



مسیرهای کلیدی بیوسنتز ترپن‌ها و لاکتون‌های سزکوئی‌ترپنی در گونه‌های جنس *Artemisia*

سمیه سیف برقی^۱، علی اصغری^{۲*}، امید سفالیان^۱، نورالدین حسین‌پور آزاد^۲
۱ گروه آموزشی مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل
۲ گروه علوم گیاهی و گیاهان دارویی، دانشکده کشاورزی مشکین شهر، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل

نتایج و بحث

لاکتون‌های سزکوئی‌ترپنی

متابولیت‌های ثانویه که در مسیرهای بیوشیمیایی سنتز می‌شوند برای رشد گیاه ضروری نیستند اما از لحاظ بیولوژیکی، اکولوژیکی و دارویی اهمیت دارند. سزکوئی‌ترپنوئیدها، یکی از اجزای فعال کلیدی در *A. argyi*، از سه واحد ایزوپرنی تشکیل شده‌اند و توسط سزکوئی‌ترپن‌سینتاز با استفاده از فرنیل‌پیروفسفات به عنوان سوبسترا سنتز می‌شوند. از میان آن‌ها، β -کاریوفیلین، یک سزکوئی‌ترپن دوحلقه‌ای است که توسط بتاکاریوفیلین‌سنتاز از پیش ماده FDP به دست می‌آید، به دلیل فعالیت‌های فیزیولوژیکی متنوع خود مانند خواص ضدالتهابی و آنتی‌اکسیدانی شاخص می‌باشد (Liang et al., 2023).

بررسی بیان ژن‌های بیوسنتزی

تابش اشعه گاما باعث افزایش بیان ژن‌های FPS و SQS در *A. absinthium* می‌شود، که می‌تواند به عنوان پاسخ محافظتی گیاه در برابر تنش‌های محیطی در نظر گرفته شود. تغییر در بیان ژن‌ها کاملاً مشهود بوده و افزایش چندین برابری بیان ژن فارنسیل دی فسفات و ژن اسکوالن سنتاز می‌تواند تغییرات افزایشی در متابولیت‌های هدف این ژن‌ها را تقویت نماید (Rahbarnejad et al., 2025). قرار گرفتن طولانی مدت گیاهان چندساله در معرض تابش‌های محیطی منجر به تغییرات بیوشیمیایی شده که این امر ممکن است در نتیجه جهش‌های عناصر پرتوزا در ژن‌های دخیل در مسیرهای بیوسنتزی متابولیت‌های ثانویه باشد (Hassanzadeh et al., 2022a).

متابولیت‌ها نقش‌های حیاتی در جنبه‌های مختلف زیست‌شناسی گیاه، از جمله رشد، توسعه، پاسخ به تنش‌ها و کیفیت تغذیه‌ای ایفا می‌کنند. تحلیل داده‌های متابولیکی برای درک و بهبود عملکرد، کیفیت و صفات مقاومت محصولات کشاورزی اهمیت دارد. از طریق تحلیل جامع و درک عمیق متابولیت‌های گیاهی، می‌توان مکانیزم‌های مولکولی مؤثر بر ارزش تغذیه‌ای و مقاومت محصولات را آشکار کرد و بر اساس آن، اصلاح نباتی و مدیریت کشاورزی را هدایت نمود، که در نهایت منجر به بهبود کیفیت و عملکرد محصولات می‌شود. بر اساس مطالعات مختلف، میزان تولید ترکیبات ترپنوئیدی با میزان رونوشت ژن‌های کلیدی دخیل در مسیر بیوسنتزی آن‌ها ارتباط دارد. شناسایی ژن‌های مرتبط با بیوسنتز اسکلت ترپن می‌تواند در دستکاری این مسیرها در جهت افزایش ترپن‌های خاص در اسانس گیاه موثر باشد. مطالعه مسیرهای بیوسنتز متابولیت‌های ثانویه گیاهی می‌تواند تولید مواد موثره گیاهی را از طریق مهندسی متابولیکی و ژنتیکی تسهیل نماید.

منابع

Hassanzadeh, M., Hosseinpour azad, N., and Zoulfagharpour, F. (2022a). The mutagenic effects of environmental radon gas radiation on the tanshinone related metabolites in *Artemisia absinthium*. Journal of Crop Breeding, 14(41): 129-137. doi:10.52547/jcb.14.41.129.

Rahbarnejad, S., Asghari, A., Hosseinpour Azad, N., and Shokri, E. (2025). The study of farnesyl diphosphate and squalene synthase gene expression levels in *Artemisia absinthium* exposed to environmental gamma radiation. Journal of Crop Breeding, 17(1): 117-128. doi:10.61186/jcb.17.1.117.

چکیده

جنس *Artemisia* یکی از مهم‌ترین منابع گیاهان دارویی حاوی متابولیت‌های ثانویه با ارزش، به‌ویژه ترپنوئیدها و لاکتون‌های سزکوئی‌ترپنی به شمار می‌رود. در گیاهان جنس *Artemisia*، ترکیباتی نظیر مونوترپن‌ها، سزکوئی‌ترپن‌ها، دی‌ترپن‌ها و تتراترپن‌ها از طریق دو مسیر اصلی بیوسنتزی، یعنی مسیر اسید موالونیک در سیتوزول و مسیر متیل‌اریتریتول فسفات در پلاستید تولید می‌شوند. در این مقاله، با بهره‌گیری از منابع جدید، مراحل اصلی بیوسنتز ترپنوئیدها شامل تولید پیش‌ماده‌ها، سنتز دی‌فسفات‌های ایزوپرنیلی و نقش آنزیم‌های کلیدی نظیر ایزوپرنیل دی‌فسفات‌سنتازها و ترپن‌سنتازها در گونه‌های مختلف *Artemisia* مرور شده و به ارتباط بیان ژن‌های FPS و GPS با تنوع ترکیب ترپنوئیدی در این جنس پرداخته شده است. این مرور، ضمن تبیین اهمیت زیستی و دارویی ترپنوئیدها، چشم‌انداز به‌کارگیری رویکردهای مهندسی متابولیکی و ژنتیک برای بهبود تولید ترکیبات ترپنوئیدی ارزشمند در گونه‌های *Artemisia* را برجسته می‌سازد.

مقدمه

اهمیت بیولوژیکی و اقتصادی ترپنوئیدها، تلاش‌های طولانی مدتی را در درک آنزیم‌های متابولیکی که تنوع شیمیایی ترپنوئیدها را ایجاد می‌کنند، برانگیخته است. آنزیم‌های کلیدی در مسیرهای بیوسنتزی ترپنوئید شامل DXS، HMGR، DXR، ایزوپرن‌پیروفسفات‌سنتاز و ترپن‌سنتاز هستند. ژن کدکننده HMGR ابتدا در *Arabidopsis thaliana* شناسایی شد. افزایش بیان این ژن باعث افزایش محتوای مواد ایزوپرنوئیدی در گیاهان می‌شود. آنزیم DXS یکی از آنزیم‌های کلیدی و محدودکننده سرعت در مسیر MEP است. این آنزیم می‌تواند تبدیل DXP را به متابولیت‌های حدواسط مسیر تولید ایزوپنتنیل‌پیروفسفات کاتالیز کند (Zhang et al., 2020). این مقاله، تازه‌ترین پژوهش‌ها درباره ژن‌های کنترل‌کننده بیان آنزیم‌های دخیل در سنتز متابولیت‌ها در جنس آرتیمیسیا و مسیرهای بیوسنتزی آن‌ها را بیان می‌کند.

مواد و روش‌ها

در این مطالعه مقالات چاپ شده در زمینه بیان ژن در *Artemisia* و آنزیم‌های کلیدی مسیر ترپنوئیدی با استفاده از کلمات کلیدی ژرانیل‌ژرانیل‌پیروفسفات، بیان ژن، مسیر سنتز ترپنوئیدها، متابولیت با استفاده از موتورهای جستجوگر Google Scholar، Scopus و Web of Science مورد جستجو قرار گرفتند. جدیدترین مقالات مرتبط با موضوع مورد اشاره جمع‌آوری و محتوای آن‌ها بر اساس هدف این مطالعه انتخاب و استفاده شد.