

تعديل مابعد النسخ في جينات الميتوكوندريا لنبات الونكا *Catharanthus roseus*

إعداد:

هدى عطاالله حمد الحمدان

إشراف:

د. احمد محمد رمضان عمارة

د. شريف ادريس احمد ادريس

المستخلص

تحرير الحمض النووي الريبوزي هي ظاهرة ينتج عنها تغير في القواعد النيبروجينية في سلسلة الحمض النووي الريبوزي الرسول في مرحلة ما بعد النسخ في كل المخلوقات الحية. حيث تمت دراسة هذه الظاهرة في كثير من المخلوقات الحية وخاصة على مستوى النباتات ولكن لا توجد معلومات تمت دراستها لهذه الظاهرة في نباتات الونكا. في هذه الرسالة، أولاً: تم استخدام برنامج جيني للكشف لأول مرة عن ستة عشر جين في مجاميع الميتوكوندريا الجينية لهذا النبات ونشرها في بنك المعلومات الجينية والتي لم يتم اكتشافها في دراسات سابقة. حيث احتوت المجموعة الأولى للميتوكوندريا على ثمان جينات لها حجم جيني عالي في كل من *nad2, nad1* و *nad5* و *Sdh3* و *sdh4* تم تسجيلها كجينات للمجموعة الثانية بينما المجموعة الثالثة تحتوي على جين واحد وهو *cob* مقارنة مع المجموعة الاخيرة (مجموعة انتاج الطاقة) والتي تحتوي على خمس جينات. ثانياً: تم فحص ودراسة مواقع التحرير للحمض النووي الريبوزي الناتجة من تحول النيوكليوتيدات من السيتوسين إلى اليوراسيل في جينوم الميتوكوندريا في ستة أنسجة لنبات الونكا من الزهور إلى الشتلات والمقارنة فيما بينها. بحيث تم رصد ١٧٩ موقع تعديل للحمض النووي الريبوزي في جينات الميتوكوندريا لنبات الونكا منها ٥٦ موقع متماثل من مواقع التحرير في جينات الميتوكوندريا في الستة أنسجة لنبات الونكا و ١٥٠ موقعاً جديداً في ١٦ جين للميتوكوندريا في أنسجة هذا النبات. في هذه الدراسة أيضاً، نوع النسيج له تأثير في اعتماد وتنظيم النسخ المتعددة لجينات الحمض النووي الريبوزي الناتجة في الميتوكوندريا لمختلف الأنسجة لهذا النبات. هذه المواقع المتحولة موجودة بمعدل مختلف في الستة أنسجة لهذا النبات وموزعة كالاتي: ١٦٠ موقع تحريري عالي في الشعيرات الجذرية مقارنة مع ١٣٢ موقع تحريري في السيقان و ١٣٠ موقع تحريري في الأزهار، ١٢٤ موقع تحريري في الجذور، ١٢٠ موقع تحريري في الأوراق و ٩٩ موقع تحريري في الشتلات. جميع هذه المواقع لها تأثير ينتج عن تغيير الأحماض الامينية في أنسجة هذا النبات الا عشر مواقع منها لم يرصد لها أي تأثير على الأحماض الامينية. أظهرت نتائج هذه التحورات في الحمض النووي الريبوزي معدل عالي للأحماض الامينية الغير محبة للماء. تم ملاحظة عديد من الظواهر غير الشائعة والتي تحتاج إلى دراسات مستقبلية موسعة لمعرفة أسبابها وتأثيراتها.

Posttranscriptional Editing in *Catharanthus roseus* mitochondria genes

By:

Huda Atallah Hamad Alhamdan

Supervised By:

Dr. Ahmed M. Emara

Dr. Sherif Edris

Abstract

RNA editing is a common phenomenon where nucleotide alteration occurs in RNA at post-transcriptional level in living organisms. This phenomenon has been studied in all creatures especially in a wide range of plants, however, no available information about RNA editing in mitochondrial genes of *C. roseus* plant. In this study, firstly, bioinformatics tool was used to identify RNA editing in 16 genes from all mitochondrial complexes. Complex I has eight *NAD* genes with high genomic size including *nad1*, *nad2* and *nad5*. *Sdh3* and *sdh4* genes from complex II were investigated. Complex III has only *cob* gene compared to five genes of ATPase synthesis. Secondary, we examined and compared C to U RNA editing sites in mitochondrial transcripts from six tissues ranging from flower to seedling. In total, 179 editing sites were identified in 16 mitochondrial complexes genes, 56 edits were exist in all *C. roseus* tissues and 150 novel edits were identified in all mitochondrial genes of *C.roseus*. We also figured out that RNA editing in mitochondrial genes in *C. roseus* is tissue dependent and variously organized among different tissues. Frequency of RNA editing sites were differently distributed as 160 edits in hairy roots, 132 edits in stems, 130 edits in flowers, 124 in roots, 120 in leaves and 99 edits in seedlings. All these non-synonymous events affected and changed resultant amino acids across *C. roseus* tissues except 10 synonymous edits that uninfluenced amino acids. Results indicted increasing of protein hydrophobicity. In addition, a stop codon was discovered in *atp6* in all *C. roseus* organs. Un-common T to C editing in angiosperm observed in *nad1-T227* and *nad5-T800* as well as un-common G-T substitution in *nad1-G55* is observed. The previous un-common observation needs more intensive work to clarify reasons and effects.