



کمیته برگزاری سلسله سخنرانی‌های موسسه تحقیقات گیاه‌پزشکی کشور

همایش نیم روزه سه‌شنبه ۵ مهرماه ۱۳۹۰ - سالن همایش‌های موسسه

سیستماتیک معاصر - ۱

سیستماتیک معاصر در حل و فصل بسیاری از مشکلات علمی موفق بوده است و در مواردی نیز منتظر گره‌گشایی دانشمندان این عرصه و سایر دانشمندان است. در این همایش سعی خواهد شد برخی گوشه‌های مختلف آن مورد بحث قرار گیرد و زمینه برای همکاری‌های بیشتر بین دانشمندان داخلی و برگزاری همایش‌های آتی در سطوح مختلف در این زمینه با یاری فرهیختگانی که با حضور خود این جلسات علمی را پربارتر می‌کنند فراهم آید.

گونه‌های موجودات زنده هر یک دارای مشخصه‌های منحصر به فردی می‌باشند که موجب تمایز آنها از سایر گونه‌ها می‌گردد. برخی از این مشخصه‌ها و یا صفات در بین گروه‌های مختلف مشترک بوده و برخی منحصر محدود به یک گروه خاص می‌باشد که با بررسی این صفات می‌توان به ارتباطات تکاملی آنها پی برد. موضوع علم فیلوژنتیک (Phylogenetics) و یا تبارشناسی در بیولوژی، بررسی ارتباطات تکاملی بین موجودات زنده می‌باشد. یکی از مهمترین کاربردهای فیلوژنی در حوزه‌های تاکسونومی، رده بندی، شناسایی و نامگذاری موجودات زنده می‌باشد. از زمان‌های قدیم همواره بشر با استفاده از معیارهایی از قبیل صفات ظاهری سعی در ایجاد ارتباط بین گونه‌ها و گروه بندی بین آنها داشته است که برخی از آنها به صورت علمی و گاهی به صورت غیرعلمی صورت می‌گرفته است. پروژه ژنوم انسانی و پروژه‌های کوچکتر مشابه، موضوعات فرارشته‌ای جالبی هستند که به نحوی ماحصل این فعالیت‌های علمی به شمار می‌آیند. امروزه در کنار روش‌های مبتنی بر صفات ظاهری، از روش‌های مولکولی از قبیل تعیین توالی‌یابی DNA به عنوان ابزار مهم در شناسایی روابط تکاملی موجودات زنده استفاده می‌شود.

در این جلسه از سیستم دونا می (binomial) ابداعی سال ۱۷۵۳ تا مشکلات مرتب بر آن و فیلوژنی و ارتباط تکاملی موجودات و حتی قطعات ژنوم و تکنیک‌های نوین قطعات ژنومی تا سوالات و ابهاماتی که احیاناً در خصوص سیستماتیک معاصر در عرصه گیاه پزشکی وجود دارد به بحث گذاشته خواهد شد.

ماده ۵۹: معضل پیش‌روی قارچ‌شناسان

رسول زارع

از سال ۱۷۵۳ بر اساس سیستم دونا می (binomial) ابداعی توسط کارل لینه، موجودات زنده با یک اسم منحصر بفرد شناخته می‌شوند. با توجه به ضرورت‌های علمی و لزوم تغییر در اسامی موجودات شغل یک تاکسونومیست بسیار دشوار است. اغلب مردم عادی تعجب می‌کنند چرا یک تاکسونومیست به جای پیاز می‌گوید *Allium sepa*، اما بسیار بیشتر تعجب خواهند کرد اگر با قارچها برخورد کرده و ببینند که یک قارچ گاهی با بیش از یک نام معتبر نامیده می‌شود. در واقع قارچها در دنیای موجودات زنده تنها گروهی هستند که بر اساس ماده ۵۹ کد نامگذاری (ICBN) اجازه دارند بیش از یک اسم معتبر داشته باشند (dual nomenclature). ماده ۵۹ که اجازه ایجاد اسم جدید برای مرحله غیرجنسی قارچهای پلئومورفیک را می‌دهد اولین بار در سال ۱۹۵۲ (در کد استکهلم) مورد پذیرش قرار گرفت، اگرچه پیشنهاد اولیه آن در سال ۱۹۱۲ تحت عنوان ماده ۴۹ مطرح شد. ماده ۵۹ یک استثنا نسبت به اصل چهارم کد مبنی بر «یک موجود زنده - یک اسم» محسوب می‌گردد. اسم مرحله جنسی (تلئومورفی) نسبت به اسم مرحله غیرجنسی (آنامورفی) آن ارجحیت دارد، اما ارتباط تعداد قابل توجهی از قارچ‌های آنامورفیک با شکل جنسی آنها نامشخص است. این گروه از قارچها یا با مکانیزم‌های مخفی تولید مثل جنسی دارند و یا به طور کلی مرحله جنسی را از دست داده‌اند. اخیراً (آوریل ۲۰۱۱) برای رفع معضل ماده ۵۹ و پیچیدگی حاصل از آن در نامگذاری قارچها (با هدف حذف ماده ۵۹) در بیانیه آمستردام پیشنهاد «یک قارچ - یک اسم» مطرح شده است، اگرچه گروه زیادی از قارچ‌شناسان در برابر این بیانیه جبهه گرفته و در پاسخ دلایل علمی برای جلوگیری از حذف کامل این ماده را ارایه کرده‌اند. با وجود ابداع و همه گیر شدن روش‌های مولکولی در قارچ‌شناسی هنوز تعداد قابل توجهی از قارچ‌های آنامورفی را، حتی در سطح تیره، نیز نمی‌توان در طبقه‌بندی مدرن جای داد چه رسد به اینکه

اسم تلومرفی در سطح گونه به آن داد. اخیراً (جولای ۲۰۱۱) در کنگره بین‌المللی گیاهشناسی ملیورن پس از رای گیری ماده ۵۹ از کد حذف شد و مقرر گردید از سال ۲۰۱۳ برای هر قارچ فقط یک اسم معتبر وجود داشته باشد. همچنین در همین همایش الزام توصیف لاتین از اول سال ۲۰۱۲ حذف شد و به جای آن می‌توان از لاتین یا انگلیسی به عنوان آلترناتیو استفاده کرد.

چند ماهیتی داده‌ها و فیلوژنی استوار

محسن مفیدی نیستانک

طی چند سال اخیر، به نقش و اهمیت کشف روابط تکاملی بین تاکسون‌های جانداران و تخمین فیلوژنی استوار (robust phylogeny) توجه دو چندان شده است. تکامل در سطوح ماکرو و همچنین میکرو، پاسخ‌گوی بسیاری از ابهامات زیست‌شناسان در زمینه‌های مختلف، از قبیل تکامل همسو (co-evolution)، بروز مقاومت بندپایان به سموم متعارف، گونه‌زایی (speciation)، بیان روابط انگلی در زنبورهای حشره خوار و بسیاری سوالات دیگر شده است. به ویژه با معرفی الگوریتم‌ها و سیستم‌های دقیق‌تر در تجزیه و تحلیل داده‌ها و به کارگیری کامپیوترهای قوی‌تر جهت محاسبه‌ی ماتریس‌های بزرگ مولکولی، فیلوژنیست‌ها قادر به تحلیل معادلاتی شده‌اند که حتی تا دهه‌ی پیش از حل یک معادله‌ی آن ناتوان بودند. از سوی دیگر برخی نوگرایان مدعی شده‌اند که بهترین راه حل در کشف روابط تکاملی، همانا استفاده از داده‌های مولکولی است و بعضاً به افراط آن را یگانه مسیر بازبینی (reconstruction) روابط تکاملی دانسته‌اند. بحث حاضر این نظریه را به چالش می‌کشد و با طرح یک مثال، اهمیت استفاده از داده‌های چند ماهیتی (multi-criteria) به دست آمده از چندین حوزه، از قبیل داده‌های شکل‌شناسی گسسته (discrete) و پیوسته (continuous) و نیز داده‌های مربوط به sequencing برگرفته از رشته‌های DNA هسته و سیتوپلاسم (متعلق به DNA پروتئین ساز و ریپوزومی) و آنالیز ترکیبی آن‌ها را مورد بحث قرار می‌دهد و با ذکر مستندات، فیلوژنی استوار را به تجزیه و تحلیل هرچه بیشتر تعداد کاراکتر و با ماهیت‌های گوناگون مرتبط می‌داند.

تکنیکهای مدرن در تعیین ترادف ژنوم

محمدرضا صفرنژاد

ژنوم موجودات زنده از ترتیب قرارگرفتن چهار نوع نوکلئوتید دارای بازهای آلی مختلف تشکیل گردیده است. تعداد و نحوه قرارگیری این نوکلئوتیدها در کنار یکدیگر منجر به بروز صفات مختلف میگردد که این خود باعث ایجاد تنوع و خصوصیات منحصر به فرد در موجودات زنده میگردد. بنابراین شناسایی نحوه چینش این نوکلئوتیدها میتواند به عنوان یک معیار مطمئن در شناسایی تشابهات و تفاوت‌های موجودات مختلف مورد استفاده قرار گیرد. نواحی از DNA که کدکننده RNAهای ریپوزومی میباشند به عنوان یکی از قسمت‌های ژنوم در بررسی‌های تکاملی مورد استفاده قرار می‌گیرد.

پیشرفت و توسعه تکنیک‌های مرتبط با تعیین ترادف در طول سه دهه اخیر از رشد قابل توجهی برخوردار بوده است. این پیشرفت‌ها در حوزه کاهش زمان مورد نیاز و همچنین کاهش شدید هزینه‌های مرتبط با تعیین ترادف DNA بوده است.

متد‌های اولیه در تعیین ترادف بر اساس روش‌های هضم شیمیایی رشته DNA مورد نظر و استفاده از مواد رادیواکتیو در جهت شناسایی نوکلئوتیدهای DNA بوده است. تکنیک‌های بعدی در تعیین ترادف مبتنی بر ایجاد محدودیت در تولید رشته‌های جدید میباشند، به نحوی که شناسایی این رشته‌ها با استفاده از مواد فلئورسنت متصل به نوکلئوتیدها میباشند. روش‌های نوین در تعیین ترادف که تحت عنوان Next generation sequencing معروف می‌باشد در طی دهه اخیر مورد توجه فراوان قرار گرفته‌اند. توسعه و پیشرفت تکنولوژی مرتبط با این روش‌ها در طی چند سال گذشته با رشد تصاعدی همراه بوده است. با پیشرفت تکنیک‌های مرتبط با تعیین ترادف، همزمان با کاهش هزینه‌های مربوطه، سرعت دسترسی به اینگونه اطلاعات نیز به نحو چشمگیری کاهش یافته است. علاوه بر این افزایش قابل توجه در حجم تولید داده‌ها باعث تسریع در پروژه‌های تعیین ترادف گردیده است.

اولین پروژه تعیین ترادف ژنوم انسان که با استفاده از تکنولوژی‌های ابتدایی و با کمک ۲۸۰۰ دانشمند از سراسر دنیا صورت پذیرفت و به مدت ۱۳ سال طول کشید و هزینه این پروژه در حدود ۳ میلیارد دلار تخمین زده شده است. استفاده از تکنولوژی‌های مدرن در دومین پروژه ژنوم انسان که مربوط به James Watson میباشد و در سال ۲۰۰۳ انجام گردید صرفاً ۳ ماه به طول انجامید و ۱٫۵ میلیون دلار هزینه برداشته است. با ادامه پیشرفت در این تکنولوژی انجام تعیین ترادف ژنوم انسان در سال ۲۰۱۵ در مدت ۱ روز و با صرف هزینه ۱۰۰۰ دلار امکان پذیر خواهد شد.

اطلاعات حاصله از این پروژه ها باعث تحولی عظیم در شناسایی بیماری های ژنتیکی میگردد که می تواند در برنامه های پیشگیری مورد استفاده قرار گیرد. علاوه بر این، تسریع در روند تعیین ترادف و کاهش هزینه های مربوطه باعث گردیده تا پروژه های تعیین ترادف ژنوم در طی سال های اخیر مورد توجه قرار گیرند و به عنوان دقیق ترین ابزار در مطالعات تکاملی مورد توجه قرار گیرند.