



الگوهای بال پروانه‌ها (روزپروازها) از 'junk' DNA قدیمی آنها پدید می‌آید

ترجمه: ریحانه غلامی *

متوجه شدند تعداد زیادی از مناطق تنظیمی در بین گونه‌های بسیار متفاوت پروانه‌ها مشترک است، شگفت‌زده شدند.

مازو- وارگاس و همکارانش سپس از فناوری ویرایش ژن کریسپر CRISPR-Cas برای غیرفعال کردن ۴۶ عنصر تنظیمی در یک زمان استفاده کردند تا آثار آن را روی الگوهای بال‌ها در هنگام شکسته شدن هر یک از این توالی‌های غیرکدکننده DNA مشاهده کنند. هنگامی که غیرفعال شد، هر عنصر غیرکدکننده جنبه‌ای از الگوهای بال پروانه‌ها را تغییر داد.

محققان دریافتند، در چهار گونه، *Junonia coenia*، *Vanessa cardui*، *Heliconius himera* و *Agraulis vanillae* هر یک از این عناصر غیرکدکننده عملکردهای مشابهی با توجه به ژن *WntA* داشتند، که ثابت می‌کند آنها قدیمی و حفاظت‌شده هستند و احتمالاً از یک جد مشترک دور سرچشمه می‌گیرند.

آنها همچنین دریافتند، گونه *D. plexippus* از عناصر تنظیمی متفاوتی نسبت به چهار گونه دیگر برای کنترل ژن *WntA* استفاده می‌کند، شاید به این دلیل که برخی از اطلاعات ژنتیکی خود را در طول زمان از دست داده و مجبور شده است، سیستم تنظیمی خود را دوباره فعال کند تا الگوهای رنگی منحصر به فرد خود را ایجاد کند.

رابرت رید گفت: «ما به تدریج متوجه شده‌ایم که بیشتر تکامل به دلیل جهش در این مناطق غیرکدکننده رخ می‌دهد.» و «امید داریم، این مقاله یک مطالعه موردی باشد که نشان دهد چگونه محققان می‌توانند از ترکیب فناوری ATAC-seq و کریسپر CRISPR

PR برای شروع تحقیق از این مناطق جالب در سیستم‌های مطالعاتی خود استفاده کنند و روی پرندگان یا مگس‌ها، یا کرم‌ها کار کنند.»
اعتبار مالی این مطالعه توسط بنیاد ملی علوم (NSF) تأمین شد. تئودور مورگان (Theodore Morgan)، مدیر برنامه در NSF می‌گوید: «این تحقیق پیشرفتی برای درک ما از کنترل ژنتیکی صفات پیچیده در پروانه‌ها است. این پژوهش نه تنها نشان داد، چگونه دستورالعمل‌های مربوط به الگوهای رنگ پروانه‌ها در طول تاریخ تکامل به‌طور عمیق، حفظ می‌شوند، بلکه نشان داد، چگونه بخش‌های DNA تنظیمی به‌طور مثبت و منفی بر ویژگی‌هایی مانند رنگ و شکل تأثیر می‌گذارند.»

Journal Reference:

Mazo-Vargas, A., Langmüller, A.M., Wilder, A., van der Burg, K.R.L., Lewis, J.J., Messer, P.W., Zhang, L., Martin, A. and Reed, R.D., 2022. Deep cis-regulatory homology of the butterfly wing pattern ground plan. *Science*, 378 (6617): 304.
<https://www.sciencedaily.com/releases/2022/10/221021145842.htm>

براساس تحقیقات جدید، الگوهای بال در پروانه‌ها یک طرح پایه برای خود دارند که توسط DNA تنظیمی غیرکدکننده (non-coding regulatory DNA) تنظیم شده است و تنوع بال را در گونه‌های مختلف پدید می‌آورد.

مطالعاتی با عنوان «تشابه عمیق تنظیم‌کنندگی طرح الگوی بال پروانه‌ها» (Deep cis-regulatory homology of the butterfly wing pattern ground plan)، که در مجله *Science* منتشر شد، توضیح می‌دهد، چگونه DNA ای که بین ژن‌ها قرار می‌گیرد- به نام junk DNA یا 'junk' DNA تنظیمی غیرکدکننده (non-coding regulatory DNA)- یک طرح پایه‌ای را که طی ده‌ها تا صدها میلیون سال حفظ شده در خود جای می‌دهد و در عین حال به الگوهای بال اجازه می‌دهد تا به سرعت تکامل یابند.

این تحقیق از این ایده پشتیبانی می‌کند که یک طرح با الگوی رنگی قدیمی، قبلاً در ژنوم، کدگذاری شده است و DNA تنظیمی غیرکدکننده مانند سوئیچ‌هایی عمل می‌کند که برخی از الگوها را نمایان می‌کند و برخی دیگر را نادیده می‌گیرد.

آنی مازو- وارگاس (Anyi Ma- Anyi Ma) گفت: «ما علاقه‌مندیم بدانیم، چگونه یک ژن یکسان می‌تواند این ظاهر بسیار متفاوت پروانه‌ها را بسازد.» او استاد اکولوژی و زیست‌شناسی تکاملی در کالج کشاورزی و علوم زیستی است. مازو- وارگاس گفت: «ما می‌بینیم که یک گروه بسیار حفاظت‌شده از سوئیچ‌ها (DNA غیرکدکننده) وجود دارند که در موقعیت‌های مختلف کار می‌کنند، فعال می‌شوند و ژن را هدایت می‌کنند.»

پژوهش قبلی در آزمایشگاه رابرت رید (Robert Reed)، منجر به کشف ژن‌های کلیدی الگوی رنگ شده است: ژن (*WntA*) الگوهای خطوط راه‌راه و ژن (*Optix*) الگوی رنگ‌آمیزی بال‌های پروانه را کنترل می‌کند. زمانی که محققان ژن *Optix* را غیرفعال کردند، بال‌ها سیاه به نظر می‌رسیدند و زمانی که ژن *WntA* غیرفعال شد، الگوهای راه‌راه ناپدید شدند.

این مطالعه بر تأثیر DNA غیرکدکننده روی ژن *WntA* متمرکز شد. به‌طور خاص، محققان آزمایش‌هایی را روی ۴۶ مورد از این عناصر غیرکدکننده در پنج گونه از خانواده *Nymphalidae*، که بزرگ‌ترین خانواده راسته بال‌پولک‌داران هستند، انجام دادند.

برای اینکه این عناصر تنظیمی غیرکدکننده، ژن‌ها را کنترل کنند، ماریچ‌های محکم DNA از هم باز می‌شوند، نشانه‌ای از اینکه یک عنصر تنظیمی با یک ژن در تعامل است تا آن را فعال کند یا در برخی موارد آن را خاموش کند.

در این مطالعه، محققان از فناوری به نام ATAC-seq برای شناسایی مناطقی در ژنوم استفاده کردند که این از هم باز شدن در آن رخ می‌دهد. مازو- وارگاس پروفایل‌های ATAC-seq را از بال‌های پنج گونه پروانه برای شناسایی مناطق ژنتیکی درگیر در توسعه الگوی بال مقایسه کرد. آنها از اینکه

* پژوهشگر، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران