

تحلیل مولکولی صفات کمی و نقشه یابی QTL در حیوانات اهلی: وضعیت فعلی و چشم انداز آینده مطالعات ژنومی در ایران

علی اسمعیلی زاده کشکوئی

دانشیار و عضو هیات علمی بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان

پست الکترونیکی: aliesmaili@uk.ac.ir

چکیده

پیشرفت های شگفت انگیز در علوم و فناوریهای نوین ژنومی امکان تحلیل خصوصیات کمی دارای مکانیسم توارثی پیچیده را از دیدگاه مولکولی فراهم نموده است. در این مقاله ضمن اشاره به این فناوریها، گزارشی از تحقیقات انجام شده در خصوص مکان یابی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات کمی (QTL) در حیوانات اهلی در شرایط ایران ارائه می شود. بطور خلاصه، اگرچه در بسیاری از کشورهای پیشرفته، مطالعات وسیعی در خصوص نقشه یابی QTL در حیوانات اهلی انجام شده و در حال استفاده از اطلاعات حاصل از پروژه های ژنومی برای تحلیل مولکولی صفات اقتصادی و استفاده از آنها در برنامه های اصلاح نژادی هستند، در ایران مطالعات بسیار محدودی در این زمینه انجام گرفته است. با توجه به امکان دسترسی به حجم عظیمی از اطلاعات ژنومی، برای تامین اهداف ترسیم شده در نقشه جامع علمی کشور در این بخش، برنامه ریزی در جهت استفاده از این اطلاعات در تحقیقات علوم دامی و کاربرد نتایج در آینده ضروری است.

واژه های کلیدی: آنالیز ژنوم - اپی ژنتیک - انتخاب ژنومی - پوشش کل ژنوم - صفات اقتصادی

مقدمه

اکثر صفات اقتصادی در حیوانات اهلی دارای توارث پلی ژنیک و اصطلاحاً "کمی" هستند. این خصوصیات دارای مکانیسم توارثی بسیار پیچیده بوده بطوریکه تعداد زیادی ژن و هر کدام با اندازه و نوع اثر متفاوت بر شکل گیری فنوتیپ حیوان تاثیر دارند. علاوه براین، این خصوصیات متأثر از عوامل محیطی و اثرات متقابل ژنها با همدیگر و محیط می باشند. فناوریهای نوین ژنومی امکان تحلیل این خصوصیات را از دیدگاه مولکولی فراهم نموده است. در این مقاله ضمن اشاره به این فناوریها، گزارشی از تحقیقات انجام شده در خصوص مکان یابی نواحی ژنومی کنترل کننده صفات کمی (QTL) در حیوانات اهلی در شرایط ایران ارائه شده و آینده استفاده از این فناوری ها در تحقیقات مرتبط با دام در کشور ترسیم می گردد.

تحلیل مولکولی صفات کمی

روشهای شناسایی ژنهای مرتبط با صفات کمی را می توان به دو دسته روشهای مبتنی بر فرضیه بیولوژیک (برای مثال، روشهای مطالعه ژن کاندیدا) و روشهای غیر مبتنی بر فرض (برای مثال، پوشش کل ژنوم) تقسیم بندی نمود (جدول ۱). در خصوص روشهای مبتنی بر فرض که در آنها بیولوژی ژن و واکنش های بیوشیمیایی و فیزیولوژیک دخیل در بروز صفت کمی در نظر گرفته شده و قبل از انجام آزمایش یک فرض بیولوژیک تشکیل و پس از جمع آوری داده ها، آزمون فرض آماری برای بررسی ارتباط ژن یا نشانگر با صفت مورد نظر انجام می گیرد. آزمایشاتی نیز که برای تایید تفرق یک یا چند ژن خاص در یک جمعیت تکرار می شوند در این دسته قرار می گیرند. ارتباط صفت با ژن کاندیدا ممکن است مستقیم باشد یعنی SNP های عملکردی (جابه جایی های تک نوکلوتیدی که منجر به جایگزینی اسید آمینه متفاوت در ساختار پروتئین می شوند) مورد آزمون واقع شوند. ممکن است از یک سری SNP ها که عملکردی نبوده بلکه احتمال می رود که دارای عدم تعادل فاز پیوستگی (LD)