ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم‌های امر اهلی و وحشـی (Triticum dicoccum Schübl. و Triticum dicoccoides Aschers.) با استفاده از نشانگر ریزماهواره (SSR)

مصطفی رفیعی‌پور[۱]، قادر میرزا قادری[۲*]، هدیه بدخشان[۲]
۱. دانشجوی کارشناس ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی دانشکده کشاورزی دانشگاه کردستان
۲. استادیار گروه زراعت و اصلاح نباتات، دانشکده کشاورزی، دانشگاه کردستان
*. مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: gh.mirzaghaderi@uok.ac.ir

گندم امر (Emmer) آلوتتراپلوئیدی اسـت که در حدود ۳۵۰ هزار سال پیـش از تلاقی دو گونه تریتیکـوم یورارتـا (Triticum urartu, AA) و آجیلوپس اسـپلتویدس (Aegilops speltoides, BB) در خاورمیانه به وجود آمده و جـد گندم‌هـای دوروم (T. turgidum L. ssp. Durum Desf) می‌باشـند. گندم امر دارای دو زیرگونه وحشـی (T. turgidum L. ssp. dicoccoides Aschers) و اهلـی (T. turgidum L. ssp. dicoccum Schübl) می‌باشـد که فرم اهلی آن، از نوع وحشی مشتق شده اسـت. گندم امر دارای پوشینه سخت و محورسنبله شکننده بوده و بذرهای آن در زمان رسـیدن، به سـختی از پوشینه جدا می‌شوند. در این تحقیق، تنـوع ژنتیکی ۴۰ ژنوتیپ گندم امـر از جمله ارقام محلی جمع‌آوری شـده از اسـتان‌های آذربایجان غربی و کردسـتان به همراه ژنوتیپ‌های امر وحشـی مربوط به برخی کشـورهای هلال حاصلخیز با استفاده از ۲۷ نشـانگر ریزماهواره (تقریباً دو نشانگر از هر کروموزوم) بر روی ژل سکونسینگ در شرایط واسرشت بررسی شد. آغازگرها مجموعاً ۱۷۸ آلـل مختلف را با میانگیـن ۶/۵۹ آلل در هر لوکوس تکثیر کردند. تعداد آلل‌های تکثیر شـده توسـط هر آغازگر از ۱۱ (gwm ۱۸۶) تا ۲ عدد (gdm ۲) متغیر بود. تنوع ژنی آلل‌ها از ۰/۱۴ (edm ۲۸) تا ۰/۹۰ (Xgwm ۳۶۹) متغیر بوده و دارای میانگین ۰/۶۸ بود. همبستگی زیادی بین هتروزیگوسیتی مورد انتظار (HT) و تعداد آلل‌های هر نشانگر مشاهده شـد (r = ۰,۷۸ ; p < ۰,۰۱). ضریب تمایز ژنی (GST=۰,۲۵) نشان داد که تنوع ژنتیکی بین نمونه‌های مناطق (کشـورها) مختلف ۲۵٪ و درون مناطق ۷۵٪ اسـت. نمونه‌های کشور اردن (۳/۸۲۶۱) و نمونه‌های کشور ارمنسـتان (۱/۶۰۸۷) بترتیب بیشترین و کمترین میانگین آللی در هر لوکوس را داشـتند. میانگین ضریب تنوع ژنی از ۰/۲۷۳۱ (ارمنسـتان) تـا ۰/۶۵۹۳ (اردن) متغیر بود. ضریب فاصله ژنتیکی بین جفت مناطق مختلف، از ۰/۲۴ (بین آذربایجان و گرجسـتان) تا ۱/۱۳ (بین آذربایجان و ترکیـه) متغیر بود. دو مولفه اصلـی اول حاصل از تجزیه به مولفه‌های اصلـی (PCA)، ۴۳/۷۵ درصـد تغییرات بین ژنوتیپ‌هـا را توجه کرده و نمودار نقطه‌ای حاصل از آن تا حدودی، مناطق مختلف را از نظر نمونه‌ها از یکدیگـر تفکیک کـرد که البته الگوی مشـابهی از ارتباط ژنتیکی در دندروگرام حاصل از تجزیه کلاستر بدست آمد. این مطالعه اطلاعات تنوع ژنتیکی گندم‌های امر ایرانی و ارتباط آن با نمونه‌های سـایر کشـورهای هلال حاصلخیز را نشـان داد که می‌توان از آن در برنامه‌های نگه‌داری و اصلاح ذخایر ژنتیکی استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: تنوع ژنتیکی، نشانگر ریزماهواره، گندم تتراپلوئید، گندم امر و ژل سکونسینگ

Limimonas halophila جنس و گونه جدید از یک باکتری نمک دوست در خانواده Rhodospirillaceae

محدثه رمضانی[۱]، علی مخدومی[۲و۳]، سید ابوالحسن شاهزاده فاضلی[۱]، شراره حریرچی[۱] محمد علی آموزگار[۱و۳]
۱. جهاد دانشگاهی، مرکز ملی ذخایر زیستی و ژنتیکی ایران بانک میکروارگانیسم
۲. دانشگاه فردوسی مشهد- دانشکده علوم- گروه زیست شناسی
۳. دانشگاه تهران- دانشکده زیست شناسی- آزمایشگاه اکستریموفیل ها

سویه T Ia16 یک باکتری گرم منفی، فاقد پیگمان، میله ای شکل، هوازی و نمک دوسـت اجباری است که از لجن نمکی دریاچه فوق شور آران و بیدگل در ایران جدا شده است.
سـلول هـای T Ia16 فاقد تحرک بـوده و در غلظت ۲/۵ تـا ۵/۲ مولار سـدیم کلراید با بهینه ای معادل ۳/۴ مولار رشد می کنند. pH و دمای بهینه رشد این سـویه به ترتیب ۷ و ۴۰ درجه سانتی گراد است اگرچه pH محـدوده ای معادل ۶ تا ۸ داشـته و ۳۰ تا ۵۰ درجه سـانتی گراد محدوده دمای رشـد این سـویه محسوب می شـود. آنالیز فیلوژنتیک براسـاس ترادف ژنی 16S rRNA نشـان داد که سـویه T Ia16 از اعضا خانواده Rhodospirillaceae می باشـد اگرچه میزان شـباهت بسیار پاییـن و معـادل ۹۱/۶٪، ۸۸/۹٪ و ۸۸/۷٪ به گونه های تایپ به ترتیب Rhodovibrio، Pelagibius و Fodinicurvata به عنوان نزدیک ترین تاکسون ها بود. اسید چرب سلولی عمده در این سویه CYCLO ۰:C19 ω۷c و C۱۸:۰ و الگوی لیپیدهای قطبی متشـکل از دی فسـفاتیدیل

گلیسرول، فسفاتیدیل گلیسرول، دو فسفولیپید و دو گلیکو لیپید بود. هیچ نوع کینون ایزوپرنوئیدی از این سویه استخراج نشد. در صد گوانین- سیتوزین DNA ژنومی ۶۷٪ مول بود. تفاوت در صفات فیزیولوژیک، بیوشیمیایی و فیلوژنتیک میان سویه Ia۱۶ و تاکسون های نزدیک ذکر شده، پیشنهاد می کند که این سویه گونه ای جدید از جنسی جدید در خانواده Rhodospirillaceae می باشد که برای آن نام Limimonas halophila پیشنهاد می شود. این سویه با شماره دسترسی IBRC-M 10018T هم اکنون در بانک میکروارگانیسم های مرکز ملی ذخائر ژنتیکی و زیستی ایران نگهداری می شود.

Screening of Cyclotides as antimicrobial peptides from several Violaceae species

Akram Roshan*[1] ,Mahboobe Zarrabi[1] , Ezat Asgarani[1] , Mohammad Reza Kanaani[2]
1. Department of biology Faculty of basic science Alzara University Tehran, Iran.
2. Medicinal Plants and Drugs Research Institute, Shahid Beheshti University, Evin, Tehran.
Email*: Akramroshan65@yahoo.com

Cyclotides are plant polypeptides characterized by their unique cyclic cysteine knot structural motif. It is thought that they function primarily as defense agents in plants. But they also have variety of other biological properties, including anti-HIV, antimicrobial and cytotoxic effects. Because of their exceptional stability, they have attracted interest as potential priming materials for protein engineering and drug design. In the present study, we determined the cyclotides content of the Violaceae family. The samples collected from Zanjan and Total DNA was extracted by CTAB buffer. Forward and reverse primer against conserve sequence in Vbc family of violaceae were designed and used to determine Vbc gene from Viola ignobilis, Viola occulta and Viola odorata by PCR amplification of the Vbc gene. Results showed the presence of Vbc gene for the first time in these species. The samples were collected from nearly same location; therefore they have similar biological properties. It can be suggested that the environmental conditions strongly affect on cyclotide content of Violaceae.
Key words: cyclotides,Violaceae,Vbc gene, PCR.

ارزشیابی فتو تیپی و ژنتیکی تولید آمینهای بیوژنتیکی بوسیله باکتری های لاکتیک اسید گرفته شده از ماهی و محصولات ماهی

شکوفه مهدی زارعی[1]، مهدی زارعی[2*]
۱. دانشجوی کارشناسی ارشد رشته شیلات، دانشگاه آزاد اسلامی، واحد علوم و تحقیقات اهواز
*۲. دانشجوی کارشناسی ارشد رشته آلودگی دریا، دانشگاه علوم و فنون دریایی خرمشهر
Milad.zarei86@gmail.com

در این کار تولید آمین بیوژنیک (هیستامین، تیرامین، پوترسین) بوسیله ی مجموعه ای از ۷۴ باکتری لاکتیک اسید با منشأ آبزیان با استفاده از دکربوکسیلاسیون اسید آمینه بوسیلهٔ رشد بر روی محیط کشت دکربوکسیلاز افتراقی، جداسازی آمین بیولوژیک توسط کروماتوگرافی لایهٔ نازک (TLC) و تشخیص ژن دکر بوکسیلاز در روش PCR کشف شده است. هیچ یک از گونه های ارزیابی شده نه تولید هیستامین را نشان داد ونه تولید پوترسین و نه حضور عوامل ژنتیکی که مسئول فعالیت های دکربوکسیلازی است را پشتیبانی میکند. با این حال ژن تیروزین دکربوکسیلاز (TDC) در تمام نژادهای انترو کوکال حضور داشت و تولید تیرامین توسط کروماتوگرافی لایهٔ نازک TLC در تمام آنها به جز انتروکوک فیسوم BCS59 وMV5 تشخیص داده شده است.
کلمات کلیدی: ژن تیروزین دکربوکسیلاز TDC، PCR، پوترسین، انترو کوکال، تیرامین

تنوع کاریوتیپی برخی از گونه های جنس Nepeta L. Lamiaceae در ایران

نواز خرازیان[1]، سمیه زمانی شورآبی[2]، مهدی یوسفی[2]
۱. دانشگاه شهرکرد-دانشکده علوم- گروه زیست شناسی
۲. دانشگاه پیام نور اصفهان-دانشکده علوم