

عنوان مقاله:

مقایسه گسترده ژن BR11 بر اساس خصوصیات فیزیکیوشیمیایی و پیش بینی تغییرات پس از ترجمه با استفاده از ۱۴ ژنوم گیاهی

محل انتشار:

هفدهمین کنگره ملی و سومین کنگره بین المللی علوم زراعت و اصلاح نباتات ایران (سال: 1400)

تعداد صفحات اصل مقاله: 2

نویسندگان:

مصطفی احمدی زاده - مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان

فاطمه حاتمی گوربندی - مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان

مریم احمدی سولقانی - مجتمع آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان

خلاصه مقاله:

براسینواستروئیدها (BRs) به عنوان فیتوهورمونهای استروئیدی شناخته می شوند که نقش مهمی در فرآیندهای مختلف سلولیز جمله تقسیم و توسعه سلول، تمایز بافتی، پیری، گلدهی و پاسخ به تنش های غیرزنده دارند. هورمون های BR به دامنه هایخارج سلولی گیرنده تکرار غنی از لوسیم (BR11) ۱ (BR Insensitive) متصل می شوند. BR11 در تعامل با هورمون، پاسخ های BR را مستقیماً کنترل می کند، سپس آبشار سیگنالینگ مبتنی بر فسفوریلاسیون/ دفسفوریلاسیون را شروع می کند که فعالیترونوبسی ژن های پاسخ دهنده BR را کنترل می کند. در تحقیق حاضر، تجزیه و تحلیل مقایسه ای ۱۴ پروتئین BR11 از نظر خصوصیات فیزیکیوشیمیایی و پیش بینی تغییرات پس از ترجمه با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیک صورت پذیرفت. توالیژن BR11 از ژنومهای

Zea mays ، Sesamum indicum ، Oryza sativa ، Helianthus annuus ، Nicotiana attenata، Nicotiana tabacum ، Solanum lycopersicum ، Solanum tuberosum ، Arbidopsis thaliana ، Camelina sativa ، Brassica napus ، Brassica napus ، Cucumis sativus

و Eucalyptus grandis در پایگاه NCBI جستجو و دریافت گردید که یکتجزیه و تحلیل گسترده از ژن BR11 در گیاهان یک لپه و دولپه است. تعداد اسیدهای آمینه پروتئین BR11 به ترتیب در تک لپه های Zea mays و Oryza sativa از ۲۳۱ تا ۱۱۲۱ اسید آمینه بود و دامنه طول پروتئین های BR11 در گیاهان دولپه از ۱۰۷۲ تا ۱۲۱۷ اسید آمینه بود که کمترین طول اسید آمینه به Helianthus annuus و بیشترین به Sesamum indicum اختصاص یافت. وزن مولکولی (MW) پروتئین های مورد مطالعه در تک لپه ها از ۲۴/۳۱۳ تا ۱۲۰/۱۸۱ کیلو دالتون بود، اما در دولپه ها از ۱۱۶/۱۲۴ تا ۱۳۲/۹۱ بود. نقطه ایزوالکتریک (pI) برای بیشتر پروتئین ها در یک لپه و دولپه ها نزدیک به pH اسیدی بود. نتایج دست آمده با استفاده از ابزار ProtParam نشان داد که تمام پروتئین های مورد مطالعه به جز در تک لپه Zea mays پایدار بودند. کمترین شاخص آلیفاتیک ۵۶ در تک لپه Zea mays و بالاترین شاخص آلیفاتیک ۹۸/۷۲ در دو لپه Nicotiana attenata مشاهده شد. ارزش GRAVY برای تک لپه ها در دامنه ۰/۴۳- تا ۰/۷۵۴- بود و در دولپه ها از ۰/۱۰۹- تا ۰/۱۴- پیش بینیشد. به نظر می رسد پروتئین BR11 در گیاهان مورد مطالعه آب دوست می باشند که می تواند در حلالیت آنها تاثیر بگذارد. جایگاه های بالقوه N- گلیکوزیلاسیون و فسفوریلاسیون برای ۱۴ توالی پروتئین پیش بینی شد. با توجه به نتایج پیش بینی جایگاه های فسفوریلاسیون، گیاه تک لپه Zea mays با ۴۵ جایگاه و دولپه Sesamum indicum با ۱۴۵ جایگاه به ترتیب کمترین و بیشترین جایگاه فسفوریلاسیون را به خود اختصاص دادند. در Zea mays یک جایگاه گلیکوزیلاسیون و بیشترین تعداد جایگاه های گلیکوزیلاسیون در Cucumis sativus با ۹ سایت پیش بینی شد.

کلمات کلیدی:

Insilico، توالی اسید آمینه، گلیکوزیلاسیون، فسفوریلاسیون

