

RNA غیر کد کننده‌ی بلند *ZEB1-AS1* سبب تومورزایی و متاستاز در سرطان کولورکتال می‌شود

هاجر رضانژاد بردجی، ملک حسین اسدی*، محمد مهدی یعقوبی

گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

چکیده

شواهد جدید نشان می‌دهد که بخش بزرگی از ژنوم که به نام RNAهای بلند غیر کد کننده (lncRNAs) شناخته می‌شوند، رونویسی شده اما تولید پروتئین نمی‌کنند. آن‌ها در تنظیم فرآیندها متنوع سلولی از جمله تکثیر و مرگ سلولی دخالت دارند. شواهد نشان می‌دهد این رونوشت‌ها در بیمارهای مختلف از جمله سرطان دارای نقش کلیدی هستند. در این مطالعه ما بیان و ویژگی‌های کلینیکی ژن *lncRNA ZEB1-AS1* را در سرطان کولورکتال مورد بررسی قرار دادیم. در این مطالعه ۶۴ نمونه شامل ۳۲ نمونه از بافت توموری کولورکتال و ۳۲ نمونه از بافت حاشیه ای سالم آن از انستیتو کانسر دانشگاه علوم پزشکی تهران تهیه گردید. از بافتهای مورد نظر RNA با استفاده از محلول ترايزول استخراج شد. سپس cDNA آن‌ها به کمک آنزیم رونویسی معکوس MMULV ساخته شد. بیان کمی *ZEB1-AS1* با استفاده از تکنیک qPCR اندازه گیری شد. میزان بیان *lncRNA ZEB1-AS1* در بافتهای توموری نسبت به بافتهای غیر توموری افزایش بیان داشت. علاوه بر این با افزایش درجه بدخیمی تومور، میزان بیان *lncRNA ZEB1-AS1* افزایش می‌یابد. همچنین بیان *lncRNA ZEB1-AS1* در نمونه های توموری متاستاز داده به غدد لنفاوی در مقایسه با نمونه هایی که متاستاز نداده بودند افزایش زیادی نشان داد. نتایج مطالعه‌ی ما نشان داد میزان بیان *lncRNA ZEB1-AS1* در نمونه های سرطان کولورکتال به طور قابل توجهی افزایش می‌یابد. افزایش بیان *lncRNA ZEB1-AS1* با افزایش مرحله تومور، درجه بدخیمی تومور و تهاجم به عروق همبستگی نشان داد. بنابراین، بیان *ZEB1-AS1* ممکن است به عنوان یک نشانگر تومور با معیار بالقوه تشخیصی، پیش آگهی و درمانی برای سرطان‌های کولورکتال مهاجم و متاستاتیک در نظر گرفته شود.

واژگان کلیدی: سرطان کولورکتال؛ *lncRNA ZEB1-AS1*؛ متاستاز؛ تومور مارکر

Please cite this paper as: Rezanejad Bardaji H, Asadi MH, Yaghoobi MM. 2018. Long Non-coding RNA *ZEB1-AS1* Promotes Tumorigenesis and Metastasis in Colorectal Cancer. *J Genet Resour* 4(1): 1-6. DOI: 10.22080/jgr.2018.13574.1089.

پلی مورفیسم ناحیه FecXG از اگزون ۲ ژن BMP15 در گوسفند حصاری

یدالله بهرامی^{۱*}، سجاد بهرامی^۲، الهام رضوان نژاد^۳ و سید عظیم موسوی زاده^۴

^۱ باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، شعبه خوراسگان، دانشگاه آزاد اسلامی خوراسگان، ایران

^۲ گروه فناوری نانو، دانشکده فن‌آوریهای پیشرفته پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی ایران، تهران، ایران

^۳ گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری

پیشرفته، کرمان، ایران

^۴ گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه فردوسی مشهد، مشهد، ایران

چکیده

ژن برولا یکی از ژن‌های مهم در افزایش میزان تخمک گذاری است و لذا می‌تواند یک ژن کاندیدا جذاب برای بررسی میزان تخمک گذاری در گوسفند باشد. فن آوری‌های مولکولی به طور گسترده‌ای برای کشف جهش در گونه‌های مختلف حیوانی استفاده شده است. این جهش اثرات عمده‌ای بر صفات مهم اقتصادی در گوسفند و بز دارد. این مطالعه به منظور شناسایی جهش در منطقه FecXG اگزون ۲ ژن BMP15، با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمرز و روش پلی مورفیسم طول قطعه در گوسفند حصاری انجام شد. برای این منظور، ۱۱۰ نمونه خون از گوسفند به دست آمد. DNA با استفاده از روش نمکی استخراج شد و خصوصیات کمی و کیفی DNA با استفاده از ژل الکتروفورز تعیین شد. به این ترتیب، یک قطعه ۱۴۱ جفت بازی که حاوی محل چند شکلی ژن BMP15 است، توسط پرایمرهای اختصاصی تکثیر شدند. آنزیم محدود کننده *HinfI* (G / ANTC) آلل نوع وحشی، را برش می‌دهد و به عنوان نتیجه هضم آن، قطعات ۱۱۲ و ۲۹ جفت بازی تولید می‌شود. آلل نوع جهش یافته به علت حذف محل برش مورد نظر، برش داده نمی‌شود. تمام نمونه‌ها مونومورف مشابه ژنوتیپ (+ / +) (ژنوتیپ وحشی) را نشان دادند. نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که پلی مورفیسم مورد بررسی در گوسفند حصاری وجود ندارد.

واژگان کلیدی: چند شکلی، ژن BMP15، گوسفند حصاری، دوقلو زایی، PCR-RFLP

Please cite this paper as: Bahrami Y, Bahrami S, Rezvannejad E, Mousavizadeh SM. 2018. The Polymorphism of FecX^G Region Exon 2 of BMP15 Gene in Hisari Sheep. *J Genet Resour* 4(1): 7-13. DOI: 10.22080/jgr.2018.13627.1094

بازنگری تاکسونومیکی گونه های *Consolida* (تیره آلاله) بر پایه داده های ریخت شناسی و مولکولی

منیژه پاکروان^{۱*}، آرزو دست پاک^۲، علی سنبلی^۳ و زهرا خلیج^۱

^۱ دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهراء، تهران، ایران

^۲ گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تهران مرکزی، تهران، ایران

^۳ مرکز پژوهش های گیاهان و مواد اولیه دارویی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران

چکیده

جهت مقایسه کارایی صفات ریخت شناسی و مولکولی در تشخیص گونه های *Consolida*، تجزیه و تحلیل های مولکولی با استفاده از توالی هسته ای nrDNA ITS و توالی کلروپلاستی *trnL-trnF* تحت آنالیزهای پیشینه صرفه جویی و بایسین در ۳۳ گونه و فرم شامل ۲۸ گونه از جنس *Consolida*، شش گونه از جنس *Aconitella* به همراه دو گونه از *Delphinium* و دو گونه *Aconitum* به عنوان برون گروه انجام گرفت. همچنین آنالیز فنتیکی برای ۲۰ صفت ریخت شناسی در ۱۷ گونه از *Consolida* در ایران انجام شد. آنالیز مولکولی براساس روش وزن دهی با شاخص سازگاری نشان داد که روش پیشینه صرفه جویی و آنالیز بایسین براساس داده های منفرد و ترکیبی نتایج مشابهی داشتند. در آنالیز ترکیبی درختانی با گام $L=558$ ؛ $CI=0.695$ ؛ $RI=0.827$ حاصل شدند. نتایج بررسی های ITS نشان داد که *Consolida* تک نیایی نمی باشد و گونه های *Aconitella* در بین گونه های جنس *Consolida* قرار می گیرند. نتایج کاهش *C. paradoxa* را به صورت فرمی از *C. rugulosa* و همچنین کاهش *C. kabulica* به سطح واریته ای از *C. stokciana* مورد تایید قرار داد. به منظور مطالعات فنتیکی، آزمون آنالیز واریانس یکطرفه (ANOVA)، تجزیه به عامل ها (PCA) و آنالیز خوشه ای مورد استفاده قرار گرفت. بیشتر صفات ریخت شناسی کمی که در بین جمعیت ها تفاوت نشان می دادند از آنالیز حذف شدند. در روش تجزیه به عامل ها و آنالیز خوشه ای که برای صفات ریختی در گونه های *Consolida* مورد استفاده قرار گرفتند *C. barbata* از سایر گونه ها مجزا شد. گونه های *Aconitella* در خوشه ای مجزا قرار گرفتند و موقعیت سایر گونه ها مشابه درختان حاصل از نتایج آنالیز مولکولی بود.

واژگان کلیدی: زبان در قفا؛ مورفومتری؛ nrDNA ITS؛ *trnL-F*؛ ایران

Please cite this paper as: Pakravan M, Dastpak A, Sonboli A, Khalaj Z. 2018. A Taxonomic Reassessment of *Consolida* (Ranunculaceae) Species: Insight from Morphological and Molecular Data. *J Genet Resour* 4(1): 14-25. DOI: 10.22080/jgr.2018.13872.1098

بررسی اثر عصاره گیاه آویشن بر روی بیان ژن کدکننده پمپ افلاکس *norA* در سویه‌های بالینی استافیلوکوکوس اورئوس

علی صالح زاده^{۱*}، مهسا سادات هاشمی دولابی^۱، بیتا سهراب‌نیا^۱ و امیر جلالی^۲

^۱گروه زیست‌شناسی، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران

^۲باشگاه پژوهشگران جوان و نخبگان، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران

چکیده

پمپ افلاکس *NorA* به عنوان یکی از عوامل ایجاد مقاومت در برابر آنتی‌بیوتیک سیپروفلوکساسین در باکتری استافیلوکوکوس اورئوس در نظر گرفته شد. یکی از چالش‌های مهم محققین پیدا کردن ترکیبات گیاهی طبیعی با قابلیت مهار این پمپ دفعی در باکتری‌ها است. هدف از این مطالعه بررسی اثر مهارى عصاره آویشن روی پمپ افلاکس *NorA* در سویه‌های مقاوم به سیپروفلوکساسین باکتری استافیلوکوکوس اورئوس بود. در این تحقیق، با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز، وجود ژن کدکننده پمپ افلاکس *NorA* در ۱۰ سویه استاندارد و عفونت‌زای باکتری استافیلوکوکوس اورئوس که به آنتی‌بیوتیک سیپروفلوکساسین مقاوم بودند، بررسی شد. با استفاده از حلال اتانل، عصاره گیاه آویشن استخراج و اثر مهارى آن بر روی پمپ افلاکس *NorA* به روش اتیدیوم بروماید ارزیابی گردید. در ادامه، پس از قرار دادن سویه‌های مورد مطالعه در معرض حداقل غلظت بازدارنده عصاره آویشن، بیان نسبی ژن *norA*، با روش Real-time PCR مورد مطالعه قرار گرفت. در پایان، از روش کروماتوگرافی گازی طیف‌سنجی جرمی (GC-mass) استفاده شد و ترکیبات دارای فعالیت ضد باکتریایی در عصاره آویشن تعیین گردید. نتایج واکنش زنجیره‌ای پلی‌مرز نشان داد که همه سویه‌های مورد مطالعه دارای ژن کدکننده پمپ افلاکس *NorA* هستند. نتیجه روش اتیدیوم بروماید نشان داد که عصاره آویشن دارای اثر مهارى روی پمپ افلاکس *norA* است. میزان بیان ژن *norA* در سویه‌های مقاوم به سیپروفلوکساسین، در معرض حداقل غلظت‌های بازدارنده عصاره آویشن، کاهش پیدا می‌کند. با استفاده از روش کروماتوگرافی گازی طیف‌سنجی جرمی، وجود پنج ترکیب شیمیایی تیمول، کارواکرول، ایندول، ۲-متوکسی-۴-متیل فنول، و کوئینیک اسید به عنوان عوامل ضد باکتریایی در عصاره آویشن شناسایی شدند. با توجه به اثر عصاره آویشن در جلوگیری از عملکرد پمپ افلاکس *NorA*، به نظر می‌رسد که عصاره این گیاه بومی ایران می‌تواند به عنوان یک ترکیب ضد باکتریایی مناسب در صنعت داروسازی کشور مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: سیپروفلوکساسین؛ پمپ افلاکس؛ کروماتوگرافی گازی طیف‌سنجی جرمی؛ استافیلوکوکوس اورئوس

Please cite this paper as: Salehzadeh A, Hashemi Doulabi MS, Sohrabnia B, Jalali A. 2018. The Effect of Thyme (*Thymus vulgaris*) Extract on the Expression of *norA* Efflux Pump Gene in Clinical Strains of *Staphylococcus aureus*. *J Genet Resour* 4(1): 26-36. DOI: 10.22080/jgr.2018.13900.1099

شناسایی جهش (-T) FSC 36-37 ژن HBB در حاملین تالاسمی مینور با استفاده از تجزیه و تحلیل ذوب با وضوح بالا

زهرا سادات اسدی^۱، فاطمه آخوندی^۱، منصور صالحی^۲، پروانه نیک پور^۳ و مجتبی عمادی بایگی^۴*

^۱ گروه ژنتیک، دانشکده علوم پایه، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

^۲ گروه ژنتیک و بیولوژی مولکولی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان ایران

^۳ مرکز تحقیقات بیماری های ارثی کودکان، پژوهشکده پیشگیری اولیه از بیماری های غیر واگیر، دانشگاه علوم پزشکی اصفهان، اصفهان، ایران

^۴ پژوهشکده بیوتکنولوژی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

^۴ پژوهشکده بیوتکنولوژی، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

چکیده

بتا تالاسمی یکی از شایع ترین اختلالات اتوزوم مغلوب در جمعیت جهان است که از بیش از ۲۰۰ جهش مختلف در ژن HBB حاصل شد. بتا تالاسمی ها به علت جهش های نقطه ای یا، به ندرت، حذف در ژن HBB ایجاد می شوند و منجر به کاهش (beta+) یا عدم سنتز (beta0) زنجیره های بتای هموگلوبین (Hb) می شود. ذوب با وضوح بالای محصولات واکنش زنجیره ای پلیمرز می تواند جهش های هتروزیگوت و بیشتر هوموزیگوت ها را بدون جداسازهای الکتروفورزی یا کروماتوگرافی تشخیص دهد.

در مطالعه حاضر، نمونه های خون جمع آوری شده از ۲۰ فرد مبتلا به تالاسمی مینور، با استفاده از تکنیک HRM، تعیین ژنوتیپ شدند. ژنوتیپ هر نمونه قبلاً توسط روش های PCR-RFLP، سیستم جهش مقاوم به تکثیر (ARMS) یا روش تعیین توالی مشخص شده بودند. این مطالعه با هدف تعیین ویژگی و حساسیت روش HRM در تشخیص حاملین جهش (-T) FSC 36-37 از حامل هایی که این جهش را ندارند، انجام شد. استخراج DNA از خون محیطی انجام گرفت و روش HRM برای تعیین ژنوتیپ مورد استفاده قرار گرفت. نتایج به دست آمده با استفاده از نمودارهای نرمالیزه و تمایز تجزیه و تحلیل شدند. تجزیه و تحلیل ذوب با وضوح بالا می تواند به درستی همه حامل های (-T) FSC 36-37 را از کسانی که این جهش را نداشتند، شناسایی کند. بنابراین، می توان تکنیک HRM را به عنوان یک تکنیک مرتبط با حساسیت و ویژگی بالا برای شناسایی جهش (-T) FSC 36-37 استفاده نمود.

واژگان کلیدی: بتا تالاسمی مینور؛ نمودار تمایز؛ تعیین ژنوتیپ؛ هموگلوبین؛ High Resolution Melting؛ نمودار طبیعی سازی

Please cite this paper as: Asadi ZS, Akhouni F, Salehi M, Nikpour P, Emadi-Baygi M. 2018. HBB FSC 36-37 (-T) Gene Mutation Detection in Carriers of Thalassaemia Minor Using High Resolution Melting Analysis. *J Genet Resour* 4(1): 37-43. DOI: 10.22080/jgr.2018.13995.1100

سمیت کادمیوم در گیاه آفتابگردان می تواند بوسیله قارچ همزیست درون ریشه (*Piriformospora indica*) تعدیل شود

صالح شهابی وند^۱، آذر پروانه^۱، علی اصغر علیلو^۲

^۱ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

^۲ گروه زراعت، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

چکیده

کادمیوم بعنوان یک آلاینده رایج، بدلیل جذب راحت و تحرک بالا، در زنجیره غذایی به آسانی تجمع می یابد. قارچ های اندوفیت، میکروارگانسیم های همه جازی هستند که به طور وسیعی همراه با گیاهان در محیط آلوده به فلز سنگین یافت می شوند. آزمایش گلدانی حاضر برای ارزیابی اثر قارچ اندوفیت ریشه *Piriformospora indica* بر زیست توده و پاسخ های بیوشیمیایی گیاه آفتابگردان رقم زاریا تحت غلظت های بالای کادمیوم در خاک (صفر، ۴۰، ۸۰ و ۱۲۰ میلی گرم کادمیوم بر کیلوگرم وزن خشک خاک) در قالب طرح بلوک های تصادفی در پنج تکرار انجام گرفت. با افزایش میزان کادمیوم در خاک، میزان کلونیزه شدن ریشه، شاخص های رشد و مقادیر کلروفیل و کارتنوئیدها به طور معنی داری کاهش یافتند ولی میزان کادمیوم ریشه و برگ، مقدار مالون دی آلدهاید و فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدان کاتالاز، گاپاکول پراکسیداز، آسکوربات پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز افزایش یافت. تحت سمیت سطوح مختلف کادمیوم در خاک، حضور قارچ اندوفیت باعث افزایش معنی دار بر میزان رشد، محتوای رنگیزه های فتوستتزی، تجمع کادمیوم ریشه و فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدان در مقایسه با گیاهان فاقد تیمار قارچی شد. همچنین گیاهان تیمار شده با قارچ، یک کاهش در غلظت مالون دی آلدهاید و میزان کادمیوم برگ را در مقایسه با گیاهان فاقد تیمار قارچی، نشان دادند. نتایج نشان داد که قارچ *P. indica* به عنوان یک همزیست قارچی مناسب، می تواند باعث افزایش تحمل گیاه آفتابگردان به سمیت کادمیوم از طریق افزایش میزان رنگیزه های فتوستتزی و کاهش مقدار تجمع کادمیوم و مالون دی آلدهاید برگ شود. بنابراین، این قارچ می تواند باعث تعدیل سمیت کادمیوم، تحت غلظت های بالای کادمیوم در خاک، در گیاه آفتابگردان شود و بعنوان یک راهبرد مکمل رشد محصول در مزارع آلوده به کادمیوم در مطالعات آینده، مد نظر قرار گیرد.

واژگان کلیدی: سنجش آنزیم آنتی اکسیدان؛ آلودگی کادمیوم؛ قارچ *Piriformospora indica*؛ کاهش تنش؛ آفتابگردان

Please cite this paper as: Shahabivand S, Parvaneh A, Aliloo AA. 2018. The Cadmium Toxicity in *Helianthus annuus* can be Modulated by Endosymbiotic Fungus (*Piriformospora indica*). *J Genet Resour* 4(1): 44-55. DOI: 10.22080/jgr.2018.14168.1102

آنالیز فیلوژنتیکی سه RNA غیر کد کننده بلند: AK082072، AK043754 و AK082467

فرزانه امیرماهانی^{۱*} و کیارش جمشیدی گوهر ریزی^۲

^{۱*} گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

^۲ گروه اصلاح نباتات، واحد یزد، دانشگاه آزاد اسلامی، یزد، ایران

چکیده

امروزه مشخص شد که پروتئین تنها یکی از محصولات کارآمد تولید شده توسط ژنوم یوکاریوتی است. در واقع، بخش عمده ای از ژنوم انسان بیشتر به توالی های غیر کد کننده پروتئین رونویسی می شود. در این مطالعه، سه RNA غیر کد کننده بلند AK082072، AK043754 و AK082467 انتخاب شد که بیان مختص به بافت مغز و مناطق محافظت شده را در بین مهره داران نشان می دهند. بنابراین توالی این ژن ها برای تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک مناسب می باشد. به منظور بررسی روند تکاملی و مولکولی این RNA ها در مهره داران، تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک و فرایند انتخاب طبیعی در طی تکامل بررسی شد. به این منظور، توالی نوکلئوتیدی انتخابی RNA های غیر کد کننده بلند از مهره داران مختلف هم ردیف شده و درخت فیلوژنتیکی با استفاده از روش اتصال همسایگی با حداکثر تفاوت توالی ۰/۷۵ رسم شد. تجزیه و تحلیل توالی نوکلئوتیدی برای پیدا کردن ارگانسیم های تکامل یافته با شباهت بالا توسط ابزارهای NCBI-BLAST و MEGA7 نشان داد که توالی انتخابی AK082072 در انسان و *M. fascicularis* (میمون) در یک خوشه قرار داشته و ممکن است دارای یک جد مشترک باشند. علاوه بر این، توالی های نوکلئوتیدی AK082467 و AK043754 در انسان دارای نزدیکترین شباهت به گاو بود. همچنین، تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیک نشان داد که نسبت dN/dS برای هر سه ژن کمتر از یک است که نشان دهنده انتخاب خالص برای طولانی ترین ORF پیش بینی شد. لذا این نتایج نشان می دهند که RNA های غیر کد کننده بلند به عنوان ژن های تنظیمی عمل کرده و نقش مهمی در تکامل دارند.

واژگان کلیدی: انتخاب طبیعی؛ RNA غیر کد کننده بلند؛ درخت فیلوژنتیکی؛ جد مشترک؛ تکامل

Please cite this paper as: Amirmahani F, Jamshidi Goharrizi K. 2018. Phylogenetic Analysis of Three Long Non-coding RNA Genes: AK082072, AK043754 and AK082467. *J Genet Resour* 4(1): 56-64. DOI: 10.22080/jgr.2018.14168.1103