

گیاه کبر (*Capparis spinosa*): بررسی تغییرات مورفواکولوژیک در جمعیت‌های مختلف ایران

سکینه نجفیان^۱، ایرج مهرگان^۱، علیرضا ایران بخش^{۱*}، مصطفی اسدی^۲ و سیلیویو فیچی^۳

^۱گروه زیست‌شناسی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

^۲پژوهشکده جنگل‌ها و مراتع، باغ گیاه‌شناسی ملی ایران، تهران، ایران

^۳گروه علوم کشاورزی و جنگلداری، دانشگاه پالمو، پالمو، ایتالیا

چکیده

گیاه کبر یا کاپاریس اسپینوزا (*Capparis spinosa*) به طور طبیعی از سواحل آتلانتیک جزیره قناری و مراکش تا دریای سیاه، کریمه و ارمنستان و ضلع شرقی دریای خزر در ایران رشد می‌کند. گونه‌های *Capparis* به عنوان منبعی برای دارو، غذا، بهبود حاصلخیزی خاک، تثبیت تپه‌های شنی، سوخت، چوب و خوراک دام ارزشمند هستند. در این تحقیق، شانزده جمعیت *C. spinosa* از نقاط مختلف ایران جمع‌آوری شده و داده‌های کمی و کیفی شخصیت‌های مورفولوژیکی اصلاح شد. تجزیه و تحلیل آماری چند متغیره برای شخصیت‌های ریخت‌شناختی جمعیت *Capparis* انجام شد. جمعیت‌ها با استفاده از روش خوشه‌بندی سلسله‌مراتبی وارد به دو گروه اصلی طبقه‌بندی شدند. ما نشان دادیم که برخی از شرایط آب و هوایی با شخصیت‌های مورفولوژیکی ارتباط دارد. داده‌های به دست آمده با (میانگین = ۰؛ واریانس = ۱) استاندارد شدند و برای تخمین فاصله اقلیدسی برای تجزیه و تحلیل خوشه‌بندی و ترتیب استفاده شدند. تجزیه و تحلیل مولفه‌های اصلی (PCA) برای شناسایی متغیرترین شخصیت‌های مورفولوژیکی در میان جمعیت مورد مطالعه استفاده گردید. تجزیه و تحلیل افزونگی (RDA) به مجموعه داده‌های ۹ متغیر محیطی توضیحی (میزان بارندگی و دما سالانه، تعداد روزهای یخبندان، رطوبت نسبی، تبخیر-تعرق احتمالی، حداقل و حداکثر دمای مطلق، حداقل دمای سردترین ماه سال و حداکثر دمای گرم‌ترین ماه) اعمال شد. در فلورای ایران و *Flora Iranica*، *C. spinosa* و *C. sicula* مترادف در نظر گرفته می‌شوند، که با این مطالعه بهبود می‌یابند.

واژگان کلیدی: *Capparis spinosa*؛ عوامل اقلیمی؛ ویژگی ریخت‌شناسی؛ تنوع مورفواکولوژیک

Please cite this paper as: Iranbakhsh A, Najafian S, Mehregan I, Assadi M, Fici S. 2021. *Capparis spinosa* (Capparaceae); a survey on morpho-ecologic variation for different populations of Iran. *J Genet Resour* 7(2): 156-165. doi: 10.22080/jgr.2021.20894.1240

بررسی تنوع و ساختار ژنتیکی زرده کیجا در جنگل هیرکانی با استفاده از نشانگر ریزماهواره

فریا عبدالرحمانی^۱، حامد یوسف زاده^{۱*} و قاسمعلی پاراد^۲

^۱ گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس، نور، مازندران، ایران

^۲ گروه جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس، نور، مازندران، ایران

چکیده

قارچ زردکیجا (*Cantharellus* spp.) یکی از پراستفاده ترین قارچ‌های اکتومایکوریز در جهان است که با گونه های مختلف گیاهی جوامع مایکوریزی را تشکیل می دهد و نقش اکولوژیکی مهمی را در اکوسیستم‌های جنگلی ایفا می کند. در این تحقیق برای نخستین بار تنوع و تمایز ژنتیکی این قارچ در جنگل هیرکانی با استفاده از نشانگر ریزماهواره داخل ناحیه فاصله انداز رونویسی شده ریبوزومی (ITS) مورد بررسی قرار گرفت. بدین منظور، ۷۰ نمونه قارچ از شش جمعیت این گونه در جنگل های هیرکانی (جمعیت‌های گرگان، نکا، ساری، نور، چالوس و رشت) جمع آوری و نواحی ریزماهواره تکثیر شد. نتایج نشان داد تعداد آل‌های مشاهده شده از ۵ تا ۷ و هتروزیگوسیتی مورد انتظار از ۰/۳۲ تا ۰/۶۴ بود. تجزیه و تحلیل AMOVA نشان داد که بیشترین بخش از تنوع ژنتیکی مربوط به درون جمعیت (۹۵ درصد) و حدود پنج درصد مربوط بین جمعیت‌ها است. میانگین ضریب تمایز (Fst) برابر ۰/۰۹۶ است که نشانگر تمایز ژنتیکی متوسط بین جمعیت‌های مورد مطالعه است. میانگین ضریب درون آمیزی (Fis) و جریان ژن (Nm) به ترتیب ۰/۸۵ و ۲/۵۰ بود. اکثر جایگاه‌های آللی مورد مطالعه، انحراف از تعادل هاردی واینبرگ نشان دادند. آنالیز چشم انداز ژنتیکی نشان داد که بیشترین فاصله ژنتیکی دو به دو بین افراد در جمعیت‌های مرکزی جنگل هیرکانی وجود دارد. این مطالعه نشان داد که اندازه جمعیت موثر زرده کیجا در جنگل هیرکانی کاهش یافته و بر لزوم تدوین استراتژی حفاظتی موثر تأکید دارد. با این حال، پیشنهاد می شود تحقیقات در مورد این گونه با استفاده از نشانگرهای قوی تر و تعداد جمعیت بیشتر برای افزایش دقت نتایج تکرار شود.

واژگان کلیدی: ژنتیک حفاظت؛ اکتومیکوریز؛ قارچ خوراکی؛ جنگل‌های هیرکانی

بررسی تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک و تکاملی محصول ژنی تجمع کننده در اواخر دوره جنین زایی (LAE) در گونه های خانواده گندمیان

داریوش چوبینه^۱، نفیسه مهدی نژاد^{۱*}، علی نیازی^۲، براتعلی فاخری^۱ و عباسعلی امام جمعه^۱

^۱گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی دانشکده کشاورزی، دانشگاه زابل، زابل، ایران

^۲پژوهشکده بیوتکنولوژی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

چکیده

پروتئین های اعضای خانواده LEA (پروتئین های تجمعی در اواخر دوره جنینی) گروهی از پروتئین های آب دوست القا شده در شرایط تنش ها به شمار می آیند که در پاسخ سلول ها به کم آبی در سیتوپلاسم سلول تجمع می یابند. در این تحقیق، یک تجزیه و تحلیل جامع و مقایسه ای فیلوژنتیکی روی توالی های پروتئینی اعضای این خانواده در گونه های خانواده گندمیان انجام شد. برای این منظور، توالی های پروتئینی خانواده LEA در گونه های خانواده گندمیان با انجام جستجوی توالی *Hval* در پایگاه داده پروتئین توسط ابزار جستجوی Blastx به دست آمد و با استفاده از ابزار بیوانفورماتیکی Clustal Omega همتراز شده و توالی های حفاظت شده در طول هر توالی پروتئینی با کمک نرم افزارهای بیوانفورماتیکی مجموعه MEME جستجو و مورد بررسی قرار گرفت، همچنین رابطه تکاملی میان توالی های پروتئینی اعضای این خانواده با نرم افزار مطالعه روابط تکاملی توالی های بیولوژیکی MEGA ارزیابی گردید. نتایج حاصله نشان داد تشابه بسیار زیادی بین توالی های پروتئینی نه تنها در مورد توالی های درون یک گونه بلکه در بین توالی های بین گونه های این خانواده وجود دارد. گروه بندی توالی ها نشان داد توالی های پروتئینی این خانواده به دو زیرگروه بزرگ تقسیم می شوند. نرخ جایگزینی در جفت توالی های همتراز شده این خانواده پروتئینی در گندمیان به طور متوسط ۰/۴۰۲۲ اسید آمینه در هر جایگاه همتراز شده محاسبه شد. نتایج بررسی نشان داد توالی های پروتئینی این خانواده حاوی درصد قابل توجهی اسید آمینه گلیسین بوده و اسید آمینه های سیستئین و تریپتوفان مشاهده نشد. همچنین بررسی های تکاملی نشان دهنده وقوع همولوژی در زیرگروه های اعضای این خانواده قبل از واگرایی در گونه ها می باشد. با این وجود، به نظر می رسد گسترش تعداد ژن های کدکننده این پروتئین در گونه های گندمیان، حاصل وقایع ناشی از مضاعف شدن این توالی ها و نه ظهور نسخه های تغییر یافته ژنتیکی ژن ها باشد. داده های به دست آمده بینش و مسیر جدیدی برای مطالعات بیشتر در مورد اعضای این خانواده پروتئینی فراهم می کند.

واژگان کلیدی: خانواده پروتئینی تجمعی LEA؛ آنالیز تکاملی؛ اواخر دوره جنینی؛ آنالیز فیلوژنتیک؛ خانواده گندمیان

Please cite this paper as: Choobineh D, Mahdinezhad N, Niazi A, Fakheri B, Emamjomeh A. 2021. Phylogenetic and evolutionary analysis of the late embryogenesis abundant (IEA) gene product in Poaceae. *J Genet Resour* 7(2): 174-187. doi: 10.22080/jgr.2021.20336.1229.

تولید آنزیم لیپاز توسط باکتری نمک دوست *Halobacillus truperi* AR11 جداسده از تالاب بین المللی میانکاله

صدیقه رجایی ملکی^۱، باقرسیدعلیپور^{۲*}، سلمان احمدی اسب چین^۱ و غلامحسین ریاضی^۳

^۱ گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران
^۲ گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران
^۳ گروه بیوشیمی، مرکز تحقیقات بیوشیمی و بیوفیزیک، دانشگاه تهران، تهران، ایران

چکیده

لیپازها به دلیل هیدرولیز آسیل گلیسرول و روغن‌ها، از اهمیت ویژه‌ای برخوردار هستند و برای کاربردهای مختلف صنعتی بسیار مورد توجه هستند. لیپازهای زیادی وجود دارند که توسط برخی از میکروارگانیسم‌های نمک دوست تولید می‌شوند. باکتری‌های نمک دوست توانایی بیشتری در تولید آنزیم‌های مقاوم به شرایط نمکی و حرارتی مانند آمیلازها، پروتئازها و لیپازها دارند. از آنجا که اکثر عملکردهای آنزیم‌های صنعتی ممکن است توسط محلول‌های نمکی غلیظ و دمای بالا متوقف شود. بنابراین، آنزیم‌های تولیدی توسط باکتری‌های نمک دوست که فعالیت مطلوب در طیف وسیعی از دماها و pH مختلف دارند، به عنوان بیوکاتالیست مناسب در فرآیندهای صنعتی در نظر گرفته می‌شوند. در این مطالعه، باکتریهای نمک دوست تولید کننده لیپاز از طریق روش مستقیم و با استفاده از محیط مخصوص، جدا شدند. فعالیت لیپاز با استفاده از روش‌های تیتراسیون اندازه گیری شد. سه سویه نمک دوست (AR11، AR18 و AR28) از تالاب میانکاله جدا شد و برای تولید آنزیم‌های هیدرولیتیک و فعالیت لیپولیتیک غربال شد. از بین سه جدایه، یک سویه برای شناسایی با استفاده از روش‌های مولکولی و برخی ویژگی‌های ریخت شناسی انتخاب شد. باکتری *Halobacillus truperi* AR11 با فعالیت لیپاز 0/1 U/mL ± 1/82 به عنوان بهترین ایزوله تولید کننده لیپاز انتخاب شد. آنزیم لیپاز تولید شده توسط این ایزوله برای تعیین فعالیت بهینه آن مورد سنجش قرار گرفت. اثر pH، غلظت نمک و دماهای متفاوت بر فعالیت لیپاز اندازه گیری شد. pH مطلوب برای رشد سویه مورد نظر 9 اندازه گیری شد، در حالی که درجه حرارت مطلوب و غلظت نمک برای فعالیت لیپاز به ترتیب 45 °C و 5٪ تعیین گردید. این مطالعه اولین گزارش از جداسازی و شناسایی مولکولی باکتریهای نمک دوست تولید کننده آنزیم لیپاز از تالاب میانکاله می‌باشد.

واژگان کلیدی: باکتری نمک دوست؛ فعالیت لیپاز؛ *Halobacillus truperi*؛ تالاب میانکاله

Please cite this paper as: Rajaei-Maleki S, Seyedalipour B, Ahmady Asb-chin S, Riazi Gh. 2021. Production of lipase by isolated halophile, *Halobacillus* sp. strain AR11 from international Miankaleh wetland. *J Genet Resour* 7(2): 188-195. doi: 10.22080/jgr.2021.20826.1237

بررسی فلورستیکی زیر اشکوب قره‌قاج (*Anagyris foetida* L.) در استان کرمانشاه (ایران)

محبوبه غلامی^۱، رضا حسین حیدری^۱، سید محمد معصومی^{۲*}

^۱گروه منابع طبیعی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه رازی کرمانشاه

^۲گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه رازی، کرمانشاه

چکیده

جنگل‌های غرب ایران، از غنی‌ترین منابع بیولوژیکی ایران به‌شمار می‌روند و مراتع زیر اشکوب این جنگل‌ها تأمین‌کننده قسمت اعظم علوفه مورد نیاز دام‌های عشایر و روستاییان منطقه است، بنابراین تحقیق در مورد این جنگل‌ها و پوشش گیاهی زیراشکوب آنها بسیار ضروری به‌نظر می‌رسد. در این تحقیق، منطقه مورد مطالعه بخشی از اکوسیستم جنگلی زاگرس میانی واقع در منطقه کاسه‌کران گیلانغرب است که به لحاظ ویژگی‌های ساختاری و ریشی از تنوع گیاهی بالایی برخوردار می‌باشد. هدف از این تحقیق دستیابی به تأثیر تاج پوشش گونه درختچه‌ای قره‌قاج به‌عنوان گیاه پرستار در شناسایی گونه‌های همراه و نیز شناسایی فلور منطقه است. بدین منظور، تعداد ۵۵ نمونه براساس الگوی منظم تصادفی با ابعاد شبکه ۱۰۰*۱۰۰ متر برداشت شد. با پیاده کردن میکروپلات ۱×۱ متر در هر قطعه نمونه، تعداد کل گیاهان کف به تفکیک گونه برداشت گردید و در فرم آماربرداری ثبت شد. نتایج حاصل از پیمایش زمینی جنگل‌های منطقه نشان داد که در مجموع گونه قره‌قاج با ۶۱/۵ درصد بیشترین درصد پوشش را داشته و از نظر پوشش گیاهی کف، جمعا ۳۳۳ گونه گیاهی خودرو از ۵۸ تیره و ۲۲۵ جنس جمع‌آوری و شناسایی گردیدند. تیره کاسنی (Asteraceae) با حدود ۱۹٪ بیشترین تعداد گونه‌های گیاهی را در مقایسه با سایر تیره‌ها به خود اختصاص داد. از نظر شکل‌های زیستی گیاهان، بیشترین درصد فراوانی مربوط به شکل‌های زیستی تروفیت و همی‌کریپتوفیت با ۴۱٪ بودند. از نظر کورولوژی بیشترین فراوانی مربوط به عناصر ایران- تورانی (۶۶٪) و مناطق مدیترانه ای (۹٪)، ایران-تورانی، مدیترانه و یورو-سیبری (۸٪)، ایران- تورانی و یورو-سیبری (۷٪) و ۱۰ درصد باقی مانده مربوط به گونه‌هایی با سایر توزیع‌های جغرافیایی به خود اختصاص داده بودند. اگرچه محدوده کاسه کران از نظر جغرافیای گیاهی در ناحیه ایران تورانی قرار گرفته است ولی عناصری از ناحیه مدیترانه‌ای و صحرا- سندی به این منطقه نفوذ کرده اند. از این رو با توجه به تنوع پوشش گیاهی منطقه کاسه کران و وجود گونه شاخص این منطقه از جنبه‌های مختلف حائز اهمیت است. از این رو حضور بالای قره‌قاج، تنوع فلورستیکی و پوشش گیاهی منطقه کاسه کران از اهمیت بسزایی برخوردار است.

واژگان کلیدی: شکل زیستی؛ کورولوژی؛ فلور؛ کاسه کران؛ جنگل زاگرس

تشخیص سریع آنیوپلوئیدی در نمونه های جنین سقط شده خود به خودی با استفاده از روش PCR فلورسانس کمی: یک مطالعه توصیفی

حمیدرضا شریف زاده^۱، مجید تفریحی^{۲*}، نورالدین مرادی^۱، نغمه قلی پور^۱

^۱گروه ژنتیک، موسسه آموزش عالی سنا، ساری، مازندران، ایران

^۲گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، مازندران، ایران

چکیده

آنوپلوئیدهای کروموزومی بیشترین ناهنجاری های کروموزومی در بدو تولد ناشی از اشتباهات میوز I مادری است. حاملگی هایی که در آن ها جنین ها با آنیوپلوئیدهای کروموزومی اتوزومال زنده مانده اند یعنی تریزومی ۱۳ (سندرم پاتائو)، ۱۸ (سندرم ادوارد) و ۲۱ (سندرم داون)، ۸۹٪ از ناهنجاری های کروموزومی را تشکیل می دهند. واکنش زنجیره ای پلیمرز فلورسنت کمی (QF-PCR) که توالی DNA مشخصی به نام تکرارهای پشت سرهم کوتاه (STR) را تکثیر می کند، با استفاده از آغازگرهای دارای برجسب فلورسنت، یک روش سریع برای تشخیص آنیوپلوئیدهای رایج قبل از تولد است. در این مطالعه، استخراج DNA از ۱۰۰ نمونه جدا شده از بافت ماهیچه ای جنین های سقط شده انجام شد. آنالیز نمونه ها با روش multiplex QF-PCR و با استفاده از پانل ۲۵ نشانگر تکرار پشت سرهم کوتاه (STR) برای کروموزوم های X، Y، ۱۳، ۱۸ و ۲۱ انجام شد. نتایج ما نشان داد که ۲۰٪ موارد سقط جنین به دلیل آنیوپلوئیدی بوده است. ۵۳٪ مادرانی که سقط جنین داشته اند ۳۵-۳۶ ساله و ۳۲٪ مادران ۳۶-۴۵ ساله بودند. نتایج نشان داد که ۲۰ نمونه ها، آنیوپلوئیدی کروموزومی داشتند. از بین نمونه های دارای ناهنجاری کروموزومی، ۱۰ مورد تریزومی ۲۱ (۵۰ درصد)، هفت مورد تریزومی ۱۸ (۳۵ درصد)، دو مورد سندرم کلایفلتر (۱۰ درصد) و یک مورد تریزومی X (۵٪) داشتند. نتایج ما نشان داد که نشانگر D21S1414 بالاترین میزان هتروزیگوزیستی را در جمعیت مورد مطالعه نشان می دهد. با وجود برخی از محدودیت های این مطالعه مانند اندازه نمونه، نتایج این مطالعه نشان می دهد که سن مادر می تواند یکی از دلایل سقط جنین باشد. بطور کلی میتوان گفت که QF-PCR می تواند روشی سریع و قابل اعتماد برای غربالگری آنیوپلوئیدی کروموزومی قبل از تولد باشد و مشاوره مناسبی را فراهم کند.

واژگان کلیدی: سقط جنین؛ آنیوپلوئیدی کروموزومی؛ جنین؛ جمعیت ایرانی؛ QF-PCR

Please cite this paper as: Sharifzadeh H, Tafrihi M, Moradi N, Gholipour N. 2021. Rapid detection of Aneuploidies in Spontaneous Aborted Fetal Samples by Quantitative Fluorescence-PCR: A Descriptive Study. *J Genet Resour* 7(2): 204-210. doi: 10.22080/jgr.2021.21299.1249.

تجزیه و تحلیل تبارزایی و جمعیت جدایه‌های ویروس موزائیک کاهو (*Lettuce mosaic virus*) بر اساس ژن پروتئین پوششی

مهسا آبادخواه، حسین حمیدی، داود کولیوند*

گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

چکیده

ویروس موزائیک کاهو (*Lettuce mosaic virus*) یکی از مهمترین و مخرب‌ترین اعضای *Potyvirus* در خانواده *Potyviridae* است که از طریق شته و بذر منتقل می‌شود و باعث آسیب اقتصادی و کاهش عملکرد جدی به محصولات مختلف در سراسر دنیا می‌شود. به منظور بررسی روابط فیلوژنتیکی، تکامل جمعیت، و فشار انتخاب وارد بر ژن کامل پروتئین پوششی (Coat protein) جدایه‌های LMV، ۳۶ توالی ژن کامل پروتئین پوششی از پایگاه داده GeneBank از کشورهای مختلف از چهار قاره: مرکز و شرق آسیا (شامل چین، تایوان، کره جنوبی، و ترکیه)، اروپا (فرانسه)، آفریقا (تونس)، و آمریکا (شیلی و برزیل) انتخاب شدند. درخت تبارزایی جدایه‌های LMV به چندین گروه مستقل با مقدار F_{ST} معنی‌دار (<0.27) گروه بندی شدند. نسبت dN/dS کمتر از یک بدست آمد و نشان داد که ژن CP ویروس LMV تحت فشار منفی است. تست‌های آماری ($Tajima's D$, Fu and $Li's D^*$ and F^*) برای برآورد مقادیر منفی غیر معنی‌دار برای تمامی گروه‌ها و جمعیت‌های جغرافیایی به غیر از جمعیت برزیلی و گروه III درخت فیلوژنتیکی استفاده شدند. مقادیر منفی نشان دادند که تخمین چندشکلی کمتری وجود دارد. به نظر می‌رسد که تمام جمعیت‌های جغرافیایی در چهار گروه درخت فیلوژنی LMV در تعادل هستند زیرا تمام تست‌های آماری غیرمعنی‌دار هستند. یافته‌ها نشان می‌دهند که پویایی تکامل مولکولی LMV ممکن است به جهش، نوترکیبی، و نیروی انتخاب منفی وابسته باشد. بررسی نوترکیبی با نرم‌افزار RDP4 v Beta 80 حاکی از عدم نوترکیبی در این بخش از ژنوم LMV بود. بنابراین، این مطالعه برای اولین بار تکامل و تمایز بین جمعیت جدایه‌های LMV را از سراسر جهان فراهم می‌کند و نشان می‌دهد که ممکن است ویروس از طریق انتقال بین گیاهان کاهو توسط انواع مختلف گونه شته، نقل و انتقال بذر و مواد گیاهی آلوده در منطق جغرافیایی مختلف، و دامنه میزبانی مختلف رخ دهد و به نظر می‌رسد که این وقایع نقش مهمی در شکل‌گیری ساختار جمعیت LMV داشته باشند.

واژگان کلیدی: ژن پروتئین پوششی؛ ویروس موزائیک کاهو؛ تکامل مولکولی؛ نیروی انتخاب منفی

Please cite this paper as: Abadkhan M, Hamidi H, Koolivand D. 2021. Phylogenetic and population analysis of *Lettuce mosaic virus* isolates based on the coat protein gene. *J Genet Resour* 7(2): 211-219. doi: 10.22080/jgr.2021.20849.1238.

تجزیه و تحلیل ژنتیک پزشکی قانونی توالی‌های ناحیه سوم HVRIII از ژنوم میتوکندری در مسلمانان جنوب هند

سمیه سامه سالاری^۱، آدیمولام چاندراسکار^۲

^۱گروه علوم اجتماعی، دانشگاه مازندران، بابلسر، مازندران، ایران
^۲مرکز تحقیقات انسان‌شناسی جنوب هند، بوگادی، میسور، هندوستان

چکیده

فقدان نوترکیبی، میزان بالای نرخ جهش و وراثت مادری ژنوم میتوکندری آن را به یک ابزار ارزشمند در بسیاری از زمینه‌ها مانند انسان‌شناسی تکاملی، شجره‌نامه ژنتیکی، تاریخچه جمعیت و پزشکی قانونی تبدیل کرده است. ژنوم میتوکندری را می‌توان به دو بخش مجزا تقسیم کرد: یک ناحیه بزرگ رمزشونده و یک قطعه کوچکتر به نام ناحیه کنترل و غیر رمز شونده که به طور کلی به عنوان D-loop شناخته می‌شود. ناحیه D-loop از ژنوم میتوکندری بسیار متغیر است و به عنوان یک نشانگر با ارزش در تعیین هویت در پزشکی قانونی ثابت شده است. هدف از این مطالعه بررسی میزان تغییرات ناحیه HVRIII و کاربرد این ناحیه همراه با نواحی HVRI و HVRII در تحقیقات پزشکی قانونی می‌باشد. در ناحیه کنترل ژنوم میتوکندری، توالی ناحیه سوم HVIII (جایگاه نوکلئوتیدی ۴۳۸-۵۷۴) از ۶۰ مسلمان غیر خویشاوند شهر Shrirangapattana، واقع در ایالت کارناتاکا در جنوب هند، بدست آمد. ناحیه کنترل ژنوم میتوکندری به صورت کامل با روش تعیین توالی Sanger توالی‌یابی گردید. این مطالعه، شناسایی ۱۸ هاپلوتیپ مختلف و ۱۷ جایگاه نوکلئوتیدی متغیر را فراهم کرده است. رایج‌ترین هاپلوتیپ (H.18) با توالی اندرسون (مرجع) مطابقت داشت و چهارده بار رخ داده بود. توزیع انواع نوکلئوتیدهای جهش یافته insertions و deletions محاسبه و مشخص شد که transitions بیشترین تغییرات (۵۸٪) را در این ناحیه ایجاد کردند. تنوع ژنتیکی ۰/۸۹۹۳۹ و احتمال توالی‌های کاملاً مشابه ۰/۱۱۵۵ برآورد شد. قدرت تمایز ۰/۸۸۴۴ بدست آمد و بقیه پارامترهای آماری مانند میانگین اختلاف جفت نوکلئوتیدی و تنوع نوکلئوتیدی به ترتیب ۲/۲۵۵۹۳۲±۱/۲۵۸۸۴ و ۰/۰۰۶۲۳ ± ۰/۱۰۰۷۱ تعیین شد. در نتیجه، تنوع بالای ژنتیکی، هاپلوتیپ و نوکلئوتیدی و قدرت بالای تمایز، استفاده از ناحیه سوم HVIII را به عنوان یک نشانگر مهم در تحقیقات پزشکی قانونی تأیید می‌کند.

واژگان کلیدی: ژنوم میتوکندری؛ ناحیه متغیر سوم؛ پزشکی قانونی؛ جمعیت مسلمان؛ هندوستان

Please cite this paper as: Samehsalari S, Chandrasekar A. 2021. Forensic genetic analysis of mitochondrial DNA hypervariable region III sequences in Muslims from South India. *J Genet Resour* 7(2): 220-226. doi: 10.22080/jgr.2021.20887.1239.

بررسی پیامدهای عملکردی و ساختاری زیانبارترین پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی ژن

In silico انسان با استفاده از آنالیزهای

مژده ریاحی^{۱،۲} و مجتبی عمادی بایگی^{۱،۲*}

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

^۲ پژوهشکده بیوتکنولوژی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

چکیده

پلی مورفیسم های تک نوکلئوتیدی، به ویژه پلی مورفیسم های نامترادف تک نوکلئوتیدی (nsSNP)، که علت بیماری های مختلف هستند، مسئله ی مهمی در ژنتیک هستند. nsSNPs در ژن های کدکننده ی پروتئین می توانند باعث تغییرات عملکردی و ساختاری در پروتئین یافته شوند. ژن *CXCL10* انسانی، واقع بر روی کروموزوم 4q21، کد کننده یک سیتوکین التهابی است و در مکانیسم های بیولوژیکی متنوع و حیاتی نقش دارد. علیرغم اهمیت آن، هیچ سندی در مورد تأثیر تغییرات واقع بر روی این پروتئین وجود ندارد. بر این اساس، ما داده های مربوط به SNP های موجود بر روی پروتئین *CXCL10* را جمع آوری کردیم و با استفاده از ابزارهای مختلف تحت وب، اثرات متنوع تغییرات زیانبار را بر عملکرد و ساختار پروتئین بررسی کردیم. تجزیه و تحلیل ما نشان داد که ۹ پلی مورفیسم از مخرب ترین nsSNPs (شناسایی شده توسط SIFT، PROVEAN، PolyPhen-2، SNPs & GO، PhD-SNP، SNAP2، PMut) واقع در منطقه محافظت شده از *CXCL10* بر عملکرد مولکولی و ثبات پروتئین تأثیر می گذارند. مقادیر RMSD به دست آمده، نشان داد که این جایگزینی ها در ساختار طبیعی باعث تغییرات زیادی در پروتئین می شود، از جمله در انتهای N-ترمینال، که برای اتصال به گیرنده حیاتی است و منجر به تغییر در تنظیم، بیان، عملکرد پروتئین و در نهایت بیماری های متفاوت می شود. علاوه بر این، برخی از SNP ها در ناحیه ی 3' UTR تغییرات الگویی را در قالب های خوانش آزاد بالادست (uORF) و BRD-BOX نشان دادند. همچنین، SNP ها در این منطقه منجر به تغییرات قابل توجهی در جایگاه های اتصال miRNA می شوند. سرانجام، برخی تجزیه و تحلیل ها مشخص کرد که تغییر بیان *CXCL10* ممکن است یک نشانگر پیش آگهی مناسب در سرطان معده و تخمدان باشد. این نوع مطالعات به پژوهشگران کمک می کند تا در حین پژوهش های انسانی SNP های ارزشمند برای انجام مطالعات تجربی را شناسایی کنند و برون داده های پژوهش بیشینه شوند.

واژگان کلیدی: *CXCL10*؛ جایگزینی های زیانبار؛ کاپلان-مایر؛ nsSNP؛ SIFT

Please cite this paper as: Riahi M, Emadi-Baygi M. 2021. Evaluation of functional and structural consequences of the most deleterious single nucleotide polymorphisms of human C-X-C motif chemokine 10 (*CXCL10*) using *in silico* analyses. *J Genet Resour* 7(2): 227-245. doi: 10.22080/jgr.2021.21373.1252.

روشی اصلاح شده برای ارزیابی کمون ثانویه در بذره‌های ارقام و لاین‌های مختلف کلزا

علی شایان‌فر^۱، فرشید قادری‌فر^{۲*}، رحمت‌الله به‌م‌رام^۳، افشین سلطانی^۲ و حمیدرضا صادقی‌پور^۴

^۱ موسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، البرز، ایران

^۲ دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

^۳ موسسه تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان، گرگان، ایران

^۴ گروه زیست‌شناسی، دانشگاه گلستان، گرگان، ایران

چکیده

قرارگیری بذرها در شرایط نامناسب خاک سبب القای کمون ثانویه در آنها می‌شود و این مسئله مشکلات چندی را برای تولیدکنندگان بذر بوجود می‌آورد. ارزیابی پتانسیل کمون ثانویه بذر عاملی کلیدی در توسعه ارقام و لاین‌های کلزا است. در مطالعه حاضر، روشی نسبتاً سریع، دقیق و قابل تکرار منتج از روش ارزیابی کمون استاندارد هوفنهایم (HSDT) برای تعیین ظرفیت کمون ثانویه ۴۱ لاین و ۵ رقم کلزا ارائه گردید. دو روش پیشین، HSDT و روش کمون ثانویه سریع (RDT) با روش ارزیابی کمون سریع-تکرارپذیر (FRDT) پیشنهادی در این تحقیق مقایسه گردید. هر سه روش شامل سه مرحله است که عبارتند از القای کمون، جوانه‌زنی در تاریکی، و رفع کمون ثانویه. در روش FRDT زمان تا جوانه‌زنی در تاریکی و مدت زمان رفع کمون بذر به ترتیب ۷ و ۴ روز بود در حالی که این دو پارامتر در روش HSDT به ترتیب ۱۴ و ۷ روز بود و بنابراین مدت زمان سه مرحله مذکور در مجموع از ۳۵ روز به ۲۵ روز کاهش یافت. محدوده درصد کمون بذر در ارقام و لاین‌های مختلف که توسط روش‌های HSDT، FRDT و RDT ارزیابی شدند به ترتیب ۶ تا ۹۸/۷۵، ۷/۵ تا ۹۹ و صفر تا ۳۶ درصد بودند. ارتباط مثبتی بین نتایج حاصل از آزمون کمون ثانویه بذر توسط HSDT و FRDT بدست آمد. با توجه به برآوردهای دقیق و تکرارپذیر، هر دو روش FRDT و HSDT می‌تواند برای ارزیابی کمون ثانویه بذر در ارقام و لاین‌های کلزا مورد استفاده قرار گیرد. روش ارائه شده در این مطالعه به اصلاح‌گران بذر در بهبود غربالگری ارقام و لاین‌های جدید کلزا با ظرفیت کمتر کمون ثانویه کمک کرده و می‌تواند سبب کاهش خطر ناشی از ظهور کلزای خودرو در مزارع باشد که سبب کاهش عملکرد در فصل زراعی بعد می‌شود.

واژگان کلیدی: *Brassica napus*; رقم؛ آزمون کمون ثانویه؛ جوانه‌زنی بذر؛ کلزای خودرو

Please cite this paper as: Shayanfar A, Ghaderi-Far F, Behmaram R, Soltani A, Sadeghipour HR. 2021. A modified method to assess secondary dormancy in the seeds of different rapeseed lines and cultivars. *J Genet Resour* 7(2): 246-255. doi: 10.22080/jgr.2021.21584.1256.

اثر منابع مختلف اسیدهای چرب بر بعضی از فاکتورهای خون و بیان ژن اینترلوکین در بره‌های پرواری

صبا ادیب نیا^۱، ابولفضل زارعی^{۲*}، علی اصغر صادقی^۱ و محمد چمنی^۱

^۱گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، تهران، ایران

^۲گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد کرج، کرج، ایران

چکیده

این مطالعه به منظور بررسی تاثیر منابع مختلف اسیدهای چرب موجود در جیره غذایی بر متابولیت‌های خون و هورمون‌های موجود در بره‌های پرواری آزمایشگاهی آلوده به ویروس تب برفکی انجام شد. در مجموع ۱۵ بره نر سنگسری با میانگین وزن بدن 48 ± 2 کیلوگرم و میانگین سنی 1 ± 8 ماه به طور تصادفی به یکی از سه گروه تیمارها به شرح زیر تقسیم شدند: (۱) صابون کلسیم اسیدهای چرب روغن نخل (PO) به عنوان منبع اسید پالمیتیک (۱:۱۶)، (۲) صابون کلسیم اسیدهای چرب روغن آفتابگردان (SO) به عنوان منبع اسید لینولئیک (۲:۱۸-۶-n) و (۳) صابون کلسیم اسیدهای چرب روغن بذر کتان (LO) به عنوان منبع اسید α -لینولئیک (۳:۱۸-۳-n). بره‌ها به صورت جداگانه اسکان داده شدند و جیره‌های غذایی با انرژی و پروتئین یکسان به مدت ۲۸ روز شامل ۲۱ روز دوره سازگاری و ۷ روز دوره نمونه برداری ارائه شدند. نتایج نشان داد که کمترین و بیشترین بیان اینترلوکین-۴ به ترتیب در تیمارهای LO و SO اندازه گیری شد. بیان اینترلوکین-۸ در تیمارهای LO و PO در مقایسه با SO کمتر بود. بالاترین سطح گلوکز مربوط به تیمار LO در مقایسه با تیمارهای SO و PO بود. بره‌هایی که جیره حاوی LO داشتند، بیشترین غلظت انسولین خون و کمترین غلظت گلوکاگون را در مقایسه با بره‌های جیره حاوی SO و PO نشان دادند. بالاترین غلظت هورمون‌های تری‌یدوتیرونین و تیروکسین خون در بره‌های جیره LO در مقایسه با سایر تیمارها اندازه گیری شد. همچنین غلظت گلوکز خون، انسولین، گلوکاگون، تری‌یدوتیرونین و تیروکسین بین گروه‌های PO و SO یکسان بود. در نتیجه، یافته‌های آزمایش حاضر تأیید کرد که گنجاندن α -لینولئیک اسید اما نه لینولئیک اسید در جیره غذایی بره‌های آلوده به ویروس، التهاب را با کاهش بیان اینترلوکین-۴ و اینترلوکین-۸ سرکوب می‌کند و افزایش گلوکز خون، انسولین، تری‌یدوتیرونین و تیروکسین را زیاد می‌کند که این ممکن است منجر به افزایش وزن بیشتر و بازده غذایی بره‌های آلوده به ویروس شود.

واژگان کلیدی: انسولین؛ تب برفکی؛ بره؛ بذر کتان؛ روغن آفتابگردان

Please cite this paper as: Adibnia S, Zarei A, Sadeghi AA, Chamani M. 2021. Effect of different fatty acids sources on some blood factors and interleukin gene expression in finishing lambs. *J Genet Resour* 7(2): 256-264. doi: 10.22080/jgr.2021.21905.1266

بررسی اثرات ژنوتوکسیک فلزات سنگین بر کروموزوم‌های میتوزی

گیاه *Trigonella foenum-graecum* L.

فاطمه حاج‌مرادی^{۱*} و مهدی کاکایی^۲

^۱ گروه زیست‌شناسی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۲ گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

چکیده

سرب، کادمیوم و مس آلاینده‌های محیطی معمول در اغلب کشورهای صنعتی هستند. با توجه به اثر مخرب خاک آلوده به فلزات سنگین در گیاهان، بررسی این فلزات در سال‌های اخیر مورد توجه قرار گرفته است. در این مطالعه ما اثر ژنوتوکسیک سرب، کادمیوم و مس را بر کروموزوم‌های میتوزی گیاه *Trigonella foenum-graecum* L. برای اولین بار بررسی کردیم. انتهای ریشه گیاه *T. foenum-graecum* توسط غلظت‌های افزایشی سرب، کادمیوم و مس (۵۰، ۱۰۰، ۱۵۰ و ۲۰۰ پی‌پی‌ام) تیمار شدند. انتهای ریشه‌ها بعد از هیدرولیز در محلول اسید هیدروکلریک، توسط استوکارمن رنگ آمیزی شدند. بعد از له کردن انتهای ریشه‌ها، اسلایدها در زیر میکروسکوپ مورد مطالعه قرار گرفتند. در انتها، ایندکس میتوزی (MI) و درصد کلی ناهنجاری‌ها (TAP) محاسبه شدند. مطالعه‌ی انتهای ریشه نشان داد که گیاه *T. foenum-graecum* دیپلوئید است و عدد پایه‌ی کروموزومی آن $2n=2x=16$ است. بررسی سیتولوژیکی نشان داد سرب، کادمیوم و مس در غلظت‌های بالا به عنوان مختل‌کننده‌ی میتوز رفتار می‌کنند. علاوه بر این، با افزایش غلظت فلزات سنگین، ایندکس میتوزی کاهش می‌یابد ولی ناهنجاری‌های مختلف مانند کروموزوم چسبناک، C-میتوز، میکرونوکلئوس، کروموزوم سرگردان، پل و حرکت زود هنگام کروموزوم افزایش می‌یابد. در بین ناهنجاری‌های دیده شده در تمام تیمارها، بالاترین درصد مربوط به چسبندگی کروموزوم است. بالاترین پتانسیل ژنوتوکسیک در سرب بعد کادمیوم و مس دیده شد. نتایج نشان داد که آلودگی فلزات سنگین منجر به کاهش قابل ملاحظه MI و افزایش درصد TAB در انتهای مریستمی ریشه‌ی *T. foenum-graecum* می‌شود. این مطالعه باید به عنوان زنگ خطر اثرات آلودگی محیطی در گیاهان خصوصاً گیاهان دارویی در نظر گرفته شود.

واژگان کلیدی: سیتوتوکسیک؛ شنبليله؛ فلزات سنگین؛ ناهنجاری‌های کروموزومی

Please cite this paper as: Hajmoradi F, Kakaei M. 2021. Genotoxic effects of heavy metals on mitotic chromosomes of *Trigonella foenum-graecum* L. *J Genet Resour* 7(2): 265-271. doi: 10.22080/jgr.2021.21814.1263