

عنوان مقاله:

بررسی بیوانفورماتیکی الگوی بیان ژن S-like RNase درگندم آلوده به بیماری های قارچی

محل انتشار:

دومین همایش ملی مباحث نوین در کشاورزی (سال: 1392)

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

نویسندگان:

اسداله آبیاریفی - دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد

ندا میر آخوری - استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهرکرد

خلاصه مقاله:

آنزیم های S-like RNase گروهی از خانواده ریبونوکلیئازهای گیاهی می باشند که باند فسفو دی استر را در RNA برش میدهند. آنزیم های S-like RNase در همه اندام های گیاهی و تحت تحریکات محیطی بیان می شوند و مشخص شده است که دارای 5 ناحیه فوق العاده محافظت شده ای به نام C1-C5 می باشند. دو ناحیه C2 و C3 دارای 2 تا 3 مکان هیستیدین فعال هستند که برای فعالیت کاتالیکی این آنزیم ها لازم است. با بررسی داده های ریزآرایه (microarray) که یکی از روش های استاندارد برای مطالعه بیان ژن در مقیاس وسیع می باشد، مشخص شده است که ژن های S-like RNase در برابر تنش های زیستی و غیر زیستی افزایش و یا نیز کاهش بیان دارند. در این تحقیق به منظور بررسی و مشخص کردن میزان بروز و تأثیر ژن S-like RNase در مقاومت گندم نان نسبت به بیماری های مختلف، دو کتابخانه مختلف از داده های میکروآرای با ایزولاین های مقاوم و حساس گندم از سایت NCBI با Expression console نرمال سازی شدند و سپس با استفاده از نرم افزار Flexarray و ززم ن t-test با p-value کوچکتر از 0,05 و بیان ژن نسبت به تیمار کنترل بررسی شد و نمودار الگوی بیانی ژن S-like RNase رسم شد.

کلمات کلیدی:

S-like RNase، ریزآرایه، گندم، Fusarium graminearum،Puccinia striiformis

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/287415>

