

عنوان مقاله:

بررسی بیان نسبی ژن عامل رونویسی WRKY در گیاه خشخاش *Papaver somniferum L*

محل انتشار:

دومین همایش ملی مهندسی و مدیریت کشاورزی، محیط زیست و منابع طبیعی پایدار (سال: 1393)

تعداد صفحات اصل مقاله: 7

نویسندگان:

طیبه کاکش پور - دانشجوی کارشناسی ارشد گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

سجاد رشیدی منفرد - استادیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

احمد معینی - دانشیار گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

محمد بصیری - دانشجوی کارشناسی ارشد گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

خلاصه مقاله:

پروتئینهای WRKY یکی از 13 خانواده بزرگ عوامل رونویسی در گیاهان عالی میباشند که نقش مهمی در توسعه گیاه، پاسخهای دفاعی و تولید متابولیت‌های ثانویه از جمله بنزیلایزوکوئینولین آلکالوئیدها، دارند. عوامل رونویسی WRKY، پروتئینهای کلیدی در تنظیم مسیرهای انتقال سیگنال در گیاه خشخاش هستند. تکنیک qRT-Quantitative-PCR time برای مطالعه بیان ژن به طور گسترده مورد استفاده قرار گرفته است. در این تحقیق میزان بیان نسبی یک ژن از گروه II عوامل رونویسی WRKY در بافتهای برگ، ساقه، کپسول و ریشه گیاه خشخاش توسط روش PCR-qRT بررسی گردید. ژن E.F.1α به عنوان ژن مرجع مورد استفاده قرار گرفت. جفت آغازگرهای اختصاصی بر اساس توالی ژن WRKY موجود در GeneBank شماره دسترسی: KP203854 91 و 3 برابر، طراحی شد. بیان ژن در بافتهای برگ، ساقه و کپسول، به ترتیب 436 میزان بیان آن در بافت ریشه بود. در واقع ژن WRKY بیشترین میزان بیان نسبی را در بافت برگ و کمترین میزان بیان نسبی را در بافت ریشه داشت.

کلمات کلیدی:

P. somniferum L. ، WRKY ، qRT-PCR

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/358000>

