

بررسی ارتباط پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی C>A-160 در ناحیه ی پرموتوری ژن CDH1 با سرطان معده: یک مطالعه ی مورد-شاهدی

مجید تفریحی^{۱*}، سوگند کلانتری^۱، محمد شکرزاده^۲

^۱ گروه زیست شناسی مولکولی و سلولی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه مازندران، بابلسر، مازندران، ایران

^۲ گروه سم شناسی، دانشکده داروسازی، مرکز تحقیقات علوم دارویی مازندران، دانشگاه علوم پزشکی مازندران، ساری، ایران

چکیده

پروتئین E-cadherin نوعی پروتئین سرکوب کننده ی تومور می باشد که نقش مهمی در اتصالات سلولی و معماری بافت ایفا کرده و این طور فرض می گردد که در بروز سرطان موثر باشد. نشان داده شده است که یک پلی مورفیسم در بالادست محل شروع رونویسی از ژن CDH1 بر فرآیند تنظیم رونویسی پروتئین E-cadherin تأثیر گذاشته و به نظر می رسد با انواع سرطان ها در ارتباط باشد. در این مطالعه برای اولین بار ارتباط میان پلی مورفیسم rs16260 که در ناحیه ی غیر قابل ترجمه ی 5' ژن CDH1 قرار گرفته و سرطان معده در جمعیت ایران را مورد بررسی قرار دادیم. ۷۸ فرد بیمار مبتلا به سرطان معده و ۷۲ فرد سالم برای بررسی این پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی مورد آزمایش قرار گرفته و با استفاده از روش PCR-RFLP ژنوتیپ آن ها مشخص گردید. نتایج ما نشان دهنده ی این است که ژنوتیپ AA در بیماران مبتلا به سرطان معده (۱۶ از ۷۸ مورد، ۲۰/۵٪) فراوانی بیشتری نسبت به افراد سالم داشته (۹ از ۷۲ مورد، ۱۲/۵٪) و فراوانی آلل A نیز در گروه بیماران بیشتر از افراد سالم می باشد (۱/۹۶۲-۰/۷۷۲، ۹۵٪CI= ۱/۲۳۱، OR= ۰/۳۸۳، p-value=۰). با این حال تجزیه و تحلیل آماری بیانگر عدم ارتباط ژنوتیپ AA و خطر ابتلا به سرطان معده می باشد (۴/۵۰۲-۰/۶۵۶، ۹۵٪CI= ۱/۷۱۹، OR= ۰/۲۶۸، p-value=۰). در نهایت نتایج نشان می دهد که این جایگزینی و ژنوتیپ AA تأثیر عمده ای بر روی حساسیت ابتلا به سرطان معده نداشته بنابراین ممکن است این پلی مورفیسم تک نوکلئوتیدی یک عامل خطر وابسته به قومیت باشد. علاوه بر این جهت دستیابی به نتایج بهتر، لازم است نمونه گیری در ابعاد بزرگتر و نیز بررسی معیارهایی مانند عفونت افراد به هلیکوباکتر *H. pylori* مورد توجه قرار گیرد.

کلمات کلیدی: سرطان معده؛ ژن CDH1؛ پروتئین E-cadherin؛ ناحیه ی پرموتوری

Please cite this paper as: Tafrihi M, Kalantari S, Shokrzadeh M. 2019. Association of the -160 C>A Polymorphism in the CDH1 Promoter with Gastric Cancer: A Case-control Study. *J Genet Resour* 5(1): 1-8. DOI: 10.22080/jgr.2019.15741.1123

گوناگونی عدد کروموزومی در جمعیت های ایرانی گیاه وج (*Acorus calamus*)

عباس قلی پور

گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

چکیده

سطوح پلوئیدی مختلفی برای گیاه دارویی وج با نام علمی *Acorus calamus* از دیپلوئید ($2n=2x=24$) تا هگزاپلوئید ($2n=6x=72$) گزارش شده است. مطابق اطلاعات موجود، رابطه معنی داری بین سطح پلوئیدی و ترکیبات شیمیایی اسانس و خواص دارویی این منبع ژنتیکی مهم وجود دارد. با توجه به اینکه این گیاه اخیراً در ایران بازیابی شده است، اطلاعاتی در مورد عدد کروموزومی آن در دسترس نمی باشد. این پژوهش به منظور تعیین عدد کروموزومی و سطح پلوئیدی سه جمعیت این گیاه در ایران انجام شد. ریشه های تازه روئیده شده از سطح ریزوم جدا شده، پس از پیش تیمار با محلول ۸-هیدروکسی کوئینولین ۰/۰۰۲ مولار به مدت ۲ تا ۳ ساعت، در محلول کارنوی به مدت ۲۴ ساعت تثبیت شدند. سپس ریشه های تثبیت شده، در محلول اسید کلریدریک ۱ نرمال به مدت ۳۰ دقیقه در دمای ۶۰ درجه هیدرولیز شدند. نمونه ها پس از رنگ آمیزی با استوارسین دو درصد، اسکواش شدند. تعداد کروموزوم سوماتیکی و جزئیات کاریوتیپ هر یک از جمعیت ها با استفاده از حداقل پنج گسترش متافازی مناسب مطالعه شدند. جمعیت های مطالعه شده از نظر خصوصیات سیتوژنتیکی؛ عدد کروموزومی و سطح پلوئیدی گوناگونی جالبی نشان دادند. جمعیت های ارزفون و پلسک دو عدد کروموزومی؛ $2n=2x=24$ و $2n=3x=36$ داشتند، درحالیکه جمعیت الندان عدد کروموزومی $2n=3x=36$ را نشان داد. طول کل کروموزوم های هاپلوئید جمعیت های ارزفون، پلسک و الندان به ترتیب $۱۳/۸۲$ ، $۱۱/۳۳$ و $۱۱/۳$ میکرومتر بودند. بلندترین کروموزوم با اندازه $۱/۴۸$ میکرومتر در جمعیت ارزفون و کوتاه ترین کروموزوم با اندازه $۰/۶۱$ میکرومتر در جمعیت پلسک مشاهده شد. وجود این تنوع ژنتیکی در راهبردهای اهلی سازی این گیاه دارویی و استفاده از سیتوتیپ مناسب با اهمیت است. بر اساس نتایج این پژوهش و اطلاعات موجود، عدد پایه کروموزومی گیاه دارویی وج $X=12$ است.

واژگان کلیدی: *Acorus calamus*؛ عدد کروموزومی؛ گیاه دارویی؛ سطح پلوئیدی

Please cite this paper as: Gholipour A. 2019. Chromosome Number Variation in Iranian Populations of *Acorus calamus*. J Genet Resour 5(1): 17-21. DOI: 10.22080/jgr.2019.15622.1121

ساختار ژنتیکی تحمل به شوری در برنج در مرحله‌ای گیاهچه‌ای

سمیه سنجولی^۱، محمود قربانزاده نقاب^۱، حسین صبوری^{۲*}، محمد زارع مهرجردی^۱
^۱دانشکده کشاورزی، مجتمع آموزش عالی شیروان، خراسان شمالی، ایران
^۲گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

چکیده

در این مطالعه جمعیت برنج حاصل از تلاقی بین رقم مقاوم اهلمی طارم و رقم حساس ندا مورد بررسی قرار گرفت. بذور جوانه زده به مدت سه روز در آب قرار گرفتند و سپس به مدت ۱۱ روز به محلول غذایی یوشیدا منتقل شدند. دو هفته بعد از کاشت، گیاهچه‌ها در محلول غذایی حاوی ۱۹.۵۱ میلی‌مولار NaCl (هدایت الکتریکی ۶ دسی‌زیمنس بر متر) به مدت یک هفته قرار گرفتند، سپس غلظت NaCl به ۱۶۳/۸ میلی‌مولار به مدت یک هفته افزایش یافت. بعد از این مدت صفات اندازه‌گیری شدند. نقشه پیوستگی جمعیت F8 با استفاده از ۴۰ نشانگر SSR، ۱۶ نشانگر ISSR (۷۶ آلل تکثیر شده چند شکل)، دو نشانگر IRAP (۷ آلل تکثیر شده چند شکل)، یک نشانگر iPBS (۳ آلل تکثیر شده چند شکل) تهیه شد. طول نقشه ۱۴۱۹ سانتی‌مورگان و میانگین فاصله بین دو نشانگر مجاور ۱۳/۰۷ بود. در مجموع ۷۳ QTL برای ۲۰ صفت در شرایط نرمال و تنش شناسایی شد. از بین این QTL ها qCHLN-8، qSLN-8، qSLN-8، qWLN-9، qLAN-3، qLAN-8، qLAN-9 و qSL-8، qRFWN-1، qRFWN-3b، qRFWN-8، qFBN-7، qRDN-1a، qRDN-3 و qNaKSHN-5 در شرایط نرمال و qSL-8، qNaKSH-4، qKSH-1، qKSH-4 و qNaR-3، qLL-1a در شرایط تنش شوری شناسایی شدند و توجهی بیش از ۲۰ درصد برای صفات مربوطه داشتند. این QTL ها، با توجه به درصد بالا بودن توجیه پس از اعتبار سنجی، می‌تواند یک نامزد خوب برای برنامه‌های انتخاب به کمک نشانگر در جمعیت‌های نوترکیب برنج ایرانی باشند.

واژگان کلیدی: *Acorus calamus*؛ عدد کروموزومی؛ گیاه دارویی؛ سطح پلوئیدی

Please cite this paper as: Sanchouli S, Ghorbanzade Neghab M, Sabouri H, Zare Mehrjerdi M. 2019. Genetic Structure of Salinity Tolerance in Rice at Seedling Stage. *J Genet Resour* 5(1): 22-30. DOI: 10.22080/jgr.2019.16063.1128

بهینه سازی کشت در شیشه رز (*Rosa hybrida* L.) و انتقال ژن *RhAA* با استفاده از آگروباکتریوم تومه فاشینس

پریسا جنوبی^۱، مهسا امین صالحی^۱، خدیجه رضوی^۲، معصومه زینی پور^۱
^۱ گروه علوم گیاهی، دانشکده علوم زیستی، دانشگاه خوارزمی، تهران
^۲ موسسه بیوتکنولوژی کشاورزی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران

چکیده

گل رز یکی از مهم ترین گل های شاخه بریده در سراسر جهان است. تولید گل های با کیفیت بالا و به تأخیر انداختن پیری در گل یکی از اهداف عمده در پرورش گل است. در حال حاضر بیوتکنولوژی روشی نوین در جهت بهبود ویژگی های گل های زینتی در حال استفاده است. فن کشت بافت و بهبود تغییرات ژنتیکی پیشرفت های ارزشمندی در زمینه عملکرد گل ها ارائه می دهد. در این مطالعه پس از بهینه سازی سترون سازی برای اولین مرحله از کشت بافت، جوانه های جانبی *Rosa hybrida* cv. Coolwater در محیط کشت MS حاوی غلظت های مختلف BA استقرار یافتند. نتایج نشان داد که بیشترین سرعت رشد و استقرار در تیمار ۱/۵ میلی گرم در لیتر BA و معادل ۸۰ درصد به دست آمد. در مرحله دوم، ریز نمونه ها به محیط MS حاوی غلظت های مختلف BA، NAA و IAA منتقل شدند. نتایج حاکی از آن شد که حداکثر تعداد شاخه ها به ازای هر ریز نمونه معادل (۱۸±۸) به دست آمد که به تیمار ۳ میلی گرم در لیتر BA با ۰/۵ میلی گرم در لیتر NAA تعلق داشت. پس از آن ریز نمونه ها به محیط القای ریشه با غلظت های مختلف IBA و Phluroglusinol منتقل شدند. بهترین تیمار القای ریشه زایی در محیط MS/2 با غلظت ۳ میلی گرم در لیتر IBA و معادل ۶۲/۲۲ درصد به دست آمد. به منظور تولید گیاهان ترا ریخته، از جوانه های جانبی و *Agrobacterium tumefaciens* LBA4404 استفاده شد. دو پارامتر مؤثر بر کار آبی آلوده سازی توسط آگروباکتریوم مورد بررسی قرار گرفت که شامل زمان تلقیح نوع محیط کشت بود. زمان بهینه برای آلوده سازی ۱۰ دقیقه انتخاب شد. نتایج نشان می دهد که بهترین محیط تلقیح ۳٪ ساکارز و درصد تراریختی ۱۰٪ است. گیاهان تراریخته با استفاده از PCR تایید شدند. حضور باند ۴۷۰bp تایید حضور ژن *RhAA* در گیاهان بود. با توجه به مطالعات انجام شده، به نظر می رسد با توجه به اینکه ژن *RhAA* بر طول عمر گیاه دخالت داشته باشد، تغییر طول عمر گل در گیاهان تراریخته محتمل می باشد.

واژگان کلیدی: *Rosa hybrida*؛ کشت بافت؛ انتقال ژن؛ ژن *RhAA*

Please cite this paper as: Jonoubi P, Aminsalehi M, Razavi KH, Zeinipour M. 2019. Propagation of *Rosa hybrida* L. cv. Coolwater under Tissue Culture and Transformation of the *RhAA* Gene via *Agrobacterium tumefaciens*. *J Genet Resour* 5(1): 38-44. DOI: 10.22080/jgr.2019.16323.1131

مطالعه دو شکلی جنسی در نسبت انگشت دوم به چهارم (2D: 4D) در سوسمار شکم سبز (*Darevskia cholorogaster*) از شمال ایران

اسماعیل نوغانچی^۱، حسین جوان بخت^{۱*}

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

چکیده

دو شکلی جنسی در نسبت انگشتان به تفاوت های جنسیتی در گونه ها در پاسخ به در معرض قرار گرفتن هورمونهای پیش بارداری بستگی دارد. در این مطالعه تکوین انگشتان چهارپایان، عمدتاً نسبت طول انگشت دوم به چهارم (2D: 4D) در ۳۴ نمونه از مارمولک های *Darevskia cholorogaster* در شمال ایران مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که تفاوت معنی داری در طول انگشتان بین جنس ها وجود نداشت. نسبت انگشت دوم به چهارم بین نرها و ماده ها متفاوت بود. بطوریکه ماده ها نسبت انگشتان دوم به چهارم بزرگتری از نرها در اندام جلویی داشتند. با این وجود این تفاوت ها معنی دار نبود. دوشکلی جنسی در انگشتان دوم به چهارم، سوم به چهارم و دوم به سوم برای نرها و ماده ها با جنسیت ارتباط نداشت. نتایج ما با الگوی دیده شده در انسان و بیشتر پستانداران مطابقت داشت و با الگوی پایه دیده شده در خزندگان سازگاری نداشت. ما نتیجه گرفتیم که نسبت جنسی مشاهده شده در *D. cholorogaster* می تواند تحت تاثیر دیگر فاکتورها از جمله استفاده از زیستگاههای خرد و حرکت روی سطوح مختلف توسط این گونه در کنار الگوی پایه ژنتیکی و دیگر اثرات اکولوژیکی مانند جفتگیری و غذایابی قرار گیرد.

واژگان کلیدی: مارمولک؛ نسبت انگشت؛ عضو؛ ژن ها کس؛ دوشکلی جنسی

Please cite this paper as: Noghanchi E, Javanbakht H. 2019. Study of Sexual Dimorphism in Second-to-Fourth Digit Length Ratio (2D: 4D) in the Green-Bellied Lizard (*Darevskia cholorogaster*) from Iran. *J Genet Resour* 5(1): 45-50. DOI: 10.22080/jgr.2019.16380.1132

تحلیل مقایسه‌ای ساختار و تنوع ژنتیکی قوی فریادکش (*Cygnus cygnus*): جمعیت جدید قابل ملاحظه و تازه مستقر شده در ایران

جواد دلپسند، سید محمود قاسمپوری، حامد یوسف زاده

گروه محیط زیست (گرایش تنوع زیستی)، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه تربیت مدرس، نور، ایران

چکیده

به تازگی، جمعیت زمستانه جدیدی از قوهای فریادکش از غرب آسیا گزارش شده که با فقدان اطلاعات در مورد جمعیت و منشاء آن همراه است. درک ساختار و ارتباط ژنتیکی به منظور تعیین استراتژی‌های مدیریت برای برنامه‌های حفاظت از آن بسیار مهم است. این نمونه‌ها از دو جمعیت در شمال ایران، فنلاند، سوئد و ایسلند و لهستان جایی که به تازگی جمعیت بزرگی از آن آشیانه‌سازی می‌کنند جمع‌آوری شد. استخراج DNA ژنومی کل از خون تازه یا نمونه پر استخراج شد و شش نشانگر میکروساتلیت بر اساس میزان چندشکلی آنها انتخاب شدند. نتایج بیشترین و کمترین میزان غنای آللی را به ترتیب برای جمعیت‌های ایرانی (۵/۶) و لهستانی (۳/۴۴) نشان داد. تجزیه و تحلیل واریانس مولکولی نشان داد که ۷۷٪ و ۲۳٪ از کل تنوع به ترتیب متعلق به داخل و بین جمعیت است. تعداد ۱۱۴ قوی فریادکش از شش جمعیت در چهار استخر ژن طبقه‌بندی شدند. تجزیه و تحلیل ساختار نشان می‌دهد که جمعیت اسکاندیناوی (فنلاند، سوئد و ایسلند) از نظر جمعیتی با لهستان و با هر دو جمعیت قدیمی و جدید ایرانی متفاوت است. بطور کلی، هر دو جمعیت ایران از نظر داشتن اندوختگاه ژنی متفاوت دارای حداکثر تنوع هستند و احتمالاً جمعیت جدید ایران (فریدونکنار)، متشکل از افرادی است که از یک جمعیت قدیمی ایرانی (گیلان) به این منطقه مهاجرت کرده‌اند و برخی از افراد اسکاندیناوی نیز در بین آنان دیده می‌شوند.

واژگان کلیدی: ساختار جمعیت؛ تفاوت ژنتیکی؛ نشانگرهای SSR؛ جمعیت جدید زمستان گذران

Please cite this paper as: Delpassand A, Ghasempouri M, Yousefzadeh H. 2019. A comparative analysis of genetic diversity and structure of whooper swan (*Cygnus cygnus*): A new considerable established population in Iran. *J Genet Resour* 5(1): 51-58. DOI: 10.22080/jgr.2019.16484.1134

مطالعه عدد کروموزومی و کاریوتیپی چهار گونه جنس *Rubus* L. در شمال ایران

راضیه کسلخه^۱، عیسی جرجانی^{۱*}، حسین صبوری^۲، میثم حبیبی^۱، علی ستاریان^۳

^۱گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

^۲گروه تولیدات گیاهی، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

^۳گروه جنگلداری، دانشکده علوم کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه گنبد کاووس، گنبد کاووس، ایران

چکیده

در این پژوهش مطالعه کاریوتیپی ۷ جمعیت از چهار گونه جنس *Rubus* در ایران انجام گرفت. نتایج نشان داد که عدد کروموزومی *R. sanctus* ($2n=2x=14$) دیپلوئید، *R. caesius* و *R. discolor* ($2n=4x=28$) تتراپلوئید و *R. persicus* ($2n=8x=56$) اکتاپلوئید می‌باشد. عدد کروموزومی *R. discolor* و *R. persicus* برای اولین بار گزارش می‌شود. فرمول کاریوتیپی در بین گونه‌ها متفاوت بوده به طوری که فرمول $5m+sm+t$ برای جمعیت جویبار و $6m+t$ جمعیت بابلسر گونه *R. sanctus*، $5m+2t$ برای گونه‌های *R. caesius* و *R. discolor* $4m+3t$ فرمول گونه *R. persicus* می‌باشد. علاوه بر این، چهار گونه مورد مطالعه عدم تقارن درون کروموزومی (A1; range = 0.38-0.58) و بین کروموزومی (A2; range = 0.10-0.14) را نشان دادند و آنها به کلاس‌های تقارن کاریوتیپی 3A (*R. sanctus*)، 3B (*R. caesius*)، 2C (*R. discolor*) و 3C (*R. persicus*) تقسیم‌بندی می‌شوند. شاخص‌های درصد شکل کلی و عدم تقارن، نشانگر تغییر در ساختار کروموزومی گونه‌های *Rubus* است که در طی تنوع آنها رخ داده است. عدد کروموزومی در گونه‌های مورد بررسی از $2x$ تا $8x$ متفاوت بوده که تأیید کننده وجود پلی‌پلوئیدی در این جنس است، و به عنوان یک پدیده سیتوژنتیکی باعث تنوع در این جنس می‌باشد.

واژگان کلیدی: تمشک؛ کاریوتیپ؛ کروموزوم؛ پلی‌پلوئیدی

Please cite this paper as: Kasalkheh R, Jorjani E, Sabouri H, Habibi M, Sattarian A. 2019. Chromosome Numbers and Karyotypes of Four Species *Rubus* L. from North of Iran. *J Genet Resour* 5(1): 59-64. DOI: 10.22080/jgr.2019.16121.1129