



## فعالیت آنتی اکسیدانی عصاره‌های سرو و خمره‌ای (*Platycladus orientalis*) از شمال ایران

مریم مهاجرانی<sup>۱\*</sup>، علیرضا نقی نژاد<sup>۲</sup> و ملیحه آقاسی زاده شعرباغ<sup>۱</sup>

<sup>۱\*</sup>گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران

<sup>۲</sup>گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران

### چکیده

تحقیقات اخیر ارتباط تشکیل گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) و گونه‌های واکنش پذیر نیتروژن (RNS) با زوال اکسیداتیو مواد غذایی و نیز پاتوژن‌ز چندین بیماری در انسان مانند آترواسکلروز، دیابت، التهاب مزمن، اختلالات نوروزنیک و انواع خاصی از سرطان را اثبات کرده است. متابولیت‌های ثانویه گیاهی به طور عمده فنول‌ها و فلاونوئیدها در میوه‌ها، سبزیجات و گیاهان مختلف یافت می‌شوند. آنتی‌اکسیدان‌های مشتق از گیاهان می‌توانند به عنوان درمان دارویی برای بیماری‌های ذکر شده استفاده شوند. آنها نقش خود را به عنوان احیاکننده با اهدای هیدروژن به عنوان عامل کلاته‌کننده، به عنوان عامل خاموش‌کننده اکسیژن یک تایی و جاروب‌کننده رادیکال‌های آزاد بازی می‌کنند. در این مطالعه چهار عصاره از برگ گیاه سرو و خمره‌ای با خیساندن در آب، متانول، اتانول و اتیل استات تهیه شده و فعالیت آنتی‌اکسیدانی آن‌ها به روش DPPH، فعالیت جاروب‌کنندگی اب اکسیژنه و سنجش قدرت احیاکنندگی بررسی شد. مقدار فنول و فلاونوئیدهای تام آنها اندازه‌گیری شد و با توان آنتی‌اکسیدانی آنها مقایسه گردید. نتایج نشان داد که اثرات آنتی‌اکسیدانی عصاره‌ها به ترتیب افزایش می‌یابد: عصاره آبی > عصاره اتیل استاتی > عصاره اتانولی > عصاره متانولی. در بین این عصاره‌ها عصاره متانولی در هر دو تست جاروبگری رادیکال‌های DPPH با مقدار  $IC_{50}$ : 11.45  $\mu\text{g/ml}$  و آب اکسیژنه با مقدار  $IC_{50}$ : 49.9  $\mu\text{g/ml}$  فعال‌تر از سایر عصاره‌ها بود. عصاره اتانولی در میزان توان احیاکنندگی از سایر عصاره‌ها بهتر بود. نتایج این اندازه‌گیری‌ها نشان داد که همبستگی مثبت و معناداری بین خاصیت آنتی‌اکسیدانی عصاره برگ سرو و خمره‌ای و محتوای فنولی و فلاونوئیدی آن وجود دارد. بنابراین نتیجه‌گیری می‌شود که سرو و خمره‌ای به عنوان یک منبع آنتی‌اکسیدان طبیعی در مقابل اکسیداسیون سلولها می‌تواند کاربرد داشته باشد.

**واژگان کلیدی:** *Platycladus orientalis*؛ عصاره؛ آنتی‌اکسیدان؛ فنول تام؛ فلاونوئید

**Please cite this paper as:** Mohadjerani M, Naqinezhad A, Aghasizadeh Sharbaf M. 2016. *Platycladus orientalis* Extracts with Antioxidant Activity from North of Iran. *J Genet Resour* 2(2): 60-66. DOI: 10.22080/jgr.2017.7233.1031



## تنوع زیستی گونه های گیاهی در دشت جوخانه و شیب جنوبی کوه نیل در استان کهگیلویه و بویراحمد (زاگرس مرکزی ایران)

مریم پرویزی<sup>۱</sup>، مجیدشریفی تهرانی<sup>۱\*</sup> و عزیزاله جعفری<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه زیست شناسی، دانشگاه شهرکرد

<sup>۲</sup> گروه زیست شناسی، دانشگاه یاسوج

### چکیده

در این تحقیق، تنوع زیستی گونه های گیاهی در دشت جوخانه و شیب جنوبی کوه نیل به منظور تعیین فلور منطقه، تعیین اشکال زیستی و کوروتیپ گیاهان منطقه مورد بررسی قرار گرفت. منطقه مورد مطالعه در در استان کهگیلویه و بویراحمد واقع شده و مساحت آن ۲۲۴۷۵ هکتار و متوسط ارتفاع منطقه ۲۳۱۵ متر از سطح دریا می باشد و با وجود چند مطالعه صورت گرفته در مناطق همجوار در استان، اطلاعات کافی در مورد فلور این منطقه وجود ندارد. در این تحقیق، گیاهان بطور تصادفی در طول فصول رشد گیاهان جمع آوری شدند. پوشش گیاهی منطقه متشکل از ۱۵۷ گونه و ۱۲۴ جنس متعلق به ۴۲ خانواده می باشد. خانواده های کاسنی، نعنائیان و گندمیان مهم ترین خانواده های منطقه از نظر غنای گونه بودند. مهم ترین جنس ها از نظر غنای گونه شامل *Salvia*، *Astragalus*، *Bromus* و *Galium*، *Ranunculus*، *Scorzonera* می باشند. همی کریتوفیت ها و تروفیت ها اشکال زیستی غالب در این فلور می باشند. بومزادها ۶۱ درصد (۹۲ گونه) را در فلور این منطقه تشکیل می دهند، که ۲۳ گونه انحصاری منطقه ایرانی-تورانی هستند. لیست فلوربستییک این ناحیه به منظور انجام تحلیل فلوربستییک چند متغیره، با لیست ۲۷ ناحیه مجاور مقایسه و ترکیب گردید. تحلیل فلوربستییک چندمتغیره براساس داده های حضور و غیاب ۲۰۳۹ گونه در ۲۸ فلورمحللی همجوار صورت گرفت. نتایج نشان داد که مجموعه فلورهای مورد تحلیل در چهار خوشه مجزا قرار گرفته و توزیع جغرافیایی تنوع فلوربستییک را در امتداد شمال-جنوب، شرق-غرب و مرکز منطقه مورد مطالعه نشان می دهد. این تحقیق، اهمیت منطقه مورد مطالعه را با معرفی ۱۱ گونه که قبلا از ۲۷ منطقه همجوار جمع آوری نشده بود برجسته می سازد و همچنین اهمیت تحلیل چندمتغیره را در مطالعه فلوربستییک مقایسه ای نشان می دهد.

**واژه های کلیدی:** اندمیک؛ پراکنش جغرافیایی؛ زاگرس؛ فلور؛ غنای گونه ای

**Please cite this paper as:** Parvizi M, Sharifi-Tehrani M, Jafari A. 2016. Plant Species Diversity in Jokhaneh Plain and Southern Slope of the Nil Mt. in Kohgilouyeh va Boyerahmad Province (Central Zagros Region of Iran). *J Genet Resour* 2(2): 67-80. DOI: 10.22080/jgr.2017.12433.1062



## اثر ویتامین C، به عنوان یک آنتی اکسیدانت، بر تغییرات ناشی از استرس بی حرکتی در رفتار جنسی و تعداد اسپرم موش های سوری نر

تکتم حجار\*، هادی عرفانیان زاده و فاطمه سادات علوی

گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه حکیم سبزواری، ایران

### چکیده

رفتار جنسی در جنس نر در مقابل استرس ها آسیب پذیر است و تغییرات ایجاد شده در این رفتارها در اثر استرس می تواند با اسپرماتوژنز غیرعادی همراه باشد. در این مطالعه، ما اثر بی حرکتی را بر رفتار جنسی و این که آیا این تاثیرات با ایجاد تغییراتی در فرآیند اسپرماتوژنز همراه است یا خیر بررسی کردیم. همچنین اثر تیمار با آنتی اکسیدانت بر روی رفتار جنسی و تعداد اسپرم مورد ارزیابی قرار گرفت. تعداد ۲۱ موش سوری نر در سه گروه تقسیم بندی شدند: کنترل، استرس بی حرکتی (۳ ساعت در هر روز)، و استرس بی حرکتی (۳ ساعت در هر روز) همراه با دریافت ۵۰۰ میلی گرم ویتامین C به ازای هر کیلوگرم وزن بدن. رفتار جنسی و تعداد اسپرم بعد از ۶۰ روز القای استرس و تیمار با ویتامین C مورد بررسی قرار گرفت. در موش هایی که در معرض بی حرکتی قرار گرفته بودند و ویتامین C دریافت نکرده بودند، تاخیر در مانع، افزایش معنی دار و تعداد مانع کاهش معنی داری یافته بود. علاوه بر این، تعداد اسپرم در موش های تحت استرس قرار گرفته به طور معنی داری کاهش یافت اما موش های تیمار شده با ویتامین C در مقایسه با گروه کنترل، کاهش معنی دار در تعداد اسپرم نشان ندادند. این نتایج نشان می دهد که استرس، تاثیر زیادی بر رفتار جنسی و تعداد اسپرم دارد. از سوی دیگر، تیمار با ویتامین C، سبب می شود اختلالاتی که در پارامترهای رفتار جنسی و تعداد اسپرم از طریق استرس القا شده اند، به حالت اولیه بازگردد.

**واژه های کلیدی:** بی حرکتی؛ ویتامین C؛ رفتار جنسی؛ تعداد اسپرم

**Please cite this paper as:** Hajjar T, Erfanzade H, Alavi FS. 2016. Effect of Vitamin C, as an Antioxidant, on Immobilization-Induced Changes in Sexual Behavior and Sperm Count in Male Mice. *J Genet Resour* 2(2): 81-87. DOI: 10.22080/jgr.2017.12651.1063



## تأثیر مهار EZH2 بر تکثیر سلولی، کاسپاز3 و BAX در سلول های HCT116

فرینا غفوری سبزواری<sup>۱</sup>، مجید مومنی مقدم<sup>۲</sup>، فریس فراستی<sup>۳</sup> و ابوالفضل راد<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup>دانشکده علوم زیستی، واحد دامغان، دانشگاه آزاد اسلامی، دامغان، ایران

<sup>۲</sup>دانشکده علوم زیستی، دانشگاه حکیم سبزواری، سبزوار، ایران

<sup>۳</sup>دانشکده پزشکی، دانشگاه پزشکی کانزاس، امریکا

<sup>۴</sup>مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی سبزوار، سبزوار، ایران

### چکیده

اخیراً، تغییرات اپی ژنتیک به عنوان یک تنظیم کننده بیان ژن در سرطان های مختلف مورد توجه قرار گرفته اند. ژن EZH2 یکی از مهم ترین اجزا کمپلکس PRC2 است. بیان بالای EZH2 در بسیاری از سرطان ها شناخته شده است که نقش EZH2 را به عنوان یک انکوژن بیشتر مورد توجه قرار می دهد. بعضی مطالعات گزارش می دهند که EZH2 در جنبه های مختلف سرطان کولورکتال مشارکت دارد. هر چند ارزیابی دقیق نقش EZH2 در CRC نیازمند مطالعات گسترده تر است. در این مطالعه، ما سلول های HCT116 را با انتقال EZH2-shRNA درمان کردیم. در این جا ما مشاهده کردیم که، سطح بیان EZH2 در گروه سلولی درمان شده پایین تر است نسبت به گروه سلولی کنترل. هم چنین ما متوجه شدیم که مهار EZH2 بیان ژن کاسپاز3 را القا می کند در حالی تغییر معناداری در بیان ژن BAX مشاهده نشد. کاسپاز3 و BAX نقش مهمی را در آپوپتوز سلولی بازی می کنند. علاوه بر این ما فهمیدیم که، بیان پایین ژن EZH2 تکثیر سلولی را در سلول های CRC کاهش می دهد. در مجموع نتایج ما نشان می دهد که، کاهش بیان ژن EZH2 بیان کاسپاز3 را تغییر می دهد که می تواند القا کننده افزایش آپوپتوز در سلول های HCT116 باشد، که ما حدس می زنیم تأثیر مستقیم بر کاهش رشد سلولی دارد. در هر حال، حدس زده می شود که EZH2 می تواند به عنوان یک هدف برای درمان و پیش آگاهی در سرطان مفید واقع شود.

**کلمات کلیدی:** EZH2؛ BAX؛ shRNA؛ سرطان کولورکتال

**Please cite this paper as:** Ghafouri Sabzevari F, Momeni-Moghaddam M, Farassati F, Rad A. 2016. Effect of EZH2 Inhibition on Colorectal Cancer Cells: an *In Vitro* Study. *J Genet Resour* 2(2): 88-92. DOI: 10.22080/jgr.2017.12820.1064



## شناسایی اولین جانور آبی تراریخته در ایران با استفاده از روش مبتنی بر PCR و آنالیز پروتئین

شیرین جمشیدی<sup>\*</sup>، سیده آزاده جوادی تکلیمی، پیام پتکی و رامین صیقلانی

سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی (تات)، پژوهشکده بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، منطقه شمال کشور، رشت، ایران.

### چکیده

در سال‌های اخیر، شواهدی مبنی بر وجود نوعی خاص از ماهی گورخری وجود دارد که در رنگ ظاهر با ماهی گورخری وحشی متفاوت است. مستندات آنکه نشان دهد این ماهی چطور وارد سیستم پرورش ماهیان آکواریومی ایران شده است؛ وجود ندارد اما این شک وجود داشت که این ماهی گورخری قرمز به نوع خاصی از ماهی گورخری یا ماهی که دستکاری ژنتیکی شده است؛ تعلق داشته باشد. ابتدا یک سری آغازگر برای شناسایی ماهی گورخری طراحی شد. ژن 16S rDNA برای تکثیر ژن میتوکندریایی انتخاب و تکثیر شد. تکثیر ژن 16S rDNA، سه هاپلوتاایپ متفاوت از گورخرماهی را که در بانک ژنی برای این ماهی ثبت شده است را نشان داد. با استفاده از تحقیق روی مقالات علمی مربوط به ماهی تراریخته، اولین توجهات به سمت ماهی گورخری تراریخته درخشنده (گورخرماهی تراریخته رنگی) معطوف شد. بر این اساس مطالعه ای بر پایه PCR طراحی شد که بتواند ژنی که مسول رنگ باشد و گورخرماهی را شناسایی کند. توالی آغازگرها برای تکثیر ژن قرمز مربوط به ژنوم شقایق دریایی بود که بتواند قطعه ۶۸۰ بازی را در گورخرماهی قرمز و کرم، که والدین قرمز داشتند، را ایجاد کند. توالی قطعه تکثیر شده نشان داد که این توالی مربوط به شقایق دریایی می باشد و هیچکدام از توالی های قطعه قرمز و پلاسمید کنترل مثبت حاوی ژن قرمز از نظر بازی با هم تفاوتی نداشتند. همچنین، نمونه پروتئینی حاصل از ماهی گورخری قرمز و کرم استخراج شد و با استفاده از فیلتر کنترل رنگ قرمز بررسی شد. گستره تاریک و قرمز برای گستره پروتئینی برای گورخر ماهی کرم و قرمز به ترتیب بدست آمد. گستره تاریک نشان دهنده پروتئین ماهی کرم رنگ و گستره قرمز نمایانگر پروتئین ماهی قرمز بود. این پژوهش به راحتی نشان دهنده وجود گورخرماهی تراریخته در صنعت پرورش ماهیان آکواریومی ایران می باشد.

**واژه‌های کلیدی:** گورخرماهی؛ ژن 16S rDNA؛ ژن ds/Red؛ تغییرات ژنتیکی

**Please cite this paper as:** Jamshidi Sh, Javadi Taklimi SA, Potki P, Seighalani R. 2016. Identification of the First Transgenic Aquatic Animal in Iran by PCR-Based Method and Protein Analysis. *J Genet Resour* 2(2): 93-97. DOI: 10.22080/jgr.2017.12934.1066



## سنجش مستقیم میکرو RNA های ۱۶، ۱۴۵ و ۲۲۳ با روش جدید PCR رقابتی در سرم افراد بیمار مبتلا به سرطان پستان

الهام قاضی زاده<sup>۱</sup>، فرانک هادی<sup>۲\*</sup> و مریم زارع<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>گروه بیوتکنولوژی پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی مشهد، مشهد، ایران

<sup>۲\*</sup>گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه لرستان، خرم آباد، ایران

<sup>۳</sup>گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

### چکیده

نقش میکرو RNA ها به عنوان نشانگرهای زیستی به صورتی است که تغییرات سطح بیان آن ها با پیشرفت و توسعه سرطان مرتبط می باشد. میکرو RNA های موجود در گردش خون به عنوان نشانگرهای زیستی در سرطان سینه شناخته شده اند و تشخیص و ردیابی آن ها می تواند به عنوان یک روش پیشرفته و حساس در بررسی های بالینی به کار رود. در این مطالعه ما از یک روش موثر و کارا با استفاده از تلفیق یک الیگونوکلئوتید رونوشت برداری معکوس متصل به داکسی یوریدین با ساختار ثانویه و یک PCR رقابتی (تقلیدی) برای ارزیابی و تشخیص مستقیم میکرو RNA ها موجود در سرم استفاده نمودیم. در اینجا میکرو RNA های ۱۶، ۱۴۵ و ۲۲۳ جهش یافته به عنوان میکرو RNA های رقابتی طراحی شده اند و به منظور تشخیص و اندازه گیری کمی در RT-PCR به کار رفتند. از آنجایی که نرمال سازی میکرو RNA ها جهش یافته رقابتی نسبت به خودشان انجام شد، لذا، سازه رقابتی ما با ۸۰ باز از این میکرو RNA ها بهترین روش نرمال سازی برای نمونه های خونی می باشد. این بررسی برای سرم ۱۵ فرد بیمار در مراحل مختلف سرطان پستان و ۱۰ اهدا کننده سالم زن صورت گرفت. بر اساس نتایج ما، ترکیبی از میکرو RNA های ۱۴۵ و ۲۲۳ می تواند به عنوان یکی از بهترین نشانگرهای زیستی ( $p < 0.001$ ) برای تشخیص حساس و اختصاصی سرطان پستان با سطح زیرمنحنی را که ۹۶٪ به کار رود. استفاده از پلاسمید جهش یافته میکرو RNA های چند گانه، به عنوان یک کالیبراتور برای استفاده بالینی بدون نیاز به پروب مناسب می باشد. با استفاده از تجزیه و تحلیل رگرسیون لجستیک چند متغیره، بهترین ترکیب ( $p < 0.0001$ ) برای تشخیص سرطان پستان، ترکیبی از میکرو RNA های ۱۴۵ و ۲۲۳ می باشد.

**واژه های کلیدی:** نشانگرهای زیستی؛ میکرو RNA؛ PCR رقابتی؛ سرطان سینه

**Please cite this paper as:** Ghazizadeh M, Hadi F, Zare M. 2016. Direct Assay of miR-16, miR-145 and miR-223 by a Novel Method of Mimic PCR in Serum of Breast Cancer Patients. *J Genet Resour* 2(2): 98-108. DOI: 10.22080/jgr.2017.12953.1068



## بررسی تنوع ژنتیکی قطعه انتهایی توالی جدایه‌ی ایرانی ویروس موزائیک توتون

بنت الهدی قویدل<sup>۱</sup>، فرهاد شکوهی فر<sup>۲</sup>، محمدعلی ابراهیمی<sup>۱\*</sup> و حمید سبحانین<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup>گروه بیوتکنولوژی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

<sup>۲</sup>مرکز تحقیقات علوم گیاهی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

<sup>۳</sup>گروه زیست شناسی، دانشگاه پیام نور تهران، ایران

### چکیده

ویروس موزائیک توتون (TMV)، از جمله ویروس‌های گیاهی بیماری‌زا در جهان است که بیش از ۲۰۰ گونه گیاهی را آلوده می‌کند. پروتئین حرکتی ویروس (MP) در حرکت دیگر ویروس‌های گیاهی نقش حمایتی ایفاء می‌کند و پروتئین پوششی (CP) به شدت در گیاهان آلوده بیان می‌شود و همانندسازی و حرکت TMV را تحت تاثیر قرار می‌دهد. به منظور بررسی تنوع ژنتیکی در قطعه انتهایی توالی ویروس در جدایه ایران (TMV-ir)، RNA ژنومی ویروس از برگ آلوده توتون استخراج شد. با استفاده از آغازگر اختصاصی PSh60-R1 مرحله ساخت cDNA انجام شد. منطقه کدکننده حاوی ژن MP و CP با استفاده از آغازگرهای اختصاصی PSh63-F/R تکثیر و بصورت دو جهته توالی‌یابی شد. نتایج تعیین توالی با استفاده از نرم افزار Vector NTi مورد آنالیز قرار گرفت و توالی نوکلئوتیدی به دست آمده با استفاده از نرم‌افزار MEGA 5 و CLC Main Workbench با دیگر جدایه‌های گزارش شده از ایران مورد هم‌ردیفی چندگانه قرار گرفت. توالی نوکلئوتیدی پروتئین حرکتی با توالی مشابه جدایه TMV-U1 به عنوان جدایه رفرنس در NCBI مورد مقایسه قرار گرفت و نتایج وجود شش جهش را در آن نشان داد. همچنین مقایسه ترکیب نوکلئوتیدی توالی پروتئین پوششی TMV-ir و جدایه TMV-U1 وجود دو جهش را نشان داد. نتایج کلی توالی‌یابی نشان‌دهنده کمترین فاصله نوکلئوتیدی TMV-ir با جدایه TMV-U1 و بیشترین فاصله تکاملی آن با جدایه‌های ایران بود. بر پایه نتایج این تحقیق، ما جدایه‌ای جدید از TMV را که از دیگر جدایه‌های ایرانی ویروس موزائیک توتون متفاوت بود، را گزارش کردیم. این نتایج زمینه خوب و ارزشمندی را برای طراحی کیت‌های تشخیصی و برنامه‌های اصلاحی در گیاهان می‌تواند فراهم کند.

**واژه‌های کلیدی:** ویروس موزائیک توتون؛ پروتئین حرکتی؛ پروتئین پوششی؛ جهش

**Please cite this paper as:** Ghavidel B, Shokohifar F, Ebrahimi MA, Sobhanian H. 2016. Study on Genetic Diversity of Terminal Fragment Sequence of Isolated Persian Tobacco Mosaic Virus. *J Genet Resour* 2(2): 109-116. DOI: 10.22080/jgr.2017.12956.1067