

عنوان مقاله:

میکرو RNA های پیش بینی شده جدید در ژن AKT1 انسانی با استفاده از تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیک

محل انتشار:

هفتمین کنگره ملی زیست شناسی و علوم طبیعی ایران (سال: 1399)

تعداد صفحات اصل مقاله: 3

نویسندگان:

سهامه محبی - استادیار، گروه بیوتکنولوژی، موسسه آموزش عالی آل طه، تهران، ایران

مریم حسنلو - استادیار، گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشگاه خواجهران سمنان (فرزندگان)، سمنان، ایران.

خلاصه مقاله:

مسیر سیگنالینگ PI3K/AKT تنظیم کننده اصلی فرآیندهای سلولی طبیعی درگیر در رشد سلول، تکثیر، متابولیسم، تحرک، بقا و آپوپتوز است. عملکرد نابجای مسیر PI3K/AKT باعث بقا و تکثیر سلول های توموری در بسیاری از سرطان های انسانی می شود. افزایش بیان ژن Akt1 در سرطان معده، گلیوبلاستوما و گلیوسارکوما گزارش شده است. به نظر می رسد، MicroRNA هایی که در ژن Akt1 رمزگذاری می شوند ممکن است نقش مهمی در پیشرفت این سرطانها داشته باشند. در اینجا، MicroRNA های جدید واقع در ژن Akt1 انسان از نظر بیوانفورماتیک پیش بینی شدند. از برنامه های آنالیز MiPRED و Profil SSC برای پیش بینی ساختار حلقه-ساقه در ناحیه ژنومی مورد نظر استفاده شد. برای پیش بینی جایگاه های پردازش Drosha از CIDmiRNA به همراه برنامه SVM Microprocessor استفاده شد. از پایگاه داده ای UCSC برای تجزیه و تحلیل وضعیت حفاظت شده گی-MicroRNA و پیش ساز آن استفاده شد. علاوه بر این، پیش بینی Akt1-miR ها با استفاده از ابزارهای آنلاین، MatureBayes، Pmirp، MiRNA Spotter، Mirmat و Mirz انجام شد. پایگاه داده Mirbase برای بررسی شباهت های توالی پیش ساز-Akt1 miR ها و Akt1-miR بالغ با DNA انسان و گونه های مختلف دیگر مورد بررسی قرار گرفت. علاوه بر این، RNAFOLD که از الگوریتم پیش بینی ساختار RNA با کمترین انرژی آزاد انرژی (MFE) استفاده می کند، برای پیش بینی تقریبی ساختار حلقه-ساقه استفاده شد. ژن Akt1 با طول حدود 27 کیلوباز دارای ساختارهای حلقه-ساقه مانند miRNA می باشد که توالی نسبتاً محافظت شده ای دارند. به طور کلی، نتایج این تحقیق حاکی از وجود miRNA های جدیدی است که درون انکوژن Akt1 رمزگذاری می شوند.

کلمات کلیدی:

مسیر پیام دهی Akt1، MicroRNA، PI3K/AKT

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1028814>

