

تنوع ژنتیکی صفات کمی در هیبریدهای نسل F2 لوبیا چشم بلبلی و لاین‌های والد

آبیولا توین آجای

اصلاح نباتات، گروه علوم گیاهی و زیست‌فناوری، دانشگاه آدکونله آجاسین، صندوق پستی ۰۰۱، آکونگبا-آکوکو، نیجریه

چکیده

عملکرد دانه لوبیا چشم بلبلی در کشورهای تولیدکننده، به دلیل محدودیت‌های متنوع تولید، کمتر از حد انتظار است. بنابراین، به نظر می‌رسد که گسترش پایه ژنتیکی این گیاه برای بهبود پایدار عملکرد و افزایش تحمل به تنش‌های محیطی در شرایط تغییرات اقلیمی جهانی، ضروری باشد. بر این اساس، اهداف مطالعه حاضر شامل ارزیابی تفاوت‌های ژنتیکی و همبستگی صفات در نسل F2 هیبریدهای لوبیا چشم بلبلی و والدین آن‌ها است. این مطالعه در مزرعه و در فصل بارانی انجام شد. داده‌های به‌دست‌آمده با استفاده از تحلیل‌های آماری مختلف مورد بررسی قرار گرفتند. هیبریدها و والدین در تمام صفات مورد مطالعه، از جمله عملکرد دانه، تفاوت‌های معنی‌داری نشان دادند. تنوع بالای مشاهده شده در بین والدین و نسل‌های بعدی، نشان‌دهنده شانس بالاتر برای تولید ترکیب‌های مطلوب در نسل‌های بعدی است. درصد جوانه‌زنی در بازه ۵۳/۰۴٪ برای تلاقی IT98K-205-8 × IT98K-555-1 و ۷۳/۶۸٪ برای IT98K-555-1 قرار داشت. والدین تعداد شاخه‌های اصلی بیشتری (۴/۷۲ و ۴/۸۰) داشتند. ژنوتیپ IT98K-555-1 از نظر اغلب صفات، از جمله عملکرد دانه در هر بوته (۲۸۸/۶۴ گرم)، برتر بود. با این حال، IT98K-205-8 اولین گلدهی را در روز ۴۵ داشت، در حالی که IT98K-555-1 آخرین گلدهی را در روز ۵۶ نشان داد. صفاتی مانند درصد جوانه‌زنی، تعداد روز تا اولین گلدهی، تعداد غلاف در بوته و عملکرد دانه در بوته که دارای وراثت‌پذیری بالای عمومی و خاص (بیش از ۶۰٪) و پیشرفت ژنتیکی بالا به درصد میانگین (بیش از ۲۰٪) بودند، نشان دادند که این صفات تحت کنترل ژنتیکی بوده و قابلیت بهبود دارند. همچنین، صفاتی نظیر ارتفاع بوته، تعداد دانه در غلاف، تعداد غلاف در بوته و تعداد دانه در بوته که همبستگی ژنتیکی مثبت قوی ($r \geq 0.99$) با عملکرد دانه در بوته داشتند، می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های کلیدی انتخاب در برنامه‌های اصلاحی لوبیا چشم بلبلی در نظر گرفته شوند. با این حال، مطالعات بیشتر روی نسل‌های F3 و بعد از آن لازم است تا ارتباط بین عملکرد بالا، رنگ پوشش دانه و تحمل به خشکی در هیبریدهای لوبیا چشم بلبلی بهتر بررسی شود.

واژگان کلیدی: ضریب تغییرات؛ همبستگی ژنوتیپی؛ وراثت‌پذیری؛ تلاقی‌های برگشتی

Please cite this paper as: Ajayi AT. 2023. Genetic variability of quantitative traits in F₂ hybrids of cowpea and parent lines. *J Genet Resour* 9(1): 1-10. doi: [10.22080/jgr.2022.24233.1331](https://doi.org/10.22080/jgr.2022.24233.1331)

استخراج و ارزیابی مولکولی باکتری تولید کننده آنزیم فیتاز از خاک مزارع یونجه و شبدر اصفهان

زهرا هاشم مطوری^۱، مهیار گرامی^{۱*}، کامران قائدی^۲، پرستو مجیدیان^{۳*}

^۱گروه زیست شناسی، موسسه آموزش عالی سنا، ساری، ایران

^۲گروه زیست شناسی، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

^۳بخش تحقیقات علوم زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ساری، ایران

چکیده

فرم ذخیره‌ای فسفر در گیاهان لگوم همچون یونجه و شبدر، فیتات (میواینوزیتول هگزا دی فسفات) می‌باشد که از نظر تغذیه انسان و دام اهمیت بسیار زیادی دارد. در حیوانات به دلیل عدم وجود آنزیم فیتاز در روده، امکان تجزیه اسید فیتیک وجود ندارد. از این رو، اسید فیتیک به عنوان یک عامل کلاته کننده ضد تغذیه‌ای برای یون‌های فلزی مختلف نظیر کلسیم، منیزیم، آهن، روی و غیره عمل کرده که سبب کاهش کیفیت غذایی می‌شود. از آنجاکه فیتاز یک آنزیم مهم در صنعت غذایی است، هدف این مطالعه استخراج سلول‌های باکتری تولید کننده آنزیم فیتاز جهت تجزیه مولکول‌های فیتات می‌باشد. مطالعه حاضر در آزمایشگاه موسسه آموزش عالی سنا اجرا شد. در این مطالعه، ۸ نمونه خاک از مزارع یونجه و شبدر واقع در اصفهان (مناطق خمینی شهر و مورچه خورت) جمع‌آوری و چندین ایزوله باکتری در محیط‌های کشت مختلف استخراج شدند. به منظور تعیین فعالیت فیتاز، باکتری‌های استخراج شده روی محیط کشت اختصاصی مجهز به فیتات کشت داده شده و باکتری‌های فیتاز مثبت با استفاده از صفات مورفولوژیکی، تست‌های بیوشیمیایی و توالی‌یابی 16srRNA شناسایی شدند. اطلاعات بدست آمده از ویژگی‌های کمی نشان داد که دو ایزوله B1 و D1 به ترتیب ۱۷ و ۲۱ میلی‌متر قطر هاله داشتند. بر اساس ویژگی‌های مورفولوژیکی، باکتری B1 دارای کلونی با اندازه بزرگ، آویختگی در حاشیه اطراف کلنی، صاف، رنگدانه سفید و گرم مثبت بود. در حالی که، نمونه باکتری D1، اندازه کلنی کوچک، دارای حاشیه موجدار، صاف، رنگدانه کرم رنگ و گرم مثبت بود. بر اساس تست تشخیصی بیوشیمیایی، کلونی‌های باکتری با استفاده از تست فیتاز به عنوان باکتری باسیلوس تشخیص داده شدند. به علاوه، آنالیز توالی‌یابی 16srRNA نشان داد که یک سویه باکتری متعلق به *Bacillus paralicheniformis* (۹۵٪) و دیگری متعلق به *Bacillus endophyticus* (۹۵٪) بود که معمولاً در خاک یافت می‌شود.

واژگان کلیدی: 16srRNA؛ اسید فیتیک؛ باسیلوس؛ ژن؛ فیتاز

Please cite this paper as: Hashem Matori Z, Gerami M, Ghaedi K, Majidian P. 2023. Extraction and molecular evaluation of phytase-producing bacteria from soil of alfalfa and clover fields of Isfahan. *J Genet Resour* 9(1): 11-16. doi: 10.22080/jgr.2022.24104.1326

بررسی صفات مورفولوژیک و آگرو-فیزیولوژیک لاین‌های هاپلوئید مضاعف کاملینا (*Camelina sativa*)

فرشاد فلاح^۱، دانیال کهریزی*^۲، عباس رضایی زاد^۳، علیرضا زبرجدی^۴، لیلا زارعی^۱ و هولیا دوگان^۴

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

^۲ پژوهشکده گیاهان دانه روغنی، دانشگاه رازی، کرمانشاه ایران

^۳ بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمانشاه، سازمان تحقیقات،

آموزش و ترویج کشاورزی، کرمانشاه ایران

^۴ گروه علوم بذر، دانشگاه یوزگات بوزوک، یوزگات، ترکیه

چکیده

گیاه کاملینا (*Camelina sativa*) یک گیاه دانه روغنی - دارویی از خانواده شب بوئیان می‌باشد. این گیاه باستانی به دلیل سازگاری مناسب با مناطق وسیعی از جهان و ترکیبات و خواص منحصر به فرد روغن، از دیرباز مورد استفاده قرار گرفته است. روغن دانه این گیاه علاوه بر مصارف تغذیه‌ای و بهداشتی در تولید سوخت‌های زیستی و سوخت جت مورد استفاده قرار می‌گیرد. در مطالعه حاضر به بررسی تنوع و ارتباط خصوصیات مورفولوژیک و آگرو-فیزیولوژیک گیاه کاملینا پرداخته شد و با استفاده از تحلیل عاملی صفات مورفولوژیک و آگرو-فیزیولوژیک، این گیاه مورد ارزیابی قرار گرفت. برای این منظور، ۱۳۶ لاین هاپلوئید مضاعف کاملینا در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه تحقیقاتی دانشگاه رازی مورد ارزیابی قرار گرفتند. بر اساس نتایج روش تحلیل عاملی و با استفاده از چرخش واریماکس دو فاکتور اصلی شناسایی شد. این دو عامل مجموعاً ۷۴/۹۷ درصد از تنوع کل را توجیه می‌کند. مقادیر ویژه این دو عامل به ترتیب ۹/۷۶ و ۳/۷۲ می‌باشد. عامل اول و دوم معرفی شده به ترتیب ۵۳/۹۹ و ۲۰/۹۸ درصد از تنوع کل را توجیه کردند. فاکتور اول که عملکرد بیولوژیک نام گذاری شد و شامل صفات عملکرد دانه، تعداد غلاف در بوته، تعداد غلاف در شاخه اصلی در بوته، تعداد غلاف در شاخه فرعی در بوته، عملکرد بیولوژیک در پنج بوته، ارتفاع بوته با ریشه، وزن شاخساره، وزن ریشه، وزن پوشال غلاف، تعداد شاخه جانبی، طول شاخه جانبی و طول شاخه اصلی بود. فاکتور دوم که خصوصیات دانه نامگذاری شد صفات طول دانه، محیط دانه، مساحت دانه، محیط دانه، وزن هزار دانه و تعداد دانه در غلاف را شامل می‌شد. انتخاب و اصلاح هر کدام از صفات موجود در یک دسته بر کل صفات آن دسته تاثیر می‌گذارد. بنابراین انتخاب صفت به منظور اصلاح کاملینا باید با توجه به ارتباط صفات دسته صورت گرفته شود و وارد کردن صفات بیشتر دقت فاکتورهای تحلیل عاملی را افزایش می‌دهد.

واژگان کلیدی: پراسیکاسه؛ تحلیل عاملی؛ دابل هاپلوئید؛ کاملینا؛ عملکرد دانه.

Please cite this paper as: Fallah F, Kahrizi D, Rezaeizad A, Zebarjadi A, Zarei L, Doğan H. 2023. A study of the morphological and agro-physiological characteristics of *Camelina sativa* (L.) doubled haploid lines. *J Genet Resour* 9(1): 17-24. doi: 10.22080/jgr.2022.23440.1310

استخوان شناسی ستون مهره و اسکلت دمی در گونه‌های کپورماهیان دندان دار ایرانی (Teleostei: Cyprinodontiformes, Aphaniidae)

پریسا داودی^۱ و زینب غلامی^۲

^۱گروه علوم جانوری، دانشکده علوم، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران

^۲بخش زمین-دیرین شناسی، دانشکده علوم محیطی و زمین، دانشگاه لودویگ ماگزیمیلیان مونیخ، مونیخ، آلمان

چکیده

در این مطالعه، بررسی مقایسه‌ای ستون مهره و اسکلت دمی در ۲۴۵ نمونه از ۱۰ گونه جنس *Aphanius* و سه گونه از جنس *Aphaniops* بر اساس تصاویر اشعه ایکس انجام شد و تنوعات بین گونه ای این صفات مورد بررسی قرار گرفت. شاخص انحناى ستون مهره‌ها نشان داد شکل صاف و تقریباً "صاف ستون مهره ها در گونه های جنس *Aphaniops* نسبت به *Aphanius* غالب تر است. تعداد مهره‌های شکمی و مهره‌های دمی، شعاع‌های اصلی باله دمی و شعاع‌های اصلی حمایت شونده توسط صفحه‌های پورال در جنس *Aphaniops* به طور معنی داری کمتر از گونه‌های جنس *Aphanius* است. گونه‌هایی از جنس *Aphanius* که در عرض‌های جغرافیایی بالاتر و یا ارتفاعات بیشتر به سر می‌برند، نسبت به بقیه گونه‌های این جنس و نیز گونه‌های جنس *Aphaniops* تعداد مهره‌های بیشتری دارند که این موضوع بیان کننده تاثیر عوامل محیطی بر این صفات می‌باشد. تعداد مهره‌های پری پورال (PU) و پهنای خارهای عصبی و خارهای خونی در مهره‌های 2-4 PU در گونه‌های *Aphaniops* به طور معنی داری بیشتر از *Aphanius* است. در گونه *A. arakensis* تنوعات بازر مشاهده شده در نمونه‌های مناطق مختلف، بر اهمیت مطالعات عمیق‌تر در زمینه تنوعات این گونه تاکید می‌نماید. در جنس *Aphaniops* ۱۷٪ نمونه‌ها دارای استخوان اپورال مستقیم و ۸۳٪ آنها دارای استخوان اپورال سینوسی شکل هستند. در مقایسه در گونه‌های *Aphanius*، ۹۱٪ و ۷٪ نمونه‌ها به ترتیب دارای استخوان اپورال مستقیم و اپورال سینوسی شکل هستند. این میزان تنوع درون گونه ای برای اولین بار در گونه‌های کپورماهیان دندان دار ایرانی گزارش می‌شود. از این رو، صفات سین آپومرفی پیشنهاد شده در مطالعات قبلی جنس *Aphaniops* بر اساس شکل اپورال سینوسی، نیازمند بررسی نمونه‌های بیشتر است.

واژگان کلیدی: *Aphaniops*، *Aphanius*، تنوعات بین گونه ای؛ تصویر اشعه ایکس

Please cite this paper as: Davoodi P, Gholami Z. 2023. Osteology of vertebral column and caudal skeleton of Iranian Aphaniid species (Teleostei: Cyprinodontiformes, Aphaniidae). *J Genet Resour* 9(1): 25-40. doi: [10.22080/jgr.2022.24228.1329](https://doi.org/10.22080/jgr.2022.24228.1329)

کاربرد RNA دورشته ای (dsRNA) ساخته شده توسط باکتری *E. coli* سویه HT115 (DE3) و وکتور L4440 در مطالعات ژنتیک معکوس در حشرات

روح الله عباسی

گروه زیست شناسی گیاهی و جانوری، دانشکده علوم و فناوری زیستی، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

چکیده

تداخل RNA یک فرآیند سلولی برای تنظیم بیان ژن توسط RNA دو رشته ای (dsRNA) است. در دو دهه گذشته، این فرآیند سلولی به عنوان ابزاری برای سرکوب موقت بیان ژن برای مطالعه عملکرد ژن در مطالعات ژنتیک معکوس استفاده شده است. در این راستا، RNA دو رشته ای به روش های مختلف ساخته شده و برای سرکوب بیان ژن مربوطه استفاده شد. در دهه گذشته، پتانسیل تکنیک برای مدیریت حشرات آفت روشن شده است، اگرچه هزینه های مربوط به تولید dsRNA برای چنین استفاده ای معقول و مقرون به صرفه نیست. حتی در مقیاس آزمایشگاهی، ساخت dsRNA برای آزمایش های RNAi با استفاده از کیت های تولید dsRNA برای اکثر محققان و آزمایشگاه ها مقرون به صرفه نیست. بنابراین، محققان بر روی راه هایی برای مقرون به صرفه تر کردن تولید dsRNA متمرکز شده اند. روش مرسوم انجام آزمایش های RNAi از یک ناقل به نام pL4440 و یک سویه میزبان از *E. coli* به نام HT115 (DE3) برای ساخت dsRNA استفاده می کند. این روش که RNAi با واسطه باکتری (bmRNAi) نامیده می شود با موفقیت برای سرکوب بسیاری از ژن ها در *Caenorhabditis elegans* استفاده شده است. با این حال، تعداد مطالعاتی که تاکنون از این تکنیک در حشرات استفاده کرده است به چند راسته اصلی حشرات، یعنی Coleoptera، Lepidoptera، Diptera و Hymenoptera محدود شده است. در این بررسی، تکنیک bmRNAi به تفصیل مورد بحث قرار گرفته و مطالعات موفقیت آمیز انجام شده با استفاده از این تکنیک معرفی می شوند.

واژگان کلیدی: RNAi با واسطه باکتری (bmRNAi)؛ RNA دورشته ای؛ مدیریت حشرات آفت؛ سرکوب بیان ژن؛ تداخل RNA

Please cite this paper as: Abbasi R. 2023. Application of double-stranded RNA (dsRNA) produced by *E. coli* HT115 (DE3) and vector L4440 in reverse genetics studies in insects. *J Genet Resour* 9(1): 41-47. doi: 10.22080/jgr.2022.24326.1332

بررسی اثر کیتیناز کایمری بیان شده توسط پیشبر ساختگی در نسل T2 کلزای تراریخت

مهدی مرادیار، محمدرضا زمانی، مصطفی مطلبی، عصمت جورابچی

تهران، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، گروه زیست فناوری گیاهی

چکیده

آنزیم های کیتیناز نقش مهمی در سیستم دفاعی گیاهان در برابر قارچ های بیماری زا بر عهده دارند. اثر کیتیناز کایمری که در واقع کیتیناز ۴۲ دارای ناحیه اتصال به کیتین (ChBD) می باشد پیش تر در نسل T0 کلزای تراریخت مورد بررسی قرار گرفت. در این بررسی، سه لاین هموزیگوت (pGFC3، pGFC13 و pGFC26) حاوی یک نسخه از تراژن (کیتیناز کایمری) بر روی کروموزوم های همولوگ، با استفاده از نشانگر مقاومت به کانامایسین (ژن *NPTII*) در گیاهان نسل T2 انتخاب شدند. گیاهان هموزیگوت انتخاب شده نسل T2، در گلخانه با کیتین به عنوان یک محرک القاء شدند. نتایج RT-PCR نیمه کمی، بررسی فعالیت آنزیمی کیتیناز و آزمون های مهار رشد قارچ بیمارگر نشان داد که پیشبر القائی ساختگی در گیاهان تراریخت، با کیتین القاء شدند. بررسی ها نشان داد فعالیت کیتینازی پروتئین استخراج شده از همه ی لاین های تراریخت حاوی پیش برهای القائی بین ۳/۲ تا ۵/۸ برابر نسبت به گیاهان القاء نشده افزایش یافته است. فعالیت ضد قارچی کیتیناز بیان شده القایی بر روی قارچ های /اسکلروتینیا/اسکلروتیوروم و /ایزوکتونیا/سولانی مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که مهار رشد این قارچ ها پس از تیمار پیشبر القایی با محرک کیتین، به ترتیب ۸۲ و ۶۲ درصد افزایش داشت. نتایج بررسی و مشاهدات با میکروسکوپ نوری، موید تغییرات مورفولوژی در هیف ها بوده و همچنین مشخص شد آنزیم بیان شده، قادر به هضم دیواره سلول میسلیم /ایزوکتونیا/سولانی می باشد. علاوه بر این، مقاومت برگ های سالم گیاهان تراژن نسل T2 در برابر /اسکلروتینیا/اسکلروتیوروم با استفاده از آزمون زیست سنجی مورد تأیید قرار گرفت. بر اساس این نتایج، به نظر می رسد که پیش بر القائی ساختگی دارای عنصر کنشی سیس F، کنترل کننده بیان ژن کیتیناز کایمری می تواند گزینه مناسبی برای دستیابی به افزایش مقاومت گیاه کلزای تراریخت در زمان حمله توسط قارچ های بیمارگر گیاهی باشد.

واژگان کلیدی: عناصر کنشی سیس؛ قارچ بیمارگر؛ فعالیت کیتینازی؛ کلزای تراریخت؛ پیش بر القاء شونده

Please cite this paper as: Moradyar M, Zamani M, Motallebi M, Jourabchi E. 2023. Analysis of the effect of chimeric chitinase expressed by synthetic promoter in T2 generation of transgenic canola. *J Genet Resour* 9(1): 48-58. doi: DOI: 10.22080/jgr.2023.24506.1336

مزیت آلل جهش یافته COL12A1-rs970547 در محافظت در برابر سقط مکرر خودبه خودی

اباصلت حسین زاده کلاگر^{۱*}، محمدمهدی ارجمند^۱، محمدکاظم حیدری^۱ و غلامعلی جورسرای^۲

^۱ گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم، دانشگاه مازندران، بابلسر، مازندران، ایران

^۲ مرکز تحقیقات ناباروری و سلامت باروری فاطمه زهرا، دانشگاه علوم پزشکی بابل، بابل، مازندران، ایران

چکیده

سقط مکرر خودبه خودی (Recurrent spontaneous abortion; RSA) یکی از علل ناباروری پس از تشکیل جنین محسوب می‌شود که می‌تواند منجر به کاهش نرخ باروری در جمعیت‌های مختلف گردد. ساختار کلاژن‌ها، نسبت آن‌ها به یکدیگر و ارتباطشان با گیرنده‌های مختلف، از عوامل کلیدی در موفقیت لانه‌گزینی جنین به شمار می‌آیند. در این میان، ژن COL12A1 به دلیل بیان بسیار بالای خود در رحم نقش ویژه‌ای ایفا می‌کند. همچنین، پروتئین CD44 به عنوان یک مولکول چسبندگی سلولی که گیرنده برخی از کلاژن‌ها می‌باشد، نقش مهمی در بروز RSA دارد. هدف این مطالعه بررسی ارتباط پلی‌مورفیسم‌های CD44-rs13347 و COL12A1-rs970547 با سقط مکرر خودبه خودی به روش مورد-شاهدی و نیز بررسی تأثیر COL12A1-rs970547 بر ساختار پروتئین می‌باشد. به منظور تعیین ژنوتیپ تک‌نوکلئوتید پلی‌مورفیسم‌ها (SNPs)، از روش PCR-RFLP روی ۱۲۴ نمونه RSA و ۱۲۴ نمونه کنترل استفاده شد. نتایج با استفاده از رگرسیون لجستیک دوجمله‌ای (با سطح معنی‌داری $P \leq 0.05$) تحلیل گردید. اثر SNP‌ها بر ساختار پروتئین‌ها با نرم‌افزارهای LOMET، HOPE، PSIPRED، Chimera-USF و بررسی شد. مسیرهای سیگنالینگ و تعاملات فیزیکی بین COL12A1 و CD44 به ترتیب با پایگاه‌های KEGG Pathway و GeneMANIA آنالیز شدند. نتایج نشان داد که ژنوتیپ TT ($P = 0.032$) مربوط به CD44-rs13347 خطر سقط مکرر را افزایش می‌دهد، در حالی که ژنوتیپ CT ($P = 0.027$) از همین پلی‌مورفیسم، ژنوتیپ TT ($P = 0.044$) و آلل جهش یافته T ($P = 0.019$) مربوط به COL12A1-rs970547 با کاهش خطر RSA مرتبط بودند. همچنین، بررسی ساختار سه‌بعدی پروتئین نشان داد که COL12A1-rs970547 ممکن است ساختار پروتئین COL12A1 و تعامل آن با اینتگرین‌ها را تحت تأثیر قرار دهد. تحلیل مسیرهای سیگنالینگ و شبکه تعاملات فیزیکی پروتئین‌ها نیز ارتباط COL12A1 و CD44 با MMP2 و MMP9 را نشان داد. بر این اساس، پیشنهاد می‌شود که آلل T ژن COL12A1-rs970547 دارای یک ویژگی محافظتی در برابر RSA، به ویژه در فرم هموزیگوت آن، با بهبود تعامل آن‌ها با اینتگرین‌ها و احتمالاً MMP‌ها نیز داشته باشد. از طرف دیگر، CD44-rs13347 احتمالاً به طور غیرمستقیم بر اتصال جنین به ماتریکس خارج سلولی از طریق اثرگذاری بر MMP‌ها تأثیر می‌گذارد و در نهایت خطر RSA را افزایش می‌دهد.

واژگان کلیدی: COL12A1؛ CD44؛ ماتریکس متالو پروتئینازها؛ شبکه برهمکنش‌های فیزیکی؛ RSA

Please cite this paper as: Hosseinzadeh Colagar A, Arjmand M, Heydari M, Jorsaraei GhA. 2023. COL12A1-rs970547, mutant allele advantage by being protective against recurrent spontaneous abortion. *J Genet Resour* 9(1): 59-68. doi: 10.22080/jgr.2023.24736.1340

بررسی شیوع ویروس لنفوتروپیک سلول T انسانی در اهداکنندگان خون و بیماران تالاسمی و هموفیلی در

شهرستان‌های رفسنجان و جیرفت استان کرمان، ایران.

سمیه مهاجری^۱، موج خالقی^{۱*}، مهدی حسن شاهیان^{۱*}، هادی روان^۱، روح الله میرزایی^۲، علی بهزادی^۲، مهدی محمد حسینی^۲، سعید سلیمانی^۲، مجید محسنی^۲ و آوا دالوند^۱

^۱گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران
^۲مرکز تحقیقات انتقال خون، موسسه عالی تحقیقات و آموزش انتقال خون، تهران، ایران

چکیده

ویروس لوسمی سلول T انسانی (HTLV) یکی از اعضای خانواده رتروویریده است که از طریق لنفوسیت های آلوده، از مادر به کودک از طریق شیردهی، رابطه جنسی، انتقال خون و همچنین پیوند اعضا قابل انتقال است. تخمین زده می شود که نزدیک به ۱۵ تا ۲۰ میلیون نفر در سراسر جهان به این ویروس مبتلا شده اند. HTLV می تواند باعث بیماری های بدخیم مانند لوسمی سلول T بزرگسالان (ATL)، بیماری های التهابی مانند یووئیت، میلوپاتی مرتبط با HTLV-1 / پاراپلازی اسپاستیک گرمسیری (HAM/TSP)، آلوئولیت و درماتیت عفونی شود. ایران پس از ژاپن، کشوری است که بیشترین آلودگی به ویروس HTLV را در آسیا دارد. این مطالعه با هدف بررسی شیوع سرولوژیکی عفونت HTLV 1/2 در اهداکنندگان خون، بیماران تالاسمی ماژور و هموفیلی در شهرستان‌های رفسنجان و جیرفت استان کرمان انجام شد. سرم‌ها از ۱۰۰ اهداکننده خون، ۶۰ بیمار تالاسمی ماژور و ۶ بیمار هموفیلی جمع‌آوری شد و حضور آنتی‌بادی اختصاصی HTLV1/2 با استفاده از روش ELISA مورد آزمایش قرار گرفت و سپس با تکنیک های وسترن بلات و qRT-PCR تایید شد. نتایج آزمایش الایزا برای اهداکنندگان خون رفسنجان و جیرفت و همچنین بیماران تالاسمی و هموفیلی در رفسنجان منفی بود اما در بین بیماران تالاسمی ماژور جیرفت، یک مورد مثبت مشاهده شد. نتایج تست های وسترن بلات و qRT-PCR نیز مثبت بود. تعداد نسخه های پروویروس ۳۱۴۰۷۵۰ کپی در هر میلی لیتر از نمونه بود. بر اساس یافته‌های این مطالعه، استان کرمان از نظر شیوع ویروس HTLV حائز اهمیت است. با توجه به شناسایی عفونت در بیماران تالاسمی در این استان، بررسی میزان بروز این عفونت در سایر جمعیت های پرخطر این منطقه توصیه می شود.

واژگان کلیدی: HTLV؛ ایران؛ اهداکنندگان خون؛ هموفیلی؛ تالاسمی

Please cite this paper as: Mohajeri S, Khaleghi M, Hassanshahian M, Ravan H, Mirzaei R, Behzadi A, Mohammadhoseini M, Soleimani S, Mohseni M, Dalvand A. 2023. Evaluation of prevalence of human t-cell lymphotropic virus in blood donors, thalassemia and hemophilia patients in Rafsanjan and Jiroft cities of Kerman province, Iran. *J Genet Resour* 9(1): 69-74. doi: 10.22080/jgr.2023.24563.1337

بررسی اثر ماده فعال تیمول و نانوذرات اکسید روی کنژوگه با تیوسمی کاربازون بر بیان ژن های

پمپ افلاکس و بیوفیلیم در سودوموناس آئروژینوزا

حدیثه مختاری، سیده طوبی شفیقی*، علی صالح زاده* و سمیه عطایی جلیسه

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

چکیده

یافتن داروهای ضد میکروبی جدید برای درمان سودوموناس آئروژینوزا مقاوم به دارو یک چالش بزرگ بهداشتی است. در این مطالعه، نانوذرات اکسید روی سنتز شدند و سپس با تیوسمی کاربازون کنژوگه (ZnO@Glu-TSC) شدند و اثر نانوذرات به تنهایی و در ترکیب با تیمول بر بیان ژن های بیوفیلیم و پمپ افلاکس در سودوموناس آئروژینوزا مورد بررسی قرار گرفت. ویژگی های فیزیکوشیمیایی نانوذرات ZnO@Glu-TSC توسط FT-IR، XRD، EDS، SEM و TEM مورد ارزیابی قرار گرفت. اثر مهاري نانوذرات ZnO@Glu-TSC و تیمول، به تنهایی و به صورت ترکیبی با روش میکروورقیق سازی براث تعیین شد و از PCR کمی برای ارزیابی بیان ژن های *algD*، *pslA*، *pelA*، *mexA*، *mexB* و *mexX* استفاده شد. نانوذرات سنتز شده تقریباً کروی، بدون ناخالصی و در محدوده اندازه ۲۰ تا ۶۰ نانومتر بودند. تیمارهمزمان سودوموناس آئروژینوزا با ZnO@Glu-TSC و تیمول اثر مهاري قوی تری نسبت به هر یک از مواد به تنهایی داشت. بیان نسبی ژن های *pslA*، *pelA* و *algD* در سویه های سودوموناس آئروژینوزا تحت تیمار با تیمول و ZnO@Glu-TSC به ترتیب ۰/۴۲، ۰/۴۵ و ۰/۴۱ (برابر) کاهش یافت. علاوه بر این، بیان ژن های *mexA*، *mexB* و *mexX* در سویه های سودوموناس آئروژینوزا تحت تیمار ZnO@Glu-TSC و تیمول (به ترتیب ۰/۴۲، ۰/۴۵ و ۰/۴۱ برابر) کاهش یافت. همچنین مشخص شد که ترکیب ZnO@Glu-TSC و تیمول می تواند به صورت هم افزایی بیان ژن های مذکور را در مقایسه با هر یک از مواد به تنهایی کاهش دهد. این مطالعه نشان داد که نانوذرات ZnO@Glu-TSC و تیمول به طور سینرژیستی می توانند بلوغ بیوفیلیمی و سیستم های پمپ افلاکس را در سویه های سودوموناس آئروژینوزا مهار کنند و می توانند بعنوان یک کاندید ضد باکتریایی جدید در برابر سویه های سودوموناس آئروژینوزا در نظر گرفته شوند.

واژگان کلیدی: بیوفیلیم؛ پمپ افلاکس؛ پی سی آر کمی؛ تیوسمی کاربازون؛ اکسید روی

Please cite this paper as: Mokhtari H, Shafighi T, Salehzadeh A, Ataei-e Jaliseh S. 2023. Investigation of the effect of thymol active ingredient and zno nanoparticle conjugated by thiosemicarbazone on the expression of efflux pump and biofilm genes in *Pseudomonas aeruginosa*. *J Genet Resour* 9(1): 75-82. doi: 10.22080/jgr.2023.24604.1338

بررسی 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

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

^۲گروه 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 مولفه‌های اصلی؛ گندم نان

Please cite this paper as: Kakaie M, Mazaheri laqab H. 2023. Genetic analysis of path coefficients of some traits in relation with tolerance to Alfalfa leaf Weevil (*Hypera postica* Gell.). J Genet Resour 9(1): 83-91. doi: 10.22080/jgr.2023.24987.1343

آشکارسازی ژن‌های کلیدی مرتبط با پیشرفت و پیش‌آگهی سرطان دهانه رحم با استفاده از تجزیه و تحلیل شبکه‌ای هم‌بیان ژن وزنی

مینا دهقانی سامانی و مجتبی عمادی بایگی*

گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهرکرد

چکیده

سرطان دهانه رحم یکی از شایع‌ترین بدخیمی‌ها و یکی از علل اصلی مرگ و میر در بین زنان در سراسر جهان است. کشف ژن‌های مرتبط با تودینه برای درک زیست‌شناسی تودینه و توسعه راهبردهای پیشگیرانه و درمانی بسیار مهم است. با این حال، ژن‌های دخیل در تودینه‌زایی یاخته‌های سرطان دهانه رحم هنوز نامشخص هستند. با توجه به شیوع و مرگ و میر بالای آن، درک بیماری‌زایی و شناسایی نشانگرهای زیستی آن ضروری است. هدف از این مطالعه شناسایی زیست‌نشانگرهای بالقوه مرتبط با سرطان دهانه رحم و تجزیه و تحلیل اهمیت پیش‌آگهی آنها بود. پژوهش حاضر از داده‌های بیان mRNA سطح ۳ و داده‌های بالینی سرطان دهانه رحم موجود در پایگاه داده Cancer Genome Atlas (TCGA) برای شناسایی ژن‌های بیان شده متفاوت (DEGs) و به دنبال آن هستی‌شناسی ژن استفاده کرد. برای ساخت شبکه‌های هم‌بیان ژن عاری از مقیاس از تجزیه و تحلیل شبکه هم‌بیانی وزنی استفاده شد. در شبکه هم‌بیانی، پودمان کانونی و ژنهای کانونی شناسایی شدند. در ادامه، پودمان‌های مهم مرتبط با مرحله بندی T، N، M، و FIGO در شبکه غربال شدند. در مرحله بعد، ژن‌های همپوشانی بین پودمان‌های ژنی مهم و DEGs غربالگری شدند. *PCP4*، *LEFTY2*، *C7*، *CHRD1*، *PNPLA3*، *TERT*، *CALML5* و *PCP4* به عنوان ژنهای کانونی شناسایی شدند. تجزیه و تحلیل بقا برای شناسایی ارتباط بین این ژن‌ها و بقا با استفاده از پایگاه داده GEPIA انجام شد. تجزیه و تحلیل بقا نشان داد که *PCP4* در بیماران مبتلا به تودینه‌های توپر نخستین کمی کمتر از حالت عادی بیان می‌شود و به پیش‌آگهی ضعیف در سرطان دهانه رحم مربوط می‌شود. این نتایج نشان می‌دهد که این ژن‌های کانونی، به ویژه *PCP4*، ممکن است یک نشانگر زیستی تشخیصی بالقوه برای سرطان دهانه رحم باشد و دیدگاه جدیدی در مورد بیماری‌زایی سرطان دهانه رحم ارائه دهد.

واژگان کلیدی: سرطان دهانه رحم؛ ژن‌های بیان شده متفاوت؛ *PCP4*؛ TCGA

Please cite this paper as: Dehghani-Samani M, Emadi-Baygi. M. 2023. Weighted gene co-expression network analysis unveiled key genes related to progression and prognosis of cervical cancer. *J Genet Resour* 9(1): 92-102. doi: 10.22080/jgr.2023.25032.1344

شناسایی مولکولی DNA باقیمانده جدا شده از استخرهای تاسماهی ایرانی برای مدلسازی ارزیابی DNA محیطی در اکوسیستم آبی

حر ترابی جفروودی^۱، شیرین جمشیدی^{۲*}، سهیلا تالش ساسانی^۱ و علی بانی^۱

^۱گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

^۲انستیتو تحقیقات بین المللی ماهیان خاویاری دریای خزر، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان

تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران

چکیده

با توجه به اهمیت حفاظت از ماهیان خاویاری دریای خزر بر اساس قوانین CITES، ارائه روشی موثر و کارآمد برای ردیابی و شناسایی گونه‌های ماهیان خاویاری ضروری است. شناسایی DNA باقیمانده در مزارع پرورش ماهی می‌تواند به عنوان مدلی برای ردیابی DNA محیطی ماهی در رودخانه‌ها و دریاها مورد استفاده قرار گیرد. این روش غیرتهاجمی ردیابی DNA برای حفاظت از ماهیان خاویاری در معرض خطر انقراض مفید است. نمونه برداری از آب استخر ماهیان خاویاری ایرانی و با محلول رسوب دهنده DNA (اتانول و استات سدیم) تثبیت شد. استخراج DNA از آب تثبیت شده و بافت باله ماهیان خاویاری دریای خزر، استرلیاد و تاسماهی سبیری با استفاده از کیت Deasy QIA gen انجام شد. با استفاده از روش بارکدینگ قطعات کوچک، رابطه خطی بین مقدار آستانه سیکل (ct) و غلظت DNA ماهیان خاویاری ایرانی اندازه‌گیری شده توسط روش Real-time PCR کمی اندازه‌گیری شد. نمونه‌های DNA استخراج شده از حوضچه ماهی، منحنیابی را در روش Real-time PCR ایجاد کردند که در کنترل منفی و DNA ژنومی نامربوط (با تاسماهیان) قابل تولید نبود. اگرچه DNA باقیمانده ماهیان خاویاری ایرانی در سطح پیکوگرام در آب استخر ماهی با روش کمی مورد سنجش قرار گرفت، اما تشخیص مولکولی با استفاده از این روش تنها وجود گونه‌های خانواده تاسماهیان (به طور عمومی) در استخرهای ماهی تایید می‌کند. روش Real-time PCR SYBER Green در شناسایی باقیمانده DNA در سطح پیکوگرام استخر ماهیان خاویاری ایرانی و می‌تواند روش قابل قبولی برای بارکد گذاری با کارایی بالا در مقایسه با روش‌های معمولی PCR و غیرتهاجمی باشد که برای حفاظت از ماهیان خاویاری در معرض خطر انقراض مفید است.

واژگان کلیدی: Real-time PCR؛ DNA محیطی؛ تاسماهی ایرانی

Please cite this paper as: Torabi Jafroudi H, Jamshidi S, Talesh Sasani S, Bani A. 2023. Molecular identification of residual DNA separated from the Persian sturgeon (*Acipenser persicus*) for modeling eDNA evaluation in aquatic ecosystem. *J Genet Resour* 9(1): 103-110. doi: 10.22080/jgr.2023.25221.1348