

شناسایی توالی‌های تشکیل‌دهنده G-quadruplex در ژن نوکلئوکپسید SARS-CoV-2 در انواع

In Silico تجزیه و تحلیل نگران‌کننده: تجزیه و تحلیل

سعیده قضایی زیدانلو

گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه کوثر بجنورد، بجنورد ایران

چکیده

ویروس کرونای سندرم حاد تنفسی ۲ (SARS-CoV-2)، به عنوان یک ویروس RNA پوششی، منجر به یک تهدید سلامت جهانی شده است. مطالعات اخیر تاکید کرده اند که ساختارهای G-quadruplex موانع ذاتی برای بیان ژن هستند و هدف قرار دادن آنها در ژنوم های ویروسی می تواند یک استراتژی ضد ویروسی جدید برای توسعه عوامل ضد ویروسی باشد. RNA ژنومی SARS-CoV-2 تعداد ۲۹ پروتئین را کد می کند. یکی از آنها پروتئین نوکلئوکپسید با عملکردهای چندگانه است که برای چندین مرحله از چرخه زندگی ویروسی حیاتی است. در اینجا، ما توالی‌های احتمالی مستعد تشکیل ساختار G-quadruplex (PQS) را در ژن نوکلئوکپسید SARS-CoV2 و انواع سویه های نگران کننده آن با استفاده از یک ابزار بیوانفورماتیک تجزیه و تحلیل کرده‌ایم. نتایج نشان داد که تعداد، موقعیت و نمرات PQS در سویه ووهان و انواع آلفا، بتا و گاما مشابه بود. تفاوت اصلی در واریانت دلتا مشاهده شد، که در آن یک PQS در موقعیت ۶۳۰ حذف شده بود، که بالاترین نمره را داشت و بسیار حفاظت شده G-quadruplex است. نوع Omicron دوباره دارای این PQS در موقعیت ۶۲۱ بود زیرا چندین جهش را به دست آورده بود. علاوه بر این، یک جهش منحصربه‌فرد R203M نیز در پروتئین N نوع دلتا وجود دارد که منجر به افزایش بسته‌بندی RNA، تکثیر و COVID-19 شدید می‌شود. ما پیشنهاد کردیم که جهش R203M منجر به جایگزینی G>T و از دست دادن PQS با نمره بالا در ژن نوکلئوکپسید در سویه دلتا شده است. بنابراین، به دلیل از دست دادن این PQS مهم یا در واقع مانع مهمی برای تکثیر ویروسی، واریانت دلتا می تواند تولید مثل و بیماری زایی بالاتری نسبت به سایر گونه های نگران کننده از خود نشان دهد.

واژگان کلیدی: ساختارهای چهاررشته؛ ژن نوکلئوکپسید؛ ویروس کرونای سندرم حاد تنفسی ۲؛ سویه‌های نگران‌کننده

Please cite this paper as: Ghazaey Zidanloo, S. (2024). Identification of G-quadruplex-forming sequences in nucleocapsid gene of SARS-CoV-2 variants of concern: an *in silico* analysis. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 1-8. doi: [10.22080/jgr.2024.25850.1370](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.25850.1370)

فعالیت ضد میکروبی و ضد بیوفیلمی ۴-بنزیلیدین-۲-متیل-اکسازولین-۵-اون در برابر باکتری های پاتوژن

زهرا فهیمه السادات مرتضوی^۱، محمدرضا اسلامی^۲، موج خالقی^۳

^۱ گروه مهندسی شیمی، دانشگاه صنعتی سیرجان، سیرجان، ایران

^۲ گروه شیمی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

^۳ گروه زیست شناسی، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

چکیده

یکی از چالش های اصلی در حوزه بهداشت، افزایش مقاومت ضدباکتریایی است که در آن باکتری ها نسبت به طیف وسیعی از آنتی بیوتیک های رایج در دسترس مقاومت ایجاد کرده اند. این باکتری های مقاوم تهدید قابل توجهی برای سلامت عمومی محسوب می شوند و منجر به بیماری های شدید می شوند و چالش قابل توجهی برای درمان ایجاد می کنند. بنابراین، کشف عوامل ضد میکروبی جدید در کنترل گسترش عفونت های ناشی از باکتری های مقاوم به دارو بسیار حائز اهمیت است. این مطالعه بر روی سنتز یک اکسازولین و همچنین بررسی ویژگی های ضد میکروبی و ضد بیوفیلمی این ترکیب به نام ۴-بنزیلیدین-۲-متیل-اکسازولین-۵-اون تمرکز دارد. ساختار ترکیب اکسازولین به صورت دقیق با استفاده از طیف سنجی ¹H NMR، ¹³C NMR و FT-IR شناسایی شد. فعالیت ضدباکتریایی روی *S. aureus* با استفاده از روش انتشار چاه آگار ارزیابی شد، در حالی که حداقل مقدار غلظت مهارکننده (MIC) و حداقل غلظت باکتری کشی (MBC) تعیین شد تا محدوده غلظت هایی که تأثیر مهارکنندگی قابل توجهی دارند، شناسایی شود. باکتری *S. aureus* یکی از میکروارگانیسم های چشم گیر در علوم پزشکی و بالینی، به خصوص عفونت های نوزوکومیال، است. علاوه بر این، مطالعه تأثیر این ترکیب بر تشکیل بیوفilm و بیان ژن *icaA* را ارزیابی کرد. نتایج حاصل از آزمایش MIC و MBC نشان داد که این ترکیب اثرات باکتریواستاتیک و باکتری کشی را بر روی باکتری های گرم مثبت و گرم منفی و همچنین مخمر نشان می دهد. علاوه بر این، حضور این ترکیب ضدباکتریایی منجر به کاهش در بیان ژن *icaA* می شود. ۴-بنزیلیدین-۲-متیل-اکسازولین-۵-اون فعالیت ضد میکروبی قابل توجهی از خود نشان داد و تشکیل بیوفilm را متوقف کرد. علاوه بر این، مشاهده شد که ۴-بنزیلیدین-۲-متیل-اکسازولین-۵-اون با اثرات سمی بر روی سلول های MCF-7، منجر به مرگ سلولی می شود. وقتی در غلظت های ۰/۰۱، ۰/۱ و ۱ میلی گرم بر میلی لیتر آزمایش شد، این ترکیب اثرات سیتوتوکسیک نشان داد و به طور قابل توجهی زنده ماندن سلول را کاهش داد.

واژگان کلیدی: ضد میکروبی؛ ۴-بنزیلیدین-۲-متیل-اکسازولین-۵-اون؛ بیوفilm؛ بیان ژن *icaA*

Please cite this paper as: Mortazavi, Z. F. A., Islami, M. R., & Khaleghi, M. (2024). Antimicrobial and antibiofilm activity of 4-benzylidene-2-methyl-oxazoline-5-one against pathogen bacteria. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 9-19. doi: [10.22080/jgr.2024.26199.1377](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26199.1377)

اولین گزارش از وقوع ویروس پیچیدگی برگ زرد گوجه‌فرنگی (TYLCV)

در گلخانه‌های گوجه‌فرنگی استان لرستان

فرزانه رستمی، سمیرا پاکباز*، مصطفی درویش‌نیا

گروه گیاه‌پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، لرستان، ایران

چکیده

ویروس پیچیدگی برگ زرد گوجه‌فرنگی (TYLCV) از مهم‌ترین بیماری‌های ویروسی گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum* L.) در مناطق گرمسیری، نیمه‌گرمسیری و مناطق معتدل جهان به شمار می‌رود. میزان خسارت ناشی از این ویروس شدید بوده و ممکن است به ۱۰۰ درصد هم برسد. ناقل طبیعی آن، سفیدبالک *Bemisia tabaci* است. به منظور ردیابی و بررسی تنوع ژنتیکی TYLCV، نمونه‌های برگ مشکوک به آلودگی از گلخانه‌های کشت گوجه‌فرنگی در شهرستان خرم‌آباد جمع‌آوری شد. در ارزیابی‌های مولکولی، قطعه‌ای به اندازه تقریبی ۵۵۰ جفت باز با استفاده از آغازگرهای دژنره اختصاصی بگوموویروس‌های منتقل شونده با سفیدبالک، تکثیر شد که نشان‌دهنده آلودگی به TYLCV در مناطق مورد بررسی است و در مجموع، ۱۸ نمونه گوجه‌فرنگی آلوده از ۳۰ نمونه مشکوک به TYLCV شناسایی شد. همچنین مقایسه توالی‌های نوکلئوتیدی جدایه‌های خرم‌آباد (Kh1 و Kh2) در NCBI، ردیابی TYLCV را در منطقه مورد مطالعه تایید کرد. توالی‌های نوکلئوتیدی تعیین شده به ترتیب ۹۴/۷۹-۹۷/۶۳ و ۹۰/۵۰-۹۵/۶۹ درصد شباهت نوکلئوتیدی و آمینواسیدی را با سایر توالی‌های TYLCV موجود در NCBI نشان دادند. ماتریس مقایسه دو به دو توالی دو جدایه ویروسی مورد مطالعه بسیار مشابه جدایه منتخب از بانک ژن با استفاده از نرم‌افزار SDT v1.2 نشان داد که توالی دو جدایه ویروسی مورد مطالعه بسیار مشابه بوده و درصد شباهت نوکلئوتیدی آن‌ها ۹۵/۶۰ درصد است. همچنین، جدایه‌های Kh1 و Kh2 به ترتیب بیشترین شباهت را با جدایه کویت (۹۵/۴۰ درصد) و جدایه عراق (۹۷/۶۰ درصد) داشتند. این نتایج با آنچه در درخت فیلوژنی رسم شده با استفاده از Mega11 دیده شد، یکسان بود. این اولین گزارش از شیوع گسترده TYLCV در گلخانه‌های گوجه‌فرنگی استان لرستان بود.

واژگان کلیدی: بگوموویروس؛ ردیابی؛ خرم‌آباد؛ ویروس پیچیدگی برگ زرد گوجه‌فرنگی.

Please cite this paper as: Rostami, F., Pakbaz, S., & Darvishnia, M. (2024). The first report of Tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) occurrence in tomato greenhouses of Lorestan province. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 20-28. doi: [10.22080/jgr.2024.26347.1378](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26347.1378)

رمزگشایی شبکه تنظیمی برخی از ژن‌ها و میکروRNA های کلیدی

پاسخ‌دهنده به تنش خشکی در کلزا

مریم پسندیده ارجمند^{۱،۲}، ناصر فرخی^۳، حبیب الله سامی زاده لاهیجی^۱ و محمد محسن زاده گلفزانی^۱

^۱ گروه بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

^۲ شرکت BioGenTAC، مرکز رشد فناوری پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران - شعبه شمال، رشت، ایران

^۳ گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم زیستی و بیوتکنولوژی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران

چکیده

خشکی یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیرزیستی است که رشد و عملکرد کلزا را محدود می‌کند. این مطالعه با هدف دستیابی به درک عمیق‌تر از ژن‌های محوری مرتبط با تنش خشکی، شبکه تنظیمی آن‌ها و الگوهای بیان نسبی در ژنوتیپ‌های متحمل و حساس کلزا تحت شرایط تنش خشکی انجام شد. در این پژوهش، برخی از ژن‌های کلیدی و شبکه تنظیمی آن‌ها که در پاسخ به تنش خشکی در کلزا نقش دارند، مورد بررسی قرار گرفتند. شبکه ژنی، مسیرهای عملکردی و میکروRNA های تنظیمی (miRNA) بر اساس تجزیه و تحلیل داده‌های توالی‌یابی RNA بررسی شدند. علاوه بر این، الگوی بیان نسبی ژن‌های محوری در ژنوتیپ‌های متحمل و حساس با استفاده از تکنیک Real-time PCR مقایسه گردید. در مجموع، ۵۲۷۵ ژن با بیان تفاضلی شناسایی شد که از این تعداد، ۳۷۹۴ ژن در پاسخ به تنش خشکی افزایش بیان و ۱۴۸۱ ژن کاهش بیان نشان دادند. نتایج نشان داد که فرآیندهای زیستی مهم مرتبط با ژن‌های افزایش‌یافته و کاهش‌یافته به ترتیب در پاسخ به کمبود آب و تحریکات نوری غنی شده‌اند. نتایج همچنین نشان داد که ژن‌های *GDC*، *PRK*، *HCEF1*، *FNR1*، *RCA*، *ACP4* و *MDH* از جمله ژن‌های محوری در تنش خشکی هستند. این ژن‌های محوری توسط میکروRNA های مهم مرتبط با تنش خشکی از جمله miR9558، miR854، miR172، miR834، miR390 و miR167 تنظیم می‌شوند. الگوی بیان نسبی ژن‌های محوری مورد بررسی در ژنوتیپ‌های متحمل و حساس کلزا متفاوت بود. ژن‌های محوری شناسایی شده که در پاسخ به تنش خشکی نقش دارند، در تنظیم متابولیسم کربن، فعال‌سازی پیام‌رسانی تنش، و تنظیم وضعیت ردوکس (NADP(H) استروما نقش اساسی ایفا می‌کنند. این ژن‌ها در یک شبکه تنظیمی پیچیده تحت تأثیر miRNA های مهم قرار دارند و می‌توانند در برنامه‌های مهندسی ژنتیک کلزا مورد توجه قرار گیرند.

واژگان کلیدی: miRNA؛ شبکه PPI؛ Real-time PCR؛ توالی RNA

Please cite this paper as: Pasandideh Arjmand, M., Farrokhi, N., Samizadeh Lahiji, H., & Mohsenzadeh Golfazani, M. (2024). Deciphering the regulatory network of some key drought-responsive genes and microRNAs in Canola. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 29-39. doi: [10.22080/jgr.2024.26535.1380](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26535.1380)

پیش‌بینی بیوانفورماتیکی microRNAهای جدید کد شده توسط ژن Krüppel-like Factor4

مینا ظهیری^۱، مریم حسنلو^{۱*}، امیررضا جوانمرد^۲ و نوشین بیجاری^۳

^۱ پردیس فرزائگان، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

^۲ گروه ژنتیک مولکولی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

^۳ دانشکده علوم زیستی، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

چکیده

microRNAها RNAهای غیر کدکننده کوچکی هستند که می‌توانند بیان ژن را که بر فرآیندهای مختلف سلولی تأثیر می‌گذارد، تنظیم کنند. فاکتور ۴ کروپل مانند (KLF4) یک فاکتور رونویسی است که عملکردهای تنظیمی متفاوتی دارد و در فرآیندهای سلولی مختلف نقش دارد. هدف این مطالعه شناسایی microRNAهای جدید در ژن KLF4 با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی است. این مطالعه به طور قابل توجهی به درک ما از عملکرد پیچیده KLF4 کمک می‌کند و لایه‌های دیگری از پیچیدگی تنظیمی را نشان می‌دهد که بر عملکرد ژن و پویایی سلولی تأثیر می‌گذارد. روش‌های پیشرفته بیوانفورماتیک، از جمله وبسایت SSCprofinder، برای پیش‌بینی ساختارهای حلقه ساقه در ژن KLF4 و وبسایت MatureBayes برای پیش‌بینی توالی بالغ microRNAها که کاندیدهای بالقوه miRNA را نشان می‌دهند، استفاده شد. با استفاده از وبسایت RNAfold، ساختار حلقه ساقه میکرو RNAها تعیین شد. پایگاه داده UCSC وضعیت حفاظتی این miRNAها و پیش‌سازهای آنها را ارزیابی کرد. از نتایج آنالیز بیوانفورماتیکی ژن KLF4، سه microRNA پیش‌بینی شد. وبسایت‌ها و ابزارهای بیوانفورماتیک توانستند توالی microRNAهای ممکن را به همراه توالی بالغ آنها پیش‌بینی کنند و سپس ساختار حلقه ساقه آنها را به تصویر بکشند. تجزیه و تحلیل توالی‌های به‌دست‌آمده نشان داد که آنها به شدت حفاظت شده‌اند که نشان‌دهنده اهمیت آنها در ژنوم است. نتایج به‌دست‌آمده در این مطالعه قدرت و کارایی ابزارهای بیوانفورماتیک را نشان می‌دهد. در حالی که نتایج بیوانفورماتیک درک ما از عملکرد ژن KLF4 را افزایش می‌دهد، مطالعات تجربی برای تایید این نتایج مورد نیاز است که می‌تواند اطلاعات بیشتری در مورد عملکرد این ژن در آینده به ما بدهد.

واژگان کلیدی: نرم افزار بیوانفورماتیکی، RNAهای غیر کدکننده، پرتوانی، سلول بنیادی

Please cite this paper as: Zahiri M, Hassanlou M, Javanmard A, Bijari N. (2024). Bioinformatic prediction of novel microRNAs encoded in Krüppel-like factor 4 gene. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 40-45. doi: [10.22080/jgr.2024.26594.1382](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26594.1382)

ارزیابی تنوع ژنتیکی و صفات زراعی-مورفوفیزیولوژیکی ارقام گندم نان تحت تنش خشکی پس از گل‌دهی با استفاده از روش‌های مختلف آماری

مهدی کاکایی^{۱*} و ایمان میرمظلوم^۲

^۱ گروه علوم کشاورزی (به نژادی و ژنتیک)، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۲ گروه فیزیولوژی گیاهی و بوم‌شناسی گیاهی، موسسه زراعت، دانشگاه کشاورزی و علوم زیستی مجارستان

(MATE)، بوداپست، مجارستان

چکیده

تنش خشکی پس از کشت گندم به طور معمول در مناطق نیمه خشک به دلیل محدودیت در دسترس بودن آب آبیاری و کاهش عملکرد و در طول رشد غلات رخ می‌دهد. پژوهش حاضر به منظور بررسی ویژگی‌های زراعی ارقام گندم نان در پاسخ به تنش خشکی پس از گل‌دهی در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی در استان همدان (شهر اسدآباد) طراحی و اجرا شد. نتایج تجزیه واریانس صفات در هر دو شرایط تنش و شاهد نشان داد که بین ارقام از نظر اکثر صفات مورد مطالعه تفاوت معنی‌داری ($p \leq 0.05$) وجود دارد. تجزیه خوشه‌ای، ارقام مورد مطالعه را در سه گروه طبقه‌بندی کرد و صحت گروه‌بندی‌ها با تجزیه و تحلیل تابع تشخیص تأیید شد. با توجه به نتایج تحلیل مؤلفه‌های اصلی، چهار مؤلفه به ترتیب ۷۹/۶ و ۷۹ درصد از واریانس کل داده‌ها را در شرایط کنترل و تنش خشکی تبیین کردند. تحلیل عاملی بر اساس تجزیه مؤلفه‌های اصلی گیاهان شاهد نشان داد که سه عامل ۶۴/۶۸ درصد از کل تغییرات را تشکیل می‌دهند که شامل عامل اول (عملکرد)، عامل دوم (خصوصیات مربوط به ارتفاع) و عامل سوم (شاخص برداشت) می‌شود. در حالی که همان تجزیه و تحلیل گیاهان تحت تنش در پایان فصل نشان داد که سه عامل (عملکرد و سبزی، صفات مربوط به ارتفاع و رطوبت گیاه) در ۷۰/۳۶۱ درصد از تغییرات نقش داشتند. بر اساس تمامی آنالیزهای آماری (تک متغیره و چندمتغیره از ۱۴ ژنوتیپ مورد مطالعه)، سه رقم تیپ زمستانه (پیشگام، زارع و ماهان) در شرایط تنش خشکی عملکرد بهتری داشتند.

واژگان کلیدی: تابع تشخیص؛ تنش خشکی پس از گل‌دهی؛ تجزیه به مؤلفه‌های اصلی؛ گندم نان

Please cite this paper as: Kakaei, M., & Mirmazloum, I. (2024). Evaluation of the genetic diversity and agro-morphophysiological traits of bread wheat varieties under postflowering drought stress using different statistical methods. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 46-56. doi: [10.22080/jgr.2024.26730.1383](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26730.1383)

شناسایی تنظیم کننده‌های ژنومیک و ترنسکریپتومیک پاسخ به آسیب DNA در سرطان پستان

مهدی صادقی^{۱*}، محمد رضا کریمی^۲، امیر حسین کریمی^۳

^۱ گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

^۲ مدرسه پزشکی مایکل جی. دگروت، گروه بیوشیمی و زیست پزشکی، دانشگاه مک مستر، همیلتون، کانادا

^۳ گروه پاتولوژی و علوم آزمایشگاهی، دانشگاه وسترن اونتاریو، لندن، اونتاریو، کانادا

چکیده

سرطان پستان یکی از شایع ترین بدخیمی ها و شایع ترین انواع سرطان در زنان است. در سال های اخیر، مشاهده شده است که استفاده بالینی از دسته ای از داروها به نام مهارکننده های پلی مرز (ADP-ribose) برای سلول هایی که مکانیسم های ترمیم آسیب DNA معیوب را در خود جای داده اند، کشنده است. استفاده از این داروها مستلزم یک سری چالش های بی سابقه، از جمله ایجاد مقاومت دارویی در برابر این استراتژی درمانی می باشد. بنابراین، درک بهتر مکانیسم هایی که پاسخ آسیب DNA را تنظیم می کنند، برای به حداکثر رساندن اثربخشی درمان در بیماران سرطان پستان و به حداقل رساندن عوارض جانبی ناخواسته ضروری است. در این مطالعه، با استفاده از داده های رونویسی در سطح تک-سلولی و توده، به شناسایی مولکول ها و مسیرهای مولکولی مرتبط با پاسخ آسیب DNA در بیماران مبتلا به سرطان پستان پرداختیم. با شناسایی ژن های دارای تفاوت بیان در جمعیت سلولی سرطانی تک-سلولی که ذاتاً در پاسخ به آسیب DNA متفاوت هستند، خوشه بندی بیشتر نمونه های توالی یابی RNA توده بر اساس بیان این ژن ها، و انجام تجزیه و تحلیل شبکه و غنی سازی در سطح توده، نمونه های سرطان پستان بر اساس پاسخ به آسیب DNA تفکیک شدند. علاوه بر این، ما توانسته ایم یک مازول شبکه مرکزی شناسایی کنیم که اعضای آن می توانند به عنوان اهداف درمانی عمل کنند و درک بیشتری در مورد مکانیسم های مقاومت دارویی و پاسخ آسیب DNA در سرطان پستان را ایجاد کنند. به طور کلی، این مطالعه به توصیف مدارهای رونویسی درگیر در ناهمگونی مسیرهای پاسخ به آسیب DNA در سرطان پستان کمک می کند و مسیرهای کاندید برای بررسی مداخلات درمانی بالقوه را ارائه می کند.

واژگان کلیدی: سرطان پستان، پاسخ به آسیب DNA، ژنومیکس، توالی یابی تک-سلولی، ترنسکریپتومیکس.

Please cite this paper as: Sadeghi, M., Karimi, MR., Karimi, AH. (2024). Identification of the genomics and transcriptomics regulators of the DNA damage response in breast cancer. *Journal of Genetic Resources*, 10(1): 57-65. doi: [10.22080/jgr.2024.26741.1384](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26741.1384)

lncRNA WWTR1-AS1 به عنوان یک نشانگر زیستی تشخیصی

بالقوه جدید در سرطان پستان

محدثه صفابخش^۱، سهراب بوذرپور^{۱*}، کامران قائدی^{۲*}، مینا لشکربولکی^۳ و شعبان قلندرآیسی^۴

^۱ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گنبدکاووس، گنبدکاووس، گلستان، ایران

^۲ گروه بیولوژی سلولی و مولکولی و میکروبیولوژی، دانشکده علوم و فناوری های زیستی، دانشگاه اصفهان، ایران

^۳ گروه ژنتیک، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

^۴ گروه ریاضی و آمار، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گنبدکاووس، گنبدکاووس، گلستان، ایران

چکیده

سرطان پستان کشنده ترین نوع سرطان در زنان است و بیماران با خطرات جدی سلامتی روبرو هستند. RNA های غیرکدکننده طویل در انواع فرآیندهای تنظیمی دخیل هستند و می توانند بر توسعه سرطان ها در سطوح مختلف تأثیر بگذارند. این مطالعه با هدف معرفی یک lncRNA تنظیم کننده مرکزی بر اساس بررسی های انجام شده بر روی پروتئین های با بیان متمایز در سرطان پستان و ارزیابی سطح بیان آن در بافت های پستان انجام شد. در این مطالعه، داده های پروتئومیکس از ProteomeXchange گرفته شد و سپس پروتئین های با بیان متمایز شناسایی شدند. پایگاه داده Enrichr برای شناسایی عوامل تنظیم کننده ی پروتئین های با بیان متمایز و آنالیز غنی سازی عملکردی برای نشان دادن مسیرهای پیام رسان کلیدی و فرآیندهای بیولوژیکی استفاده شد. در نهایت، یک lncRNA با بالاترین امتیاز در هاب مرکزی انتخاب شد و سطح بیان آن توسط RT-qPCR در ۱۵ بافت سرطان پستان و بافت های غیرتوموری مجاور آنها اندازه گیری شد. آنالیز پروتئومیکس، ۱۱۴۹ پروتئین های با بیان متمایز همراه با عوامل تنظیمی متشکل از ۷۶ فاکتور رونویسی، ۶۱ کیناز، ۳۶۶ miRNA و ۱۶۲ lncRNA را در سرطان پستان شناسایی کرد. یک شبکه چند تنظیمی با ۱۸۱۱ گره و ۴۰۲۲ ضلع بر اساس پروتئین های با بیان متمایز و عناصر مرتبط با آنها ساخته شد. علاوه بر این، این عناصر تنظیمی با سه عملکرد بیولوژیکی و ۱۱ مسیر مرتبط بودند. در نهایت، تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیک، lncRNA WWTR1-AS1 را به عنوان یک گره با بالاترین امتیاز و دخیل در مکانیسم های مختلف شناسایی کرد. آزمایش های عملکردی تایید کرد که سطح بیان lncRNA WWTR1-AS1 در بیماران مبتلا به سرطان پستان به طور قابل توجهی افزایش یافته است. تجزیه و تحلیل ROC نشان داد که این lncRNA می تواند به عنوان یک نشانگر زیستی قابل اعتماد استفاده شود. داده های ما شواهدی را ارائه می دهند که lncRNA WWTR1-AS1 یک عامل مؤثر در تنظیم پروتئین های با بیان متمایز بوده که با ویژگی های بدخیم در سرطان پستان مرتبط است و ممکن است به عنوان یک نشانگر پیش آگهی در سرطان پستان مفید باشد.

واژگان کلیدی: سرطان پستان، زیست شناسی محاسباتی، شبکه های تنظیم کننده ژن، RNA غیرکدکننده طویل، پروتئومیکس

Please cite this paper as: Safabakhsh M, Boozarpour S, Ghaedi K, Lashkarboloki M, Ghalandarayeshi S. (2024). WWTR1-AS1 lncRNA as a novel potential diagnostic biomarker in breast cancer. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 66-75. doi: [10.22080/jgr.2024.26832.1385](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26832.1385)

تعیین ویژگی‌های چهارده واریانت *Trichosanthes cucumerina* از نیجریه

با استفاده از توالی ITS

آن نینا اوسواگو^{۱*}، سلسنتین ازوما آگورو^۲، لاکیاوسابوهین اومویگو^۳ و ژوزف اولالکان اولاسان^۲

^۱گروه علوم گیاهی و بیوتکنولوژی، دانشگاه کشاورزی مایکل اوکاپرا، اومودیک، نیجریه

^۲گروه گیاه‌شناسی و علوم محیطی، دانشگاه کشاورزی، ماکوردی، نیجریه

^۳گروه ژنتیک و اصلاح نباتات، دانشگاه کشاورزی، ماکوردی، نیجریه

چکیده

کدو مار از نظر گیاه‌شناسی به عنوان *Trichosanthes cucumerina* شناخته می‌شود که به طور محلی به آن گوجه فرنگی آگوو می‌گویند. *T. cucumerina* یک محصول نادیده گرفته شده و کم استفاده در نظر گرفته می‌شود. مشخصات دقیق این محصول در نیجریه و سایر کشورهای آفریقایی شناخته شده نیست. این مطالعه برای دسترسی به ۱۴ نمونه از *T. cucumerina* از نیجریه با استفاده از توالی Internal transcribed spacer (ITS) انجام شد. چهارده توالی از مناطق مختلف اکتولوژیکی با ITS1 و ITS4 با استفاده از محصولات مستقیم PCR تعیین توالی شدند. نتایج به دست آمده در حداقل (۵۷۰) و حداکثر (۵۸۰) جفت پایه بود. پوشش از ۹۹/۴٪ تا ۱۰۰٪، تکثیر مثبت و توالی اکوتیپ‌های کدو مار را با استفاده از ITS1 و ITS4 تأیید می‌کند. درخت فیلوژنتیک از گروه خصوصیات *T. cucumerina* به سه خوشه تقسیم شد. درخت فیلوژنتیک از خصوصیات *T. cucumerina* را به سه خوشه گروه بندی کرد. فواصل ژنتیکی بین نمونه‌ها نشان داد که Ukwaka، Ilorin، Oye-Ekiti، Nasarawa، Benin، Rumibekwe، Ikom، Oshogbo، Ikwuano، NACGRAB و NHST-0583 هیچ رابطه ژنتیکی مشترکی نداشتند. فاصله ژنتیکی بین ۰/۲۱۷ – ۲/۰۱۰ بود. سیزده توده *T. cucumerina* مورد مطالعه در نیجریه *T. cucumerina* var *anguina* بودند. NHST-0583 از مرکز بذر تنها *T. cucumerina* var *anguina* در نیجریه بود. توالی در پایگاه داده مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی (NCBI) مقایسه شد که در پایگاه داده NCBI به ترتیب با توالی‌های GU059528.1 و GQ240883.1 مشابه بود. این یافته، به دانشمندان، دیدگاه انتقادی در مورد تکثیر مولکولی *T. cucumerina* در نیجریه داده است.

واژگان کلیدی: ITS1؛ ITS4؛ فیلوژنی؛ توالی؛ کدومار؛ گوجه فرنگی آگوو

Please cite this paper as: Osuagwu, A.N., Aguoru, C.U., Omoigui, L.O., & Olasan, J.O. (2024). Characterization of fourteen accessions of *Trichosanthes cucumerina* from Nigeria using an internal transcribed spacer. *Journal of Genetic Resources*, 10 (1), 76-82. doi: [10.22080/jgr.2024.26511.1381](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26511.1381)

تأثیر زیره سیاه بر بیان ژن های مرتبط با متابولیسم لیپید در بافت چربی:

مطالعه در مدل موش

رویا مالکی، علی محمد احدی* و هدا آیت

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

چکیده

چاقی به عنوان یک بیماری پیچیده چند عاملی می تواند به عنوان هدفی مناسب برای درمان توسط طب سنتی در نظر گرفته شود. این مطالعه با هدف بررسی تأثیر زیره سیاه بر بیان برخی از ژن های مهم درگیر در متابولیسم لیپیدها انجام شد. بدین منظور ۱۴ موش نر نژاد Balb/c به دو گروه کنترل و تیمار تقسیم شدند. موشهای گروه کنترل با غذای استاندارد و موش های گروه تیمار با مخلوطی حاوی ۵۰ درصد غذای استاندارد و ۵۰ درصد پودر زیره سیاه به مدت ۳۵ روز تغذیه شدند. پس از بیهوشی موش ها، بافت چربی آنها جمع آوری شد. RNA کل استخراج و پس از بررسی کیفی توسط الکتروفورز در ژل آگارز، cDNA سنتز شد. تغییرات بیان ژن های لپتین، *AdipoQ* و *PPARG* با روش *real time* -RT-PCR اندازه گیری شد. علاوه بر این، بافت چربی و اندازه سلول با استفاده از روش رنگ آمیزی Oil Red O و کمی سازی با استفاده از نرم افزار Image J بررسی شد. در نهایت، برای ارزیابی آماری تفاوت اندازه سلول و تغییرات بیان ژن از نرم افزار گراف پد پریسیم نسخه شماره ۹ استفاده شد. نتایج این مطالعه کاهش معنی دار در سطح بیان ژن لپتین ($P < 0.05$, $Sig. = 0.00$, $FC = 0.42$) و همچنین افزایش معنی دار بیان ژن های *AdipoQ* و *PPARG* را در بافت چربی در گروه تحت تغذیه با زیره سیاه در مقایسه با گروه کنترل نشان داد ($P < 0.05$, $Sig. = 0.00$, $FC = 1.8$). همچنین کاهش قابل توجهی در اندازه سلول های بافت چربی در گروه تیمار مشاهده شد ($P < 0.05$, $Sig. = 0.00$, $210/520$). نتایج این مطالعه توسط مطالعات مشابه حمایت می شود و تأیید می کند که ترکیبات موجود در زیره سیاه می توانند با تعدیل متابولیسم سلولی لیپیدها در جلوگیری از ذخیره غیرطبیعی چربی و مشکلاتی مانند سندرم های متابولیک مفید باشند.

واژگان کلیدی: *AdipoQ*، زیره سیاه، بیان ژن، لپتین، متابولیسم لیپید، *PPARG*

Please cite this paper as: Maleki, R., Ahadi, A. M., & Ayat, H. (2024). Effect of black cumin on the expression of genes related to lipid metabolism in adipose tissue: a mouse model study. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 83-89. doi: [10.22080/jgr.2024.26418.1379](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.26418.1379)

تجزیه و تحلیل کاریوتایپ در پنج گونه گلرنگ (*Carthamus L.* (Asteraceae) از ایران

عاطفه آقا کوچکی و منیژه پاکروان

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

چکیده

جنس *Carthamus* از خانواده Asteraceae، شامل حدود ۲۵ گونه در سراسر جهان و ۷ گونه در ایران است. در این مطالعه شمارش کروموزومی و کاریوتیپ ۱۳ جمعیت از پنج گونه از جنس گلرنگ (خانواده Asteraceae) مورد بررسی قرار گرفته است. همچنین درصد عقیمی گرده در هر گونه محاسبه شده است. این یافته ها تعداد کروموزوم های دیپلوئیدی را برای دو گونه *C. tinctorius* و *C. dentatus* به ترتیب ۲۴ و ۲۰ کروموزوم تایید کرد که با گزارش های قبلی همسو بود. *C. lanatus* با ۴۴ کروموزوم به عنوان یک پلی پلوئید شناسایی شد. علاوه بر این، یک جمعیت از *C. dentatus* با ۳۰ کروموزوم، به عنوان یک تریپلوئید برای اولین بار گزارش شد. از میان سه جمعیت مورد مطالعه *C. turkestanicus*، دو جمعیت با ۶۴ کروموزوم آلوپلیپلوئیدی گزارش شده قبلی را تایید کردند، در حالی که یکی از آنها با ۶۰ کروموزوم یافته جدیدی را نشان داد. تجزیه و تحلیل کاریوتایپ نشان داد که همه جمعیت ها دارای کاریوتیپ نامتقارن هستند. فرمول کاریوتایپ ها به شرح زیر بودند: $4t + 2st + 5sm + m$ برای *C. tinctorius* ($2n = 2x = 24$)، $M + 19m + 2Sm$ برای *C. lanatus* ($2n = 44$)، $2sm$ برای *C. dentatus* ($2n = 2x = 20$)، $M + 7m + Sm^2$ برای جمعیت *C. dentatus* با $n = 30$ و $M + 17m + 13sm + T$ برای *C. turkestanicus* ($2n = 64$). تجزیه و تحلیل خوشه ای به روش وارد، گونه های دیپلوئید و پلی پلوئید را از هم جدا کرده است. این داده های کاریولوژیکی به طور قابل توجهی درک ما را از ساختار کروموزومی *Carthamus* افزایش می دهد و منبع ارزشمندی برای تحقیقات آینده در مورد این جنس خواهد بود.

واژگان کلیدی: کروموزوم؛ ایران؛ کاریولوژی؛ پلی پلوئیدی

Please cite this paper as: Aghakoochaki, A., & Pakravan, M. (2024). Karyotype analysis in five species of *Carthamus L.* (Asteraceae) from Iran. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 90-97. doi: [10.22080/jgr.2024.27235.1392](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27235.1392)

ردیابی مولکولی و تعیین جایگاه فیلوژنی ویروس کوتولگی کلروتیک هندوانه جدایه خوزستان بر اساس ژن پروتئین پوششی

سمیرا پاکباز، زهرا جلوی، احسان حسنونند، حسین میرزایی نجفقلی
گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران

چکیده

ویروس کوتولگی کلروتیک هندوانه (WmCSV) یک *Begomovirus* مخرب از خانواده *Geminiviridae* با ژنوم دوقسمتی شامل DNA حلقوی و تک رشته‌ای با اندازه مشابه (DNA-A و DNA-B) است که اخیراً به طور خطرناکی در بسیاری از کشورهای خاورمیانه توسعه یافته است. WmCSV توسط سفیدبالک *Bemisia tabaci* به صورت پایا و گردشی منتقل می‌شود. به منظور ردیابی این ویروس در تابستان ۱۴۰۲ نمونه‌های هندوانه با علائم زردی و پیچیدگی شدید برگ، چرمی و تاولی شدن سطح برگ‌های جوان، لکه‌های کلروتیک و کوتولگی از مزارع هندوانه در شمال استان خوزستان (دزفول، شوش و اندیمشک) جمع‌آوری شدند. آزمون PCR با استفاده از دو جفت پرایمر از *Begomovirus* مربوط به ناحیه ژنومی AV1 و همچنین AV2 انجام شد. نتایج توالی‌یابی، آلودگی WmCSV در نمونه‌ها را تأیید کرد. در درخت فیلوژنتیک رسم شده بر اساس ژن پروتئین پوششی (AV1)، جدایه‌های خوزستان در گروهی در کنار سایر جدایه‌های ایرانی قرار گرفتند و بیشترین شباهت را با جدایه نورآباد استان فارس داشتند. همچنین نتایج مقایسه دو به دو توالی نوکلئوتیدی ناحیه ژنومی AV1 با استفاده از نرم‌افزار SDT v1.2 نشان داد که توالی‌های سه جدایه خوزستان شباهت زیادی (۹۹/۴۰ درصد) به هم دارند و نیز بیشترین شباهت (۹۹/۶۰ درصد) را با جدایه نورآباد ممسنی از استان فارس دارند و بیشترین فاصله ژنتیکی را با جدایه‌های عربستان سعودی (۹۵/۸۰ درصد) و جدایه لبنان (۹۶/۵۰ درصد) دارند. این اولین گزارش از وقوع WmCSV در مزارع هندوانه استان خوزستان است. WmCSV به سرعت در حال پیشروی روی محصولات میزبان خود در ایران، به‌ویژه در مناطق جنوبی کشور می‌باشد.

واژگان کلیدی: *Begomovirus*؛ ایران؛ توالی‌یابی؛ DNA تک‌رشته‌ای؛ WmCSV

Please cite this paper as: Pakbaz, S., Jelavi, Z., Hasanvand, E., & Mirzaei Najafgholi, H. (2024). Molecular detection and determination of phylogenetic position of *Watermelon chlorotic stunt virus* Khouzestan isolate based on coat protein gene. *Journal of Genetic Resources*, 10(1), 98-108. doi: [10.22080/jgr.2024.27079.1389](https://doi.org/10.22080/jgr.2024.27079.1389)