University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour2018;4(1):1-6
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi: 10.22080/jgr.2018.13574.1089

Iranian Biology Society

RNAی غیر کد کننده‌ی بلند *ZEB1-AS1* سبب تومورزایی و متاستاز در سرطان کولورکتال می شود

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 می دهد که بخش بزرگی از ژنوم که به نام RNAهای بلند غیرکدکننده (lncRNAs) شناخته می‌شوند، رونویسی شده اما تولید پروتیئن نمی‌کنند. آن‌ها در تنظیم فرآیندها متنوع سلولی از جمله تکثیر و مرگ سلولی دخالت دارند. شواهد نشان می دهد 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 موردنظر RNA با استفاده از محلول ترایزول استخراج شد. سپس cDNA آن‌ها به کمک آنزیم رونویسی معکوس MMULV ساخته شد. بیان کمّی *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 براین 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.

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour2018;4 (1): 7-13
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi: 10.22080/jgr.2018.13627.1094

Iranian Biology Society

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 پلیمراز 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 کیفیDNA 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 *Hinf*I (G / ANTC) آلل نوع وحشی، را برش می دهد 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 نمی شود. تمام نمونه ها مونومورف مشابه ژنوتیپ (+ / +) (ژنوتیپ وحشی) را نشان دادند. نتایج این مطالعه نشان می دهد که پلی مورفیسم مورد بررسی در گوسفند حصاری وجود ندارد.

واژگان کلیدی: چند شکلی، ژن *BMP15*، گوسفند حصاری، دوقلوزایی، 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

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour2018;4 (1):14-25
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi: 10.22080/jgr.2018.13397.1080

Iranian Biology Society

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

منیژه پاکروان*[1]، آرزو دست‌پاک[2]، علی سنبلی[3] و زهرا خلج[1]

[1] دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهراء، تهران، ایران

[2] گروه زیست شناسی، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد تهران مرکزی، تهران، ایران

[3] مرکز پژوهش های گیاهان و مواد اولیه دارویی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران

چکیده

جهت مقایسه کارایی صفات ریخت شناسی و مولکولی در تشخیص گونه‌های *Consolida*، تجزیه و تحلیل‌های مولکولی با استفاده از توالی هسته‌ای nrDNA ITS و توالی کلروپلاستی *trnL-trnF* تحت آنالیزهای بیشینه صرفه جویی و بایسین در ۳۳گونه 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 ریخت‌شناسی در ۱۷ گونه از *Consolida* در ایران انجام شد. آنالیز مولکولی براساس روش وزن دهی با شاخص سازگاری نشان داد که روش بیشینه صرفه جویی و آنالیز بایسین براساس داده های منفرد و ترکیبی نتایج مشابهی داشتند. در آنالیز ترکیبی درختانی با گام ۵۵۸ =L؛ ۰/۶۹۵ =CI؛ ۰/۸۲۷= RI حاصل شدند. نتایج بررسی‌های ITS نشان داد که *Consolida* تک‌نیایی نمی‌باشد و گونه‌های *Aconitella* در بین گونه های جنس *Consolida* قرار می‌گیرند. 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. گونه‌های *Aconitella* در خوشه‌ای مجزا قرار گرفتند و موقعیت سایر گونه‌ها مشابه درختان حاصل از نتایج آنالیز مولکولی بود.

واژگان کلیدی: زبان در قفا؛ مورفومتری؛ nrDNA ITS؛ *trn*L-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

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour 2018;4(1):26-36
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi:10.22080/jgr.2018.13594.1090

Iranian Biology Society

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

علی صالح زاده[1*]، مهسا سادات هاشمی دولابی[1]، بیتا سهراب‌نیا[1] و امیر جلالی[2]

[1]گروه زیست شناسی، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران

[2]باشگاه 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 مهاری عصاره آویشن روی پمپ افلاکس NorA در سویه‌های مقاوم به سیپروفلوکساسین باکتری استافیلوکوکوس اورئوس بود. در این تحقیق، با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمراز، 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 مهاری 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 طیف سنجی جرمی (GC-mass) استفاده شد و ترکیبات دارای فعالیت ضد باکتریایی در عصاره آویشن تعیین گردید. نتایج واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز نشان داد که همه سویه‌های مورد مطالعه دارای ژن کد کننده پمپ افلاکس NorA هستند. نتیجه روش اتیدیوم بروماید نشان داد که عصاره آویشن دارای اثر مهاری 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 طیف سنجی 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 طیف سنجی 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

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour 2018; 4(1):37-43
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi: 10.22080/jgr.2018.13995.1100

Iranian Biology Society

شناسایی جهش FSC 36-37 (-T) 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 [۲،۳] و مجتبی عمادی بایگی [۱،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

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) زنجیره‌های بتای هموگلوبین (Hb) می شود. ذوب با وضوح بالای محصولات واکنش زنجیره ای پلیمراز می تواند جهش های هتروزیگوت و بیشتر هوموزیگوت‌ها 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 قبلا 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 FSC 36-37 (-T) از حامل‌هایی 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 می‌تواند به درستی همه حامل های FSC 36-37 (-T) را از کسانی که این جهش را نداشتند، شناسایی کند. بنابراین، می‌توان تکنیک HRM را به عنوان یک تکنیک مرتبط با حساسیت و ویژگی بالا برای شناسایی جهش FSC 36-37 (-T) 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, Akhoundi F, Salehi M, Nikpour P, Emadi-Baygi M. 2018. HBB FSC 36-37 (-T) Gene Mutation Detection in Carriers of Thalassemia Minor Using High Resolution Melting Analysis. *J Genet Resour* 4(1): 37-43. DOI: 10.22080/jgr.2018.13995.1100

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour 2018; 4(1):44-55
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi:10.22080/jgr.2018.13611.1091

Iranian Biology Society

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

صالح شهابی‌وند*[1]، آذر پروانه[1]، علی اصغر علیلو[2]

[1] گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

[2] 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 می‌یابد. قارچ‌های اندوفیت، میکروارگانیسم‌های همه جازی هستند که به‌طور وسیعی همراه با گیاهان در محیط آلوده به فلز سنگین یافت می‌شوند. آزمایش گلدانی حاضر برای ارزیابی اثر قارچ اندوفیت ریشه *Piriformospora indica* بر زیست‌توده و پاسخ‌های بیوشیمیایی گیاه آفتابگردان رقم زاریا تحت غلظت‌های بالای کادمیوم در خاک (صفر، ۴۰، ۸۰ و ۱۲۰ میلی‌گرم کادمیوم بر کیلوگرم وزن خشک خاک) در قالب طرح بلوک‌های تصادفی در پنج تکرار انجام گرفت. با افزایش میزان کادمیوم در خاک، میزان کلونیزه شدن ریشه، شاخص‌های رشد و مقادیر کلروفیل و کارتنوئیدها به طور معنی‌داری کاهش یافتند ولی میزان کادمیوم ریشه و برگ، مقدار مالون دی‌آلدهاید و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدان کاتالاز، گایاکول پراکسیداز، آسکوربات پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز افزایش یافت. تحت سمیت سطوح مختلف کادمیوم در خاک، حضور قارچ اندوفیت باعث افزایش معنی‌دار بر میزان رشد، محتوای رنگیزه‌های فتوسنتزی، تجمع کادمیوم ریشه و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدان در مقایسه با گیاهان فاقد تیمار قارچی شد. همچنین گیاهان تیمار شده با قارچ، یک کاهش در غلظت مالون دی‌آلدهاید و میزان کادمیوم برگ را در مقایسه با گیاهان فاقد تیمار قارچی، نشان دادند. نتایج نشان داد که قارچ *P. indica* به‌عنوان یک همزیست قارچی مناسب، می‌تواند باعث افزایش تحمل گیاه آفتابگردان به سمیت کادمیوم از طریق افزایش میزان رنگیزه‌های فتوسنتزی و کاهش مقدار تجمع کادمیوم و مالون دی‌آلدهاید برگ شود. بنابراین، این قارچ می‌تواند باعث تعدیل سمیت کادمیوم، تحت غلظت‌های 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 آنتی‌اکسیدان؛ 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

University of Mazandaran

Journal of Genetic Resources
J Genet Resour 2018; 4(1):56-64
http://sc.journals.umz.ac.ir
doi: 10.22080/jgr.2018.14224.1103

Iranian Biology Society

آنالیز فیلوژنتیکی سه RNA غیرکدکننده بلند: *AK082072*، *AK043754* و *AK082467*

فرزانه امیرماهانی[1*] و کیارش جمشیدی گوهر ریزی[2]

[1*] گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اصفهان، اصفهان، ایران

[2] 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 کدکننده پروتئین رونویسی می شود. در این مطالعه، سه RNA غیرکدکننده بلند *AK082072*، *AK043754* و*AK082467* انتخاب شد که بیان مختص به بافت مغز و مناطق محافظت شده را در بین مهره داران نشان می‌دهند. 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 ارگانیسم 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 می‌دهند که RNAهای غیرکد کننده بلند به عنوان ژن های تنظیمی عمل کرده و نقش مهمی در تکامل دارند.

واژگان کلیدی: انتخاب طبیعی؛ RNA غیرکد 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.2018.14168.1102