

گزینش رده‌های عملکردی کوتاه قد از جمعیت F₃ ذرت سفید (*Zea mays* L.)

بوردون نسا شومپا^۱، کانیز فاطیما^۲، محمد جونی^۱، سلما سرکار^۳، مد جعفرالله^۲، ابوالکاشم جوده‌وری^۴ و جمیل الرحمن^{۱*}

^۱گروه ژنتیک و اصلاح نباتات، دانشگاه کشاورزی شاره بنگلا، بنگلادش

^۲گروه زراعت، دانشگاه کشاورزی شاره بنگلا، بنگلادش

^۳گروه آسیب شناسی گیاهی، دانشگاه کشاورزی شاره بنگلا، بنگلادش

^۴گروه ژنتیک و اصلاح نباتات، دانشگاه علوم و فناوری پاتوکالی، بنگلادش

چکیده

رقم ذرت کوتاه وعده نوید مقاومت در برابر شرایط نامساعد رشد در فصل پاییز را می‌دهد. اما برای ایجاد چنین تنوعی، باید رده‌های نژادی کوتاه وجود داشته باشد. در اینجا، بیست و چهار جمعیت F₃ ذرت سفید از طریق ارزیابی تنوع ژنتیکی، وراثت پذیری و ارتباط ویژگی برای انتخاب رده‌های مرتبط با کوتاهی قد بر اساس عملکرد و پارامترهای رشد مورد ارزیابی قرار گرفتند. از هیبریدهای F₁ جمعیت‌هایی ایجاد شد و به دنبال آن ارزیابی شجره نامه انجام شد. تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی نشان داد که تغییرات قابل توجهی در میان جمعیت‌ها وجود دارد و صفات رشد، ارتفاع گیاه، ارتفاع ذرت، تعداد دانه در ردیف^{-۱} و عملکرد بوته^{-۱} بالاترین وراثت پذیری و پیشرفت ژنتیکی را نشان می‌دهد. آنالیزهای همبستگی نشان داد که عملکرد گیاه^{-۱} با ارتفاع گیاه، طول لپه، قطر لپه و ردیف‌های دانه^{-۱} رابطه مثبت و معنی داری داشت. تجزیه و تحلیل ضریب مسیر نشان داد که ارتفاع ذرت و پتانسیل عملکرد، رده‌های G14 و G4 می‌توانند برای انتخاب در نظر گرفته شوند. در نهایت، بر اساس معیارها، از جمله ارتفاع بوته، بلوغ، قطر پایه، ارتفاع ذرت و پتانسیل عملکرد، رده‌های G10، G11، G12، G1، G3 و G16 می‌توانند به عنوان رده‌های کوتاه امیدوار کننده برای توسعه نژادهای بومی انتخاب شوند.

واژگان کلیدی: وراثت پذیری؛ پیشرفت ژنتیکی؛ ارتباط؛ ضریب مسیر؛ ذرت سفید

Please cite this paper as: Shompa BN, Fatima K, Jony M, Sarker S, Ullah MJ, Chowdhury AK, Rahman J. 2020. Selection of dwarf stature yield potential lines from F₃ populations of white maize (*Zea mays* L.). *J Genet Resour* 6(2): 95-105. doi: 10.22080/jgr.2020.18610.1181

انتخاب روی با کارآمدی بالا و ارزیابی تحمل تنش روی در ژنوتیپ‌های گندم دوروم

مجید عبدلی* و عزت‌اله اسفندیاری

گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه مراغه، مراغه، ایران

چکیده

مقاومت به تنش روی با استفاده از منابع ژنتیکی جدید یک استراتژی مهم برای اصلاح نباتات است. در این مطالعه، سی و پنج ژنوتیپ گندم دوروم با عادات رشد متفاوت در شرایط نرمال (بدون تنش) و تنش کمبود روی طی فصل رشد ۹۴-۱۳۹۳ مورد بررسی قرار گرفتند. در مجموع ده شاخص مقاومت به تنش روی از جمله شاخص تحمل تنش (STI)، شاخص کمبود روی نسبی (RDI)، شاخص عملکرد (YI)، شاخص پایداری عملکرد (YSI)، شاخص مقاومت به کمبود روی (DI)، شاخص تحمل غیرزنده (ATI)، شاخص درصد حساسیت به تنش (SSPI)، شاخص حساسیت به کمبود روی (SDI) و شاخص تحمل تنش اصلاح شده (MSTI؛ K_1STI و K_2STI) برآورد شد. نتایج نشان داد که تأثیر تنش روی بر عملکرد دانه معنی‌دار بود و همچنین تفاوت معنی‌داری بین ژنوتیپ‌ها برای عملکرد دانه و شاخص‌ها وجود دارد. ژنوتیپ G33 بیشترین عملکرد را در شرایط نرمال با ۰/۸۵۴ گرم بر بوته داشت در حالی که ژنوتیپ G32 بیشترین عملکرد را با ۰/۶۸۶ گرم بوته در شرایط تنش روی بدست آورد. ژنوتیپ‌های G6، G13، G23 و G32 نوسانات عملکرد دانه کمتری داشتند و ژنوتیپ‌های G1، G21 و G29 در دو شرایط دارای نوسانات عملکرد دانه بیشتری بودند. تجزیه و تحلیل خوشه‌ای نشان داد که ژنوتیپ‌ها بر اساس شاخص‌ها به چهار گروه ژنوتیپ‌های مقاوم، نیمه مقاوم، نیمه حساس و حساس تقسیم شدند که به ترتیب در برگزیده ۱۰، ۱۷، ۷ و ۱ ژنوتیپ گندم بودند. عملکرد دانه در دو شرایط همبستگی مثبتی با STI، YI، DI، K_1STI و K_2STI داشت در حالی که عملکرد دانه همبستگی منفی با SSPI و SDI در شرایط کمبود روی داشت. با استفاده از STI، YI، DI، K_1STI و K_2STI ، ژنوتیپ‌های G32، G33 و G19 به عنوان بهترین ژنوتیپ‌ها با عملکرد نسبتاً بالا و مناسب برای هر دو شرایط نرمال و تنش کمبود روی شناسایی شدند. بنابراین، ممکن است آنها برای مناطق مستعد به کمبود روی در دنیا توصیه شوند و همچنین در برنامه‌های تولید گندم با هدف بهبود مقاومت به تنش روی مورد استفاده قرار گیرند.

واژگان کلیدی: شاخص تحمل تنش؛ گندم دوروم؛ عملکرد دانه؛ روی کارآمد؛ تنوع ژنتیکی

Please cite this paper as: Abdoli M, Esfandiari E. 2020. Selecting high zinc-efficient and assessment of zinc stress tolerance of the wheat durum genotypes. *J Genet Resour* 6(2): 106-121. doi: 10.22080/jgr.2020.18727.1184

بررسی بیان ژن‌های لیمونن و فلاوون سنتاز و محتوای اسانس تحت شرایط تنش‌های آبی مختلف در زیره سبز

مجتبی رنجبر^۱، سیدمحمد مهدی مرتضویان^{۲*}، سید علیرضا سلامی^۳ و شهرزاد بداعی^۲

^۱ گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشگاه فناوری‌های نوین آمل، آمل، ایران

^۲ گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان، دانشگاه تهران، ایران

^۳ گروه باغبانی، دانشکده علوم و مهندسی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، ایران

چکیده

زیره سبز، *Cuminum cyminum* L. امپراطور گیاهان ادویه‌ای و حاوی تعداد زیادی از ترکیبات طبیعی با ویژگی‌های دارویی است. تنش خشکی عامل شناخته شده‌ای است که در میزان تولید برخی از متابولیت‌ها موثر است. در مطالعه حاضر، به بررسی تأثیر تنش خشکی بر بیان ژن و میزان متابولیت‌ها در اندام‌های گل و برگ دو اکوتیپ تابیاد و اردکان پرداختیم. گیاهان تحت تاثیر سه سطح رطوبتی شامل کنترل، تنش متوسط و تنش شدید قرار گرفتند. نتایج نشان داد بیان ژن لیمونن سنتاز در اندام گل ژنوتیپ اردکان تحت شرایط تنش آبی ۵۰ درصد ظرفیت زراعی ۲/۲ برابر افزایش یافت و بیان ژن فلاوون سنتاز در بافت برگ اکوتیپ اردکان، در این سطح از تنش به بالاترین میزان رسید. بیشترین ترپنوئیدهای شناسایی شده در اندام‌های برگ و گل به ترتیب بتا-آکورادین و ۷-ترپین بودند. در مجموع، محتوای مونوترپن‌ها در هر دو اکوتیپ کاهش یافت درحالی‌که میزان سزکوئین‌ترین‌ها فقط در جمعیت اردکان افزایش یافت. آگاهی از بیان ژن‌های کلیدی دخیل در مسیر متابولیت‌های اصلی زیره سبز در شرایط تنش آبی در صنعت داروسازی و تحقیقات مولکولی از اهمیت بسزایی برخوردار است.

واژگان کلیدی: خشکی؛ رونوشت ژن؛ زیره سبز؛ متابولیت

Please cite this paper as: Ranjbar M, Mortazavian SMM, Salami SA, Bodaghi S. 2020. Evaluation of gene expression level of Limonene and Flavone synthase and essential oil composition under different water conditions in cumin. *J Genet Resour* 6(2): 122-130. doi: 10.22080/jgr.2020.18781.1185

ساختار ژنتیکی ویژگی‌های دانه گندم با استفاده از تکنیک‌های پردازش تصویر و تجزیه میانگین نسل‌ها

آرزو میری^۱، حسین صبوری^{۱*}، حسین حسینی مقدم^۱، حبیب‌الله سوقی^۲، مهدی ملاحاهی^۱ و سید جواد سجادی^۱

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

^۲گروه علوم زراعی و باغبانی، مرکز تحقیقات و منابع طبیعی گلستان، AREEO، گرگان، ایران

چکیده

گندم (*Triticum aestivum* L.) به عنوان مهمترین غلات در جهان و مهمترین مواد غذایی در کشاورزی شناخته شده است. گندم به دلیل توزیع اکولوژیکی گسترده و تنوع مورفولوژیکی و فیزیولوژیکی، پتانسیل بالایی برای مطالعات ژنتیکی دارد. به منظور بررسی نحوه کنترل ژنتیکی صفات فیزیکی دانه در دو تلاقی گندم پائیزه (*Triticum aestivum* L.)، ارقام N-92-9، کوهدشت و احسان و جمعیت-های F1، F2، BC1 و BC2 حاصل از تلاقی آن‌ها بر پایه طرح بلوک‌های کامل تصادفی در سه تکرار ارزیابی شدند. مساحت، طول، عرض، خروج از مرکز، محیط، قطر، میزان سختی و وزن دانه با استفاده از پردازش تصویر ثبت شدند. تفاوت معنی‌دار بین نسل‌ها برای مساحت، طول، عرض، خروج از مرکز، محیط، قطر، میزان سختی و وزن دانه وجود داشت. برای بیشتر صفات مقدار $F/(\sqrt{D \times H})$ کوچک‌تر از یک بود که بیانگر متفاوت بودن علامت و بزرگی اثر ژن‌های کنترل کننده این صفات می‌باشد. برای مساحت دانه وراثت پذیری عمومی با دامنه ۰/۹۶۵ تا ۰/۵۹۴ و وراثت پذیری خصوصی با دامنه ۰/۷۶۹ تا ۰/۰۵ برای دو تلاقی برآورد گردید که بیشترین برآورد را در مقایسه با سایر صفات دارا بود. برای صفات مساحت، طول، عرض، محیط، میزان سختی و وزن دانه اثر غالبیت نقش بیشتری در کنترل وراثت ژنتیکی آن‌ها داشت و بر این اساس پیشنهاد می‌شود که برای اصلاح صفات طول و خروج از مرکز دانه در Kohdasht × Ehsan و روش‌های اصلاحی مبتنی بر انتخاب برای اصلاح صفات مساحت، طول، عرض، محیط، میزان سختی و وزن دانه در N-92-9 × Ehsan و صفات مساحت، طول، عرض، محیط، قطر، میزان سختی و وزن دانه در Kohdasht × Ehsan استفاده از هیبرید مدنظر قرار گیرد.

واژگان کلیدی: گندم؛ هیبرید؛ انتخاب؛ تجزیه میانگین نسل‌ها؛ وراثت پذیری

Please cite this paper as: Miri A, Sabouri H, Hosseini Moghaddam H, Soughi H, Mollahshahi M, Sajadi SJ. 2020. Investigation of the genetic structure of wheat (*Triticum aestivum* L.) grain characteristics by using image processing and generation mean analysis techniques. *J Genet Resour* 6(2): 131-141. doi: 10.22080/jgr.2020.18575.1180

ارتباط بین پلی مورفیسم ژن *TPMT* (rs1800460) با لوکیمی لمفوبلاستیک حاد کودکان در یک جمعیت از استان گیلان، ایران

محمد هدایتی^۱، حمید رضا وزیری^۲، بهرام دربندی^۳، عادل باقر سلیمی^۳، محمد مهدی جعفرزاده^۴ و علی صالح زاده^{۴*}

^۱ گروه زیست شناسی سلولی و مولکولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

^۲ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه گیلان، رشت، ایران

^۳ دانشگاه علوم پزشکی گیلان، رشت، ایران

^۴ گروه زیست شناسی، واحد رشت، دانشگاه آزاد اسلامی، رشت، ایران

چکیده

لوسمی لنفوبلاستیک حاد (ALL) یک ترانسفورماسیون بدخیم و تکثیر سلولهای پیش ساز لنفوتید در مغز استخوان است که عمدتاً در کودکان مشاهده می شود. تیوپورین متیل ترانسفراز (TPMT) یک آنزیم متابولیزه کننده داروی تیوپورین است که برای درمان ALL تجویز می شود. گزارش شده است که چند پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی در ژن TPMT با کاهش و نقص فعالیت آنزیم همراه است، که متابولیسم داروی تیوپورین را مختل می کند و منجر به سمیت شدید خونی می شود و می تواند در بیماران کشته شده باشد. از آنجا که غربالگری ژنتیکی قبل از درمان دارویی تیوپورین در بیماران می تواند برای بهینه سازی دوز دارو و کارآمدی شیمی درمانی مؤثر باشد، این مطالعه با هدف بررسی ارتباط پلی مورفیسم ژن *TPMT* (rs1800460) *G> A 146* با استعداد ابتلا در یک جمعیت کودکان ایرانی در استان گیلان انجام شد. این مطالعه مورد-شاهدی بر روی ۴۰۰ فرد شامل ۲۰۰ بیمار و ۲۰۰ کودک سالم انجام شد. از PCR اختصاصی آلل (Allele-specific polymerase chain reaction) برای ژنوتیپ چند شکلی ژن TPMT استفاده شد. در توزیع ژنوتیپ پلی مورفیسم *G> A 146 TPMT* بین بیماران و افراد کنترل تفاوت معنی داری مشاهده شد ($P = 0.0001$). نتایج نشان داد که افراد با ژنوتیپ *GA* به طور معنی داری خطر ابتلا به لوسمی لنفوبلاستیک حاد را دارند ($p = 3.66$, %95CI = 1.87-7.17, $OR = 3.66$, %95CI = 1.87-7.17, $p = 0.0001$), در حالی که افراد با ژنوتیپ *AA* با افزایش ریسک لوسمی لنفوبلاستیک حاد همراه نبودند ($P = 0.2$). این مطالعه ممکن است اطلاعات مفیدی را برای تشخیص زودهنگام و یک استراتژی بهینه را برای درمان بیماران فراهم کند. با این حال باید مطالعات بیشتری برای روشن شدن این موضوع صورت بگیرد.

واژگان کلیدی: لوسمی لنفوبلاستیک حاد؛ سرطان خون کودکان؛ پلی مورفیسم TPMT، تیوپورین متیل ترانسفراز

Please cite this paper as: Hedayati M, Vaziri H, Darbandi B, Baghersalimi A, Jafarzadeh M, Salehzadeh A. 2020. Association of TPMT (rs1800460) gene polymorphism with childhood acute lymphoblastic leukemia in a population from Guilan, Iran. *J Genet Resour* 6(2): 142-147. doi: 10.22080/jgr.2020.18661.1182

جداسازی و بررسی خصوصیات *Brenneria nigrifluens* عامل شانکر پوستی درختان گردو در استان گلستان

محمد رضی نتاج^۱، میلاد آئینی^۲، علی خادم‌لوی^۳ و کمال صادقی^۴*

^۱ مرکز تحقیقات پنبه ایران، موسسه تحقیقات، آموزش و توسعه کشاورزی، گرگان، گلستان، ایران

^۲ گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید چمران، اهواز، خوزستان، ایران

^۳ وزارت جهاد کشاورزی، تهران

^۴ بخش گیاهپزشکی، کشت و صنعت مزرعه نمونه کشاورزی آستان قدس رضوی، مشهد، ایران

چکیده

شانکر پوستی گردو با عامل باکتریایی *Brenneria nigrifluens* یکی از خطرناک‌ترین بیماری‌هایی است که می‌تواند باعث کاهش چشمگیر تولید میوه و چوب گردو شود. در طول بهار و تابستان سال ۱۳۹۸، باغات گردو از نظر علائم احتمالی بیماری مانند لکه بر روی برگ و میوه و شانکر ساقه از چهار منطقه مختلف واقع در استان گلستان مورد بررسی قرار گرفتند. از مجموع بافتهای دارای علائم تعداد ۱۱ ایزوله جداسازی شد. در آزمایش بیماری‌زایی بر روی میوه‌های نارس گردو، تمام ایزوله‌های جدا شده موجب ایجاد ضایعات نکروزه سیاه و سفید شدند که تقریباً کل پریکارپ را در بر میگرفت. نتایج آزمایشات فنوتیپی انتخاب شده و الگوهای پروتئینی باکتری‌ها نشان داد که همه جدایه‌ها خصوصیات ایزوله استاندارد *B. nigrifluens* را دارا هستند. بر اساس تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک بر اساس تعیین توالی ژنهای *recA*، *gyrB* و *16srRNA* از ایزوله نماینده، یک کلاد منحصر به فرد به خوبی مشخص شد که از گونه‌های مرتبط نیز متمایز بود. نتایج این مطالعه می‌تواند ارتباطی مناسب در انتخاب استراتژی‌های مدیریت بیماری داشته باشد.

واژگان کلیدی: شانکر پوستی گردو، *Brenneria nigrifluens*، *recA*، *gyrB*

Please cite this paper as: Razinataj M, Aeni M, Khademlou A, Sadeghi K. 2020. Isolation and characterization of *Brenneria nigrifluens* causing bacterial shallow bark canker of walnut trees in Golestan Province, Iran. *J Genet Resour* 6(2): 148-156. doi: 10.22080/jgr.2020.18940.1188

ارزیابی تنوع ژنتیکی جمعیت های بنفشه بومی ایران (*Viola spp.*) با کاربرد نشانگرهای مورفولوژیکی و مولکولی RAPD

سمیرا ابوالقاسمی^{*}، روح‌انگیز نادری، محمدرضا فتاحی مقدم

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

چکیده

شناخت ذخایر ژنتیکی و ژن‌های مطلوب اساس برنامه‌های اصلاح ژنتیک است. تاکنون در ایران، به دلیل عدم شناخت منابع ژنتیکی، برنامه اصلاحی قابل توجهی در مورد گیاهان بومی انجام نشده است. مطالعه تنوع ژنتیکی بنفشه به عنوان یک گیاه بومی با کاربردهای زینتی و دارویی از اهمیت بسیاری در پیشبرد اهداف پرورش این گیاه برخوردار است. بنابراین، در مطالعه حاضر، نه جمعیت گونه *Viola spp.* جمع‌آوری شده از نقاط مختلف ایران برای ارزیابی تنوع ژنتیکی درون جمعیتی و بین جمعیتی و هشت جمعیت آن به منظور ارزیابی ویژگی‌های رویشی و زایشی و مورفولوژیکی استفاده گردید. با توجه به تجزیه و تحلیل خوشه‌ای با استفاده از ضریب تشابه JACCARD و روش UPGMA، اختلاف معنی‌داری بین جمعیت‌ها مشاهده شد. واریانس تجزیه و تحلیل مولکولی به ترتیب ۷۷ و ۲۳ درصد تنوع ژنتیکی بین جمعیتی و درون جمعیتی را نشان داد. در دندروگرام فاصله، واریان و رامسر با فاصله ۰/۸۹۳ بیشترین اختلاف را نشان دادند و نهاوند و کرمانشاه با فاصله ۰/۴۷۴ بیشترین شباهت را در بین جمعیت‌های مورد مطالعه نشان دادند. تجزیه و تحلیل مؤلفه‌های اصلی ویژگی‌های اصلی را در ۶ گروه طبقه‌بندی کرد که ۸۹/۶۲ درصد از کل تغییرات را توجیه نمود. در تجزیه خوشه‌ای، جمعیت‌ها در فاصله ۱۰ در سه گروه طبقه‌بندی شدند. نتایج تجزیه و تحلیل ویژگی‌های مورفولوژی و مولکولی تنوع قابل توجهی در بین جمعیت‌های بنفشه بومی ایران را نشان داد که در برنامه‌های اصلاح نژاد قابل استفاده می‌باشد.

واژگان کلیدی: استخراج DNA؛ طبقه‌بندی ژنتیکی؛ تجزیه و تحلیل خوشه‌ای؛ واریانس مولکولی؛ روش UPGMA

Please cite this paper as: Abolghasemi S, Naderi R, Fattahi Moghadam MR. 2020. Evaluation of genetic diversity in Iranian Violet (*Viola spp.*) populations using morphological and RAPD molecular markers. *J Genet Resour* 6(2): 157-171. doi: 10.22080/jgr.2020.18739.1190

گوناگونی ژنتیکی پایه های *Coffea canephora* موجود در بانک ژن اینکاپر در اسپیریتو سانتو جنوبی

جاوا فلیپه دبریتس سنرا*^۱، ماریا آمیلیا گاوا فرائو^۲، رودولفو فریرا میدونکا^۳، آیمیر فرانسیسکو آلمیدا دا فونسکا^۴، روماریو گاوا فرائو^۴، پائولو سرگیو وولپی^۱، آبرائو کارلوس وردین فیلهو^۱، مارکونه کومری^۱ و ماتیوس واندرمورم داسیلوا^۵
^۱موسسه تکثیر و نوآوری، مساعدت فنی و توسعه روستایی اسپیریتو سانتو، برزیل
^۲موسسه تحقیقات کشاورزی برزیل، مساعدت فنی و توسعه روستایی اسپیریتو سانتو، برزیل
^۳سالن شهر ایٹاپمیریم، همکار سابق Pos Doctor Junior CNPq و کافه Consorcio Pesquisa در INCAPER، برزیل
^۴مساعدت فنی و توسعه روستایی اسپیریتو سانتو و همکار تحقیقاتی کالج برزیلی مالتی ویکس، برزیل
^۵بورس تحصیلی کنسرسیوم قهوه از مرکز جنوبی مرکز جنوبی، موسسه تکثیر و نوآوری، مساعدت فنی و توسعه روستایی اسپیریتو سانتو، برزیل

چکیده

هدف مطالعه حاضر، آنالیز گوناگونی ژنتیکی ۳۲۳ نمونه جمعیتی بانک ژن فعال *Coffea canephora* مربوط به موسسه تحقیقات اسپیریتو سانتو (اینکاپر) با استفاده از ۳۸ صفت فنوتیپیکی کمی می باشد. متوسط فاصله اقلیدوسی بین نمونه های جمعیتی در ماتریس آماری بدست آمد و بدنبال آن گروه بندی جمعیتی با استفاده از تکنیک های UPCMA و Tocher انجام شد. با استفاده از ویژگی های نمونه های جمعیتی مختلف، بازه تغییرات داده ها به تفکیک هر صفت مورد استفاده به تصویر کشیده شد. دقت جمع آوری داده ها با کمک شاخص گوناگونی با مقادیر پایین تر از ۱۰ درصد برای بیشتر صفات مورد مطالعه مورد تایید قرار گرفت بجز صفاتی همچون تعداد طوقه های برگگی در شاخه های جانبی، تعداد دانه ها در کوچکترین شاخه های راست و تعداد دانه ها در هر طوقه روی شاخه های جانبی بالایی. با استفاده از روش تاجر، ۲۵ گروه تشخیص داده شد که از میان آنها ۱۰ گروه تنها از یک نمونه جمعیتی تشکیل شده بودند. گروه بندی سلسله مراتبی فقدان هر گونه جمعیت های مشابه را مشخص نمود و همچنین نمونه جمعیتی ۱۷۳ بعنوان مجزاترین جمعیت ژنتیکی در نظر گرفته شد. آنالیز سهم نسبی هر یک از صفات باعث تمایز مواد تازه و مواد خشک حاصل از شاخه های راست را که توسط گیاهان مستعد هرس انداخته می شوند، شده است که اساسی برای تمایز نمونه های جمعیتی بوده و برای مطالعات آینده تنوع ژنتیکی بسیار حائز اهمیت هستند به طوریکه ۸۳٪ گوناگونی فنوتیپیکی را دربرمی گیرند. هیچگونه نمونه های تکراری در مطالعه حاضر یافت نشد و گروه های متجانس به راحتی متمایز شده که می تواند برای در برنامه های دورگه گیری و ایجاد نژاد های کشاورزی مورد بهره برداری قرار گیرد. شبیه ترین و متفاوت ترین جفت ها، به ترتیب ۴۵ (۸۶/۱۴۸) و ۳۲۰ (IAC37) با فاصله آماری ۰/۰۷۱۳ و ۱۷۳ (ES 1-B) و ۲۷۰ با فاصله آماری ۰/۴۷۶۵ بوده اند.

واژگان کلیدی: قهوه کانیلون؛ تنوع؛ آنالیز های چند متغیره؛ خوشه بندی

Please cite this paper as: Senra JFB, Ferrao MAG, Mendonça RF, Fonseca AFA, Ferrao RG⁴, Volpi PS, Filho ACV, Comério M, Silva MW. 2020. Genetic variability of access of the active germplasm bank of *Coffea canephora* of Incaper in southern Espírito Santo. *J Genet Resour* 6(2): 172-184. doi: 10.22080/jgr.2020.19162.1194.

دی-اتانول آمین ممکن است بدلیل کاهش تمایز استئوژنیک و القاء استرس اکسیداتیو باعث بروز اختلالات استخوانی شود

محمد حسین آبنوسی* و ستاره سادات حسینی

گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه اراک، اراک، ایران

چکیده

دی-اتانول آمین (DEA) یکی از شناخته شده ترین آلاینده های زیست محیطی است که در تولید صابون، دترژنت، لوسیون و دیگر محصولات بهداشتی استفاده میشود. اثر مسمومیت DEA بر بافتها و سلول های مختلفی گزارش شده است، ولی تاکنون مطالعه ای که بتواند اثر سمی این ماده بر سلول های بنیادی مزانشیم مغز استخوان رت (BMSCs) را توضیح بدهد مشاهده نشده است. بنابراین در مطالعه حاضر، توانایی تمایز استئوژنیک BMSCs تیمار شده با DEA مورد بررسی قرار گرفت. بعد از پاساژ سوم BMSCs در محیط استئوژنیک آلوده به میزان ۱ و ۴ میلی مولار DEA به مدت ۲۱ روز کشت داده شدند. سپس توانایی زیستی سلول ها با استفاده از ۳- (۵۴-دی متیل تiazول-۲-ال)-۵-دی فنیل تترازولیوم برومید (MTT) و مرفولوژی هسته و سیتوپلاسم سلولها (با استفاده از رنگ فلوروسنت) و همچنین معدنی شدن استئوبلاستها (بر اساس آزمون کمی آلیزارین رد و غلظت کلسیم) مطالعه شد. علاوه بر آن، میزان سدیم و پتاسیم و فعالیت آنزیم های آلانین ترانس آمیناز، آسپارات ترانس آمیناز، آلکالین فسفاتاز و لاکتات دهیدورژناز (LDH) اندازه گیری شد. ضمناً ظرفیت آنتی اکسیدانی کل (TCA)، میزان مالون دی آلدئید (MDA) و فعالیت آنزیم های آنتی اکسیدانی (سوپر اکسید دسموتاز و کاتالاز) نیز اندازه گیری شد. سلول های تیمار شده با DEA افزایش اندازه هسته و چروکیدگی سیتوپلاسم را نشان دادند و همچنین غلظت پتاسیم در آنها نیز افزایش داشت. علاوه بر آن، با توجه به افزایش فعالیت LDH در سلول ها، متابولیسم سلولی بصورت بی هوازی مشاهده گردید. همچنین افزایش معنی داری در میزان MDA دیده شد، این در صورتی است که TCA و فعالیت آنزیمهای آنتی اکسیدانی سلول دچار کاهش شد. در نهایت، توانایی زیستی و توانایی تمایز BMSCs نیز دچار کاهش معنی دار شد. از آنجا که BMSCs به عنوان پشتوانه سلولی برای تولید استئوبلاستها مطرح هستند، بنابراین DEA ممکن است باعث بروز نارسایی استخوانی بدلیل مسمومیت این سلولها شود. لذا پیشنهاد میگردد، استفاده از DEA در محصولات بهداشتی ممنوع شود.

واژگان کلیدی: BMSCs؛ دی-اتانول آمین؛ معدنی شدن استئوبلاست؛ تمایز استئوژنیک؛ استرس اکسیداتیو؛ توانایی زیستی

Please cite this paper as: Abnosi MH, Hosseini S. 2020. Di-ethanolamine might cause bone-related complications due to the reduction of osteogenic differentiation and induction of oxidative stress. *J Genet Resour* 6(2): 185-194. doi: 10.22080/jgr.2020.19334.1197.

شناسایی ژن‌های برجسته در زیرگروه‌های مختلف سرطان معده (TP53⁻ و TP53⁺): مبتنی بر روش‌های مبتنی بر شبکه و یادگیری ماشینی

مهدی صادقی^{۱*}، نفیسه قربانپور^۲، ابوالفضل برزگر^۳، ایلیا رفیعی^۲

^۱ گروه زیست‌شناسی سلولی و مولکولی، پردیس علوم، دانشگاه سمنان، سمنان، ایران

^۲ مرکز تحقیقات علوم پایه، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

^۳ گروه بیوتکنولوژی پزشکی، دانشکده علوم نوین پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی و خدمات بهداشتی درمانی تبریز، تبریز، ایران

چکیده

سرطان معده یکی از علل رایج مرگ و میر ناشی از ابتلا به سرطان در دنیا می‌باشد. فرایندهای مولکولی درگیر در زیرگروه‌های مختلف سرطان معده هنوز هم به درستی درک نشده است و توسعه روش‌های درمانی و تشخیصی برای آن ضروری می‌باشد. بنابراین توسعه تحقیقات جامع در این زمینه برای شناخت عمیق فرایندهای مولکولی مسئول در هر کدام از زیرگروه‌های سرطان معده ضروری می‌باشد. در این مطالعه، یک روش سه مرحله‌ای برای تعیین ژن‌ها و زیرشبکه‌های مهم در دو زیرگروه سرطان معده (TP53⁻ و TP53⁺) توسعه پیدا کرده است. در مرحله نخست به منظور شناسایی گروه‌های ژنی هم بیان در دو زیرگروه، تحلیل شبکه هم بیان ژنی وزن دار انجام شد. سپس همبستگی هر گروه ژنی با فاز پاتولوژیکی تومور (به عنوان یک فاکتور کلینیکی مشخصه پیشرفتگی تومور) با استفاده از الگوریتم یادگیری ماشینی درخت تصمیم مورد مطالعه قرار گرفت و گروه‌های ژنی با بهترین قدرت پیشگویی برای مطالعه بیشتر انتخاب شدند (گروه‌های ژنی با ۲۴۱ ژن برای TP53⁺ و ۱۴۴۱ ژن برای TP53⁻ مورد شناسایی قرار گرفتند). نهایتاً یک تحلیل شناسایی و رتبه بندی موتیف برای شناسایی موتیف‌های ژنی سه تایی در شبکه‌های زیستی مربوط به گروه‌های ژنی انجام شد. این موتیف‌های شناسایی شده ممکن است که دارای نقش کلیدی در زیرگروه‌های مورد مطالعه سرطان معده داشته باشند. اعضای موتیف‌های شناسایی شده برای TP53⁻ اغلب شامل ژن‌های مسیر پیام رسانی MAPK می‌باشند که نشان دهنده نقش کلیدی این مسیر در این زیرگروه سرطان معده می‌باشد. یافته‌ها در مورد زیرگروه TP53⁺ نشان می‌دهند که alternative splicing و پروتئین‌های SNARE می‌توانند محرک ایجاد و پیشروی این نوع سرطان معده باشند. این یافته‌ها می‌توانند برای توسعه روش‌های درمانی و تشخیصی بر پایه مفاهیم پزشکی فرد محور مورد استفاده قرار گیرند. این روش توسعه یافته شده می‌تواند جهت شناسایی و مطالعه مکانیسم‌ها و مسیرهای مسئول در سایر فنوتیپ‌ها و بیماری‌های پیچیده نیز مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: سرطان معده؛ زیرگروه‌های مولکولی؛ تحلیل شبکه هم بیان ژنی وزن دار؛ درخت تصمیم؛ تحلیل شبکه

Please cite this paper as: Sadeghi M, Ghorbanpour N, Barzegar A, Rafiei I. Exploring gene signatures in different molecular subtypes of gastric cancer (MSS/ TP53+, MSS/TP53-): a network-based and machine learning approach. *J Genet Resour* 6(2): 195-208. doi: 10.22080/jgr.2020.19465.1198.