

تفسیر عملکردی دو پروتئین (LOC105974023 و LOC109219975)، به عنوان پروتئین های درگیر در پاسخ به شوری: یک مطالعه *in silico*

کیارش جمشیدی گهرریزی^۱، فرزانه امیرماهانی^{۲*}، فواد فاتحی^۳، مریم نظری^۴، سید سعید موسوی^۴

^۱گروه اصلاح نباتات، واحد یزد، دانشگاه آزاد اسلامی، یزد، ایران

^۲بخش ژنتیک، گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

^۳گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۴گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

چکیده

گسترش شناسایی توالی ها و ساختار پروتئین ها توسط توالی ژنوم و رویکردهای ژنومی ساختاری، سبب افزایش تقاضای شناسایی روش های بیوانفورماتیک معتبر برای تعریف عملکرد پروتئین ها شده است. در این مطالعه، هدف ما شناسایی عملکرد پروتئین های فرضی از پایه UCB-1 پسته و تعیین طبقه بندی آنها با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیک است. با توجه به اینکه در مطالعات قبلی، ۵ پروتئین فرضی را در پروفایل پروتئومیک UCB-1 تحت تنش شوری شناسایی شدند، که دو تا از این پروتئین ها LOC105974023 و LOC109219975 به ترتیب دارای افزایش بیان ۲/۹۵ و ۲/۲۹ برابری تحت تنش شوری داشتند. در این مطالعه، عملکرد و خصوصیات احتمالی این پروتئین ها با استفاده از روش ها و برنامه های آماری مختلف شناخته شد. براساس آنالیزهای حاصل، این پروتئین ها شباهت هایی با آنزیم رونوشت بردار معکوس و همچنین آنزیم هلیکاز و برخی پروتئین های پاسخگو به تنش شوری دارند. این مشاهدات حاکی از ارتباط نزدیکی بین بیان بیش از حد این آنزیم ها و پاسخ گیاهان به تنش شوری است. این پروتئین های پاسخگو به استرس می توانند یک استراتژی جدید دفاع گیاه در پاسخ به شوری فراهم کنند.

واژگان کلیدی: پروتئین های فرضی؛ UCB-1؛ پاسخ به شوری؛ آنزیم رونوشت بردار معکوس

Please cite this paper as: Jamshidi Goharrizi K, Amirmahani F, Fatehi F, Nazari M, Moosavi S. 2019. Functional Annotation of Two Hypothetical Proteins (LOC105974023 and LOC109219975), as Proteins Involved in Response to Salinity: An *in silico* Approach. *J Genet Resour* 5(2): 72-82. DOI: 10.22080/jgr.2019.2341

تنوع ژنتیکی و بررسی مؤلفه‌های تغذیه‌ای ژرم پلاسم‌های بنگلادشی لویای (*Phaseolus vulgaris* L.) قرمز

ریمانا فاطیما^۱، جمیل الرحمن^{۱*}، حبیب الشزیب^۲، محمد نزرل^۳، کانیز فاطیما^۴

^۱گروه ژنتیک و اصلاح نباتات، دانشگاه علوم کشاورزی شر بانگلا، داکا، بنگلادش

^۲گروه زراعت، دانشگاه علوم کشاورزی شر بانگلا، داکا، بنگلادش

^۳بخش کیفیت بذر و تغذیه، انستیتو تحقیقات برنج بنگلادش، گازیبور، بنگلادش

^۴بخش پژوهش‌های مزرعه‌ای، انستیتو تحقیقات کشاورزی بنگلادش، سیلخت، بنگلادش

چکیده

با توجه به تمرکز اساسی روی گسترش گیاهان به عنوان گونه‌های پرمحصول، غنی از پروتئین و مقاوم به بیماری، در این مطالعه تنوع ژنتیکی و صفات تغذیه‌ای ژرم پلاسم‌های لویا قرمز موجود در بنگلادش بر اساس هفده ویژگی کمی و شش ویژگی کیفی مورد بررسی قرار گرفته است. تجزیه واریانس ژنوتیپ، واریانس فنوتیپی و کوواریانس نشان داد که شرایط زیست محیطی در وزن هزار دانه و عملکرد دانه/بوته نسبت به سایر صفات تاثیر بیشتری داشت. وراثت پذیری بالا در وزن خشک (۹۴/۵۹ درصد)، سطح برگ (۹۶/۸۸ درصد)، روز تا مرحله ۵ برگی (۸۸/۸۰ درصد)، تعداد برگ (۸۷/۳۸ درصد) و تعداد غلاف در بوته (۸۷/۳۲ درصد) مشاهده شد، در حالی که در سطح برگ (۵۹/۴۶)، وزن هزار دانه (۵۲/۸۰)، عملکرد دانه / بوته (۳۹/۸۹) پیشرفت ژنتیکی بالایی مشاهده شد. ژنوتیپ‌ها در چهار گروه و با استفاده از آنالیز تنوع (D2) طبقه بندی شدند که در آن خوشه I و III به ترتیب از هفت و یک ژنوتیپ تشکیل شده است. علاوه بر این، بیشترین فاصله بین و درون خوشه، به ترتیب بین خوشه I و خوشه III (۲۳/۷۴۲) و خوشه IV (۰/۰۰۹) مشاهده شد. تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی نشان داد که تعداد روز تا مرحله ۵ برگی، روزها تا اولین گل‌دهی و ۵۰ درصد گلدهی از مهمترین عوامل موثر در تنوع ژنتیکی (۷۴/۸ درصد) در لویای قرمز هستند. تجزیه و تحلیل صفات تغذیه‌ای نشان داد که ژرم پلاسم‌های منطقه Sylhet حاوی کربوهیدرات (۰۳/۲۴-۶۴/۶۰ درصد)، فیبر (۲/۲-۴۶/۰۸ درصد) و خاکستر (۲/۳۱-۲/۹۵ درصد) بیشتر بودند، در حالی که ژرم پلاسم‌های Bandarbanhad نسبت به نمونه‌های کنترل، پروتئین بیشتری داشتند (۲۳/۰۵-۲۳/۱۱ درصد) علاوه بر این، ژنوتیپ‌های منطقه Sylhet به عنوان مثال G6 (۲/۶۸ تن در هکتار)، G5 (۲/۵۶ تن در هکتار) و G4 (۲/۴۹ تن در هکتار) بیشترین میزان بازدهی بذر در هر هکتار را نشان دادند. نتایج این پژوهش پیشنهاد می‌کند، که ژرم پلاسم‌های Sylhet و Bandarbanhad می‌توانند به عنوان منابع ژنتیکی با ارزش برای تولید واریته‌های لویای قرمز با عملکرد بالا و با کیفیت عالی عمل کنند.

واژگان کلیدی: تنوع؛ وراثت پذیری؛ مؤلفه‌های تغذیه‌ای؛ لویا قرمز

Please cite this paper as: Fatema R, Rahman J, Shozib HB, Nazrul MI, Fatima K. 2019. Genetic Diversity and Nutritional Components Evaluation of Bangladeshi Germplasm of Kidney Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J Genet Resour 5(2): 83-96. DOI: 0.22080/jgr.2019.2361

بهینه سازی شرایط تراریختی با آگروباکتریوم در گیاه قره داغ (*Nitraria schoberi*)

فاطمه اسکندری^۱، محمد علی ابراهیمی^۲، حمیدرضا ناصری^۳، نسیم زرین پنجه^{۴*}

^۱گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۲گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

^۳مرکز تحقیقات بین المللی بیابان، دانشگاه تهران، ایران

^۴مرکز تحقیقات گیاهان دارویی، پژوهشکده گیاهان دارویی جهاد دانشگاهی، کرج، ایران

چکیده

قره داغ گیاه چند ساله بومی و متحمل به شوری و خشکی می باشد. این گیاه علاوه بر دارا بودن ریشه های عمیق و توسعه یافته که باعث تثبیت شن های روان و جلوگیری از فرسایش خاک در مناطق بیابانی می گردد، به دلیل دارا بودن آلکالوئید های خاص در زمینه تولید دارو نیز حائز اهمیت است. با توجه به اهمیت مهندسی ژنتیک به عنوان روشی نوین با هدف تولید تنوع ژنتیکی در اصلاح دقیق و هدفمند گیاهان چه در زمینه افزایش مقاومت نسبت به تنش های زیستی و غیر زیستی و چه در زمینه افزایش متابولیت های ثانویه خاص، تحقیق حاضر به عنوان پیش نیاز هر گونه تراریختی در مورد این گیاه ارزشمند انجام گرفت. در این تحقیق، زمان پیش کشتی، زمان هم کشتی، غلظت استوسرینگون و غلظت کاناماسین مورد بررسی واقع شد. نتایج بدست آمده حاکی از آن بود که اثر متقابل زمان های پیش کشتی، هم کشتی و غلظت استوسرینگون در سطح احتمال ۱ درصد معنی دار می باشد. مقایسات میانگین نیز نشان داد که بیشترین نرخ تراریختی در ۴۸ ساعت زمان پیش کشتی، در غلظت ۱۰۰ میکرومولار استوسرینگون و ۷۲ ساعت زمان هم کشتی بوده است. همچنین تایید نهایی حضور ژن GUS در گیاهان ترا ریخته با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمرز (PCR)، رونوشت برداری معکوس (RT-PCR) و آنالیز هیستوشیمیایی انجام شد.

واژگان کلیدی: گیاه قره داغ؛ بهینه سازی تراریختی؛ آگروباکتریوم؛ استوسرینگون؛ پیش کشتی؛ هم کشتی

Please cite this paper as: Eskandari F, Ebrahimi MA, Naseri HR, Zarinpanjeh N. 2019. The Optimized Method of Agrobacterium Mediated Transformation in *Nitraria schoberi* (Ghar-e-Dagh in Persian). *J Genet Resour* 5(2): 97-103. DOI: 10.22080/jgr.2019.2362

شناسایی و ویژگی‌های عملکردی جهش یافته *icl* از گیاه آراییدوپسیس در تیمار ترهالوز در شرایط نور و تاریکی

انیسه نوروزی پور، مهناز اقدسی*، حمیدرضا صادقی پور
گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه گلستان، گرگان، ایران

چکیده

ترهالوز قند غیراحیایی است که نقش‌های مهمی را در رشد و نمو گیاهان بازی می‌کند. جهت مطالعه نقش ترهالوز در متابولیسم چربی‌ها و گلوکونوژنز، گیاه آراییدوپسیس و سویه تراریخت TreF روی محیط کشت MS حاوی و یا بدون ۱۰۰ میلی مولار ساکارز و یا ترهالوز در نور و تاریکی مداوم کشت شدند. در تاریکی، تیمار گیاهچه‌های آراییدوپسیس با ترهالوز سبب وقوع اسکوتومورفوژنز شده و از تولید شدن هیپوکوتیل جلوگیری کرده اما بر رشد ریشه اثری نداشت. سپس جهش یافته *icl* (که در ژن ایزوسیترات لیاز معیوب است) از کلکسیون SALK جداسازی شد. در مقایسه با گیاه وحشی آراییدوپسیس، لاین جهش یافته نیز تفاوتی را در محیط کشت MS حاوی و یا بدون ترهالوز در شرایط نور نشان نداد. اما طول هیپوکوتیل در گیاهان جهش یافته *icl* کوتاه‌تر از گیاه وحشی بود. داده‌های حاضر نشان می‌دهد که تیمار ترهالوز استقرار دانه‌رست هر دو گیاه وحشی و جهش یافته *icl* را تغییر می‌دهد. اندازه‌گیری فعالیت آنزیم ایزوسیترات لیاز (ICL) نشان داد که الگوی تغییرات در تمام تیمارها شبیه به یکدیگر بوده است. همچنین تیمار ترهالوز فعالیت آنزیم و بیان ژن *ICL* را کاهش می‌دهد. در گیاهچه‌های تیمار شده با ترهالوز انباشتگی بالای چربی‌های کل در تاریکی مشاهده شد. همچنین میزان اسیدهای چرب در دانه رست‌های رشد یافته در تاریکی در مقایسه با گیاهچه‌های رشد یافته در نور بالاتر بود. بنابراین ترهالوز ممکن است با سرکوب بیان ژن *ICL* و یا ممانعت از فعالیت آنزیمی آن از مصرف چربی‌ها جلوگیری کرده و تهیه منابع کربنی مورد نیاز برای رشد دانه‌رست را محدود کند. مشاهدات حاضر نشان می‌دهد که ترهالوز متابولیسم گیاه را در نور و نیز در تاریکی کنترل می‌کند.

واژگان کلیدی: تاریکی؛ گلوکونوژنز؛ رشد، جهش یافته *icl*؛ نور؛ ترهالوز

Please cite this paper as: Noroozipoor A, Aghdasi M, Sadeghipour HR. 2019. Identification and Functional Characterization of *Arabidopsis icl* Mutant Under Trehalose Feeding in Light and Dark Conditions. *J Genet Resour* 5(2): 104-117. DOI: 10.22080/jgr.2019.17362.1145

ارزیابی فیلوژنتیک برخی از گونه های زعفران ایران (*Crocus spp.*) به روش بارکد گذاری DNA

فاطمه عقیقی روان، مجید شکرپور، وحیده ناظری، محمدرضا نقوی

گروه باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج، ایران

چکیده

بارکد گذاری DNA روشی ساده برای شناسایی گونه ها با استفاده از یک توالی کوتاه ژنتیکی از یک بخش استاندارد ژنوم است. در این پژوهش سعی شد تا با بررسی تنوع کلروپلاستی و هسته ای و روابط فیلوژنتیک هشت گونه زعفران شامل چهار گونه بهارگل و پنج گونه پائیزگل با استفاده از ژنهای بارکد هسته ای و کلروپلاستی، مسیر تکاملی آن ها شناسایی و قرابت ژنتیکی آن ها مورد بررسی قرار گیرد. ابتدا PCR با آغازگرهای طراحی شده بر اساس بارکدهای کلروپلاستی *trnL matK* و *rbcL* و بارکد هسته ای ITS انجام شد. سپس محصولات PCR خالص سازی و تعیین توالی گردید. نتایج حاصل از درخت فیلوژنی نشان داد که گونه های مورد مطالعه بر اساس توالی های بارکد های ITS، *trnL* و *matK* از دیگر گونه ها تفکیک شدند. در بارکد *rbcL* روابط تعدادی از گونه ها بصورت حل نشده باقی ماند و این مکان ژنی به خوبی نتوانست تمایز بین گونه ها را ایجاد کند. ارکد ITS به دلیل قدرت تفکیک و تعداد SNP بالا و جامعیت در اکثر گونه ها، به عنوان بهترین بارکد معرفی شد. با وجود این، بارکدهای *matK* و *trnL* به عنوان بارکدهای مکمل شناسایی شدند. استفاده از چهار مکان ژنی موجب جدا شدن گونه های مورد مطالعه از یکدیگر شد. در مجموع فیلوگرام حاصل نشان داد که گونه *C. pallasii*-*subsp.-haussknechtii* بیشترین شباهت را به زعفران زراعی نشان داد.

واژگان کلیدی: زعفران؛ گونه های وحشی؛ PCR؛ آنالیز کلاستر؛ مارکر

Please cite this paper as: Aghighiravan F, Shokrpour M, Nazeri V, Naghavi MR. 2019. Phylogenetic Assessment of Some Species of *Crocus* Genus Using DNA Barcoding. *J Genet Resour* 5(2): 118-129. DOI: 10.22080/jgr.2019.2408

گالکتین ۱ و سوپراکسید دیسموتاز در فرایند ترمیم زخم با استفاده از لارو درمانی، درگیر هستند

شادی ریگی^۱، محمد علی سبک خیز^۲، تکتم حجار^۱، مجید مومنی مقدم^۱

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

^۲گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

چکیده

گالکتین ۱ و سوپراکسید دیسموتاز دو مولکول شناخته شده در روند بهبود زخم هستند که با مکانیسم های مختلف در محل زخم باعث بهبودی زخم می شوند. لارو درمانی یکی از روش های درمان زخم است که در آن از لارو مگس های *Lucilia sericata* استفاده می شود که امروزه به دلیل افزایش زخم های دیابتی مزمن و مقاومت آنتی بیوتیکی باکتری ها به لیست روش های درمانی بازگشته است. در این مطالعه، هدف ما بررسی تأثیر عصاره لارو بر سلولهای فیبروبلاست و بررسی اثر آن بر میزان تغییرات پروتئین گالکتین-۱ و سوپراکسید دیسموتاز سلولهای فیبروبلاست است. برای تعیین تغییرات پروتئین، سلولهای فیبروبلاست 3T3 با عصاره لارو تحت تیمار قرار گرفتند، سلولهای فیبروبلاست 3T3 کشت داده شدند و پس از تراکم مناسب به دو گروه تقسیم شدند. گروه اول به عنوان شاهد و گروه دوم با عصاره لارو با غلظت ۱۲/۵ میکروگرم بر میلی لیتر تحت تیمار قرار گرفتند. پس از ۲۴ ساعت، از روش الکتروفورز ژل دو بعدی برای سطح پروتئین و PCR کمی برای مطالعات بیان ژن استفاده شد. در آزمایش ژل 2D، سه لکه پروتئینی یعنی گالکتین-۱، سوپراکسید دیسموتاز و گلیسرآلدئید-۳-فسفات دهیدروژناز با موفقیت شناسایی شد. بیان این سه پروتئین در سلولهای تحت تیمار با عصاره لارو نسبت به سلولهای گروه کنترل به طور معنی داری افزایش یافت. همچنین، بیان کمی این ژنها با استفاده از روش PCR کمی تأیید شد. در نهایت، مشخص شد که تیمار سلولهای فیبروبلاست با عصاره لارو باعث افزایش بیان گالکتین-۱، سوپراکسید دیسموتاز و گلیسرآلدئید-۳-فسفات دهیدروژناز می شود که اثر مثبت آنها در بهبود زخم ها مشخص است.

واژگان کلیدی: گالکتین ۱؛ سوپراکسید دیسموتاز؛ ترمیم زخم؛ سلولهای فیبروبلاست؛ *Lucilia sericata*

Please cite this paper as: Riki S, Sabokkhiz MA, Hajar T, Momeni-Moghaddam M. 2019. Galectin 1 and Superoxide Dismutase are Involved in Wound Healing by Larval Therapy. *J Genet Resour* 5(2): 130-135. DOI: 10.22080/jgr.2019.2417

مطالعه کاربولوجی ۱۰ گونه شبدر در استان فارس

مهناز ریاست، سارا صادقیان

بخش تحقیقات منابع طبیعی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان فارس، سازمان تحقیقات، سازمان آموزش و ترویج کشاورزی، شیراز، ایران

چکیده

به منظور بررسی تنوع در گونه‌های مختلف جنس شبدر از لحاظ خصوصیات کاربوتایی ده گونه شبدر به نام‌های *T. tomentosum*، *T. hirtm*، *T. scabrum* و *T. lappaceum*، *T. stellatum*، *T. repens*، *T. grandiflorum*، *T. resupinatum*، *T. dasyurum*، *T. campestre* از مناطق مختلف استان فارس جمع‌آوری و مورد مطالعه سیتوژنتیکی قرار گرفت. پس از جوانه‌دار کردن بذرها به ترتیب مراحل پیش تیمار (آلفا بروموفتالین)، تثبیت (محلول کرومیوم تری اکسید و فرمالدئید به نسبت ۱:۱)، هیدرولیز (هیدروکسید سدیم ۱ نرمال) و رنگ آمیزی (هماتوکسیلین) انجام شد. برای بررسی تنوع سیتوژنتیکی از سیستم آنالیز تصویری استفاده شد. نتایج نشان داد تعداد کروموزوم‌های پایه در گونه‌های مورد بررسی بین $x=5$ ، $x=7$ و $x=8$ متغیر است. به جز گونه *T. repens* که تتراپلوئید بود، $(2n=4x=32)$ بقیه گونه‌ها دیپلوئید بودند. آزمون دانکن نشان داد که تفاوت معنی‌داری بین کلیه گونه‌های مورد بررسی وجود دارد.

واژگان کلیدی: ایران؛ شبدر؛ کاربولوجی؛ کروموزوم؛ *Papilionaceae*

Please cite this paper as: Riasat M, Sadeghian S. 2019. Karyology Study of Ten *Trifolium* Species in Fars Province. *J Genet Resour* 5(2): 136-142. DOI: 10.22080/jgr.2019.2419

جهش c.G1012A در ژن *TJP2* می تواند مسئول ناشنوایی مادرزادی با نفوذ ناقص در یک شجره نامه ایرانی باشد

صادق رجبی^۱، رومینا دستمالچی^۲، محمد حسن دهقان^۳، علی افتخاریان^۴، المیرا آقازاده^۵،

سید محمد حسین قادریان^{۶*}

^۱گروه بیوشیمی بالینی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

^۲گروه ژنتیک پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

^۳گروه بیوشیمی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی البرز، کرج، ایران

^۴گروه گوش و حلق و بینی، دانشگاه علوم پزشکی شهید بهشتی، تهران، ایران

چکیده

ناشنوایی ارثی یا HHL نیمی از ناشنوایی های مادرزادی را تشکیل می دهد که عموماً ناشی از جهش های ژنتیکی است. جهش در ژن *TJP2*، که پروتئین اتصال محکم ۲ را رمزگذاری می کند، یکی از تغییرات ژنی در HHL است که منجر به یک شکل غیر سندرومی اتوزوم غالب این بیماری می شود. یک پسر ۱۱ ساله مبتلا به ناشنوایی مادرزادی که بیماری او از نظر بالینی مورد تأیید قرار گرفته بود، جهت بررسی ژنتیکی بیماری به آزمایشگاه ما ارجاع داده شد. آنالیزهای ژنتیکی مولکولی، یک واریانت هتروزیگوت غیرمعمول $c.1012G > C, p.G338R$ در اگزون شماره ۵ ژن *TJP2* در کروموزوم ۹ موقعیت ۷۱۸۳۶۳۷۹ (GRch37) را نشان داد. آنالیز تفکیک برای والدین وی، نشانگر جهش مشابهی در مادر بیمار بود، اما مادرش هیچ گونه فنوتیپ ناشنوایی نداشت. این گزارش برای اولین بار شواهدی از نفوذ ناکامل جهش مذکور در ژن *TJP2* را نشان داد و این جهش را به عنوان یک جهش "احتمالاً بیماری زا" در یک شجره ایرانی معرفی می کند.

واژگان کلیدی: ناشنوایی ارثی؛ جهش بدمعنی؛ نفوذ ناکامل؛ *TJP2*

Please cite this paper as: Rajabi S, Dastmalchi R, Dehghan MH, Eftekharian A, Aghazadeh E, Ghaderian MH. 2019. *TJP2* Gene Mutation c.G1012A May Responsible for Congenital Hearing Loss with Incomplete Penetrance in An Iranian Pedigree. *J Genet Resour* 5(2): 143-148. DOI: 10.22080/jgr.2019.17556.1158

ارزیابی مولکولی آرایه شناسی جنس *Sylvia* در ایران (پرندگان، خانواده Sylviidae)

راضیه عبدیل زاده^۱، منصور علی آبادیان^{۱،۲}، اوربان اولسون^{۳،۴}

^۱ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

^۲ مرکز پژوهشی جانورشناسی کاربردی، دانشکده علوم، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

^۳ گروه زیست شناسی و علوم محیطی، دانشگاه گوتنبرگ، سوئد

^۴ مرکز تنوع زیستی جهانی گوتنبرگ، گوتنبرگ، سوئد

چکیده

بزرگترین جنس در خانواده سسک ها (Sylviidae)، جنس *Sylvia* می باشد که نمونه شاخص برای سسک ها می باشد. این جنس شامل ۲۸ گونه می باشد که پراکنش آن در دنیای قدیم می باشد. در این مطالعه، ریخت گونه های جنس *Sylvia* در ایران با دو نشانگر مولکولی سیتوکروم اکسیداز سی زیر واحد یک (cox1) و سیتوکروم بی (cytb) تعیین توالی شده و ضمن مقایسه با توالی های موجود در بانک ژن، شناسایی و رده بندی گردیدند. درخت های تبارشناختی بیزین برای هر دو نشانگر cox1 و cytb توپولوژی یکسانی را نشان دادند. نتایج مطالعات قبلی که همتافت گونه سسک نقابدار *Sylvia curruca* را به دو کلاد اصلی با پشتیبانی زیاد از هم جدا می کرد، تایید شد. همچنین نتایج آرایه شده دو کلاد اصلی سسک سرسیاه *S. atricapilla* و سسک باغی *S. borin* را با *Pseudoalcippe atriceps* و *Lioptilus nigricapillus* در یک کلاد اصلی و سایر گونه ها را در کلاد جداگانه نشان می دهد. مطالعه حاضر، گروه های جغرافیایی استنباط شده از مطالعات مولکولی قبلی: غرب-مدیترانه، مرکزی-مدیترانه، شرق-مدیترانه یا گونه های آفریقایی-اروپایی، گونه های آفریقایی-آسیایی و گونه های مدیترانه ای را تایید نمی کند. آرایه *S. cantillans* به سه کلاد مجزا تقسیم می شود که تایید کننده مطالعات قبلی می باشد. براساس این مطالعه مولکولی ریخت گونه های *S. nisoria* و *S. mystacea*، *S. crassirostris*، *S. althaea*، *S. borin*، *S. atricapilla*، *S. curruca*، *S. curruca halimodendri* در ایران شناسایی نمود. تمام ریخت گونه های سسک های ایران در سطح گونه شناسایی شدند و سطح آرایه شناختی آن ها تایید گردید.

واژگان کلیدی: *cox1*، *cytb*، فیلوژنی، پرندگان سبک بال

Please cite this paper as: Abdilzadeh R, Aliabadian A, Olsson U. 2019. A Molecular Assessment of the Taxonomy of Iranian *Sylvia* Warblers (Aves; Sylviidae). *J Genet Resour* 5(2): 149-162. DOI: 10.22080/jgr.2019.2434