

ارزیابی تنوع ژنتیکی ۲۸ ژنوتیپ گیلاس با استفاده از صفات مورفولوژیکی و نشانگرهای SCoT در شمال غرب ایران

یوسف عطاپور^۱، علیرضا قنبری^۱، اصغر استاجی^{۱*}، روح الله حق جویان^۲

^۱گروه علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

^۲موسسه تحقیقات علوم باغبانی کرج، ایران

چکیده

گیلاس (*Prunus avium* L.) بطور کلی در مناطقی با آب و هوای معتدله رشد می کند. به دلیل اهمیت اقتصادی گیلاس و تنوع ژنتیکی بالای آن در منطقه ارسباران (منطقه ای در شمال غرب ایران)، انتخاب ژنوتیپ های برتر به عنوان پایه های مقاوم اهمیت بالایی برای برنامه های اصلاحی دارد. در این مطالعه، تنوع ژنتیکی ۲۸ ژنوتیپ گیلاس با ۱۱ صفت کمی و ۹ صفت کیفی و همچنین نشانگرهای SCoT در منطقه آفیل اهر (منطقه ای در ناحیه ارسباران) مورد بررسی قرار گرفتند. در اولین آزمایش، صفات کمی و کیفی میوه، برگ، درخت و گل مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج همبستگی صفات نشان داد که ارتباط مثبت و معنی داری بین برخی از صفات مورفولوژیکی اندازه گیری شده وجود داشت. تجزیه خوشه ای صفات مورفولوژیکی ژنوتیپ ها را در دو گروه اصلی قرار دادند. در دومین آزمایش با استفاده از ۱۲ آغازگر SCoT، تنوع ژنتیکی ژنوتیپ های گیلاس مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد ۱۲ آغازگر مورد استفاده ۸۹/۹٪ چندشکلی نشان دادند و همچنین تعداد باندهای چندشکل بین ۲ تا ۹ باند و میانگین ۵/۳ بود. تعداد آلل های مشاهده شده (Na) و موثر (Ne)، شاخص نشانگری (MI)، قدرت تشخیص (RP) بطور میانگین برابر با ۱۱، ۸/۲۷، ۳/۷۸، ۵/۰۷ بود. تنوع بالایی در گروه بندی ژنوتیپ ها براساس تجزیه خوشه ای مشاهده شد. تجزیه خوشه ای براساس ضریب تشابه Dice و تجزیه ساختار جمعیت، جمعیت ها را به هشت گروه دسته بندی کرد. نتایج نشان داد که بین ۲۸ ژنوتیپ گیلاس تنوع ژنتیکی بالایی وجود دارد. این مطالعه، برای محافظت و مدیریت منابع ژنتیکی گیلاس برای برنامه های اصلاحی بعدی مفید خواهد بود.

واژگان کلیدی: تجزیه خوشه ای؛ نشانگر مولکولی؛ مورفولوژی؛ *Prunus avium*؛ تجزیه ساختار جمعیت

Please cite this paper as: Atapour Y, Ghanbari A, Estaji A, Haghjooyan R. 2022. Evaluation of genetic diversity of twenty-eight sweet cherry genotypes by morphological traits and SCoT markers in the Northwest of Iran. *J Genet Resour* 8(2): 138-146. doi: 10.22080/jgr.2022.22815.1293.

ارزیابی بیان ژن‌های پاسخگو به تنش خشکی گندم دوروم با استفاده از ژنومیکس مقایسه‌ای

شادی حیدری^۱، پیوند حیدری^۱ و بهارک حیدری^{۲*}

^۱ گروه اصلاح نباتات، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

^۲ گروه مهندسی کامپیوتر، واحد کرمانشاه، دانشگاه آزاد اسلامی، کرمانشاه، ایران

چکیده

با محدودتر شدن منابع آب، سطح تولید محصولات زراعی در حال کاهش است و به دنبال افزایش سریع جمعیت، استفاده بشر از محصولات غذایی اصلی افزایش یافته است. بنابراین توسعه محصولات مقاوم به خشکی با هدف کشت در مناطق خشک برای تأمین نیازهای غذایی کشور ارزش زیادی خواهد داشت. هدف از پژوهش زیر، تبیین تحمل به خشکی گندم دوروم (*Triticum turgidum* ssp. *durum*) از طریق تجزیه و تحلیل مقایسه‌ای برچسب‌های توالی بیان شده (EST) کتابخانه بدون تنش با EST ۲۵۳۴ و کتابخانه تحت تنش خشکی با EST ۴۴۸۵ بود. داده‌های اولیه از پایگاه داده دانشگاه هاروارد جمع‌آوری شد. به منظور شناسایی شباهت‌های بین دو کتابخانه، همه یونیزن‌ها با استفاده از نرم افزار EGAssembler سرهم‌بندی شدند و سپس از طریق X-blast توسط نرم افزار CLCbio در برابر پایگاه داده غیر تکراری پروتئین تجزیه و تحلیل شدند. برای شناسایی ژن‌های افتراقی بیان شده از نظر آماری، از وب ابزار IDEG6 استفاده شد. بیش از ۱۵۰ EST متفاوت توسط آماره Audic-Claverie نرم افزار IDEG6 شناسایی شد که در آن بیش از ۸۵٪ از ESTها در پاسخ به خشکی فرا تنظیم شدند. ابزار طبقه‌بندی مقایسه‌ای GoMapMan برای دسته‌بندی تفسیرهای عملکردی ژن استفاده شد. تمام یونیزن‌های افتراقی معنی‌دار به هفت گروه عملکردی، یعنی فتوستز و انرژی (۱۹٪)، مسیرهای تنظیمی (۲۵٪)، انتقال (۵٪)، هورمون‌ها، دفاع گیاه، پاسخ به تنش خشکی (۱۱٪)، متابولیسم سلولی (۱۹٪)، سازماندهی و توسعه سلولی (۴٪) و فرآیندهای متفرقه و همچنین طبقه‌بندی نشده (۱۷٪) تقسیم شدند. تجزیه و تحلیل مقایسه‌ای نشان داد که برخی از صفات امید بخش در *T. turgidum* از جمله ژن‌های مربوط به پاسخ به تنش و مسیرهای هورمونی، رشد و نمو (هلیکازها و CPL فسفاتاز)، حفظ محتوای آب سلولی (ناقلین و اسمولیت‌ها)، پایداری غشا (HSP) و جلوگیری از تجمع سموم به طور اختصاصی توسط تنش خشکی تنظیم می‌شوند. این مطالعه به طور برجسته نقش هلیکاز را در تحمل خشکی گندم دوروم نشان می‌دهد و همچنین شاخص‌هایی برای ارزیابی تحمل به خشکی *T. turgidum* با هدف استفاده از ارقام متحمل در برنامه‌های اصلاحی در مناطق خشک و نیمه خشک ایران ارائه می‌کند.

واژگان کلیدی: ژنومیکس مقایسه‌ای؛ رقم مقاوم به خشکی؛ برچسب‌های توالی بیان شده؛ گروه‌های عملکردی؛ تجزیه و تحلیل بیان ژن؛ فرآیندهای فیزیولوژیکی

Please cite this paper as: Heidari S, Heidari P, Heidari B. 2022. Evaluation of drought stress-responsive genes expression of durum wheat using comparative genomics. *J Genet Resour* 8(2): 147-157. doi: 10.22080/jgr.2022.22737.1290.

اولین گزارش از *Karyolysus* sp. (Apicomplexa: Adeleorina) از مارمولک شکم سبز *Darevskia chlorogaster* در ایران بر اساس خصوصیات مولکولی

اسماعیل نوغانچی^۱، حسین جوانبخت^{۱*} و سمیه ویسی^۲

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

^۲گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران

چکیده

انگل ها با تعامل در فرایندهای جمعیتی، شکل دادن به کل ساختارهای جامعه و کاهش چشمگیر شایستگی میزبان در طبیعت نقش مهمی در اکوسیستم ها ایفا می کنند. شاخه آپی کمپلکسا گروه متنوعی از انگل های خونی تک سلولی اجباری با پراکنش وسیع هستند. گونه های خزندگان در معرض انگل های خونی آپی کمپلکسا از جمله هموگری گارینی ها و هموسپوریدین ها قرار دارند. انگل های هموگری گارینی متعلق به زیر راسته Adeleorina، با پراکنش وسیع در مارمولک ها توزیع شده اند. جنس (*Karyolysus* Labbe, 1894 (Apicomplexa: Adeleorina: Karyolysidae) متشکل از انگل های هموگری گارین داخل سلولی است که در طیف وسیعی از جنس های مارمولک های پالئارکتیک یافت می شود. ناقل این انگل ها، مایت های گاماسید از جنس *Ophionyssus* هستند. در مطالعه حاضر، ما به شیوه مولکولی، خصوصیات انگل های خونی هموگری گارینی را در مارمولک شکم سبز *Darevskia chlorogaster* در شمال ایران مورد بررسی قرار دادیم. قسمتی از ژن 18S rRNA انگل های خونی هموگری گارینی در خزندگان با استفاده از پرایمر های Hep300 و Hep900 تکثیر شد. توالی های DNA با طول ۴۹۳ جفت باز، با توالی های DNA بدست آمده از بانک ژنی در طی بلاست هم ردیف سازی شدند. آنالیز بلاست همانندی ۱۰۰٪ با توالی گزارش شده از انگل جنس *Karyolysus* را آشکار کرد. آنالیز فیلوژنتیکی دلالت دارد که هاپلوتاایپ بدست آمده با توالی *Karyolysus* sp. (KJ461944) در مایت های *Ophionyssus* که از مارمولک *Lacerta viridis* در مجارستان جداسازی شده بود، مشابهت دارد. به علاوه این مطالعه اولین تعیین خصوصیت انگل *Karyolysus* در مارمولک های ایران و همچنین اولین گزارش از گونه های انگل *Karyolysus* است که جنس *Darevskia* را آلوده می کند. مطالعه حاضر اطلاعات بیشتری در باره میزبان جدید، پراکنش و میزبان ویژگی گونه های *Karyolysus* مهیا می کند و یافته جدیدی جهت مشخص کردن دقیق روابط فیلوژنتیک این گونه در آینده می باشد.

واژگان کلیدی: انگل های خونی؛ هموگری گارین؛ پروتوزوا؛ خزندگان

Please cite this paper as: Noghanchi E, Javanbakht H, Vaissi S. 2022. First report on *Karyolysus* sp. (Apicomplexa: Adeleorina) from green bellied lizard *Darevskia chlorogaster* in the North of Iran. *J Genet Resour* 8(2): 158-164. doi: 10.22080/jgr.2022.23027.1298.

آنالیز درون رایانه‌ای برهمکنش‌های احتمالی جدید RNA و پلی مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی مضر مرتبط با ژن‌های *MSX2*، *SHH*، *SMAD7* و *TFAP2* در تکامل دندان

ساجده نقیان فشارکی، سجاد سی سخت نژاد*

گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه رازی، کرمانشاه، ایران

چکیده

شناسایی پروفایل‌های بیان ژن، برهمکنش‌های RNA، الگوهای تنظیم ژن و چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNPs) برای تعیین سازوکارهای مولکولی دخیل تکامل طبیعی دندان‌ها (آدونتوز) و آسیب‌شناسی اختلالات دهان و دندان مهم می‌باشد. بنابراین، این مطالعه درون رایانه‌ای، با هدف شناسایی پروتئین‌های جدید، برهمکنش‌های RNA و SNPs مضر مرتبط با چهار ژن اصلی دخیل در فرآیند تکامل دندان (*TFAP2*، *SMAD7*، *SHH*، *MSX2*) انجام شد. پس از غنی‌سازی مسیر و آنالیز هستی‌شناسی ژن، برهمکنش‌ها و شبکه‌های پروتئین-پروتئین، mRNA-microRNA (miRNA) و RNA-miRNA غیرکد کننده (lncRNA) برای ژن‌های انتخاب شده با استفاده از آنالیزهای بیوانفورماتیک یکپارچه تعیین شد. همچنین، SNPs بالقوه مضر در ژن‌های انتخاب شده شناسایی شدند و در نهایت اعتبار و پیامدهای آنها بر ساختار پروتئین‌ها توسط ابزارهای بیوانفورماتیک اختصاصی بررسی شد. نتایج این مطالعه *UBE2I*، *RNF111*، *MYBL2* و *VEGFA* را به عنوان فاکتورهای جدیدی که ممکن است در تکامل دندان دخیل باشند معرفی کرد. همچنین مشخص شد که *SHH*، *MSX2* و *TFAP2A* به ترتیب توسط *hsa-miR-6775-5p*، *hsa-miR-149-3p* و *hsa-miR-432-5p* هدف قرار می‌گیرند. علاوه بر این، *hsa-miR-134-5p* بیان ژن‌های *SHH* و *TFAP2A* را تنظیم کرد. *LINC02035* و *C3orf35* نیز به عنوان lncRNAs مهمی معرفی شدند که ممکن است در شبکه RNA درون‌زای رقابتی با *SHH* برای اتصال به *hsa-miR-149-3p* دخیل باشند. همچنین، *LINC00319* با *hsa-miR-6775-5p* برهمکنش و به‌طور غیرمستقیم بیان *MSX2* را تنظیم کرد. ما همچنین انواعی از SNPs را در ژن‌های مورد بررسی، شناسایی کردیم که ساختار طبیعی و در نتیجه عملکرد پروتئین‌های مرتبط خود را تغییر دادند. این مطالعه، برای اولین بار، پروتئین‌ها، miRNAs، lncRNAs و SNPs را معرفی می‌کند که ممکن است برای تکامل طبیعی دندان و آسیب‌شناسی بیماری‌های دهان و دندان مهم باشند.

واژگان کلیدی: آنالیز بیوانفورماتیک؛ lncRNA؛ miRNAs؛ SNP؛ ژن‌های تکامل دندان

Please cite this paper as: Naghiyan Fesharaki S, Sisakhtnezhad S. 2022. *In silico* analysis of possible novel RNA interactions and deleterious single nucleotide polymorphisms related to *MSX2*, *SHH*, *SMAD7* and *TFAP2* genes involved in odontogenesis. *J Genet Resour* 8(2): 165-177. doi: 10.22080/jgr.2022.23318.1304.

مطالعات سیستماتیک روی جمعیت های *Medicago orbicularis* (L.) Bartal.

بررسی خصوصیات مولکولی، مورفولوژیکی و اکولوژیکی

زهرا مرشدی^۱، مصطفی اسدی^۲، ارنست اسمال^۳، محمد مهدی دهشیری^۴، ایرج مهرگان^۱

گروه زیست شناسی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

^۲مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

^۳گروه علوم و تکنولوژی، مؤسسه کشاورزی و کشاورزی- غذایی کانادا، اتاوا، کانادا

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

چکیده

در این مقاله، صفات مورفولوژیکی نیام یازده جمعیت *Medicago orbicularis* (L.) Bartal که از مناطق غرب، شمال غرب و جنوب غرب ایران جمع آوری شده اند مورد بررسی قرار گرفته است. علاوه بر این، تنوع نواحی فاصله انداز داخلی (nrITS, ITS1+5.8s+ITS2) در چهار جمعیت *M. orbicularis* مورد تجزیه و تحلیل و بررسی قرار گرفت. تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک مولکولی نشان داد که تمام جمعیت های *M. orbicularis* یک کلاد مونوفیلتیک با درجه حمایت خوبی را تشکیل می دهند در حالی که هیچ الگوی جغرافیایی خاصی مشاهده نشد. نتایج تحلیل مولفه های اصلی (PCA) و تحلیل خوشه ای (روش وارد) (علی رغم منفی شدن تست متل)، نشان دهنده رابطه بین مورفولوژی و توزیع جغرافیایی جمعیت ها بود. علاوه بر این، سه گروه جغرافیایی متمایز با استفاده از PCA و تجزیه و تحلیل خوشه ای تعیین شدند. تجزیه و تحلیل همبستگی بین متغیرهای اکولوژیکی و صفات مورفولوژیکی اغلب منفی بود. با این حال، ارتفاع، میانگین درجه حرارت و میانگین دمای ماهانه خاک همبستگی مثبت نشان دادند. اثر نسبی باد بر تمامی صفات مورفولوژیکی نیز مشاهده شده است. دو صفت مورفولوژیکی - تعداد کل دانه (STN) در غلاف و قطر میوه (FDM) - تنوع معنی داری را نشان دادند. بین دو صفت مذکور در تمامی جمعیت ها رابطه مستقیمی مشاهده شد. پاه (PVH) و مریوان (MRV) با بالاترین میزان STN و FDM پتانسیل مفیدی را برای برنامه های اصلاحی و حفاظتی در آینده نشان دادند. در مجموع، می توان اینطور فرض کرد که میزان بالای STN در *M. orbicularis* (در مقایسه با گونه های دیگر *Medicago* مورد مطالعه در ایران مانند *M. minima*، *M. polymorpha* و *sinskie*) و همچنین تأثیر باد بر توزیع بذر دو عامل اصلی موثر در ایجاد الگوی جغرافیایی و تنوع مورفولوژیکی می باشند.

واژگان کلیدی: کلادیستیک؛ اثرات اکولوژیکی؛ ITS؛ Phenetic؛ فیلوژنی

Please cite this paper as: Morshedi Z, Assadi M, Small E, Dehshiri MM, Mehregan I .2022. Systematic studies on populations of *Medicago orbicularis* (L.) Bartal.: Molecular, morphological and ecological characterizations. *J Genet Resour* 8(2): 178-187. doi: 10.22080/jgr.2022.23209.1301.

ارتباط استروئیدهای تخمدان در مایع فولیکولی با میزان حاملگی در زنان مبتلا به تخمدان

پلی کیستیک یا سالم در طی لقاح آزمایشگاهی (IVF)

ریحانه محمدی^۱، سمیه عرب زاده^{۱*}، سهامه محبی^۱

^۱گروه زیست شناسی، دانشکده علوم پایه، مؤسسه آموزش عالی آل طه، تهران، ایران

چکیده

هدف از این مطالعه بررسی تأثیر احتمالی غلظت پروژسترون (P4)، استرادیول (E2) و تستوسترون (T) در مایع فولیکولی (FF) بر میزان لقاح، لانه‌گزینی و حاملگی بیوشیمیایی در بیماران مبتلا به تخمدان پلی کیستیک (PCO) در طی درمان لقاح آزمایشگاهی (IVF) می‌باشد. در این مطالعه، ۳۰ خانم با تخمک‌گذاری نرمال (کنترل) در رنج سنی ۲۴ تا ۴۲ سال و ۲۶ خانم مبتلا به PCO، در رنج سنی ۲۱ تا ۳۷ سال تحت درمان IVF از دو بیمارستان انتخاب شدند. در روز بازیابی تخمک، مایع فولیکولی از بیش از یک فولیکول قبل از تخمک‌گذاری برای اندازه‌گیری میزان هورمون‌ها با استفاده از روش الیزا جمع‌آوری شد. ارتباط بین میزان استروئیدهای ذکر شده با نسبت لقاح، لانه‌گزینی و حاملگی بیوشیمیایی با استفاده از آزمون‌های آماری اسپیرمن، من ویتنی و رگرسیون بررسی شد. در بین پیامدهای ارزیابی شده، در گروه PCO، سطح مایع فولیکولی E2 و T همبستگی معکوس معنی‌داری با میزان لقاح نشان داد ($P=0.050$). در هر دو گروه، میزان مایع فولیکولی E2/T با میزان لانه‌گزینی ($P=0.024$ گروه کنترل، در مقابل $P=0.009$ گروه PCO) و حاملگی بیوشیمیایی ($P=0.020$ گروه کنترل، در مقابل $P=0.012$ گروه PCO) همبستگی مثبت نشان داد. علاوه بر این، در گروه کنترل میزان E2/P4 مایع فولیکولی هم با میزان لانه‌گزینی ($P=0.047$) و هم با میزان حاملگی بیوشیمیایی ($P=0.050$) ارتباط مثبت نشان داد. نتایج ما برای اولین بار نشان داد که میزان بالای E2 و T مایع فولیکولی ممکن است بر کاهش نسبت لقاح تأثیر بگذارد. نسبت E2/T می‌تواند فاکتور مناسبی جهت پیش‌بینی نسبت لانه‌گزینی و حاملگی موفقیت‌آمیز بدون توجه به علت ناباروری باشد. همچنین، در خانم‌هایی با تخمک‌گذاری نرمال، نسبت E2/P4 می‌تواند فاکتور پیش‌بینی‌کننده مطلوبی برای میزان لانه‌گزینی و حاملگی بیوشیمیایی باشد. فراتر از نتایج ذکر شده، فرآیندها و مسیرهای پاتولوژیک زمینه‌ای، از جمله هیپراندرژیسم و وقفه در محور هیپوتالاموس-هیپوفیز-تخمدان (HPO) می‌تواند مفاهیم قدرتمندی در تبیین علت سندرم تخمدان پلی کیستیک و تغییر در گونه‌های ژنتیکی SHBGs و آنزیم‌های کاتالیزوری مسئول در مسیرهای استروئیدزایی باشد. در همین راستا، تاکنون همبستگی‌های احتمالی بین هورمون‌های استروئیدی ذکر شده و عملکرد ژن‌های مرتبط با گنادوتروپین‌ها و هورمون‌های استروئیدی در مسیرهای پاتوفیزیولوژیک درگیر در PCOS مورد بررسی قرار گرفته است.

واژگان کلیدی: لقاح؛ هیپراندرژیسم؛ لقاح آزمایشگاهی (IVF)؛ سندرم تخمدان پلی کیستیک (PCOS)؛ حاملگی؛

استروئیدها

Please cite this paper as: Mohammadi R, Arabzadeh S, Mohebbi S. 2022. Association of ovarian steroids in follicular fluid with pregnancy rates in patients with or without polycystic ovary during *in vitro* fertilization. *J Genet Resour* 8(2): 188-197. doi: 10.22080/jgr.2022.23664.1319.

غربالگری چندریختی rs2241766 به عنوان پارامتر شاخص استعداد در بیماران چاق با سطح بالای کلسترول

نگار ربیعی فرادنبه^۱، روح‌الله نخعی سیستانی^{۱*}، علی محمد احدی^۲

^۱گروه زیست‌شناسی سلولی و ملکولی، دانشکده شیمی، دانشگاه کاشان، کاشان، اصفهان، ایران

^۲گروه ژنتیک، دانشکده علوم، دانشگاه شهرکرد، شهرکرد، ایران

چکیده

چاقی یک بیماری چندعاملی است که در سال‌های اخیر به شدت در کشورهای در حال توسعه افزایش یافته است. عدم تعادل در دریافت و مصرف انرژی که نتیجه عوامل مختلفی است از جمله رژیم غذایی، رفتار، محیط، و عوامل متابولیکی و ژنتیکی، می‌تواند به تدریج به این بیماری بینجامد. جهش‌ها در ژن‌هایی که اشتها و متابولیسم را کنترل می‌کنند می‌توانند بر جنبه‌های مختلف چاقی اثر بگذارند. پروتئین آدیپونکتین که محصول ژن *ADIPOQ* است آدیپوکینی ضروری در کنترل هم-ایستایی انرژی و ذخیره چربی است و از بافت چربی سفید ترشح می‌شود. این پروتئین هورمونی حساس به انسولین است که سطح آن در چاقی پایین می‌آید. در این مطالعه، ما ارتباط چندریختی $rs2241766 +45 T>G$ از ژن *ADIPOQ* را با چاقی و سطح خونی لیپوپروتئین پرچگال (HDL)، لیپوپروتئین کم‌چگال (LDL)، تری‌گلیسیرید (TG) و کلسترول تام در جمعیت شهر بروجن بررسی شد. در این مطالعه موردی-کنترلی نمونه‌های خون از افراد مبتلا به چاقی که به آزمایشگاه تأمین اجتماعی شهر بروجن مراجعه کرده بودند اخذ شد. تری‌گلیسیرید، کلسترول تام، HDL و LDL در خون بیماران با استفاده از آلفا-۶ اتوانالیزور بررسی شد. در مرحله بعد DNA تام از خون نمونه‌ها استخراج شد و به منظور بررسی چندریختی *rs2241766* از ژن *ADIPOQ* روش چندریختی طول قطعات محدودده‌ای (RFLP) بر روی آن‌ها انجام گرفت. نتایج این مطالعه نشان داد که هیچ رابطه معناداری بین آلل‌ها و ژنوتیپ‌های این چندریختی و چاقی وجود ندارد (p -value مربع کای به ترتیب ۰/۸۲ و ۰/۸۵ بود برای آلل‌ها و ژنوتیپ‌ها، نسبت شانس ۱/۱۵۵ با سطح اطمینان ۹۵٪ برابر با ۴-۰/۳۲). هیچ ارتباط معناداری بین خصائص لیپید خون بیماران و ژنوتیپ‌های این چندریختی وجود ندارد. بر مبنای نتایج ما، به نظر می‌رسد که آلل‌ها و ژنوتیپ‌های چندریختی *rs2241766* ژن *ADIPOQ* سبب‌شناسی چاقی را در نمونه‌های ما تحت تأثیر قرار نمی‌دهد.

واژگان کلیدی: ژن *ADIPOQ*؛ سطح کلسترول؛ چاقی؛ چندریختی

Please cite this paper as: Rabiee N, Nakhaei Sistani R, Ahadi AM. 2022. Screening of rs2241766 polymorphism as a susceptibility index parameter in obese patients with a high level of cholesterol. *J Genet Resour* 8(2): 198-206. doi: 10.22080/jgr.2022.22745.1291.

تأثیر محلول پاشی جیبرلین و حلقه برداری بر ویژگی‌های انگور (*Vitis vinifera*) رقم یاقوتی

اصغر استاجی^{۱*}، حسن قربانی قوژدی^۲، زهرا خزائی^۱، حسن ملکی لجایر^۱، مهسا امامی^۱

اگره علوم باغبانی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران

^۲اگره علوم باغبانی، دانشکده علوم، دانشگاه گناباد، گناباد، ایران

چکیده

رقم انگور یاقوتی زودرس ترین رقم انگور شناخته شده ایران است. مهم ترین مشکل این رقم تراکم و اندازه کوچک حبه‌ها می باشد که این ویژگی تحت ژن‌هایی است که اکثراً توسط اسید جیبرلین (GA_3) تنظیم می‌شوند. این ویژگی‌های نامطلوب بازار پسندی و سوددهی محصول را کاهش می‌دهد. برای کاهش این مشکل، ما از AG_3 و حلقه برداری (G) برای افزایش ویژگی‌های کمی و کیفی استفاده کردیم. تیمار AG_3 در چهار غلظت ۰، ۶۰، ۹۰ و ۱۲۰ میلی گرم در لیتر و در سه زمان (۱۰ روز قبل از گلدهی، در اوسط و بعد از گلدهی) به کار برده شد. تیمار حلقه برداری در قاعده شاخه‌ها و در مرحله تشکیل حبه‌ها انجام گرفت. در این آزمایش، صفات مورفولوژیکی و بیوشیمیایی مختلفی اندازه‌گیری شد. نتایج نشان داد که تیمار AG_3 و G تأثیر معنی‌دار مثبتی بر ویژگی‌های کمی و کیفی داشته است. هر دو تیمار طول حبه، وزن حبه، قطر حبه، عرض حبه، عرض خوشه، طول خوشه، اسیدیته قابل تیتراسیون، مواد جامد محلول کل، پرولین، مالون دی آلدئید، میزان H_2O_2 ، میزان فنول کل، میزان آنتوسیانین، میزان آسکوربات، میزان فلاونوئید، ظرفیت آنتی اکسیدانی، فعالیت کاتالاز، فعالیت پراکسیداز، فعالیت پلی فنول اکسیداز، فعالیت سوپر اکسید دسموتاز و فعالیت آسکوربات پراکسیداز را افزایش داده‌اند. اثرات متقابل AG_3 و G نشان داد آنها بطور معنی‌داری وزن حبه، میزان پرولین، ظرفیت آنتی اکسیدانی، میزان آسکوربات، فعالیت پراکسیداز، فعالیت پلی فنول اکسیداز، فعالیت آسکوربات پراکسیداز، فعالیت کاتالاز و فعالیت سوپر اکسید دسموتاز را افزایش دادند. این تیمارها بصورت امید بخشی می‌توانند ویژگی‌های کمی و کیفی را در انگور رقم یاقوتی بهبود ببخشند.

واژگان کلیدی: صفات بیوشیمیایی؛ متراکم؛ فعالیت آنزیمی؛ GA_3 ؛ پرولین

Please cite this paper as: Estaji A, Ghorbani Ghouzhd H, Khazaei Z, Maleki Lajayer H, Emami M. 2022. The effect of exogenous application of gibberellic acid and girdling on characters of grapes (*Vitis vinifera*) cv. Yaghoot. *J Genet Resour* 8(2): 207-217. doi: 10.22080/jgr.2022.23616.1316.

یافته های سیتولوژیکی جدید در مورد رشد گامتوفیت و رویان زایی در گندم (*Triticum aestivum* L.)

کلثوم عزیزی^۱، عبدالکریم چهرگانی راد^۱، جلال سلطانی^۲

^۱ گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

^۲ گروه گیاهپزشکی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه بوعلی سینا، همدان، ایران

چکیده

مطالعات نمو بساک و پرچم، اسپورزایی از مراحل پیش میوز تا شکوفایی بساک و نمو دانه در تخمدان، روی *Triticum aestivum* L انجام گرفت. نتایج نشان داد که بساک ها چهار کیسه گرده ای بوده و الگوی نمو دیواره آنها از نوع تک لپه می باشد. دیواره بساک از دو لایه سلول موقتی داخلی، شامل تاپی و لایه میانی و دو لایه سلولی دائمی خارجی شامل لایه مکانیکی و اپیدرم تشکیل شده بود. سلول های تاپی در هنگام بلوغ یک یا دو هسته ای بودند. تتراد میکروسپورها طی سیتوکینز ناهمزمان تشکیل شد و از نوع تترائگونال بود. دانه های گرده بالغ از نوع سه سلولی و تک منفذی بودند. تشکیل سلول های تاپی از لاین های سلولی متفاوت، قطبیت در لایه تاپی و نحوه تشکیل کالوز در اطراف سلول های داخل کیسه گرده، یافته های جدید محسوب می شدند. تخمک از نوع دو جداره و کم خورش بود. همچنین در ابتدای نمو از نوع راست و در مراحل پایانی از نوع واژگون بود. مگاسپوری که در سمت شالاز قرار داشت، به مگاسپور عملکردی نمو یافت و کیسه رویانی تک هسته ای را ایجاد کرد. سلول های آنتی پود در طی نمو، تقسیم شدند و به همین دلیل یک نوع تغییر یافته از کیسه رویانی نوع علف هفت بند مشاهده شد. اولین تقسیم سلول تخم قبل از سلول مادر اندوسپرم انجام شد و طی آن دو سلول مشابه ایجاد شد. در ابتدا طی تقسیم هسته سلول مادر اندوسپرم، اندوسپرم هسته ای ایجاد شد اما در مراحل بعدی سلولی شدن آنها اتفاق افتاد. اندوسپرم شامل سه نوع سلول متفاوت بود، یک لایه آلورون در اطراف کیسه رویانی، سلول های اندوسپرم اطراف رویان با سیتوپلاسم غلیظ، و سلول های اندوسپرم واکوئله شده ی بزرگتری که با فاصله بیشتری از رویان قرار گرفته بودند. رسوب باقی مانده های کالوز در ورودی منفذ میکروپیل در مرحله تتراد مگاسپورها، تنوع در نوع سلول های اندوسپرم و برخی جزئیات دیگر از روند نمو، یافته های جدید هستند.

واژگان کلیدی: رویان زایی؛ تاپی؛ میکروسپورزایی؛ مگاسپورزایی؛ *Triticum aestivum* L.

Please cite this paper as: Azizi K, Chehregani Rad A, Soltani J. 2022. Novel cytological findings on gametophyte development and embryogenesis in wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Genet Resour* 8(2): 218-235. doi: 10.22080/jgr.2022.23855.1322.

تنوع منشأ و تعیین محدوده بذری نهال های افرایلت (*Acer velutinum* (Boiss.)) در جنگل هیرکانی

حامد یوسف زاده^۱؛ مسعود طبری^۱، کامبیز اسپهبدی^۲

^۱گروه جنگلداری، دانشکده منابع طبیعی و علوم دریایی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

^۲مرکز تحقیقات و آموزش منابع طبیعی و کشاورزی استان مازنداران

چکیده

افرای پلت (*Acer velutinum*) دارای پراکنش وسیع در سرتاسر جنگل هیرکانی است. در این تحقیق، آزمون پروانسه (دو ساله) بر اساس هفت جمعیت افرا پلت جمع‌آوری شده از طبقات مختلف ارتفاعی انجام شد. در سال اول، ارتفاع نهال و نسبت قطر به ارتفاع همه جمعیت ها با افزایش مبداء بذری جمعیت ها، به طور معنی داری کاهش یافت. با این حال، تفاوت معنی داری در قطر یقه در جمعیت ها مشاهده نشد. نهال های جمعیت های ارتفاعات پایین تر (> ۷۰۰ متر) در مقایسه با جمعیت های ارتفاعات بالاتر (< ۱۲۰۰ متر) تمایل به رشد بیشتر داشتند. نتایج نشان داد که برخی از جمعیت های از منشاء ارتفاعات متوسط، دارای تولید نهال بالاتری هستند. در مقابل، در طول اولین فصل رشد، تفاوت معنی داری در میزان بقاء در بین منشاءهای مختلف وجود نداشت. در سال دوم، نهال ها از ارتفاعات میانی و همچنین از منشاء بومی بیشترین میزان بقاء را نشان داده اند. برای به حداقل رساندن میزان مرگ و میر نهال ها به منظور جنگل کاری، چهار ناحیه (طبقه) ارتفاعی تعیین شد و توصیه می شود برای جنگل کاری، بذور از همان ناحیه بذری (Seed zone) تهیه، نهال تولید و جنگل کاری شود، زیرا عدم توجه به ناحیه بذری باعث افزایش مرگ و میر و عدم موفقیت جنگل کاری خواهد شد.

واژگان کلیدی: افرایلت؛ مقاومت به سرما؛ مبداء بذری؛ ناحیه بذری؛ تولید نهال

Please cite this paper as: Yousefzadeh H, Tabari M, Espahbodi K. 2022. Provenance variation and seed zone delimitation of *Acer velutinum* (Boiss.) seedlings in the Hyrcanian forest. *J Genet Resour* 8(2): 236-243. doi: 10.22080/jgr.2022.23421.1309.

پروبیوتیک ها برای درمان عفونت های هلیکوباکتر پیلوری و پیشگیری از سرطان معده

مجید علی پور^{۱،۲} و رامین مفرح^۳

گروه بیولوژی سلولی و مولکولی، واحد بابل، دانشگاه آزاد اسلامی، بابل، ایران

مرکز تحقیقات جامع سلامت، واحد بابل، دانشگاه آزاد اسلامی، بابل، ایران

گروه درماتولوژی، دانشکده پزشکی، واحد ساری، دانشگاه آزاد اسلامی، ساری، ایران

چکیده

هلیکوباکتر پیلوری یک باکتری گرم منفی، میکروآئروفیل و خمیده یا مارپیچی است که در معده ۵۰ درصد انسان ها زندگی می کند. این باکتری موجب بیماری های مختلفی از جمله ورم معده، زخم معده و سرطان معده می شود. بنابراین، ریشه کن کردن این باکتری از معده ضروری است. استفاده از چندین آنتی بیوتیک برای درمان و از بین بردن هلیکوباکتر پیلوری و ایجاد سویه های مقاوم باعث عدم تعادل فلور طبیعی روده می شود. بنابراین استفاده از روش های درمانی جدید مانند استفاده از پروبیوتیک ها از اهمیت ویژه ای برخوردار است. ماست حاوی پروبیوتیک هایی مانند لاکتوباسیلوس و بیفیدوباکتریوم است که میکرو فلور دستگاه گوارش را متعادل می کند. عصاره میوه ها و سبزیجات حامل مناسبی برای پروبیوتیک ها هستند. در این تحقیق مقالات منتشر شده در منابع مختلف از جمله پایگاه های اطلاعاتی Web of Sciences، PubMed، Elsevier، Wiley، Springer و موتورهای جستجوی Google Scholar مورد بررسی قرار گرفت. جستجو با استفاده از کلمات کلیدی هلیکوباکتر پیلوری، پروبیوتیک درمانی، گاستریت و سرطان معده انجام شد. پروبیوتیک ها انواع مختلفی از ترکیبات ضد باکتریایی از جمله اسید لاکتیک، اسیدهای چرب با زنجیره کوتاه، پراکسید هیدروژن و باکتریوسین تولید می کنند. بنابراین می توانند نقش مهمی در درمان عفونت هلیکوباکتر پیلوری ایفا کنند. مطالعات مختلف نشان داده است که گونه های لاکتوباسیلوس، بیفیدوباکتریوم، سویه های پدیوکوکوس و ساکارومایسس بولاردی اثرات مھاری روی هلیکوباکتر پیلوری در شرایط آزمایشگاهی و موجودات زنده داشته اند. ترکیبی از پروبیوتیک ها و آنتی بیوتیک ها در ریشه کنی و درمان عفونت های ناشی از هلیکوباکتر پیلوری موثرتر هستند. پروبیوتیک ها با اتصال به سلول های اپیتلیال و کنترل دفع سیتوکین های ضد التهابی التهاب را کاهش می دهند. لاکتوباسیلوس سالیواریوس ترشح سیتوکین های پیش التهابی اینترلوکین ۸ تحریک شده توسط هلیکوباکتر پیلوری را در سلول های اپیتلیال معده مهار می کند.

واژگان کلیدی: گاستریت؛ هلیکوباکتر پیلوری؛ پروبیوتیک درمانی؛ سرطان معده

Please cite this paper as: Alipour M and Mofarrh R. 2022. Probiotics for treatment of *Helicobacter pylori* infections and gastric cancer prevention. *J Genet Resour* 8(2): 244-254. doi: 10.22080/jgr.2022.23949.1324.

بررسی ارتباط بین پراکسیداسیون لیپید و سطح سرمی لیپوپروتئین (a) در مبتلایان به بیماری عروق کرونر

زهرا محمدی آبگرمی^۱، زهره عبدالوهابی^{۲*}، آرش مرادی^۳، بمانعلی جلالی خان آبادی^۴، حافظ حیدری^۵، محمدجعفر ملک^۶، شهلا محمد گنجی^۳ و علیرضا نورآذریان^۷

^۱ گروه بیوشیمی بالینی، دانشکده علوم پزشکی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران

^۲ مرکز تحقیقات بیماری‌های متابولیک، پژوهشکده پیشگیری از بیماری‌های غیرواگیر، دانشگاه علوم پزشکی قزوین، ایران

^۳ گروه پزشکی مولکولی، پژوهشکده بیوتکنولوژی پزشکی، پژوهشگاه ملی مهندسی ژنتیک و زیست فناوری، تهران، ایران

^۴ گروه بیوشیمی بالینی، دانشگاه علوم پزشکی شهید صدوقی، یزد، ایران

^۵ مرکز تحقیقات سلولی و مولکولی، دانشگاه علوم پزشکی سبزوار، سبزوار، ایران

^۶ بیمارستان بانک ملی، تهران، ایران

^۷ گروه بیوشیمی و آزمایشگاه‌های بالینی، دانشکده پزشکی، دانشگاه علوم پزشکی تبریز، تبریز، ایران

چکیده

بیماری عروق کرونر (CAD) علت اصلی مرگ و میر در کشورهای توسعه یافته و در حال توسعه است. اخیراً گزارش شده است که استرس اکسیداتیو با افزایش بروز آترواسکلروز و بیماری‌های قلبی عروقی مرتبط است. این مطالعه با هدف بررسی میزان سطوح ویتامین C، اسید اوریک، بیلی روبین و لیپوپروتئین (a) (Lp (a)) در بیماران مبتلا به عروق کرونر و ارتباط آنها با غلظت مالون دی آلدئید (MDA) انجام شد. این مطالعه شامل ۴۷ فرد کنترل (۲۸ زن، ۱۹ مرد) و ۵۳ بیمار مبتلا به عروق کرونر (۱۵ زن، ۳۸ مرد) بود. نمونه‌های خون پس از ناشتایی یک شبه جمع‌آوری شد و سرم‌ها با سانتیفریوژ با سرعت کم جدا شدند. سطوح MDA از طریق روش TBARS و ویتامین C و Lp (a) از طریق فتومتر دی‌تی‌تروفنیل هیدرازین و الکتروایمونواسی تعیین شد. بیلی روبین تام و اسید اوریک (UA) نیز با روش‌های معمول آزمایشگاهی بررسی شد. نتایج نشان داد که میانگین سطوح سرمی MDA و Lp (a) در بیماران مبتلا به CAD در مقایسه با گروه کنترل بالاتر بود (MDA: $0.89 \pm 0.41 \mu\text{mol}$ vs. $0.66 \pm 0.24 \mu\text{mol}$, $p < 0.05$), Lp (a): $35 \pm 20 \text{ mg/ml}$, vs. $26.2 \pm 14.6 \text{ mg/ml}$, $p < 0.05$). میانگین سطح بیلی روبین کل در گروه کنترل در مقایسه با بیماران عروق کرونر بیشتر بود (1.030 vs. 0.830 , $p < 0.05$). سطوح بیلی روبین، ویتامین C و MDA بیماران رابطه معکوس معنی‌داری وجود داشت، سایر تفاوت‌ها و روابط معنی‌دار نبود. همچنین بین فراوانی ژنوتیپ‌های APOA1-75 (G/G, G/A, A/A) تفاوت معنی‌داری در بیماران عروق کرونر در مقایسه گروه کنترل وجود نداشت ($P > 0.05$). در نهایت، افزایش سطح سرمی MDA و Lp (a) به عنوان عوامل خطر مستقل برای بیماری عروق کرونر قلب شناخته شده است. ارتباط معناداری بین فاکتورهای سطوح سرمی MDA و سن، بیلی روبین و ویتامین C در بیماران مبتلا به عروق کرونر مشاهده شد.

واژگان کلیدی: بیماری‌های قلبی عروقی؛ بیماری عروق کرونر؛ لیپوپروتئین (a)؛ استرس اکسیداتیو

Please cite this paper as: Mohammadi Abgarmi Z., Abdolvahabi Z., Moradi A., Jalali Khanabadi B., Heydari H., Malek M., Mohammad Ganji S., Nourazarian A. 2022. Correlation between lipid peroxidation and lipoprotein (a) levels in patients with coronary artery disease. *J Genet Resour* 8(2): 255-263. doi: 10.22080/jgr.2022.23478.1312.