

## تنوع و فراوانی Symbiodiniaceae و باکتری‌ها در مرجان‌های *Sarcophyton* و *Euphyllia ancora* و *trocheliophorum* تحت محرک حرارتی

هائو لو<sup>۱</sup>، علیرضا عاصم<sup>۱</sup>، یوو هن<sup>۱</sup>، ویدونگ لی<sup>۲</sup> و پیچونگ وانگ<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> دانشکده شیلات و علوم زیستی، دانشگاه اقیانوس شناسی مناطق گرمسیری هاینن، سانیا، چین

<sup>۲</sup> دانشکده اکولوژی و محیط زیست، دانشگاه هاینن، هایکو، چین

<sup>۳</sup> دانشکده اکولوژی و محیط زیست، دانشگاه اقیانوس شناسی مناطق گرمسیری هاینن، سانیا، چین

### چکیده

جلبک‌های Symbiodiniaceae و باکتری‌ها یک رابطه همزیست با مرجانها دارند که برای حفظ بقای مرجانها ضروری است. اجتماعات همزیست در پولیپ‌های میزبان بر مقاومت و توانایی بهبودی مرجانها اثرگذار هستند. در این مطالعه دمای پرورش مرجانهای *Sarcophyton trocheliophorum* و *Euphyllia ancora* از  $26 \pm 1$  درجه سانتیگراد به  $32$  درجه سانتیگراد به مدت  $12$  ساعت افزایش یافت و سپس توالی ژن ITS2 برای Symbiodiniaceae و ژن 16S برای باکتری‌ها در دو نمونه مرجان برای مقایسه تغییرات تنوع جلبک و باکتری با دمای اولیه سکانس شدند. نتایج نشان می‌دهد که گونه غالب در Symbiodiniaceae تفاوتی بین تیمارها نشان نمی‌دهد ولی سایر گونه‌های جلبک، از تنوع و تفاوت معنی داری برخوردار هستند. از طرف دیگر بعد از افزایش دمای محیط پرورش مرجانها، فراوانی باکتری هوازی *Delfita* در مرجان *S. trocheliophorum* افزایش یافته است درحالی‌که مرجان *E. ancora* با باکتری‌های بیماری‌زا آلوده شد. این تفاوت می‌تواند به اختلاف تحمل پذیری گونه‌های مختلف مرجانها نسبت داده شود.

واژگان کلیدی: مرجان؛ اجتماعات باکتریایی؛ Symbiodinium؛ ITS2 rDNA؛ 16S rRNA

**Please cite this paper as:** Lu H, Asem A, Han Y, Li M, Li W, Wang P. 2021. Diversity and abundance of symbiodiniaceae and bacteria in corals *Sarcophyton trocheliophorum* and *Euphyllia ancora* under thermal stimulation. *J Genet Resour* 7(1): 1-14. doi: 10.22080/jgr.2020.18887.1186.

## ارزیابی روابط فیلوژنتیکی قبیله گاوی‌ها (Bovini: Bovidae) با استفاده از ژنوم میتوکندریایی

تقی قاسمی خادمی<sup>۱\*</sup>، سیدمسعود مجدزاده<sup>۲</sup>، رسول خسروی<sup>۳</sup> و اسداله اسدی<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup> بخش زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

<sup>۲</sup> گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید باهنر کرمان، کرمان، ایران

<sup>۳</sup> بخش مهندسی منابع طبیعی و محیط زیست، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شیراز، شیراز، ایران

<sup>۴</sup> گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

### چکیده

داده‌های مولکولی ابزارهای قدرتمندی برای حل مشکلات تاکسونومیک به‌شمار می‌روند. هر ژن در هر تاکسون درجه‌ای از تنوع نشان می‌دهد که از طریق آن می‌توانیم به روابط فیلوژنتیک بین تاکسون‌های مختلف پی ببریم. در این مطالعه، روابط فیلوژنتیک در قبیله Bovini با استفاده از ۲۴ میتوژنوم و ژن‌های سیتوکروم *b (cytb)*، سیتوکروم اکسیداز زیرواحد یک *RNA* ریبوزومی *16S (16S rRNA)* و *NADH* دهیدروژناز (*NDI*) میتوکندریایی مورد ارزیابی مجدد قرار گرفت. ما از توالی‌های ژنی گونه‌های منقرض‌شده، اهلی‌شده و وحشی در قبیله بووینی استفاده کردیم. درختان فیلوژنتیک با استفاده از برآورد درست‌نمایی بیشینه (ML) بازسازی شدند. بر اساس توالی‌های میتوژنومی، میانگین ترکیب بازی توالی‌های میتوکندریایی شامل ۲۷/۱ درصد باز تیمین، ۲۶ درصد باز سیتوزین، ۳۳/۵ درصد باز آدنین و ۱۳/۴ درصد باز گوانین بود. بنابراین ترکیب بازی آدنین-گوانین (۶۰/۶ درصد) از بیش‌ترین میزان برخوردار بود. نتایج نشان داد که جنس *Bison* تاکسون مستقلی در صنف جنس نبوده و یک تاکسون پارافلیتیک است. شاخ‌دوکی (*Pseudoryx nghetinhensis*) به‌عنوان تاکسون خواهری سایر گونه‌های متعلق به زیرقبیله *Bovina* قرار گرفت و شاید بهتر باشد این گونه در زیرقبیله‌ی مذکور طبقه‌بندی شود. همچنین، در زیرقبیله *Bovina*، ۱ سه گروه متمایز تک‌نیا تشخیص داده شد. در همه درختان فیلوژنتیک، زیرقبیله *Bubalina* یک تاکسون مونوفلیتیک بوده و بوفالوی آفریقایی (*Syncerus caffer*) با سایر گونه‌های متعلق به جنس *Bubalus* رابطه خواهری نشان داد. نتایج به‌دست آمده در این مطالعه، می‌تواند در برنامه‌های حفاظتی گونه‌های این قبیله مورد استفاده قرار گیرد.

واژگان کلیدی: قبیله گاوی‌ها، ژن‌ها، ارزیابی مولکولی، ژنوم میتوکندریایی، فیلوژنی

**Please cite this paper as:** Ghassemi-Khademi T, Madjzadeh SM, Khosravi R, Asadi A. 2021. The phylogenetic relationships within the tribe Bovini (Bovidae: Bovinae) using mitochondrial genome. *J Genet Resour* 7(1):15-28. doi: 10.22080/jgr.2020.19823.1207.

## گزارش تعداد جدید کروموزوم در گونه های *Stachys L.* با استفاده از تجزیه کاریولوژیک

اکرم رجبی مظاهر<sup>۱</sup>، سید مهدی میری<sup>۱\*</sup> و عبدالله محمدی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه باغبانی، دانشگاه آزاد اسلامی-واحد کرج، کرج، ایران

<sup>۲</sup> گروه اصلاح نباتات، دانشگاه آزاد اسلامی-واحد کرج، کرج، ایران

### چکیده

تعداد کروموزوم های سوماتیک و ویژگی های کاریوتایپی هفت جمعیت از سه گونه *Stachys L.* (Lamiaceae) که به طور طبیعی در سراسر ایران توزیع شده اند، تشریح شد. نتایج وجود تعداد مختلف کروموزوم پایه شامل  $x = 15$  و  $x = 17$  در این جنس را تأیید کرد. همه گونه های مورد مطالعه دیپلوئید بودند و تعداد کروموزوم های دو گونه شامل *S. benthamiana* و *S. setifera* برای اولین بار گزارش شد ( $2n = 34$ )، در حالی که تعداد کروموزوم های *S. byzantina* تأیید گردید ( $2n = 30$ ). کروموزوم ها در گونه های *Stachys* مورد مطالعه به طور کلی کوچک بودند، بطوریکه بیشترین طول کروموزوم ( $2/26$  میکرومتر) در *S. setifera* (۱۸۷۱۳) مشاهده شد، در حالی که *S. setifera* (۲۳۳۵۴) کوتاهترین طول ( $1/46$  میکرومتر) را نشان داد. کاریوتایپ ها متقارن و از کروموزوم های متاساتریک تشکیل شده بودند بطوریکه میانگین نسبت بازوها (AR) بین  $1/11$  در *S. setifera* (۲۳۳۵۴) و  $1/29$  در *S. byzantina* (۳۷۹۸۵) بود، بنابراین طبق طبقه بندی Stebbins در کلاس 1A دسته بندی شدند. بر اساس مقادیر درصد شکل کلی (TF/، ۴۷/۱٪)، شاخص عدم تقارن کاریوتایپ Arano (AsK/، ۵۲/۵٪)، شاخص تقارن (S/، ۹۴/۰٪) و اختلاف دامنه طول نسبی (DRL، ۰/۳۶)، *S. setifera* (۲۳۳۵۴) بیشترین کاریوتایپ متقارن بین و درون کروموزومی را داشت. همچنین، *S. byzantina* (۳۷۹۸۵) بیشترین کاریوتایپ نامتقارن بین و درون کروموزومی را بر اساس مقادیر TF/ (۴۲/۰٪)، AsK/ (۵۶/۱٪) و طول نسبی کروموزوم (RL/، ۶/۶٪) داشته است. نتایج تجزیه خوشه ای بر اساس پارامترهای کروموزومی با استفاده از روش Ward، تاکسون ها را به دو گروه اصلی تقسیم کرد. گروه I شامل گونه های با  $x = 17$  و گروه II شامل  $x = 15$  *S. byzantina* بود.

واژگان کلیدی: شاخص عدم تقارن؛ تعداد کروموزوم؛ کاریوتایپ؛ *Stachys*

**Please cite this paper as:** Rajabi Mazaher A, Miri SM, Mohammadi A. 2021. Karyological analysis and new chromosome number reports in some species of *Stachys L.* (Lamiaceae). J Genet Resour 7(1): 29-35. doi: 10.22080/jgr.2020.19758.1201.

## خصوصیات فنوتیپی مزرعه مرغ بومی، در مناطق Dire و Yabello، منطقه Borena، ایالت منطقه اورومیا، اتیوپی

داباسا دوبا واریو<sup>۱</sup>، تادیسه یوسف<sup>۲</sup> و شاشی بوشان سینگ یاداو<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup>دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی بنشگاه بونگا، بونگا، اتیوپی

<sup>۲</sup>دانشکده علوم دامی و دامداری، دانشگاه هارامایا، هارامایا، اتیوپی

### چکیده

این مطالعه در دو منطقه از منطقه بورنا (اتیوپی) انجام شد و هدف آن توصیف فنوتیپی انواع مرغ بومی در مناطق مورد مطالعه بود. این مطالعه شامل انواع تحقیقات کیفی و کمی است. در مجموع ۴۸۰ مرغ (۱۴۴ نر و ۳۳۶ ماده) با سن بیش از ۶ ماه برای مطالعه کمی در این مطالعه در نظر گرفته شد. برای توصیف داده ها از آمار توصیفی، روش های فراوانی، مدل خطی عمومی، تحلیل تک متغیره و چند متغیره با SAS 9.1.3 استفاده شد. برای تجزیه و تحلیل داده های کیفی از نرم افزار SPSS استفاده شد. از ویژگیهای کیفی مانند رنگ پر، نوع شان، رنگ ساق، چشم، رنگ لاله گوش و رنگ پوست برای مطالعه استفاده شد. صفات کمی شامل وزن بدن و اندازه گیری های مورفومتریک خطی مانند طول ساق، طول بدن، طول بال، طول بال، دور سینه، عرض شان و طول شان است. نتیجه این مطالعه نشان داد که رنگ پرهای سفید، قرمز و قهوه ای در منطقه مورد مطالعه غالب بود. جوجه های محلی دارای انواع رنگ در ساقه، رنگ پوست، نوع شان و رنگ چشم بودند. ساق های سفید، پوست سفید، شان های تک و رنگ لاله گوش عمدتاً در هر دو منطقه مورد مطالعه مشاهده شد. میانگین وزن بدن جوجه های نر و ماده بومی به ترتیب  $0.229 \pm 0.0623$  و  $0.181 \pm 0.0313$  کیلوگرم بود. شان های بزرگ، جفجغه و پاهای بلند در مناطق مورد مطالعه مشاهده شد. به طور کلی، تغییرات مورفولوژیکی و ریخت سنجی بین و درون جمعیت مرغ بومی مشاهده شد، که نشان می دهد فرصتی برای بهبود ژنتیکی از طریق انتخاب وجود دارد.

**واژگان کلیدی:** منطقه بورنا؛ تعیین مشخصات؛ ویژگی ریخت شناسی؛ صفات ریخت سنجی؛ چند متغیره؛ پر؛ نظافت؛ تک

متغیره

*Please cite this paper as:* Wario, D, Yosef T, Yadav S. 2021. On-farm phenotypic characterization of indigenous chicken, in Dire and Yabello Districts, Borena Zone, Oromia Regional State, Ethiopia. J Genet Resour 7(1): 36-48. doi: 10.22080/jgr.2020.19954.1211.

## تولید انبوه آلژینات لیاز پایدار حرارتی و pH از سودوموناس آئروژینوزای ۲۹۳ و بررسی *algL* ژن *in silico*

مریم زالی بنه کهل<sup>۱</sup>، پریناز قدم<sup>۱\*</sup>، سارا غروی<sup>۱</sup>، احیا عبدی عالی<sup>۲</sup> و فیروزه پیروزمند<sup>۳</sup>

<sup>۱</sup> گروه بیوتکنولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهرا(س)، تهران، ایران

<sup>۲</sup> گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه الزهرا(س)، تهران، ایران

<sup>۳</sup> گروه میکروبیولوژی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه تهران، تهران، ایران

### چکیده

سودوموناس آئروژینوزا یک باکتری فرصت طلب است که در پاسخ به تحریک های مختلف پلی ساکارید کپسول مانندی به نام آلژینات تولید می کند. سویه موکوئیدی سودوموناس آئروژینوزا آلژینات تولید می کند که یک آگزوپلی ساکارید است و در بیماریزایی و مقاومت این باکتری ها در عفونت ها نقش دارد. ژن آنزیم آلژینات لیاز برای ساخت آلژینات مورد نیاز است که البته این آنزیم در تخریب این پلیمر نیز نقش دارد. این آنزیم در باکتری های مختلف در یک گونه نیز پلی مورفیسم دارد و یافتن آنزیمی با خصوصیات ویژه بسیار مهم است. در این مطالعه، آلژینات لیاز سویه ۲۹۳ سودوموناس آئروژینوزا که قبلا از خلط جدا شده بود و ژن آن مطالعه شد و پایداری دمایی و pH ی و ویژگی سوبسترای آنزیمی که تا حدودی خاص شده بود بررسی گردید. بعد از ۶ ساعت قرار گیری در ۸۰ درجه سانتی گراد مقدار ۷۰ درصد فعالیت آن باقی مانده بود و همچنین بعد از قرار گیری در شرایط قلیایی و اسیدی ۵۰ درصد فعالیت آن باقی ماند. این آنزیم روی بلاک های گلورونیک اسید، مانورونیک اسید و آلژینات شامل هر دو عملکرد داشت. به خاطر خصوصیات منحصر به فرد این آنزیم که در طب صنعت کاربرد دارد، ژن این آنزیم در سیستم pET-28a (+)/E. coli BL21 (DE3) بیان شد و آلژینات لیازی با ۳۷۱ اسید آمینه تولید شد. با سدیم دودسیل سولفات پلی آکریل آمید ژل الکتروفورز وزن مولکولی آن ۴۰ کیلو دالتون تخمین زده شد. آنالیز بیوانفورماتیکی ژن آلژینات لیاز سویه ۲۹۳ سودوموناس آئروژینوزا نشان داد که جهش نقطه ای G225A پایداری دمایی آن را می تواند بهبود بخشد. بنابراین آلژینات لیاز سویه ۲۹۳ سودوموناس آئروژینوزا پیشنهاد مناسبی برای کاربردهای درمانی و صنعتی است.

واژگان کلیدی: آلژیناز، *algL*، مطالعات محاسباتی، پایداری pH، پایداری حرارتی

**Please cite this paper as:** Zali Benekohal M, Ghadam P, Gharavi S, Abdi Ali A, Piroozmand F. 2021. Overexpression of thermal and pH stable alginate lyase of *P. aeruginosa* 293 and *in silico* study of *algL* gene. *J Genet Resour* 7(1): 49-58. doi: 10.22080/jgr.2021.19826.1208.

## بررسی ایزوآنزیمی و مطالعه مورفومتری خزہ های *Neckera complanata* و *Neckera crispa*

فرشاد محمدزاده قره قشلاق<sup>۱</sup>، آرمان محمودی اطاقوری<sup>۱\*</sup>، حبیب زارع<sup>۲</sup> و طاهره السادات آقاجانزاده<sup>۱</sup>

<sup>۱</sup> گروه زیست شناسی علوم گیاهی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، ایران

<sup>۲</sup> مرکز تحقیقات، آموزش کشاورزی و منابع طبیعی مازندران، باغ گیا هشناسی نوشهر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

### چکیده

بریوفیت‌ها گیاهانی با اندازه کوچک، غیرآوندی و بی‌گل هستند. *Necker complanata* (Hedw.) Huebener و *Neckera crispa* Hedw به عنوان شاخص، از گروه خزہ های پوست‌نشین درختان جنگل‌های مرطوب هیرکانی هستند که در پچ‌های رنگ پریده تا زرد-سبز رنگ می‌رویند. تا کنون هیچ‌گونه بررسی ایزوآنزیمی (پراکسیداز و سوپر اکسیددیسموتاز) روی این جنس در ایران انجام نشده است. هدف از مطالعه حاضر بررسی تفاوت‌ها و شباهت‌ها در بین جمعیت‌های خزہ‌های *N. complanata* و *N. crispa* با استفاده از روش‌های مورفومتری و ایزوآنزیم (پراکسیداز، سوپر اکسید دیسموتاز) می‌باشد. به این منظور، ۱۸ جمعیت از سه استان گلستان، مازندران و گیلان در ارتفاعات تقریباً یکسان در پاییز سال ۱۳۹۶ جمع‌آوری و بررسی گردید. نتایج حاصل از داده‌های مورفومتری نشان داد که اندازه برگ و نسبت طول به عرض نوک برگ از صفات بسیار تاثیرگذار در جدایی گونه‌ها می‌باشند. نتایج حاصل از مطالعات مورفومتری و الگوی باندهای ایزوآنزیمی یکسان بوده و تفاوت ناچیزی مشاهده گردید. بزرگترین تنوع شانون مربوط به جمعیت *N. crispa* در هزارجریب بوده درحالی که تمام جمعیت‌های هر دو گونه دارای تنوع ژنتیکی بسیار کمی بوده اند. تخریب بسیاری از زیستگاه‌ها و افزایش آلودگی در شمال ایران باعث کاهش جمعیت گونه‌های گیاهی در این مناطق شده است. تنوع ژنتیکی پایین در جمعیت‌های خزہ‌های *N. complanata* و *N. crispa* ممکن است باعث انقراض تدریجی این دو گونه شود.

واژگان کلیدی: خزہ؛ *Neckera*؛ پراکسیداز؛ سوپر اکسید دیسموتاز؛ تاکسونومی عددی

Please cite this paper as: Mohammadzadeh Gharegheshlagh F, Mahmoudi Otaghvari A, Zare H, Aghajanzadeh TA. 2021. Isoenzyme investigation and morphometrics study of *Neckera complanata* and *Neckera crispa*. J Genet Resour 7(1): 59-71. doi: 10.22080/jgr.2021.19830.1209.

## تجزیه و تحلیل QTL های کنترل کننده صفات فلورسانس کلروفیل در جو (*Hordeum vulgare L.*)

سمیه مختوم<sup>۱</sup>، حسین صبوری<sup>۱</sup>، عبداللطیف قلیزاده<sup>۱</sup>، لیلا آهنگر<sup>۱</sup> و مهناز کاتوزی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس

<sup>۲</sup> گروه اپی ژنتیک، بیوتکنولوژی و اصلاح نباتات، موسسه تحقیقات آگروسکوپ، سوئیس

### چکیده

فلورسانس کلروفیل یکی از تکنیک‌های بسیار مفید در فیزیولوژی گیاه است، زیرا به راحتی کاربر می‌تواند با هزینه نسبتاً کم اطلاعات دقیق وضعیت فتوسینتیم II (PSII) را بدست آورد. تشخیص مکان‌های ژنی کمی صفات مربوط به فلورسانس کلروفیل نقش عمده‌ای در درک مکانیسم‌های ژنتیکی فتوسنتز دارد. در تحقیق حاضر، برای مکان‌یابی ژنومی کنترل کننده صفات فلورسانس کلروفیل جو (*Hordeum vulgare L.*) از ۱۰۶ لاین F<sub>8</sub> حاصل تلاقی دو رقم بادیا×کویر استفاده شد. لاین‌های مورد بررسی در قالب طرح کاملاً تصادفی با دو تکرار کشت شدند. صفات مورد بررسی شامل ABS/CS<sub>0</sub>، Fv/Fm، Area، DI<sub>0</sub>/RC، ABS/RC، RE<sub>0</sub>/RC، TR<sub>0</sub>/RC، psi(E<sub>0</sub>)، DI<sub>0</sub>/CSm، ABS/CSm، DI<sub>0</sub>/CS<sub>0</sub>، TR<sub>0</sub>/CS<sub>0</sub>، Sm بودند. نقشه پیوستگی با استفاده از ۱۵۲ نشانگر چند شکل SSR، ۷۲ آلل ISSR، ۷ آلل IRAP، ۲۹ آلل CAAT، ۲۷ آلل Scot و ۱۵ آلل iPBS تهیه شد. نشانگرهای مولکولی استفاده شده روی ۷ کروموزوم جو منتسب شدند. نقشه حاصل ۹۹۹/۲ سانتی‌مورگان طول ژنوم جو را پوشش داد و میانگین فاصله بین دو نشانگر مجاور از یکدیگر ۳/۳۸۷ سانتی‌مورگان شد. سه QTL بزرگ اثر برای Area، psi(E<sub>0</sub>) و Dio / Rc روی کروموزوم ۶ در فاصله بین ISSR31-1-Bmag0867 در موقعیت ۶۲ سانتی‌مورگان مشخص شد که به ترتیب ۱۷/۲٪، ۳۱/۵٪ و ۱۵/۹٪ از تغییرات را توجیه نمودند. همچنین برای پارامترهای ABS/CS<sub>0</sub>، TR<sub>0</sub>/CS<sub>0</sub>، ABS/CSm و DI<sub>0</sub>/CSm روی کروموزوم ۶ در موقعیت ۷۲ QTL مشترک مکان‌یابی شدند. نتایج به دست آمده در مطالعه حاضر، اطلاعات ارزشمندی در زمینه مبنای ژنتیکی پارامترهای مورد مطالعه ارائه می‌دهد که می‌توان از آنها در برنامه اصلاحی جو از جمله انتخاب به کمک نشانگر استفاده نمود.

واژگان کلیدی: جو (*Hordeum vulgare L.*)؛ فلورسانس کلروفیل؛ QTL؛ نشانگرهای مولکولی

Please cite this paper as: Makhtoum S, Sabouri H, Gholizadeh A, Ahangar L, Katouzi M. 2021. Quantitative genes controlling chlorophyll fluorescence attributes in barley (*Hordeum vulgare L.*). J Genet Resour 7(1): 72-86. doi: 10.22080/jgr.2021.20190.1226.

## شناسایی گیاهان دارویی با ارزش با غربالگری فعالیت آنتی‌اکسیدانی: مطالعه موردی پاوه و اورمانات، غرب ایران

محمد صانعی<sup>۱</sup>، عظیم قاسم نژاد<sup>۱\*</sup>، علیرضا صادقی ماهونک<sup>۲</sup>، سید محمد معصومی<sup>۳</sup> و خلیل قربانی<sup>۴</sup>

<sup>۱</sup>گروه علوم باغبانی، دانشکده تولید گیاهی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

<sup>۲</sup>گروه مهندسی صنایع غذایی، دانشکده صنایع غذایی، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

<sup>۳</sup>گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه رازی کرمانشاه

<sup>۴</sup>گروه مهندسی آب، دانشکده آب و خاک، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی گرگان

### چکیده

اخیراً، اثرات مفید ترکیبات ثانویه گیاهان برای درمان و بهبود بیماری‌ها بسیار مورد توجه است. تحقیق حاضر بر پایه طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در منطقه پاوه و اورمانات استان کرمانشاه انجام شد. برای این منظور، پس از مطالعه گیاهان منطقه، ۱۰ خانواده گیاهی پرپراکنش شامل آپاسه، آستراسه، براسیکاسه، براگوژیناسه، پولیگوناسه، فاباسه، لامیاسه، لیلیاسه، رزاسه و سولاناسه انتخاب شدند. در هر مورد، سه گونه گیاهی با سه تکرار شناسایی و به طور تصادفی در زمان گلدهی از فروردین تا شهریور جمع‌آوری شد. پتانسیل آنتی‌اکسیدانی نمونه‌ها به چهار روش DPPH، FRAP، ABTS و TAC ارزیابی شد. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اختلاف معنی‌داری بین صفات اندازه‌گیری شده در گونه‌های گیاهی و همچنین خانواده گیاهی با احتمال ۹۹٪ وجود دارد. در میان گیاهان مورد مطالعه، *Pimpinella kotschyana* Boiss از خانواده آپاسه، *Bellevalia dichroa* Hausskn و *Muscari neglectum* Guss از خانواده لیلیاسه با استفاده از روش‌های مختلف بالاترین فعالیت آنتی‌اکسیدانی را نشان دادند. همچنین نتایج نشان داد که در میان خانواده‌های گیاهی مورد مطالعه آستراسه، براسیکاسه و لیلیاسه، پتانسیل آنتی‌اکسیدانی قابل توجهی از خود نشان داده و می‌توانند در تحقیقات بعدی مورد بررسی بیشتری قرار گیرند.

واژگان کلیدی: تنوع گیاهی؛ گیاهان دارویی؛ فعالیت آنتی‌اکسیدانی؛ کرمانشاه

Please cite this paper as: Sanei M, Ghasemnezhad A, Sadeghi Mahounak A, Masoumi M, Ghorbani K. 2021. Screen of antioxidant activity leads to recognition of high valuable medicinal plants: A case study of Paveh and Ormanat, west of Iran. *J Genet Resour* 7(1): 87-105. doi: 10.22080/jgr.2021.20033.1213.



## ردیابی و خصوصیات مولکولی دو گونه پوتی ویروس از مزارع کدوئیان شمال غرب کشور

فرشته مرتضی<sup>۱</sup>، سویل نعمت الهی<sup>۱</sup>، داود کولیوند<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه گیاهپزشکی، دانشگاه آزاد اسلامی - واحد تبریز، تبریز، ایران  
<sup>۲</sup> گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

### چکیده

کدوئیان متعلق به تیره Cucurbitaceae و یکی از مهمترین محصولات زراعی کشت شده در سطح وسیع در جهان و ایران هستند. به منظور ردیابی و تجزیه و تحلیل تبارزایی *Potyvirus* ها، تعداد ۲۱۵ نمونه برگگی از خیار، کدو، طالبی و هندوانه که دارای علائمی نظیر تغییر شکل، کاهش اندازه برگ، تاول برگگی، موزائیک خفیف تا شدید، تغییر شکل میوه و کوتولگی از ده منطقه زیر کشت این محصولات در استان آذربایجان غربی و در طی سالهای ۲۰۱۵-۲۰۱۶ جمع آوری گردید. با تلقیح عصاره گیاهان علائم دار روی *Cucurbita pepo* به عنوان گیاه محک طیف وسیعی از علائم ویروسی مشاهده گردید. سپس RNA از هفتاد نمونه علائم دار استخراج گردید و بخشی از ژن RNA Polymerase وابسته به RNA (Nib) به طول ۳۵۰ جفت باز با استفاده از آغازگرهای عمومی (Nib2F/Nib3R) در واکنش RT-PCR مورد تکثیر قرار گرفت. نتایج نشان داد که ۳۸/۷۵٪ از نمونه ها به پوتی ویروس ها آلوده بودند. پنج فرآورده PCR متعلق به میزبانهای مختلف با طول مورد انتظار ۳۵۰ نوکلوتید تعیین توالی شد. یک نمونه (Ir-Na: MH491979) به عنوان ویروس موزائیک هندوانه شناسایی شد در حالیکه چهار نمونه دیگر (Ir-Pi: MH491981, Ir-Ng: MH491980, Ir-Ma: MH491979, Ir-Ur: MH491982) به عنوان ویروس موزائیک زرد کدو شناسایی شدند. در تجزیه و تحلیل تبارزایی براساس Maximum-Likelihood سه جدایه (Ir-Ng, Ir-Pi, and Ir-Ur) ویروس موزائیک زرد کدو در زیر گروه I قرار گرفتند در حالیکه یک جدایه Ir-Ma این ویروس در زیر گروه II از گروه A قرار گرفتند. همچنین جدایه Ir-Na ویروس موزائیک هندوانه نیز در زیر گروه CL قرار گرفت.

**واژگان کلیدی:** ردیابی، آغازگر عمومی، ویروس موزائیک زرد کدو، ویروس موزائیک هندوانه

Please cite this paper as: Morteza F, Nematollahi S, Koolivand D. 2021. Detection and molecular characterization of two Potyvirus species on cucurbits from Northwestern of Iran. *J Genet Resour* 7(1): 106-115. doi: 10.22080/jgr.2021.20641.1232.

## ارزیابی فعالیت ضد قارچی دفسین (*Tfgd2*) با استفاده از بیان هتروولوگوس آن در *E. coli*

شیوا شیعه بیکی، مصطفی مطلبی، محمدرضا زمانی و عصمت جورابچی

پژوهشکده زیست فناوری کشاورزی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران، ایران

### چکیده

دفسین‌ها یکی از بزرگ‌ترین خانواده‌ی پپتیدهای ضد میکروبی می‌باشند که می‌توانند به‌عنوان عوامل ضد قارچی در کنترل قارچ‌های بیماری‌زای گیاهی مورد استفاده قرار گیرند. بدین منظور cDNA ژن دفسین گیاه شنبلیله بعد از تایید در ناقل بیانی پروکاریوتی pET26 b(+) همسانه‌سازی و تأیید شد. پس از انتقال سازه نوترکیب جدید به نام pETSH1 به میزبان بیانی *E. coli* B121(DE3) مراحل بهینه‌سازی بیان به‌وسیله تست تاگوچی انجام و پروتئین نوترکیب دارای His-tag بیان شده به‌وسیله روش‌های SDS-PAGE و وسترن بلات تأیید شد. در نهایت با استفاده از روش کروماتوگرافی میل ترکیبی به‌وسیله ستون Ni-NTA، پروتئین نوترکیب TFGD2 تخلیص شد. در ادامه به‌منظور بررسی فعالیت پروتئین TFGD2 در برابر قارچ‌های بیماری‌زای *Alternaria Sclerotinia sclerotiorum Rhizoctonia solani Fusarium oxysporum Verticillium dahliae* و *solani* از آزمون‌های زیست‌سنجی استفاده شد. نتایج این آزمون‌ها حاکی از فعالیت بازدارندگی پروتئین دفسین گیاه شنبلیله در برابر قارچ‌های مورد بررسی بود.

واژگان کلیدی: فعالیت ضد قارچی؛ دفسین؛ TFGD2؛ SYTOX Green؛ پروتئین مرتبط با بیماری‌زایی

**Please cite this paper as:** Shiehbeiki S, Motallebi M, Zamani M, Jourabchi E. 2021. Evaluation of antifungal activity of defensin (*Tfgd2*) using its heterologous expression in *E. coli*. *J Genet Resour* 7(1): 116-124. doi: 10.22080/jgr.2021.20205.1227.

## کندر بیان ژن *FMRI* را افزایش داده، باعث بهبود نقص حافظه ناشی از *AIC13* در موش صحرایی می شود

محمد خلیج کندری\*، مینا خواجه دهی و زینب شقایق ترکداری

گروه زیست شناسی جانوری، دانشکده علوم طبیعی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

### چکیده

آلزایمر یک بیماری چند عاملی است که عوامل ژنتیکی و محیطی متعددی در رشد و پیشروی آن دخیل هستند. از جمله این عوامل می توان به فاکتورهای التهابی، استرس اکسیداتیو، اختلال عملکرد میتوکندری و به ویژه افزایش سن اشاره کرد. آلومینیوم از جمله عوامل سمی محیطی است که به واسطه تخریب عملکرد حافظه در پیشروی بیماری های تحلیل برنده عصبی همچون آلزایمر درگیر است. از طرف دیگر، شواهدی مبنی بر دخالت محصول پروتئینی حاصل از بیان ژن *FMRI* (Fragile X mental retardation 1) در بروز آلزایمر وجود دارد. این پروتئین تنظیمی با اتصال به RNA حاصل از ژن پروتئین پیش ساز آمیلوئید (APP) بیان این ژن را تعدیل و از مشارکت آن در بروز آلزایمر ممانعت می کند. در مطالعه حاضر، تاثیر درمانی و حفاظتی تیمار کندر بر مدل های آلزایمری موش های صحرایی با تست رفتاری ماز آبی موریس (Morris Water Maze) و روش *real-time PCR* مورد بررسی قرار گرفت. تست های عنوان شده به ترتیب برای سنجش حافظه فضایی موش های صحرایی و پروفایل بیانی *FMRI* در هیپوکامپ موش های تیمار شده مورد استفاده قرار گرفت. همچنین از داروی ریواستیگمین به عنوان کنترل بهره گرفته شد. براساس نتایج حاصل از ماز آبی موریس، کندر و ریواستیگمین علاوه بر جلوگیری از اختلال حافظه در نتیجه تیمار *AIC13*، آسیب حافظه حاصل از مصرف *AIC13* را نیز بهبود می بخشند. نتایج *Real-time* افزایش بیان *FMRI* را بعد از تیمار کندر و ریواستیگمین نشان می دهد. همچنین کندر و ریواستیگمین کاهش بیان *FMRI* القا شده به واسطه *AIC13* را نیز تعدیل می کنند، گرچه تاثیر ریواستیگمین تا حدودی قویتر از کندر می باشد. در نهایت، نتیجه گیری کلی نشانگر این احتمال است که کندر حداقل تا حدی به واسطه تحت تاثیر قرار دادن بیان ژن *FMRI*، در ممانعت و درمان اختلال حافظه موثر می باشد.

واژگان کلیدی: بیماری آلزایمر؛ کندر؛ ماز آبی موریس؛ ریواستیگمین

Please cite this paper as: Khalaj-Kondori M, Khajehdehi M, Shaghghi Torkdari Z. 2021. Frankincense upregulates the *FMRI* gene and alleviates *AIC13*-induced memory impairment in rats. *J Genet Resour* 7(1): 125-132. doi: 10.22080/jgr.2021.20581.1231.

## بیان متغیر ژن کاندید *NCED1* در بین دسترسی به لوبیای چشم بلبلی تحت شرایط مختلف تنش خشکی

آبیولا توئین آجای<sup>۱</sup>، آلابا امانوئل باداموسی<sup>۱</sup>، ویکتور اولوگبگنا اولومکون<sup>۱</sup> و آیدو اولاپوسی اوموتوی<sup>۲</sup>

<sup>۱</sup> گروه علوم گیاهی و بیوتکنولوژی، دانشگاه Adekunle Ajasin، ایالت Ondo، نیجریه

<sup>۲</sup> گروه بیوشیمی، دانشگاه Adekunle Ajasin، ایالت Ondo، نیجریه

### چکیده

تنش خشکی، بهره وری لوبیای چشم بلبلی را به میزان قابل توجهی کاهش می دهد. اطلاعات مربوط به تنوع ژنتیکی برای بیان ژنهای کاندید متفاوت برای تحمل به خشکی در بین ژنوتیپهای لوبیای چشم بلبلی، که برنامه بهبود آنها می تواند تهیه شود، محدود به نیجریه است. بیان متغیر ژن کاندید *NCED1* در لوبیا چشم بلبلی در شرایط مختلف تنش خشکی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. آغازگرهای مبتنی بر *NCED1* و *P-Actin* (که به عنوان کنترل داخلی استفاده می شود) در شرایط تنش خشکی و بدون تنش، محصولات PCR با موفقیت تکثیر کردند. در میان گیاهان مقاوم به خشکی میانگین ( $STI > 0.57$ ) و موارد حساس (میانگین  $STI < 0.57$ )، پاسخهای متناقض مشاهده شد. تحت فشار تنش خشکی، بیان *NCED1* در همه نمونه‌ها به جز در AC10، AC11، AC13 (نمونه های مقاوم) و AC12 (نمونه حساس) مهار شد. نتایج حاصل از شرایط تنش دار و بدون استرس تأیید کرد که ژن در هر دو حالت بیان می شود. با توجه به گراف، نمونه‌ها به چهار گروه عمده تقسیم شدند. بیشتر نمونه‌های مقاوم در گروه‌های I و II، در حالی که بیشتر نمونه‌های حساس، گروه-های III و IV را اشغال کردند. نمونه‌های مقاوم مانند AC22، AC15، AC23، AC13، AC10، AC11 و AC21 که ارتفاع بیشتر و وزن بیشتر ریشه خشک را تحت تنش خشکی با شاخص های تحمل تنش (STIs) ترکیب می کردند، بیان ژن بالاتری را در دو شرایط کنترل و تنش خشکی داشتند. بنابراین، ارتباط مثبت بین بیان ژن در هر دو شرایط و ارتفاع گیاه تحت تنش، از یک سو، وزن ریشه خشک تحت تنش از سوی دیگر و STI ها تأیید می کند که بیان ژن *NCED1* ممکن است در تحمل به خشکی لوبیا چشم بلبلی دخیل باشد. از این رو، انتخاب لوبیا چشم بلبلی بر اساس سطوح بالاتری از بیان ژن در بین ترکیبات تحت هر دو شرایط ممکن است برای پرورش لوبیا چشم بلبلی مقاوم به خشکی موثرتر باشد.

واژگان کلیدی: تنش خشکی؛ لوبیای چشم بلبلی؛ محصولات PCR؛ آغازگرها؛ تنوع

Please cite this paper as: Ajayi AT, Gbadamosi AE, Olumekun VO, Omotuyi IO. 2021. Variable expression of the candidate gene *NCED1* among cowpea accessions under different drought stress conditions. *J Genet Resour* 7(1): 133-143. doi: 10.22080/jgr.2021.20645.1233.