

عنوان مقاله:

(مقاله کوتاه) تجزیه فیلوژنی و تکامل مولکولی لپتین

محل انتشار:

فصلنامه پژوهشهای تولیدات دامی، دوره 7، شماره 13 (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 6

نویسنده:

جواد احمدپناه - Islamic Azad University, Ilam Branch, Ilam, Iran

خلاصه مقاله:

در بررسی حاضر به منظور آگاهی از روند تکاملی و مولکولی ژن لپتین در پستانداران، آنالیز فیلوژنی و روند انتخاب طبیعی در طی تکامل انجام گرفت. توالی ژنی لپتین در پستانداران و سایر موجودات از جمله مرغ که هر کدام یک نسخه از توالی ژن را دارا بودند بر اساس جستجو در بانک اطلاعاتی ژنوم (NCBI) به دست آمده و هم‌تراز شدند. درصد جانمایی و جایگزینی نوکلئوتیدها با استفاده از روش حداکثر درست‌نمایی و نیز ترسیم درخت فیلوژنتیک و تعیین روند انتخاب طبیعی به روش neighbor-joining به دست آمدند. نتایج حاصل از مطالعات بیوانفورماتیک نشان داد، که درصد جانمایی بازهای پیریمیدینی بیشتر از بازهای پورینی بوده است. مقدار عددی dN/dS بیشتر از یک بود، که نشان‌دهنده انتخاب مثبت در طی تکامل این ژن‌ها است. این نوع انتخاب سبب به وجود آمدن واریته‌های جدید، پروتئین‌های جدید و از طرفی سبب تثبیت عمل کرد آن‌ها در طی روند تکامل و پیشرفت در جهت خالص‌سازی عملکرد آنها شده است که ناشی از تبدیل نواحی غیر کدکننده ژنی به نواحی کدکننده ژنی است. درخت فیلوژنتیک برای ژن مذکور در موجودات مختلف نشان می‌دهد که به طور کلی پروتئین لپتین در موجودات مختلف بر اساس مسیر تکاملی خود به دو دسته مجزا تقسیم می‌شود، که در یک دسته پستانداران با درصد شباهت بیشتر قرار گرفته است. همچنین، پروتئین لپتین مرغ نیز به علت شباهت بالا با پستانداران در این دسته قرار گرفته است. در دسته دیگر سایر موجودات از جمله انواع مختلف ماهی‌های ذکر شده با قرابت بیشتر دسته بندی شدند.

کلمات کلیدی:

Leptin, Mammals, Natural Selection, Phylogeny, لپتین, پستانداران, انتخاب طبیعی, فیلوژنی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1285263>

