

SID



سرویس های ویژه



سرویس ترجمه تخصصی



کارگاه های آموزشی



بلاگ مرکز اطلاعات علمی

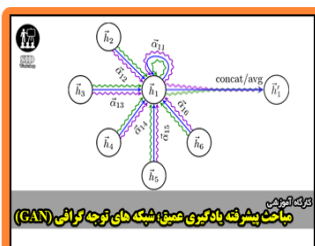


عضویت در خبرنامه



فیلم های آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



مباحث پیشرفته یادگیری عمیق؛
شبکه های توجه گرافی
(Graph Attention Networks)



کارگاه آنلاین آموزش استفاده از
وب آو ساینس



کارگاه آنلاین مقاله روزمره انگلیسی



ID: P-253

شناسایی بیوانفورماتیکی micro RNAها و ژنهای هدف آنها در هلو

۱۶۷

فضیله اسماعیلی^۱، بهروز شیران^۲

۱. دانشجوی کارشناسی ارشد رشته بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه شهرکرد

۲. دانشیار گروه بیوتکنولوژی کشاورزی دانشگاه شهرکرد

Nasibe.esmaili@yahoo.com

microRNA(miRNA)ها کلاسی از RNAهای کوچک هستند که اخیرا کشف شده‌اند. miRNAهای گیاهی اولین بار در آرابتیدوپسیس در سال ۲۰۰۲ گزارش شدند. این RNAها توالی‌های درونی غیر کد شونده از RNAهای کوچک می‌باشند و نقش مهمی در تنظیم بیان ژن پس از رونویسی ایفا می‌کنند. آنها به عنوان تنظیم کننده‌های منفی بیان ژن در یوکاریوت‌ها فعالیت می‌کنند. ژنهای miRNA توسط آنزیم RNA Polymerase II (Pol-II) رونویسی می‌شوند. پس از رونویسی به انتهای 5' pri-miRNA (primary miRNA) کلاهک cap اضافه شده و انتهای 3' پلی آدینیل می‌شود. نهایتا بر اساس جفت شدن بازها ساختمان stem-loop شکل می‌گیرد. pri-miRNAها به وسیله کمپلکس microprocessor که شامل نوکلئازهای Dicer-1(DCL) و HYL1 است پردازش می‌شوند. آنها توسط آنزیم HEN متیله شده و از طریق پروتئین HASTY که یک انتقال دهنده miRNA است به سیتوپلاسم انتقال می‌یابد. در این مرحله miRNAی بالغ تولید شده در برابر کمپلکس RISC(RNA-induced ribonucleoproteinsilencing complex) بارگذاری می‌شود. RNAی تک رشته ای در کمپلکس RISC قرار می‌گیرد. این RNA دارای توالی تکمیلی با mRNAی هدف خود است و به محض جفت شدن با آن فعالیت تنظیمی انجام می‌دهد. miRNAها از طریق قطعه قطعه کردن mRNAی هدف خود و یا جلوگیری از ترجمه، فعالیت تنظیمی خود را اعمال می‌کنند. miRNAها در گیاه نقش‌های مهمی از جمله: رشد، هدایت سیگنال، تجزیه پروتئین، پاسخ به تنش‌های محیطی و هجوم عوامل بیماری‌زا و همچنین تنظیم بیوژنز خود را ایفا می‌کنند. آنها از طریق قطعه قطعه کردن mRNAی هدف و یا جلوگیری از ترجمه، فعالیت تنظیمی بر روی ژنهای هدف خود اعمال می‌کنند. در این مطالعه به منظور شناسایی miRNAها و پیش‌بینی ژنهای هدف آنها در هلو از روش آنالیز EST استفاده شد که تعداد ۲۶ عدد miRNA متعلق به ۱۷ خانواده شامل: ppe-mir159e, ppe-mir156i, ppe-mir156d, ppe-mir156b, ppe-mir156a, ppe-mir171g, ppe-mir171f, ppe-mir171d, ppe-mir171b, ppe-mir171a, ppe-mir408e, ppe-mir408, ppe-mir182c, ppe-mir5048, ppe-mir171g, ppe-mir171f, ppe-mir171d, ppe-mir171b, ppe-mir171a, ppe-mir160, ppe-mir5071, ppe-mir2093-5p, ppe-mir1873, ppe-mir1426, ppe-mir812f, ppe-mir440, ppe-mir419, mir414, ppe-mi2275b, mir399d به همراه ژنهای هدف آنها شناسایی شد.

کلمات کلیدی: microRNA، هلو، EST



SID



سرویس های
ویژه



سرویس ترجمه
تخصصی



کارگاه های
آموزشی



بلاگ
مرکز اطلاعات علمی



عضویت در
خبرنامه



فیلم های
آموزشی

کارگاه های آموزشی مرکز اطلاعات علمی جهاد دانشگاهی



مباحث پیشرفته یادگیری عمیق؛
شبکه های توجه گرافی
(Graph Attention Networks)



کارگاه آنلاین آموزش استفاده از
وب آوساینس



کارگاه آنلاین مقاله روزمره انگلیسی