

عنوان مقاله:

شناسایی ریزRNA ها، ژن های هدف و مسیرهای سیگنالدهی مرتبط با تولید شیر با استفاده از miRNA-seq

محل انتشار:

مجله پژوهش در نشخوارکنندگان، دوره 5، شماره 4 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 14

نویسندگان:

همایون فرهنگ فر - دانشکده کشاورزی، دانشگاه بیرجند

الهام بهدانی - دانشگاه رامین خوزستان

خلاصه مقاله:

سابقه و هدف: مولکول های ریزRNA توالی های کوتاهی (با میانگین طول 22 نوکلئوتید) هستند که با اثر بر تنظیم بیان ژن ها فرآیندهای بیولوژیکی بسیاری را تحت تاثیر قرار می دهند. تولید شیر فرآیند فیزیولوژیکی می باشد که تحت تاثیر تعداد بسیار زیادی از ژن ها، ریزRNA ها، مسیرهای ژنی و مسیرهای سیگنالدهی قرار می گیرد. در این مطالعه با بررسی مولکول های محافظت شده ریزRNA در بین گونه های موش، گاو و بز به شناسایی ریزRNA ها، ژن های هدف آن ها و مسیرهای ژنی مرتبط با تولید شیر پرداخته شد. مواد و روش ها: در این مطالعه جهت بررسی مکانسیم مولکولی اثر ریزRNA ها بر تولید شیر، ابتدا داده های مورد نظر با شماره دسترسی GSM1295118 برای گونه موش، GSM969927 برای گونه بز از پایگاه داده GEO دانلود شدند. شناسایی ریزRNA ها با استفاده از نرم افزار mirdeep2 انجام شد. در این مطالعه از پایگاه داده mirwalk برای شناسایی ژن های هدف ریزRNA هایی که دریافت پستان هر سه گونه بیان می شوند؛ استفاده گردید. پایگاه اطلاعاتی mirwalk قادر به تخمین ژن های هدف بر اساس الگوریتم های ده پایگاه اطلاعاتی دیگر می باشد. ترسیم ارتباطات ژنی شبکه برهمکنش ریزRNA ها و ژن های هدفشان توسط نرم افزار cytoscape انجام شد. جهت بررسی مسیرهای ژنی و سیگنالدهی مرتبط با ژن های هدف از پایگاه اطلاعاتی DAVID استفاده شد. یافته ها: بر اساس نتایج این مطالعه ژن های miR-200c-3p، miR-27a-3p، miR-27b-3p، miR-93-5p و miR-200c-3p از مهم ترین ریزRNA ها و ژن های Pten، Rlim، Pdik11، Setd5 و Pten از مهمترین ژن های هدف در فرآیند تولید شیر و مسیرهای بیوسنتزی ترکیبات شیر بودند. از مهمترین نتایج این مطالعه معرفی Setd5 به عنوان یک ژن جدید مرتبط با فرآیند تولید شیر می باشد. آنالیز مسیر های ژنی نشان داد که مسیر چسبندگی کانونی، مسیر سیگنالدهی MAPK، مسیر سیگنالدهی mTOR، مسیر سیگنالدهی PI3K-Akt و مسیر سیگنالدهی نروتروفین از مهمترین مسیر های ژنی می باشند که توسط ژن های هدف فعال شده و نقش مهمی در بیوسنتز تولید شیر و توسعه بافت پستانی دارند. این مسیرهای ژنی می توانند با اثرگذاری بر تکثیر سلول های آلوئول، افزایش انشعابات، توسعه بافت پستانی، متابولیسم اسیدهای آمینه، اثر بر سیستم اندوکرینی، مسیرهای سیگنالدهی پرولاکتین و سنتز ترکیبات شیر مانند چربی، پروتئین و لاکتوز، فیزیولوژی و بیولوژی تولید شیر را تحت تاثیر قرار دهند. نتیجه گیری: با توجه به نقش حیاتی ریزRNA های مهم در شبکه مورد بررسی و ژن های هدف این مولکول ها و همچنین مسیرهای ژنی مورد مطالعه، می توان در برنامه های اصلاح نژادی به عنوان مهمترین تنظیم کننده های مربوط به فرآیند تولید شیر از آنها بهره برد. از این اطلاعات میتوان جهت معرفی و کاربرد ژن های کاندید و کاربرد آنها در روش انتخاب به کمک ژن و یا انتخاب ژنومی استفاده کرد. با توجه به اینکه تولید شیر با توسعه و تکامل بافت پستانی همراه می باشد، مولکول های ریزRNA و ژن های هدفی که در این مطالعه به آن پرداخته شده است، می توانند کاندید مناسبی در کلیه فرآیند های تکامل و ...

کلمات کلیدی:

مقایسه بین گونه ای، داده های توالی یابی ریزRNA، تولید شیر

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/955155>



