

دیدگاه فیلوژنتیک مقایسه‌ای در روابط تکاملی میگوی آب شور آرتمیا لیچ، ۱۸۱۹ (سخت پوستان: بی پوششیان) با استفاده از ساختار ثانویه ژن *ITS1*

علیرضا عاصم^{۱،۲}، پو وانگ^۳ و شی چون سون^۲
^۱کالج علوم زیستی و اکولوژی، دانشگاه اقیانوس گرمسیری هاینن، چین
^۲پژوهشکده تکامل و تنوع زیستی دریایی، دانشگاه اقیانوس چین، چین
^۳دانشکده اکولوژی، تکامل و رفتار، دانشگاه مینیستون، ایالات متحده

چکیده

مطالعه حاضر اولین مطالعه در روابط فیلوژنتیک در جنس آرتمیا است که از الگوی و توالی ساختار ثانویه ژن *ITS1* استفاده شده است. تنوع درون گونه‌ای معنی داری در ساختار ثانویه ژن *ITS1* در *Artemia tibetiana* یافته شد. در درخت فیلوژنی حاصل از ترکیب توالی اولیه و ساختار ثانویه، *Artemia urmiana* و جمعیت‌های بکرزا دودمانهای جدیدی را نشان می‌دهد و دو گونه دنیای جدید (*Artemia persimilis* و *Artemia franciscana*) در گروه پایه‌ای قرار می‌گیرند که این نتیجه در مطالعات پیشین مشاهده نشده است. رابطه فیلوژنتیکی نزدیک بین *Artemia persimilis* و *Artemia franciscana* توسط مطالعات و آزمایشات پیشین از قبیل دورگه‌گیری (در محیط طبیعی و آزمایشگاهی) و ساختار آلوزیم‌ها پشتیبانی می‌شود.

واژگان کلیدی: فیلوژنتیک؛ توالی اولیه؛ ساختار ثانویه؛ ژن *ITS1*؛ آرتمیا

Please cite this paper as: Asem A, Wang P, Sun Sh. 2018. Comparative Phylogenetic Perspectives on the Evolutionary Relationships in the Brine Shrimp *Artemia* Leach, 1819 (Crustacea: Anostraca) Based on Secondary Structure of *ITS1* Gene. *J Genet Resour* 4(2): 72-84. DOI: 10.22080/jgr.2018.14623.1109

مطالعه بین *miR-4270* در پلاسمای بیماران مبتلا به کارسینومای مجاری تهاجمی پستان

فائزه امینی سپهر، اسماعیل بابائی* و محمدعلی حسینپورفیضی^۱
گروه علوم زیستی، دانشکده علوم طبیعی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

چکیده

آشکار سازی microRNA های اختصاصی تومور در خون بیماران سرطانی می تواند بیومارکرهای با ارزشی را برای تشخیص و درمان معرفی نماید. هدف از مطالعه حاضر، تحقیق پتانسیل مارکری سطوح پلاسمائی *miR-4270* برای کارسینومای تهاجمی مجاری پستان بود. در مجموع، ۴۰ نمونه از بیماران سرطانی و ۲۸ نمونه کنترل در این مطالعه استفاده شد. RNA کل از نمونه ها استخراج شده و بیان *miR-4270* توسط Real-Time PCR ارزیابی شد. همچنین، ارتباط بین بیان *miR-4270* و یافته های کلینیکوپاتولوژیکی مورد ارزیابی قرار گرفت. داده های ما نشان داد که بیان *miR-4270* به صورت معنی داری در نمونه های توموری نسبت به نمونه های کنترل افزایش می یابد ($p\text{-value}=0.00$). علاوه براین، آنالیز داده ها نشان داد که بین سطح پایین *miR-4270* پلاسمای و اندازه تومور، درگیری گره های لنفاوری و سطوح بالای بدخیمی ارتباط وجود دارد. سطح زیر منحنی ROC بیانگر آن بود که *miR-4270* توانائی تمایز پلاسمای توموری را از نمونه های غیر توموری ندارد. یافته های حاضر، اطلاعات اولیه را در مورد پروفیل بیانی *miR-4270* در پلاسمای بیماران سرطان پستان نشان می دهد. با این حال، مطالعات بیشتری برای آشکار سازی نقش *miR-4270* در کارسینومای مجاری پستان باید انجام شود.

واژگان کلیدی: microRNA سیال؛ *miR-4270*؛ سرطان پستان؛ Real-Time PCR

Please cite this paper as: Aminisepehr F, Babaei E, Hosseinpour Feizi A. 2018. Study of the Expression of *miR-4270* in Plasma of Patients with Breast Invasive Ductal Carcinoma. *J Genet Resour* 4(2): 85-89. DOI: 10.22080/jgr.2018.14802.1111

سطوح کنترل نشده بیان ژن *DREB1A* در آرابیدوپسیس تالیانا منجر به تغییر رشد ریشه، فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدانت، و پاسخ به تنش شوری می شود

عیسی کهن باغخیراتی^{۱،۲،۳}، محمدباقر باقریه نجار^{۱*}، احمد عبدل زاده^۱، جین گیسرلی^۳

^۱ گروه زیست شناسی، دانشگاه گلستان، گرگان، ایران

^۲ گروه زیست شناسی، دانشگاه حکیم سبزواری، سبزوار، ایران

^۳ دانشگاه ایلینویز جنوبی، ایلینویز، امریکا

چکیده

فاکتور رونویسی DREB1A (Dehydration Responsive Element Binding 1A) در پاسخ گیاهان به تنش های غیر زیستی نقش ایفا می کند. در این مطالعه ویژگی های فنوتیپی و مولکولی جهش یافته *drebla* (به روش ادغام T-DNA) به همراه لاین بیش بیان *DREB1A* (OX28) مورد بررسی قرار گرفت. محل ورود T-DNA در جایگاه ۲۵۳- شناسایی شد و بررسی تفرق الی بیانگر ادغام تنها یک T-DNA در ژنوم والد T0 بود. آنالیز RT-PCR در گیاهچه های *drebla* نیز عدم بیان ژن *DREB1A* و وجود جهش یافته خنثی را تایید کرد. فنوتیپ گیاهچه های *drebla* در مقایسه با گیاهچه های وحشی در پاسخ به تنش شوری ۱۱٪ کاهش جوانه زنی و ۷۵٪ کاهش زنده ماندن را نشان دادند اما در تیمار سرما تفاوتی بروز نکرد. در شرایط نرمال و در مقایسه با لاین های وحشی، ارتباط مستقیمی بین میزان رشد ریشه و سطح بیان ژن *DREB1A* دیده شد به طوری که گیاهچه های *drebla* برخلاف گیاهچه های OX28 افزایش طول ریشه ۲۹ درصدی را نشان دادند. جالب تر اینکه تغییر در طول ریشه همبستگی نزدیکی با میزان تجمع رادیکال های آزاد اکسیژن (ROS) در لاین *drebla* با ۳۱٪ کاهش و در لاین OX28 با ۹۷٪ افزایش در مقایسه با لاین های وحشی داشت. به علاوه، گیاهچه های *drebla* فعالیت بالای آنزیم های آنتی اکسیدانتی سوپراکسید دیسموتاز، پروکسیداز، پلی فنل اکسیداز و فعالیت پایین کاتالاز را در مقایسه با لاین وحشی نشان دادند در حالی که فعالیت پروکسیداز دیواره ای تغییری نداشت. در مقابل، گیاهچه های OX28 فعالیت بالای پروکسیداز دیواره ای را در مقایسه با لاین وحشی بروز دادند. در مجموع یافته های این مطالعه پیشنهاد می کند که سطوح کنترل شده بیان ژن *DREB1A* نه تنها برای پاسخ به تنش که برای رشد و نمو بهینه گیاه آرابیدوپسیس تالیانا ضروری است.

واژگان کلیدی: آرابیدوپسیس تالیانا؛ *DREB1A*؛ تنش شوری؛ رشد ریشه؛ فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدانت

Please cite this paper as: Kohan-Baghkheirati E, Bagherieh-Najjar MB, Abdolzadeh A, Geisler-Lee J. 2018. Altered DREB1A Gene Expression in Arabidopsis thaliana affects Root Growth, Antioxidant Enzymes Activity, and Response to Salinity but Not to Cold. *J Genet Resour* 4(2): 90-104. DOI: 10.22080/jgr.2019.15528.1117

ترکیب باکتری‌های اندوفیت قابل کشت برگ چغندر قند در مناطق مهم چغندر کاری غرب کشور

میلاذ آئینی^۱، غلام خداکرمیان^۲، حسین میرزایی نجفقلی^۳

^۱گروه گیاه پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

^۲گروه گیاه پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

^۳گروه گیاه پزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه لرستان، خرم‌آباد، ایران

چکیده

باکتری‌های اندوفیت به باکتری‌هایی گفته می‌شود که در داخل گیاهان زندگی می‌کنند. از ۱۲ منطقه مهم چغندر کاری غرب کشور بازدید به عمل آمده و اندام‌های هوایی تعداد ۲۳ گیاه شاداب و قوی گردآوری شد. پس از ضدعفونی سطحی، عصاره گیاهان در محیط کشت آگار مغذی کشت گردید. برای انتخاب نماینده استرین‌های باکتریایی، الگوی پروتئینی سلولی آن‌ها مورد بررسی قرار گرفت. از هر الکتروتیپ یک نماینده انتخاب و با روش‌های استاندارد باکتری‌شناسی ویژگی‌های فنوتیپی آن‌ها تا حد شناسایی گونه بررسی شد. همچنین ژن‌های کد کننده *16S rRNA* نماینده‌های هر یک از سه گروه با روش آزمون PCR با استفاده از آغازگرهای *rD1* و *fD1* فراوان سازی و پس از توالی‌یابی، با بانک داده‌های موجود در سایت NCBI با نرم‌افزار بلاست آنالیز و مقایسه شدند. الکتروتیپ‌های پروتئینی با وقوع بالا به‌عنوان گونه‌های *Pseudomonas aeruginosa*، *Acinetobacter calcoaceticus* و *Stenotrophomonas maltophilia* شناسایی شدند. سایر الکتروتیپ‌ها وقوع پایین‌تری داشته و به ترتیب به‌عنوان جنس‌های *Streptomyces sp*، *Acetobacter sp* و *Agrobacterium sp* شناسایی شدند. این اولین گزارش از باکتری‌های *S. maltophilia* و *P. aeruginosa calcoaceticus* به‌عنوان اندوفیت برگ چغندر قند است.

واژگان کلیدی: چغندر قند؛ SDS-PAGE؛ الکتروتایپ؛ الکتروفورز

Please cite this paper as: Aeini M, Khodakaramian Gh, Mirzaei Najafgholi H. 2018. Sugar Beet Leaf Culturable Endophytic Bacterial Composition from the Major Sugar Beet Growing Areas in the West of Iran. *J Genet Resour* 4(2): 105-113. DOI: 10.22080/jgr.2019.15537.1118

معرفی گونه جدید *Acanthobothrium chabahariense* n. sp. در سفره ماهی دم پری *Pastinachus cf. sephen* دریای عمان، ایران

لقمان ملکی^{۱*}، معصومه ملک^۲، علیرضا راستگو^۳

^۱ گروه علوم زیستی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه کردستان، سنندج، ایران

^۲ مرکز عالی فیلوژنی موجودات زنده، دانشکده زیست شناسی، پردیس علوم، دانشگاه تهران، تهران، ایران

^۳ باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، دانشگاه آزاد واحد بندرعباس، بندعباس، ایران

چکیده

یک گونه از جنس *Acanthobothrium* Blanchard, 1848 از رودی ماریچی سفره ماهی *Pastinachus cf. sephen* (Forsskal, 1775) سواحل ایرانی دریای عمان توصیف می‌شود. صفات ریختی و ریزساختارهای سطح بدن با استفاده از میکروسکوپ نوری و الکترونی مورد بررسی قرار گرفت. *Acanthobothrium chabahariense* n. sp. همراه با ۴۸ گونه‌ی دیگر متعلق به گروه یک از سیستم دسته بندی گونه‌های این جنس است که دارای طول کل کمتر از ۱۵ میلی متر، تعداد بند کمتر از ۵۰، بیضه کمتر از ۸۰ عدد و تخمدان با بازوهای متقارن می‌باشند. مقایسه گونه جدید با گونه های اقیانوس هند غربی و گونه‌های توصیف شده از جنس *Pastinachus* انجام شد. گونه جدید با توجه به صفات ریختی زیر از دیگر گونه‌های این منطقه متمایز است: طول کل، تعداد بندها، طول قلاب، تعداد بیضه‌ها و طول لوب‌های تخمدانی. *Pastinachus sephen* یک گونه کمپلکس بوده که وضعیت تاکسونومی آن مشخص نیست و هویت این گونه خلیج فارس و دریای عمان هنوز مبهم می‌باشد. مطالعه مولکولی روی چند نمونه از دریای عمان نشان داد که توالی های DNA این نمونه‌ها با *P. sephen* کاملاً منطبق نیستند و از این رو تحت نام *P. cf. sephen* معرفی شدند. معرفی این گونه تعداد کل گونه های توصیف شده *Acanthobothrium* از جنس *Pastinachus* را به ۱۱ و تعداد گونه های *Acanthobothrium* از خلیج فارس و دریای عمان را به هفت می‌رساند. بعلاوه، کلید شناسایی گونه‌های این جنس که از گونه‌های *Pastinachus* توصیف شده اند، ارائه شد.

واژگان کلیدی: *Acanthobothrium*؛ دریای عمان؛ *Pastinachus cf. sephen*؛ گونه جدید؛ صفات ریخت شناسی

Please cite this paper as: Maleki L, Malek M, Rastgoo A. 2018. *Acanthobothrium chabahariense* n. sp. (Cestoda: Onchoproteocephalidea) in the cowtail stingray *Pastinachus cf. sephen* (Myliobatiformes: Dasyatidae) from the Gulf of Oman, Iran. *J Genet Resour* 4(2): 114-121. DOI: 10.22080/jgr.2019.15565.1120

ارزیابی فراوانی آللی و چندشکلی نشانگرهای ریزماهواره پیوسته با مکان‌های ژنی کنترل کننده کیفیت فیزیکی دانه در برنج

سیما شیرمحمدلی^۱، حسین صبوری^۱، لیلا آهانگر^۱، علی اکبر عبادی^۲، سید جواد سجادی^۱

^۱ دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، گروه تولیدات گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

^۲ موسسه تحقیقات برنج ایران

چکیده

ارزش اقتصادی یک رقم به صفات مختلف آن بستگی دارد و از این رو اطلاع دقیق از رفتار ژنتیکی و شناسایی مکان‌های ژنومی دخیل در کنترل این صفات می‌تواند به به‌نژادگر در اصلاح ارقام کمک کند. به‌منظور ارزیابی تنوع ژنتیکی در ۸۵ ژنوتیپ برنج، تکثیر مکان‌های ژنی برنج با استفاده از شش نشانگر iPBS، یک نشانگر IRAP و نه نشانگر ISSR که در آزمایشگاه ژنتیک و اصلاح نباتات دانشکده کشاورزی مورد بررسی قرار گرفت. صفات مورد بررسی شامل مساحت دانه، طول دانه، عرض دانه، خروج از مرکز، قطر و محیط دانه برنج قهوه ای و دانه سفید بود. از تعداد ۱۳۵ آللی که در کل ارقام تکثیر شد، ۸۰ باند چند شکل بودند. آلل‌های چندشکلی شناسایی شده توسط هر نشانگر بین ۳ تا ۸ آلل متغیر بود و به‌طور متوسط ۵/۳۳ آلل برای هر جایگاه مشاهده شد. نشانگرهای iPBS1854 و iPBS2242 با ۱۱ باند بیش‌ترین تعداد باند و نشانگرهای iPBS2240 و iSSR55 با پنج باند کم‌ترین تعداد باند را به خود اختصاص داد. محتوای اطلاعات چندشکلی بین ۰/۰۷۸ (iPBS2241) تا ۰/۲۴۱ (iPBS2240) متغیر بود و به‌طور متوسط ۰/۱۹۵ بود. نشانگر iPBS2240 با دارا بودن مقادیر بالای محتوای اطلاعات چندشکلی، تنوع نی، تنوع شانون و تعداد آلل مؤثر در این مطالعه به‌عنوان بهترین نشانگر جهت بررسی تنوع ژنی شناسایی شد. به‌منظور تجزیه ارتباط براساس تجزیه رگرسیون بین صفات فنوتیپی و نشانگرهای مورد بررسی، ۵۴ نشانگر برای صفات مورفولوژیکی شناسایی شدند که از این تعداد در شرایط نرمال یک آلل با صفت مساحت برنج قهوه ای، طول برنج قهوه ای، عرض برنج قهوه ای، خروج از مرکز برنج قهوه ای، قطر برنج قهوه ای، محیط برنج قهوه ای، دو آلل با مساحت دانه سفید، سه آلل با طول دانه سفید، چهار آلل با عرض دانه سفید، دو آلل با خروج از مرکز دانه سفید، دو آلل با قطر دانه سفید و چهار آلل با محیط دانه سفید مرتبط بود و همچنین در شرایط تنش خشکی یک آلل با مساحت برنج قهوه ای، طول برنج قهوه ای، عرض برنج قهوه ای، هشت آلل با خروج از مرکز برنج قهوه ای و یک آلل با محیط برنج قهوه ای، دو آلل با مساحت دانه سفید، چهار آلل با طول دانه سفید، چهار آلل با عرض دانه سفید، هشت آلل با خروج از مرکز دانه سفید و یک آلل با قطر دانه سفید مرتبط بودند. از بین آلل‌های شناسایی شده آلل‌های iSSR1-2، iPBS2241-2، iSSR16-4، iSSR55-1، iSSR57-1، iPBS2240-1 و iPBS2242-2 به‌طور مشترک با چندین صفت در هر دو شرایط نرمال و تنش مرتبط بودند که وجود آلل‌های مشترک برای صفات احتمالا به‌دلیل پیوستگی مکان‌های کروموزومی کنترل کننده این صفات و یا پلیوتروپی می‌باشد.

واژگان کلیدی: آنالیز پیوستگی، تنوع ژنتیکی، محتوای اطلاعات چند شکلی، برنج

Please cite this paper as: Shirmohammadli S, Sabouri H, Ahangar L, Ebadi AA, Sajadi J. 2018. Genetic Diversity and Association Analysis of Rice Genotypes for Grain Physical Quality Using iPBS, IRAP, and ISSR Markers. *J Genet Resour* 4(2): 122-129. DOI: 10.22080/jgr.2019.15415.1115

غربالگری ژرم پلاسما بادام زمینی برای تحمل به شوری

نامیتا سریواستاوا^۱، وینسنت وادز^۱، شیام نارایان نیگما^۱، هاری د. اوپادهایا^۱ و لاکسمی ناراسو^۲
^۱موسسه تحقیقاتی بین المللی زراعت گیاهان گرمسیری نیمه خشک، پاتانچرو ۵۰۲۳۲۴، تلانگانا، هندوستان
^۲دانشگاه فنی جواهر لعل نهرو، حیدرآباد، ۵۰۰۰۸۵، تلانگانا، هندوستان

چکیده

شوری یک موضوع نگران کننده در تولید مواد غذایی اساسی است. گیاهان زراعی با تحمل شوری بالا برای کشت در زمین های شور، بسیار مورد نیاز هستند. در کشورهای نظیر هندوستان که در آن ها زمین های شورقابلیت کشت بادام زمینی را دارند، تقاضا برای بادام زمینی در حال افزایش است. موضوع این مطالعه، شناسایی ژنوتیپ های با تحمل شوری بالا جهت تولید محصولات غذایی است. طی سه فصل، حدود ۲۷۵ ژرم پلاسما برای تحمل به شوری، غربالگری شدند. زیست توده ساقه و بازدهی دانه ها در شرایط شوری و غیر شوری مورد ارزیابی قرار گرفت. در شرایط شوری، زیست توده ساقه تنوع ژنتیکی پایینی را نشان داد و به عنوان یک شاخص انتخابی در آزمایشات بعدی مورد توجه قرار نگرفت. در حالی که یک بازه شش برابری از تنوع در بازدهی غلاف ها در شرایط شوری (10-12.5 dsm^{-1} NaCl) مشاهده شد. وزن غلاف در شرایط شوری و کنترل، همبستگی ضعیفی نشان داد. با آنکه تنوع ژنوتیپی قابل توجهی از بازدهی غلاف ها در شرایط شوری مشاهده شد، ولی اثر متقابل $G \times E$ قابل توجه بود. بر اساس بازدهی ساقه-بذر و تعداد ساقه-بذر در شرایط شوری و در فصل های مورد مطالعه، ما یک مجموعه شامل ۱۴ ژنوتیپ مقاوم و ۱۷ ژنوتیپ حساس یافتیم. از میان این ژنوتیپ ها، ICGV 87187 و ICGS 76 مقاومترین و ICG 6993 و ICG 4746 حساس ترین سویه های سال های به ترتیب ۲۰۰۶ و ۲۰۰۷- بودند. سویه های پیشنهادی می توانند در برنامه های بعدی تولید مانند نقشه برداری جمعیت ها مورد استفاده قرار گیرند. فرض ما برای شناسایی سویه های مقاوم به نمک از مناطق انتخابی شور برای انتخاب سویه های بهتر، کمکی نمی کند با این وجود مجموعه ژرم پلاسما های mini-core بیشترین ورودی های مقاوم به شوری را ارائه داد.

واژگان کلیدی: بادام زمینی؛ مجموعه Mini-core، مقاومت به شوری؛ وزن غلاف؛ اثر متقابل $G \times E$

Please cite this paper as: Srivastava N, Vadez V, Narayan Nigam S, Upadhyaya HD, Narasu L. 2018. Screening Groundnut (*Arachis hypogaea* L.) Germplasm for Salinity Tolerance. *J Genet Resour* 4(2): 130-140. DOI: 10.22080/jgr.2019.15744.1124