

ردیابی و شناسایی ژن UDP-گلوز: فلاونوئید ۳-O-گلوکوزیل ترانسفراز در مسیر بیوسنتز آنتوسیانین‌ها در انار (*Punica granatum*)

Detection and identification of a UDP-glucose: flavonoid 3-O-glucosyltransferase gene involving in anthocyanin pathway in pomegranate (*Punica granatum*)

غزاله خاکسار^۱، بدرالدین ابراهیم سیدطباطبایی^{۱*}، احمد ارزانی^۱

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، استادان، دانشگاه صنعتی اصفهان، ایران

Khaksar Gh¹, Seyed Tabatabaei BE^{*1}, Arzani A¹

1. PhD Student, Professors, Isfahan University of Technology, Iran.

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: sayedt@cc.iut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۲/۱۲/۲۷ - تاریخ پذیرش: ۹۳/۶/۲۳)

چکیده

انار سرشار از رنگدانه‌های ارزشمند آنتوسیانین است که طیف رنگ‌های صورتی تا ارغوانی تیره را در پوست و دانه میوه تشکیل می‌دهد. آنزیم UDP-گلوز: فلاونوئید ۳-O-گلوکوزیل ترانسفراز مسئول تشکیل آنتوسیانین در سلول‌های رنگی بوده و انتقال یک مولکول قند به آنتوسیانیدین را کاتالیز می‌کند. در این تحقیق، cDNA ژن UDP-گلوز: فلاونوئید ۳-O-گلوکوزیل ترانسفراز (*UFGT*)، آخرین آنزیم کلیدی دخیل در رنگ‌آمیزی میوه از پوست میوه انار جدا و توالی‌یابی شد. همچنین، بیان این ژن در سه رقم متمایز انار (پوست سیاه یزد، ملس اصفهان و شیرین شعباد شیراز) که در رنگ پوست و الگوی تجمع رنگ متفاوت بودند، مورد سنجش قرار گرفت. توالی اسید آمینه فرض شده از cDNA فوق، شباهت بالایی با گیاهان موجود در پایگاه اطلاعات داده‌ها NCBI نظیر انگور و هلو داشت. نتایج نشان داد که بیان ژن *PgUFGT* در مرحله گلدهی در سه رقم نسبتاً بالا بوده، اما در مرحله رسیدن میوه در رقم پوست سیاه یزد به حداکثر میزان خود رسید. برخلاف این رقم، بیان ژن *PgUFGT* در همه مراحل رشد میوه به جز گلدهی در رقم شیرین شعباد شیراز در پایین‌ترین سطح خود بود. علاوه بر این، بیان ژن *PgUFGT* در میوه‌های جوان ملس اصفهان، کاهش یافته؛ به تدریج در میوه‌های بالغ دوباره بر میزان آن افزوده شده و در مرحله رسیدن میوه، به اوج خود رسید. به‌طور کلی بیان ژن *PgUFGT* به‌طور چشمگیری با افزایش رنگ پوست در طول رشد میوه، افزایش یافت. پیش‌بینی ساختار پروتئین مورد مطالعه نشان داد که پروتئین *PgUFGT* با ساختار سه بعدی پروتئین UDP-گلوز: فلاونوئید گلوکوزیل ترانسفراز در انگور دانه قرمز، دارای شباهت حدود ۵۲ درصد بود. شباهت ساختار سه بعدی پروتئین *VvUFGT* به پروتئین *PgUFGT* نشان داد که هر دو پروتئین به احتمال زیاد، مسیر مشابهی را در تولید آنتوسیانین دارند. نتایج حاصل از بیان ژن *PgUFGT* در سه رقم انار مطالعه شده نیز مطلب فوق را تایید کرد.

واژه‌های کلیدی

آنتوسیانین
انار
cDNA
UFGT

مقدمه

مشخص شده که آنتوسیانین‌ها سبب کاهش تجمع کادمیوم در کلیه و کبد، کاهش غلظت اوره و بیلی‌روبین خون و کاهش فعالیت آسپاراتات آمینوترانسفراز و آلانین‌ترانسفراز نیز می‌شوند (Lapidot et al. 1998). همچنین شبیه ترکیبات فلاونوئیدی به شدت جاذب نور UV بوده و در مقابل تابش نور UV عموماً در سلول‌های اپیدرمی بافت‌های گیاهی تجمع یافته و به‌عنوان سپری در برابر اشعه مضر عمل می‌کنند (Bitsch et al. 2004; Einbond et al. 2004; Garcia-Alonso et al. 2005; De Pascual-Teresa et al. 2008). در سال‌های اخیر مطالعات فراوانی در مورد خواص انار (*Punica ganatum*) و ترکیبات موجود در آن انجام شده که مویذ اثرات مفید انار در پیشگیری و درمان بسیاری از بیماری‌ها می‌باشد. انار غنی از آنتی‌اکسیدان‌های مهمی است که در غلظت‌های پایین سبب تاخیر یا ممانعت از اکسید شدن ترکیبات بیولوژیکی می‌شود. اطلاعات موجود نشان می‌دهند که فعالیت آنتی‌اکسیدانی قابل ملاحظه انار به سبب محتوای بالای آنتوسیانین‌های پوست و آب میوه آن است. آب انار سرشار از رنگدانه‌های آنتوسیانین است و مانع انسداد عروق قلبی و بروز انواع سرطان‌ها می‌شود (Du et al. 1975; Jurenka et al. 2008; Rajani et al. 2011).

وارته‌های مختلف انار، الگوی متفاوتی از رنگ پوست شامل زرد، صورتی، قرمز، ارغوانی و سیاه دارند که فعالیت آنتی‌اکسیدانی آن را تحت تاثیر قرار می‌دهند. یکی از دلایل ممکن برای تنوع رنگ مشاهده شده در پوست انار، میزان بیان ژن‌های دخیل در بیوسنتز آنتوسیانین متأثر از شرایط متفاوت رشد و محیط می‌باشد. مطالعه‌های متعددی به منظور بررسی بیان ژن‌های مسیر سنتز آنتوسیانین‌ها در گیاهان مختلف نظیر انگور، هلو، بلو بربری، سیب و غیره در شرایط متفاوت رشد انجام شده است. بررسی بیان این ژن‌ها نشان می‌دهد که روند بیان ژن‌های ساختاری با افزایش آنتوسیانین ارتباط مستقیم دارد و تا انتهای مرحله رسیدن میوه، (حداکثر تولید رنگ در پوست میوه) بر میزان بیان آنها افزوده می‌گردد. این در حالی است که در میوه‌های جهش‌یافته و فاقد رنگ، ژن‌های دخیل در مسیر بیوسنتز آنتوسیانین بیان نشده یا میزان بیان بسیار کمی دارند. همچنین مقدار بیان ژن‌های فوق با افزایش نور دارای همبستگی بالا و مثبت می‌باشد و در این راستا

پدیده رسیدن میوه، ترکیبی پیچیده از بسیاری فرایندهای سلولی نظیر تغییرات ترکیبات سلولی، از دست دادن دیواره سلولی، تجمع هیدروکربن‌ها و متابولیت‌های ثانویه می‌باشد. تولید متابولیت‌های ثانویه در طی رسیدن میوه، پدیده‌ای ضروری است که کیفیت میوه (رنگ، طعم و بو) و بازار پسندی میوه را تحت تاثیر قرار می‌دهد. همچنین بسیاری از این ترکیبات برای تولید دارو، رنگ، حشره‌کش‌ها، طعم دهنده‌های غذایی و عطر استفاده می‌شوند. در بین ترکیبات ثانویه، فلاونوئیدها گروه بزرگ و مهمی را تشکیل می‌دهند و بالغ بر ۶۰۰۰ نوع ترکیب فلاونوئیدی نظیر آرون‌ها، ایزوفلاونوئیدها، فلاونون‌ها، فلاونول‌ها، آنتوسیانیدین و غیره شناسایی شده که بسیاری از آنها در گیاهان عالی وجود دارند (Harbone 1988-1994, Jaakola 2003, Gould et al. 2006). نوع و میزان ترکیبات فلاونوئیدی در میوه‌های مختلف، تفاوت‌های زیادی دارد که در بیشتر میوه‌ها نوع غالب، آنتوسیانین‌ها می‌باشد (Jaakola 2003).

آنتوسیانین‌ها (Antos) برگرفته از کلمه یونانی به معنای گل و Kyanos (به معنای آبی) از مهمترین و فراوان‌ترین رنگدانه‌های طبیعی و یکی از شش زیرگروه متعلق به فلاونوئیدها-بزرگ‌ترین خانواده پلی‌فنل‌ها- می‌باشند. تاکنون بیش از ۵۶۰ مولکول آنتوسیانین در گیاهان مختلف شناسایی شده که این رنگدانه‌ها عامل رنگ قرمز، نارنجی، ارغوانی، بنفش، آبی در بسیاری از گل‌ها، برگ‌ها، میوه‌ها و سبزی‌ها هستند. شش نوع بسیار متداول آنتوسیانین‌ها در گیاهان شامل سیانیدین، دلفینیدین، پلارگونیدین، مالویدین، پئونیدین و پتونیدین می‌باشد (Konczak 2004; Cristina et al. 2011). کمبود الکترون از خصوصیات عمومی آنتوسیانین‌هاست که سبب فعال‌سازی آنها در واکنش با اکسیژن فعال^۱ (ROS) و رادیکال‌های آزاد می‌شود. به این ترتیب خصوصیت آنتی‌اکسیدانی این ترکیبات از ساختار خاص آنها منشا می‌گیرد. آنتوسیانین‌ها دارای اثر مثبت در جلوگیری از رشد بی‌رویه سلول‌های سرطانی و بروز بیماری‌های وریدی قلبی می‌باشند (Jing et al. 2008, Tzin et al. 2010). از سوی دیگر

¹ Reactive oxygen species

در مسیر بیوستز آنتوسیانین، به طور کامل شناسایی و جداسازی شده‌اند. در این مطالعات مشخص شده که براساس مرحله رشد، فقط بیان ژن *UFGT* همواره با رنگ میوه ارتباط دارد. تجزیه و تحلیل بیان ژن *UFGT* در ارقام پوست سفید و قرمز نشان داد که این ژن در هر دو رقم وجود دارد اما در رقم پوست سفید بیان نمی‌شود. همچنین بررسی بیان ژن‌های مسیر بیوستز آنتوسیانین در واریته‌های جهش‌یافته سیب پوست سفید نشان می‌دهد که به استثنا ژن *UFGT*، همه ژن‌ها بیان می‌شوند. اما در مقایسه بیان ژن‌های مسیر آنتوسیانین در پرتغال خونی و پرتغال معمولی، افزایش بیان در ژن *UFGT* به همراه ژن‌های *ANS* و *CHS* مشاهده شد. این مطلب دلیل مطابقت سطح بیان ژن‌های هدف و محتوی رنگدانه‌های اندازه‌گیری شده، می‌باشد. در گیاه لیتچی چینی^۷ نیز همبستگی مثبت و بالایی بین بیان ژن‌های *UFGT* و *DFR* و رنگ قرمز پوست میوه گزارش شده است.

در حال حاضر ایران یکی از بزرگ‌ترین تولید کنندگان انار در دنیاست و دارای بیش از ۷۶۰ رقم انار خوراکی در اقلیم‌های مختلف با تنوع ژنتیکی گسترده در رنگ میوه می‌باشد. این تنوع می‌تواند برای تشخیص خصوصیات آنتی‌اکسیدانتی مطلوب انار بسیار مفید واقع شده و منبع ژنی برای مطالعات به‌نژادی این گیاه باشد. با توجه به محبوبیت انار بین مصرف کنندگان و با لحاظ کردن خصوصیات بیولوژیکی ارزشمند آن و همچنین اهمیت اقتصادی این میوه، نیاز به تحقیقات بیشتر به‌منظور شناسایی ژن‌های منحصر به فرد انار، محرز به‌نظر می‌رسد. لذا در مطالعه حاضر به جهت نقش کلیدی و مهم ژن *UFGT* در تعیین رنگ میوه گیاهان مختلف، ژن مورد نظر در انار شناسایی و جداسازی شده و بیان آن در سه رقم انار (پوست میوه صورتی، قرمز و سیاه) در دوره میوه‌دهی بررسی شد.

مواد و روش‌ها

سه رقم انار، پوست سیاه یزد (پوست سیاه)، شیرین شعباد شیراز (پوست صورتی) و ملس اصفهان (پوست قرمز) از مجموعه درخت انار در مرکز تحقیقات کشاورزی و منابع طبیعی اصفهان

تولید آنتوسیانین نیز افزوده می‌شود. در واقع، بیوستز و تجمع آنتوسیانین از طریق فرآیندهای درونی در طی تمایززدایی یا فاکتورهای محیطی مثل نور تنظیم می‌شود (Gil et al. 2000, Jaakola et al. 2002, Kim et al. 2003, Ranazzotti et al. 2008).

مسیر بیوستز آنتوسیانین‌ها در بسیاری از گیاهان نظیر آرابیدوپسیس، ذرت، انگور، سیب، هلو و بلوبری و غیره شناسایی شده است (شکل ۱). آنزیم فنیل‌آلانین لیاز^۱ (*PAL*) دارای نقش اساسی و کلیدی در روند سنتز فلاونوئیدها می‌باشد و گزارشات بسیاری همبستگی بیان این ژن و افزایش فعالیت آنتی‌اکسیدانی را تایید می‌کند. در طی مسیر، اثر پلی‌وتروپیک آنزیم سینامیت ۴- هیدروکسیلاز^۲ (*C4H*)، تنظیم الگوی بیان ژن‌های درگیر در سنتز مشتقات فلاونوئیدها را به‌عهده دارد. هماهنگی سنتز مولکول‌های پلی‌فنلی، به‌سبب وجود عناصر *cis* در پروموتور ژن *C4H* می‌باشد و بدین ترتیب از سایر ژن‌ها متمایز می‌شود (Boudet et al. 2007). در ادامه، آنزیم چالکون سینتاز^۳ (*CHS*) محصول حاصل از واکنش آنزیم *C4H* را در جهت تولید آنتوسیانین هدایت کرده و در بسیاری از گیاهان، نقش مهمی در تنظیم تولید رنگدانه ایفا می‌کند. مرحله بعدی هیدروفلانول ردوکتاز^۴ (*DFR*) که آنزیم اختصاصی مسیر بیوستز آنتوسیانین‌هاست؛ تولید ترکیب بی‌رنگ لئکوسیانیدین را به‌عهده دارد. سپس آنزیم آنتوسیانین سینتاز^۵ (*ANS*)، ماده فوق را به ترکیب رنگی آنتوسیانیدین تبدیل می‌کند. در نهایت با اتصال یک مولکول گلوکز به آنتوسیانیدین توسط آنزیم UDP-گلوکز: فلاونوئید ۳-O گلوکوزیل ترانسفراز^۶ (*UFGT*)، ترکیب آنتوسیانین تولید می‌شود (Gil et al. 2000; Jaakola et al. 2002; Kim et al. 2003; Ranazzotti et al. 2008).

پژوهش‌های انجام شده در گیاهان انگور، سیب، توت فرنگی و گیلاس نشان می‌دهد که UDP-D-گلوکز: فلاونوئید ۳-O گلوکوزیل ترانسفراز (*UFGT*)، آخرین آنزیم کلیدی دخیل در رنگ‌آمیزی میوه می‌باشد. در گیاه انگور ژن‌های ساختاری درگیر

¹ Phenylalanine ammonia-lyase

² Cinnamate 4-hydroxylase

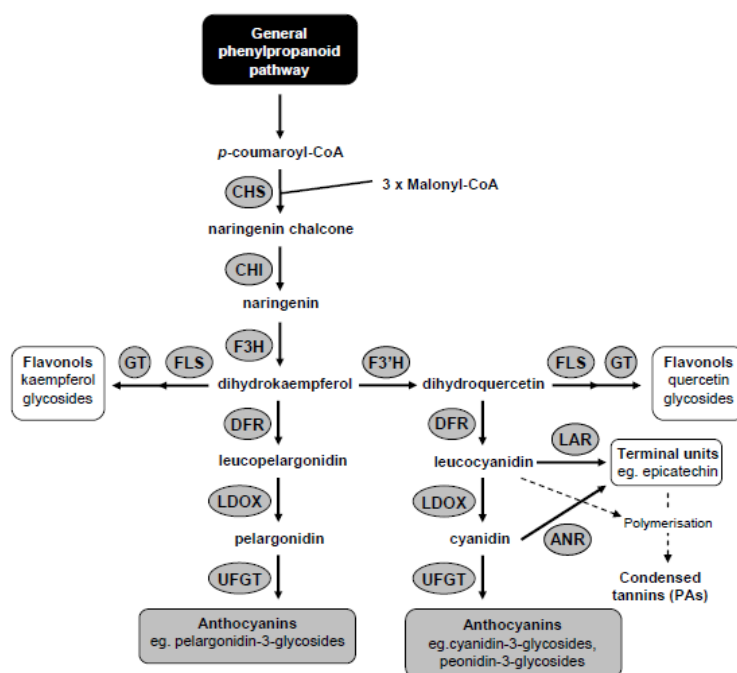
³ Chalcone synthase

⁴ Dihydroflavonol reductase

⁵ Anthocyanidin synthase

⁶ UDP-glucose: flavonoid 3-O-glucosyltransferase

⁷ *Litchi chinensis* Sonn



شکل ۱- تصویر کلی مسیر بیوسنتز آنتوسیانین‌ها در گیاهان که منجر به تولید آنتوسیانین می‌شود. (CHS) آنزیم چالکون سینتاز؛ (F3H) آنزیم فلاونوئید ۳ هیدروکسیلاز؛ (DFR) آنزیم دی‌هیدروفلاونول ردوکتاز؛ (ANS) آنزیم آنتوسیانین سینتاز؛ (UFGT) آنزیم UDP-گلوکز: فلاونوئید ۳-O گلوکوزیل ترانسفراز.

واکنش RT-PCR، واکنش در سه چرخه ۲۷، ۳۰ و ۳۵ (در سه تکرار) انجام و تراکم باند روی ژل آگارز یک درصد تعیین شد. تجزیه و تحلیل باندهای تکثیر شده به منظور کمی کردن آنها توسط نرم افزار EZQuant-Gel انجام شد. همچنین، ژن *UFGT* جدا شده از رقم ملس اصفهان در پلاسמיד pTZ57R/T همسانه‌سازی (InsTAclone PCR Cloning Kit/Thermo Scientific, Germany) و پس از انتقال به باکتری *E. coli* سویه MC1061 توسط شرکت Bioneer (South Korea) توالی‌یابی شد. براساس توالی به‌دست آمده، بررسی شباهت سنجی ساختاری ژن مورد مطالعه با ساختار سه بعدی دیگر گیاهان موجود در پایگاه اطلاعات داده‌ها NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov) و ExPASY (www.ExPASY.org) انجام شد. همچنین بررسی شبکه ژنی مسیر بیوسنتز آنتوسیانین در سایت ExPASY و تجزیه و تحلیل راه‌انداز ژن‌های تنظیم کننده مسیر آنتوسیانین در سایت Plantcare (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html>) انجام شد.

جمع‌آوری شد. نمونه‌ها از چهار مرحله مختلف رشد و نمو انار شامل گل (مرحله ۱)، میوه‌های جوان (مرحله ۲)، میوه تقریباً بالغ (مرحله ۳) و میوه‌های رسیده (مرحله ۴) انتخاب شدند. طراحی آغازگرهای دجنریت به‌منظور شناسایی و جداسازی ژن UDP-D-گلوکز: فلاونوئید ۳-O گلوکوزیل ترانسفراز (*UFGT*)، براساس شباهت سنجی دمین حفاظت شده این ژن در گیاهان انگور، هلو و غیره صورت پذیرفت (جدول ۱). استخراج RNA کل از نمونه‌های جمع‌آوری شده توسط بافر Biozol (BioFlux, Japan) مطابق با دستورالعمل شرکت سازنده، انجام شد. حذف DNA، قبل از تهیه cDNA، توسط آنزیم DNase I، RNase- (DNase I, RNase-) توسط آنزیم (free/Thermo Scientific, Germany) صورت پذیرفت و سپس cDNA با استفاده از کیت سنتز cDNA (RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kit/Thermo Scientific, Germany) طبق دستورالعمل شرکت سازنده سنتز شد. بیان ژن‌های مورد نظر در مرحله مختلف رشد و نمو میوه انار با واکنش RT-PCR مطابق جدول ۱ بررسی و از ژن rRNA ۱۸S به‌عنوان ژن مرجع برای نرمال‌سازی نمونه‌ها استفاده شد. به منظور اطمینان از صحت

جدول ۱- توالی آغازگرهای طراحی شده و برنامه واکنش RT-PCR

آغازگرها	(5'-3') توالی آغازگر	دمای اتصال (°C)	تعداد چرخه
UDP-F	GAT GCS TTY TTS TGG TTC GCT	۵۸	۳۰
UDP-R	TAA TGA CCY GCA NCA SCT	۵۸	۳۰

S = G or C; Y = C or T; N = A or C or G or T

نتایج و بحث

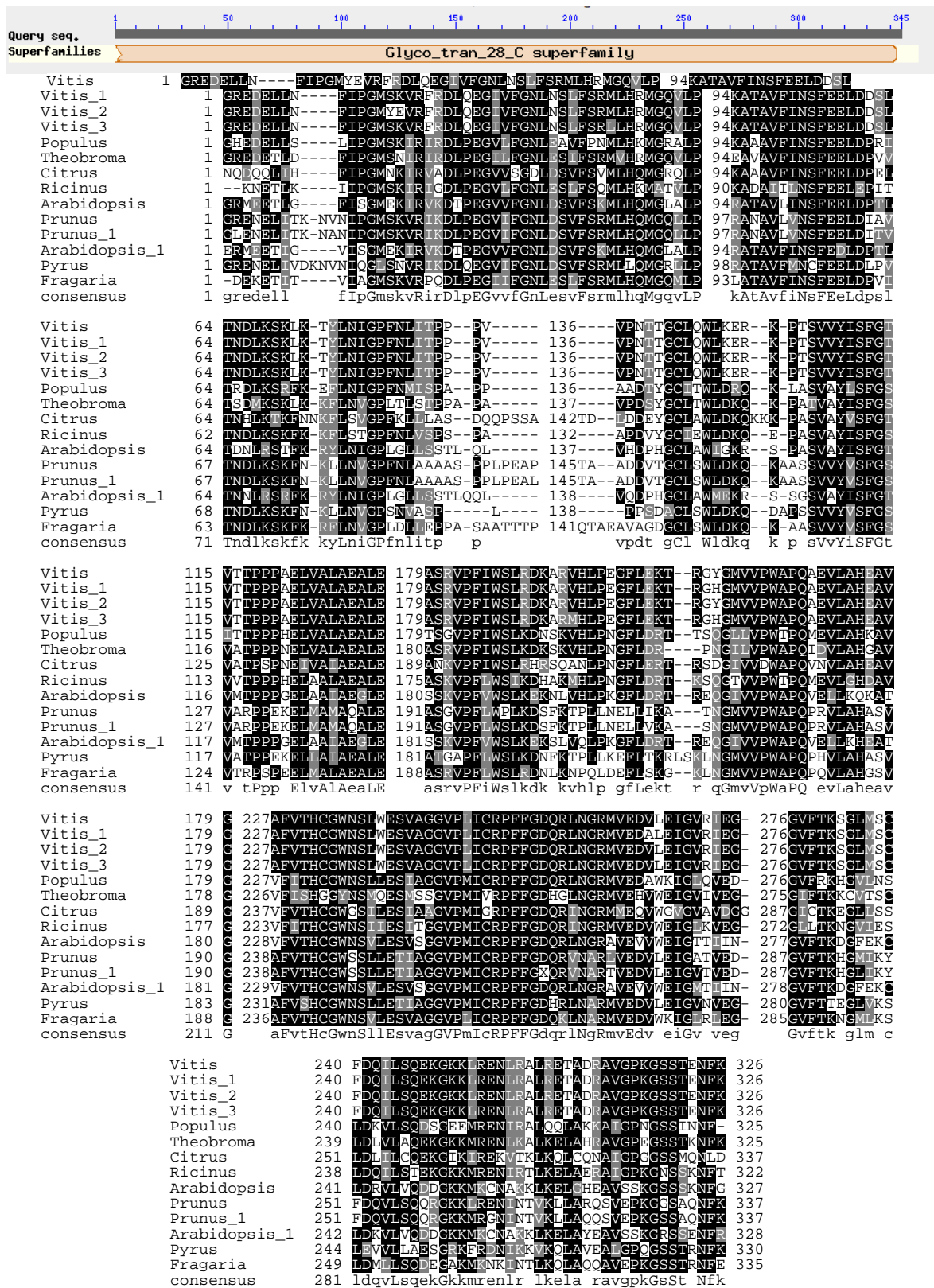
هنوز هم مبهم و پیچیده است. در این پژوهش ژن *PgUFGT* دخیل در مسیر بیوسنتز آنتوسیانین شناسایی شد و تجزیه و تحلیل بیان ژن نشان داد که تجمع آنتوسیانین در بافت‌های رنگی، ارتباط نزدیکی با میزان بیان این ژن در پوست میوه انار دارد. در طول رشد میوه انار، تغییر سطح بیان ژن *PgUFGT* منعکس کننده رنگ پوست می‌باشد؛ زمانی که رنگ میوه بیشتر به رنگ سبز است، بیان این ژن در سطح پایین خود تشخیص داده شد. در میوه‌های رنگی، هنگامی که رنگ پوست قرمز شد، افزایش سطح رونوشت *PgUFGT* در پوست میوه مشاهده شد. در مجموع، رنگ میوه‌ها نشان دهنده الگوی بیان ژن‌های دخیل در بیوسنتز آنتوسیانین می‌باشد و نتایج دیگر پژوهشگران در بررسی این ژن‌ها در مراحل رشد گیاهان هلو (Tsuda et al. 2004)، سیب (Kim et al. 2003)، اطلسی (scacio-Valdés et al. 2011) و انگور (Ranazzotti et al. 2008) این مطلب را تایید می‌کند.

درک عملکرد پروتئین *PgUFGT* با توجه به شباهت‌سنجی ساختاری آن در پایگاه اطلاعات داده‌ها (NCBI)، میسر شد. نتایج حاصل از پیش‌بینی ساختار پروتئین مورد مطالعه نشان داد که پروتئین *PgUFGT* با ساختار سه بعدی پروتئین UDP-گلوکز: فلاونوئید گلوکوزیل ترانسفراز^۲ در انگور دانه قرمز، دارای شباهت حدود ۵۲ درصد بود (شکل ۵). پروتئین *VvGT1* با اتصال یک مولکول گلوکز به آنتوسیانیدین، مسئول تشکیل رنگ قرمز در دانه‌های انگور می‌باشد. ساختار سه بعدی *VvGT1* این آنزیم با توجه به جایگاه فعال آن (بخش دهنده UDP-گلوکز و قسمت پذیرنده مولکول کامفرول) توسط روش NMR^۳ ترسیم شده است (شکل ۵) (Offen et al. 2006). لازم به ذکر است که

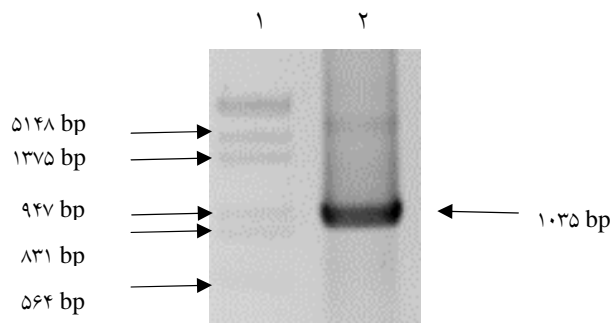
ژن *UFGT* در بسیاری از گیاهان نظیر آراییدوپسیس، انگور، سیب، هلو و غیره شناسایی و جداسازی شده است. وجه مشترک آنها، حضور دمین کاملاً حفاظت شده خانواده UDP-گلوکوزیل ترانسفراز^۱ در توالی ژن مورد مطالعه می‌باشد (شکل ۲). لذا طراحی آغازگرهای اختصاصی براساس این نواحی حفاظت شده انجام و قطعه DNA به طول ۱۰۳۵ جفت باز با الگوی cDNA تکثیر شد (شکل ۳). نتایج توالی‌یابی ژن فوق و مقایسه توالی پروتئین آن با پروتئین‌های همولوگ خانواده UDP-گلوکوزیل ترانسفراز در گیاهان انگور، هلو، کاکائو، صنوبر و آراییدوپسیس و غیره (پایگاه اطلاعاتی داده NCBI) معلوم کرد که پروتئین مورد نظر نیز دارای دمین حفاظت شده این خانواده می‌باشد.

نتایج حاصل از بررسی بیان *PgUFGT* نشان داد که بیان ژن مورد نظر در مرحله گلدهی در سه رقم (پوست سیاه یزد، شیرین شعباد شیراز و ملس اصفهان) نسبتاً بالا بوده است، اما در مرحله رسیدن میوه در پوست سیاه یزد به حداکثر خود رسید. برخلاف این رقم، بیان ژن *PgUFGT* در همه مراحل رشد میوه به جز گلدهی در رقم شیرین شعباد شیراز در پایین سطح خود بود. علاوه بر این، بیان *PgUFGT* در میوه‌های جوان ملس اصفهان در مرحله ۲ کاهش یافته؛ به تدریج در میوه‌های بالغ (مرحله ۳) دوباره افزوده شده و در مرحله ۴ (میوه‌های رسیده) به اوج خود رسید (شکل ۴-الف). رنگ پوست میوه انار در ارقام مختلف انار بسیار متغیر می‌باشد و این پدیده جالب ارزش تجاری میوه و زیبایی آن را تحت تاثیر قرار می‌دهد. در حال حاضر سیستم ژنتیکی جامع برای تجزیه و تحلیل تنوع رنگ در درختان میوه پیشنهاد نشده به طوری که درک اساس ژنتیکی تنوع رنگ پوست در میوه انار

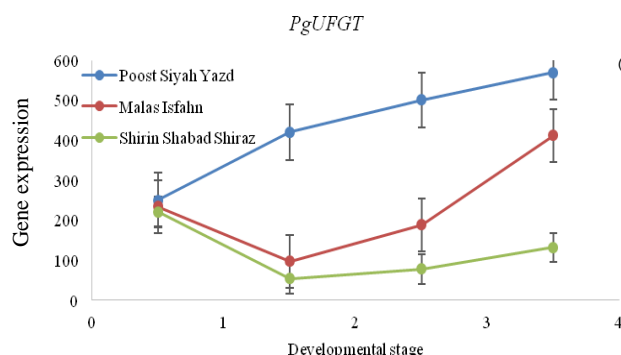
^۲ UDP-glucose:flavonoid 3-O glycosyltransferase (VvGT1)^۳ Nuclear magnetic resonance^۱ UDP- glucosyltransferase supefamily



شکل ۲- نمایش دومین حفاظت شده در خانواده UDP - گلوکز: فلاونوئید ترانسفراز (UGT) و شباهت سنجی آن در بسیاری از گیاهان نظیر انگور، کاکائو، هلو و آراییدوپسیس و غیره

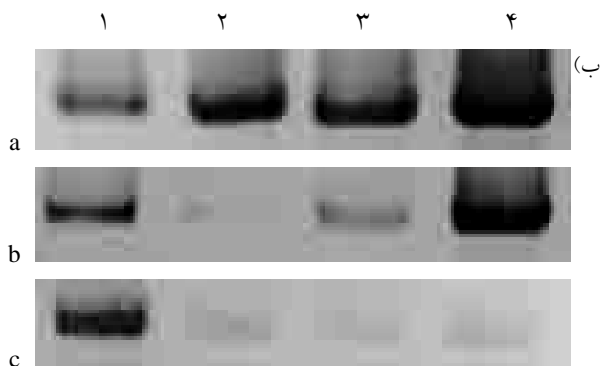


شکل ۳- قطعه تکثیر شده *PgUFGT*؛ چاهک (۱) نشانگر اندازه III؛ چاهک (۲) تکثیر قطعه DNA به طول ۱۰۳۵ جفت باز با الگوی cDNA و آغازگرهای UDP-F و UDP-R



(الف)

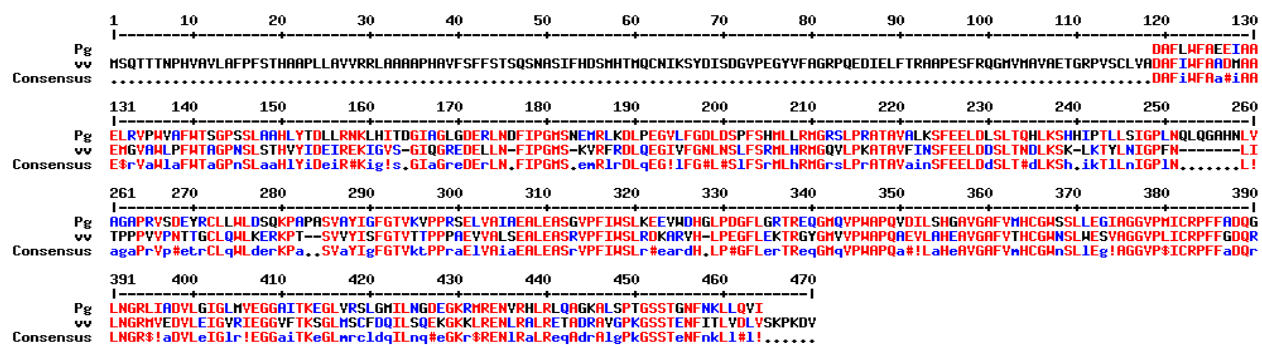
مولکول سیانیدین می‌تواند جایگزین کامفرول شود. ساختار سه بعدی VvGT1 نشان می‌دهد که در بخش دهنده شش اسید آمینه حفاظت شده شامل Thr19, Thr141, Thr280, His350, Asp374 و Gln375 و در قسمت پذیرنده ۴ اسید آمینه حفاظت شده Ser18, His20, Gln84 و His150 مسئول واکنش اتصال مولکول UDP-گلوکز به کامفرول و دیگر مولکول‌های پذیرنده می‌باشند (شکل ۶). در واقع واکنش گلیکوزیلاسیون در گیاهان توسط یک خانواده ژنی انجام می‌شود که پروتئین VvGT1 نیز در این خانواده قرار دارد. در ساختار سه بعدی پیش بینی شده *PgUFGT*، اسید آمینه‌های فوق نیز به صورت حفاظت شده به صورت Thr23, Thr32, His176, His246, Asp270 و Gln271 وجود دارند (شکل ۶). این احتمال وجود دارد که به سبب شباهت ساختار سه بعدی هر دو پروتئین، می‌توان عملکرد مشابه را برای پروتئین *PgUFGT* انتظار داشت؛ به‌ویژه حضور اسید آمینه‌های کاملاً حفاظت شده در جایگاه فعال، این احتمال را تقویت می‌کند. دانش امروز نشان داده که ساختار سه بعدی پروتئین در تعیین عملکرد آن نقش بسزایی ایفا می‌کند؛ لذا پروتئین *PgUFGT* در انار نیز همانند VvGT1 در انگور دانه قرمز در واکنش گلیکوزیلاسیون دخالت دارد و موجب تجمع رنگ قرمز در پوست انار می‌شود. به علاوه نتایج حاصل از بررسی بیان ژن *PgUFGT* نشان داد که با افزایش بیان این ژن بر تجمع آنتوسیانین در پوست انار، افزوده شد. در انگور دانه قرمز نیز در مقایسه با انگور جهش یافته سفید، افزایش سطح mRNA تنها در گیاهان دانه قرمز مشاهده شد.



(ب)

شکل ۴- بررسی بیان ژن *PgUFGT* در ارقام انار توسط RT-PCR (الف) نمایش کمی بیان ژن *PgUFGT* در ارقام انار و مراحل رشدی مختلف (۱) گلدھی؛ (۲) میوه ابتدای میوه دهی؛ (۳) اواسط میوه دهی؛ (۴) رسیدن میوه، (ب) نمایش محصول PCR روی ژل آگارز یک درصد. (a) پوست سیاه یزد؛ (b) ملس اصفهان؛ (c) شیرین شباد شیراز و چاهک‌های مراحل رشد (۱) گلدھی؛ (۲) میوه ابتدای میوه دهی؛ (۳) اواسط میوه دهی؛ (۴) رسیدن میوه.

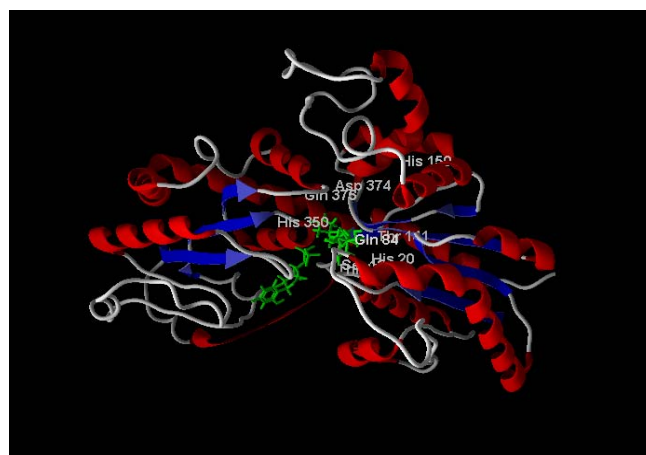
گیاهان به نحو فوق العاده‌ای برای درک تغییرات در محیط زیست خود تکامل یافته‌اند و به سرعت برای به حداقل رساندن خطر، به شرایط محیطی متغیر پاسخ می‌دهند. لذا برای انعطاف پذیری این



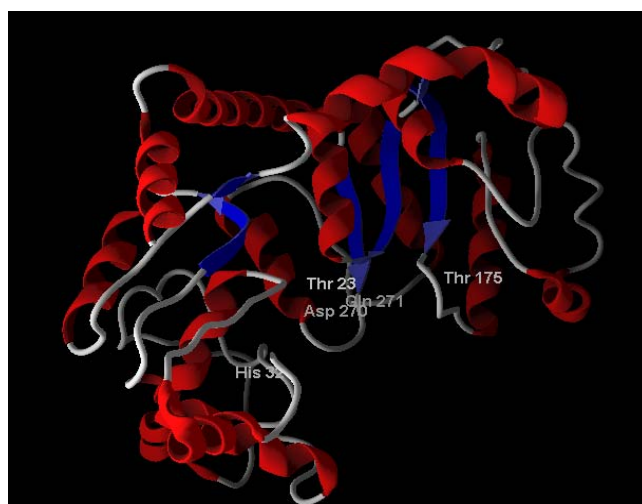
شکل ۵- شباهت سنجی پروتئین PgUFGT و پروتئین UDP-گلوکز: فلاونوئید گلوکز زیل ترانسفراز ، همچنین نمایش شباهت ۵۲ درصدی و حضور اسید آمینه‌های کاملا یکسان در جایگاه فعال هر دو آنزیم

جدول ۲- عناصر تنظیمی در راه‌انداز ژن‌های *VvMYBA1* و *VvMYBA3* که به محرک‌های محیطی پاسخ می‌دهند

نام عنصر تنظیمی	توالی	عملکرد
LAMP-element	CCAAAACCA	عنصر پاسخ‌دهنده به نور
AE-box	AGAAACAA	عنصر پاسخ‌دهنده به نور
ARE	TGGTTT	عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به شرایط بی‌هوای
CGTCA-motif	CGTCA	عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به متیل جاسمونات
TGACG-motif	TGACG	عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به متیل جاسمونات
ABRE	CACGTG	عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به آبسبزیک‌اسید
GAG-motif	GGAGATG	عنصر پاسخ‌دهنده به نور
Box 4	ATTAAT	قسمت حفاظت‌شده از DNA پاسخ‌دهنده به نور
Box I	TTTCAA	عنصر پاسخ‌دهنده به نور
Box-W1	TTGACC	عنصر پاسخ‌دهنده به محرک قارچی
CAAT-box	CAAT	عنصر تنظیمی عمومی سیس در راه‌انداز و ناحیه‌ی تقویت‌کننده
CAT-box	GCCACT	عنصر تنظیمی وابسته به بیان مریستم
G-Box	CACGTG	عنصر تنظیمی سیس پاسخ‌دهنده به نور
GATA-motif	GATAGGG	بخشی از عنصر پاسخ‌دهنده به نور
HSE	AGAAAATTCG	عنصر تنظیمی سیس پاسخ‌دهنده به تنش گرمایی
I-box	GATAGGG	بخشی از عنصر پاسخ‌دهنده به نور
Skn-1_motif	GTCAT	عنصر تنظیمی سیس مورد نیاز در بیان اندوسپرم
Sp1	CC(G/A)CCC	عنصر پاسخ‌دهنده به نور
GARE-motif	TCTGTTG	عنصر تنظیمی سیس پاسخ‌دهنده به جبرلین
P-box	CCTTTTG	عنصر تنظیمی سیس پاسخ‌دهنده به جبرلین
MRE	AACCTAA	جایگاه اتصال عامل تنظیم کننده MYB در شرایط تنش نور
MBS	TAAC TG	جایگاه اتصال عامل تنظیم کننده MYB در شرایط تنش خشکی
TCA-element	GAGAAGAATA	عنصر تنظیمی سیس پاسخ‌دهنده به سالیسیلیک‌اسید
TGA-element	AACGAC	عنصر پاسخ‌دهنده به اکسین
W box	TTGACC	نامشخص
circadian	CAANNNNATC	عنصر تنظیمی سیس درگیر در تنظیم چرخه‌ی روز-شب
rbC-CMA7a	GTCGATAAGG	بخشی از عنصر پاسخ‌دهنده به نور



الف

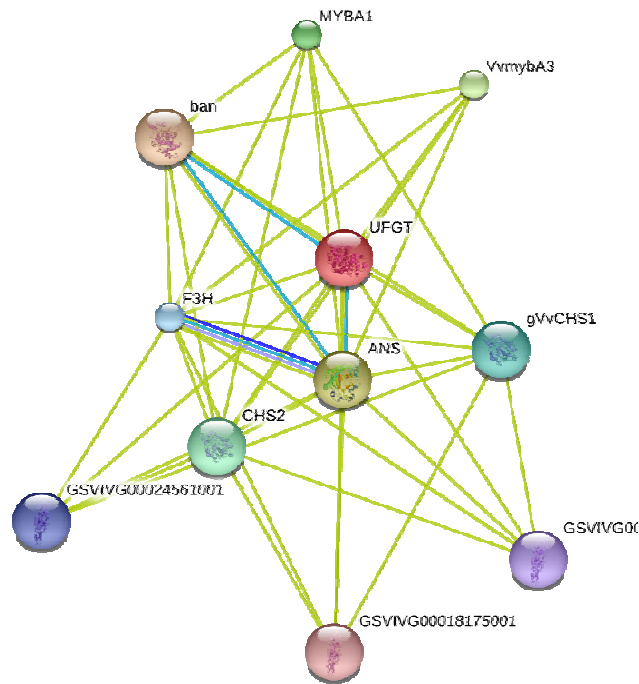


ب

شکل ۶- الف) ساختار سه بعدی VvUGT1 در بخش دهنده شش اسید آمینه حفاظت شده شامل Thr19, Thr141, Thr280, His350, Asp374, Gln375 و در قسمت پذیرنده ۴ اسید آمینه حفاظت شده Ser18, His 20, Gln84, His 150 مسئول واکنش اتصال مولکول UDP-گلوکز به کامفرول و دیگر مولکول های پذیرنده می باشد؛ ب) در ساختار سه بعدی پیش بینی شده PgUGFT, اسید آمینه های فوق نیز به صورت حفاظت شده به صورت Thr23, His32, Thr176, His246, Gln271 و Asp270 وجود دارند.

موجب درک تغییرات محیطی و انعطاف پذیری در پاسخ به شرایط تنش را می شود. در این راستا همکاری چندین ژن در مسیر بیوسنتز آنتوسیانین ها این هدف را دنبال می کنند (Offen et al. 2006). مطالعه شبکه ژنی دخیل در مسیر سنتز آنتوسیانین ها در گیاه انگور نشان می دهد که ژن *VvUGFT* محصول ژن *VvANS* را به همراه یک مولکول گلوکز به آنتوسیانین تبدیل می کند. مطالعات گسترده در انگور و نمایش شبکه ژنی بیانگر حضور ژن های شناخته شده ای نظیر *VvCHS* و *VvF3H* نیز در این مجموعه می باشد. اما وجود دو ژن تنظیم کننده *VvMYBA1* و *VvMYBA3*

پاسخ، به یکپارچه سازی رشد، توسعه و سوخت و ساز گیاه که به نوبه خود به تکامل منجر شده و در نهایت به مکانیسم های مختلف برای تنظیم هموستاز سلولی، نیاز است. گلیکوزیلاسیون یکی از این مکانیسم ها بوده که توسط خانواده بزرگ چند ژنی گلیکوزیل ترانسفراز، قادر به تشخیص مولکول های کوچک نظیر هورمون ها، متابولیت ثانویه و سموم حاصل از تنش های زنده و غیر زنده می باشند. ژن *UGFT* یکی از اعضای این خانواده است که قادر به اتصال مولکول گلوکز به آنتوسیانیدین و تولید رنگدانه های آنتوسیانین می باشد. در واقع، تولید رنگ علاوه بر زیبایی گیاه،



شکل ۷- شبکه ژنی پیش بینی شده ژن *VvUFGT* در مسیر بیوسنتز آنتوسیانین در انگور (www.ExPASy.org) ExPASy

مطالعه تعبیه شده است. نظر به اهمیت هورمون‌های گیاهی در کنترل شرایط رشد و نمو در شرایط مختلف محیطی و تولید متابولیت‌های ثانویه مثل آنتوسیانین، حضور موتیف‌های تنظیمی پاسخ دهنده به هورمون‌های گیاهی در پروموتور ژن‌های *VvMYBA1* و *VvMYBA3* قابل توجه است.

شباهت ساختار سه بعدی *VvUFGT* به پروتئین *PgUFGT* نشان داد که هر دو پروتئین به احتمال زیاد، مسیر مشابهی را در تولید آنتوسیانین طی می‌نمایند. نتایج حاصل از بیان ژن *PgUFGT* در سه رقم انار مطالعه شده نیز مطلب فوق را تایید کرد. از این رو با توجه به ترسیم شبکه ژنی آنتوسیانین در انگور و تجزیه و تحلیل پروموتورهای ژن *VvUFGT* و ژن‌های تنظیم کننده *VvMYBA1* و *VvMYBA3*، شرایط محیطی مشابه برای تولید آنتوسیانین قابل انتظار است. بنابراین می‌توان نتیجه‌گیری کرد که تولید رنگدانه‌های آنتوسیانین در انار مانند سایر گیاهان مطالعه شده نظیر انگور، هلو، سیب و بلوبری، واکنش در جهت بقا در شرایط متغیر

در شبکه حاضر، نشان می‌دهد که این مسیر با توجه به شرایط محیطی تنظیم می‌شود (شکل ۷).

تجزیه و تحلیل راه‌انداز ژن *VvUFGT* توسط سایت PlantCARE نشان داد که ژن مورد مطالعه در ناحیه بالادست خود حاوی عناصر تنظیم کننده MBS (جایگاه اتصال پروتئین تنظیم کننده MYB) بود (شکل ۸). در شرایط تنش به‌ویژه تنش‌های غیر زنده این پروتئین فعال شده و بیان ژن *VvUFGT* را کنترل می‌کند. به علاوه، نتایج حاصل از اسکن سایت PlantCARE در مورد راه‌انداز ژن‌های *VvMYBA1* و *VvMYBA3* نیز نشان داد که چندین عناصر تنظیمی موجود در پروموتور ژن‌های تنظیمی *VvMYBA1* و *VvMYBA3*، تولید آنتوسیانین توسط ژن *VvUFGT* را کنترل می‌کنند (جدول ۲).

نتایج حاصل از بررسی راه‌انداز ژن‌های *VvMYBA1* و *VvMYBA3* نشان داد که نور عامل محیطی مهمی در تنظیم بیان ژن *VvUFGT* می‌باشد. همچنین در پاسخ به تنش‌های محیطی نظیر خشکی و شوری نیز موتیف‌های تنظیم کننده متعددی در راه‌اندازهای مورد

```

>userseq29095 1330nt
+ GTTGGAAATGG GGGATGTTAC AATTGGGTTT TTGGCTGTGG AAGATTATAA ATCAGAGCAA GTCCATGGGG
- CAACCTTACC CCCTACAATG TTAAGCCCAA AACCGACAAC TTCTAATATT TACTCTCGTT CACGTAAGGG
+ GTTGTGAGAG TGGCAACTGC ATGGGGGTGG TCATCCACCC CTCCAAACAA ACCAACCCAA AACCAAAACCA
- CAACACTGTC ACCGTCACG TACCCCAAC AGTACGCTGG GAGCAATGTT TGGTGGGTT TTGGTTGGT
+ CCAGTCTGCA TGGCGGCCAA ACAAACAAA AATGGCAAAA AAAACAAAAC AAAACCAGGG CCAAGTCAAA
- GGTGAGACGT ACCGCCGGTT TCTTTCTTTT TTACCCTTTT TTTTGTGTTG TTTTGGTCCC CGTTCACTTT
+ GCTCTGTGTG AGCTTTTACT TTGCCATTGG TGGGATATAC GTGGTGAGTA GTAGCAGAG CATGTTTTTT
- CGAGACACAC TCGAAAATGA AACGGTAACC ACCCTAATG CACCACATCAT CATCGTTCCT GTACAAAAAA
+ AATTITACTT AAAAAATTAT TTCCATTCT AAAGAAAATA AAATTGTTTT CTAATTGAA AAATATGATT
- TTAANAATGAA TTTTTTAATA AAAGGTAAGT TTTCTTTTAT TTTAACAAA GATTAABACTT TTTATACTAA
+ CAATAAATTT TTTGAAATAA ATTAATGTTT TCAAAATTA AATTGATTA ACCTCAATGT TTTTAAGCAT
- GTTATTTAAA AAACITTAAT TAATTACAAA AGTTTTAAT AAACITTAAT TGGGGTAACA AAAATTCCTA
+ AAATTAABAAT TTTTTTTTTT AGGAATGTTG AAAGGTGGA GACGTTTTA AAAGTTTTTG TATTCACAT
- TTAATTTTA AAAAAAATAA TCCTTACAAC TTTTCCACCT CTTCGAAAAT TTTTAAAAAC ATAAGGTGTA
+ GATATATATT ATTTTATGA ACAGACTAA AAAAATTATT TTTTATATT TGGTATTAG ATAGAATTTT
- CTATATATAA TAAAAACTT TCCTTGATT TTTTAATAA AAAATATAA ACCAATAATC TATCTAAAA
+ GTTACCAAAA ACAATTGAAA AATATTTTAA AGAATTATT TCAAAAATA CTTTTTAAGA ATTGATTTTG
- CAATGGTTTT TGTAACTTT TTATAAATTT TCTTAATAA AGTTTTTTAT GAAAAATCT TAACTAABAC
+ AAAAAGCAAT TAATTAAGA AATTAAGCA GTTGTGTGAA AACTTTTTG AAAAGATCCA AAAACTGTAT
- TTTTCGTTA ATTAATTTCT TTAATTTCTT CAACAACAT TTGAAAAAAC TTTTCTAGGT TTTTGACATA
+ TTTAACTTAA AAGGTAAGGG TCATTGAT AATTAATTTT TAGAACGGT TTCTATTCTT TAAAAAATA
- AAATTTAAT TTCCATCCC AGATAAATA TTAATAAAA ATCTTGCCAA AAGATAAGAA ATTTTGTTTT
+ AATTAAGATA ATACATTTAA CAATAAAAAA TTATTATATA TAGAAAACA AGTATTTTCA CAAAAATAT
- TTAATTTCTA TAATTAATTT GTTATTTTTT AATAAATAT ATCTTTTGT TCAATAAAGT CTTTTATATA
+ TTTAATTAAT TTTTATGAT GTTTTGAATA ATAATTATAC AAATATGTAG AATGATTAAG AATAAATATC
- AAATTAATAA AAAAATCTTA CAAAACTTTT TATTAATATG TTTATACATC TTACTAATTT TTATTTATG
+ TAGATATCAA ACTTATTTT AAAATAAAT AAAAATATTT AAAAATATGT TAAAGATTT TAAATTTATA
- ATCTATAGTT TGAATAAAAA TTTTATTTGA TTTTATATA TTTTATACA ATTTTCTAAA ATTTAATAAT
+ AACCAATTTT TGTTTTACAA AACATTAGAT AATGGTTTTA AAAAATCTTT TTTTATAACT GTTTTATAAA
- TTGTTTTAAA ACAAAATGTT TTGTAATCTA TTACCAAAAT TTTTGTATAA AAAATATTTA CAAAATATTT
+ ACAGTTATCA AACAGACCTT AAATTTTTTA CAGAAAATAT TTTTTGAGA ATGTTTCTA AAAACAAGTT
- TGCAATAGT TTGCTGCAA TTTAAAAAAT GTCITTTATA AAAAATCTCT TACACAGAT TTTTGTCAA
+ ATTTTTAGA TCAAGTCAA TAGCTCTCA ATCGTGTTTT TGTAAAGTAT TTTAGATAAC AATTGAAATA
- TAAAAATCTT AGTTCAGATT ATACGACAGT TAGCACAAA ACATTTTATA AAATCTATG TTAACITTTAT
+ TCAAAAAAT TCAACAAT TTTTATTCG GTATAATTAT ACAACACCTT CATGTGCAAT AACACAAAA
- ACTTTTTATA AAGTTGTTAA AAAAATAAGC CATATTAATA TGTGTGGGA GTACACCTTA TTCTGGTTTT
+ TATCGTTTTT CATATTTATG TTCTAGATA AATTTGTTC TTAAGACAA TTTAAAAAAA AATGATGTC
- ATAGCAAAAA GTATAAATAC AAGGATCTAT TTAACAACAG AATTTCTGTT AAATTTTTTT TACTACAG

```

شکل ۸- تجزیه و تحلیل راهانداز ژن *VvUGT* و نمایش عناصر تنظیم کننده MBS (جایگاه اتصال پروتئین‌های تنظیم کننده MYB)

منابع

- Bitsch R, Netzel M, Frank T, Strass G, Bitsch I (2004) Bioavailability and biokinetics of anthocyanins from red grape juice and red wine. *Journal of Biomedicine and Biotechnology* 293-298.
- Boudet AM (2007) Evolution and current status of research in phenolic compounds. *Photochemistry* 68: 2722-2735.
- Cristina L, Aizza B, Dornelas MC (2011) A genomic approach to Study anthocyanin synthesis and flower pigmentation in Passionflowers. *Journal of Nucleic Acids* Article ID 371517, 17 pages.
- De Pascual-Teresa S, Sanchez-Ballesta MT (2008) Anthocyanins: from plant to health. *Phytochemical Review* 7: 281-299.

محیطی می‌باشد. بر اساس مطالعه حاضر، توجه به شرایط محیطی قابل رشد گیاهان تولید کننده آنتوسیانین نظیر انار و انگور بسیار حائز اهمیت می‌باشد. این مطلب به‌ویژه در تولید آنتوسیانین در کشت تعلیقی و فراهم آوردن عوامل محیطی موثر در جهت افزایش بیان ژن‌های سنتز کننده آنتوسیانین، مصادق بیشتری دارد. لذا به نظر می‌رسد که کنترل میزان تولید آنتوسیانین در گیاه بر اساس شناخت تاثیر شرایط محیطی امکان‌پذیر می‌باشد.

- Du CT, Wang PL, Francis FJ (1975) Anthocyanins of pomegranate (*Punica granatum*). Journal of Food Science 40: 417-418.
- Einbond LS, Reynertson KA, Luo X, Basile MJ, Kennelly EJ (2004) Anthocyanin antioxidants from edible fruits. Food Chemistry 23-28.
- Garcia-Alonso M, Rimbach G, Sasai M, Nakahara M, Matsugo S, Uchida Y, Rivas-Gonzalo JC, De Pascual-Teresa S (2005) Electron spin resonance spectroscopy studies on the free radical scavenging activity of wine anthocyanins and pyranoanthocyanins. Molecular Nutrition and Food Research 49: 1112-1119.
- Gil M, Toma's-Barbera'n FA, Hess-Pierce B, Holcroft DM, Kader AA (2000) Antioxidant activity of pomegranate juice and its relationship with phenolic composition and processing. Journal of Agricultural Food Chemical 48: 4581-4589.
- Gould KS, Lister C (2006) Flavonoid functions in plants. Page 397-441 in Flavonoids: Chemistry, Biochemistry and Applications. Andersen M, Markham KR (eds). Boca Raton, FL: CRC Press.
- Harbone JB (1988) Phytochemical Methods. Chapman and Hall, London.
- Harbone JB (1994) The handbook of Natural Flavonoids. Chapman and Hall, London.
- Jaakola L (2003) Flavonoid biosynthesis in bilberry (*Vaccinium myrtillus* L.). Academic Dissertation. Faculty of Agriculture and Forestry. University of Helsinki, Finland.
- Jing P, Bomser JA, Schwartz SJ, He J, Magnuson BA, Giusti MM (2008) Structure-function relationships of anthocyanin from various anthocyanin-rich extracts on the inhibition of colon cancer cell growth. Journal of Agricultural Food Chemical 56: 9391-9398.
- Jurenka J (2008) Therapeutic applications of pomegranate (*Punica granatum* L.). Alternative Medicine Review 13: 128-144.
- Konczak, I, Zhang W (2004) Anthocyanins: More than nature's colors. Journal of Biomedicine and Biotechnology 5: 239-240.
- Lapidot T, Harel S, Granit R, Kanner J (1998) Bioavailability of red wine anthocyanins as detected in human urine. Journal of Agricultural Food Chemical 46: 4297-4302.
- Offen W, Martinez-Fleites C, Yang M, Eng Kiat-Lim E, Davis BG, Chris A, Tarling CA, Ford CM, Bowles DJ, Davies GJ (2006). Structure of a flavonoid glucosyltransferase reveals the basis for plant natural product modification. EMBO Journal 25: 1396-1405.
- Rajani S, Mahalakshmi S, Deepa VM, Sathya K, Shajitha S, Thirunalasundari T (2011) Antioxidant potentials of *Punica granatum* fruit rind extracts. International Journal of Pharmaceutical Sciences 3: 82-88.
- Tsuda T, Yamaguchi M, Honda C, Moriguchi T (2004) Expression of anthocyanin biosynthesis genes in the skin of peach and nectarine fruits. Journal of the American Society and Horticulture Science 129: 857-862.
- Tzin V, Galili G (2010) The biosynthetic pathways for shikimate and aromatic amino acids in *Arabidopsis thaliana*. The Arabidopsis Book 8: e0132. doi: 10.1199/tab.0132.