

## عنوان مقاله:

مقایسه الگوی بیان ژنهای ریشه یونجه آلوده به پاتوژنهای رودهای انسان توسط آنالیز دادههای ریزآرایه

## محل انتشار:

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

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

## نویسنده:

مهسا همت یار - دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی دانشگاه شهرکرد

## خلاصه مقاله:

هرساله گزارشهای متعددی مبنی بر شیوع بیماریهای ناشی از مصرف گیاهچههای لگومی که به پاتوژنهای باکتریایی روده انسان آلوده اند، همچون باکتری *Salmonella enterica* و *Escherichia coli* O157:H7 ارائه میشود. این پاتوژنهای بیماریزای انسانی نه تنها در انسان سبب تغییر در الگوی بیان بسیاری از ژنهای مهم میگرددند، بلکه الگوی بیان بسیاری از ژنهای درگیر در مسیرهای بیوسنتزی پروتئینهای کاربردی گیاه را نیز تحت تاثیر قرار میدهند. تحقیق حاضر که بر پایه آنالیزهای بیوانفورماتیکی دادههای ریزآرایه موجود در پایگاه NCB استوار است، به بررسی میزان تغییر در الگوی بیان ژنهای یونجه مدل در زمان آلودگی به پاتوژنهای رودهای انسان میپردازد. نتایج حاصل از تجزیه و تحلیل دادهها با استفاده از نرم افزارهای Flexarray و Expression consol نشان داد که به ترتیب 994 و 968 ژن بعد از آلودگی یونجه با اشرشیاکلی و سالمونلا افزایش بیان معنیداری داشتند. از این تعداد 501 ژن به طور مشترک افزایش بیان معنیداری نشان دادند. بیشترین میزان افزایش بیان ژن در زمان آلودگی گیاه به باکتریهای اشرشیاکلی و سالمونلا مربوط به ژن لیپاز/لیپواکسیژناز 1 و کمترین میزان بیان مربوط به ژن سیتوکروم P450 نسبت به سایر ژنها بود.

## کلمات کلیدی:

یونجه، پاتوژنهای باکتریایی، ریزآرایه

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/328678>

