

# چگونه miRNAها باعث مقاومت به شوری و خشکی در گیاهان می شوند؟

زهرا سلیمان نژاد  
دبیر زیست‌شناسی نکا

## چکیده

در چند سال اخیر فاکتورهای که در سیگنالینگ اسید آسبیزیک نقش داشتند، عناصر وابسته به متابولیسم RNA تشخیص داده شده‌اند و بعضی از این فاکتورها مربوط به بیوسنتز miRNAها هستند. miRNAها، RNAهای ۲۴-۲۰ نوکلئوتیدی هستند که تنظیم‌کننده‌های مهم بیان ژن در سطح پس از رونویسی، به وسیلهٔ مهار بیان mRNA در موجودات یوکاریوت‌اند.

کلید واژه‌ها: miRNA، خاموشی ژن، تنش شوری.

## مقدمه

mRNA، ملکولی است تک‌رشته‌ای که به‌عنوان الگو برای پروتئین‌سازی استفاده می‌شود. تشکیل مولکول RNA دورشته‌ای بیان ژن را در بسیاری از موجودات زنده از جمله گیاهان، حشرات، کرم‌ها، قارچ‌ها و پستانداران مهار می‌کند و فرایندهای مهمی نظیر رشد و نمو، تکوین، رفتار و مقاومت به تنش را تنظیم می‌کند. خاموشی ژن در گیاهان در دو سطح رونویسی و پس از رونویسی اتفاق می‌افتد. خاموشی در سطح رونویسی در اثر متیلاسیون پروموتورژن و پس از رونویسی با مداخله در ساختار mRNA، تخریب و توقف بیان آن رخ می‌دهد. باتوجه به این‌که مکانیسم مداخله در ساختار mRNA در خاموشی ژن به‌طور اختصاصی، موفق و وراثت‌پذیر است، می‌تواند به عنوان ابزار توانمندی در اصلاح گیاهان به کار رود و از کاربردهای مهم آن در کشاورزی می‌توان به امکان ایجاد وراثت‌های جدید گیاهان زراعی، مقاومت به ویروس‌ها و بالا بودن کیفیت غذایی اشاره کرد.

گیاهان می‌توانند با مکانیسم‌های گوناگون در سطوح مختلف فیزیولوژیک، بیوشیمیایی و مراحل مولکولی از عهدهٔ شرایط نامناسب برآیند. به‌عنوان مثال، تنظیم پس از رونویسی برای مقابله با شرایط شوری و خشکی نقش دارد. در چند سال اخیر، استراتژی‌های گوناگون کاربردی برای تشخیص فاکتورهای درگیر در استرس خشکی مطرح شد. بیشتر توجه به تعیین ترکیبات سلولی درگیر در سیگنالینگ اسید آسبیزیک (ABA) بود. ثابت شد که این هورمون در پاسخ به استرس شوری و خشکی نقش دارد (زو همکاران ۲۰۰۲، سکی و همکاران ۲۰۰۷). بنابراین کشف فاکتور پاسخ‌دهنده به ABA می‌توانست مکانیسم سلولی درگیر در سیگنالینگ استرس و یا سازش با آن را مشخص کند. در تعیین تفاوت ژنتیک درگیر در پاسخ به ABA، ناگهان تعدادی فاکتور مربوط به متابولیسم RNA را پیشنهاد دادند. براساس یافته‌های آن‌ها پیشنهاد شد، در پاسخ سلولی گیاه در برابر کمبود آب یا شوری ترکیباتی مانند مولکول RNA، با تنظیم پس از رونویسی نقش دارند.

## متابولیسم RNA مرتبط با استرس‌های شوری و خشکی

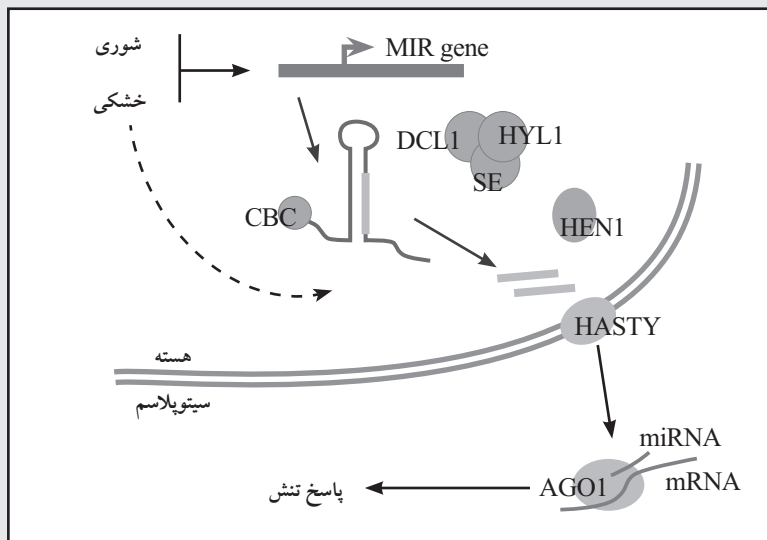
بررسی جهش‌یافته‌ها نشان داد که miRNAها در پاسخ به استرس نقش فعالی دارند. جهش‌یافته در ژن SAD<sup>۱</sup>، افزایش حساسیت به ABA و مقاومت به خشکی را نشان می‌دهد (زایانگ و همکاران ۲۰۰۱). ژن SAD<sup>۱</sup>، یک پروتئین شبه Sm را کد می‌کند که در اسپلایسینگ و تجزیهٔ RNA دخالت دارد. در آرابیدوپسیس نیز جهش یافتهٔ abh<sup>۱</sup> حساسیت زیاد به ABA، بسته شدن روزنه‌ها و کاهش پژمردگی را طی تیمار خشکی نشان داد (هیوگاوکس و همکاران ۲۰۰۱). ژن ABH<sup>۱</sup>، یک

پروتئین متصل‌شونده به mRNA، cap را کد می‌کند. زایانگ و همکاران جهش یافتهٔ fiery<sup>۲</sup> را شناسایی کردند که مقاومت زیادی به تنش شوری را نشان می‌دهد. ژن FTERY<sup>۲</sup> یک پروتئین را کد می‌کند که شامل دو دُمین اولیهٔ اتصال به RNA دو رشته‌ای و یک تنظیم‌کنندهٔ منفی پاسخ به تنش است. GRPV نیز یکی از هشت عضو خانوادهٔ پروتئین‌های باند شونده به RNA و غنی از گلایسین در آرابیدوپسیس است که با استرس شوری بیان آن کاهش می‌یابد. پروتئین‌هایی که در قسمت بالا مثال زده شد به‌وسیلهٔ دُمین اتصال خود می‌توانند مولکول RNA را شناسایی کنند که این امر پایداری

RNA را تغییر می‌دهد و روی بیان آن تأثیر می‌گذارد و یا این‌که این پروتئین، فاکتورهای دیگری را فرا می‌خواند تا به RNA متصل و بیان آن را تغییر دهند. موتانت در ژن HYL<sup>۱</sup> نیز در پاسخ به هورمون‌ها، حساسیت زیاد به ABA در طی جوانه‌زنی و تنش درگیر است (لو و فدوراوف ۲۰۰۰). HYL<sup>۱</sup> یک فاکتور متصل‌شونده به RNA دو رشته‌ای است که برای تولید miRNAها مورد نیاز است (هان و همکاران ۲۰۰۴).

## مکانیسم عمل میکرو RNAها

در گیاهان miRNAها مولکول‌های ۲۰-۲۴ نوکلئوتیدی‌اند که تنظیم پس از



دیگری از خانواده miRNA است که مسئول تنش خشکی است. ژائو و کالابواتور ۲۰۰۸، نشان دادند که دو عضو از خانواده miR۱۶۹ در آرآیدوپسیس، به نام های a,c miR۱۶۹ وجود دارد که در تیمار شوری و خشکی سرکوب می شود، در نتیجه فراوانی mRNA هدف آن (NFYA۵) که کدکننده زیر واحد هسته‌ای فاکتور رونویسی Y است، افزایش می یابد و نتیجه این افزایش پاسخ گیاهان به شرایط تنش است (لی و همکاران ۲۰۰۸).

**گیاهان می توانند با مکانیسم های گوناگون در سطوح مختلف فیزیولوژیک، بیوشیمیایی و مراحل مولکولی از عهده شرایط نامناسب بر آیند**

**نتیجه**

با miRNAهای شناخته شده فقط نیمی از معمای پاسخ گیاهان به استرس کشف شد. چندین مطالعه تجمع زیاد miRNA را تحت شرایط معین نشان می دهد. ارتباط miRNA در تنظیم، به وسیله فعالیت آن ها بر mRNAهای هدف معین می شود. تنوع زیاد در mRNA هدف miRNAها در موجودات خاصی شناسایی شده است، نشان دهنده این موضوع است که تنظیم بیان ژن به کمک miRNAها، قادر است تأثیر

به ABA را نشان می دهد؟ پیشنهاد درست این است گیاهانی که عاری از miRNA هستند و یا کاهش در میزان miRNA دارند نتایج متأثر از افزایش حساسیت به ABA را نشان می دهند، اگر چنین باشد انتظار می رود که جهش در ژن های کدکننده دیگر فاکتورهای تولیدکننده miRNA نظیر DCL1، HEN1، SE، HASTY نیز فنوتیپی مشابه جهش یافته hyl1 را نشان دهند که این جهش یافته ها نیز افزایش حساسیت به ABA را داشتند (زانگ و همکاران ۲۰۰۸).

در بررسی miRNAهایی که در پاسخ به استرس ها درگیرند، miR۱۵۹ موجب افزایش پاسخ به ABA اضافی می شود، اما در کنترل جوانه زنی بذر نقش ندارد (ریس و چو ۲۰۰۷). بررسی های دیگر همچنین نقش miR۳۹۶ را در تنظیم ژن های هدف و رشد برگ نشان داد (لیو و همکاران ۲۰۰۹a). آن ها گیاهان تراریخت را تولید کردند که دارای فنوتیپ برگ های باریک بودند این امر به علت کاهش در تعداد سلول هاست. به علاوه این گیاهان مقاومت بیشتری به خشکی داشتند، که این پدیده احتمالاً به علت تراکم اندک سلول های روزنه است. miR۳۹۶ این عمل را از طریق mRNAهای هدف که کدکننده فاکتور رونویسی GRF<sup>10</sup> (تنظیم کننده رشد و نمو گیاه) است، انجام می دهد (لیو و همکاران ۲۰۰۹a). miR۱۶۹ مثال

رونویسی ژن ها را در سراسر ناحیه مکمل جفت شدن بازها رونوشت هدف، هدایت می کنند. جفت شدن بازهای miRNAها درون کمپلکس های پیچیده چند پروتئینی بزرگ، به نام RISK<sup>۹</sup> رخ می دهد. در نتیجه ممانعت از بیان، به وسیله یکی از دو مکانیسم معمول انجام می شود. mRNA می تواند با شکست های بیشتر تجزیه شود و یا این که متناوباً شناسایی miRNA می تواند منجر به ممانعت از ترجمه mRNA شود. قبل از این که HYL1 برای تولید miRNA به کار گرفته شود، یک رونوشت RNA از پیش ساز miRNA که دارای ساختار سنجاق سری است، به وسیله DAWDLE شناسایی می شود (یو و همکاران ۲۰۰۸) و سپس DAWDLE، این پیش ساز را در اختیار یک کمپلکس پروتئینی شامل DCL1، SE<sup>۷</sup> و HYL1 قرار می دهد. این کمپلکس پروتئینی پیش ساز miRNA را برای تولید RNAهای کوچک دو رشته ای ۲۰-۲۴ نوکلئوتیدی که شامل miRNA و توالی های مکمل آن است، را پردازش می کند. miRNA، دو نوکلئوتید از انتهای ۳ هر رشته را می کند (دانگ و همکاران ۲۰۰۸). سپس متیل ترانسفراز HEN1<sup>۸</sup> انتهای ۳ هر دو رشته را قبل از انتقال miRNA دو رشته ای از هسته تغییر می دهد، این عمل را از مسیر Ran-GTP و با واسطه HASTY (کمپلکس منفذ هسته ای) انجام می دهد (پارک و همکاران ۲۰۰۵، و یو و همکاران ۲۰۰۵). هر رشته miRNA یک RISC محتوی آرگونوات<sup>۹</sup> (AGO ۱) را به کار می گیرد و AGO1، miRNA را به سمت mRNAهای هدف هدایت می کند. شناسایی هدف از طریق جفت شدن بازها صورت می گیرد (واچرت ۲۰۰۸). mRNA می تواند با فعالیت اندوربینونکلئازی AGO1 که به وسیله miRNA هدایت می شود، بریده شود و شکستن RNA از موقعیت ۱۰ و ۱۱، از انتهای ۵ که مکمل با همان موقعیت ها در miRNA است صورت می گیرد و این امر موجب توقف بیان ژن هدف می شود (شکل ۱). سؤالی که مطرح می شود این است که جهش یافته hyl1 چگونه افزایش حساسیت

زیادی در عملکرد سلول به وسیله تعدیل در سطوح پروتئین‌هایی با فعالیت‌های مختلف برای حفظ هومئوستازی سلول داشته باشد. هم‌چنین miR396c در برنج به‌عنوان یک تنظیم‌کننده منفی ژن GRF و پروتئین‌های تنظیمی دیگر عمل می‌کند و یک حد واسط

گیاهان در گیاهان miRNAها مولکول‌های ۲۰-۲۴ نوکلئوتیدی‌اند که تنظیم پس از رونویسی ژن‌ها را در سراسر ناحیه مکمل جفت شدن بازها در رونوشت هدف، هدایت می‌کنند

در پاسخ گیاهان به تنش شوری و قلیاست یعنی افزایش بیان miR396c<sup>۱۱</sup>، مقاومت به شوری و قلیا را کاهش می‌دهد.

#### پی‌نوشت

1. microRNA
2. Supersensitive to ABA and drought1
3. ABA hypersensitive 1
4. HYPONASTIC LEAVES 1
5. RNA-induced Silencing Complex
6. DICER-LIKE 1
7. SERRATE
- 8 HUA-ENHANCER 1
9. ARGONAUT 1
10. Growth regulating factor
11. Over-express

#### منابع

۱. یاسایی، ابوالفضل، miRNA و روند تداخل RNA، رشد آموزش زیست‌شناسی، شماره ۷۷ (زمستان ۱۳۸۸).
2. <http://www.iran-eng.com/showthread.php/156473>.
3. ALEJANDRA A. COVARRUBIAS & JOSÉ L. REYES (2010). Post-transcriptional gene regulation of salinity and drought responses by plant microRNAs. Plant, Cell and Environment. 33:481-489.
4. Peng Gao• Xi Bai• Liang Yang• Dekang Lv• Yong Li• Hua Cai• Wei Ji• Dianjing Guo• Yanming Zhu (2010). Over-expression of osa-MIR396c decreases salt and alkali stresstolerance. Planta. 231:991-1001.

منابع متن مقاله، از منبع شماره ۳ نقل شده‌اند.