ترجمه فا

TarjomeFa.Com

ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

توالی یابی به روش پایرو سکیوانسینگ ترانسکریپت روده سوسکچه های خرطوم دار موز حاکی از رونوشت های شبه پروتئاز چندگانه است

چکیده

سوسکچه های خرطوم دار موز یک آفت حشره ای مهم در بسیاری از مناطق کشت موز و موز سبز در دنیا است.علی رغم اهمیت اقتصادی این حشره آفت، اطلاعات ژنومی و رونوشتی کمی برای این گونه وجود دارد. در این مطالعه، ما ترانسکریپتوم روده C. sordidus(سوسکچه های خرطوم دار) را با استفاده از پیرو توالی یابی 454 مشخص کردیم.590000 قطعه توالی تولید شد که به 30840 کانتیگ با بیش از 400 bp مونتاژ شد که بیانگر توسعه قابل توجه توالی های موجود برای این آفت است. در این میان 16427 کانتیک شامل یک یا چند GO است. به علاوه،15623 کانتیگ یک عدد EC را داشتند. تحلیل ترانسکریپتوم عمیق ، ژن های دخیل در مقاومت آفت کش به شناسایی بیوسنتز غشای پری تروفیک، عملکرد مربوط به ایمنی و دفاع در برابر پاتوژن ها و پروتین های پیوندی توکسین Bacillus thuringiensis و نیز آنزیم های متعدد درگیر هضم پروتینی کمک کرد. این ترانسکریپتوم یک منبع ارزشمند را برای درک فیزیولوژی لارو و شناسایی سایت های هدف جدید و رویکرد های مدیریتی برای این آفت حشره ای مهم در اختیار گذاشت.

مقدمه

سوسکچه های خرطوم دار موز Cosmopolites sordidus (Germar) (Coleoptera: Curculionidae) به عنوان یکی از مخرب ترین و مهاجم ترین آفات موز در سراسر دنیا شناخته می شود(1). لارو C. sordidus یکی از عوامل محدود کننده تولید موز زرد و موز سبز در بسیاری از مناطق است که در آن این محصولات به خصوص در افریقا کشت می شود(2-5) در این مناطق افات حشره ای عامل اصلی تخریب کشتزار ها و پدیده موسوم به سندرم کاهش محصول در غرب افریقا می باشد.

لارو سوسکچه خرطوم دار که مخرب ترین مرحله رشد حشره است عامل اصلی خسارت وارده بر غلات می باشند که موجب اختلال در اغاز رشد ریشه، جذب آب و عناصر مغذی و رشد گیاه می شوند. وقتی که این حشره به شدت الودگی ایجاد می کند، کاهش صد درصدی محصول نیز گزارش شده است. بدیهی است که کنترل شیمیایی این آفت حشره ای نامطلوب و پر هزینه است. گزینه های مربوط به کنترل زیستی محدود بوده و دام گذاری حشره به صورت فرومونی منجر به میزان کاهش حشره کم تری شده است(8-9).

بسیاری از پیشرفت ها ناشی از مطالعه سوسکچه خرطوم دار از جمله مطالعات مربوط به مقاومت افات، ژرم پلاسم مقاومت افات، مواد مترشحه گیاهی، عملیات کنترل فرهنگی و کنترل زیستی بوده است.علی رغم مطالعات فیزولوژیکی و شیمیایی اخیر، اطلاعات ژنومیکی محدودی به خصوص برای بافت های مهم نظیر روده وجود دارد. قابلیت دسترسی توالی های ترانسکریپتوم ها از بافت های روده حشرات موجب تسهیل شناسایی ژن های بیان شده در دستگاه گوارشی و نقش های کارکردی و متابولیکی مربوطه می شود. گفته می شود که کورکولینویید ها بزرگ ترین خانواده سوسک ها هستند که به طور کلی مهم ترین افات برای بافت های گیاهی محسوب می شوند نظیر سوسکچه خرطوم دار موز.

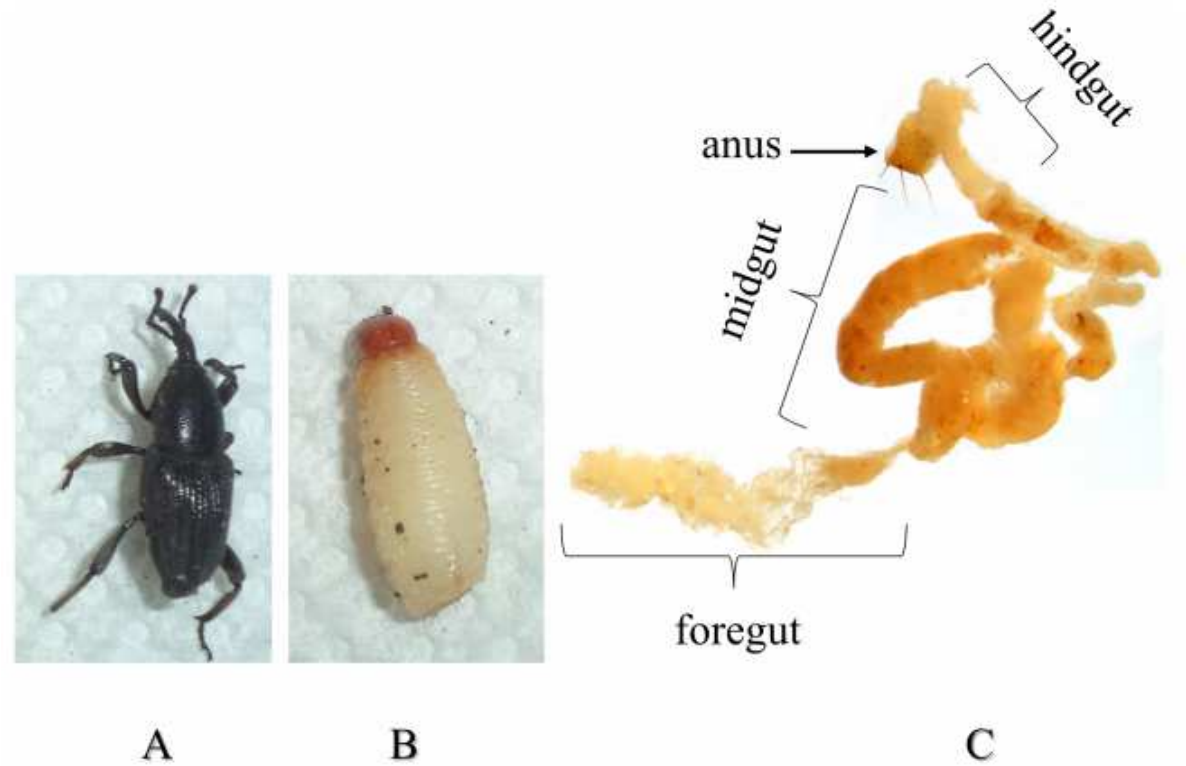
مواد و روش ها

آزمایشات تحت پروتوکل استاندارد در ازمایشگاه انجام شده و مجوز هایی برای فعالیت های مربوطه انجام شد. به علاوه، این مطالعه شامل گونه های حفاظت شده یا در معرض خطر نبود.

تشخیص حشره و استخراج DNA روده

لارو C. sordidus از نهالستان کشت شده در کلمبیا بدست امد. لارو های جمع اوری شده در زیر استریسکوپ شناسایی شده و چهارمین لاروب ر اساس اندازه کپسول سر انتخاب شده و سپس برای تشریح روده انتخاب شد. بافت روده با تشریح در آب مقطر فراوری شده با DEPC بدست امد. محتوی روده و ماتریس پرتروفیک خارج شده و بافت روده شست و شو شده با استفاده از نیتروژن مایع منجمد شده و در دمای -80 ذخیره شد. استخراج RNA با استفاده از معرف تریوزول بر اساس دستور العمل های کارخانه انجام شد.RNA با استفاده

از کیت پاک سازی RNeasy MinElute تخلیص شد.و این کار بعد از پاک سازی الایندگی DNA با استفاده از کیت توربو بر طبق دستور العمل های تولید کننده صورت گرفت.



شکل 1

آماده سازی کتابخانه cDNA نرمال روده سوردیدوس

cDNA دو رشته ای غنی سازی شده با طول کامل با استفاده از کیت سنتز cDNA (مسکو روسیه) سنتز شد. برای کاهش شیوع رونوشت ها، cDNA های دو رشته ای با استفاده از کیت نرمال سازی cDNA تریمر 2 اوگران نرمال سازی شد. کتاب خانه روده cDNA نرمال سازی شده به توالی یابی بالای 454 تزریق شد.

توالی یابی و مونتاژ

برای توالی یابی 454، سه میکروگرم از cDNA نرمال سازی شده به هسته دستگاه ژنومیک و اکولوژی کاربردی در دانشگاه نبراسکا-لینکلن ارسال شد. توالی های بدست امده با فیلترینگ قطعه ها با کیفیت های

پایین با فاصله کم تر از 100 bp و نیز اداپتر های smartپیش پردازش شد. در نهایت قطعه های فراوری شده با استفاده از اسمبلر .MORA3.4 خوشه بندی شد.

جست و جوی همولوژی و تفسیر توالی

تفسیر کارکردی توالی های مونتاژ شده با رشد شناسی ژنی(GO; www. geneontology.org)، ورودی های اینترپرو(InterProScan; http://www.ebi.ac.uk/tools/pfa/iprscan) و کد های طبقه بندی انزیمی با استفاده از مجموعه نرم افزار های Blast2Go انجام شد. برای انجام تحلیل همولوژی همه توالی ها در برابر دیتابیس پروتین NBCI از طریق بلاست ایکس با استفاده از مقدار 10-25 جست و جو شد.

تحلیل فیلوژنتیکی و ارایش توالی پروتین

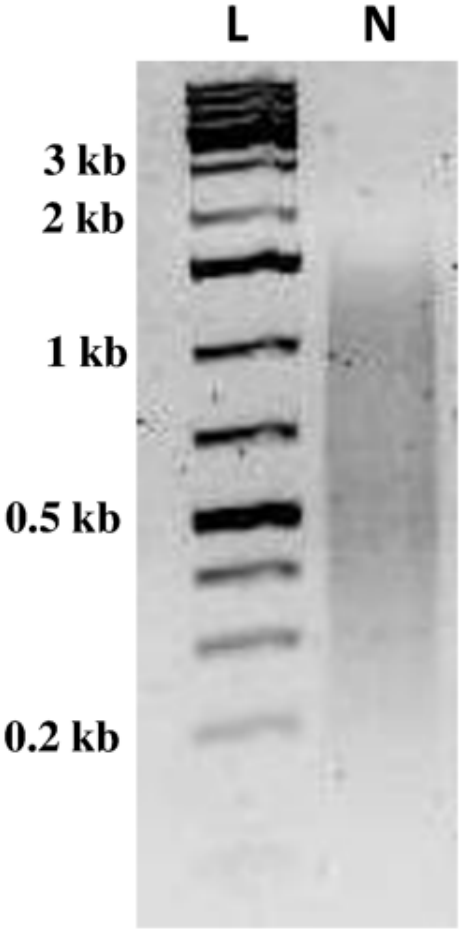
توالی پروتین کربوکسی پپتیداز حشره با برنامه ClustalW(http:// www.ebi.ac.uk/clustalw) هم سو سازی شد. رابطه تکاملی میان کربوکسی پپتدیاز ها با استفاده از تحلیل فیلوژنتیکگی بر اساس توالی های پروتین تعیین شده و با استفاده از روش اتصال همسایه با استفاده از نرم افزار مگا 6 انجام شد.

RT-PCR نیمه کمی

یک میکروگرم از RNA کل به عنوان منبع سنتز اولین رشته از c DNA با الیگوپرایمر و کیت سنتز ماکسیما اچ ماینس cDNA(استفاده شد.cDNA به عنوان منبعی برای تکثیر و تشخیص کربوکسی پپتیداز، سینتاز کیتین، و ترانسکریپت های امینو پپتیداز ها در پنج مرحله توسعه لاروی سوردیدوس استفاده شد. سطح بیان این رونوشت ها با استفاده از یک مجموعه ای از پرایمر ها یعنی موارد زیر ارزیابی شد:CsoCp (پرایمر جلو CCGAACCTTGCTCTGATACC-3-'5 ، و پرایمر معکوس CGTACCCCCATGGATA CAAC--'5 '3)، CsoChs دنباله (پرایمر جلو CCATTTACCCCGAAGATCAA-3-'5 ، و معکوس پرایمر '5 TGGATAAACATGCAAATACATTG-3)، و توالی CsoAp (پرایمر جلو '5- TTCCTGAATGAGGGATTTGC-3 ، و پرایمر معکوس GGTGCTTGAA GTGCTTGTGA-3-'5).

ژن β اکتین C. sordidus نیز روش PCR با استفاده از زیر مجموعه ای از پرایمر در نظر گرفته شد: پرایمر

جلو AAGACATCAGGGCGTAATGG-3-'5 ، و پرایمر معکوس 'GAAGGTGTGGTGCCAGATTT-3'5 در نظر گرفته شد. واکنش PCR در حجم نهایی 10 میکرولیتر انجام شد. شرایط PCR شامل :95 درجه برای 3 دقیقه،60 درجه برای سی ثانیه، 72 درجه برای 30 ثانیه و توسعه 5 دقیقه ای در 72 درجه. همه محصولات PCR با الکتروفوروز در ژل اگاروز 1 درصد حل شدند.



شکل 2

نتایج

توالی یابی، مونتاژ و تفسیر

نرمال سازی cDNA روده سوردیدوس منجر به توزیع یکنواخت ترانسکریپت ها از 0.2 تا1.5 می شود. توالی یابی 454 کتابخانه از ترانسکریپتوم روده سوردیدوس منجربه596389 قطعه توالی یابی با طول 491 شد.

بعد از فیلترینگ قطعه هایی با کیفیت پایین با کم تر از طول 100 bp و نیز اداپتر های smart و قطعه های 425605 با استفاده از اسمبلر 3.4 مونتاژ شد. مونتاژ منجر به 47729 کانتیگ و سینگلون 139600 شد که به یک کانتیک منتهی نشد. طول کانتیگ متوسط برابر با 491 bp با N50 از 505 BP بود. این داده ها در یک فایل قطعه کوتاه NIH با شماره دسترسی SRP061782 قرار داده شدند. نشان داده شده است که تقریبا 35 درصد کانتیگ ها حداقل به یک بلاست و یک GO منتهی شد. به علاوه، 13.5درصد این کانتیگ ها دارای یک عدد EC بود و عملکرد انزیمی مشخصی به ان نسبت داده شد.

طبقه بندی های کارکردی، جست و جو های همولوژی و تحلیل انتولژی ژن

بعد از مونتاژ قطعه، کانتیگ ها به جست و جوی تشابه بلاست ایکس در برابر دیتابیس پروتین غیر افزون NCBI برای ارزیابی عملکرد آن ها ارسال شد. توزیعات مشابه و مقدار E بلاست سوردیدوس در برابر دیتابیس غیر افزونه در شکل 3 نشان داده شده است. بیشتر BLAST ها مربوط به سوسک Dendroctonus ponderosae و ژنوم Tribolium castaneum می باشد که یکی از ژنوم هایی است که تا کنون به طور کامل توالی یابی شده است. طبقه بندی انزیمی برای طبقه بندی پروتین های روده سوردیدوس استفاده شد. طبقه بندی انزیمی نشان می دهد که لیگاز ها عامل اصلی تولید انزیم های سوردیدوس و پس از آن هیدرولازها (17.5٪)، ترانسفرازها (14.2٪) و اکسیدوردوکتاز (11.3٪) (شکل 4). می باشد. علاوه بر طبقه بندی انزیم ها، تخصیص انتولوژی ژن برای طبقه بندی کارکرد های پروتین پیش بینی شده استفاده شد که منجر به تولید 37982 قطعه برای مقوله فرایند زیستی، 16457 برای مقوله اجزای سلولی و 22870 مورد برای مقوله های کارکرد مولکولی شد.

جدول 1: آماره های خلاصه برای ترانسکریپتوم های روده سوردیدوس بعد از مونتاژ و تفسیر

مونتاژ
تعداد کل قطعه ها برابر با 596389
تعداد قطعه های وارده به مونتاژ 425600

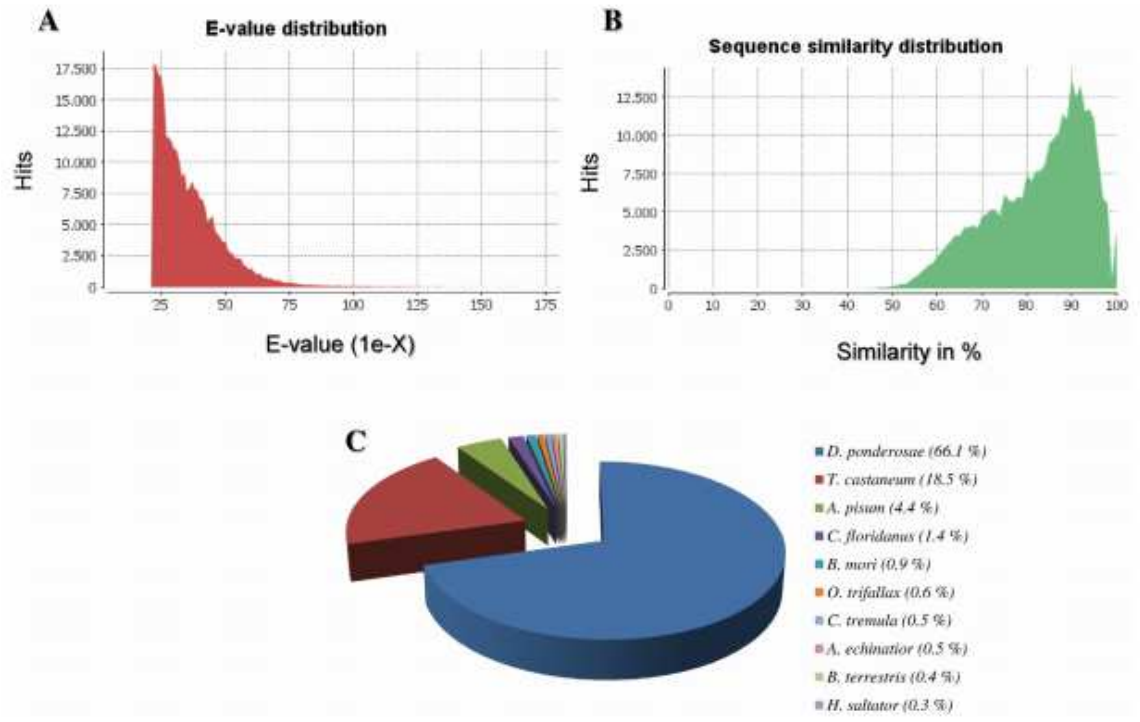
جفت باز های کل وارد شده 178143600
طول کانتیگ متوسط 491
طول N50
تفسیر
درصد کانتیک با خداقل GO برابر با 34.4 درصد
درصد کانتیک با بلاست برابر با 35.4 درصد
درصد کانتیگ با حداقل کراس ایتنررو34.5 درصد
درصد کانتیگ با عدد EC 13.5 درصد

بیشتر اجزای سلولی GO(شکل 5A) مربوط به سلول (44.23٪) و پس از آن غشاء و فرآیندهای غشایی (17.71٪) و اندامک (17.46٪). سوخت و ساز بدن (27.51٪) و فرایندهای سلولی (28.62٪) با بیش از نیمی از فرایند بیولوژیکی پس از تنظیم بیولوژیکی (15.13٪) (شکل B5) بودند. بیشتر اجزای کارکرد مولکولی GO مربوط به پیوند (45.55 درصد) پس از آن فعالیت کاتالیستی(41.17 درصد) و فعالیت ترانسپورتر بودند. تحلیل اینترپرو علاوه بر طبقه بندی انزیم و کارکرد های GO استفاده شده و تقریبا 14 درصد پروتین های پیش بینی شده تقریبا یک GO را دریافت کرد و تقریبا 48 درصد پیش بینی کرد که پروتین های سوردیدوس فاقد کار اینترپرو بود.

ژن های مربوط به کارکرد های متابولیکی روده و متابولیسم زنوبیوتیکی

فهرستی از ژن های لاروی سوردیدوس مربوط به هضم عمومی، بیوسنتز غشای پرتروفیک، تجزیه و مدل سازی و نیز سم زدایی و ژن های شبه پروتئاز در جدول 2 نشان داده شده است. مجموع 51 کانتیک های سم زدایی در ترانسکریپتوم روده سوردیدوس شناسایی شد. از این تعداد، 22 مورد مربوط به ژن های P450 سیتوکروم 11 تا گلوتاسیونS - ترانسفراز، 13 تا کربوکسیلی ستراز و 5 تا دسموتاز .(SOD)کانتیگ مربوط

به پریتروفیک بیوسنتز غشاء، تخریب و بازسازی شامل کیتیناز (15)، سنتاز کیتین (6)، و داستیلاز کیتین (5) بودند. کانتیگ های مربوط به هضم عمومی از این تحلیل توالی یابی شامل سیستئین پروتئیناز (143)، پروتئیناز سرین (61)، امینوپپتیداز(38) ، کربوکسی پپتیداز(22) ، دی پپتیدیل پپتیداز (8)، لیپاز (3)، و β- گلوکوسیدداز بودند. 40 کانتیگ دیگر مربوط به دفاع و ایمنی در برابر پاتوژن هایی بودند که از ترانسکریپتوم روده سوردیدوس شناسایی شدند. در میان این کانتیگ ها، بازدارنده های پرتئوز سرین و لکتین نیز فراوان ترین بودند.

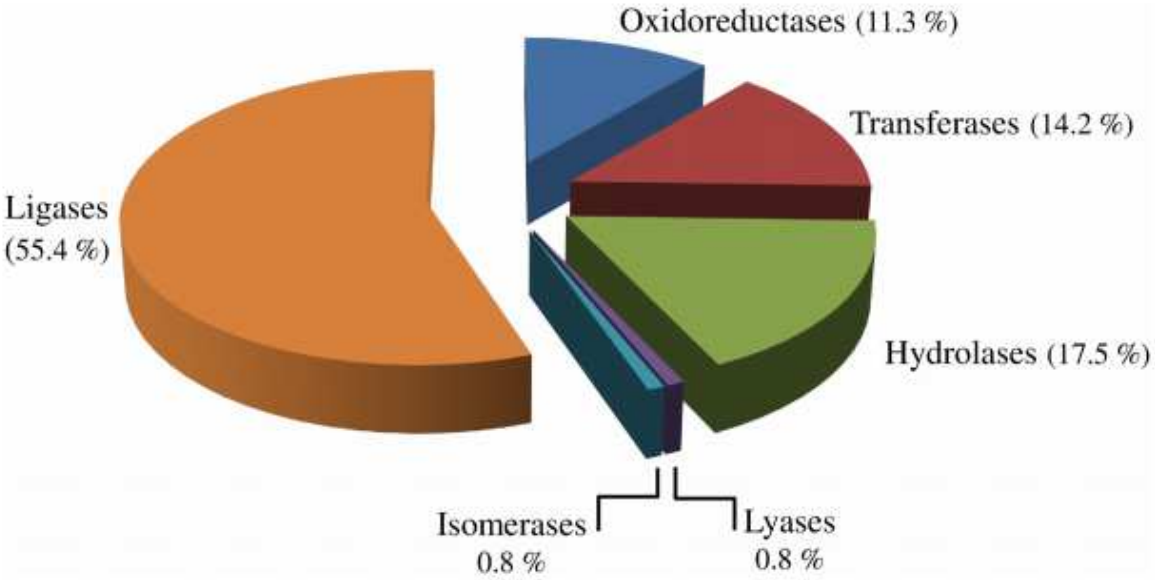


شکل 3

همسو سازی پروتین انزیم شبه پروتئاز و تحلیل فیلوژنتیکی

پروتین پیش بینی شده کربوکسی پپتیداز ,(AFH35127.1) که به ژن بانک از گروه ما وارد شد، حاکی از 45-58 درصد تشابه امینو اسیدی با پروتین های شبه کربوسکی پپتیداز بود. همسو سازی اسید امینو اسید کربوکسی پپتیداز پیش بینی شده CsoCP1 با پروتین شبه پروتئاز در مواد مکمل نشان داده شده است. برای

تعیین ارتباط و خویشاوندی پروتین های شبه پروتیناز پیش بینی شده از ترانسکریپتوم روده سوردیدوس با دیگر انزیم های هضمی، درختان فیلوژنتیکی بر اساس توالی پروتین ساخته شد.



شکل 4

RT-PCR نیمه کمی

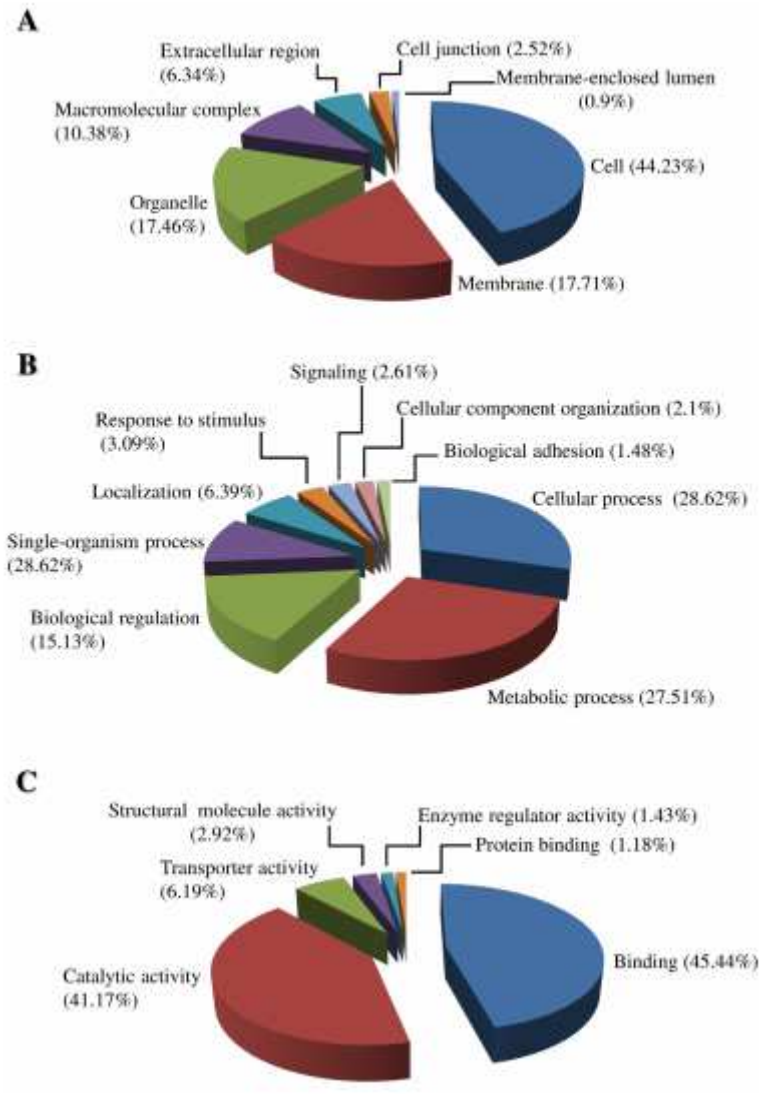
تحلیل بیان RT-PCR برای تعیین پروفیل های بیان رونوشت های شبه انزیمی در مراحل لاروی سوردیوس انجام شد و نتاج نشان می دهد که بیان همه رونوشت های شبه پروتئاز از طریق سه مرحله اول لاروی قابل رویت بود. با این حال پی برده شد که رونوشت سینتاز کیتین در همه 5 مرحله بیان شد. به علاوه، هیچ یک از رونوشت های ارزیابی شده در مرحله لاروی بیان شد. ژن کنترل اکتین در همه مراحل نموی قابل رویت بود.

بحث

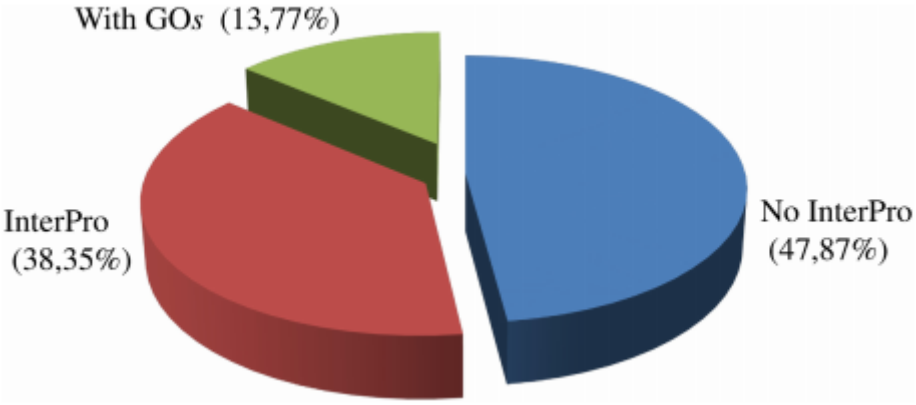
علی رغم اثر اقتصادی سوسکچه خرطوم دار موز، داده های توالی یابی کمی برای اینحشره برای بررسی ویژگی های زیستی وجود دارد. با استفاده از توالی یابی 454، ما داده های توالی گسترده را بدست اوردیم که فرصتی بی سابقه برای تحقیقات ژنومی در افت حشره می باشد که اطلاعات ژنومیکی کمی در خصوص آن وجود دارد.

برای مثال، تحلیل ترانسکریپتوم در افات با استفاده از فناوری های توالی یابی 454 منجر به کشف نشانگر های مولکولی حشره های، رسپتور های BT، پاسخ های ایمنی، اهداف افت کش و انزیم های سم زدا می باشد(19-31). داده های ترانسکریپتوم سوردیوس یا سوسکچه خرطوم دار موجب افزایش تعداد EST شد.باری مثال، تعداد توالی های نوکلئوتیدی مربوط به سوردیدوس تنها دارای شش ژن است. این مجموعه روده EST حشره امکان بررسی ژن های مختلف را می دهد. یک نمونه خوب در مطالعه تکامل مولکولی ژن های هیدرولاز گلیکوزیدی در Diabrotica virgifera virgifera می باشد(32). نتایج حاصل از این مطالعه حاکلی از حضور سه ژن خانواده GH(GH45, GH48, وGH28) می باشد که تقریبا در زیر خانواده های Chrysomeloideaو Curculionoidea دیده می شود. و نشان دهنده احتمال انتقال ژن به جای انتقال عمودی است. در این جا فرصتی برای شناسای ژن های منحصر به فرد روده سوردیدوس وجود دارد که می تواند از طریق آن رویکرد های مدیریتی آینده را بررسی کرد. توالی یابی 454 رونوشت روده سوسکچه امکان شناسایی پروتین های کد گذاری کانتیگ با کارکرد های مربوط به بیوسنتز غشای پریتروفیک را می دهد با این حال پروتئاز گوارش کلیدی با فیزیولوژی روده در میان سایر موارد دیده شده است. از همه مهم تر، این ژن ها با استفاده از تداخل RNA هدف یابی می شود که یک فناوری کنترلی جدید برای سایر کولپترانز ها است. این حشره همانند سایر حشره ها، نه تنها مواد شیمیاییثانویه بلکه مواد شیمیای شبه حشره کش را متابولیزه می کند، یک فرایند متابولیکی که شامل مجموعه ای از انزیم های سم زدا نظیر سیتوکروم P450s، گلوتاتیون-اس-ترنسفراز (EC 2.5.1.18)، کربوکسی لاز(EC 3.1.1.1) و سوپراکسید دیسموتاز (EC 1.15.1.1) [19]. (7) می باشد. پروتین های کد گذاری رونوشت های مرتبط به این خانواده های انزیمی سم زدا در ترانسکریپتوم روده نرمال مشاهده شدند. به طور کلی، 51 کانتیگ مربوط به متابولیسم زنوبیوتیک بودند. گزارش شده است که P450 یکی از بزرگ ترین زیر خانواده های مونواکسیژناز می باشد که قادر به کاتالیز متابولیسم های ترکیبات درون ریز و برون ریز می باشد. تحلیل ترانسکریپتوم مبتنی بر A454 Trialeurodes vaporariorum منجر به شناسایی 57 P450 شد(19). با این حال، امکان دارد که تعداد این رونوشت های سم زدایی در ترانسکریپتوم روده سوردیوس می تواند بزرک تر باشد به خصوص این که

تعداد زیادی از ژن ها در گونه های مختلف شناسایی شده و قابلیت دسترسی طول کامل ژن های مربوط به سم زدایی در این دیتابیس می تواند ارزشمند باشد و برای ارزیابی امکان هدف یابی آن ها با استفاده از فناوری توالی یابی RNAi مفید است.



شکل 5



شکل 6

همان طور که در جدول 2 نشان داده شده است، فراوان ترین رونوشت های شبه پروتئاز در رونوشت روده سوسکچه خرطوم دار شامل سیستئین پروتیناز، پروتیناز سرین، امینو پپتیداز و کربوکسی پپتیداز است که حاکی توزیع این ژن های شبه پروتئاز در روده سورودیدوس می باشد. نشان داده شده است که این پروتئاز ها، انزیم های هیدرولیتیکی هستند که نقش های بسیاری را در فیزولوزی حشرات از هضم پروتین تا فعال سازی اکسیداز پلی فنول ایفا می کنند. فراوانی رونوشت های شبه پروتئاز در رونوشت این حشره و بیان برخی از این رونوشت های خاص در نتایج این مقاله ارایه شده است و نشان می دهد که رشد حشره فوق به شدت بستگی به انزیم های پروتولیتیک دارد که نشان می دهد این ژن ها یک هدف خوب برای فناوری های مبتنی بر RNAi است. به علاوه، نتایج بیان رونوشت سنیاز کیتین خاص از طریق همه مراحل رشد لاروی حاکی از اهمیت این ژن ها در متابولیسم حشره است. کتین نه تنها یک جز مهم از کوتیکول است، برای رشد حشره و بقای آن مفید است و هدف بالقوه ای برای فناوری خاموش RNA است. در این رابطه مطالعات قبلی نشان داده است که تنظیم کاهشی RNAi در ژن های Chs کاستنوم منجر به کاهش مقدار کیتین شد(37). پروتیناز سیستئین، آنزیم های گوارشی می باشند که ایزوله شده اند و در بسیاری از گونه ها دیده می شوند. علی رغم اهمیت آن ها در هضم حشره، بسیاری از این انزیم های شبه پروتئاز کم تر از نظر کارکرد های مولکولی خود درک شده اند. از این روی مطالعه انزیم های گوارشی حشرات بر انزیم های شبه امینو پپتیداز متمرکز بوده است زیرا این گروه از پروتئاز هایگوارشی به عنوان گیرنده های طبیعی اندو توکسین های بی تی عمل می

کند. در حقیقت روده حشره یک هدف مهم برای هر دو حشره کش های bt و نیز انزیم های دیگر در حشرات علفخوار نظیر سوردیوس می باشد که در هضم پروتین ها مشارکت دارد. این آنزیم ها بقایای امینو اسیدی را از پایانه N پروتین ها تفکیک کرده و بیانگر یکی از فراوان ترین ترکیباتی هستند که در بافت های گیاهی یافت می شوند. از این روی سطح بیان پروتئاز در روده حشرات بستگی به مقدار پروتین بافت گیاهی ای دارد که به عنوان یک منبع غذایی اصلی عمل می کند. لازم به ذکر است که کربوکسی پپتیداز با 22 کانتیگ در رونوشت سوردیدوس بیانگر یک مهم برای پپتیداز ها در روده سوسک خرطوم دار است. لارو سوسکچه خرطوم دار که مخرب ترین مرحله رشد حشره است عامل اصلی خسارت وارده بر غلات می باشند که موجب اختلال در اغاز رشد ریشه، جذب آب و عناصر مغذی و رشد گیاه می شوند. وقتی که این حشره به شدت الودگی ایجاد می کند، کاهش صد درصدی محصول نیز گزارش شده است. بدیهی است که کنترل شیمیایی این آفت حشره ای نامطلوب و پر هزینه است. گزینه های مربوط به کنترل زیستی محدود بوده و دام گذاری حشره به صورت فرومونی منجر به میزان کاهش حشره کم تری شده است(8-9). بسیاری از پیشرفت ها ناشی از مطالعه سوسکچه خرطوم دار از جمله مطالعات مربوط به مقاومت افات، ژرم پلاسم مقاومت افات، مواد مترشحه گیاهی، عملیات کنترل فرهنگی و کنترل زیستی بوده است.علی رغم مطالعات فیزولوژیکی و شیمیایی اخیر، اطلاعات ژنومیکی محدودی به خصوص برای بافت های مهم نظیر روده وجود دارد. قابلیت دسترسی توالی های ترانسکریپتوم ها از بافت های روده حشرات موجب تسهیل شناسایی ژن های بیان شده در دستگاه گوارشی و نقش های کارکردی و متابولیکی مربوطه می شود. گفته می شود که کورکولینویید ها بزرگ ترین خانواده سوسک ها هستند که به طور کلی مهم ترین افات برای بافت های گیاهی محسوب می شوند نظیر سوسکچه خرطوم دار موز. در دیتابیس EST روده لاروی سوردیدوس، فراوان ترین کانتیگ مربوط به پاسخ ایمنی شامل لکتین های نوع C و پس از آن باز دارنده های پروتیناز سرین یا سر پین است. نتایج مشابه در ترانسکریپت های روده لارو Plutella xylostella گزارش شده است. نتایج در این گزارش حاکی از اولین تحلیل رنوشتی سوسکچه خرطوم دار می باشد که مخرب ترین و مهاجم ترین حشره در سراسر دنیا است. این تحلیل موجب افزایش تعداد ژن ها برای افات حشره ای شده است که امکان شناسایی توالی های ژنی جدید را می دهد که

در دستگاه گوارشی بیان شده و منبع ارزشمند برای درک فیزیولوژی لاروی و شناسایی اهداف بالقوه و رویکرد های مدیریتی افات حشره ای به عنوان منبع مهم C DNA در تفسیر ژنومی است. به علاوه این داده های رونوشتی به سایر تحقیقات متمرکز بر پروژه های توالی یابی ژنوم حشره نسبت داده شده اند(48-50).

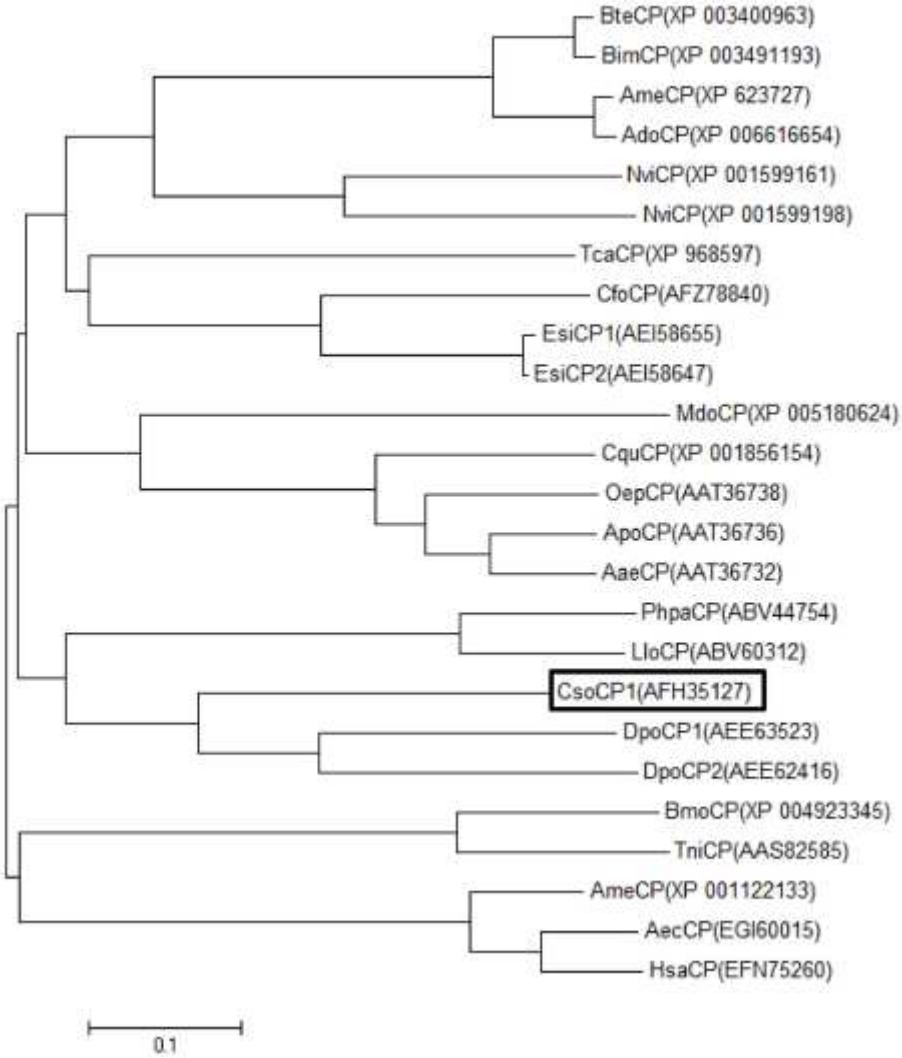
	EC number	Total number of contigs
"Detox" related		
Cytochrome P450	-	22
Glutathione-S-transferase	2.5.1.18	11
Carboxylesterase	3.1.1.1	13
Superoxide dismutase	1.15.1.1	5
Peritrophic membrane biosynthesis, degradation, and remodeling		
Chitinase	3.2.1.14	15
Chitin synthase	2.4.1.16	6
Chitin deacetylase	3.1.5.41	5
General digestion		
Cysteine proteinase all types	-	143
Serine proteinase all types	-	61
Aminopeptidase all types	-	38
Carboxypeptidase all types	-	22
Dipeptidyl peptidase all types	-	8
Lipase	3.1.1.3	3
β-glucosidase	3.2.1.21	7
Immunity-related and defense against pathogens		
Peptidoglycan recognition protein	-	5
C-type lectins	-	17
Defensin-like	-	6
Lysozyme	-	1
Serin protease inhibitors (Serpin)	-	11

doi:10.1371/journal.pone.0151001.t002

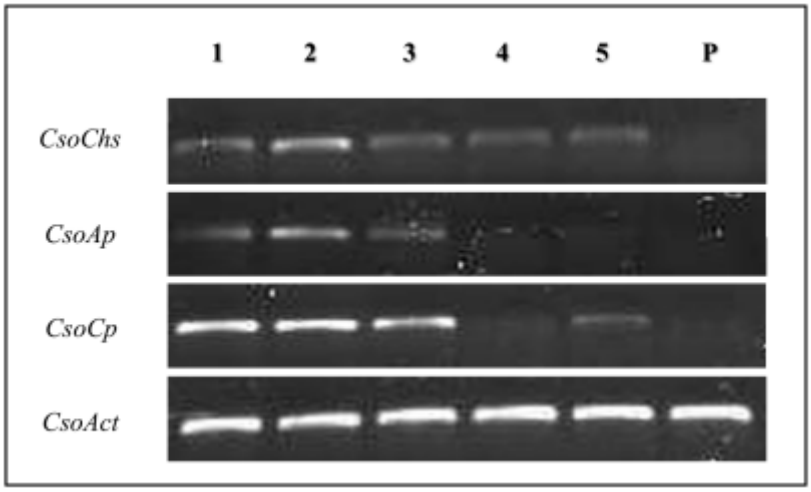
جدول 2

ارسال توالی

داده های خام بدست امده با توالی یابی مبتنی بر 454 به دیتابیس کوتاه NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/howto/submit-data/) (Accession SRP#: SRP061782). نسبت داده شد.


BteCP(XP 003400963)
BimCP(XP 003491193)
AmeCP(XP 623727)
AdoCP(XP 006616654)
NviCP(XP 001599161)
NviCP(XP 001599198)
TcaCP(XP 968597)
CfoCP(AFZ78840)
EsiCP1(AEI58655)
EsiCP2(AEI58647)
MdoCP(XP 005180624)
CquCP(XP 001856154)
OepCP(AAT36738)
ApoCP(AAT36736)
AaeCP(AAT36732)
PhpaCP(ABV44754)
LloCP(ABV60312)
CsoCP1(AFH35127)
DpoCP1(AEE63523)
DpoCP2(AEE62416)
BmoCP(XP 004923345)
TniCP(AAS82585)
AmeCP(XP 001122133)
AecCP(EGI60015)
HsaCP(EFN75260)
0.1

شکل 7


1
2
3
4
5
P
CsoChs
CsoAp
CsoCp
CsoAct

شکل 8

اطلاعات مکمل

ارایش امینو اسید در کربوکسی پپتیداز سوردیدوس با ژن های شبه کربوکسیالز حشره نشان داده شده است. شکل ستاره نشان دهنده بقایای مشابه، دو نقطه نشان دهنده جایگزین های حفاظت شده و دوره مربوطه و نقطه نشان دهنده جایکزین های نیمه حفاظت شده هستند. نقطه چین ها نشان دهنده فاصله برای حفظ ارایشات است. گونه ها و شماره دسترسی در ارایاش به صورت C. sordidus (AFH35127), D. ponderosae (AEE63523), P. papatasi(ABV44754), and L. longipalpis (ABV60312) است.

ترجمه فا
TarjomeFa.Com

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