

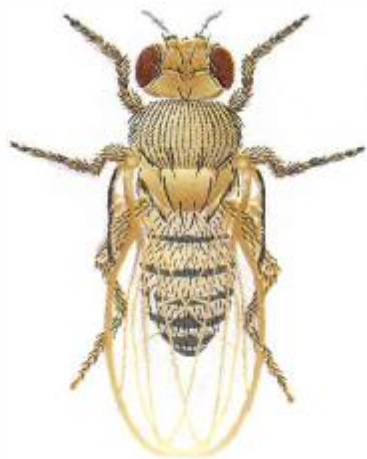
مگس سرکه و باکتری روده‌ای

در مطالعه ژنتیک، خواهید دید که جانداران خاصی به کرات در آزمایش‌ها استفاده می‌شوند. اگر هدف این علم، مشخص کردن قوانین کلی در جهان موجودات زنده است، چرا ژنتیک دانان اصرار دارند که فقط از چند جاندار خاص استفاده کنند؟ جواب این سوال برای شما احتمالاً بدیهی است؛ جاندارانی که برای هر آزمایش انتخاب می‌شوند، خصوصیات دارند که آنها را برای آن آزمایش مناسب می‌کنند.

در مراحل اولیه تحقیقات ژنتیکی، در ابتدای قرن بیستم، تکنیکهای بررسی ماده ژنتیکی داخل یک باکتری یا ویروس هنوز به وجود نیامده بودند. جاندار اصلی‌ای که در آن زمان مورد استفاده قرار می‌گرفت یک مگس سرکه به نام علمی *Drosophila melanogaster* بود که قبلاً توسط زیست‌شناسان تکوینی مورد استفاده قرار می‌گرفت این جاندار دوره تولید مثل کوتاهی (در حدود 2 هفته) دارد و در آزمایشگاه بقا و تولید مثل بالایی دارد. همچنین مگس سرکه، در برخی سلول‌های خود (سلول‌های غدد بزاقی) کروموزومهای بسیار بزرگی دارد (موسوم به کروموزومهای پلی‌تن) و بسیاری از خصوصیات ظاهری (فنوتیپ) این جاندار توسط ژنوم آن کنترل می‌شوند. برای مثال می‌توان به آسانی جهش‌هایی را در این موجود یافت که در ژنهای کنترل کننده رنگ چشم، تعداد و شکل صفحات چشمی و صفاتی مانند شکل و تراکم کرک و رگ‌ها اتفاق افتانده‌اند

(شکل)





در اواسط قرن گذشته، هنگامی که تکنیک‌های آزمایش‌های ژنتیکی بر روی باکتری‌ها ابداع شدند،

باکتری روده‌ای معمول، *Escherichia coli*، به جاندار مورد علاقه برای کارهای ژنتیکی تبدیل شد. (شکل)



زیرا این باکتری دوره تولید نسلی برابر با 20 دقیقه دارد، از هر ژن تنها 1 نسخه دارد و مقدار ماده

ژنتیکی آن بسیار کم است. بسیاری از گروه‌های تحقیقاتی از آن استفاده کردند. اتفاق بعدی، استفاده از

ویروس‌های باکتریایی، موسوم به باکتریوفاژها بود ویروس‌ها تنها از چند نوع پروتئین محدود و یک کروموزوم

بسیار کوچک ساخته شده‌اند و برخی ویروس‌ها می‌توانند تا یکصد بار در ساعت رونویسی شوند.

هدف ما معرفی گونه‌های اصلی استفاده شده در ژنتیک نیست بلکه ما قصد داریم توضیح دهیم که چرا

این گونه‌ها مورد استفاده قرار گرفتند. مطالعاتی مقایسه‌ای انجام شده‌اند برای این که نشان دهند چه خصوصیتی که در موجودات ژنتیکی کشف شدند آنها را از نظر علمی جهانی کردند.

روش‌های مطالعه

هر بخشی از دنیای ژنتیک، روش‌های خاص خود را در مطالعه دارد. معمولاً کشف یک تکنیک مطالعاتی جدید، بهینه کردن یک تکنیک پهنه جدیدی از تحقیقات را به روی محققین باز کرده است هر چه در طول این سالها تکنیک‌های ما رشد کرده‌اند، سوالات بیشتر و در سطوح پایین‌تری از حیات مورد بررسی قرار گرفته‌اند. جرج مندل، پدر علم ژنتیک، مطالعاتی با انجام دادن آمیزش‌های ساده بر روی گیاهان انجام داد. امروزه، با روش‌های مدرن بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی، تعیین توالی نوکلئوتیدها (زیرواحدهای سازنده RNA, DNA) بی که سازنده یک ژن هستند به صورت یک روش روتین درآمده است. یکی از بزرگترین پروژه‌های انجام شده در طول تاریخ، پروژه ژنوم انسان بود که با تعیین توالی 3/3 میلیارد نوکلئوتید موجود در ژنوم انسان، به پایان رسید. تکنولوژی لازم برای انجام پروژه‌هایی با چنین ابعادی، به تازگی به دست آمده است. تا 10 سال پیش فرض بر این بود که چنین پروژه‌هایی حداقل یک دهه زمان و بودجه عظیمی می‌برند. امروزه با تکنیک‌های جدیدی مانند *Pyrosequencing*، چنین پروژه‌ای ممکن است در کمتر از 1 سال انجام شود.

