بررسی پروموتر ژنی پروتئین های برهمنکشی در مسیر گلدهی و مقایسه پروموتر آنها با ژن FT

ملیحه عرفانی[1*]، مهدی محب الدینی[1]، حمیده فاطمی[1]

۱-گروه علوم باغبانی-دانشگاه محقق اردبیلی.

*نویسنده مسئول: Erfani.malihe@gmail.com

چکیده

ژن FT، ژن اصلی در مسیر گلدهی در گیاهان روز بلند است، آنالیز پروموتر این ژن و پروموتر ژن هایی که با پروتئین این ژن برهمکنش دارند، به ما در شناخت نوع و عملکرد عوامل رونویسی موثر بر بیان این ژن کمک می‌کند. القای این ژن سبب شروع گلدهی در گیاهان روز بلند است. از این رو توالی CDS و ۱۵۰۰ جفت باز بالادست این ژن از بانک‌های اطلاعاتی استخراج و با نرم افزار PlantCARE مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. با رسم شبکه ژنی پروتئین های برهمکنش دهنده با این ژن شناسایی و پروموتر آنها نیز بررسی گردید. نتایج آنالیز پروموتر نشان داد که این ژن‌ها موتیف های زیادی در پاسخ به نور و تنش‌های زیستی دارند، به نظر می‌رسد با مطالعه و مقایسه پروموتر این ژن ها بتوان احتمالا عناصری ویژه در پروموتر ژن FT یافت.

کلمات کلیدی: گیاهان روز بلند، آنالیز پروموتر، شبکه ژنی، بالادست

مقدمه

ژن FLOWERING LOCUS T یکی از ژن های خانواده پروتئین های باند شونده فسفاتیدیل اتانول آمین (PEBPs) است که اولین بار در پستانداران کشف شد اما بعد مشخص گردید که در همه موجودات وجود دارد (Granovsky and Rosner, 2008). در گیاهان ژن های PEBP نقش مهمی در شروع گلدهی و تولید گل آذین دارد (Evangeline et al., 2011)، ولی هنوز به درستی مکانیزم فعال شدن و نقش این ژن در گیاهان مشخص نشده است. ژن FT در گیاهان روز بلند تولید شده و همان طور که گفته شد در شروع گلدهی در این گیاهان نقش دارد. FT که یک سیگنال متحرک است در برگ ساخته می‌شود و به طرف مریستم انتهایی حرکت می‌کند و در مریستم انتهایی بیان ژن‌های SOC1(SUPPRESSOR OF OVEREXPRESSION OF CONSTANS 1) و AGL24(AGAMOUSLIKE24) را القا می کند تا مریستم گل آذین در انتهای شاخه ایجاد گردد (Ballerini and Kramer, 2011).

مطالعات زیادی بر روی این ژن و ژن های همراه با آن انجام گرفته است (خوشحال سرمست و همکاران، ۱۳۹۰). از جمله آن مطالعه‌ایی است که با بیان موقت در سلول های آلئورون، وجود عناصر cis-Acting Elements در ژن های هیدرولاز (Hydrolase Genes) در مسیر سیگنالینگ اسیدجیبرلیک مشخص گردید. مسیر جیبرلین یکی از مسیرهای مهم در القای گلدهی است (Sun and Gubler. 2004). با مشخص شدن موتیف های ویژه هر ژن می توان به نحوه فعال شدن آن ژن پی برد. بدین منظور پروموتر ژن FT مورد آنالیز قرار گرفت و سپس شبکه ژنی آن ترسیم گردید. بعد از مشخص شدن ژنها در شبکه ژنی، در نهایت پروموتر هر ژن به تنهایی مورد آنالیز قرار گرفت.

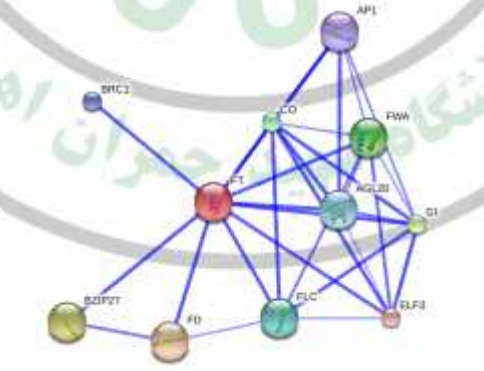
مواد و روش‌ها

برای آنالیز پروموتر این ژن، ابتدا توالی این ژن از بانک اطلاعاتی NCBI با توجه به شماره دسترسی آن استخراج گردید. سپس در بانک اطلاعاتی Phytozome ۱۵۰۰ جفت باز از بالادست ژن به عنوان ناحیه پروموتری ژن انتخاب گردید، به منظور آنالیز پروموترها با استفاده از سایت plantCARE ناحیه پروموتری مورد بررسی قرار گرفت. علاوه بر این با استفاده از بانک اطلاعاتی String10 شبکه ژنی آن ترسیم گردید و برای درک عمیق‌تر ژن FT و ژن های مرتبط با آن در مسیر گلدهی، پروموتر ژن های موجود در شبکه نیز با بانک های اطلاعاتی ذکر شده آنالیز گردید و نواحی پروموتری ژن ها و موتیف های آنها با هم مقایسه گردید.

بحث و نتیجه گیری

نتایج رسم شبکه ژنی FT نشان داد که ژن های، SOC1 کدکننده فاکتور رونویسی کنترل کننده زمان گلدهی، پروتئین EMF2 موثر در گلدهی، پروتئین ELF3 درگیر در تنظیم سیرکادین، پروتئین DI19-7 درگیر در مسیر پیام رسانی نور قرمز و آبی، پروتئین GI (GIGANTEA) تنظیم کننده الگوی سیرکادین و فتوپریود، ژن SPY کدکننده UDP-N Glucose amine، پروتئین FD، ژن FWA فاکتور رونویسی درگیر در رشد و نمو و ژن bzip27 با ژن FT در ارتباط هستند (شکل۱).

احتمالا موتیف های اختصاصی ژن FT موتیف هایی هستند که فقط در پروموتر این ژن قرار دارند، این موتیف ها عبارتند از، موتیف HD-Zip 3 که محلی برای اتصال پروتئین ها است. موتیف chs-Unit 1 m1 که قسمتی از عنصر پاسخ به نور است و همچنین موتیف plant_AP-2-like که هنوز نقش آنها مشخص نشده است. از طرفی موتیف AC-I هم در ژن FT و هم در ژن ELF3 وجود داشت که نقش این موتیف هنوز مشخص نشده است. موتیف AT-rich element محلی غنی از AT است که جایگاه اتصال پروتئین به DNA است و فقط در ژن FT و SOC1 دیده شد. موتیف MRE محل اتصال MYB در پاسخ به نور است که در ژن های FT، EMF1,2 دیده شد. استفاده از موتیف های اختصاصی با توالی ویژه اهمیت زیادی دارند (جدول شماره ۱).



شکل ۱- رسم شبکه ژنی FT

با بررسی پروموتر تمامی ژن های درگیر در این فرآیند خواهیم توانست بسیاری از موتیف ها و عناصر تنظیمی اختصاصی و جدیدی را شناسایی کنیم.

جدول۱ تعدادی از موتیف های به دست آمده از آنالیز پروموتر FT و شبکه ژنی آن

نقش موتیف	FT	SOC1	ELF3	EMF1,2	نام موتیف
جایگاه اتصال پروتئین	۱	–	–	–	HD-Zip 3
قسمتی از عنصر پاسخ به نور	۱	-	-	-	chs-Unit 1 m1
–	۱	-	-	-	plant_AP-2-like
–	۱	–	۱		AC-I
جایگاه اتصال پروتئین به DNA	۱	۱			AT-rich element
محل اتصال MYB در پاسخ به نور	۱	–	–	۱	MRE

منابع

۱. خوشحال سرمست، م.، ابراهیمی، ا.، ابلی مقدم، ع و صالحی، ح. ۱۳۹۰. بررسی بیوانفورماتیکی عملکرد ژن FT در گلسرخیان.هفتمین همایش ملی بیوتکنولوژی. تهران. پژوهشگاه نیرو.

2. Ballerini, S. and Kramer, E. M. 2011. Environmental and molecular analysis of thefloral transition in the lower eudicot Aquile giaformosa Evangeline.EvoDevo, 2:4.

3. Evangeline S. Ballerini , S. and Kramer, E.M. 2011. In the light of evolution:are evaluation of conservationin the CO FT regulon and its rolein photoperiodic regulation off lowering time. Plant science.Vol2:81. www.frontiersin.org.

4. Granovsky,A.E.,and Rosner,M.R. 2008. Raf kinase inhibitory protein:asignal transduction modula- tor and metastasis suppressor. Cell Res. 18, 452–457.

5. Sun, T.P and Frank Gubler. 2004. Molecular mechanism of Gibberllin signaling in plants. Annu. Rev. Plant Biol.55:197–223.

Study of protein interaction in flowering pathway gene promoters and compared with the FT gene promoter

M. Erfani[1] , M. Mohebodini[1], H. Fatemi[1]

1-Department of Horticultural Science, University of Mohaghegh Ardabili
*Corresponding auther: Erfani.malihe@gmail.com

Abstract

FT gene is key gene in flowering pathway of a long day plants. Analysis of the FT gene promoter and genes promoter that product of these genes interact with the FT protein; help us to know the type

and function of transcription factors influencing in the expression of this gene. The induction of this gene leads to flowering in long day plants. The CDS and 1500 bp upstream of the gene sequence databases mining and then were analyzed by software PlantCARE. The drawing network gene and identified the protein interaction and the promoter of this gene are also identified .These genes have a lot of light in response to biotic stresses. It seems that the promoter of these genes to study and compare promoter of these genes may be specific elements in the promoter region of the gene is found.

Key word: Long-day plants, promoter analysis, gene network, upstream