

عنوان مقاله:

آنالیز بیان ژن ها و رسم شبکه ژنی آپوپتوزیس در نژادهای مرغ بومی اصفهان و تجاری راس تحت داده های RNA-seq

محل انتشار:

فصلنامه پژوهشهای علوم دامی ایران، دوره 10، شماره 1 (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

ژیلا حسانی - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

محمدرضا نصیری - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

محمدرضا بختیاری زاده - گروه علوم دام و طیور، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، تهران، ایران

مجتبی طهمورث پور - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

علی جوادمنش - گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران.

خلاصه مقاله:

در این مطالعه با استفاده از داده های توالی یابی RNA-seq، به دست آمده از ۱۲ قطعه مرغ ماده، بومی اصفهان و تجاری راس به بررسی ژن های با بیان متفاوت، به شناسایی مهمترین ژن های موثر در سیستم آپوپتوزیز و تقویت آن پرداخته شد. در این بررسی کیفیت داده ها با استفاده از نرم افزار FastQC سنجیده شد. پس از حذف خوانش های بی کیفیت، با استفاده از نرم افزار Trimmomatic، نقشه یابی داده ها با استفاده از نرم افزار TOP HAT۲ انجام گرفت. شبکه ژنی آپوپتوزیز توسط پایگاه استرینگ رسم و آنالیز شد. تحلیل شبکه نشاندهنده معنی داری شبکه بوده و میزان و چگونگی ارتباط ژن ها مشخص شد. نتایج حاصل از بررسی ترنسکریپتوم های سیستم ایمنی با استفاده از Cuffdiff نشان داد که از بین ۱۳۲۸ ژن دارای تفاوت بیان معنی دار در سیستم ایمنی، ۱۱ ژن مربوط به آپوپتوزیز بود. همچنین ژن PIK۳CD دارای بیشترین مقدار بیان در دو نژاد بومی و تجاری و PIK۳CB دارای کمترین مقدار بیان در نژاد بومی بودند. بیشترین معنی داری در فرایندهای بیولوژیکی بر اساس آماره Bonferroni، مربوط به مسیر علامت دهی وابسته به اینوزیتول و بر اساس آماره P-value مربوط به مسیر تنظیم موضعی کردن پروتئین به سمت هسته می باشد. آنالیز شبکه ژنی آپوپتوزیز، منجر به شناسایی دو زیر شبکه (کلاستر) گردید که ژن شاخص آنها به ترتیب PIK۳R۱ و IL۱R۱ می باشد.

کلمات کلیدی:

آپوپتوز، نژاد مرغ بومی و راس، هستی شناسی ژنها، RNA-seq

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/1420841>

