

مطالعه رابطه تکاملی گندم نان و اجیلوپس تائوشی از طریق بررسی miRNAهای مشترک و ژنهای هدف آنها

Study of evolutionary relationship between bread wheat and *Aegilops tauschii* by analysis of common miRNAs and their target genes

مرتضی براتی^۱، محمدرضا عظیمی^{۱*}، محمدرضا نقوی^۲، احسان محسنی فرد^۱

۱- به ترتیب دانش آموخته دکتری، دانشیار، استادیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی،

دانشگاه زنجان، زنجان، ایران

۲- استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، تهران، ایران

Barati M¹, Azimi MR^{1*}, Naghavi MR², Mohseni Fard E¹

1- Graduated PhD Student, Associate Professor, Assistant Professor, Department of
Plant Production and Genetics, University of Zanjan, University of Zanjan

2- Professors, College of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and
Natural Resources University of Tehran, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: azimi@znu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰۳/۲۶ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۲/۱۹)

چکیده

گندم (*Triticum aestivum*) یکی از گیاهان مهم زراعی کشور و دنیاست که اهمیت استراتژیک در تأمین غذای انسان دارد. گندم نان یک آلوهگزاپلوئید (AABBDD) است که طی دو هیبریداسیون از اجداد وحشی خود به وجود آمده که در آن اجیلوپس تائوشی به عنوان دهنده ژنوم D گندم مطرح است. در این تحقیق با استفاده از بررسی miRNAهای مشترک آنها و ژنهای هدف به رابطه تکاملی گندم نان و اجیلوپس تائوشی بیشتر پرداخته شده است. بررسی کروموزومهای گندم نان و اجیلوپس تائوشی نشان می دهد تا حدود زیادی کروموزومهای متناظر از لحاظ طول و تعداد ژنها یکسان هستند. در این مطالعه پنج miRNA رونوشت شده از ژنوم D گندم و مشترک با اجیلوپس تائوشی و همچنین سه miRNA جدید شناسایی شده از RNA Seq به روش بیوانفورماتیکی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. همدردی و بررسی توالیهای miRNA موردنظر در گیاهان تک لپه نشان داد که این miRNAها در گندم و اجیلوپس بیشترین تشابه را دارند و به نظر می رسد در طول تکامل، این توالیها از اجیلوپس تائوشی به صورت حفاظت شده به گندم رسیده است. بررسی آنتولوژی ژنهای هدف miRNAهای مشترک گندم نان و اجیلوپس تائوشی نشان از تشابه بالای آنها داشت. بنابراین به نظر می رسد miRNAهای مشترک بین گندم نان و اجیلوپس تائوشی تا حدود زیادی نقش و عملکرد مشابهی در این گیاهان خویشاوند دارند. یافته های این تحقیق می تواند در شناخت بهتر مکانیسم و عملکرد miRNAهای گندم و اجیلوپس تائوشی و استفاده از آنها در طرح های اصلاحی گندم از طریق خویشاوند وحشی خود مورد بهره برداری قرار گیرد.

واژه های کلیدی

اجیلوپس
روش محاسباتی
همردی
RNA Seq

۲۸۶۴۵ miRNA در این پایگاه موجود است (Kozomara et al. 2019) که ۸۵۱۱ داده مربوط به miRNA گیاهی متعلق به ۵۲ گونه مختلف گیاهان است. برای گندم نان نیز ۱۲۵ توالی miRNA بالغ در این پایگاه داده قابل دسترس است. از آنجایی که به نظر می رسد miRNAهای زیادی از گندم نان هنوز شناسایی نشده است، شناسایی miRNAهای جدید گندم، جهت درک بهتر ژنوم آن از اهمیت زیادی برخوردار است. شناسایی miRNAهای جدید از مجموعه بزرگ توالی های RNA کوچک و تجزیه و تحلیل آنها با روش محاسباتی بیوانفورماتیکی در گونه های گیاهی مختلف با موفقیت انجام شده است (Chen et al. 2009; Zhang et al. 2008; Wang et al. 2012; Xie et al. 2010). در این تحقیق با استفاده از تجزیه و تحلیل توالی و سایر ویژگی های miRNAهای مشترک گندم نان و اجیلوپس تائوشی که توسط بهره گیری از روش محاسباتی روی داده های RNA Seq به دست آمده یا در پایگاه های اطلاعاتی قابل دسترس بوده، به بررسی بیشتر رابطه تکاملی گندم و اجیلوپس تائوشی پرداخته شده است. همچنین ژن های هدف miRNAهای مورد نظر نیز جهت شناخت نقش و عملکرد آنها در گندم و اجیلوپس تائوشی مورد مقایسه قرار گرفته است.

مواد و روش ها

به منظور بررسی miRNAهای مشترک گندم و اجیلوپس تائوشی، توالی های miRNA گندم و اجیلوپس تائوشی موجود در پایگاه 21 miRBase (<http://www.mirbase.org>) مورد استفاده قرار گرفت. توالی های RNA Seq گندم نان نیز به شماره دسترسی SRX7950232 از پایگاه داده SRA¹ در وبگاه NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) استخراج شد. مجموع ۹/۵۳۸/۹۳ توالی RNA Seq گندم نان در این پایگاه قابل دسترس بود که همه آنها در برابر miRNA اجیلوپس تائوشی شناخته شده مورد استفاده قرار گرفتند.

از نرم افزار BLASTN 2.2.28+ و BLASTX 2.2.28+ (Altschul et al. 1997) به ترتیب برای انجام BLAST² توالی های

گندم گیاهی از خانواده غلات (Gramineae) و جنس تریتیکوم (Triticum)، با نام علمی *Triticum aestivum* L. می باشد. گندم از اولین گیاهان تغذیه ای بوده که توسط انسان بومی شده است و از حدود هشت هزار سال پیش، به عنوان یک غذای مهم در اغلب تمدن های دنیا از جمله اروپا، غرب آسیا و شمال آفریقا وجود داشته است (Curtis et al. 2002). سطح زیر کشت گندم در دنیا در سال ۲۰۱۷، حدود ۲۱۹ میلیون هکتار و تولید کل آن در جهان بیش از ۷۷۰ میلیون تن گزارش شده است. همچنین متوسط عملکرد آن در جهان در هر هکتار در سال ۲۰۱۷ به بیش از ۳۵۰۰ کیلوگرم رسید (FAO 2020). اجداد وحشی گندم برای یافتن ژن های جدید جهت بهره برداری آنها در برنامه های اصلاحی مورد توجه بسیار قرار دارد (Saeidi et al. 2006). به عنوان مثال، اجیلوپس تائوشی مقاوم به آفت های مختلف و پاتوژن های مهم زراعی است (Malik et al. 2003). همچنین گزارشی از صفات فیزیولوژیکی مفید مانند مقاومت به شوری (Shah et al. 1987) و عملکرد خوب در محیط هایی با تنش خشکی (Gororo et al. 2002) نیز گزارش شده است. منشأ تولید *T. aestivum* از اجیلوپس تائوشی به صورت گسترده ای پذیرفته شده است. با این حال چند سوال از جمله هیبریداسیون طبیعی *T. turgidum*–*Ae. tauschii*، رشد نرمال هیبریدهای F₁ تتراپلوئید بارور و تغییرات ژنتیکی و اپی ژنتیکی در ژنوم های الوپلوئیدی نسل های F₂ و بعدی هنوز باقی مانده است (Matsuoka 2011). از این رو مقایسه توالی ژنوم گندم با اجداد خویشاوند در شناخت بهتر تکامل گندم از اهمیت زیادی برخوردار است. در گیاهان، miRNAها و ژن های هدف از جد مشترک بریوفیت ها و گیاهان دانه دار، بیش از ۴۰۰ میلیون سال به صورت محافظت شده باقی مانده اند (Tarver et al. 2012). از این ویژگی miRNAها می تواند در شناخت بهتر روابط تکاملی گیاهان بهره برد. miRNAها گروهی از RNAهای کوچک، غیرکدکننده با طول ۲۰ تا ۲۵ نوکلئوتیدی هستند که از طریق ممانعت از ترجمه و یا از طریق تخریب mRNA مربوطه مانع از بیان ژن ها در سطح بعد از رونویسی می شوند (Li et al. 2015; Shriram et al. 2016). طبق آمار miRBase (یک پایگاه داده عمومی miRNA)، در مجموع

¹ Sequence Read Archive

² Basic Local Alignment Search Tool

ساختار ثانویه در اطراف ناحیه هدف RNA طراحی شده است (Dai et al. 2018).

نتایج و بحث

در گندم نان سه سری کروموزوم ۷ تایی (در مجموع ۲۱ کروموزوم) به نام‌های A، B و D وجود دارد. در اجیلوپس تائوشی، ۷ کروموزوم موجود است که طبق تحقیقات گذشته به‌عنوان دهنده ژنوم D گندم شناخته می‌شود. مقایسه ۷ کروموزوم اجیلوپس تائوشی با ۷ کروموزوم متناظر در گندم نان از نظر طول کروموزوم، تعداد ژن و نواحی کد کننده پروتئین نشان می‌دهد تا حدود زیادی کروموزوم‌های متناظر از لحاظ طول و تعداد ژن‌ها یکسان هستند (پیوست ۱). در مجموع ۱۳۸ خانواده miRNAها در گندم و اجیلوپس تائوشی شناسایی شده است که از این تعداد، ۱۳ خانواده اختصاصی اجیلوپس تائوشی، ۷۰ خانواده اختصاصی گندم نان و ۲۳ خانواده نیز مشترک بین گندم نان و اجیلوپس تائوشی هستند (پیوست ۲). اطلاعات بیشتر از جمله اعضای خانواده‌ها و شماره کروموزوم‌های حاوی ژن‌های miRNA (MIR) مشترک در گندم نان و اجیلوپس تائوشی در پیوست ۳ آمده است. بررسی جایگاه MIRهای گندم نان نشان می‌دهد که جایگاه حدود نیمی از MIRها روی کروموزوم‌های مختلف شناسایی شده است بدین ترتیب که از ۱۲۲ ژن، ۱۸ ژن روی کروموزوم‌های سری A، ۲۴ ژن روی کروموزوم‌های سری B، ۲۰ ژن روی کروموزوم‌های سری D و جایگاه نیمی دیگر نیز نامشخص است. ۳۶ miRNA بالغ در رشته منفی و ۸۶ توالی دیگر در رشته مثبت DNA مستقر هستند. در اجیلوپس تائوشی بیش از ۹۰ درصد جایگاه‌های MIRها روی کروموزوم‌ها شناسایی شده است، بدین ترتیب که از ۸۸ ژن، ۶ توالی در کروموزوم شماره ۱، ۱۸ ژن روی کروموزوم شماره ۲، ۹ ژن روی کروموزوم شماره ۳، ۱۰ ژن روی کروموزوم شماره ۴، ۲۱ ژن روی کروموزوم شماره ۵، ۸ ژن روی کروموزوم شماره ۶ و ۹ ژن نیز روی کروموزوم شماره ۷ قرار دارد. همچنین جایگاه ۷ ژن نیز نامشخص گزارش شده است. در ۴۵ مورد، توالی miRNA بالغ در رشته منفی و در ۴۳ مورد دیگر در رشته مثبت DNA مستقر

نوکلئوتیدی RNA Seqهای گندم نان و miRNAهای اجیلوپس تائوشی و BLAST نوکلئوتیدهای حاصل از مرحله قبل در برابر پایگاه داده پروتئین UniProt استفاده شد. از نرم‌افزار برخط MFOLD 2.3 (<http://unafold.rna.albany.edu>) برای تجزیه و تحلیل ساختار ثانویه توالی‌های ساقه-حلقه (¹pre-miRNA) کاندید با الگوریتم تاخوردگی زوکر استفاده شد و همه پارامترها به‌صورت پیش‌فرض انتخاب شد (Zucker 2003). طول توالی‌ها، موقعیت ناحیه تطابق، درصد محتوی (G+C) و حداقل انرژی آزاد تاشدگی (MFE, DG in kcal/mol) محاسبه شد. سپس حداقل انرژی آزاد تاخوردگی اصلاح‌شده (AMFE) و شاخص حداقل انرژی آزاد تاخوردگی (MFEI) طبق فرمول زیر به‌دست آمد (Zhang et al. 2006a):

$$AMFE = (MFE / \text{طول میکروار ان ای پیش‌ساز}) * 100$$

$$MFEI = ((100 \times MFE) / \text{طول میکروار ان ای پیش‌ساز} / (G+C))\%$$

به‌منظور بررسی خانواده miRNAهای کاندید از پایگاه داده Rfam (<https://rfam.xfam.org>) استفاده شد. در این تحقیق از نسخه Rfam 14.1 که حاوی ۳۰۱۶ خانواده RNA است، استفاده شد (Kalvari et al. 2017; 2018).

برای نشان دادن روابط تکاملی miRNA مشترک گندم و اجیلوپس تائوشی، از نرم‌افزار MEGA X استفاده شد. برای تعیین اهداف miRNAهای پیش‌بینی شده گندم، برنامه برخط psRNA Target² مورد استفاده قرار گرفت. به این ترتیب که miRNAهای کاندید به‌عنوان جستجوگر در برابر کتابخانه cDNA گندم نان (Ensemble Plants, release 43) استفاده شد و پارامترهای جستجو به‌صورت پیش‌فرض انتخاب شد. این نرم‌افزار به‌طور خاص برای شناسایی رونوشت‌های هدف از RNAهای کوچک از طریق الف) تجزیه و تحلیل تطابق مکمل بین RNA و هدف با استفاده از طرح پیش‌بینی شده و ب) ارزیابی جایگاه دسترسی هدف با محاسبه انرژی جفت‌نشده (UPE) لازم برای باز شدن

¹ Precursor

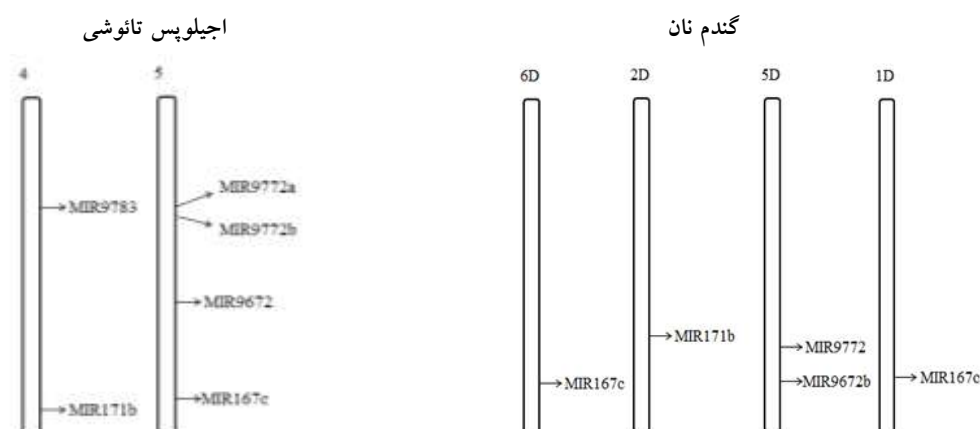
² Plant Small RNA Analysis Server

هستند. از بین MIRهای شناخته شده گندم، ۲۰ MIR روی کروموزوم‌های سری D قرار داشتند که از این تعداد ۶ MIR در ژنوم اجیلوپس تائوشی مشترک بود. بنابراین در این تحقیق از miRNAهای رونوشت از MIRهای مستقر در ژنوم D گندم و مشترک با اجیلوپس تائوشی جهت بررسی روابط تکاملی بین گندم نان و گونه‌های اجیلوپس تائوشی استفاده شد (جدول ۱). طبق جدول ۱، تعداد ۵ توالی miRNA رونوشت از MIRهای مستقر در ژنوم D گندم وجود دارد که مشترک با اجیلوپس تائوشی نیز می‌باشد. اکثر این miRNA روی رشته مثبت DNA قرار دارند. ژن‌های مربوط به miRNAهای مشترک، به ترتیب در ۴ و ۲ کروموزوم از ژنوم D گندم نان و اجیلوپس تائوشی پراکنده شده (شکل ۱). برای بررسی وجود و تأیید رابطه تکاملی بین گندم نان و اجیلوپس تائوشی، توالی miRNAهای مورد مطالعه در

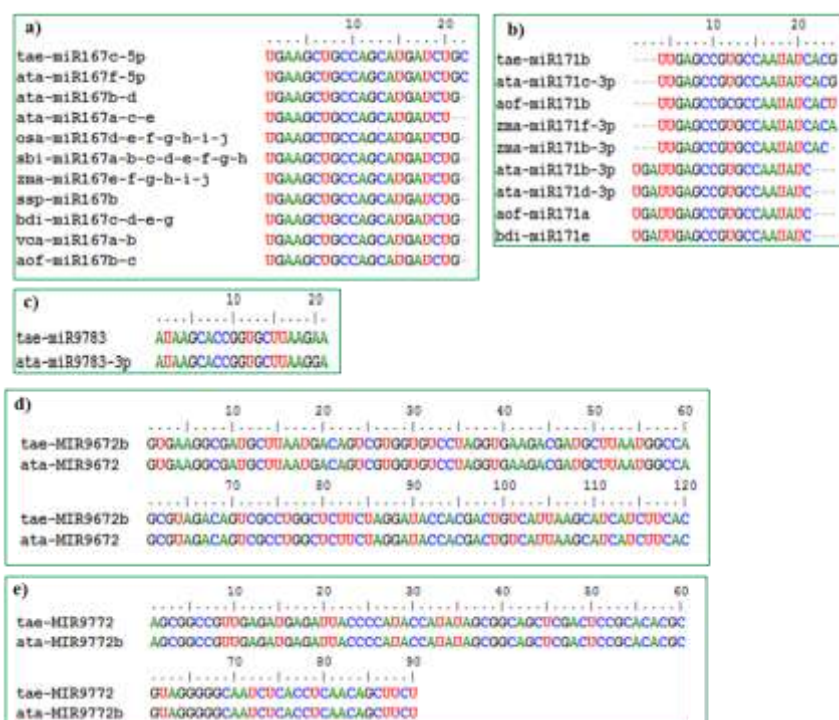
گندم و سایر گیاهان تک‌لپه‌ای دیگر مقایسه شد (شکل ۲). همدیفی توالی‌ها نشان می‌دهد که miR167c علاوه بر گندم (tae) و اجیلوپس تائوشی (ata)، در برنج (osa)، سورگوم (sbi)، نیشکر (sbi)، ذرت (zma)، چمن جاروی جنگلی (bdi)، گیاه زیتنی کاریناتا (vca) و مارچوبه (aof) نیز یافت شد. اما همدیفی کامل (۲۲ نوکلئوتید) تنها در گندم و اجیلوپس تائوشی مشاهده است. miR167c در گیاهان دیگر دارای ۲۰ یا ۲۱ نوکلئوتید بودند و در مواردی بیش از یک miRNA بالغ (که با حروف کوچک a, b, c و غیره نشان داده شده است)، متعلق به یک گیاه با توالی miR167c همدریف شدند (شکل ۲a). miR171b نیز در مارچوبه، ذرت و چمن شناسایی شد، اما توالی آن تنها در گندم و اجیلوپس تائوشی ۱۰۰ درصد مشابه بود (شکل ۲b).

جدول ۱- مشخصات miRNAهای رونوشت از MIRهای مستقر در ژنوم D گندم و مشترک با اجیلوپس تائوشی

ردیف	miRNA	گیاه	کروموزوم	طول	رشته
۱	167c	گندم	6D	22	+
		اجیلوپس	5	22	-
۲	171b	گندم	2D	21	-
		اجیلوپس	4	21	+
۳	9672b	گندم	5D	21	-
		اجیلوپس	5	21	-
۴	9772	گندم	5D	21	-
		اجیلوپس	5	21	-
۵	9783	گندم	1D	21	-
		اجیلوپس	4	21	+



شکل ۱- نمایش شماتیک جایگاه‌های miRNA مشترک مستقر روی کروموزوم‌های D گندم و اجیلوپس تائوشی



شکل ۲- هم‌ردیفی توالی‌های miRNA بالغ و ساقه-حلقه مربوط به ژنوم D گندم با سایر گیاهان تک‌لپه‌ای

در خصوص miR9783، بررسی‌ها نشان داد که این توالی فقط در گندم و اجیلوپس شناسایی شده و توالی آن‌ها در این دو گیاه تنها یک نوکلئوتید با همدیگر اختلاف دارد (شکل c۲). دو توالی miR9672b و miR9772 که فقط در گندم و اجیلوپس یافت شده‌اند، نه تنها در توالی miRNA بالغ، بلکه در توالی ساقه-حلقه (که به ترتیب ۱۲۰ و ۹۰ نوکلئوتید طول دارند) نیز دارای نوکلئوتیدهای کاملاً یکسان بودند (شکل d,e۲). بنابراین نتایج هم‌ردیفی توالی‌های miRNA مورد مطالعه نشان می‌دهد که این miRNAها در گندم و اجیلوپس تائوشی بیشترین همانندی ژنتیکی و روابط تکاملی را نسبت به سایر گیاهان تک‌لپه‌ای دارند.

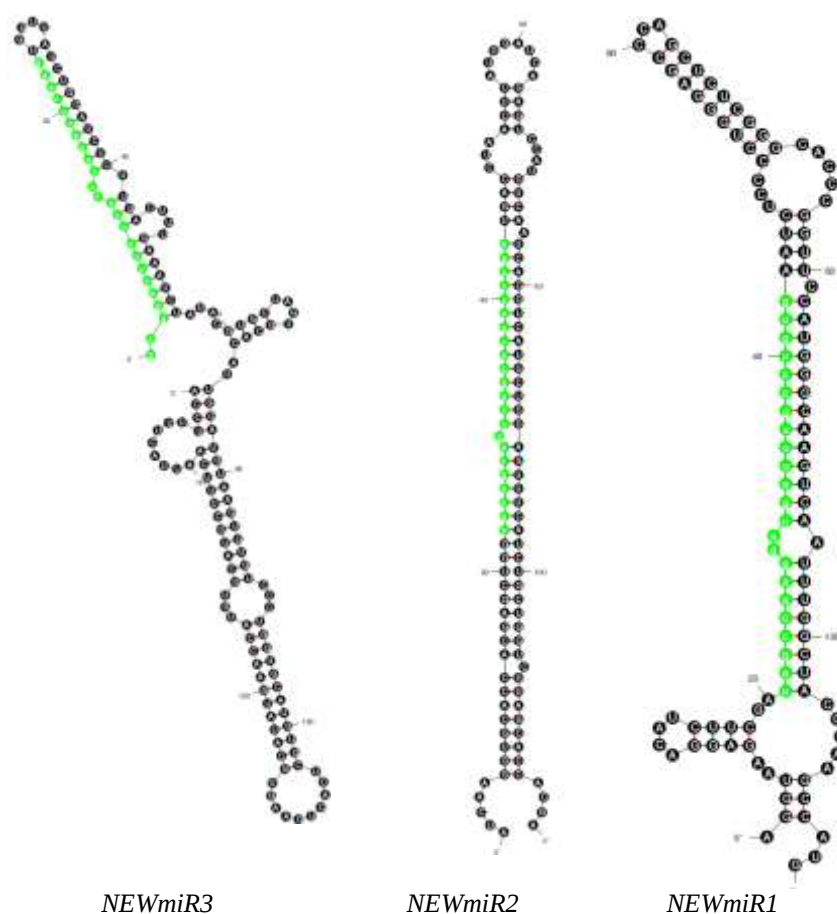
شناسایی miRNAهای بالقوه در گندم نان

برای شناسایی miRNAهای جدید گندم از همولوژی miRNAهای اجیلوپس تائوشی به عنوان توالی‌های مرجع در برابر توالی RNA Seq گندم نان استفاده شد. از مجموع ۹/۵۳۸/۹۰۳ توالی RNA Seq گندم نان، طی فرآیند BLASTx و BLASTn، به ترتیب توالی‌های غیرهمولوگ و کدکننده پروتئین حذف شد. در نهایت ۱۴ توالی کاندید برای بررسی ساختار ثانویه انتخاب شدند. بررسی ساختار ثانویه توالی‌های RNA Seq کاندید نیز طبق معیارهای بیان‌شده انجام گرفت. در نهایت سه ساختار برای

miRNA کاندید مناسب تشخیص داده شد که در شکل ۳ ساختار ساقه-حلقه آن‌ها نشان داده شده است.

در ادامه توالی miRNAهای کاندید شناسایی شده در پایگاه miRBase توسط BLASTn مورد جستجو قرار گرفت تا مشخص شود متعلق به چه خانواده‌ای هستند. در جدول ۲، مشخصات miRNAهای شناسایی شده آمده است.

طبق جدول ۲، هر سه توالی شناسایی شده فاقد عدم تطابق بودند و کمترین انرژی آزاد فولدینگ (MFE) آن‌ها منفی بودند. یکی از شاخص‌های تعیین ساختار ثانویه اسیدهای نوکلئیک است و هرچه این شاخص پایین‌تر باشد، نشان‌دهنده پایداری بیشتر توالی ساقه-حلقه از نظر ترمودینامیکی است. همچنین توالی ساقه-حلقه miRNA دارای ارزش MFEI بالاتری نسبت به RNAهای دیگر مانند tRNA و rRNA و mRNA هستند (Bonnet et al. 2004). در گزارشی شاخص مطلوب MFEI برای miRNA را ۰/۹۷ برآورد کرده که به طور معنی‌داری بالاتر از این شاخص در سایر RNAها (کمتر از ۰/۶۵) بود (Zhang et al. 2006b).



شکل ۳- ساختار ثانویه سنجاق سری پیش‌بینی شده برای سه miRNA گندم نان (miRNA بالغ با رنگ سبز نشان داده شده است)

جدول ۲- ویژگی‌های miRNAهای جدید شناسایی شده در گندم نان

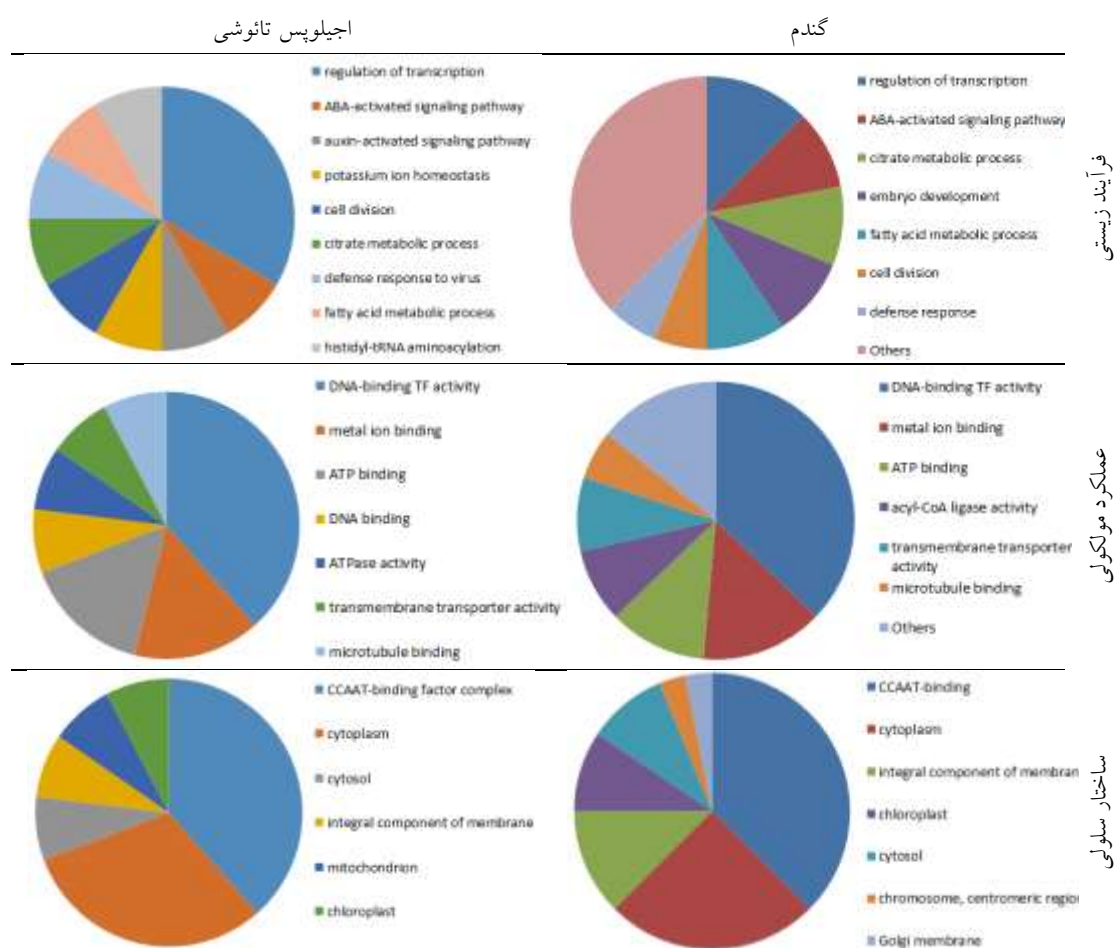
خانواده miRNA	(G+C) %	mismatch	MFEI	AMFE	MFE (kcal/mol)	طول miRNA	توالی miRNA	طول- miRNA	نام RNA Seq	ساختار
169	55	0	0.82	45.04	-51.8	23	UAGCCAAGGAUGAUUUGCCUGUG	115	SRR113482 56.206636.1	NEWmiR1
167	52	0	1.06	55.33	-66.4	22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	120	SRR113482 56.1160962. 1	NEWmiR2
5062	41	0	0.66	26.97	-41.0	24	GCGGAUUUUUCACCAAGAUUCAA G	152	SRR113482 56.109902.2	NEWmiR3

با توجه به نتایج این شاخص‌ها به همراه دیگر معیارها از جمله موقعیت قرارگیری miRNA بالغ در ساختار ساقه-حلقه و حداقل بودن تعداد عدم تطابق‌ها، تا حدود زیادی می‌توان از شناسایی صحیح miRNAها اطمینان حاصل کرد. همچنین توالی سه miRNA جدید کاندید جهت اطمینان از اینکه متعلق به سایر

RNAها از قبیل tRNA، rRNA و غیره نباشند، در پایگاه داده Rfam مورد بررسی قرار گرفت. جستجوی توالی سه miRNA در پایگاه موردنظر نتیجه‌ای در برنداشت. بدین معنی که توالی‌های مورد نظر به عنوان یک tRNA، rRNA یا RNA غیر کدشونده شناخته شده در این پایگاه وجود ندارند.

بود که شامل تنظیم رونویسی، مسیر سیگنالینگ فعال شونده توسط اسید آبسزیک (ABA)، فرآیند متابولیک سترات و اسید چرب، تقسیم سلولی و پاسخ دفاعی بود (شکل ۴). فعالیت به عنوان فاکتور رونویسی از طریق اتصال به DNA، فعالیت هدایت تراغشایی و اتصال به یون فلزی، ATP و میکروتیوبول از عملکردهای مولکولی مشترک بین ژن هدف *NEWmiR1* در گندم و اجیلوپس تائوشی بود. از نظر ساختار سلولی، ژنهای هدف عمدتاً در کمپلکس فاکتور اتصال به جعبه CCAAT (یک توالی تنظیمی مهم پروموتور)، سیتوپلاسم، سیتوزول و ساختار غشا شرکت داشتند. از نظر پروتئینهای کدشونده توسط ژنهای هدف *NEWmiR1*، اشتراک زیادی بین گندم و اجیلوپس تائوشی وجود داشت.

پیش‌بینی اهداف بالقوه miRNA شناسایی شده و مشترک برای درک نقش miRNAها در عملکرد سلولی مختلف و شبکه‌های تنظیم ژن، شناسایی ژن هدف miRNA گام مهمی است. ماهیت حفظ‌شدگی miRNAها در موجودات مختلف، احتمالاً عملکرد محافظت شده آنها را نیز در بر دارد (Zhang et al. 2006a). به طور کلی آنتولوژی ژنهای هدف به سه دسته فرآیندهای زیستی، عملکرد مولکولی و اجزای سلولی قابل تقسیم است که در ادامه به بررسی آنتولوژی ژنهای هدف miRNAهای شناسایی شده در گندم نان و اجیلوپس تائوشی پرداخته شده است. برای *NEWmiR1* به ترتیب ۳۸ و ۱۳ ژن هدف در گندم و اجیلوپس تائوشی شناسایی شد. فرآیندهای زیستی ژنهای هدف *NEWmiR1* در گندم و اجیلوپس تائوشی تا حدود زیادی مشابه



شکل ۴- آنتولوژی ژنهای هدف *NEWmiR1* در گندم نان و اجیلوپس تائوشی

اختصاصی سرین/ترئونین شبه‌گیرنده‌ای LRR¹ و پروتئین ARF8² بود. که اولی در غشای پلاسمایی مستقر شده و در مسیر سیگنالینگ نقش دارد و دومی در پاسخ به اکسین دخالت دارد. پروتئین هومولوگ Pumilio، اختصاصی نوکلئوتید و با اتصال به RNA در تنظیم رونویسی و پایداری mRNA نقش دارد (Francischini and Quaggio 2009). پروتئین‌های F-box فرآیندهای سلولی متعددی از جمله مرحله چرخه سلولی، تنظیم رونویسی و هدایت سیگنال را تنظیم می‌کند (Kuroda et al. 2002). دومین حاوی پروتئین غنی از گلیسین (GRDP2) نیز در نمو و پاسخ به تنش از طریق یک مکانیسم وابسته به اکسین دخالت دارد (Ortega-Amaro et al. 2014). در خصوص *NEWmiR3* در گندم سه ژن هدف شناسایی شد که از نظر آنولوژی به‌طور عمده در فرآیند ترجمه، اتصال به یون روی (عملکرد مولکولی) و زیرواحد کوچک ریبوزوم (ساختار سلولی) نقش داشته و همچنین پروتئین ریبوزومی از این ژن‌ها تولید می‌شود. اما برای اجیلوپس تائوشی هیچ ژن هدفی یافت نشد.

نتیجه‌گیری کلی

بررسی کروموزوم‌های گندم نان و اجیلوپس تائوشی نشان می‌دهد تا حدود زیادی کروموزوم‌های متناظر از لحاظ طول و تعداد ژن‌ها یکسان هستند. بررسی توالی خانواده‌های miRNA موجود در اجیلوپس تائوشی نشان می‌دهد که هر یک از آن‌ها دارای اعضای بیشتری نسبت به خانواده miRNA گندم هستند. به عبارت دیگر اگر توالی‌های متعددی در یک خانواده miRNA در اجیلوپس وجود دارد که فقط یک یا دو نوکلئوتید با توالی miRNA که قبلاً شناسایی شده اختلاف دارد. به عنوان مثال، miRNA 156 دارای ۵ توالی مختلف با نام‌های a, b, c, d و e است که تنها در یک یا نوکلئوتید با همدیگر تفاوت دارند، در حالی که در گندم تنها یک توالی برای miRNA 156 وجود دارد.

برای اکثر توالی‌های ساقه-حلقه در اجیلوپس تائوشی دو miRNA بالغ در دو بازوی 3' و 5' هر ساختار ساقه-حلقه معرفی شده، در حالی که در گندم تنها یک miRNA بالغ برای اکثر توالی‌های ساقه-حلقه معرفی شده است. با توجه به ارتباط خویشاندی این

اکثر پروتئین‌هایی که توسط ژن‌های هدف *NEWmiR1* در گندم و اجیلوپس تولید می‌شوند، مربوط به یکی از زیرواحدهای فاکتور رونویسی هسته‌ای (AtNF-YA-1) بود که از طریق شناسایی و اتصال به موتیف CCAAT در پروموتورها، سبب تحریک رونویسی ژن‌های مختلفی می‌شود. پروتئین کلروپلاستی اسیل کوآنزیم A از دیگر پروتئین‌های عمده بود که در متابولیسم اسید چرب و گلیسرولپید (shockey et al. 2002) و خروج اسید چرب از کلروپلاست نقش دارد (Schnur et al. 2002). پروتئین NAT2 در غشای پلاسمایی قرار دارد و در فعالیت نقل و انتقال بین غشایی نقش دارد. نیز در بین پروتئین‌های ژن‌های هدف یافت شد. آکونیتات هیدراتاز نیز که ایزومریزاسیون سیترات به ایزوسیترات را کاتالیز می‌کند، در تحمل به تنش اکسیداتیو نقش دارد (Maurino et al. 2006). زیرواحد ۸ کمپلکس پروتئینی AUGMIN نیز نقش مهمی در مدل رشد هیپوکتیل دارد (Cao et al. 2013). همچنین پروتئین MOB کیناز نقش کلیدی در تنظیم رشد و تقسیم سلولی دارد و برای نمو مناسب گیاه و الگوی صحیح مریستم ریشه و کنترل رشد ریشه مورد نیاز است (Pinosa et al. 2013).

برای *NEWmiR2* به ترتیب ۶۰ و ۲۳ ژن هدف در گندم و اجیلوپس تائوشی شناسایی شد. ژن‌های هدف *NEWmiR2* در گندم و اجیلوپس تائوشی عمدتاً در فرآیندهایی زیستی شامل مسیر سیگنالینگ فعال‌شونده توسط اکسین، پروتئین جعبه CAAX و تنظیم رونویسی (پس از رونویسی) دخیل هستند (پیوست ۴). فعالیت‌های دیگری از جمله انتقال یون، یوئیکوتینه کردن پروتئین و بیوسنتز فلاونوئید از دیگر فرآیندهای زیستی شناسایی شده بود. اتصال به DNA، ATP و mRNA فعالیت اندوپیتیدازی سستین، فعالیت ترانسفراز یوئیکوتئین و هدایت فسفات غیرارگانیک از عملکرد مولکولی ژن‌های هدف *NEWmiR2* در گندم نان و اجیلوپس تائوشی بود. ژن‌های هدف همچنین به‌طور عمده در ساختار هسته، سیتوپلاسم، غشا، سیتوزول و غشای اندوپلاسمی گیاهان مورد مطالعه حضور دارند. عمده‌ترین پروتئین‌های کدشونده توسط ژن‌های هدف *NEWmiR2* شامل پروتئین کیناز

¹ Leucine-rich repeat

² Auxin response factor

دو گیاه، دانش حاصل از بررسی داده‌های اجیلوپس تائوشی می‌تواند در مورد گندم نیز مورد توجه قرار بگیرد و امکان معرفی و شناسی miRNA بالغ دیگری برای هر ساختار ساقه-حلقه را فراهم کند.

در این تحقیق از یک روش محاسباتی مبتنی بر همردیفی توالی‌های شناخته شده miRNA با توالی‌های RNA موجود استفاده شد که در نتیجه آن سه توالی miRNA جدید گندم شناسایی شد. جستجو برای یافتن miRNAهای موجود مربوط به گندم نشان داد که هنوز miRNAهای زیادی در گندم و اجداد وحشی آن وجود دارند که شناسایی نشده‌اند. در این تحقیق فرض بر این بود که miRNAهایی که از MIRهای مستقر روی کروموزوم‌های سری D گندم قرار دارند، با miRNAهای اجیلوپس تائوشی یکسان هستند. این نتیجه تا حدود زیادی تأیید شد، چراکه از بین ۵ miRNA مورد مطالعه، ۴ توالی دارای نوکلئوتیدهای کاملاً یکسان و یک miRNA نیز تنها دارای یک اختلاف در نوکلئوتید بود. همچنین اکثر این miRNAها تنها در گندم و اجیلوپس شناسایی شده و در دیگر گیاهان تک‌لپه یافت نشد. همچنین دو miRNA نه تنها در توالی‌های miRNA بالغ بلکه در توالی‌ها ساقه-حلقه نیز مشابهت ۱۰۰ درصدی در گندم و اجیلوپس تائوشی داشتند. بنابراین به نظر می‌رسد که در طول تکامل، این توالی‌ها از اجیلوپس تائوشی به صورت حفاظت شده به گندم رسیده است. بررسی ژن‌های هدف miRNAهای مشترک گندم نان و اجیلوپس تائوشی نشان داد که از نظر آنولوژی ژن و

همچنین پروتئین‌های تولیدشده از آنها تشابه زیادی داشتند. بنابراین به نظر می‌رسد miRNAهای مشترک بین گندم نان و اجیلوپس تائوشی تا حدود زیادی نقش و عملکرد مشابهی در این گیاهان خویشاوند دارند. در کل پیش‌بینی ژن‌های هدف miRNA شناسایی شده نشان می‌دهد که ممکن است ژن‌های متعددی توسط یک miRNA تنظیم شود که این نتیجه مشابه با تحقیقات اخیر در سایر گونه‌های گیاهی است (Jones-Rhoades and Bartel 2004; Zhang et al. 2006c). بنابراین در تحقیقات miRNA پیشنهاد می‌گردد که علاوه بر ارتباطات بین miRNA و ژن‌های هدف، بیشتر بر روی شبکه‌های تنظیمی متمرکز شود. روش محاسباتی مورد استفاده در این تحقیق می‌تواند برای شناسایی miRNAهای جدید از سایر گونه‌های گیاهی که ژنوم هنوز کاملاً شناخته نشده، مورد استفاده قرار گیرد. در مطالعه حاضر از تعداد معدودی miRNA برای بررسی رابطه تکاملی استفاده شد، لذا برای دستیابی به نتایج بهتر و جامع‌تر در خصوص رابطه تکاملی گندم نان و اجیلوپس تائوشی پیشنهاد می‌شود در قالب یک طرح کلان از همه miRNAهای شناخته شده و قابل شناسایی برای تجزیه و تحلیل استفاده شود. یافته‌های این تحقیق علاوه بر شناخت بهتر رابطه تکاملی بین گندم نان و اجیلوپس تائوشی می‌تواند در درک بیشتر مکانیزم‌های تنظیم بیان ژن‌ها توسط miRNAها و استفاده از پتانسیل اجداد وحشی گندم در طرح‌های اصلاحی مورد بهره‌برداری قرار گیرد.

منابع

Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Zhang Z, Miller W, Lipman DJ (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*. 25:3389-3402.
Bonnet E, Wuyts J, Rouze P and Peer YV (2004) Evidence that microRNA precursors, unlike other non-coding RNAs, have lower folding free energies than random sequences. *Bioinformatics* 20:2911-2917.
Boyer JS (1982) Plant productivity and environment. *Science Journal* 218:443-448.
Cao L, Wang L, Zheng M, Cao H, Ding L, Zhang X, Fu Y (2013) Arabidopsis AUGMIN subunit8 is a microtubule plus-end binding protein that promotes microtubule reorientation in hypocotyls. *Plant Cell* 25:2187-2201.

Chen R, Hu Z, Zhang H (2009) Identification of MicroRNAs in Wild Soybean (*Glycine soja*). *Journal of Integrative Plant Biology* 51:1071-1079.
Curtis BC, Rajaram S and Macpherson HG (2002) Bread wheat: Improvement and Production. *FAO Plant production and protection series*. 30:12-15.
Dai X, Zhao PX (2011) PsRNATarget: a plant small RNA target analysis server. *Nucleic Acids Res* 39: W155.W159.
Dai X, Zhuang Z, Zhao PX (2018) psRNATarget: A Plant Small RNA Target Analysis Server. *Nucleic Acids Research* 46:W1:W49-W54.
Frazier TP, Xie F, Freistaedter A, Burklew CE, Zhang B (2010) Identification and characterization of microRNAs

- and their target genes in tobacco (*Nicotiana tabacum*). *Planta* 232:1289-1308.
- Gleave AP, Ampomah-Dwamena C, Berthold S, Dejnopratt S, Karunairetnam S, Nain B, Wang YY, Crowhurst RN, MacDiarmid RM (2008) Identification and characterisation of primary microRNAs from apple (*Malus domestica* cv. Royal Gala) expressed sequence tags. *Tree Genetics and Genomes* 4:343-358.
- Gororo NN, Eagles HA, Eastwood RF, Nicolas ME and Flood RG (2002) Use of *Triticum tauschii* to improve yield of wheat in low-yielding environments. *Euphytica* 123:241-254.
- Han Y, Luan F, Zhu H, Shao Y, Chen A, Lu C, Luo Y, Zhu B (2009) Computational identification of microRNAs and their targets in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Science China Life Sciences* 52: 1091-1100.
- <http://www.fao.org/faostat/en/#compare>. 2020
- Jones-Rhoades MW, Bartel DP (2004) Computational identification of plant microRNAs and their targets, including a stress induced miRNA. *Molecular Cell* 14: 787-799.
- Kalvari I, Nawrocki EP, Argasinska J, Quinones-Olvera N, Finn RD, Bateman A, Petrov AI (2018) Non-coding RNA analysis using the Rfam database. *Current Protocols in Bioinformatics*. 10.1002/cpbi.51.
- Kozomara A, Birgaoanu M, Griffiths-Jones S (2019) miRBase: from microRNA sequences to function. *Nucleic Acids Research*, 47:D155-D162.
- Kuroda H, Takahashi N, Shimada H, Seki M, Shinozaki K and Matsui M (2002) Classification and Expression Analysis of Arabidopsis F-Box-Containing Protein Genes. *Plant and Cell Physiology* 43:1073-1085. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcf151>
- Li ZF, Zhang YC and Chen YQ (2015) miRNAs and lncRNAs in reproductive development. *Plant Science* 238: 46-52.
- Malik R, Smith CM, Brown-Guedira GL, Harvey TL and Gill BS (2003) Assessment of *Aegilops tauschii* for resistance to biotypes of wheat Curl Mite (Acari: Eriophyidae). *Journal of Economic Entomology* 96:1329-1333.
- Maurino VG, Grube E, Zielinski J, Schild A, Fischer K, Flügge U (2006) Identification and Expression Analysis of Twelve Members of the Nucleobase-Ascorbate Transporter (NAT) Gene Family in Arabidopsis Thaliana. *Plant Cell Physiology* 47:1381-93.
- Ortega-Amaro MA, Rodriguez-Hernandez AA, Rodriguez-Kessler M, Hernandez-Lucero E, Rosales-Mendoza S, Ibanez-Salazar A, Delgado-Sanchez P, Jimenez-Bremont JF (2014) Overexpression of AtGRDP2, a novel glycine-rich domain protein, accelerates plant growth and improves stress tolerance. *Front. Plant Science* 5:782-782.
- Pinosa F, Begheldo M, Pasternak T, Zermiani M, Paponov IA, Dovzhenko A, Barcaccia G, Ruperti B, Palme K (2013) The Arabidopsis thaliana Mob1A gene is required for organ growth and correct tissue patterning of the root tip. *Annals of Botany* 112:1803-1814.
- Francischini CW, Quaggio RB (2009) Molecular characterization of Arabidopsis thaliana PUF proteins binding specificity and target candidates. *FEBS Journal* 276:5456-5470.
- Saeidi H, rahiminejad M, Vallian S and Heslop-Harrison jS (2006) Biodiversity of diploid D-genome *Aegilops tauschii* Coss. in Iran measured using microsatellites. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:1477-1484.
- Schnurr JA, Shockey JM, de Boer GJ, Browse JA (2002) Fatty acid export from the chloroplast. Molecular characterization of a major plastidial acyl-coenzyme A synthetase from Arabidopsis. *Plant Physiology* 129:1700-1709.
- Shah SH, Gorham J, Forster BP and Wyn Jones RG (1987) Salt tolerance in the Triticeae: The contribution of the D genome to cation selectivity in hexaploid wheat. *Journal of Experimental Botany* 38:254-269.
- Shockey JM, Fulda MS, Browse JA (2002) Arabidopsis contains nine long-chain acyl-coenzyme A synthetase genes that participate in fatty acid and glycerolipid metabolism. *Plant Physiology* 129:1710-1722.
- Shriram V, Kumar V, Devarumath R, Khare TS and Wani SH (2016) MicroRNAs as potential targets for abiotic stress tolerance in plants. *Frontiers in Plant Science* 7:817-835.
- Song C, Fang J, Li X, Liu H, Thomas CC (2009) Identification and characterization of 27 conserved microRNAs in citrus. *Planta* 230:685-671.
- Tarver JE, Donoghue, PCJ and Peterson KJ (2012) Do miRNAs have a deep evolutionary history? *Bioessays* 34:857-866.
- Triticum aestivum* Assembly and Gene Annotation (2020). Available at: http://plants.ensembl.org/Triticum_aestivum/Info/Annotation.
- Wang M, Wang Q, Wang B (2012) Identification and characterization of microRNAs in Asiatic cotton (*Gossypium arboreum* L.) *PLoS ONE* 7:e33696.
- Wolfgang M, Olga DP, Duroy AN, Gregory BM, Daniel FK (2007) Aconitase Plays a Role in Regulating Resistance to Oxidative Stress and Cell Death in Arabidopsis and *Nicotiana Benthamiana*. *Plant Molecular Biology* 63:273-87.
- Xie F, Frazier TP, Zhang B (2010) Identification and characterization of microRNAs and their targets in the bioenergy plant switchgrass (*Panicum virgatum*). *Planta* 232:417-434.
- Xie F, Frazier TP, Zhang B (2011) Identification, characterization and expression analysis of MicroRNAs and their targets in the potato (*Solanum tuberosum*). *Gene* 473:8-22.
- Xie F, Huang SQ, Guo K, Xiang AL, Zhu YY, Nie L, Yang ZM (2007) Computational identification of novel microRNAs and targets in *Brassica napus*. *FEBS Letters*. 581:1464-1474.
- Yin Z, Li C, Han X, Shen F (2008) Identification of conserved microRNAs and their target genes in tomato (*Lycopersicon esculentum*). *Gene* 414:60-66.
- Zhang BH, Pan XP, Cox SB, Cobb GP, Anderson TA (2006a) Conservation and divergence of plant microRNA genes. *Plant Journal* 46:243-259.

Zhang BH, Pan XP, Cox SB, Cobb GP, Anderson TA (2006b) Evidence that miRNAs are different from other RNAs. *Cellular and Molecular Life Sciences* 63:246-54.

Zhang BH, Pan XP, Cobb GP, Anderson TA (2006c) Identification of 188 conserved maize microRNAs and their targets. *FEBS Letters* 580:3753-3762.

Zhang BH, Pan XP, Stellwag EJ (2008) Identification of soybean microRNAs and their targets. *Planta* 229:161-182.

Zhang W, Luo Y, Gong X, Zeng W, Li S (2009) Computational identification of 48 potato microRNAs and their targets. *Computational Biology and Chemistry* 33:84-93.

Zuker M (2003) Mfold web server for nucleic acid folding and hybridization prediction. *Nucleic Acids Research* 31:3406-3415.