

مطالعه موقعیت اینترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین انگور

Analysis of introns position in grape *thioredoxin* genes

رضا حیدری جاپلغی^۱، رحیم حداد^{۲*} و قاسمعلی گروسی^۳

۱، ۲، ۳- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد و استادیاران، دانشگاه بین‌المللی امام خمینی (ره)، قزوین، ایران.

Heidari Japelaghi R¹, Haddad R^{*2}, Garousi GA³

1,2,3. Graduate Student and Assistant Professors, Imam Khomeini International University, Qazvin, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: raheemhaddad@yahoo.co.uk

(تاریخ دریافت: ۹۰/۱۱/۱۷ - تاریخ پذیرش: ۹۱/۷/۴)

چکیده

قطعات DNA ژنومی و ORF یک ژن تیوردوکسین *h*، تحت عنوان *VvCxxS2*، از بافت حبه انگور جداسازی و همسانه‌سازی گردیدند. قطعه DNA ژنومی *VvCxxS2* حاوی دو اینترون در موقعیت‌هایی مشابه با ژن‌های تیوردوکسین *h* انگور و گیاهان عالی بوده و اتصالات اینترون-اگزون آن همانند ژن‌های گیاهان عالی از قانون GT-AG تبعیت می‌نماید. بررسی موقعیت اینترونی نشان داد که دو اینترون از ژن تیوردوکسین کلامیدوموناس و یک اینترون از ژن تیوردوکسین مهره‌داران در موقعیتی مشابه با اینترون‌های ژن‌های تیوردوکسین‌های *f* و *h* گیاهان عالی قرار گرفته‌اند که به احتمال قوی یک خاستگاه اولیه را برای جلبک کلامیدوموناس، تیوردوکسین‌های *f* و *h* گیاهان عالی و مهره‌داران پیشنهاد می‌نماید. بررسی موقعیت اینترونی ژن‌های تیوردوکسین *o* نشان داد که این ژن‌ها دستخوش یک تکامل دیر هنگام شده و در مقایسه با تیوردوکسین‌های *f* و *h*، الگوی متفاوتی از تکامل را دارا می‌باشند. موقعیت اینترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین‌های *m*، *p*، *x* و *y* نیز مورد مطالعه قرار گرفته و نتایج بدست آمده نشان می‌دهند که این ژن‌ها دارای یک اینترون بین توالی پپتید انتقالی و پروتئین بالغ بوده و اینترون‌های خود را در طی یک تکامل دیر هنگام بدست آورده‌اند. در مجموع، نتایج بدست آمده در این بررسی نشان می‌دهد که تیوردوکسین-های *f*، *h* و *o* منشأ یوکاریوتی و تیوردوکسین‌های *m*، *p*، *x* و *y* منشأ پروکاریوتی داشته و الگوی متفاوتی از تکامل را نشان می‌دهند.

واژه‌های کلیدی

انگور،
اینترون،
تکامل،
تیوردوکسین،
کلامیدوموناس

مقدمه

تیوردوکسین‌ها (Trxs) پروتئین‌هایی کوچک (۱۲ تا ۱۳ کیلو دالتون) و مقاوم در برابر حرارت هستند که در تنظیم ردوکس سلولی دخالت دارند (Gelhay et al. 2005). این پروتئین‌ها به فراوانی در تمام موجودات زنده از پروکاریوت‌ها تا یوکاریوت‌های عالی یافت شده و تنوع گسترده‌ای را در موجودات فتوسنتز کننده نشان می‌دهند (Gelhay et al. 2004). برای مثال، حداقل ۴۸ ژن کد کننده تیوردوکسین و شبه تیوردوکسین در ژنوم توالی یابی شده گیاه مدل آرابیدوپسیس (*Arabidopsis thaliana*) شناسایی شده است (Meyer et al. 2008). نکته جالب در مورد تیوردوکسین‌ها این است که آن‌ها دارای یک ساختار سه‌بعدی کاملاً پایدار می‌باشند که تحت عنوان پیچ و تاب‌خوردگی مختص تیوردوکسین‌ها (Thioredoxin Fold) نامیده شده و در تمام موجودات زنده از پروکاریوت‌ها تا یوکاریوت‌ها از قبیل: جلبک-ها، گیاهان عالی و مهره‌داران مشاهده می‌شود (Maeda et al. 2008).

گیاهان عالی حاوی انواع مختلفی از ژن‌های تیوردوکسین می‌باشند که عبارتند از: تیوردوکسین‌های کلروپلاستی f , m , p , x و y ; تیوردوکسین‌های میتوکندریایی o ; تیوردوکسین‌های شبکه آندوپلاسمی s و تیوردوکسین‌های h (Gelhay et al. 2004; Alkhalifioui et al. 2008; Meng et al. 2010). تیوردوکسین‌های m , x و y منشأ پروکاریوتی داشته اما تیوردوکسین‌های f , h و o ویژه موجودات یوکاریوتی می‌باشند (Gelhay et al. 2004). تیوردوکسین‌های کلروپلاستی در هسته کد شده و به وسیله فردوکسین و آنزیم فردوکسین- تیوردوکسین ردوکتاز (FTR) احیاء می‌شوند (Lemaire et al. 2007)، در حالی که احیاء تیوردوکسین‌های h , o و s توسط NADPH و آنزیم NADPH- تیوردوکسین ردوکتاز (NTR) انجام می‌شود (Gelhay et al. 2008; Alkhalifioui et al. 2004). تیوردوکسین‌های h بر اساس بررسی ساختار اولیه پروتئینی و موقعیت زیرسلولی به سه زیرگروه مختلف تقسیم‌بندی می‌شوند (Gelhay et al. 2004). اعضای زیرگروه‌های I و II توسط آنزیم NTR احیاء شده، در حالی که احیاء اعضای زیرگروه III به سیستم

گلوتاتیون/گلوتارلدوکسین وابسته می‌باشد (Gelhay et al. 2003a).

خانواده چند ژنی تیوردوکسین‌ها به طور وسیع در گیاهان مختلف، به ویژه گیاه مدل آرابیدوپسیس (*A. thaliana*) مورد بررسی قرار گرفته است. در پژوهشی، موقعیت اینترون و اگزون شش قطعه ژنومی کد کننده تیوردوکسین h از گیاه مدل آرابیدوپسیس و قطعات ژنومی کد کننده تیوردوکسین‌های m و f از گیاه نخود فرنگی (*Pisum sativum*) مورد بررسی قرار گرفته و نتایج بدست آمده نظریه یوکاریوتی بودن تیوردوکسین‌های h و f و پروکاریوتی بودن تیوردوکسین m را قویاً تأیید نمود (Sahrawy et al. 1996). در صنوبر (*Populus trichocarpa*)، سه توالی کد کننده تیوردوکسین h از کتابخانه EST بافت‌های برگ و ریشه جداسازی و همسانه‌سازی شده و بررسی ویژگی‌های کاتالیتیکی پروتئین‌های کد شده آن‌ها نشان داد که این آیزوفرما حاوی توالی جایگاه فعال متفاوت بوده و به زیرگروه‌های مختلفی تعلق دارند (Gelhay et al. 2003b). بررسی فعالیت کاتالیتیکی ژن *AtTRXh5* در گیاه آرابیدوپسیس نشان داد که این ژن برخلاف سایر ژن‌های تیوردوکسین h آرابیدوپسیس، در اثر زخم‌شدگی، پیری، ریزش و عامل بیماریزای باکتریایی *Pseudomonas syringae* به میزان زیادی القاء شده و احتمالاً نقش مهمی در واکنش به تنش‌های اکسند و عوامل بیماریزا دارد (Laloi et al. 2004). همچنین بررسی فرآیند جوانه‌زنی بذور غلات نشان داده است که با دخالت تیوردوکسین‌های h ، پروتئین‌های موجود به شکل اکسید شده در بذور خشک و رسیده، پس از جذب آب توسط بذر به حالت احیاء شده درآمد و موجب جوانه‌زنی بذر می‌شوند (Alkhalifioui et al. 2007).

تاکنون پژوهشی در زمینه بررسی موقعیت اینترون- اگزون ژن‌های تیوردوکسین در گیاه انگور (*Vitis vinifera* L.) انجام نشده و این اولین پژوهش در این زمینه می‌باشد. در این مطالعه، قطعات DNA ژنومی و ORF یک ژن کد کننده تیوردوکسین نوع h تحت عنوان VvCxxS2، متعلق به زیرگروه III از بافت حبه انگور عسکری (*V. vinifera* L. cv. Askari) همسانه‌سازی و توالی‌یابی شده و موقعیت اینترون‌های آن با ژن‌های تیوردوکسین h انگور و

ژن‌های تیوردوکسین از سایر موجودات، به ویژه گیاه مدل آرابیدوپسیس مورد مقایسه قرار می‌گیرد. همچنین با بررسی موقعیت ایترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین‌های *o*, *p*, *m*, *f* و *x* و *y* نشان می‌دهیم که تیوردوکسین‌های *h*, *f* و *o* منشأ یوکاریوتی و تیوردوکسین‌های *x*, *p*, *m* و *y* منشأ پروکاریوتی داشته و الگوی متفاوتی از تکامل را نشان می‌دهند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و نمونه برداری

بافت حبه گیاه انگور عسکری (*V. vinifera* L.cv. Askari) در مرحله ترش- شیرین (Veraison) (Heidari et al. 2010) از مزارع انگور در ایستگاه تحقیقات انگور تاکستان، به میزان یک گرم توزین، درون ورقه‌های آلومینیومی بسته‌بندی شده و بلافاصله درون ازت مایع تثبیت گردید. نمونه‌ها سریعاً به آزمایشگاه انتقال داده شده و در دمای -80°C درجه سانتی‌گراد تا زمان استفاده، نگهداری شدند.

استخراج اسیدهای نوکلئیک و سنتز رشته اول cDNA

استخراج DNA ژنومی و RNA کل به روش et al. (2011) Heidari انجام شده و رشته اول cDNA با استفاده از $5\text{ }\mu\text{g}$ محلول RNA کل تیمار شده با آنزیم RNase-free DNase I (Fermentas)، آنزیم نسخه‌بردار معکوس RevertAidTM M-MuV (Fermentas) و آغازگرهای Oligo (dT)₁₈ (Qiagen) سنتز شد. ترکیب هر واکنش نسخه‌برداری شامل 1 mM Tris-HCl (pH 8.3)، 50 mM KCl، 50 mM MgCl₂، 10 mM dithiothreitol، 4 mM Oligo (dT)₁₈ primer، $50\text{ }\mu\text{M}$ dNTP و سر انجام 200 units RevertAidTM M-MuLV RT بود. واکنش نسخه‌برداری در دمای 42°C درجه سانتی‌گراد به مدت یک ساعت انجام و عمل غیر فعال‌سازی آنزیم نسخه‌بردار معکوس (RT) در دمای 70°C درجه سانتی‌گراد به مدت ده دقیقه صورت گرفت. بدین ترتیب از رشته اول مولکول cDNA مولکول RNA-DNA ساخته شده به عنوان الگو در واکنش RT-PCR استفاده شد.

طراحی آغازگرهای اختصاصی و واکنش PCR

واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) به منظور تکثیر ژن VvCxxS2 با استفاده از آنزیم *Pfu* (Fermentas)، آغازگرهای

اولیگونوکلئوتیدی و DNA ژنومی (تیمار شده با RNase A) یا cDNA سنتز شده (با RNA کل تیمار شده با DNase I) به عنوان الگو انجام شد. آغازگرهای اولیگونوکلئوتیدی بر اساس انتهای 5' و 3' چارچوب باز خواندنی توالی VvCxxS2 (با شماره دستیابی EE089310 موجود در پایگاه اطلاعات توالی GenBank در مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی (NCBI) با استفاده از نرم‌افزار Oligo. V5 طراحی شدند. آغازگرهای اختصاصی شامل سه نوکلئوتید اضافی و جایگاه شناسایی آنزیم برشی *Bam*HI در انتهای 5' بودند که توسط شرکت Metabion آلمان سنتز شدند. از آغازگر رفت (VvCxxSF)؛ با توالی 5'-
'*tacggatcc*ATGGAAAATCAGGAGCCG-3' و آغازگر برگشت (VvCxxSR)؛ با توالی 5'-
'*atcggatcc*CTAGGCTACATACACGCGAAA-3' استفاده شد. مخلوط واکنش در حجم نهایی $50\text{ }\mu\text{l}$ حاوی (pH 8.8) 1 mM Tris-HCl، 20 mM (NH₄)₂SO₄، 10 mM KCl، 10 mM MgSO₄، 2 mM Triton X-100، 0.1 mg/ml BSA، $0.1\text{ }\mu\text{M}$ از هر 500 pM dNTP، از هر 500 pM از هر آغازگر (رفت و برگشت)، 100 ng DNA الگو و $1/25$ واحد از آنزیم *Pfu* DNA polymerase مورد استفاده قرار گرفت. واکنش PCR با استفاده از یک دستگاه ترموسایکلر قابل برنامه‌ریزی (Techne-TC512، انگلستان) در 35°C چرخه دمایی انجام شد که شرایط دمایی و زمانی هر چرخه شامل: مرحله واسرشتگی در دمای 94°C درجه سانتی‌گراد و به مدت 30 s ثانیه، مرحله اتصال در دمای 58°C درجه سانتی‌گراد و به مدت یک دقیقه و مرحله تکثیر در دمای 72°C درجه سانتی‌گراد و به مدت یک تا دو دقیقه بود. همچنین مرحله واسرشتگی اولیه در دمای 94°C درجه سانتی‌گراد و به مدت سه دقیقه و مرحله تکثیر نهایی در دمای 72°C درجه سانتی‌گراد و به مدت ده دقیقه انجام گرفت.

همسانه سازی و توالی‌یابی DNA

پس از خالص‌سازی محصولات PCR با اندازه مورد نظر از روی ژل با استفاده از کیت استخراج اسید نوکلئیک (GF-1 PCR Clean Up Kit-Vivantis)، قطعات مورد نظر و ناقل پلاسمیدی pUC19 توسط آنزیم برشی *Bam*HI هضم گردیده و واکنش اتصال استفاده از آنزیم DNA لیگاز T4 انجام گرفته و محلول‌های اتصال به طور جداگانه و به روش شوک حرارتی به سلول‌های مستعد

تیوردوکسین‌های m ، x و y در هسته کد شده و درون کلروپلاست‌ها قرار گرفته و دارای یک انتهای آمینو با طول زیاد می‌باشند که احتمالاً به عنوان یک پپتید انتقالی برای ورود به درون کلروپلاست‌ها عمل می‌نماید (Lemaire et al. 2007). تیوردوکسین‌های p و s که به تازگی در گیاهان آرابیدوپسیس و یونجه (*Medicago truncatula*) شناسایی شده‌اند نیز در شاخه تیوردوکسین‌های پروکاریوتی قرار گرفته و همراه با تیوردوکسین‌های m ، x و y دارای منشأ پروکاریوتی می‌باشند (Alkhalfioui et al. 2010; Arsova et al. 2008). تیوردوکسین p با موقعیت کلروپلاستی و مشارکت در بیان ژن‌های پلاستی، نسبت به تیوردوکسین‌های m ، s و x در فاصله دورتری قرار گرفته و گروه مجزایی را تشکیل می‌دهد (Arsova et al. 2010; Meng et al. 2010). در حالی که تیوردوکسین s در مجاورت تیوردوکسین m قرار گرفته و احتمالاً پس از تفکیک گیاهان عالی از یکدیگر، از این گروه (تیوردوکسین m) تکامل یافته و محل فعالیتش درون شبکه آندوپلاسمی است (Alkhalfioui et al. 2008). تیوردوکسین‌های باکتریایی نیز یک گروه مجزا را درون تیوردوکسین m گیاهان عالی تشکیل می‌دهند که نشان دهنده شباهت بالای توالی پروتئینی بین آن‌ها و به احتمال قوی تکامل تیوردوکسین m از تیوردوکسین‌های باکتریایی می‌باشد (Sahrawy et al. 1996).

شاخه یوکاریوتی به تیوردوکسین‌های مهره‌داران، قارچ‌ها، جلبک سبز کلامیدوموناس (*Chlamydomonas reinhardtii*) و تیوردوکسین‌های f ، h و o گیاهان عالی تقسیم‌بندی می‌شود. تیوردوکسین f درون کلروپلاست‌ها قرار داشته (Lemaire et al. 2007) و یک گروه مجزایی را نزدیک مهره‌داران تشکیل می‌دهد. نکته جالب توجه آن است که اگر چه تیوردوکسین‌های f ، m ، p و x از نظر موقعیت زیرسلولی مشابه بوده و همگی درون کلروپلاست قرار دارند، اما به نظر می‌رسد که نحوه تکامل ژنتیکی تیوردوکسین f با سایر تیوردوکسین‌های کلروپلاستی متفاوت بوده و از یک تیوردوکسین یوکاریوتی مشتق شده است (Sahrawy et al. 1996). تیوردوکسین o با داشتن یک پپتید انتقالی و موقعیت زیرسلولی میتوکندریایی (Laloi et al. 2001) از نظر تکاملی به

باکتری اشریشیاکلی (*Escherichia coli*) سویه DH5 α ، انتقال داده شدند (Sambrook and Russell 2001). پس از انجام آزمون سفید-آبی، پلاسمیدهای نوترکیب با استفاده از روش تحلیل قلیایی با SDS استخراج گردیده و با استفاده از کیت GeneJETTM Plasmid Miniprep Kit (Fermentas) خالص‌سازی شدند. توالی یابی DNA پلاسمیدهای نوترکیب با استفاده از آغازگرهای راه-انداز باکتریوفاژ T7 در دو جهت رفت و برگشت و با روش توالی‌یابی Dideoxynucleotide توسط شرکت SeqLab (Sequence Laboratories Gottingen-Germany) انجام شد.

بررسی توالی و مطالعات فیلوژنتیکی

بررسی و تعیین موقعیت توالی‌های اینترون و اگزون ژن همسانه-سازی شده با استفاده از برنامه BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) در مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا (NCBI) انجام گرفته و توالی نوکلئوتیدی حاصل از توالی‌یابی با استفاده از برنامه Translate (<http://www.expasy.ch/tools>) مورد ترجمه قرار گرفت. همچنین تهیه هم‌ردیف‌سازی‌های چندگانه و ساخت درخت فیلوژنتیکی با استفاده از انواع تیوردوکسین‌های موجودات مختلف به کمک نرم‌افزار ClustalW (<http://ClustalW.genome.ad.jp>) انجام شد. شماره دستیابی توالی‌های پروتئینی موجود در NCBI که برای ساخت هم‌ردیف‌سازی‌های چندگانه و درخت فیلوژنتیکی مورد استفاده قرار گرفتند در جدول ۱ آورده شده است.

نتایج و بحث

مطالعه فیلوژنتیکی ژن‌های تیوردوکسین از موجودات مختلف مطالعه فیلوژنتیکی توالی اسیدآمینه‌ای تیوردوکسین‌ها از موجودات مختلف، موجود در پایگاه اطلاعات توالی NCBI GenBank، با استفاده از نرم‌افزار ClustalW به روش اتصال همسایه (Neighbor joining) منجر به ساخت یک درخت فیلوژنتیکی با گروه‌های مختلف گردید (شکل ۱). درخت فیلوژنتیکی به دو شاخه اصلی شامل تیوردوکسین‌های پروکاریوتی و یوکاریوتی تقسیم‌بندی می‌شود. شاخه پروکاریوتی از تیوردوکسین‌های باکتریایی و تیوردوکسین‌های m ، p ، s و x گیاهان عالی تشکیل شده است.

جدول ۱- شماره دستیابی توالی‌های پروتئینی موجود در NCBI GenBank مورد استفاده برای ساخت همریدف‌سازی‌های چنگانه و درخت فیلوژنتیکی

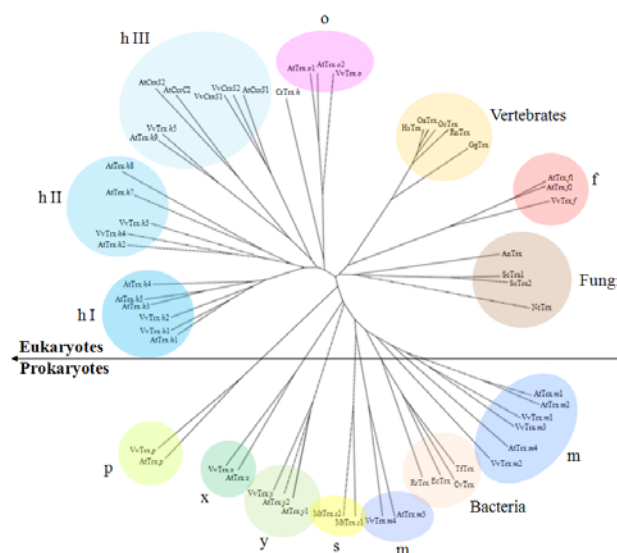
ردیف	نام موجود زنده	اسم علمی	نام ژن	شماره دستیابی
۱	مهره‌داران	انسان	<i>Homo sapiens</i>	X70286, X70287, X70288
		موش صحرایی	<i>Rattus norvegicus</i>	P11232
		خرگوش	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	P08628
		مرغ	<i>Gallus gallus</i>	P08629
		گوسفند	<i>Ovis aries</i>	P50413
۲	گیاهان عالی	ارابیدوپسیس	<i>Arabidopsis thaliana</i>	U35827
			<i>AtTrx h1</i>	U35826
			<i>AtTrx h2</i>	U35640
			<i>AtTrx h3</i>	U35828
			<i>AtTrx h4</i>	U35829
			<i>AtTrx h5</i>	AC007258
			<i>AtTrx h7</i>	AC010675
			<i>AtTrx h8</i>	AC012562
			<i>AtTrx h9</i>	At1g11530
			<i>AtCxxS1</i>	U35639
			<i>AtCxxS2</i>	At3g56420
			<i>AtCxxC2</i>	AC004238
			<i>AtTrx o1</i>	At1g31020
			<i>AtTrx o2</i>	At1g03680
			<i>AtTrx m1</i>	AL161497
			<i>AtTrx m2</i>	AC006248
			<i>AtTrx m3</i>	At3g15360
			<i>AtTrx m4</i>	AC018363
			<i>AtTrx f1</i>	At5g16400
			<i>AtTrx f2</i>	AC007980
			<i>AtTrx x</i>	At1g76760
			<i>AtTrx y1</i>	At1g43560
			<i>AtTrx y2</i>	AC023912
			<i>AtTrx p</i>	NC_012010
	انگور	<i>Vitis vinifera</i>	<i>VvTrx h1</i>	NC_012024
			<i>VvTrx h2</i>	NC_012007
			<i>VvTrx h3</i>	NC_012020
			<i>VvTrx h4</i>	NC_012014
			<i>VvTrx h5</i>	EU280166
			<i>VvCxxS1</i>	NW_002239150
			<i>VvTrx o</i>	NC_012018
			<i>VvTrx m1</i>	NC_012024
			<i>VvTrx m2</i>	NC_012025
			<i>VvTrx m3</i>	NC_012009
			<i>VvTrx m4</i>	NC_012010.2
			<i>VvTrx f</i>	NW_002239280
			<i>VvTrx x</i>	NW_002238144
			<i>VvTrx y</i>	NW_002239885
			<i>VvTrx p</i>	DQ121444
	یونجه	<i>Medicago truncatula</i>	<i>MtTrx s1</i>	DQ121445
			<i>MtTrx s2</i>	P80028
۳	جلبک‌ها		<i>CrTrx h</i>	M59168
۴	قارچ‌ها		<i>ScTrx1</i>	M59169
			<i>ScTrx2</i>	D45892
			<i>NcTrx</i>	XM-652682
			<i>AnTrx</i>	P0AA27
۵	باکتری‌ها		<i>EcTrx</i>	P09857
			<i>CvTrx</i>	P10473
			<i>RrTrx</i>	U20361
			<i>TfTrx</i>	
			<i>Thiobacillus ferrooxidans</i>	

در گیاهان عالی قابل مقایسه با پروکاریوت‌ها و سایر یوکاریوت‌ها، به ویژه مهره‌داران نیست. به عبارت دیگر، اگر چه تیوردوکسین‌ها به احتمال زیاد از یک جد مشترک بوجود آمده‌اند، اما دستخوش یک تکامل سریع درون یوکاریوت‌ها قرار گرفته به نحوی که موقعیت‌ها و توالی‌های اینترون درون ژن‌های تیوردوکسین می‌تواند به عنوان نشانه‌هایی از تکامل مورد توجه قرار گیرند (Sahrawy et al. 1996). به هر حال، این نتایج با فرضیه پروکاریوتی بودن تیوردوکسین‌های x و y و یوکاریوتی بودن تیوردوکسین‌های h ، f و o گیاهان عالی مطابقت داشته و نشان می‌دهد که به احتمال زیاد تیوردوکسین‌های p و s نیز دارای منشا پروکاریوتی می‌باشند.

موقعیت اینترون‌ها در توالی ژنومی تیوردوکسین‌های h انگور و سایر گیاهان عالی

توالی‌های DNA ژنومی و ORF ژن $VvCxxS2$ با استفاده از آغازگرهای ویژه $VvCxxSF$ و $VvCxxSR$ ، طراحی شده بر اساس توالی EST شناسایی شده در پایگاه اطلاعات توالی NCBI GenBank، همسانه‌سازی و توالی‌یابی گردیدند. قطعات DNA ژنومی و چارچوب بازخوانی ژن $VvCxxS2$ به ترتیب ۸۶۷ bp و ۳۸۱ bp طول داشته و یک پروتئین با ۱۲۶ اسیدآمینه را کد می‌نماید (شکل ۲). بررسی با برنامه BLAST نشان داد که توالی ژنومی $VvCxxS2$ ثبت شده در پایگاه اطلاعات توالی NCBI GenBank تحت شماره دستیابی HM370528، حاوی سه توالی اگزون (به ترتیب با اندازه‌های ۱۰۷ bp، ۱۲۲ bp و ۱۵۲ bp) و دو توالی اینترون (به ترتیب با طول‌های ۲۷۱ bp و ۲۱۴ bp) می‌باشد (شکل ۳). اتصالات اگزون-اینترون در ژن $VvCxxS2$ همانند ژن‌های گیاهان عالی از قانون GT-AG تبعیت نموده (Gallie 1993) و توالی‌های اینترون در مقایسه با توالی‌های کد کننده اگزون از نظر AT نسبتاً غنی می‌باشند.

به منظور مقایسه راحت‌تر، جایگاه اتصال بین توالی‌های اگزون و اینترون در توالی‌های پروتئینی بوسیله اسیدآمینه شماره‌گذاری شده بر اساس موقعیت اسیدآمینه مشابه در توالی پروتئینی تیوردوکسین باکتری اشریشیاکلی (*E. coli*) نشان داده می‌شود. به



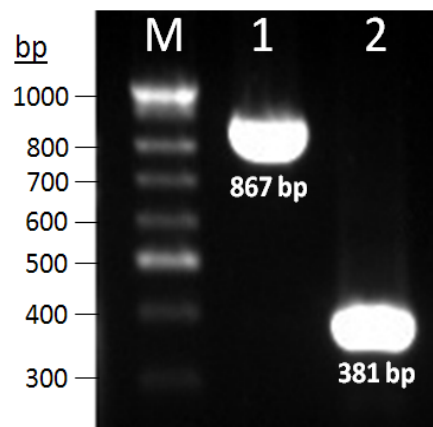
شکل ۱- درخت فیلوژنتیکی تیوردوکسین‌ها از موجودات مختلف. درخت فیلوژنتیکی با استفاده از توالی اسیدآمینه‌ای تیوردوکسین‌ها از موجودات مختلف، موجود در پایگاه اطلاعات توالی NCBI GenBank و توسط نرم‌افزار ClustalW به روش اتصال همسایه (Neighbor joining) ساخته شد.

گروه تیوردوکسین‌های h و جلبک کلامیدوموناس نزدیک می‌باشد. گروه تیوردوکسین‌های h در مقایسه با سایر تیوردوکسین‌های شناسایی شده دارای اشکال متنوع و چندگانه‌ای بوده که بطور وسیع در گیاهان عالی مورد بررسی قرار گرفته‌اند (Gelhay et al. 2004). تیوردوکسین‌های h درون سیتوزول، میتوکندری، شبکه آندوپلاسمی، غشاء پلاسمایی و حتی هسته سلول قرار داشته و بر اساس بررسی توالی اولیه پروتئینی و موقعیت زیرسلولی به سه زیرگروه مختلف I، II و III تقسیم‌بندی می‌شود (Gelhay et al. 2005). تیوردوکسین‌های مهره‌داران نیز از نظر تکاملی بسیار به یکدیگر نزدیک می‌باشند که این نشان دهنده شباهت زیاد بین توالی‌های پروتئینی و وقوع تکامل با سرعت اندک در تیوردوکسین‌های یوکاریوت‌های عالی است، در حالی که تیوردوکسین‌های یوکاریوت‌های پست از قبیل قارچ‌ها و جلبک کلامیدوموناس (به عنوان یک جد شناخته شده برای تیوردوکسین‌های گیاهان عالی به ویژه h و o) از نظر تکاملی بسیار با یکدیگر متفاوتند (Sahrawy et al. 1996).

نتایج بدست آمده از بررسی فیلوژنتیکی نشان می‌دهد که تیوردوکسین‌ها به فراوانی در تمام موجودات زنده از پروکاریوت‌ها تا یوکاریوت‌های عالی وجود داشته اما تنوع و گستردگی آن‌ها

۶۶A] واقع هستند. بررسی توالی ژنومی تیوردوکسین‌های *h* سایر گیاهان عالی نشان داد که ژن‌های *AtTrx h1* [صفر (صفر) ۲۴۷؛ (صفر) ۶۶S]، *AtTrx h2* [صفر (صفر) ۲۴L؛ (صفر) ۶۶D]، *AtTrx h5* [صفر (صفر) ۶۶D]، *AtTrx h9* [صفر (صفر) ۱۳G؛ (صفر) ۶۶D]، *AtCxxS1* [صفر (صفر) ۲۴I؛ (صفر) ۶۶E] از آراییدوپسیس، ژن *NtTrx h2* [صفر (صفر) ۲۴I؛ (صفر) ۶۶S] از تنباکو (*Nicotiana tabacum*) (Brugidou et al. 1993) و ژن *OsTrx h1* [صفر (صفر) ۲۴V؛ (صفر) ۶۶E] از برنج (*Oryza sativa*) (Ishiwatari et al. 1995) نیز حاوی اینترون‌هایی در مکان‌های مشابه با ژن‌های تیوردوکسین *h* انگور می‌باشند (شکل ۴ب). بنابراین نتایج نشان دهنده موقعیت حفظ شده دو توالی اینترون در ژن‌های تیوردوکسین *h* گیاهان عالی می‌باشد (Meyer et al. 2002).

برخلاف سایر ژن‌های تیوردوکسین *h* گیاهان عالی با دو توالی اینترون، ژن‌های *AtTrx h5* و *AtTrx h9* وضعیت متفاوتی از نظر تعداد اینترون‌ها نشان می‌دهند که بیانگر تکامل سریع در این ژن هاست. در ژن *AtTrx h5* که تنها حاوی یک اینترون مطابق با اولین اینترون ژن‌های تیوردوکسین‌های *h* است، اینترون دوم خود را طی یک واکنش حذف‌شدگی در طی تکامل از دست داده است (Sahrawy et al. 1996)، در حالی که در ژن *AtTrx h9* شرایط بالعکس می‌باشد. اکثر نتایج بدست آمده موقعیت حفظ شده و اندازه متفاوت دو اینترون را در ژن‌های تیوردوکسین *h* گیاهان عالی نشان می‌دهد. در انگور، ژن‌های *VvTrx h1* و *VvTrx h2* نسبت به سایر تیوردوکسین‌های *h* انگور، اینترون‌های خیلی بزرگتری دارند. همچنین برخلاف ژن *VvCxxS1*، توالی اینترون یک نسبت به اینترون دو در ژن‌های *VvTrx h1*، *VvTrx h2* و *VvCxxS2* بزرگتر می‌باشد، در حالی که اندازه اینترون‌ها در ژن‌های *VvTrx h3* و *VvTrx h4* تقریباً یکسان است (شکل ۴الف). اندازه اینترون‌ها به نوع گونه گیاهی بستگی دارد (Sahrawy et al. 1996)؛ به عنوان مثال اندازه اینترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین *h* آراییدوپسیس در مقایسه با انگور (*VvTrx h1* و *VvTrx h2*)، تنباکو (*NtTrx h2*) و برنج (*OsTrx h1*) خیلی کوتاهتر می‌باشد. ژن‌های *VvTrx h1*، *VvTrx h2* و *VvCxxS2* انگور با ژن‌های *AtTrx h1*، *AtCxxS1*، *NtTrx h2* و *OsTrx h1* در اینکه اینترون یک آن‌ها بزرگتر از اینترون دو است، مشابه هستند (شکل ۴الف).



شکل ۲- نتایج PCR و RT-PCR ژن *VvCxxS2* و الکتروفورز روی ژل آگاروز ۱/۲ درصد. (M) نشانگر مولکولی 100 bp، (۱) PCR قطعه DNA ژنومی ژن *VvCxxS2* به طول ۸۶۷ bp و (۲) RT-PCR قطعه ORF ژن *VvCxxS2* به طول ۳۸۱ bp.

عبارت دیگر عدد صفر نشان دهنده جایگاه اتصال بین اسیدآمینه نشان داده شده و اسیدآمینه قبلی بوده و اعداد یک و دو نشان می‌دهند که جایگاه اتصال درون اسیدآمینه مورد نظر می‌باشد با این تفاوت که عدد یک مربوط به جایگاه اتصال بین اولین و دومین نوکلئوتید و عدد دو نشان دهنده جایگاه اتصال بین دومین و سومین نوکلئوتید است. بررسی ساختار ژن‌های تیوردوکسین در موجودات مختلف نشان می‌دهد که برخلاف پروکاریوت‌ها و قارچ‌ها، این ژن‌ها در مهره‌داران، گیاهان عالی و جلبک‌ها حاوی اینترون‌هایی با اندازه‌های متفاوت می‌باشند (شکل ۴الف). توالی ژنومی *VvCxxS2* همراه با سایر ژن‌های تیوردوکسین *h* انگور (Jaillon et al. 2007) دارای اینترون‌هایی در مکان‌های مشابه می‌باشند. این توالی‌های ژنومی وجود دو اینترون را در ژن‌های *VvTrx h1* [صفر (صفر) ۲۴I؛ (صفر) ۶۶S]، *VvTrx h2* [صفر (صفر) ۲۴V؛ (صفر) ۶۶T]، *VvTrx h3* [صفر (صفر) ۲۴M؛ (صفر) ۶۶D]، *VvTrx h4* [صفر (صفر) ۲۴M؛ (صفر) ۶۶D]، *VvCxxS1* [صفر (صفر) ۲۴V؛ (صفر) ۶۶E] و *VvCxxS2* [صفر (صفر) ۲۴V؛ (صفر) ۶۶A] نشان می‌دهند (شکل ۴ب). در ژن *VvCxxS2*، اسیدهای آمینه والین (Val) و آلانین (Ala) به ترتیب در موقعیت‌های ۳۶ و ۷۷ قرار گرفته و جایگاه‌های اتصال بین دومین و سومین نوکلئوتید برای اسیدآمینه والین [GT/T] و ۲۴V و اولین و دومین نوکلئوتید برای اسیدآمینه آلانین [G/CG]



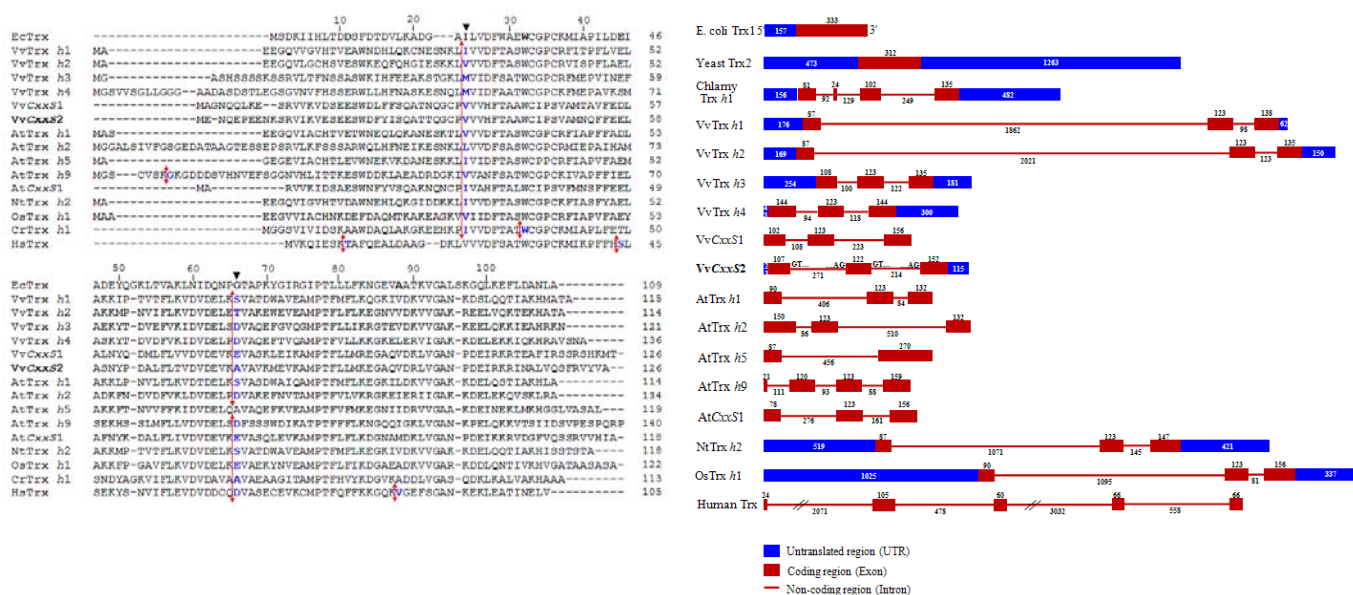
شکل ۳- توالی‌های نوکلئوتیدی و اسیدآمینه‌ای ژن *VvCxxS2*. ژن *VvCxxS2* حاوی سه توالی اگزون (با اندازه‌های ۱۰۷ bp، ۱۲۲ bp و ۱۵۲ bp) و دو توالی اینترون (با طول‌های ۲۷۱ bp و ۲۱۴ bp) می‌باشد که به ترتیب با رنگ‌های سبز و قرمز مشخص شده‌اند. اتصالات اگزون- اینترون () به صورت و شماره‌های نوکلئوتیدها و اسیدهای آمینه به ترتیب در سمت چپ و راست نشان داده شده‌اند.

h CrTrx از جلبک کلامیدوموناس [(صفر) ۲۴I؛ (صفر) ۳۲W؛ (صفر) ۶۶A] اولین و سومین اینترون با دو اینترون ژن *VvCxxS2* و ژن‌های تیوردوکسین *h* گیاهان عالی مطابقت داشته در حالی که دومین اینترون درون توالی اگزون دو قبل از جایگاه فعال قرار گرفته است (شکل ۴ب). همچنین در انسان و سایر مهره‌داران، ژن‌های تیوردوکسین دارای ۴ توالی اینترون در موقعیت‌های مشابه [(صفر) ۱۱T؛ (صفر) ۴۵S؛ (صفر) ۶۶D؛ (صفر) ۸۸V] بوده، به طوری که اینترون سه آن‌ها در موقعیت مشابه با اینترون دو تیوردوکسین‌های *h* گیاهان عالی قرار گرفته است (شکل ۴ب). این نتایج نشان می‌دهد که ژن‌های تیوردوکسین از جلبک کلامیدوموناس و مهره‌داران به همراه تیوردوکسین‌های *h* گیاهان عالی، اگر چه دارای تفاوت‌هایی در توالی اسیدآمینه‌ای خود می‌باشند، اما همگی آن‌ها به احتمال زیاد دارای یک جد مشترک با حداقل یک توالی اینترون در موقعیت ۶۶ می‌باشند.

که نشان دهنده یک کاهش یا افزایش هماهنگ شده در توالی نوکلئوتیدی اینترون‌ها در طی تکامل می‌باشد (Sahrawy et al. 1996). بررسی توالی اینترون‌ها با استفاده از برنامه BLAST، هیچ گونه شباهتی را بین توالی‌های اینترون از ژن‌های تیوردوکسین *h* متفاوت و توالی‌های نزدیک از یک گونه گیاهی نشان نداد که می‌تواند تأیید کننده این فرضیه باشد که توالی‌های اینترون سریعتر از توالی‌های کد کننده (اگزون‌ها) تکامل می‌یابند (Koonin 2006). موقعیت اینترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین از باکتری اشریشیاکلی، مخمر ساکارومیسس (*Saccharomyces cerevisiae*)، جلبک سبز کلامیدوموناس (*C. reinhardtii*) و انسان (*Homo sapiens*) نیز مورد بررسی قرار گرفت. ژن‌های تیوردوکسین از باکتری اشریشیاکلی و مخمر ساکارومیسس فاقد اینترون بوده در حالی که ژن‌های تیوردوکسین از جلبک کلامیدوموناس و انسان به ترتیب حاوی سه و چهار توالی اینترون می‌باشند (شکل ۴الف). در ژن

الف

ب



شکل ۴- ساختار و موقعیت اینترون‌های ژن *VvCxxS2* و سایر ژن‌های تیوردوکسین از موجودات مختلف. الف) ساختار ژن *VvCxxS2*، ژن‌های تیوردوکسین *h* انگور و ژن‌های تیوردوکسین از انسان، گیاهان عالی، جلبک کلأمیدوموناس، مخمر ساکارومیسس و باکتری اشیریشیاکلی. نواحی غیرقابل ترجمه (UTR)، رمزگردان (Exon) و غیر رمزگردان (Intron) با ذکر اندازه، به ترتیب با نوارهای آبی، قرمز و خطوط قرمز رنگ نشان داده شده‌اند. ب) موقعیت اینترون‌ها در ژن *VvCxxS2*، ژن‌های تیوردوکسین *h* انگور و ژن‌های تیوردوکسین از انسان، گیاهان عالی، جلبک کلأمیدوموناس و باکتری اشیریشیاکلی. توالی‌های پروتئینی بدست آمده از تیوردوکسین‌ها با استفاده از نرم‌افزار ClustalW هم‌ردیف شده و موقعیت اینترون‌ها با علامت فلش مشخص شده‌اند. از توالی پروتئینی تیوردوکسین باکتری اشیریشیاکلی برای شماره‌گذاری استفاده گردیده و اسیدآمینو آغاز کننده توالی اینترون‌ها نیز با رنگ آبی و علامت مثلث نشان داده شده است. شماره دستیابی ژن‌های *OsTrx h1* از برنج (*Oryza sativa*) و *NtTrx h2* از توتون (*Nicotiana tabacum*) به ترتیب عبارتند از: D26547 و Z11803.

کند (Hartman et al. 1990). در ژن‌های تیوردوکسین *f* مورد بررسی، توالی اینترون یک بزرگتر از اینترون دو بوده و ژن *VvTrx f* در مقایسه با دو ژن دیگر دارای بزرگترین توالی اینترون یک می‌باشد (شکل ۵الف). ژن‌های *VvTrx o* [(یک) ۰G؛ (یک) -D؛ (یک) ۳۶C؛ (صفر) ۶۴D؛ (صفر) ۷۷P؛ (۲) ۱۰۹K] انگور و *AtTrx o1* [(یک) ۰G؛ (یک) -D؛ (یک) ۳۶C؛ (صفر) ۶۴G؛ (صفر) ۷۷P] از آرآبیدوپسیس به ترتیب دارای ۵ و ۶ اینترون در مکان‌های مشابه می‌باشند (شکل ۵ب). همان‌طور که مطالعات فیلوژنتیکی نشان داد، تیوردوکسین *o* همانند تیوردوکسین‌های *f* و *h* دارای منشا یوکاریوتی می‌باشند (شکل ۱). به هر حال در تیوردوکسین *o*، توالی‌های اینترون با موقعیت مشابه با تیوردوکسین‌های *f* و *h* مشاهده نشده و به نظر می‌رسد که اینترون‌های تیوردوکسین *o* در طی یک تکامل دیر هنگام به توالی ژنومی اضافه شده‌اند (Sahrawy et al. 1996). ژن‌های

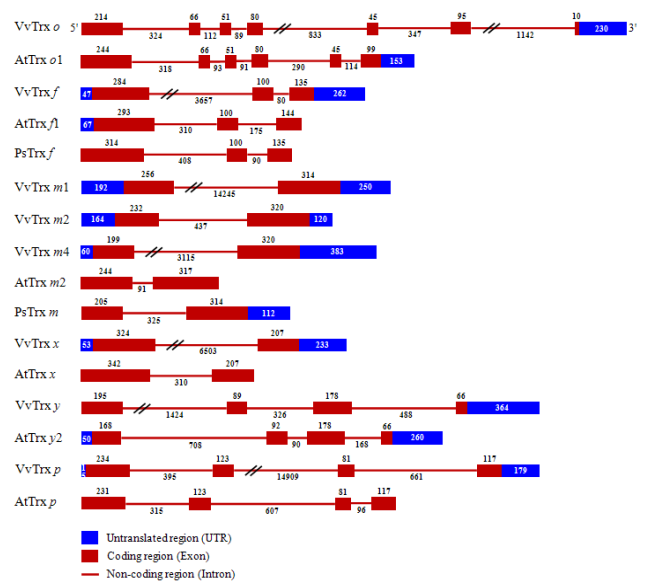
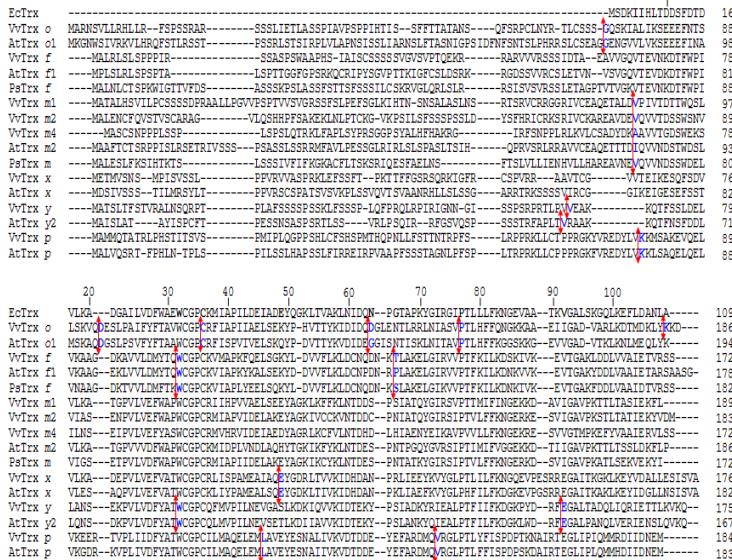
موقعیت اینترون‌ها در توالی ژنومی تیوردوکسین‌های انگور و سایر گیاهان

بررسی ساختار ژن‌های تیوردوکسین‌های *f*، *o*، *m*، *p*، *x* و *y* در انگور و گیاهانی از قبیل آرآبیدوپسیس و نخود فرنگی (*P. sativum*) نشان داد که این ژن‌ها همانند ژن‌های تیوردوکسین *h* حاوی اینترون‌هایی در موقعیت‌های متفاوت با اندازه‌های مختلف می‌باشند (شکل ۵الف). ژن‌های *VvTrx f* [(دو) ۳۲W؛ (صفر) ۶۶T] انگور، *AtTrx f1* [(دو) ۳۲W؛ (صفر) ۶۶P] آرآبیدوپسیس و *PsTrx f* [(دو) ۳۲W؛ (صفر) ۶۶S] از نخود فرنگی حاوی دو اینترون در مکان‌های مشابه ۳۲ و ۶۶ می‌باشند (شکل ۵ب). اولین اینترون قبل از اسیدآمینو تربیتوفان جایگاه فعال (W۳۲)، مشابه با اینترون دوم تیوردوکسین *h* کلأمیدوموناس قرار گرفته و موقعیت اینترون دوم مطابق با دومین اینترون ژن‌های تیوردوکسین *h* گیاهان عالی است که نظریه یوکاریوتی بودن تیوردوکسین *f* را قویاً تایید می‌-

الف

ب

10



شکل ۵- ساختار و موقعیت اینترون‌های ژن‌های *o. m. f.*، *p. x.* و *y.* گیاهان عالی. الف) ساختار ژن‌های تیوردوکسین‌های *o. m. f.*، *p. x.* و *y.* در گیاهان آراییدوپسیس، انگور و نخود فرنگی. نواحی غیرقابل ترجمه (UTR)، رمزگردان (Exon) و غیر رمزگردان (Intron) با ذکر اندازه، به ترتیب با نوارهای آبی، قرمز و خطوط قرمز رنگ نشان داده شده‌اند. ب) موقعیت اینترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین‌های *o. m. f.*، *p. x.* و *y.* در گیاهان آراییدوپسیس، انگور و نخود فرنگی. توالی‌های پروتئینی بدست آمده از تیوردوکسین‌ها با استفاده از نرم‌افزار ClustalW هم‌ردیف شده و موقعیت اینترون‌ها با علامت فلش مشخص شده‌اند. از توالی پروتئینی تیوردوکسین باکتری اشریشیاکلی برای شماره‌گذاری استفاده گردیده و اسیدآمینو آغاز کننده توالی اینترون‌ها نیز با رنگ آبی نشان داده شده است.

تیوردوکسین x همانند تیوردوکسین m تنها دارای یک ایترون می‌باشد که طول آن در گونه‌های مختلف گیاهی متفاوت است. این توالی ایترون در موقعیت مشابه در ژن‌های تیوردوکسین x قرار دارد: $VvTrx\ x$ (صفر) [۴۹E]، $AtTrx\ x$ (صفر) [۴۹E] (شکل ۵ب). بررسی ژن‌های تیوردوکسین‌های p و y از انگور و آرابیدوپسیس نیز نشان داد که هر یک از آن‌ها حاوی سه ایترون در موقعیت‌های مشابه بوده به طوری که توالی ایترون یک در ژن‌های تیوردوکسین y و توالی ایترون دو در ژن‌های تیوردوکسین p نسبت به ایترون‌های دیگر بزرگتر می‌باشند (شکل ۵الف). در ژن‌های $VvTrx\ y$ (صفر) [۷۷-؛ (۲) ۳۲W؛ (صفر) ۹۲E] و $AtTrx\ y2$ (صفر) [۷۷-؛ (۲) ۳۲W؛ (صفر) ۹۲E] اولین ایترون مابین توالی پپتید انتقالی و پروتئین بالغ قرار گرفته و موقعیت ایترون دوم مشابه با اولین ایترون تیوردوکسین f و دومین ایترون ژن $CrTrx\ h$ می‌باشد (شکل ۵ب). همچنین در ژن‌های $VvTrx\ p$ (صفر) [۶K؛ (صفر) ۴۶L؛ (صفر) ۷۳V] و $AtTrx\ p$ (صفر) [۶K؛ (صفر) ۴۶L؛ (صفر) ۷۳V]، ایترون یک، توالی پپتید

تیوردوکسین m از انگور: [VvTrx $m1$] (یک ۵V)، [VvTrx $m2$] (یک ۵A)، [VvTrx $m4$] (یک ۵V)، [AtTrx $m2$] (یک ۵I) و نخود فرنگی: [PsTrx m] (یک ۵V) تنها حاوی یک ایترون در موقعیت مشابه می‌باشند که بین توالی پپتید انتقالی و پروتئین بالغ قرار می‌گیرد (Jaillon et al. 2007) (شکل ۵ب). در مقایسه با گیاهان آرابیدوپسیس و نخود فرنگی، ژن‌های تیوردوکسین m از انگور حاوی ایترون‌هایی با اندازه بزرگتر بوده و همان طور که گفته شد، اندازه ایترون‌ها به نوع گونه گیاهی بستگی دارد (شکل ۵الف). موقعیت ایترون در ژن‌های تیوردوکسین m با موقعیت ایترون‌ها در تیوردوکسین‌های f و h مشابه نبوده و این نشان دهنده اضافه شدن توالی ایترون در طول تکامل دیر هنگام در توالی ژنومی تیوردوکسین m می‌باشد که تایید کننده منشا پروکاریوتی آن‌هاست (Sahrawy et al. 1996). این وضعیت در ژن‌های تیوردوکسین x نیز مشاهده می‌شود با این تفاوت که توالی ایترون مابین پپتید انتقالی و پروتئین بالغ واقع نشده و پس از جایگاه فعال پروتئین قرار می‌گیرد.

انتقالی را از توالی پروتئین بالغ جدا نموده و موقعیت سایر ایترون‌ها شباهتی با تیوردوکسین‌های بحث شده ندارد. به هر حال، موقعیت ایترون‌ها در تیوردوکسین‌های p و y با تیوردوکسین‌های f ، h و o با منشا یوکاریوتی هیچ شباهتی نداشته و بنابراین چنین به نظر می‌رسد که احتمالاً این ژن‌ها دستخوش یک تکامل دیر هنگام شده و با توجه به نتایج بدست آمده از مطالعات فیلوژنتیکی، خاستگاه پروکاریوتی آن‌ها تأیید می‌شود (Meyer et al. 2002).

نتیجه‌گیری

امروزه نقش ایترون‌ها در تکامل و ارزش آن‌ها به عنوان نشانه‌هایی از تکامل، موضوع بحث پژوهش‌های فراوانی است. با بررسی دقیق توالی اسیدآمینه‌ای و مقایسه موقعیت ایترون‌ها در ژن‌های تیوردوکسین از موجودات یوکاریوتی، تصویر جامعی از آغاز تکامل این ژن‌ها از یک جد مشترک با حداقل هفت ایترون بدست می‌آید. به هر حال، ژن‌های تیوردوکسین در یوکاریوت‌های عالی از قبیل جانوران و گیاهان عالی با کاهش در تعداد ایترون‌ها مواجه شده، به طوری که این کاهش در یوکاریوت‌های پست شامل قارچ‌ها و جلبک‌ها بیشتر می‌باشد.

در گیاهان عالی، ژن‌های تیوردوکسین، ایترون‌های زیادی را از دست داده و ژن‌هایی با سه ایترون، مشابه با ژن h CrTrx از کلامیدوموناس را بوجود آوردند که متعاقباً با ناپدید شدن یک ایترون دیگر به طور تصادفی، ژن‌هایی با دو ایترون (تیوردوکسین‌های f و h) تشکیل شدند. به عبارت دیگر، این احتمال وجود دارد که تیوردوکسین‌های f و h از ژن h CrTrx کلامیدوموناس تکامل یافته باشند. تکامل بیشتر در ژن‌های تیوردوکسین با منشا یوکاریوتی منجر به ایجاد یک ژن تیوردوکسین h با یک توالی ایترون منفرد ($h5$ AtTrx) در آرابیدوپسیس گردید. برخلاف آنچه که گفته شد، ژن‌های

تیوردوکسین o با منشا یوکاریوتی در طی تکامل با کاهش در تعداد ایترون‌ها مواجه نشده و به نظر می‌رسد که ایترون‌های خود را در طی یک تکامل دیر هنگام بدست آورده باشند، چرا که موقعیت ایترون‌های آن‌ها با جد مشترک یا حداقل با تیوردوکسین‌های f و h مشابه نبوده و احتمالاً، برخلاف تیوردوکسین‌های یوکاریوتی، الگوی متفاوتی از تکامل را دارا می‌باشند که نیاز به بررسی‌های بیشتری دارد. ژن‌های تیوردوکسین p ، m و y دارای یک ایترون بین توالی پپتید انتقالی و پروتئین بالغ می‌باشند که در سایر ژن‌های هسته‌ای کد کننده پروتئین‌های کلروپلاستی نیز دیده می‌شود که نشان دهنده منشا پروکاریوتی این تیوردوکسین‌ها می‌باشد. به هر حال عدم وجود حتی یک توالی ایترون مشابه در ژن‌های تیوردوکسین‌های p ، m ، x و y نشان می‌دهد که احتمالاً این ایترون‌ها در طی یک تکامل دیر هنگام به توالی ژن‌ها اضافه شده‌اند.

در مجموع، نتایج بدست آمده در این بررسی نشان می‌دهد که تیوردوکسین‌های f ، h و o منشا یوکاریوتی و تیوردوکسین‌های p ، x و y منشأ پروکاریوتی داشته و الگوی متفاوتی از تکامل را نشان می‌دهند. با این وجود همچنان نکات مبهم بیشماری باقی می‌ماند که نیاز به پژوهش‌های بیشتری دارد، از قبیل اینکه در طی تکامل تعداد ایترون‌ها در ژن‌های یوکاریوتی کاهش می‌یابد یا افزایش؟ آیا این کاهش یا افزایش تعداد ایترون‌ها یک امر تصادفی است یا یک فرآیند برنامه‌ریزی شده؟ به چه نحو تیوردوکسین‌های f و o با منشا یوکاریوتی به ترتیب می‌توانند در اندامک‌های کلروپلاست و میتوکندری فعالیت داشته باشند؟ نحوه تکامل تیوردوکسین o با منشا یوکاریوتی چگونه است؟ آیا همانند تیوردوکسین‌های f و h از کلامیدوموناس تکامل یافته‌اند یا خیر؟

منابع

- Alkhalfioui F, Renard M, Frendo P, Keichinger C, Meyer Y, Gelhaye E, Hirasawa M, Knaff DB, Ritzenthaler C and Montrichard F (2008) A novel type of thioredoxin dedicated to symbiosis in legumes. *Plant Physiol* 148:424-435
- Alkhalfioui F, Renard M, Vensel WH, Wong J, Tanaka CK, Harkman WJ, Buchanan BB and Montrichard F

(2007) Thioredoxin-linked proteins are reduced during germination of *Medicago truncatula* seeds. *Plant Physiol* 144:1559-1579

Arsova B, Hoja U, Wimmelbacher M, Greiner E, Ustun S, Melzer M, Petersen K, Lein W and Bornke F (2010) Plastidial thioredoxin z interacts with two fructokinase-like proteins in a thiol-dependent manner: evidence for an essential role in chloroplast development in

- Arabidopsis* and *Nicotiana benthamiana*. <http://www.plantcell.org/cgi/doi/10.1105/tpc.110.220512>
- Brugidou C, Marty I, Chartier Y and Meyer Y (1993) The *Nicotiana tabacum* genome encodes two cytoplasmic thioredoxin genes which are differently expressed. *Mol Gen Genet* 238:285-293.
- Gallie DR (1993) Post-transcriptional regulation of gene expression in plants. *Ann Rev Plant Physiol* 44:77-105
- Gelhay E, Rouhier N, Jacquot JP (2003a) Evidence for a subgroup of thioredoxin *h* that requires GSH/Grx for its reduction *FEBS Letters* 555:443-448
- Gelhay E, Rouhier N, Jacquot JP (2004) The thioredoxin *h* system of higher plants. *Plant Physiol Biochem* 42:265-271.
- Gelhay E, Rouhier N, Navrot N, Jacquot JP (2005) The plant thioredoxin system. *CMLS Cell Mol Life Sci* 62:24-35.
- Gelhay E, Rouhier N, Vlamis-Gardikas A, Girardet JM, Sautière PE, Sayzet M, Martin F, Jacquot JP (2003b) Identification and characterization of a third thioredoxin *h* in poplar. *Plant Physiol Biochem* 41:629-635
- Hartman H, Syvanen M, Buchanan BB (1990) Contrasting evolutionary histories of chloroplast thioredoxins *f* and *m*. *Mol Biol Evol* 7:247-254.
- Heidari Japelaghi R, Haddad R, Garoosi GA (2010) Expression analysis of three h-type thioredoxin isoforms in three Iranian grape (*Vitis vinifera* L.) cultivars, indicating differential expression in different tissues. *Iranian Journal of Genetics and Plant Breeding* 1:26-33.
- Heidari Japelaghi R, Haddad R, Garoosi GA (2011) Rapid and efficient isolation of high quality nucleic acids from plant tissues rich in polyphenols and polysaccharides. *Mol Biotech* 49:129-137.
- Ishiwatari Y, Honda C, Kawashima I, Nakamura S, Hirano H, Mori S, Fujiwara T, Hayashi H and Chino M (1995) Thioredoxin *h* is one of the major proteins in rice phloem sap. *Planta* 195:456-463.
- Jaillon O, Aury JM, Noel B, Policriti A, Clepet C, Casagrande A, Choisne N, Aubourg S, Vitulo N, Jubin C (2007) The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm. *Nature* 449:463-467.
- Koonin EV (2006) The origin of introns and their role in eukaryogenesis: a compromise solution to the introns-early versus introns-late debate? *Biol Direct* 1:1-23.
- Laloi C, Rayapuram N, Chartier Y, Grienemberger JM, Bonnard G, Meyer Y (2001) Identification and characterization of a mitochondrial thioredoxin system in plants. *Proc Natl Acad Sci USA* 98:14144-14149.
- Laloi C, Mestres OD, Marco Y, Meyer Y, Reichheld JP (2004) The *Arabidopsis* cytosolic thioredoxin *h5* gene induction by oxidative stress and its w-box-mediated response to pathogen elicitor *Plant Physiol* 134:1006-1016.
- Lemaire SD, Michelet L, Zaffagnini M, Massot V and-Issakidis-Bourguet E (2007) Thioredoxins in chloroplasts. *Curr Genet* 51:343-365.
- Maeda K, Hagglund P, Finnie C, Svensson B, Henriksen A (2008) Crystal structures of barley thioredoxin *h* isoforms *HvTrxh1* and *HvTrxh2* reveal features involved in protein recognition and possibly in discriminating the isoform specificity. *Protein Science* 17:1015-1024.
- Meng L, Wong JH, Feldman LJ, Lemaux PG, Buchanan BB (2010) A membrane-associated thioredoxin required for plant growth moves from cell to cell, suggestive of a role in intercellular communication. *PNAS* 107:3900-3905
- Meyer Y, Siala W, Bashandy T, Riondet C, Vignols F and Reichheld JP (2008) Glutaredoxins and thioredoxins in plants. *Biochim Biophys Acta* 1783:589-600.
- Meyer Y, Vignols F, Reichheld JP (2002) Classification of plant thioredoxins by sequence similarity and intron position. *Meth Enzymol* 347:394-402.
- Sahrawy M, Hecht V, Jaramillo JL, Chueca A, Chartier Y, Meyer Y (1996) Intron position as an evolutionary marker of thioredoxins and thioredoxin domains. *J Mol Evol* 42:422-431.
- Sambrook J, Russell DW (2001) *Molecular cloning: a laboratory manual*. 3rd ed. Vol:1-3. Cold Spring Harbor Laboratory. Press Cold Spring Harbor New York USA