

بررسی EST‌های ثبت شده در بانک ژن برای تشخیص و شناسایی EST-SSR در انگور

عبدالکریم زارعی^{۱*}، عزیز ابراهیمی^۲

^{۱*} گروه بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جهرم، جهرم، ایران

^۲ گروه جنگلداری و منابع طبیعی، دانشگاه پوردو، وست لافایات، ایالات متحده آمریکا

*نویسنده مسئول: zareei@jahrom.ac.ir

چکیده

توالی‌های نشانه بیان شونده (ESTs) منابع مهمی برای جنبه‌های مختلف مطالعات ژنومی از قبیل کشف ژن، بیان ژن، ژنومیکس مقایسه‌ای، و توسعه نشانگرهای مولکولی می‌باشند. در مطالعه حاضر، EST‌های گیاه انگور (*Vitis vinifera*) ثبت شده در بانک ژن NCBI مورد ارزیابی قرار گرفتند تا توالی‌های تکراری موجود در آن‌ها مورد بررسی قرار گیرد تا بتوان نشانگرهای EST-SSR جدیدی را شناسایی کرد. در مجموع ۵۱۱۶۹۰ توالی مورد بررسی قرار گرفت که از بین آن‌ها ۹۲۳۶ توالی (میانگین ۱/۸٪ از توالی‌های ثبت شده) حداقل دارای یک توالی تکراری بودند. از بین موتیف‌های مختلفی که مورد آنالیز قرار گرفت، تکرارهای دو نوکلئوتیدی با دارا بودن بیش از ۴۵٪ توالی‌های تکراری، فراوان‌ترین تکرار بودند و بعد از آن به ترتیب تکرارهای سه نوکلئوتیدی (۳۳٪) و چهار نوکلئوتیدی (۲۲٪) در رتبه‌های بعدی قرار داشتند. در بین تکرارهای دو نوکلئوتیدی هم توالی AG/GA/CT/TC با حدود ۴۶٪ از این توالی‌ها، فراوان‌ترین توالی بود. بر اساس توالی‌های تکراری ساده شناسایی شده، آغازگرهای مناسب برای تکثیر برخی از EST-SSR‌های عملکردی طراحی گردید. ارزیابی این آغازگرها روی برخی از ارقام انگور کشور در حال بررسی می‌باشد.

کلمات کلیدی: انگور، نشانگرهای مولکولی، EST، SSR