

عنوان مقاله:

درک ژنتیکی حشرات اجتماعی به کمک ژنوم زنبور عسل به عنوان یک مدل ژنتیکی مناسب

محل انتشار:

همایش ملی فرآورده های زنبور عسل از منظر زیست شناسی، سلامت و اقتصاد (سال: 1397)

تعداد صفحات اصل مقاله: 1

نویسندگان:

فاطمه سادات رضوی زاده - دانشجوی کارشناسی گروه زیست شناسی دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران،

سید مرتضی جوادی راد - استادیار گروه زیست شناسی دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران،

خلاصه مقاله:

بیان مسئله: توالی ژنوم زنبور عسل (*Apis mellifera*) یک مدل ژنتیکی کلیدی برای درک تعاملات اجتماعی و ضروری برای اکولوژی جهان می باشد که در ارتباط با عمل گرده افشانی توسط این حشره است و از این رو دارای اهمیت فراوانی می باشد. هدف پژوهش: هدف از مطالعه حاضر، درک ژنتیکی حشرات اجتماعی به کمک ژنوم زنبور عسل به عنوان یک مدل ژنتیکی مناسب و بررسی مطالعات ژنتیک جمعیت بر روی زنبور عسل می باشد. روش و چگونگی انجام پژوهش: مرور سیستماتیک پژوهش های علمی مرتبط با ژنوم زنبور عسل، حشرات اجتماعی و مطالعات ژنتیک جمعیت بر روی زنبور عسل انجام شد. یافته ها و نتیجه گیری: در مقایسه با توالی های ژنوم دیگر حشرات، ژنوم زنبور عسل دارای مقادیر بالایی از بازهای آلی آدنین و تیمین و جزایر CpG بوده و فاقد خانواده های اصلی ترانسپوزونی است. زنبور عسل از دید ریتم شبانه روزی زندگی، RNA های مداخله گر و ژن های مسئول متیلاسیون DNA، بیشتر شبیه به مهره داران است. همچنین زنبور عسل ژن های بیشتری برای گیرنده های تنفسی را کد می کند؛ ولی دارای ژن های کمتری برای ایمنی ذاتی، آنزیم های مسئول سم زدایی، پروتئین های شکل دهنده ی کوتیکول و گیرنده های چشایی می باشد. زنبور عسل در مقایسه با مگس سرکه، ژن های متفاوتی برای مسیرهای تکامل اولیه دارد و این در حالی است که ژن هایی با عملکرد متفاوت در این دو نوع حشره (شامل ژن های مربوط به تعیین جنسیت، عملکرد مغز و رفتار) شباهت بالایی نسبت به هم نشان می دهند. در نهایت، مطالعات ژنتیک جمعیت بر روی زنبور عسل نشان می دهد که جد اولیه این حشره، آفریقایی بوده و پیشنهاد می شود که شیوع زنبورهای آفریقایی در سراسر جهان جدید، منجر به مشاهده زنبورهای کنونی شده است.

کلمات کلیدی:

زنبور عسل، توالی ژنوم، ژنتیک جمعیت، حشرات اجتماعی

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/909621>

