



ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

## یک نام‌گذاری ساده برای یک کمپلکس پمپ پروتئینی: ژن‌های VHA، $H^+$

### ATPase غشائی را کد می‌کنند

$H^+$ -ATPase غشائی ترکیبات درون سلولی را اسیدی می‌کند و برای بسیاری از فرآیندها از جمله هم انتقالی، حرکت سلول‌های نگهبان، تکوین و مقاومت به استرس‌های محیطی لازم است. ما حداقل 26 ژن کد کننده  $H^+$ -ATPase نوع غشائی را در ژنوم آراییدوپسیس تالیانا شناسایی کرده‌ایم، با این وجود نام گذاری ناهماهنگ این ژنها گیج کننده است. این پمپ دارای زیر واحدهای A در میان H از کمپلکس V1 محیطی و زیرواحدهای "a.c.C" و d از بخش غشایی V0 می‌باشد. بیشتر زیرواحدهای V1 به وسیله‌ی یک ژن واحد کد می‌شوند، در حالی که زیرواحدهای V0 به وسیله‌ی چندین ژن کد می‌شوند که در قطعات مضاعف‌شده‌ی ژنوم یافت می‌شوند. ما پیشنهاد کردیم این ژن‌ها را VHA-X نام گذاری کنیم، در این جا X نماینده‌ی کد حرف هر زیرواحد است. کاربرد یک نامگذاری سازگار به ما برای فهم اینکه چطور بیان کمک خواهد کرد، تجمع و فعالیت این پمپ‌ها با رشد، سیگنالینگ، تکوین و سازش گیاه الحاق می‌شود. رشد و نمو گیاه به جذب، انتقال و دسته‌بندی 15 مواد غذایی ضروری و متابولیت‌های بی شماری برای اندام‌های خاص، سلول‌ها و اجزاء درون سلولی بستگی دارد به علاوه، گیاهان برای بقاء، نیاز دارند که سازگار شوند و تغییرات محیطی مانند فلزات سمی و نمک زیادی را تحمل کنند. چطور گیاهان تغییر در سطوح مواد غذایی و استرس‌های محیطی را درک می‌کنند و به آن پاسخ می‌دهند، این پاسخی به وسیله‌ی تنظیم افزایشی یا کاهش‌ی انتقال‌ات صورت می‌گیرد که این فعالیت‌ها به درستی شناخته نشده‌اند. پمپ‌های پروتونی یک جایگاه ویژه در میان تمام انتقال‌دهنده‌ها دارند. بدون نیروی محرک پروتون برای فعالیت حاملان جفت شده یا کانال‌های یونی، تمامی نقل و انتقال‌ات و بنابراین زندگی گیاه متوقف می‌شود. با این وجود، ما نمی‌دانیم که چطور پمپ‌های پروتونی به درون شبکه‌های انتقال سیگنال که رشد و سازگاری را هدایت می‌کنند، ملحق می‌شوند. از سه پمپ پروتونی موجود در گیاهان،  $H^+$ -ATPase نوع غشایی (V-ATPase) پیچیده‌ترین پمپ از نظر زیر واحدهای سازنده است. ژنوم کامل آراییدوپسیس تالیانا اولین دیدگاه را در مورد تعداد پمپ‌های پروتونی که به منظور تکمیل چرخه‌ی زندگی گیاهان عالی تر مورد نیازند به ما می‌دهد.  $H^+$ -ATPase غشاء پلاسمایی،  $H^+$  را از

سلول خارج می کند و جذب و آزادسازی تعداد زیادی از مواد غذایی را در سراسر غشاء پلاسمائی سلول های گیاهی تحریک می کند. آرابیدوپسیس 12 عضو از ژن های  $H^+$ -ATPase نوع P را دارد (AHA1-AHA12) که برخی از این ژن ها در یک بافت خاص بیان می شوند. درون سلول،  $V$ -ATPase و  $H^+$ -ATPase بخش های داخلی سلول را اسیدی می کنند (شکل 1). اما مشخص نیست که چطور نقش های سلولی این دو پمپ خاص از یکدیگر متمایز می شوند. در آرابیدوپسیس، ما نمی دانیم که چطور 3 ژن همولوگ های  $H^+$ -PPase (AVP1-AVP3) را کد می کنند. هدف این مقاله این است که:

- به طور مختصر اهمیت ATPase غشایی را در رشد و تکامل و سازگاری گیاهان بیان کند.
- تشخیص تمامی ژن های کمپلکس پمپ به منظور تکمیل توالی یابی ژنوم آرابیدوپسیس
- نشان دادن جایگاه کروموزومی تمامی ژن ها
- پیشنهاد استفاده از یک نام ساده برای ژن های قابل بیان در تمامی گیاهان

#### پمپی با عملکردهای مختلف

$V$ -ATPase پمپی با عملکردهای عجیب و متنوع است که در یوکاریوت ها وجود دارد، در گیاهان، این پمپ علاوه بر غشاهای پلاسمائی، در غشاء و سایر غشاهای سیستم ترشحي نظیر رتيكولوم اندوپلاسميك (ER)، گلژی و وزیکول های کوچک وجود دارد. نقش مهم این پمپ، فراهم آوردن انرژی انتقال یون ها و متابولیت ها، تورژسانس و انبساط سلول های گیاهانی است. آزمایش های دیگر نشان دادند که گرادیان الکتروشیمیایی پروتون ها برای دسته بندی کردن پروتئین ها ضروری است. به طرز عجیبی، اخیرا نشان داده شده است که  $V_0$  برای الحاق وزیکول-وزیکول در مخمرها مورد نیاز است و این نشان می دهد که غشاء ترشحي نقشی را در طی الحاق غشاها در طول شکل گیری واکوئل مرکزی دارد. کمپلکس  $V$ -ATPase در تمامی یوکاریوت ها حفظ شده اند (جدول 1). با این وجود، فیزیولوژی منحصر به فرد گیاهان، شامل انتقال مواد غذایی، گلدهی، تحمل تنش ها و بافت مریستم نشان داد که این پمپ نقش های بسیار زیادی را در گیاهان ایفا می کند. 20 سال بعد از این کشف ما دلایل بیشتری را برای حضور این پمپ و نقش هایی که  $V$ -ATPase در گیاهان ایفا می کند استنباط کرد. جهش هایی که باعث کاهش تعداد این پمپ ها می شوند؛ ابزار قدرتمندی برای تشریح عملکرد  $V$ -ATPase در گیاهان *det3* است که کاهش زیر واحد c و فعالیت  $V$ -ATPase را نشان می دهد و زمانی که گیاه در تاریکی رشد می کند تغییر رنگ

می دهد. علاوه بر این، بسته شدن کانال ها که بوسیله ی سطح بالای یون های کلسیم خارجی القاء شده بود، منسوخ می گردد. این مطالعات نشان دادند که عملکردهای پمپ V-ATPase به طور محسوسی با رشد، تکامل و سیگنالینگ سلول های نگهبان الحاق می شوند.

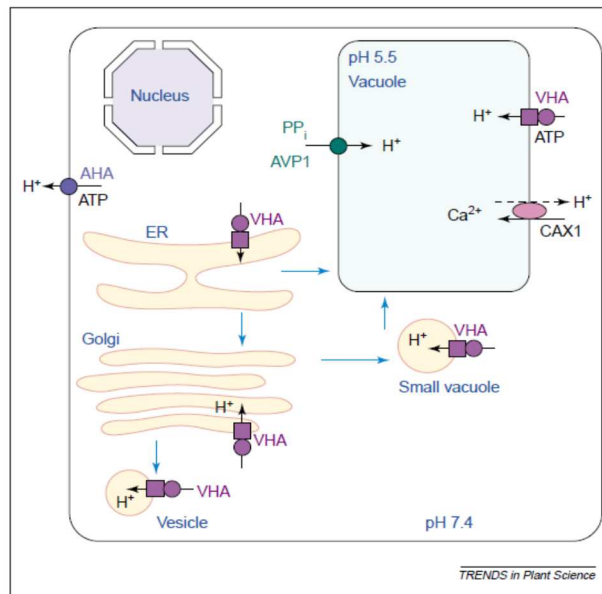
### تشخیص ژن های کد کننده ی زیرواحدهای V-ATPase

با وجود اینکه ژنوم آرابیدوپسیس کامل شده است، تشخیص ژن های کد کننده ی زیرواحدهای  $H^+$ -ATPase بر طبق پایگاه داده های موجود به چند دلیل دشوار است. اول، برخلاف  $H^+$ -ATPase که پلی پپتیدی تک زیرواحدی است، V-ATPase بیش از 10 زیرواحد مختلف دارد. دوم، شباهت هایی بین تعداد زیاد زیرواحد های V-ATPase و ATP سنتتازهای کلروپلاستی - میتوکندریایی (F-ATPases) وجود دارد که گاهی اوقات در نتیجه ی نبود برچسب در پایگاه داده های ژن یا پروتئین ایجاد می شود. سوم، هیچ نامگذاری ساده ای از نام ژن ها در میان آزمایشگاه های مختلفی که بر روی V-ATPase جانوری یا گیاهی کار می کنند؛ وجود ندارد. اسامی که برای مشخص کردن ژن های V-ATPase گیاهی مورد استفاده قرار می گرفت شامل Dc69 (هویج A) ، At57 ( آرابیدوپسیس B) ، VatpD ، Tpp31 (جو E) ، vag ( تنباکو G) ، AVA-P1 (c) و DET3.

در این مقاله، ما پیشنهاد می کنیم که زیست شناسان - علوم گیاهی نام VHA را برای ژن های کد کننده ی زیرواحدهای پمپ  $H^+$ -ATPase در نظر بگیرند. برای مثال، ژن های آرابیدوپسیس با نام AtVHA قابل تشخیص خواهند بود و ژن های *oryza sativa*، VHA os نامیده می شوند. ما تمامی ژن های کد کننده ی پروتئین های VHA را در ژنوم کامل آرابیدوپسیس با استفاده از چندین روش تشخیص داده ایم. Blast پروتئین های استخراج شده از ESTs آرابیدوپسیس و پروژه ی توالی یابی ژنوم به طور ابتدایی با استفاده از توالی پروتئین هایی که زیرواحدهای V-ATPase آن از مخمر، گیاهان و سایر یوکاریوت ها به دست آمده بود، انجام گرفت. ژن های کد کننده ی ژنوم آرابیدوپسیس از محل سیستم های انتقال غشایی Ian Paulsen (<http://www.biology.ucsd.edu/ipaulsen/transport/>) به دست آمده بود. توالی های پروتئینی که از قبل پیشگویی شده بودند در مرحله ی بعد از سایت کتابخانه ی پروتئینی غشاء آرابیدوپسیس (AMPL) (<http://www.cbs.umn.edu/arabidopsis>) و مرکز اطلاعاتی مونیخ برای توالی های پروتئینی (MIPS)

(<http://mips.gsf.de/proj/thal/db/index.html>) به دست آمد. در تمامی زمان‌ها امکان بازبینی

اطلاعات به طور مستقل از توالی‌های EST و cDNA ترجمه شده وجود دارد.



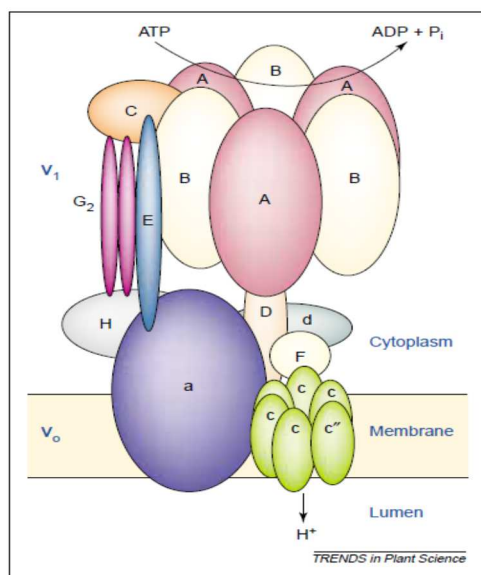
شکل 1: یک پمپ با عملکردهای متفاوت:  $H^+$ -ATPase غشائی (VHA) در واکوئل‌ها، رتیکیلوم اندوپلاسمیک (ER)، گلژی، واکوئل‌های کوچک، وزیکول‌ها و غشاء پلاسمایی گیاهان قرار دارد. اسیدی کردن قسمت‌های درون سلولی انرژی را برای آزاد سازی یا جذب تعداد زیادی از یون‌ها (نظیر کلسیم) و متابولیت‌ها فراهم می‌آورند. در نتیجه تغییراتی در PH، گرادیان یونی یا فعالیت‌ها و پتانسیل اسمزی این قسمت‌ها به وجود می‌آید که تا حد امکان بر روی فعالیت‌های مختلف سلولی نظیر دسته بندی پروتئین‌ها، رشد و سیگنالینگ سلول‌های نگهبان اثر می‌گذارد. مخفف: AHA، پمپ‌های  $H^+$ -ATPase غشاء پلاسمایی آرابیدوپسیس؛ AVP1، پمپ  $H^+$ -ATPase غشائی و CAX1، آنتی پورت.

Subunit	Function <sup>a</sup>	Yeast reference <sup>b</sup>		New name	Arabidopsis	
		kDa	Gene		Gene or protein	kDa
<b>V<sub>1</sub> peripheral sector</b>						
A	Catalytic ATP-binding	69	VMA1	VHA-A	68	Peripheral
B	Noncatalytic ATP binding	60	VMA2	VHA-B	54	Peripheral
C	V <sub>1</sub> stability, activity	42	VMA5	VHA-C	42	Peripheral
D	Central stalk, coupling [29]	32	VMA8	VHA-D	29	Peripheral
E	Peripheral or central stalk [22,24]	27	VMA4	VHA-E	26	Peripheral
F	Bridge V <sub>1</sub> -V <sub>0</sub> contacts	14	VMA7	VHA-F	14	Peripheral
G	Coupling V <sub>1</sub> and V <sub>0</sub>	13	VMA10	VHA-G	12	Peripheral
H	Regulatory	54	VMA13	VHA-H	50	Peripheral
<b>V<sub>0</sub> membrane sector</b>						
a	Coupling, assembly [26]	95-101	VPH1/STV1 <sup>c</sup>	VHA-a	89-95	Integral, 6-7 TM
c	Proton translocation	16	VMA3	VHA-c	16	Integral, 4 TM
c'	Proton translocation	17	VMA11	-	ND	-
c''	Proteolipid similar to c	23	VMA16	VHA-c''	18	Integral, 5 TM
d	V <sub>0</sub> assembly, stability	36	VMA6	VHA-d	40	Peripheral
e		-	ND	VHA-e	-8	Integral 2 TM

<sup>a</sup>Yeast gene names and subunits are listed for reference only. Suggested new name can be applied to any plant and animal V-ATPases.  
<sup>b</sup>Arabidopsis thaliana genes would be denoted as AtVHA-x.  
<sup>c</sup>Data from Refs [11,21].  
<sup>d</sup>Data from Ref. [11].  
<sup>e</sup>VPH1 and STV1 are homologs of subunit a in yeast [21].  
Abbreviations: ND, not detected. TM, transmembrane domain.

جدول 1: نام گذاری ساده ی ژن های زیرواحد V-ATPase و پروتئین ها در گیاهان

تعداد کمی از ژن ها که زیرواحد های ATP سنتاز نوع F را کد می کنند؛ اما تحت عنوان V-ATPase طبقه بندی شده بودند، حذف شدند. این بازبینی ها در پایگاه داده های جامع گردآوری شده اند. ژن هایی که حداقل 12 زیرواحد را کد کرده بودند شناسایی شدند (جدول 1-3). پمپ از دو قسمت اصلی تشکیل شده است: باند  $V_1$  محیطی و هیدرولیز ATP و  $V_0$  سراسر غشایی مسیری را برای انتقال پروتون فراهم می آورد.



شکل 2: مدل پذیرفته شده ی ATPase نوع غشایی. این مدل بیشتر بر اساس مطالعات توپولوژی ATPase غشایی (V-ATPase) مخمر و زیکول های پوشیده شده با کالترین گاوی استوار است. میکروگراف های الکترونی V-ATPase و زیکول های روکش دار یک پایه ی محیطی را دارد که از بالای  $V_1$  تا بخش  $V_0$  با فاصله ی بین پایه ی مرکزی و محیطی کشیده شده است. زیرواحد E بخش کوچکی از پایه ی محیطی است و سطح  $V_1$  را به  $V_0$  وصل می کند و بیشتر جزئی از پایه ی مرکزی است. شواهد نشان می دهند که E روبروی H, C, G است. ناحیه ی N- ترمینال سیتوزولیک زیرواحد  $a'$ ، در سیتوزول قرار گرفته و با H و A یکی شده است. ناحیه ی C- ترمینال زیرواحد سراسر غشایی بر جفت شدن ATP هیدرولیز شده و انتقال پروتون اثر می گذارد. در مخمر، کمپلکس  $V_0$  شامل هر 3 زیرواحد است. از آن جایی که زیرواحد  $c'$  در ژنوم آرآبیدوپسیس یافت نمی شود، ما پیشنهاد می دهیم که  $V_0$ ، یک زیرواحد  $c''$  و 5 جفت از زیر واحد C را دارد. V-ATPase توسط ماشین چرخان مشابه با F-ATPase عمل می کند. در این مدل، ATP هیدرولیز شده توسط هگزامر  $A_3B_3$  ساکن می شود، این هگزامری توسط زیرواحد

a و پایه ی محیطی در غشاء قرار می گیرد که در حقیقت باعث می شود. حلقه ی زیر واحد C بچرخد. زیرواحد C پروتون ها را حمل می کند و چرخش حلقه ی زیرواحد C در انتقال پروتون ضرورت دارد.

Subunit name(s)*	Accession no.		DNA exons	Protein		
	Gene no.	Locus (protein)		aa	MW	pl
A	1					
VHA-A		At1g78900 (AAC83021)	20	623	68812	5.1
B	3					
VHA-B1/At57 [16]		At1g76030 (AAC36485)	12	486	54107	5.0
VHA-B2		At4g38510 (CAB37507)	14	487	54304	5.0
VHA-B3		At1g20260 (AAF88162)	14	485	54250	5.1
C	1					
VHA-C/Det3 [13]		At1g12840 (AAF78489)	11	375	42619	5.4
D	1					
VHA-D/vatpD [17]		At3g58730 (CAB88290)	1	261	29057	9.5
E	3					
VHA-E1		At4g11150 (AAC35545)	6	230	26060	6.1
VHA-E2		At3g08560 (AAG51352)	5	235	26852	9.2
VHA-E3		At1g64200 (AAF24559)	6	237	27085	5.8
F	1					
VHA-F		At4g02620 (AAC78269)	4	128	14259	6.1
G	3					
VHA-G1/Vag1 [19]		At3g01390 (AAF24609)	3	110	12396	5.8
VHA-G2/Vag2		At4g23710 (CAB81289)	3	106	11741	5.5
VHA-G3		At4g25950 (CAB39660)	3	108	12115	5.1
H	1					
VHA-H		At3g42050 (CAB91576)	11	441	50284	6.6

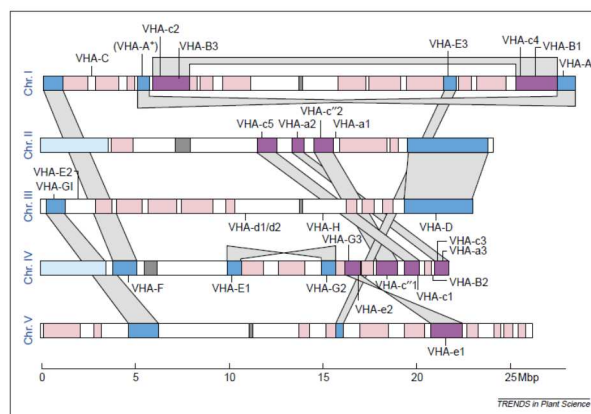
\*Published names of genes are also shown.  
Abbreviations: aa, amino acid; MW, molecular weight.

جدول 2: اغلب زیرواحد های V<sub>1</sub> توسط یک ژن منفرد در آرکیدوسیس کد می شود.

Subunit name(s)	Accession no.		DNA exons	Protein		
	Gene no.	Locus (Protein)		aa	MW	pl
a	3					
VHA-a1		At2g28520 (AAD21487)	17	780	89335	7.3
VHA-a2		At2g21410 (AAD23686)	18	821	93105	5.4
VHA-a3		At4g39080 (CAB38828)	18	843	95160	5.9
c	5					
VHA-c1/AVA-P1 [20]		At4g34720 (CAA18851)	3	164	16571	8.6
VHA-c2/AVA-P2		At1g19910 (AAA99937)	3	165	16642	8.6
VHA-c3/AVA-P3		At4g38920 (CAB80555)	3	164	16571	8.6
VHA-c4/AVA-P4		At1g75630 (AAF87129)	3	166	16695	8.6
VHA-c5/AVA-P5		At2g16510 (AAD26493)	3	164	16571	8.6
c''	2					
VHA-c''1		At4g32530 (CAB79970)	4	180	18374	7.8
VHA-c''2		At2g25610 (AAD31363)	4	178	18218	7.8
d	2					
VHA-d1		At3g28710 (BAB02186)	10	351	40791	5.0
VHA-d2		At3g28715 Q9LHA4	10	351	40784	5.0
e [= M9.7]	2					
VHA-e1		At5g55290 (BAB08598)	3	70	7725	6.7
VHA-e2		At4g26710 (CAB36517)	3	70	7685	6.7

Abbreviations: aa, amino acid; MW, molecular weight.

جدول 3: زیرواحد های V<sub>0</sub> سراسر غشایی توسط چندین ژن در آرکیدوپسیس کد می شود.



شکل 3: مکان کروموزومی ژن های  $H^+$ -ATPase نوع غشایی (VHA). 5 کروموزوم (chr. I-V) به صورت خطوط افقی نمایش داده شده اند. سانترومرها به رنگ فضاهای خاکستری تیره نشان داده شده‌اند. باندهای آبی- تیره و صورتی که به صورت خطوط دوتایی نشان داده شده اند سایر قطعات دو نسخه‌ای را نشان می دهند. باند های خاکستری روشن اگر قطعات مربوطه معکوس شوند پیچ و تاب می‌خورند.

یک مدل پذیرفته شده از Ref که بر پایه ی مطالعات اخیر استوار است. در زیر واحد  $V_1$  شکل 2 بخش های H,G,F,E,D,C,B,A نشان داده شده است. عملکرد هر کدام از این زیرواحد ها در جدول 1 و بر اساس مطالعاتی که از مخمر، گیاهان و سایر یوکاریوت‌ها به دست آمده‌اند، آورده شده است. بخش وسیعی از اطلاعات و مدارک از آزمایشاتی که از موتانت های مخمر و ترکیبات شیمیایی تغییر یافته به دست می آیند. زیرواحدهای  $V_0$  شامل a, c و "c" و d است. برخلاف مخمر، یک همولوگی از زیر واحد c' 17 کیلو دالتونی یا Vma11 که در ژنوم آرابیدوپسیس یا ژنوم دروزوفیلا یافت نشده بود در ژنوم آرابیدوپسیس یا ژنوم دروزوفیلا وجود دارد. ما پیشنهاد می‌کنیم که هر کدام از زیرواحد های VHA با کدهایی که در جدول 1 آمده است؛ نامگذاری می‌شوند. این پروپوزال به طور الکترونیکی به چندین محقق در تاریخ مارچ 2001 فرستاده شده و در دوازدهمین کارگاه بین‌المللی زیست شناسی غشاء سلول گیاهی در آگوست 2001 برای رسیدن به یک توافق عام مورد بحث قرار گرفت. ما اصرار کردیم که جامعه ی محققان زیست شناسی علوم گیاهی خود را با نام های پیشنهادی ما تطبیق دهند تا گامی به سوی تغییر دقیق اطلاعات و افزایش سرعت فرآیند برداشته شود. نام VHA-x چندین فایده دارد:

- نام VHA برای تمام یوکاریوت ها قابل استفاده است.
  - نام ژن بعد از کد می آید نظیر VHA-B1 تا زیرواحد هایی که از قبل پیشگویی شده بود تشخیص داده شود.
  - یک کد برای هر یک از زیر واحد ها قطعی تر از وزن مولکولی است که در ایزوفرم های مختلف یک گیاه و در بین گونه های مختلف تغییر می کند.
  - ال‌های جهش یافته می توانند به صورت uha-B1-1 هم نامیده می شود.
- نام گذاری ساده ی VHA برای مشخص کردن V-ATPase در *Caenorhabditis elegans* و دروزوفیلا مورد استفاده قرار گرفته بود، با این وجود شماره ی زیر واحد (مثال Vha-2) یا وزن مولکولی (مثال Vha-16-2) می تواند حتی کارکنان این بخش را هم گیج کند.



ژن های منفرد و چند گانه که زیر واحد های  $V_1$  و  $V_0$  را کد می کنند

برخلاف پمپ های پروتونی نوع P که به وسیله ی خانواده های چند ژنی در آرابیدوپسیس کدبندی شده بودند، تعداد زیادی از زیر واحدها در بخش  $V_1$  (H,F,D,C,A) توسط یک کپی از ژن منفرد (جدول 2) کدبندی شدند. در مقابل، تمام زیرواحدهایی که به وسیله ی حداقل 2 ژن کدبندی شده بودند (جدول 3) 5 ژن VHA-C را کد می کنند. توجه داشته باشید که ژنوم آرابیدوپسیس کپی های زیادی دارد و تعجب آور است که فقط 5 تا از ژن های  $V_1$  در نواحی بدون کپی یافت می شوند. 9 ژن دیگر در کپی نواحی ژنوم یافت می شوند اما رونوشت آن ها وجود ندارد. در مورد VHA-H، باقی مانده های کپی آن هنوز هم می تواند یافت شود. در مقابل، 11 ژن از 12 ژن  $V_0$  در نواحی کپی یافت می شوند و فقط یک مورد از کپی های از بین رفته اند (شکل 3). به طور قابل توجهی، توالی یابی ژنوم مگس و کرم نشان می دهد که زیر واحد a و c بخش  $V_0$  اغلب توسط چندین ژن (از 3 تا 5) کد می شوند در حالی که بیشتر زیر واحد های  $V_1$  در سایت <http://www.wormbase.org/>; (<http://www.fruitfly.org/>) نیستند. معنی این درک نشده است. ما فکر کردیم که (i) فعالیت پمپ توسط بیان، سنتز و تجمع (ii) زیر کمپلکس های  $V_0$  فعالیت هایی را انجام دهند، برای مثال در الحاق غشاها.

#### دستورالعمل های آینده

اطلاعاتی که از ژنوم کامل آرابیدوپسیس استخراج شده بود تعداد زیادی سوال را ایجاد می کند. چطور سلول ها بیان 12 یا تعداد بیشتری ژن را در میان 5 کروموزوم هماهنگ می کنند؟ چطور سلول ها تجمع 12 زیر واحد را برای تشکیل یک کمپلکس پمپ عملکردی هماهنگ می کنند؟ هر زیر واحد چه نقش های ویژه ای دارد؟ آیا آن ها در کاتالیز، عملکردهای تنظیمی یا الحاقی یا برهم کنش با سایر ترکیبات سلول نظیر اسکلت سلولی یا پروتئین های داربست شرکت می کنند؟ چطور بیان زیرواحدهای خاص گیاهان افزایش می یابند و به سازگاری گیاهان با استرس های محیطی کمک می کند؟ V-ATPase در شبکه های سیگنالینگ که مورفولوژی یا حرکت سلول نگهبان را تعیین می کنند، چه نقشی دارد؟ تشخیص ژن های V-ATPase در گیاهان عالی تر یک گام و مهم ابتدایی بود و ابزارهای موجود در این برهه ی زمانی از ژنوم عملکردی تنها امکان پاسخ برخی از این سوالات را فراهم می آورد. این ابزارها شامل موتانت های آرابیدوپسیس فاقد زیر واحد V-ATPase، ریز آرایه ی DNA برای مطالعه ی بیان زیرواحدهای V-ATPase در گیاهان تحت تاثیر نشانه های زیست محیطی مختلف هستند و

پروتئومیکس از طریق برهم‌کنش پروتئین-پروتئین و مدیفیکاسیون پروتئین‌ها، عملکرد V-ATP ase را تعیین می‌کند. بکارگیری یک نام گذاری ساده‌ی ژن‌های V-ATP ase به متحد کردن اطلاعات این مطالعات کمک خواهد کرد.



این مقاله، از سری مقالات ترجمه شده رایگان سایت ترجمه فا میباشد که با فرمت PDF در اختیار شما عزیزان قرار گرفته است. در صورت تمایل میتوانید با کلیک بر روی دکمه های زیر از سایر مقالات نیز استفاده نمایید:

لیست مقالات ترجمه شده ✓

لیست مقالات ترجمه شده رایگان ✓

لیست جدیدترین مقالات انگلیسی ISI ✓

سایت ترجمه فا ؛ مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده از نشریات معتبر خارجی