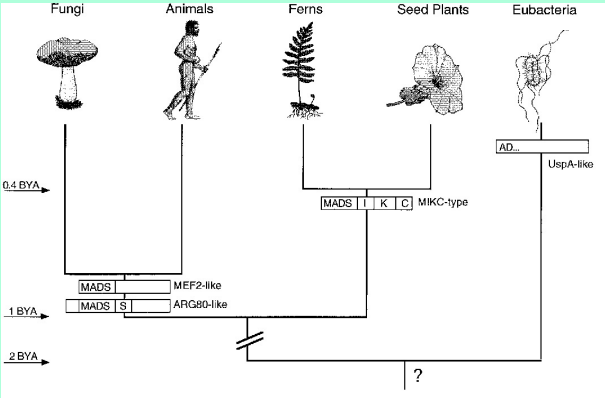




- Mahroo Hajimehdi – 610498118 – Biotechnology / Parmoun Nekounam – 610498181 – Animal Biology / Ali Akbari Pazooki – 610498212 – Cellular and Molecular Biology  
Dr. Zare

Dey 1400

Dey 1400



منشأ MADS-box از یک توالی DNA است که ناحیه‌ای از زیرواحد A را از آنزیم‌های توپوایزومراز IIA که می‌کند، که برای مثال در هاندسناری DNA نقش دارند. شواهدی وجود دارد که نشان می‌دهد ژنی که زیرواحد توپوایزومراز IIA را کد می‌کند در یک جد مشترک یوکاریوتی تکثیر شده است. در یکی از مضاعف شده‌ها تغییرات توالی انباشته می‌شود به گونه‌ای که دومینی با تمایز یافته‌تری در اتصال DNA ایجاد می‌شود که دومین MADS نام دارد. در نتیجه تکثیر و واگرای بعدی ژن، دو نوع اصلی ژن MADS-box ایجاد شد: نوع I یا SRF-like و نوع II یا MEF2 (MYOCYTE ENHANCER FACTOR 2). این دو نوع بر اساس تفاوت توالی تمایز می‌شوند و همچنین از نظر ویژگی توالی در اتصال DNA و میزان خمش DNA که القا می‌کنند، متفاوت هستند. تعداد ژن‌های MADS-box در پروتست‌ها، حیوانات و قارچ‌ها بسیار کم باقی مانده است. در مقابل، تعداد آنها در برخی دودمان‌های گیاهی به شدت افزایش یافت، به طوری که اکنون فقط یک ژن MADS-box در جلبک‌های سبز موجود از دودمان کلروفیت وجود دارد، اما بیش از 20 ژن در خزرها و حدود 100 ژن در دودمان گل‌پوشان وجود دارد.

## A-Function genes

ژن Squamosa یک پروتئین ارتولوگ 1 Apetala که یکی از ژن‌های A-function را کد می‌کند. با این وجود، همش‌یافته‌های Squamosa فنوتیپ ناقص A-function را نشان نمی‌دهند، بلکه به جای گل‌ها، گل‌آذین ثانویه تولید می‌کنند. بنابراین به نظر می‌رسد که Squamosa در هویت می‌ریست گل نقش دارد. علاوه بر این، در ارتباط با ژن‌های B-function، Squamosa همچنین در تعیین "Bauplan" گل نقش دارد.

## B-Function genes

Globosa و Deficiens دو ژن هستند که بر روی کروموزوم‌های مختلف در *A. majus* قرار دارند. در هر یک از جنش یافته‌ها منجر به فنوتیپ هموتیک تقریباً یکسانی می‌شود. به جای گلبرگ، در حلقه دوم کاسبرگ در w2 تشکیل می‌شود و در w3 پرچه‌ها جایگزین پرچه‌ها شده و ساختار لوله‌ای را تشکیل می‌دهند. w4 به طور کلی از این رفته است. DEF و GLO عملکرد B را تشکیل می‌دهند و هویت اندام را تعیین می‌کند. علاوه بر این، آنها همچنین تکثیر سلولی را تقویت می‌کنند. از نظر مولکولی DEF و GLO یک هتروادیر را تشکیل می‌دهند که به پروموتور هر دو ژن متصل می‌شود، بنابراین منجر به تقویت خودتنظیمی رونویسی می‌شود.

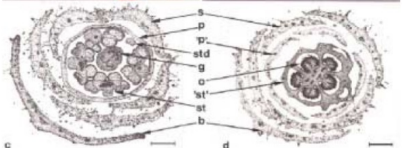
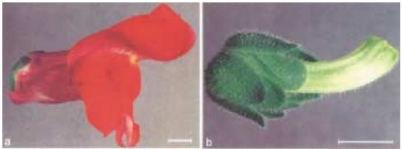
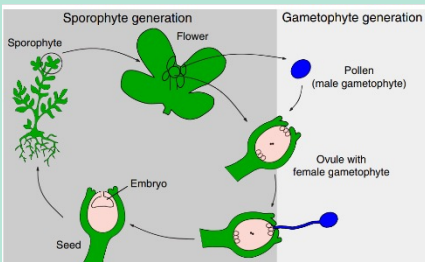


Figure 3. Mutant phenotype of B-function genes (b, d) compared to wild-type (a, c) in *Antirrhinum*.

## C-Function genes

از آنجایی که جهش یافته‌های دور دارای فنوتیپ هموتیک نیستند (بلکه فقط ر عرق هستند) به نظر می‌رسد این ژن به عنوان یک ژن با عملکرد C طبقه بندی نمی‌شود. با این حال، رابطه ساختاری آن با Ple و همچنین اثرات بیان ناجا Far در تنبکوی تراخته نیز رابطه

عملکردی آن را نشان می‌دهد. حتی اگر اولین اندام‌های حلقه‌ای در گیاهان ترارخته تحت تأثیر قرار نگیرند، گلبرگ‌های w2 با پرچم‌ها جایگزین می‌شوند و بنابراین عملکرد C را آشکار می‌کنند. از سوی دیگر Far سطح بیان ژن‌های B-function را در ارتباط با Ple کنترل می‌کند که منجر به ایجاد یک شبکه تنظیمی نسبتاً پیچیده برای تکثیر سلولی می‌شود. به طور خلاصه، پروتئین‌های MADS-box برای هویت می‌ریستم گل، برای هویت اندام گل، برای ترویج تکثیر سلولی، مسدود کردن تکثیر سلولی، باروری نر و حفظ معاری گل مورد نیاز هستند.



**Figure 5. Different phases of the flowering plant life cycle are controlled preferentially by different classes of MADS-box genes.** While most phases of the development of the diploid sporophyte involve MRC-group gene action (green), male gametophyte (pollen) development is controlled by the activity of MRC-group genes (blue) and the development of the female gametophyte (embryo sac), embryo and seed is mainly controlled by type I genes (pink).

(a)

(b)

پیدايش

## مقدمه

حیات گیاه به طور اساسی به عملکرد ژن های MADS-box بستگی دارد که فاکتورهای رونویسی دومین MADS را کد می کنند، که تقریباً در تمام گروه های اصلی یوکاریوتی به میزان محدودی وجود دارد، اما یک خانواده ژنی بزرگ را در گیاهان زمینی تشکیل می دهند. این ژن ها در کنترل تمام جنبه های اصلی زندگی گیاهان زمینی نقش دارند. خانواده دومین MADS، با دومین MADS متصل به DNA بسیار حفاظت شده مشخص می شود. دومین MADS در حدود 58 اسیدآمینو طول دارد و توسط یک توالی DNA به نام MADS-box کدگذاری می شود. اصطلاح ژن MADS-box بعداً پس از چهار مشخصه «اعضای بنیانگذار خانواده» ابداع شد:

MINICHROMOSOME MAINTENANCE 1 (MCM1) از *S. cerevisiae*، AGAMOUS (AG) از *Arabidopsis thaliana*، DEFICIENS (DEF) از *Antirrhinum majus* و SERUM RESPONSE FACTOR (SRF) از *Homo sapiens*.

به دلیل خواص مولکولی و تکوینی مشابه، ژن‌های MADS-box با ژن‌های Hox در رشد حیوانات قابل مقایسه هستند. در گیاهان گلدار، شواهدی بی چون و چرای وجود دارد که ژن‌های MADS-box دارای طیف وسیعی از عملکردها هستند، به عنوان مثال، تشکیل گل‌ها (تکوین ساختارهای تولید مثل)، کنترل زمان گلدهی و کنترل رشد رویشی. فاکتورهای رونویسی MADS-box به طیف وسیعی از فرآیندهای بیولوژیکی کمک می‌کنند، از رشد ماهیچه‌ها و تکثیر و تمایز سلولی در حیوانات گرفته تا پانسمای فرمونی در قارچها.

هنگامی که پروتئوم کل آغاز شد، هویت های منطقه ای در کل در حال رشد، توسط ژن های هوموتیک کل ایجاد می شود که به صورت ترکیبی مطابق با مدل ژن ABC عمل می کنند. کل نوع وحشی ساختار مشخصی دارد که همان چهار حلقه اصلی است. بر اساس مطالعه هشت یافته های هوموتیک در مدل ABC که مدل اصلی رشد کل است، اندام های گل در بیشتر کل ها مانند *Antirrhinum majus* که نماینده این گروه از گیاهان است، به صورت حلقه ای قرار گرفته اند. بیرونی ترین حلقه (w1) دارای پنج کلسبرک سبز است، در حالی که w2 دارای پنج کلسبرک زرد است که در هم آمیخته شده اند تا ساختار لوله ای شکل لوب های بیرون زده را تشکیل دهند. این دو حلقه ای، گلیوش، اندام های محافظ را تشکیل می دهند. اندام های جنسی w3 ر است و دارای 4 پرچم و 1 استامینوبند است، در حالی که درونی ترین حلقه ماده (w4) حاوی یک ژنوسپوم دو اتفافی است. تعداد اندام ها، انواع اندام ها و آرایش آنها مشخصه "Bauplan" است. به نظر می رسد که ژن های MADS-box این ویژگی ها را کنترل می کنند.

ژن‌های فاکتور رونویسی کلاس A هویت کاسبرگ را مشخص می‌کنند، ژن‌های کلاس A و B با هم هویت گلبرگ را ایجاد می‌کنند، ژن‌های کلاس B و C با هم هویت پرچم را ایجاد می‌کنند. و ژن‌های کلاس C هویت برچه را ایجاد می‌کنند. PISTILLATA و ارثولوگ‌های آن همگی فاکتورهای رونویسی MADS-box کلاس B را رمزگذاری می‌کنند. بعدها، ژن‌های کلاس D و E در *A. thaliana* شناسایی شدند. ژن‌های کلاس D هویت تخمک را مشخص می‌کنند، در حالی که ژن‌های کلاس E برای هویت اندام گل در هر چهار حلقه مورد نیاز هستند. همه ژن‌های انتخابگر هوموتیک ABC(DE) فاکتورهای رونویسی را رمزگذاری می‌کنند و همه به جز ژن‌های مشابه AP2 کلاس A، فاکتورهای رونویسی MADS-box را رمزگذاری می‌کنند.

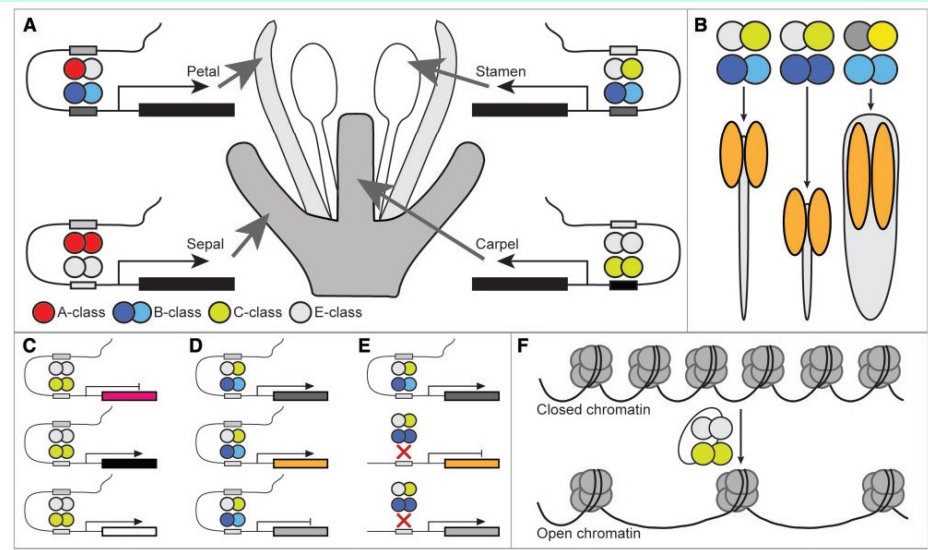
از API دارای عملکرد همونیتیک کلاس A و همچنین یک ژن هویت مرستقی است. هنگامی که اندام های گل شروع به تکوین می کنند، API تنها در حلقه های 1 و 2 بیان می شود، جایی که مربوط به رشد کاسبرگ و گلبرگ است. در هر دو بخش یافته همونیتیک کلاس ap3 و pi. گلبرگ ها و پرچم ها به ترتیب به کاسبرگ و پرچم تبدیل می شوند. بازنگری اخیر این مدل شواهدی مبنی بر این که ژن های کلاس A و E انتقال به تکوین اندام های تولیدمثل را تنظیم می کنند ارائه کرده است و گروه های کلاس C و D با هم در تعیین هویت اندام ماده عمل می کنند.

افعال و افعالات پروتئین پروتئین برای عملکرد پروتئین MADS-box کلیدی است. فاکتورهای رونویسی MADS-box باید برای اتصال به DNA دیر شوند. پروتئین های MADS-box گل ممکن است در شرایط in vivo نه عنوان بخشی از تترامرها یا «کوارت های گلی». مدل کوارت گل توضیح مکانیسمی برای مدل ABCDE ارائه می دهد و پیشنهاد می کند که ترکیب تترامرهای پروتئین MADS-box در تعیین هویت اندام گل مهم است. برای مثال، تترامرهای (کوارت های گلی) پروتئین های کلاس B، C و E ممکن است برای مشخص کردن هویت پرچم عمل کنند، در حالی که تترامرهای پروتئین های کلاس C و E ممکن است هویت پرچم را مشخص کنند. مدل چهارگانه کلی توضیح جذابی است برای این که چرا اندام های گل به صورت همونیتیک در بخش یافته های تک ژنی جایگزین می شوند، در حالی که ژن های منفرد برای تبدیل برگ ها به اندام های گل ضروری هستند، اما کافی نیستند.

به عبارت دیگر، در حالی که گلبرگ ها و پرچم های بخش یافته های کلاس B به ترتیب به کاسبرگ و پرچم تبدیل می شوند، بیان بیش از حد ژن های کلاس B برای تبدیل برگ ها به گلبرگ یا پرچم کافی نیست. ژن های کلاس C، B و E همگی باید در برگ ها بیش از حد بیان شوند تا به اندام هایی شبیه پرچم تبدیل شوند.

عملکرد هویت مریستم

تغییر از غو روشی به زایشی به فعالیت‌های ژن‌های هویت مریستم کل نیاز دارد که بیان آن‌ها در پرموردیای کل در حال رشد، در طول انتقال تنظیم می‌شود. در آراییدوبسیس، این ژن‌ها شامل سه ژن MADS-box AP1، CAL و FUL نزدیک به هم و همچنین ژن non-MADS-box است. ژن‌های AP1 و CAL نقش‌های همپوشان در ارتقای هویت مریستم دارند، زیرا هم‌چشایافته‌های دوگانه تکثیر مریستم‌های ساقه‌مانند در موقعیت‌هایی دارند که معمولاً توسط تک کل اشغال می‌شوند.



**Fig. 2** MAD5-box protein-protein interactions in flower development and evolution. (A) The floral quartet model proposes that tetramers of floral MAD5-box proteins specify organ identity in *A. thaliana* flowers. Redrawn from Theissen and Saedler (2001). (B) Variation in the precise identity of proteins in quartets might impact organ morphology within an organ series. For example, variation in which B-, C-, and E-class proteins make up a floral quartet might modify stamen morphology. (C and D) The composition of floral quartets may directly impact the set of genes turned on and off in the specification of organ identity. (E) Transcription factor protein-protein interactions might negatively regulate gene expression by sequestering proteins in inactive complexes that cannot bind DNA (indicated with a red cross), resulting in altered gene expression patterns. (F) MAD5-box proteins interact with chromatin remodeling factors, potentially allowing targeted transcription factors access to DNA in the development of organ identity.

