ترجمه فا

TarjomeFa.Com

ارائه شده توسط:

سایت ترجمه فا

مرجع جدیدترین مقالات ترجمه شده

از نشریات معتبر

ژن های دخیل در کنترل رشد و تمایز در گیاهان

خلاصه

مکانیزم های زیر لایه ای قدرت تولید و ایجاد یک ارگانیسم از یک جزء آن ، توانایی ویژه سلول های مجزا در گیاهان است که امکان یک چالش ویژه برای توسعه زیستی را فراهم میکند. در حالی مشخص شده است که برای بعضی از موارد فیتو هورمون ها، مانند آوکسین و سیتوکینین ، نقش بسیار مهم در این روند با القا کردن انواع الگو های رشد در سلول های مجزا ایفا میکنند، اما گیاهان پینه ای و گیاهان نادر، هنوز از نظر مبانی مولکولی عملی ، خیلی دقیق مورد بررسی قرار نگرفته اند. تحلیل های مولکولی و زیست شیمی در مورد تعامل های جدید بین باکتری های خاکی ایجاد کننده تومور و گیاهان آسیب دیده ، دیدگاه های بسیار مهمی را در مورد نحوه پاسخ گیاهان نسبت به فیتو هورمون ها فراهم کرده است. در طول شکل گیری تومور ، این باکتری ژنوم خودش را به گیاه میزبان منتقل کرده و انواع مختلفی از این ژن ها موجب کوتاه شدن و تغییر کردن مسیر های عادی تجمع فیتو هورمون ها شده و یا نحوه ی پاسخ گیاه نسبت به آن ها را اصلاح میکند. موازی با این مطالعه ها، ما بررسی کردیم که چه ژن های گیاهی به صورت مستقیم یا غیر مستقیم در مکانیزم های فعالیت فیتوهورمون ها تاثیر دارد. پروتئین های اتصالی آوکسین (دریافت کننده های مشهور) در مکان های سلولی مختلف شناسایی شده است و ژن های کد کننده ی آن ها نیز در حال حاضر تحت بررسی میباشد. اخیرا، یک حالت جدید از T-DNA ها ارائه شده است که از طریق آن ها خط های سلولی گیاهان جهش یافته را میتوان ایجاد کرد که در حالت طبیعی در غیاب اوکسین اعمال شده به صورت خارجی ، رشد میکند. ژن های برچسب گذاری شده ، که تحت تاثیر آنکوژن های پروتوئینی سلولی گیاه هستند، احتمالا میتوانند اطلاعات بیشتری را در مورد نحوه ی تاثیر آوکسین برای تنظیم کردن و توسعه ی رشد، ایجاد کنند.

مقدمه

توسعه در گیاهان بر اساس این حقیقت توصیف میشود که سر نوشت بیشتر سلول ها، به صورت معکوس در مراحل اولیه در طول توسعه ی تخمک گیاه ثابت نیست. تمایز سلول های گیاهان و سر نوشت این سلول ها در بیشتر گیاهان

یک روند جاری در کل توسعه ی گیاه میباشد. در نتیجه، بسیاری از ارگان های گیاهی شامل سلول های طبیعی هستند که احتمالا میتوانند توتی پتنت (دارای قدرت تولید یک ارگانیسم از یک جزء آن) باشند. در گیاهان، تقسیم بندی های سلولی و تمایز آن ها توسط مولکول های ساده مانند اتیلن، شکر ها، الیگوساکارید ها و متابولیت های تریپتوفان ها، فنیل الانین ، آدنین، کاروتینوئید ها و غیره تنظیم میشود. بعضی از این عوامل رشد با نام فیتوهورمون ها شناخته میشوند، زیرا آن ها از سایت ترکیب و شکل گیری، به سایت فعالیت در گیاه منتقل میشوند . در حالی که این مولکول ها نقش مهمی در رشد و توسعه یاه ایفا میکنند، اما مکانیزم عملیاتی آن ها هنوز به صورت کامل شناخته نشده است. علاقه ما به شناسایی روندهای توسعه یکتا برای گیاهان، در اصل از مطالعه های ما در مورد تعامل های موثر بین باکتری های خاک و گیاهان ایجاد شده است. این سیستم نه تنها میتواند به ما این اطلاعات را بدهد که فیتو هورمون ها چگونه میتوانند بر روی توسعه گیاهان تاثیر داشته باشد، بلکه همچنین ابزاری است که به ما نشان میدهد کدام یک از ژن های گیاه در روند رشد گیاه موثر هستند.

فیتوهورمون ها، رشد و تمایز گیاهی

الف) ترکیب تنظیم شده کاهشی عامل های رشد گیاه، منجر به عدم تمایز و رشد تومور در گیاه میشود

بسیاری از باکتری ها و قارچ هایی که در رابطه با ترکیب های گیاهی زندگی میکنند، موجب اصلاح شدن، کاتالیز شدن و یا ایجاد کردن ترکیب های مشابه انجام میشود که در نهایت توسط گیاه به عنوان فاکتور رشد شناسایی میشود. آوکسین (Trp و مشتقات Phe) و سیتوکینین (آدنین / آدنوزین و مشتقات) یکی از مهم ترین دسته بندی های تنظیم کننده ی رشد گیاه هستند. پاتوژن های شناخته شده ی گیاهی مانند شبه موناس، زانو موناس و آگروباکتری ها، موجب میشود که تکثیر سلول های گیاهی ایجاد شود که در نتیجه توده های نئوپلاسمی در گیاه ایجاد میشود. رشد باکتری های شبه موناس و توده های زانو موناس به شدت مبتنی بر ترکیب های باکتری ها و به دست آوردن نوع آوکسین و سیتوکینین میباشد. در مقابل، سلول های توموری گیاه که در اثر آگرو باکتری ها ایجاد میشود میتوانند به صورت آزادانه بدون استفاده از مواد آوکسینی، تکثیر را ایجاد کنند. این سلول های توموری گیاه به صورت پایدار توسط

انتقال بین پیوند های بین نمونه از آگرو باکتری ها به سلول های گیاهی از بخش Ti پلاسمید منتقل میشوند، T-DNA و ازین رو به صورت پایدار در ژنوم هسته ای گیاه ها قرار میگیرند. این موضوع نشان دهنده ی یک حالت طبیعی از مهندسی ژنتیک میباشد که در بعضی از باکتری های مشخص خاکی، شکل گرفته است. انتقال های T-DNA توسط یک مکانیزم رخ میدهد که به نظر در اصل از ترکیب های باکتری ها ایجاد شده است. در این مورد یک سلول باکتری و یک سلول گیاه به صورت مشترک در روند ترکیب فعالیت میکنند. T-DNA ها ژن هایی را کد میکنند که در گیاهان دیده میشوند. T-DNA های Ti پلاسمید های مختلف یک مجموعه از ژن های معکوس را حمل میکنند که برای حفظ کردن رشد تمایز نیافته ی سلول های توموری گیاهی، ضروری میباشد. ژن های T-DNA با نام iaaM (تریپتوفان 2 مونو اکسینژاز) ، iaaH (ایندول 3 آستمامید هیدرولاز) و ipt(ایزوپنتنیل ترانسفراز) به ترتیب موجب کد شدن ترکیب های اکسین (IAA، اسید استول 3) و سیتوکنین (iP-9، isopentenyladenosine-5-monophosphate) میشود که این ترکیب ها موجب تولید و تکثیر سلول های منتقل شده میشود.

رشد سلول های تمایز نیافته در گیاه هایی که انتقالی در آن ها صورت نگرفته است در بافت های کشت، نیازمند تعادل دقیق بین نسبت غلظت بین آوکسین و سیتوکینین میباشد. بررسی ساختار و عملکرد ژن های پروکاریوتیک که به باکتری ها این امکان را میدهد تا سطح تبادل و ارتباط خودشان را با توسعه ی نرمال میزبان های یوکاریوتیک مشخص کنند، بسیار مفید میباشد. فرض ما این است که مکانیزم هایی که بر اساس آن این ژن های پروکاریوتیک رشد گیاه را کنترل میکند، مشابه با مکانیزم هایی است که معمولا در خود گیاه ها فعال میباشد. ازین رو، از نظر عملیاتی این ژن های پروکاریوتی را میتوان به عنوان "آنکوژن" در نظر گرفت.

ب) فعالیت فاکتور های رشد را میتوان بر اساس ترکیب آنتاگونیست های خاص، مدوله کرد

بخش های T-DNA از زنجیره های تومفاسین A نه تنها از ژن های iaaM ، iaaH و ipt استفاده میکنند تا آنزیم هایی را کد کند که موجب تسریع در ترکیب آوکسین و سیتوکینین میشود، بلکه به علاوه این T-DNA ها خود ژن

ها را هم حمل میکنند، مانند ژن 5 ، که عملکرد این ژن، تنظیم کردن فعالیت فاکتور های رشد ایجاد شده توسط آنکوژن های اصلی میباشد.

در واقع، ژن 5 مسئول ترکیب ، در سلول های گیاهی منتقل شده مشابه با آوکسین میباشد : اسید اندول لاکتیک (ILA). گیاهان تنباکویی میان ژنی که در آن ها ژن های 5 دیده میشود، ILA را ایجاد کرده و بدون تغییرات شکلی محسوس، توسعه پیدا میکنند. جوانه های آن ها اما، سطح هایی از آوکسین های اعمال شده ی خارجی را تحمل میکنند که برای جوانه های تنابکویی غیر میان ژنی، حالت سمی دارد. این محافظت نسبت به سطح سمی از آوکسین یا هورمون رشد ممکن است در اثر مشاهده ی این موضوع به دست بیاید که اسید ایندول لاکتیک (ILA) با آوکسین های فعال مانند اسید اندول استیک (IAA) رقابت میکند تا بتواند به پروتئین هایی متصل شود که احتمالا به عنوان دریافت کننده های آوکسین عمل میکنند. T-DNA ها ازین رو نه تنها موجب معرفی شدن ژن های جدید در سلول های گیاهی میشود که آن ها را مجبور میکند تا فاکتور های رشد را به صورت کاهش یافته ایجاد کنند، بلکه همچنین منجر به ژن های اتصالی (ژن 5) میشود که برای ترکیب آنتاگونیست های فاکتور رشد، فعالیت میکنند. بیان شدن این ژن های پاتوژنی پریکاریوتی در سلول های منتقل شده ی میزبان، به خوبی شناسایی شده است زیرا افزاینده ی ژن 5 در حضور سطح بالای آوکسین فعال میشود اما در زمان حضور آوکسین و آناگونیست ILA، فعالیت اش متوقف میشود. در این شرایط ILA میتواند به صورت خودکار ترکیب خودش را تنظیم کند. این تنظیم خودکار میتواند نتیجه ی مستقیم فعالیت های آنتاگونیستی در ILA بر روی دریافت کننده های آوکسین باشد. در واقع، به دلیل این که افزاینده های ژن 5 توسط آوکسین فعال میشود، فعالیت آن باید به صورت منفی توسط آنتاگونیست آوکسین، تنظیم شود.

ج) فاکتور های رشد گیاهان نه تنها میتوانند به صورت خارج سلولی بعد از انتقال به سلول های گیاه فعالیت کنند، بلکه همچنین میتوانند به صورت میان سلولی در یک حالت خاص سلولی ، با فعال سازی مجموعه های درون سلولی از اتصال های غیر فعال، فعالیت کنند.

ریزوژن های آگرو باکتری ها یک پاتوژن است که موجب القا شدن شکل گیری ریشه های نابجا (با نام ریشه های مویی) در بعضی از ارگان های گیاهی میشود که در حالت عادی این چنین ریشه هایی را ایجاد نمیکنند. همچنین، در این مورد رشد غیر عادی میتواند به دلیل انتقال و توسعه در سلول های گیاهی از یک مجموعه از ژن ها شود که بر روی بخش های T-DNA منتقل میشود که توسط یک پلاسمید (پلاسمید Ri در ریزوژن های A) مورد استفاده قرار میگیرد.

ژن های پروکاریوتیک مسئول رشد غیر عادی با نام رول (به دلیل مکان مرتبط با ریشه ها) نامیده میشوند.

نشان داده شده است که ژن های رول B ، در ترکیب با دیگر ژن های رول c و یا A ، میتوانند در گیاه های مختلف موجب رشد گیاه شده و این ژن ها در حالت های خاص، فعالیت میکنند. در واقع، تنها سلول هایی که حاوی این ژن های رول هستند میتوانند به عنوان ریشه های منتقل شده ، فعالیت کنند. در حقیقت مشخص شده است که ژن های رول C آنزیم هایی را کد میکنند که سیتوکینین های فعال را از گلوکوسید های سیتوکینین درون سلولی، منتشر میکند در حالی که رول B آنزیم هایی را کد میکند که میتوانند ایندوکسیلو گلوکوسید هایی را ایجاد کند که هیدرولیز ایجاد میکنند و به نوعی بر روی عملکرد و یا سطح آوکسین های آزاد در سلول های گیاهی منتقل شده، تاثیر ایجاد میکنند. این مشاهده ها نه تنها نشان دهنده ی درستی فرضیه ی ارائه شده توسط Cohen و Bandurski میباشد که بیان میکند اتصال و آزاد شدن فیتووهورمون های آزاد از ترکیبات میتواند موجب تنظیم شدن سطح درون سلولی مواد رشد فعال شود، بلکه همچنین نشان میدهد که این تاثیر باید برای هر سلول ویژه باشد، زیرا این تنظیم در سطح فیتوهورمون های سلولی ، بر روی سلول های منتقل نشده ی مجاور تاثیری ایجاد نمیکند. در سلول های گیاهی عمومی، به نظر انواع مختلف از مکانیزم ها وجود دارد که به آن ها این امکان را میدهد تا به صورت داخلی، فعالیت فیتو هورمون ها را تنظیم کند.

د) مجزا شدن ژن های گیاهی کد کننده ی فعالیت بتا گلوکوسیداز (βGlu) که توانایی هیدرولیز کردن ترکیبات فیتوهورمون ها را دارد.

به عنوان یک برنامه ی راهبردی برای بررسی کردن پروتئین های گیاهی دخیل در فعالیت آوکسین ها، ما پروتئین هایی را بررسی کرده ایم که به آوکسین ها متصل میشود و فرض میکنیم که متصل شدن این آوکسین ها یک پیش شرط برای رابطه ی عملکردی بین این دو مورد میباشد. خروجی های پروتئین ها از کولئوپتیک ذرت که در تاریکی شکل گرفته بود، از نظر شباهت نوری با $5'$-azido-[7-^{3}H]indole-3-acetic برچسب گذارش شد. پروتئین 60-kDa ، که با نام p60 شناسایی میشود، ازین رو شناسایی شد. این پروتئین در اصل در مواد سطحی بعد از شناسایی ریبوزوم ها شناسایی شده بود که این موضوع نشان میدهد که این ماده ممکن است در سلول های دست نخورده، در سیتوزول وجود داشته باشد. p60 همچنین در چکیده های پروتئینی آماده شده برای محلول های کسری میکروزومی نیز دیده شده بود. در هر دوی این مورد ها، برچسب گذاری بر روی P60 به صورت قوی انجام شده بود و هیچ پروتئین دیگری در این چکیده، برچسب گذاری نشده بود. برای نشان دادن ویژه بودن شباهت نوری برچسب گذاری p60، مطالعه های رقابتی با استفاده از موارد مشابه آوکسین بدون برچسب گذاری مورد بررسی قرار گرفته است. آوکسین های طبیعی و ترکیب شده ی فعال فیزیولوژیک به صورت محسوس در استفاده از $[^3H]N_3IAA$ در p60 کاهش پیدا کرد. ترکیب های خاص برای حلقه های ایندول مانند L تریپتوفان ، و یا ترکیب ها های ویژه برای سیستم های حلقه ای آروماتیک، و یا روبنده های رادیکال مانند اسید p آمینوبنزونیک ، رقابتی با برچسب گذاری های p60 نبود.

مطالعه ی حضور p60 در ارگان های مختلف جوانه های ذرت، ما کسر های میکروزومی وحشی را از کولئوپتیل ها (شامل گره و برگ اولیه) مجزا کردیم، که از مزوسوتیل و از ریشه ها به دست آمده بود.

برچسب گذاری های شباهت نوری در پروتئین های متناظر نشان داد که p60 بیشتر در کسر های کولئوپتیل دیده میشد. به علاوه، ما متوجه شدیم که یک حالت هم شکل از p60 (pm60) در غشای پلاسمایی وجود دارد.

مطالعه توالی های ریز نیز با p60 خالص شده بعد از هضم پروتئولیک انجام شده است. توالی های اصلی آمینواسید از p60 شباهت هایی را با βGlu نشان داد. ازین رو p60 از نظر فعالیت βGlu تحلیل شده است. مشخص شده

است که یک کسر شامل p60 در واقع فعالیت های βGlu را نسبت به بستر های عمومی βGlu از خودش نشان داده است (یعنی pnitrophenyl-glucopyranoside یا 6-bromo-2-naphthyl-PD- گلوکپیرانوزید / سریع آبی BB برای فعالیت رنگ آمیزی در ژل های بومی پلی آکریلامید). رنگ آمیزی های ویژه p60 با استفاده از رنگ 6-bromo-2-naphthyl-PD- گلوکپیرانوزید / سریع آبی BB نشان داد که p60 دارای فعالیت های P-D-گلوکوزید گلوکوهیدرولاز میباشد. برای تعریف کردن ویژگی های بستر p60، ما ترکیب های مختلف را بررسی کردیم که به صورت رایج توسط انواع گلوکوسیداز های مختلف، شکسته میشود. در مقابل با آنزیم های βGlu که گستره ی زیادی از بستر ها را هیدرولیز میکند، یک الگوی مشخص از ویژگی های بستر برای p60 یافت شده است.

نتایج شباهت های نوری در برچسب گذاری ها که در بالا مورد بررسی قرار گرفت، از این دیدگاه پشتیبانی میکند که p60 میتوان به آوکسین متصل شود. در این زمینه، بسیار مهم است که ما بدانیم آیا حضور آوکسین ها تاثیری بر روی فعالیت های βGlu در p60 دارد یا خیر. ما متوجه شدیم که IAA و اسید های 1 نافیتی لاکتیک ، در کنار اسید های نفتالی فتالامیک بازدارنده ی انتقال آوکسین، مانع فعالیت های p60 در ارتباط با βGlu در حالت رقابتی میشوند. در مقابل، حضور داشتن آوکسین های غیر عملکردی مشابه مانند L تریپتوفان یا 5 – هیدروکسی - IAA ، و یا ترکیب های آروماتیک مانند بنزونیک اسید، هیچ تاثیری بر روی فعالیت βGlu از p60 نداشته است. این نتایج نشان میدهد که IAA و ترکیب های مرتبط ، آگلیکون هایی هستند که میتوانند به مکان های فعال P60 متصل شوند. آزمایش های بیشتر در این زمینه نشان داد که p60 به صورت آماده میتواند گلوکوسید o ایندوکسیل را هیدرولیز کند که این ترکیب مصنوعی به صورت ساختاری مرتبط با ترکیب های آوکسین indole-3-acetyl-β-D-glucose میباشد. این فعالیت به نظر بسیار ویژه میباشد، زیرا p60 نمیتواند دیگر ترکیب های IAA مانند IAA-*myo*-inositol یا IAA-aspartate را هیدرولیز کند. داده های فعلی نشان میدهد که p60 ممکن است در شرایط طبیعی، در هیدرولیز شدن ترکیب های گلوکسید فیتو هورمونی، تاثیر داشته باشد.

تحلیل های گسترده ی توالی آمینو اسید ها در مورد این پروتئین به ما امکان ساخت ترکیب های الیگودوکسی – نوکلئوتید را میدهد که برای تفکیک کردن دسته های cDNA که کد کننده ی پروتئین های مرتبط با p60 هستند، مورد استفاده قرار میگیرد. cDNA ها با نام Zmp60.1 متناظر با mRNA ها با توالی های 3 $poly(A)^+$ با یک قاب باز خواندن، میباشد. زمانی که توالی های اولیه ی Zmp60.1 با دیگر توالی های آمینو اسید موجوود در داده های پروتئینی مقایسه شد، شباهت هایی با دیگر آنزیم های βGlu از آرکاباکتری ها ، یوباکتری ها و یوکاریوت ها مشاهده شد.

مایه ی اصلی توالی های اسید ها نشان دهنده ی شباهت با پروتئین های C از ریزوژن های آگروباکتری ها میباشد. این مایه ی اصلی بین پروتئین های رول C و Zmp60.1 مشترک میباشد که این موضوع نشان دهنده ی احتمال این است که این دو پروتئین میتوانند بستر های مشابه داشته باشند. گیاه های تنباکو میان ژنی به صورت پایدار این ژن را ارائه میکنند که ممکن است در نتیجه موجب تغییر در نسبت های فیتو هورمون ها شده و رشد غیر عادی داشته باشد.

ه) کنترل رشد گیاهان با استفاده از βGlu ویژه ی فیتو هورمونی

هسته های ذرت نواحی بسیار غنی برای ترکیب های فیتو هورمونی هستند که این ترکیب ها در اسپرم نهایی در طول بلوغ جوانه ها جمع میشود و سپس به دیگر بخش های جوانه زنی در طول تکثیر، منتقل میشوند. هیدرولیز و انتقال این ترکیب ها از پرده داخلی هاگ به قسمت خروجی و به ریشه، میتوانند از نظر کنترل کردن توسعه ی جوانه زنی در ذرت اهمیت بسیار زیادی داشته باشد. پروتئین های p60 میتواند نقش مهمی در روند جوانه رویی داشته باشد زیرا آزاد شدن سیتوکینین های آزاد را کنترل میکند. برای بررسی کردن این که آیا بیان Zmp60.1 میتواند بر روی رشد گیاه تاثیر داشته باشد یا خیر، پروتوپلاست های تنباکو به صورت گذرا با Zmp60.1 منتقل شدند. این پروتوپلاست اه این توانایی را به دست آوردند تا از گلوکوسید های سیتوکینین برون زا استفاده کنند تا تقسیم بندی را شروع کنند. تحلیل های سیستم ایمنی در ریشه های جوانه زنی ذرت ها، Zmp60.1 ها را بر روی سلول های مریستم نشان داد

که این موضوع بیان میکند که Zmp60.1 یک گلوکوسید هستند که میتوانند سیتوکنین های توسعه ای را برای تخمک ها فراهم کند (مشاهده های منتشر نشده در این مطالعه)

یکی از جالب ترین ویژگی های توضیح مدل کنترل رشد گیاه، مبتنی بر فعالیت βGlu ها میباشد. به صورت خاص این موضوع به این دلیل جذاب است که به سادگی تطبیق با محیط زیست را میتوان در این روند ها شناسایی کرد. ترکیب های آوکسین و سیتوکینین میتواند به صورت گسترده در گیاه ها شناسایی شود. فعالیت βGlu های ویژه برای فیتو هورمون ها را میتوان به راحتی با استفاده از محیط زیست و همچنین عوامل درون زا، کنترل کرد. ازین رو، βGlu های ویژه ی فیتو هورمون ها ممکن است یک رابطه بین تحریک های زیست محیطی و فعال شدن فیتوهورمون ها در مکان های خاص گیاه شود. با وجود این که این ایده ها هنوز ثابت نشده اند، آن ها یک حوزه ی مناسب برای تحقیقات در توسعه های آتی فراهم میکند. ما امیدوار هستیم که ارزیابی های آتی بتواند به صورت دقیق اهمیت βGlu های ویژه ی فیتو هورمونی در کنترل توسعه ی روند های رشد در گیاهان را بررسی کند.

و) استفاده از برچسب گذاری ژن ها برای شناسایی ژن های دخیل در تنظیم و یا دریک فیتو هورمون ها

برای بررسی کردن این که آیا گیاهان به صورت نرمال از مکانیزم های مشابه با مکانیزم های مورد استفاده از باکتری های خاک برای شکل گیری تومور استفاده میکنند یا خیر، ما تحقیقات برای جهش های سلول های گیاهی را انجام دادیم که میتواند رشد کرده و در غیاب آوکسین های تامین شده به صورت خارج سلولی، تمایز پیدا کند. برای شناسایی سریع و ژن های دسته ای دخیل در انتقال رشد مستقل از آوکسین، بردار های ویژه ی طراحی شده برای T-DNA در این قسمت مورد استفاده قرار گرفته است تا ژن ها را فعال کرده و آن ها برچسب گذاری شود که معمولا در پروتوپلاست های تفکیک شده ی تازه در غیاب آوکسین، بدون فعالت هستند. به دلیل برچسب گذاری های انجام شده به گونه ای طراحی شده است که موجب تحریک شدن نسخه نویسی ژن ها شود، این جهش ها به صورت غالب هستند. به علاوه،

برچسب گذاری ها موجب میشود که این توالی هایی که در این قسمت هستند به DNA های برچسب گذاری شده ی گیاه این امکان را میدهند تا به صورت آماده در باکتری های E.Coli ، به عنوان پلاسمید بازیابی شوند.

تعدادی از طبقه های مختلف از جهش های مستقل از آوکسین هر دو به دست آمد. پینه های ایجاد شده از این جهش ها ، به خوبی در غیاب آوکسین های تامین شده ی خارج سلولی رشد میکند اما میتوان آن را از گیاهان بارور نیز به دست آورد. پروتوپلاستی های به دست آمده از برگ های این گیاهان باز تولید شده، میتواند پینه هایی را بر روی واسط های بدون آوکسین ایجاد کند.

یکی از خط های گیاهی باز تولید شده، axil59 ، به صورت دقیق مورد بررسی قرار گرفته است. این خط گیاهی شامل یک ورودی T-DNA بوده و هیچ تغییر فنوتیپ واضح را نشان نمیدهد. توانایی این پروپلاست های تفکیک شده از این گیاه برای رشد در کشت بدون آوکسین، با ورودی های T-DNA به صورت ژنتیکی تفکیک مشترک پیدا میکنند. T-DNA در این خط گیاهی بر روی یک بخش مجزا از 17.5-kb EcoRI از DNA ژنتیکی شناسایی شده است و این موضوع از ژنوم گیاهی به عنوان پلاسمید pHH159 تفکیک شده است . زمانی که این T-DNA بر روی پروتوپلاست های SR1 منتقل شود، pHH159 این توانایی را به پرتوپلاست ها منتقل میکند تا بتوانند در محیط آزمایشگاهی در غیاب آوکسین رشد کنند که این موضوع نشان میدهد این واحد شامل DNA های مسئول برای توصیف و ایجاد تحلیل حذف برای تعریف کردن جایگاه توالی ژنی میباشد که این موضوع را ایجاد میکند. با استفاده از این توالی ها به عنوان یک پروب ترکیبی ، ما یک طول کامل از cDNA ها را از برگ های این گیاه به دست آوردیم که متناظر با منطقه ی مورد نظر میباشد که مبتنی بر زیر گروه سازی ها در بردار بیان و معرفی مجدد در پروتوپلاسیت های مرتبط با رشد پینه ها در غیاب آوکسین میباشد. مقایسه های توالی cDNA ها و توالی های ژنومیک نشان میدهد که ژن های مسئول برای تولید رشد مستقل از آوکسین مبتنی برا بیان افزوده ی ، در این گیاه تقریبا دارای 4000bp طول بوده و شامل نه نیترون میباشد. مقایسه های توالی ها با داده های به دست آمده نشان میدهد که هیچ هماهنگی با پروتئین های توصیف شده ی قبلی در این زمینه وجود ندارد.

مطالعه های فعلی در حال حاضر، اجرا شده اند که تلاش کردند تا نحوه ی بیان افزوده ی Axi1 و تاثیر آن بر روی شکل گیری پینه در غیاب آوکسین را شناسایی کنند. تحلیل های اولیه ی شاملی نشان میدهد که بیان آلل های wt از Axi1 در پروتوپلاست های ایزوله شده نیازمند آوکسین میباشد. یافته ها و آزمایش های ما در حال حاضر بیشتر به هدف مشخص کردن جایگاه محصولات ژن های axi1 در سلول و فعالیت آنزیمی آن میباشد.

ز) جمع بندی

با مقایسه با دیگ سیستم ها، ممکن است هیچ جای تعجب وجود نداشته باشد که مطالعه ی تومور زایی در گیاهان، منجر شده که اطلاعات ما در مورد نحوه ی کنترل رشد گیاهان و توسعه ی آن ها، زیاد شود. اما چیزی که منجر به تعجب ما شده است، این است که سطح مختلف از کنترل در این زمینه مشخص شده است. نه تنها ترکیب های فیتوهورمونی در گیاهان در سایت های مختلف و انتقال آن ها به دیگر منطقه های گیاه، بلکه سلول های مختلف گیاه در حالت خودکار، میتوانند سطح فعالیت داخلی فیتوهورمون ها را در خود مشخص کنند. این پیچیدگی ممکن است تا حدی نشان دهنده ی قابلیت توتی پوتنت بودن را نشان دهد که به نوبه ی خود میتواند نتیجه ی سبک زندگی بدون ساقه در گیاهان باشد.

در حالی که ترکیبی از روش های ژنتیکی و زیست شیمی ، دیدگاه هایی در مورد فعالیت های مولکولی فیتوهورمونی ها را نشان داده و مشخص کرده است که درک ما هنوز بسیار ناقص است. چالش های اصلی در این زمینه هنوز وجود دارد. به عنوان مثال، نحوه ی شروع پینه های سازمان نیافته از نظر ریخت شناسی از رشد مشخص توسط مریستم های ریشه، هاگ ها و نحوه ی تعامل این فیتوهورمون ها با تحریک های زیست محیطی مانند نور یا جاذبه.

در گذشته ابزار ژنتیک ایجاد شده از مطالعه ی تعامل های پیوسته بین سلول های گیاهی و باکتری های پاتوژنی ، ابزار بسیار مناسبی را برای رفع سوال ها در مورد فعالیت فیتو هورمون ها فراهم کرده است. قطعا مطالعه در این زمینه، میتواند به صورت پیوسته در آینده به عنوان یکی از مهم ترین زمینه های تحقیقاتی باشد.

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