

## عنوان مقاله:

مکانیسم متیلاسیون DNA، جایگاه و عملکرد آن در فعالیت های ژنتیکی

## محل انتشار:

همایش بین المللی پژوهش های کاربردی در کشاورزی (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 12

## نویسنده:

فریبا اکبری - دانشجوی دکتری، دانشگاه ایلام، ایلام، ایران

## خلاصه مقاله:

متیلاسیون DNA پدیده ای اپی ژنتیک است که با اضافه شدن گروه متیل (CH<sub>3</sub>) به سیتوزین ایجاد می شود. دو نوع متیلاسیون وجود دارد: هیپومتیلاسیون و هیپرمتیلاسیون. اضافه شدن یا حذف گروه متیل به ترتیب توسط آنزیم های DNA-متیل ترانسفراز (DNMTs) و DNA-دمتیلاز صورت می گیرد. گروه متیل از S-آدنوزیل متیونین منتقل می شود. متیلاسیون DNA با به کارگیری پروتئین های درگیر در بیان ژن یا ممانعت از اتصال فاکتورهای نسخه برداری به DNA سبب تنظیم بیان ژن می شوند. هیپرمتیلاسیون DNA در عناصر پرموتور سبب جلوگیری از بیان ژن گردیده و برای دامنه گسترده ای از فعالیت های سلولی مانند پایداری و حفاظت ژنوم، ایمپرینتینگ، غیر فعال سازی کروموزوم X، تنظیم بیان ژن های اختصاصی بافت ها، سرطان و پیری ضروری است. هیپومتیلاسیون DNA نقش مهمی در ایجاد سرطان بازی می کند. الگوی متیلاسیون ژنوم در طی تکامل به علت فرآیندهای دینامیک شامل متیلاسیون de novo و دمتیلاسیون تغییر می کند. سلول های تمایز یافته دارای الگوی ثابت و یکنواختی از متیلاسیون DNA است که نسخه برداری ژن های ویژه بافت ها را تنظیم می کنند. در این مبحث مهم ترین تغییر اپی ژنتیک که به صورت مستقیم سبب تغییر شیمیایی DNA می شود، یعنی متیلاسیون DNA مورد بررسی قرار می گیرد.

## کلمات کلیدی:

اپی ژنتیک، متیلاسیون DNA، دمتیلاسیون، تنظیم، بیان ژن

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/414841>

