

عنوان مقاله:

بررسی بیوانفورماتیکی سایت فعال و روابط تکاملی پروتئین های همگلوتنین در ویروس آنفلوانزای A

محل انتشار:

اولین کنگره بین المللی و سیزدهمین کنگره ژنتیک ایران (سال: 1393)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسندگان:

افسانه سادات فرساد - گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی، مشهد

سعید ملک زاده شفاوردی - گروه بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی، مشهد

خلاصه مقاله:

پروتئین همگلوتنین HA ویروس آنفلوانزا که مهمترین گلیکوپروتئین سطحی غشاء ویروس نیز می باشد موجب آغاز عفونت از طریق اتصال به گیرنده های سلول میزبان می شود. این تحقیق به بررسی و آنالیز توالی های اسید آمینه ای همگلوتنین HA ویروس آنفلوانزای A که رنج وسیعی از پرندگان و پستانداران را آلوده می کند، می پردازد. در این مطالعه تعداد 191 توالی اسید آمینه ای متعلق به کل 15 زیررده همگلوتنین شناخته شده، با یکدیگر مقایسه شدند و تاکید بیشتر در زمینه بررسی سایت های عملکردی ویروس نظیر سایت اتصال به گیرنده به همراه مرزهای چپ و راست آن و همچنین درجه حفاظت شدگی آن ها در هر زیررده انجام گرفت. 3 شجره تکاملی مربوط به 15 نماینده پروتئین همگلوتنین ماکیان ساخته شدند که اولین آن ها بر اساس همردیفی کل توالی های همگلوتنین و دو شجره دیگر به ترتیب بر پایه همردیفی زنجیره های HA1 و HA2 شکل گرفتند. نتایج نشان می دهد که بر خلاف تشابهات کم مشاهده شده میان 191 توالی زیر واحد HA1 سایت فعال آن ها به خوبی حفاظت شده است و فقط اختلافات اندکی در گروه بندی زیررده های همگلوتنین بین دو شجره زیر واحد HA1 و HA2 وجود دارد. در این زمینه زیررده H9 بیشترین میزان انحراف را نشان می داد. سایت فعال بررسی شده در زیررده های متفاوت پروتئین همگلوتنین در این تحقیق می تواند به عنوان هدف تشخیصی و دارویی جهت کنترل و درمان بیماری آنفلوانزا در آینده مورد استفاده قرار گیرد.

کلمات کلیدی:

تشابه توالی، تکامل، ویروس آنفلوانزای A، همگلوتنین

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/327687>

