

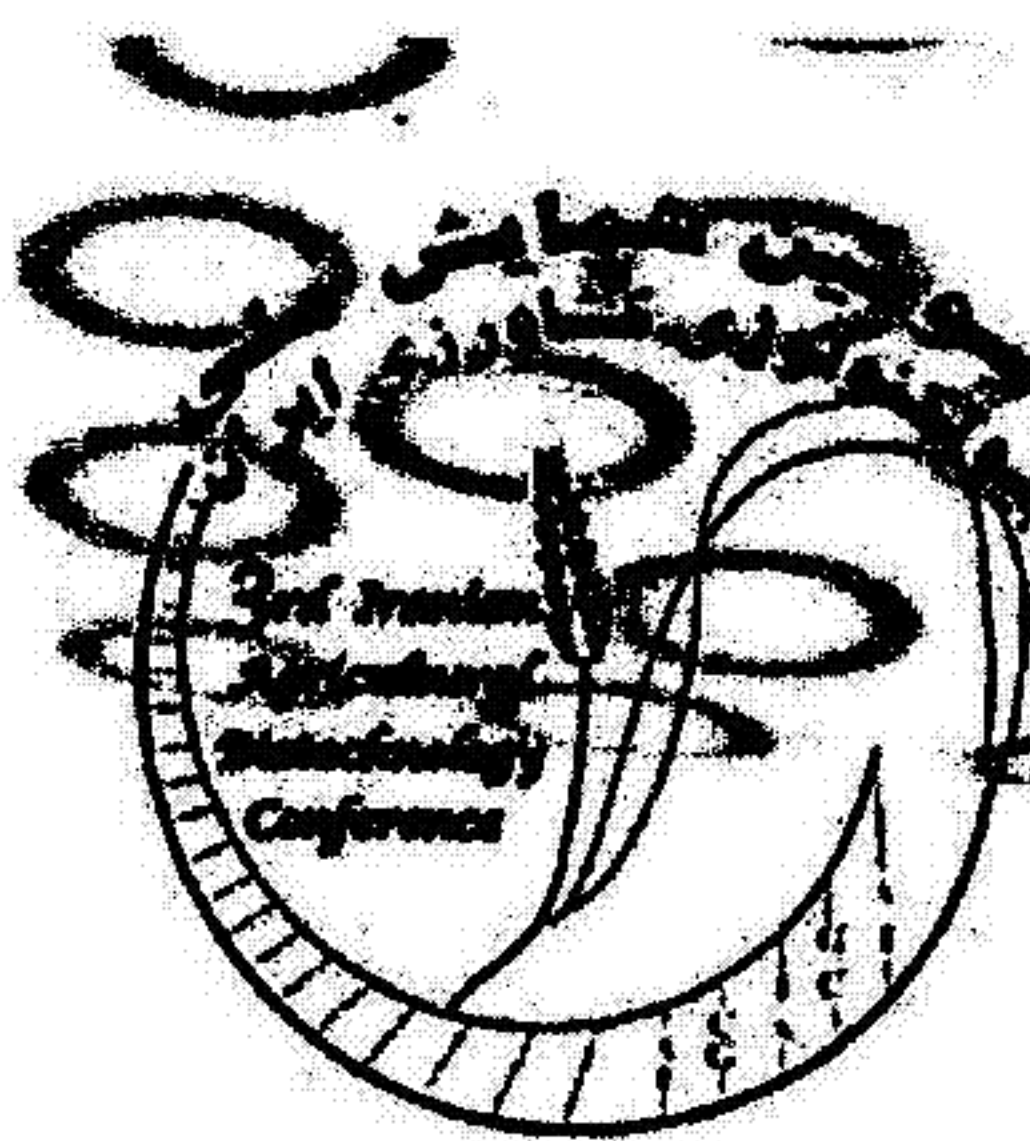
خلاصہ مقالات

سومین ہمایش ملے بیونٹکنولوژی کشاورزی ایران



۱۳ تا ۱۵ شهریور ۱۳۹۱
دانشگاه فردوسی مشهد





m.shirafkan14@gmail.com

لیستریا منوسایتوزنز، یکی از گونه های شناخته شده ی باکتری لیستریا می باشد. این باکتری بیماری زا بوده و مسمویت های حاصل از این باکتری که لیستریوز نامیده می شود بیشتر در اثر مصرف پنیر و گوشت و فرآورده های آن عارض میگردد. خطر ابتلا به لیستریوز، در اشخاصی که سیستم ایمنی ضعیف شده دارند، به ویژه آنهایی که تحت عمل پیوند کلیه قرار گرفته اند یا به ایدزو یا سرطان دچارند، به مراتب بیشتر است. لیستریا منوسایتوزنز، دارای توانایی رشد در دمای یخچال، رشد در pH نسبتاً پایین و تحمل مقادیر زیاد نمک می باشد. در این مقاله برای شبیه سازی فعالیت لیستریا در پنیر، از نرم افزار Netlogo استفاده شده است. بر این اساس در یک سیستم مصنوعی با در نظر گرفتن پارامترها، قوانین و شرایط لازم، رشد این میکروارگانیسم ارزیابی شده، آن گاه با تغییر دادن پارامترها و شرایط، جمعیت لیستریا و میزان PH محیط در هر تغییر جدید اندازه گیری می شود. در ادامه بر اساس نتایج به دست آمده و اجرای مدل سیستم مورد تحلیل قرار گرفته است. در نهایت برای ارزیابی صحت مدل، نتایج حاصل از اجرای مدل با نتایج آزمایشگاهی (جهان حقیقی)، در قالب نمودار مقایسه می گردد.

واژگان کلیدی: پنیر، باکتری لیستریا، نرم افزار Netlogo، شبیه سازی

بررسی فعالیت نایسین در پنیر طی زمان نگهداری، توسط نرم افزار شبیه ساز Netlogo

مریم شیرافکن، سعید ستایشی، محمدعلی عطار

دانشجوی کارشناسی ارشد گروه کامپیوتر گرایش نرم افزار، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اراک

دانشیار دانشکده مهندسی فیزیک و هسته ای، دانشگاه امیرکبیر

دانشجوی کارشناسی ارشد علوم و صنایع غذایی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد

m.shirafkan14@gmail.com

نایسین محصول تولیدی توسط باکتری لاکتوکوکوس لاکتیس می باشد. این ترکیب، یک پپتید با خاصیت آنتی بیوتیکی، متشکل از ۳۴ اسید آمینه بوده و نگهدارنده ای با کارایی بالا و بی ضرر برای انسان می باشد که هیچ گونه عوارض جانبی نداشته و پس از ورود به بدن، سریعاً هضم و تجزیه می گردد. از آنجایی که دامنه خاصیت ضد باکتریایی نایسین، گستره عظیمی از میکروارگانیسم ها را پوشش می دهد که شامل گروه های باکتریایی مقاوم در برابر گرما نیز می باشند، از این رو به عنوان نگهدارنده، کاربرد وسیعی در محصولات که حرارت می بینند پیدا کرده است و برای افزایش مدت زمان نگهداری آن ها مورد استفاده قرار می گیرد که راندمان اقتصادی را نیز بالا می برد. نایسین در بسیاری از مواد غذایی از جمله پنیر، از رشد میکروب های مولد فساد و بیماری زا همچون لیستریا منوسایتوزنز جلوگیری نموده و سبب افزایش مدت زمان ماندگاری ماده غذایی می گردد. مکانیسم عمل نایسین به این صورت است که، نایسین با ایجاد منفذ در غشاء سلول، باعث مرگ سلول می شود. به طوری که نایسین از انتهای کریونیلی با بار مثبت، به لیپیدهای غشای سلول باکتری متصل شده و وارد غشاء می گردد و در نتیجه باعث ایجاد یک منفذ می شود. بنابراین با توجه به اهمیت فعالیت ضد لیستریایی نایسین، در این مقاله به شبیه سازی تعامل بین نایسین و لیستریا در پنیر، توسط نرم افزار Netlogo خواهیم پرداخت. بر این اساس ابتدا با تلقیح باکتری لیستریا، تعداد باکتری لیستریا و پارامترهای شیمیایی (میزان PH) در فواصل زمانی مشخص در پنیر مورد اندازه گیری قرار گرفته سپس توسط این نرم افزار، نتایج مورد تحلیل قرار می گیرند. در پایان برای ارزیابی مدل حاصله، نتایج بدست آمده از اجرای مدل با رفتار جهان حقیقی (نتایج آزمایشگاهی)، در قالب نمودار و ارزیابی همبستگی مقایسه می گردد.

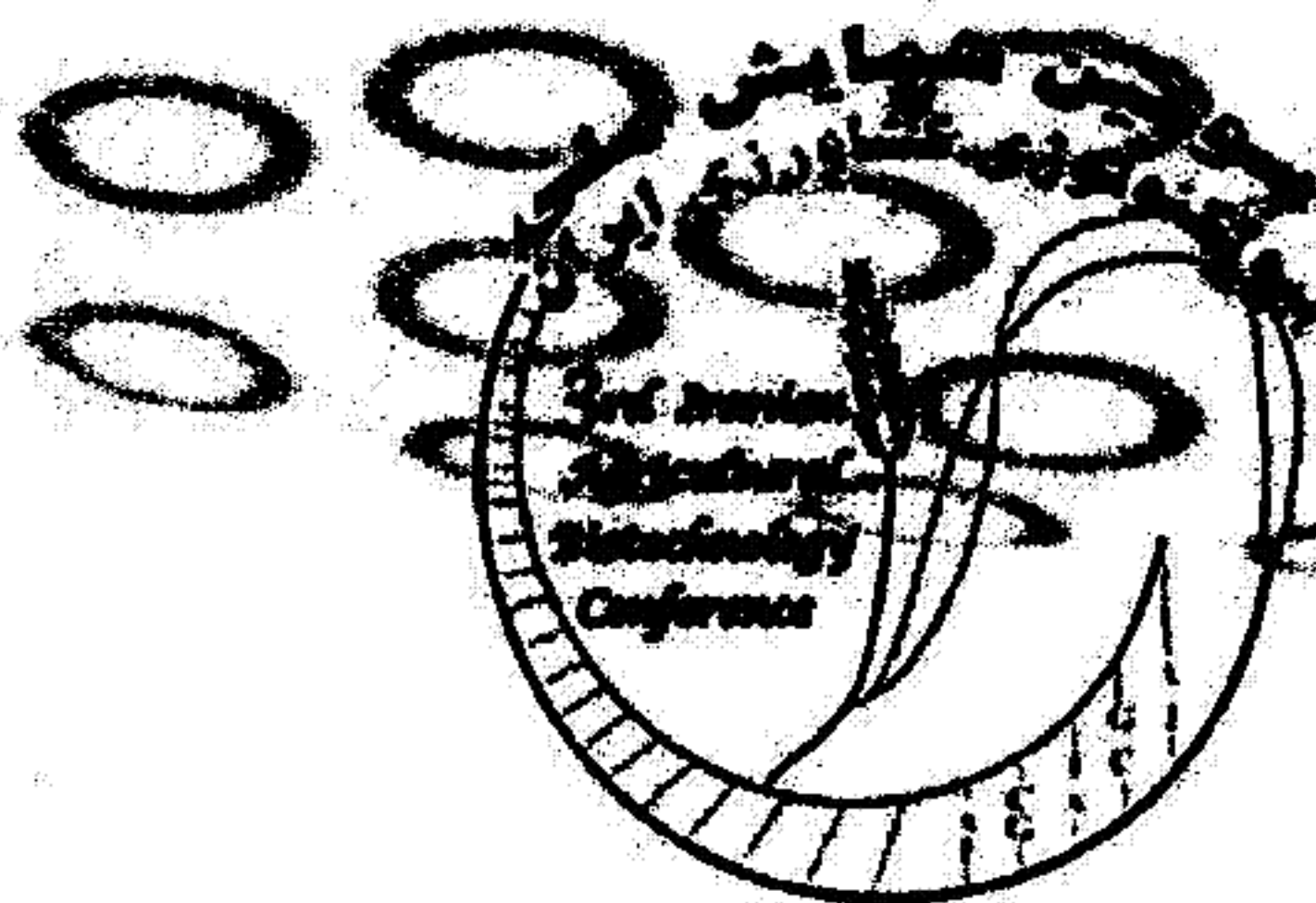
واژگان کلیدی: پنیر، لیستریا، نایسین، شبیه سازی

استفاده از الگوریتم ژنتیک برای پیش گویی ساختار پروتئین

مریم شیرافکن^۱، زهرا رحیمی قنق^۱، محمدعلی عطار^۲، مسعود یاورمنش^۲

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد کامپیوتر گرایش نرم افزار، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اراک

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد کامپیوتر گرایش نرم افزار، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اراک



دانشجوی کارشناسی ارشد صنایع غذایی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

استادیار گروه علوم و صنایع غذایی دانشکده کشاورزی دانشگاه فردوسی مشهد

m.shirafkan14@gmail.com

پروتئین‌ها اجزای اساسی همه سلول‌های زنده بوده و زنجیره‌هایی متشکل از ۲۰ نوع اسید آمینه مختلف می‌باشند. برای ساخت پروتئین‌ها، ریبوزوم‌ها اسیدهای آمینه را به هم پیوند داده و رشته‌های خطی تولید می‌کنند. این رشته‌ها به روش‌های گوناگونی دور یکدیگر تا می‌خورند، اما فقط یکی از این روش‌ها تا خوردن، به پروتئین‌ها اجازه می‌دهد تا بتوانند به درستی عمل کنند. بررسی بیماری‌هایی نظیر آلزایمر، جنون گاوی و بسیاری از سرطان‌ها، ناشی از اشتباه تا خوردن پروتئین‌ها می‌باشد. با توجه به اهمیت این مسأله و همچنین از آن جا که اغلب روش‌های شناسایی ساختار پروتئین‌ها، هزینه بر و زمان بر هستند، پیش‌گویی ساختار پروتئین ضروری به نظر می‌رسد. الگوریتم ژنتیک، یک تکنیک جستجو در علم رایانه است که از اصول انتخاب طبیعی داروین برای یافتن راه حل بهینه جهت پیش‌بینی یا تطبیق الگو استفاده می‌کند و کارکرد آن بر اساس ژنتیک طبیعی استوار است. الگوریتم ژنتیک، می‌تواند در حل مسائل بهینه‌سازی نظیر بهینه‌سازی ساختار ملکولی شیمیایی (شیمی)، بهینه‌سازی توابع، پردازش تصویر و غیره به کار گرفته شود. اما مهم‌ترین مسأله در الگوریتم ژنتیک پروتئین‌ها، ورودی‌ها یا نحوه ورود داده‌ها می‌باشد به طوری که راه‌حل‌های حاصل از ورودی‌ها باید بر طبق یک الگوی مشخص کد گذاری شده و بر مبنای توابع مشخص (fitness) مورد ارزیابی قرار گیرند. بر این مبنای عملیات رایج در الگوریتم ژنتیک پروتئین‌ها، شامل ارزیابی (Fitness)، انتخاب (Selection)، ادغام (Crossover) و جهش (Mutation) می‌باشد. در این تحقیق امکان سنجی الگوریتم ژنتیک برای پیش‌گویی ساختار پروتئین مورد ارزیابی قرار می‌گیرد.

واژگان کلیدی: ساختار پروتئین، الگوریتم ژنتیک، پیش‌گویی

تجزیه و تحلیل ژنتیکی و فیلوژنتیکی ژن‌های کد کننده پروتئین RPB1، RPB2 و EF1- α در برخی قارچ‌های آنامورفیک

زهرا تازیک، محمد علی تاجیک قنبری

کارشناسی ارشد بیماری شناسی گیاهی، دانشکده علوم زراعی، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

استادیار گروه گیاهپزشکی، دانشکده علوم زراعی، دانشگاه کشاورزی و منابع طبیعی ساری

tazickzahra@gmail.com

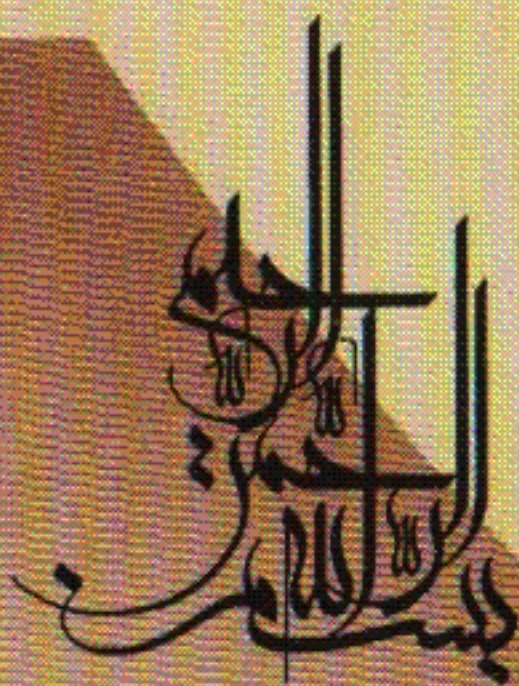
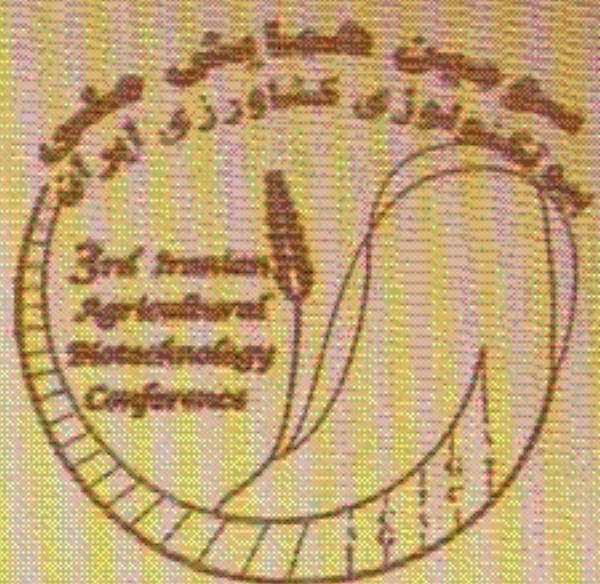
قارچ‌های ناقص، گروهی بحث برانگیز در میان قارچ‌ها هستند که معیارهای رده بندی آنها در طول سالیان، دستخوش تغییرات فراوانی بوده است. در این تحقیق که بمنظور بررسی روابط فیلوژنتیکی برخی قارچ‌های آنامورفیک انجام شد؛ نمونه‌هایی از بافت‌های گیاهی آلوده و خاک‌های چندین استان کشور، جمع آوری و با معیارهای ذکر شده توسط Ellis M.B (1971) شناسایی گردید. DNA نمایندگانی از این قارچ‌ها استخراج و با آغازگرهای EF1- α ، RPB1 و RPB2 تکثیر و توالی‌یابی شدند. سپس با کمک نرم افزارهای Chromas pro، BioEdit و MEGA 5 مورد ارزیابی قرار گرفتند. دندروگرام به روش Neighbor joining رسم شد. دندروگرام رسم بر پایه تمام آغازگرها، نتایج تقریباً یکسانی را ارائه دادند. از این میان RPB2 نتایج بسیار خوبی در همه سطوح بویژه در تفکیک گونه‌های قارچ‌های ریز اسپور نشان داد. بطور کلی نتایج به دست آمده با رده بندی‌های انجام شده بر پایه مورفولوژی این قارچ‌ها منطبق بود.

واژگان کلیدی: EF1- α ، ITS، فیلوژنی، قارچ‌های آنامورفیک

بررسی خصوصیات بیوانفورماتیکی ژن کد کننده NAS3 در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا

فاطمه علی اکبری، حمید نجفی زرینی، سید کمال کاظمی تبار

دانشجوی کارشناسی ارشد دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری



سومین همایش ملی
بیوتکنولوژی کشاورزی ایران

گواهی شرکت در سومین همایش ملی بیوتکنولوژی کشاورزی

گواهی می شود آقای محمد علی عطار

به عنوان ارشد بنده پوستر با عنوان: "استفاده از الگوریتم ژنتیک برای پیش-کوئی ساختار پروتئین"

با همکاری: مریم شیرافکن، زهرا رحیمی قانع و مسعود یادروش

در سومین همایش ملی بیوتکنولوژی ایران که در تاریخ ۱۳ تا ۱۵ شهریور ماه ۱۳۹۱
در دانشگاه فردوسی مشهد برگزار شده است شرکت داشته اند.

