

© 2017 Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Zaragoza.
 Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).
 TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas, 20(2): 5-14, 2017.
 DOI: 10.1016/j.recqb.2017.04.001

RED DE COEXPRESIÓN DE 320 GENES DE *Tectona grandis* RELACIONADOS CON PROCESOS DE ESTRÉS ABIÓTICO Y XILOGÉNESIS

Vladimir Camel^{1a}, Esteban Galeano^{2b} y Helaine Carrer^{2c}

¹Instituto de Biotecnología e Ingeniería Genética (IBIG), Facultad de Ciencias Forestales y del Ambiente, Universidad Nacional del Centro del Perú, Av. Mariscal Castilla #3909, Huancayo, Región Junín, Perú.

²Centro de Biotecnología Agrícola (CEBTEC), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Av. Pádua Dias #11, Piracicaba, Edo. De São Paulo, Brazil.

E-mails: ^avlad_camel@hotmail.com, ^bestebangg18@hotmail.com, ^checarrer@usp.br

RESUMEN

Tectona grandis es un árbol maderable de importancia económica en bosques tropicales y subtropicales. Mediante este estudio, se identificaron familias de factores de transcripción (FTs) y genes codificantes para enzima, diferencialmente expresados en el xilema del tallo, implicados en la regulación de la respuesta a estrés abiótico y xilogénesis en *T. grandis*. Así, fue analizada la distribución evolutiva de 19 genes codificantes para FTs de *T. grandis* mediante análisis filogenéticos. También, fue utilizada la minería de bases de datos y publicaciones para identificar 320 genes de *Arabidopsis thaliana* (ortólogos a *T. grandis*) como soporte experimental y predictivo. Como resultados, se encontraron FTs de las familias *bZIP*, *MYB*, *NAC*, *ER*, *bHLH*, *NuY* y genes que codifican enzimas. Así mismo, se logró analizar el interactoma de *T. grandis* encontrando correlaciones de Pearson significativas para genes que regulan vías metabólicas de fenilpropanoides y estrés abiótico. Además, la red de coexpresión reveló nodos y aristas entre los genes *TgRAP1*, *TgMyB1*, *TgHSF1*, *TgMyB3*, *TgNAC1*, *TgTsiid1*, *TgLieTFs1*, *TgNuy3*, *TgRAP2* y *TgNuy4*. En particular, los análisis de ontología génica mostraron 31 genes de respuesta a estrés abiótico, principalmente *TgHShT1*, *TgHSF1* y *TgHSF2* como correguladores. Además, se encontró que el regulador maestro *TgNAC1*, está involucrado en la corregulación de otros factores de transcripción.

Palabras Clave: biología de sistemas, enriquecimiento funcional, genes diferencialmente expresados, minería de literatura, ontología génica.

Coexpression Network of 320 genes of *Tectona grandis* involved in abiotic stress and xylogenesis processes

ABSTRACT

Teak (*Tectona grandis*) is a timber tree of economic importance in tropical and subtropical forests. The aim of this work was to identify families of transcription factors (TFs) and enzyme-coding genes differentially expressed (DREs) in stem xylem and their regulation involved in abiotic stress response and xylogenesis in *T. grandis*. Therefore, the evolutionary distribution of 19 TFs of *T. grandis* was derived using a phylogenetic analysis. Besides, specific data mining procedures of databases and publications were performed in order to identify 320 *Arabidopsis thaliana* genes (orthologous to *T. grandis*) as experimental and predictive support. As results, we found transcription factors of the *bZIP*, *MYB*, *NAC*, *ER*, *bHLH* families, and enzyme-coding genes. Furthermore, interactome analysis in *T. grandis* showed a significant Pearson correlation for genes regulating metabolic pathways of phenylpropanoids and abiotic stress. Also, the coexpression network revealed nodes and edges between *TgRAP1*, *TgMyB1*, *TgHSF1*, *TgMyB3*, *TgNAC1*, *TgTsiid1*, *TgLieTFs1*, *TgNuy3*, *TgRAP2* and *TgNuy4* genes. Gene ontology analyses showed that 31 genes respond to abiotic stress, mainly *TgHShT1*, *TgHSF1* and *TgHSF2*, as co-regulators. In addition, the TFs master regulator *TgNAC1* was found to be involved in the co-regulation of other TFs.

Key Words: systems biology, functional enrichment, differentially expressed genes, text mining, gene ontology.

INTRODUCCIÓN

La Teca (*Tectona grandis*) es un árbol caducifolio de bosques tropicales y subtropicales, que posee un rápido crecimiento y es apreciado por su madera (Anish *et al.*, 2015). Además, esta especie tiene un gran potencial para captura de carbono e incrementar su biomasa para formación de energía renovable y sustentable (Krause *et al.*, 2006; Quiala *et al.*, 2012). A pesar de los numerosos estudios fenotípicos en *T. grandis*, poco se conoce de la especie a un nivel molecular y bioquímico (Diningrat *et al.*, 2015; Galeano *et al.*, 2014). Así, la tecnología de RNAseq (secuenciación de RNA) permite revelar genes diferencialmente expresados (DERs) (Wan *et al.*, 2012) y dentro de ellos, identificar algunos factores de transcripción (FTs) implicados en respuestas fisiológicas a diferentes factores ambientales o cambios metabólicos (Diningrat *et al.*, 2015; Galeano *et al.*, 2015). Algunos procesos que podrían ser regulados por este tipo de factores de transcripción son el depósito de celulosa, hemicelulosa y lignina en la pared celular. Este tipo de genes reguladores pueden activarse por variación en la concentración de sales en la célula, estrés hídrico, deficiencia de nutrientes, oxidación, alta osmolaridad o cambios de condiciones de luz y temperaturas extremas (Gill & Tuteja, 2010; Prash & Sonnewald, 2013).

Generalmente, los FTs reconocen a los promotores corriente arriba (del inglés, *upstream*) en las secuencias de genes que serán regulados y pueden ser activados por procesos biológicos y ambientales (Matsui *et al.*, 2008). Además, se han observado interacciones de algunas familias de FTs para dar respuesta fisiológica a diferentes tipos de estrés y a procesos metabólicos secundarios, como el depósito de lignina y posterior producción de madera (Lin *et al.*, 2015; Sundar *et al.*, 2008). Los factores de transcripción son proteínas que al unirse al DNA pueden interactuar con otros reguladores transcripcionales (como pueden ser los reguladores maestros), en procesos como remodelación de la cromatina, modificación de proteínas, reclutamiento o bloqueo de las RNA polimerasas que acceden a la cadena de DNA para el proceso de transcripción (Udvardi *et al.*, 2007).

Por otro lado, la tecnología de RNAseq es una técnica cuantitativa que ayuda a determinar niveles de expresión de RNA y su aplicación directa puede direccionarse a la construcción de bases de datos a gran escala para hacer estudios de redes de coexpresión (Dameron *et al.*, 2013; Mizrachi *et al.*, 2010). Dentro de las largas listas de genes detectadas por el RNAseq en diferentes condiciones ambientales, de edad o de tejidos, se pueden analizar por bioinformática patrones de expresión similares entre sí (también llamado coexpresión); genes con patrones y funciones biológicas similares pueden ser anotados por ontologías génicas y luego ser agrupados (Consortium, 2000; Dameron *et al.*, 2013). Además, la sistematización y agrupación de los genes coexpresados, pueden estar apoyados con resultados experimentales (Consortium, 2000; Dameron *et al.*, 2013), y de ese modo poder elucidar rutas moleculares que

rigen a los organismos vivos (Fröhlich *et al.*, 2007; Jin *et al.*, 2014). Actualmente, se conocen 58 familias de FTs en plantas (Jin *et al.*, 2014; Naika *et al.*, 2013), de las cuales algunas de ellas cumplen funciones importantes en la regulación de la expresión génica, especialmente al inicio de la transcripción. Por ejemplo, la familia *bZIP*, caracterizada por poseer un zíper de leucinas, y la familia *bHLH*, distinguida por tener dos hélices alfa unidos como dímeros al DNA, se encuentran en todos los organismos eucariontes, regulando procesos fisiológicos y de desarrollo central (Ariel *et al.*, 2007; Sauvé *et al.*, 2004). Así, el objetivo de este trabajo bioinformático fue identificar familias de factores de transcripción (FTs) y genes enzimáticos diferencialmente expresados (DERs) en el xilema del tallo de Teca y de los que deriven posibles implicados en la regulación a la respuesta de estrés abiótico. Finalmente, es importante analizar, sistematizar e integrar los diversos datos de las redes de coexpresión génica y la información generada de diferentes experimentos de expresión génica.

MATERIALES Y MÉTODOS

Selección de genes de interés diferencialmente expresados en el xilema secundario del tallo de *Tectona grandis*

La búsqueda y selección de genes enzimáticos de interés relacionados con la respuesta a estrés abiótico y la regulación de las vías metabólicas de síntesis del xilema secundario del tallo, fue realizado a partir del transcriptoma de *T. grandis*, el cual está depositado en el “Transcriptome Shotgun Assembly” (TSA número de acceso GDLT00000000), disponible en el NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov), obtenido por Galeano y colaboradores en el año 2015 (Galeano *et al.*, 2015). De esta base de datos, fueron descargados 2,413 genes diferencialmente expresados. Las funciones de estos genes fueron posteriormente anotadas mediante el software Blast2Go (<https://www.blast2go.com/blast2go-pro>).

Identificación de factores de transcripción en *T. grandis* e identificación de ortólogos en *Arabidopsis thaliana*

Un total de 19 factores de transcripción de tipo basales, activadores, coactivadores y reguladores *maestros*, fueron seleccionados manualmente a partir de las anotaciones realizadas con el Blast2Go a los genes diferencialmente expresados de Teca. Posteriormente, la secuencia codificante de los 19 FTs de Teca fue utilizada como referencia en las bases de datos “TAIR” (<http://www.arabidopsis.org/>) y “plant TFTDB” (<http://plantfdb.cbi.pku.edu.cn/>), para seleccionar los FTs ortólogos en *A. thaliana* que tuvieran un porcentaje de identidad mayor a un 70%.

Minería de literatura (*Text mining*)

Fue realizada una búsqueda de artículos relacionados con factores de transcripción y genes enzimáticos de *A. thaliana* ortólogos a los genes de Teca, que estuvieran implicados experimentalmente en la regulación de las vías metabólicas relacionadas con defensa de plantas, respuestas a estrés y síntesis de xilema secundario. Para ello, se utilizó la herramienta basada

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/6976521>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/6976521>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)