۲-۱۶- نقشه‌های هضم
۵۵	۲-۱۷- پویش ژنومی نشانه‌های هضم یا آر.اف.ال.جی.اس (RLGS)
۵۶	۲-۱۸- مزایا و معایب آر.اف.ال.جی.اس
۵۶	۲-۱۹- تعداد متفاوت ردیف‌های تکراری یا وی.ان.تی.آر (VNTR)
۶۰	منابع اصلی مورد استفاده

فصل سوم- نشانگرهای دی.ان.ای مبتنی بر واکنش زنجیره‌ای پلیمرز

۶۲	۳-۱- مراحل واکنش زنجیره‌ای پلیمرز
۶۶	۳-۲- ویژگی‌های آغازگرها

۶۷	۳-۳- پی.سی.آر رونوشت بردار معکوس (PCR - RT) یا آر.ان.ا-پی.سی.آر.....
۶۷	۳-۴- کاربردهای روش پی.سی.آر.....
۶۸	۳-۴-۱- استفاده از پی.سی.آر در نقشه‌یابی دی.ان.ا.....
۶۸	۳-۴-۲- استفاده از پی.سی.آر در ردیف‌یابی دی.ان.ا.....
۷۱	۳-۴-۳- استفاده از پی.سی.آر در فیلوژنتیک مولکولی.....
۷۲	منابع اصلی مورد استفاده.....

فصل چهارم- نشانگرهای مبتنی بر نقاط نشانمند از ردیف (STS)..... ۷۳

۷۴	۴-۱- تفاوت طول قطعه‌های قابل تکثیر یا ا.ال.پی.....
۷۴	۴-۲- مزایای ا.ال.پی.....
۷۶	۴-۳- معایب ا.ال.پی.....
	۴-۴- تفاوت طول قطعه‌های حاصل از هضم فراورده‌های واکنش زنجیره‌ای
۷۶	پلیمراز یا پی.بی.آر.....
۸۰	۴-۵- مزایای پی.بی.آر.....
۸۰	۴-۶- معایب پی.بی.آر.....
۸۲	۴-۷- منابع اس.تی.اس.....
۸۳	۴-۸- مزایا و معایب نشانگرهای اس.تی.اس.....
۸۳	۴-۹- کاربردهای نشانگرهای اس.تی.اس.....
۸۴	۴-۱۰- دستیابی به نشانگرهای اس.تی.اس از طریق اینترنت.....
۸۶	منابع اصلی مورد استفاده.....

فصل پنجم- دی.ان.ای چند شکل تکثیر شده تصادفی (RAPD) و نشانگرهای

۸۷	مرتبط با آن.....
۸۷	۵-۱- نشانگرهای رپید.....
۹۱	۵-۲- مراحل روش رپید.....
۹۱	۵-۲-۱- استخراج دی.ان.ا.....
۹۲	۵-۲-۲- تخمین غلظت دی.ان.ا.....
۹۲	۵-۲-۳- انجام واکنش رپید.....
۹۲	۵-۲-۴- الکتروفورز محصولات پی.سی.آر.....

- ۹۳ ۵-۲-۵- تجزیه داده‌های ریپید
- ۹۴ ۵-۳- تکرارپذیری ریپید
- ۹۴ ۵-۳-۱- کیفیت و کمیت دی.ان.ا
- ۹۶ ۵-۳-۲- آلودگی بیولوژیک
- ۹۶ ۵-۳-۳- غلظت آغازگر
- ۹۷ ۵-۳-۴- غلظت منیزیم
- ۹۷ ۵-۳-۵- تکرارپذیری نیمرخ‌های دستگاه پی.سی.آر
- ۹۸ ۵-۳-۶- زمان واسرشته‌سازی
- ۹۸ ۵-۳-۷- درجه حرارت اتصال
- ۹۸ ۵-۳-۸- مدت زمان طولیل شدن آغازگر (ساخته شدن دی.ان.ا)
- ۹۸ ۵-۳-۹- دقت در پیپت نمودن
- ۱۰۰ ۵-۴- مزایای نشانگرهای ریپید
- ۱۰۰ ۵-۵- معایب نشانگرهای ریپید
- ۱۰۱ ۵-۶- روش پی.سی.آر آغازگر اختیاری یا ا.پی.پی.سی.آر (AP-PCR)
- ۱۰۲ ۵-۷- انگشت نگاری با دی.ان.ای تکثیر شده یا «دف»
- ۱۰۳ ۵-۸- روش‌های مبتنی بر آغازگرهای سنجاق سری
- ۱۰۳ ۵-۸-۱- روش دف با استفاده از آغازگرهای دارای ساختار سنجاق سری کوچک (mhpDAF)
- ۱۰۴ ۵-۸-۲- علائم اختیاری نیمرخ‌های تکثیری یا ا.اس.ا.پی (ASAP)
- ۱۰۵ ۵-۸-۳- الگوی برش اندونوکلازی پروفیل تکثیری چندگانه اختیاری
- ۱۰۵ ۵-۹- ویژگی‌ها و کاربردهای نشانگرهای مرتبط با ریپید
- ۱۰۷ منابع اصلی مورد استفاده
- ۱۰۹ فصل ششم- تفاوت طول قطعه‌های حاصل از تکثیر (AFLP)
- ۱۱۰ ۶-۱- مراحل روش ا.اف.ال.پی
- ۱۱۳ ۶-۱-۱- هضم دی.ان.ای ژنومی
- ۱۱۴ ۶-۱-۲- اتصال سازگار سازهای دو رشته‌ای به انتهای قطعه‌های چسبنده
- ۱۱۴ ۶-۱-۳- تکثیر پیش از مرحله انتخاب
- ۱۱۵ ۶-۱-۴- تکثیر انتخابی

- ۵-۱-۶- الکتروفورز فراوده‌های پی.سی.آر. ۱۱۵
- ۲-۶- مزایای ا.اف.ال.پی ۱۱۶
- ۳-۶- معایب ا.اف.ال.پی ۱۱۶
- ۴-۶- ویژگی‌ها و کاربرد نشانگرهای ا.اف.ال.پی ۱۱۸
- منابع اصلی مورد استفاده ۱۲۱

فصل هفتم- ردیف‌های تکراری ساده (SSRs) یا ریز ماهواره‌ها ۱۲۳

- ۱-۷- ردیف‌های تکرار شونده ۱۲۳
- ۱-۱-۷- دی.ان.ای ماهواره‌ای ۱۲۳
- ۲-۱-۷- ماهوارک‌ها ۱۲۴
- ۳-۱-۷- ریز ماهواره‌ها ۱۲۴
- ۲-۷- مزایای ریز ماهواره‌ها ۱۲۵
- ۳-۷- معایب ریز ماهواره‌ها ۱۲۶
- ۴-۷- چگونگی ایجاد دی.ان.ای تکرار شونده ۱۲۷
- ۱-۴-۷- کراسینگ‌آور نامساوی (UCO) ۱۲۷
- ۲-۴-۷- عدم جفت شدن ناشی از سرخوردن در طول رشته دی.ان.ا (خطاهای همانندسازی) ۱۲۸
- ۵-۷- دامنه تنوع واحدهای تکرار شونده ۱۲۸
- ۱-۵-۷- مدل جهش گام به گام ۱۲۹
- ۲-۵-۷- مدل آللی نامحدود ۱۲۹
- ۶-۷- فراوانی، توزیع و سازماندهی ریز ماهواره‌ها در داخل ژنوم ۱۲۹
- ۷-۷- چندشکلی دی.ان.ا با استفاده از ریز ماهواره‌ها ۱۳۰
- ۱-۷-۷- ریز ماهواره‌های نشانمند از ردیف (STMS) ۱۳۰
- ۲-۷-۷- پی.سی.آر با استفاده از آغازگرهای ریز ماهواره‌ای (MP-PCR) ۱۳۴
- ۳-۷-۷- پی.سی.آر آغازگرهای ریز ماهواره‌ای قلاب شده (AMP-PCR) ۱۳۷
- ۴-۷-۷- تفاوت‌های ریز ماهواره تکثیر شونده تصادفی یا رمپ (RAMP) ۱۳۸
- ۵-۷-۷- تکثیر انتخابی جایگاه‌های متفاوت ریز ماهواره‌ای یا سمپل (SAMPL) ۱۳۹
- ۶-۷-۷- تفاوت ریز ماهواره تکثیر شونده تصادفی یا رمپو (RAMPO) ۱۴۲
- ۸-۷- مقایسه نشانگرهای مبتنی بر ریز ماهواره ۱۴۳

- ۷-۹- کاربردهای نشانگرهای اس. اس. آر ۱۴۳
- منابع اصلی مورد استفاده ۱۴۴

فصل هشتم- تفاوت تک نوکلئوتیدی (SNP) ۱۴۷

- ۸-۱- راهکارهای ایجاد کتابخانه اس. ان. پی ۱۴۸
- ۸-۲- استفاده از اس. ان. پی در ژنتیک جمعیت ۱۵۲
- ۸-۳- روش های مختلف شناسایی تفاوت تک نوکلئوتیدی ۱۵۵
- ۸-۳-۱- تفاوت فرم فضایی رشته های منفرد (SSCP) ۱۵۵
- ۸-۳-۲- دورگ گیری الیگونوکلئوتیدی الی خاص (دورگ گیری ASO) ۱۵۷
- ۸-۳-۳- دورگ گیری لکه گذاری نقطه ای معکوس الی خاص ۱۵۸
- ۸-۳-۴- تک من اس. ا. ۱۵۸
- ۸-۳-۵- سیستم بازتاب تکثیری جهش (ARMS) ۱۶۰
- ۸-۳-۶- ناحیه تکثیر شونده با ردیف مشخص یا اسکار (SCAR) ۱۶۰
- ۸-۴- بررسی تفاوت های تک نوکلئوتیدی در فاز جامد ۱۶۳
- ۸-۴-۱- آزمایش اتصال الیگونوکلئوتیدی (OLA) ۱۶۳
- ۸-۴-۲- تکثیر جفتی و اتصال الیگونوکلئوتیدی (CAL) ۱۶۴
- ۸-۴-۳- تجزیه ذره ژنتیک (GBA) ۱۶۴
- ۸-۴-۴- ریزآرایه ها یا آرایش های الیگو نوکلئوتیدی ۱۶۵
- منابع اصلی مورد استفاده ۱۶۶

فصل نهم- روش های مختلف بررسی تظاهر ژن ۱۶۹

- ۹-۱- روش دورگ گیری کاهنده ۱۷۰
- ۹-۲- پی. سی. آر آغازگر اختیاری آر. ان. ا. (RAP-PCR) ۱۷۲
- ۹-۳- آر. تی - پی. سی. آر افتراقی (DDRT-PCR) ۱۷۳
- ۹-۴- سی. دی. ان. ا. - ا. اف. ال. پی (cDNA-AFLP) ۱۷۶
- ۹-۵- ردیف تظاهر یافته برچسب دار یا ای. اس. تی (EST) ۱۷۸
- ۹-۶- ردیف یابی نقاط نشانمند از توالی تظاهر یافته ۱۷۹
- ۹-۷- تجزیه ترتیبی تظاهر ژن (SAGE) ۱۸۰
- منابع اصلی مورد استفاده ۱۸۳

فصل دهم- کاربرد فناوری ریزآرایه برای تجزیه‌های ژنتیک ۱۸۵

۱-۱۰-آشنایی با فناوری ریزآرایه ۱۸۵

۲-۱۰-تجزیه ژنوتیپی ۱۹۰

۳-۱۰-راهکار ژنومیکس ژنتیکی ۱۹۳

۴-۱۰-فناوری آرایه تنوع یا دارت (DArT) ۱۹۵

۱-۱۰-۴-اساس کار آرایه‌های تنوع ۱۹۸

۲-۱۰-۴-آرایه تنوع برنج ۲۰۰

منابع اصلی مورد استفاده ۲۰۵

فصل یازدهم- آیزوزایم‌ها ۲۰۷

۱-۱۱-قوانین اصلی آیزوزایم‌ها ۲۰۸

۲-۱۱-منشا چند شکلی آیزوزایم‌ها ۲۰۹

۳-۱۱-پتانسیل‌های تکاملی آیزوزایم‌ها ۲۰۹

۱-۱۱-۳-پتانسیل تکاملی آنزیم‌های حاصل از تغییرات پس از ترجمه ۲۱۰

۲-۱۱-۳-پتانسیل تکاملی آیزوزایم‌های حاصل از جایگاه‌های ژنی مختلف ۲۱۰

۳-۱۱-۳-پتانسیل تکاملی آللو زایم‌ها ۲۱۱

۴-۱۱-الکتروفورز ژل نشاسته برای مطالعه آیزوزایم ۲۱۱

۱-۱۱-۴-جمع‌آوری بافت ۲۱۱

۲-۱۱-۴-استخراج آنزیم ۲۱۲

۳-۱۱-۴-الکتروفورز ژل نشاسته ۲۱۲

۴-۱۱-۴-رتبه‌بندی الگوی بانندی ۲۱۲

۵-۱۱-کاربرد آیزوزایم ۲۱۳

۱-۱۱-۵-تهیه نقشه‌های ژنتیکی ۲۱۳

۲-۱۱-۵-مطالعه تنوع ژنتیکی و طبقه‌بندی ۲۱۳

۳-۱۱-۵-استفاده از آیزوزایم‌ها در اصلاح نباتات ۲۱۶

۶-۱۱-مزایا و محدودیت‌های تجزیه آللو زایم ۲۱۷

منابع اصلی مورد استفاده ۲۱۸

فصل دوازدهم- مکان یابی ژن های کنترل کننده صفات کمی.....	۲۲۱
۱۲-۱- جمعیت های مورد استفاده در مکان یابی کیو.تی. ال.ها.....	۲۲۲
۱۲-۲- تفرق نشانگری در جمعیت ها و تهیه نقشه پیوستگی.....	۲۲۴
۱۲-۲-۱- ایجاد منبع کاوشگرها و شناسایی کاوشگرهای چند شکل.....	۲۲۵
۱۲-۲-۲- تجزیه تفرق.....	۲۲۵
۱۲-۲-۳- تجزیه آماری.....	۲۲۶
۱۲-۳- ارتباط صفات کمی با داده های نشانگری (نقشه یابی کیو.تی. ال.).....	۲۲۹
۱۲-۴- همسانه سازی کیو.تی. ال.ها.....	۲۳۳
منابع اصلی مورد استفاده.....	۲۳۶

فصل سیزدهم- ژنتیک پروتئوم.....	۲۳۷
۱۳-۱- مروری بر پروتئومیکس.....	۲۳۷
۱۳-۱-۱- آماده سازی گیاهان و نمونه برداری.....	۲۳۹
۱۳-۱-۲- استخراج پروتئین.....	۲۳۹
۱۳-۱-۳- الکتروفورز دو بعدی.....	۲۳۹
۱۳-۱-۴- آشکارسازی پروتئین ها بر روی ژل های دو بعدی.....	۲۴۰
۱۳-۱-۵- اکساب ژل ها.....	۲۴۱
۱۳-۱-۶- تجزیه ژل ها.....	۲۴۱
۱۳-۱-۷- شناسایی پروتئین ها با اسپکترومتر جرمی.....	۲۴۱
۱۳-۲- ژنتیک تغییرات کیفی پروتئوم.....	۲۴۴
۱۳-۲-۱- تغییرات مکانی (PS).....	۲۴۵
۱۳-۲-۲- حضور یا عدم حضور پروتئین (P/A).....	۲۴۶
۱۳-۳- ژنتیک تغییرات کمی پروتئوم.....	۲۴۸
۱۳-۳-۱- از کیو.تی. ال. تا پی. کیو. ال.....	۲۴۹
۱۳-۴-۲- پی. کیو. ال های پروتئین های پاسخ دهنده به تنش خشکی در ذرت.....	۲۵۲
۱۳-۴- تنوع ژنتیکی.....	۲۵۳
۱۳-۴-۱- تنوع بین گونه ای.....	۲۵۴
۱۳-۴-۲- تنوع درون گونه ای.....	۲۵۶
منابع اصلی مورد استفاده.....	۲۵۷

۲۵۹	فصل چهاردهم - مقایسه نشانگرهای مولکولی و انتخاب نشانگر مناسب
۲۵۹	۱۴-۱- ویژگی های نشانگرهای مولکولی
۲۵۹	۱۴-۱-۱- فراوانی
۲۶۰	۱۴-۱-۲- مقدار چند شکلی
۲۶۰	۱۴-۱-۳- مکان یابی خاص ژن
۲۶۱	۱۴-۱-۴- همباز بودن آلل ها
۲۶۲	۱۴-۱-۵- تکرارپذیری
۲۶۲	۱۴-۱-۶- زحمت کار
۲۶۲	۱۴-۱-۷- روش های مورد نیاز
۲۶۳	۱۴-۱-۸- هزینه های گردان
۲۶۳	۱۴-۱-۹- هزینه های توسعه
۲۶۳	۱۴-۱-۱۰- کمیت و کیفیت نمونه مورد نیاز
۲۶۴	۱۴-۱-۱۱- امکان خودکار کردن نشانگرها
۲۶۴	۱۴-۲- تعیین سودمندی نشانگرها
۲۶۴	۱۴-۲-۱- میزان ناخالصی
۲۶۶	۱۴-۲-۲- ظرفیت اطلاعات چند شکلی
۲۶۷	۱۴-۳- کاربردهای نشانگرهای مولکولی
۲۶۷	۱۴-۳-۱- تهیه نقشه های ژنتیک
۲۶۷	۱۴-۳-۱-۱- نقش نقشه های ژنتیک پس از تکمیل و تلفیق
۲۶۸	۱۴-۳-۱-۲- تهیه نقشه های تلفیقی
۲۶۹	۱۴-۳-۱-۳- نقشه های مقایسه ای
۲۷۰	۱۴-۳-۲- تخمین تنوع ژنتیکی
۲۷۲	۱۴-۳-۳- نشانمند کردن ژن های مهم اقتصادی
۲۷۲	۱۴-۳-۴- انتخاب به کمک نشانگر (همراه)
۲۸۱	۱۴-۳-۵- همسانه سازی برپایه نقشه
۲۸۴	۱۴-۳-۶- هرم بندی ژن ها
۲۸۵	۱۴-۳-۷- مدیریت مجموعه های ژنتیک
۲۸۸	۱۴-۳-۸- طبقه بندی گیاهان زراعی الیت
۲۸۹	۱۴-۳-۹- انتقال ژن از گونه های دور

۱۰-۳-۱۴- انتقال تراژن‌ها از گیاهان تراریخته به ارقام زراعی مطلوب ۲۹۰

۱۱-۳-۱۴- استفاده از نشانگرهای دی.ان.ا در قرنطینه نباتی ۲۹۱

۴-۱۴- انتخاب نشانگر مناسب ۲۹۱

منابع اصلی مورد استفاده ۲۹۶

فرهنگ واژه‌ها ۲۹۹

فهرست واژه‌گان ۳۱۵

پیش‌گفتار

جمعیت جهان در آغاز هزارهٔ جدید از مرز ۶ میلیارد نفر گذشت. در سال ۲۰۳۰ (۲۵ سال دیگر) به ۱۰ میلیارد نفر خواهد رسید. در سال ۱۹۹۶، سازمان خواربار جهانی میزبان سران کشورهای عضو در اجلاس جهانی غذا بود. سران کشورها در بیانیه‌ای که بعدها به بیانیهٔ رم مشهور شد بر حق همه برای دسترسی به غذای سالم و مغذی تأکید کردند. آنها متعهد شدند که تا سال ۲۰۱۵ تعداد افرادی را که از گرسنگی رنج می‌برند به نصف تعداد گرسنگان در زمان برگزاری اجلاس تقلیل دهند. اگرچه منتقدان همین تعهد را شرم‌آور خواندند و آن را به منزلهٔ پذیرش وجود صدها میلیون گرسنه در پایان سال ۲۰۱۵ تلقی کردند، اما محاسبات و تخمین‌های به عمل آمده در خوش‌بینانه‌ترین حالت حکایت از آن دارد که تنها ۳۷ کشور توانسته‌اند به تعهد خود در مورد کاهش تعداد گرسنگان عمل کنند. در واقع هم اکنون افراد گرسنه بیش از زمان برگزاری اجلاس جهانی غذاست.

امروزه بیش از ۷۰ درصد مردم جهان تولیدات کشاورزی خود را خودشان به مصرف می‌رسانند، یعنی تنها سی درصد از فراورده‌های کشاورزی و غذایی مورد مبادله قرار می‌گیرند. براساس تخمین سازمان ملل متحد، در سال ۲۰۲۵ بیش از نیمی از مردم جهان در شهرها زندگی خواهند کرد. این عده به تولیدات غذایی کشاورزان متکی خواهند بود. مطالعات مختلف نشان می‌دهند که تولیدات غذایی جهان تا سال ۲۰۲۵ باید دو برابر شود تا نیازهای جمعیت روبه رشد در حد فعلی رفع گردد. البته این مقدار غذا باید از زمین‌های موجود به‌دست آید تا فشار کمتری به محیط‌های طبیعی وارد شود. علاوه‌براین، محدودیت‌های اقلیمی مانع‌ای برای رشد و توسعه زمین‌های زیر کشت است. کشورهای مختلف از نظر خودکفایی در تولید محصولات راهبردی و غذای اصلی خود به طور چشمگیری با یکدیگر تفاوت دارند. درحالی که کشوری مانند آمریکا و برخی کشورهای توسعه یافته دیگر با اضافه بود محصولات راهبردی مانند برنج، ذرت و سایر غلات مواجه‌اند. بسیاری از کشورهای در حال توسعه مانند ایران در این زمینه کاملاً وابسته‌اند و بخش بزرگی از محصولات مورد نیاز خود را از خارج از کشور وارد می‌کنند.

بیوتکنولوژی (تکنولوژی زیستی) مدرن، فناوری نوینی است که می‌تواند با تغییر ساختار ژنتیکی محصولات زراعی و سایر گیاهان، عملکرد آنها را در واحد سطح افزایش دهد و

از طرفی امکان توسعه کشت آنها را در زمین‌های شور، خشک یا اقلیم‌هایی با تنش‌های غیر زیستی مانند سرما گرما و تنش‌های زیستی مانند آفت‌ها و بیماری‌ها فراهم آورد و از این رهگذر موجب افزایش عملکرد در واحد سطح شود. بهبود کیفیت مواد غذایی و غذاهایی سالم‌تر که تولید آنها مستلزم آلودگی محیط زیست نباشد، تولید واکسن‌های خوراکی و حتی پلاستیک‌های زیست تخریب‌پذیر نیز از هدف‌های بیوتکنولوژی مدرن هستند. کیومر^(۱) (۱۹۹۹) علم بیوتکنولوژی را به صورت زیر تعریف کرده است:

«هرگونه استفاده از موجودات زنده (یا بخش‌هایی از موجودات زنده مانند بافت و سلول) برای ایجاد یک فراورده و یا تغییر یک محصول، بهبود حیوان و گیاه و یا ایجاد ریزسازواره‌ها^(۲) برای استفاده بشر و بهبود رفاه وی بیوتکنولوژی نام دارد».

اگرچه اصلاح نباتات سنتی، توانسته است با بهره‌گیری از دانش ژنتیک و پیشرفت‌های حاصل از علوم زیستی تحولات درخور تحسینی را ایجاد کند و موجبات رفع سوء تغذیه در فقیرترین و پر جمعیت‌ترین قاره جهان، یعنی آسیا را فراهم آورد، اما همچنان نیازمند ادامه تحول و توسعه است. نیمه دوم قرن بیستم شاهد انقلابی بود که بعدها به انقلاب سبز موسوم شد، ویژگی بارز این انقلاب، ایجاد، معرفی و استفاده از ارقام زراعی اصلاح شده به‌ویژه گندم در کشورهای در حال توسعه (مانند هندوستان)، با مساعدت و حمایت سیستم‌های بین‌المللی تحقیقات کشاورزی مانند سمیت^(۳) است که در دهه ۱۹۶۰ و ۱۹۷۰ تاسیس شدند. اگرچه بنیان‌های علمی مورد نیاز انقلاب سبز در قرن نوزدهم پایه‌گذاری شد، اما این بنیان‌ها در قرن بیستم مستحکم‌تر گردید و به ثمر نشست. انقلاب سبز در کشورهای پیشرفته در نیمه نخست قرن بیستم و در کشورهای در حال توسعه در نیمه دوم این قرن تحقق یافت.

به هر حال اکنون و پس از گذشت نزدیک به سه دهه از انقلاب سبز در کشورهای جهان سوم، تحول بنیادین و اساسی در اصلاح نباتات به روش‌های سنتی متوقف شده است. این امر موجب توجه متخصصان و سیاست‌گذاران به روش‌های نوین و دانش‌مدارتر اصلاح نباتات شده است، روش‌هایی که ممکن است مرزهای انقلاب سبز را در نور دیده و به «انقلاب ژن» منتهی شود.

بنیان‌های علمی انقلاب ژن، حدود یک قرن پس از پایه‌ریزی بنیان‌های انقلاب سبز و همزمان با نمردهی آنها برپا شد. انقلاب ژن دارای دو شاخه اساسی است: مهندسی ژنتیک و

اصلاح نباتات به کمک نشانگرهای مولکولی.

(۱) مهندسی ژنتیک

امروزه استفاده از روش‌های مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی، ساختن مولکول‌های دی.ان.ای با خواص وراثتی دلخواه را امکان‌پذیر نموده و از این رهگذر تحول عظیمی را در علوم زیستی پدید آورده است. در حقیقت مهندسی ژنتیک به دلیل قدرت در تغییر ریزسازواره‌ها، گیاهان و حیوانات، یکی از مهم‌ترین و جذاب‌ترین شاخه‌های بیوتکنولوژی به شمار می‌آید و به طور گسترده و برای اهداف گوناگون مورد استفاده قرار می‌گیرد.

مهندسی ژنتیک به تولید فراورده‌های تراریخته می‌انجامد و هم اکنون هم در مدت بسیار کوتاهی پس از پایه‌گذاری آن تحولات گسترده‌ای را در عرصه تولید محصولات کشاورزی، بازاریابی، برچسب زنی و حتی بازرگانی در روابط خریدار و فروشنده ایجاد کرده است. فراورده‌های وابسته به مهندسی ژنتیک از نیمه دهه ۱۹۹۰ به بازار مصرف عرضه شدند و در مدت کمتر از هشت سال، سطح زیرکشتی برابر با ۶۸/۷ میلیون هکتار را به خود اختصاص دادند. این استقبال گسترده جهانی و توسعه روزافزون سطح زیر کشت در کشورهای پیشرفته مانند آمریکا و کانادا و کشورهای در حال توسعه مانند آرژانتین، چین و هندوستان حکایت از کارآمدی و سودمندی این روش در بهبود گیاهان زراعی دارد. اگرچه مهندسی ژنتیک با از بیش رو برداشتن موانع اصلاح نباتات به روش سنتی و ایجاد امکان دسترسی به ژن‌های مفید از گونه‌ها، جنس‌ها و حتی خانواده‌ها و شاخه‌های بسیار متفاوت، در مدتی کوتاه گام بلندی را در جهت تحقق انقلاب ژن برداشته است، اما همراه با خود نگرانی‌ها و ملاحظات را نیز ایجاد کرده است که موجب مخالفت گروه‌های مختلفی از سازمان‌های غیر دولتی، طرفداران حفاظت محیط زیست و حتی برخی از دولت‌ها و دانشمندان رشته‌های مختلف نیز شده است. این قبیل ملاحظات که تدابیری با نام "ایمنی زیستی" را به دنبال داشته و به تصویب قراردادهای پروتکل‌های بین‌المللی متعددی انجامیده است، تبادل فراورده‌های ناشی از مهندسی ژنتیک را دچار پیچیدگی روزافزونی نموده است. به هر تقدیر مهندسی ژنتیک، دستاوردها و پیامدهای آن خارج از قلمرو مباحثی است که برای کتاب حاضر در نظر گرفته شده است و خوانندگان عزیز به نوشتارهای مفید دیگری که در این زمینه وجود دارند ارجاع می‌شوند.

(۲) استفاده از نشانگرهای مولکولی به ویژه در اصلاح نباتات

اصلاح نباتات به کمک نشانگرهای مولکولی و به عبارت کلی‌تر آنچه که امروزه در

مجموعه‌ای با عنوان ژنومیکس و پروتئومیکس می‌گنجد، پایه دیگر انقلاب ژن محسوب می‌شود. ویژگی بارز اصلاح نباتات به کمک نشانگرهای مولکولی، تلفیق ویژگی‌های مطلوب و توانمندی‌های اصلاح نباتات سنتی و زیست‌شناسی مولکولی است. در واقع محصول نهایی و فراورده اصلاح نباتات به کمک نشانگرهای مولکولی موجودی تراریخته نیست و مبانی علمی اصلاح و ایجاد یک وارثه زراعی برتر تفاوتی با سایر روش‌های کهن و سنتی اصلاح نباتات ندارد. براین اساس با وجود آنکه اصلاح نباتات به کمک نشانگرها، ژنومیکس و پروتئومیکس عناصر اساسی و اصلی انقلاب ژن محسوب می‌شوند، اما نگرانی‌ها و ملاحظات که در مورد محصولات و فراورده‌های مهندسی ژنتیک ابراز شده است در این مورد به هیچ وجه وجود ندارد. کتابی که در دست دارید تلاش دارد تا با تبیین مفاهیم اولیه به معرفی و کاربرد نشانگرهای مولکولی بپردازد. البته غلبه کاربردها و مثال‌های موجود در این کتاب در زمینه‌های گیاهی است، ولی در ویرایش آینده تلاش خواهد شد تا جنبه‌های دامی و پزشکی نیز، بیشتر مدنظر قرار گیرد. اگر چه ممکن است به تازگی کتاب‌های ارزشمند دیگری در زمینه نشانگرهای مولکولی و کاربرد آن توسط همکاران فاضل و دانشمند، به زیور طبع آراسته شده باشند، ولی براساس مطالعات و بررسی نویسندگان متأسفانه ضمن آنکه تعداد این قبیل نوشتارها و کتاب‌های علمی در این زمینه به زبان فارسی به شمار انگشتان یک دست نیز نمی‌رسد، عنوان‌های موجود در این زمینه پوشش جامعی نیز به موضوع مورد نظر نمی‌دهند. البته هر یک در نوع خود بخش‌هایی از مطالب را به بهترین نحو ارائه داده‌اند که در خور تقدیر و تحسین است.

ادعای کامل بودن، جامعیت و بدون نقص و ایراد بودن یک نوشتار کسری بی‌هوده است و نشان از عدم احاطه علمی مدعی دارد. بنابراین نویسندگان به هیچ وجه روی چنین ادعایی ندارند و خود به کاستی‌های آن اقرار دارند. اما آنچه بدان متعهدند و ابراز می‌نمایند این است که تا زمان انتشار این مجموعه یکی از کامل‌ترین کتاب‌های موجود به زبان فارسی در زمینه نشانگرهای مولکولی و کاربردهای آن است. امید داریم که این اثر بتواند پاسخگوی انتظارات مشتاقان بیوتکنولوژی مدرن به‌ویژه دانشجویان و استادان رشته‌های مختلف علوم زیستی، پزشکی و کشاورزی باشد.

امید است اهل فضل و دانش، کاستی‌های این کتاب را به دیده اغماض بنگرند و در عین حال نویسندگان را از انتقادات، پیشنهادها و اصلاحات مورد نظر خویش آگاه سازند. برخی از شکل‌های کتاب توسط آقای ناصر چیان طراحی شده‌اند که بدینوسیله از ایشان سپاسگزاری می‌نماید.

دکتر محمدرضا نقوی، دکتر بهزاد قره‌یاضی، دکتر قاسم حسینی‌سالکده