

مقایسه پنج روش استخراج DNA ژنومی در گیاه دارویی گاوزبان ایرانی (*Echium amoenum*)

زهرا علیدوستی شهرکی^۱، پرینا فرخ^{۱*}، عاطفه امیراحمدی^۲، آرزو رضایی^۱ و جواد قاسمیان^۳



^۱ ایران، دامغان، دانشگاه دامغان، دانشکده زیست‌شناسی

^۲ ایران، دامغان، دانشگاه دامغان، پژوهشکده علوم زیستی

^۳ ایران، دامغان، دانشگاه دامغان، دانشکده ریاضی و علوم کامپیوتر

تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۰۶/۰۲ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۹/۰۷

چکیده

در مطالعه تاکسونومی گیاهان دارویی روش‌های مبتنی بر DNA، جذاب‌تر از روش‌های کلاسیک هستند. استخراج DNA از گیاهان دارویی به دلیل متابولیت‌های ثانویه بیشتر با مشکلاتی مواجه است. در این مطالعه جهت انتخاب یک روش مناسب برای استخراج DNA از برگ‌های تازه و هرباریومی گیاه گاوزبان ایرانی، پنج دستورکار شامل روش دویل و دویل اصلی، دو روش دویل و دویل تغییر یافته (که بدون ۲-مرکاپتواتانول یا استات آمونیوم است)، روش تغییر یافته موری و تامسون و کیت Gene All ارزیابی شدند. کیفیت و کمیت DNA با روش‌های الکتروفورز روی ژل و اسپکتروفتومتری بررسی گردید. قابلیت استفاده DNA خالص سازی شده از طریق PCR توالی فاصله‌انداز رونویسی شونده داخلی (ITS) در DNA ریبوزومی هسته‌ای آزمایش شد. در مقایسه با روش دویل و دویل اصلی، حذف ۲-مرکاپتواتانول یا استات آمونیوم از این روش، تأثیر معناداری ($p\text{-value} > 0.05$) روی کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از گیاه گاوزبان تازه و هرباریومی نداشتند. اگرچه بیشترین غلظت DNA از برگ‌های هرباریومی با روش موری و تامسون تغییر یافته به دست آمد، ناحیه ITS در این نمونه تکثیر نشد. محصولات PCR مورد انتظار از ناحیه ITS در سایر نمونه‌های DNA تکثیر شدند. در نتیجه، روش دویل و دویل تغییر یافته ساده‌تر با حذف ۲-مرکاپتواتانول یا استات آمونیوم برای استخراج DNA از برگ‌های تازه و خشک گیاه گاوزبان مفید است. این تغییر اثر منفی روی مرحله PCR در ادامه کار ندارد.

واژه‌های کلیدی: CTAB، استخراج DNA، گیاه دارویی، گاوزبان ایرانی.

* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۲۳۳۵۲۲۰۲۲۳، پست الکترونیکی: farrokh@du.ac.ir

مقدمه

گل، برگ و سرشاخه گلدار گیاه گاوزبان کاربردهای دارویی دارند (۳). گل گاوزبان با ویژگی‌های ضدالتهابی، تسکین دهنده و آرام بخش، برای درمان سرما خوردگی و گلودرد به کار می‌رود (۲۳)، همچنین از آن برای درمان ورم کلیه استفاده می‌شود (۳).

اگرچه ویژگی‌های ریخت‌شناسی در تاکسونومی سنتی همچنان در شناسایی گونه‌های گیاهی با ارزش و کاربردی

گاوزبان ایرانی (*Echium amoenum* Fisch. & C.A. Mey) به خانواده Boraginaceae تعلق دارد و یکی از گیاهانی است که دارای ارزش غذایی و دارویی زیادی می‌باشد (۵). رویشگاه طبیعی آن منطقه محدودی در شمال ایران و قفقاز است و در طب سنتی ایران جایگاه ویژه‌ای دارد (۲۳). گل و برگ گاوزبان نشاط آور است و از سه قرن قبل از میلاد این خصوصیات گیاه گاوزبان شناسایی شده بود (۳، ۵).

مطالعات انجام شده در زمینه استخراج DNA از گیاه گاوزبان محدود است. در یک مطالعه، حسین پور آزاد و همکاران روش STE (ساکارز-تریس-EDTA) را برای استخراج DNA از برگ‌های تازه گیاه گاوزبان بهینه‌سازی کردند. ولی این روش بسیار پرهزینه است چون به موادی همچون لیتیم کلرید، ساکارز، SDS و PVP نیاز دارد (۱). به دلیل کاربردهای دارویی گیاه گاوزبان، این مطالعه با هدف رسیدن به یک روش کم‌هزینه‌تر و استفاده از مواد شیمیایی کمتر به مقایسه کیفیت و کمیت DNA استخراج شده از برگ‌های تازه و هرباریومی این گیاه با روش‌های دوپل و دوپل، دو روش تغییر یافته دوپل و دوپل، روش تغییر یافته موری و تامسون و کیت Gene All می‌پردازد. در دو روش تغییر یافته دوپل و دوپل، اثر حذف ۲-مرکاپتواتانول یا استات آمونیوم بررسی شدند.

مواد و روشها

جمع‌آوری و نگهداری گیاهان: گیاه گاوزبان (*E. amoenum*) در بهار سال ۱۳۹۷ و در مرحله گلدهی از طبیعت استان مازندران (N: 36.3751172, E: 53.2519149) جمع‌آوری شد. گیاهان تازه جمع‌آوری شده در کوتاه‌ترین زمان ممکن به آزمایشگاه منتقل شدند و با استفاده از کلیدهای شناسایی بر اساس خصوصیات ریخت‌شناسی، شناسایی آن‌ها انجام شد. برگ‌های جوان و سالم انتخاب شدند و پس از شستشو با آب مقطر، بخشی از آن‌ها به صورت تازه در فریزر ۷۰- درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند و بخش دیگر در دمای اتاق خشک شدند که در هرباریوم دانشگاه دامغان (Amirahmadi 2664; DU 001120) نگهداری می‌شود. در زمان انجام این مطالعه تقریباً یک سال از زمان خشک کردن نمونه‌ها گذشته بود.

استخراج DNA با روش دوپل و دوپل: روش دوپل و دوپل یکی از روش‌های قدیمی استخراج DNA است (۱۲). به طور خلاصه، ۰/۲۵ گرم برگ گیاه تازه یا ۰/۱۲۵ گرم برگ گیاه هرباریومی به‌مراه ۳ میلی‌لیتر بافر CTAB (۲٪

است، اما استفاده از مارکرهای مولکولی در سال‌های اخیر گسترش یافته و موجب رفع محدودیت‌های تاکسونومی سنتی در شناسایی برخی از گونه‌ها شده است (۲۰، ۲۵). نخستین مرحله برای استفاده از این روش‌های مولکولی، خالص‌سازی DNA می‌باشد (۹، ۱۵، ۳۲). فراوانی متابولیت‌های ثانویه‌ای مانند آلکالوئیدها، پلی‌ساکاریدها و پلی‌فنل‌ها در گیاهان مشکلاتی را در تهیه DNA باکیفیت ایجاد می‌کند (۱۵، ۱۷، ۱۹) و فراوانی این متابولیت‌های ثانویه در گیاهان دارویی قابل توجه‌تر از سایر گیاهان است (۱۵، ۳۲).

در مطالعات گیاهی مناسب‌ترین بخش برای استخراج DNA برگ‌های گیاهان هستند که البته میزان متابولیت‌های ثانویه در آن‌ها بالا است (۹، ۱۵). متابولیت‌های برخی گیاهان دارویی در مرحله لیز سلول تداخل ایجاد می‌کنند (۳۲) و برخی موجب اکسیداسیون و تخریب DNA (۹، ۳۲) یا مهار فعالیت آنزیم‌های اندونوکلاز در هضم آنزیمی یا مهار فعالیت DNA پلیمرز در واکنش PCR می‌گردند (۹، ۱۴، ۳۲). همین مسئله موجب شده که پژوهشگران روش‌های استخراج DNA را برای گیاهان مختلف بهینه‌سازی کنند. در سال‌های گذشته روش‌هایی برای استخراج DNA از گیاهان دارویی مختلف معرفی شده است (۸، ۱۰، ۳۴، ۳۷). از سوی دیگر توجه برخی از مطالعات هم رسیدن به یک روش موثر ساده و سریع یا کم‌هزینه برای استخراج DNA از گیاهان بوده که از کیفیت نسبی برخوردار باشد (۱۸، ۲۱، ۲۶، ۲۸). استخراج DNA از نمونه‌های هرباریومی هم در مطالعات گیاهی اهمیت خاصی دارد. به ویژه زمانی که گیاهی نادر باشد و یا رویشگاه آن به راحتی در دسترس نباشد. معمولاً جداسازی DNA از نمونه‌های خشک شده نسبت به گیاهان تازه دشوارتر است و با توجه به تفاوت‌های ترکیبات شیمیایی گیاهان مختلف و روش خشک کردن گیاه و زمان نگهداری آن‌ها در هرباریوم، نیاز است تا تغییراتی را در روش استخراج برای داشتن DNA با کیفیت و کمیت مناسب ایجاد کرد (۱۳، ۳۱).

درجه سانتی‌گراد در حمام خشک قرار گرفت. در ادامه، ۷۰۰ میکرولیتر کلروفرم-ایزوامیل‌الکل (۱:۲۴) به هر نمونه اضافه شد و ۱۵ دقیقه در ۱۰۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شد و ۰/۳۳ حجم مایع رویی ایزوپروپانول سرد به هر نمونه اضافه گردید و ۶۰ دقیقه در فریزر قرار گرفت. برای رسوب DNA، میکروتیوب‌ها به مدت ۱۵ دقیقه در ۱۰۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شدند و پس از دور ریختن مایع رویی، ۱۰۰ میکرولیتر بافر TE (Tris-HCl ۱۰ میلی مولار و EDTA ۱ میلی مولار)، ۰/۱ حجم مایع رویی سدیم اگزالواتات ۲/۵ مولار و ۲ برابر حجم آن اتانول ۹۵٪ سرد به هر میکروتیوب اضافه شد و نمونه‌ها به مدت ۳۰ دقیقه در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد قرار داده شدند. سپس نمونه‌ها به مدت ۵ دقیقه با سرعت ۱۰۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شدند و رسوب حاصل با اتانول ۷۰٪ شسته شد و با تکرار سانتریفیوژ در شرایط قبلی، رسوب DNA به دست آمده خشک شد و در آب مقطر دیونیزه حل گردید.

استخراج DNA با روش کیت Gene All: استخراج DNA

از برگ تازه و هرباریومی گاوزبان با کیت Gene All (کره جنوبی) طبق دستورالعمل کیت انجام شد. به طور خلاصه، در این روش ابتدا از ۴۰۰ میکرولیتر بافر لیز (PL) برای ساییدن برگ‌های تازه (۰/۱ گرم) یا هرباریومی (۰/۲۵ گرم) استفاده شد و سپس مخلوط به دست آمده در حدود ۱۰ دقیقه در دمای ۶۵ درجه سانتی‌گراد (حمام خشک) قرار گرفت. در مرحله بعد، به هر نمونه ۱۴۰ میکرولیتر بافر PD (بافر دناتوره کننده) اضافه شد و ۵ دقیقه روی یخ قرار گرفت و محلول رویی به ستون‌های موجود در کیت منتقل شد و ۲ دقیقه در ۱۳۰۰۰ rpm سانتریفیوژ گردید. به اندازه ۱/۵ برابر حجم محلول زیر ستون، بافر BD (بافر متصل شونده) اضافه شد و مخلوط حاصل به ستون‌های دیگر موجود در کیت انتقال داده شد و ۳۰ ثانیه در ۸۰۰۰ rpm سانتریفیوژ گردید. DNA متصل شده به ستون، دو مرتبه با محلول شستشو دهنده (CW) شسته شد و در

CTAB، ۱/۴ مولار NaCl، ۲۰ میلی مولار EDTA، ۱۰۰ میلی مولار Tris-HCl با pH: ۸ در هاون ساییده شد و ۰/۲ درصد (v/v) ۲-مرکاپتواتانول به آن اضافه گردید. سپس ۴۰۰ میکرولیتر از این مخلوط همگن به میکروتیوب منتقل شد و ۳۰ دقیقه در دمای ۶۰ درجه سانتی‌گراد در حمام خشک قرار داده شد. دو برابر حجم به هر نمونه کلروفرم-ایزوامیل‌الکل (۱:۲۴) اضافه شد و سپس در ۱۳۰۰۰ rpm به مدت ۱۵ دقیقه سانتریفیوژ گردید. مایع رویی با دو برابر حجم ایزوپروپانول سرد مخلوط شد و ۳۰ دقیقه در فریزر قرار گرفت. سپس به مدت ۱۰ دقیقه در ۱۳۰۰۰ rpm سانتریفیوژ شد. رسوب DNA حاصل با اتانول ۷۰٪ و استات آمونیم ۱۰ میلی مولار شسته شد و پس از دور ریختن مایع رویی در دمای محیط خشک گردید و در آب مقطر دیونیزه حل شد.

استخراج DNA با روش دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول: این روش استخراج DNA تغییر یافته مشابه با روش دوپیل و دوپیل بود و تنها ۲-مرکاپتواتانول از آن حذف شد.

استخراج DNA با روش دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم:

یک بار هم استات آمونیوم از بافر شستشوی DNA در روش دوپیل و دوپیل حذف گردید و استخراج DNA از برگ‌های تازه و هرباریومی گاوزبان انجام شد.

استخراج DNA با روش تغییر یافته موری و تامسون:

روش استخراج DNA تغییر یافته موری و تامسون بر اساس روش ریاحی و همکاران انجام گرفت (۲۸). مراحل کار به صورت خلاصه عبارتند از: ۰/۲۵ گرم برگ گیاه تازه یا ۰/۱۲۵ گرم برگ گیاه هرباریومی به همراه ۱۸۷۵ میکرولیتر بافر CTAB (۲٪ CTAB، ۱/۴ مولار NaCl، ۵۰ میلی مولار EDTA، ۱۰۰ میلی مولار Tris-HCl با pH: ۸) در هاون ساییده شد و ۰/۴ (v/v) ۲-مرکاپتواتانول به آن اضافه گردید. سپس ۷۵۰ میکرولیتر از مخلوط همگن به میکروتیوب منتقل شد و به مدت ۶۰ دقیقه در دمای ۶۰

DNA استخراج شده با الکتروفورز روی ژل آگارز ۰/۸ درصد بررسی گردید. از همه نمونه‌ها به میزان تقریباً ثابت (۱۵۰ نانوگرم) در چاهک‌های ژل قرار گرفت.

واکنش PCR: بمنظور بررسی کیفیت DNAهای استخراج شده و امکان تکثیر ژن‌ها با PCR، بخشی از ناحیه ITS (ناحیه فاصله انداز رونویسی شونده داخلی) در nrDNA (DNA ریبوزومی هسته‌ای) با پرایمرهای عمومی (جدول ۱) تکثیر گردید.

نهایت با ۱۰۰ میکرولیتر بافر AE و ۱ دقیقه سانتریفیوژ در ۸۰۰۰ rpm DNA از ستون جدا و جمع‌آوری گردید.

بررسی کیفیت و کمیت DNA استخراج شده: تمام DNAهای استخراج شده تا زمان استفاده در فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند. برای بررسی کیفیت DNA استخراج شده نسبت جذب نمونه‌ها در ۲۶۰/۲۸۰ و ۲۶۰/۲۳۰ نانومتر با اسپکتروفتومتر اندازه‌گیری شد و بر اساس جذب نمونه‌های استخراج شده در ۲۶۰ نانومتر، غلظت آن‌ها بر حسب $\mu\text{g/ml}$ محاسبه شد. همچنین، کیفیت

جدول ۱- توالی پرایمرهای مورد استفاده در تکثیر قطعه ITS هسته‌ای.

نام پرایمر	توالی ۵' → ۳'	منبع
ITS5m (F)	GGAAGGAGAAGTCGTAACAAGG	۲۹
ITS4 (R)	TCCTCCGCTTATTGATATGC	۳۸

مخلوط واکنش PCR شامل ۱۰ میکرولیتر مستر میکس آمپلیکون، ۰/۵ میکرولیتر از هر یک از پرایمرها با غلظت ۱۰ پیکومولار، ۵۰۰ تا ۷۰۰ نانوگرم DNA استخراج شده و آب مقطر استریل تا حجم ۲۰ میکرولیتر بود. دمای اتصال پرایمرها در واکنش PCR استاندارد طبق جدول ۲ بود.

ناحیه ITS در برگ‌های گاوزبان تازه که با روش‌های دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول، دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم، روش تغییر یافته موری تامسون و کیت Gene All استخراج شده بودند، با PCR استاندارد تکثیر شدند. به علاوه، DNA استخراج شده از برگ گیاه خشک گاوزبان هم در روش کیت Gene All با PCR استاندارد تکثیر شد.

جدول ۲- دمای اتصال پرایمرها در واکنش استاندارد PCR برای ژن ITS.

روش استخراج DNA	دمای اتصال پرایمر بر اساس درجه سانتی‌گراد
DNA استخراج شده به روش دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول و CTAB بدون استات آمونیوم در گیاه تازه	۵۵
DNA استخراج شده با کیت Gene All در گیاه تازه و هرباریومی	۵۶
DNA استخراج شده به روش تغییر یافته موری و تامسون در گیاه تازه	۵۸

تکثیر شدند. مخلوط مواد واکنش Touch-down PCR مشابه با PCR استاندارد تهیه شد و شرایط دمایی به کار رفته مطابق جدول ۳ بود. محصولات PCR روی ژل آگارز ۱ درصد الکتروفورز شدند و باندهای مورد انتظار بررسی شدند.

ناحیه ITS در نمونه‌های گاوزبان هرباریومی که DNA آن‌ها با روش‌های دوپیل و دوپیل، دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول، دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم استخراج شده بودند و گاوزبان تازه که با روش دوپیل و دوپیل استخراج DNA آن انجام شده بود با Touch-down PCR

جدول ۳- شرایط دمایی واکنش Touch-down PCR

مرحله	دما (درجه سانتی گراد)	زمان
واسرشت شدن اولیه	۹۴	۲ دقیقه و ۳۰ ثانیه
واسرشت شدن	۹۴	۵۰ ثانیه
۱۰ چرخه	۶۰-۶۹	هر ۳۰ ثانیه، دما یک درجه کاهش می‌یابد
تکثیر	۷۲	۵۰ ثانیه
واسرشت شدن	۹۴	۵۰ ثانیه
۲۵ چرخه	۵۸	۳۰ ثانیه
تکثیر	۷۲	۵۰ ثانیه
تکثیر نهایی	۷۲	۷ دقیقه

روش در گیاه تازه اختلاف معناداری نداشتند ($p\text{-value} > 0/05$). تحلیل آماری غلظت DNA در میان ۵ روش در گیاه هرباریومی اختلاف معناداری را نشان داد ($p\text{-value} < 0/05$) و DNA استخراج شده با روش‌های موری و تامسون و کیت تجاری Gene All بترتیب با $\mu\text{g/ml}$ $318/00 \pm 57/66$ و $39/50 \pm 1/50$ بیشترین و کمترین مقادیر بودند.

نسبت جذب $260/280$ و $260/230$ نانومتر، نشان دهنده کیفیت DNA استخراج شده می‌باشند. نسبت جذب $260/280$ نانومتر اگر $1/8$ تا 2 باشد یعنی DNA خلوص خوبی دارد و فاقد پروتئین و فنل‌ها است. نسبت جذب $260/230$ نانومتر هم نشان دهنده باقیمانده نمک‌ها و آلودگی پلی ساکارییدی در DNA است و بهتر است از $1/5$ بیشتر و به $1/8$ نزدیکتر باشد (۷، ۸).

نسبت جذب $260/280$ نانومتر به دست آمده در این مطالعه بین $1/71$ - $0/63$ بود که اختلاف معناداری بین روش‌های مختلف استخراج DNA در گیاهان تازه و هرباریومی و همچنین بین گیاه تازه و خشک در هر روش استخراج وجود نداشت ($p\text{-value} > 0/05$). نسبت جذب $260/230$ نانومتر هم بین $1/50$ - $0/25$ بود که اختلاف معناداری میان ۵ روش به کار رفته در میان گیاهان خشک و همچنین میان ۵ روش به کار رفته در میان گیاهان تازه

تحلیل آماری: استخراج DNA و بررسی مربوط به کیفیت و کمیت آن‌ها در همه روش‌ها با سه بار تکرار انجام شد. تحلیل آماری در این مطالعه با نرم افزار SPSS نسخه ۱۶ انجام شد. با توجه به تعداد کم داده‌ها، برای مقایسه داده‌های پنج روش استخراج DNA در گیاه گاوزبان تازه و هرباریومی از آزمون ناپارامتری کراسکال-والیس استفاده شد و برای مقایسه داده‌های دو نمونه تازه و هرباریومی در هر روش استخراج DNA از آزمون ناپارامتری من-ویتنی استفاده گردید.

نتایج

کیفیت و کمیت DNAهای استخراج شده: نسبت جذب $260/280$ و $260/230$ نانومتر و همچنین غلظت DNAهای استخراج شده از گیاه گاوزبان در جدول ۴ دیده می‌شود. تفاوت‌هایی بین غلظت DNA جداسازی شده در میان گیاه تازه و خشک گاوزبان در هر روش دیده شد که در روش‌های دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم و موری تامسون تغییر یافته، غلظت DNA استخراج شده از برگ خشک به طور معناداری بیشتر از برگ تازه بود ($p\text{-value} < 0/05$). با اینکه بیشترین غلظت DNA در میان ۵ روش به کار برده شد برای گیاه تازه، در روش موری و تامسون دیده شد ($105/00 \pm 31/00 \mu\text{g/ml}$)، نتایج غلظت DNA در میان ۵

دیده شد ($p\text{-value} < 0/05$). DNA استخراج شده با روش دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم هم در گیاه گاوزبان تازه و هم هرباریومی از نظر نسبت جذب $260/230$ نانومتر قابل قبول‌تر بود و آلودگی کمتری را نشان داد (جدول ۴).

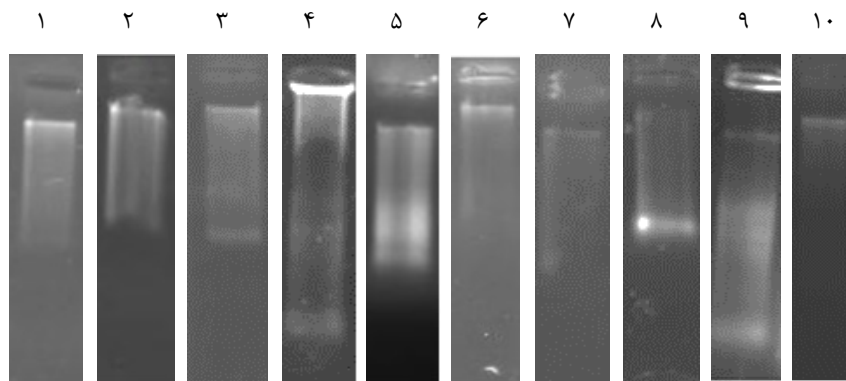
جدول ۴- مقایسه کیفیت و کمیت DNAهای استخراج شده از گیاه گاوزبان با ۵ روش مختلف.

غلظت DNA ($\mu\text{g/ml}$)	نسبت جذب		روش‌های استخراج DNA در گیاه گاوزبان
	نسبت جذب $260/230$	نسبت جذب $260/280$	
$29/50 \pm 7/50$	$0/92 \pm 0/14$	$1/71 \pm 1/10$	برگ تازه با روش دوپیل و دوپیل
$100/00 \pm 15/55$	$0/88 \pm 0/02$	$1/28 \pm 0/07$	برگ هرباریومی با روش دوپیل و دوپیل
$81/50 \pm 0/70$	$1/10 \pm 0/00$	$1/64 \pm 0/10$	برگ تازه با روش دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول
$77/66 \pm 22/50$	$1/02 \pm 0/10$	$1/45 \pm 0/09$	برگ هرباریومی با روش دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول
$59/33 \pm 28/91$	$1/50 \pm 0/22$	$1/56 \pm 0/09$	برگ تازه با روش دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم
$136/00 \pm 23/06$	$1/04 \pm 0/01$	$1/39 \pm 0/04$	برگ هرباریومی با روش دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم
$105/00 \pm 31/00$	$0/25 \pm 0/04$	$0/63 \pm 0/14$	برگ تازه با روش تغییر یافته موری و تامسون
$318/00 \pm 57/66$	$0/84 \pm 0/07$	$1/32 \pm 0/06$	برگ هرباریومی با روش تغییر یافته موری و تامسون
$84/00 \pm 24/04$	$0/87 \pm 0/33$	$1/45 \pm 0/09$	برگ تازه با روش کیت Gene All
$39/50 \pm 1/50$	$0/91 \pm 0/37$	$1/37 \pm 0/44$	برگ هرباریومی با روش کیت Gene All

نتایج از تکرار سه بار آزمایش به دست آمده و به صورت انحراف معیار \pm میانگین گزارش شده است.

دوپیل و دوپیل، دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول و کیت Gene All، ظاهر مشابهی داشتند و مناسب‌تر از سایر روش‌ها بودند. در بیشتر DNAهای استخراج شده اسمیر دیده شد که نشانه تخریب شدن DNA است (شکل ۱).

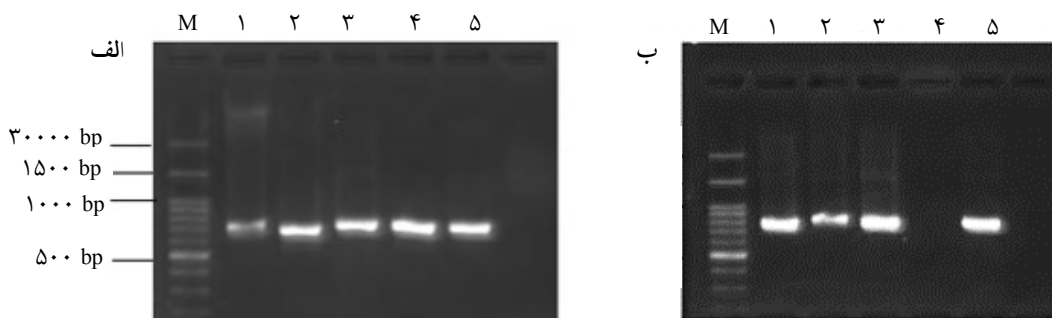
وضعیت DNA استخراج شده گیاه تازه گاوزبان پس از الکتروفورز در ژل آگارز با سه روش دوپیل و دوپیل تقریباً مشابه بود و بهتر از روش‌های دیگر به نظر می‌رسید. در گیاه خشک گاوزبان هم DNA استخراج شده با روش‌های



شکل ۱- الکتروفورز DNA استخراج شده از گیاه تازه و هرباریومی گاوزبان. شماره‌های ۱ تا ۵ و ۶ تا ۱۰ نشان دهنده DNAهای استخراج شده از گیاه تازه و هرباریومی هستند که بترتیب با روش‌های دوپیل و دوپیل، دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتواتانول، دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم، تغییر یافته موری و تامسون و کیت Gene All جداسازی شده‌اند.

استخراج شده از گیاه گاوزبان هرباریومی، تنها در نمونه به دست آمده از روش تغییر یافته موری و تامسون محصول PCR حتی با تغییر شرایط به دست نیامد (شکل ۲).

نتایج واکنش PCR: باندی با اندازه مورد انتظار ۷۰۰ bp روی ژل آگارز در تمام DNAهای استخراج شده از گیاه تازه گاوزبان، دیده شد (شکل ۲). از میان DNAهای



شکل ۲- الکتروفورز محصول PCR قطعه ITS در DNA در (الف) گیاه تازه و (ب) گیاه هرباریومی گاوزبان. شماره‌های ۱ تا ۵ در هر ژل بترتیب مربوط به استخراج DNA با روش‌های دوپیل و دوپیل، دوپیل و دوپیل بدون ۲- مرکاپتاتانول، دوپیل و دوپیل بدون استات آمونیوم، موری و تامسون تغییر یافته و کیت Gene All است. نشانگر وزن مولکولی DNA (SMOBIO, DM2300) است.

DNA از برگ‌های گیاه *Geophila repens* L. استفاده کردند (۳۵). همچنین ریاحی و همکاران، روش دوپیل و دوپیل را به‌مراه ۲٪ PVP در بافر استخراج برای چند گونه گیاهی زیرخانواده Papilionideae به کار بردند (۲۸). در مطالعه دیگری، Sari و همکاران چند روش تغییر یافته دوپیل و دوپیل را که شامل تغییر میزان CTAB، NaCl و ۲- مرکاپتاتانول بود برای استخراج DNA از برگ گیاه *Sapodilla* استفاده کردند (۳۰). از روش دوپیل و دوپیل برای استخراج DNA در توتون (*Nicotiana rustica* L.) و کهور پاکستانی (*Prosopis juliflora*) هم استفاده شده است (۲، ۴).

در ارتباط با گیاه گاوزبان، حسین پور آزاد و همکاران با روش استخراج STE به طور میانگین ۸۴۵ µg/ml DNA به ازای ۰/۵ گرم برگ تازه و جوان به دست آوردند (۱). اگرچه این عدد از میانگین غلظت‌های DNA به دست آمده در این مطالعه بیشتر است، اما این پژوهشگران روش استخراج STE را برای برگ خشک گاوزبان استفاده نکردند و همچنین نیاز به مواد شیمیایی بیشتر در این روش (مانند

بحث

استخراج DNA مرحله‌ای اساسی در مطالعات ژنتیک گیاهی است، ولی همیشه جداسازی DNA با کیفیت و کمیت مناسب از گیاهان با دشواری‌هایی همراه بوده است (۷، ۱۷). گیاهان دارویی سال‌ها است که در جوامع مختلف جهان برای درمان برخی بیماری‌ها استفاده می‌شوند (۲۴) و استخراج DNA از آن‌ها به واسطه وجود متابولیت‌های ثانویه بیشتر، سخت‌تر است (۳۲). با توجه به کاربردهای گیاه گاوزبان، در این مطالعه پنج روش استخراج DNA ژنومی برای رسیدن به یک شیوه مناسب و کم هزینه‌تر از برگ این گیاه با یکدیگر مقایسه شدند.

روش موری و تامسون و روش دوپیل و دوپیل از قدیمی‌ترین روش‌های استخراج DNA در گیاهان هستند (۱۲، ۲۲) که پژوهشگران بسیاری بسته به نوع گیاه، تغییراتی در آن‌ها ایجاد کرده‌اند. برای نمونه، Sumitha و همکاران از روش تغییر یافته موری و تامسون با ۵٪ CTAB، ۵ مولار NaCl و ۱٪ پلی‌وینیل‌پیرولیدون (PVP) برای استخراج

این DNA محصول ناحیه ITS تکثیر نشد. نسبت جذب ۲۶۰/۲۳۰ نانومتر در DNA به دست آمده از گیاه خشک گاوزبان با روش تغییر یافته موری و تامسون از دیگر DNAهای استخراج شده از گیاه خشک کمتر بود و آلودگی پلی ساکاریدی/نمکی بیشتری را نشان داد، ولی در عین حال این کاهش در حدی نبود که تفاوت معناداری ($p < 0.05$) بین آن با DNA به دست آمده از گیاه خشک با روش دوپیل و دوپیل وجود داشته باشد. نکته‌ای که باید به آن توجه شود این است که عوامل مختلفی در میزان جذب در ۲۶۰ نانومتر و در نهایت در غلظت و کیفیت DNA تاثیر می‌گذارند. برای نمونه، نسبت DNA تک رشته و دو رشته موجود در محلول و حضور ترکیباتی مانند RNA و نوکلئوتیدهای آزاد بر جذب ۲۶۰ نانومتر اثرگذار هستند (۱۱). بنابراین، نسبت‌های ۲۶۰/۲۳۰ و ۲۶۰/۲۸۰ نانومتر که با روش اسپکتروفتومتری به دست می‌آیند و همچنین غلظت DNA محاسبه شده بر این اساس نمی‌توانند بیان کننده دقیق کیفیت و کمیت DNA باشند. از آنجایی که متابولیت‌های ثانویه گیاه در روند استخراج DNA آزاد می‌شوند و روی واکنش PCR تاثیر می‌گذارند، تکثیر یک ژن با PCR می‌تواند نشان دهنده کیفیت DNA باشد (۳۶). علت عدم تکثیر ناحیه ITS در یک شرایط دمایی ثابت در واکنش PCR در این مطالعه می‌تواند به تفاوت در کیفیت DNAهای به دست آمده با روش‌های استخراج مختلف مربوط باشد. زیرا مهارکننده‌های موجود در DNA می‌توانند بر اتصال پرایمرها به الگوی DNA در واکنش PCR تاثیر بگذارند (۲۷، ۳۳).

با در نظر گرفتن این موضوع که کیت‌های تجاری همواره در دسترس نیستند و استفاده از آن‌ها هزینه بالایی دارد و علاوه بر این یک کیت استخراج DNA ممکن است برای همه گونه‌های گیاهی نتیجه قابل قبولی نداشته باشد، پیدا کردن روش‌های استخراج ساده و کم هزینه‌تر برای گیاهان پرکاربرد، ضروری است. به طور کلی، مجموع آزمایش‌های کیفی و کمی این پژوهش نشان می‌دهد که از میان روش-

لیتیم کلرید، SDS، PVP و ساکارز) امکان استفاده از آن را محدودتر می‌سازد.

در مطالعه حاضر، با هدف رسیدن به یک روش استخراج DNA از گیاه تازه و هرباریومی گاوزبان با هزینه و مواد کمتر، یک بار ۲-مرکاپتواتانول و یک بار استات آمونیوم از روش دوپیل و دوپیل حذف شدند. استات آمونیوم به همراه اتانول در شستشوی رسوب DNA برای حذف بهتر نمک‌ها عمل می‌کنند (۶). ۲-مرکاپتواتانول یک ترکیب احیا کننده باندهای دی سولفیدی است و موجب دناتوره شدن پروتئین‌ها می‌شود و علاوه بر این در حذف تانن‌ها و پلی فنل‌ها هم موثر است (۱۶). نتایج به دست آمده و تحلیل آماری نشان داد که حذف ۲-مرکاپتواتانول یا استات آمونیوم از روش استخراج دوپیل و دوپیل در برابر روش اصلی، تاثیر معناداری در غلظت و یا کیفیت (بر اساس نسبت جذب ۲۶۰/۲۸۰ و ۲۶۰/۲۳۰ نانومتر) DNAهای حاصل از گیاه تازه و هرباریومی ایجاد نکرد ($p < 0.05$). با وجود اینکه نسبت‌های جذب ۲۶۰/۲۸۰ و ۲۶۰/۲۳۰ در بیشتر روش‌های استخراج به کار برده شده برای گیاه گاوزبان، بترتیب نشان دهنده آلودگی‌های پروتئینی/پلی فنلی و پلی ساکاریدی/نمکی بودند، اما تکثیر ناحیه ITS از DNAهای استخراج شده با روش‌های دوپیل و دوپیل در گیاه تازه و خشک گاوزبان با موفقیت انجام شد که مشخص می‌کند، ترکیبات مهارکننده PCR در حدی نبودند که مانع از تکثیر این ناحیه ژنومی شوند. بنابراین می‌توان در مورد گیاه گاوزبان تازه و هرباریومی بر اساس دسترسی به مواد آزمایشگاهی از استات آمونیوم یا ۲-مرکاپتواتانول در روش دوپیل و دوپیل استفاده نکرد.

اگرچه غلظت DNA استخراج شده از گیاه خشک گاوزبان با روش تغییر یافته موری و تامسون، به صورت معناداری ($p < 0.05$) از دیگر DNAهای استخراج شده از گیاه هرباریومی بیشتر بود، اما این DNA کیفیت مناسبی برای PCR نداشت و حتی با تغییر شرایط واکنش PCR هم از

DNA را برای نمونه‌های هرباریومی قدیمی گاوزبان هم در مطالعات آینده بررسی کرد.

سپاسگزاری

از حمایت مالی دانشگاه دامغان برای انجام این کار پژوهشی تشکر می‌شود.

های غیرتجاری استخراج DNA به کار رفته در این مطالعه، روش دوپیل و دوپیل بدون ۲-مرکاپتوانول یا بدون استات آمونیوم می‌تواند جایگزین خوبی برای روش استخراج کلاسیک دوپیل و دوپیل برای برگ تازه و خشک گیاه گاوزبان باشد. می‌توان امکان استفاده از این روش استخراج

منابع

۳- نادری حاجی باقرکندی، م.، باقر رضایی، م.، ۱۳۸۳، بررسی فیتوشیمیایی گل گاوزبان *Echium amoenum*. فصلنامه پژوهشی تحقیقات گیاهان دارویی و معطر ایران، ۲۰، صفحات ۳۷۷-۳۸۳.

۴- نصیری، س.، یوسفی، م.، حائری نسب، م.، ۱۴۰۰، بررسی تنوع ژنتیکی کهور پاکستانی (*Prosopis juliflora*) در استان خوزستان به روش CDDP. مجله پژوهش‌های گیاهی (زیست‌شناسی ایران)، ۳۴، صفحات ۱۸۲-۱۹۴.

۵- نقدی بادی، ح.، سروش زاده، ع.، رضازاده، ش.، شریفی، م.، قلاوند، ا.، امید، ح.، ۱۳۸۶. مروری بر گیاه گاوزبان (گیاه دارویی با ارزش و غنی از گامالینولینیک اسید). فصلنامه گیاهان دارویی، ۲۴، صفحات ۱-۱۴.

۱- حسین پور آزاد، ن.، نعمت زاده، ق.، ۱۳۹۱، معرفی روش سریع و ساده‌ی استخراج دی‌ان‌ای در گل گاوزبان ایرانی (*Echium amoenum* Fisch. & Mey)، فصلنامه علمی-پژوهشی گیاه و زیست بوم، ۳۱، صفحات ۱۱۱-۱۲۰.

۲- طغیانی، م. ا.، احسان پور، ع. ا.، شریعتی، م.، امام زاده، ر.، ۱۳۹۵، مطالعه تغییرات هورمون‌های اکسین و سیتوکینین و تغییرات سوماکلونال در گیاهان باززایی شده و کالوس توتون (*Nicotiana rustica* L.). مجله پژوهش‌های گیاهی (زیست‌شناسی ایران)، ۲۹، صفحات ۳۸۵-۳۹۴.

6. Abdullah, F. I., Chua, L. S., Rahmat, Z., Samad, A. A., and Wagiran, A., 2016. Plant Genomic DNA Extraction for Selected Herbs and Sequencing their Internal Transcribed Spacer Regions Amplified by Specific Primers. Natural Product Communications, 11(10), PP: 1491-1496.

7. Aboul-Maaty, N. A. F., and Oraby, H. A. S., 2019. Extraction of high-quality genomic DNA from different plant orders applying a modified CTAB-based method. Bulletin of the National Research Centre, 43, PP: 25-34.

8. Abu-Romman, S., 2011. Comparison of methods for isolating high quality DNA from saga (*Salvia officinalis*). Journal of Medicinal Plants Research, 5(6), PP: 938-941.

9. Arruda, S. R., Pereira, D. G., Silva-Castro, M. M., Brito, M. G., and Waldschmidt, A. M., 2017. An optimized protocol for DNA extraction in plants with a high content of secondary metabolites, based on leaves of *Mimosa tenuiflora* (Willd.) Poir. (Leguminosae). Genetics and Molecular Research, 16(3), PP: gmr16039063.

10. Biswas, N., and Verma, S. K., 2020. A novel nucleic acid extraction method from aromatic

herbs and dried herbal powders using cow skim milk. Scientific Reports, 10(1), PP: 11513.

11. Demeke, T., and Jenkins, G. R., 2010. Influence of DNA extraction methods, PCR inhibitors and quantification methods on real-time PCR assay of biotechnology-derived traits. Analytical and Bioanalytical Chemistry, 396, PP: 1977-1990.

12. Doyle, J. J., and Doyle, J. L., 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemistry Bulletin, 19(1), PP: 11-15.

13. Drábková, L. Z., 2014. DNA Extraction from Herbarium Specimens. Methods in Molecular Biology, 1115, PP: 69-84.

14. Friar, E. A., 2005. Isolation of DNA from Plants with Large Amounts of Secondary Metabolites. Methods in Enzymology, 395, PP: 3-14.

15. Ghadia, B., Singh, A. K., Khatnani, T., Hirpara, M., Patel, S., Joshi, P., 2016. An improved method of DNA purification from secondary metabolites rich medicinal plants using certain chaotropic agents. Acta Physiol Plant, 38(8), PP: 207.

16. Heikrujam, J., Kishor, R., and Mazumder, P. B., 2020. The Chemistry Behind Plant DNA

- Isolation Protocols. Biochemical Analysis Tools - Methods for Bio-Molecules Studies, PP: 1-12.
17. Hosseinpour Azad, N., and Nematadeh, G. H., 2013. Introducing a new method of genomic DNA extraction in dicotyledonous plants. Scholarly Journal of Agricultural Science, 2(6), PP: 242-248.
 18. Hu, Y., Xie, X., Wang, L., Yang, J., Zhang, H., and Li, Y., 2009. An effective and low-cost method for DNA extraction from herbal drugs of *Rheum tanguticum* (polygonaceae). African Journal of Biotechnology, 8(12), PP: 2691-2694.
 19. Li, H., Li, J., Cong, X. H., Duan, Y. B., Li, L., Wei, P. C., Lu, X. Z., and Yang, J. B., 2013. A high-throughput, high-quality plant genomic DNA extraction protocol. Genetics and Molecular Research, 12(4), PP: 4526-4539.
 20. Manoko, M. L. K., 2018. The power of coefficients and methods of coding in delimiting species using phenetic approach: the case of African *Solanum* section *Solanum sensu* Edmonds. Tanzania Journal of Science, 44(1), PP: 37-51.
 21. Mogg, R. J., and Bond, J. M., 2003. A cheap, reliable and rapid method of extracting high-quality DNA from plants. Molecular Ecology Notes, 3, PP: 666-668.
 22. Murray, M. G., and Thompson, W. F., 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Research, 8(19), PP: 4321-4325.
 23. Nadi, F., 2017. Bioactive compound retention in *Echium amoenum* Fisch. & C. A. Mey. petals: Effect of fluidized bed drying conditions. International Journal of Food Properties, 20(10), PP: 2249-2260.
 24. Palhares, R. M. P., Drummond, M. G., Brasil, B. S. A. F., Cosenza, G. P., Brandão, M. G. L., and Oliveira, G., 2015. Medicinal Plants Recommended by the World Health Organization: DNA Barcode Identification Associated with Chemical Analyses Guarantees Their Quality. PLOS ONE, 10(5), PP: e0127866.
 25. Pires, A. C., and Marinoni, L., 2010. DNA barcoding and traditional taxonomy unified through integrative taxonomy: a view that challenges the debate questioning both methodologies. Biota Neotropica, 10(2), PP: 339-346.
 26. Pookhamsak, P., Pornbungkerd, P., and tantasawat, P. A., 2019. Simple, rapid and cost-effective DNA extraction method for high quality DNA suitable for PCR based downstream application in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 346, PP: 1-9.
 27. Reiss, R. A., and Rutz, B., 1999. Quality control PCR: a method for inhibitors of Taq DNA polymerase. BioTechniques, 27, PP: 920-926.
 28. Riahi, M., Zarre, S., Maassoumi, A. A., Attar, F., and Kazempour Osaloo, S., 2010. An inexpensive and rapid method for extracting papilionoid genomic DNA from herbarium specimens. Genetics and Molecular Research, 9(3), PP: 1334-1342.
 29. Sang, T., Crawford, D. J., and Stuessy, T., 1995. Documentation of reticulate evolution in peonies (*Paeonia*) using internal transcribed spacer sequences of nuclear ribosomal DNA: Implications for biogeography and concerted evolution. Proceedings of the National Academy of Sciences, 92, PP: 6813-6817.
 30. Sari, V. K., and Murti, R. H., 2015. An Effective Method for DNA Extraction of Mature Leaf of Sapodilla (*Manikara zapota* (L.) van Royen). Agrivita, 37(1), PP: 18-23.
 31. Sarrazola, H. J., and Alzate, F. A., 2019. Obtaining DNA from *Urticaceae*: overcoming the challenges associated with chemical compounds and herbarium specimens. International Journal of Molecular Biology, 4(5), PP: 158-165.
 32. Schmiderer, C., Lukas, B., and Novak, J., 2013. Effect of different DNA extraction methods and DNA dilutions on the amplification success in the PCR of different medicinal and aromatic plants. Journal of Medicinal and Spice Plants, 18(2), PP: 65-72.
 33. Schrader, C., Schielke, A., Ellerbroek, L., and Johne, R., 2012. PCR inhibitors-occurrence, properties and removal. Journal of Applied Microbiology, 113(5), PP: 1014-1026.
 34. Sharma, P., Joshi, N., and Sharma, A., 2010. Isolation of genomic DNA from medicinal plants without liquid nitrogen. Indian Journal of Experimental Biology, 48, PP: 610-614.
 35. Sumitha, V. R., Gangaprasad, A., and Nair, G. M., 2015. Molecular characterization and Assessment of Genetic Similarity among the Accessions of *Geophila repens* L. Using RAPD Markers. Journal of Advances in Biological Science, 2(1), PP: 1-6.
 36. Susilowati, A., Rachmat, H. H., Rangkuti, A. B., Elfiati, D., and Ambarwati, A., 2019. Optimizing Genomic DNA Isolation and PCR Amplification

- for Pasak Bumi (*Eurycoma longifolia*). KnE Engineering, 1(2), PP: 30-39.
37. Vural, H. C., 2009. Genomic DNA isolation from aromatic and medicinal plants growing in Turkey. Scientific Research and Essay, 4(2), PP: 59-64.
38. White, T. J., Bruns, T., and Taylor, J., 1990. Amplification and Direct Sequencing of Fungal Ribosomal RNA Genes for Phylogenetics. PCR - Protocols and Applications - A Laboratory Manual, PP: 315- 322.

Comparison of Five Genomic DNA Extraction Methods in Iranian Medicinal Plant, *Echium amoenum*

Alidoosty shahraky Z.¹, Parisa Farrokh^{1,2}, Atefe Amirahmadi^{1,2}, Arezou Rezaei^{1,2}, Javad Ghasemian³

¹ School of Biology, Damghan University, Damghan, I.R. of Iran.

² Institute of Biological Sciences, Damghan University, Damghan, I.R. of Iran.

³ School of mathematics and computer sciences, Damghan University, Damghan, I.R. of Iran.

Abstract

DNA-based techniques are more interesting for the taxonomic study of medicinal plants than the classical methods. DNA isolation from medicinal plants due to the higher secondary metabolites is faced with some difficulties. In this study, five protocols, including the original Doyle and Doyle method, two modified Doyle and Doyle methods in which 2-mercaptoethanol or ammonium acetate were removed, modified Murray and Thompson method, and Gene All kit were assayed to select an appropriate method for the DNA extraction of fresh and herbarium leaves of *Echium amoenum* Fisch. & C.A. Mey. The quality and quantity of the DNA were examined by gel electrophoresis and spectrophotometric analysis. The applicability of the purified DNA was checked by the PCR of nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer (ITS) sequence. Compared to the original Doyle and Doyle method, the elimination of 2-mercaptoethanol or ammonium acetate had no significant effects (p -value > 0.05) on the quantity and quality of the extracted DNA from fresh and herbarium *E. amoenum*. Although the highest DNA concentration was obtained by the modified Murray and Thompson method from herbarium leaves, the ITS region was not amplified in this sample. The expected PCR products of the ITS region were amplified from the other DNA samples. In conclusion, the easier modified Doyle and Doyle method by eliminating 2-mercaptoethanol or ammonium acetate is beneficial for DNA extraction from both fresh and herbarium leaves of *E. amoenum*. This modification does not negatively effect on the following PCR step.

Keywords: CTAB, DNA extraction, Medicinal plant, *Echium amoenum*.