

آنالیز مقایسه‌ای خصوصیات ژنوم گیاهان پست و عالی

محمد اسماعیل پور*

ایران، تبریز، دانشگاه تبریز، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی اهر، گروه جنگل‌داری

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۹/۱۱ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۱/۱۷

چکیده

بررسی منابع نشان می‌دهد مطالعات جامعی به‌منظور مقایسه ژنومی بین گیاهان پست و عالی انجام نشده است به‌خصوص با توجه به این که اطلاعات ژنومی آن‌ها به‌روزرسانی می‌شود. از این‌رو، در این پژوهش، ژنوم خزه (*Physcomitrium patens*) به‌عنوان گیاه پست با ژنوم صنوبر (*Populus trichocarpa*) به‌عنوان گیاه عالی مورد مقایسه قرار گرفت. در این پژوهش، اندازه ژنوم، تعداد کروموزوم، محتوای کلی سیتوزین-گوانین (GC)، تعداد کل ژن‌ها، ژن‌های رمزکننده پروتئین، RNAs کوچک، ژن‌های کاذب، عناصر متحرک و ریزماهوره‌های ژنوم دو گونه مورد پژوهش استخراج شد. نتایج نشان داد اندازه ژنوم خزه بزرگتر و دارای ۲۳۷۴۷ ژن که در میان این ژن‌ها، ۲۰۴۵۴ ژن رمزکننده پروتئین وجود داشت. اندازه ژنوم صنوبر کوچکتر و دارای ۳۴۶۲۱ ژن که در میان این ژن‌ها، ۲۹۶۱۷ ژن رمزکننده پروتئین وجود داشت. تعداد RNAs کوچک برای ژنوم خزه و صنوبر به‌ترتیب ۸۶۳ و ۱۳۴۷ بود. تعداد ژن‌های کاذب در ژنوم صنوبر ۲/۹ برابر ژنوم خزه بود. برخی از ژن‌ها فقط در خزه یافت شدند. عناصر متحرک Gypsy در خزه و صنوبر به‌ترتیب ۴۷/۹ و ۱۴/۹۳ درصد از کل ژنوم را به خود اختصاص داده‌اند. در مجموع، عناصر متحرک در ژنوم خزه ۱/۶ برابر ژنوم صنوبر بود. تعداد و ترکم ریزماهوره در ژنوم خزه به‌ترتیب ۱/۶ و ۱/۵ برابر گیاه عالی صنوبر بود. فرآیند تکامل در گیاهان احتمالاً سبب کاهش تعداد و تراکم ژن‌های غیرکارکردی (عناصر متحرک و ریزماهوره‌ها) و افزایش تعداد ژن‌های کارکردی شده است. اطلاعات مفید حاصل از این قبیل مطالعات ژنومیکس مقایسه‌ای می‌تواند راه را برای اجرای طرح‌های کاربردی هموارتر نماید.

واژه‌های کلیدی: تکامل، ژنوم، ریزماهوره‌ها

* پست الکترونیکی: m.esmaeilpour@tabrizu.ac.ir

* نویسنده مسئول، تلفن: ۰۹۳۸۷۹۴۹۰۳۰

مقدمه

مختلف با هزینه‌های گزاف می‌تواند در ژنومیک مقایسه‌ای مورد بهره‌برداری قرار گرفته و بدین‌صورت از پتانسیل آن‌ها به‌طور کامل استفاده شود. در ژنومیکس مقایسه‌ای ویژگی‌های ژنومی مختلفی مانند اندازه ژنوم، تعداد کروموزوم، تعداد ژن‌های رمزکننده پروتئین، ریزماهوره‌ها و غیره مورد توجه است. عناصر متحرک (Transposable elements) نوعی توالی DNA بوده که قادر به حرکت از یک مکان به مکان دیگر در ژنوم هستند (۲۵). ریزماهوره‌ها نشانگرهای مولکولی چندآلی، چندشکل و هم‌بارز هستند که بر روی ژنوم گونه‌های مختلف وجود دارند (۴۶).

ژنومیکس مقایسه‌ای زمینه‌ای از پژوهش‌های زیستی است که در آن ویژگی‌های ژنومی موجودات مختلف مورد مقایسه قرار می‌گیرد (۳۶). ژنومیکس مقایسه‌ای به مطالعه روابط تکاملی بین موجودات مختلف و همچنین شناسایی ژن‌های حفاظت‌شده یا ژن‌های اختصاصی هر گونه، می‌پردازد (۱۶). ژنومیکس مقایسه‌ای نه تنها به ژنوم‌های توالی‌یابی‌شده، بلکه به ابزارهای بیوانفورماتیک قدرتمند و مبتنی بر وب وابسته است که رایگان در دسترس بوده و استفاده از آنها برای زیست‌شناسان تجربی آسان باشد (۱۱). انبوهی از داده‌های تولیدشده توسط شرکت‌های توالی‌یابی

و به ترتیب ۱۷۷، ۲۱۶، ۲۱۱ و ۲۴۳ ژن برای این پروتئین شناسایی شده است (۴۰). در پژوهش دیگری مشخص شد بر خلاف ژنوم گیاهان عالی گل‌دار، در خزه (*P. patens*)، مناطق غنی از ژن، یک توزیع کلی یکنواخت را در طول کروموزوم‌ها نشان می‌دهد (۱۷). در پژوهشی، ژنوم اندامک کلروپلاست دو گونه *Tamarix arceuthoides* و *T. ramosissima* مقایسه شد. طول ژنوم این اندامک در *T. ramosissima arceuthoides* به ترتیب ۱۵۶۱۹۸ و ۱۵۶۱۷۲ جفت‌باز بود. هر دو ژنوم مورد مطالعه، دارای ۱۲۳ ژن بودند (۳۹). در پژوهشی، ویژگی‌های ژن CER، که این ژن در بیوستتر موم‌های آلکان که جزء مهم کوتیکول هستند نقش دارد، در ۲۸ گونه از جنس اکالیپتوس، مورد مقایسه قرار گرفت و نتیجه‌گیری شد که توضیح رابطه بین تغییر در این ژن با میزان سازگاری گونه‌های مختلف جنس اکالیپتوس به محیط‌های متنوع، هنوز به صورت یک چالش است (۱۴). در پژوهشی، ژنوم چهار گونه *Oriza barthii*، *O. glaberrima*، *O. rufipogon* و *O. nivara* مورد مقایسه قرار گرفت. نتایج نشان داد رتروترانسپوزون‌های Gypsy سهم عمده‌ای در تغییر اندازه ژنوم این گونه‌ها داشته است (۲۱). به‌رحال، مرور منابع نشان می‌دهد مقایسه ژنوم دو گونه مدل خزه و صنوبر، در جهت درک کامل ژنوم گیاهان کمتر مورد توجه بوده است به خصوص با توجه به این که اطلاعات و حاشیه‌نویسی ژنوم (Genome annotation) گونه‌های مختلف، به روزرسانی می‌شود. ارائه یافته‌های جدید در زمینه محتوای ژنتیکی گونه‌های گیاهی مختلف منجر به درک بهتر نحوه سازگاری این گونه‌ها می‌شود (۳). نتایج حاصل از مطالعات ژنومیکس مقایسه‌ای می‌تواند در ژنتیک حفاظت کاربرد داشته باشد (۱۲). ژنومیکس مقایسه‌ای می‌تواند در توسعه نشانگرهای DNA بارکد مورد نیاز برای مطالعات فیلوژنی کاربرد داشته باشد (۲۰) و از طرف دیگر، مطالعات فیلوژنی و شناسایی درست انواع گونه‌ها و زیرگونه‌ها پیش‌نیازی برای حفاظت گونه است. پژوهش انجام شده بر روی ژنوم دو گونه برنج

ریزماهواره اطلاعات ژنتیکی بیشتری را در هر نشانگر نسبت به نشانگرهای دو آللی مانند چندشکلی تک نوکلئوتیدی در سطح جمعیت ارائه می‌دهند (۳۵). نشانگرهای مولکولی ریزماهواره برای مطالعات تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت، نقشه‌برداری ژنتیکی، مطالعات فیلوژنتیکی، شناسایی رقم و انتخاب به کمک نشانگر کاربرد دارند (۵، ۲۹). مطالعات زیادی روی ژنوم گیاهان انجام شده است و این ژنوم‌ها به‌طور گسترده‌ای به‌عنوان نشانگرهای مفیدی برای طرح‌های به‌نژادی، بررسی‌های سیستماتیک و تکامل گونه‌ها مورد استفاده قرار گرفته‌اند. خزها بریوفیت بوده و مورفولوژی و چرخه زندگی آن‌ها به‌طور قابل توجهی با گیاهان عالی گل‌دار متفاوت است (۹). در گیاهان گل‌دار نسل اسپوروفیت (دولاد) بر نسل گامتوفیت (تکلاد) غالب بوده در حالی که عکس آن در خزها اتفاق می‌افتد. از طرف دیگر، مکانیسم‌های مولکولی فرآیندهای فیزیولوژیکی مانند شبکه‌های انتقال سیگنال نور و اسید آسبزییک حفاظت‌شده و ژن فیتوکروم، که گیرنده نور قرمز و قرمز دور را رمز می‌کند، در گیاهان عالی گل‌دار، از روی ژنوم خزها کلون شده است (۲۸). تفاوت‌ها و شباهت‌های بین گیاهان عالی گل‌دار مانند صنوبر و گیاهان پست مانند خزها باید در ژنوم آن‌ها نیز منعکس شده باشد. گونه خز (*Physcomitrium patens*) برای گیاهان بدون دانه مانند خزها (۳۰) و درخت صنوبر (*Populus trichocarpa*) برای گیاهان عالی گل‌دار (۱۵ و ۳۸) گونه مدل است. توالی کامل ژنوم گونه‌های مدل خز (*P. patens*) (۱۷) و صنوبر (*P. trichocarpa*) (۳۷) در پایگاه داده‌هایی مانند مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری آمریکا (NCBI) و Phytozome قابل دسترس برای همه است. پژوهش‌هایی در زمینه ژنومیکس مقایسه‌ای گیاهان انجام شده است. برای مثال، در پژوهشی ژنوم چهار گونه گیاهی شامل آرابیدوپسیس (۱۱۹ Mb)، برنج (۳۷۴ Mb)، ذرت (۲/۲ Gb) و صنوبر (۳۹۲ Mb) با تاکید بر پروتئین‌های تکرار تتراتریکوپیپتید مورد بررسی قرار گرفته

از آخرین داده‌های توالی‌یابی شده از نظر خصوصیات ژنوم شامل اندازه ژنوم، تعداد کروموزوم، محتوای سیتوزین-گوانین (GC)، تعداد کل ژن‌ها، تعداد ژن‌های شناخته‌شده رمزکننده پروتئین، تعداد RNAs کوچک، تعداد ژن‌های کاذب، عناصر متحرک و ریزماهورها بود.

elements) موجود بر روی ژنوم گونه خزه (۱۷) و صنوبر (۴۸) استخراج شد. از نرم‌افزار (Misa) (MicroSatellite identification tool) در محیط برنامه‌نویسی Perl برای شناسایی توالی‌های ریزماهوره کل ژنوم‌های مورد پژوهش استفاده شد (۸). این برنامه می‌تواند ریزماهوره‌های مرکب و کامل را شناسایی کند. معیارهای تعریف ریزماهوره برای هر دو گونه یکسان و به‌صورت زیر بود: ۱۶ تکرار برای تک نوکلئوتیدی، هشت تکرار برای دو نوکلئوتیدی، شش تکرار برای سه نوکلئوتیدی، پنج تکرار برای چهار نوکلئوتیدی، چهار تکرار برای پنج و شش نوکلئوتیدی و سه تکرار برای موتیف‌های هفت، هشت و نه نوکلئوتیدی در نظر گرفته شد (۳۴). حداکثر فاصله‌ای که برای ریزماهوره‌های مرکب در نظر گرفته شد نیز ۱۰۰ جفت باز بود. مجموع اندازه‌های ریزماهوره و تراکم ریزماهوره (نسبت مجموع اندازه‌های ریزماهوره به اندازه ژنوم) محاسبه و نمودار درصد ریزماهوره‌های با اندازه‌های مختلف در نرم‌افزار Excel ترسیم شد.

صنوبر دارای ۳۴۶۲۱ ژن که در میان این ژن‌ها ۲۹۶۱۷ ژن شناخته‌شده رمزکننده پروتئین وجود داشت. تعداد RNAs کوچک برای ژنوم خزه و صنوبر به ترتیب ۸۶۳ و ۱۳۴۷ بود. تعداد ژن‌های کاذب در خزه و صنوبر به ترتیب ۴۷۵ و ۱۳۷۲ بود که ۲/۹ برابر شده است (جدول ۱).

جدول ۱- مقایسه ویژگی‌های ژنوم گیاهان پست (گونه خزه) و عالی (درخت صنوبر)

و گندم تأییدکننده وجود تشابهات ژنتیکی و ژن‌های ارتولوگ میان آن‌ها بود که می‌تواند در امر به‌نژادی در جهت افزایش عملکرد و تحمل به تنش‌های محیطی قابل استفاده باشد لذا ژنومیکس مقایسه‌ای در به‌نژادی گونه‌ها نیز کاربرد دارد (۲ و ۴۲). هدف پژوهش حاضر مقایسه توالی کامل ژنوم گیاهان پست (خزه) و گیاهان عالی (صنوبر) با استفاده

مواد و روشها

در این پژوهش از ژنوم خزه (*P. patens*) متعلق به خانواده Funariaceae با شماره دسترسی مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری آمریکا (NCBI) GCF_000002425.4 به‌عنوان گیاه پست و درخت صنوبر (*P. trichocarpa*) متعلق به خانواده بیدیان (Salicaceae) با شماره دسترسی GCF_000002775.5 به‌عنوان گیاه عالی استفاده شد. هر دو گونه مدل بوده و ژنوم آنها در سطح کروموزوم سرهم‌بندی (Assembly) شده است. ویژگی‌های ژنوم گونه‌های مورد پژوهش شامل اندازه ژنوم (bp)، تعداد کروموزوم، محتوای کلی سیتوزین-گوانین (GC)، تعداد کل ژن‌ها، تعداد ژن‌های رمزکننده پروتئین، تعداد RNAs کوچک و تعداد ژن‌های کاذب از سایت مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری آمریکا (NCBI) استخراج شد. همچنین، برای رسم نمودار ون برای مشخص کردن تعداد ژن‌های مشترک بین دو گونه خزه و صنوبر از سایت <https://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/Venn> استفاده شد. عناصر متحرک (Transposable)

نتایج

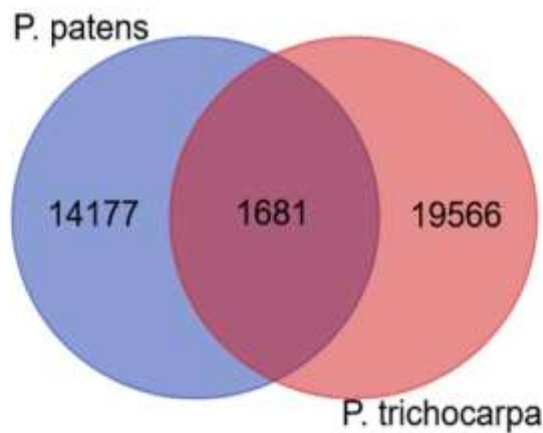
اندازه ژنوم خزه ۴۷۱/۹ Mb و اندازه ژنوم درخت صنوبر ۳۹۲/۲ Mb بود. تعداد کروموزوم‌های خزه ۲۷ و تعداد کروموزوم‌های صنوبر ۱۹ عدد شمارش شده است. محتوای سیتوزین-گوانین (GC) ژنوم خزه و صنوبر به ترتیب ۳۳/۵ و ۳۴/۰ درصد بود. ژنوم خزه دارای ۲۳۷۴۷ ژن که در میان این ژن‌ها ۲۰۴۵۴ ژن رمزکننده پروتئین وجود داشت. ژنوم

ویژگی‌های ژنوم	خزه (<i>P. patens</i>)	صنوبر (<i>P. trichocarpa</i>)	تغییر ژنوم صنوبر نسبت به خزه (برابر)
اندازه ژنوم (Mb)	۴۷۱/۹	۳۹۲/۲	۰/۸
تعداد کروموزوم	۲۷	۱۹	۰/۷
محتوای سیتوزین-گوانین (GC) به درصد	۳۳/۵	۳۴/۰	۱/۰
تعداد کل ژن‌ها	۲۳۷۴۷	۳۴۶۲۱	۱/۵
تعداد ژن‌های شناخته‌شده رمزکننده پروتئین	۲۰۴۵۴	۲۹۶۱۷	۱/۴
تعداد RNAs کوچک	۸۶۳	۱۳۴۷	۱/۶
تعداد ژن‌های کاذب	۴۷۵	۱۳۷۲	۲/۹

مانند Aminoacylase-1-like و Macrophage migration inhibitory factor homolog فقط در گیاه پست خزه و برخی از ژن‌ها مانند Nibrin homolog و Terpene synthase 10 فقط در گیاه عالی صنوبر یافت شدند (جدول ۱ ضمیمه).

مطابق نمودار ون، به تعداد ۱۴۱۷۷ ژن منحصر به فرد برای خزه و به تعداد ۱۹۵۶۶ نام ژن مخصوص گونه صنوبر بود. به تعداد ۱۶۸۱ ژن مشترک بین دو گونه بود (شکل ۱). بر طبق اطلاعات حاشیه نویسی ژنوم موجود در مرکز ملی اطلاعات زیست‌فناوری آمریکا (NCBI) برخی از ژن‌ها

List names	number of elements	number of unique elements
P. patens	23894	15856
P. trichocarpa	34571	21247
Overall number of unique elements		35424



شکل ۱- نمودار ون برای فهرست نام ژن‌های دو گونه خزه و صنوبر

(جدول ۲). توالی‌های LINEs در ژنوم خزه (۲۶۰۰۰۰ bp) کمتر از صنوبر (۳۹۰۱۱۲۵ bp) بود. در مجموع، عناصر متحرک در ژنوم خزه ۱/۶ برابر ژنوم صنوبر بود.

توالی‌های Copia در خزه و صنوبر به ترتیب ۳/۵ و ۴/۹۷ درصد از کل ژنوم را به خود اختصاص دادند. جالب توجه است که توالی‌های Gypsy در خزه و صنوبر به ترتیب ۴۷/۹ و ۱۴/۹۳ درصد از کل ژنوم را به خود اختصاص دادند

جدول ۲- برخی عناصر متحرک در گونه‌های مدل خز و صنوبر

تغییر ژنوم خز نسبت به صنوبر (برابر)	صنوبر (<i>P. trichocarpa</i>)		خز (<i>P. patens</i>)		عناصر متحرک
	درصد ژنوم	طول (bp)	درصد ژنوم	طول (bp)	
۰/۹	۴/۹۷	۱۹۳۳۲۴۶۰	۳/۵	۱۶۶۳۰۰۰۰	Copia
۳/۹	۱۴/۹۳	۵۸۰۹۶۶۲۲	۴۷/۹	۲۲۶۸۶۴۰۰۰	Gypsy
۰/۱	۱/۰۰	۳۹۰۱۱۲۵	۰/۱	۲۶۰۰۰۰	LINEs
۰/۳	۲۲/۷	۸۸۳۹۳۹۹۴	۶/۲	۲۹۱۲۷۰۰۰	دیگر عناصر
۱/۶	۴۳/۶۰	۱۶۹۷۲۴۲۰۱	۵۷/۷	۲۷۲۸۱۰۰۰	کل

تشکیل شده است. تراکم ریزماهوره (نسبت مجموع اندازه ریزماهوره به اندازه ژنوم) در ژنوم خز ۱/۵ برابر صنوبر بود (جدول ۳).

در این تحقیق تعداد کل ریزماهوره شناسایی شده بر روی ژنوم خز ۱۲۵۷۰۰ و بر ژنوم صنوبر ۷۷۰۲۴ بود. نتایج به دست آمده نشان می‌دهد که ژنوم‌های خز و صنوبر به‌ترتیب از ۳/۶۹ Mb و ۲/۱۰ Mb توالی‌های ریزماهوره

جدول ۳- مقایسه ریزماهوره‌های ژنوم گیاهان پست (خز) و عالی (صنوبر)

تغییر ژنوم خز نسبت به صنوبر (برابر)	صنوبر (<i>P. trichocarpa</i>)	خز (<i>P. patens</i>)	ریزماهوره‌های ژنوم
۱/۶	۷۷۰۲۴	۱۲۵۷۰۰	تعداد کل ریزماهوره
۱/۸	۲۰۹۷۰۵۱	۳۶۸۶۰۹۹	مجموع اندازه‌های ریزماهوره (bp)
۱/۵	۰/۵۳۴۵۲۷	۰/۷۸۱۱۹۷	تراکم ریزماهوره

پایین، کمتر است. جدول ۵ ده ریزماهوره با بیشترین تکرار در گونه‌های مورد پژوهش را نشان می‌دهد. بیش از ۶۹ درصد از ریزماهوره‌های شناسایی شده متعلق به ده ریزماهوره با تکرار بالا در گونه خز و بیش از ۵۸ درصد از ریزماهوره‌های شناسایی شده متعلق به ده ریزماهوره با تکرار بالا در گونه صنوبر بود. موتیف دو نوکلئوتیدی AT فراوانترین موتیف در هر دو گونه گیاهی پست خز (۲۵/۷۲)

نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که فراوانی ریزماهوره‌ها با افزایش تعداد نوکلئوتیدها کاهش می‌یابد، به‌طوری‌که ریزماهوره‌های تک و دو نوکلئوتیدی دارای بیشترین فراوانی هستند، در حالی که ریزماهوره‌های هشت و نه نوکلئوتیدی دارای کمترین فراوانی هستند (جدول ۴). به عبارت دیگر، تعداد ریزماهوره با واحدهای تکرار شونده بالا نسبت به ریزماهوره‌های با واحدهای تکرار شونده

(جدول ۵). لازم به ذکر است به تعداد ۲۷۷۸ نوع موتیف در ژنوم خزّه و به تعداد ۲۸۹۸ نوع موتیف در ژنوم صنوبر شناسایی شد. تعداد ریزماهوره‌های ترکیبی در خزّه و صنوبر به ترتیب ۱۷۲۹۶ و ۷۶۸۳ بود.

(%) و گیاه عالی صنوبر (۱۵/۳۵%) بود. در بین فراوان‌ترین ده موتیف، موتیف‌های TG (۱/۱۹%) و AAAT (۱/۱۳%) فقط در ژنوم خزّه و موتیف‌های CT (۲/۳۹%) و TTA (۱/۹۴%) فقط در ژنوم گونه صنوبر مشاهده شده است

جدول ۴ - تشخیص موتیف‌های ریزماهوره روی ژنوم دو گونه خزّه و صنوبر

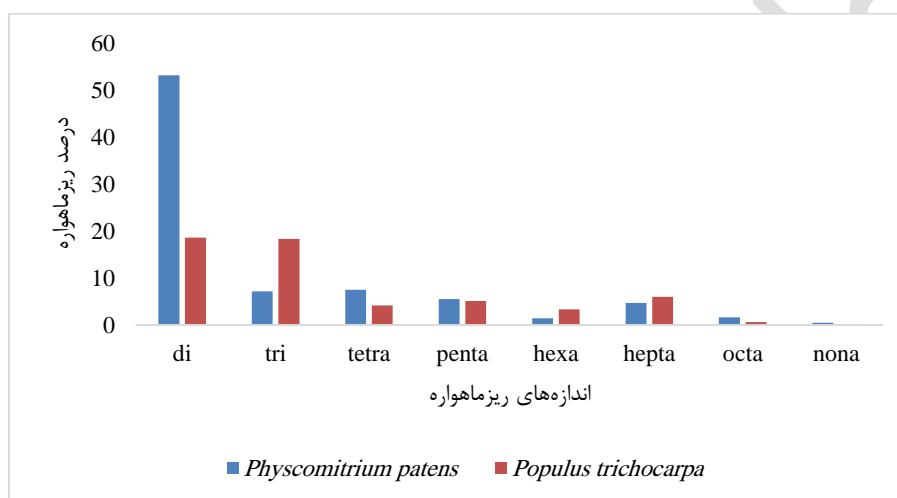
گونه	تک نوکلئوتید	دو نوکلئوتید	سه نوکلئوتید	چهار نوکلئوتید	پنج نوکلئوتید	شش نوکلئوتید	هفت نوکلئوتید	هشت نوکلئوتید	نه نوکلئوتید	مجموع
خزّه (<i>P. patens</i>)	۲۲۸۷۴	۶۶۸۰۴	۹۰۲۴	۹۴۶۳	۶۹۹۲	۱۸۳۹	۵۹۷۳	۲۰۶۶	۶۶۵	۱۲۵۷۰۰
صنوبر (<i>P. trichocarpa</i>)	۱۴۳۲۴	۳۳۵۶۰	۱۴۱۰۶	۳۲۴۰	۳۹۷۸	۲۵۶۴	۴۶۳۲	۴۹۲	۱۲۸	۷۷۰۲۴

جدول ۵ - ده موتیف ریزماهوره با بیشترین فراوانی بر روی ژنوم دو گونه خزّه و صنوبر

ردیف	خزّه (<i>P. patens</i>)		صنوبر (<i>P. trichocarpa</i>)	
	موتیف	درصد	موتیف	درصد
۱	AT	۲۵/۷۲	AT	۱۵/۳۵
۲	TA	۲۰/۳۱	TA	۱۳/۱۰
۳	A	۸/۷۱	A	۸/۴۴
۴	T	۸/۶۰	T	۸/۲۱
۵	AC	۱/۱۹	AG	۲/۷۸
۶	AAT	۱/۱۹	CT	۲/۳۹
۷	TG	۱/۱۹	TC	۲/۲۸
۸	AAAT	۱/۱۳	AAT	۲/۱۷
۹	TC	۱/۰۱	AC	۲/۰۵
۱۰	AG	۰/۹۱	TTA	۱/۹۴
جمع (درصد)		۶۹/۹۶		۵۸/۷۱

نوکلئوتیدی، ۵۳/۱۵ درصد دو نوکلئوتیدی، ۷/۱۸ درصد سه نوکلئوتیدی و ۷/۵۳ درصد چهار نوکلئوتیدی بودند. از نظر واحد تکرار در ژنوم گیاه عالی صنوبر، ۱۸/۶۰ درصد تک نوکلئوتیدی، ۴۳/۵۷ درصد دو نوکلئوتیدی، ۱۸/۳۱ درصد سه نوکلئوتیدی و ۴/۲۱ درصد واحد تکرار چهار نوکلئوتیدی بودند.

شکل ۲ درصد ریزماهوره‌های با اندازه‌های مختلف را در ژنوم دو گونه مورد پژوهش نشان می‌دهد. الگوی توزیع ریزماهوره‌ها در توالی‌های سه نوکلئوتیدی و سپس دو نوکلئوتیدی در دو گونه مورد بررسی اختلاف زیادی داشت ولی از نظر پنج و نه نوکلئوتیدی شباهت زیادی با هم داشتند. از نظر واحد تکرار در ژنوم خزه، ۱۸/۲۰ درصد تک



شکل ۲- درصد ریزماهوره‌های با اندازه‌های مختلف در ژنوم‌های خزه و صنوبر

بحث و نتیجه‌گیری

هرچند، افزایش اندازه ژنوم، ظرفیت لازم برای حمل ژن‌های بیشتر را فراهم می‌کند و این، به معنی توانایی آن گونه در تولید پروتئین‌های بیشتر و اخذ ویژگی‌های متنوع‌تر است. درختان سوزنی برگ مانند کاج اگر چه به لحاظ تکاملی ابتدایی‌ترند، ولی مقدار DNA بیشتری نسبت به درختان پهن‌برگ مانند صنوبر دارند (۴۱). این تناقض که هنگام مقایسه اندازه ژنوم‌های گونه‌های یوکاریوتی مشاهده می‌شود، این فرضیه را تقویت می‌کند که اندازه ژنوم به صورت خطی با پیچیدگی تکاملی ظاهری گونه افزایش نمی‌یابد. ارائه یافته‌های جدید در زمینه محتوای ژنتیکی گونه‌های گیاهی مختلف منجر به درک بهتر سازگاری این گونه‌ها می‌شود. نتایج پژوهشی نشان داد بین اندازه ژنوم و

شتاب در فن‌آوری‌های توالی‌یابی، سبب توالی‌یابی کامل ژنوم طیفی از موجودات شده که امکان تجزیه و تحلیل دقیق‌تری از خصوصیات ژنوم گونه‌های مختلف مانند اندازه ژنوم، توالی‌های ریزماهوره، ژن‌های کاذب و غیره را فراهم کرده است. در مجموع، بررسی تنوع ژنومی در گونه‌های مختلف نقش مهمی در مطالعات ژنومیک عملکردی و اصلاح مولکولی ایفا خواهد کرد (۱۹). در این پژوهش ویژگی‌های مختلف ژنوم و توالی‌های ریزماهوره گیاهان پست و عالی با یکدیگر مقایسه شد. اندازه ژنوم خزه بزرگتر از اندازه ژنوم صنوبر بود. افزایش اندازه ژنوم الزاما به معنی پیشرفته‌تر شدن موجود، در طی روند تکاملی نیست.

ویژگی‌های مورفولوژیک و آب و هوایی یعنی سازگاری گونه رابطه معنی‌داری وجود دارد (۳). اندازه ژنوم در بین گونه‌های گیاهی متفاوت است و اهمیت تکاملی و عملی این تنوع موضوع قابل توجهی است. تعداد کروموزوم‌های خزه بیشتر از صنوبر (۱/۴ برابر) است. در واقع عدد کروموزومی سازمان ژنومی گونه‌ها را توصیف می‌کند و تنوع تعداد کروموزوم‌ها در گونه‌های مختلف تظاهر خارجی فرایندهای ژنومی پویا بوده و شامل بازآرایی‌های ساختاری کروموزوم و تغییرات در محتوای DNA است (۲۳). از نظر تئوری افزایش تعداد کپی‌های تکراری (Repeat copy numbers) بستر بیشتری را برای اصلاح اشتباهی شکست دو رشته‌ای (Double strand breaks)، طی دیسپلوئیدی فراهم می‌کند (۲۳). اندازه و مورفولوژی کروموزوم‌ها از طریق شکست دورشته‌ای در DNA و ترمیم نادرست این نقاط شکست، تغییر می‌کند. اندازه ژنوم می‌تواند بر تعداد کروموزوم تأثیر بگذارد. در ژنوم‌های با اندازه بزرگ‌تر، پلی‌پلوئیدی شدن کمتر اتفاق می‌افتد (۴۷). محتوای کلی سیتوزین-گوانین (GC) در ژنوم دو گونه خزه و صنوبر تقریباً بدون تغییر (۱/۰ برابر) باقی مانده است (جدول ۱). تنوع در محتوای کلی سیتوزین-گوانین (GC) ممکن است پیامدهای تکاملی برای سازگاری گونه با محیط آنها داشته باشد (۳۲). در خصوص تغییر ژنوم صنوبر نسبت به خزه باید بیان کرد تعداد کل ژن‌ها تقریباً ۱/۵ برابر و تعداد ژن‌های کاذب تقریباً ۲/۹ برابر شده است. ژن‌های کاذب نسخه‌های غیرعملکردی ژن‌ها بوده و با تکثیر مستقیم توالی DNA یک ژن ساختاری در طول همانندسازی کروموزوم‌ها یا از روی مولکول‌های mRNA ایجاد می‌شوند (۴۱). ژن کاذب توانایی تولید پروتئین عملکردی را از دست داده است (۲۴). از آنجایی که ژن‌های کاذب برای پروتئین‌ها رمز نمی‌شوند، اغلب فرض می‌شود که ناکارآمد هستند و به‌عنوان DNA ناخواسته برچسب‌گذاری می‌شوند. در حالی که برخی از ژن‌های کاذب از نظر رونویسی خاموش هستند، برخی دیگر فعال بوده و ممکن است

توسط سلول برای تنظیم ژن‌های رمزکننده استفاده شود (۶). در این تحقیق ۱۶۸۱ ژن مشترک بین گیاهان پست و عالی مشخص شد. تعدادی از ژن‌ها مخصوص خزه بوده و در ژنوم گیاه عالی گل‌دار صنوبر غایب هستند. در پژوهشی ژنوم دو گونه خزه و آرابیدوپسیس مورد مقایسه قرار گرفت و بیان شد که برخی از ژن‌ها مخصوص گونه خزه هستند (۲۶). مقایسه نواحی پروموتوری ژن‌های OASTL-Like در ژنوم دو گونه آرابیدوپسیس و برنج نشان داد که به‌ترتیب ۴۷ و ۴۸ نوع عنصر تنظیمی در این نواحی وجود دارد (۱). تعداد RNAs کوچک ژنوم صنوبر نسبت به خزه ۱/۶ برابر است. RNAs کوچک یا RNAs کوچک غیرکدکننده یا sncRNA در انواع عملکردهای سلول مانند فرآیند پیام‌دهی مولکولی، تکثیر سلولی و تمایز مشارکت دارند (۴۴). نتایج پژوهشی نشان داد افراد متعلق به یک جنس، RNAs کوچک مشابهی دارند، در حالی که افراد متعلق به جنس‌های مختلف، اشتراکات به‌نسبت کمی را از این نظر نشان می‌دهند (۷). همانطوری که در بخش نتایج اشاره شد (جدول ۲) کمتر از نصف ژنوم صنوبر و بیشتر از نصف ژنوم خزه را عناصر متحرک تشکیل می‌دهند. توالی‌های Gypsy بزرگترین گروه از توالی‌های متحرک در ژنوم خزه بودند. در مجموع مقدار عناصر متحرک در ژنوم خزه بیشتر و ۱/۶ برابر ژنوم صنوبر بود. به نظر می‌رسد نیاز به کنترل و حذف عناصر متحرک از ژنومی به ژنوم دیگر متفاوت بوده و برخی از گیاهان عناصر متحرک را به‌طور موثر حذف نمی‌کنند و اجازه می‌دهند که این عناصر به آرامی توسط جهش‌ها تخریب شوند، هرچند در این حالت اندازه ژنوم افزایش می‌یابد، همانطوری که این حقیقت در مورد ژنوم بازدانگان صدق می‌کند (۲۷). موتیف ریزماهواره سه نوکلئوتیدی یکی از فراوان‌ترین موتیف‌های تکراری در ژنوم درختان است، زیرا احتمال کمتری دارد که سبب تغییر چارچوب در توالی DNA رمزکننده شود (۳۳). فرض بر این است که ریزماهواره‌های سه و شش نوکلئوتیدی سبب جهش تغییر قاب نمی‌شوند، زیرا مضرری از سه نوکلئوتید

ژنوم گیاهان پست و عالی به لحاظ تکاملی حائز اهمیت است. به نظر می‌رسد فرایند تکامل گیاهان احتمالاً سبب کاهش تعداد و تراکم عناصر متحرک و ریزماهورها و افزایش تعداد ژن‌های کارکردی در سطح ژنوم شده است. در پژوهشی، ژنوم اندامک کلروپلاست در دو گونه از جنس پنبه به نام‌های *Gossypium thurberi* و *G. arboreum* مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که ژنوم کلروپلاست *G. thurberi* و *G. arboreum* به ترتیب حاوی ۱۳۴ و ۱۲۸ ژن است. در این تحقیق نتیجه‌گیری شد که مقایسه ژنوم اندامک کلروپلاست گونه‌های مختلف جنس پنبه می‌تواند راه را برای مطالعات تکامل ملکولی هموارتر نماید (۴). نتایج این گونه تحقیقات می‌تواند در فراهم آوردن زمینه برای مطالعات تکامل ملکولی گیاهان قابل‌استفاده باشد. این گونه تحقیقات درک ما را از ویژگی‌های ژنوم مانند عناصر متحرک و ریزماهورها و عملکردهای زیستی بالقوه آنها در گیاهان عمیق‌تر می‌کند. تجمع اطلاعات حاصل از مطالعات به خصوص در سطح ژنومی می‌تواند منجر به طراحی برنامه‌هایی مناسب برای حفاظت و به‌نژادی گونه‌ها شود.

هستند (۱۸). به نظر می‌رسد وجود موتیف‌های تکراری، به دلیل دخالت آن‌ها در فرآیندهای زیستی مانند بیان ژن، اتصال به پروتئین و مسیرهای سنتز متابولیت ثانویه، از نظر تکاملی مهم باشند (۲۲). شواهد در حال ظهور نشان می‌دهد که ریزماهورها ممکن است رونویسی ژن، ترجمه، متیل‌دار شدن DNA، پایداری mRNA، ساختار کروماتین و فعالیت‌های متابولیکی را تنظیم کنند (۳۳). تغییر توالی تکرار نه تنها منجر به تغییر اسید آمینه می‌شود، بلکه ساختار و عملکرد پروتئین را می‌تواند تحت تأثیر قرار داده و در نهایت کل سامانه زیستی را تحت تأثیر قرار می‌دهد (۳۱). در این پژوهش، موتیف A/T بیشتر از موتیف C/G در گونه‌های مورد پژوهش بود که با نتایج (۴۳، ۴۵، ۴۹) هم‌خوانی دارد. مطالعات اخیر نشان داده است که موتیف ریزماهوره A/T با نقاط داغ نوترکیبی میوز مرتبط است (۱۳). موتیف AT در گیاهان عالی بیشتر از گیاه پست خزه است (۴۹). شایان ذکر است تجزیه و تحلیل وقوع ریزماهورها در برخی گونه‌های گیاهی و جانوری نشان می‌دهد که هیچ ارتباط آشکاری بین اندازه ژنوم و تراکم SSR وجود ندارد (۱۰). مقایسه ریزماهوره‌های گسترده در

سپاسگزاری

از حمایت‌های دانشگاه تبریز از نظر در اختیار قرار دادن رایانه و اینترنت مناسب، تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع

۱. رجبی فرشمی، م.، شیرزادیان خرم‌آباد، ر.، عابدی، ا.، رضادوست، م. ح.، ۱۴۰۳. مطالعه‌ی تبارزایی، ساختار و تظاهر خانواده ژنی OASTL-Like در گستره ژنوم آرابیدوپسیس و برنج با رویکرد *in silico*، مجله پژوهش‌های گیاهی (مجله زیست‌شناسی ایران)، ۳۷: ۳۰-۴۳.
- ۲- سعادت‌جلیلی، م.، مرعشی، ح.، شهریاری، ف.، سیفی، ع.، و فکرت، ل.، ۱۴۰۱. بررسی تنوع ژنومی ارقام پسته مقاوم و حساس به آفت پسپیل با استفاده از روش توالی‌یابی کل ژنوم، مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، ۱۱: ۶۴-۷۱.
۳. شریعت، آ.، کریم‌زاده، ق.، عصاره، م.، و لوریرو، ژ.، ۱۳۹۷. ارتباط بین اندازه ژنوم و صفات مورفولوژیکی و اکولوژیکی در گونه‌های مرزه (*Satureja sp.*)، مجله گیاه‌شناسی ایران، ۲۴: ۱۶۳-۱۷۳.
۴. طلعت، ف.، حسینی‌نژاد، س.، بدری‌انرجان، م.، ۱۳۹۸. آنالیز بیوانفورماتیک کدونی ژنوم کلروپلاست گونه‌های دیپلوئید و مقایسه با ژنوم دو گونه تتراپلوئید پنبه، مجله پژوهش‌های گیاهی (مجله زیست‌شناسی ایران)، ۳۲: ۸۶۲-۸۷۱.

5. Adhikari, S., Saha, S., Biswas, A., Rana, T.S., Bandyopadhyay, T. K., and Ghosh, P., 2017. Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. *Nucleus*, 60: 283-297.
6. Balakirev, E.S., and Ayala, F.J., 2003. Pseudogenes: Are they "junk" or functional DNA? *Annual Review of Genetics*, 37: 123-151.
7. Baldrich, P., Bélanger, S., Kong, S., Pokhrel, S., Tamim, S., Teng, C., Schiebout, C., Guna, S. Gurazada, R., Gupta, P., Patel, P., Razifard, H., Nakano, M., Dusia, A., Meyers, B. C., and Frank, M. H., 2022. The evolutionary history of small RNAs in Solanaceae. *Plant Physiology*, 189, 2, 644-665.
8. Beier, S., Thiel, T., Münch, T., Scholz, U., and Mascher, M., 2017. MISA-web: a web server for microsatellite prediction. *Bioinformatics*, 33: 2583-2585.
9. Bold, H.C., Alexopoulos, C.J. and Delevoryas, T., 1987. *Morphology of plants and fungi*. Harper Collins, New York.
10. da Maia, L.C., de Souza, V.Q., Kopp, M.M., de Carvalho, F.I., and de Oliveira, A.C., 2009. Tandem repeat distribution of gene transcripts in three plant families. *Genetics and Molecular Biology*, 32: 822-33.
11. de Crécy-Lagard, V., and Hanson, A., 2013. Comparative Genomics. In: Maloy, S., and Hughes, K., (ed) *Brenner's Encyclopedia of Genetics (2nd Edn)*, Academic Press, Cambridge, pp 102-105.
12. Grueber, C.E., 2015. Comparative genomics for biodiversity conservation. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 13: 370-375.
13. Heissl, A., Betancourt, A.J., Hermann, P., Povysil, G., Arbeitshuber, B., Futschik, A., Ebner, T., and Tiemann-Boege, I., 2018. Length asymmetry and heterozygosity strongly influences the evolution of poly-A microsatellites at meiotic recombination hotspots. *BioRxiv*, 431841.
14. Hernández, M.A., Vaillancourt, R.E., Potts, B.M. et al., 2024. Insights into the evolution of the eucalypt CER1 and CER3 genes involved in the synthesis of alkane waxes. *Tree Genetics and Genomes*, 4: 1-15.
15. Jansson, S., and Douglas, C.J., 2007. *Populus*: a model system for plant biology. *Annual Review of Plant Biology*, 58: 435-58.
16. Jung, J., Kim, J.I., and Yi, G., 2019. geneCo: a visualized comparative genomic method to analyze multiple genome structures. *Bioinformatics*, 35(24): 5303-5305.
17. Lang, D., Ullrich, K.K., Murat, F., Fuchs, J., Jenkins, J., and Haas, F.B., 2018. The *Physcomitrella patens* chromosome-scale assembly reveals moss genome structure and evolution. *The Plant Journal*, 93(3): 515-533.
18. Legendre, M., Pochet, N., Pak, T., and Verstrepen, K.J., 2007. Sequence-based estimation of minisatellite and microsatellite repeat variability. *Genome Research*, 17: 87-96.
19. Li, C., Tian, D., Tang, B., Liu, X., Teng, X., Zhao, W., Zhang, Z., and Song, S., 2021. Genome Variation Map: a worldwide collection of genome variations across multiple species. *Nucleic Acids Research*, 8: 1186-1191.
20. Li, H., Yang, H., Guo, H., Yuan, Y., Ahmed, I., Li, G., Wang, Y., Chang, Y., Poczai, P., and Tian, X., 2024. Chloroplast genome evolution of *Berberis* (Berberidaceae): Implications for phylogeny and metabarcoding. *Genomics*, 21: 110812.
21. Ma X., Fan J., Wu Y., Zhao S., Zheng X., Sun C., and Tan L., 2020. Whole-genome de novo assemblies reveal extensive structural variations and dynamic organelle-to-nucleus DNA transfers in African and Asian rice. *The Plant Journal*, 104: 596-612.
22. Manisha, S., and Pandey, G.K., 2015. Expansion and function of repeat domain proteins during stress and development in plants. *Frontiers in Plant Science*, 6: 1218.
23. Mayrose, I., and Lysak, M.A., 2020. The evolution of chromosome numbers: Mechanistic models and experimental approaches. *Genome Biology and Evolution*, 13, 1-15.
24. Mighell, A.J., Smith, N.R., Robinson, P.A., and Markham, A.F., 2000. Vertebrate pseudogenes. *FEBS Letters*, 468: 109-114.
25. Muñoz-López, M., and García-Pérez, J.L., 2010. DNA transposons: nature and applications in genomics. *Current Genomics*, 11(2): 115-28.
26. Nishiyama, T., Fujita, T., and Shin, T., 2003. Comparative genomics of *Physcomitrella patens* gametophytic transcriptome and *Arabidopsis thaliana*: Implication for land plant evolution. *Biological Sciences*, 100 (13): 8007-8012.
27. Novák, P., Guignard, M., Neumann, P., Kelly, L., Mlinarec, J., Koblížková, A., Dodsworth, S., Kovařík, A., Pellicer, J., and Wang, W., 2020. Repeat-sequence turnover shifts fundamentally in species with large genomes. *Native Plants*, 6: 1325-1329.

28. Pasentsis, K., Paulo, N., Algarra, P., Dittrich, P., and Thümmmler, F., 1998. Characterization and expression of the phytochrome gene family in the *Ceratodon purpureus*. *The Plant Journal*, 3 (1): 51-61.
29. Potter, K.M., Hipkins, V.D., Mahalovich, M.F., and Means, R.E., 2015. *Nuclear genetic variation across the range of Ponderosa pine (Pinus ponderosa): Phylogeographic, taxonomic and conservation implications*. *Tree Genetics and Genomes*, 11: 38.
30. Rensing, S.A., Goffinet, B., Meyberg, R., Wu, S.Z., and Bezanilla, M., 2020. The Moss *Physcomitrium (Physcomitrella) patens*: A Model Organism for Non-Seed Plants. *Plant Cell*, 32: 1361-1376.
31. Schneider, M.V., 2013. *In silico systems biology*. Springer, Berlin.
32. Smarda, P., Bureš, P., Horová, L., Leitch, I.J., Mucina, L., Pacini, E., Tichý, L., Grulich, V., and Rotreklová, O., 2014. Ecological and evolutionary significance of genomic GC content diversity in monocots. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*, 111: 96-102.
33. Song, X., Li, N., Guo, Y., Bai, Y., and Wu, T., 2021. Comprehensive identification and characterization of simple sequence repeats based on the whole-genome sequences of 14 forest and fruit trees. *Forestry Research*, 1, 7: 1-10.
34. Song, X., Yang, Q., Bai, Y., Gong, K., Wu, T., Yu, T., Pei, Q., Duan, W., Huang, Z., Wang, Z., Li, Z., Kang, X., Zhao, W., and Ma, X., 2021. Comprehensive analysis of SSRs and database construction using all complete gene-coding sequences in major horticultural and representative plants. *Horticulture Research*, 8, 122: 2-17.
35. Sudhakar, P., Punam, S.Y., Waquar, A.A., Maneesh, P., Luming, Y., Bijendra, S., Rakesh, K.D., Prabhakar, M.S., and Jagdish, S., 2021. Development of high conserved cross-species microsatellite markers from cucumber genome and their applicability in genetic diversity and comparative mapping. *Scientia Horticulturae*, 288, 110408.
36. Touchman, J., 2010. Comparative Genomics. *Nature Education Knowledge*, 3 (10): 13.
37. Tuskan, G.A., Difazio, S., and Jansson, S., 2006. The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). *Science*, 313 (5793): 1596-604.
38. Tuskan, G.A., DiFazio, S.P., and Teichmann, T., 2004. Poplar genomics is getting popular: the impact of the poplar genome project on tree research. *Plant Biology*, 6 (1): 2-4.
39. Wang, X., Cao, Q., and Wei, Y., 2023. The complete chloroplast genome sequence of *Tamarix arceuthoides* Bunge and *Tamarix ramosissima* Ledeb. (Tamaricaceae). *Mitochondrial DNA Part B*, 8: 541-545.
40. Wei, K., and Han, P., 2017. Comparative functional genomics of the TPR gene family in Arabidopsis, rice and maize. *Molecular Breeding*, 37, 152.
41. White, T.L., Adams, W.T., and Neal, D.B., 2007. *Forest Genetics*. Cabi.
42. Wijerathna-Yapa, A., Bishnoi, R., Ranawaka, B., Maya Magar, M., Ur Rehman, H., Bharad, S.G., Lorenc, M.T., Ramtekey, V., Gohar, S., Lata, C., Harun-Or-Rashid, M.D., Razzaq, M., Sajjad, M., and Basnet, B.R., 2023. Rice-wheat comparative genomics: Gains and gaps. *The Crop Journal*, In Press: 1-14.
43. Xiao-Ting, W., Yu-Juan, Z., Liang, Q., and Bin, C., 2019. Comparative analyses of simple sequence repeats (SSRs) in 23 mosquito species genomes: Identification, characterization and distribution (Diptera: Culicidae). *Insect Science*, 26(4): 607-619.
44. Xiong, Q., and Zhang, Y., 2023. Small RNA modifications: regulatory molecules and potential applications. *Journal of Hematology and Oncology*, 16, 64.
45. Xu, Y., Hu, Z., Wang, C., Zhang, X., Li, J., and Yue, B., 2016. Characterization of perfect microsatellite based on genome-wide and chromosome level in Rhesus monkey (*Macaca mulatta*). *Gene*, 592: 269-275.
46. Zane, L., and Bargelloni, L., 2002. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology*, 11: 1-16.
47. Zenil-Ferguson, R., Ponciano, J.M., and Burleigh, J.G., 2016. Evaluating the role of genome downsizing and size thresholds from genome size distributions in angiosperms. *American Journal of Botany*, 103: 1175-1186.
48. Zhao, Y., Li, X., Xie, J., Xu, W., Chen, S., Zhang, X., Liu, S., Wu, J., El-Kassaby, Y.A., and Zhang, D., 2022. Transposable elements: Distribution, polymorphism, and climate adaptation in *Populus*. *Front Plant Science*, 13: 814718.
49. Zhu, L., Wu, H., Li, H., Tang, H., Zhang, L., Xu, H., Jiao, F., Wang, N., and Yang, L., 2021. Short

Tandem Repeats in plants: Genomic distribution and function prediction. *Electronic Journal of Biotechnology*, 50: 37-44.

Comparative analysis of genome characteristics of lower and higher plants

Mohammad Esmailpour

Dept. of Forestry, Ahar Faculty of Agriculture and Natural Resources, Tabriz,
University of Tabriz, I.R. of Iran

Abstract

Review of resources shows that no comprehensive studies have been done to compare genomes between lower and higher plants, especially considering that their genomic information is being updated. Therefore, the genome of moss (*Physcomitrium patens*) as a lower plant has been compared with poplar (*Populus trichocarpa*) as a higher plant. Genome size, chromosome number, GC, total number of genes, protein coding genes, small RNAs, pseudogenes, transposable elements and microsatellites of the genomes were extracted. The results showed genome size of moss is larger and has 23747 genes, among which there were 20454 protein encoding genes. The genome size of the poplar is smaller and has 34621 genes, among which there were 29617 protein coding genes. The number of small RNAs for moss and poplar genomes was 863 and 1347, respectively. The number of pseudogene genes in the poplar genome was 2.9 times that of the moss. Some genes were found only in mosses. Gypsy in moss and poplar occupy 47.9% and 14.93% of the whole genome, respectively. In total, the transposable in the moss genome were 1.6 times that of the poplar genome. The number and abundance of microsatellites detected in the genome of moss was 1.6 and 1.5 times that of the higher poplar plant, respectively. The process of evolution in plants has probably reduced the number and density of non-functional genes (Transposable and microsatellites) and increased the number of functional genes. Useful information obtained from comparative genomics studies can pave the way for the implementation of practical plans.

Key words: Evolution, Genome, Microsatellites