

شناسایی فاکتورهای رونویسی مؤثر در تنظیم بیان ژن گاما توکوفرول متیل ترنسفراز با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی

Identification of transcription factors involved in the transcriptional regulation of gamma tocopherol methyl transferase gene using bioinformatics tools

نینا مستورطهرانی^۱، علیرضا طالعی^{۱*}، ناصر فرخی^۲، محمدرضا نقوی^۱، مهدی غفاری^۳

- ۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران
- ۲- دانشیار، دانشکده علوم و فناوری زیستی، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ایران
- ۳- استادیار، بخش دانه‌های روغنی، مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

Mastour Tehrani N¹, Taleei A^{*1}, Farrokhi N², Naghavi MR¹, Ghaffari M³

- 1- PhD Student, Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran
- 2- Associated Professor, Faculty of Science and Advanced Technologies, Shahid Beheshti University, Tehran, Iran
- 3- Assistant Professor, Oil Seeds Department, Seed and Plant Improvement, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ataleei@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۸/۰۹/۰۶ - تاریخ پذیرش: ۹۹/۰۶/۰۲)

چکیده

روغن‌های خوراکی به‌عنوان یکی از کالاهای اساسی موجود در سبد غذایی مردم می‌باشند و حفظ پایداری اکسیداتیو آن‌ها به‌منظور افزایش عمر انبارداری و ارتقای ارزش کیفی و تغذیه‌ای محصول از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. دستیابی به این هدف توسط افزایش محتوای آنتی‌اکسیدان‌های طبیعی نظیر توکوفرول‌ها به‌صورت افزودنی و یا به‌واسطه تغییر محتوا و ترکیب آن‌ها در بذور گیاهان دانه روغنی از طریق مهندسی متابولیک آزنیم‌های کلیدی و یا فاکتورهای رونویسی دخیل در مسیر بیوسنتز توکوفرول محقق می‌شود. هدف از پژوهش حاضر شناسایی فاکتورهای رونویسی متناظر با موتیف‌های حفاظت شده موجود در توالی پرموتری ژن *VTE4* به‌عنوان یک گلوگاه محدودکننده در بیوسنتز توکوفرول با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی، می‌باشد. نتایج حاصل نشان داد که فاکتورهای رونویسی حاصل عمدتاً متعلق به خانواده‌های همئودومین (۲۴/۴ درصد)، bZIP (۱۷/۱ درصد)، SANT/MYB (۱۴/۶ درصد)، K-box (۱۲/۲ درصد)، MADS-box (۱۲/۲ درصد) و MYB (۱۲/۲ درصد) می‌باشند. علاوه بر این، تحلیل عملکردی فاکتورهای رونویسی بیانگر وجود یک ارتباط متقابل معنی‌دار میان پاسخ به تنش‌های غیرزنده، مسیرهای سیگنال‌دهی هورمون و به‌خصوص آبسزیک اسید و جیبرلیک اسید و مسیر بیوسنتز توکوفرول بود. از طرف دیگر، نقش برجسته محرک‌های نوری و به‌ویژه نور قرمز و مادون قرمز و اجزای مسیر سیگنالینگ نوری در القای بیان فاکتورهای رونویسی *VTE4* مشاهده شد.

واژه‌های کلیدی

آنتی‌اکسیدان
توکوفرول
فاکتورهای رونویسی
گاما توکوفرول متیل ترنسفراز
مسیر سیگنالینگ نوری

از نظر ساختار فیلوژنتیکی، توزیع موتیف‌ها و تحلیل عملکردی، مورد بررسی قرار گرفتند.

برای این منظور، ابتدا ژن‌های کلیدی مسیر بیوستز توکوفرول در گیاه مدل *Arabidopsis thaliana* شامل ۴-هیدروکسی فیل پیروات دی اکسیژناز (*PDS1*; AT1G06570)، هموجنتیسیک اسید پرنیل ترانسفراز (*VTE2*; AT2G18950)، *MPBQ* متیل ترانسفراز (*VTE3*; AT3G63410)، توکوفرول سیکلاز (*VTE1*; AT4G32770)، گاما توکوفرول متیل ترانسفراز (*VTE4*; AT1G64970) و فیتول کیناز (*VTE5*; AT5G04490) شناسایی شدند و تحلیل عملکردی هر یک از آن‌ها با توجه به منابع علمی موجود انجام شد (Fritsche et al. 2017b). علاوه بر این، بررسی شبکه ارتباطی آنزیم‌های دخیل در مسیر بیوستز توکوفرول در پایگاه *STRING* (<https://string-db.org>) صورت گرفت.

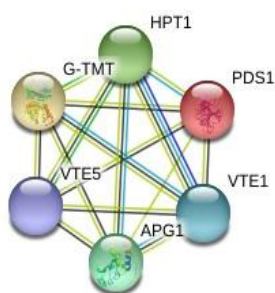
در گام نخست، توالی ژن گاما توکوفرول متیل ترانسفراز از پایگاه *NCBI* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) استخراج شد. هم‌چنین به‌منظور یافتن موتیف‌های حفاظت‌شده موجود در ناحیه پروموتری این ژن، توالی ۱۵ ژن ارتولوگ با استفاده از *Nucleotide Blast* (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>)، به‌دست آورده شد. از آنجایی‌که این ژن‌ها در دامنه گسترده‌ای از فواصل تکاملی نسبت به *A. thaliana* قرار گرفته‌اند در نتیجه شناسایی موتیف‌های حفاظت‌شده در توالی‌های پروموتری، معیار مناسبی جهت سنجش حفاظت‌شدگی در طی تکامل می‌باشد. در مرحله بعد، بازیابی توالی‌های پروموتری هر یک از ژن‌ها، در محدوده ۱۲۰۰ نوکلئوتید از بالادست کدون آغاز ترجمه (ATG) با استفاده از پایگاه *NCBI* (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) و نرم‌افزار *MEGA7*، صورت گرفت (Kumar et al. 2016). سپس، موتیف‌های مشترک موجود در نواحی پروموتری ژن‌های ارتولوگ با استفاده از حالت کلاسیک ابزار *MEME* (<http://meme-suite.org>) و توزیع صفر یا یک موتیف در هر دو رشته توالی (*zoops*) و مدل زمینه *0-order Markov-chain frequencies* (Bailey and Elkan 1994; Bailey et al. 2009) شناسایی و مجموعه توالی‌های واجد مقادیر *E-value* کمتر از ۰/۰۵، انتخاب شدند.

روغن‌های گیاهی از اجزای مهم زنجیره غذایی انسان هستند و حفظ پایداری اکسیداتیو آن‌ها، از لحاظ اقتصادی و تغذیه‌ای حائز اهمیت است. توکوفرول‌ها به‌همراه توکوترینول‌ها و پلاستوکرومانول‌ها که در مجموع به‌عنوان ویتامین E شناخته می‌شوند از جمله آنتی‌اکسیدان‌های غیرآزمی می‌محلول در چربی هستند که صرفاً در موجودات فتوسنتزکننده، ساخته می‌شوند. این دسته از ویتامین‌ها توسط تنظیم بیان ژن، انتقال سیگنال و هم‌چنین تنظیم برهمکنش‌های پروتئین-غشا، اثرات زیستی مثبتی را برای سلول فراهم می‌آورند (Galli et al. 2017). لذا برنامه‌های اصلاحی به‌منظور افزایش محتوای توکوفرول‌ها در روغن‌های خوراکی نه تنها می‌تواند تأثیر مثبتی بر پایداری روغن در زمان ذخیره‌سازی داشته باشد بلکه هم‌چنین در تأمین یک رژیم غذایی بهینه در راستای ارتقای سلامت انسان، سودمند است (Fritsche et al. 2017a).

فاکتورهای رونویسی، یک جزء کلیدی از شبکه‌های تنظیمی ژن با جایگاه اتصال اختصاصی در نواحی پروموتری می‌باشند (Segal and Widom 2009). مطالعات ساختاری کمپلکس‌های پروتئین DNA و تکنیک‌های نسل جدید توالی‌یابی مانند *SELEX-seq* و *ChIPseq* از جمله روش‌های تجربی مورد استفاده جهت شناسایی جایگاه اتصال فاکتورهای رونویسی (TFBs)، می‌باشند (Koboldt et al. 2013). کاربرد روش‌های تجربی موجب گسترش پایگاه‌های پیش‌بینی جایگاه اتصال فاکتورهای رونویسی مانند *CIS-HOCOMOCO*، *UniPROBE*، *JASPAR*، *TRANSFAC* و *BP SwissRegulon* شده است (Matys et al. 2006; Pachkov et al. 2013; Weirauch et al. 2014; Hume et al. 2015; Khan et al. 2018; Kulakovskiy et al. 2018). براینده نتایج حاصل از مطالعات تجربی و هم‌چنین کاربرد پایگاه‌های برخط مرتبط با پیش‌بینی جایگاه‌های اتصال فاکتورهای رونویسی، درک ما در خصوص برهمکنش‌های TFs و TFBSs، شبکه‌های تنظیمی TFs و نیز مکانیسم‌های تنظیم رونویسی در گونه‌ها، بافت‌ها و مراحل نموی مختلف را به‌طور قابل ملاحظه‌ای، افزایش می‌دهد. لذا در این مطالعه فاکتورهای رونویسی دخیل در مسیر بیوستز توکوفرول با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی استخراج شده و

توکوفرول‌ها نیز نقش ایفا کنند. مطابق با داده‌های حاصل از VTE1, VTE5 و G-TMT, VTE1 با PDS1 هم‌بیانی، STRING، هم‌بیانی PDS1 با VTE1، G-TMT و VTE1 با تمام آنزیم‌های مسیر و G-TMT نیز با کلیه آنزیم‌های مسیر به استثنای HPT1 ترسیم شده بود.

مرحله نهایی سنتز توکوفرول به واسطه آنزیم کلیدی گاما-توکوفرول متیل ترنسفراز (γ -TMT) با فعالیت متیلاسیون سیگما- و گاما-توکوفرول به بتا- و آلفا-توکوفرول، کاتالیز می‌شود. از آنجایی که اکثر گونه‌های گیاهی عمدتاً گاما-توکوفرول (بیش از ۹۵ درصد) را در بذور انباشته می‌سازند بنابراین فعالیت آنزیم γ -TMT یک گل‌گاه محدودکننده در سنتز آلفا-توکوفرول در بذور و بنابراین یک ژن کلیدی جهت مهندسی متابولیک گیاهان زراعی با هدف افزایش سطوح آلفا-توکوفرول می‌باشد. اندریگ کیت و همکاران نشان دادند که بیان ژن *VTE4* از *Brassica napus*، قادر به ۵۰ برابر افزایش در محتوای آلفا-توکوفرول در بذور گیاهان آراییدوپسیس تراریخته و در نتیجه به‌عنوان یک کاندیدای نویدبخش جهت گزینش مبتنی بر نشانگر گیاهان کلزای حاوی میزان زیاد آلفا-توکوفرول، عمل می‌کند (Endrigkeit et al. 2009). نظر به جایگاه ویژه این آنزیم در تولید فرآورده‌های نهایی مسیر بیوستز توکوفرول به‌عنوان ژن انتخابی جهت ادامه مطالعه، گزینش شد. پس از استخراج توالی ژن *VTE4* در *A. thaliana* و نیز ژن‌های ارتولوگ آن، بازیابی نواحی پرموتری آن‌ها در دامنه ۱۲۰۰ نوکلئوتید از بالادست کدون آغاز ترجمه، صورت گرفت و حضور موتیف‌های حفاظت‌شده در پایگاه MEME Suite، مورد ارزیابی قرار گرفت.



شکل ۱- شبکه برهمکنش پروتئین-پروتئین آنزیم‌های دخیل در مسیر بیوستز توکوفرول. خط سیاه: هم‌بیانی؛ خط آبی روشن: استخراج از منابع بازنگری شده؛ خط آبی تیره: وقوع هم‌زمان؛ خط سبز روشن: استخراج از متون علمی؛ خط سبز تیره: همسایگی ژن.

در گام بعد، هم‌ردیفی چندگانه توالی‌های پروتئینی ژن‌های ارتولوگ با روش ClustalW در نرم‌افزار Mega7، انجام شد (Kumar et al. 2016). پس از ویرایش توالی‌ها و انتخاب نواحی واجد بالاترین میزان حفاظت‌شدگی، ترسیم درخت فیلوژنتیکی در نرم‌افزار Mega7، با استفاده از روش آماری حداکثر درست‌نمایی و مدل جایگزینی آمینواسیدی JTT (Jones-Taylor-Thornton)، صورت گرفت. همچنین، به‌منظور اعتبارسنجی و تأیید صحت ترسیم درخت‌های فیلوژنتیکی از آزمون Bootstrap با تکرار ۱۰۰۰ مرتبه استفاده شد.

در ادامه، به‌منظور شناسایی جایگاه‌های اتصال فاکتورهای رونویسی موجود در هر یک از موتیف‌های حفاظت‌شده از پایگاه PlantPAN 3.0 (www.http://plantpan.itps.ncku.edu.tw) و ابزار جستجوی CHIP-seq (<http://pcbase.itps.ncku.edu.tw/>) که با پایگاه‌های GEO (Gene Expression Omnibus) و SRA (Sequence Read Archive) ارجاع متقابل دارد، استفاده شد. حاشیه‌نویسی و تحلیل عملکردی فاکتورهای رونویسی یافت‌شده در پایگاه DAVID (<https://david.ncifcrf.gov/>)، صورت گرفت. در نهایت، بررسی شبکه برهمکنش پروتئین-پروتئین فاکتورهای رونویسی انتخابی در پایگاه STRING انجام شد.

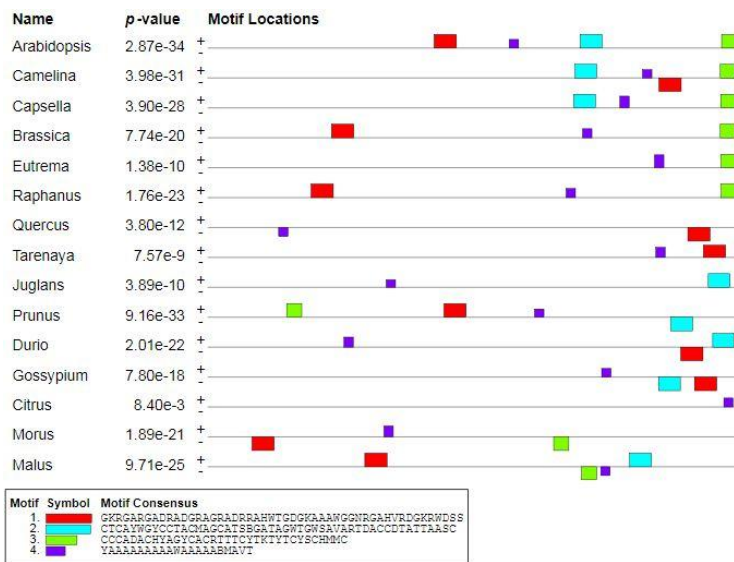
نتایج حاصل از بررسی شبکه ارتباطی آنزیم‌های مسیر بیوستز توکوفرول، نشان داد که تمامی آنزیم‌های مسیر از لحاظ عملکردی در ارتباط متقابل با یکدیگر می‌باشند و در سیتوپلاسم و نیز به‌عنوان بخشی از غشاهای داخلی کلروپلاست، فعالیت می‌کنند (شکل ۱) از این گذشته، بررسی حاشیه‌نویسی ژن‌های مسیر در پایگاه DAVID نشان داد که افزون بر مسیر بیوستز ویتامین E در فرایندهای بیوستزی پلاستوکوئینون‌ها (APG1 و PDS1)، بارگذاری سوکروز در آوند آبکش (HPT1 و VTE1)، تنظیم پاسخ‌های دفاعی و محرک‌های دمایی (HPT1 و VTE1)، متیلاسیون (G-TMT و APG1)، فرایندهای متابولیک ترکیبات آلی حلقوی (APG1, G-TMT, PDS1, VTE1 و VTE5) و کربوکسیلیک اسید (HPT1, PDS1 و VTE1)، مشارکت دارند. نکته قابل توجه در این زمینه نقش ویژه ژن‌های HPT1 و VTE1 در فرایندهای متابولیک اسیدهای چرب می‌باشد که در نتیجه فاکتورهای رونویسی مؤثر در این مسیر می‌توانند در بیوستز

نتایج حاصل بیانگر وجود ۴ موتیف حفاظت‌شده در توالی پروموتری این ژن می‌باشد که دارای فراوانی قابل ملاحظه‌ای در گونه‌های مورد مطالعه، بودند. توالی و مشخصات موتیف‌های حفاظت‌شده در جدول ۱ ذکر شده است. اگرچه توالی‌های تنظیمی موجود در نواحی پروموتری ژن‌ها، از حفاظت‌شدگی بالایی در گونه‌های با فواصل خویشاوندی دور، برخوردار می‌باشند با این حال الگوی مشابهی در ترتیب و پراکنش موتیف‌های حفاظت‌شده در میان گونه‌های مختلف، مشاهده نشد (شکل ۲). توالی حفاظت‌شده ۱ با کمترین مقدار E-value، در ۷۳ درصد از گونه‌های مورد مطالعه و حتی در گونه‌هایی با قرابت خویشاوندی دور نظیر *Gossypium Durio zibethinus*

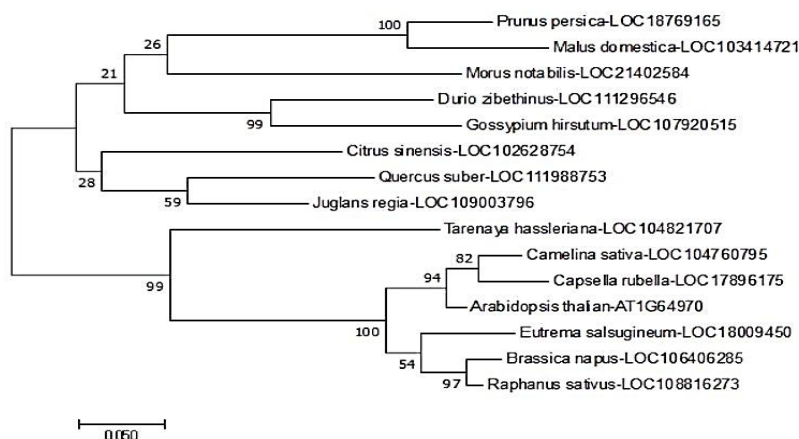
نتایج حاصل بیانگر وجود ۴ موتیف حفاظت‌شده در توالی پروموتری این ژن می‌باشد که دارای فراوانی قابل ملاحظه‌ای در گونه‌های مورد مطالعه، بودند. توالی و مشخصات موتیف‌های حفاظت‌شده در جدول ۱ ذکر شده است. اگرچه توالی‌های تنظیمی موجود در نواحی پروموتری ژن‌ها، از حفاظت‌شدگی بالایی در گونه‌های با فواصل خویشاوندی دور، برخوردار می‌باشند با این حال الگوی مشابهی در ترتیب و پراکنش موتیف‌های حفاظت‌شده در میان گونه‌های مختلف، مشاهده نشد (شکل ۲). توالی حفاظت‌شده ۱ با کمترین مقدار E-value، در ۷۳ درصد از گونه‌های مورد مطالعه و حتی در گونه‌هایی با قرابت خویشاوندی دور نظیر *Gossypium Durio zibethinus*

جدول شماره ۱- مشخصات موتیف‌های حفاظت‌شده در توالی پروموتری ژن‌های ارتولوگ *VTE4* در *A. thaliana*

نماد ژن	شماره موتیف	موتیف پیش‌بینی شده	E-value	طول
G-TMT	۱	GKRGARGADRADGRAGRADRRRAHWTGDGKAAAAGGNGRA HVRDGRKRWDS	2.2e-016	۵۰
G-TMT	۲	CTCAYWGYCCTACMAGCATSBGATAGWTGWSAVARTDACC DTATTAASC	5.1e-008	۴۹
G-TMT	۳	CCCADACHYAGYCACRTTTCYTKTYTCYSCHMMC	7.2e-008	۳۴
G-TMT	۴	YAAAAAAAAAWAAAAABMAVT	1.3e-001	۲۱



شکل ۲- موقعیت موتیف‌های حفاظت‌شده در نواحی پروموتری ژن‌های ارتولوگ *VTE4* در *A. thaliana*؛ موتیف حفاظت‌شده ۱: رنگ قرمز؛ موتیف حفاظت‌شده ۲: رنگ آبی؛ موتیف حفاظت‌شده ۳: رنگ سبز؛ موتیف حفاظت‌شده ۴: بنفش.



شکل ۳- درخت فیلوژنتیک ژنهای ارتولوگ *VTE4* با استفاده از روش آماری حداکثر درست‌نمایی و آزمون Bootstrap با ۱۰۰۰ مرتبه تکرار

در پایگاه *STRING*، وجود همپوشانی را در پاسخ به هورمون‌های مختلف به در برخی از فاکتورها، نشان می‌دهد. به‌عنوان مثال، القای بیان *MYB3R3* در پاسخ به هورمون‌های اتیلن، اکسین، سالیسیک اسید و جاسمونیک اسید و *MYBR1* و *CCA1* به‌صورت هم‌زمان در پاسخ به اتیلن، اکسین، آبسازیک اسید، جیبرلین سالیسیک اسید و جاسمونیک اسید، صورت می‌گیرد. نکته قابل ملاحظه دیگر، مشارکت ۶۱ درصد از فاکتورها در پاسخ به محرک‌های غیرزنده نظیر محرک‌های دمایی و همچنین تنش‌های محیطی به‌ویژه خشکی (۲۱/۹۵ درصد) و شوری (۱۴/۶ درصد) می‌باشد. چنان‌که در مطالعات تجربی به اثبات رسیده است ارتباط متقابلی بین پاسخ به تنش‌های محیطی و به‌ویژه محرک‌های غیرزنده و مسیرهای سیگنال‌دهی هورمونی متفاوت وجود دارد (Kollist et al. 2019). در مطالعه حاضر نیز بر اساس نتایج *STRING*، القای بیان نسبت زیادی از فاکتورها در پاسخ به تنش‌های محیطی و هورمون‌ها و به‌خصوص هورمون‌های آبسازیک اسید، جیبرلین اسید و سالیسیک اسید به‌طور هم‌زمان صورت می‌گرفت (*ATHB-7*, *AGL20*, *ABI5*, *ABF4*, *CCA1*, *CRY2*, *HAT22*, *HB6*, *LEC1*, *MYB3*, *MYBR1*, *PIL5* و *RG1*). در شرایط تنش‌های اکسیداتیو ظرفیت آنتی‌اکسیدانی گیاه و از جمله توکوفرول‌ها به‌منظور مهار گونه‌های اکسیژن واکنش‌پذیر (*ROS*)، افزایش می‌یابد در نتیجه احتمالاً ارتباط معنی‌داری بین اشتراک فاکتورهای رونویسی متناظر با موتیف‌های حفاظت شده در ژن *VTE4* و نیز فاکتورهای القاونده در پاسخ

همان‌طورکه مشاهده می‌شود در درخت فیلوژنتیکی ترسیم شده *A. thaliana*، *Camelina sativa*، *Capsella rubella*، *B. napus* و *Eutrema salsugineum* در خوشه‌های یکسانی قرار می‌گیرند و مقایسه الگوی پراکنش موتیف‌ها نیز بیانگر وجود حداقل سه موتیف مشترک با ترتیب نسبتاً مشابه در این گونه‌ها، می‌باشد. بر اساس نتایج حاصل از پایگاه *PlantPAN 3.0*، ۴۱ فاکتور رونویسی متناظر با موتیف‌های حفاظت‌شده، شناسایی شد که مطابق با داده‌های پایگاه *InterPro* (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>) به ترتیب از بیشترین فراوانی‌ها در خانواده‌های هم‌نومین (۲۴/۴ درصد)، *bZIP* (۱۷/۱ درصد)، *SANT/MYB* (۱۴/۶ درصد)، *K-box* (۱۲/۲ درصد)، *MADS-box* (۱۲/۲ درصد) و *MYB* (۱۲/۲ درصد) برخوردار بودند (به جدول تکمیلی ۱ مراجعه شود). علاوه بر این، نتایج حاصل از پایگاه *KEGG* (<https://www.genome.jp/kegg/>)، حاکی از نقش برجسته فاکتورهای رونویسی حاصل در مسیرهای انتقال سیگنال هورمونی (۱۴/۶ درصد) و نیز تنظیم ریتم‌های شبانه روزی گیاه (*Circadian rhythm*) (۴/۹ درصد) می‌باشد. بنابراین القای بیان شمار زیادی از این فاکتورها در پاسخ به هورمون‌ها و به‌ویژه آبسازیک اسید (۳۲/۵ درصد) و در مراتب بعدی جیبرلین (۱۷/۱ درصد)، سالیسیلیک اسید (۱۲/۲ درصد)، جاسمونیک اسید (۷/۳ درصد)، اکسین (۷/۳ درصد) و اتیلن (۷/۳ درصد) صورت می‌گیرد. از این گذشته، نتایج بررسی شبکه برهمکنش فاکتورها

تولید محصولات متحمل به تنش مورد استفاده قرار می‌گیرد (Gómez et al. 2019). شایان ذکر است که مطابق با نتایج بررسی حاشیه‌نویسی فاکتورها در پایگاه DAVID نسبت زیادی از فاکتورها در پاسخ سلولی به لیپید (۴۳/۹ درصد)، شرکت می‌کردند که می‌تواند حاکی از مکانیسم‌های تنظیم رونویسی مشابه مسیر بیوستز توکوفرول و اسیدهای چرب باشد. افزون بر این، حدود نیمی از فاکتورها در فرایندهای نمو و بالانحس فرایندهای نمو پس از جنینی و ساختارهای تولیدمثلی، مشارکت داشتند. براینکه این بررسی فرایندهای بیولوژیک فاکتورهای رونویسی انتخابی، بیانگر یک ارتباط متقابل سه جانبه بین پاسخ به تنش‌های محیطی غیرزنده، مسیرهای سیگنال‌دهی هورمون و بیوستز توکوفرول از یک طرف و ارتباط متقابل سه جانبه دیگر بین مسیرهای سیگنال‌دهی نوری، هورمون و بیوستز توکوفرول از جانب دیگر برقرار است که مطابق با نقش بیولوژیک توکوفرول‌ها، قابل توجه است و محوریت مسیرهای سیگنال‌دهی هورمونی و نور را در تنظیم مسیر بیوستز توکوفرول نشان می‌دهد.

به تنش‌های غیرزنده و نیز هورمون‌ها به‌ویژه آبسزیک اسید و جیبرلیک اسید وجود دارد. افزون بر این، نقش شمار معنی‌داری از فاکتورهای رونویسی یافت شده در پاسخ به نور (۳۱/۷ درصد) و به‌خصوص نور قرمز و مادون قرمز و آبی و نیز فرایندهای وابسته به نور از جمله تنظیم جوانه‌زنی بذر، ریخت‌زایی نوری، فتوتروپسیم و ریتم شبانه‌روزی مشاهده شد. آنزیم‌های دخیل در مسیر بیوستز توکوفرول در غشای داخلی کلروپلاست مستقر بوده و افزون بر این توکوفرول‌ها در حفظ پایداری و سیالیت غشاهای زیستی و نیز حفاظت از دستگاه فتوسنتزی در برابر ROS ناشی از فرایند فتوسنتز، نقش بازی می‌کنند (Chen et al. 2018). همچنین، محتوا و ترکیب متابولیت‌های واقع در غشاهای زیستی در پاسخ به شرایط نوری، تغییر می‌کند. نکته قابل توجه دیگر، برهمکنش متقابل مسیرهای سیگنالینگ نوری و هورمونی با یکدیگر (Vandenbussche 2019) و نیز مسیر بیوستز توکوفرول به‌عنوان جزئی حیاتی از شبکه آنتی‌اکسیدانی گیاه می‌باشد که امروزه دستوری پاسخ به تنش‌های اکسیداتیو به‌عنوان راهکاری برای

منابع

Bailey TL, Boden M, Buske FA, Frith M, Grant CE, Clementi L, Ren J, Li WW, Noble WS (2009) MEME SUITE: tools for motif discovery and searching. *Nucleic Acids Research* 37: W202-208.

Bailey TL, Elkan C (1994) Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in biopolymers. *Proceedings. International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology* 2: 28-36.

Chen Y, Zhou B, Li J, Tang H, Tang J, Yang Z (2018) Formation and Change of Chloroplast-Located Plant Metabolites in Response to Light Conditions. *International Journal of Molecular Sciences* 19: 654.

Endrigkeit J, Wang X, Cai D, Zhang C, Long Y, Meng J, Jung C (2009) Genetic mapping, cloning, and functional characterization of the BnaX.VTE4 gene encoding a γ -tocopherol methyltransferase from oilseed rape. *Theoretical and Applied Genetics* 119: 567-575.

Fritsche S, Wang X, Jung C (2017a) Recent advances in our understanding of tocopherol biosynthesis in plants: an overview of key genes, functions, and breeding of vitamin E improved crops. *Antioxidants* 6: 99.

Fritsche S, Wang X, Jung C (2017b) Recent advances in our understanding of tocopherol biosynthesis in plants: an overview of key genes, functions, and breeding of vitamin E improved crops. *Antioxidants* 6: 99.

Galli F, Azzi A, Birringer M, Cook-Mills JM, Eggersdorfer M, Frank J, Cruciani G, Lorkowski S, Özer NK (2017) Vitamin E: Emerging aspects and new directions. *Free Radical Biology and Medicine* 102: 16-36.

Gómez R, Vicino P, Carrillo N, Lodeyro AF (2019) Manipulation of oxidative stress responses as a strategy to generate stress-tolerant crops. From damage to signaling to tolerance. *Critical Reviews in Biotechnology* 39: 693-708.

Hume MA, Barrera LA, Gisselbrecht SS, Bulyk ML (2015) UniPROBE, update 2015: new tools and content for the online database of protein-binding microarray data on protein-DNA interactions. *Nucleic Acids Research* 43: D117-122.

Khan A, Fornes O, Stigliani A, Gheorghe M, Castro-Mondragon JA, van der Lee R, Bessy A, Chèneby J, Kulkarni SR, Tan G, Baranasic D, Arenillas DJ, Sandelin A, Vandepoele K, Lenhard B, Ballester B, Wasserman WW, Parcy F, Mathelier A (2018) JASPAR 2018: update of the open-access database of transcription factor binding profiles and its web framework. *Nucleic Acids Research* 46: D260-D266.

Koboldt DC, Steinberg KM, Larson DE, Wilson RK, Mardis ER (2013) The next-generation sequencing revolution and its impact on genomics. *Cell* 155: 27-38.

- Kollist H, Zandalinas SI, Sengupta S, Nuhkat M, Kangasjärvi J, Mittler R (2019) Rapid Responses to Abiotic Stress: Priming the Landscape for the Signal Transduction Network. *Trends in Plant Science* 24: 25-37.
- Kulakovskiy IV, Vorontsov IE, Yevshin IS, Sharipov RN, Fedorova AD, Rumynskiy EI, Medvedeva YA, Magana-Mora A, Bajic VB, Papatsenko DA, Kolpakov FA, Makeev VJ (2018) HOCOMOCO: towards a complete collection of transcription factor binding models for human and mouse via large-scale ChIP-Seq analysis. *Nucleic Acids Research* 46: D252-D259.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K (2016) MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution* 33: 1870-1874.
- Matys V, Kel-Margoulis OV, Fricke E, Liebich I, Land S, Barre-Dirrie A, Reuter I, Chekmenev D, Krull M, Hornischer K, Voss N, Stegmaier P, Lewicki-Potapov B, Saxel H, Kel AE, Wingender E (2006) TRANSFAC® and its module TRANSCOMP®: transcriptional gene regulation in eukaryotes. *Nucleic Acids Research* 34: D108-D110.
- Pachkov M, Balwierz PJ, Arnold P, Ozonov E, van Nimwegen E (2013) SwissRegulon, a database of genome-wide annotations of regulatory sites: recent updates. *Nucleic Acids Research* 41: D214-220.
- Segal E, Widom J (2009) From DNA sequence to transcriptional behaviour: a quantitative approach. *Nature Reviews Genetics* 10: 443-456.
- Vandenbussche F (2019) Rapid Detection of Hormonal Involvement in Light Responses. In: A Hiltbrunner, editor. *Phytochromes: Methods and Protocols* New York, NY: Springer. p. 201-213.
- Weirauch MT, Yang A, Albu M, Cote AG, Montenegro-Montero A, Drewe P, Najafabadi HS, Lambert SA, Mann I, Cook K, Zheng H, Goity A, van Bakel H, Lozano J-C, Galli M, Lewsey MG, Huang E, Mukherjee T, Chen X, Reece-Hoyes JS, Govindarajan S, Shaulsky G, Walhout AJM, Bouget F-Y, Ratsch G, Larrondo LF, Ecker JR, Hughes TR (2014) Determination and inference of eukaryotic transcription factor sequence specificity. *Cell* 158: 1431-1443.