

عنوان مقاله:

توصیف پروتیین های محافظت شده فرضی از *Xanthomonas citri* subsp. *Citri*، با فعالیت محرک تولید اتیلن در گیاه آرابیدوپسیس

محل انتشار:

دوفصلنامه مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، دوره 5، شماره 1 (سال: 1395)

تعداد صفحات اصل مقاله: 10

نویسنده:

وحید فلاح زاده ممقانی - استادیار گروه گیاهپزشکی دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز، ایران

خلاصه مقاله:

در پژوهش های پیشین از بخش خالص شده پروتئوم باکتری *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) که قابلیت محرک تولید اتیلن در گیاه آرابیدوپسیس را داشت، حدود 60 پروتیین مختلف شناسایی شدند که از بین آنها هشت پروتیین به عنوان پروتیین فرضی محافظت شده بودند. هدف از انجام این پژوهش توصیف این پروتیین ها توسط ابزارهای بیوانفورماتیک مختلف می باشد. همه پروتیین های مورد بررسی دارای جرم مولکولی متوسطی بودند. پروتیین NP_640497.1 با 43/84 کیلوالتون دارای بیشترین جرم مولکولی بود. نقطه ایزوالکتریک (pI) محاسبه شده برای پروتیین ها بین 5/34 تا 9/5 متغیر بود. نوع خانواده های پروتیینی و دمین های پروتیین ها توسط ابزار پایگاه اطلاعاتی دمین های محافظت شده CDD-Blast و Interpro تعیین شد. از بین موارد مورد بررسی در پروتیین NP_640912.1 دمین- Helix-turn- HTH (Helix) ، از بخش مرکزی پروتیین NP_640497.1 دمین *Enoyl_reductase* ، از پروتیین NP_641576.1 دو موتیف متصل شونده به یون کلسیم (EF-hand, calcium binding motif) و در پروتیین NP_643454.1 دمین *hydroxybenzoyl-CoA thioesterase-4* از بالا خانواده *Hot_dog* شناسایی شد. سرور COACH برای پیش بینی جایگاه اتصال لیگاند در پروتیین ها مورد استفاده قرار گرفت و ساختار سه بعدی آنها توسط سرور Phyre2 مدل سازی شد. نتایج حاصل از این پژوهش می تواند در شناخت بهتر باکتری Xcc و همچنین شناسایی پروتیین هایی با خاصیت ایستوری از این باکتری به کار گرفته شوند.

کلمات کلیدی:

زانتوموناس، بیوانفورماتیک، شانکر مرکبات، محرک، پروتیین

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/707476>

