

غربالگری سویه باکتریایی HM24 تولیدکننده تیروزیناز جداشده از خاک و مقایسه فعالیت

تیروزینازی آن در محیط کشت‌های مختلف حاوی منابع طبیعی ال-تیروزین

سیدمحمدحمید ملک‌پور، موج خالقی^{*}، علیرضا اخترپور

بخش زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر کرمان، ایران

چکیده

تیروزینازها آنزیم‌های ضروری با کاربردهای متنوعی مانند تجزیه ترکیبات فنولی و تولید ملانین هستند. اکتینوباکترها یکی از برجسته‌ترین تولیدکنندگان تیروزیناز هستند. در این پژوهش، سویه‌های اکتینوباکتر تولیدکننده تیروزیناز و فعالیت آنزیمی آن‌ها، در منابع مختلف ال-تیروزین ارزیابی شده است. بیست سویه از خاک لنگر، کرمان، ایران، با ویژگی‌های مورفولوژیکی اکتینوباکترها (باکتری‌های رشته‌ای یا میله‌ای شکل گرم مثبت و کلونی‌های با قوام پودری که به سطح آگار می‌چسبند) جدا شدند. تمامی سویه‌ها در محیط استاندارد ال-تیروزین کشت داده شدند تا تولید تیروزیناز ارزیابی شود. بهترین سویه تولیدکننده تیروزیناز بر اساس تشکیل کلونی‌های تیره رنگ انتخاب شد. همچنین، فعالیت آنزیمی در چهار محیط با منابع مختلف ال-تیروزین (تیروزین، گلیسرول-عصاره مخمر-پیتون (GYP)، سویا، و بادام زمینی) ارزیابی گردید. از سوی دیگر، رنگدانه تولید شده توسط اکتینوباکترها از نظر خواص مهمی مانند فاکتور حفاظت از آفتاب (SPF) و فعالیت آنتی‌اکسیدانی بررسی شد. نتایج نشان داد که سویه HM24 بهترین سویه تولیدکننده تیروزیناز بوده و بیشترین فعالیت آنزیمی در محیط کشت حاوی بادام زمینی و همچنین در محیط حاوی کنجاله سویا را دارا می‌باشد. بر اساس توالی‌یابی 16 s rRNA، سویه HM24 به جنس میکروباکتر با درصد تشابه ۹۹.۹۷٪ تعلق دارد. رنگدانه تولید شده توسط HM24، SPF برابر با ۱۳۴/۳۶ و کاهش ۶۹٪ DPPH را نشان داد که بیانگر فعالیت آنتی‌اکسیدانی قوی است. این یافته‌ها پتانسیل قابل توجه این سویه‌ی اکتینوباکتر در کاربردهای صنعتی مختلف را برجسته می‌کنند. با توجه به تولید آنزیم تیروزیناز توسط سویه HM24، توانایی آن در استفاده کارآمد از منابع طبیعی ال-تیروزین و خواص بیولوژیکی رنگدانه حاصل، این سویه می‌تواند پتانسیل قابل توجهی برای کاربرد در فرآورده‌های صنعتی مختلف را از خود نشان دهد.

واژگان کلیدی: اکتینوباکتری‌ها؛ آنتی‌اکسیدان؛ ال-تیروزین؛ تیروزیناز؛ فاکتور حفاظت از نور آفتاب

Please cite this paper as: Malekpour, S. M. H., Khaleghi, M., & Akhtarpour, A. (2024). Screening of a soil tyrosinase-producing bacterial strain HM24 and comparison of its tyrosinase activity in different mediums containing natural sources of L-tyrosine. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 121-130. doi: [10.22080/jgr.2024.27382.1396](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27382.1396)

بررسی تنوع مورفومتری برنج علی کاظمی در ایران

سیده مهسا صفی الدین اردبیلی^۱، رضا عزیزی نژاد^۲، سارا سعدتمند^۱، رحیم احمدوند^۳، ایرج مهرگان^{۱*}

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

^۲ گروه بیوتکنولوژی و به نژادی، دانشکده علوم کشاورزی و صنایع غذایی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات، تهران، ایران

^۳ گروه تحقیقات سبزیجات، مؤسسه اصلاح بذر و نهال، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران

چکیده

در این تحقیق، تنوع موجود در ۳۰۰ جمعیت برنج علی کاظمی از سه استان (ده جمعیت) واقع در شمال ایران با روش کاملاً تصادفی و با استفاده از نرم افزارهای SPSS، Past، Graph Pad و Excel بررسی شد. مطالعات بر اساس ۳۰ صفت مورفولوژیکی انجام گرفت. صفات کمی مانند صفات خوشه، طول دانه، وزن ۱۰۰ دانه و تعداد سنبلچه، تنوع بالایی را بین جمعیت ها نشان دادند. تجزیه و تحلیل خوشه ای و ترتیبی بر روی صفات مورفولوژیکی انجام شد. تجزیه خوشه ای موجب تقسیم برنج علی کاظمی به سه زیر خوشه از مناطق مختلف جغرافیایی شد که نشان دهنده سازگاری این رقم محلی با محیط است. از بین سه جمعیت، گیلان نسبت به قزوین و زنجان به علت مشاهده صفاتی چون طول سیخک، تعداد سنبلچه، طول پهنک و صفات مرتبط با خوشه دارای تنوع بالاتری می باشد. جمعیت GLN01 با بلندترین ارتفاع گیاه (۱۱۸۵.۶۰ میلی متر) نشان داده شد. جمعیت گیلان نیز بیشترین طول ساقه و پهنک را دارا بودند. بیشترین مقادیر برای اندازه دانه نیز از جمعیت گیلان به ثبت رسید. آنالیز ترتیبی صفات ده جمعیت برنج علی کاظمی، بیشترین تنوع را بین جمعیت ها نشان می دهد. همبستگی بسیار معنی داری بین طول سیخک و صفاتی مانند طول دانه ($r = 0.395$)، طول خوشه ($r = 0.477$)، وزن خوشه ($r = 0.349$) و وزن ۱۰۰ دانه ($r = 0.440$) مشاهده شد. بیشترین همبستگی بین تعداد سنبلچه و برخی از صفات مانند ارتفاع گیاه، طول برگ، قطر ساقه، تعداد پنجه و صفات مرتبط با خوشه بود که نشان دهنده مزیت انتخابی صفات خوشه عمدتاً برای صفات کمی است. در مجموع، داده های جمع آوری شده در پژوهش حاضر می تواند پیامدهای ارزشمندی برای بهبود برنج علی کاظمی در زمینه زراعت داشته باشد.

واژگان کلیدی: گیلان؛ شمال ایران؛ *Oryza sativa* L.؛ برنج علی کاظمی

Please cite this paper as: Safiedin Ardebili, S. M., Azizi Nezhad, R., Saadatmand, S., Ahmadvand, R., & Mehregan I. (2024). Investigation of the morphometric diversity of Ali Kazemi rice in Iran. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 121-142. doi: [10.22080/jgr.2024.27293.1394](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27293.1394)

تحلیل بیان ژن توالی پروتئین استنباط شده از همولوگ (FLOWERING LOCUS C (FLC) در

مراحل رویشی و زایشی در شاهی (*Lepidium sativum* L.)

پریسا جنوبی^{۱*}، فرخنده رضانژاد^۱، فاطمه محیاپور^۲

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

^۲ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

چکیده

گذر از مرحله رویشی به زایشی در مریستم راس شاخه یک مرحله‌ی حیاتی در چرخه زندگی گیاهان محسوب می‌شود. موفقیت در تولید مثل به زمان‌بندی آغاز گل‌دهی بستگی دارد. یکی از مهارکننده‌های کلیدی گل‌دهی، ژن *FLOWERING LOCUS C (FLC)* می‌باشد که برای تعیین زمان گل‌دهی اهمیت دارد. از اینرو، در مطالعه حاضر به شناسایی و بررسی الگوی بیان ژن *FLC* در شاهی (*Lepidium sativum*) پرداخته شده است. پرایمرهای اختصاصی که برای آزمون‌های RT-PCR طراحی شدند یک قطعه ۳۶۱ نوکلئوتیدی از ژن *LsFLC* را تکثیر کردند که این توالی در پایگاه داده‌ای NCBI تحت شماره دسترسی GenBank: KT582105.1 ثبت شد. قطعه توالی‌یابی شده، ترادف پروتئینی استنباطی ۱۲۰ آمینو اسیدی را کدگذاری می‌نماید. بیان ژن *LsFLC* در اندام‌های مختلف گیاهی در مراحل فنولوژیکی گوناگون شامل: روز دوم پس از جوانه زنی (مرحله اولیه نمو رویشی)، روز ۱۳ (مرحله رویشی)، روز ۲۸ (مرحله بلوغ رویشی یا مرحله گذر) و در مراحل نمو زایشی شامل: روز ۳۳ (مرحله اولیه زایشی) و روز ۳۴ (مرحله گل‌دهی) بررسی شد. نتایج نشان داد که سطح بیان ژن *LsFLC* در ریشه بسیار بالا و در برگ‌ها و ساقه‌ها نسبتاً بالا بود، در حالی که هیچ بیانی در گل‌ها مشاهده نشد. در واقع، سطح mRNA در مرحله رویشی به مراتب بیشتر از مرحله گذر به فاز گل‌دهی بود، که با نقش شناخته‌شده *FLC* به عنوان یک محرک رشد رویشی و سرکوبگر گل‌دهی همخوانی داشت. تحلیل فیلوژنتیک داده‌ها نشان داد که ژن *LsFLC* ارتباط نزدیکی با اعضای خانواده Brassicaceae داشت، بیشترین همولوژی را با *Arabidopsis lyrata* نشان داد. مطالعه حاضر به درک عملکرد پروتئین‌های *LsFLC* در طول فنولوژی *L. sativum* کمک کرده و می‌تواند برای بکارگیری استراتژی‌های پیشرفته برای بهبود و اصلاح این گونه مفید باشد.

واژگان کلیدی: توالی‌یابی ژن *LsFLC*؛ درخت فیلوژنی؛ سرکوبگر گل‌دهی؛ شاهی

Please cite this paper as: Jonoubi, P., Rezanejad, F., & Mahyapoor, F. (2024). Gene expression analysis of deduced protein sequence from the *FLOWERING LOCUS C (FLC)* homolog during vegetative and reproductive phases in *Lepidium sativum* L. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 143-151. doi: [10.22080/jgr.2024.27624.1398](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27624.1398)

انتقال تنوع ژنتیکی از نسل بالغ به نهال‌های طبیعی راش شرقی (*Fagus orientalis* Lipsky) در جنگل هیرکانی

حامد یوسف زاده^{۱*}، مالک نصیری^۲، نرجس امیرچخماقی^۱، سیده عالمه صباغ^۳، لوکاس والاس^۴، گرگور کوزلوفسکی^{۵،۶،۷}
^۱گروه جنگل، دانشکده منابع طبیعی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
^۲گروه جنگل، دانشکده منابع طبیعی دانشگاه تهران، تهران، ایران
^۳گروه محیط زیست، دانشکده منابع طبیعی دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران
^۴انستیتو دندروولوژی، آکادمی علوم لهستان، پارکوا، کورنیک، لهستان
^۵گروه زیست شناسی و باغ گیاهشناسی، دانشگاه فرایبورگ، سوئیس
^۶مرکز حفاظت منابع گیاهی در خطر انقراض شرق چین، باغ گیاهشناسی شانگهای، چین
^۷موزه تاریخ طبیعی فرایبورگ، فرایبورگ، سوئیس

چکیده

راش شرقی (*Fagus orientalis* Lipsky) با پراکنش از ترکیه تا شمال ایران یکی از مهم ترین گونه های درختی اقتصادی است که برای مدت طولانی در جنگل هیرکانی در ایران مورد بهره برداری قرار گرفته است. در این مطالعه با استفاده از ۱۴ نشانگر ریز ماهواره، تنوع ژنتیکی راش شرقی در چهار منطقه با پوشش بالای ۹۰ درصد و از هر منطقه دو توده بالغ و زادآوری آنها (نهال‌های یک تا سه ساله) مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان داد که هتروزیگوسیتی مورد انتظار (He) از ۰/۸۳ تا ۰/۹۲ متغیر بود (میانگین ۰/۸۸) و تفاوت معنی‌داری بین هتروزیگوسیتی مورد انتظار و مشاهده شده شناسایی شد. در مجموع، ۷۵ آلل اختصاصی شناسایی شد که از این تعداد، ۵۶ آلل نادر و فراوانی آنها کمتر از ۰/۰۵ بود. مقادیر تمایز ژنتیکی بین توده‌ها (Fst) نشان داد که نهال‌ها در همان جمعیت نسبت به درختان بالغ در همان جمعیت، بیشتر به یکدیگر شبیه بودند. نتایج نشان داد که افراد در هر توده (بالغ-نهال) متفاوت هستند ($D=0/35$). میانگین درصد مهاجران در جمعیت از ۶/۶۴٪ تا ۱۳/۴۱٪ متغیر (میانگین = ۸/۸۳٪) بود. تمایز ژنتیکی درون توده، تفاوت‌های ژنتیکی بین بالغ‌ها و نهال‌ها نیز در برخی جمعیت‌ها معنی‌دار بود و جریان ژنی به طور چشمگیری در نسل بعد کاهش یافت. بنابراین، انتقال تنوع ژنتیکی بین نسل‌های درختی در حال حاضر حداقل در جمعیت‌های راش مورد مطالعه تحت تأثیر دخالت‌های انسانی قرار گرفته است که منجر به آسیب‌پذیری بالای جمعیت‌های راش شرقی در برابر تغییرات اقلیمی آینده خواهد شد.

واژگان کلیدی: استراتژی حفاظتی، تنوع ژنتیکی، جنگل هیرکانی، راش شرقی، مدیریت جنگل شناسی.

Please cite this paper as: Yousefzadeh, H., Nasiri, M., Amirchakhmaghi, N., Sabbagh, S. A., Walas, L., Kozłowski, G. (2024). Transmission of genetic variation from the adult generation to naturally established seedlings of *Fagus orientalis* in the Hyrcanian forest. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 152-163. doi: 10.22080/jgr.2024.26853.1387

شناسایی ژن‌های جدید تنظیم کننده تکوین نودول در *Medicago truncatula*: یک رویکرد درون رایانه‌ای

محبوبه آذرخش، سارا اسلامی، مریم مقدس و زهرا عطایی
گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشگاه کوثر، بجنورد، ایران

چکیده

تثبیت بیولوژیکی نیتروژن فرایندی است که به وسیله آن نیتروژن اتمسفر میتواند به اشکال نیتروژنی قابل دسترس برای گیاهان تبدیل شود. در بین گیاهان، خانواده نخود توانایی تثبیت نیتروژن از طریق برهمکنش با گروه خاصی از باکتری‌ها به نام ریزوبیا را دارند. در نتیجه این برهمکنش، اندامی به اسم نودول روی ریشه گیاه شکل میگیرد. اندام‌زایی نودول روی ریشه گیاه با درک فاکتور Nod بوسیله سلول‌های ریشه گیاه شروع میشود. پس از درک فاکتور Nod، فعال شدن آبشار سیگنالینگ فاکتور رونویسی در ریشه اتفاق می‌افتد. در نتیجه ساختاری به اسم نخ عفونت شکل میگیرد، تقسیم سلولی در کورتکس ریشه شروع شده و در نهایت نودول دارای عملکرد ایجاد می‌شود. به جهت اهمیت تثبیت بیولوژیکی نیتروژن در بهبود حاصلخیزی خاک، مکانیسم مولکولی تکوین نودول به صورت گسترده مطالعه می‌شود. در این مطالعه به منظور شناسایی تنظیم کننده‌های احتمالی که تشکیل نودول را در *Medicago truncatula* تحت تاثیر قرار میدهند، مهمترین فاکتورهای رونویسی مرتبط با همزیستی شامل MtIPD3، MtNSP1، MtNSP2، MtNIN، MtERN1، MtERN2 و MtERN3 مورد مطالعه قرار گرفتند. آنالیز ژن‌های هم بیان به کمک پایگاه داده‌ای Phytozome و بررسی شبکه برهمکنش آنها بوسیله پایگاه داده‌ای STRING، تنظیم کننده‌های جدید درگیر در تکوین نودول را مشخص کردند. بر اساس داده‌های ما، نمره برهمکنش فیزیکی بالایی بین IPD3 با بعضی از فاکتورهای رونویسی و پروتئین‌های چرخه سلولی، وجود دارد. این موضوع نشان میدهد که IPD3 از طریق برهمکنش با این پروتئین‌ها میتواند در تنظیم بیان ژن و چرخه سلولی درگیر باشد. بعلاوه ما ژن ABCG38 را که احتمالاً در ترانسپورت سیتوکینین درگیر است شناسایی کردیم و نشان دادیم که فعال شدن بیان آن در نودول در مقایسه با ریشه اتفاق می‌افتد. بعلاوه نشان دادیم که فاکتور پاسخ به اکسین *Medtr2g043250* میتواند هدف فاکتور رونویسی NIN باشد. نتایج ما روی تنظیم کننده‌های بالقوه ارگان‌زایی نودول، مسیر را برای تحقیقات بیشتر باز می‌کند.

واژگان کلیدی: بیان ژن، *Medicago truncatula*؛ تکوین نودول؛ نودول همزیست؛ فاکتورهای رونویسی

Please cite this paper as: Azarakhsh, M., Eslami, S., Moghadas, M., Ataei, Z. (2024). Identification of new genes regulating nodule development in *Medicago truncatula*: an in-silico approach. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 164-173. doi: [10.22080/jgr.2024.27764.1401](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27764.1401)

ارزیابی تنوع دسترسی‌های گوجه‌فرنگی (*Solanum Lycopersicum L.*) در بانک ژن ملی نیجریه با استفاده از نشانگرهای تکرارهای ساده توالی (SSR)

اولابیزی ئی. اولاجیره*، اولوسولا تی. اودوی، زینب ئی. جمال‌الدین، اولاتونده فاجیمی، دیوید ئی. کوکر، آیدون ساندی، اوپیمی ئی. اولوواسانیا، بست سی. آنوکو، آیدون ئی. اوگونه‌له، اوموومی ئی. آیکون و یتونده وی. آموس
بخش بیوتکنولوژی، مرکز ملی منابع ژنتیکی و بیوتکنولوژی، صندوق پستی ۵۳۸۲، مجتمع مور، ایبادان، نیجریه

چکیده

گوجه‌فرنگی یکی از پرکشت‌ترین سبزیجات در سراسر جهان است که تولید جهانی آن بیش از صد و سی میلیون تن می‌باشد. این محصول چند منظوره به شکل‌های مختلفی از جمله در سالادها، خمیرها، سس‌ها و سوپ‌ها مصرف می‌شود و دارای خواص آشپزی و آنتی‌اکسیدانی است. ارزیابی تنوع میان مواد ژنتیکی برای حفظ و بهره‌برداری از منابع ژنتیکی امری ضروری است. برای استفاده مؤثر از این مواد ژنتیکی در برنامه‌های اصلاح نژاد و بهبود محصول، تحلیل دقیق تنوع و ساختار ژنتیکی دسترسی‌ها یک نیاز اساسی است. این مطالعه با هدف ارزیابی تنوع ژنتیکی دسترسی‌های گوجه‌فرنگی موجود در بانک ژن نیجریه با استفاده از نشانگرهای تکرارهای ساده توالی (SSR) انجام شده است. برای این منظور، DNA از پنجاه دسترسی گوجه‌فرنگی با استفاده از روش CTAB استخراج شد. مقدار DNA با استفاده از دستگاه نانودرآپ اسپکتروفتومتر اندازه‌گیری و کیفیت آن با ژل آگارز ۱٪ بررسی شد. DNA با کیفیت بالا برای تکثیر با پنج نشانگر SSR چندشکلی استفاده شد. در مجموع ۲۳ آلل شناسایی شد که میانگین آلل‌ها ۳/۲۰ بود. مقادیر شاخص محتوای اطلاعات چندشکلی (PIC) از ۰/۳۵ (ODT4) تا ۰/۵۰ (ODT1) متغیر بود و میانگین آن ۰/۴۳ به دست آمد. همچنین، تنوع ژنی در بازه ۰/۴۵ تا ۰/۵۷ قرار داشت و میانگین آن ۰/۵۱ بود. تحلیل خوشه‌ای بر اساس روش گروه‌بندی بدون وزن با میانگین حسابی (UPGMA) نشان داد که دسترسی‌ها در دو خوشه اصلی و هر یک با دو زیرخوشه قرار می‌گیرند. خوشه اول شامل دو زیرخوشه با سه و سی دسترسی بود و خوشه دوم شامل زیرخوشه‌هایی با یک و شانزده دسترسی بود. نتایج این تحقیق نشان داد که نشانگرهای SSR با موفقیت توانستند تمایز میان دسترسی‌های گوجه‌فرنگی را بر اساس مقادیر PIC و تنوع ژنتیکی مشخص کنند و در نتیجه استفاده از آنها برای برنامه‌های آینده بهبود محصول و کمک به امنیت غذایی توصیه می‌شود.

واژگان کلیدی: دسترسی؛ تنوع؛ *Solanum lycopersicum*؛ SSR؛ گوجه‌فرنگی

Please cite this paper as: Olajire O. E., Oduoye O.T., Jamaledine Z. O., Fajimi O., Coker D. O., Sunday A., Oluwasanya O. A., Anukwu B.C., Ogundele A.O., Ayekun O. A., & Amos Y. V. (2024). Assessment of the diversity of tomato (*Solanum Lycopersicum L.*) accessions in the Nigeria national gene bank using simple sequence repeat (SSR) markers. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 174-180. doi: 10.22080/jgr.2024.27765.1402

تاثیر قرار گرفتن در معرض طولانی مدت پلی وینیل پیرولیدون بر بیان ژن، ساختار کروماتین و سطوح مالون دی آلدئید در اسپرم انسان

مژده صبور^۱، محمود دهقانی اشکذری^۱، اعظم آقارحیمی^۲، سید مرتضی سیفتی^۱، سید مهدی کلانتر^۳

^۱گروه زیست شناسی، مرکز تحقیقات زیست فناوری پزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد اشکذر، یزد، ایران

^۲مرکز تحقیقاتی درمانی ناباروری، پژوهشکده علوم تولید مثل، دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی، یزد، ایران

^۳مرکز تحقیقات سقط، پژوهشکده علوم تولید مثل، دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی، یزد، ایران

چکیده

در روش تزریق داخل سیتوپلاسمی اسپرم (ICSI)، اسپرم باید به دلیل دستکاری آن بی حرکت شود. بنابراین، پلی وینیل پیرولیدون (PVP) برای این منظور استفاده شده است. ر اساس بسیاری از مطالعات، نرخ لقاح ممکن است با انکوباسیون اسپرم در PVP کاهش یابد زیرا میتوکندری، هسته و ساختار غشایی اسپرم را تغییر می دهد. ز آنجایی که PVP به طور گسترده در مراکز ناباروری مورد استفاده قرار می گیرد، بررسی عوارض جانبی این عامل قابل توجه است. این مطالعه به منظور بررسی اثرات این جزء بر کیفیت کروماتین با رنگ آمیزی آکریدین نارنجی (AO)، سطوح مالون دی آلدئید (MDA) و بیان ژن های BCL2، BAX، HSP70 (HSPA2) و SOD2 در بازه های زمانی مختلف (۰، ۱۵، ۳۰ و ۶۰ دقیقه) طراحی شد. در این تحقیق ۲۵ نمونه اسپرم نرمال پس از آماده سازی به روش Swim-up استفاده شد. نتایج نشان داد که انکوباسیون اسپرم در PVP به مدت ۱۵، ۳۰ و ۶۰ دقیقه به طور معنی داری سطوح MDA و درصد AO را نسبت به اسپرم های مواجه نشده با PVP افزایش داد. علاوه بر این، بیان ژن های BCL2، BAX، HSP70 و SOD2 پس از انکوباسیون در محیط PVP در فواصل زمانی مختلف تغییر یافت. مواجهه اسپرم در PVP به طور قابل توجهی اثرات نامطلوب را پس از ۱۵ دقیقه افزایش داد. بنابراین، اسپرم نباید بیش از ۱۵ دقیقه در طول عمل ICSI در معرض PVP قرار گیرد. در مجموع، نتایج نشان داد که انکوباسیون اسپرم در محیط PVP در طی یک روش ICSI برای بیش از ۱۵ دقیقه ممکن است منجر به تغییرات قابل توجهی در ویژگی های بیولوژیکی اسپرم شود. بنابراین، تسریع در روند ICSI می تواند اثرات نامطلوب احتمالی PVP بر پارامترهای اسپرم را کاهش دهد.

واژگان کلیدی: پلی وینیل پیرولیدون؛ تزریق داخل سیتوپلاسمی اسپرم؛ یکپارچگی DNA، سطوح مالون دی آلدئید؛ بیان ژن

Please cite this paper as: Sabour, M., Dehghani Ashkezari, M., Agha-Rahimi, A., Seifati, S. M., & Kalantar, S. M. (2024). Impact of long-term Polyvinylpyrrolidone exposure on gene expression, chromatin structure, and malondialdehyde levels in human sperm. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 61-68. doi: [10.22080/jgr.2024.27315.1395](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27315.1395)

تجزیه و تحلیل ارتباط بین پلی مورفیسم ژن $GSK3\beta$ (rs334558, rs3755557) ، در بیماران مبتلا به اسکیزوفرنی

مریم منتظری دهبازر^۱، درمحمد کردی تمندانی^۱، نسیم نعیمی^{۱*}، شهرام وزیری^۲، محمد شکاری^۳

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

^۲ گروه روانشناسی بالینی، دانشکده روانشناسی و علوم اجتماعی، دانشگاه آزاد اسلامی واحد رودهن، تهران، ایران

^۳ مرکز تحقیقات پزشکی مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی هرمزگان، بندرعباس، ایران

چکیده

مطالعات متعدد $GSK3\beta$ را به عنوان یک ژن مرتبط با استعداد ابتلا به اسکیزوفرنی (SZ) شناسایی کرده‌اند و عملکرد اساسی آن در رشد عصب، این ظرفیت را به عنوان هدفی برای داروهای ضد روان پریشی برجسته می‌کند. در این مطالعه، ارتباط بین دو پلی مورفیسم ژن $GSK3\beta$ (rs334558, rs3755557) با خطر ابتلا به اسکیزوفرنی بررسی، و مطالعه مورد-شاهدی در جمعیتی از جنوب ایران انجام شد. نمونه DNA از ۱۰۰ بیمار مبتلا به اسکیزوفرنی و ۱۰۰ فرد سالم جدا شد. سپس، از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز (PCR-RFLP) برای بررسی الگوهای پلی مورفیسم $GSK3\beta$ (rs334558, rs3755557) استفاده شد. فراوانی ژنوتیپ‌ها، آلل‌ها و تعادل هاردی واینبرگ مورد ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که افراد دارای ژنوتیپ TA و TA+AA در جایگاه rs3755557 (T/A)، به طور قابل توجهی در معرض خطر ابتلا به اسکیزوفرنی هستند (OR= ۲/۹۴؛ $P=0.0001$ ، ۹۵٪ CI: ۵/۱-۶۱/۵۴) و (OR= ۳/۷۸؛ $P=0.0001$ ، ۹۵٪ CI: ۲-۷/۱۳) به ترتیب. به طور مشابه، ژنوتیپ GA و GA+AA در جایگاه rs334558 (G/A) نیز به طور قابل توجهی خطر اسکیزوفرنی را افزایش داد (OR= ۶/۶۲؛ $P<0.001$ ، ۹۵٪ CI: ۳/۴-۱۳؛ OR= ۷/۶۳؛ $P<0.001$ ، ۹۵٪ CI: ۳/۹۵-۱۴). در این تحقیق، یافته‌های ما همبستگی قابل توجهی بین پلی مورفیسم‌های ژن $GSK3\beta$ و استعداد ابتلا به اسکیزوفرنی مشخص کرد. تجزیه و تحلیل‌ها نشان داد که تغییرات در فراوانی ژنوتیپ‌ها بین گروه کنترل و گروه بیمار می‌تواند به عنوان یک معیار تشخیصی برای اسکیزوفرنی باشد. توصیه می‌شود که تحقیقات بعدی با حجم نمونه‌های بزرگتر در میان جمعیت‌های ژنتیکی متنوع، برای تأیید یافته‌های فعلی انجام شود.

واژگان کلیدی: $GSK3\beta$ ؛ اسکیزوفرنی؛ پلی مورفیسم؛ PCR-RFLP

Please cite this paper as: Montazeri Dehbarez, M., Kordi Tamandani, D.M., Naeimi, N., Vaziri, S., and Shekari, M. (2024). Association between $GSK3\beta$ gene polymorphisms (rs334558 and rs3755557) with schizophrenia risk. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 189-197. doi: 10.22080/jgr.2024.27814.1403

جداسازی و شناسایی اکتینوباکتریهای مولد لیپاز از کویر لوت ایران

سمیرا عابدی دولت آبادی^{۱*}، موج خالقی^۱، صدیقه قاسم زاده^۱، آزاده لهراسبی نژاد^۲، ارسطو بدویی دلفارد^۱

^۱ بخش زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر، کرمان، ایران

^۲ بخش بیوتکنولوژی سیستم، موسسه پژوهشی افضلی پور، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

چکیده

لیپازها سومین دسته از آنزیمهای هیدرولیتیک پر کاربرد هستند که نقش کلیدی در هیدرولیز تری آسید گلیسرولها به گلیسرول و اسیدهای چرب آزاد دارند. اکتینوباکتریها، که از باکتریهای گرم مثبت محسوب می شوند، دارای بزرگترین اندازه ی ژنومی در میان باکتریها هستند و متابولیت های ثانویه متعددی از جمله آنزیمها را تولید می کنند. این پژوهش به شناسایی سویه های تولیدکننده لیپاز از اکتینوباکتریهای موجود در کویر لوت ایران اختصاص دارد. نمونه های میکروبی جمع آوری شده از این منطقه طی سال های ۲۰۱۷ تا ۲۰۱۸ به وسیله ی کشت روی محیط های اختصاصی، فعال سازی شدند. سپس نمونه ها برای ارزیابی تولید لیپاز بر روی پلیت های حاوی توین ۸۰ آگار کشت و پس از گذشت هفت روز، بر اساس قطر هاله ی شفاف اطراف کلنی ها مورد ارزیابی قرار گرفتند. فعالیت لیپاز با روش اسپکتروفتومتری و استفاده از سوبسترای اختصاصی پارا-نیترو فیل پالمیتات سنجیده شد. بهترین سویه بر اساس نتایج توالی 16S rRNA تعیین شد که از میان شش سویه اکتینوباکتر جداسازی شده، سه سویه توانایی تولید لیپاز از خود را نشان دادند. سویه ی Ga7 با قطر هاله ی شفاف ۷ میلی متر و فعالیت آنزیمی 5.45×10^{-7} میکرومول بر دقیقه، به عنوان بهترین تولیدکننده شناسایی شد که متعلق به *Streptomyces sp.* می باشد و ۹۹ درصد مشابهت با *Streptomyces indoligenes* دارد. یافته های این مطالعه اهمیت اکتشاف باکتری های بومی مناطق سخت همچون کویر لوت را در تأمین منابع میکروبی آنزیم های صنعتی نشان می دهد. سویه ی Ga7، به دلیل سازگاری با شرایط دشوار منطقه گندم بریان، که گرم ترین نقطه زمین محسوب می شود، گزینه ای مناسب برای تولید لیپاز در صنایع مختلف به شمار می رود.

واژگان کلیدی: اکتینوباکتری؛ استریتومایسس؛ آنزیم لیپاز؛ گندم بریان

Please cite this paper as: Abedi-Dolatabadi, S., Khaleghi, M., Ghasemzadeh, S., Lohrasbi-Nejad, A., & Badoei Delfard, A. (2024). Isolation and identification of lipase-producing *Actinobacteria* from the Lut desert of Iran. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 198-208. doi: 10.22080/jgr.2024.27383.1397

تجزیه و تحلیل ترانومیزی گیاه *آرابیدوپسیس* در شرایط تنش باکتری *سودوموناس*

امیرغفار شهریاری^{۱*}، محمد حامد قدوم پاریزی پور^۲، یاسر بی نیاز^۳، امین الله طهماسبی^۴، فاطمه قلی زاده^۵

^{۱*} گروه کشاورزی و منابع طبیعی، مرکز آموزش عالی اقلید، اقلید، ایران

^۲ گروه حفظ نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، ملاتانی، ایران

^۳ مرکز تحقیقات ویروس شناسی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

^۴ گروه کشاورزی، مرکز آموزش عالی میناب، دانشگاه هرمزگان، بندرعباس، ایران

^۵ گروه فیزیولوژی و متابولیسم گیاهی، موسسه کشاورزی، مرکز تحقیقات کشاورزی هیون رن، مجارستان

چکیده

تنش‌های گیاهی ناشی از باکتری‌های بیماری‌زای گیاهی به تنش‌های زیستی دسته‌بندی می‌شوند. این مطالعه با هدف انجام یک متاآنالیز داده‌های رونومیزی *آرابیدوپسیس* در پاسخ به عفونت توسط باکتری‌های *P. syringae* و *P. syringae* *maculicola* انجام شد. بیان ژن و فاکتورهای رونومیزی گیاه *آرابیدوپسیس* آلوده به باکتری با استفاده از داده‌های منتشر شده RNA-Seq مورد بررسی قرار گرفت. همچنین، عوامل حیاتی، از جمله ژن‌های هاب، برهمکنش پروتئین-پروتئین (PPI) و میکرو RNA ها (miRNA) مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. تعداد کل ۲۲ مسیر بیولوژیکی به طور قابل توجهی با ژن‌های بیان‌شده متفاوت (DEGs) با تنظیم بالا/پایین در تجزیه و تحلیل ژن‌ها و ژنوم در آنالیز KEGG بدست آمد. همچنین، ۳۹ فاکتور رونومیزی از گیاه *آرابیدوپسیس* در طول عفونت باکتریایی تغییر یافت. علاوه بر این، ۵۰۳۴ DEGs به طور قابل توجهی با گیاهان بدون تنش متفاوت بود که از این تعداد ۲۲۹۱ و ۲۷۴۳ به ترتیب بالا و پایین تنظیم شدند. بیان ژن‌های مربوط به پاسخ استرس، فرآیند سلولی، فرآیند متابولیک و پاسخ محرک در گیاه آلوده به باکتری افزایش یافت. در مقابل، بیان ژن‌های دخیل در فرآیندهای سلولی و بیوسنتز کاهش یافت. با توجه به عملکرد مولکولی، ۴۱۲ ژن مرتبط با فعالیت‌های کیناز، کاتالاز، و اکسیدوردوکتاز در گیاهان آلوده به باکتری افزایش بیان داشت، در حالی که ژن‌های فعال در هیدرولاز و ترانسفراز کاهش بیان داشت. آنالیز برهمکنش پروتئین-پروتئین ۱۰۷ گره و ۱۸۹ لبه را نشان داد. مهم‌ترین ژن‌های هاب شامل ژن‌های MYC2، WRKY40، WRKY33 و سایر ژن‌ها بود. علاوه بر این، تعداد کل ۴۱ خانواده میکرو RNA ها در طول برهمکنش گیاه *آرابیدوپسیس* با باکتری تعیین شد. عفونت گیاه *آرابیدوپسیس* توسط *P. syringae* و *P. syringae* *maculicola* بیان برخی از ژن‌ها و مسیرهای پاسخ‌دهنده به استرس را القا کرد، که در میان آنها برخی از ژن‌های هاب مرتبط با دفاع شناسایی شدند. نتایج درک واضح تری از استراتژی‌های اعمال شده برای برنامه ریزی مسیرهای دفاعی در عفونت باکتریایی در *آرابیدوپسیس* ارائه می‌دهد.

واژگان کلیدی: *آرابیدوپسیس*؛ بیان ژن؛ پاسخ میزبان؛ رونومیزی؛ *سودوموناس*

Please cite this paper as: Shahriari, A. G., Ghodoum Parizipour, M. H., Biniaz, Y., Tahmasebi, A., & Gholizadeh, F. (2024). Transcriptomic response of *Arabidopsis thaliana* to *Pseudomonas syringae* infection: an *in silico* approach. *Journal of Genetic Resources*, 10(2): 209-220. doi: [10.22080/jgr.2025.27951.1406](https://doi.org/10.22080/jgr.2025.27951.1406)

بررسی فراوانی و تنوع ترکیبات کانتاریدین در گونه های *Hycleus colligatus*, *Mylabris*

schrenki, *Mylabris cincta* و *Hycleus schah* از استان کرمان، ایران

سارا السادات نژادقادی^۱، ارسطو بدویی دلفارد^{۲*}، جاماسب نوذری^۱

^۱ گروه گیاهپزشکی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

^۲ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

چکیده

کانتاریدین و ترکیبات وابسته به کانتاریدین توسط خانواده ملوئیده برای دفاع در برابر شکارگرها، سنتز می شوند. همچنین کانتاریدین و ترکیبات وابسته به کانتاریدین به عنوان آفت کش های زیستی شناخته می شوند. به علت اینکه آفت کش های زیستی به طور گسترده ای برای جایگزینی آفت کش های شیمیایی در کنترل آفات استفاده می شوند، بررسی میزان کانتاریدین و ترکیبات وابسته به کانتاریدین (پالازونین و پالازونینیمیده) که به عنوان آفت کش های زیستی شناخته شده اند، ضروری است. در این تحقیق مقدار کانتاریدین در چهار گونه از گونه های ملوئیده (هیسلتوس کولیگاتوس، میلابریس شرنکی، میلابریس سینکتا و هیسلتوس شه) که در استان کرمان فراوان بودند، تعیین گردید. هر گونه به سه گروه شامل نر، ماده جفت شده و ماده جفت نشده، تقسیم شد. نتایج نشان داد که هیسلتوس کولیگاتوس بالاترین سطح کانتاریدین را داشت (0.49 ± 20.38 میکروگرم بر میلی گرم). سطوح کانتاریدین برای میلابریس شرنکی، میلابریس سینکتا و هیسلتوس شه به ترتیب 12.44 ± 0.17 ، 5.24 ± 0.06 و 3.49 ± 0.03 میکروگرم بر میلی گرم بود. سطح کانتاریدین در ماده های جفت شده و ماده های جفت نشده در همه گونه ها به ترتیب بیشترین و کمترین مقدار را داشت. نتایج نشان داد که فقط نرها می توانند کانتاریدین را سنتز کنند و در طول جفت گیری به ماده ها انتقال دهند. ماده های جفت شده این سم را از نرها در طول جفت گیری دریافت می کنند و آن را برای دفاع از تخم ها در برابر حمله ی شکارگرها و تحریک نوع تغذیه در شکارگرهایی که در معرض این سم هستند، استفاده می کنند. همچنین در این تحقیق مقدار پالازونین و پالازونینیمیده در چهار گونه تعیین شد. پالازونین و پالازونینیمیده در ماده های جفت شده یافت شد، اما در نرها دیده نشد و این نشان می دهد که ترکیبات وابسته به کانتاریدین الگوی انتقال یکسانی با کانتاریدین ندارند. بنابراین، بر خلاف کانتاریدین، نمی توانستند از نر به ماده منتقل شوند. این مطالعه نشان داد که در ماده های جفت شده ی چهار گونه، درصد کانتاریدین بیشتر از درصد پالازونین و پالازونینیمیده بود.

واژگان کلیدی: کانتاریدین؛ آفت کش های زیستی؛ هیسلتوس؛ میلابریس

Please cite this paper as: Nezhad-Ghaderi, S. Sadat., Badoei-Dalfard, A., & Nozari, J. (2024). Investigation of abundance and diversity of cantharidin compounds in the *Hycleus colligatus*, *Mylabris schrenki*, *Mylabris cincta*, and *Hycleus schah* species from Kerman province, Iran. *Journal of Genetic Resources*, 10(2), 221-231. doi: [10.22080/jgr.2025.27922.1407](https://doi.org/10.22080/jgr.2025.27922.1407)

بررسی رونویسی ژن‌های بیماری‌زایی *Sclerotinia sclerotiorum* در هنگام آلوده سازی *Brassica napus*

هنگامه طاهری^{*۱} و محمد حامد قدوم پاریزی پور^{*۲}

^۱ گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، ملاثانی، ایران

^۲ گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی خوزستان، ملاثانی، ایران

چکیده

پوسیدگی اسکروتینیایی ساقه (SSR) ناشی از *Sclerotinia sclerotiorum* یکی از مخرب‌ترین بیماری‌های کلزا (*Brassica napus* L.) در سطح جهان است. در این مطالعه ژن‌های کلیدی دخیل در بیماری‌زایی *S. sclerotiorum* در طول آلودگی کلزا شناسایی شد. همچنین ترجیح استفاده از کدون (CUB) برای یافتن کدون‌های بهینه موثر در بیان ژن و عوامل موثر در تشکیل CUB مورد بررسی قرار گرفت. بدین منظور شبکه برهم‌کنش پروتئین-پروتئین ترسیم شد و چندین ژن کلیدی بر اساس ابزار CytoHubba تعیین و رتبه‌بندی شدند. بر این اساس مشخص شد که ژن‌های کدکننده نیترات ردوکتاز، بتا گلوکوزیداز، گلوکاناز، پروتئین حاوی دومین PA14، خانواده مدول اتصال به کربوهیدرات ۱ و آسیل-کوآنزیم A اکسیداز با القای SSR مرتبط هستند. بررسی هستی‌شناسی ژن (GO) نشان داد که ژن‌های مربوط به متابولیسم مواد آلی، فعالیت کاتالیزوری و موجودیت آناتومیک سلولی بیشترین تعداد را داشتند. همچنین بررسی مسیر KEGG، ۱۶ مسیر بیولوژیکی تنظیم شده توسط *S. sclerotiorum* را نشان داد که در میان آن‌ها ژن‌های مرتبط با مسیرهای متابولیک بیشترین تعداد را نشان دادند. شاخص‌های CUB شامل CAI (شاخص تطبیق کدون)، ENC (تعداد مؤثر کدون)، GC، GC3S (محتوای GC در سومین موقعیت باز کدون)، و RSCU (استفاده از کدون مترادف نسبی) تعیین شدند. نتایج نشان‌دهنده همبستگی مثبت و معنی‌دار بین GC و GC3S بود. همچنین اثرات احتمالی فشار انتخاب و ماهیت جهش در شکل‌دهی CUB مشخص شد. میانگین محدوده ENC از ۴۲/۴ تا ۵۶/۶۵ نشان دهنده جهت‌گیری کمتر در استفاده از کدون می‌باشد. محدوده CAI از ۰/۷۴ تا ۰/۸۹ بیانگر اهمیت این ژن‌ها در سازگاری به تنش‌های محیطی است. حداکثر RSCU برای کدون CCA، ۱/۷۶ بود که نشانگر ترجیح استفاده از این کدون در مقایسه با سایر کدون‌های مترادف اسید آمینه پرولین بود. همچنین این نتایج نشان داد که *S. sclerotiorum* برخی از ژن‌های دخیل در القای بیماری (مانند آنزیم‌های تخریب‌کننده دیواره سلولی، بیوستز متابولیت‌های ثانویه و مسیرهای متابولیک) را تنظیم می‌کند تا گیاه میزبان خود را آلوده کند.

واژگان کلیدی: هستی‌شناسی ژن؛ بیان ژن؛ بیماری‌زایی؛ برهم‌کنش گیاه و بیمارگر؛ *Sclerotinia sclerotiorum*؛ رونویسی

Please cite this paper as: Taheri, H., & Ghodoum Parizipour, M. H. (2024). Transcriptomic analysis of pathogenicity genes in *Sclerotinia sclerotiorum* affecting *Brassica napus*. *Journal of Genetic Resources*, 10(2) 232-243. doi: 10.22080/jgr.2025.27934.1405