

عنوان مقاله:

بازسازی، آنالیز و مقایسه توپولوژی شبکه های ژنی مبتنی بر داده های RNA-Seq دخیل در صفات چند فاکتوره تولید مثلی و باروری

محل انتشار:

فصلنامه بیوتکنولوژی کشاورزی، دوره 11، شماره 2 (سال: 1398)

تعداد صفحات اصل مقاله: 22

نویسندگان:

امین شهابی - دانشجوی دکترا، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

مجتبی طهمورث پور - نویسنده مسئول، استاد، بخش علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

علی کاظمی پور - استادیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

خلاصه مقاله:

هدف: علیرغم اهمیت باروری در گونه های مختلف، موفقیت های کمی در فهم اساس باروری از منظر لایه های مختلف OMICS به دست آمده است. برای فهم بهتر اساس مولکولی باروری، نیم رخ ترانسکریپتوم بافت های مختلف در گاو مورد بررسی قرار گرفت. مواد و روش ها: بافت های کبد، عضله، اندومترיום و جسم زرد در گاو هایی با شایستگی ژنتیکی بالا و پایین در صفات تولیدمثلی با استفاده از داده های RNA-Seq مورد پژوهش قرار گرفت. در ابتدا فهرست ژن های مربوط به جسم زرد که تفاوت بیانی داشتند تهیه و در ادامه شبکه هم بیان ژنی برای این فهرست ژنی ایجاد شد. نتایج: تعداد ژن های محدودی در بافت های کبد، عضله و اندومترיום تفاوت بیان نشان دادند ولی در مقابل تعداد قابل توجهی ژن در جسم زرد تفاوت بیانی از خود نشان دادند. بر این اساس، تعداد 264 ژن و 6 ماژول عملکردی بعد از طبقه بندی ژن ها برای جسم زرد شناسایی شد. همه این ژن ها حداقل در یکی از فرآیندهای زیستی از قبیل پروتئولایسیز، سازماندهی آنتین، پاسخ ایمنی، چسبندگی سلولی، تمایز سلولی و متابولیک چربی نقش داشتند ($p < 0.01$). نتیجه گیری: شناسایی ژن ها و بازسازی شبکه های تنظیمی می تواند افق جدیدی در راستای فهم چگونگی سازو کار فرآیندهای زیستی باز کند. همچنین این پژوهش فهم ما را در نقش بافت های مختلف روی باروری در گاو های شیری را نشان می دهد.

کلمات کلیدی:

باروری، ترانسکریپتوم، شبکه هم بیان ژن، ایجاد شبکه

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/970867>

