

ارزیابی تنوع زیستی وابسته به کشت و تولید آنزیم در پروکاریوت های نمک دوست حوضچه نمکی در ساحل دریای عمان

امان الله هاشم زهی^۱، علی مخدومی^{۱*}، احمد آسوده^۲

^۱گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

^۲گروه شیمی، دانشکده علوم، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

چکیده

ساکنین پروکاریوتی حوضچه نمکی تیس در جنوب شرقی ایران در سواحل دریای عمان با روش وابسته به کشت شناسایی شدند. تعیین توالی ژن 16S rRNA در این سویه ها مشخص نمود جمعیت باکتریایی به گروه های Actinobacteria، Bacteroidetes، Balneolaeota، Firmicutes و Proteobacteria تعلق دارد. این میکروارگانیزم ها اعضای جنس های Bacillus (۳۵٪)، Aliifodiniibius (۱۵٪)، Rhodovibrio (۵٪)، Ornithinibacillus (۵٪)، Luteimonas (۵٪)، Arthrobacter (۱۰٪)، Halomonas (۱۵٪)، Longibacter (۵٪)، Staphylococcus (۵٪) و Tamlnaduibacter (۵٪) بودند. تمامی آرکی های بدست آمده متعلق به راسته Halobacteriales و در جنس های زیر قرار داشتند: Haloferax (۳۵٪)، Haloarcula (۲۷٪)، Halogeometricum (۱۱٪)، Halococcus (۵٪)، Halomicroarcula (۵٪)، Halorubrum (۵٪)، Halostagnicola (۵٪) و Natronoarchaeum (۵٪). ارزیابی نیمه کمی تولید شش آنزیم هیدرولازی آمیلاز، سلولاز، لیپاز، پکتیناز، پروتئاز و اوره از در این سویه مشخص نمود اوره از (۴۷٪) و آمیلاز (۴۱٪) بیشترین فراوانی را داشتند. نرخ متوسط تولید در ارتباط با آنزیم های لیپاز (۲۵٪) و پروتئاز (۳۰٪) مشاهده شد. کمترین فراوانی مربوط به تولید آنزیم های پکتیناز (۱۲٪) و سلولاز (۴٪) بوده است. فدرتمند ترین سویه ها مولد آنزیم ها در دو گروه باکتری و آرکی به شرح زیر بوده است: Longibacter/Natronoarchaeum (آمیلاز)، Bacillus (سلولاز)، Haloferax/Tamlnaduibacter (لیپاز)، Bacillus/Haloferax (پکتیناز)، Bacillus/Haloferax (پروتئاز)، Staphylococcus/Halococcus (اوره از). پژوهش حاضر به عنوان اولین گزارش در ارتباط با تنوع جمعیتی پروکاریوت های حوضچه های نمکی در ایران نشان داد این زیست گاه ها با تنوع پروکاریوتی بالا می توانند در تولید آنزیم های مفید در صنعت کارایی داشته باشند.

واژگان کلیدی: تنوع زیستی، آنزیم های هیدرولازی، حوضچه های نمکی، نمک دوست ها

Please cite this paper as: Hashemzahi A, Makhdoumi A, Asoodeh A. 2020. Culturable Diversity and Enzyme Production Survey of Halophilic Prokaryotes from a Solar Saltern on the Shore of the Oman Sea. *J Genet Resour* 6 (1): 1-11 doi: 10.22080/jgr.2020.17847.1170

روابط ژنتیکی برخی گونه‌های نعنای با استفاده از الگوی پروتئین ذخیره‌ای بذر

سهیلا افکار^{۱*}، رضا زند^۲

^۱ گروه اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۲ دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

چکیده

نعنایان گیاهان علفی چندساله با برگ‌های معطر هستند که برای اسانس‌شان کشت می‌شوند. اسانس نعنای در داروسازی، عطرسازی و لوازم آرایشی بکار می‌رود. هدف از این مطالعه تجزیه روابط بر اساس الگوی پروتئین ذخیره‌ای بذر با استفاده از روش SDS-PAGE بین نه ژنوتیپ مختلف *M. spicata* و *M. piperita* است که از مناطق مختلف ایران جمع‌آوری شده‌اند. الکتروفورگرام ۳۱ باند پروتئینی با وزن مولکولی ۱۰۳-۱۲ KDa را نشان داد. ژنوتیپ‌های G1, G5 و G9 بیشترین تعداد باند (۲۶) را نشان دادند در حالیکه کمترین تعداد باند (۹) در ژنوتیپ G7 وجود داشت. تجزیه کلاستر بر اساس الگوی پروتئین ذخیره‌ای بذر با استفاده از ماتریس فاصله اقلیدسی و روش UPGMA ژنوتیپ‌های مورد ارزیابی را در ۳ کلاستر گروه‌بندی کرد. پنج ژنوتیپ (G1, G4, G5, G8 و G9) در گروه یک قرار گرفتند و گروه دو شامل ژنوتیپ G3 بود و بقیه ژنوتیپ‌ها (G2, G6 و G7) در گروه سه قرار گرفتند. تجزیه کلاستر نشان داد برخی ژنوتیپ‌های دو گونه متفاوت *M. piperita* و *M. spicata* ارتباط نزدیکی با هم دارند و در یک گروه قرار گرفتند. با توجه به اینکه *M. piperita* یک هیبرید طبیعی بین *M. spicata* و *M. aquatica* می‌باشد این نتایج مورد انتظار است. آنالیز تغییرپذیری پروتئین بطور واضح نشان داد که تنوع در میان و بین ژنوتیپ‌های مورد مطالعه وجود دارد. نتیجه‌گیری می‌شود که این مطالعه برای برنامه اصلاح و نگهداری آینده ژنوتیپ‌های نعنای مفید می‌باشد.

واژگان کلیدی: تنوع ژنتیکی؛ نعنای؛ تغییرپذیری پروتئین؛ گیاه دارویی؛ مارکر بیوشیمیایی

Please cite this paper as: Afkar S, Zand R. 2020. Genetic relationships of some mint species using seed storage protein pattern. *J Genet Resour* 6 (1): 12-19 doi: 10.22080/jgr.2020.17610.1160

مقایسه اثرات هیدروالکلی، اتانولی و متانولی عصاره *Frangula alnus*: ترکیب شیمیایی، ضد میکروبی و سینرژیسیم

آرمین نجابت دوست^۱، حکیمه بقایی دائمی^۲، علی صالحزاده^{۳*}، سیده کبری عظیمی^۴، ساحره دارافکن^۱، فرشته فلاح دیگ سرا^۱،

مسلم پور ابراهیم^۵، رامین صیقلانی^۵

^۱ گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد رشت، رشت، ایران

^۲ آزمایشگاه کلیدی ایالتی توسعه محصولات تشخیصی دامپزشکی، دانشگاه کشاورزی هوژونگ، ووهان، هوبی، چین

^۳ گروه شیمی، دانشکده علوم، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

^۴ مرکز تحقیقات حوضه دریای خزر، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

^۵ پژوهشکده زیست فناوری ایران، سازمان تحقیقات آموزش و توسعه کشاورزی، رشت، ایران

چکیده

این مطالعه به منظور ارزیابی اثر حلال های استخراج مختلف از جمله هیدروالکلی، اتانولی و متانولی بر ترکیب شیمیایی و فعالیت هم افزایی ضد باکتریایی عصاره *Frangula alnus* علیه استافیلوکوکوس اورئوس و اشرشیا کلی انجام شد. ترکیب شیمیایی عصاره ی پوست درخت *Frangula alnus* با استفاده از طیف سنجی مادون قرمز تبدیل فوریه، طیف سنجی اشعه ماوراء بنفش و طیف سنجی جرمی کروماتوگرافی گازی مورد بررسی قرار گرفت. اثر هم افزایی و ضد میکروبی عصاره ها با سیپروفلوکساسین و اریترومايسين با استفاده از حداقل غلظت بازدارندگی، دیسک ترکیبی و روش تیتراسیون checkerboard بررسی شد. عصاره *Frangula alnus* حاوی آلکان، آلکن، فنل، الکل، استر، ترین، اسید چرب، تترازول، هالو آلکان، آنتراکینون و همچنین ترکیبات آروماتیک و plasticizer در عصاره های اتانولی، متانولی و هیدروالکلی بود. ترکیبات فنلی تام عصاره اتانولی، هیدروالکلی و متانولی به ترتیب $0.1 \pm 110/92$ ، $0.1 \pm 95/27$ و $0.2 \pm 126/6$ گرم در لیتر اسید گالیک اندازه گیری شد. عصاره های اتانولی و هیدروالکلی در هر دو شکل ترکیبی و هم افزایی به طور قابل توجهی رشد باکتری ها را مهار کردند. با توجه به اثرات ضد باکتریایی عصاره ها، تصور می شود که ترکیبات موجود در عصاره ها به طور موثری دیواره سلولهای باکتری را تخریب می کنند و نهایتاً منجر به آزاد شدن محتویات داخل سلولی می شوند. از اینرو این آنتی بیوتیک ها به همراه عصاره ها قادرند مکان های هدف را بطور موثرتری مورد حمله قرار دهند. با توجه به نتایج، عصاره های اتانولی، هیدروالکلی و متانولی در حالت هم افزایی با سیپروفلوکساسین و اریترومايسين می توانند کاندید مناسبی برای استفاده در مقابل پاتوژن های باکتریایی باشند.

واژگان کلیدی: اریترومايسين؛ آبی-الکلی؛ ترکیب شیمیایی؛ سیپروفلوکساسین؛ گالیک اسید

Please cite this paper as: Nejabatdoust A, Baghaei Daemi H, Salehzadeh A, Azimi SC, Darafkan S, Fallah Digsara F, Pourebrahim M, Seighalani R. 2020. Comparing of effects of hydro-alcoholic, ethanolic, and methanolic extracts of the *Frangula alnus*: Chemical composition, antimicrobial, and synergism. *J Genet Resour* 6(1): 20-33. doi: 10.22080/jgr.2020.2538

تنوع طبیعی در شش جمعیت همیشه بهار (*Calendula officinalis* L.): یک مطالعه کاربوتیپی

مریم فلاحی^۱، عبدالله محمدی^۲، سید مهدی میری^{۱*}

^۱ گروه باغبانی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

^۲ گروه اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

چکیده

در تحقیق حاضر، تجزیه و تحلیل کاربوتیپ و ویژگی های کروموزومی شش جمعیت همیشه بهار (*Calendula officinalis* L.) از ایران مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که همه جمعیت ها دیپلوئید ($2n = 2x = 32$) و دارای کاربوتایپ متقارن بودند که عمدتاً از کروموزومهای متاستریک و ساب متاستریک تشکیل شده اند. میانگین طول کروموزوم ها از $1/05$ میکرومتر در جمعیت کرج تا $1/50$ میکرومتر در جمعیت مسجد سلیمان متغیر بود. طول ژنوم هاپلوئید در دامنه $16/89$ تا $24/07$ میکرومتر و میانگین شاخص سانترومر (CI) $0/38$ تا $0/44$ بود که نشانگر نقش تغییرات ژنومی کمی در تنوع جمعیت های *C. officinalis* است. تجزیه و تحلیل خوشه ای با استفاده از پارامترهای کروموزومی به روش UPGMA طبقه بندی جمعیت های مورد مطالعه را در سه گروه اصلی قرار داد. علاوه بر این، تجزیه به مؤلفه های اصلی نشان داد که دو مؤلفه اول $99/8\%$ از واریانس کل را تشکیل می دهند. نتایج مطالعه حاضر، تنوع طبیعی را در شش جمعیت *C. officinalis* نشان داد که می تواند به برنامه های حفاظت و اصلاح این گونه کمک کند.

واژگان کلیدی: تعداد کروموزومی؛ آنالیز خوشه، تنوع ژنتیکی؛ کاربولوژی؛ گل مروارید

Please cite this paper as: Fallahi M, Mohammadi A, Miri SM. 2020. The natural variation in six populations of *Calendula officinalis* L.: A karyotype study. *J Genet Resour* 6(1): 34-40. doi: 10.22080/jgr.2020.2541

بررسی *in silico* و بیان پروتئین فیوز شده Osmotin-EAAAK-LTP

مینو پرتوی نصر، مصطفی مطلبی، محمدرضا زمانی^{*}، عصمت جورابچی
پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری (NIGEB)، تهران، ایران

چکیده

عوامل قارچی سبب بوجود آمدن مشکلات متعددی در صنعت کشاورزی می‌شوند. گیاهان از مکانیسم‌های دفاعی مختلفی برای مقاومت علیه عوامل بیماریزای قارچی استفاده می‌کنند. ساختن سد فیزیکی، تولید ترکیبات شیمیایی و تولید پروتئین‌های مرتبط با بیماریزایی مانند LTP و اسموتین که می‌تواند مانع رشد قارچ در غلظت‌های بسیار کمی شوند، مثال‌هایی از این مکانیسم‌ها هستند. در این مطالعه، ژنهای اسموتین و LTP بوسیله لینکر EAAAK برای ایجاد یک سازه واحد به یکدیگر فیوز شدند. مطالعات *in silico* برای پیش‌بینی و تحلیل پروتئین فیوز شده Osmotin-EAAAK-LTP بکار گرفته شد. ساختار دوم و سوم و شکل‌گیری mRNA پروتئین فیوز شده با ابزارهای بیوانفورماتیکی پیش‌بینی شدند. سازه طراحی شده بصورت شیمایی سنتز و در وکتور کلونینگ pUC57 کلون و برای بیان پروتئین فیوز شده، ژن در وکتور بیانی (+) pET-21 با توالی هگزا هستیدین کلون شد. برای بیان پروکاریوتی این ژن از باکتری E. coli BL21 (DE3) استفاده گردید و شرایط بیانی مختلفی برای بیان پروتئین فیوز شده مورد بررسی قرار گرفت. پروتئین فیوز شده در دمای 28 °C با 1 mM IPTG بعد از سه ساعت انکوباسیون بیان شد و سپس بیان پروتئین با روش وسترن بلات مورد تایید قرار گرفت. مطالعه فعالیت ضدقارچی پروتئین فیوز شده با استفاده از آزمون نشر شعاعی بررسی شد. این پروتئین توانایی این را داشت که در شرایط *in vivo* فعالیت ضد قارچی بر علیه قارچهای بیماریزای گیاهی مورد بررسی نشان دهد.

واژگان کلیدی: فعالیت ضدقارچی؛ *in silico*؛ اسموتین؛ LTP؛ پروتئین‌های مرتبط با بیماریزایی

Please cite this paper as: Partovi Nasr M, Motallebi M, Zamani MR, Jourabchi E. 2020. *In silico* analysis and expression of osmotin-EAAAK-LTP fused protein. J Genet Resour 6(1): 41-48. doi: 10.22080/jgr.2020.17859.1171

در نمونه های پارافینه استئوسارکومای انسانی می تواند به عنوان مارکر Survivin بیان تشخیصی مورد استفاده قرار گیرد

اسماعیل بابائی^۱، بژدر محمود حسین^۲، مریم عابدی^۱، هیوا جلال عزیز^۱

^۱ گروه علوم جانوری، دانشکده علوم طبیعی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

^۲ کالج داروسازی، دانشگاه علوم پزشکی هاوولار، اربیل، عراق

چکیده

استئوسارکوما شایعترین تومور بدخیم استخوان با بروز بالا در دهه های دوم و سوم زندگی می باشد. تشخیص بیماران استئوسارکوما محدود به پارامترهای کلینیکی-پاتولوژیکی است و مارکرهای مولکولی بروز و پیشروی تومور هنوز شناخته نشده است. ما بیان ژن ضد آپوپتوزی Survivin را در نمونه های استئوسارکوما مطالعه کردیم. حدود ۳۵ نمونه بلوک های پارافینه شامل ۲۵ نمونه توموری و ۲۰ نمونه از حاشیه غیر توموری جمع آوری گردید. بیان Survivin با استفاده از Real-time PCR و ایمنوهیستوشیمی انجام شد. نتایج ما نشان داد که Survivin در نمونه های استئوسارکوما نسبت به نمونه های حاشیه غیر تومور به طور معنی داری بیان می شود. Real-time PCR نشان داد که Survivin در نمونه های استئوسارکوما نسبت به حاشیه های توموری بیش بیان می شود ($p < 0.01$). علاوه بر این، IHC نشان داد که پروتئین Survivin به طور غالب در مناطق توموری بلوک های پارافینی دیده می شود. نتایج ما نشان می دهد که بیان Survivin در استئوسارکوما دچار اختلال شده که می تواند به عنوان فاکتور تشخیصی در مطالعات آینده در نظر گرفته شود.

واژگان کلیدی: مارکر توموری؛ Real-time PCR؛ بلوک های FFPE؛ ایمنوهیستوشیمی

Please cite this paper as: Babaei E, Hussen BM, Abedi M, Azeez HJ. 2020. Expression of survivin in the formalin-fixed, paraffin-embedded specimens of human osteosarcoma may be used as a diagnostic marker. *J Genet Resour* 6(1): 49-53. doi: 10.22080/jgr.2020.18366.1175

بررسی پلی مورفیسم‌های ژن IL-33 (rs11792633C/T و rs1157505C/G) و خطر توبرکلوزیس در جنوب شرق ایران

طیبه باران‌زهی^۱، شهربانو کریمی دوانی^۲، دُر محمد کردی تمندانی^۱

^۱ گروه زیست شناسی، دانشگاه سیستان و بلوچستان، زاهدان، ایران

^۲ مرکز جامع ژنتیک جنوب کشور، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران

چکیده

سل یک بیماری عفونی مهیم است که به طور کلی ریه‌ها را تحت تأثیر قرار می‌دهد. در برخی موارد می‌تواند بر کبد و کلیه تأثیرگذار باشد. ژنتیک میزبان ممکن است، بر سل ناشی از باسیلوس مایکوباکتریوم توبرکلوزیس، تأثیر بگذارد. عمده فاکتورهای خطر این بیماری، ضعف سیستم ایمنی بدن به دلیل HIV / AIDS، دیابت، بیماری شدید کلیوی، برخی سرطانها، درمان سرطان و سوء تغذیه می‌باشند. اینترلوکین-۳۳ در فعال سازی mast cell ها، ائوزینوفیل ها، بازوفیل ها و سلول های کشنده طبیعی و بلوغ سلول های Th2 نقش دارد. محافظت در برابر سل به رشد TH1 و پاسخ های سلول T CD8(+) مرتبط است. IL-33، در حال حاضر با نمو هر دو نوع سلولهای ایمنی T CD8(+) و CD4(+) مرتبط است. هدف از این مطالعه بررسی، ارتباط بین عفونت مایکوباکتریوم توبرکلوزیس و پلی مورفیسم های ژن اینترلوکین-۳۳ (rs1157505C / G & rs11792633C / T) با سل، در نمونه های بیمار و سالم، در ناحیه با شیوع بالای این بیماری در ایران است. در این مطالعه ۱۰۰ بیمار مبتلا به بیماری سل و ۹۱ فرد سالم وارد مطالعه شدند. پلی مورفیسم ژن IL-33 توسط تکنیک T-ARMS-PCR ژنوتایپ شد. آنالیز ترکیب های دیپلو تیپ بین پلی مورفیسم های IL-33 نشان داد که، میزان ارتباط برای ژنوتیپهای CC / CT ترکیب شده بیشتر بود. هر چند، از لحاظ آماری تفاوتها معنی دار نبود. ژنوتیپ CT مربوط به پلی مورفیسم C / T ژن IL-33 خطر ابتلا به سل را افزایش داد. ژنوتیپهای ترکیبی CG + GG مربوط به پلی مورفیسم C / G ژن IL-33 همچنین خطر ابتلا به سل را افزایش داد، اما این اختلاف از نظر آماری معنی دار نبود. در نتیجه، پلی مورفیسم ژن IL-33 ممکن است به عنوان عامل مهمی در ایجاد سل در ایران در نظر گرفته شود.

واژگان کلیدی: باسیلوس، IL-33، rs1157505 C/G، rs11792633 C/T؛ توبرکلوزیس

Please cite this paper as: Baranzehi T, Karimi-Davani S, Kordi-Tamandani DM. 2020. Analysis of IL-33 gene polymorphisms (rs1157505C/G and rs11792633C/T) and the risk of tuberculosis in Southeastern Iran. *J Genet Resour* 6(1): 54-59. doi: 10.22080/jgr.2020.17777.1166.

بررسی بیان RNA های بلند غیر کد کننده HNF1A-AS1 و MVIH و اهمیت بالینی آنها در سرطان معده انسان

حسن رحیمی تمندگانی^۱، پروانه نیک پور^۲، مجتبی عمادی بایگی^۳ و

^۱ گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

^۲ مرکز تحقیقات رشد و نمو کودکان، پژوهشکده پیشگیری اولیه از بیماری های غیر واگیر، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

^۳ گروه ژنتیک و زیست شناسی مولکولی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

^۴ پژوهشکده زیست فناوری، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

چکیده

سرطان معده یکی از شایع ترین سرطان ها در جهان است. تشخیص دیر هنگام، علت اصلی بالا بودن میزان عدم موفقیت درمان و مرگ در بیماران مبتلا به سرطان معده است؛ بنابراین شناسایی اساس مولکولی ایجاد سرطان و متاستاز به منظور توسعه روشهای کارآمد برای تشخیص زودهنگام و درمان بسیار مهم است. RNA های بلند غیر کد کننده (lncRNAs) بزرگترین گروه RNA های غیر کد کننده هستند، که در فرایندهای ایجاد سرطان درگیر هستند. با توجه به نقش RNA های بلند غیر کد کننده HNF1A-AS1 و MVIH در بیماری زایی و پیشرفت سرطان، هدف ما در این مطالعه بررسی پروفایل بیانی و اهمیت بالینی این دو ژن در بیماران مبتلا به سرطان معده است. در این تحقیق از PCR در زمان واقعی (Real time PCR) برای ارزیابی بیان نسبی ژن در ۶۰ نمونه بافت معده توموری و غیر توموری استفاده شد. همچنین ارتباط بین بیان ژن و ویژگی های بالینی نیز مورد بررسی قرار گرفت. همچنین داده های بیانی ژن HNF1A-AS1 و داده های بالینی مربوط به ۳۱۸ نمونه سرطان معده از پایگاه داده TCGA دریافت شد. نتایج نشان داد، ژن HNF1A-AS1 در بافت های سرطانی معده دچار کاهش بیان شد اما ژن MVIH هیچ تغییر بیان معنی داری را در بافت های سرطانی معده نشان نداد. بر خلاف این، بیان ژن HNF1A-AS1 در نمونه های توموری TCGA نسبت به نرمال به طور قابل توجهی بالاتر بود. علاوه بر این، بیان HNF1A-AS1 با متاستاز در ارتباط بود و بیان MVIH با درجه و مرحله تومور ارتباط نشان داد. سطح بیان HNF1-AS1 ارتباط معنی داری با میزان بقای کلی بیماران مبتلا به سرطان معده نشان نداد. در مجموع، ژن های HNF1-AS1 و MVIH ممکن است نقش مهمی در پیشرفت سرطان معده داشته باشند. مطالعات عملکردی در مورد مکانیسم عمل این دو RNA بلند غیر کد کننده می تواند به درک نقش آنها در پیشرفت سرطان کمک کند.

واژگان کلیدی: سرطان معده؛ بیان ژن؛ lncRNA؛ HNF1A-As1؛ MVIH

Please cite this paper as: Rahimi-Tamandegani H, Nikpour P, Emadi-Baygi M. 2020. Evaluation of long non-coding RNAs: HNF1A-AS1 and MVIH expressions and their clinical significance in human gastric cancer. *J Genet Resour* 6(1): 60-68. doi: 10.22080/jgr.2020.18350.1173

بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان (*Triticum aestivum*) با استفاده از نشانگرهای مولکولی ISSR و RAPD

زلیخا نظرزاده^۱، حبیب عنصری^۲، سمیه اکرمی^۳

^۱ گروه ژنتیک، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تبریز، تبریز، ایران

^۲ گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد مرند، مرند، ایران

^۳ گروه زیست‌شناسی گیاهی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد مرند، مرند، ایران

چکیده

اهمیت زراعت غلات و بویژه گندم از نظر تأمین غذای انسان و دام و تأثیر آن بر اقتصاد جوامع بشری امری آشکار است. کاهش تنوع ژنتیکی ارقام مختلف از افزایش عملکرد در زمینه تقاضا و مصرف جلوگیری می‌کند. لذا لازم است در راستای بهبود سازگاری و افزایش وسعت ژنتیکی آن‌ها گام برداشت. در این تحقیق تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های گندم نان ایرانی با استفاده از مارکرهای مولکولی RAPD و ISSR مورد بررسی قرار گرفت. ۱۷ نشانگر RAPD و ۱۶ نشانگر ISSR به ترتیب ۸۶ (۸۶/۸۶٪) و ۵۶ (۵۷/۵٪) باند پلی‌مورفیک ایجاد کردند. تجزیه خوشه‌ای به روش UPGMA و دندروگرام ترسیم شده با استفاده از نرم‌افزار NTSYSpc 2.02 سه خوشه اصلی آشکار نمود. بیشترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های CD-89-2 و CD-89-7 و کمترین فاصله ژنتیکی بین ژنوتیپ‌های CD-89-2 و CD-89-3 وجود داشت. بر اساس ماتریس فاصله ژنتیکی Nei، متوسط تعداد باندهای موثر، شاخص شانون و درصد پلی‌مورفیسم به ترتیب ۱/۳۸۱، ۰/۳۳۲ و ۸۷/۱۲٪ محاسبه گردید. نتایج ما نشان‌داد بررسی مارکرهای مولکولی RAPD و ISSR روش‌های مناسبی برای مطالعه تنوع و ارتباط میان ژنوتیپ‌های *T. aestivum* می‌باشد.

واژگان کلیدی: تنوع ژنتیکی، مارکرهای مولکولی، RAPD، ISSR، گندم نان

Please cite this paper as: Nazarzadeh Z, Onsori H, Akrami S. 2020. Nazarzadeh Z, Onsori H, Akrami S. 2020. Genetic diversity of Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Genotypes Genotypes using RAPD and ISSR molecular markers. *J Genet Resour* 6(1): 69-76. doi: 10.22080/jgr.2020.18262.1172

عملکرد *miR-490-5p* با هدف ژن *NFATc4* بعنوان یک OncomiR در سرطان پستان

امیرحسین نیک فرجام*، محسن غلامی

گروه علوم آزمایشگاهی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کاشان، کاشان، ایران

چکیده

سرطان پستان یکی از جدی ترین بیماری ها در زنان جهان می باشد. MicroRNA ها دسته ای از RNA های کوچک تنظیمی و فاقد با طول ۱۸-۲۵ نوکلئوتید هستند که در تغییر بیان ژن هدف می توانند نقش ایفا کنند. *Mir-490* در سرطان پستان با هدف ژنی متفاوت، NFAT و Rho، بعنوان انکوژن و مهارکننده تومور عمل می کند. NFAT5 یکی از اعضای خانواده NFAT بعنوان یکی از اهداف *miR-490* مورد بررسی قرار گرفته است اما، ارتباط بین دو عضو دیگر NFAT شامل NFATc3، NFATc4 و *miR-490-5p* تاکنون مورد بررسی قرار نگرفته است. به غیر از NFAT5 سایر اعضای خانواده NFAT به میزان Ca^{2+} درون سلول، یا از طریق فعال شدن مسیر γ -PLC یا کلسیم ذخیره ای در سلول، جهت فعال شدن سلول T وابسته می باشند. در مطالعه حاضر، نمونه گیری از بیماران مبتلا به سرطان پستان به تعداد ۳۰ نفر و ۳۰ نفر سالم جهت کنترل انجام شد. تغییرات بیان دو ژن *NFATc4*، *NFATc3* و *miR-490-5p* توسط qRT-PCR مورد بررسی قرار گرفت. براساس نتایج بدست آمده، برای ژن *NFATc4* کاهش معنی دار بیان در نمونه بیماران مشاهده شد ($p < 0.05$). همچنین برای *miR-490-5p* در نمونه بیماران نسبت به گروه کنترل افزایش معنی دار بیان مشاهده شد ($p < 0.05$). برای ژن *NFATc3* تغییرات معناداری در بیان مشاهده نگردید ($p > 0.05$). نتیجه کلی این مطالعه نشان داد، NFATc4 بعنوان هدف *hsa-miR-490-5p* می باشد و با نقش oncomiR، سبب کاهش بیان *NFATc4* که منجر به کاهش فعالیت سلول T و گسترش تومور می گردد.

واژگان کلیدی: *hsa-miR-490-5p*؛ *NFATc4*؛ *NFATc3*؛ سرطان پستان؛ PBMCs

Please cite this paper as: Nikfarjam AH, Gholami M. 2020. *Mir-490-5p* functions as an oncomiR in breast cancer by targeting NFATc4. *J Genet Resour* 6(1): 77-84. doi: 10.22080/jgr.2020.18492.1177.