

فاکتورهای تحت تاثیر قرار دهنده ریسک سرطان پستان در میان زنان ایرانی: جهش های rs10941679 و rs4415084 در مکان 5q12

حمید رضا آقا حیدر علی نقاش^۱، مسعود هوشمند^۲، علی صالح زاده^{۱*}، نفیسه انصاری نژاد^۳

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

^۲موسسه ملی مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی، تهران، ایران

^۳گروه تحقیقاتی فارماکوژنتیک سرطان، دانشگاه علوم پزشکی ایران، تهران، ایران

چکیده

سرطان پستان یکی از عوامل اصلی مرگ و میر ناشی از سرطان در زنان ایرانی است که در سالهای اخیر روند رو به رشدی داشته است. با این حال، اطلاعات کمی در مورد عوامل ژنتیکی مرتبط با سرطان پستان در بین زنان ایرانی در دسترس است. بر اساس مقالات، واریانت های ژنتیکی در منطقه غیر کد کننده 5q12 نقش مهمی در استعداد ابتلا به سرطان پستان ایفا می کند. بنابراین، این مطالعه با هدف تعیین ارتباط rs4415084 (T> C) و rs10941679 (A> G) با ریسک سرطان پستان در یک نمونه جمعیت ایرانی انجام شده است. نمونه های خون محیطی که از ۷۲ بیمار و ۶۵ گروه کنترل گرفته شد، بعد از استخراج DNA با استفاده از روش Tetra-ARMS-PCR در مورد پلی مورفیسم های ذکر شده مورد ژنوتایپینگ قرار گرفتند. همچنین ویژگی های دموگرافیک شرکت کنندگان نیز بدست آمد. نتایج نشان داد که اکثریت بیماران دارای تومورهای گیرنده استروژن (ER) و گیرنده پروژسترون (PR) مثبت (۷۵ درصد برای هر گیرنده) و ۳۶ درصد گیرنده فاکتور رشد اپیدرمی انسانی نوع ۲ (HER2) مثبت بودند. همچنین، اکثریت تومورها در گرید T2 (59.7%)، N0 (41.6%) و M0 (86.1%) بودند. علاوه بر این، ارتباط قابل ملاحظه ای بین پلی مورفیسم rs10941679 و استعداد به سرطان پستان (p=0.01) در افراد دارای ژنوتیپ AG مشاهده شد. ژنوتایپینگ rs4415084 همچنین نشان داد که ژنوتیپ های TC و CC به طور قابل توجهی خطر ابتلا به سرطان پستان را افزایش می دهند. این کار نشان داد که rs4415084 و rs10941679 در 5q12 می توانند یکی از فاکتورهای موثر در سرطان سینه در بین زنان ایرانی باشند، که می توانند در غربالگری و پیش آگهی سرطان سینه استفاده شوند.

واژگان کلیدی: واریانت ژنتیکی 5q12؛ سرطان پستان؛ rs4415084؛ rs10941679؛ پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی

Please cite this paper as: Agha Heydar Ali Naghash HR, Houshmand M, Salehzadeh A, Ansari Nejad N. 2021. The rs4415084 and rs10941679 might be risk conferring factors for breast cancer among Iranian women. *J Genet Resour* 8(1): 1-6. doi: 10.22080/jgr.2021.21781.1261.

افزایش بیان رونوشت بلند غیر کد کننده ES3 در نمونه های بدخیم سرطان روده بزرگ و هم افزایی بیان آن با افزایش اندازه تومور

مصطفی کشاورز و ملک حسین اسدی*

گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

چکیده

سلول‌های بنیادی سرطان درصد اندکی از سلول‌های سرطانی در بسیاری از سرطان‌ها هستند که ویژگی‌های مشترکی با سلول‌های بنیادی جنینی از قبیل توانایی خودبازسازی و پرتوانی را دارا می‌باشند. عقیده بر این است که نه تنها فاکتورهای رونویسی بلکه رونوشت‌های بلند غیرکدکننده سلول‌ها بنیادی جنینی در تنظیم ویژگی‌های مختلف سلول‌های بنیادی سرطان (CSCs) نقش دارند. تحقیقات نشان داده‌اند که رونوشت‌های بلند غیرکدکننده جنینی از طریق برهمکنش با فاکتورهای رونویسی سلول‌های بنیادی جنینی ویژگی‌های اصلی این سلول‌ها را تنظیم می‌کنند. یافته‌های اخیر نشان داده‌اند که رونوشت بلند غیرکدکننده ES3، یک رونوشت ویژه سلول‌های پرتوان است که در حفظ حالت بنیادی سلول‌های بنیادی جنینی انسان ایفای نقش می‌کند، اما شواهد کمی برای نقش این رونوشت در فرایند تومورزایی وجود دارد. بنابراین، در مطالعه حاضر، بیان بالقوه رونوشت ES3 در بافت‌های توموری و بافت‌های حاشیه توموری روده بزرگ با استفاده از استراتژی RT-qPCR مورد بررسی قرار گرفت. سپس نرخ بقای بیماران بر اساس بیان ES3 از پایگاه داده TCGA آنالیز شد. داده‌های حاصل از این تحقیق نشان داد که میزان بیان ES3 در بافت‌های توموری نسبت به بافت‌های غیرتوموری روده بزرگ افزایش معناداری داشتند. علاوه بر این، داده‌های این تحقیق نشان داد که بیان ES3 در نمونه‌های بدخیم و پیشرفته نسبت به نمونه‌های خوش خیم و غیرپیشرفته سرطان روده بزرگ افزایش معناداری را نشان می‌دهد. یافته‌های ما برای اولین بار نشان داد که رونوشت بلند غیرکدکننده ES3 در سرطان روده بزرگ بیان می‌شود و بیان آن ممکن است به روند تومورزایی و پیشرفت این سرطان کمک کند. بنابراین رونوشت بلند غیرکدکننده ES3 را می‌توان به عنوان یک نشانگر جدید سرطان با کاربرد احتمالی در تشخیص، پیش‌آگهی و درمان سرطان روده بزرگ در نظر گرفت.

واژگان کلیدی: رونوشت بلند غیرکدکننده ES3؛ سرطان روده بزرگ؛ درجه بدخیمی؛ نشانگر سرطان

Please cite this paper as: Keshavarz M, Asadi MH. 2022. LncRNA ES3 upregulates in high-grade CRC and its expression elevates along with increasing tumor size. *J Genet Resour* 8(1): 7-15. doi: 10.22080/jgr.2021.22054.1273.

سارس-کوو-۲: مروری بر ساختمان، ژنوم، واریانت‌های ژنتیکی و واکسن‌ها

امیر جلالی* و مهسا خرمی‌پور

گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه اراک، اراک، ایران

چکیده

ظهور و شیوع کروناویروس جدید و کشنده سندرم حاد شدید تنفسی ۲ (SARS-CoV-2) در دسامبر سال ۲۰۱۹ به یک مشکل بهداشت جهانی در دو سال گذشته تبدیل شده است. SARS-CoV-2 یک ویروس پوشش‌دار با RNA حس مثبت تک رشته‌ای و یکپارچه است. این ویروس از بعضی جنبه‌ها با سایر کروناویروس‌ها به‌ویژه SARS-CoV شباهت دارد. با این حال ویژگی‌های اختصاصی این ویروس، قابلیت بیماری‌زایی و قدرت انتقال آن را نسبت به کروناویروس‌های دیگر تغییر داده است. تفاوت‌های ساختاری قابل توجه در پروتئین اسپایک SARS-CoV-2 نقش کلیدی در سیتیک بار ویروس و گستردگی تروپیس‌بافتی آن دارد. این تفاوت‌ها عامل اصلی تمایل بیشتر SARS-CoV-2 نسبت به SARS-CoV جهت اتصال به گیرنده آنزیم مبدل آنژیوتنسین ۲ است. با این‌که از زمان پیدایش SARS-CoV-2، جهش‌های زیادی در ژنوم آن اتفاق افتاده است، تنها تعداد کمی از آن‌ها با ایجاد تغییر در خواص آنتی‌ژنی ویروس و ویژگی‌های کلینیکی بیماری به شکل‌گیری واریانت‌های مختلف برای SARS-CoV-2 منجر شده‌اند. برخی از این واریانت‌ها از قابلیت انتقال و همچنین شدت و تأثیر بیشتر بر ایمنی میزبان نسبت به SARS-CoV-2 اولیه برخوردار هستند. اگرچه در حال حاضر هیچ روش درمانی خاصی برای بیماری کروناویروس ۲۰۱۹ (COVID-19) وجود ندارد، اما شرکت‌های داروسازی مختلف با بررسی مداوم و مستمر تغییرات ژنتیکی و آنتی‌ژنی جمعیت‌های SARS-CoV-2 در سراسر جهان، در حال ساخت و به روز رسانی واکسن علیه آن هستند. عملکرد موثر برخی از این واکسن‌ها در برابر واریانت‌های مختلف ویروس باعث شده است در بعضی از کشورها، پس انجام واکسیناسیون گسترده و با رعایت دستورالعمل‌های بهداشتی، مردم تا حد زیادی به شرایط عادی زندگی بازگردند. برای درک بهتر ماهیت SARS-CoV-2، در این مقاله طبقه‌بندی، سازمان‌یابی ژنوم، ساختار و چرخه زندگی آن را بررسی کردیم. علاوه بر این، جهش‌های رخ داده در پروتئین اسپایک به همراه خصوصیات واریانت‌های مختلف ویروس بررسی و در نهایت، واکسن‌های تولید شده علیه این کروناویروس به اختصار معرفی شدند.

واژگان کلیدی: آنزیم مبدل آنژیوتنسین ۲؛ کووید-۱۹؛ ویروس‌های RNA دار؛ پروتئین اسپایک؛ بیماری‌زایی

Please cite this paper as: Jalali A, Khoramipour M. 2022. SARS-CoV-2: Review of structure, genome, genetic variants, and vaccines. *J Genet Resour* 8(1): 16-34. doi: 10.22080/jgr.2021.21980.1270.

بررسی خصوصیات جوانه‌زنی بذر چهار گیاه دارویی تحت برهمکنش میان تنش شوری و سطوح دمایی

یوسف حکیمی^{۱*}، رضا فتاحی^{۱*}، مجید شکرپور^۱ و محمدرضا نقوی^۲

^۱گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

^۲گروه زراعت، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

چکیده

گیاهان دارویی منابع متابولیت‌های فعال و با ارزش هستند که از لحاظ اقتصادی برای داروسازی و پزشکی مفید می‌باشند. با اینحال، شروع کشت و کار این گیاهان در مقیاس بزرگ و تجاری چالش‌برانگیز می‌باشد، زیرا بیشتر زمین‌های زراعی عمدتاً برای تولید محصولات استراتژیک ضروری مورد استفاده می‌باشد. سایر اراضی غیرقابل کشت اغلب تحت تأثیر تنش‌های غیرزیستی مختلف می‌باشند که یکی از مهم‌ترین آن‌ها شوری است. جوانه‌زنی گیاهان یکی از مراحل حیاتی در طول دوره رشد آن‌ها می‌باشد که اغلب تحت تأثیر تنش‌های محیطی به ویژه شوری قرار می‌گیرد. در این پژوهش، بذر گیاهان دارویی اسطوخودوس (*Lavandula angustifolia*)، زوفا (*Hyssopus officinalis*)، سیاه‌دانه (*Nigella sativa*) و گل سازویی (*Scrophularia striata*) به منظور تعیین خصوصیات جوانه‌زنی آن‌ها تحت تنش شوری در دماهای ۲۰، ۲۵ و ۳۰ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. در هر دما به منظور اعمال تنش شوری، پنج سطح شوری شامل صفر، ۵۰، ۱۰۰، ۱۵۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار سدیم کلرید اعمال شد که با استفاده از نمک سدیم کلرید با مقادیر لازم تهیه شد. نتایج این آزمایش بطور کلی نشان داد که با افزایش غلظت شوری در دماهای مختلف، کلیه خصوصیات جوانه‌زنی شامل درصد جوانه‌زنی، سرعت جوانه‌زنی، طول ساقه‌چه، طول ریشه‌چه، وزن ساقه‌چه، وزن ریشه‌چه و شاخص بنیه بذر کاهش یافت. تنش شوری یکی از مهمترین تنش‌های غیرزیستی در مناطق دارای خاک و آب شور است که باعث کاهش کیفیت و عملکرد گیاهان به ویژه گیاهان دارویی و تضعیف آن‌ها در برابر سایر تنش‌های محیطی می‌شود. بنظر می‌رسد برای رشد تجاری گیاهان، به خاک و آب با شوری کم نیاز باشد تا بهترین عملکرد حاصل گردد.

واژگان کلیدی: جوانه‌زنی؛ تنش گرمایی؛ ISTA؛ گیاهان دارویی؛ تنش شوری

Please cite this paper as: Hakimi Y, Fatahi R, Shokrpour M, Naghavi MR. 2021. Investigation of germination characteristics of four medicinal plants seed (Lavender, Hyssop, Black cumin and Scrophularia) under interaction between salinity stress and temperature levels. *J Genet Resour* 8(1): 35-45. doi: 10.22080/jgr.2021.21801.1262.

شناسایی مولکولی باسیلوس موجاونسیس سویه UMF29 مولد آلفا آمیلاز جدید

تجزیه کننده نشاسته خام

سعیده افریشم، ارسطو بدویی دلفارد^{*}، زهرا کرمی

گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

چکیده

آلفا آمیلازهای میکروبی با حوزه های صنعتی انطباق پذیری بالایی را نشان می دهند. این آنزیم های صنعتی در بخش های صنعتی مختلف از جمله نوشیدنی ها، پخت نان، دارویی و شوینده ها کاربردهای بالقوه ای را نشان داده اند. در این مطالعه یک باکتری مزوفیل، باسیلوس موجاونسیس سویه UMF29 بر اساس توالی 16S rDNA و درخت فیلوژنی رسم شد. بعد از ۷۲ ساعت انکوباسیون در دمای ۳۷ °C پلیت ها با محلول لوگول یدی انکوبه شدند و سویه های مولد آلفا آمیلاز بر اساس ناحیه شفاف در اطراف کلونی ها روی زمینه آبی رنگ پلیت نشاسته آگار شناسایی شدند. تعیین خصوصیت بیوشیمیایی این آنزیم نیز انجام شد. نتایج نشان داد که فعالیت بهینه آنزیم در دمای ۵۰ °C و اسیدیته ۷ می باشد. علاوه بر این آلفا آمیلاز پایداری بهینه را در در دمای ۴۰ °C و اسیدیته ۷ می باشد. برخی یون ها از جمله، Mg^{2+} ، Mn^{2+} ، Cu^{2+} ، Ca^{2+} ، Fe^{2+} ، Zn^{2+} و Hg^{2+} فعالیت آلفا آمیلاز را حدود ۱۲۲، ۱۰۵، ۶۱، ۴۷، ۴۶، ۲۳ و ۱۶ درصد افزایش می دهند. بهترین فعالیت این آنزیم در حضور غلظت نیم مولار KCl (۸۱ درصد افزایش) و ۱/۵ مولار NaCl (۹ درصد افزایش) به دست آمد. این آلفا آمیلاز یک محدوده وسیعی از گرانول های نشاسته خام (۱٪ w/v) از جمله سیب زمینی، ذرت، جو، برنج و گندم را هیدرولیز کرد و روی هیدرولیز نشاسته گندم (۱۶٪ w/v) در دمای ۴۵ °C به مدت ۶ ساعت با هیدرولیز نسبی به میزان ۱۰ U/ml موثر بود. بر اساس دانش ما، این آنزیم یک آلفا آمیلاز با فعالیت وابسته به کلسیم می باشد که توانایی هیدرولیز غلظت های بالای نشاسته گندم (۹۰ تا ۱۸۰ میلی گرم در میلی لیتر) بعد از ۶ ساعت انکوباسیون در ۴۵ °C را دارا می باشد. در پایان این نتایج خاطر نشان ساخت که آلفا آمیلاز UMF29 ظرفیت بالایی را در تجزیه نشاسته خام نشان داد.

واژگان کلیدی: آلفا آمیلاز؛ باسیلوس موجاونسیس؛ تعیین خصوصیت بیوشیمیایی؛ شناسایی مولکولی؛ تجزیه نشاسته خام

تنوع ژنتیکی و مورفولوژیکی در کاهوی موجدار (*Lactuca undulata* L.): پراکنده از نظر جغرافیایی اما از نظر مکانی در خطر انقراض

مرتضی مفید بجنوردی، سید محمد فاطمی و مهناز اقدسی*
گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه گلستان، گرگان

چکیده

کاهوی موجدار (*Lactuca undulata* L.) گیاهی یکساله از خانواده آفتابگردان است که ترکیبات با ارزش مانند کافنیک اسید و مشتقات آن را در خود دارد. هدف از مطالعه حاضر بررسی تنوع ژنتیکی در بین جمعیت‌های مختلف ایرانی کاهوی موجدار است. تنوع ژنتیکی در پنج جمعیت مختلف کاهوی موجدار که از مناطق مختلف ایران جمع‌آوری شده بودند بر اساس ویژگی‌های مورفولوژی و نیز مارکرهای ISSR مورد بررسی قرار گرفتند. همچنین این گیاهان در شرایط مزرعه کشت شدند تا تنوع ژنتیکی آنها مورد بررسی قرار گیرد. نتایج حاصل از مطالعات مورفولوژیکی نشان داد که بیشتر صفات بررسی شده تنوع بالایی در بین جمعیت‌ها دارند. با استفاده از آنالیز PCA پنج جمعیت کاهوی موجدار بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی شناسایی شدند. آنالیز ژنتیکی با استفاده از مارکرهای ISSR نشان داد که حدود ۶۰ باند در نتیجه استفاده از چهار پرایمر تولید می‌شود. درصد پلی‌مورفیسم حدود ۱۰۰٪ بوده و هیچ باند مونومورف دیده نشده است. شاخص تنوع ژنی نی (H) و شاخص تنوع شانون (I) نشان‌دهنده تنوع بالای ژنتیکی (۰.۲۴) در بین جمعیت‌ها است. نتایج آنالیز واریانس (ANOVA) نشان داد که ۷۳٪ از تنوع ژنتیکی در درون جمعیت‌ها و ۲۷٪ در بین جمعیت‌ها مشاهده می‌شود. بالاترین و پایین‌ترین تنوع ژنتیکی به ترتیب در جمعیت چشمه علی و قم مشاهده شد. آنالیز PCoA جمعیت‌های مختلف را از نظر ژنتیکی به دو گروه تقسیم کرد. این نتایج نشان داد که پنج جمعیت مختلف کاهوی موجدار به طور معنی‌داری از نظر ویژگی‌های مورفولوژیکی و پلی‌مورفیسم ژنتیکی تفاوت دارند. جمعیت‌های مورد مطالعه از زیستگاه‌های تخریب شده و آنها به تعداد محدود جمع‌آوری شدند. به طور کلی تخریب و نابودی زیستگاه‌ها به یک نگرانی اصلی در تعیین وضعیت حفاظت گونه‌ها به ویژه در سطح جمعیت‌ها تبدیل شده است.

واژگان کلیدی: تنوع ژنتیکی؛ ISSR؛ کاهوی موجدار؛ مورفولوژی؛ جمعیت‌ها

Please cite this paper as: Mofid Bojnoordi M, Fatemi SM, Aghdasi M. 2022. The morphological and genetic variation of a species of lettuce (*Lactuca undulata* Ledeb.): geographically widespread but locally endangered. *J Genet Resour* 8(1): 57-68. doi: 10.22080/jgr.2021.22300.1281.

بررسی سیستماتیک *Carpinus*: بازنگری فیلوژنی مولکولی و مورفولوژی

افسانه ریاحی^۱، مصطفی اسدی^{۲*}، حبیب زارع^۳ و ایرج مهرگان^۱

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

^۲مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

^۳هرباریوم نوشهر، باغ گیاه شناسی، مرکز منابع طبیعی و کشاورزی مازندران، نوشهر، ایران

چکیده

جنس *Carpinus* یک جنس از خانواده Betulaceae است که شامل ۴۲ گونه در سراسر جهان است. طبقه بندی این جنس همیشه در ایران مشکل ساز بوده است و تعدادگونه‌ها در طبقه بندی‌های گذشته از ۲ به ۴ متفاوت بوده است. در این مطالعه، از روش مورفومتری (PCA و آنالیز خوشه‌ای) و مولکولی (ناحیه ITS) برای تعیین مرز بین گونه‌های این جنس در ایران استفاده کردیم. سی هفت صفت کمی و کیفی برای آنالیزهای مورفولوژی استفاده شد. داده‌های مورفولوژی PCA، جمعیت‌های مورد مطالعه را به سه گروه تقسیم کرد اما آنالیز خوشه‌ای دو گروه اصلی عمده را نشان داد. از سوی دیگر، در آنالیزهای مولکولی، گونه‌های ایرانی جنس *Carpinus* دو کلاد میزرا را تشکیل دادند. مطالعه حاضر نشان می‌دهد که تعداد گونه‌های *Carpinus* در ایران دو گونه *C. betulus* و *C. orientalis* با دو زیر گونه هست و *C. schuschaensis* بعنوان سینونیم *C. orientalis subsp. macrocarpa* معرفی شد. تنوع مورفولوژی درون گونه‌های مرزهای گونه‌ها را تار کرده است.

واژگان کلیدی: *Carpinus*؛ جنگل‌های هیرکانی؛ ریخت شناسی ایران؛ ناحیه ITS

جداسازی و شناسایی ژن اسکوالن سنتاز در سه گونه بومادران، یک منبع غنی از ساپونین

عذرا صبورا^{۱*}، مریم امیری راد^۱، عزت عسگرانی^۲ و طیبه رجیبیان^۳

^۱ گروه علوم گیاهی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهراء، تهران، ایران

^۲ گروه بیوتکنولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهراء، تهران، ایران

^۳ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شاهد، تهران، ایران

چکیده

اسکوالن سنتاز (SQS, EC.2.5.1.21) یک آنزیم کلیدی است که در مسیر بیوسنتز ساپونین های تری ترپنوئیدی و استروئیدی درگیر است. مطالعه حاضر با هدف جمع آوری اطلاعات مولکولی در مورد ژن SQS در گونه های بومادران، از گیاهان دارویی غنی از ساپونین، انجام شده است. به همین منظور DNA ژنومی از برگ های سه گونه بومادران در ایران شامل *A. millefolium*، *A. wilhelmsii* و *A. vermicularis* جدا شد، سپس قطعه ای از ژن SQS با روش PCR تکثیر و توالی یابی شد (با شماره های دسترسی در NCBI: AmSQS KX589055، AwsSQS. KX685330 و AvSQS KX685331). قطعه AmSQS برابر ۸۰۰ جفت باز و شامل چهار اگزون و سه اینترون بود. توالی های AwsSQS و AvSQS به ترتیب ۵۱۰ و ۵۰۰ جفت باز بودند که سه اگزون و دو اینترون را در بر می گرفتند. تجزیه و تحلیل تبارزایی نشان داد که توالی های SQS تکثیر شده به طور قابل توجهی شبیه به یکدیگر و مشابه توالی ژن مربوطه در درمنه خزری، یکی از گونه های جنس بومادران بودند. علاوه بر این، توالی های ژن SQS شناسایی شده در گیاهان دو لپه ای و تک لپه ای در درخت تبارزایی رسم شده در شاخه های مجزا قرار گرفتند. توالی های آمینو اسیدی حاصل از پیش گویی ترجمه توالی های قطعات تکثیر شده ژن SQS نیز شباهت بالایی به یکدیگر و توالی مربوطه در آنزیم های SQS موجودات دیگر داشت (شباهت بیش از ۷۳٪ در گیاهان عالی و بیش از ۵۷٪ و ۴۷٪ در مخمر و انسان). توالی های آمینو اسیدی مفروض شامل دو ناحیه بودند که با دامنه های B و C در آنزیم SQS همپوشانی داشت و شامل یک موتیف مهم غنی از اسپاراتات (DYLED) بودند که محلی برای اتصال گهرمایه از طریق پل- Mg^{2+} می باشد. داده های حاصل از این مطالعه اولین گزارش در مورد جداسازی و شناسایی ژن SQS در گونه های بومادران است و توانایی این ژن را در رده بندی های سیستماتیکی نشان می دهد.

واژگان کلیدی: استخراج DNA؛ توالی SQS؛ درخت تبارزایی؛ مرکز کاتالیزوری؛ *Achillea*

Please cite this paper as: Saboora A, Amiri Rad M, Asgarani E, Radjabin T. 2022. Isolation and characterization of squalene synthase gene in three species of *Achillea*, a rich source of saponins. *J Genet Resour* 8(1): 81-89. doi: 10.22080/jgr.2022.22404.1284.

مطالعات مورفولوژیکی و مولکولی سیستماتیک در جنس *Lonicera* L. (Caprifoliaceae)

شیمای گرشاسبی^۱، علیرضا ایرانبخش^{۱*}، یونس عصری^۲ و سعید ذاکر بستان آباد^۳
^۱ گروه زیست شناسی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران
^۲ پژوهشکده جنگلها و مراتع، سازمان آموزش و ترویج تحقیقات کشاورزی، تهران، ایران
^۳ گروه میکروبیولوژی و زیست شناسی، واحد پرند، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

چکیده

جنس *Lonicera* دارای اعضای است که دارای برگهای متقابل، باریک بیضوی تا بیضی شکل و تاج های زرد، سفید، قرمز یا بنفش قرمز همراه با کلاله های سر و کاسه گل های موج دار هستند. طبق گفته وندلبو (۱۹۶۵) در فلورا ایرانیکا، ۱۹ عضو *Lonicera* به دو زیرجنس، یعنی *Lonicera* و *Chamaecerasus*، و سه بخش، یعنی *Isika*، *Isoxylosteum* و *Coeloxylosteum* طبقه بندی می شوند. چهار گونه مورد مطالعه به زیرجنس *Chamaecerasus* و بخش های *Isika* و *Coeloxylosteum* تعلق دارند. تاکسونومی و فیلوژنی این جنس بسیار پیچیده و بحث برانگیز است. مطالعه حاضر با استفاده از تجزیه و تحلیل فنتیک مورفولوژی همراه با تجزیه و تحلیل بیزی داده های مولکولی (توالی های ITS) برای نشان دادن روابط گونه ها، طبقه بندی طبقه بندی و مونوفیلی در مقابل پارافیلی گونه در جنس *Lonicera* انجام شد. ما از هفت گونه *Lonicera* برای مطالعات مولکولی استفاده کردیم که توالی های nrDNA-ITS به تازگی به دست آمدند. وزن دهی مجدد متوالی با شاخص سازگاری مجدد برای انجام آزمایش مولکولی مورد استفاده قرار گرفت که شباهت های نزدیکی را بین نتایج روش های حداکثر احتمال، حداکثر صرفه جویی و روش های بیزی مبتنی بر مجموعه داده ITS نشان داد. این مطالعه نشان داد که به طور کلی می توان گونه ها را از طریق ویژگی های مورفولوژیکی متمایز کرد. روابط فیلوژنتیکی در *Lonicera* نشان داده شد، و درختان فیلوژنتیک مبتنی بر ITS و خصوصیات مورفولوژیکی در توافق بودند.

واژگان کلیدی: کلادیستیک؛ ITS؛ لونیسرا؛ فنتیک؛ فیلوژنی

Please cite this paper as: Garshasbi S, Iranbakhsh A, Asri Y, Zaker S. 2022. Systematic morphological and molecular studies in genus *Lonicera* L. (Caprifoliaceae). *J Genet Resour* 8(1): 90-98. doi: 10.22080/jgr.2022.22704.1288.

بیان دقیق ژن DREB1A برای جوانه زنی مناسب بذر، رشد رویشی و زایشی، و عملکرد بذر در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا (*Arabidopsis thaliana*) ضروری است

عیسی کهن باغخیراتی^{۱،۲،۳}، محمدباقر باقریه نجار^۲، احمد عبدل زاده^۲ و جین گیسلر-لی^۳

^۱گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه حکیم سبزواری، سبزوار، ایران

^۲گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گلستان، گرگان، ایران

^۳گروه زیست شناسی گیاهی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه ایلینویز جنوبی، ایلینویز، امریکا

چکیده

ویژگی‌ها و شاخص‌های رشد و نمو گیاهان تا حد زیادی تحت تأثیر محیط در حال تغییر آنها است. برای زنده ماندن در محیط‌های مختلف استرس‌زا، گیاهان یک شبکه تنظیمی چند وجهی ایجاد کردند که عمدتاً توسط فاکتورهای رونویسی از جمله خانواده DREB (dehydration responsive element binding) کنترل می‌شود. نقش *DREB1A* در پاسخ گیاه به تنش‌های غیرزیستی مختلف بررسی شده است، با این حال، اثرات آن بر رشد و نمو گیاه در کل چرخه زندگی هنوز به طور کامل شرح داده نشده است. در این مطالعه، خصوصیات نمو جهش‌یافته *drebla* T-DNA همراه با لاین بیش بیان *DREB1A* (OX28) در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا مطالعه شد. جوانه زنی بذر، مراحل رشد رویشی و زایشی، و عملکرد گیاه نیز مورد بررسی قرار گرفت. تحت شرایط رشد نرمال، هر دو گیاه *drebla* و OX28 کاهش در جوانه زنی بذر و تاخیر در استقرار گیاهچه نشان دادند. علاوه بر این، هر دو گیاه *drebla* و OX28 رشد رویشی طولانی‌مدت و تاخیر در انتقال از فاز رویشی به زایشی را نشان دادند. در فاز زایشی، مدت زمان بین ظهور جوانه محور گل و باز شدن اولین گل در *drebla* در مقایسه با نوع وحشی (WT-Col0) پانزده درصد کوتاه‌تر بود. در مقابل، گیاه OX28 فاز زایشی طولانی‌مدت با افزایش قابل توجه تعداد گل در هر محور داشت. جالب این که تعداد شاخه‌های جانبی روی محور گل دهی در *drebla* در مقایسه با گیاه OX28 کمتر بود. با وجود این مشاهدات، در هر دو گیاه *drebla* و OX28 وزن کل دانه به طور معنی‌داری کاهش یافت. یافته‌های ما نشان داد که بین سطح بیان دقیق ژن *DREB1A* با رشد و عملکرد دانه در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا ارتباط وجود دارد.

واژگان کلیدی: آرابیدوپسیس تالیانا؛ *DREB1A*؛ استقرار گیاهچه؛ انتقال فاز نمو؛ جوانه زنی بذر

Please cite this paper as: Kohan-Baghkheirati E, Bagherieh-Najjar MB, Abdolzadeh A, Geisler-Lee J. 2022. A precise expression level of *drebla* gene is required for proper seed germination, vegetative and reproductive development, and seed yield in *Arabidopsis thaliana*. *J Genet Resour* 8(1): 99-110. doi: 10.22080/jgr.2022.22267.1279.

بررسی تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی در ۱۰۰ ژنوتیپ برنج مرتفع در پاوه، شمال غربی اتیوپی

گدیفو گبری^{۱*}، دستا آبه^۱، مولوگتا اتناف^۲، دسالگن واندیفرو^۱ و آباو دسی^۲

^۱ موسسه تحقیقات کشاورزی اتیوپی، مرکز تحقیقات کشاورزی پاوه، پاوه، اتیوپی

^۲ موسسه تحقیقات کشاورزی اتیوپی، مرکز تحقیقات و آموزش ملی برنج فوگرا، فوگرا، اتیوپی

چکیده

فقدان گونه های اصلاح شده برنج به عنوان یکی از چالش های تحقیق و توسعه برنج در اتیوپی شناسایی شده است که مانع تولید ملی و بهره وری محصول می شود. از این رو، برنامه ملی تحقیقات برنج کشور تلاش کرده است تا ژنوتیپ های متنوع برنج مرتفع را در فصل زراعی دیم معرفی و ارزیابی کند. در این آزمایش، ۱۰۰ ژنوتیپ برنج از زمین های مرتفع با سه رقم برنج کوهستانی با سازگاری محلی به عنوان چک استاندارد با استفاده از طرح آزمایشی طرح بلوک های کامل تصادفی افزوده / طرح آزمایشی RCBD با اندازه هر قطعه ۱/۵ متر مربع و ۳ ردیف در هر قطعه معرفی و مورد ارزیابی قرار گرفتند. بذرها به صورت ردیفی با تراکم بذر ۶۰ کیلوگرم در هر هکتار (kg-1) کاشته شدند. از کودهای نانوذرات / NPS (124 kg⁻¹) و اوره (100 kg⁻¹) استفاده شد. روزهای تا ۵۰ درصد سنبله، روزهای تا ۸۵ درصد رسیدگی، ارتفاع بوته، طول خوشه، تعداد دانه پر در خوشه، تعداد دانه پر نشده در خوشه، عملکرد دانه و وزن هزار دانه بر حسب گرم جمع آوری و مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفتند. با استفاده از نرم افزار آماری SAS با نسخه ۹/۴ تنوع معنی داری برای تمامی صفات مشاهده شد که نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی در بین ژنوتیپ های برنج بود. ژنوتیپ ها از نظر عملکرد دانه (CV=7.86***)، وزن هزار دانه (CV=9.97**) و روز تا ۸۵ درصد رسیدگی (CV=2.38**) تنوع بالا و قابل توجهی داشتند. ضریب واریانس ژنوتیپی کمتر و ضریب واریانس فنوتیپی بالاتر در بین ژنوتیپ ها به دست آمد که نشان می دهد این تنوع بیشتر به دلیل اثرات محیطی است.

واژگان کلیدی: تنوع ژنوتیپی؛ تنوع فنوتیپی؛ وراثت پذیری؛ اجرای واریانس

Please cite this paper as: Gedifew G, Desta A, Mulugeta A, Desalegn W, Abebaw A. 2022. Studies of phenotypic and genotypic variation in 100 upland rice genotypes at Pawe, northwestern Ethiopia. *J Genet Resour* 8(1): 111-116. doi: 10.22080/jgr.2022.22730.1289.

مقایسه عملکرد کریسپر- کاس ۹ جهت تخریب پروتئین مرگ برنامه ریزی شده در سلولهای کلیه جنین انسان با

سلولهای تک هسته ای خون محیطی

سید علی علم بلادی^۱، مهدی دیانت پور^{۲،۳} و مجتبی جعفری نیا^۱

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

^۲گروه ژنتیک پزشکی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران

^۳مرکز تحقیقات فن آوری سلولهای بنیادی، دانشگاه علوم پزشکی شیراز، شیراز، ایران

چکیده

امروزه کریسپر-کاس ۹ مهمترین ابزار مهندسی ژنوم شناخته میشود. پروتئین مرگ برنامه ریزی شده (پی دی وان)، یک گیرنده سطحی بر روی سلولهای تی، بی و دیندریتیک شناخته شده که نقش مهمی در القاء تحمل پذیری لنفوسیتها نسبت به سلولهای سرطانی دارد. در سالهای اخیر از این ویژگی در درمان سرطان با روش ایمنوترابی استفاده زیادی شده است. در این مطالعه سلول کلیه جنین انسان (هک ۲۹۳) بعنوان سلول غیر بیانی پروتئین پی دی وان و سلول تک هسته ای خون محیطی بعنوان سلول بیانی جهت مقایسه عملکرد ابزار کریسپر به کار گرفته شده است. جهت آلوده سازی سلول ها دو روش لیپوفکتامین و الکتروپوریشن در کنار ناقل پی ایکس ۴۵۸ مورد استفاده قرار گرفته اند. دو گاید از مجموع ۶ گاید طراحی شده موفق به برش ژنوم در سلولهای تک هسته ای خون محیطی شده ولی هیچ کدام از گایدها قادر به ایجاد برش در ژن پی دی وان در سلول هک ۲۹۳ نبودند. بر اساس این داده ها میتوان نتیجه گرفت که ممکن است عدم موفقیت در برش ژن پی دی وان در سلولهای هک ۲۹۳ ناشی از وجود نواحی هتروکروماتین یا دیگر روشهای بازآرایی ژنوم باشد.

واژگان کلیدی: کریسپر کاس ۹؛ ترانسفکشن همزمان دوتایی؛ پی بی ام سی؛ *PD-I* ناک اوت شده

Please cite this paper as: Alambeladi SA, Dianatpour M, Jafarinia M, 2022, A comparative study on the efficiency of CRISPR-Cas9 in human embryonic kidney 293 cells and peripheral blood mononuclear cells for disruption in programmed cell death protein 1. *J Genet Resour* 220;8(1): 117-125. doi: 10.22080/jgr.2022.22269.1280.