

مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش

به کمک نشانگر

مبانی، کاربرد و مزایا

تألیف

ان‌مانیکاندا بوپاتی

ترجمه

دکتر سید محمد مهدی مرتضویان

دکتر حسین رامشینی



شماره مسلسل ۹۳۷۹

شماره انتشار ۳۹۰۱

انتشارات دانشگاه تهران

سرشناسه	بوپاتی، ان. مانیکاندا Boopathi, N. Manikanda
عنوان و نام پدیدآور	: مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر: مبانی، کاربرد و مزایا/ تألیف ان‌مانیکاندا بوپاتی؛ مترجمان سید محمد مهدی مرتضویان، حسین رامشینی. تهران: دانشگاه تهران، مؤسسه انتشارات، ۱۳۹۶.
مشخصات نشر	: ۴۹۶ ص: مصور، جدول، نمودار.
مشخصات ظاهری	: انتشارات دانشگاه تهران؛ شماره انتشار ۳۹۰۱.
فروست	: 978-964-03-7156-5
شابک	
وضعیت فهرست‌نویسی	: فیپا
یادداشت	: عنوان اصلی: Genetic Mapping and Marker Assisted Selection: Basics, Practice and Benefits, [2013].
یادداشت	: واژه‌نامه.
یادداشت	: کتابنامه.
موضوع	: ژن نگاشت گیاهی
موضوع	: نشانگرهای ژنتیکی
شناسه افزوده	: مرتضویان، سیدمحمد مهدی، ۱۳۵۸-، مترجم
شناسه افزوده	: رامشینی، حسین، ۱۳۵۹-، مترجم
شناسه افزوده	: دانشگاه تهران، مؤسسه انتشارات
رده‌بندی کنگره	: ۱۳۹۷ م۷/ب۹/۴۵/۹۸۱/۴۵ QK
رده‌بندی دیویی	: ۶۳۱/۵۲۳۳
شماره کتابشناسی ملی	: ۴۹۸۷۰۰

این کتاب مشمول قانون حمایت از حقوق مؤلفان و مصنفان است. تکثیر کتاب به هر روش اعم از فتوکپی، ریسوگرافی، تهیه فایل‌های pdf، لوح فشرده، بازنویسی در وبلاگ‌ها، سایت‌ها، مجله‌ها و کتاب، بدون اجازه کتبی ناشر مجاز نیست و موجب پیگرد قانونی می‌شود و تمامی حقوق برای ناشر محفوظ است.

ISBN:978-964-03-7156-5



9 789640 371565

عنوان: مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر؛ مبانی، کاربرد و مزایا

تألیف: ان‌مانیکاندا بوپاتی

ترجمه: دکتر سیدمحمد مهدی مرتضویان - دکتر حسین رامشینی

ویرایش ادبی: مهرناز بوجاری‌صفت

نوبت چاپ: اول

تاریخ انتشار: ۱۳۹۷

شمارگان: ۲۰۰ نسخه

ناشر: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران

چاپ و صحافی: مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران

«مسئولیت صحت مطالب کتاب با مترجمان است»

بها: ۳۵۰۰۰۰ ریال

خیابان کارگر شمالی - خیابان شهید فرش مقدم - مؤسسه انتشارات دانشگاه تهران

پست الکترونیک: [press@ut.ac.ir](mailto:press@ut.ac.ir) - تارنما: <http://press.ut.ac.ir>

پخش و فروش: تلفکس ۸۸۳۳۸۷۱۲

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

## فهرست مطالب

پیشگفتار مترجمان.....	ظ
پیشگفتار مؤلف.....	غ
فصل اول - تعیین ویژگی‌های ژرم پلاسما: بهره‌برداری از منابع مهجور.....	۱
بررسی فنوتیپی و ویژگی‌های زراعی و مورفولوژیکی.....	۳
مطالعه موردی در تعیین خصوصیات ژرم پلاسما برنج مقاوم به خشکی.....	۳
صفات مفید برای اندازه‌گیری.....	۵
کاوش آلی.....	۸
تنوع ژنتیکی و گروه‌بندی.....	۱۳
نرم‌افزار.....	۱۴
اصول نهفته در تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی.....	۱۵
اصول محاسبه نیکویی برازش یک گروه‌بندی.....	۱۷
تجزیه تنوع ژنتیکی با استفاده از نشانگرهای مولکولی.....	۱۸
انتخاب والدین.....	۳۲
منابع.....	۳۳
منابع مورد استفاده.....	۳۳
منابع برای مطالعه بیشتر.....	۳۳
فصل دوم - تشکیل جمعیت در حال تفرق.....	۳۵
جمعیت در حال تفرق و اهمیت آن در مکان‌یابی ژنتیکی.....	۳۵
تکنیک‌های خودگشنی و تلاقی در گیاهان زراعی.....	۳۸
نتاج F2.....	۴۳
جوامع مشتق از F2 (F2:3).....	۴۳
جوامع تلاقی بین F2 یا جوامع F2 پایدار شده.....	۴۴
لاین‌های هاپلوئید مضاعف.....	۴۵
نتاج BC.....	۴۵

۴۶	RIL ها
۴۷	NIL ها، کتابخانه‌های بیگانه و جوامع پیشرفته تلاقی برگشتی
۴۸	جوامع تلاقی چهارطرفه
۴۹	جوامع تلاقی چندگانه
۵۰	جوامع نقشه‌یابی ارتباط آشیان‌های
۵۲	جوامع طبیعی
۵۳	استوک‌های ژنتیکی اختصاصی کروموزوم برای مکان‌یابی پیوستگی
۵۴	تجزیه تفرق توده
۵۵	ترکیب نشانگرها و جوامع
۵۶	خصوصیات جوامع نقشه‌یابی
۵۶	انتخاب جوامع مکان‌یابی
۵۶	مشکلات تهیه جمعیت نقشه‌یابی و راه‌حل فائق آمدن بر این مشکلات
۵۹	منابع
۶۰	منابع مورد استفاده
۶۰	منابع برای مطالعه بیشتر
۶۱	<b>فصل سوم - ارزیابی ژنوتیپی جمعیت نقشه‌یابی</b>
۶۱	نشانگرها و اهمیت آن
۶۲	نشانگرهای مورفولوژیکی
۶۳	نشانگرهای بیوشیمیایی یا آیزوایمها
۶۴	میانی
۶۶	الکتروفورز
۶۶	کروماتوگرافی
۶۷	فیلتراسیون ژل
۶۷	ایمنوشیمیایی
۶۸	فعالیت کاتالیزوری
۶۹	ساختار و سازمان‌دهی ژنوم
۷۲	ساختار کروموزوم
۷۳	DNA میتوکندری
۷۴	DNA کلروپلاست
۷۴	نشانگرهای مولکولی
۸۲	چندشکلی طولی حاصل از برش ((RFLP

فهرست □ ج

۸۴	روش‌های مبتنی بر PCR.....
۸۴	نشانگرهای مبتنی بر PCR با آغازگر تصادفی.....
۸۴	DNA چندشکل تکثیرشده تصادفی ((RAPD.....
۸۵	واکنش زنجیره‌ای پلیمرز با آغازگرهای تصادفی (AP-PCR) و انگشت‌نگاری تکثیر DNA (DAF).....
۸۶	چندشکلی طولی قطعات تکثیرشده ((AFLP.....
۹۰	نشانگرهای مبتنی بر PCR اختصاصی توالی.....
۹۱	تکنیک نشانگر مبتنی بر ریزماهواره.....
۹۵	ریزماهواره‌های اندامکی.....
۹۵	ریزماهواره‌های کلروپلاست.....
۹۶	ریزماهواره‌های میتوکندریایی ((mt.....
۹۷	تکرارهای توالی ساده - بینابینی ((ISSR.....
۹۸	چندشکلی تک‌نوکلئوتیدی (SNPها).....
۹۹	چندشکلی تک‌ویژگی ((SFP.....
۱۰۰	نواحی تکثیرشده مشخصه توالی ((SCAR.....
۱۰۱	توالی‌های چندشکل تکثیرشده برش خورده ((CAPS.....
۱۰۲	چندشکلی‌های ریزماهواره تکثیرشده به صورت تصادفی ((RAMP.....
۱۰۳	چندشکلی تکثیرشده مرتبط با توالی ((SRAP.....
۱۰۳	چندشکلی تکثیر ناحیه هدف ((TRAP.....
۱۰۴	چندشکلی در شکل فضایی تک‌رشته ((SSCP.....
۱۰۵	نشانگرهای مولکولی مبتنی بر عناصر متحرک ((TE.....
۱۰۶	نشانگرهای مولکولی مبتنی بر رتروترانسپوزون..... چندشکلی تکثیر رتروترانسپوزون بینابینی (IRAP) و چندشکلی تکثیر رتروترانسپوزون - ریزماهواره
۱۰۷	((REMAP.....
۱۰۸	چندشکلی تکثیر توالی اختصاصی ((S-SAP.....
۱۰۸	چندشکلی درجی مبتنی بر رتروترانسپوزون ((RBIP.....
۱۰۹	نمایش ترانسپوزونی ((TD.....
۱۰۹	چندشکلی بین MITE (IMP).....
۱۱۰	فناوری آرایه تنوع ((DArT.....
۱۱۰	نشانگر جایگاه مشترک پیرایش اگزون - اینترون اینترون - هدف ((IT-ISJ.....
۱۱۱	نشانگرهای DNA وابسته به جایگاه برش ((RAD.....
۱۱۱	نشانگرهای مولکولی مبتنی بر RNA.....
۱۱۱	cDNA-AFLP.....

## ح □ مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر

۱۱۲	انگشت‌نگاری RNA با استفاده از PCR با آغازگر تصادفی ((RAP-PCR
۱۱۳	cDNA-SSCP
۱۱۳	نقش ژنومیکس
۱۱۹	انتخاب فناوری نشانگر
۱۲۰	مسئله پژوهش
۱۲۰	تعداد جایگاه‌های ژنی یا آلل‌ها
۱۲۰	سطح تمایز
۱۲۱	روش توارث
۱۲۱	کیفیت DNA
۱۲۱	تخصص لازم
۱۲۱	هزینه
۱۲۲	سرعت
۱۲۲	تکرارپذیری
۱۲۲	روش‌های PCR در مقابل غیر PCR
۱۲۳	ارزیابی ژنوتیپی و نمره‌دهی
۱۲۵	تجزیه و تحلیل نمره ژنوتیپ: آزمون مربع کای
۱۲۵	آزمون مربع کای به منظور بررسی نسبت تفرق با استفاده از برنامه ANTMAP
۱۲۶	منابع
۱۲۶	منابع مورد استفاده
۱۲۸	منابع برای مطالعه بیشتر
۱۳۱	<b>فصل چهارم - ساخت نقشه پیوستگی</b>
۱۳۱	اصول مکان‌یابی ژنتیکی / پیوستگی: نسبت‌های مندلی، کراسینگ اور و پیوستگی ناقص
۱۴۱	توابع مکان‌یابی
۱۴۴	مکان‌یابی نشانگرهای ژنتیکی: نکات عملی
۱۴۵	آزمون پیوستگی: مقادیر LOD
۱۴۶	گروه‌بندی، مرتب کردن و تعیین فاصله
۱۵۰	منابع خطا
۱۵۳	تخصیص کروموزومی
۱۵۴	آلوپلی پلوئیدی و اتوپلی پلوئیدی
۱۵۵	پل زدن بین نقشه‌های پیوستگی برای تشکیل نقشه‌های پیوستگی واحد
۱۷۶	منابع

فهرست □ خ

منابع مورد استفاده	۱۷۶
منابع برای مطالعه بیشتر	۱۷۷
<b>فصل پنجم - ارزیابی فنوتیپی</b>	۱۷۹
ارزیابی فنوتیپی در مقابل مکان‌یابی QTL	۱۷۹
نیاز به ارزیابی دقیق فنوتیپی	۱۸۱
ارزیابی فنوتیپی برای تنش‌های زنده	۱۸۳
ارزیابی فنوتیپی برای تنش‌های غیرزنده	۱۸۵
وراثت‌پذیری فنوتیپ‌ها	۱۸۶
تجزیه آماری داده‌های فنوتیپی: آماره‌های ساده، برآورد وراثت‌پذیری و همبستگی	۱۸۹
منابع	۱۹۰
منابع مورد استفاده	۱۹۰
منابع برای مطالعه بیشتر	۱۹۰
<b>فصل ششم - شناسایی QTL</b>	۱۹۱
QTL: پیش‌درآمد	۱۹۱
تجزیه تک - نشانگر ((SMA	۱۹۷
مکان‌یابی فاصله‌ای	۱۹۸
QTL چندگانه و روش‌های شناسایی QTL چندگانه	۲۰۵
مکان‌یابی فاصله‌ای مرکب	۲۰۷
مکان‌یابی صفات متعدد	۲۰۷
آزمون QTL پیوسته در مقابل QTL پلیوتروپی	۲۰۸
مکان‌یابی فاصله‌ای چندگانه (MIM) یا مکان‌یابی QTL چندگانه	۲۰۸
معنی‌داری آماری	۲۲۸
آزمون جایگشت	۲۲۹
انجام بوت استرپ	۲۲۹
جایگشت در مقابل بوت استرپ و سایر روش‌ها	۲۲۹
برهمکنش QTL × QTL: اثر اپیستازی	۲۳۰
برهمکنش محیط × QTL	۲۳۲
توافق QTL: محیط‌ها از یک سو و زمینه ژنتیکی از سوی دیگر در MAS مهم‌اند	۲۳۴
تجزیه متا-QTL	۲۳۵
نکات پایانی در خصوص روش‌های QTL	۲۳۶

۲۳۷	روش‌های دیگر در مکان‌یابی معمول QTL
۲۳۸	تجزیه تفرق توده و ارزیابی ژنوتیپی انتخابی
۲۳۹	به‌نژادی به کمک ژنومیکس
۲۴۰	مکان‌یابی آرایه
۲۴۲	مکان‌یابی ارتباط
۲۴۷	مکان‌یابی ارتباط آشیانه‌ای
۲۴۹	EcoTILLING
۲۵۰	مشکلات موجود در مکان‌یابی QTL
۲۵۰	روبه‌رو شدن با جوامع مکان‌یابی
۲۵۳	نشانگرها و الزامات آن
۲۵۴	انحراف تفرق
۲۵۵	ارزیابی فنوتیپی
۲۵۷	مسائل آماری
۲۶۴	مزایای عملی
۲۶۵	منابع
۲۶۵	منابع مورد استفاده
۲۶۶	منابع برای مطالعه بیشتر
۲۶۹	<b>فصل هفتم - نقشه‌یابی دقیق</b>
۲۶۹	ضرورت مکان‌یابی دقیق یا مکان‌یابی با بزرگ‌نمایی بالا
۲۷۰	نشانگرهای مولکولی مناسب برای مکان‌یابی دقیق
۲۷۱	مکان‌یابی فیزیکی و نقش آن در مکان‌یابی دقیق
۲۷۲	مکان‌یابی مقایسه‌ای
۲۷۴	ژنومیکس ژنتیکی / مکان‌یابی مکان‌های ژنی مؤثر در بیان ژن
۲۷۸	همسازسازی براساس نقشه
۲۸۰	تأیید QTL ها
۲۸۰	آزمایش نشانگرها در خویشاوندان
۲۸۱	منابع
۲۸۱	منابع مورد استفاده
۲۸۱	منابع برای مطالعه بیشتر
۲۸۳	<b>فصل هشتم - گزینش به کمک نشانگر</b>



۲۸۴	مزیت‌های MAS
۲۸۶	محدودیت‌های MAS
۲۸۷	پیش‌نیازها برای برنامه کارآمد گزینش به کمک نشانگر
۲۸۸	روشی فراگیر MAS برای گزینش لینه‌های اصلاحی یا جمعیت‌ها
۲۸۹	اصلاح تلاقی برگشتی با کمک نشانگر
۲۹۵	هرمی کردن یا گردآوری ژن‌ها
۲۹۶	روش‌های پیشرفته هرمی کردن ژن
۲۹۷	گزینش دوره‌ای به کمک نشانگر ((MARS
۳۰۱	تجزیه QTL تلاقی برگشتی پیشرفته
۳۰۱	مکان‌یابی هم‌زمان با اجرای برنامه
۳۰۲	کاربرد نشانگرها در نگهداری ژرم‌پلاسم، ارزیابی و کاربرد
۳۰۲	منابع MAS در شبکه اینترنت
۳۰۳	منابع
۳۰۳	منابع مورد استفاده
۳۰۴	منابع برای مطالعه بیشتر
۳۰۷	<b>فصل نهم - نمونه‌های موفق از MAS</b>
۳۰۷	گوجه‌فرنگی
۳۰۸	ذرت
۳۰۹	گندم
۳۰۹	برنج
۳۱۰	جو
۳۱۱	سویا
۳۱۲	ارقامی که از طریق MAS آزاد شده‌اند
۳۱۲	دورگ‌هایی که از طریق MAS تولید شدند
۳۱۳	MAS در شرکت‌های بین‌المللی
۳۱۳	گزارش‌های ناموفق
۳۱۳	نتیجه‌گیری و چشم‌انداز آینده
۳۱۳	منابع
۳۱۳	منابع مورد استفاده
۳۱۵	منابع برای مطالعه بیشتر

فصل دهم - پیش‌درآمدی بر فناوری‌های جدید مورد نیاز MAS.....	۳۱۷
فناوری‌های کنونی در مطالعه‌های فیزیولوژی، بیوشیمیایی و مولکولی و هم‌افزایی آنها در MAS.....	۳۱۷
فناوری مولکولی.....	۳۱۷
بررسی بیان ژن.....	۳۱۸
ساخت کتابخانه cDNA.....	۳۱۸
آرایش متفاوت و تجزیه تفاوت نماینده‌های cDNA.....	۳۲۱
جفت‌شدگی کاهشی.....	۳۲۲
ریزآرایه.....	۳۲۷
انواع تراشه‌های DNA و ساخت آنها.....	۳۲۸
تراشه‌هایی که بر پایه الیگونوکلوئوتید هستند.....	۳۲۸
تراشه‌های بر پایه DNA یا آرایه‌های cDNA.....	۳۲۸
روش‌های جفت‌شدگی و تشخیص.....	۳۲۹
۱. توالی‌یابی DNA با روش جفت‌شدگی.....	۳۳۱
۲. چندشکلی‌های تک‌نوکلئوتیدی و جهش‌های نقطه‌ای.....	۳۳۱
۳. ژنومیکس کارکردی.....	۳۳۲
۴. ژنتیک معکوس.....	۳۳۲
۵. تشخیص و مکان‌یابی ژنتیکی.....	۳۳۳
۶. اسکن کردن جفت‌شدگی‌های ناجور ژنومی.....	۳۳۴
۷. تراشه‌های DNA و کشاورزی.....	۳۳۴
۸. پروتئومیکس.....	۳۳۵
توالی‌یابی اسیدنوکلئیک.....	۳۳۶
نسل دوم توالی‌یابی DNA.....	۳۳۷
پیروسکونسینگ ۴۵۴.....	۳۳۸
تجزیه‌کننده ژنومی ایلومینا.....	۳۴۰
AB SOLiD.....	۳۴۱
توالی‌یابی الکتروفورزی بر پایه ریزتراشه.....	۳۴۴
توالی‌یابی با جفت‌شدگی.....	۳۴۵
توالی‌یابی در زمان واقعی.....	۳۴۶
به‌دام انداختن هدفمند زیرمجموعه‌هایی از ژنوم.....	۳۴۶
مدیریت و نگهداری یافته‌های توالی.....	۳۴۸
پیش‌بینی کارکرد از روی توالی.....	۳۵۰
جست‌وجوی برای شباهت.....	۳۵۰

ز □ فهرست

۳۵۱	راهکارهای دیگر مقایسه توالی
۳۵۳	بررسی پشت سر هم بیان ژن ((SAGE
۳۵۷	cDNA- AFLP
۳۵۹	کاربردها
۳۶۰	RFLP-Coupled Domain-Directed Differential Display (RC4D)
۳۶۱	شناسایی ژن با جهش‌زاهای ادغامی
۳۶۱	نشانه T-DNA
۳۶۲	نشان‌مندهای ترانسپوزون
۳۶۳	خاموشی ژن پس از رونویسی
۳۶۴	میکرو RNA ها
۳۶۶	فناوری‌های بیوشیمیایی
۳۶۶	پروتئومیکس گیاهی
۳۶۸	چرا پروتئومیکس؟
۳۷۰	انواع پروتئومیکس
۳۷۰	پروتئومیکس بیان ژن
۳۷۰	پروتئومیکس ساختاری
۳۷۱	پروتئومیکس کارکردی
۳۷۱	بررسی پروتئینی
۳۷۱	الکتروفورز ژل یک‌بعدی و دوبعدی
۳۷۴	جایگزین‌ها برای الکتروفورز در پروتئومیکس
۳۷۵	دستیابی به اطلاعات ساختار پروتئین
۳۷۵	توالی‌یابی ادمن
۳۷۶	طیف‌سنجی جرمی
۳۷۹	انواع طیف‌سنج‌های جرمی
۳۸۱	تکه تکه کردن پپتیدی
۳۸۱	اطلاعات توالی پپتیدی از ابتدا
۳۸۲	جست‌وجوی داده‌های MS/MS تفسیر نشده
۳۸۲	راهکار پروتئومیکس برای فسفریلاسیون پروتئینی
۳۸۳	غنی‌سازی فسفو پروتئین
۳۸۳	تعیین جایگاه فسفریلاسیون با روش تخریبی ادمن
۳۸۴	تعیین جایگاه فسفریلاسیون با طیف‌سنجی جرمی
۳۸۵	فناوری‌های شناسایی متابولیت‌ها

۳۸۶	..... فناوری‌های فیزیولوژیک
۳۸۸	..... اسپکتروسکوپی نزدیک فراسرخ ((NIR
۳۸۹	..... بازتاب طیفی پوشش گیاهی (SR) و دماسنج فرسرخ ((IRT
۳۹۰	..... پیش‌بینی حل‌شونده‌های سازگار
۳۹۱	..... اصلاح به کمک ژنومیکس
۳۹۲	..... نشانگرهای کارکردی
۳۹۴	..... ژنومیکس مقایسه‌ای
۳۹۶	..... شناسایی شبکه‌های مولکولی جدید و ساخت مسیرهای متابولیتی جدید
۳۹۸	..... بیوانفورماتیک برای MAS
۴۰۱	..... منابع
۴۰۱	..... منابع مورد استفاده
۴۰۲	..... منابع برای مطالعه بیشتر
۴۰۳	..... فصل یازدهم - پیشرفت‌های کنونی در MAS در گیاهان زراعی مهم
۴۰۳	..... برنج
۴۰۴	..... برنج و خشکی
۴۰۵	..... سازوکارهای مقاومت به تنش خشکی در برنج
۴۰۵	..... فنولوژی
۴۰۶	..... سامانه ریشه
۴۰۷	..... تنظیم اسمزی
۴۰۸	..... تحمل در برابر از دست رفتن آب
۴۰۸	..... صفات مقاومت به خشکی مرتبط با اندام هوایی
۴۱۲	..... نقشه پیوستگی ژنتیکی در برنج
۴۱۲	..... مکان‌یابی QTL برای صفات مقاومت به خشکی در برنج
۴۲۰	..... زیرگونه‌ها و محل رویش برنج
۴۲۲	..... جمعیت هدف برای یک محیط و اصلاح مولکولی
۴۲۴	..... جمع‌بندی کاربرد MAS در برنج برای محیط‌های با تنش خشکی
۴۲۵	..... پنبه
۴۲۶	..... وضعیت فناوری نشانگرهای مولکولی پنبه
۴۲۷	..... نشانگرهای مولکولی و چندشکلی در پنبه
۴۲۸	..... توالی‌های تکراری ساده (SSR) در پنبه
۴۳۰	..... نقشه‌های پیوستگی پنبه

فهرست □ ش

۴۳۰	..... مکان‌یابی QTL برای عملکرد و صفات کیفیت الیاف در پنبه
۴۳۱	..... چالش‌های ویژه در MAS در پنبه
۴۳۱	..... مشکلات جمعیت در حال تفرق
۴۳۲	..... بررسی برهمکنش QTL× محیط
۴۳۳	..... ناسازگاری میان مطالعه‌های QTL
۴۳۳	..... پیچیدگی‌ها در ادغام ژنومیکس کارکردی با QTL
۴۳۴	..... جایگزین‌ها و چشم‌انداز آینده
۴۳۴	..... فراتجزیه QTL: هم‌نیروزی از طریق شبکه‌ها
۴۳۴	..... همسانه‌سازی بر پایه نقشه
۴۳۵	..... توالی‌یابی ژنوم پنبه
۴۳۵	..... پیشرفت‌ها در ژنومیکس کارکردی
۴۳۶	..... ژنتیک کمی سامانه‌ای: ارتباط دادن بین موضوع‌ها
۴۳۷	..... مکان‌یابی ارتباطی و جایگزین‌ها
۴۳۷	..... پایگاه‌های اطلاعاتی پیشرفته
۴۳۸	..... نتیجه‌گیری درباره MAS در پنبه
۴۳۸	..... ماش
۴۳۹	..... تنوع ژنتیکی و مکان‌یابی پیوستگی در ماش
۴۴۰	..... مکان‌یابی QTL در ماش
۴۴۲	..... ژنومیکس مقایسه‌ای لگوم‌ها و اهمیت آن در MAS در ماش
۴۴۳	..... نتیجه‌گیری کلی درباره MAS در ماش
۴۴۴	..... گوجه‌فرنگی
۴۴۵	..... به‌زادای سنتی و بهبود گوجه‌فرنگی
۴۴۶	..... زیست‌فناوری و اصلاح گوجه‌فرنگی
۴۴۹	..... MAS برای مقاومت به لکه باکتریایی
۴۵۱	..... MAS برای مقاومت به ویروس لوله‌ای شدن برگ زرد گوجه
۴۵۱	..... MAS برای دیگر صفات اقتصادی
۴۵۲	..... MAS برای بهبود صفات کیفیت میوه
۴۵۳	..... مکان‌یابی دقیق و تعیین ویژگی‌های QTL اندازه میوه
۴۵۳	..... نتیجه‌گیری کلی برای MAS در گوجه‌فرنگی
۴۵۴	..... فلفل تند
۴۵۵	..... پیشرفت در MAS در فلفل
۴۵۷	..... نتیجه‌گیری کلی درباره MAS در فلفل

ص □ مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر

منابع	۴۵۷
منابع مورد استفاده	۴۵۷
<b>فصل دوازدهم - چشم‌انداز آینده در MAS</b>	۴۶۱
MAS در گیاهان زراعی که اطلاعات زیادی درباره آنها نیست	۴۶۴
MAS در کشورهای در حال توسعه	۴۶۷
تلاش‌های جامعه در کشورهای در حال توسعه و مفهوم آن در MAS	۴۶۹
بهبود زیرساخت‌های مزرعه‌ای و آزمایشگاهی	۴۷۲
درس‌هایی که یاد گرفته‌ایم و نتیجه‌گیری کلی	۴۷۴
منابع	۴۷۶
منابع مورد استفاده	۴۷۶
منابع برای مطالعه بیشتر	۴۷۶

تقدیم به همسر و فرزندان عزیزمان





## پیشگفتار مترجمان

بی‌شک علم ژنتیک و کاربرد آن در علوم گیاهی که با عنوان اصلاح نباتات شناخته می‌شود نقش برجسته و ارزشمندی در افزایش تولیدات کشاورزی و خدمت به جامعه بشری داشته است. پیشرفت سریع در عرصه فناوری به ظهور ابزارهای کارآمد و جدیدی منجر شده که به اذعان برخی اندیشمندان منجر به ظهور نسل بعدی اصلاح نباتات شده است. از این میان، یکی از مهم‌ترین ابزارها نشانگرهای مولکولی است که به مدد آن امکان شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات مختلف و نیز انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در نسل‌های اولیه اصلاحی میسر شده است. اهمیت نشانگرهای مولکولی در مکان‌یابی و نیز گزینش به کمک نشانگر با توجه به تجربیات مترجمان در حوزه شناسایی، طراحی و استفاده از نشانگرها ما را بر آن داشت تا به ترجمه کتاب حاضر به‌عنوان یک کتاب درسی در مقاطع مختلف تحصیلات تکمیلی و نیز کتاب راهنمای عملی برای محققان اقدام نماییم. کتاب حاضر موضوعات متنوع و جدیدی را شامل می‌شود که علاقه‌مندان می‌توانند از آنها بهره‌جویند.

فصل نخست کتاب به اهمیت گونه‌های گیاهی وحشی به‌عنوان منابع ژنتیکی ارزشمند در اصلاح نباتات و روش‌های شناسایی آنها از جمله کاوش آلی می‌پردازد. فصل دوم، انواع جمعیت‌های در حال تفرق (امتیازات، نواقص و مشکلات تهیه آنها) را برای مطالعات ژنتیکی بعدی مورد بحث و بررسی قرار می‌دهد. فصل سوم با اشاره به انواع نشانگرها و روش‌های مطالعه بیوشیمیایی نقش ژنومیکس و اهمیت انتخاب نوع نشانگر با توجه به هدف، در مطالعات ژنتیکی را واکاوی می‌کند. فصل چهارم به اصول تهیه نقشه پیوستگی و اصطلاحات رایج در این حوزه و نیز آزمون‌های مرتبط با آن می‌پردازد. با توجه به اهمیت ارزیابی‌های فنوتیپی در مکان‌یابی ژن‌های کنترل‌کننده صفات مختلف فصل پنجم به‌طور اختصاصی به روش‌های ارزیابی فنوتیپی پرداخته و اهمیت آن را گوشزد می‌کند. فصل ششم کتاب روش‌ها و الگوریتم‌های آماری مورد استفاده در شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی به‌عنوان مهم‌ترین صفات اقتصادی را بررسی می‌کند. انواع روش‌های مکان‌یابی و برهمکنش بین مکان‌ها و نیز تجزیه متا-QTL از جمله مواردی است که مورد بحث قرار می‌گیرد. فصل هفتم کتاب به نقشه‌یابی دقیق به‌عنوان یکی از مراحل مهم در مراحل پیشرفته برنامه‌های اصلاحی می‌پردازد. با توجه به اهمیت گزینش به کمک نشانگر پنج فصل بعدی کتاب به‌طور ویژه به مباحث مرتبط با این حوزه می‌پردازد و ضمن بیان اصول و مبانی آن نمونه‌های موفق از گزینش به کمک نشانگر را به تفکیک گیاه مطرح می‌کند. فصل دهم کتاب خواننده را با روش‌های نوین مولکولی از جمله ریزآرایه‌ها، توالی‌یابی، پروتئومیکس و متابولومیکس به‌عنوان مجموعه‌ای از ابزارهای مورد استفاده در گزینش به -

ع □ مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر

کمک نشانگر آشنا می‌کند. مؤلف کتاب سعی کرده با نگاهی کاربردی مهم‌ترین منابع موجود در ارتباط با موضوعات مورد اشاره را بررسی کند.

علاقه‌مندان برای آشنایی بیشتر با سایر مباحث اصلاحی و نیز تکنیک‌های مولکولی مورد استفاده در بیوتکنولوژی از جمله انتخاب در سطح ژنوم، روش‌های شناسایی ژن، کشت بافت و تولید گیاهان تراریخت و هاپلوئیدی می‌توانند به کتاب *اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی* که توسط مترجم در انتشارات دانشگاه تهران منتشر شده است مراجعه کنند.

امید است ترجمه کتاب حاضر به‌عنوان یک کتاب علمی و به‌روز مورد استفاده محققان جوان و علاقه‌مند قرار گرفته و پاسخگوی نیازهای علمی روز آنها باشد.

## پیشگفتار مؤلف

روند فعلی در ابزارهای بیوتکنولوژی کشاورزی به روشنی نشان می‌دهد که ژن‌ها یا عناصر تنظیمی کنترل‌کننده صفات مهم زراعی ناشناخته مانده و احتمالاً تا مدتی نامشخص باقی خواهند ماند. در حال حاضر، گزینش به کمک نشانگر (MAS) ابزار جانبی بسیار کارآمدی برای اصلاح نباتات مرسوم محسوب می‌شود؛ زیرا روش‌های دیگر نظیر مهندسی ژنتیک در اصلاح گیاهان زراعی محدودیت‌هایی از جمله محدودیت در انتقال تعداد زیاد مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی (QTL) دارد. محققان گیاهی استفاده از نقشه‌های QTL و نشانگرها را برای مشخص کردن و دستکاری ژن‌های هدف طی چندین سال ادامه می‌دهند.

به رغم اهمیت این موضوع، برای من از زمان دانشجویی پیدا کردن کتابی که مبانی و مراحل نقشه‌یابی ژنتیکی و MAS را توضیح دهد مشکل بود. از سوی دیگر، مجموعه بزرگی از مقالات پیشرفته پیرامون هر موضوع مرتبط با MAS را براساس آخرین مجلات جمع‌آوری کردم. اینها دلیل شروع نگارش این کتاب به‌عنوان یک کتاب مقدماتی کوچک است. اطمینان دارم که در این کتاب تلاش داشته‌ام تنها بخشی از موضوعات گسترده مربوط به نقشه‌یابی ژنتیکی و MAS را نشان دهم. به‌علاوه، کاملاً آگاهم که به‌هیچ‌وجه فهرست کردن همه جنبه‌های MAS و محققان مرتبط با آن حتی اگر سال‌های بیشتری روی آن کار کنم ممکن نیست. هر کسی به‌راحتی می‌تواند جنبه‌(های) ذکرشده را در یک فهرست کامل MAS حتی اگر آن فهرست براساس اسامی متخصصان موضوع تهیه شده باشد پیدا کند که دلیل آن پیشرفت سریع روش‌های آماری و ژنتیکی در MAS است. ایده ساده نگارش این کتاب معرفی مفاهیم پایه و دستورالعمل اجرایی MAS در گیاهان زراعی با ارائه مثال‌های مرتبط است. مسیرهای مختلفی برای حصول این هدف وجود دارد. من در این کتاب در محلی به‌مثابه یک تقاطع ایستاده‌ام که سعی دارد همه مسیرهای ممکن را اعم از امتیازات و محدودیت‌ها توضیح دهد و البته شما می‌توانید مسیر خود را پیدا کنید. بنابراین، از خواننده تقاضا می‌شود به منابعی که برای اطلاعات بیشتر در انتهای هر فصل ارائه شده است مراجعه کند و الگوی مناسب از یک برنامه MAS برای گیاه و صفت هدف خود پیدا کند.

تقاضای دیگر من ارائه نظرات، پیشنهادات و توصیه‌های مهم شما پیرامون این کتاب برای بهبود کیفیت و بهره‌گیری از این کتاب است.

عمیقاً به‌دلیل ذکر نکردن نام همه محققانی که در این زمینه مشارکت داشته‌اند پوزش می‌خواهم. این مسئله به‌دلیل محدودیت‌های موجود در تعداد صفحات کتاب است و دلیل دیگری ندارد. همچنین،

ف □ مکان‌یابی ژنتیکی و گزینش به کمک نشانگر

مایلم تشکر و قدردانی خود را از همهٔ استادان، همکاران و دوستانی که فرصت مناسب برای همراهی با آنها طی دورهٔ تحقیقاتی خود داشتم ابراز دارم.  
از انتشارات اشپرینگر برای انتشار این کتاب متشکرم و این کتاب را به پسر عزیزم، سری ازیلان بوپاتی، که اوقات عزیز همراهی خود را با من از دست داده بود تقدیم می‌کنم.