

عنوان مقاله:

سیانوباکتری های هتروسیست دار و غیرهتروسیست دار شناسایی شده از شالیزارهای گیلان

محل انتشار:

نخستین همایش ملی یافته های نوین میکروبیولوژی (سال: 1394)

تعداد صفحات اصل مقاله: 1

نویسندگان:

صاحب سودایی مشایی - دانشجوی دکتری بیولوژی و بیوتکنولوژی خاک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز

ناصر عل اصغرزاد - استاد گروه علوم خاک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز

قربانعلی نعمت زاده - استاد گروه اصلاح نباتات، پژوهشکده ژنتیک و زیست فناوری کشاورزی طبرستان، ساری

ندا سلطانی - استاد پژوهشکده علوم پایه کاربردی جهاد دانشگاهی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران

خلاصه مقاله:

مقدمه: سیانوباکتریها یا سیانوپروکاریوتها یک گروه بسیار متنوع و قدیمی از پروکاریوتها هستند که فتوسنتز اکسیژنی را با استفاده از آب به عنوان دهنده الکترون انجام میدهد. هدف از انجام این تحقیق جداسازی و خالصسازی سیانوباکتری-های مناطقی از اراضی شالیزاری استان گیلان و تعیین برخی خصوصیات مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی سیانوباکتریها جهت شناسایی با استفاده از نشانگرهای مولکولی rRNA ریپوزومی بود. مواد و روش: پس از جداسازی 60 جدایه، خالصسازی و شناسایی مورفولوژیک سویه ها (دسیکاچری، 1959؛ پرسکات، 1970؛ کومار و همکاران، (2014)، سویه های آنالیز مولکولی (ژن 16S rRNA و استخراج DNA به روش مورین و همکاران، 2010؛ ساگی-ماروف و همکاران، (1984) و فیلوژنتیک در راستای تایید جنس سویه های شناسایی شده مورد استفاده قرار گرفت. نتایج: سویه های سیانوباکتری خالص سازی شده مربوط به راسته، Oscillatoriales، Chroococcales، Nostocales و Stigonematales بودند. بر این اساس خانواده Nostocaceae (شامل جنسهای Nostoc، Calothrix، Anabaena، Cylandrospermum، و Nodularia یکی از متنوعترین خانواده های سیانوباکتری دارای هتروسیست و جنسهای Synechococcus، Phormidium، و Microcystis، Oscillatoria و Chroococcus فراوانترین سویه های سیانوباکتری غیرهتروسیست دار شالیزارهای گیلان به شمار می آیند. نتیجه گیری: سویه های GGuCy-34 و GGuCy-35 از لحاظ مورفولوژیک جنس Chroococcus تشخیص داده شدند ولی در شناسایی مولکولی با توالی 16S rRNA به ترتیب سویه Cyanobium gracile و Cyanobacterium aponinum تعیین شدند. یکی از دلایل عدم تشابه، تک سلولی بودن این سویه هاست که شناسایی مورفولوژیکی آنها را با مشکل مواجه میسازد. سویه Hapalosiphon sp. GGuCy-32 تشابهی را با توالیهای پایگاه جهانی NCBI نشان نداد که میتواند به دلیل جنس یا گونه موتانت جدید و ... باشد. درخت فیلوژنتیک رسم شده بر مبنای تاکسونومی فنتیک و همچنین بر مبنای همترازی چندگانه توالی ژنی ناحیه 16S rRNA، پنج شاخه را نشان دادند و این شاخه بندی در هر دو سویه مشابه بودند.

کلمات کلیدی:

تاکسونومی فنتیکی، درخت فیلوژنتیک، سیانوپروکاریوتها و شالیزار

لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/740618>



