

عنوان مقاله:

های موجود در گیاه کرچک microRNA پیش بینی محاسباتی *Ricinus communis*

محل انتشار:

هشتمین همایش بیوتکنولوژی جمهوری اسلامی ایران و چهارمین همایش ملی امنیت زیستی (سال: 1392)

تعداد صفحات اصل مقاله: 5

نویسندگان:

فرانک مرادی - فارغ التحصیل رشته بیماری شناسی دانشگاه یاسوج

روژین مرادی - دانشجوی کارشناسی ارشد بیماری شناسی گیاهی دانشگاه کردستان

محمد صدیق کمانگر - دانشجوی کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه کردستان

خلاصه مقاله:

میکرو RNA با miRNA که اندازه آنها از 20 تا 25 نوکلئید متغیر است ، عضو خانواده RNA های غیر کد شونده هستند که نقش تنظیمی مهمی در گیاهان در خاموشی ژن بوسیله ی تخریب یا انداد ترجمه ی mRNA های همولوگ بازی می کنند . mRNA های گیاهی در طی مسیرهای تکاملی حفظ شده اند و ممکن است که زن mRNA مربوط به یک گونه از ارتولوگ یا همولوگ همان ژن در گونه دیگر باشد که این خصوصیت ما را قادر ساخته که استفاده از همولوژی و شباهت بین miRNA ها توانایی کشف miRNA جدید در میان گونه هایی که miRNA آنها مشخص نشده ، مانند کرچک را داشته باشیم . بر خلاف متازون ها (چند یاخته ای) که miRNA بیشتر از مناطق آگزون یا اینترتونی نشات می گیرند یا بر خلاف miRNA جانوری که بیشتر به شکل توالی های پلی سیسترونی که به شکل گروهی و cotranscribed بیان می شوند توالی های miRNA گیاهی بیشتر از نواحی بین ژنی نشات می گیرند و کمتر به شکل گروهی در ژنوم یافت می شوند . هدف از این مطالعه شناسایی miRNA های موجود در ژنوم کرچک با استفاده از همولوژی با miRNA های از قبل شناخته شده در گیاهان دیگر است . در نهایت تعداد 4 عدد miRNA های پیش بینی شده در این تحقیق مورد قبول بود .

کلمات کلیدی:

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/377406>

