



## مقدمه

میکروRNAها گروهی از مولکولهای RNA غیرکدکننده کوچک هستند که 19 تا 23 نوکلئوتید طول دارند و بیان ژن در یوکاریوتها را از طریق تخریب mRNA یا مهار ترجمه تنظیم می‌کنند. اتصال میکروRNA به mRNA هدف، از طریق چندین مکانیسم موجب می‌شود سطح mRNA هدف کاهش یابد. از جمله این مکانیسم‌ها القای د-آدنیل‌شدن در mRNA که سبب می‌شود پایداری mRNA کاهش و میزان تجزیه آن افزایش یابد، مهار مرحله آغاز ترجمه و مهار مرحله طویل‌سازی در ترجمه است که در همه این موارد از ساخته‌شدن پروتئین جلوگیری می‌شود [1,2]. به دلیل پتانسیل هر میکروRNA در هدف قراردادن تعداد زیادی از mRNAها، این دسته از اولیگونوکلئوتیدها به‌عنوان تنظیم‌کننده‌های اصلی فرایندهای زیستی زیادی که عبارت‌اند از تکوین جنینی، تمایز سلولی، تکثیر و آپوپتوز عمل می‌کنند [3,4]. برهم‌خوردن تنظیم بیان میکروRNAها در ایجاد بیماری‌های مختلفی مانند انواع سرطان‌ها نقش دارد [5]. میکروRNAها به میزان زیادی در دستگاه عصبی مرکزی بیان می‌شوند و در تکوین دستگاه عصبی در دوران جنینی و رشد مغز بعد از تولد و نیز در عملکردهای فیزیولوژیک دستگاه عصبی نقش مهمی دارند [6]. امروزه مشخص شده است که تغییر در بیان میکروRNAها در مغز موجب القای بیماری‌های مختلفی مانند بیماری‌های تحلیل‌برنده دستگاه عصبی و اختلالات روانی مرتبط با دستگاه عصبی مرکزی می‌شود [7,8]. نقش مهم این دسته از RNAهای غیرکدکننده در فرایند پیری و بیماری‌های مرتبط با آن مانند بیماری آلزایمر به‌خوبی معرفی شده است [9,10]. در مطالعات جدیدی نیز قابلیت اتصال میکروRNAها به RNAهای غیرکدکننده دیگر مانند RNAهای غیرکدکننده طویل و نقش آنها در مکانیسم‌های مولکولی القای بیماری‌های تحلیل‌برنده عصبی مانند بیماری آلزایمر

گزارش شده است [11]. همچنین، مطالعاتی در سال‌های اخیر میکروRNAها را به‌عنوان شناساگرهای زیستی در تشخیص زودهنگام بسیاری از بیماری‌ها از جمله سرطان و بیماری‌های دستگاه عصبی مانند اختلالات روانی و بیماری‌های تحلیل‌برنده عصبی معرفی کرده‌اند [12-14]. بنابراین، این امید وجود دارد که با افزایش اطلاعات در زمینه میکروRNAها، یک روش مولکولی مطمئن برای تشخیص زودهنگام بیماری‌های مختلف مانند سرطان و بیماری‌های مختلف دستگاه عصبی در دسترس جامعه پزشکی قرار گیرد.

خانواده ژنی میکروRNAها یکی از خانواده‌های بزرگ ژنی در یوکاریوت‌ها هستند. با توجه به دانش روبه‌رشد درباره میکروRNAها و معرفی توالی‌های آنها، پایگاه داده‌های مختلفی برای ارائه توالی‌های میکروRNAهای شناسایی‌شده، راه‌اندازی شده است که از مهم‌ترین آنها پایگاه داده miRBase است [15]. هم‌زمان با شناسایی و کشف میکروRNAها، روش‌های محاسباتی نیز توسعه یافتند و ابزارهایی برای فهم عملکرد میکروRNAها معرفی شدند [16]. با توجه به اینکه تغییرات بیان میکروRNAها و عملکرد آنها با ایجاد و نیز پیشرفت بسیاری از بیماری‌ها ارتباط دارد، در سال‌های اخیر محققان به روش‌هایی روی آورده‌اند که ژن‌های هدف میکروRNAها را پیش از انجام آزمایش‌های تجربی و صرف زمان و هزینه زیاد به دقت تعیین کنند. استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی علاوه بر صرفه‌جویی در وقت و هزینه می‌تواند موجب درک هرچه بهتر عملکرد میکروRNAها در روندهای زیستی و در نتیجه پیش‌بینی اثرات احتمالی آنها شود. بر همین اساس ابزارهای متعددی برای پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNAها ایجاد شده است تا محقق در ابتدا برهم‌کنش احتمالی ژن‌ها و میکروRNA را پیش‌بینی کند و سپس به کمک روش‌های تجربی و آزمایشگاهی، در جستجوی صحت این

رشته میکروRNA روی پروتئینی به نام آرگونات<sup>5</sup> سوار می‌شود و مجموعه‌ای به نام کمپلکس خاموش‌کننده RNA یا RISC<sup>6</sup> را به وجود می‌آورند. این مجموعه به قسمت 3'UTR در mRNA هدف متصل می‌شود و در تنظیم بیان ژن در سطح پس از رونویسی نقش دارد. اگر مکمل‌سازی به‌خوبی انجام شود، کمپلکس RISC، mRNA هدف را برش می‌دهد؛ اگر جفت‌شدن کامل نباشد کمپلکس RISC با هدف قراردادن 3'UTR در ژن هدف باعث خاموش کردن ترجمه می‌شود<sup>[19,20]</sup>. مراحل ساخت و سنتز میکروRNA در شکل 1 نشان داده شده است.

انتهای 5' در میکروRNAهای بالغ می‌تواند در خاموش کردن ژن هدف نقش داشته باشد. همچنین، عامل تعیین‌کننده در سرکوب ژن هدف است<sup>[21]</sup>. این ناحیه که Seed نامیده شده است، شش تا هشت نوکلئوتید را در انتهای 5' به سمت 3' در میکروRNA شامل می‌شود که رابطه مکملی واتسون - کریک با ناحیه 3'UTR در mRNA دارد. در مطالعات مختلفی نشان داده شده است، ناحیه Seed محدوده‌ای به شدت حفاظت شده است و براساس توالی این ناحیه میکروRNAها را به خانواده‌های مختلفی طبقه‌بندی می‌کنند<sup>[22]</sup>. جهش در توالی seed در میکروRNA به ازدست‌رفتن توالی برهم‌کنش میکروRNA با mRNA هدف منجر می‌شود و در نتیجه کارایی عملکردی میکروRNA برای کنترل بیان ژن از بین می‌رود<sup>[23]</sup>.

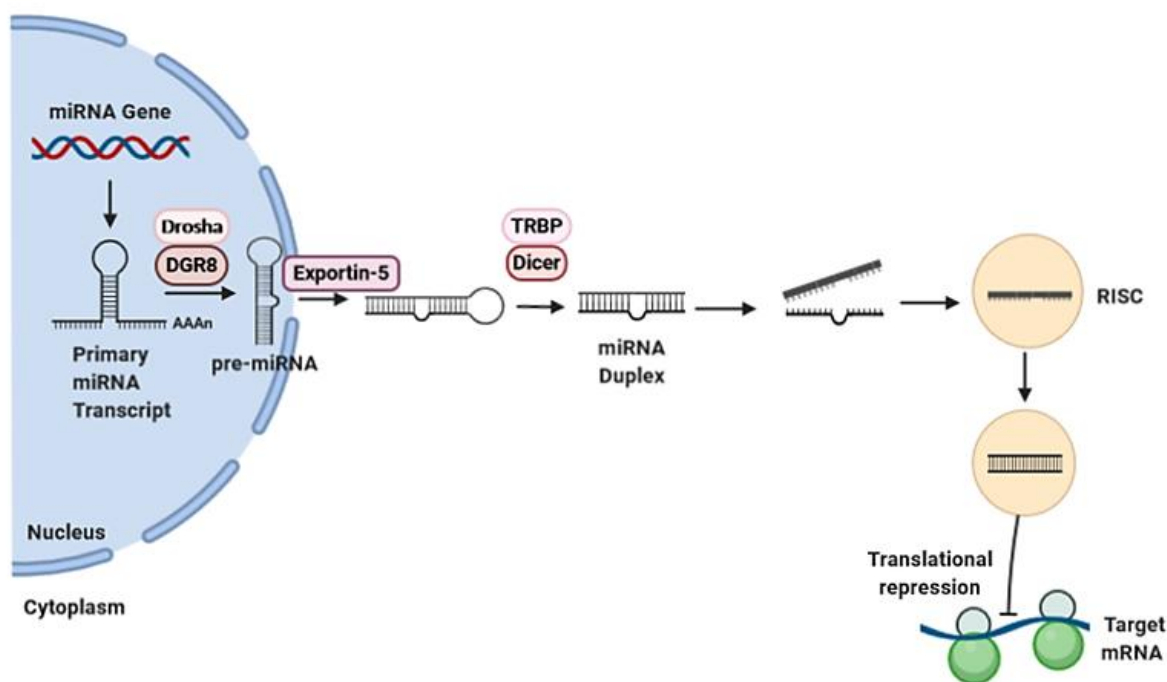
برهم‌کنش‌ها و مؤثر بودن آنها در تنظیم بیان ژن مورد نظر باشد<sup>[17]</sup>. در این مطالعه، ویژگی‌های مشترک و اختصاصی استفاده‌شده در توسعه هر یک از ابزارهای پیش‌بینی هدف میکروRNAها را بررسی می‌کنیم و چگونگی ترکیب آنها را با ابزارهای موجود برای پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNAها مرور خواهیم کرد. سپس، نحوه عملکرد ابزارهای RNAhybrid, TargetScan, miRWalk, Diana-microT, miRanda و MirTarget در پیش‌بینی اهداف میکروRNAها مختصر توضیح داده خواهند شد. هدف ما ارائه اطلاعاتی به محققان برای تصمیم‌گیری آگاهانه مبنی بر استفاده از ابزارهای موجود براساس نیازهای یک پروژه خاص در زمینه تحقیقات زیست‌پزشکی است.

#### بیوسنتز میکروRNAها

تولید میکروRNAها فرایندی چندمرحله‌ای است. ژن کدکننده میکروRNAها ابتدا توسط RNA پلیمراز II رونویسی می‌شود و رونوشت میکروRNA اولیه<sup>1</sup> (Pri-miRNA) را ایجاد می‌کند. سپس پردازش و بلوغ آنها توسط دو آنزیم اندونوکلاز و ریبونوکلاز نوع III (RNase III<sup>2</sup>) که Dicer و Drosha نام دارند، انجام می‌شود. ابتدا Drosha که یک ریبونوکلاز هسته‌ای است و پروتئین همراه آن به نام DGCR8<sup>3</sup> مجموعه‌ای به نام Drosha/DGCR8 را تشکیل می‌دهند که در هسته سلول، Pri-miRNA را به پیش‌ساز ساقه-حلقه به نام Pre-miRNA پردازش می‌کنند. در مرحله بعدی این ساختار ساقه-حلقه که حدود 70 نوکلئوتید طول دارد، توسط Exportin-5 به سیتوپلاسم منتقل و در آنجا توسط آنزیم RNase III سیتوپلاسمی به نام Dicer و پروتئین همراه آن به نام TRBP<sup>4</sup>، به میکروRNA دورشته‌ای با تعداد تقریبی 21 نوکلئوتید برش داده می‌شود<sup>[18,19]</sup>. سپس یکی از دو

1. Primary microRNA (Pri-miRNA)
2. Ribonuclease III (RNase III)
3. DiGeorge syndrome critical region 8 protein (DGCR8)
4. Trans activator RNA binding protein (TRBP)

5. Argonaute  
6. RNA-induced silencing complex (RISC)



ش

#### کل 1. مراحل سنتز میکرو RNAها

مخفف Homo sapiens است). بخش دوم نام میکرو RNA (یعنی miR) مخفف miRNA و بخش آخر، شماره مربوط به ترتیب شناسایی و معرفی میکرو RNA را نشان می‌دهد. شایان ذکر است به میکرو RNAهای شناسایی شده در جایگاه‌های ژنی هومولوگ در موجودات مختلف شماره مشابهی تعلق می‌گیرد [15].

امروزه در مطالعات زیادی بیان می‌شود که هریک از دو رشته مربوط به فرم ساقه-حلقه در رونوشت اولیه میکرو RNA می‌توانند به میکرو RNA بالغ و نهایی تبدیل شوند. بنابراین، از پسوند های 3p و 5p بعد از شماره میکرو RNA (برای مثال dme-miR-100-5p و dme-miR-100-3p) برای مشخص کردن منشاء گرفتن میکرو RNA از بخش 5' یا 3' رونوشت اولیه میکرو RNA استفاده می‌شود [15]. همچنین، اگر توالی میکرو RNA جدید در یک یا دو نوکلئوتید با یک میکرو RNA از قبل نام گذاری شده متفاوت باشد، برای نام گذاری آنها از حروف a و b پس از شماره میکرو RNA (مانند miR-181a و miR-181b) استفاده می‌-

پس از رونویسی از ژن میکرو RNA، رونوشت اولیه‌ای به نام (Pri-miRNA) در هسته تولید می‌شود و با اثر یک آنزیم ریبونوکلئاز هسته‌ای به نام Drosha به Pre-miRNA پردازش می‌شود که توسط Exportin-5 به سیتوپلاسم منتقل می‌شود. آنزیم Dicer یک ریبونوکلئاز سیتوپلاسمی است که Pre-miRNA را به میکرو RNA دو رشته‌ای برش می‌دهد و سپس یک رشته از آن برای بارگذاری روی کمپلکس خاموش کننده القا شده توسط RNA (RISC) انتخاب می‌شود. این کمپلکس میکرو RNA را به ناحیه 3'UTR در mRNA هدف هدایت می‌کند و سبب تجزیه mRNA هدف یا مهار ترجمه آن می‌شود.

#### نحوه نام گذاری میکرو RNAها

در پایگاه داده miRBase برای نام گذاری میکرو RNAها از یک روش سه قسمتی مانند dme-miR-100 استفاده می‌شود. پیشوند سه حرفی اول مربوط به اسم اختصاری گونه‌ای است که میکرو RNA در آن شناسایی شده است (برای مثال dme مخفف Drosophila melanogaster و

کامپیوتری را شامل می‌شود، اما چون جفت‌شدگی با توالی رونوشت ژن هدف ناقص و محدود است، پیش‌بینی دقیق هنوز دشوار است. ابزارهای موجود برای پیش‌بینی ژن‌های هدف میکرو RNA معیارهای محاسباتی مختلفی را شامل می‌شوند؛ از مدل‌های برهم‌کنش‌های فیزیکی تا استفاده از یک ماشین یادگیری.<sup>7</sup> در ادامه به ویژگی‌های رایج و کمتر رایج که در این الگوریتم‌ها استفاده می‌شوند، اشاره می‌شود.<sup>[25]</sup>

### ویژگی‌های رایج استفاده‌شده در الگوریتم‌های پیش‌بینی

#### ژن‌های هدف میکرو RNA

چهار ویژگی معمول که در ابزارهای پیش‌بینی ژن‌های هدف میکرو RNA استفاده می‌شود، مطابقت در ناحیه Seed، حفاظت‌شدگی، محاسبه انرژی آزاد و دسترسی به مکان اتصال هستند.<sup>[26]</sup> هر کدام از این ویژگی‌ها در بخش‌های بعدی جداگانه توضیح داده می‌شود.

#### جفت‌شدگی در ناحیه Seed

ناحیه seed به توالی شش تا هشت نوکلئوتیدی آغازی میکرو RNA گفته می‌شود که از یکی از دو نوکلئوتید شماره یک یا دو از سر 5' در میکرو RNA آغاز می‌شود. در اکثر ابزارهای بیوانفورماتیکی، جفت‌شدن بازها در ناحیه Seed از نوع واتسون و کریک<sup>8</sup> بین یک میکرو RNA و mRNA هدف آن صورت می‌گیرد. جفت‌شدگی واتسون-کریک بین نوکلئوتیدهای میکرو RNA و mRNA هنگامی اتفاق می‌افتد که آدنوزین (A) با اوراسیل (U) و گوانین (G) با سیتوزین (C) جفت می‌شوند. انواع مختلفی از جفت‌شدگی‌ها در ناحیه Seed وجود دارد که باتوجه به الگوریتم بررسی می‌شوند.<sup>[22]</sup>

ابزارهای پیش‌بینی‌کننده ژن‌های هدف میکرو RNA، مکان‌های اتصال بالقوه میکرو RNA‌ها به توالی 3' UTR از mRNA را با توجه به الگوهای جفت‌شدگی اختصاصی

شود. اگر تفاوت توالی با یک میکرو RNA از قبل نام‌گذاری‌شده بیشتر باشد، نام‌گذاری به‌صورت توافقی توسط پایگاه داده و شخص معرفی‌کننده میکرو RNA جدید انجام می‌شود.<sup>[24]</sup> ثبت میکرو RNA با شماره جدید در پایگاه داده miRBase به تفاوت توالی آن با موارد شناخته‌شده قبلی منوط است. همچنین، شخص مؤلف باید مقاله‌ای معتبر درباره توالی میکرو RNA جدید منتشر کرده باشد.<sup>[15]</sup>

### پایگاه داده miRBase

پایگاه داده miRbase به آدرس [www.miRBase.org](http://www.miRBase.org) از جامع‌ترین پایگاه‌هایی است که اطلاعات مربوط به توالی میکرو RNA را از گونه‌های مختلف در خود جای داده است. براساس گزارش اکتبر 2018 تعداد 38589 میکرو RNA در این پایگاه داده شناسایی شده‌اند که هر کدام از آنها پتانسیل اتصال به رونوشت صدها ژن هدف را دارند. در قسمت جستجوی این پایگاه می‌توان به دو صورت میکرو RNA‌ها را جستجو کرد. شیوه اول جستجو براساس اسم میکرو RNA‌ها و نوع دوم جستجو براساس توالی میکرو RNA‌ها است.<sup>[15]</sup>

### مبانی شناسایی ژن‌های هدف میکرو RNA

پیش‌بینی درست ژن‌های هدف و اعتبار زیستی آنها یکی از مشکلات عمده محققان در مطالعات مرتبط با میکرو RNA‌ها است، زیرا میکرو RNA‌ها طول کمی دارند، به‌ویژه میکرو RNA‌های جانوران برای اتصال به ژن‌های هدف‌شان توالی مکملی محدودی دارند و این موضوع، پیش‌بینی ژن‌های هدف میکرو RNA‌ها را در جانوران بسیار چالش‌برانگیز می‌کند. درحالی‌که پیش‌بینی ژن‌های هدف در گیاهان آسان‌تر است، زیرا میکرو RNA‌های گیاهی کامل به mRNA هدف خود متصل می‌شوند. امروزه، از روش‌های محاسباتی متفاوتی برای پیش‌بینی جایگاه‌های هدف و احتمال اتصال میکرو RNA به رونوشت‌های هدف استفاده می‌شود که الگوریتم‌های

7. Machine-learning

8. Watson-Crick

شناسایی می کنند. این مکان‌ها می توانند در سه دسته طبقه‌بندی شوند [25, 27, 28].

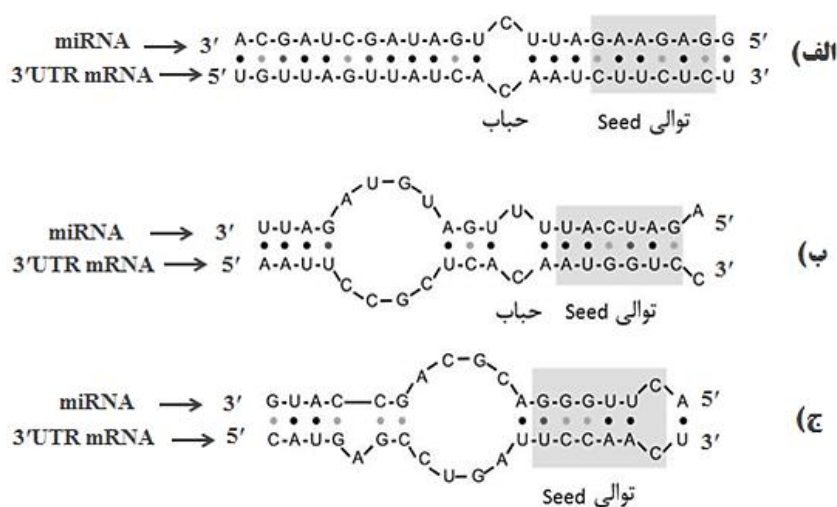
الف- ناحیه مرکزی غالب  $5'$  که جفت‌شوندگی کاملی بین انتهای توالی  $5'$  و به صورت ادامه‌دار تا انتهای  $3'$  میکرو RNA با mRNA هدف برقرار می کند، اما یک نوکلئوتید در وسط این محدوده جفت نمی شود و یک حباب را در وسط دو رشته ایجاد می کند (شکل 2-الف) [25].

ب- ناحیه seed غالب  $5'$   $10$ ، انتهای توالی seed با mRNA اتصال محکم و تقریباً کاملی برقرار می کند، اما انتهای  $3'$  از میکرو RNA به صورت ناقص به mRNA متصل می شود. به طوری که سمت  $3'$  از میکرو RNA هنگام اتصال به mRNA یک حباب چند نوکلئوتیدی را تشکیل می دهد (شکل 2-ب) [25].

ج- ناحیه جبران‌کنندگی  $3'$   $11$  که یک عدم تطابق در قسمت توالی seed با mRNA هدف دارد، اما اتصال تا انتهای  $3'$  از میکرو RNA با mRNA برقرار می شود؛ اگر چه حباب بزرگی هم تشکیل می شود و در نهایت یک اتصال ضعیف بین میکرو RNA و mRNA ایجاد می شود (شکل 2-ج) [27].

---

9. 5'-dominant canonical site  
10. 5'-dominant seed only site  
11. 3'-compensatory site



شکل 2. سه نوع ساختار ثانویه تقریبی حاصل اتصال بین miRNA و mRNA هدف

منجر می‌شوند. این انرژی آزاد تقریبی و ساختار دوم هیبرید میکرو RNA-mRNA خود به وسیله برنامه‌های پیش‌بینی ساختار دوم RNA مانند Vienna package, RNAfold و Mfold محاسبه خواهند شد [29,30]. نکته‌ای که وجود دارد که این است که صرفاً یک انرژی آزاد پایین هیبریداسیون نمی‌تواند دقت پیش‌بینی ژن‌های هدف میکرو RNA را تضمین کند و همچنین، محاسبه آستانه‌های مناسب انرژی آزاد امری دشوار است [31]. بنابراین، در نظر گرفتن خصوصیات اضافی دیگری مانند تجزیه و تحلیل‌های حفاظت‌شدگی برای یک پیش‌بینی مطمئن از رونوشت‌های هدف بدیهی و اجتناب‌ناپذیر است [32].

### حفاظت‌شدگی جایگاه‌های هدف

حفاظت‌شدگی<sup>12</sup> به حفظ توالی در بین گونه‌ها اشاره می‌کند. تجزیه و تحلیل حفاظت‌شدگی ممکن است در مناطق 3'UTR و 5'UTR در mRNA، میکرو RNA یا هر ترکیبی از این سه مورد متمرکز شود. به‌طور کلی، در ناحیه Seed میکرو RNA نسبت به ناحیه غیر از Seed، حفاظت‌شدگی بالاتری وجود دارد. اغلب الگوریتم‌های پیش‌بینی‌کننده اهداف میکرو RNA به حفاظت‌شدگی

انواع جفت‌شدگی بین miRNA با قسمتی از mRNA در این شکل مشاهده می‌شود. الف - اتصال از نوع ناحیه مرکزی غالب 5' است که انطباق کامل در ناحیه Seed وجود دارد، اما یک حباب در وسط تشکیل می‌شود. ب - اتصال از نوع ناحیه Seed غالب 5' است. انطباق کامل در ناحیه Seed دارد، اما اتصال از سمت 3' میکرو RNA ناقص و یک حباب در آن قسمت تشکیل شده است. ج - ناحیه جبران‌کنندگی 3' که در جفت‌های لغزنده G:U در ناحیه Seed عدم تطابق دارند، اما جفت‌شدگی تا انتهای 3' میکرو RNA به صورت ضعیف ایجاد شده است.

### محاسبه انرژی آزاد

انرژی آزاد (یا انرژی آزاد گیبس) می‌تواند به‌عنوان معیار پایداری سیستم بیولوژیکی استفاده شود. اگر اتصال میکرو RNA به یک mRNA هدف، پایدار پیش‌بینی شود به احتمال زیاد به‌عنوان یک هدف واقعی برای میکرو RNA در نظر گرفته خواهد شد. با توجه به دشواری در اندازه‌گیری انرژی آزاد به‌طور مستقیم، معمولاً تغییر انرژی آزاد ( $\Delta G$ ) طی یک واکنش در نظر گرفته می‌شود. از آنجایی که واکنش‌های دارای  $\Delta G$  منفی انرژی کمتری برای فعال‌سازی مجدد دارند، به افزایش پایداری

12. Conservation

## ویژگی‌های کمتر رایج استفاده‌شده در الگوریتم‌های

### پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNA

با پیشرفت‌های جدید در توصیف برهم‌کنش میکروRNA-mRNA، ویژگی‌های اضافی دیگری نیز ثبت شده است. ممکن است این ویژگی‌ها نیز در الگوریتم‌های پیش‌بینی ژن هدف برای پیش‌بینی اثربخشی هدف یا مستقیماً در پیش‌بینی ژن هدف در نظر گرفته شوند که موارد ذکرشده در زیر شامل می‌شوند [26]:

فراوانی مکان‌های اتصال که اندازه‌گیری تعداد جایگاه‌های هدف در ناحیه 3'UTR مربوط به mRNA را شامل می‌شود [35].

محتوای AU مکانی که به تعداد نوکلئوتیدهای A و U موجود در ناحیه seed میکروRNA اشاره می‌کند [36, 37].

جفت‌های لغزنده G:U که در تطبیق با ناحیه Seed به میزان جفت شدن G با U به جای C اشاره می‌کند [23].

ثبات جفت‌شدگی در ناحیه Seed که محاسبه انرژی آزاد برهم‌کنش پیش‌بینی شده است [35].

آنالیز موقعیت که موقعیت جایگاه هدف را در mRNA تحلیل می‌کند [38].

رویکردهای یادگیری ماشین: این روش کامپیوتری از داده‌های آزمایش‌های تجربی استفاده می‌کند تا الگویی از اهداف میکروRNA تهیه شود و سپس از مدل به‌عنوان بخشی از فرایند پیش‌بینی میکروRNA استفاده می‌کند. تکنیک‌های یادگیری ماشین به احتمال زیاد از ویژگی‌های بیشتری در پیش‌بینی‌های خود استفاده می‌کنند، زیرا می‌توان آنها را آموزش داد تا قدرت پیش‌بینی‌کنندگی هر ویژگی را در مجموعه داده‌های مثبت و منفی تعیین کند. یک روش یادگیری ماشین که در آن از چندین ابزار بیوانفورماتیکی استفاده شده است، ماشین بردار پشتیبان<sup>14</sup> (SVM) نام دارد [26].

تکاملی توالی‌های میکروRNA بین گونه‌ها وابسته هستند. چنین الگوریتم‌هایی توالی‌هایی را به‌عنوان داده ورودی دریافت می‌کنند که بین دو گونه همولوگ هستند و روش‌های مختلفی را برای پیش‌بینی میکروRNA‌هایی که در این دو گونه حافظت شده‌اند، به کار می‌گیرند. این روش کمک می‌کند تا نتایج مثبت کاذب کاهش پیدا کند، اما در عین حال نتایج به شناسایی میکروRNA‌های حافظت‌شده محدود می‌شوند [25]. همچنین، در زمینه پیش‌بینی اهداف میکروRNA در ناحیه 3'UTR از تجزیه و تحلیل‌های توالی‌های حافظت‌شده شواهدی به دست می‌آید که ناحیه هدف پیش‌بینی‌شده ویژگی عملکردی در اتصال به میکروRNA دارد و به این دلیل انتخاب شده است. بنابراین، نقش حافظت‌شدگی در پیش‌بینی هدف میکروRNA گسترده است و تجزیه و تحلیل عناصر حافظت‌شده در پیش‌بینی هدف میکروRNA می‌تواند از راه‌های مختلفی انجام شود.

### دسترسی به مکان اتصال

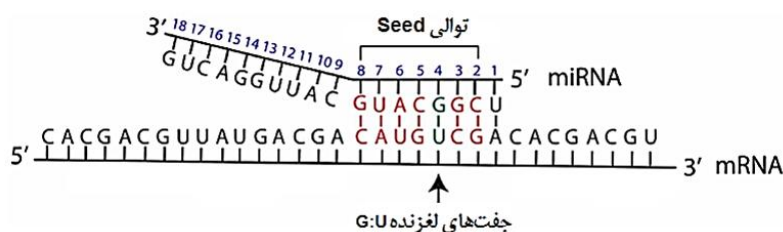
قابلیت دسترسی به مکان اتصال در واقع اندازه‌گیری میزان سهولت در اتصال و هیبرید شدن یک میکروRNA با یک mRNA هدف است. پس از رونویسی، mRNA ساختار ثانویه به خود می‌گیرد که این امر می‌تواند با توان اتصال میکروRNA با مکان هدف تداخل ایجاد کند [33].

هیبریداسیون میکروRNA-mRNA فرایندی دو مرحله‌ای است که در آن ابتدا میکروRNA باید به یک ناحیه کوتاه قابل دسترس پذیر از mRNA متصل شود و سپس ساختار ثانویه mRNA باز<sup>13</sup> می‌شود تا میکروRNA بتواند کامل به آن متصل شود. بنابراین، برای قوی‌تر شدن احتمال اینکه یک mRNA هدف یک میکروRNA قرار می‌گیرد، پیش‌بینی مقدار انرژی مورد نیاز برای ایجاد دسترسی به مکان اتصال می‌تواند ارزیابی شود [34].

14. Support Vector Machines

13. Unfold





شکل 3. جفت‌های لغزنده G:U در مطابقت با توالی Seed

mRNA ایجاد شده‌اند. این الگوریتم‌های پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNA غالباً براساس میزان مطابقت ناحیه Seed با توالی هدف، حفاظت‌شدگی جایگاه‌های هدف، محاسبه انرژی آزاد هیبریدهای میکروRNA-mRNA و میزان دسترسی به مکان اتصال در توالی هدف پایه‌گذاری شده‌اند که همه این موارد غالباً برای صحت بیشتر پیش‌بینی هدف با هم ترکیب می‌شوند و این امر را ممکن می‌کنند که ژن‌های هدف میکروRNA شناسایی و در مدل‌های زیستی تأیید شوند [35].

در مجموع، ابزارهای بیوانفورماتیک به سه دسته تقسیم می‌شوند: یک دسته از آنها خدمات را بر مبنای شبکه<sup>15</sup> ارائه می‌دهند، محیط کاربری آنها بیش از بقیه دوستانه و استفاده از آنها آسان‌تر است. دسته دوم نرم‌افزارهای دانلودشده<sup>16</sup> را شامل می‌شوند که از نظر سهولت محیط کاربری پس از دسته اول قرار می‌گیرند. دسته سوم از نوع پکیج<sup>17</sup> هستند که استفاده از آن برای کاربر آسان نیست و به اطلاعات بیوانفورماتیکی نیاز دارند [16]. در جدول-1 اسامی خلاصه این نرم‌افزارها و آدرس دسترسی به آنها آورده شده است.

نوکلئوتیدهای 2-8 ناحیه Seed را نشان می‌دهند که اتصالات از نوع واتسون-کریک به رنگ قرمز نشان داده شده است و یک مثال از جفت‌های لغزنده G:U با رنگ سبز در توالی Seed مشاهده می‌شود.

### نرم‌افزارهای پیش‌بینی اتصال میکروRNA به ژن هدف

در سال‌های اخیر روش‌های تشخیص و آنالیز میکروRNAها به سرعت توسعه یافته است. با این حال، آنالیز میکروRNAها با توجه به ویژگی‌های منحصر به فرد آنها مانند کوتاه بودن توالی، فراوانی کم و شباهت در توالی بین اعضای یک خانواده نیازمند شرایط ویژه‌ای است. اندازه کوچک میکروRNAها بسیاری از روش‌های سنجش آنها را که بر پایه PCR یا هیبریداسیون است، پیچیده کرده است، زیرا پرایمرهای استفاده شده در بسیاری از PCRهای معمولی از نظر طول به اندازه میکروRNAها هستند. در نتیجه، پرایمرهای بسیار کوتاه‌تری برای سنجش آنها نیاز هست که این عامل روی بازده PCR تأثیرگذار است. همچنین، در روش‌های تشخیصی بر پایه هیبریداسیون، نشان‌دار کردن پروب کوتاه برای شناسایی میکروRNA دشوار است. در ضمن دمای ذوب دورشته‌ای پروب و توالی هدف آن نیز پایین خواهد بود که به شدت باعث کاهش میزان هیبریداسیون و افزایش تلاقی هیبریداسیون می‌شود. بنابراین، افزایش راهکارهای جدید برای افزایش اختصاصی بودن اندازه‌گیری پروفایل میکروRNAها ضروری است [16]. در طول 15 سال اخیر، براساس معیارهای زیستی مشخصی، بسیاری از ابزارهای بیوانفورماتیک برای پیش‌بینی برهم‌کنش میکروRNA-

15. Web-based services  
16. Downloaded software  
17. Package

**جدول 1. انواع نرم افزارهای پیش بینی ژن های هدف میکرو RNA**

ردیف	نام نرم افزار یا پایگاه داده	آدرس سایت نرم افزار یا پایگاه داده
1	miRanda	http://www.microrna.org
2	TargetScan	http://www.targetscan.org
3	RNAhybrid	http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/rnahybrid
4	Diana-microT	http://diana.cslab.ece.ntua.gr/microT
5	miRWalk	http://mirwalk.uni-hd.de
6	RNA22	http://cbcsrv.watson.ibm.com/rna22.html
7	PITA	http://genie.weizmann.ac.il/pubs/mir07
8	picTar	http://pictar.mdc-berlin.de
9	MirTarget	http://mirdb.org

**نرم افزار برخط و پایگاه داده miRanda**

پایگاه داده miRanda از اولین برنامه های پیش بینی کننده ژن های هدف میکرو RNA است که Enright و همکاران در سال 2003 آن را طراحی کردند و با گذشت زمان به روز شده است. در ابتدا به منظور شناسایی ژن های هدف میکرو RNA در مگس سرکه<sup>18</sup> ابداع شد، اما پس از چندی این الگوریتم برای پیش بینی ژن های هدف در انسان نیز استفاده شد. این ابزار بیوانفورماتیکی هم به صورت آنلاین و هم دانلود شده در دسترس قرار دارد. الگوریتم miRanda از آنالیز سه مرحله ای استفاده می کند. سه قانون مکمل بودن توالی، انرژی آزاد هیبریدهای میکرو RNA-mRNA و حفاظت شدگی جایگاه های هدف در انتخاب ژن های هدف برای هر میکرو RNA در نظر گرفته می شود. ابتدا، توالی میکرو RNA ارائه شده به عنوان ورودی، از سمت 3'UTR برای بررسی جفت شدن بازها طبق اصول واتسون-کریک اسکن می شود. در مرحله بعد، انرژی آزاد هریک از هیبریدهای میکرو RNA-mRNA های جفت شده که از نمره تطبیق آستانه بالاتر باشد، محاسبه و هر هدفی که مقدار انرژی آزاد پیش بینی شده برای آن کمتر از حد آستانه باشد به مرحله بعد منتقل می شود.

سرانجام، از حفاظت شدگی جایگاه های هدف به عنوان فیلتر نهایی استفاده می شود. ژن های هدف کاندید شده بر اساس میزان مطابقتشان با توالی میکرو RNA امتیاز می گیرند. ژن های هدف پیش بینی شده می توانند با کسب نمره بالا یا با داشتن چندین جایگاه اتصال پیش بینی شده در اولویت قرار گیرند. میکرو RNA های با جایگاه اتصال چندگانه درون ناحیه 3'UTR ارجح تر هستند که هر بخش در افزایش ویژگی اختصاصی بودن اتصال میکرو RNA به ژن هدف نقش دارد.<sup>[32]</sup>

برخلاف بیشتر برنامه های پیش بینی کننده ژن های هدف میکرو RNA، miRanda تطابق در کل توالی میکرو RNA را در نظر می گیرد. این الگوریتم با اهمیت دادن ویژه به جفت شدگی در ناحیه Seed، جفت شدگی در منطقه Seed را مهم تر از ویژگی های دیگر در نظر می گیرد و حتی جفت شدگی در این ناحیه می تواند جفت های لغزنده G:U را نیز شامل شود؛ یعنی وجود یک حباب در توالی seed را مجاز در نظر می گیرد. همچنین، محاسبه انرژی آزاد هیبرید میکرو RNA-mRNA در این الگوریتم با استفاده از Vienna package انجام می شود.<sup>[30]</sup> miRanda می تواند از 10 هدف صحیح موجود برای هر میکرو RNA حدود 9 عدد را شناسایی کند و نسبت نتایج مثبت کاذب

18. *Drosophila melanogaster*

فقط جایگاه‌های اتصال میکروRNAهای شناخته‌شده را پیش‌بینی نمی‌کند، بلکه 451 جایگاه بالقوه جدید را نیز پیش‌بینی می‌کند. نسبت مثبت کاذب تخمین زده شده بین 22 تا 31% است [32]. نرم‌افزار برخط TargetScan به کاربر اجازه می‌دهد با نام میکروRNA، نام ژن یا خانواده‌های میکروRNA کاملاً محافظت‌شده یا نسبتاً محافظت‌شده را در میان توالی‌های چندین گونه جستجو کند. استفاده از نرم‌افزار برخط TargetScan آسان است و به تنظیم ورودی توالی یا تنظیمات پیشرفته نیاز ندارد که این امر می‌تواند برای کاربران تازه‌کار مزیت باشد [26].

#### نرم‌افزار برخط و پایگاه داده RNAhybrid

Rehmsmeier و همکاران در سال 2004، یک نرم‌افزار پیش‌بینی هدف میکروRNA مبتنی بر تجزیه و تحلیل ساختار ثانویه هیبرید میکروRNA-mRNA را توسعه دادند که RNAhybrid نام گرفت. درحقیقت، RNAhybrid الگوریتم پیش‌بینی ساختار ثانویه RNA کلاسیک است. این الگوریتم نسخه توسعه‌یافته برنامه‌های پیش‌بینی‌کننده ساختارهای ثانویه RNA کلاسیک مانند MFold و RNAFold است و نواقص نرم‌افزارهای MFold و RNAFold را برطرف کرده است. همچنین، می‌تواند انرژی آزاد جایگاه‌های اتصال را برای یک RNA کوچک درون توالی‌های هدف RNA بزرگ (درحالتی که RNA کوچک با RNA بزرگ مطابقت دارد) سریع و دقیق محاسبه کند. الگوریتم RNAhybrid جایگاه‌های اتصال با انرژی آزاد بسیار مطلوب را تخمین می‌زند، اما به تخمین انرژی آزاد جایگاه‌های اتصال درون مولکولی اجازه نمی‌دهد؛ یعنی انرژی آزاد جفت‌شدن در بین نوکلئوتیدهای mRNA یا بین نوکلئوتیدهای میکروRNA را در نظر نمی‌گیرد. RNAhybrid اهداف میکروRNA را به‌وسیله جفت‌شدن شش نوکلئوتید آغازی seed (از شماره دو تا شماره هفت) در انتهای 5' توالی میکروRNA بالغ شناسایی می‌کند [25].

در آن حدوداً 24% است. همچنین، برای بررسی دقیق‌تر و پیشرفته‌تر نیز می‌تواند تعدادی پارامتر را تنظیم ارائه دهد که ممکن است در بررسی اهداف میکروRNAهای خاصی مفید باشند [32].

#### نرم‌افزار برخط و پایگاه داده TargetScan

پایگاه داده TargetScan را Lewis و همکاران در سال 2003 توسعه دادند و اولین نرم‌افزاری بود که برای پیش‌بینی اهداف میکروRNAهای انسانی به کار برده شد [22]. این الگوریتم با ادغام خصوصیات ترمودینامیکی برهم‌کنش‌های میکروRNA-mRNA و آنالیزهای مقایسه‌ای توالی، ژن‌های هدف میکروRNAها را در موجودات مختلف (مانند انسان، موش، رت و ماهی) پیش‌بینی می‌کند. برخلاف روش‌های دیگر پیش‌بینی ژن‌های هدف که در آنها ابتدا جفت‌شدگی احتمالی تمام قسمت‌های میکروRNA بررسی و سپس با استفاده از معیاری‌های دیگر نتایج مثبت کاذب فیلتر می‌شوند، در روش TargetScan ابتدا جفت‌شدگی کامل برای ناحیه seed جستجو، سپس به نواحی اطراف گسترش داده و با رسیدن به ناحیه عدم تطابق<sup>19</sup> یا ناحیه جفت‌های لغزنده G:U متوقف می‌شود. به‌این ترتیب، بسیاری از نتایج مثبت کاذب از همان ابتدا فیلتر می‌شوند. این الگوریتم انرژی آزاد ترمودینامیکی اتصالات بین میکروRNA و رونوشت ژن‌های هدف بالقوه را نیز محاسبه و سپس با برنامه RNAfold Package توالی‌های seed را بررسی می‌کند و به هر ناحیه UTR نمره می‌دهد. سپس تکرارها به‌منظور دسته‌بندی UTRها از موجودات دیگر مانند موش و رت و ماهی برای آنالیزهای فیلوژنتیکی پردازش می‌شوند. چندین ویژگی دیگر نیز شامل ناحیه جبران‌کنندگی<sup>3'</sup>، محتوای AU موجود و موقعیت جایگاه اتصال در هنگام احتساب نمره پیش‌بینی اتصال میکروRNA به mRNA هدف در نظر گرفته می‌شوند. نتایج نشان داد این روش

19. Mismatch

تشخیصی<sup>20</sup> (MRE) استفاده کرد. این الگوریتم، ژن‌های هدف میکروRNAها را به‌طور کلی بر اساس دو اصل تعیین می‌کند: اول، از ترمودینامیک به‌عنوان شاخص اولیه پیش‌بینی جایگاه‌های اتصال استفاده می‌کند و انرژی آزاد جفت‌شدن بازهای مکمل واتسون-کریک و همچنین جفت‌های لغزنده G:U را محاسبه می‌کند (برخلاف روش TargetScan که به اتصالات ضعیف در توالی Seed که جفت‌های لغزنده G:U را شامل می‌شود نیز اجازه ورود به پیش‌بینی را می‌دهد) و سپس با مقایسه انرژی آزاد نواحی کاندیدای جفت‌شدگی، ژن‌های هدف احتمالی را پیش‌بینی می‌کند<sup>[39, 32]</sup>. دوم، پروتئین‌های مرتبط با میکروRNAها بر اندازه و موقعیت حباب مرکزی تأثیر می‌گذارند که به ایجاد اثراتی در اتصال میکروRNAها به ژن مورد نظر منجر می‌شوند. همچنین، برای جستجوی جایگاه‌های اتصال، این الگوریتم ناحیه Seed 5' انتهایی، حباب مرکزی و اتصال انتهایی 3' میکروRNAها را نیز در نظر می‌گیرد<sup>[26]</sup>.

این الگوریتم همه جایگاه‌های هدف میکروRNA در نماتود سی الگانس<sup>21</sup> را که به خوبی شناخته شده بودند، با موفقیت تشخیص داد و نیز هفت ژن هدف میکروRNAی پستانداران را که با روش‌های آزمایشگاهی پیش‌بینی شده بودند، تأیید کرد. علاوه‌براین، هنگامی که درستی این روش از طریق روش ریزآرایه<sup>22</sup> بررسی شد، سطح درستی یا صحت پیش‌بینی 66% را نشان داد که بالاتر از میانگین بسیاری از برنامه‌های پیش‌بینی‌کننده اهداف میکروRNA بود<sup>[32]</sup>.

#### نرم‌افزار برخط و پایگاه داده miRWalk

برای بیش از ده سال، تلاش‌ها برای مطالعه برهم‌کنش میکروRNAها و اهداف آنها روی 3'UTR در mRNA متمرکز شده بود، اما بعدها مطرح شد که میکروRNAها

در سال 2006، نرم‌افزار RNAhybrid توسط Kruger و Rehmsmeier به‌روز شد<sup>[29]</sup>. این برنامه می‌تواند به‌عنوان سرویس‌دهنده تحت وب استفاده شود که این امر به کاربر امکان می‌دهد پارامترهای الگوریتمی و ماهیت یک Seed را آزادانه انتخاب کند. اول، موقعیت و طول Seed را در نظر می‌گیرد. دوم، مجازبودن یا نبودن وجود جفت‌های لغزنده W:B و G:U درون Seed و به این طریق انرژی آزاد اتصال بین میکروRNA و mRNA با ناحیه Seed را که کاربر تعریف کرده است، برای پیش‌بینی هدف در نظر می‌گیرد. RNAhybrid همچنین می‌تواند مقداری p-value براساس تعداد جایگاه‌های اتصال در انتهای 3'UTR برای اتصال میکروRNA-RNA اختصاص دهد که فراوانی جایگاه‌های اتصال در محاسبه مقدار آن در نظر گرفته می‌شود<sup>[26]</sup>.

این ابزار بیوانفورماتیکی برای کاربران پیشرفته در نظر گرفته شده است و گزینه‌هایی برای دستکاری تنظیمات پیشرفته دارد که مخصوص این ابزار است. از تنظیماتی که کاربر می‌تواند انجام دهد، تعداد جایگاه‌های اتصال در هر ژن هدف، محدودیت‌های مارپیچ، حداکثر اندازه حلقه داخلی، حداکثر اندازه حلقه برآمدگی و حداکثر انرژی آزاد cutoff است که این موارد در بخش راهنمای موجود در وب‌سایت RNAhybrid مفصل توضیح داده شده است<sup>[26]</sup>.

#### نرم‌افزار برخط و پایگاه داده Diana-microT

الگوریتم Diana-microT در سال 2004 را Kiriakidou و همکاران با ترکیب کردن رویکردهای تجربی و بیوانفورماتیکی طراحی کردند<sup>[39]</sup>. الگوریتم Diana-microT برای شناسایی عناصر تشخیصی بالقوه میکروRNAها از یک محدوده 38 نوکلئوتیدی که در محدوده میانی 3'UTR رونوشت هدف بالقوه موجود است، استفاده می‌کند. Diana micro T را می‌توان برای پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNAهای حاوی عناصر

20. miRNA-recognition elements

21. *Caenorhabditis elegans* (*C. elegans*)

22. Microarray

## نرم‌افزار برخط و پایگاه داده miRDB با ابزار

### بیوانفورماتیکی MirTarget

نرم‌افزار برخط miRDB با ابزار بیوانفورماتیکی MirTarget پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNA را با استفاده از ماشین‌بردار پشتیبان یا SVM و ویژگی‌های استخراج‌شده از یک مجموعه داده بزرگ حاصل از روش ریزآرایه انجام می‌دهد. این رویکرد یادگیری ماشین، استفاده از چندین ویژگی رایج پیش‌بینی را تأیید کرد و ویژگی‌های جدیدی نشان داد که ارتباط مهمی با برهم‌کنش میکروRNA-RNA دارند. برخی ویژگی‌های مورد استفاده که عبارت‌اند از حفاظت‌شدگی ناحیه seed، مطابقت ناحیه seed به‌ویژه در موقعیت‌های 2 تا 8، جفت‌شدگی بازها در مناطق حاوی جایگاه‌های اتصال به ناحیه seed و محل قرارگیری جایگاه‌های اتصال، در قسمت 3'UTR قرار دارند. MirTarget در تعامل با miRDB ایجاد شده است و دسترسی به آن از طریق سایت miRDB امکان‌پذیر است. پایگاه داده miRDB یک پایگاه اطلاعاتی برخط برای پیش‌بینی اهداف و تفسیر عملکردی اتصال میکروRNAها به رونوشت ژن‌های هدف است. همه ژن‌های هدف میکروRNAها در miRDB با ابزار MirTarget و آنالیز هزاران برهم‌کنش میکروRNA با ژن‌های هدف پیش‌بینی می‌شوند که از آزمایش‌های توالی‌یابی توان بالا به دست آمده‌اند. به‌طورکلی، miRDB کاربرپسند است و پیش‌بینی برهم‌کنش میکروRNA-RNA را با واردکردن نام هر میکروRNA یا نام ژن هدف می‌توان جستجو کرد. داده‌پایگاه miRDB اهداف میکروRNAهای گزارش‌شده در پنج گونه انسان، موش، رت، سگ و مرغ را هدف‌یابی می‌کند. همچنین، کاربران می‌توانند توالی دلخواه خود را برای پیش‌بینی سفارشی با استفاده از الگوریتم به‌روزشده در سایت انجام دهند. همچنین با ترکیب آنالیزهای عملکردی و استخراج داده‌های مقالات، میکروRNAهای

ممکن است بیان ژن را با هدف قراردادن پروموتور، 5'UTR و همین‌طور ناحیه کدکننده ژن یا CDS نیز هدف قرار دهند. الگوریتم miRWalk در سال 2011 را Dweep و همکاران براساس روش‌های محاسباتی و بر پایه جفت‌شدن بازهای مکمل در قانون واتسون-کریک بین میکروRNA و توالی هدف طراحی و پایه‌گذاری کردند.<sup>[40]</sup> این الگوریتم به دنبال seedهایی می‌گردد که طبق قانون مکمل بودن واتسون-کریک با توالی ژن هدف در هفت نوکلئوتید seed مربوط در انتهای 5' میکروRNA با mRNA هدف مکمل باشند. بنابراین، هیتامر seed و توالی مکمل هیتامر را شناسایی می‌کند و پیش‌می‌رود تا به اولین عدم تطابق می‌رسد. این کار را برای ژن‌های مختلف انجام می‌دهد. سپس، این جایگاه‌های اتصال براساس موقعیت قرارگیری‌شان که در موقعیت آغازی (Start)، موقعیت پایانی (N) یا بخشی از ژن باشند (Region) دسته‌بندی می‌شوند. درنهایت، نتایج پیش‌بینی‌شده در پنج گروه که عبارت‌اند از توالی پروموتور، 5'UTR، CDS، 3'UTR و ژن‌های میتوکندریایی دسته‌بندی خواهند شد.<sup>[41]</sup> الگوریتم miRWalk پیش‌بینی ژن‌های هدف را در انسان، موش و رت انجام می‌دهد. همچنین، این نرم‌افزار نتایج به‌دست‌آمده را با نرم‌افزارهای دیگر مانند Diana-microT، TargetScan، RNAhybrid، miRanda مقایسه می‌کند و نتایج به‌صورت جدول به نمایش گذاشته می‌شوند. این الگوریتم به کاربران اجازه می‌دهد کنترل بیشتری بر داده‌های پیش‌بینی داشته باشند و نوع ترکیب اطلاعاتی را که مایلند برای تحقیق‌شان در نظر بگیرند، انتخاب کنند. می‌توان گفت روش‌هایی که مبنای عمل آنها ترکیبی از الگوریتم‌های مختلف است، دید دقیق‌تری درباره احتمال هدف‌بودن ناحیه مورد مطالعه در اختیار محقق قرار می‌دهند.<sup>[26]</sup>

الگوریتم‌های دیگر محاسبه می‌کند. ابزار بیوانفورماتیکی Dianamicro-T به جفت‌های لغزنده G:U نیز امکان قرارگیری در ناحیه seed را می‌دهد و انرژی آزاد پیوندهای آنها را محاسبه می‌کند؛ درحالی‌که TargetScan فقط روی جفت‌شدگی‌های کامل درون توالی seed تمرکز دارد. الگوریتم miRwLak که امکان مقایسه نتایج چندین نرم‌افزار را با هم برای کاربران فراهم می‌کند نیز جفت‌شدگی کامل درون توالی seed را مد نظر قرار می‌دهد. با این حال، الگوریتم به‌روزشده MirTargetV4.0 که جدیدترین ابزار بیوانفورماتیکی ارائه‌شده تا به امروز به شمار می‌رود، به دلیل ادغام 96 ویژگی مختلف برای شناسایی ژن‌های هدف از الگوریتم‌های دیگر دقیق‌تر و پیشرفته‌تر و نتایج حاصل از آن در مطالعات مقایسه‌ای انجام‌شده از الگوریتم‌های دیگر به واقعیت نزدیک‌تر و مستندتر است. در یک مطالعه نظری، ما با مقایسه پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNAهای دخیل در بیماری آلزایمر نشان دادیم که قدرت پیش‌بینی ابزار MirTarget از صحت و کیفیت بیشتری برخوردار است [43]. بنابراین، می‌توان گفت این الگوریتم می‌تواند به‌عنوان جدیدترین و بهترین نرم‌افزار برخط برای پیش‌بینی عملکردی ژن‌های هدف میکروRNAها معرفی شود.

شایان ذکر است که با وجود پیشرفت‌های فراوان در زمینه برنامه‌های پیش‌بینی ژن‌های هدف میکروRNAها، الگوریتم‌ها و ابزارهای بیوانفورماتیکی در دسترس هنوز کارایی کاملی ندارند و در پیش‌بینی ژن‌های هدف اشتباهات مکرر دارند. این امر مشکلاتی را در انجام دادن کارهای آزمایشگاهی برای محققان به وجود می‌آورد که گاهی از نظر زمانی و اقتصادی بسیار هزینه‌بر است [3، 41]. اگرچه این الگوریتم‌ها هنوز ویژگی‌های حساسیت و اختصاصیت کاملی ندارند، اما می‌توانند به محققانی که اهداف جدید میکروRNAها را بررسی می‌کنند، کمک‌های ارزشمندی کنند [18]. با ادغام رویکردهای محاسباتی و

فعال و عملکردی در موش و انسان که موجب تغییراتی واقعی در بیان ژن با نتایجی عملکردی در سلول و تغییراتی در عملکرد فیزیولوژیک شده‌اند، در پایگاه داده miRDB شناسایی و معرفی شده‌اند [42].

در مطالعه‌ای که نتایج آن در سال 2019 منتشر شد، الگوریتم miRTarget به‌روز و 96 ویژگی مختلف برای ساخت مدل نهایی با هم ترکیب و مدل پیش‌بینی هدف نهایی آنها به نام MirTargetV4.0 معرفی شده است. نرم‌افزار برخط این الگوریتم امکانات رایجی دارد که برای هر دو ویژگی اتصال میکروRNA و تنظیم پایین‌دستی عملکردی ژن هدف مهم هستند. در آنالیزهای مقایسه‌ای نشان داده شده است که ابزار بیوانفورماتیکی MirTargetV4.0 از ابزارهای دیگری که برای پیش‌بینی ژن هدف میکروRNA استفاده می‌شوند کارایی بیشتری دارند [42].

### نتیجه‌گیری

از زمان کشف اولین میکروRNAها و ژن‌های هدف آنها در سال 1993، رشد چشمگیری در تعداد میکروRNAها و شناسایی اهداف معتبر یا فرضی آنها حاصل شده است که با تعدادی از الگوریتم‌های محاسباتی پشتیبانی می‌شوند. پیش‌بینی ژن هدف میکروRNA به‌عنوان روشی محاسباتی برای پیش‌بینی عملکرد میکروRNAها، احتمالاً مهم‌ترین بخش در مطالعه میکروRNA است. از سال 2002 همراه توسعه روش‌های آزمایشگاهی، ابزارهای بیوانفورماتیکی برای تحقیق درباره میکروRNAها گسترش یافته‌اند. هرکدام از این نرم‌افزارها روی چندین ویژگی و اصول شناسایی ژن‌های هدف تأکید بیشتری می‌کنند. برای مثال، الگوریتم miRanda بر ویژگی اتصال ناحیه Seed متمرکز شده است و جفت‌شدن در این ناحیه را مهم‌تر از ویژگی‌های دیگر می‌داند. الگوریتم RNAhybrid انرژی آزاد برهم‌کنش‌های میکروRNA با ژن هدف را دقیق‌تر از

### حمایت‌ها و منابع مالی

در تهیه این مقاله از منبع مالی خاصی استفاده نشده است.

### منابع

1. Bartel DP. *MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function*. Cell 2004; 116 (2): 281-297.
2. Li LC, Okino ST, Zhao H, et al. *Small dsRNAs induce transcriptional activation in human cells*. Proc Natl Acad Sci U S A 2006; 103 (46): 17337-17342.
3. Ambros V. *The functions of animal microRNAs*. Nature 2004; 431 (7006): 350-355.
4. Parvini N, Ahmadi S. *Role of MicroRNAs in Development of Immune Cells and Nervous System and their Relation to Multiple Sclerosis*. Shefaye Khatam 2015; 3 (1): 131-144.
5. Ali Syeda Z, Langden SSS, Munkhzul C, Lee M, Song SJ. *Regulatory Mechanism of MicroRNA Expression in Cancer*. Int J Mol Sci 2020; 21 (5).
6. Yapijakis C. *Regulatory Role of MicroRNAs in Brain Development and Function*. Adv Exp Med Biol 2020; 1195: 237-247.
7. Karthikeyan A, Patnala R, Jadhav SP, Eng-Ang L, Dheen ST. *MicroRNAs: Key Players in Microglia and Astrocyte Mediated Inflammation in CNS Pathologies*. Curr Med Chem 2016; 23 (30): 3528-3546.
8. Van den Berg MMJ, Krauskopf J, Ramaekers JG, Kleinjans JCS, Prickaerts J, Briedé JJ. *Circulating microRNAs as potential biomarkers for psychiatric and neurodegenerative disorders*. Prog Neurobiol 2020; 185: 101732.
9. Danka Mohammed CP, Park JS, Nam HG, Kim K. *MicroRNAs in brain aging*. Mech Ageing Dev 2017; 168: 3-9.
10. Putteeraj M, Fairuz YM, Teoh SL. *MicroRNA Dysregulation in Alzheimer's Disease*. CNS Neurol Disord Drug Targets 2017; 16 (9): 1000-1009.

آزمایشگاهی در کل ژنوم، تحقیقات درباره میکروRNAها از هر زمان دیگری موفق‌تر خواهد بود. از آنجایی که الگوریتم‌های موجود برای پیش‌بینی ژن هدف بر فرضیات مختلفی متکی هستند، به نظر می‌رسد ترکیب نتایج حاصل از ابزارهای مختلف یک رویه مناسب باشد و اغلب در کاهش نتایج مثبت کاذب یا منفی تا حد امکان استفاده شود. با بررسی توانایی ابزارهای بیوانفورماتیکی جدید می‌توان انتظار داشت که الگوریتم‌های موجود به تدریج دقیق‌تر شوند و با افزودن دانش جدید بهبود یابند [25, 44]. بنابراین، پیشرفت‌های بیشتر در پیش‌بینی محاسباتی ژن‌های هدف میکروRNAها به کمک ابزارهای بیوانفورماتیکی از موارد مهم تحقیقات حال و آینده خواهد بود [32, 44].

### تشکر و قدردانی

مؤلفان مقاله از معاونت پژوهش و فناوری دانشگاه کردستان برای فراهم کردن دسترسی به متن کامل مقالات خارجی تقدیر و تشکر می‌کنند.

### مجوزهای اخلاقی

مقاله از نوع مروری است و به اخذ مجوز اخلاقی نیازی نبوده است.

### تعارض منافع

درخصوص این مقاله تعارض منافی وجود ندارد.

### سهم نویسندگان

مریم کرائی در جستجوی مقالات، آماده کردن شکل‌ها و نوشتن مطالب اولیه برای مقاله و شمس‌الدین احمدی در نوشتن مقاله و اصلاحات نهایی در این مقاله مشارکت داشته‌اند.

22. Lewis BP, Shih IH, Jones-Rhoades MW, Bartel DP, Burge CB. *Prediction of mammalian microRNA targets*. Cell 2003; 115 (7): 787-798.
23. Doench JG, Sharp PA. *Specificity of microRNA target selection in translational repression*. Genes Dev 2004; 18 (5): 504-511.
24. Griffiths-Jones S. *The microRNA Registry*. Nucleic Acids Res 2004; 32 (Database issue): D109-111.
25. Dweep H, Sticht C, Gretz N. *In-Silico Algorithms for the Screening of Possible microRNA Binding Sites and Their Interactions*. Curr Genomics 2013; 14 (2): 127-136.
26. Peterson SM, Thompson JA, Ufkin ML, Sathyanarayana P, Liaw L, Congdon CB. *Common features of microRNA target prediction tools*. Front Genet 2014; 5: 23.
27. Brennecke J, Stark A, Russell RB, Cohen SM. *Principles of microRNA-target recognition*. PLoS Biol 2005; 3 (3): e85.
28. Mazière P, Enright AJ. *Prediction of microRNA targets*. Drug Discov Today 2007; 12 (11-12): 452-458.
29. Wuchty S, Fontana W, Hofacker IL, Schuster P. *Complete suboptimal folding of RNA and the stability of secondary structures*. Biopolymers 1999; 49 (2): 145-165.
30. Mathews DH, Sabina J, Zuker M, Turner DH. *Expanded sequence dependence of thermodynamic parameters improves prediction of RNA secondary structure*. J Mol Biol 1999; 288 (5): 911-940.
31. Watanabe Y, Tomita M, Kanai A. *Computational methods for microRNA target prediction*. Methods Enzymol 2007; 427: 65-86.
32. Min H, Yoon S. *Got target? Computational methods for microRNA target prediction and their extension*. Exp Mol Med 2010; 42 (4): 233-244.
33. Mahen EM, Watson PY, Cottrell JW, Fedor MJ. *mRNA secondary structures fold sequentially but exchange rapidly in vivo*. PLoS Biol 2010; 8 (2): e1000307.
11. Ahmadi S, Zobeiri M, Bradburn S. *Molecular mechanisms underlying actions of certain long noncoding RNAs in Alzheimer's disease*. Metab Brain Dis 2020; 35 (5): 681-693.
12. Backes C, Meese E, Keller A. *Specific miRNA Disease Biomarkers in Blood, Serum and Plasma: Challenges and Prospects*. Mol Diagn Ther 2016; 20 (6): 509-518.
13. Swarbrick S, Wragg N, Ghosh S, Stolzing A. *Systematic Review of miRNA as Biomarkers in Alzheimer's Disease*. Mol Neurobiol 2019; 56 (9): 6156-6167.
14. Mazumder S, Datta S, Ray JG, Chaudhuri K, Chatterjee R. *Liquid biopsy: miRNA as a potential biomarker in oral cancer*. Cancer Epidemiol 2019; 58: 137-145.
15. Kozomara A, Griffiths-Jones S. *miRBase: integrating microRNA annotation and deep-sequencing data*. Nucleic Acids Res 2011; 39 (Database issue): D152-157.
16. Riffo-Campos Á L, Riquelme I, Brebi-Mieville P. *Tools for Sequence-Based miRNA Target Prediction: What to Choose?* Int J Mol Sci 2016; 17 (12).
17. Juźwik CA, S SD, Zhang Y, et al. *microRNA dysregulation in neurodegenerative diseases: A systematic review*. Prog Neurobiol 2019; 182: 101664.
18. Cullen BR. *Transcription and processing of human microRNA precursors*. Mol Cell 2004; 16 (6): 861-865.
19. Filipowicz W, Bhattacharyya SN, Sonenberg N. *Mechanisms of post-transcriptional regulation by microRNAs: are the answers in sight?* Nat Rev Genet 2008; 9 (2): 102-114.
20. Zamore PD, Haley B. *Ribo-gnome: the big world of small RNAs*. Science 2005; 309 (5740): 1519-1524.
21. Lai EC. *Micro RNAs are complementary to 3' UTR sequence motifs that mediate negative post-transcriptional regulation*. Nat Genet 2002; 30 (4): 363-364.



40. Dweep H, Sticht C, Pandey P, Gretz N. *miRWalk--database: prediction of possible miRNA binding sites by "walking" the genes of three genomes*. J Biomed Inform 2011; 44 (5): 839-847.
41. Rehmsmeier M, Steffen P, Hochsmann M, Giegerich R. *Fast and effective prediction of microRNA/target duplexes*. Rna 2004; 10 (10): 1507-1517.
42. Liu W, Wang X. *Prediction of functional microRNA targets by integrative modeling of microRNA binding and target expression data*. Genome Biol 2019; 20 (1): 18.
43. Koraei M, Ahmadi S. *Comparing MicroRNA Target Gene Predictions Related to Alzheimer's Disease Using Online Bioinformatics Tools*. J Health Biomed Inform. 2021; 7 (4) :376-389 [In Persian].
44. Chen L, Heikkinen L, Wang C, Yang Y, Sun H, Wong G. *Trends in the development of miRNA bioinformatics tools*. Brief Bioinform 2019; 20 (5): 1836-1852.
34. Long D, Lee R, Williams P, Chan CY, Ambros V, Ding Y. *Potent effect of target structure on microRNA function*. Nat Struct Mol Biol 2007; 14 (4): 287-294.
35. Garcia DM, Baek D, Shin C, Bell GW, Grimson A, Bartel DP. *Weak seed-pairing stability and high target-site abundance decrease the proficiency of lsy-6 and other microRNAs*. Nat Struct Mol Biol 2011; 18 (10): 1139-1146.
36. Friedman RC, Farh KK, Burge CB, Bartel DP. *Most mammalian mRNAs are conserved targets of microRNAs*. Genome Res 2009; 19 (1): 92-105.
37. Betel D, Koppal A, Agius P, Sander C, Leslie C. *Comprehensive modeling of microRNA targets predicts functional non-conserved and non-canonical sites*. Genome Biol 2010; 11 (8): R90.
38. Grimson A, Farh KK, Johnston WK, Garrett-Engele P, Lim LP, Bartel DP. *MicroRNA targeting specificity in mammals: determinants beyond seed pairing*. Mol Cell 2007; 27 (1): 91-105.
39. Kiriakidou M, Nelson PT, Kouranov A, et al. *A combined computational-experimental approach predicts human microRNA targets*. Genes Dev 2004; 18 (10): 1165-1178.

# A review on microRNAs target prediction with bioinformatics tools in biomedical research

Maryam Koraei<sup>1</sup>, Shamseddin Ahmadi<sup>2\*</sup>

1. M.Sc. Department of Biological Science, Faculty of Science, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

2. Ph.D. Department of Biological Science, Faculty of Science, University of Kurdistan, Sanandaj, Iran

\*Corresponding Author: sh.ahmadi@uok.ac.ir

## Abstract

MicroRNAs are a group of small non-coding RNAs that regulate gene expression in eukaryotes at the post-transcriptional level. Regulating the expression of large numbers of mRNAs, MicroRNAs act as major regulators of various biological processes such as embryonic development, cell proliferation, differentiation, and apoptosis. Therefore, the identification of microRNAs and their target genes is very effective in finding the mechanisms of embryonic development, growth, and also the processes underlying the induction and progression of various diseases. Because of the high costs of molecular experiments, the identification of effective microRNAs through bioinformatics tools and computational biology is faster and cheaper than the experimental methods. Several online bioinformatics tools and databases have been developed and are freely available for predicting microRNAs target genes. The available online tools use a broad range of information, including sequencing data, gene expression data, and computational algorithms for predicting microRNAs target genes. Some of the most important of these online tools are miRWalk, TargetScan, RNAhybrid, Diana-microT, miRanda, and MirTarget. The four main features of the interaction between a microRNA and an mRNA, including seed pairing, sequence conservation, free energy, and access to the binding site in a target are used in the algorithm of all of these prediction tools. This study aimed to review the latest findings on the characteristics and capabilities of microRNA target prediction tools, comparing the performance of these tools, and finally introducing the most efficient tool in the field of target gene prediction for bioinformatics, biomedicine, and molecular medicine studies.

**Keywords:** microRNAs, Bioinformatics, RNA databases, Target gene, Posttranscriptional RNA Processing