سیویلیکا - ناشر تخصصی مقالات کنفرانس ها و ژورنال ها
گواهی ثبت مقاله در سیویلیکا
CIVILICA.com

عنوان مقاله:

شناسایی miRNAهای حفاظت شده و ژن های هدف آنها در گل محمدی (Rosa damascena Mill)

محل انتشار:

مجله علمی تحقیقات ژنتیک و اصلاح گیاهان مرتعی و جنگلی ایران, دوره 30, شماره 2 (سال: 1401)

تعداد صفحات اصل مقاله: 17

نویسندگان:

هدی سادات کیانی - Ph.D. Student, Dept. Agriculture and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, I.R. Iran.

منیژه سبکدست نودهی - Assist. Prof., Dept. Agriculture and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, I.R. Iran.

محمد رضا نقوی - Prof., Dept. Agriculture and Plant Breeding, Faculty of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, I.R. Iran.

مجید شکرپور - Assoc. Prof., Dept. Agriculture and Plant Breeding, School of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, I.R. Iran.

نجمه یزدانفر - Assist. Prof., Chemical Industries Development Research Institute, Karaj, I.R. Iran.

خلاصه مقاله:

ژن های (miRNAs)، عناصر تنظیم کننده‌ای هستند که نقش اصلی آنها کاهش بیان ژن در سطح mRNAها است. miRNA ها همچنین در چندین مسیر گیاهی مرتبط با فعالیت های مهم سلولی مانند رشد، تکثیر، تمایز، مورفوژنز، آپوپتوزیز و پاسخ به تنش های غیر زیستی و زیستی نقش های مهمی ایفا می کنند. این تحقیق به منظور شناسایی miRNAهای حفاظت شده و ژن های هدف آنها با استفاده از داده های توالی یابی نسل جدید در گل محمدی (Rosa damascena Mill.) انجام شد. اگرچه روش های بیوانفورماتیک به عنوان کارآمدترین راهبرد برای شناسایی miRNA هدف توسعه یافته اند، راهبرد های آزمایشی با کارایی بالا هنوز بسیار مورد تقاضا هستند. برای شناسایی miRNAهای جدید، پیش بینی و تعیین هستی شناسی ژن های هدف درگیر در مسیر تولید رایحه و رنگ در گل محمدی به ترتیب از ابزارهای بیوانفورماتیکی WEGO، psRNATarget، Cmii و Blast۲GO به علاوه روش آزمایشگاهی (Real-time PCR) استفاده شد. با استفاده از داده های EST و RNA-seq مبتنی بر همولوژی گیاه Rosa lucieae در نهایت چهار خانواده miRNA، شامل: miR۱۵۶، miR۲۶۷۳، miR۵۰۲۱ و miR۸۳۸ به عنوان miRNAهای نامزد انتخاب شدند. در مرحله بعد برای ارزیابی کمی Real-time PCR برای اعتبارسنجی سطح بیان miR۵۰۲۱ منتخب در دو نمونه (سفید و صورتی) و مرحله بیولوژیکی (جوان و غنچه) گل محمدی، محلول پاشی با غلظت های صفر (شاهد) و ۳۰۰ میکرومولار متیل جاسمونات به مدت ۴۸ ساعت بیشترین بیان نسبی miR۵۰۲۱ متعلق به نمونه صورتی رنگ را در مرحله نموی جوان نشان داد. این یافته ها مطالعات چشم انداز آینده را در مورد سازوکارهای تنظیمی miRNAها در Rosa damascena سرعت می بخشد.

کلمات کلیدی:

EST, MicroRNA, RNA-seq, Bioinformatics, non-coding RNA, target genes

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

https://civilica.com/doc/2076182