

شبکه رشد - شبکه ملی مدارس ایران



Olympiad.ros hd.ir

ترانس داکسیون

ترانس داکسیون عمومی که توسط *Zinder* و *Lederberg* اولین روش ترانس داکسیون کشف شده است باکتری مورد استفاده *Salmonella typhimurium* بود و فاژ $p22$ نامیده شد به طور کلی هر جایگاه ژنی را می توان بوسیله ترانس داکسیون عمومی تعیین کرد مکانیسم آن به یک جداسازی اشتباه بستگی ندارد بلکه از طریق قرار گیری تصادفی یک تکه از کروموزوم میزبان در درون پوششی پروتئینی فاژ صورت می گیرد. به یک فاژ ناقص که به جای *DNA* فاژ *DNA* باکتریایی را حمل می کند *transducing particle* گفته می شود. ترانس داکسیون هنگامی کامل می شود که مواد ژنتیکی از *particle transducing* به یک سلول میزبان جدید تزریق شود و طی فرآیند نو ترکیبی به کروموزوم آن وارد شود.

برای $p22$ سرعت ترانس داکسیون یکی به ازای هر 10^5 فاژ است. چون یک *transducing phage* می تواند فقط $2-2/5\%$ از کروموزوم میزبان را حمل کند فقط ژن های بسیار نزدیک به یکدیگر می توانند با هم انتقال یابند (*Cotransduced*) پس *Contransduction* می تواند برای تعیین ترتیب ژن ها بر روی فاصله های کوچک به کار گرفته شود البته پس از اینکه الگوی کلی توسط *interrupted mating* تعیین شد

Mapping with transduction

ترانس داکسیون می تواند برای تعیین ترتیب ژن ها و فاصله نقشه مورد استفاده قرار گیرد ترتیب ژن ها می تواند با ترانس داکسیون دو فاکتوری تعیین شود. برای مثال اگر ژن A با ژن B و ژن B با ژن C کوترانس داکسیون انجام دهند ولی A با C هرگز کوترانس داکسیون نکند ما ترتیب $A-B-C$ را خواهیم داشت.

Transductants	Number
A^+B^+	30
A^+C^+	0
B^+C^+	25
$A^+B^+C^+$	0

این روش در تفاوت های کمی در کوترانس داکسیون نیز کاربرد دارد برای مثال اگر E اغلب با F و F اغلب با G کوترانس داکسیون کند ولی E با G خیلی به ندرت کوترانس داکسیون کند ترتیب $E - F - G$ را خواهیم داشت.

با این وجود ترانس داکسیون سه فاکتوری که می توان بوسیله آن ترتیب ژن ها و فاصله نسبی را به طور همزمان تعیین کرد با ارزش تر است. این روش بخصوص هنگامی که سه جایگاه ژنی به قدری به یکدیگر نزدیکند که تعیین ترتیب ژن ها بر اساس ترانس داکسیون دو فاکتوری بسیار مشکل است بسیار با ارزش است برای مثال اگر ژن های C, B, A معمولاً با یکدیگر کوترانس داکسیون انجام دهند می توانیم ترتیب و فاصله نسبی ژن ها را با میانگین گیری از فراوانی *multiple Crossovers* بدست آوریم. اجازه دهید از پروتوتروف ($A^+B^+C^+$) برای ساختن *transducing phages* استفاده کنیم سپس سلول های ($A^-B^-C^-$) را در عرض این فاژها قرار دهیم.

سلول های ترانس داکته شده بوسیله رشد در محیط کامل فاقد نیاز غذایی A, B و یا C انتخاب می شوند (سلول های $A^-B^-C^-$ اولیه خواهند مرد) این نمونه سپس بوسیله *replice plating* برای داشتن کوترانس داکسیون مورد بررسی قرار می گیرد. در این مثال کلونی هایی که در محیط کامل فاقد نیاز غذایی A رشد کرده اند بر روی محیط کشت فاقد نیاز

غذایی B و سپس بر روی محیط کشت فاقد نیاز غذایی C، *replice plating* می شود با این روش هر ترانس داکته شده می تواند برای تعیین هر سه جایگاه به کار رود.

جدول

Method of Scoring Three-Factor Transductants				
Colony Number	Minimal Medium			Genotype
	Without A Requirement	Without B Requirement	Without C Requirement	
1	+	+	-	$A^+B^+C^-$
2	+	-	-	$A^+B^-C^-$
3	+	-	-	$A^+B^-C^-$
4	-	+	+	$A^-B^+C^+$
5	-	-	+	$A^-B^-C^+$
.
.
.

حال اجازه دهید ترانس داکته شده هایی را در نظر بگیریم که در آنها آلل A وجود دارد (A^+) این خود به چهار دسته تقسیم می شود: $A^+B^-C^-$, $A^+B^-C^+$, $A^+B^+C^-$, $A^+B^+C^+$. حال ما فراوانی نسبی آن ها را با یکدیگر مقایسه می کنیم. کمترین فراوانی ترتیب قرار گیری ژن ها را بیان می کند.

(جدول 1)



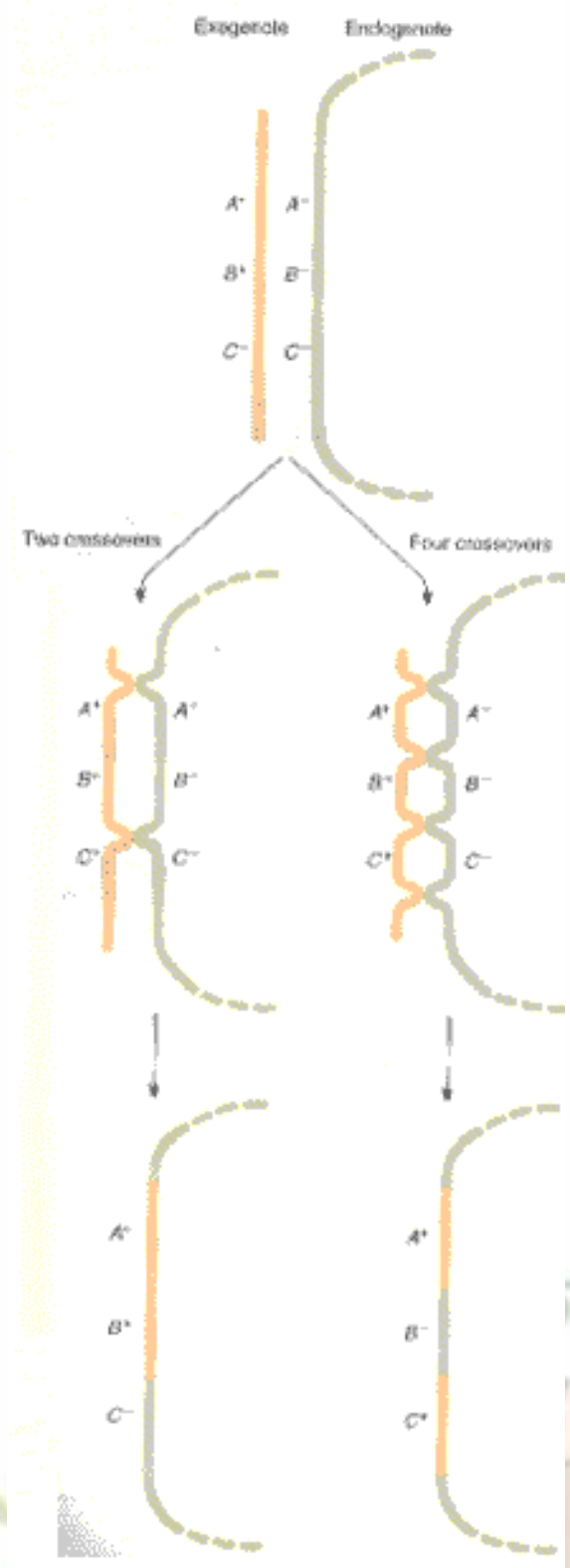
Class	Number
$A^+B^+C^+$	50
$A^+B^+C^-$	75
$A^+B^-C^+$	1
$A^+B^-C^-$	<u>300</u>
	426

Relative Cotransductance
 $A-B: (50 + 75)/426 = 0.29$
 $A-C: (50 + 1)/426 = 0.12$

شکل



The rarer transfectant requires four crossovers.



با نگاه کردن به جدول I در می یابیم که ترتیب قرار گیری ژن ها $A - B - C$ می باشد زیرا دسته $A^+B^-C^+$ کمترین فراوانی را دارد.

تعداد نسبی کوترانس داکسیون ها در جدول I محاسبه شده است در همه موجودات زنده و ویروس ها هر چه تعداد کوترانس داکسیون آلل ها درد و جایگاه بیشتر باشد آن دو جایگاه بر روی کروموزوم به هم نزدیک ترند معمولاً جدا شدن جایگاه های ژنی را با *Crossing over* بین آن ها اندازه می گیریم هر چه دو جایگاه به یکدیگر نزدیکتر باشند مقادیر *Crossing over* کمتر و از آنجا اندازه فاصله نقشه کوچکتر خواهد بود در این جا ما مستقیماً *Co-occurrence* را اندازه می گیریم و بنابراین اندازه گیری شده *Cotransductional* معکوس فاصله نقشه استاندارد است به بیان دیگر هر چه سرعت کوترانس داکسیون بیشتر باشد دو جایگاه به یکدیگر نزدیک ترند هر چه دو جایگاه بیشتر از یکدیگر ترانس داکسیون کنند به یکدیگر نزدیک ترند و اعداد کوترانس داکسیون بزرگتر خواهد بود.

