

عنوان مقاله:

کاربرد تیلینگ در ژنومیکس کارکردی

محل انتشار:

اولین همایش علمی پژوهشی زیست شناسی و علوم باغبانی ایران (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

نویسندگان:

لیلا نظری - استادیار گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور

زهرا زینتی - استادیار بخش آگرواکولوژی دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی داراب

خلاصه مقاله:

پیشرفتهای اخیر در پروژه های توالی یابی ژنوم در مقیاس انبوه، کاربرد تکنیک های جهش سنتی را نه تنها در استراتژی ژنتیک مستقیم بلکه ژنتیک معکوس امکان پذیر ساخته است. تیلینگ (هدف قرار دادن ضایعات موضعی القا شده) یک دهه پیش به عنوان جایگزینی برای جهش-های درون جایگیر (insertional mutations) ابداع گردید. مهمترین مزیت تیلینگ به عنوان یک استراتژی ژنتیک معکوس این است که می-توان آن را در هر گونه گیاهی صرف نظر از اندازه ژنوم، سطح پلوئیدی یا روش تکثیر به کار برد. همچنین راهی برای بررسی یک ژن هدف در هر گیاهی بدون داشتن دانش اولیه درباره محصول ژن میباشد که در ژنومیکس کارکردی از اهمیت بالایی برخوردار است. پروتکل تیلینگ فراوانی بالایی از جهش های نقطه ای را ایجاد می کند که به طور تصادفی در ژنوم توزیع شده اند. پتانسیل بالای جهش زایی مواد شیمیایی برای ایجاد نرخ بالای جایگزینی نوکلئوتیدی به وسیله تراکم بالای جهش های گزارش شده برای جمعیت های تیلینگ در گونه های مختلف گیاهی به اثبات رسیده است. پیشرفت های اخیر در تیلینگ مرهون ابزارهای بیوانفورماتیک، روشهای جدید شناسایی جهش از جمله اندونوکلائزهای حساس و خاص نوکلئوتیدیهای جفت ناجور (mismatch) و کشف جایگزینهای متنوع برای غربالگری LI-COR و پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی (Single Nucleotide Polymorphism) با استفاده از فناوری های نسل جدید توالی یابی (Next Generation Sequencing) می باشد. استراتژی تیلینگ کاربردهای فراوانی در ژنومیکس کارکردی دارد. علاوه بر این، در مطالعات پایه و کاربردی با ایجاد تغییراتی در روش تیلینگ اصلی، روشهایی از قبیل اکوتیلینگ (Ecotilling) یا تیلینگ حذفی (Deletion Tilling) ابداع و مورد استفاده قرار گرفته است.

کلمات کلیدی:

تیلینگ، ژنومیکس کارکردی، جهش

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/393624>

