**ژنومیکس و نقش آن در افزایش تولید محصولات کشاورزی**

سمیرا پایدار\*1، ، اکبر شعبانی2

رایانامه:samira.paydar85@gmail.com

**1:دانشجوی دکترا، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشگاه لرستان 2 :هیئت علمی مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی کرمانشاه**

چکیده

در سيستم­هاي كشاورزي، تنش­هاي غير زيستي یکی از عوامل مهم در کاهش عملكرد است. مطالعات متعددي بمنظوركشف مكانيسم­هاي تحمل به تنش در گونه­های غیر حساس و عناصري كه تحمل را به گياهان حساس اعطا مي­كنند انجام شده است. اما اصلاح صفات چند ژني مانند مقاومت به تنش­هاي زيستي و غير زيستي، به سختي صورت می­گیرد به خصوص زماني كه در تركيب با هم باشند. نتیجه مطالعات گسترده در این زمینه، بيانگر تغيير بيان ژن­هاي گياهي در اثر تنش غیرزیستی است كه احتمالاً به دليل نقش آنها در سازوكارهاي تحمل مي باشد. در حال حاضر روش­هاي جديدي براي درك بيشتر مکانیسم ژنتيك تحمل به تنش­هاي غير زيستي وجود دارند که امكان مطالعه پيچيدگي­هاي پاسخ به تنش را ا ز طريق بررسي پروفايل بيان ژن­ها در سطح كل ژنوم فراهم نموده است. این تحقیق نشان میدهد که میتوان از ژنومیکس برای مطالعات مقاومت به تنش و افزایش عملکرد استفاده کرد.

واژه­های کلیدی: ژنومیک ساختاری، ژنومیک عملکردی، ژنومیکس مقایسه­ای.

مقدمه

در حال حاضر در بسیاری از مطالعات از فناوري­هاي اميكسبراي بررسی در سطح ترانسكريپتوم،پروتئوم، متابولوماستفاده مي­شود. اين فناوري­ها برای مطالعه نحوه عملکرد ژنوم در شرايط محيطيخاص، روابط بين ژن­ها، نقش قسمت­های رمزكننده و غير رمز كننده ژنوم و نقاط كليدي شبكهپاسخ به تنش در گيا ه ر ا روشن مي­سازند. ژنوميكس علم مطالعه ژنوم است و هدف آن درک ساختار ژنوم، شامل تعیین نقشه ژن ها و توالی DNA است. با استفاده از روش­های زیست شناختی )بیولوژی( مولكولی، بسیاری از اطلاعات مسیرهای سیگنالی در گیاهان بدست آمده است و ظهور روش­های جدید و استفاده از فنّاوری­های امیكس( Omics ) متفاوت، عمق دانش درزمینة درک سازوکارهای گیاهان را افزایش داده است. از كاربردهاي اصلي ژنوميكس مي­توان به تشخيص ژ ن­هايي كه در فرايندهاي بيولوژيك نقش كليدي را ايفا مي­کنند و همچنين روشن كردن نقش بيولوژيك ژن­هايي كه عملكرد آن­ها ناشناخته­ مانده، اشاره نمود. ژنوميكس موجب ایجاد تغییرات چشمگيري در اصلاح گياهان شده است و ما را قادر به دستيابي به فهم ژنتيكي وسيع، همراه با جزئيات عملكرد گياه مي­سازد. (1).

**زیر شاخه­های ژنومیکس:**

ژنومیک عملکردی: هدف این شاخه از ژنومیکس فهم ارتباط بین ژنوم و فنوتیپ است. عبارت ژنومیک عملکردی اغلب به دامنه گسترده‌ای از روش‌ها گفته می‌شود که از این روش‌ها برای درک ویژگی‌ها و عملکردهای کلی ژن‌ها و محصولات آن­­ها مانند  پروتئین در یک جاندار استفاده می‌شود. تعریف ژنومیک عملکردی به نوعی متغیر است. ژنومیک عملکردی از شیوه‌های چندگانه برای اندازه‌گیری فراوانی بسیاری یا همه محصولات ژنی در یک نمونه زیستی استفاده می‌کند. در نهایت این روش‌ها با کمک یکدیگر موجب افزایش درک ما از عملکرد ژن‌ها و پروتئین‌ها می­شوند.

ژنومیک ساختاری: ژنومیک ساختاری (SG) یک تلاش بین المللی برای تعیین اشکال سه بعدی همه ماکرومولکول­های بیولوژیکی مهم است . از آنجا که ساختار پروتئین به‌طور مستقیم با عملکرد آن مرتبط است، ژنومیک ساختاری دارای قابلیت بالایی برای تعیین ویژگی‌های عملکردی هر پروتئین است. همچنین ژنومیک ساختاری می‌تواند برای شناسایی تغییرات لازم برای ایجاد پروتئین جدید و استفاده در صنعت داروسازی استفاده شود.

ژنومیکس مقایسه­ای: یک حوزه مهم از تحقیقات بیولوژیکی است که در آن توالی­های کل ژنوم گونه­های مختلف را با استفاده از انواع ابزارها، از جمله آنالیزهای بر پایه کامپیوتر، با هم مقایسه می­کند. چنانچه اطلاعات اندکي از گیاه هدف در دسترس باشد جهت درک بهتری از ساختار و عملکرد ژن­ها، از مقايسه توالي آن با ديگر گیاهان مدل )نظیر آرابیدوپسیس تالیانا و برنج که اطلاعات زيادي درباره ژنوم، ترانسکريپتوم، پروتئوم و تجزيه عملکردي آنها در دسترس مي­باشد(، استفاده مي­گردد .

اپی ژنومیکس: واژه اپیژنتیک، به فرآیندهایی اشاره دارد که بدون ایجاد تغییر در الگوی توالی ژن، اثر طولانی مدتی بر بیان ژن دارد. کنترل فرآیند اپیژنتیک، مربوط به متیلاسیون دی.ان.ا، تغییرات هیستونی، تغییر وضعیت کروماتینی و میکروآر.ان.ا می­باشد. با وجود اینکه علائم اپیژنتیکی در اوایل فرآیند نمو ظاهر می­شوند، ولی در طول زندگی فرد در پاسخ به تحریکات محیطی آداپته شوند. مطالعات اولیه­ی اپیژنتیکی، که مکانیسم­های فرآیند نمو جنینی را در زمینه بیولوژی رشد و نمو مورد مطالعه قرار داد، از اولیل قرن 20 آغاز شد.

فارماژنومیکس: فارماکوژنومیکس (Pharmacogenomics )مطالعه ارتباط بین تنوع ژنتیکی در افراد و نحوه پاسخ به داروها می باشد.

**کاربردها و ابعاد مختلف ژنومیکس:**

**کاریوتایپ**، کاريوتايپ ارائه تصويري از کروموزوم­هاي يک فرد است که ، تصاوير از طريق ميکروسکوپ يا نرم­افزار و در يک دياگرامي از بزرگ به کوچک چيده شده­اند. کاریوتایپ شامل بررسی کروموزوم های یک سلول که در مرحله متافاز متوقف شده و با یک رنگ خاص قابل دیدن شده، می­باشد. هر گونه تغییر در تعداد کروموزوم­ها یا ایجاد اشکال غيرطبيعي مي­تواند منجر به ايجاد مشکلاتي در رشد، تمايز و اعمال مختلف سلول شود (3).

. **Microarray**شامل پروب­های DNA می­باشند که به یک سطح جامد مانند شیشه یا سیلیکون متصل شده­اند. هر نقطه بر روی این سطح جامد دارای تعداد زیادی پروب است که تکه­های DNA می­توانند به آنها پیوند شوند.قطعات DNA نشاندار شده با یک ماده فلورسانس ، به قطعه پروبی که مکمل آنها است متصل می­شود. سپس نقاطی که قطعاتDNA به آنها پیوسته شده و یا متصل نشده اند، بررسی می­شود. این تکنیک همسان تکنیک های قدیمی ساترن بلات و نورترن بلات بوده، و تفاوتش با این روش­ها در این است که در Microarray تعداد زیادی ژن بطور همزمان مورد بررسی قرار می­گیرند(1).

**EST**: آناليز تواليهايEST يك روش مؤثر در نقشه­يابي بسياري از ژن­ها، كشف ژن­هاي جديد و بررسي الگوی بيان ژن­ها در اندام­ها و بافت­هاي مختلف در مراحل مختلف نموي و پاسخ به تنش­ها مي­باشد. روش EST جهت یافتن ژن­هاي جديد و تعيين الگوی­هاي بيان در گياه در پاسخ به تنش­های غیر زیستی مورد استفاده قرار می­گیرد(4).

**ميكرو RNA:** ميكرو RNA ها نقش­هاي مهمي در پاسخ به محروميت مواد غذايي، تنش­هاي زيستي و غير زيستي دارند. حضور ميكرو RNA در كتابخانه تنش شوري، بيانگر تنظيم بيان برخی از ژن­ها در سطح پس از رونويسي در پاسخ به تنش شوري مي­باشد.

**توالی یابی** **نسل جدید (NGS) :** این فناوری­ها امكان بررسی رونوشت برداری )ترانسكریپتومی) با دقت و کارایی بسیار بالا را فراهم کرده است (2).پروژه­هاي توالی­یابی کل ژنوم، مطالعه وسیع خانواده­هاي ژنی در ارگانیسم­هاي مختلف را فراهم کرده است. در سال­هاي اخیر دانشمندان با استفاده از تکنیک­هاي نوین ژنتیکی، موفق به کشف بسیاري از ویژگی­هاي خانواده­هاي ژنی شده­اند(5). از جمله مزایای نسل جدید توالی­یابی­ها ، کاهش هزینه مطالعات رونویسی، شناسایی همریخت­های مختلف از یك ژن و رویدادهای پیرایش، ارزیابی تعداد رونوشت­های هر ژن، شناسایی ویرایش­های پس از رونویسی و شناسایی اختلافات تك نوکلئوتیدها است که همة این اطلاعات، شناخت عمیق­تری از ژنوم و رونوشت­ها را ارائه می کنند. همچنین توالی­یابی­های نسل جدید منجر به انقلابی در کشف ویروس­ها و تبدیل به فرصت جدیدی در شناسایی ویروس­ها شد.

پروتئومیکس: یک روش مستقیم برای مطالعه فعالیت ژن­ها، تجزیه و تحلیل پروتئینی محسوب می­شود و بررسی ارتباط پروتئوم با توالی ژنوم راهبرد مهمی برای ژنومیكس کاربردی به شمار می­آید . پروتئومیكس ابزار قدرتمندی برای تفكیك بافت­های پروتئینی و روشی مناسب برای بررسی تغییرات پروتئین­ها در پاسخ به تنش­ها و تغییرات محیطی محسوب می­شود .

مارکرها: يك هدف با ارزش براي بهبود راهكارهاي حفاظت از گونه­ها و اصلاح آنها، مطالعه تنوع ژرم پلاسم­هاي موجود و شناخت روابط ژنتيكي آنها است. اطلاعات حاصل از بررسي تنوع ژنتيكي در توده هاي مختلف كمكي مؤثر در انتخاب افراد براي ورود ژن­هاي مطلوب از ژرم پلاسم­هاي متنوع به درون پايه زراعي است و همچنين تنوع ژنتيكي به عنوان يك جزء بنيادي از تنوع زيستي، راهی براي بقاي طولاني مدت و تكامل گونه يا جمعيت در محيط­هاي متغیر است.

**نتیجه­گیری و بحث**

در حقیقت ژنومیکس علمی است که به مطالعه و تفسیر همه ژن­های موجود در بدن یک ارگانیسم (ژنوم) و نیز تعامل این ژن­ها با یکدیگر و با محیط اطراف تمرکز دارد و به عبارتی توالی ، ساختار و عملکرد ژنوم را مطالعه می­کند. این اطلاعات شامل اعمال هر یک از ژن­ها به تنهایی ، شیوه تنظیم فعالیت آنها و چگونگی تاثیرپذیری این ژن­ها از ژن­های دیگر و محیط اطرافشان می­شود. ژنومیکس شناخت ما از ارگانیسم­های زنده را از سطح ملکولی تا سلول، همه ارگانیسم و بالاخره در سطح جمعیت متحول می­کند و درکمان را از تکامل و روابط بین گونه­ها ارتقا می­دهد. مجموعه فعالیت دانشمندان در حوزه ژنومیکس با استفاده از نسل جدید ابزار علمی صورت می­گیرد که در تعیین توالی ژن­ها، پیام­های این ژن­ها و محصولات پروتئینی آنها و سرانجام تفسیر اطلاعات به دست آمده، موثر است.. همه این موفقیت­ها و پیشرفت­ها در سایه بهره­مندی از علم نوین ژنومیکس صورت می­پذیرد و تکنیک های ملکولی مورد استفاده در ژنومیکس امکان مطالعه سیستم های بیولوژیک را با دقت و حساسیت بسیار بالا که پیش از این قابل دستیابی نبود، فراهم می­کنند.

**پیشنهادها:**

در حال حاضر سازو کارهای مقابله با تنش­ها در بسیاری از موارد ناشناخته است، براي غلبـه بـرايـن محدوديت­ها و بهبود عملكرد گياهان زراعي در شرايط تنش، لازم اسـت ديـدگاه محققـان راجع به سازوكار تحمل تنش در گياهان زراعي بهبود يابد که استفاده از علوم نوین از جمله مطالعات ژنومیکس می­تواند بسیار موثر باشد. ژن­های منفرد و محل آنها در طول کروموزوم­ها و حتی عملکرد آنها ممکن است در گونه­های مختلف تشابه زیادی داشته باشند; بنابراین مطالعات ژنومیکس در تعدادی گونه مدل ، اطلاعاتی فراهم می­کند که برای دیگر گونه­ها نیز قابل استفاده است. مروری بر پژوهش­های سال­های اخیر در ایران نشان از توجه محققان در این حوزه دارد اما هنوز نیاز به بررسی­های بیشتری است.

**Genomics and its role in Rapid Advances in Agricultural Production**

**Samira Paydar\* 1,, Akbar Shabani  2**

**1: PhD student, Department of Agriculture and Plant Breeding, Lorestan University**

**2: Agriculture and Natural Resources Research and Education Center in Kermanshah**

**samira.paydar85@gmail.com**

In agricultural systems, abiotic stresses are one of the important factors in yield reduction. Numerous studies have been performed to discover the mechanisms of stress tolerance in resistant species and elements that impart tolerance to sensitive plants. However, modification of multi-gene traits, such as resistance to biological and non-biological stresses, is difficult, especially when combined. The results of extensive studies indicate a change in the expression of plant genes due to abiotic stress, which is probably due to their role in tolerance mechanisms. At present, there are new methods for understanding the genetic mechanism of non-biological stress tolerance, which has made it possible to study the complexities of stress response by examining the expression profile of genes at the level of the whole genome. This research shows that genomics can be used to study stress resistance and Increase performanc.

Key words: Structural genomics, functional genomics, comparative genomics.

منابع

1. Heydari P, Maliki Zanjani B, Heydari Sh. 1391. Analysis of EST resources in wheat, rice, cotton and Festuca under drought stress to investigate gene expression and functional genomics. New Genetics 7 (2): 140-129.

2. Mortazavi, A., Williams, B.A., McCue, K., Schaeffer, L. & Wold, B. (2008). Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-seq. Nature Methods, 5, 621-8.

1396. A Review of Genomics. Laboratory diagnosis. 138. 53-51. simaee H, i savior. 3.

4. Varshney RK, Langridge P, Graner A (2007) Application of genomics to molecular breeding of wheat and barley.Science direct 58:121-55.

5. Zhang C, Zhang H, Zhao Y, Jiang H, Zhu S, Cheng B, Xiang Y. 2013. Genome-wide analysis of the CCCH zinc finger gene family in *Medicago truncatula*. Plant cell reports 32(10):1543-1555.