تحورات حمض الريبوز النووي لجينوم البلاستيدات الخضراء في نبات الونكا

إعداد:

وسيمة بريكان الشمري

إشراف:

د. أحمد محمد رمضان عماره

د. ثناء خان

المستخلص

يعد تحوير الحمض النووي الريبي أمرًا حيويًا ويحدث بعد عملية النسخ على نطاق واسع في العضيات النباتية. على الرغم من أنه قد تم إجراء دراسات منهجية على تحوير الحمض النووي الريبي في نباتات مختلفة، إلا أن قلة ضئيلة جدًا من المعلومات متاحة فيما يتعلق بنبات الونكا. في هذه الدراسة، تم فحص مواقع التحوير في مجمعات التمثيل الضوئي ومقارنتها بين الأنسجة المختلفة التالية الزهور، الأوراق، السيقان، والجذور، الجذور الشعرية والشتلات في نبات الونكا. تم تحميل تتابعات الحمض النووي الريبي وجينات التمثيل الضوئي في البلاستيدات من المركز الوطني لمعلومات التكنولوجيا الحيوية. ومن ثم تحليلها باستخدام البرامج الحاسوبية لتحديد مواقع التحوير. أظهرت النتائج أن مواقع تحرير الحمض النووي الريبي في جينات التمثيل الضوئي تختلف من نسيج إلى نسيج ويمكن تنظيمها بشكل خاص في الأنسجة المختلفة. في المجمل تم تحديد ثمانين موقعًا تم تحريرها من سايتوسين إلى يوراسيل، ٣٥ موقعًا له تأثير على الاحماض الأمينية الناتجة و٤٥ موقعًا لم يغير الأحماض الأمينية. تحتوي أنسجة السيقان والأوراق على أكثر المواقع المحورة بـ 65 و66 تعديلًا على التوالي، تليها الشتلات بـ ٦4 تعديلًا من إجمالي المواقع التي تم تحريرها. على النقيض من ذلك، تم تخفيض بعض مواقع التحوير في الأنسجة المتبقية؛ الزهور (٩٥)، والجذور (59) والشعيرات الجذرية (٥٥). أيضا" أدت مقارنة أعداد التحوير في نبات الونكا مع ١٨ نوعًا من النباتات إلى اكتشاف ٥٠ موقعًا جديدًا في ١١ جينًا. بالإضافة إلى ذلك، تم تحليل الأحماض الأمينية المتأثرة ومقارنتها بين الأنسجة الستة المختلفة. أظهرت هذه التحليلات أن تحرير الحمض النووي الريبي زاد من إجمالي الأحماض الأمينية المحولة الكارهة للماء بحوالي ٨٢ ٪. كما أشارت النتائج إلى أن تحرير الحمض النووي الريبي في نسخ البلاستيدات يعتمد على الأنسجة وينظم بشكل مختلف في أنواع مختلفة من الأنسجة.

RNA Editing Occurs in Plastome of *Catharanthus roseus*

By:

Wasimah Buraykan Alshammari

Supervised By

Dr. Ahmed Mohamed Ramadan Emara

Dr.Thana Khan

Abstract

RNA editing is a vital process of post-transcriptional modification that occurs widely occurs in plant organelles. Although, RNA editing methodical studies have been conducted in various plants, very few information is available on *Catharanthus roseus*. In the present study, editing events in photosynthesis complexes were examined and compared among different tissues, flower, leaves, stems, roots, hairy roots, and seedling of *C. roseus*. Transcriptome data of *C. roseus* plastome genes and RNA-Seq were downloaded from the National Center for Biotechnology Information (NCBI) and reference was assembled using bioinformatic tool. In total 80 C-to-U editing sites were identified including 35 non-synonymous and 45 synonymous edited sites. Leaves and stems tissues have the most frequent editing sites with 65 and 66 edits respectively, followed by seedlings with 64 edits of the total edited sites. By contrast, some of the editing sites were significantly reduced in the remaining tissues; flowers (59), roots (59) and hairy roots (55). A comparison of *C. roseus* editing sites of 18 plant species led to discovery of 50 novel editing sites in 11 genes. Furthermore, affected amino acids were analyzed and compared among the six different tissues. These analyses exhibited that RNA editing increased the hydrophobicity of the

total converted amino acids for approximately 82%. The findings show that RNA editing in plastid plastome of *C. roseus* is tissue dependent and differentially regulated in different types of tissues.