

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ



دانشکده مهندسی کشاورزی  
گروه زراعت و اصلاح نباتات

مطالعه بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز در گیاه  
مدل دولپه‌ای (*Arabidopsis thaliana*)

سیده صدیقه قریشی امیری

استاد راهنما:

دکتر ناصر فرخی

شهریور ۱۳۹۴

دانشگاه شاهرود

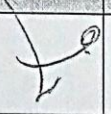
دانشکده : کشاورزی

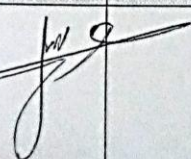

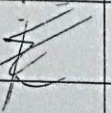
گروه : زراعت و صلاح نباتات

پایان نامه کارشناسی ارشد خانم سیده صدیقه قریشی امیری

تحت عنوان: مطالعه بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیمان با آنزیم پکتات‌لیاز در گیاه مدل دولپه‌ای (*Arabidopsis thaliana*)

در تاریخ ۱۳۹۴/۶/۲۳ توسط کمیته تخصصی زیر جهت اخذ مدرک کارشناسی ارشد مورد ارزیابی و با درجه خوب مورد پذیرش قرار گرفت.

امضاء	اساتید مشاور	امضاء	اساتید راهنما
	نام و نام خانوادگی :		نام و نام خانوادگی : دکتر ناصر فرخی
	نام و نام خانوادگی :		نام و نام خانوادگی :

امضاء	نماینده تحصیلات تکمیلی	امضاء	اساتید داور
	نام و نام خانوادگی : شاهرخ قرنجیک		نام و نام خانوادگی : محمد رضا عامریان
			نام و نام خانوادگی : مهديه پارسائیان
			نام و نام خانوادگی :
			نام و نام خانوادگی :

تقدیم

به پدر بزرگوار و مادر مهربانم

آن دو فرشته‌ای که از خواسته‌هایشان گذشتند، سختی‌ها را به جان خریدند و خود را سپربلای مشکلات و ناملایمات کردند تا من به جایگاهی که اکنون در آن ایستاده‌ام برسم.



## قدردانی و شکر

اکنون که بایاری خداوند بزرگ مقطع دیکری از تحصیل خود را به پایان می‌برم شایسته‌تر آن است که از زحمات استاد بزرگوارم جناب آقای دکتر ناصر فرخی که در کمال سه‌صدر، با حسن خلق و فروتنی از بیچ‌گلی در این عرصه بر من دریغ ننمودند کمال شکر و قدردانی را ابراز دارم.

از پدر و مادر مهربان و خواهران دل‌سوز و برادر بزرگوارم که در طول مدت تحصیل صبورانه و مهربانانه یاری ام نمودند و سختی راه را بر من هموار ساختند بی‌نهایت قدردانی می‌نمایم. از مهدی و مساعدت دوستان عزیز مخصوصاً خانم‌ها مریم رمضان‌ی، مریم نوری، شقایق افراز، مهری یوسفی، فاطمه زبردست، مرضیه حسنی، نیره اشعار قدیم، افسانه ابولی، مریم سیفی و مریم قانلی شکر کرده و برای تمامی این عزیزان سلامتی و توفیق در مسیر زندگی را از خداوند بلند مرتبه مسئلت دارم.

سیده صدیقه قریشی امیری

شهریور ۹۴

## تعهد نامه

اینجانب سیده صدیقه قریشی امیری دانشجوی دوره کارشناسی ارشد رشته بیوتکنولوژی کشاورزی دانشکده کشاورزی دانشگاه صنعتی شاهرود نویسنده پایان نامه مطالعه بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز در گیاه مدل دولپه‌ای (*Arabidopsis thaliana*) تحت راهنمایی دکتر ناصر فرخی متعهد می‌شوم .

- تحقیقات در این پایان نامه توسط اینجانب انجام شده است و از صحت و اصالت برخوردار است.
- در استفاده از نتایج پژوهش‌های محققان دیگر به مرجع مورد استفاده استناد شده است.
- مطالب مندرج در پایان نامه تاکنون توسط خود یا فرد دیگری برای دریافت هیچ نوع مدرک یا امتیازی در هیچ جا ارائه نشده است.
- کلیه حقوق معنوی این اثر متعلق به دانشگاه صنعتی شاهرود می باشد و مقالات مستخرج با نام « دانشگاه صنعتی شاهرود » و یا « Shahrood University of Technology » به چاپ خواهد رسید.
- حقوق معنوی تمام افرادی که در به دست آمدن نتایج اصلی پایان نامه تأثیرگذار بوده اند در مقالات مستخرج از پایان نامه رعایت می گردد.
- در کلیه مراحل انجام این پایان نامه ، در مواردی که از موجود زنده ( یا بافتهای آنها ) استفاده شده است ضوابط و اصول اخلاقی رعایت شده است.
- در کلیه مراحل انجام این پایان نامه، در مواردی که به حوزه اطلاعات شخصی افراد دسترسی یافته یا استفاده شده است اصل رازداری ، ضوابط و اصول اخلاق انسانی رعایت شده است.

تاریخ

امضای دانشجو

### مالکیت نتایج و حق نشر

- کلیه حقوق معنوی این اثر و محصولات آن (مقالات مستخرج ، کتاب ، برنامه های رایانه ای ، نرم افزار ها و تجهیزات ساخته شده است ) متعلق به دانشگاه صنعتی شاهرود می باشد . این مطلب باید به نحو مقتضی در تولیدات علمی مربوطه ذکر شود .
- استفاده از اطلاعات و نتایج موجود در پایان نامه بدون ذکر مرجع مجاز نمی باشد.

\* متن این صفحه نیز باید در ابتدای نسخه های تکثیر شده پایان نامه وجود داشته باشد

پنجمین همایش بیوانفورماتیک ایران، دانشگاه تهران، اردیبهشت ۹۳

## **Arabidopsis pectate lyase sequence analysis**

سیده صدیقه قریشی امیری، ناصر فرخی، کاوه کاووسی  
دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهرود، موسسه بیوفیزیک و بیوشیمی دانشگاه تهران

اولین کنگره بین المللی و سیزدهمین کنگره ژنتیک ایران، دانشگاه شهید  
بهشتی، خرداد ۹۳

مطالعه بیوانفورماتیکی توالی‌های پروتئین پکتات‌لیاز در نماینده گیاهان  
دولپه‌ای (*Arabidopsis thaliana*) و تک‌لپه‌ای (*Oryza sativa*)

سیده صدیقه قریشی امیری، ناصر فرخی

دانشکده کشاورزی دانشگاه شاهرود

## چکیده

پیشرفت دانش و تجهیزات در علوم زیست‌شناسی موجب شده است که با افزایش حجم داده‌های استخراج شده از سلول‌ها و موجودات مواجه باشیم. افزایش این حجم از داده‌ها و نیاز به ذخیره، بازیابی و تحلیل مناسب این داده‌ها، موجب پیدایش علم بیوانفورماتیک گردید. ژن‌های درگیر در مسیرهای بیولوژیکی مرتبط اغلب با همکاری هم، بیان می‌شوند و به این ترتیب اطلاعات مربوط به هم‌بیانی، کلیدی برای درک سیستم‌های زیستی است. انتظار می‌رود که ژن‌های درگیر در فرآیندی یکسان در بسیاری از شرایط مختلف الگوهای بیان مشابه‌ای داشته باشند. خوشه بندی ژن‌ها بر اساس تشابه سطوح بیان ابزار مناسبی برای گروه‌بندی ژن‌هایی با فعالیت مرتبط با هم است. تنظیم خاص ژن رونویسی اهمیت زیادی برای تمام مراحل عملکردهای سلولی دارد. هر ژن حاوی ترکیبی منحصر به فرد از توالی عناصر تنظیمی سیس در منطقه تنظیمی 5' است. عناصر تنظیمی سیس بسیاری از فرآیندهای بیولوژیکی و پاسخ به استرس‌ها را کنترل می‌کنند. در این پروژه به منظور مطالعه بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز، ۲۶ ژن پکتات‌لیاز و ۱۵۹ ژن هم‌بیان با آن در گیاه آرابیدوپسیس و ۸ ژن پکتات‌لیاز و ۳۲ ژن هم‌بیان با آن در گیاه برنج با استفاده از پایگاه‌های اطلاعاتی CAZy، Cell wall Genomics، ATTED-II و RiceFRIEND شناسایی و مورد بررسی قرار گرفت. برای شناخت هم‌بیان مستقیم احتمالی از آنالیز جایگاه بیان در بافت‌های مختلف و آنالیز عناصر تنظیمی سیس در توالی پروموتوری ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌ها به ترتیب از اطلاعات پایگاه Genevestigator و PlantCARE استفاده شد. ۶۹ ژن هم‌بیان مستقیم احتمالی با ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس تالیانا شناسایی شد که عملکرد اکثر آنها گلیکوسیل هیدرولازی، پکتات‌لیازی، پکتین متیل استرازی و Expansin‌ها می‌باشد و در برنج ۱۰ ژن هم‌بیان مستقیم احتمالی شناسایی شد که اکثر آنها عملکردی ناشناخته دارند. نتایج رسم درختچه فیلوژنتیکی با استفاده از نرم‌افزار MEGA5 نشان داد که PLL1 و PLL2 پکتات‌لیازهای قدیمی‌تری بشمار می‌آیند و با توجه به نتایج در بین ژن‌های برنج می‌توان شماره دسترسی Os06g145100 را از لیست ژن‌های پکتات‌لیاز حذف

کرد. ژن‌های پکتات‌لیاز در بافت‌های گرده، ریشه، کللاه، پرچم و در مناطق ریزش بیان بالایی دارند. سهم عناصر پاسخ دهنده به نور در توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز بیشتر است و همچنین عناصر پاسخ دهنده به متیل جاسمونات، اکسین، سالیسیلیک اسید و MBS تکرار بیشتری دارند.

**واژگان کلیدی:** بیوانفورماتیک، ژن هم‌بیان، عناصر تنظیمی سیس، آرابیدوپسیس، ATTED-II،

PlantCARE

۱	فصل اول - کلیات
۳	۱-۱- مقدمه‌ای بر گیاه‌شناسی گیاه آرابیدوپسیس تالیانا و برنج
۳	۲-۱- دیواره سلولی گیاهی
۷	۳-۱- پکتین
۷	۴-۱- پکتینازها
۸	۱-۴-۱- پلی ساکاریدلیازها
۱۳	۱-۴-۲- کاربرد پکتات‌لیاز
۱۸	۵-۱- ژن‌های هم‌بیان
۲۸	۶-۱- عناصر تنظیمی سیس
۳۵	فصل دوم- مواد و روش‌ها
۳۶	۱-۲- مراحل یافتن ژن‌های پکتات‌لیاز
۳۷	۲-۲- مراحل یافتن ژن‌های هم‌بیان
۳۷	۱-۲-۲- آرابیدوپسیس تالیانا ( <i>Arabidopsis thaliana</i> )
۴۰	۲-۲-۲- برنج ( <i>Oryza sativa</i> )
۴۰	۳-۲- تعیین محل استقرار ژن‌ها بر روی کروموزوم‌ها
۴۱	۴-۲- بررسی میزان بیان ژن‌ها در بافت‌های مختلف با استفاده از پایگاه اطلاعاتی Genevestigator
۴۱	۵-۲- شناسایی عناصر سیس در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست نقطه شروع رونویسی
۴۵	فصل سوم- نتایج
۴۷	۱-۳- شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه دولپه‌ای آرابیدوپسیس تالیانا ( <i>Arabidopsis thaliana</i> )
۷۹	۲-۳- شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج
۹۱	۳-۳- مقایسه پکتات‌لیازهای آرابیدوپسیس و برنج
۹۵	فصل چهارم- بحث و پیشنهادات
۹۸	۱-۴- بحث پیرامون آنالیز فیلوژنتیک
۹۹	۲-۴- بحث پیرامون عملکرد ژن‌های پکتات‌لیاز
۱۰۰	۳-۴- بحث پیرامون جایگاه بیان ژن‌های پکتات‌لیاز
۱۰۳	۴-۴- بحث پیرامون نتایج حاصل از آنالیز عناصر سیس
۱۰۸	۵-۴- پیشنهادات
۱۱۱	پیوست‌ها
۲۲۱	منابع

صفحه	فهرست جداول
۲۰	جدول ۱-۱: فهرستی از پایگاه های اطلاعاتی ژن های هم بیان.
۳۱	جدول ۲-۱: فهرستی از پایگاه های اطلاعاتی مفید برای آنالیز پروموتور.
۴۳	جدول ۱-۲: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور
۴۴	جدول ۲-۲: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون
۴۴	جدول ۳-۲: عناصر سیس دیگر موجود در توالی پروموتوری ژن های پکتات لیاژ در گیاه آرابیدوپسیس و برنج
۴۹	جدول ۱-۳: شماره دسترسی، نام عمومی و محل استقرار ژن های پکتات لیاژ در ژنوم آرابیدوپسیس تالیانا
۵۰	جدول ۲-۳: توالی های پکتات لیاژ آرابیدوپسیس در پایگاه TargetP، TMHMM، SignalP و Pfam
۵۲	جدول ۳-۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور و تعداد آن ها در توالی پروموتوری ژن های پکتات لیاژ آرابیدوپسیس
۵۳	جدول ۴-۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون در توالی پروموتوری ژن های پکتات لیاژ آرابیدوپسیس
۵۴	جدول ۵-۳: عناصر سیس دیگر در توالی پروموتوری ژن های پکتات لیاژ آرابیدوپسیس
۵۵	جدول ۶-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT3g09540-PLL1</i>
۵۶	جدول ۷-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT3g55140-PLL2</i>
۵۷	جدول ۸-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT5g09280-PLL3</i>
۵۸	جدول ۹-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT1g11920-PLL6</i>
۵۹	جدول ۱۰-۲: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT130350-PLL7</i>
۶۱	جدول ۱۱-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT1g14420-PLL8</i>
۶۲	جدول ۱۲-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT2g02720-PLL9</i>
۶۳	جدول ۱۳-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT3g01270-PLL10</i>
۶۴	جدول ۱۴-۳۴: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT5g15110-PLL11</i>
۶۵	جدول ۱۵-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT5g04310-PLL12</i>
۶۶	جدول ۱۶-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT3g54920-PLL13</i>
۶۶	جدول ۱۷-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT5G55720-PLL14</i>
۶۷	جدول ۱۸-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT5G63180-PLL15</i>
۶۸	جدول ۱۹-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT1g67750-PLL16</i>
۶۹	جدول ۲۰-۳: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن <i>AT3G53190-PLL17</i>

- جدول ۳-۲۱: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3G27400-PLL18*
- جدول ۳-۲۲: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT4G24780-PLL19*
- جدول ۳-۲۳: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3G07010-PLL20*
- جدول ۳-۲۴: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT5G48900-PLL21*
- جدول ۳-۲۵: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3G24670-PLL22*
- جدول ۳-۲۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT4G13210-PLL23*
- جدول ۳-۲۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3g24230-PLL24*
- جدول ۳-۲۸: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT4G13710-PLL25*
- جدول ۳-۲۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT1G04680-PLL26*
- جدول ۳-۳۰: ژن‌ها هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی با استفاده از اطلاعات پایگاه *Genevestigator* و *PlantCARE* در گیاه آرابیدوپسیس.
- جدول ۳-۳۱: لیست ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج (*Oryza sativa*).
- جدول ۳-۳۲: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور و تعداد آن‌ها در هریک از توالی‌های پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز گیاه برنج
- جدول ۳-۳۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در برنج
- جدول ۳-۳۴: عناصر سیس دیگر توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در برنج
- جدول ۳-۳۵: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os04g137100/LOC\_Os04g05050*
- جدول ۳-۳۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os06g0583900/LOC\_Os06g38510*
- جدول ۳-۳۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800*
- جدول ۳-۳۸: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os02g0214400/LOC\_Os02g12300*
- جدول ۳-۳۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os05g0293500/LOC\_Os0522800*
- جدول ۳-۴۰: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os06g0144900/LOC\_Os06g05260*
- جدول ۳-۴۱: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *Os06g145100*
- جدول ۳-۴۲: ژن‌ها هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی با استفاده از اطلاعات پایگاه *Genevestigator* و *PlantCARE* در گیاه برنج.
- جدول پیوست ۱: درصد یکسانی توالی پروتئینی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا
- جدول پیوست ۲: محل بیان ژن *At3g09540-PLL1* و ژن‌های هم‌بیان با آن.



- جدول پیوست ۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۲۱  
با ژن *At3g09540-PLL1* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۴: محل بیان ژن *At3g55140-PLL2* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۲۴
- جدول پیوست ۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۲۴  
با ژن *At3g55140-PLL2* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۶: محل بیان ژن *At5g09280-PLL3* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۲۷
- جدول پیوست ۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۲۸  
با ژن *At5g09280-PLL3* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۸: محل بیان ژن *At1g11920-PLL6* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۳۱
- جدول پیوست ۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۳۱  
با ژن *At1g11920-PLL6* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۱۰: محل بیان ژن *At1g30350-PLL7* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۳۴
- جدول پیوست ۱۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۳۵  
با ژن *At1g30350-PLL7* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۱۲: محل بیان ژن *At1g14420-PLL8* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۳۹
- جدول پیوست ۱۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۱۴۰  
بیان با ژن *At1g14420-PLL8* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۱۴: محل بیان ژن *At2g02720-PLL9* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۴۳
- جدول پیوست ۱۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۱۴۴  
بیان با ژن *At2g02720-PLL9* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۱۶: محل بیان ژن *At3g01270-PLL10* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۴۷
- جدول پیوست ۱۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۴۸  
با ژن *At3g01270-PPL10* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۱۸: محل بیان ژن *At5g15110-PLL11* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۵۱
- جدول پیوست ۱۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ bp بالادست ژن‌های هم‌بیان با ۱۵۲  
ژن *At5g15110-PLL11* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۲۰: محل بیان ژن *At5g04310-PLL12* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۵۵
- جدول پیوست ۲۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۱۵۵  
بیان با ژن *AT5G04310-PPL12* در آرآبیدوپسیس تالیانا.
- جدول پیوست ۲۲: محل بیان ژن *At3g54920-PLL13* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۵۸
- جدول پیوست ۲۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۵۸  
با ژن *At3g54920-PLL13* در آرآبیدوپسیس تالیانا.

- ۱۶۱ جدول پیوست ۲۴: محل بیان ژن *At5g57720-PLL14* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۶۱ جدول پیوست ۲۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم-بیان با ژن *AT5g55720-PLL14* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۶۴ جدول پیوست ۲۶: محل بیان ژن *At5g63180-PLL15* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۶۵ جدول پیوست ۲۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم-بیان با ژن *At5g63180-PLL15* در آراییدوپسیس تالیانا.
- ۱۶۸ جدول پیوست ۲۸: محل بیان ژن *At1g67750-PLL16* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۶۸ جدول پیوست ۲۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At1g67750-PLL16* در آراییدوپسیس تالیانا.
- ۱۷۱ جدول پیوست ۳۰: محل بیان ژن *At3g53190-PLL17* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۱ جدول پیوست ۳۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g53190-PLL17* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۷۴ جدول پیوست ۳۲: محل بیان ژن *At3g27400-PLL18* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۴ جدول پیوست ۳۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g27400-PLL18* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۷۷ جدول پیوست ۳۴: محل بیان ژن *At4g24780-PLL19* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۷ جدول پیوست ۳۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *AT4g24780-PLL19* در آراییدوپسیس تالیانا.
- ۱۸۰ جدول پیوست ۳۶: محل بیان ژن *At3g07010-PLL20* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۱ جدول پیوست ۳۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g07010-PLL20* در آراییدوپسیس تالیانا.
- ۱۸۴ جدول پیوست ۳۸: محل بیان ژن *At5g48900-PLL21* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۴ جدول پیوست ۳۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *AT5g48900* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۸۷ جدول پیوست ۴۰: محل بیان ژن *At3g24670-PLL22* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۷ جدول پیوست ۴۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g24670* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۹۰ جدول پیوست ۴۲: محل بیان ژن *At4g13210-PLL23* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۹۰ جدول پیوست ۴۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At4g13210-PLL23* در آراییدوپسیس تالیانا
- ۱۹۳ جدول پیوست ۴۴: محل بیان ژن *At3g24230-PLL24* و ژن‌های هم‌بیان با آن

- جدول پیوست ۴۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۹۳  
با ژن *At3g24230-PLL24* در آرابیدوپسیس تالیانا
- جدول پیوست ۴۶: محل بیان ژن *At4g13710-PLL25* و ژن‌های هم‌بیان با آن. ۱۹۶
- جدول پیوست ۴۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۱۹۶  
با ژن *At4g13710-PLL25* در آرابیدوپسیس تالیانا
- جدول پیوست ۴۸: محل بیان ژن *At1g04680-PLL26* و ژن‌های هم‌بیان با آن ۱۹۹
- جدول پیوست ۴۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۱۹۹  
بیان با ژن *At1g04680-PLL26* در آرابیدوپسیس تالیانا
- جدول پیوست ۵۰: درصد یکسانی توالی پروتئینی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج ۲۰۰
- جدول پیوست ۵۱: محل بیان ژن *Os04g137100* و ژن‌های هم‌بیان با آن ۲۰۳
- جدول پیوست ۵۲: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۲۰۳  
بیان با ژن *LOC-os04g05050 / Os04g0137100* در برنج
- جدول پیوست ۵۳: محل بیان ژن *Os06g0583900* و ژن‌های هم‌بیان با آن ۲۰۵
- جدول پیوست ۵۴: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم- ۲۰۶  
بیان با ژن *Os06g38510/LOC-Os06g38520*
- جدول پیوست ۵۵: محل بیان ژن *Os06g0144200* و ژن‌های هم‌بیان با آن ۲۰۹
- جدول پیوست ۵۶: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۲۰۹  
با ژن *LOC-Os06g05209 / Os06g0144200*
- جدول پیوست ۵۷: محل بیان ژن *Os02g0214400 / LOC-Os02g12300* و ژن‌های هم- ۲۱۲  
بیان با آن
- جدول پیوست ۵۸: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۲۱۲  
با ژن *LOC-Os02g12300 / Os02g0214400*
- جدول ۵۹: محل بیان ژن *LOC-Os05g22800 / Os05g0293500* و ژن‌های هم‌بیان با ۲۱۵  
آن.
- جدول پیوست ۶۰: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۲۱۵  
با ژن *LOC-Os05g22800 / Os05g0293500*
- جدول پیوست ۶۱: محل بیان ژن *LOC-os06g05260 / Os06g0144900* و ژن‌های هم- ۲۱۸  
بیان با آن.
- جدول پیوست ۶۲: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان ۲۱۸  
با ژن *LOC-os06g05260 / Os06g0144900*
- جدول پیوست ۶۳: محل بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن *Os06g0145100* ۲۲۰

صفحه	فهرست شکل‌ها
۶	شکل ۱-۱: ساختار مولکولی دیواره سلولی اولیه در گیاهان.
۶	شکل ۱-۲: تفاوت‌های ساختاری بین ۲ تیپ دیواره سلولی
۱۲	شکل ۱-۳: ساختار پکتین.
۱۲	شکل ۱-۴: تصویر هندسی برش پیوند $\alpha$ -1,4-polygalacturonic acid توسط مکانیسم حذف $\beta$ .
۳۸	شکل ۱-۲: نمودار مراحل بررسی بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز
۴۹	شکل ۱-۳: نقشه کروموزومی ژن‌های پکتات‌لیاز در ژنوم آرابیدوپسیس تالیانا
۵۱	شکل ۲-۳: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های مختلف پکتات‌لیاز آرابیدوپسیس و مقایسه آنها با یکدیگر.
۸۲	شکل ۳-۳: نقشه کروموزومی ژن‌های پکتات‌لیاز در برنج.
۸۳	شکل ۳-۴: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های پکتات‌لیاز برنج
۹۳	شکل ۳-۵: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های مختلف پکتات‌لیاز و برنج و مقایسه آنها با یکدیگر
۱۱۳	شکل پیوست ۱: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن‌های پکتات‌لیاز آرابیدوپسیس.
۱۱۹	شکل پیوست ۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن <i>At3g09540-PLL1</i>
۱۱۹	شکل پیوست ۳: نقشه کروموزومی ژن <i>At3g09540-PLL1</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن
۱۲۰	شکل پیوست ۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن <i>At3g09540-PLL1</i> .
۱۲۱	شکل پیوست ۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن <i>At3g09540-PLL1</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن.
۱۲۲	شکل پیوست ۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن <i>At3g55140-PLL2</i>
۱۲۲	شکل پیوست ۷: نقشه کروموزومی ژن <i>At3g55140-PLL2</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن
۱۲۳	شکل پیوست ۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن <i>At3g55140-PLL2</i> .
۱۲۴	شکل پیوست ۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن <i>At3g55140-PLL2</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن.
۱۲۵	شکل پیوست ۱۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن <i>At5g09280-PLL3</i>
۱۲۵	شکل پیوست ۱۱: نقشه کروموزومی ژن <i>At5g09280-PLL3</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن.
۱۲۶	شکل پیوست ۱۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن <i>At5g09280-PLL3</i> .
۱۲۷	شکل پیوست ۱۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن <i>At5g09280-PLL3</i> و ژن‌های هم‌بیان با آن.
۱۲۹	شکل پیوست ۱۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن <i>AT1g11920-PLL6</i>

- ۱۲۹ شکل پیوست ۱۵: نقشه کروموزومی ژن *AT1g11920-PLL6* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۳۰ شکل پیوست ۱۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g11920-PLL6*.
- ۱۳۱ شکل پیوست ۱۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g11920-PLL6* و ژن-های هم بیان با آن.
- ۱۳۲ شکل پیوست ۱۸: شبکه ژن های هم بیان ژن *At130350-PLL7*
- ۱۳۲ شکل پیوست ۱۹: نقشه کروموزومی ژن *At130350-PLL7* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۳۳ شکل پیوست ۲۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای *At1g30350-PLL7*.
- ۱۳۴ شکل پیوست ۲۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g30350-PLL7* و ژن های هم بیان با آن.
- ۱۳۶ شکل پیوست ۲۲: شبکه ژن های هم بیان ژن *At1g14420-PLL8*
- ۱۳۶ شکل پیوست ۲۳: نقشه کروموزومی ژن *At1g14420-PLL8* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۳۷ شکل پیوست ۲۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g14420-PLL8*.
- ۱۳۹ شکل پیوست ۲۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g14420-PLL8* و ژن-های هم بیان با آن.
- ۱۴۱ شکل پیوست ۲۶: شبکه ژن های هم بیان ژن *At2g02720-PLL9*
- ۱۴۱ شکل پیوست ۲۷: نقشه کروموزومی ژن *At2g02720-PLL9* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۴۲ شکل پیوست ۲۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At2g02720-PLL9*.
- ۱۴۳ شکل پیوست ۲۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At2g02720-PLL9* و ژن های هم بیان با آن.
- ۱۴۵ شکل پیوست ۳۰: شبکه ژن های هم بیان ژن *At3g01270-PLL10*
- ۱۴۵ شکل پیوست ۳۱: نقشه کروموزومی ژن *At3g01270-PLL10* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۴۶ شکل پیوست ۳۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g01270-PLL10*.
- ۱۴۷ شکل پیوست ۳۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g01270-PLL10* و ژن-های هم بیان با آن.
- ۱۴۹ شکل پیوست ۳۴: شبکه ژن های هم بیان ژن *At5g15110-PLL11*
- ۱۴۹ شکل پیوست ۳۵: نقشه کروموزومی ژن *At5g15110-PLL11* و ژن های هم بیان با آن
- ۱۵۰ شکل پیوست ۳۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g15110-PLL11*.
- ۱۵۱ شکل پیوست ۳۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g15110-PLL11* و ژن-های هم بیان با آن.
- ۱۵۳ شکل پیوست ۳۸: شبکه ژن های هم بیان ژن *At5g04310-PLL12*
- ۱۵۳ شکل پیوست ۳۹: نقشه کروموزومی ژن *At5g04310-PLL12* و ژن های هم بیان با آن.
- ۱۵۴ شکل پیوست ۴۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g04310-PLL12*.

- ۱۵۵ شکل پیوست ۴۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g04310-PLL12* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۵۶ شکل پیوست ۴۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g54920-PLL13*
- شکل پیوست ۴۳: نقشه کروموزومی ژن *At3g54920-PLL13* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۵۷ شکل پیوست ۴۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g54920-PLL13*.
- ۱۵۸ شکل پیوست ۴۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g54920-PLL13* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۵۹ شکل پیوست ۴۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At5g55720-PLL14*
- ۱۵۹ شکل پیوست ۴۷: نقشه کروموزومی ژن *At5g55720-PLL14* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۶۰ شکل پیوست ۴۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g55720-PLL14*.
- ۱۶۱ شکل پیوست ۴۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g55720-PLL14* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۶۲ شکل پیوست ۵۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At5g63180-PLL15*
- ۱۶۲ شکل پیوست ۵۱: نقشه کروموزومی ژن *At5g63180-PLL15* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۶۳ شکل پیوست ۵۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *AT5G63180-PLL15*.
- ۱۶۴ شکل پیوست ۵۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g63180-PLL15* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۶۶ شکل پیوست ۵۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At1g67750-PLL16*
- ۱۶۶ شکل پیوست ۵۵: نقشه کروموزومی ژن *At1g67750-PLL16* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۶۷ شکل پیوست ۵۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g67750-PLL16*
- ۱۶۸ شکل پیوست ۵۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g67750-PLL16* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۶۹ شکل پیوست ۵۸: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g53190-PLL17*
- ۱۶۹ شکل پیوست ۵۹: نقشه کروموزومی ژن *At3g53190-PLL17* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۰ شکل پیوست ۶۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g53190-PLL17*.
- ۱۷۱ شکل پیوست ۶۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g53190-PLL17* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۲ شکل پیوست ۶۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g27400-PLL18*
- ۱۷۲ شکل پیوست ۶۳: نقشه کروموزومی ژن *At3g27400-PLL18* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۷۳ شکل پیوست ۶۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g27400-PLL18*.
- ۱۷۴ شکل پیوست ۶۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g27400-PLL18* و ژن-های هم‌بیان با آن.

- ۱۷۵ شکل پیوست ۶۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At4g24780-PLL19*
- ۱۷۵ شکل پیوست ۶۷: نقشه کروموزومی ژن *At4g24780-PLL19* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۷۶ شکل پیوست ۶۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At4g24780-PLL19*.
- ۱۷۷ شکل پیوست ۶۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At4g24780-PLL19* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۸ شکل پیوست ۷۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g07010-PLL20*
- ۱۷۸ شکل پیوست ۷۱: نقشه کروموزومی ژن *At3g07010-PLL20* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۷۹ شکل پیوست ۷۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g07010-PLL20*.
- ۱۸۰ شکل پیوست ۷۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g07010-PLL20* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۲ شکل پیوست ۷۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At5g48900-PLL21*
- ۱۸۲ شکل پیوست ۷۵: نقشه کروموزومی ژن *At5g48900-PLL21* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۸۳ شکل پیوست ۷۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g48900-PLL21*.
- ۱۸۴ شکل پیوست ۷۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g48900-PLL21* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۵ شکل پیوست ۷۸: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g24670-PLL22*
- ۱۸۵ شکل پیوست ۷۹: نقشه کروموزومی ژن *At3g24670-PLL22* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۶ شکل پیوست ۸۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g24670-PLL22*.
- ۱۸۷ شکل پیوست ۸۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g24670-PLL22* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۸ شکل پیوست ۸۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At4g13210-PLL23*
- ۱۸۸ شکل پیوست ۸۳: نقشه کروموزومی ژن *At4g13210-PLL23* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۸۹ شکل پیوست ۸۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At4g13210-PLL23*.
- ۱۹۰ شکل پیوست ۸۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At4g13210-PLL23* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۹۱ شکل پیوست ۸۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g24230-PLL24*
- ۱۹۱ شکل پیوست ۸۷: نقشه کروموزومی ژن *At3g24230-PLL24* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۹۲ شکل پیوست ۸۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g24230-PLL24*.
- ۱۹۳ شکل پیوست ۸۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g24230-PLL24* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۱۹۴ شکل پیوست ۹۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان با ژن *At4g13710-PLL25*
- ۱۹۴ شکل پیوست ۹۱: نقشه کروموزومی ژن *At4g13710-PLL25* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

- ۱۹۵ شکل پیوست ۹۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At4g13710-PLL25*.
- ۱۹۶ شکل پیوست ۹۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At4g13710-PLL25* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۱۹۷ شکل پیوست ۹۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان با ژن *At1g04680-PLL26*
- ۱۹۷ شکل پیوست ۹۵: نقشه کروموزومی ژن *At1g04680-PLL26* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۱۹۸ شکل پیوست ۹۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g04680-PLL26*.
- ۱۹۹ شکل پیوست ۹۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g04680-PLL26* و ژن-های هم‌بیان با آن.
- ۲۰۰ شکل پیوست ۹۸: نمودار میزان بیان در ۱۶ محل برای ژن‌های پکتات‌لیاز برنج.
- ۲۰۱ شکل پیوست ۹۹: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *LOC\_Os04g05050/Os04g0137100*
- ۲۰۱ شکل پیوست ۱۰۰: نقشه کروموزومی ژن *LOC\_Os04g05050/Os04g0137100* و ژن-های هم‌بیان مستقیم با آن
- ۲۰۲ شکل پیوست ۱۰۱: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن *Os04g137100/LOC\_Os04g05050*
- ۲۰۳ شکل پیوست ۱۰۲: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *Os04g137100/LOC\_Os04g05050* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۲۰۴ شکل پیوست ۱۰۳: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *LOC-Os06g38510/Os06g0583900*
- ۲۰۴ شکل پیوست ۱۰۴: نقشه کروموزومی ژن *LOC-os06g38510/Os06g0583900* و ژن-های هم‌بیان مستقیم با آن.
- ۲۰۵ شکل پیوست ۱۰۵: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن *Os06g0583900/LOC\_Os06g38510* در مکان‌های مختلف.
- ۲۰۶ شکل پیوست ۱۰۶: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *Os06g0583900/LOC\_Os06g38510* و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۲۰۷ شکل پیوست ۱۰۷: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *LOC-Os06g05209/Os06g0144200*
- ۲۰۷ شکل پیوست ۱۰۸: نقشه کروموزومی ژن *LOC-Os06g05209/Os06g0144200* و ژن-های هم‌بیان مستقیم با آن.
- ۲۰۸ شکل ۱۰۹: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن *Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800* در مکان‌های مختلف
- ۲۰۹ شکل پیوست ۱۱۰: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800* و ژن‌های هم‌بیان با آن
- ۲۱۰ شکل پیوست ۱۱۱: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *Os02g0214400 /LOC-os02g12300*
- ۲۱۰ شکل پیوست ۱۱۲: نقشه کروموزومی ژن *Os02g0214400 /LOC-os02g12300* و ژن-های هم‌بیان مستقیم با آن.



- ۲۱۱ شکل پیوست ۱۱۳: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن  
Os02g0214400/LOC\_Os02g12300
- ۲۱۲ شکل پیوست ۱۱۴: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os02g0214400 و ژن‌های  
هم‌بیان با آن.
- ۲۱۳ شکل پیوست ۱۱۵: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن Os05g0293500/LOC-Os05g22800
- ۲۱۳ شکل پیوست ۱۱۶: نقشه کروموزومی ژن Os05g0293500/LOC-Os05g22800 و ژن -  
های هم‌بیان مستقیم با آن.
- ۲۱۴ شکل پیوست ۱۱۷: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os05g0293500/LOC-  
Os05g22800
- ۲۱۵ شکل پیوست ۱۱۸: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os05g0293500/LOC-  
Os05g22800 و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۲۱۶ شکل پیوست ۱۱۹: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن LOC-os06g05260/Os06g0144900
- ۲۱۶ شکل پیوست ۱۲۰: نقشه کروموزومی ژن LOC-os06g05260/Os06g0144900 و ژن -  
های هم‌بیان مستقیم با آن.
- ۲۱۷ شکل پیوست ۱۲۱: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن  
Os06g0144900/LOC\_Os06g05260
- ۲۱۸ شکل پیوست ۱۲۲: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن  
Os06g0144900/LOC\_Os06g05260 و ژن‌های هم‌بیان با آن.
- ۲۱۹ شکل پیوست ۱۲۳: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن Os06g0145100
- ۲۱۹ شکل پیوست ۱۲۴: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g145100 در مکان‌های  
مختلف

فصل اول

کلیات

از سال ۲۰۰۰ به بعد تعداد زیادی از ژنوم‌ها توالی‌یابی شده‌اند و اطلاعات مرتبط با آنها در بانک‌های اطلاعاتی ذخیره شده است. پیشرفت‌های عظیم در ۱۵ سال اخیر در زمینه افزودن میزان اطلاعات توالی درون بانک‌های ژن، با تجمع سریع توالی‌ها و داده‌های بیان ژن در پایگاه‌های ژنومیکی مختلف، کشف، نوآوری و دستیابی به اطلاعات ژن‌های جدید شتاب گرفته است (دی آگاستینا و همکاران، ۲۰۰۵). سؤال این است که چگونه می‌توان این اطلاعات خام را فرآوری نمود و در قالب مدل‌های معنی‌داری از زیست‌شناسی ارائه داد؟ پاسخ به این سوال درک نسبتاً صحیحی از سلول و روابط بین سلولی در جانداران مختلف را ایجاد می‌نماید که می‌تواند در عرصه کشاورزی و برنامه ریزی‌های مدیریت ژن برای اصلاح نباتات، دام و آبزیان نقش موثری را ایفا نماید و بیوانفورماتیک ابزار لازم را در این راستا فراهم می‌آورد. بیوانفورماتیک در پشتیبانی از علوم زیستی به جمع‌آوری و تفسیر داده‌های مرتبط می‌پردازد. این داده‌ها در قالب توالی‌های نوکلئوتیدی و آمینواسیدی، دوماین‌ها و ساختارهای پروتئینی و الگوهای بیان ژن در مسیرهای متابولیکی و بیوشیمیایی می‌باشد (چاولا، ۲۰۰۲). نظر به نقش پکتات‌لیازها در تجزیه و بعضاً تغییر دیواره سلولی گیاهان در مراحل مختلف رشد و نمو گیاه و کاربرد آن در کشاورزی و صنایع مختلف در این پایان‌نامه برآن شدیم که به مطالعه ژن‌های هم‌بیان این خانواده‌ی ژنی در دو گیاه آرابیدوپسیس و برنج پردازیم تا درک درستی از اشتراکات و تفاوت‌ها حاصل آید. اگرچه اطلاعاتی در خصوص جهش‌زایی و یا بیان بیش از اندازه<sup>۱</sup> در خود پکتات‌لیازها نیز وجود ندارد با این همه می‌توان با شناختی که از ژن‌های هم‌بیان این ژن‌ها حاصل می‌آید علاوه بر پکتات‌لیازها به تغییر در ژن‌های هم‌بیان نیز پردازیم و آثار ناشی از آن را در برنامه‌های هدفمند مانند تولید سوخت‌های زیستی بررسی کنیم. این مطالعه با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی و آنالیز توالی و عملکرد ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن‌های هم‌بیان با آنها در آرابیدوپسیس و برنج صورت گرفته

است. در اینجا این نکته تاکید می‌گردد که نتایج حاصل از چنین دست مطالعات در آینده باید در بوتاه آزمایش گذاشته شود تا راستی آزمایی گردد.

### ۱-۱- مقدمه‌ای بر گیاه‌شناسی گیاه آرابیدوپسیس تالیانا و برنج

آرابیدوپسیس تالیانا<sup>۱</sup> گیاهی یک ساله، دولپه‌ای، متعلق به خانواده Brassicaceae با ژنوم کوچک (۱۱۴-۱۲۵ میلیون جفت باز) و ۲۵۰۰۰ ژن که در ۵ جفت کروموزوم تقسیم شده‌اند به عنوان گیاه مدل دولپه‌ای در مطالعات ژنتیکی و زیست سلولی و مولکولی مورد استفاده قرار می‌گیرد و برنج (*Oryza sativa*) گیاهی تک‌لپه‌ای با ۱۲ جفت کروموزوم و ۳۰ هزار ژن، محصول زراعی مهم با اندازه ژنوم نسبتاً کوچکی در مقایسه با غلات دیگر است و از آن به عنوان گیاه مدل تک‌لپه‌ای نام برده می‌شود و از گیاه دولپه‌ای مدل آرابیدوپسیس تالیانا در بسیاری از جنبه‌های رشدی متمایز است. اگرچه ژنوم آرابیدوپسیس، به عنوان یک مدل برای گیاهان دولپه‌ای خیلی کوچکتر از برنج (به ترتیب ۱۱۵ و ۴۲۰ Mb) است، هر دو گونه تعداد زیادی ژن‌های همولوگ (۵۵-۷۷ درصد) را به اشتراک می‌گذارند (واندپل و همکاران، ۲۰۰۵ و استرک و همکاران، ۲۰۰۷).

### ۱-۲- دیواره سلولی گیاهی

تنوع مورفولوژیکی گیاهان گلدار بازتابی از تنوع سلول (با شکل و نقش خاص) است در این بین دیواره سلولی محاط بر هر سلول نقش کلیدی در رشد و تمایز سلولی دارد و بیوسنتز دیواره ناشی از فعالیت چندین هزار ژن است (مکن و روبرتز، ۱۹۹۱ و کارپیتا و گیبیوت، ۱۹۹۳). دیواره سلول گیاهی (شکل ۱-۱)، ساختمانی چند لایه از جنس پلی‌ساکارید و پروتئین است. پلی‌ساکاریدها شامل سلولز (پلیمری از گلوکز) و پلی‌ساکاریدهای شبکه<sup>۲</sup> (همی سلولز) است که در بستر ژله‌ای قندی موسوم به ترکیبات پکتیکی (پلیمری از گالاکتورونیک اسید) جای گرفته‌اند. دیواره سلولی گیاهی از ۳ بخش

---

۱ - *Arabidopsis thaliana*

۲ - Matrix polysaccharides

لایه میانی<sup>۱</sup>، دیواره سلولی اولیه<sup>۲</sup> و دیواره سلولی ثانویه<sup>۳</sup> تشکیل شده است. در لایه میانی سلولز کمتری وجود دارد. دیواره اولیه حاوی مقادیر کمتری از مواد محلول و گلیکوپروتئینی می باشد (کارپیتا و گیبیوت، ۱۹۹۳)، در حالی که دیواره سلولی ثانویه از رشته‌های سلولز، لیگنین و گلیکوپروتئین ساخته شده است. دیواره سلولی با توجه به ساختار شیمیایی اجزای تشکیل دهنده، معماری و فرآیند ساخت در ۲ گروه بزرگ تیپ I<sup>۴</sup> و تیپ II طبقه‌بندی می‌شوند (کارپیتا، ۱۹۹۶).

آرابیدوپسیس و بیشتر نهاندانگان دیواره اولیه تیپ I دارند (شکل ۱-۲). این دیواره در دولپه‌ای‌ها و در تک‌لپه‌ای‌های non-commelinoid دارای مقدار مساوی سلولز و زایلوگلوکان‌هایی است که با دیگر پلی‌ساکاریدهای شبکه از مقادیر متنوعی از آرابینوزایلین‌ها<sup>۵</sup> گلوکومانان‌ها<sup>۶</sup> و گالاکتوگلوکومانان‌ها<sup>۷</sup> مجموعاً این دیواره را شکل می‌دهند. چارچوب سلولز - زایلوگلوکان<sup>۸</sup> در دیواره‌های تیپ I در گیاهان دولپه‌ای در بستر ژله‌ای پکتین قرار دارد که خواص فیزیولوژیکی مختلفی را مانند تخلخل دیواره، چگالی بار و فاصله میکروفیبریل را کنترل می‌کند (ویلاتس و همکاران، ۲۰۰۱). در کنار این زنجیره‌های پلی‌ساکاریدی، پروتئین‌های ساختاری در تعامل با پکتین نیز مشاهده می‌شوند که می‌توانند با هم و با شبکه پلی‌ساکاریدی پیوند برقرار سازند (شووالتر، ۱۹۹۳ و کاساب، ۱۹۹۸). دیواره تیپ II تنها در تک‌لپه‌ای‌های Commelinoid شامل غلات خانواده Poaceae وجود دارد (شکل ۱-۲). برخلاف دیواره تیپ I، در دیواره تیپ II زایلوگلوکان کمتری یافت می‌شود. در مقایسه با فراوانی پکتین در دیواره تیپ I، دیواره تیپ II پکتین کمتر و مقدار بیشتری فنیل پروپانویید (لیگنین) دارد (لی‌یاما و همکاران، ۱۹۹۳).

با تکمیل توالی ژنومی برنج (*Oryza sativa*)، و انتشار اطلاعات توالی آن همراه با کامل شدن

---

۱ - Middle lamella	5 - Arabinoxylas
۲ - Primary cell wall	6 - Glucomanans
۳ - Secondary cell wall	7 - Galactoglucomanans
۴ - type I	8 - cellulose

پایگاه اطلاعات ژنومی *Arabidopsis thaliana*، اولین فرصت مقایسه کامل اجزای ژن‌های مربوط به دیواره سلولی ۲ کلاس مجزا از گیاهان گلدار فراهم شد. در نتیجه مطالعه این دو حد با توجه به دیواره سلولی می‌تواند تفاوت‌ها و شباهت‌های موجود در ساختار و فرآیندهای بیوسنتز و تجزیه آن را در بافت‌های مختلف نشان دهد. یوکویاما و نی‌شی‌تانی (۲۰۰۴)، ژن‌های مربوط به دیواره سلولی را در ۳۲ خانواده ژنی تقسیم‌بندی کردند و درختچه فیلوژنتیکی مربوط به آنها را رسم نمودند. با استفاده از این داده‌ها ما می‌توانیم به طور فیلوژنی به مقایسه ژن‌های منحصر به فرد خاص بین آرابیدوپسیس و برنج بپردازیم. این مطالعه نشان داد که تفاوت در معماری دیواره سلولی در ۲ گروه گیاهی در واقع انعکاس خانواده‌های ژنی منفرد درگیر در پویایی<sup>۱</sup> دیواره سلولی گونه‌های گیاهی است (یوکویاما و نیشیتانی، ۲۰۰۴). پیچیدگی شبکه کربوهیدرات‌های دیواره سلولی باعث شده است که برخی ژن‌ها هنوز هم حتی با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی شناخته نشوند. هانسن و همکاران (۲۰۰۸)، با هدف شناسایی ژن‌های گلیکوسیل ترانسفراز<sup>۲</sup> (GT) ناشناخته به روش‌های مختلف بیوانفورماتیکی اقدام نمودند که این روش‌ها با هم، منجر به شناسایی بیش از ۱۵۰ توالی پروتئینی کاندیدا شد که در میان آنها ۲۰ توالی به عنوان گلیکوسیل ترانسفراز در نظر گرفته شدند (هانسن و همکاران ۲۰۰۸). واکسر<sup>۳</sup> و همکاران (۲۰۱۲)، با استفاده از روش بیوانفورماتیکی به شناسایی گلیکوسیل ترانسفرازهای مشهور درگیر در بیوسنتز رامنوگالاکترونان II (RG-II) در گیاه آرابیدوپسیس و برنج پرداختند.

بر اساس نتایج این بررسی از ۲۶ توالی GTs در حال حاضر ۱۰ توالی در پایگاه CAZy<sup>۴</sup> (<http://www.cazy.org>) (لامبارد و همکاران، ۲۰۱۴)، طبقه‌بندی شده است (وکسر و همکاران، ۲۰۱۲). در ادامه نظر به ارتباط پایان‌نامه با آنزیم‌های خانواده پکتات‌لیازها، با جزئیات بیشتری ساختار

---

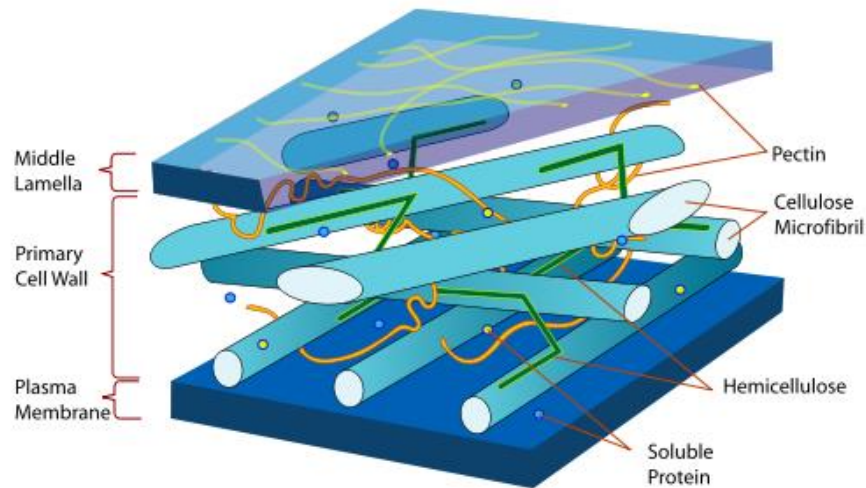
۱ - Dynamic

۲ - Glycosyltransferases (GTs)

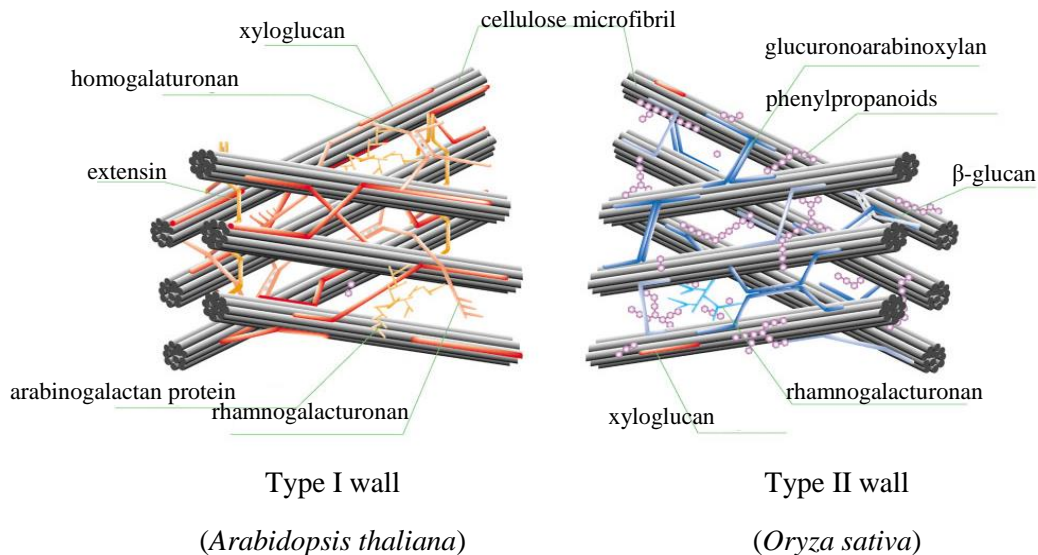
۳ - Voxeur

۴ - پایگاه Carbohydrate-Active Enzymes (CAZy; <http://www.cazy.org>) بصورت آن‌لاین در دسترس و به طور مداوم بروز می‌شود. این پایگاه شامل طبقه‌بندی آنزیم‌های درگیر در سنتز، متابولیسم و انتقال کربوهیدرات‌ها می‌باشد.

مولکولی ترکیبات پکتیکی را مورد مطالعه قرار می‌دهیم.



شکل ۱-۱: ساختار مولکولی دیواره سلولی در گیاهان. پلی‌مرهای ساختاری (سلولز، همی سلولز و پکتین) در آن نشان داده شده است. دیواره سلولی گیاهی، ساختمانی چند لایه از جنس پلی‌ساکاریدها و پروتئین‌ها است و از ۳ بخش: لایه میانی، دیواره سلولی اولیه و دیواره سلولی ثانویه تشکیل شده است. (<http://study.com/academy/lesson/plant-cell-wall-function-structure-composition.html>)



شکل ۱-۲: تفاوت‌های ساختاری بین ۲ تیپ دیواره سلولی در گیاهان مدل آرابیدوپسیس و برنج براساس مدل کارپیتا و مک کن (باچانان و همکاران، ۲۰۰۰).

### ۳-۱- پکتین

پکتین جزء اصلی دیواره سلولی اولیه گیاهان است و همراه با مواد پکتینی دیگر، پلی ساکاریدهای پیچیده‌ای را تشکیل می‌دهد که به عنوان بخشی از لایه میانی دیواره سلولی موجب استحکام بافت‌های گیاه می‌شوند و در مقاومت مکانیکی و خواص فیزیکی دیواره اولیه، چسبندگی داخل سلولی، دفاع در برابر پاتوژن‌ها و مورفوژنز مشارکت دارد (ریلی و همکاران، ۲۰۰۱؛ ویلاتس و همکاران، ۲۰۰۱ و کفال و موهنن، ۲۰۰۹). پکتین‌ها دسته‌ای از پلی‌مرهای پلی‌ساکاریدی با زنجیره خطی از واحدهای گالاکتورونیک اسید<sup>۱</sup> با پیوند  $\alpha\text{-}1\rightarrow 4$  هستند که شامل هموگالاکتورونان‌ها<sup>۲</sup>، رامنوگالاکتورونان<sup>۳</sup> I و رامنوگالاکتورونان‌های II<sup>۴</sup> می‌باشند (شکل ۱-۳)، (کفال و موهنن، ۲۰۰۹). وزن مولکولی نسبی مواد پکتیکی جدا شده از منابع مختلف مانند میوه‌های خانواده مرکبات، سیب و آلو ۲۵ تا ۳۵۰ کیلو دالتون است. زمانی که میوه نارس است این ماده به صورت پروتوپکتین (سلولز + مواد پکتیکی) می‌باشد که در آب نامحلول است. در طول رسیدن میوه، پروتوپکتین به پکتین تبدیل می‌شود که بافت میوه نیز نرم می‌شود. از آنجایی که پکتین در ترکیب با شکر دارای خاصیت تشکیل دهنده ژل است به عنوان عامل قوام آورنده در صنایع غذایی مانند ساخت مربا استفاده می‌شود. گروه پیچیده و متنوعی از آنزیم‌هایی که در تخریب مواد پکتیکی شرکت دارند پکتینازها نامیده می‌شوند. تفاوت انواع مواد پکتیکی در سلول گیاهی احتمالاً به علت وجود اشکال مختلف این آنزیم‌ها است که در ادامه به معرفی آن‌ها می‌پردازیم.

### ۴-۱- پکتینازها

---

۱ - Galacturonic acid (GalA)

۲ - Homogalacturonan (HG)

۳ - Rhamnogalacturonan-I (RG-I)

۴ - Rhamnogalacturonan-II (RG-II)



پکتینازهای گیاهی نقش مهمی در تجزیه پکتین در طول مراحل نهایی رسیدن میوه بازی می‌کنند (دی پیترو و رونکرو، ۱۹۹۶). پکتینازها هموگالاکتورونان‌های متیل-استری شده را مورد هدف قرار می‌دهند و سوستر را برای پلی‌گالاکتورونازها تولید می‌کنند. رامنوگالاکتورونان‌های یک و رامنوگالاکتورونان‌های دو در زنجیره‌های جانبی توسط رامنوگالاکتورونازها<sup>۱</sup> و رامنوگالاکتورونان‌لیازها<sup>۲</sup> تخریب می‌شوند. ساختارهای ۳ بعدی از پکتینازها درک بهتری از اساس مولکولی مکانیزم آنزیم‌ها را فراهم می‌آورد، ساختار کریستالی پکتینازها برای اولین بار از پکتات‌لیاز C (PelC) در *Erwinia chrysanthemi* بدست آمد. پس از آن نظیر همان ساختار در دیگر اعضا خانواده پکتینازها مشاهده شد. آنزیم‌های تخریب کننده شبکه پکتات به ۲ دسته گلیکوسیدهدیرولازها<sup>۳</sup> و پلی‌ساکاریدلیازها<sup>۴</sup> تقسیم می‌شوند. که در اینجا صرفاً به معرفی پلی‌ساکاریدلیازها می‌پردازیم.

#### ۱-۴-۱- پلی‌ساکاریدلیازها

پلی‌ساکاریدلیازها پیوند گلیکوزیدی را با واکنش حذف  $\beta$  (شکل ۱-۴)، که یک پروتون را حذف می‌کند از بین می‌برند. محصول نهایی این واکنش یک پیوند غیر اشباع بین C-4 و C-5 واحد قند در انتهای غیر احیا است که بر دو نوع پکتین‌لیازها (EC 4.2.2.10) و پکتات‌لیازها (EC 4.2.2.2) هستند. پکتین‌لیازها پلیمرهای پکتین استری شده (مانند شرایطی که در میوه‌ها وجود دارد) را به طور مستقیم توسط مکانیسم حذف  $\beta$  تجزیه می‌کنند که منجر به تشکیل الیگوگالاکترونیدهای ۴ و ۵ اشباع نشده می‌شوند. پکتین‌لیازها پکتین را بدون تولید متانول تجزیه می‌کنند از آنجا که متانول سمی و ممکن است خطرات بهداشتی داشته باشد از پکتین‌لیازها به طور گسترده در محصولات تجاری استفاده می‌شود.

---

۱ - Rhamnogalacturonases

۲ - Rhamnogalacturonan lyases

۳ - Glycoside hydrolase

۴ - Polysaccharide lyase

پکتات‌لیازها<sup>۱</sup> (EC 4.2.2.2) خانواده‌ای از آنزیم‌های هیدرولازی درون زنجیره هستند. این آنزیم آنزیم پیوند  $(1\rightarrow4)\text{-}\alpha\text{-D-galacturonan}$  را در هموگالاکتورونان<sup>۲</sup> پکتات (پکتین دی متیله شده<sup>۳</sup>) با واکنش حذف  $\beta$  می‌شکند و الیگوالاکتورونیدهای<sup>۴</sup> اشباع نشده تولید می‌کند (ابوت و برستون، ۲۰۰۷). پکتات‌لیازها بر اساس ویژگی‌های اختصاصی هیدرولیز پیوند گلیکوزیدی، کاتیونی که برای فعالیت خود نیاز دارند و pHهای اپتیمم فعالیت خود از یکدیگر متمایز می‌شوند (ابوت و برستون، ۲۰۰۷). بسیاری از پکتات‌لیازها در محدوده pH ۸ تا ۱۱ فعال و برای فعالیت آنزیمی خود نیازمند  $\text{Ca}^{2+}$  هستند (الکورتا و همکاران، ۱۹۹۸ و برنسمیر و همکاران، ۲۰۰۴)، در حالی که تعدادی دیگر به  $\text{Co}^{2+}$ ،  $\text{Mn}^{2+}$  و  $\text{Ni}^{2+}$  وابسته‌اند (مکن و روبرت، ۱۹۹۱). پکتات‌لیازها به طور گسترده‌ای در خانواده‌های گیاهان و میکروارگانیسم‌ها مانند *Erwinia chrysanthemi* (یودر و همکاران، ۱۹۳)، *Zinnia elegans* (دمینگو و همکاران، ۱۹۹۸)، *Meloidogyne javanivca* (دویل و همکاران، ۲۰۰۲) و توت فرنگی (بنیتز-باراکا و همکاران، ۲۰۰۳) گزارش شده‌اند که عامل خارجی مسبب بیماری نرمی ریشه در تعداد زیادی از گونه‌های گیاهان می‌باشند (باراز و همکاران، ۱۹۹۴ و کولمر و کین، ۱۹۸۶). در گیاهان، توالی ژن‌های Pectate lyase-like (PLL)، همولوژی قوی با PelC دارد که ایزوفرمی از پکتات‌لیازهای باکتریایی است (کولیکاسکاس و مکورمیک، ۱۹۹۷). توالی‌های مشابه دیگری با PLL که در مادگی (وو و همکاران، ۱۹۹۶)، در عناصر تراشه‌ای (سیمور و گراس، ۱۹۹۶ و میلیونی و همکاران، ۲۰۰۱) در رسیدگی میوه (دومینگوس و همکاران، ۱۹۹۷؛ مدینا-اسکوبار و همکاران، ۱۹۹۷؛ و مدینا-سورز و همکاران، ۱۹۹۷ و پیلاتز-واندر لیچ و همکاران، ۱۹۹۷) و در لاتکس (پالوسا و همکاران، ۲۰۰۷) بیان می‌شوند نیز گزارش شده‌اند.

---

۱ - Pectate lyases

۲ - Homogalacturonan

۳- Demethylated pectin

۴ - Oligogalacturonides

فراوانی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاهان زیاد است مثلاً ۲۶ ژن همولوگ در آرابیدوپسیس (سان و وان نوکر، ۲۰۱۰) و ۱۲ ژن همولوگ در برنج (*Oryza sativa*) (اینان و کاندراشو، ۲۰۱۰)، وجود دارند که ممکن است به علت دوبرابردگی ژنی باشد (دومینگو و همکاران، ۱۹۹۸)، مطالعات متعددی نشان داده‌اند که ژن‌های *PLL*، در پاسخ به هورمون‌های مختلف گیاهی (پالوسا و همکاران، ۲۰۰۷)، تنش‌های محیطی (پالوسا و همکاران، ۲۰۰۷) و عفونت‌های عوامل بیماری‌زا (ووگل و همکاران، ۲۰۰۲)، تنظیم می‌شوند. این ژن‌ها اساساً بیان بالایی را در دانه‌های گرده بالغ و در لوله‌های گرده در حال توسعه دارند. یکی دیگر از نقش‌های پکتات‌لیاز توانایی رشد لوله گرده توسط تخریب پکتین‌ها در بافت انتقال‌دهنده خامه است که بلوک‌های ساختمانی لوله گرده با بکار بردن محصولات حاصل از آن اجازه رشد مداوم لوله گرده را می‌دهند (وینگ و همکاران، ۱۹۹۰؛ روگرز و همکاران، ۱۹۹۲ و تورکیچ و همکاران، ۱۹۹۳). اولین بار ژن‌های *Pectate lyase-like (PLL)*، *LAT56* و *LAT59* از ژن‌های بیان شده گرده در گوجه فرنگی (*Solanum lycopersicum*) جدا شده‌اند (وینگ و همکاران، ۱۹۹۰). همولوگ‌های *LAT56* و *LAT59* به طور مشخص در گرده گیاهان مختلف بیان می‌شوند (بودلیر و همکاران، ۱۹۹۰ و کولیکاسکاس و مکورمیک، ۱۹۹۷). بیان برخی از ژن‌های *PLL* در مادگی و عناصر آوندی در حال توسعه نشان داده شده است (کولیکاسکاس و مکورمیک، ۱۹۹۷؛ دومینگو و همکاران، ۱۹۹۸ و مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۳). دو cDNA از میوه رسیده موز شباهت قابل توجهی در توالی با پکتات‌لیاز نشان دادند (مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۳). ترانسکریپت‌های این ۲ ژن تنها در بافت میوه شناسایی شدند که هر دو به شدت در طول رسیدن القا می‌شوند در حالی که هیچ بیانی از آنها در میوه سبز، برگ‌ها یا ریشه‌ها دیده نشده است این امر نشان می‌دهد که این آنزیم‌ها نقش مهمی در رسیدگی و نرمی میوه دارند (مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۲). مطالعات همچنین نشان می‌دهد که ۲ ژن *PLL* در *Brassica rapa* به طور گسترده‌ای در گرده و مادگی بیان می‌شود (جیانگ و همکاران، ۲۰۱۲ و جیانگ و همکاران، ۲۰۱۳). علاوه بر این، آنالیز پروموتور در آرابیدوپسیس، ارتباط نزدیک ژن‌های *PLL* با جداسدن سلول را بیشتر نشان داده است به این علت که چندین پروموتور

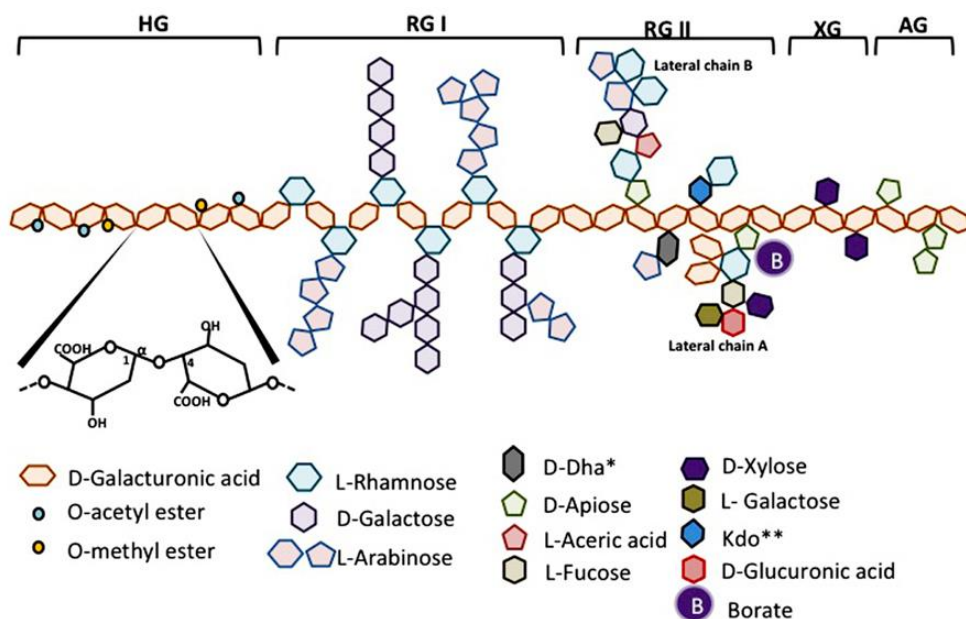
PLL فعالیت مستقیم در برنامه‌ریزی دومین‌های جای‌گرفته در مناطق ریزش<sup>۱</sup> دارند (سان و وان نوکر، ۲۰۱۰). در طول رشد و نمو گیاه بسیاری از حوادث موجب می‌شود که سلول‌های مجاور به طور هماهنگ جدا شوند. جدا شدن سلول منجر به ریزش اندام یا بساک یا باز شدن میوه در موقعیت‌های از پیش تعیین شده می‌شود که به ترتیب به آن مناطق ریزش گیاه<sup>۲</sup> (AZs) یا مناطق باز شدن<sup>۳</sup> (DZs) می‌گویند (لسلی و همکاران، ۲۰۰۷ و آسترگارد و همکاران، ۲۰۰۷). فضای بین سلولی تشکیل شده در برگ‌ها و ساقه‌ها می‌تواند نتیجه جدا شدن محدود سلول‌ها در مناطق tricellular باشد (جارویس، ۱۹۹۸). همچنین رسیدگی میوه‌ها مستلزم جدایی محدود سلول است که در آن تنها لایه میانی تخریب می‌شود و اتصالات tricellular و پلاسمودسما تا اغلب دست نخورده باقی می‌مانند (روی و همکاران، ۱۹۹۴ و هالت و همکاران، ۱۹۹۲). جدایی سلول همچنین در فرآیندهای جوانه زنی دانه، ظهور ریشه جانبی، نفوذ لوله‌گرده از طریق مجاری فرستنده دخالت دارد (ون و همکاران، ۲۰۰۷ و مولت و همکاران، ۲۰۰۷). آنالیز رونویسی در آرآبیدوپسیس نشان داد که زیر مجموعه کوچکی از ژن‌های پکتات‌لیاز در طول ریزش پرچم و یا در جدایی سلول کورتیکول در طول ظهور ریشه جانبی تنظیم می‌شوند (بنیتز بوراکا و همکاران، ۲۰۰۳؛ پالاسا و همکاران، ۲۰۰۷ و اسواراپ و همکاران، ۲۰۰۸). سان و نوکر (۲۰۱۰) الگوهای بیان پروموتورهای اعضا خانواده PLL را مورد مقایسه قرار دادند و بر روی سست شدن دیواره و جدایی سلول‌های مختلف که در طول رشد و نمو آرآبیدوپسیس روی می‌دهد تمرکز کردند. آنها نشان دادند که تعدادی از پروموتورهای پکتات‌لیاز به طور مستقیم در مکان‌های برنامه‌ریزی شده برای جداسازی سلول مانند مناطق ریزش کاسبرگ، گلبرگ و دانه همچنین در منطقه باز شدن میوه فعالیت دارند. نتایج هم دخالت وابسته و هم دخالت غیر وابسته ژن‌های PLL در جنبه‌های مختلف رشد و نمو و جدایی سلول را تایید کرد (سان و نوکر، ۲۰۱۰).

---

۱ - Abscission zones

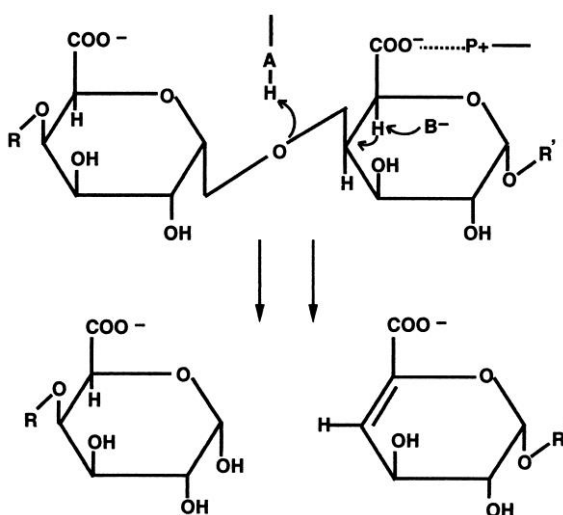
۲ - Abscission zones

۳ - Dehiscence zones



\*D-Dha = 3-deoxy-D-lyxo-2-heptulosaric acid  
 \*\*Kdo = 3-deoxy-D-manno-2-octulosonic acid

شکل ۱-۳: ساختار پکتین. AG: arabinogalactan, HG: homogalacturonan, RG: rhamnogalacturonan, XG: Xylogalacturonan (لکزر و همکاران، ۲۰۱۳).



شکل ۱-۴ تصویر هندسی برش پیوند  $\alpha$ -1,4-polygalacturonic acid توسط مکانیسم حذف  $\beta$ . انتظار می‌رود که عمل پکتات‌لیازها توسط ۳ گروه کاتالیزور انجام شود  $P^+$ : بار در گروه کربوکسیلیک‌اسید را خنثی می‌کند. B: پروتون را از C-5 جدا می‌کند. A: درگیر انتقال آخرین پروتون به glycosidic oxygen است و یک پیوند دوگانه بین C-4 و C-5 به وجود می‌آورد (اکسین و همکاران، ۲۰۰۹).

برای درک عملکرد بالقوه ژن‌های *PLL* در گیاهان، ژیانگ و همکاران (۲۰۱۳)، ساختار *intron-exon*، روابط فیلوژنتیکی و ساختارهای پروتئینی و اندازه الگوهای بیانشان در بافت‌های مختلف به خصوص در بافت‌های تولید مثلی در *Brassica rapa* را مورد بررسی قرار دادند. همچنین با آنالیز RT-PCR کمی نشان داده شد که ژن‌های *BrPLL* در بافت‌های متنوعی (بسیاری از آنها در گل) بیان می‌شوند. با آنالیز دقیق qRT-PCR ۱۱ ژن *PLL* خاص برای گرده و چندین ژن دیگر با الگوهای بیان منحصر به فرد زمانی و مکانی شناسایی شد. در این بررسی مشخص شد که برخی ژن‌های دوبرابر شده الگوهای بیان مشابه‌ای دارند (جیانگ و همکاران، ۲۰۱۳).

#### ۱-۴-۲- کاربرد پکتات‌لیاز

از فعالیت‌های مهم سلول‌های گیاهی در دوره رشد، فعال نمودن ژن‌های عامل و آنزیم‌های موثر در تجزیه برخی مواد ذخیره شده در مراحل اولیه تشکیل میوه است. براساس مطالعات انجام شده، آنزیم‌های مختلفی در تخریب دیواره سلولی و نرم شدن بافت میوه نقش دارند. آنزیم پکتات‌لیاز نقش زیادی در فرآیند تخریب سلول و نرم شدگی بافت میوه به ویژه در میوه‌های انگور و توت فرنگی دارد. در مرحله ترش- شیرین میوه انگور، گسترش رنگ، نرم شدن، تسریع در رشد و نمو و همچنین افزایش وزن حبه رخ می‌دهد. تحقیقات نشان داده‌اند که آنزیم پکتات‌لیاز تاثیر قابل توجهی در این مرحله با تخریب دیواره سلولی و به دنبال آن نرم شدن حبه انگور دارد. که این مسئله موجب کاهش عمر نگهداری و ماندگاری میوه و افزایش فسادپذیری میوه می‌شود، بنابراین با کاهش فعالیت آنزیم پکتات‌لیاز به طور مستقیم و غیر مستقیم می‌توان میزان ماندگاری میوه را افزایش داد.

رسیدگی میوه‌های گوشتی به طور معمول با نرمی میوه همراه است که از نظر مکانیسم هم به واسطه آنزیمی (برومل و هارپستر، ۲۰۰۱ و برومل، ۲۰۰۶) و هم غیر آنزیم (دامویل و فری، ۲۰۰۳) تخریب کننده دیواره سلولی انجام می‌شود. شواهد نشان می‌دهد که تغییرات مرتبط با رسیدگی در فشار تورگر سلول میوه همچنین در سفتی میوه تاثیر دارد (سالادی و همکاران، ۲۰۰۷). اما مطالعات بیشتر بر روی تغییرات اجزا دیواره، معماری و پروتئین‌های مورد نیاز برای اصلاح دیواره متمرکز بوده

است (برومل و هارپستر، ۲۰۰۱). این تغییرات در دیواره سلولی در بسیاری از میوه‌های رسیده مشترک است با این حال بسیاری از مطالعات دیگر در مورد متابولیسم دیواره، به تفاوت‌ها نیز اشاره دارد (رز و بنت، ۱۹۹۹). بسیاری از این خصوصیات احتمالاً به تفاوت در بافت میوه رسیده مرتبط است که می‌تواند به صورت نرم، شل یا ترد طبقه بندی شوند.

توت فرنگی (*Fragaria×ananassa* Duch.) در گروهی از میوه‌ها جای دارد که در طول رشد و رسیدگی بافت شل و نرمی را توسعه می‌دهد که در طی این مرحله دیواره سلولی اولیه و لایه میانی تخریب می‌شود به گونه‌ای که پکتین حل و زایل‌گلوکان دپلی‌مریزه و دیواره سلولی متورم می‌گردد (رد ردول و همکاران، ۱۹۹۷ و کوه و ملتون، ۲۰۰۲). پکتات‌لیازها از آنزیم‌هایی هستند که ممکن است به تخریب پکتین در هنگام رسیدگی کمک کنند (دومینگوس و همکاران، ۱۹۹۷). در میوه‌های مختلف پکتات‌لیازهایی شناسایی شده‌اند که الگوهای بیانشان در هنگام رسیدگی افزایش می‌یابد (دومینگوس و همکاران، ۱۹۹۷؛ مدینا و همکاران، ۱۹۹۷ و نانان و همکاران، ۲۰۰۱). اما به طور کلی نسبت به پلی‌گالاکتروناز فعالیت پکتات‌لیازها، جایگاه آن‌ها، تنظیم یا کمک به هیدرولیز پکتین کمتر شناخته شده است (برومل و هارپی، ۲۰۰۱). خاموش سازی ژن پکتات‌لیاز در توت فرنگی سفتی و ماندگاری بعد از برداشت را افزایش می‌دهد (جیمنز و همکاران، ۲۰۰۲). سه ژن پکتات‌لیاز خاص میوه با الگوهای بیان مشابه توصیف شده‌اند (بنیتز-باراکو . همکاران، ۲۰۰۳)، نتایج نشان دهنده سیستم آزمایشی با ارزشی است که به درک بهتر سهم پکتات‌لیازها در تخریب پکتین برای رسیدگی می‌انجامد.

پایاسی و سنوال (۲۰۰۳)، فعالیت پکتات‌لیاز را در میوه رسیده موز مورد آزمایش قرار دادند و مشاهده کردند فعالیت پکتات‌لیاز به تدریج از اوایل مرحله بحرانی افزایش یافت و به حداکثر سطح خود در اوج این مرحله رسید و بعد از آن و پس از رسیدن میوه کاهش یافت (پایاسی و سنوال، ۲۰۰۳). از آنجایی که آنزیم پکتات‌لیاز نیازمند یون  $Ca^{2+}$  است با این حال  $Mg^{2+}$  و  $Mn^{2+}$  به طور مساوی می‌توانند جایگزین شوند. پایاسی و همکاران (۲۰۰۶)، با خالص سازی پکتات‌لیاز از میوه رسیده موز مشاهده کردند که اگر دو یون فلزی ( $Mg^{2+}$ ،  $Ca^{2+}$  و  $Mn^{2+}$ )، با هم حضور داشته باشند تاثیر

افزایشی بر فعالیت آنزیم دارند. پکتات‌لیاز موز برای حداکثر فعالیت علاوه بر  $Ca^{2+}$  به  $Mg^{2+}$  نیاز دارد (پایاسی و همکاران، ۲۰۰۶). سانتیاگو-دومنج و همکاران (۲۰۰۸)، با آنالیز متوالی دیواره سلولی میوه‌های تراریخته توت فرنگی که در آنها بیش از ۹۰ درصد فراوانی پکتات‌لیاز کاهش یافته بود تفاوت کمی و کیفی واضحی را در استخراج و توده مولکولی جمعیت پلی‌مرهای پکتینی مشاهده کردند. همچنین دیواره‌های سلولی میوه‌های تراریخته کاهش حلالیت در پکتین و کاهش دپلی‌مریزه شدن پیوندهای بسیار محکم پلی‌یورونیدی را از خود نشان دادند. این مطالعات نشان می‌دهد که پکتات‌لیازها نقش مهمی در تخریب دیواره اولیه و لایه میانی در رسیدگی میوه توت فرنگی بازی می‌کنند (سانتیاگو-دومنج و همکاران، ۲۰۰۸). همچنین فراوانی Expressed Sequence Tag (EST)، پکتات‌لیاز در گوجه و حضور رونوشت‌های *PLL* در بسیاری از میوه‌ها حکایت از اهمیت این آنزیم‌ها در رسیدگی میوه دارد [۸۱]. برای کنترل نرمی میوه توت فرنگی جیم<sup>۱</sup> و همکاران (۲۰۱۰)، گیاهان تراریخته‌ای را که دارای توالی antisense ژن پکتات‌لیاز توت فرنگی تحت کنترل پروموتور 35S را در انتقال ژن بکار بردند. ۴۱ لاین تراریخته مستقل (*Antipectate lyase (Apel line)*) به وجود آمد که با تکثیر در گلخانه و آنالیز زراعی و مقایسه گیاهان شاهد با گیاهان انتقال نیافته، گیاهان انتقال یافته با پلاسمید مشاهده شد که عملکرد به طور قابل توجهی در ۳۳ لاین *Apel* از ۴۱ لاین کاهش یافت. در مرحله رسیدگی هیچ تفاوتی در رنگ، اندازه، شکل و وزن بین *Apel* و میوه شاهد مشاهده نشد. با این حال بسیاری از میوه‌های رسیده لاین‌های *Apel* به طور قابل توجهی سفت‌تر از شاهد بودند. در ۶ لاین *Apel* که برای آزمایشات بعدی انتخاب شده بودند در همه آنها بیان ژن پکتات‌لیاز در میوه رسیده ۳۰ درصد کمتر از شاهد بود که در ۳ لاین به طور کامل سرکوب شد. نتایج نشان داد که ژن پکتات‌لیاز کاندیدای مناسبی برای بهبود بیوتکنولوژی نرمی میوه در توت فرنگی است (مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۲).

آب میوه تهیه شده از میوه رسیده حاوی مقدار قابل توجهی پکتین می‌باشد. پکتین باعث تیره



شدن آب‌میوه و بروز تغییراتی در ظاهر و طعم آن می‌گردد که برای مصرف‌کننده جذاب نمی‌باشد. پکتات‌لیاز آنزیمی است که بر پکتین تاثیر گذاشته و باعث تولید آب میوه‌ای شفاف می‌گردد که از نظر خواص ظاهری، ثبات، طعم، مزه و بافت تغییراتی ایجاد کرده که نظر مصرف‌کننده را جلب می‌کند. این آنزیم به طور طبیعی در بیشتر میوه‌های مورد استفاده برای تولید آب میوه وجود دارد اما اغلب تولیدکنندگان برای تولید آب میوه‌ای شفاف مقدار بیشتری از این آنزیم را به محصول اضافه می‌کنند (تاکب و همکاران، ۱۹۹۸). آب انگور در مقدار زیاد بیش از حد شیرین می‌شود برای رفع این حالت آب انگور را با دیگر میوه‌ها مانند آب سیب ترکیب کرده و یا با پکتین پردازش می‌کنند. آنزیم پکتات‌لیاز به جلوگیری از تخمیر، جداسازی ذرات نامحلول و کاهش اسیدیته کمک می‌کند (پراد و همکاران، ۱۹۹۹ و موهنن، ۲۰۰۸).

تخمیر یکی از فرآیندهای مهم در تولید چای سیاه می‌باشد که در این مرحله با قرارگرفتن سوبسترا در معرض آنزیم، واکنش اکسیداسیون اتفاق می‌افتد و ترکیبات تعیین‌کننده خصوصیات کیفی چای، تولید می‌شوند. یکی از عوامل افزایشنده این ترکیبات، افزایش میزان تماس بین آنزیم و سوبسترا است که با افزودن آنزیم‌های تخریب‌کننده دیواره سلولی برگ میسر می‌گردد. در تخمیر قهوه برای از بین بردن لایه لعابی از دانه‌های قهوه آنزیم‌های پکتات‌لیاز استفاده می‌شود (انگرنی و همکاران، ۲۰۰۲).

الیاف گیاهان فیبری، گروهی از فیبرهای نرم هستند که در قسمت‌های خارجی آوندهای چوبی، آبکش و نیز دایره محیطیه<sup>۱</sup> تشکیل می‌گردند. از جمله کتان و کنف، به دلیل وجود مقادیر زیادی صمغ در این الیاف‌ها در فرآیند تولید پارچه جهت صمغ‌زدایی از آنزیم پکتات‌لیاز استفاده می‌شود. استفاده از روش‌های شیمیایی برای حذف صمغ به دلیل آلوده‌کنندگی زیاد، مسموم‌کننده است و به دلیل زیست تخریب پذیر نبودن مواد مصرفی توصیه نمی‌شود. آنزیم پکتات‌لیاز در ترکیب با آنزیم زایلاناز جایگزینی

---

۱- Pericycle

مقرون به صرفه و بی خطر برای محیط زیست محسوب می شود. از مشکلات زیست محیطی در تولید پنبه مصرف آب و انرژی زیاد و آلودگی محیط زیست است که این آنزیم موجب تمیزکاری و آب گیری در طی فرآیند پردازش می شود که با حذف دیواره سلولی باقی مانده در الیاف تحت شرایط قلیایی قوی این عمل به انجام می رسد. استفاده از آنزیم ها هیچ گونه عوارض جانبی منفی بر تخریب سلولز الیاف ندارند (ژنگ و همکاران، ۲۰۰۱). در طی فرآیند کاغذسازی پکتات لیاژها می توانند پلیمرها و گالاکترونیک اسیدها را دپلی مریزه کنند و همچنین مایع سفیدکننده و صاف کننده پراکسید موجب افزایش سفیدکنندگی خمیر کاغذهای اکالیپتوس می شود (باجپای، ۱۹۹۹).

هدر رفتن ترکیبات غذایی را به ویژه در دام های جوان می توان تا حد زیادی به عدم تولید آنزیم به مقدار کافی، نسبت داد که با افزودن آنزیم پکتات لیاژ به جیره می توان موجب کاهش ویسکوزیته و بهبود قابلیت هضم ترکیبات غذایی جیره شد. این آنزیم با تخریب دیواره سلولی مواد غذایی (پلی ساکاریدها و پروتئین های ذخیره ای) موجب آزاد سازی و قابل دسترس شدن مواد غذایی داخل سلولی می گردند و با کاهش دادن ویسکوزیته محتویات گوارشی ایجاد شده توسط فیبرهای محلول، موجب هضم موثرتر مواد اولیه غذایی می شوند (پترسون، ۲۰۰۱). از آنزیم هایی مانند پکتات لیاژها برای نرم کردن پوست و بافت میوه ها در صنعت کنسروسازی استفاده می شود. کاربرد دیگر پکتات لیاژها نقش آن در خالص سازی ویروس ها است، در مواردی که ویروس گیاهی در آوند آبکش گیاه محصور شده پکتات لیاژ و سلولاز را می توان جهت جدا سازی ویروس از بافت به منظور استخراج ویروس خالص استفاده کرد (سالازار و جایاسینه، ۱۹۹۹).

در دهه گذشته نگرانی ها در مورد آلودگی محیط زیست، بالا رفتن نرخ سوخت های فسیلی و مهم تر از همه ممنوعیت استفاده از یک نوع افزودنی به نام متیل ترتبوتیل اتر (MTBE) در برخی مناطق دولت ها را به فکر استفاده از سوخت های بیولوژیک انداخت. بنابراین در حال حاضر محققین تلاش می کنند آنزیم هایی را بسازند که قادر باشند با هزینه پایین با اثر بر مواد اولیه ای مانند لیگنوسلولز سوخت های بیولوژیکی را که قادر به رقابت با سوخت های فسیلی باشند تولید کنند. برای

اطمینان از در دسترس بودن منابع انرژی پایدار، بیواتانول<sup>۱</sup> تولیدی از بیومس گیاهی به سرعت در حال افزایش است. بیومس لیگنوسلولوزیک<sup>۲</sup> که از اجزای اصلی دیواره سلولی ثانویه به شمار می‌آیند به فراوانی در گیاهان وجود دارند. بنابراین این توده زیستی باید برای تولید بیواتانول بکار گرفته شود. برای تولید بیواتانول موجود در بیومس لیگنوسلولوزیک، سلولز موجود در دیواره سلولی ابتدا باید به گلوکز تبدیل شود. این فرآیند به علت آنکه سلولز در ساختار پیچیده‌ی دیواره سلولی به دام افتاده است کار را دشوار می‌سازد. اگر به کمک آنزیم‌ها مانند پکتینازها به عوض تیمار با اسیدها و قلیاها در دماهای بالا اقدام به آزاد سازی سلولز نماییم بطور قابل توجهی می‌توان از مصرف انرژی و آلوده کننده‌های محیط زیست جلوگیری کنیم (وگل، ۲۰۰۸).

بدین ترتیب مشاهده شد که پکتات‌لیازها اهمیت ویژه‌ای در صنعت و کشاورزی دارند و در برخی موارد محتاج تولید بیشتر در مواردی نیز لازم است که با کاهش تولید همراه باشد اگرچه مطالعات قابل توجهی در خصوص بیان بیش از اندازه Overexpression و یا خاموش کردن ژن‌های کد کننده این آنزیم‌ها صورت نگرفته است ولی می‌توان به طور همزمان در خصوص ژن‌های هم‌بیان این ژن‌های کد کننده پکتات‌لیازها به مطالعه پرداخت تا در صورت لزوم به تغییر سطح بیان آنها بطور غیر مستقیم اقدام کرد.

## ۱-۵- ژن‌های هم‌بیان

به مطالعه یک ارگانسیم به عنوان شبکه ژن‌های در حال تعامل، پروتئین‌ها و واکنش‌های بیوشیمیایی که موجب شکل‌گیری حیات می‌شوند به جای آنالیز تک تک اجزا یک فرآیند سلولی مانند متابولیسم قند یا هسته سلول، زیست‌شناسی سیستم‌ها<sup>۳</sup> می‌گویند. این مطالعات تمامی اجزا و تعاملات سلولی درگیر در آن فرآیند را به عنوان بخشی از یک سیستم در نظر می‌گیرد. این فعل و

---

۱ - Bioethanol (BE)

۲ - Lignocellulosic

۳ - System biology

انفعالات در نهایت مسئول شکل و عملکرد موجود هستند. برای مثال سیستم ایمنی نتیجه یک مکانیسم یا یک ژن واحد نیست بلکه اثر متقابل ژن‌های متعدد مکانیسم‌های پروتئینی و محیط خارجی موجود است که منجر به شکل‌گیری پاسخ ایمنی برای مبارزه با عفونت‌ها یا بیماری‌ها می‌گردد. ژن‌های درگیر در مسیرهای بیولوژیکی مرتبط اغلب با همکاری هم، بیان می‌شوند و به این ترتیب اطلاعات مربوط به هم‌بیانی، کلیدی برای درک سیستم‌های زیستی است (ایسن و همکاران، ۱۹۹۸). ایده اصلی آنالیز ژن‌های هم‌بیان این است که ژن‌های درگیر در فرآیندی واحد انتظار می‌رود که در بسیاری از شرایط مختلف الگوهای بیان مشابه‌ای داشته باشند. در واقع داده‌های هم‌بیانی برای طیف گسترده‌ای از روش‌های آزمایشگاهی مانند انتخاب ژن<sup>۱</sup>، بررسی‌های تنظیمی<sup>۲</sup> و یا شناسایی الگوهای پروتئینی در برهم‌کنش‌های بین پروتئین‌ها<sup>۳</sup> بکار برده می‌شوند (اوکی و شیباتا، ۲۰۰۷ و شوماکر و پانکنکو، ۲۰۰۷). برای انجام مطالعات در حوزه‌ی ژن‌های هم‌بیان نیاز است تا حجم بزرگی از داده‌های بیان ژن برای پیش‌بینی روابط ژن‌های هم‌بیان در اختیار باشد. با اولین گزارش از پروفایل بیان رونوشت ژنوم با ریزآرایه DNA، اهمیت آنالیز بیان ژن در مقیاس بزرگ برای درک عملکرد ژن آشکار شد (اسکینا و همکاران، ۱۹۹۵)، که منجر به استفاده از آنالیزهای هم‌بیانی برای اندازه‌گیری محل فیزیولوژیکی سلول‌ها و همچنین برای تشخیص ژن‌هایی با عملکرد ناشناخته مورد استفاده قرار گرفت (اسکینا و همکاران، ۱۹۹۵). پروژه‌های آنالیز بیان ژن زیادی در گیاهان با مقیاس بزرگ انجام شده است که در آنها شبکه‌های هم‌بیانی ایجاد و نتایج آزمایشات جدا از هم ترکیب می‌شوند و از ضریب همبستگی پیرسون<sup>۴</sup> بین تمامی جفت ژن‌ها استفاده می‌شود (ورتل و همکاران، ۲۰۰۳؛ زیمرمان و همکاران، ۲۰۰۴؛ استین هاسر و همکاران، ۲۰۰۴؛ توفیقی و همکاران، ۲۰۰۵؛ اسمید و

---

۱ - Gene targeting

۲ - Regulatory investigations

۳ - Protein-protein interactions (PPIs)

۴ - Pearson correlation coefficients

همکاران، ۲۰۰۵؛ لی و همکاران، ۲۰۰۹ و ویلکینز و همکاران، ۲۰۰۹). تعدادی از پایگاه‌های شبکه‌های هم‌بینی ژن‌ها برای دسترسی عموم مانند ATTED-II (<http://atted.jp>) (اوبایاشی و کینوشیتا، ۲۰۰۹) و RiceFRIEND (<http://ricefrend.dna.affrc.go.jp>) (ساتو و همکاران، ۲۰۱۲) ساخته شده‌اند (جدول ۱-۱) و اجازه جستجو شبکه‌های ژنی قبلاً ساخته شده با ژن یا ژن‌های هدف، شناسایی ارتباط شرکای ژنی و تجسم نمایش گرافیکی شبکه‌های هم‌بینی با معیارهای معین کاربر مانند آزمایشات خاص یا شرایطی که بر اساس آن همبستگی محاسبه می‌شود را به محققان می‌دهند (ورتل و همکاران، ۲۰۰۳؛ توفیقی و همکاران، ۲۰۰۵؛ اسمید و همکاران، ۲۰۰۵؛ لی و همکاران، ۲۰۰۹ و ویلکینز و همکاران، ۲۰۰۹). اگرچه انتظار می‌رود که این پایگاه‌ها اطلاعات مشابه‌ای را ارائه دهند ولی هر کدام ویژگی‌های منحصر به فردی مانند جستجو عناصر CIS مشترک با ژن هم‌بین، آنالیزهای ترکیبی ژن هم‌بین در چندین گونه (موتوی و همکاران، ۲۰۰۸) یا استفاده از سیستم برنامه نویسی JAVA (هروز و همکاران، ۲۰۰۳) را در اختیار دارند که پتانسیل کشف ژن‌های هم‌بین را افزایش می‌دهد (توفیقی و همکاران، ۲۰۰۵).

جدول ۱-۱: فهرستی از پایگاه‌های اطلاعاتی ژن‌های هم‌بین.

Database name	Species	Link	Source
ATTED-II	Arabidopsis, rice	<a href="http://atted.jp">http://atted.jp</a>	(Obayashi and Kinoshita, 2009)
BAR	Arabidopsis, poplar	<a href="http://Bar.utoronto.ca/welcome.htm">Bar.utoronto.ca/welcome.htm</a>	(Toufighi et al., 2005)
Oryza_Express	Rice	<a href="http://riceball.lab.nig.ac.jp/orzyaexpress/">http://riceball.lab.nig.ac.jp/orzyaexpress/</a>	(Hamada et al., 2011)
Phytozome	Sorghum, Arabidopsis lyrata, Poplar, Soybean genome	<a href="http://www.phytozome.net/sorghum">http://www.phytozome.net/sorghum</a>	(Goodstein et al., 2012)
TAIR	Arabidopsis thaliana	<a href="http://www.arabidopsis.org">http://www.arabidopsis.org</a>	(Swarbreck et al., 2008)
NCBI	Nucleotide sequences	<a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</a>	(Barrett et al., 2007)
Uniprot	Protein sequences	<a href="http://www.uniprot.org/">http://www.uniprot.org/</a>	(Apweiler et al., 2004)
PlantGDB	EST clusters	<a href="http://www.plantgdb.org">http://www.plantgdb.org</a>	(Dong et al., 2004)

خوشه بندی ژن‌ها بر اساس تشابه سطوح بیان ابزار مناسبی برای گروه‌بندی ژن‌هایی با فعالیت مرتبط با هم است، بسیاری از الگوریتم‌های خوشه‌بندی مختلف بدین منظور توسعه یافته‌اند (ایسان و همکاران، ۱۹۹۸؛ تامایو و همکاران، ۱۹۹۹؛ توزویی و همکاران، ۱۹۹۹؛ بن دور و همکاران، ۱۹۹۹ و

شاران و همکاران، ۲۰۰۳). خوشه‌بندی داده‌های مربوط به بیان ژن بر این مفهوم استوار است که ژن‌ها با الگوی بیان مشابه اغلب عملکرد مشابهی را به اشتراک می‌گذارند (ولف و همکاران، ۲۰۰۵). برای مثال مسیرهای چندگانه انتقال در گیاهان ممکن است توسط بیان هماهنگ ژن‌های مختلف تنظیم شوند. شبکه‌هایی که با هم در تعامل هستند منعکس کننده ارتباط الگوی بیان ژن‌های مختلف است و در ردیابی ژن‌ها در مسیر یکسان کاربرد دارند. استفاده از شبکه‌ها در زیست محاسباتی تا حد زیادی قابلیت‌های تحلیلی را افزایش داده است. هم‌تراز کردن ژن‌های هم‌بیان شبکه، همراه با اطلاعات عملکرد و ژنتیکی ژنوم روشی را برای ترجمه عملکرد ژن و ارتباط ژنوتیپ- فنوتیپ بین گونه‌ها به وجود می‌آورد. یکی از مشکلاتی که در استفاده از روش‌های آنالیز و نمایش فعلی وجود دارد این است که شبکه‌های هم‌بیانی می‌توانند خیلی پیچیده باشند در نتیجه تفسیر آنها مشکل است. اگرچه انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعدادی گره ساده کند، اما درک شبکه‌های ژنی هنوز هم مشکل است (یوزادل و همکاران، ۲۰۰۹ و اوکی و همکاران، ۲۰۰۷). گروه‌های تحقیقاتی متعددی زیرمجموعه‌هایی از ژن‌هایی با همبستگی بالا را در شبکه‌های بزرگ هم‌بیانی ژن در گیاهان آراییدوپسیس و برنج شناسایی کرده‌اند (ما و همکاران، ۲۰۰۷؛ اوبایاشی و همکاران، ۲۰۰۷؛ فوکوشیما و همکاران، ۲۰۰۹؛ مائو و همکاران، ۲۰۰۹؛ اتاگا و همکاران، ۲۰۱۰؛ ماتویل و همکاران، ۲۰۱۰؛ فیکلین و همکاران، ۲۰۱۰ و هامادا و همکاران، ۲۰۱۱). با استفاده از الگوریتم‌های مختلف این گزارش‌ها، شبکه‌های هم‌بیانی ژنی برای شناسایی زیرمجموعه ژن‌هایی که در یک ارتباط احتمالی با هم هستند شناسایی می‌گردند. این زیر شبکه ژن‌ها Module نامیده می‌شوند. ژن‌ها در ماژول‌ها به ضرورت شناسایی خود اشاره می‌کنند که به آن دانش هستی‌شناسی ژن<sup>۱</sup> می‌گویند (ما و همکاران، ۲۰۰۷؛ مائو و همکاران، ۲۰۰۹؛ ماتویل و همکاران، ۲۰۱۰ و فیکلین و همکاران، ۲۰۱۰) و روابط به تصویر کشیده شده توسط Module‌های ژنی موافق با مسیرهای مورد انتظار ژن هستند (ما و همکاران،

---

۱ - Gene ontology (GO)

۲۰۰۷؛ مائو و همکاران، ۲۰۰۹ و ماتوی و همکاران، ۲۰۱۰). این Moduleها به عنوان ابزاری برای پیشگویی ارتباطات درون و برون سلولی در سطح مولکولی مورد استفاده قرار گرفته‌اند (اکسین و همکاران، ۲۰۰۹؛ ماتوی و همکاران، ۲۰۱۰؛ برقی و همکاران، ۲۰۱۰ و رن و همکاران، ۲۰۱۰). روش‌های آنالیز اطلاعات بیان ژنوم بسته به انتخاب داده‌های ورودی یا وابسته به شرایط یا مستقل از شرایط هستند. اطلاعات وابسته به شرایط شامل برنامه‌ریزی تیمارها یا شرایطی است که برای ثبت پاسخ‌های ترانسکرپت به مراحل فیزیولوژیکی خاص طراحی شده‌اند. در مقابل، اطلاعات مستقل از شرایط تلفیقی از شرایط/تیمارهای نامرتبته هستند که برای فهم پاسخ بیولوژیکی خاصی طراحی نشده‌اند. بسیاری از منابع بزرگ برای هم‌بینی ژن‌های گیاهی آنالیزهایی با شرایط مستقل<sup>۱</sup> را به کار می‌گیرند که بر روی مجموعه‌ی بزرگی از اطلاعات بیان ژن در منابع مستقل تکیه دارد (اسمید و همکاران، ۲۰۰۵؛ ابایشی و همکاران، ۲۰۰۷؛ فوکوشیما و همکاران، ۲۰۰۹؛ مائو و همکاران، ۲۰۰۹؛ آسادل و همکاران، ۲۰۰۹؛ لی و همکاران، ۲۰۰۹؛ اتاگا و همکاران، ۲۰۱۰؛ ماتویل و همکاران، ۲۰۱۰ و فیکلین و همکاران، ۲۰۱۰)، این آنالیزها از آن جهت مناسبند که با حداکثر داده‌های در دسترس ساخته می‌شوند. با این حال مشکلات بالقوه‌ای در تجزیه اطلاعات بیان ژن بدون احتساب شرایط تیماری و یا فیزیولوژیک سلول وجود دارد به عنوان مثال نشان داده شده است که آنالیز هم‌بینی ژن با نمونه‌های ریزآرایه بیش‌ماری می‌تواند در نتیجه از دست دادن اطلاعات باشد کاسگرو و همکاران، ۲۰۱۰). ایراد دیگر بر این دست از آنالیزها این است که ارتباط ژن‌ها با یکدیگر صرفاً مبتنی بر ضرایب همبستگی استوار است بدون آنکه محقق وضعیت واقعی سلول را لحاظ نماید برای مثال ممکن است دو ژن از همبستگی بسیار بالایی با یکدیگر به دلیل تشابه در بیان برخوردار باشند بدون اینکه در هیچ شبکه متابولیکی سلولی با یکدیگر به طور مستقیم مرتبط باشند بنابراین به دست آوردن ارتباطات دروغین مثبت یا منفی در آنالیزهای مستقل از شرایط سلولی و فیزیولوژیکی فراوان رخ خواهد داد. در

---

۱ - Condition-independent analysis

مقابل آنالیزهای وابسته به شرایط به طور معمول مجموعه تعریف شده کوچکتری از تیمارها یا شرایط را برای آزمون فرضیه خاص بکار می‌برند یا بینشی را در شرایط فیزیولوژیکی خاص ارائه می‌دهند (اوکی و همکاران، ۲۰۰۷ و آسادل و همکاران، ۲۰۰۹). با این حال هر دو نوع مطالعات هم‌بیانی مستقل از شرایط یا وابسته به شرایط استفاده می‌شوند. آنالیز مجموعه‌های بزرگ اطلاعات مستقل از شرایط به احتمال زیاد برای شناسایی highly conserved core gene networks به کار می‌روند درحالی که آزمایشات وابسته به شرایط کوچکتر فرصت‌هایی برای تشخیص همبستگی‌هایی که به دقت تعریف شده‌اند را ارائه می‌دهند. در این پایان نامه نیز به بررسی ژن‌های هم بیان مستقیم با ژن‌های پکتات‌لیاز که ماژول‌های ژنی مورد بررسی ما هستند در قالب یک سیستم زیست‌شناسی پرداخته شد.

در ساخت شبکه هم‌بیان<sup>۱</sup> وابستگی با یک همبستگی متریک مانند ضریب همبستگی پیرسون تعیین می‌شود، یک ماتریس  $m \times m$  از مقادیری همبستگی بوجود می‌آید که نشان دهنده تشابه بیان است (لانگ فلدر و همکاران، ۲۰۰۸؛ لی و هارواس، ۲۰۰۹؛ بنت و همکاران، ۲۰۱۰؛ چانگ و همکاران، ۲۰۱۰ و ریورا و همکاران، ۲۰۱۰). همبستگی‌ها پیش‌بینی می‌نمایند که ژن‌های با همبستگی بالا در این ماژول‌ها در فرآیندهای زیستی مشابه احتمالاً شرکت دارند که البته این دست از پیش‌بینی‌ها باید با دانش پژوهشگر در خصوص فرآیند زیستی خاص منطبق باشد و در حالت ایده‌آل به بوت‌آزمایش نیز گذاشته شود (کین و همکاران، ۱۹۸۴). اطلاعات هم‌بیانی ما را در مورد حدس عملکرد ژن‌های ناشناخته مورد علاقه و جستجو برای ژن‌های جدیدی که به طور کاربردی به یک پدیده تحت جستجو مربوط هستند، قادر می‌سازد. روش‌های Gene coexpression موفقیت چندین پایگاه اطلاعات ژن‌های هم‌بیان در زمینه زیست‌شناختی گیاهی را افزایش داده است. با توجه به افزایش سریع شبکه‌های زیستی در دسترس در سال‌های اخیر، شناسایی الگوهای مشترک متصل بین دو شبکه

---

۱ - Coexpression network



روشی مهم محسوب می‌شود. مقایسه شبکه‌ها با هم یا به طور بخشی<sup>۱</sup> و یا کلی<sup>۲</sup> صورت می‌پذیرد. هم‌ردیفی بخشی به مطالعه تفاوت‌ها و شباهت‌های گره‌های زیرمجموعه‌های کوچک بین چندین شبکه و هم‌ردیفی کلی شبکه به یافتن بهترین هم‌ردیفی همه گره‌های یک شبکه با دیگری می‌پردازد (مکن و همکاران، ۱۹۹۱). ترکیب روش‌های محاسباتی با بیولوژی، مدل‌سازی پیشرفته مولکولی را ایجاد و همچنین منجر به طبقه‌بندی حجم بزرگی از داده‌های ورودی مانند ریزآرایه‌ها، transcriptomeها، پروموتورها شده است (ایسن و همکاران، ۱۹۹۸ و دمیگو و همکاران، ۲۰۰۴). از آنجایی که بررسی ژن‌های هم‌بیان تنها با استفاده از شبکه‌های هم‌بیانی برای یافتن ژن‌هایی با عملکرد یکسان کافی نیست بررسی شباهت‌ها و تفاوت‌های عناصر سیس در بالادست توالی پروموتوری می‌تواند تاییدی بر یافته‌های هم‌بیانی باشد.

لی و همکاران (۲۰۰۴)، مجموعه ۳۹۲۴ آزمایش ریزآرایه از ۶۰ مجموعه داده بزرگ انسانی آزمایشگاه‌های مختلف را جمع‌آوری کردند و هریک از آنها را برای ژن‌های هم‌بیان مورد بررسی قرار دادند سپس نتایج را در داخل شبکه‌ای واحد که در آن ماژول‌های ژن، به صورت خوشه مشاهده می‌شوند جمع‌آوری نمودند (استین هاسر و همکاران، ۲۰۰۴). برگمن و همکاران (۲۰۰۴)، برای شناسایی حفاظت هم‌بیانی و برای بهبود نام‌گذاری کاربردی ژن، اطلاعات بیان ۶ گونه تکاملی دور (*Arabidopsis*، *Escherichia coli*، *Caenorhabditis elegans*، *Saccharomyces cerevisiae*) *Drosophila melanogaster thaliana* و *Homo sapiens*)، را با اطلاعات توالی ژنومیکسی ادغام کردند (برگمن و همکاران، ۲۰۰۴). داتیل<sup>۳</sup> و همکاران (۲۰۰۶)، با استفاده از آنالیز هم‌بیانی، بیان ژن بین ۴ گونه *S. cerevisiae* و *H. sapiens*، *D. melanogaster*، *C. elegans* را مورد مقایسه قرار

---

۱ - Local

۲ - Global

۳ - Dutilh

دادند. گونه‌ها به صورت جفتی در نظر گرفته شدند و برای هر ژن زمینه بیان<sup>۱</sup> که بر اساس هم‌بیانی است با تمامی ژن‌های دیگری که ارتولوگ‌های هم‌تایی در هر دو ژنوم دارند مورد مقایسه قرار گرفتند (داتیل و همکاران، ۲۰۰۶). ادغام داده‌های هم‌بیان از آزمایشات مختلف در آرآبیدوپسیس توسط وی و همکاران (۲۰۰۶)، انجام شد. آنها با آنالیز شبکه‌های هم‌بیانی ۱۳۳۰ ژن دریافتند که ژن‌های مرتبط با مسیرهای متابولیکی یکسان، نسبت به ژن‌هایی با مسیرهای متفاوت هم‌بیانی بیشتری دارند (وی و همکاران، ۲۰۰۶). یان و همکاران (۲۰۰۷)، روشی برای پیدا کردن ماژول‌های هم‌بیان که در تعداد زیادی از شبکه‌های هم‌بیان وجود دارند را ابداع کردند. آنها از روش خود بر روی داده‌های انسانی استفاده نمودند (یان و همکاران، ۲۰۰۷).

با آنالیز مقایسه‌ای الگوهای بیان جفت ژن‌های همگرا<sup>۲</sup> و واگرا<sup>۳</sup> در ژنوم‌های گیاهی متعدد می‌توان الگوهایی که در بسیاری از گونه‌ها مشترک هستند یا خاص یک گونه هستند را شناسایی کرد. کروم و رامانا کریشنا (۲۰۰۸)، با مطالعه جفت ژن‌های همگرا و واگرا در ۳ گونه آرآبیدوپسیس، برنج و *Populus trichocarpa* black cottonwood، سطوح همبستگی قوی بیان بین ژن‌ها را شناسایی کردند که در هر ۳ گونه بسیار رایج است و به نظر می‌رسد فراوانی همبستگی قوی مستقل از فاصله بین ژنی باشد. آرایش همگرا و یا واگرا حفاظت شده در میان این گونه‌ها بسیار نادر است. با این حال تنظیم حفاظت شده زمانی که ژن‌ها سطوح همبستگی قوی بیان را نشان می‌دهند یا کلاس‌های هستی‌شناسی ژن مشترک بیشتری دارند به طور معنی‌داری شایع‌تر است. ارتباطی بین فاصله بین ژنی در جفت ژن‌های همگرا و واگرا و کلاس‌های مشترک هستی‌شناسی ژن (GO) در درجات مختلف در برنج و صنوبر مشاهده شد در صورتی که در آرآبیدوپسیس دیده نشده است (کروم و رامانا کریشنا، ۲۰۰۸). علاوه بر این، چند دسته از جفت ژن‌های آرآبیدوپسیس و صنوبر بیش از اندازه یا کمتر از

---

۱ - Expression context

۲ - Convergent

۳ - Divergent

اندازه مورد انتظار دیده می‌شوند در حالی که تنها ۲ کلاس GO، کمتر از اندازه مورد انتظار در جفت ژن‌های واگرا برنج وجود دارد. نتایج نشان می‌دهد که علاوه بر مکانیسم‌های مشترک، مکانیسم‌های منحصر به فردی برای سازماندهی و عملکرد جفت ژن‌های واگرا و همگرا در گونه‌های گیاهی مختلف وجود دارد (کروم و رامانا کریشنا، ۲۰۰۸). آتیاس و همکاران (۲۰۰۹)، با هدف شناسایی ماژول‌های ژنی با تنظیم مشابه به طور جامع از نظر عملکرد در ژنوم آرابیدوپسیس، ۲۱ هزار ژن آرابیدوپسیس را در ۴۳ مجموعه داده و حدود  $10^8 \times 2$  جفت باز مورد بررسی قرار دادند و یک شبکه ژنی جامع هم‌بیانی را شناسایی کردند. در این مطالعه برخی از ماژول‌ها با استفاده از آزمایشات ریزآرایه در Genevestigator مورد بررسی قرار گرفتند. این روش برای شناسایی خوشه‌های ژنی اجازه ادغام آزمایشات ریزآرایه مختلفی را می‌دهد. آزمایش نشان داد که بخشی از ترانسکریپتوم آرابیدوپسیس از هم‌بیانی جامعی برخوردارند (آتیاس و همکاران، ۲۰۰۹). کیلدز و همکاران (۲۰۱۱)، با استفاده از داده‌های بیان در دسترس برنج شبکه‌های هم‌بیانی ژن را ایجاد کردند و از هر دو اطلاعات وابسته به شرایط و مستقل از شرایط استفاده نمودند و همچنین برای شناسایی ماژول‌های ژن در داخل شبکه روش وزنی<sup>۱</sup> را به کار بردند. به منظور ارائه نام‌گذاری کاربردی ژن‌های برنج متوجه شدند که ماژول‌های ژن شناسایی شده توسط آنالیز هم‌بیانی از آزمایشات بیان ژن وابسته به شرایط مفیدتر از ماژول‌های ژن شناسایی شده توسط آنالیز مجموعه اطلاعات مستقل از شرایط است (کیلدز و همکاران، ۲۰۱۱). فیکلین و فلتوس (۲۰۱۱)، به بررسی شبکه ژن‌های هم‌بیان در ذرت (*Zea mays*)، با استفاده از آرایه‌های بیان در دسترس پرداختند و یک هم‌ردیفی شبکه‌ای جامع<sup>۲</sup> بین شبکه ذرت و شبکه ژن‌های هم‌بیان برنج که از قبل ساخته شده بود به وجود آوردند در مجموع ۱۱۷۳ جایگاه هم‌ترازی بین ۲ شبکه گراس مشاهده شد. این مطالعه دید اولیه‌ای نسبت به فضای هم‌بیانی در ذرت ایجاد کرد و چارچوبی اولیه مبتنی بر شبکه برای ترجمه ژنتیکی و ژنومیکی بین این ۲ گونه حیاتی در کشاورزی

---

۱ - Weighted gene coexpression network analysis

۲ - Global network alignment

به وجود آورد (فیکلین و فلتوس، ۲۰۱۱).

هیرانو و همکاران (۲۰۱۳)، برای شناسایی جامع گلی کوسیل هیدرولازها<sup>۱</sup>، گلی کوسیل ترانسفرازها<sup>۲</sup> و فاکتورهای رونویسی<sup>۳</sup> درگیر در دیواره سلولی ثانویه برنج با استفاده از ۶۸ نقطه اطلاعات ریزآرایه برای بافت‌ها و مراحل مختلف برنج و ارتولوگ‌های فاکتورهای نسخه برداری در آرابیدوپسیس تالیانا، آنالیز شبکه هم‌بیانی را انجام دادند. براساس مقایسه شبکه‌های برنج و آرابیدوپسیس TFها به صورت مشترک برای هر دو گونه و یا خاص برای هر گونه طبقه‌بندی شدند که نشان می‌دهد علاوه بر استفاده از یک مکانیسم تنظیم رونویسی مشترک، دو گیاه ممکن است همچنین از گروه‌های TF خاص گونه در طول تشکیل دیواره ثانویه نیز استفاده کنند. همچنین لیستی از گلی کوسیل هیدرولازها، گلی کوسیل ترانسفرازها و TF برنج فراهم شد که فرصتی برای رونمایی از تنظیمات تشکیل دیواره سلولی ثانویه در گراس‌ها را به وجود آورد که منجر به بهینه‌سازی دیواره سلولی برای تولید سوخت‌های فسیلی می‌شود (هیرانو و همکاران، ۲۰۱۳). سارکار و همکاران (۲۰۱۴)، با توجه به اینکه آنالیز شبکه هم‌بیانی ابزاری مفید برای شناسایی ارتباط عملی ژن‌های هم‌بیان است اطلاعات ریزآرایه ترانسکریپتوم برنج را در ۳ بازه زمانی برای بررسی حوادث اولیه تنش گرمایی و پاسخ به آن مورد آنالیز قرار دادند. پروفایل ترانسکریپتوم در ۱۰ دقیقه اول تنش گرمایی به طور قابل توجهی تغییر کرد. نتایج حاصل از این آنالیز نشان داد که تنش گرمایی در برنج شامل ادغام شبکه‌های تنظیمی مختلفی است. پروفایل ریز آرایه ژنوم و آنالیز شبکه هم‌بیانی در این مطالعه مرحله‌ای رو به جلو در درک پاسخ گرمایی برنج می‌باشد (سارکار و همکاران، ۲۰۱۴).

از آنجا که حدود ۳۰ درصد از پیوند رگ در جراحی‌ها به طور خود به خود تنگی مجرا را توسعه می‌دهند و به شکست منجر می‌شوند کناگی و همکاران (۲۰۱۵)، برای کشف عوامل موثر در نتیجه

---

۱ - Glycosyl hydrolase (GH)

۲ - Glycosyltransferase (GT)

۳ - Transcription factors (TFs)

پیوند رگ، پروفایل بیان ژن این سلول‌ها را با استفاده از روش‌های زیست‌شناسی سیستم با خوشه بندی ژن‌های سلول‌های دیواره رگ مورد بررسی قرار دادند. ژن‌ها در ماژول‌هایی توسط الگوی هم‌بیانشان خوشه بندی شدند. آنالیز ریزآرایه بیان ژن سلول‌های دیواره رگ در ۲۰ لاین انجام شد و سپس آنالیز شبکه هم‌بیانی ژن‌ها صورت گرفت. با آنالیز شبکه هم‌بیانی ۲ ماژول ژنی کوچک که هرکدام دارای ۴۲ ژن بودند کشف شد که این ژن‌ها در ارتباط با شکست عمل جراحی پیوند رگ می‌باشند. نتایج حاصل از این آنالیز ممکن است موجب درمان پیشگیرانه‌ای در شکست پیوند شود (کناگی و همکاران، ۲۰۱۵).

### ۱-۶ عناصر تنظیمی سیس<sup>۱</sup>

سلول‌های زنده محصول برنامه‌های پیچیده بیان ژن هستند. رونویسی از ژن توسط عوامل رونویسی که به مکان اتصال این عوامل<sup>۲</sup> یا همان عناصر تنظیم کننده سیس<sup>۳</sup> متصل می‌شوند، تنظیم می‌گردد. فاکتورهای رونویسی متصل به DNA اجزای مهم این شبکه می‌باشند. یک فاکتور رونویسی تنها، بیان ژن را خیلی کم کنترل می‌کند اما ترکیب دقیق بسیاری از TFها برای بیان ژن در موجودات عالی ضروری است (هنریکسون و همکاران، ۱۹۹۸). معمولاً این عمل در پروموتورهای هر ژن نزدیک به محل شروع رونویسی تا فاصله ۱ میلیون باز (1Mb) بالادست یا پایین دست که ناحیه‌ای پروموتوری با نقش اصلی را در فاصله ۱۰۰۰ بازی (1kb) در نظر می‌گیرند، اتفاق می‌افتد. بنابراین درک درست از منطقه تنظیمی سیس مجاور TFs که بیان ژن را کنترل می‌کنند اطلاعات ضروری برای ساخت سیستم‌های تنظیمی رونویسی را ارائه می‌دهد (کین و همکاران، ۱۹۸۴). بسیاری از بخش‌های تنظیمی ژن‌های گیاهی عمدتاً در ۱۰۰۰ جفت باز بالا دست محل شروع رونویسی قرار گرفته‌اند و به طور کلی به عنوان منطقه پروموتور ژن یا منطقه تنظیمی<sup>۵</sup> اشاره شده است (تن هاو و همکاران،

---

۱ - Cis-acting regulatory element

۲ - Transcription binding site

۳ - Cis-regulatory elements (CREs)

۱۹۹۸). منطقه پروموتوری متشکل از توالی خاص DNA و عناصر پاسخ است که در استخدام فاکتورهای پروتئین فعالیت می‌کنند و رونویسی را از منطقه رمزگذاری پروتئین تسهیل می‌نمایند. این توالی‌های عناصر تنظیمی در روی همان رشته، به عنوان منطقه رمزگذاری ژن عناصر تنظیمی سیس یا محل‌های اتصال فاکتورهای رونویسی<sup>۱</sup> نامیده می‌شوند. عناصر تنظیمی سیس موتیف‌های خاص با توالی کوتاه DNA در حدود ۵- ۲۵ جفت باز می‌باشند (بنن و همکاران، ۲۰۰۳). توالی بالادست مجاور ژن شامل عناصر تنظیمی مهمی است در حالی که توالی بالادست دور ممکن است حاوی عناصر تنظیمی دیگری باشد که کنترل ضعیف‌تری در تنظیم رونویسی ژن دارند (ابراهیم و همکاران، ۲۰۱۰). پروموتور در بالادست ژن نقش کلیدی در تنظیم بیان ژن در مراحل مختلف رشدی و پاسخ به محیط را دارد. تنظیم رونویسی شامل چندگروه سیستم نظارتی است. هر ژن حاوی یک ترکیب منحصر به فرد از توالی عناصر تنظیمی سیس در منطقه تنظیمی<sup>۱</sup> 5' است. عناصر تنظیمی cis بسیاری از فرایندهای بیولوژیکی و پاسخ به استرس‌ها را کنترل می‌کنند. بنابراین درک کامل از سیستم تنظیمی نسخه برداری ژن به آنالیز موفق عمل عناصر cis بستگی دارد.

این عناصر بسیاری از فرآیندهای بیولوژیکی و پاسخ به تنش‌ها را کنترل می‌کنند (پن و همکاران، ۲۰۰۹). این موتیف‌های تنظیمی سبب اختصاصی شدن زمان و مکان فعالیت رونویسی می‌شوند و برای الگوهای بیانی خاص همچون پاسخ به تنش‌ها در گیاهان ضروری می‌باشند (مونگ کولسیرواتان و همکاران، ۲۰۰۹). بنابراین درک کامل سیستم تنظیم رونویسی ژن به آنالیز موفق عملکرد عناصر سیس بستگی دارد (پرز رودریگز و همکاران، ۲۰۰۹).

هم‌بیانی و توالی‌های حفاظت شده تکاملی، معیارهایی هستند که به طور گسترده برای شناسایی عناصر سیس مشترک مورد استفاده قرار می‌گیرند. هاببر و همکاران (۲۰۰۶)، با استفاده از ترکیب اطلاعات<sup>۲</sup> منبع هم‌بیانی و توالی حفاظت شده به بررسی عناصر سیس مشترک در ژن‌های *Brassica*

---

۱ - Transcription factor binding sites (TFBs)

*Arabidopsis thaliana* و *oleracea* پرداختند. بهترین توالی‌های پروموتوری در ارتولوگ‌های کاندیدا در بررسی ژنوم *Brassica oleracea* شناسایی شدند و محل اتصال فاکتورهای رونویسی در ۶۴ درصد ژن‌های آنالیز شده آرابیدوپسیس کشف شد. این مطالعه ارزش استفاده از مجموعه اطلاعات ژنتیکی عملکرد برای رسیدگی به سوالات پیچیده در ژنومیکس مقایسه‌ای را نشان می‌دهد (هابرر و همکاران، ۲۰۰۹). تنظیم زمانی و مکانی بیان ژن تا حد زیادی به حضور و غیاب عناصر تنظیمی سیس در پروموتور بستگی دارد. در خانواده گراس‌هایی که از نظر اقتصادی مهم هستند دانش ما از جایگاه‌های اتصال فاکتورهای رونویسی و شبکه‌های رونویسی هنوز محدود است. با تکمیل ژنوم سورگم و توالی ژنوم برنج در دسترس، آنالیزهای مقایسه پروموتور اجازه شناسایی عناصر سیس موجود در ژنوم را می‌دهد. وانگ و همکاران (۲۰۰۹)، با استفاده از اطلاعات هم‌بیانی ۳ مجموعه داده متفاوت بیان برنج، هزاران phylogenetic footprints حفاظت شده را بین مناطق بالادست ارتولوگ‌های برنج و سورگم کشف کردند همچنین به شناسایی موتیف‌های سیس در جفت پروموتورهای سینتیکی پرداختند. شباهت بیان جفت ژن‌ها با تعداد موتیف‌هایی که جفت ژن‌ها به اشتراک می‌گذارند مرتبط است که اهمیت معماری پروموتور مشابه را برای تنظیم هماهنگ تایید می‌کند. این مطالعه اولین مجموعه بزرگ عناصر سیس سورگم و برنج را ارائه می‌دهد که به طور کلی به عنوان الگویی برای آنالیز عناصر سیس از طریق مقایسه ژنوم در گراس‌ها می‌باشد (وانگ و همکاران، ۲۰۰۹). واندپول<sup>۱</sup> و همکاران (۲۰۰۹)، با شناسایی شبکه‌های هم‌بیانی و عناصر سیس به بررسی کنترل رونویسی در آرابیدوپسیس تالیانا پرداختند. اطلاعات بیان ژن تولیدی توسط آزمایشات قدرتمند ریزآرایه نشان می‌دهد که ژن‌ها با الگوی بیان مشابه اغلب دارای عملکرد مشابه‌ای هم هستند. آن‌ها با ارزیابی هستی‌شناسی ژن‌های هم‌بیان همسایه به پیش‌بینی عملکرد ژن‌های هم‌بیان پرداختند اما این روش درجات حساسیت کمی (۱۳٪ - ۴۳٪) دارد که نشان می‌دهد هم‌بیانی به تنهایی برای شناسایی عملکرد بیولوژیکی ژن ضعیف

---

۱ - Vandepoele

عمل می‌کند. ادغام عناصر تنظیمی سیس با این روش نشان داد که ۴۶ درصد همسایه‌های هم‌بیان ژن برای یک یا تعداد بیشتری از موتیف‌ها غنی هستند. این روش منبع مکمل با ارزشی را برای نامگذاری کاربردی ژن ارائه می‌دهد. از طریق ادغام اطلاعات هم‌بیانی، نامگذاری GO و مجموعه‌ای از عناصر تنظیمی سیس ترکیب شده با مجموعه جدیدی از موتیف‌های گیاهی که به طور تکاملی حفاظت شده‌اند می‌توان بسیاری از ژن‌ها و موتیف‌ها با عملکرد بیولوژیکی خاص را به هم ارتباط داد (واندپول و همکاران، ۲۰۰۹). هاتورانگان<sup>۱</sup> و همکاران (۲۰۰۹)، برای شناسایی عناصر موجود در توالی ژن انتقال دهنده فسفات (*OsPTs*)، در برنج، ۳ ژن انتقال دهنده فسفات در برنج را با استفاده از نرم افزارهای PLACE، MEGABLAST، Rice Genome Database و NCBI (جدول ۱-۲)، مورد بررسی قرار دادند. با استفاده از این روش ۱۵۳ نوع عناصر تنظیمی سیس شناسایی شد که عناصر سیس *ARR1AT*، *CAATBOX1*، *CACTFTPPCA1* و *DOFCOREZM* در همه ژنهای *OsPT* حضور داشتند (هاتورانگان و همکاران، ۲۰۰۹). مجموعه‌های مختلفی از عوامل رونویسی و عناصر تنظیم کننده سیس مرتبط به آن‌ها که در پاسخ به تنش در گیاهان نقش دارند شناسایی شده است (شینوزاکی و همکاران، ۲۰۰۶).

جدول ۱-۲: فهرستی از پایگاه‌های اطلاعاتی مفید برای آنالیز پروموتور.

Database name	Species	Link	Source
AGRIS	AGRIS currently contains two databases, AtcisDB ( <i>Arabidopsis thaliana</i> cis-regulatory database) and AtTFDB ( <i>Arabidopsis thaliana</i> transcription factor database)	<a href="http://Arabidopsis.med.ohiostate.edu/">http://Arabidopsis.med.ohiostate.edu/</a>	(Mntwil et al., 2008)
AthaMap	A genome-wide map of putative transcription factor binding sites in <i>Arabidopsis thaliana</i>	<a href="http://www.athamap.de/">http://www.athamap.de/</a>	(Davuluri et al., 2003)
PlantCare	Database of plant cis-acting regulatory elements and a portal to tools for in silico analysis of promoter sequences	<a href="http://oberon.fvms.ugent.be:8080/PlantCARE/">http://oberon.fvms.ugent.be:8080/PlantCARE/</a>	(Lescot et al., 2002)
Place	Database of motifs found in plant cis-acting regulatory DNA elements, all from previously published reports. It covers vascular plants only	<a href="http://www.dna.affrc.go.jp/PLACE/">http://www.dna.affrc.go.jp/PLACE/</a>	(Higo et al., 1999)

ابراهیم و همکاران (۲۰۱۰)، برای شناسایی عناصر سیس موجود در ژن‌های انتقال دهنده



ساکارز در برنج و آرابیدوپسیس تالیانا ۱/۵ kbp منطقه تنظیمی ۵' محل شروع رونویسی این ژن‌ها را مورد بررسی قرار دادند و از روش‌های بیوانفورماتیکی و پایگاه‌های اطلاعاتی PLACE، Genomatix و PlantCARE استفاده کردند. عناصر سیس متعددی برای نمو گیاهی، تنظیم هورمونی گیاهی و پاسخ به تنش‌ها در ۱/۵ kbp منطقه تنظیمی ۵' حضور داشتند که از آنها می‌توان به ABRE، ARE، ERE، GA-، DRE، ARE، Me-JA، GARE، A-box، RY، CAT، Pyrimidine-box، Sucrose-box، motif، GATA، GT-1، MYC، MYB، W-box و I-box اشاره کرد. این نتایج نشان داد که ممکن است عناصر تنظیمی سیس درگیر در تنظیم و بیان خانواده‌های ژن انتقال دهنده ساکارز در برنج و آرابیدوپسیس تالیانا در طول توسعه سلولی یا در شرایط تنش‌های محیطی به وجود آمده باشند (ابراهیم و همکاران، ۲۰۱۰). برنرزن<sup>۱</sup> و همکاران (۲۰۱۲)، به بررسی عناصر سیس کنترل کننده رونویسی ژن‌های تنظیم کننده هورمون اکسین در گیاه آرابیدوپسیس و برنج پرداختند. با آنالیز بیوانفورماتیکی ژنوم، موتیف‌های حفاظت شده تکاملی تعریف شدند که به طور قابل توجهی به عنوان عناصر متصل به AuxRE (Auxin Respons Element) برای ایجاد الگوهای بیان خاص اکسین عمل می‌کنند (برنرزن و همکاران، ۲۰۱۲). لی و همکاران (۲۰۱۴)، به شناسایی عناصر سیس مرتبط با ژن‌های میوسیت آرابیدوپسیس در مناطق بالادست (۱ kbp) با استفاده از روش‌های *in silico* پرداختند. موتیف‌های شناسایی شده جایگاه‌های اتصال TF‌هایی هستند که بعضی از آنها عملکردهای مشابه‌ای مانند نقش در تقسیم سلولی را به اشتراک می‌گذارند. این نتایج در ترکیب با آنالیزهای خاص سلولی می‌تواند کمک قابل توجهی برای شناسایی تعامل پروتئین-DNA برای TF‌های خاص که موجب بیان ژن در میوسیت‌ها می‌شوند باشد (لی و همکاران، ۲۰۱۴).

شرایط نامطلوب محیطی مانند تنش فلزات سنگین اثرات شدیدی بر رشد و نمو گیاه دارند و تولید و عملکرد را محدود می‌کنند. مطالعات نشان می‌دهد که تغییرات در میزان بیان ژن، فرایندهای

گوناگون بیوشیمیایی و اجزای مولکولی در پاسخ به تنش‌های فلزات سنگین را زیر و رو می‌کند. برخی از اجزای کلیدی در چنین تنظیماتی مکانیسم شروع رونویسی، پروموتورهای توالی نوکلئوتیدی و حضور عناصر سیس هستند. بنابراین شناسایی توالی‌های عناصر سیس درگیر در تنظیم و خصوصیات عملکرد پروموتورها مراحل مهم در درک پاسخ گیاهی به تنش فلزات سنگین هستند. کومار و همکاران (۲۰۱۵)، به آنالیز جامع پروموتورهای proximal اعضای خانواده ژن ناقل سولفات برنج که جزء ضروری پاسخ به تنش فلزات سنگین است را انجام دادند. آنالیز حضور عناصر سیس مشترک متنوعی که در ارتباط با تنش هستند را در پروموتورهای اعضای این خانواده ژنی نشان داد (کومار و همکاران، ۲۰۱۵).

ژنوم چندین یوکاریوت فتوسنتز کننده (آرابیدوپسیس، برنج، صنوبر، جلبک سبز (*Chlamydomonas reinhardtii*)، جلبک قرمز (*Cyanidioschyzon merolae*) و دیاتوم (*Thalassiosira pseudonana*) توالی یابی شده‌اند. در دسترس بودن توالی‌های این ژنوم‌ها اجازه شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در این موجودات و آنالیز روابط تکاملیشان را فراهم می‌آورد.

با توجه به اهمیت آنزیم پکتات‌لیاز و آنچه در بالا گفته شده برای شناخت بیشتر مسیر فعالیت این آنزیم در گیاهان هدف از این پایان نامه شناسایی ژن‌هایی است که به طور مستقیم همراه با این آنزیم در گیاه آرابیدوپسیس و برنج بیان می‌شوند. از آنجا که این آنالیز بین دو گیاه تک‌په‌ای (*Arabidopsis thaliana*) و دولپه‌ای (*Oryza sativa*) انجام می‌شود هدف بعدی مقایسه‌ی این دو دسته از گیاهان می‌باشد. با توجه به اینکه ژن‌های هم‌بیان برای هر دو گیاه از پایگاه‌های مخصوص به هر کدام بدست می‌آید در بررسی‌های بیوانفورماتیکی دیگر که در این پروژه انجام می‌شود درستی اطلاعات این پایگاه‌ها را می‌توان مورد بررسی قرار داد.



# فصل دوم

## مواد و روش ها

بررسی بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس تالیانا و برنج با جستجوی ژن‌های آنزیم پکتات‌لیاز (EC 4.2.2.2)، در هر دو گیاه شروع و سپس جستجو ژن‌های هم‌بیان با ژن‌های کدکننده این آنزیم‌ها و بررسی عملکرد و جایگاه ژن بر روی کروموزوم انجام شد. این مراحل به ما در شناخت عملکرد و مسیر فعالیت ژن‌های هم‌بیان و جایگاه آنها بر روی کروموزوم‌های دو گیاه کمک کرد. با استفاده از این مراحل ژن‌های هم‌بیان با ژن پکتات‌لیاز مشخص شد. در ادامه برای تایید این امر محل بیان و عناصر سیس در تمام ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن‌های هم‌بیان با آنها مورد بررسی قرار گرفت. در این پایان نامه برای انجام این مراحل از چندین پایگاه اطلاعاتی استفاده شد (شکل ۱-۲). در ادامه مراحل بررسی بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز شرح داده می‌شود.

## ۲-۱- مراحل یافتن ژن‌های پکتات‌لیاز

برای پیدا کردن ژن‌های پکتات‌لیاز در دو گیاه برنج و آرابیدوپسیس تالیانا از پایگاه اطلاعاتی CAZy (<http://www.cazy.org>) (لامبور و همکاران، ۲۰۱۴) استفاده شد. ژن‌های پکتات‌لیاز در دسته پلی‌ساکاریدلیازها و در خانواده ۱، ۲، ۳، ۹ و ۱۰ حضور دارند. در میان این خانواده‌ها تنها خانواده ۱ شامل ژن‌های پکتات‌لیاز گیاه آرابیدوپسیس تالیانا و برنج در دسته یوکاریوت‌ها بود. با استفاده از پایگاه CAZy شماره دسترسی<sup>۱</sup> یا نام پروتئینی<sup>۲</sup> ژن‌های پکتات‌لیاز دو گیاه آرابیدوپسیس و برنج بدست آمد. توالی پروتئینی این ژن‌ها توسط شماره GenBank از پایگاه اطلاعاتی NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (بارت و همکاران، ۲۰۰۷) قابل دسترسی است و توالی‌های پروتئینی ژن‌ها در فایل notepad ذخیره شد. با در دست داشتن توالی پروتئینی برای رسم درختچه فیلوژنتیکی از نرم افزار ClustalW (<http://www.gnome.jp/tools/clustalw>) (تامپسون و همکاران، ۲۰۰۲) و MEGA5 (Analysis version 5 Molecular Evolutionary Genetics) (تامورا و همکاران،

---

1- Accession number

2 - Protein name

۲۰۱۱) استفاده شد. برای تایید شماره‌های دسترسی بدست آمده از پایگاه CAZy از پایگاه اطلاعاتی Cell Wall Genomics (<http://cellwall.genomics.purdue.edu/index.htm>) (یانگ و همکاران، ۲۰۰۵) استفاده شد.

## ۲-۲- مراحل یافتن ژن‌های هم‌بیان

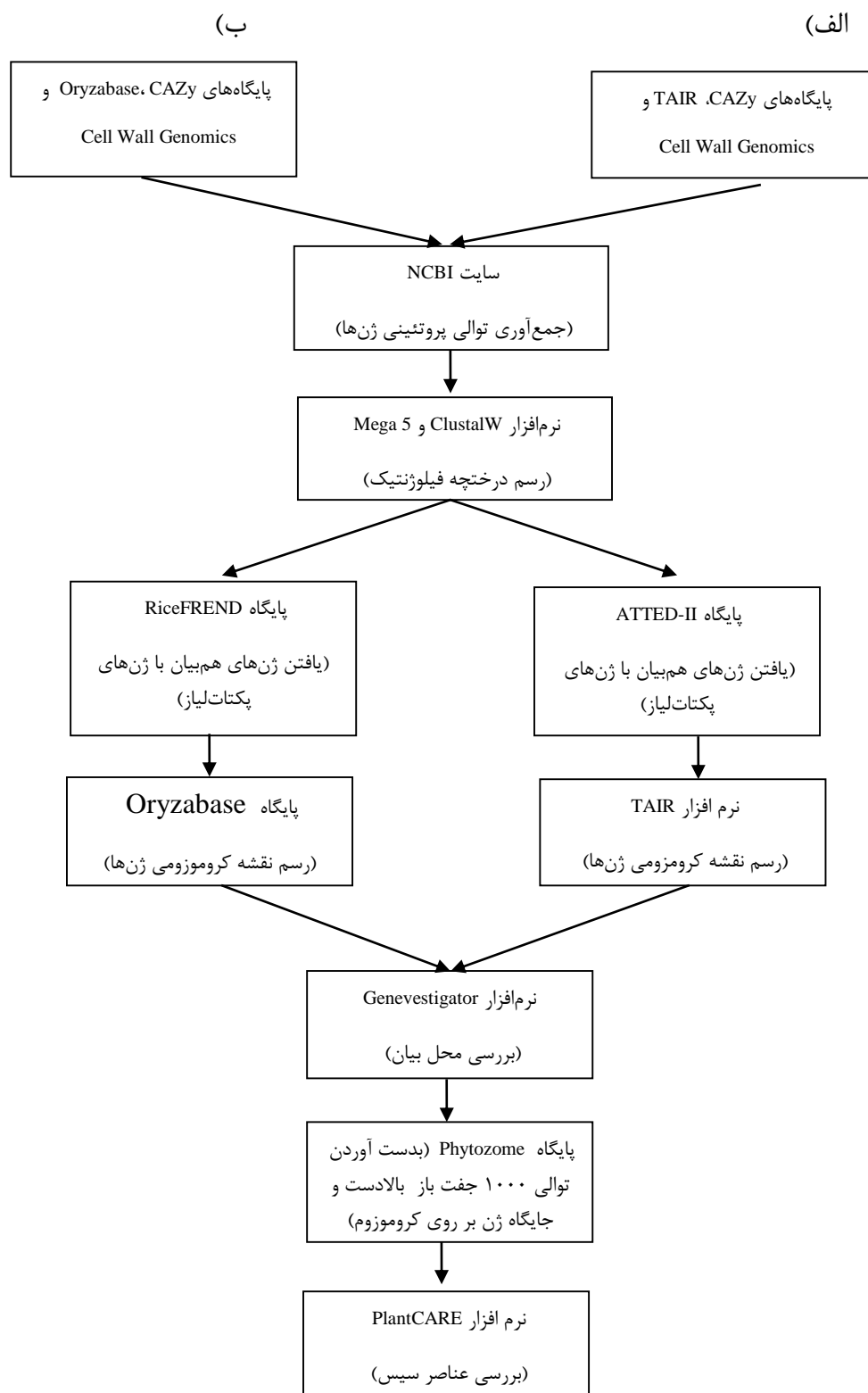
برای یافتن ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیاز در گیاه دولپه‌ای آرابیدوپسیس تالیانا و تک‌لپه‌ای برنج از پایگاه اطلاعاتی مخصوص هر گیاه استفاده شد که در زیر به طور جداگانه توضیح داده می‌شود.

### ۲-۲-۱- آرابیدوپسیس تالیانا (*Arabidopsis thaliana*)

برای جستجو ژن‌های هم‌بیان با ژن پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس تالیانا از پایگاه اطلاعاتی ATTED-II (<http://atted.jp>) (اوبایاشی و کینوشیتا، ۲۰۰۹) استفاده شد با ورود به این سایت در قسمت جستجو، Gene ID را انتخاب و شماره دسترسی ژن پکتات‌لیاز وارد شد در صفحه Locus search. coexpressed gene list انتخاب شد تا لیست ژن‌های هم‌بیان با Accession number مورد نظر بدست آید. این پایگاه دارای ۴ صفحه locus، co-expressed genes، cis element و functional category است. در ATTED-II شبکه روابط ژن‌های هم‌بیان به نمایش در می‌آید که علاوه بر لیست اصلی ژن‌های هم‌بیان درک درستی از اساس ساختار این هم‌بیانی ژنی نیز حاصل می‌آید (روگمونت و هینگامپ، ۲۰۰۳). همچنین نتایجی که از قبل برای پیش‌بینی عناصر سیس مرتبط با هر ژن، محاسبه شده‌اند ذخیره و الگوهای بیان ژن به طور گرافیکی نمایش داده می‌شوند. دو روش متفاوت لیست ژن و نمایش شبکه ژن برای بررسی اطلاعات ژن‌های هم‌بیان در این سایت وجود دارد. لیست ژن‌های هم‌بیان و شبکه ژن برای هر ژن در ژنوم آرابیدوپسیس با استفاده از داده‌های بیانی<sup>۱</sup> که از قبل وجود داشته‌اند ساخته می‌شود و کاربر می‌تواند به راحتی به اطلاعات دسترسی داشته باشد

---

1 - Expression data



شکل ۱-۲: نمودار مراحل بررسی بیوانفورماتیکی ژن‌های هم‌بیان با آنزیم پکتات‌لیاز در گیاه الف: آرابیدوپسیس تالیانا ب: برنج (*Oryza sativa*).

لیست ژن به عنوان روش ژن راهنما<sup>۱</sup> یافتن ژن‌های مرتبط با یک ژن یا ژن‌های راهنما استفاده می‌شود، در حالی که از نمایش شبکه ژن برای آنالیز روابط درونی میان مجموعه‌ای از ژن‌ها و شناسایی ژن‌های مرکزی در مجموعه استفاده می‌شود. آنالیز هر مجموعه ژنی و روابط درونی میان ژن‌های query توسط ابزار NetworkDrawer در ATTED-II انجام می‌شود. برای ترسیم شبکه ژن از لیست ژن‌های هم‌بیان، باید آستانه‌ای برای تعریف جفت ژن‌های هم‌بیان تعیین شود. در این پایگاه از ۳ ژن که به شدت هم‌بیان هستند برای رسم شبکه ژنی استفاده می‌شود. یکی از ویژگی‌های ATTED-II بهبود مستمر داده‌های هم‌بیانی با توسعه روش‌های محاسباتی جدید برای ژن‌های هم‌بیان است (کینوشیتا و اوبایاشی، ۲۰۰۹). کیفیت داده‌های ژن‌های هم‌بیان با استفاده از Gene Ontology Annotation اندازه‌گیری می‌شود (اوبایاشی و کینوشیتا، ۲۰۰۹) و با هر مرتبه به‌روزرسانی بهبود می‌یابد. کاربر می‌تواند تمام اطلاعات هم‌بیانی را برای آنالیزهای بیشتر دانلود کند. در ATTED-II یک اندازه‌گیری جدید برای ژن‌های هم‌بیان به نام رتبه دو طرفه<sup>۲</sup> (MR) معرفی شده است. از آنجایی که بسیاری از جفت ژن‌های هم‌بیان که در عمل به یکدیگر مرتبط هستند، ضریب همبستگی پیرسون<sup>۳</sup> یا ضریب همبستگی حاصل ضرب-گشتاور پیرسون (این ضریب میزان همبستگی خطی بین دو متغیر تصادفی را می‌سنجد. مقدار آن بین ۱- تا ۱ تغییر می‌کند که «۱» به معنای همبستگی مثبت کامل، «۰» به معنی نبود همبستگی، و «-۱» به معنی همبستگی منفی کامل است) کمی دارند، برای جلوگیری از حذف این ژن‌ها از MR استفاده می‌شود. در این سیستم، ارزیابی MR کارآیی بهتری را از PCC برای عملکرد ژن پیش‌بینی شده نشان می‌دهد.

MR رتبه همبستگی نامتقارن است بدین معنی که رتبه ژن B از ژن A همان رتبه ژن A از ژن B نیست و بنابراین، این ۲ رتبه نوعی میانگین هندسی هستند.

---

1 - Guide gene

2 - Mutual Rank

3 - Pearson correlation coefficient (PCC)



فرمول (۱-۳):  $MR(AB) = \sqrt{(\text{Rank}(A \rightarrow B) \times \text{Rank}(B \rightarrow A))}$

## ۲-۲-۲- برنج (*Oryza sativa*)

برای یافتن ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیاز در گیاه تک‌لپه‌ای برنج، پایگاه اطلاعاتی RiceFRIEND (<http://ricefrend.dna.affrc.go.jp>) (ساتو و همکاران، ۲۰۱۲)، که دارای اطلاعات ژن‌های هم‌بیان در برنج است را مورد استفاده قرار دادیم. این پایگاه بر اساس مجموعه بزرگی از اطلاعات ریزآرایه بدست آمده از بافت‌ها یا ارگان‌ها در مراحل مختلف رشد و نمو تحت شرایط طبیعی و همچنین گیاهان برنج تحت درمان با فیتوهورمون‌های مختلف به وجود آمده است.

RiceFRIEND دارای دو گزینه جستجو تک ژن<sup>۱</sup> و جستجو چند ژن<sup>۲</sup> برای بازیابی موثر اطلاعات ژن‌های هم‌بیان است. کاربر می‌تواند تجسم و تفسیر شبکه ژن‌های هم‌بیان را در HyperTree و با فرمت‌های گرافیکی داشته باشد. علاوه بر این، ابزارهای آنالیز هستی‌شناسی ژن و عناصر سیس برای پیش‌بینی بهتر عملکردهای زیست‌شناختی ژن‌های هم‌بیان ارائه شده است. در این پایگاه علاوه بر شماره دسترسی تک تک ژن‌های هم‌بیان برای هر ژن پکتات‌لیاز در برنج Locus ID همه ژن‌ها هم قابل دسترسی است. تمامی اطلاعات حاصله از این پایگاه به صورت Word و Excell ذخیره و جدول مربوط به شبکه‌های هم‌بیانی رسم شد.

## ۲-۳- تعیین محل استقرار ژن‌ها بر روی کروموزوم‌ها

برای مشخص کردن جایگاه هر ژن بر روی کروموزوم و نزدیکی و دوری آنها همچنین تشخیص اینکه آیا دوبرابر شدگی در بین ژن‌ها اتفاق افتاده است یا خیر از نقشه کروموزومی استفاده شد. نقشه جایگاه هر ژن پکتات‌لیاز و هم‌بیان‌های آن در گیاه آرآبیدوپسیس تالیانا از پایگاه اطلاعاتی TAIR (<http://www.arabidopsis.org>) (اسواربرک و همکاران، ۲۰۰۸)، و در گیاه برنج از پایگاه اطلاعاتی Oryzabase (<http://www.shigen.nig.ac.jp>) (یامازاکی و همکاران، ۲۰۱۰)، استفاده شد. در هر دو

---

1 - single guide gene search

2 - multiple guide gene search

پایگاه در قسمت ابزارها، Map Tool انتخاب و با وارد کردن شماره دسترسی هر ژن و ژن‌های هم‌بیان با آن جایگاه هر ژن بر روی کروموزوم به دست آمد. همچنین از این دو پایگاه برای تایید درستی شماره دسترسی ژن‌های پکتات‌لیاز و هم‌بیان‌های آن در این دو گیاه نیز استفاده شد.

## ۲-۴- بررسی میزان بیان ژن‌ها در بافت‌های مختلف با استفاده از پایگاه اطلاعاتی

### Genevestigator

این پایگاه اطلاعاتی (<https://www.genevestigator.ethz.ch>)، ابزار آنالیز آنلاین است که اجازه پاسخ به طیف وسیعی از سوالات در مورد بیان ژن در طول مراحل نمو، شرایط استرس یا ویژگی‌های بافت، هم برای ژن‌های خاص و هم برای بررسی الگوهای بیان جهانی<sup>۱</sup> را می‌دهد (هراز و همکاران، ۲۰۰۸). در تمام موارد الگوی بیان مورد انتظار ژن با استفاده از ابزارهای آنالیز داده بیان بدست آمده نشان می‌دهد که ابزارها نتایج دقیق و مورد تکرار تولید می‌کنند. همانطور که داده‌های ریزآرایه در دسترس بیشتر می‌شوند و اندازه مجموعه داده‌ها در حال افزایش هستند، کیفیت اطلاعات این برنامه‌ها به طور مداوم بهبود بخشیده می‌شوند. برای بررسی میزان بیان هر ژن در بافت‌های مختلف ابزار Biclustering استفاده شد. با وارد کردن شماره دسترسی هر ژن و هم‌بیان‌های آن میزان بیان در هر بافت توسط طیف رنگی قرمز در ۶ سطح، مشخص شد. نرم‌افزار Biclustering در این پایگاه برای گیاه آرابیدوپسیس ۱۰۵ محل بیان و در گیاه تک لپه ای برنج ۳۸ محل بیان را مورد بررسی قرار می‌دهد و می‌توان ژن‌هایی که در محل مورد نظر بیشترین بیان را دارند مشخص کرد. در این مطالعه مشخص شد که ۲۶ ژن پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس و ۶ ژن پکتات‌لیاز در برنج و ژن‌های هم‌بیان با آنها در کدام محل، بیان بیشتری داشته‌اند. از میان ۳۸ محل بیان برای برنج و ۱۰۵ محل بیان برای گیاه آرابیدوپسیس به ترتیب ۱۶ و ۴۳ محل که احتمال بیان بیشتر آنزیم پکتات‌لیاز در آن وجود داشت را برای تمامی ژن‌ها و هم‌بیان‌هایشان مورد بررسی قرار دادیم.

## ۲-۵- شناسایی عناصر سیس در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست نقطه شروع رونویسی

---

1 - Global expression patterns

قبل از جستجو عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری هر ژن نیازمند داشتن توالی ۱۰۰۰ جفت بازی بالادست توالی نوکلئوتیدی تک تک ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن‌های هم‌بیان آن‌ها در گیاه برنج و گیاه آرابیدوپسیس تالیانا بودیم، برای این منظور از پایگاه اطلاعاتی Phytozome استفاده شد (گودستین و همکاران، ۲۰۱۲). این سایت به تجمیع ژنوم‌های گیاهان فتوسنتز کننده و تسهیل مقایسات مطالعات ژنومی می‌پردازد. و دسترسی به ۴۱ توالی و مشروح ژنوم‌های گیاهان سبز که در داخل خانواده‌های ژنی در ۲۰ گره تکاملی خوشه‌بندی شده‌اند را فراهم می‌آورد. در این پایگاه (<http://www.phytozome.net>)، گونه مورد نظر انتخاب (در این مطالعه *Arabidopsis thaliana* و یا *Oryza sativa*) می‌شود. با انتخاب ابزار Keyword Search شماره دسترسی ژن مورد نظر وارد می‌گردد. در این قسمت برای برنج Locus ID قرار گیرد. در قسمت Sequences عدد ۱۰۰۰ را در جایگاه Upstream نوشته تا توالی نوکلئوتیدی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست در اختیار قرار می‌گیرد. این توالی برای بدست آوردن عناصر سیس در این پایان نامه مورد استفاده واقع شد. برای بدست آوردن عناصر سیس در ۱۰۰۰ جفت باز بالادست نقطه شروع رونویسی در ژن‌های پکتات‌لیاز و هم‌بیان‌های آنها در گیاه دولپه‌ای آرابیدوپسیس تالیانا و برنج از پایگاه اطلاعاتی PlantCARE استفاده شد (اسکوت و همکاران، ۲۰۰۲). این پایگاه (<http://sphinx.rug.ac>)، با تفکیک عناصر سیس و مشخص کردن توالی و عملکرد هر عنصر امکان شناسایی و دسته‌بندی عناصر سیس در گروه‌های مختلف را به کاربر می‌دهد. در این پایگاه با انتخاب Search for CARE توالی نوکلئوتیدی ۱۰۰۰ جفت بازی بالادست را وارد کرده تا جستجو برای یافتن عناصر سیس موجود در توالی انجام پذیرد. با توجه به نتایج حاصل از آنالیز توالی پروموتوری، در ژن‌های پکتات‌لیاز اکثر عناصر سیس پاسخ دهنده به تنش می‌باشند که در بین آنها عناصر پاسخ دهنده به نور بیشتر است. بنابراین این عناصر در ۳ دسته عناصر پاسخ دهنده به نور (جدول ۲-۱)، عناصر پاسخ دهنده به هورمون (جدول ۲-۲) و عناصر دیگر (جدول ۲-۳) تقسیم شدند.

همچنین برای بررسی بیشتر ژن‌های هم‌بیان و شباهت آنها با ژن پکتات‌لیاز و پیدا کردن ژن هم‌بیان اصلی درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری هر کدام از ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن رسم شد. بدین ترتیب ژن‌های هم‌بیانی که در یک خوشه با ژن query قرار گرفته بودند از نظر شباهت عناصر سیس موجود در توالی با ژن پکتات‌لیاز مورد مقایسه قرار گرفتند.

جدول ۱-۲: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس و برنج

Site name	Sequence	Function
Box 4	ATTAAT	
Box I	TTTCAA	
GATA-motif	AAGATAAGATT	
H-box	ACCATTTTCACTC	
CATT-motif	GCATTC	
G-Box	CACGTT	
ATCT-motif	AATCTGATCG	
G-box	TACGTG	
GAG - motif	GGAGATG	
LAMP-element	CCTTATCCA	
AAAC-motif	CAATCAAAAACCT	
GA-motif	AAAGATGA	
GT1-motif	CGTTAA	
l-box	GATATGG	
Sp1	GGGCGG	
TCCC-motif	TCTCCCT	
TCT-motif	TCTTAC	Light responsive element
ATC-motif	AGTAATCT	
Chs-Unit1m1	ACCTAACCTCC	
RbcS-CMA7a	GTCGATAAGG	
AE-box	AGAAACAA	
	AGAAACTT	
MNF1	GTGCCC(A/T)(A/T)	
Box II	TCCACGTGGC	
MRE	AACCTAA	
ACE	ACGTGGA	
as-2-box	GATAatGATG	
Chs-CMA1a	TTACTTAA	
3-AF1 binding site	AAGAGATATTT	
CGTCA-motif	CGTCA	
ATCC-motif	CAATCCTC	
CG-motif	CCATGGGG	

جدول ۲-۲: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس و برنج

Site name	Sequence	Function
TGACG-motif	TGACG	Cis-acting regulatory element involved in the MeJA responsiveness
CGTCA-motif	CGTCA	Auxin- responsive element
TGA-element	AACGAC	
TGA-box		
ABRE	TACGTG	Cis-acting element involved in the abscisic acid responsiveness
Motif IIb		
GARE	AAACAGA	Gibberellin-responsive element
P-box		
ARE	TGTTT	Cis-acting regulatory element essential for the anaerobic induction
ERE	ATTTCAA	Ethylene-responsive element
HSE	AAAAAATTC	Cis-acting element involved in heat stress responsiveness
TCA-element	GAGAAGAATA	Cis-acting element involved in salicylic acid responsiveness
SARE		

جدول ۳-۲: عناصر سیس دیگر موجود در توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس و برنج

Site name	Sequence	Function
MBSI	TTTTTACGTTA	MYB binding site involved in flavonoid biosynthetic genes regulation
Skn-1-motif	GTCAT	Cis-acting regulatory element required for endosperm expression
GCN4-motif	TGTGTC	
Circadian	CAANNNNATC	Cis-acting regulatory element involved in circadian control
MBS	CAACTG	MYB binding site involved in drought-inducibility
O2-site	GATGATGTGG	Cis-acting regulatory element involved in zein metabolism regulation
TC-rich repeats	ATTTTCTTCA	Cis-acting element involved in defense and stress responsiveness
Ry-element	CATGCATG	Cis-acting element involved in seed-specific regulation
LTR	CCGAAA	Cis-acting element involved in low-temperature responsiveness
WUN-motif	AAATTCCT	Wound-responsive element

فصل سوم

نتیج

پکتات‌لیازها (EC 4.2.2.2) آنزیم‌های تجزیه‌کننده پکتین دیواره سلولی هستند و فراوانی آنها در گیاهان دولپه‌ای تقریباً دو برابر گیاهان تک‌لپه‌ای است. مسیر فعالیت این ژن‌ها توسط بیان هماهنگ ژن‌های مختلف تنظیم می‌شود. شناخت ژن‌های هم‌بیان مستقیم با پکتات‌لیاز می‌تواند راهی برای درک بهتر عملکرد آن در گیاهان باشد. خوشه‌بندی ژن‌ها بر اساس تشابه بیان، ابزار مناسبی برای گروه‌بندی ژن‌ها با فعالیت مرتبط به هم است (ایسان و همکاران، ۱۹۹۸). خوشه‌بندی داده‌های مرتبط با بیان ژن بر این مفهوم است که ژن‌ها با الگوی بیان مشابه اغلب عملکرد مشابهی را به اشتراک می‌گذارند. در آنالیزهای بیوانفورماتیکی مبتنی بر شبکه‌های ژنی ارتباط ژن‌ها با یکدیگر صرفاً بر ضرایب همبستگی استوار است. همبستگی‌ها پیش‌بینی می‌نمایند که ژن‌ها با همبستگی بالا در این ماژول‌ها احتمالاً در فرآیند زیستی مشابه شرکت دارند. اطلاعات هم‌بیانی ما را در مورد حدس عملکرد ژن‌های ناشناخته و جستجو برای ژن‌های جدیدی که به طور کاربردی به یک پدیده تحت جستجو مربوط هستند قادر می‌سازد. از آنجایی که بررسی ژن‌های هم‌بیان تنها با استفاده از شبکه‌های هم‌بیانی برای یافتن ژن‌هایی با عملکرد یکسان کافی نیست بررسی شباهت‌ها و تفاوت‌های عناصر سیس در بالادست توالی پروموتوری می‌تواند تاییدی بر یافته‌های هم‌بیانی باشد. با داشتن داده‌های هم‌بیان ژن و عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری منبع با ارزشی را برای نام‌گذاری کاربردی ژن فراهم می‌کنیم. بر اساس میزان شباهت ژن‌های هم‌بیان با ژن پکتات‌لیاز، ژن هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی را می‌توان شناسایی کرد.

نتایج حاصل از شناسایی ژن‌های هم‌بیان مستقیم با پکتات‌لیاز (ژن‌هایی که در شبکه ارتباط مستقیم با ژن Query دارند و دارای کمترین رتبه همبستگی دو طرفه (MR) هستند) در گیاه آرابیدوپسیس و برنج، نتایج بررسی محل بیان ژن‌ها با استفاده از نرم‌افزار Genevestigator (در این بررسی بافت‌هایی که در آن ژن‌های پکتات‌لیاز بیان بالای ۷۰ درصد و بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان با آنها بیان بالای ۷۵ درصد داشتند شناسایی شدند) و نتایج حاصل از شناسایی عناصر سیس موجود در

توالی پروموتوری (توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست با استفاده از نرم‌افزار PlantCare) به صورت زیر می‌باشد.

### ۳-۱- شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه دولپه‌ای آرابیدوپسیس تالیانا

(*Arabidopsis thaliana*)

برای شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس از پایگاه اطلاعاتی CAZy و Cell Wall Genomics استفاده شد. با بررسی خانواده‌های پلی‌ساکاریدلیازها در پایگاه CAZy مشخص شد که ۲۶ ژن پکتات‌لیاز مربوط به گیاه آرابیدوپسیس در خانواده ۱ وجود دارند (جدول ۳-۱). جایگاه هر ژن بر روی کروموزوم نشان داد که از میان ۲۶ ژن پکتات‌لیاز نه ژن بر روی کروموزوم ۳، شش ژن بر روی کروموزوم ۵، پنج ژن بر روی کروموزوم ۱، چهار ژن بر روی کروموزوم ۴ و بر روی کروموزوم ۲ تنها یک ژن وجود دارد (شکل ۳-۱) که ممکن است در اثر دوبرابری ژنی<sup>۱</sup> بوجود آمده باشند. در تمامی PLL‌های آرابیدوپسیس دماین Pec\_lyase\_C (Pfam0054) وجود دارد و در چهار پکتات‌لیاز (PLL8-11) دماین Pec\_lyase\_N (Pfam04431) علاوه بر دماین Pec\_lyase\_C نیز وجود دارد. نتایج حاصل از SignalP و TargetP نشان داد که اکثر ژن‌های PLL دارای پپتیدهای ترش‌حی هستند و در مسیرهای ترش‌حی فعالیت دارند. در بررسی درختچه فیلوژنتیکی توالی پروتئینی رسم شده با استفاده از نرم‌افزار MEGA5 (شکل ۳-۲) ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس در ۷ کلاس طبقه بندی شدند و با توجه به درصد یکسانی (جدول پیوست ۱) و درختچه فیلوژنتیکی (شکل ۳-۲) ژن‌ها در کلاستر ۴ (PLL8-11)، ۵ (PLL4-7) و ۷ (PLL1, 2) تشابه بالایی دارند که ممکن است بر اثر دو برابر شدگی ژنی به وجود آمده باشند. ژن‌های At4g22080-PLL4 و At4g22090-PLL5 در کلاستر ۵ بر روی یک کروموزوم (کروموزوم ۴) در یک جایگاه ژنی و در کنار یکدیگر قرار گرفته‌اند. در پایگاه

---

1 - Gene duplication



ATTED-II اطلاعاتی برای بررسی ژن‌های هم‌بیان با این ۲ ژن وجود ندارد، بنابراین آنالیز ژن‌های هم‌بیان این دو در تحلیل ما قرار نگرفته است.

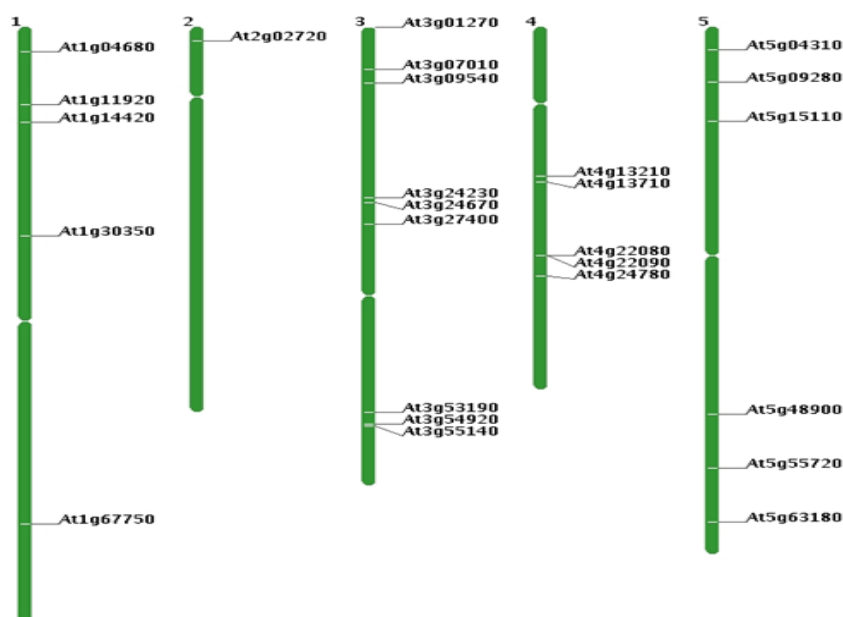
نتایج حاصل از آنالیز توالی پروموتوری ژن‌های آرابیدوپسیس نشان داده است که در بین عناصر پاسخ دهنده به نور، عناصر Box 4 (ATTAAT)، G-box (TACGTG) و GA-motif (CGTTAA) به ترتیب دارای بیشترین تکرار هستند (جدول ۳-۳) و در بین عناصر پاسخ دهنده به هورمون، عناصر پاسخ دهنده متیل جاسمونات (MeJA) (TGACG/ CGTCA) ARE (TGGTTT)، آبسزیک اسید (ABRE) (TACGTG)، سالیسیلیک اسید (TCA) (GAGAAGAATA) و اکسین (TGA) (AACGAC) تکرار بیشتری دارند (جدول ۳-۴)، همچنین در بین عناصر سیس دیگر، عنصر TC- rich repeats (ATTTTCTTCA)، عنصر MBS (CAACTG)، عنصر Circadian و Skn-1-motif (GTCAT) و (CAANNNNATC) به ترتیب دارای بیشترین تکرار هستند (جدول ۳-۵).

در مرحله بعد برای بررسی توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز با ژن‌های هم‌بیان و مقایسه شباهت‌های عناصر سیس موجود در توالی آنها با یکدیگر، درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن پکتات‌لیاز و هم‌بیان‌های آن رسم شد (درختچه‌های فیلوژنتیکی در پیوست). در درختچه ژن‌های هم‌بیانی که با ژن پکتات‌لیاز در یک خوشه قرار داشتند انتخاب و مورد آنالیز قرار گرفتند. در ادامه نتایج آنالیز بیوانفورماتیکی ژن‌های پکتات‌لیاز با هر یک از ژن‌های هم‌بیانشان در آرابیدوپسیس آورده شده است.

جدول ۳-۱: شماره دسترسی، نام عمومی و محل استقرار ژن‌های پکتات‌لیاز در ژنوم آرابیدوپسیس تالیانا.

Protein Name	GeneBank	No.	Chromosome
At3g09540	AAF23285.1	<i>PLL1</i>	Chr3:2928811..2931228 reverse
At3g55140	CAB75748.1	<i>PLL2</i>	Chr3:20438772..20440429 forward
At5g09280	CAC05454.1	<i>PLL3</i>	Chr5:2880423..2881597 reverse
At4g22080	CAA18111.1	<i>PLL4</i>	Chr4:11700555..11702666 reverse
At4g22090	CAA18112.1	<i>PLL5</i>	Chr4:11704003..11706042 reverse
At1g11920	AAC17625.1	<i>PLL6</i>	Chr1:4023667..4025097 reverse
At1g30350	AAG51103.1	<i>PLL7</i>	Chr1:10710079..10711664 reverse
At1g14420	AAF43942.1	<i>PLL8</i>	Chr1:4931566..4933515 reverse
At2g02720	AAC05350.1	<i>PLL9</i>	Chr2:763011..765027 forward
At3g01270	AAF03499.1	<i>PLL10</i>	Chr3:82685..84897 reverse
At5g15110	CAC01830.1	<i>PLL11</i>	Chr5:4895750..4897682 forward
At5g04310	NP_196051.2	<i>PLL12</i>	Chr5:1203203..1207352 reverse
At3g54920 (PMR6)*	AAM97687.1	<i>PLL13</i>	Chr3:20345082..20348582 forward
At5g55720	BAB09239.1	<i>PLL14</i>	Chr5:22556047..22557725 forward
At5g63180	AAL25610.1	<i>PLL15</i>	Chr5:25340954..25343119 reverse
At1g67750	AAL58893.1	<i>PLL16</i>	Chr1:25401588..25403503 forward
At3g53190	BAD95042.1	<i>PLL17</i>	Chr3:19713928..19717595 forward
At3g27400	NP_189376.1	<i>PLL18</i>	Chr3:10140323..10143225 forward
At4g24780	AAK25850.1	<i>PLL19</i>	Chr4:12770331..12772333 reverse
At3g07010	AAF27005.1	<i>PLL20</i>	Chr3:2212728..2216483 reverse
At5g48900	AAK92730.1	<i>PLL21</i>	Chr5:19825137..19829092 forward
At3g24670	BAB01216.1	<i>PLL22</i>	Chr3:9005939..9008801 reverse
At4g13210	CAB41931.1	<i>PLL23</i>	Chr4:7669948..7673376 forward
At3g24230	BAB01365.1	<i>PLL24</i>	Chr3:8774616..8777407 forward
At4g13710	AAL11586.1	<i>PLL25</i>	Chr4:7962432..7966461 forward
At1g04680	AAB80622.1	<i>PLL26</i>	Chr1:1303529..1307884 reverse

\*: PMR6 (Powdery mildew) در داشتن دومین C-terminal با یک موتیف glycosylphosphatidylinositol anchor نسبت به PLLهای دیگر آرابیدوپسیس تفاوت دارد.



شکل ۳-۱: نقشه کروموزومی ژن‌های پکتات‌لیاز در ژنوم آرابیدوپسیس تالیانا. <https://www.arabidopsis.org>

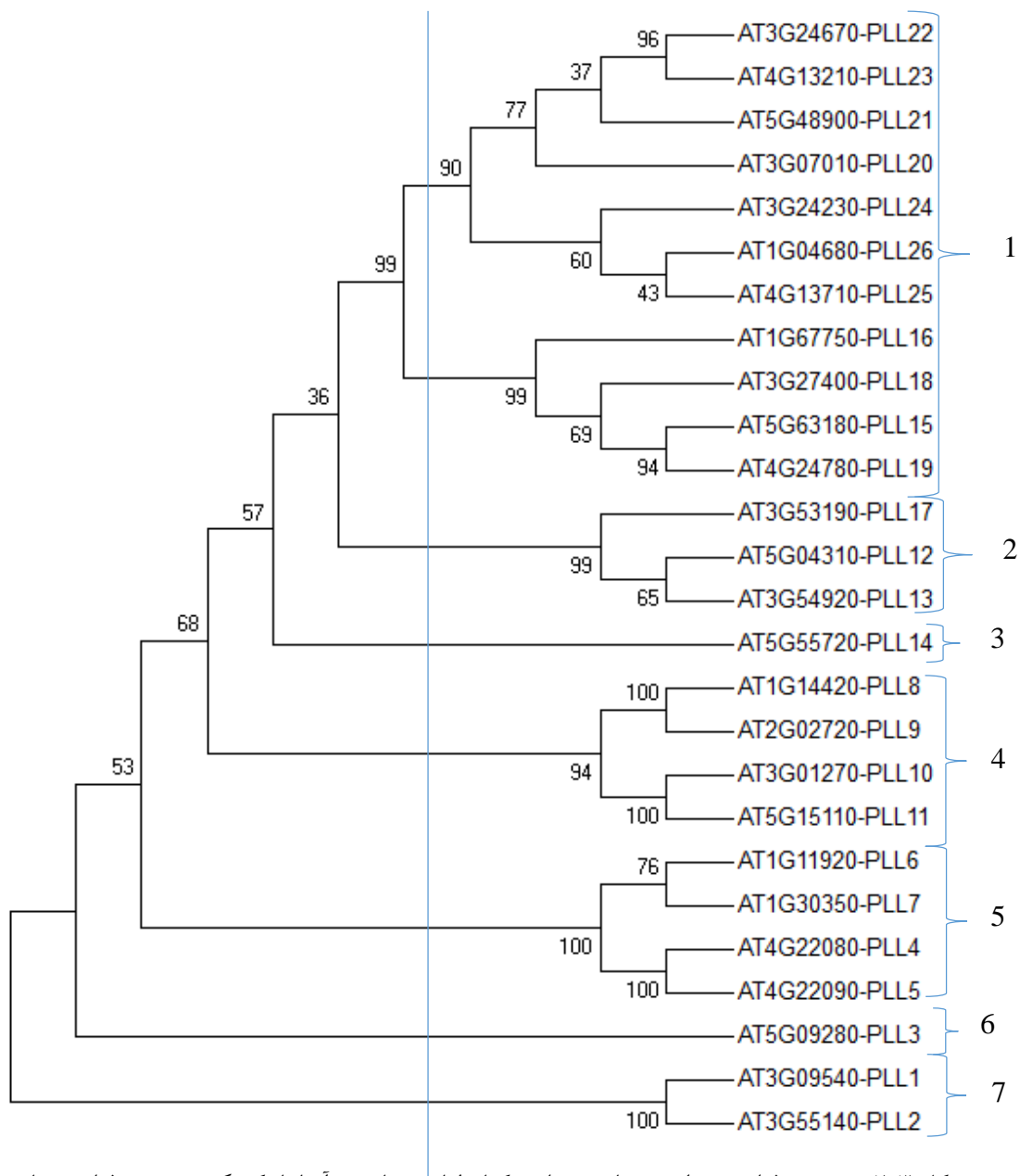
جدول ۳-۲: توالی‌های پکتات‌لیاز آرابیدوپسیس (۲۶) از CAZy ([www.cazy.org](http://www.cazy.org)) بدست آمدند. با استفاده از SignalP (<http://www.cbs.dtu.dk/>) توالی‌ها از نظر حضور transit peptide مورد بررسی قرار گرفتند. به منظور تعیین اینکه پروتئین بالغ، میتوکندری (M) یا مسیر ترشحی (S) را مورد هدف قرار می‌دهد و یا در سیتوپلاسم (C) باقی می‌ماند از TargetP (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TargetP/>) استفاده شد. با استفاده از Pfam ([pfam.sanger.ac.uk](http://pfam.sanger.ac.uk)) آنالیز دمائین‌ها انجام شد که نشان داد دمائین‌های C و C/N در توالی پکتات‌لیاز *Arabidopsis thaliana* وجود دارند. با استفاده از TMHMM ([www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM-2.0/](http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM-2.0/)) نشان داده شد که توالی پروتئینی چه تعداد transmembrane helices دارد.

Accession Number	SignalP	TargetP	Pfam	TMHMM
PLL1	NO	C	Pec lyase C	0
PLL2	NO	C	Pec lyase C	0
PLL3	NO	C	Pec lyase C	0
PLL4	YES(22) <sup>a</sup>	S	Pec lyase C	0
PLL5	YES(22)	S	Pec lyase C	0
PLL6	YES(23)	S	Pec lyase C	0
PLL7	YES(16)	S	Pec lyase C	0
PLL8	YES(29)	S	Pec lyase C/N	1
PLL9	YES(25)	S	Pec lyase C/N	1
PLL10	YES(24)	S	Pec lyase C/N	0
PLL11	YES(24)	S	Pec lyase C/N	0
PLL12	YES(34)	M	Pec lyase C	1
PLL13	YES(22)	S	Pec lyase C	0
PLL14	YES(19)	S	Pec lyase C	0
PLL15	NO	M	Pec lyase C	1
PLL16	YES(27)	S	Pec lyase C	1
PLL17	YES(24)	S	Pec lyase C	2
PLL18	YES(24)	S	Pec lyase C	1
PLL19	YES(24)	S	Pec lyase C	0
PLL20	YES(24)	S	Pec lyase C	0
PLL21	YES(25)	S	Pec lyase C	0
PLL22	YES(28)	S	Pec lyase C	0
PLL23	YES(26)	S	Pec lyase C	1
PLL24	YES(25)	S	Pec lyase C	1
PLL25	NO	S	Pec lyase C	1
PLL26	YES(20)	S	Pec lyase C	0

YES: توالی transit peptide دارد.

NO: توالی transit peptide ندارد.

a: اعداد داخل پرانتز نشان دهنده طول transit peptide است.



شکل ۳-۲: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های مختلف پکتات‌لیاز و مقایسه آنها با یکدیگر. درختچه فیلوژنی با نرم افزار مگا، روش اتصال مجاور و آنالیز Bootstrap با تکرار ۱۰۰۰ رسم شد. ۲۶ ژن پکتات‌لیاز در آرآبیدوپسیس در ۷ خوشه قرار گرفته‌اند.

جدول ۳-۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور و تعداد آنها در هریک از توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در آرابییدوپسیس تالیانا

Gene	No.	Light response associated cis-element
At5g04310	10	ACE, AE-box, Box 4, Box I, G-box, GA-motif, TCT-motif, as-2-box,chs-CMA1a
At4g13210	9	ACE, Box 4, GA-motif, GAG-motif, GATA-motif, l box, TCT-motif, rbc s-CMA7a
At4g13710	6	Box 4, Box I, GT1-motif, LAMP-element, MRE
At4g24780	9	AE-box, Box 4, G- box, GA- motif, I box, Sp1
At2g02720	5	3-AF1 binding site, Box 4, Box I, GA-motif, MRE
At1g04680	3	CATT-motif, G- Box
At1g14420	11	ACE, AE-box, ATCC-motif, Box 4, CG-motif, G box, GAG-motif, l Box, Sp1, rbc s-CMA7a
At3g01270	4	ATCT-motif, G-box, GAG-motif, LAMP-element
At3g53190	11	ATCT-motif, Box 4, Box I, CATT-motif, G-Box, GA-motif, GA-motif, GT1-motif, l box
At3g09540	4	3-AF1 binding site, G-Box, GA-motif
At3g07010	8	AAAC-motif, Box 4, G-Box, GA-motif, GT1-motif, l box
At1g67750	4	Box 4, Box I, GATA-motif,
At3g55140	4	Box I, G-Box, Box II
At3g27400	4	G-Box, GAG-motif, rbc s-CMA7a
At3g24670	6	ATC-motif, Box 4, GA-motif, Sp1, Chs-Unit1m1, TCT-motif
At5g55720	3	GAG-motif, l box
At3g54920 (PMR6)	4	MNF1, CATT-motif, AE-box, Box I
At5g63180	4	G-Box, GT1-motif, TCT-motif
At5g15110	5	AE-box, MRE, TCT-motif
At1g11920	10	Box 4, Box I, CGTCA-motif, G-Box, G box, l box, AE-box
At5g48900	5	ACE, AE-box, Box 4, Box I
At5g09280	5	AAAC-motif, Box 4, GT1-motif, AE-box, MRE
At1g30350	5	Box 4, G box, GA-motif, l box
At3g24230	2	Box 4

جدول ۳-۴: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون و تعداد آنها در هریک از توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در آرابیدوپسیس تالیانا

Gene	Hormonal regulation associated cis- element							
	TGACG / CGTCA	TGA-element TGA- box	ABRE Motif IIb	GARE P-box	ARE	ERE	HSE	TCA SARE
At5g04310	3		1	1				1
At4g13210							2	
At4g13710					3			
At4g24780								
At2g02720	1				1		1	
At1g04680		1			1			
At1g14420	1							1
At3g01270			3	2				
At3g53190	1		1		1	1		
At3g09540	2	1		1	2	1	1	
At3g07010					1			
At1g67750	2							
At3g55140	3		1	1		2		
At3g27400		1	1		1			1
At3g24670	1				1			
At5g55720	1	2			1			
At3g54920 (PMR6)	1	1		1	1			1
At5g63180	1		1		1		1	
At5g15110	1				1			
At1g11920								1
At5g48900						1		1
At5g09280					1			
At1g30350			1		1			
At3g24230		1			1			1
<b>Duplication number*</b>	18	7	9	6	18	5	5	7

\*: تعداد تکرار عناصر سیس پاسخ‌دهنده به هورمون در ژن‌های پکتات‌لیاز آرابیدوپسیس

جدول ۳-۵: عناصر سیس دیگر و تعداد آنها در هریک از توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست  
ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در آرابی‌دوپسیس تالیانا

<b>Gene</b>	<b>NO.</b>	<b>Other regulation cis-element</b>
At5g04310	5	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif, TC-rich repeats
At4g13210	4	LTR, MBS, MBS1
At4g13710	2	Circadian, TC-rich repeats
At4g24780	5	MBS, Ry-element, Skn-1-motif, TC-rich repeats, WUN-motif
At2g02720	2	Circadian, MBS,
At1g04680	6	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif, O2-site
At1g14420	4	MBS, circadian, Skn-1-motif
At3g01270	2	Circadian, TC-rich repeats
At3g53190	2	Circadian, MBS,
At3g09540	3	TC-rich repeats, Skn-1-motif
At3g07010	2	O2-site, TC-rich repeats
At1g67750	2	MBS1, Skn-1-motif
At3g55140	0	
At3g27400	3	TC-rich repeats, circadian
At3g24670	6	TC-rich repeats, circadian, Skn-1-motif, LTR
At5g55720	3	circadian
At3g54920	3	LTR, circadian
(PMR6)		
At5g63180	2	MBS, TC-rich repeats
At5g15110	2	TC-rich repeats, LTR
At1g11920	9	GCN4-motif, Ry-element, Skn-1-motif, TC-rich repeats, circadian, LTR
At5g48900	0	
At5g09280	5	TC-rich repeats, Skn-1-motif, MBS
At1g30350	3	TC-rich repeats, Skn-1-motif, LTR
At3g24230	4	Skn-1-motif, Ry-element

ژن *PLLI* (At3g09540)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲/۸ تا ۹/۹ (جدول ۳-۶) می‌باشد که بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۲ و ۳). این ژن در بافت‌های پروتوپلاست و ریشه بیان بالاتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At2g38010، At3g52370 و At5g62070 در بافت ریشه، ژن At5g43880 در بافت‌های ریشه و برچه، ژن At3g19340 و At1g24625 در بافت ریشه، بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته اند (شکل پیوست ۴ و جدول پیوست ۲). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At1g24625 که به عنوان یک پروتئین کوچک متصل به یون روی عمل می‌کند و درگیر تنظیمات رونویسی است احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری باشد. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۵) *PLLI* با ژن‌های هم‌بیان At2g38010 و At5g43880 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳) نشان می‌دهد ژن At2g38010 احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است که دارای فعالیت سرآمداز و درگیر فرآیند متابولیسم Sphingolipid در غشا سلولی برگ و ساقه گیاه است. سرآمدازها القا مرگ برنامه ریزی شده سلولی یا آپوپتوز<sup>۱</sup> (PCD) می‌شوند (لیانگ و همکاران، ۲۰۰۳ و هانان و همکاران، ۲۰۰۸).

جدول ۳-۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At3g09540-PLLI*

At. number	MR	Function
At2g38010	2.8	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase
At5g43880	3	-
At3g52370	4.2	FASCICLIN-like arabinogalactan protein 15 precursor
At3g19340	7.3	-
At1g24625	9.4	zinc finger protein 7
At5g62070	9.9	IQ-domain 23

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL2* (At3g55140)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۸/۷ تا ۲۸/۸ (جدول ۳-۷) می‌باشد که بر روی کروموزوم‌های

1 - Programmed cell death



۲، ۳ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۶ و ۷). این ژن در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۰ درصد نداشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد. ژن‌های At6g62930 و At6g62930 در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته و ژن At3g54860 در بافت گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته است (شکل پیوست ۸ و جدول پیوست ۴). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان داد ژن At5g62930 احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. این ژن دارای فعالیت هیدرولازی است (مالگارد و همکاران، ۲۰۰۰) و بر روی باندهای استرازی فعال می‌کند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۹) PLL2 یک کلاستر جدا تشکیل می‌دهد و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۵) نشان می‌دهد ژن‌های هم‌بیان At3g54860 که به عنوان یک پروتئین ضروری برای هم‌جوشی یا تلفیق غشا داخل سلولی عمل می‌کند (زیلی و همکاران، ۲۰۰۶) و At5g62930 با فعالیت هیدرولازی احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری هستند.

جدول ۳-۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن At3g55140-PLL2

At. number	MR	Function
At3g54860	8.7	Sec1/munc18-like (SM) proteins superfamily
At5g62930	20.2	SGNH hydrolase-type esterase superfamily protein
At2g44680	28.8	casein kinase II beta subunit 4

ژن *PLL3* (AT5G09280)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۱ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱ تا ۹/۴ (جدول ۳-۸) می‌باشد که بر روی هر ۵ کروموزوم آرابیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۱۰ و ۱۱). این ژن در بافت‌های گرده و بافت لیفی بیان بالاتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۶) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن‌های At1g29770، At2g31910، At5g01680، At1g18510، At2g07020، At1g09720 و At5g22900 در بافت‌های گرده و بافت لیفی، ژن At5g15560 در بافت‌های ریشه، گرده، تخمدان و کلاله، ژن At3g02125 در بافت گرده، ژن At4g21323 در بافت‌های ریشه و گرده، ژن At1g01450

در بافت‌های ریشه، گرده و بافت لیفی بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته اند ( شکل پیوست ۱۲ و جدول پیوست ۶). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد که احتمالاً ژن‌های At1g09720 با عملکرد پروتئین کیناز که در فرایندهای فیزیولوژیکی گوناگون نقش دارند، ژن At2g07020 که به صورت پروتئینی با نوکلئوتید آدنین در فعالیت کینازی در بسیاری از فرآیندهای سلولی مانند تکثیر، تمایز و تقسیم فعالیت می‌کند و در فسفوریلاسیون پروتئین نقش کلیدی بازی می‌کند و در بسیاری از فعالیت‌های سلولی حضور دارد، ژن At1g18510 که در نمو، پاسخ‌های ایمنی و تسهیل هم‌جوشی سلول-سلول در طول رشد گیاه نقش دارد و در برگ و ریشه حضور دارند، ژن‌های At2g31910، At5g01680 و At5g22900 که در باز شدن روزنه گیاه نقش دارند، ژن At1g29770 که دارای فعالیت دهیدروژنازی است و واسطه واکنش‌های مختلف متابولیکی می‌باشد و ژن At1g01450 با عملکرد پروتئین کینازی، هم بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۱۳) *PLL3* با ژن‌های هم‌بیان At5g15560 و At3g02125 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۷) نشان می‌دهد که ژن At3g02125 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۸: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن At5g09280-*PLL3*

At. number	MR	Function
At1g09720	1	Kinase interacting (KIP1-like) family protein
At5g15560	1.4	-
At2g07020	2	Protein kinase protein with adenine nucleotide alpha hydrolases-like domain
At3g02125	3.3	-
At1g18510	4.1	tetraspanin 16
At5g01680	4.2	cation/H <sup>+</sup> exchanger 26
At1g29770	4.2	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) superfamily protein
At2g31910	4.9	cation/H <sup>+</sup> exchanger 21
At5g22900	6.5	cation/H <sup>+</sup> exchanger 3
At4g21323	8.4	Subtilase family protein
At1g01450	9.4	Protein kinase superfamily protein

- : نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL6* (AT1g11920) قرار دارد و با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۶/۵ تا ۱۳/۴ (جدول ۳-۹) می‌باشد که بر

روی کروموزوم ۳ و ۵ قرار گرفته‌اند (شکل پیوست ۱۴ و ۱۵). این ژن در بافت گرده و بافت لیفی بیان بالاتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۸) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At3g46340 در میان این ۴۳ بافت بیان بالاتر از ۷۵ درصد نداشته است. ژن At3g01730 و At5g36270 با عملکرد ناشناخته در بافت ریشه بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۱۶ و جدول پیوست ۸). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان داد که ژن At3g01730 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۱۷) PLL6 با ژن‌های هم‌بیان At3g46340 و At5g36270 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۹) نشان می‌دهد ژن At3g46340 که در طیف گسترده‌ای از فرآیندهای نمو و مرتبط با دفاع شامل تکثیر سلولی، ترمیم و نگهداری سلول، درک هورمون، پاسخ‌های دفاعی و پاسخ به زخمی شدن به عنوان واسطه انتقال پیام فعال است (توری، ۲۰۰۴)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT1g11920-*PLL6*

At. number	MR	Function
At3g46340	6.5	leucine-rich repeat protein kinase family protein
At3g01730	11.1	-
At5g36270	13.4	-

- : نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL7* (AT1G30350)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۰ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲ تا ۱۰/۵ (جدول ۳-۱۰) می‌باشد که بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳ و ۵ قرار گرفته‌اند (شکل پیوست ۱۸ و ۱۹). این ژن در بافت پرچم بیشتر از ۷۰ درصد بیان داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۱۰) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن‌های At1g23690 و At1g28430، At1g23600، At1g23590، At1g23240، At5g61605 در بافت پرچم، ژن At1g23250 در بافت‌های پرچم و گرده ژن At3g55100 در بافت‌های ریشه، گل، گرده، بافت لیفی و کاسبرگ و ژن At3g10890 در بافت‌های پرچم، منطقه ریزش، تخمدان و برچه، ژن At2g17950 در بافت لیفی بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۲۰ و جدول پیوست ۱۰). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد که احتمالاً ژن‌های At5g61605 با عملکرد ناشناخته، ژن At1g23240 که پروتئین‌های مرتبط با Caleosins است و در دانه بالغ افزایش می‌یابد (مورفی و همکاران، ۲۰۰۰)، ژن At1g23590، ژن At1g23600 و ژن At1g23690 با عملکرد ناشناخته، ژن At1g28430 که در انتقال اکسیژن به مولکول‌های مختلف دخیل است و At3g10890 با عملکرد گلیکوزید هیدرولازها هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۲۱)، *PLL7* با ژن‌های هم‌بیان *At1g23240*، *At5g61605*، *At1g23590*، *At1g23600*، *At1g23690* و *At3g10890* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۱۱) نشان می‌دهد ژن *At1g23240* که پروتئین‌های گیاهی مرتبط با *Caleosin* (دومین متصل به کلسیم) هستند عمدتاً در غشا و مرحله توسعه دانه فعالیت می‌کند و در بذره‌های بالغ *Caleosin* به طور چشمگیری افزایش می‌یابد (مورفی و همکاران، ۲۰۰۰) و ژن *At3g10890* با عملکرد گلیکولیز هیدرولازی احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند.

جدول ۳-۱۰: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At130350-PLL7*

At. number	MR	Function
At5g61605	2	-
At1g23240	2	Caleosin-related family protein
At1g23590	2.8	-
At1g23250	3	Caleosin-related family protein
At1g28430	3	cytochrome P450, family 705, subfamily A, polypeptide 24
At1g23600	3.2	-
At1g23690	4.4	-
At3g55100	9.5	ABC-2 type transporter family protein
At3g10890	10.2	Glycosyl hydrolase superfamily protein
At2g17950	10.5	Homeodomain-like superfamily protein

- : نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL8* (AT1G14420)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۹ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۴ تا ۱۳/۲ (جدول ۳-۱۱) می‌باشد که بر روی هر ۵ کروموزوم آرآبیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۲۲ و ۲۳). این ژن در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۰ درصد نداشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۱۲) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن *At3g02885* و *At5g06720* در منطقه ریزش، ژن *At2g01610* در بافت تخمدان بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند و ژن‌های *At1g03820*، *At5g52390*، *At4g23720* و *At1g18670* در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته‌اند (شکل پیوست ۲۴ و جدول پیوست ۱۲). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At2g02720* با عملکرد پکتات لیاز، ژن *At2g31500* که به عنوان محرک‌های کلیدی در تنظیم کلسیم مرتبط با مسیره‌های انتقال دهنده عمل می‌کند احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۲۵)، *PLL8* با ژن‌های هم‌بیان *At2g31500*، *At4g27580* و *At1g23350* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۱۳) نشان می‌دهد که ژن‌های *At4g27580* با عملکرد ناشناخته و *At1g23350* که نقش مهمی در سوخت و ساز دیواره سلولی در طول رسیدن میوه ایفا می‌کند (دی ماتئو و همکاران، ۲۰۰۵)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند.

ژن *PLL9* (AT2G02720) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۲ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۷ تا ۳۳/۷ (جدول ۳-۱۲) می‌باشد که بر روی هر ۵ کروموزوم آرآبیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۲۶ و ۲۷). این ژن در بافت‌های گرده و پرچم بیان بالاتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۱۴) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

جدول ۳-۱۱: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At1g14420- PLL8*

At. number	MR	Function
At3g05610	1.4	Plant invertase/pectin methyl esterase inhibitor superfamily
At4g24640	1.4	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
At2g02720	1.4	Pectate lyase family protein
At5g15110	2.2	Pectate lyase family protein
At2g31500	2.5	calcium-dependent protein kinase 24
At3g20580	2.6	COBRA-like protein 10 precursor
At3g20220	2.8	SAUR-like auxin-responsive protein family
At1g01980	3	FAD-binding Berberine family protein
At3g02970	3.2	EXORDIUM like 6
At5g50830	4	-
At3g17060	4.5	Pectin lyase-like superfamily protein
At3g20530	4.7	Protein kinase superfamily protein
At5g23270	6.3	sugar transporter 11
At4g27580	7.2	-
At1g23350	7.9	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
At2g05850	8.4	serine carboxypeptidase-like 38
At1g54070	8.6	Dormancy/auxin associated family protein
At3g03800	12.2	syntaxin of plants 131
At3g20190	13.2	Leucine-rich repeat protein kinase family protein

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *At1g70790* در بافت‌های ریشه، پرچم، گرده و منطقه ریزش، ژن *At1g49490* در بافت‌های ریشه و گرده، ژن *At5g15140* در بافت گرده، ژن *At1g19500*، *At3g16040*، *At2g33420*، *At1g11770* و *At1g14420* در بافت‌های گرده و پرچم، ژن *At4g27580* در بافت‌های ریشه و منطقه ریزش، ژن *At1g25240* در بافت گل و پرچم و ژن *At3g06260* در بافت گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته اند (شکل پیوست ۲۸ و جدول پیوست ۱۴). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At3g16040* دارای عملکرد TMA7 است و در سنتز پروتئین نقش دارد (نگی و همکاران، ۲۰۱۱)، ژن *At2g33420* و *At1g19500* با عملکرد ناشناخته، *At1g11770* که با به کارگیری باندهای قوی FAD (flavin adenine dinucleotide) برای انتقال الکترون استفاده می‌کند (موشیگان و همکاران، ۱۹۹۵) و ژن *At1g14420* با عمل پکتات‌لیاز احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۲۹) *PLL9* با ژن‌های هم‌بیان *At1g14420* و *At2g31500* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس

موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۱۵) نشان می‌دهد که ژن At1g14420 با فعالیت پکتات‌لیازی، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۲: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن At2g02720-PLL9

At.numbe r	MR	Function
At1g14420	1.7	Pectate lyase family protein
At5g48140	2	Pectin lyasem-like superfamily protein
At2g31500	2.5	calcium-dependent protein kinase 24
At1g11770	3	FAD-binding Berberine family protein
At1g25240	7.2	galacturonosyltransferase-like 4
At4g27580	9.2	-
At2g33420	12.2	-
At3g16040	13.1	Translation machinery associated TMA7
At1g19500	13.4	-
At5g15140	15.6	Galactose mutarotase-like superfamily protein
At1g49490	17.4	Leucine-rich repeat (LRR) family protein
At1g70790	33.7	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL10* (AT3G01270) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱ تا ۸/۷ (جدول ۳-۱۳) می‌باشد که بر روی هر ۵ کروموزوم آرآبیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۳۰ و ۳۱). این ژن در بافت‌های گرده و پرچم بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۱۶) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

تمام ژن‌های هم‌بیان مستقیم با این ژن در بافت‌های پرچم و گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۳۲ و جدول پیوست ۱۶). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد که نقش مهمی در سوخت و ساز دیواره سلولی در طول رسیدن میوه ایفا می‌کند (دی مائو و همکاران، ۲۰۰۵)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل پیوست ۳۳)، *PLL10* با ژن‌های هم‌بیان At4g35010، At2g47050 و At3g13400 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۱۷) نشان می‌دهد که با تاثیر بر گسترش دیواره سلولی

موجب گسترش فرآیند رشد می‌شود (سدبروک و همکاران، ۲۰۰۲)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۳: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At3g01270-PLL10*

At. number	M R	Function
At3g07820	1	Pectin lyase-like superfamily protein
At4g35010	2	beta-galactosidase 11
At3g01240	2	-
At1g02790	2.5	polygalacturonase 4
At3g62170	2.8	VANGUARD 1 homolog 2
At5g14380	3	arabinogalactan protein 6
At3g28750	3.2	-
At2g47050	3.5	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
At3g57690	4.5	arabinogalactan protein 23
At5g45880	4.7	Pollen Ole e 1 allergen and extensin
At3g13400	5.5	SKU5 similar 13
At3g20865	5.7	arabinogalactan protein 40
At5g19580	6.2	glyoxal oxidase-related protein
At1g10770	8.7	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL11* (AT5G15110)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲/۲ تا ۱۶/۴ (جدول ۳-۱۴) می‌باشد که بر روی کروموزوم‌های ۱، ۲، ۳ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۳۴ و ۳۵). این ژن در بافت‌های گرده و پرچم بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۱۸) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن‌های *At1g14420* و *At3g20220* در بافت‌های پرچم، گرده، گلبرگ و کاسبرگ و ژن‌های *At2g16730*، *At3g52600*، *At5g62750* و *At2g36020* در بافت‌های پرچم و گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۳۶ و جدول پیوست ۱۸). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At3g20220* که به عنوان پروتئین پاسخ دهنده به اکسین (Small Auxin-up RNA like gene) ((SAUR)) فعالیت می‌کند و در رشد ریشه و برگ دخالت دارد (مارکاکیس و همکاران، ۲۰۱۳) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری (شکل



پیوست ۳۷) *PLL11* با ژن‌های هم‌بیان *At2g16730*، *At3g52600*، *At5g62750* و *At2g36020* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۱۹) نشان می‌دهد که ژن *At5g62750* با عملکرد نشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۴: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At5g15110-PLL11*

At. number	MR	Function
At1g14420	2.2	Pectate lyase family protein
At3g20220	2.8	SAUR-like auxin-responsive protein family
At3g52600	2.8	cell wall invertase 2
At2g16730	4.9	glycosyl hydrolase family 35 protein
At5g62750	8.9	-
At2g36020	16.4	HVA22-like protein J

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL12* (*AT5G04310*)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه *ATTED-II* دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۳/۵ تا ۹/۳ (جدول ۳-۱۵) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۴ قرار دارند (شکل پیوست ۳۸ و ۳۹). این ژن در بافت ریشه بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲۰) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن *At4g27970* در بافت‌های ریشه و گل، ژن *At4g16400* در بافت‌های ریشه و گرده، ژن *At4g21410* در بافت ریشه بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۴۰ و جدول پیوست ۲۰). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد که ژن *At4g16400* با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی نوکلئوتیدی (شکل پیوست ۴۱) *PLL12* با ژن‌های هم‌بیان *At4g27970* و *At4g16400* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۲۱) نشان می‌دهد که ژن *At4g27970* که به عنوان پروتئین *SLAC1* عمل میکند که برای بسته شدن روزنه ضروری است (واهیسالو و همکاران، ۲۰۰۸)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۵: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At5g04310-PLL12*

At.number	MR	Function
At4g27970	3.5	SLAC1 homologue 2
At4g16400	7.5	-
At4g21410	9.3	cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 29

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL13* (*At3g54920*)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۷ تا ۱۱/۲ (جدول ۳-۱۶) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲ و ۴ قرار دارند (شکل پیوست ۴۲ و ۴۳). این ژن در بافت‌های ریشه، مادگی، برچه و تخمک بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲۲) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن *At4g28190* در بافت‌های گرده، تخمک و جنین، ژن *At1g27460* در بافت‌های ریشه، مادگی و تخمک و ژن *At4g26610* در ریشه، برچه و نوک ریشه بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند و ژن *At2g42580* در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته است (شکل پیوست ۴۴ و جدول پیوست ۲۲). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At1g27460* که مرتبط با جوانه زنی گرده است احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۴۵)، *PLL13* با ژن‌های هم‌بیان *At4g28190*، *At2g42580* و *At1g27460* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۲۳) نشان می‌دهد ژن *At4g28190* که دارای عملکرد *ULTRAPETALA* است و به عنوان تنظیم کننده منفی افزایش سلولی مریستم گل و ساقه در آرابیدوپسیس عمل می‌کند زیرا جهش در *ULT* باعث بزرگ شدن مریستم گل و گل آذین، تولید گل و اندام‌های اضافی گل می‌کند (کارلس و همکاران، ۲۰۰۵) و *At2g42580* که دارای عملکرد پروتئین 3 Tetratricopeptide-repeat thioredoxin-like است و باعث تحمل به تنش‌های غیر زنده می‌شوند (لخس‌اسی و همکاران، ۲۰۰۲)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند.

جدول ۳-۱۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *At3g54920-PLL13*

At. number	MR	Function
At4g28190	1.7	Developmental regulator, ULTRAPETALA
At2g42580	1.7	tetratricopetide-repeat thioredoxin-like 3
At1g27460	7.3	no pollen germination related 1
At4g26610	11.2	Ankyrin repeat family protein

ژن *PLL14* (*AT5G55720*)، با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۴ تا ۱۳/۴ (جدول ۳-۱۷) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲، ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۴۶ و ۴۷). این ژن در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۰ درصد نداشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲۳) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن *At1g63710* و *At1g15360* در بافت‌های گل، پرچم و گلبرگ، ژن *At1g32780* در پرچم و گلبرگ، ژن *At5g33370* در بافت‌های گل و پرچم، ژن *At4g28160* در بافت لیفی و ژن *At2g22960* در بافت‌های کلانه، گلبرگ و بافت لیفی بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۴۸ و جدول پیوست ۲۴). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At1g63710* که در مسیرهای بیوسنتز و سم‌زدایی سلول‌های گیاهی فعالیت می‌کند (اسکولر، ۱۹۹۶)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی *PLL14* یک کلاستر جدا (شکل پیوست ۴۹) تشکیل می‌دهد و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۲۵) نشان می‌دهد ژن *At1g32780* که در انتقال پیام بین سلولی نقش دارد (والتر، ۲۰۰۲) و دارای فعالیت oxidoreductase است، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری می‌باشد.

جدول ۳-۱۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT5G55720-PLL14*

At.number	MR	Function
At1g63710	1.4	cytochrome P450, family 86, subfamily A, polypeptide 7
At1g15360	3	Integrase-type DNA-binding superfamily protein
At5g33370	3.2	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein
At4g28160	4.6	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein
At2g22960	6.8	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
At1g32780	13.4	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein

ژن *PLL15* (AT5G63180) با توجه به شبکه هم‌بینی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۶ ژن هم‌بین مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۷ تا ۱۲ (جدول ۳-۱۸) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲، ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۵۰ و ۵۱). این ژن در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۰ درصد نداشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲۶) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بین مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At1g29660 در بافت دمگل، ژن At4g36540 در بافت‌های ریشه و کاسبرگ، ژن A5g22580 در بافت‌های منطقه ریزش و دمگل بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته و ژن‌های At4g13840، At2g15050 و At5g64770 در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته‌اند (شکل پیوست ۵۲ و جدول پیوست ۲۶). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At4g13840 که دارای فعالیت ترانسفرازی و انتقال دهنده گروه اسیل است (یانگ و همکاران، ۱۹۹۷)، احتمالاً هم‌بین‌های مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۵۳)، *PLL15* با ژن‌های هم‌بین At1g29660 و At4g13840 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۲۷) نشان می‌دهد ژن At4g13840 که دارای فعالیت ترانسفرازی و انتقال دهنده گروه اسیل است (یانگ و همکاران، ۱۹۹۷)، احتمالاً هم‌بین‌های مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۸: لیست ژن‌های هم‌بین مستقیم با ژن *PLL15*-AT5G63180

At. number	MR	Function
At1g29660	1.7	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein
At4g13840	2.5	HXXXD-type acyl-transferase family protein
At4g36540	5.1	BR enhanced expression 2
At2g15050	8.8	-
At5g64770	11.6	-
At5g22580	12	Stress responsive A/B Barrel Domain

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL16* (AT1G67750) با توجه به شبکه هم‌بینی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۴ ژن هم‌بین مستقیم با رتبه دو طرفه ۵ تا ۱۸/۸ (جدول ۳-۱۹) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱ و ۴

قرار دارند (شکل پیوست ۵۴ و ۵۵). این ژن در بافت‌های ریشه و گل بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۲۸) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن *At1g04680* در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش، تخمدان و گلبرگ، دمگل و ریشه، ژن *At1g64390* در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش، گلبرگ و دمگل، ژن *At4g02290* در بافت‌های ریشه، گل، مادگی، تخمدان و دمگل، ژن *At1g33170* در بافت‌های ریشه و پرچم بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۵۶ و جدول پیوست ۲۸). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن *At1g04680* با فعالیت پکتین‌لیازی احتمالا هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۵۷)، *PLL16* با ژن‌های هم‌بیان *At1g64390* و *At4g02290* در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۲۹) نشان می‌دهد که ژن *At4g02290* با فعالیت گلایکوسیل هیدرولازی احتمالا هم‌بیان‌های مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۱۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT1g67750-PLL16*

At. number	MR	Function
<i>At1g04680</i>	5	Pectin lyase-like superfamily protein
<i>At1g64390</i>	5.7	glycosyl hydrolase 9C2
<i>At4g02290</i>	7.5	glycosyl hydrolase 9B13
<i>At1g33170</i>	18.8	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein

ژن *PLL17* (*AT3G53190*) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه *ATTED-II* دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱ تا ۹/۴ (جدول ۳-۲۰) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲، ۳ و ۴ قرار دارند (شکل پیوست ۵۷ و ۵۸). این ژن در سلول ریشه، بافت گل و مادگی بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۳۰) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At1g18250 در بافت‌های مادگی، برچه و تخمک، ژن At4g38660 در سلول ریشه، مادگی، برچه، تخمدان و تخمک، ژن At2g25270 در بافت‌های منطقه ریزش، مادگی، برچه و تخمدان، ژن At4g34160 در ریشه، ژن At3g07540 در بافت‌های مادگی، تخمدان و تخمک، ژن At3g51720 در بافت ریشه، مادگی، برچه و جنین بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۶۰ و جدول پیوست ۳۰). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At4g38660 که دارای فعالیت ضد قارچی است در پاسخ به عفونت‌های پاتوژن افزایش می‌یابد و در مقاوت سیستماتیک و پاسخ به استرس دخیل هستند (رویز مدرانو و همکاران، ۱۹۹۲) و ژن At3g51720 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۶۱) *PLL17* با ژن‌های هم‌بیان At1g18250 و At2g25270 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳۱) نشان می‌دهد ژن At1g18250 که دارای فعالیت ضد قارچی است (رویز مدرانو و همکاران، ۱۹۹۲)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۰: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3G53190-PLL17*

At. number	MR	Function
At1g18250	1	Pathogenesis-related thaumatin superfamily protein
At4g38660	3.6	Pathogenesis-related thaumatin superfamily protein
At2g25270	4.1	early nodulin-like protein 15
At4g34160	9.2	CYCLIN D3;1
At3g07540	9.2	Actin-binding FH2 (formin homology 2) family protein
At3g51720	9.4	-

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL18* (AT3G27400) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۷ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۷ تا ۱۴/۱۱ (جدول ۳-۲۱) می‌باشد که بر روی هر ۵ کروموزوم آرابیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۶۲ و ۶۳). این ژن در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۰ درصد نداشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۳۲) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At3g02885 و At5g06720 در منطقه ریزش، ژن At2g01610 در بافت تخمدان بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند و ژن‌های At1g03820، At5g52390، At4g23720 و At1g18670 در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته‌اند (شکل پیوست ۶۴ و جدول پیوست ۳۲). ب نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At1g03820 با عملکرد ناشناخته احتمالا هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۶۵)، *PLL18* با ژن‌های هم‌بیان At3g02885، At2g01610 و At4g23720 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳۳) نشان می‌دهد ژن At2g01610 که نقش مهمی در سوخت و ساز دیواره سلولی در طول رسیدن میوه ایفا می‌کند (دی ماتئو و همکاران، ۲۰۰۵)، احتمالا هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۱: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT3G27400-*PLL18*

At. number	MR	Function
At1g03820	1.7	-
At3g02885	2	GAST1 protein homolog 5
At5g52390	2.5	-
At2g01610	2.5	Plant invertase/pectin methylesterase inhibitor superfamily protein
At4g23720	4	Protein of unknown function (DUF1191)
At1g18670	8.4	DUF688
At5g06720	14.11	peroxidase 2

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL19* (AT4G24780) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه دوجانبه ۱ تا ۱۸/۲ (جدول ۳-۲۲) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲ و ۴ قرار دارند (شکل پیوست ۶۶ و ۶۷). این ژن در بافت‌های ریشه و منطقه ریزش بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۳۴) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At2g28950 در منطقه ریزش، مادگی، برچه، تخمدان، تخمک، گلبرگ، دمگل و کلالة، ژن At4g28250 در سلول ریشه، ژن At1g64390 در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش، گلبرگ و دمگل و ژن At2g39220 در بافت ریشه بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۶۸ و جدول پیوست

۳۴). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At2g28950 که فعالیت آن باعث اختلال در پیوندهای غیر کووالانسی بین میکروفیبریل‌های سلولز و ماتریکس گلوکان‌ها می‌شود که منجر به شل شدن و گسترش دیواره‌های سلول گیاهی می‌شود (شربان و همکاران، ۱۹۹۵) و ژن At1g64390 با فعالیت گلیکوسیل هیدرولازی احتمالا هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۶۹)، *PLL19* با ژن‌های هم‌بیان At2g28950، At1g64390 و At2g39220 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳۵) نشان می‌دهد که ژن At1g64390 با فعالیت گلیکوسیل هیدرولازی احتمالا هم‌بیان‌های مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۲: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT4G24780-*PLL19*

At. number	MR	Function
At2g28950	1	expansin A6
At4g28250	2.5	expansin B3
At1g64390	2.8	glycosyl hydrolase 9C2
At2g39220	18.2	PATATIN-like protein 6

ژن *PLL20* (AT3G07010) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۱۱ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱ تا ۱۴/۴ می‌باشد (جدول ۳-۲۳) که بر روی هر ۵ کروموزوم آرابیدوپسیس جای گرفته‌اند (شکل پیوست ۷۰ و ۷۱). این ژن در بافت‌های پروتوپلاست ریشه، منطقه ریزش، کلاله و دمگل بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۳۶) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At3g58120 در بافت گرده و گلبرگ، ژن At3g12710 در بافت‌های ریشه، کلاله، تخمدان و دمگل، ژن At2g44740 در بافت ریشه و گلبرگ، ژن At1g20190 در بافت‌های ریشه، گلبرگ و کلاله، ژن At5g04820 در بافت ریشه، ژن At4g14750 در بافت ریشه، ژن At4g30410 در منطقه ریزش، بافت‌های ریشه و بافت لیفی، ژن At2g43900 در بافت‌های گرده و پرچم، ژن At1g69780 در بافت‌های ریشه، گل، مادگی و منطقه ریزش، ژن At1g61170 در بافت گلبرگ بیان بیشتر از ۷۵



درصد داشته‌اند و ژن At3g16850 در میان این ۴۳ بافت بیان بالای ۷۵ درصد نداشته است (شکل پیوست ۷۲ و جدول پیوست ۳۶). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At3g12710 با عملکرد DNA گلیکوزیلاز که در در ترمیم برش پایه DNA<sup>1</sup> (BER) دخالت دارد (فردبرگ و همکاران، ۲۰۰۵)، ژن At1g20190 که به عنوان زایلوگلوکان هیدرولازها فعالیت می‌کند و در رشد ساقه و ساخت و ساز دیواره سلولی بافت‌های در حال رشد دخالت دارد (روسه و همکاران، ۲۰۰۲)، ژن At2g44740 که در چرخه سلولی و تقسیم سلولی دخالت دارد (هاتکینز و همکاران، ۲۰۰۴) و At4g30410 که در تنظیم بیان ژن فعالیت دارد (برنت و تاشنه، ۱۹۸۵)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۷۳)، *PLL20* با ژن‌های هم‌بیان At5g04820 و At1g69780، At2g43900، At4g30410، At3g16850، At3g12710، At3g12710 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳۷) نشان می‌دهد ژن At3g16850 که فعالیت آن باعث اختلال در پیوندهای غیر کووالانسی بین میکروفیبریل‌های سلولز و ماتریکس گلوکان‌ها می‌شود و منجر به شل شدن و گسترش دیواره‌های سلول گیاهی می‌شود (شربان و همکاران، ۱۹۹۵)، احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۳: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT3G07010-*PLL20*

At. number	MR	Function
At3g58120	1	Basic-leucine zipper (bZIP) transcription factor family protein
At3g12710	2.5	DNA glycosylase superfamily protein
At2g44740	2.6	cyclin p4;1
At1g20190	2.8	xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 8
At3g16850	2.8	expansin 11
At4g14750	3.2	IQ-domain 19
At4g30410	5.5	sequence-specific DNA binding transcription factors
At2g43900	6.3	Plant basic secretory protein (BSP) family protein
At1g69780	10.5	Homeobox-leucine zipper protein family
At1g61170	14.9	-
At5g04820	14.4	ovate family protein 13

<sup>1</sup> - Base excision repair

ژن *PLL21* (AT5G48900) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۵ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱ تا ۲/۸ (جدول ۳-۲۴) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۳، ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۷۴ و ۷۵). این ژن در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش، کلاله، دمگل و ریشه بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۳۸) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At1g20190 در بافت‌های ریشه، کلاله و دمگل، ژن At3g12610 در بافت‌های ریشه، پرچم و منطقه ریزش، ژن At4g32460 در بافت‌های ریشه، گل، کلاله و گلبرگ، ژن At3g12710 در بافت‌های ریشه، کلاله، تخمدان، گلبرگ و دمگل، ژن At5g66590 در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش و گلبرگ بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۷۶ و جدول پیوست ۳۸). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At3g12610 با عملکرد پروتئین Leucine-rich repeat (LRR) در طیف گسترده‌ای از فرآیندهای مرتبط با نمو و دفاع شامل تکثیر سلولی، تعمیر و نگهداری سلول، درک هورمون، پاسخ دفاعی، پاسخ زخمی شدن و همزیستی را نقش تنظیمی دارد (کوب و کاجاوا، ۲۰۰۱)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۷۷)، *PLL21* با ژن‌های هم‌بیان At3g12710 و At5g66590 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۳۹) نشان می‌دهد ژن At3g12710 که در ترمیم برش پایه DNA دخالت دارد (فردبرگ و همکاران، ۲۰۰۵)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۴: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT5G48900-PLL21*

At. number	MR	Function
At1g20190	1	expansin 11
At3g12610	2	Leucine-rich repeat (LRR) family protein
At4g32460	2.5	Protein of unknown function, DUF642
At3g12710	2.8	DNA glycosylase superfamily protein
At5g66590	2.8	CAP (Cysteine-rich secretory proteins, Antigen 5, and Pathogenesis-related 1 protein) superfamily protein

ژن *PLL22* (AT3G24670) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۷ تا ۱۲/۸ (جدول ۳-۲۵) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۲ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۷۸ و ۷۹). این ژن در بافت ریشه بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴۰) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن‌های At2g47540، At2g34910 و At5g15890 در بافت ریشه بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۸۰ و جدول پیوست ۴۰). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At2g47540 که به عنوان تنظیم کننده نمو علاوه بر بافت گرده در نمو بسیاری از بافت‌های گیاهی فعالیت دارد (هو و همکاران، ۲۰۱۴)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۸۱)، *PLL22* با ژن‌های هم‌بیان At2g47540 و At2g34910 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۴۱) نشان می‌دهد ژن At2g47540 که به عنوان تنظیم کننده نمو علاوه بر بافت گرده در نمو بسیاری از بافت‌های گیاهی فعالیت دارد (هو و همکاران، ۲۰۱۴)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۵: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT3G24670-PLL22*

At. number	MR	Function
At2g47540	7	Pollen Ole e 1 allergen and extensin family protein
At2g34910	9.7	-
At5g15890	12.8	TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL23* (AT4G13210) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۸/۵ تا ۱۴/۷ (جدول ۳-۲۶) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۸۲ و ۸۳). این ژن در بافت‌های ریشه و گلبرگ بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴۲) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At4g33800 در بافت‌های ریشه و گلبرگ، ژن At5g51470 در بافت ریشه، ژن At5g42280 در بافت‌های مادگی و گلبرگ و ژن At4g13710 در بافت‌های ریشه، گل، پرچم، کلاله، تخمدان و گلبرگ بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۸۴ و جدول پیوست ۴۲). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At4g33800 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان‌های مستقیم‌تری هستند. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۸۵)، *PLL23* با ژن‌های هم‌بیان At5g51470 و At4g13710 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۴۳) نشان می‌دهد ژن At5g51470 با عملکرد پروتئین GH3 پاسخ دهنده به اکسین که در تنظیم طول ریشه و هیپوکوتیل و در رشد ریشه جانبی نقش دارد (جاین و همکاران، ۲۰۰۶)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن *AT4G13210-PLL23*

At.number	MR	Function
At4g33800	8.5	
At5g51470	8.5	Auxin-responsive GH3 family protein
At5g42280	14.1	Cysteine/Histidine-rich C1 domain family protein
At4g13710	14.7	Pectin lyase-like superfamily protein

ژن *PLL24* (At3g24230) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲ تا ۹/۳ (جدول ۳-۲۷) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۳ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۸۶ و ۸۷). این ژن در بافت‌های ریشه، گرده، منطقه ریزش، کلاله، برچه، تخمدان، تخمک، گاسبرگ و بافت لیفی بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴۴) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At5g06070 در بافت‌های ریشه، گرده و بافت لیفی، ژن At3g13630 در بافت‌های گرده، تخمک، بافت لیفی و ریشه و ژن At3g57250 در بافت‌های پرچم، گرده، برچه و بافت لیفی بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۸۸ و جدول پیوست ۴۴). نتایج حاصل از بررسی جایگاه

بیان نشان می‌دهد ژن At3g57250 که به عنوان یک تنظیم کننده پروتئینی قادر به سرکوب رونویسی است و در تعمیر DNA فعالیت دارد احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۸۹)، PLL24 با ژن‌های هم‌بیان At5g06070 و At3g13630 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۴۵)، نشان می‌دهد ژن At5g06070 که در اتصالات یون روی و نوکلئوتید اسیدها دخالت دارد و در تنظیم رونویسی فعالیت می‌کند، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است (لو و همکاران، ۲۰۱۲).

جدول ۳-۲۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن At3g24230-PLL24

At.number	MR	Function
At5g06070	2	C2H2 and C2HC zinc fingers superfamily protein
At3g13630	9.2	-
At3g57250	9.3	Emsy N Terminus (ENT) domain-containing protein

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن *PLL25* (AT4G13710) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۳ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۸/۷ تا ۲۶/۳ (جدول ۳-۲۸) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۲، ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۹۰ و ۹۱). این در بافت‌های ریشه، کلاله و تخمدان بیان بیشتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴۶) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At2g03090 در بافت‌های ریشه و برچه، ژن At3g13210 در ریشه و ژن At5g66460 در بافت‌های ریشه، پرچم و برچه بیان بیشتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۹۲ و جدول پیوست ۴۶). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At2g03090 که فعالیت آن باعث اختلال در پیوندهای غیر کووالانسی بین میکروفیبریل‌های سلولز و ماتریکس گلوکان‌ها می‌شود و منجر به شل شدن و گسترش دیواره‌های سلول گیاهی می‌شود (شربان و همکاران، ۱۹۹۵) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. *PLL25* با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۹۳) با ژن‌های هم‌بیان At4g13210 و At5g66460 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس

موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۴۷) نشان می‌دهد که ژن At5g66460 با فعالیت گلیکوسیل هیدرولازی احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۸: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT4G13710-*PLL25*

At. number	MR	Function
At2g03090	8.7	expansin A15
At4g13210	14.7	pectin lyase like superfamily protein
At5g66460	26.3	glycosyl hydrolase superfamily protein

ژن **PLL26** (AT1G04680) با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه ATTED-II دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱/۴ تا ۸/۹ (جدول ۳-۲۹) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۳، ۴ و ۵ قرار دارند (شکل پیوست ۹۴ و ۹۵). این ژن در بافت‌های ریشه، منطقه ریزش، تخمدان و دمگل بیان بالاتر از ۷۰ درصد داشته است (شکل پیوست ۱ و جدول پیوست ۴۸) و بیان بالاتر از ۷۵ درصد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن در بافت‌های مختلف به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن At1g41830 در بافت ریشه، ژن At1g64390 در منطقه ریزش، گلبرگ و دمگل، ژن At1g67750 در بافت گل، ژن At4g22010 در بافت ریشه، ژن At5g11890 در ریشه، ژن At3g08030 در ریشه بیان بالاتر از ۷۵ درصد داشته‌اند (شکل پیوست ۹۶ و جدول پیوست ۴۸). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن At1g64390 با فعالیت گلیکوسیل هیدرولازی احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۹۷)، *PLL26* با ژن هم‌بیان At4g22010 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۴۹) نشان می‌دهد ژن At4g22010 که در گسترش دیواره سلولی نقش دارد و بر رشد جهت دار تاثیر می‌گذارد (سدبروک و همکاران، ۲۰۰۲)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۲۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن AT1G04680-*PLL26*

At.number	MR	Function
At1g41830	1.4	SKU5-similar 6
At1g64390	1.7	glycosyl hydrolase 9C2
At1g67750	3	Pectate lyase family protein
At4g22010	4	SKU5 similar 4
At5g11890	6.2	-
At3g08030	8.9	Protein of unknown function, DUF642

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

با توجه به نتایج بالا مشخص شد که ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس در بافت‌های ریشه (۱۳ ژن *PLL1*, *PLL12*, *PLL13*, *PLL16*, *PLL17*, *PLL19*, *PLL20*, *PLL21*, *PLL22*, *PLL23* و *PLL24*, *PLL25* و *PLL26*)، گرده (۷ ژن *PLL3*, *PLL6*, *PLL8*, *PLL9*, *PLL10*, *PLL11* و *PLL24*)، پرچم (۵ ژن *PLL7*, *PLL8*, *PLL9*, *PLL10* و *PLL11*)، منطقه ریزش (۵ ژن *PLL19*, *PLL20*, *PLL21*, *PLL24* و *PLL26*) و کلاله (۴ ژن *PLL20*, *PLL21*, *PLL24* و *PLL25*) به تعداد بیشتری دارای بیان بالاتر از 70 درصد می‌باشند. همچنین بررسی جایگاه‌های بیان در ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیازهای آرابیدوپسیس نشان داد که در بافت‌های گرده (۷۱ ژن)، پرچم (۵۹ ژن)، ریشه (۵۷ ژن)، گل (۱۰ ژن) و منطقه ریزش (۱۳ ژن) تعداد ژن‌های هم‌بیان بیشتری فعالیت دارند. ژن‌ها در کلاستر ۴ (*PLL8-11*)، ۵ (*PLL4-7*) و ۷ (*PLL1,2*) درصد یکسانی بالایی دارند. در کلاستر ۵، *PLL4* و *PLL5* بر روی کروموزوم ۴ و در یک جایگاه ژنی قرار گرفته‌اند.

*PLL8*, *PLL9* و *PLL11* (ژن‌های موجود در کلاستر ۴) دارای تعدادی ژن‌های هم‌بیان مشترک (*AT2g31500*, *At4g27580* و *At1g14420*) نیز می‌باشند و در اکثر ژن‌های هم‌بیان با آنها عملکرد مشابه دیده شده است. همچنین از آنجا که ژن‌های هم‌بیان مستقیم در *PLL8* و *PLL9* بر اساس داده‌های پایگاه ATTED-II بدست آمد، احتمالاً در آنالیز ژن‌های هم‌بیان با MR بالاتر در این دو پکتات‌لیاز ژن‌های هم‌بیان مشترک بیشتری شناسایی خواهد شد. همچنین بررسی عناصر سیس موجود در ۱۰۰۰ جفت باز توالی بالادست ژن‌های کلاستر ۴ نشان داد که *PLL8* و *PLL9* به هم و *PLL10* و *PLL11* به هم نزدیکتر هستند.

بررسی همزمان نتایج حاصل از آنالیز داده‌های پایگاه Genevestigator و پایگاه PlantCARE برای بدست آوردن ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی نشان داد که ژن‌های بدست آمده از پایگاه Genevestigator ژن‌هایی با رتبه همبستگی دوطرفه (MR) پایین‌تری هستند که به پایگاه ATTED-II نزدیکتر است و شبکه ژن‌های هم‌بیان ATTED را تایید می‌کند. همچنین در *PLL2* (At5g62930)، *PLL7* (At1g23240 و At3g10890)، *PLL9* (At1g14420)، *PLL15* (At4g13840)، *PLL19* (At1g64390) و *PLL22* (At2g47540)، نتایج Genevestigator و PlantCARE مشابه و نزدیک به پایگاه ATTED بوده است (جدول ۳-۳۲) و با توجه به اطلاعات بدست آمده از آنالیز نتایج ۳ پایگاه ATTED-II، Genevestigator و PlantCARE دو ژن *PLL19* و *PLL26* (At1g64390) و همچنین دو ژن *PLL20* و *PLL21* (At3g12710) دارای ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی مشابه هستند (جدول ۳-۳۰). بررسی عملکرد ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی نشان داد که اکثر ژن‌های هم‌بیان مستقیم شناسایی شده در مسیرهای گلیکوسیل هیدرولازها، پکتین متیل استرازها، پکتات‌لیازها و Expansin‌ها فعالیت دارند. این آنزیم‌ها همانند پکتات‌لیازها موجب تغییر دیواره سلولی در مراحل مختلف رشد و نمو می‌شوند.

### ۳-۲- شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج

در پایگاه Cell Wall Genomics، ۱۴ ژن پکتات‌لیاز برای گیاه برنج نام برده شده بود که با بررسی همزمان ۴ پایگاه اطلاعاتی برنج (CAZy، Cell Wall Genomics، Oryzabase و RiceFrend) ۸ ژن پکتات‌لیاز برای برنج بدست آمد (جدول ۳-۳۲)، که این تعداد ژن پکتات‌لیاز برای گیاه برنج توسط پلازا و همکاران (۲۰۰۷) و ژانگ و همکاران (۲۰۰۳)، تایید شده است. ژن‌های پکتات‌لیاز برنج تنها بر روی کروموزوم‌های ۲، ۴، ۵ و ۶ برنج قرار دارند (شکل ۳-۳). با توجه به نقشه کروموزومی برنج، ۴ ژن پکتات‌لیاز در کروموزوم ۶ (Os06g0144200-Os06g0144900 و Os06g0584000-Os06g0583900) تنها در دو جایگاه ژنی قرار گرفته‌اند.



جدول ۳-۳۰: ژن‌ها هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی با استفاده از اطلاعات پایگاه Genevestigator و PlantCARE در گیاه آرابیدوپسیس.

MR	ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر		MR	ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر		پکتات‌لیاز
	احتمالی بدست آمده از آنالیز داده‌های پایگاه PlantCARE			احتمالی بدست آمده از آنالیز داده‌های پایگاه Genevestigator		
2.8	At2g38010		9.4	At1g24625		PLL1
8.7	At3g54860		20.2	At5g62930		PLL2
20.2	At5g62930					
3.3	At3g02125		1	At1g09720		PLL3
			2	At2g07020		
			4.1	At1g18510		
			4.2	At5g01680		
			4.2	At1g29770		
			4.9	At2g31910		
			6.5	At5g22900		
			9.4	At1g01450		
6.5	At3g46340		11.1	At3g01730		PLL6
2	At1g23240		2	At5g61605		PLL7
10.2	At3g10890		2	At1g23240		
			2.8	At1g23590		
			3	At1g28430		
			3.2	At1g23600		
			4.4	At1g23690		
			10.2	At3g10890		
7.2	At4g27580		1.4	At2g02720		PLL8
7.9	At1g23350		2.5	At2g31500		
1.7	At1g14420		1.7	At1g14420		PLL9
			3	At1g11770		
			12.2	At2g33420		
			13.1	At3g16040		
			13.4	At1g19500		
5.5	At3g13400		8.7	At1g10770		PLL10
8.9	At5g62750		2.8	At3g20220		PLL11
3.5	At4g27970		7.5	At4g16400		PLL12
1.7	At4g28190		7.3	At1g27460		PLL13
1.7	At2g42580					
13.4	At1g32780		1.4	At1g63710		PLL14
2.5	At4g13840		2.5	At4g13840		PLL15
7.5	At4g02290		5	At1g04680		PLL16
1	At1g18250		3.6	At4g38660		PLL17
9.4	At3g51720					
2.5	At2g01610		1.7	At1g03820		PLL18
2.8	At1g64390		1	At2g28950		PLL19
			2.8	At1g64390		
2.8	At3g16850		2.5	At3g12710		PLL20
			2.6	At2g44740		
			2.8	At1g20190		
			5.5	At4g30410		
2.8	At3g12710		2	At3g12610		PLL21
7	At2g47540		7	At2g47540		PLL22
8.5	At5g51470		8.5	At4g33800		PLL23
2	At5g06070		9.3	At3g57250		PLL24
26.3	At5g66460		8.7	At2g03090		PLL25
4	At4g22010		1.7	At1g64390		PLL26

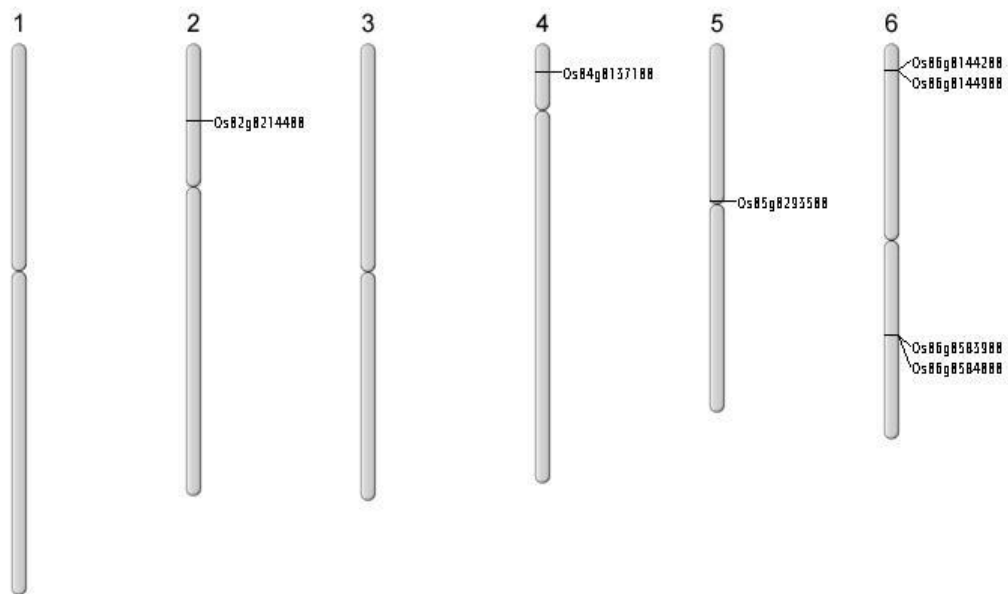
پایگاه اطلاعاتی RiceFRIEND برای ژن پکتات‌لیاز با شماره دسترسی Os06g0583900، دو شماره دسترسی LOC-Os06g38520 و LOC-Os06g38510 را در نظر گرفته و اطلاعاتی برای ژن پکتات‌لیاز با شماره دسترسی Os06g0584000 در این پایگاه وجود ندارد. همچنین با توجه به اینکه در پایگاه Oryzabase برای ژن Os06g0584000، شماره دسترسی LOC\_Os06g38520.1 ثبت شده است و با توجه به نزدیکی این دو ژن بر روی کروموزوم شماره ۶ برنج از بدست آوردن ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0584000، که اطلاعاتی از هم‌بیان‌های آن در پایگاه RiceFRIEND وجود ندارد، صرف نظر شده است. در بررسی درختچه رسم شده با استفاده از نرم‌افزار MEGA5 (شکل ۳-۴) ژن‌های پکتات‌لیاز در برنج در ۳ کلاس طبقه‌بندی شدند. در کلاستر یک ژن Os06g0145100 دارای درصد یکسانی ۱۰۰ درصد با ژن Os06g144200 (جدول پیوست ۵۰) است.

نتایج حاصل از آنالیز توالی پروموتوری ژن‌های برنج نشان داده است که در بین عناصر پاسخ‌دهنده به نور، عناصر 4 Box (ATTAAT)، Sp1 (GGGCGG) و TCCC-motif (TCTCCCT) به ترتیب دارای بیشترین تکرار هستند (جدول ۳-۳۱) و در بین عناصر پاسخ‌دهنده به هورمون، عناصر پاسخ‌دهنده متیل‌جاسمونات (MeJA) (TGACG/ CGTCA) و اکسین (TGA-element) (AACGAC) (جدول ۳-۳۲) و در بین عناصر سیس‌دیگر، MBS (CAACTG) و Skn-1-motif (GTCAT) دارای بیشترین تکرار هستند (جدول ۳-۳۳).

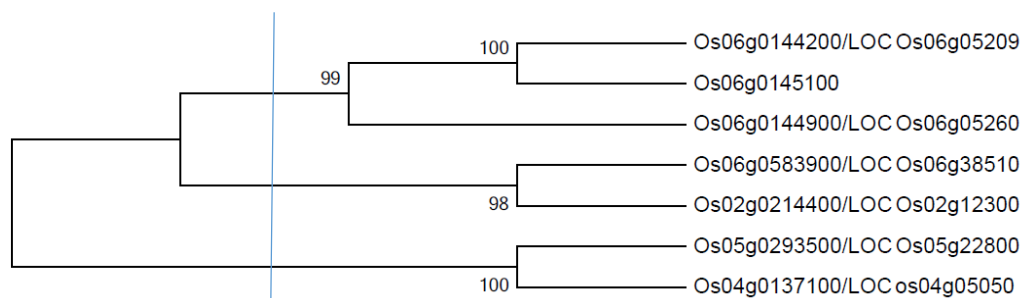
برای مقایسه توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز با ژن‌های هم‌بیان، ژن‌های هم‌بیانی که با ژن query در درختچه فیلوژنتیکی در یک خوشه قرار داشتند از نظر شباهت عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری مورد بررسی قرار گرفتند. در ادامه نتایج آنالیز ژن‌های هم‌بیان مستقیم با هریک از ژن‌های پکتات‌لیاز در برنج آورده شده است.

جدول ۳-۳۱: لیست ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج (*Oryza sativa*).

Protein name in Cell Wall Genomics	Protein name in RiceFrend/CAZy	GenBank	Locuse ID	Chromosome
Os04g05050.1 Os04g05050.2	Os04g0137100	CAD39411.1	LOC_ Os04g05050	Chr4:2480533..2485914 forward
Os06g38510.1	Os06g0583900 Os06g0584000	BAD68734.1 BAF19860.1	LOC_ Os06g38510 LOC_ Os06g38520	Chr6:22821117..22823478 forward
Os06g05209.1 Os06g05272.1	Os06g0144200	BAF18695.1	LOC_ Os06g05209 LOC_ Os06g05272	Chr6:2336429..2338189 reverse
Os02g12300.1	Os02g0214400	BAD25039.1	LOC_ Os02g12300	Chr2:6399355..6402186 reverse
Os05g22800.1	Os05g0293500	BAF17020.1	LOC_ Os05g22800	Chr5:12933093..12938368 reverse
Os06g05260.1	Os06g0144900 Os06g0145100	BAD68407.1 BAF18700.1	LOC_ Os06g05260	Chr6:2372992..2374946 forward



شکل ۳-۳: نقشه کروموزومی ژن‌های پکتات‌لیاز در برنج. [www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/](http://www.shigen.nig.ac.jp/rice/oryzabase/)



شکل ۳-۴: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های پکتات‌لیاز برنج و مقایسه آنها با یکدیگر. درختچه فیلوژنی با نرم افزار مگا، روش اتصال مجاور و آنالیز Bootstrap با تکرار ۱۰۰۰ رسم شد. ۷ ژن پکتات‌لیاز برنج در ۳ خوشه قرار

جدول ۳-۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به نور و تعداد آنها در هر یک از توالی‌های پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز گیاه برنج

Gene	No.	Light response associated cis-element
Os02g0214400 LOC_ Os02g12300 Os06g0583900	8	Box 4, Box I, G-box, TCCC-motif, TCT-motif, chs-CMA2a
LOC_ Os06g38510 LOC_ Os06g38520 Os06g0144200	6	ATCT-motif, Box 4, TCT- motif, SP1, TCCC-motif
LOC_ Os06g05209 LOC_ Os06g05272 Os06g144900	4	ACF, Box 4, SP1, as-z-box
LOC_ Os06g05260 Os04g137100	4	Box 4, as-z-box
LOC_ Os04g05050 Os05g0293500	5	Box 4, GT1-motif, Sp1, TCCC-motif
LOC_ Os05g22800	11	5 UTR Ry rich stretch, Box 4, G-Box, GATA-motif, CATT-motif, G-box, I-box, Sp1

جدول ۳-۳۳: عناصر سیس پاسخ دهنده به هورمون و تعداد آنها در هر یک از توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در برنج

Gene	hormonal regulation associated cis- element							
	TGACG/ CGTCA	TGA- element	ABRE IIb	GARE P-box	ARE	ERE	HSE	TCA SARE
Os02g0214400 LOC_Os02g12300	1							
Os06g0583900 LOC_Os06g38510 LOC_Os06g38520 Os06g0144200 LOC_Os06g05209 LOC_Os06g05272	2							
Os06g144900 LOC_Os06g05260		1			1		1	
Os04g137100 LOC_Os04g05050		1						
Os05g0293500 LOC_Os05g22800	3		1					
<b>Duplication number</b>	6	2	1	0	1	0	1	0

\* : تعداد تکرار عناصر سیس پاسخ‌دهنده به هورمون در ژن‌های پکتات‌لیاز برنج

جدول ۳-۳۴: عناصر سیس دیگر و تعداد آنها در هر یک از توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های پکتات‌لیاز موجود در برنج

Gene	NO.	Other regulation cis-element
Os02g0214400 LOC_Os02g12300	1	MBS
Os06g0583900 LOC_Os06g38510 LOC_Os06g38520 Os06g0144200	2	MBS, Tc-reach repeat
LOC_Os06g05209 LOC_Os06g05272 Os06g144900	4	MBS, Skn-1-motif, RY-element
LOC_Os06g05260 Os04g137100	4	Skn-1-motif, MBS
LOC_Os04g05050 Os05g0293500	3	O2-site, Skn-1-motif, Tc-reach repeat
LOC_Os05g22800	1	Skn-1-motif

ژن **Os04g137100/LOC\_Os04g05050** با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND دارای ۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲/۴۴ تا ۴/۸۹ (جدول ۳-۳۵) که بر روی کروموزوم ۱، ۴ و ۱۰ قرار گرفته‌اند (شکل پیوست ۹۹ و ۱۰۰). این ژن در گل آذین، خوشه، سنبلچه، مادگی، تخمدان و ریشه بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۵۱) و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن به ترتیب به صورت زیر می‌باشد.

ژن **Os01g0663300** در بافت‌های سنبلچه و کلاله، ژن **Os10g0556100** در ریشه، گل آذین، خوشه، پرچم و گندمه و ژن **Os01g0140100** در بافت‌های سنبلچه و گندمه بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند. نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان می‌دهد ژن **Os10g0556100** با عملکرد beta-expansin EXPB4 که در بزرگ شدن سلول و فرآیندهایی که موجب سست شدن دیواره سلولی می‌شود فعالیت دارد (وو و همکاران، ۲۰۰۱)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است (شکل پیوست ۱۰۱ و جدول پیوست ۵۱). با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۱۰۲)، **Os04g137100** با ژن‌های هم‌بیان **Os01g0663300** و **Os01g0140100** در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۵۲) نشان می‌دهد ژن **Os01g0663300** که در تخریب دیواره سلولی در طول رسیدگی میوه دخالت دارد، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است (اسکرودر و همکاران، ۲۰۰۶).

جدول ۳-۳۵: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن **Os04g137100/LOC\_Os04g05050**

Os.number	Locus number	MR	Function
Os01g0663300	LOC_Os01g47400	2.44	Similar to (1-4)-beta-mannan endohydrolase-like protein.
Os10g0556100	LOC_Os10g40730	3.16	beta-expansin EXPB4 [ <i>Oryza sativa</i> (japonica cultivar-group)].
Os04g0407900	LOC_Os04g33370	4.47	Similar to Cytochrom P450-like protein.
Os01g0140100	LOC_Os01g04710	4.89	Peptidase A1, pepsin family protein.

ژن **Os06g0583900/LOC\_Os06g38510** با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFrend دارای ۲ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۲۹/۶۳ و ۴۷/۹۶ (جدول ۳-۳۶) می‌باشد

که بر روی کروموزوم‌های ۴ و ۲ قرار گرفته‌اند (شکل پیوست ۱۰۳ و ۱۰۴). این ژن در بافت‌های گلچه و گرده بیان بالای ۷۰ درصد دارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۵۳) و ژن‌های هم بیان به ترتیب به صورت زیر می‌باشند.

ژن Os04g0500400 در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۵ درصد ندارد. ژن Os02g0172600 در بافت گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارد. نتایج نشان می‌دهد که از بین ژن‌های هم‌بیان‌ها ژن Os02g0172600 که به عنوان Copper-transporting ATPase RAN1 عمل می‌کند (هیرایاما و همکاران، ۱۹۹۹) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است (شکل پیوست ۱۰۵ و جدول پیوست ۵۳). با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۱۰۶) با ژن هم‌بیان Os04g0500400 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۵۴) نشان می‌دهد که ژن Os04g0500400 به عنوان Hydroxyproline-rich glycoprotein عمل می‌کند و در پاسخ‌های دفاعی و پاسخ به زخمی شدن فعال است. احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است (اندر و همکاران، ۱۹۹۹).

جدول ۳-۳۶: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن Os06g0583900/LOC\_Os06g38510

Os.number	Locus number	MR	Function
Os04g0500400	LOC_Os04g42220	29.63	Similar to Hydroxyproline-rich glycoprotein DZ-HRGP precursor.
Os02g0172600	LOC_Os02g07630	47.96	Similar to Copper-transporting ATPase RAN1 (EC 3.6.3.4) (Responsive-to-antagonist 1).

ژن Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800 بر روی کروموزوم ۶ (Chr6:2336429..2338189 reverse) قرار دارد و با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFrend دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۳/۷۴ تا ۷ (جدول ۳-۳۷)، می‌باشد که بر روی کروموزوم ۵، ۶، ۷ و ۹ جای دارند (شکل پیوست ۱۰۷ و ۱۰۸). این ژن در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۰ درصد ندارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۵۵). و ژن‌های هم‌بیان با آن به ترتیب به صورت زیر می‌باشند.

ژن Os06g0143800 در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۵ درصد ندارد، ژن Os06g0548800 در سلول اسپرم و گرده و ژن‌های Os09g0339200 و Os05g0149100 در بافت گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند (شکل پیوست ۱۰۹ و جدول پیوست ۵۵). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان داد ژن Os06g0548800 که در دفاع در برابر حمله میکروبی فعالیت دارد (کارتر و تورنرگ، ۲۰۰۴) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

و با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۱۱۰)، با ژن‌های هم‌بیان Os07g0238500 و Os06g0548800 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۵۶) نشان می‌دهد ژن Os06g0548800 که در دفاع در برابر حمله میکروبی فعالیت می‌کند (کارتر و تورنرگ، ۲۰۰۴) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۳۷: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800

Os.number	Locus number	MR	Function
os06g0143800		3.74	Non-protein coding transcript, unclassifiable transcript.
os09g0339200	LOC_Os09g16970	4.58	Hypothetical protein.
os05g0149100	LOC_Os05g05650	5.62	C2 calcium/lipid-binding region, CaLB domain containing protein.
os07g0238500	LOC_Os07g13440	6.48	Conserved hypothetical protein.
os06g0548800	LOC_Os06g35590	7	Similar to Nectarin 5 (Fragment).

ژن Os02g0214400/LOC\_Os02g12300 با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFrend دارای ۴ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱۱/۷۴ تا ۱۸/۸۶ (جدول ۳-۳۸) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۲ قرار گرفته است (شکل پیوست ۱۱۱ و ۱۱۲). این ژن در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۰ درصد ندارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۵۷) و ژن‌های هم‌بیان با آن به ترتیب به صورت زیر می‌باشند.

ژن Os02g0440900 در گرده و سلول اسپرم، ژن Os02g0832000 و Os02g0198800 در گرده و ژن Os02g0529500 در بافت گلچه بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند (شکل پیوست ۱۱۳ و جدول پیوست ۵۷). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان داد ژن Os02g0198800 با عملکرد



ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است و با توجه به درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری رسم شده این ژن یک کلاستر جدا (شکل پیوست ۱۱۴) تشکیل می‌دهد و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۵۸) نشان می‌دهد که ژن Os02g0198800 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۳۸: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن Os02g0214400/LOC\_Os02g12300

Os.number	Locus number	MR	Function
os02g0440900	LOC_Os02g24430	11.74	Phosphatidylinositol transfer protein-like, N-terminal domain containing protein.
os02g0832000	LOC_Os02g58520	34.14	Similar to Calmodulin-like-domain protein kinase CPK2.
Os02g0198800	LOC_Os02g10530	17.23	-
Os02g0529500	LOC_Os02g32740	18.86	Similar to SNAP25-like protein C (Fragment).

- نقش ژن‌ها تعیین نشده است.

ژن **Os05g0293500/LOC\_Os05g22800** با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۱۱ تا ۱۴/۲۸ (جدول ۳-۳۹) می‌باشد که بر روی کروموزوم ۱، ۲، ۵، ۸ و ۹ قرار گرفته است (شکل پیوست ۱۱۵ و ۱۱۶). این ژن در بافت گرده بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۵۹) و ژن‌های هم‌بیان با آن به ترتیب به صورت زیر می‌باشند.

ژن Os05g0141000، Os08g0427000 و Os02g0583300 در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۵ درصد ندارند. ژن Os09g0398300 در بافت گرده، ژن Os01g0152600 در بافت سنبلیچه و ژن Os08g0235600 در سلول اسپرم، ریشه، خوشه، سنبلیچه، پرچم و گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند (شکل پیوست ۱۱۷ و جدول پیوست ۵۹). نتایج حاصل از بررسی جایگاه بیان نشان داد ژن Os09g0398300 که بعنوان یک پروتئین فرضی با عملکرد ناشناخته فعالیت می‌کند (گالپرین، ۲۰۰۱ و گالپرین و کونین، ۲۰۰۴) احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

و با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۱۱۸) رسم شده Os05g0293500 با ژن‌های هم‌بیان Os01g0152600 و Os08g0235600 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی

عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۶۰) نشان می‌دهد ژن Os08g0235600 با عملکرد مقاومت در برابر عوامل بیماریزا (زو و همکاران، ۲۰۱۱)، احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است.

جدول ۳-۳۹: لیست ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن Os05g0293500/LOC\_Os05g22800

Os.number	Locus number	MR	Function
os01g0152600	LOC_Os01g05940	11	Serine/threonine protein kinase domain containing protein.
os08g0235600	LOC_Os08g13800	11.6	Disease resistance protein family protein.
os09g0398300	LOC_Os09g23399	11.8	Conserved hypothetical protein
os05g0141000	LOC_Os05g04890	12.7	Conserved hypothetical protein.
os02g0583300	LOC_Os02g37220	13.3	En/Spm-like transposon proteins family protein.
os08g0427000		14.28	Non-protein coding transcript, unclassifiable transcript.

ژن **Os06g0144900/LOC\_Os06g05260** با توجه به شبکه هم‌بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND دارای ۶ ژن هم‌بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۸/۳۶ تا ۱۴/۸ (جدول ۳-۴۰) می‌باشد که بر روی کروموزوم‌های ۱، ۳، ۵، ۹ و ۱۱ قرار گرفته است (شکل پیوست ۱۱۹ و ۱۲۱). این ژن در بافت گرده و گلچه بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارد (شکل پیوست ۹۸ و جدول پیوست ۶۱) و ژن‌های هم‌بیان با آن به ترتیب به صورت زیر می‌باشند.

ژن Os02g0255400 در بافت گرده و گلچه، ژن Os03g0122400 در سلول اسپرم، گرده، مادگی، کلاله و تخمدان، ژن Os05g0297000 در سلول اسپرم و گرده، ژن Os09g0405300 در سلول اسپرم، گلچه، پرچم و کلاله، ژن Os11g0500100 در سلول اسپرم، گل‌آذین، پرچم، گرده و گندمه و ژن Os01g0620400 در سلول اسپرم، پرچم و گرده بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند (شکل پیوست ۱۲۱ و جدول پیوست ۶۱). نتایج نشان می‌دهد که از بین ژن‌های هم‌بیان ژن Os02g0255400 با عملکرد ناشناخته احتمالاً هم‌بیان مستقیم‌تری است. ژن Os06g0144900 با توجه به درختچه فیلوژنتیکی (شکل پیوست ۱۲۲) با ژن‌های هم‌بیان Os05g0297000 و Os11g0500100 در یک خوشه قرار گرفته است و نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (جدول پیوست ۶۲) نشان می‌دهد ژن Os11g0500100 که بعنوان یک پروتئین فرضی با

عملکرد ناشناخته فعالیت می کند (گالپرین، ۲۰۰۱ و گالپرین و کونین، ۲۰۰۴) احتمالاً هم بیان مستقیم تری است.

جدول ۳-۴۰: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن Os06g0144900/LOC\_Os06g05260

Os.number	Locus number	MR	Function
os02g0255400	LOC_Os02g15630	8.36	-
Os05g0297000	LOC_Os05g23200	10.86	Hypothetical protein.
Os11g0500100	LOC_Os01g43274	11.66	Hypothetical protein.
Os01g0620400	LOC_Os11g30590	12.36	-
Os03g0122400	LOC_Os03g03050	13.55	Conserved hypothetical protein.
Os09g0405300	LOC_Os09g24008	14.8	Conserved hypothetical protein.
	LOC_Os09g24020		
	LOC_Os09g24038		

- نقش ژن ها تعیین نشده است.

ژن **Os06g145100** با توجه به شبکه هم بیانی بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND دارای ۲ ژن هم بیان مستقیم با رتبه دو طرفه ۸/۲۴ و ۹/۷۸ (جدول ۳-۴۱) می باشد که بر روی کروموزوم ۱ و ۲ جای دارند (شکل پیوست ۱۲۳ و ۱۲۴). برای این ژن لوکوس آیدی یافت نشد بنابراین اطلاعاتی از آن در پایگاه Phytozome, Genevestigator و PlantCARE وجود ندارد. نتایج حاصل از بررسی ژن های هم بیان مستقیم با Os06g145100 در پایگاه Genevestigator به صورت زیر می باشد.

ژن Os02g0150200 در سلول اسپرم و گرده بیان بالای ۷۵ درصد دارد و ژن Os01g0675000 در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۵ درصد ندارد (شکل پیوست ۱۲۴ و جدول پیوست ۴۳).

جدول ۳-۴۱: لیست ژن های هم بیان مستقیم با ژن Os06g145100

Os.number	Locus number	MR	Function
os02g0150200	LOC_Os02g05670	8.24	Hypothetical protein.
os01g0675000	LOC_Os01g48410	9.78	-

- نقش ژن ها تعیین نشده است.

با توجه به نتایج بالا مشخص شد که در برنج در بافت های گرده (Os06g0583900)، Os06g0144900 و Os05g0293500 و گلچه (Os06g0583900، Os06g0144900) تعداد ژن های پکتات لیاز بیشتری بیان بالای 70 درصد دارند. همچنین با بررسی جایگاه های بیان در ژن های هم بیان مشخص شد که در بافت های گرده (۱۲ ژن)، اسپرم (۷ ژن)، پرچم (۵ ژن) و سنبلچه (۴ ژن) تعداد

ژن‌های هم‌بیان بیشتری بیان بالای ۷۵ درصد دارند. همچنین بررسی هم‌زمان نتایج حاصل از آنالیز داده‌های پایگاه Genevestigator و پایگاه PlantCARE برای بدست آوردن ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی نشان داد که ژن‌های بدست آمده از هر دو پایگاه، ژن‌هایی با رتبه همبستگی دوجانبه پایین هستند که شبکه ژن‌های هم‌بیان بدست آمده از ATTED را تایید می‌کنند (جدول ۳-۴۲).

جدول ۳-۴۲: ژن‌ها هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی با استفاده از اطلاعات پایگاه Genevestigator و PlantCARE در گیاه برنج.

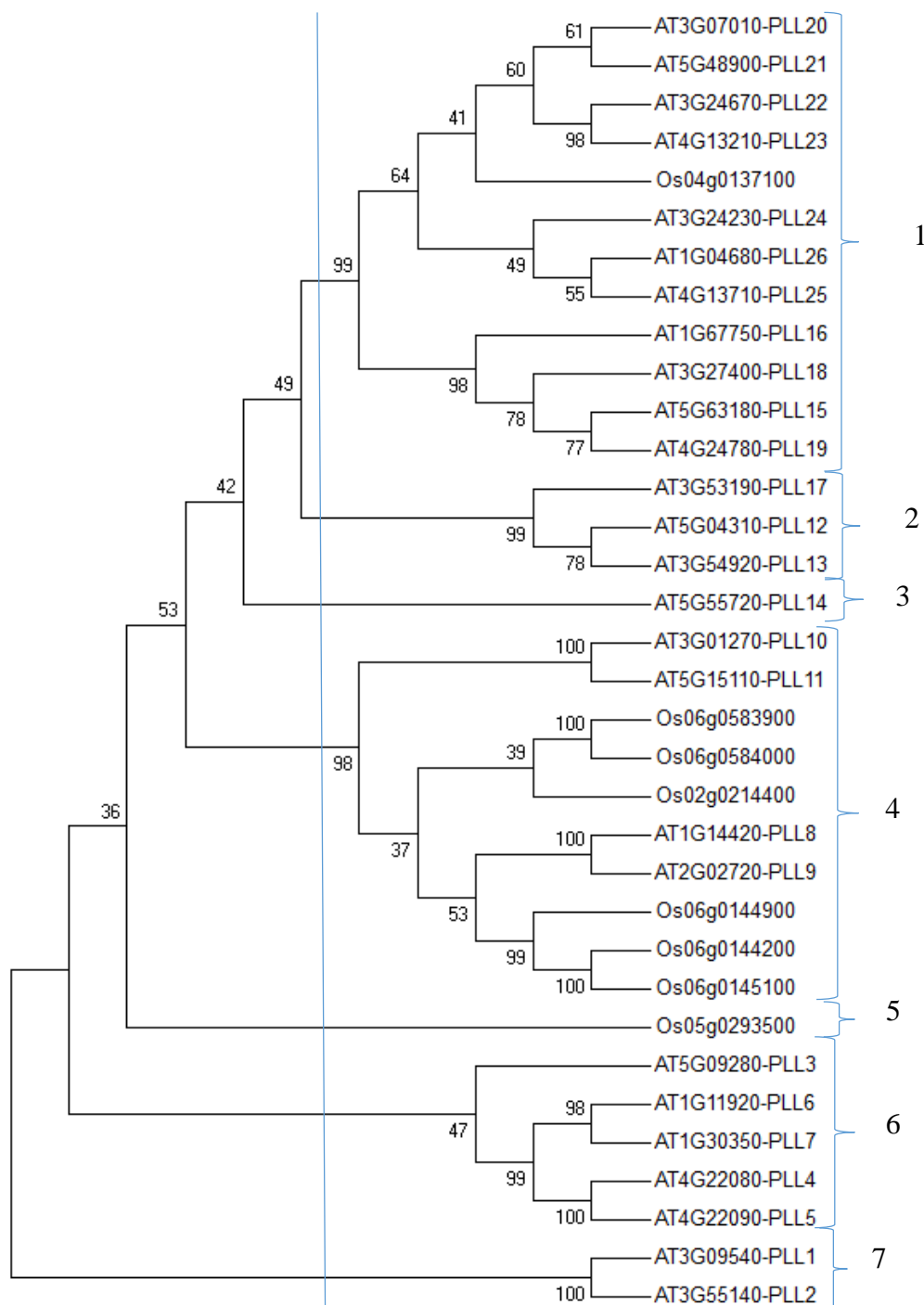
MR	ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی بدست آمده از آنالیز داده‌های پایگاه PlantCARE	MR	ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی بدست آمده از آنالیز داده‌های پایگاه Genevestigator	پکتات‌لیاز
2.4	Os01g0663300	3.4	Os10g0556100	Os04g0137100
29.63	Os04g0500400	47.96	Os02g0172600	Os06g0583900
7	Os06g0548800	7	Os06g0548800	Os06g0144200
17.23	Os02g0198800	17.23	Os02g0198800	Os02g0214400
11.6	Os08g0235600	11.8	Os09g0398300	Os05g0293500
11.66	Os11g0500100	8.36	os02g0255400	Os06g0144900

### ۳-۳- مقایسه پکتات‌لیازهای آرابیدوپسیس و برنج

با رسم درختچه فیلوژنتیکی برای ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس و برنج مشخص شد که ژن‌ها در ۷ خوشه ژنی قرار می‌گیرند که شش ژن برنج (Os06g0144200، Os06g0583900)، Os02g0214400، Os06g0144900، Os05g0145100 و Os06g0584000) با ژن‌های *PLL1* و *PLL2* آرابیدوپسیس در یک خوشه (خوشه ۶) حضور دارند و ژن Os04g137100 در برنج با ژن‌های پکتات‌لیاز ۲۰، ۲۱، ۲۲، ۲۳، ۲۴، ۲۵ و ۲۶ آرابیدوپسیس در یک کلاستر قرار گرفته‌است (شکل ۳-۵). با توجه به این نتایج ژن‌های *PLL1*، *PLL2*، *PLL3*، *PLL4*، *PLL5*، *PLL6*، *PLL7* و *PLL10*، *PLL11*، *PLL12*، *PLL13*، *PLL14*، *PLL15*، *PLL16*، *PLL17*، *PLL18* و *PLL19* در آرابیدوپسیس احتمالاً همولوگ‌های جدیدتری از نظر تکاملی هستند.

نتایج بررسی عملکرد ژن‌های هم‌بیان مستقیم با پکتات‌لیاز در هر دو گیاه نشان داد که اکثر ژن‌های هم‌بیان مستقیم در آرابیدوپسیس دارای عملکردی مشخص هستند (گلیکوسیل هیدرولازها،

پکتین متیل استرازاها، Expansinها و پکتات‌لیازها) هستند اما در برنج اکثر هم‌بیان‌های مستقیم‌تر احتمالی فعالیتی ناشناخته دارند. آنالیز میزان بیان در بافت‌های مختلف نشان داد که ژن‌های پکتات‌لیاز در هر دو دسته از گیاهان در بافت گرده بیان بالا و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آنها در هر دو گیاه در بافت‌های گرده و پرچم بیان بالایی دارند. آنالیز عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری (۱۰۰۰ جفت باز بالادست) در این گیاهان نشان داد که در تمامی ژن‌های پکتات‌لیاز در هر دو گیاه عناصر پاسخ دهنده به نور سهم بیشتری دارند و در بین عناصر پاسخ دهنده به هورمون فراوانی عنصر سیس پاسخ‌دهنده به متیل‌جاسمونات و اکسین در توالی پکتات‌لیاز گیاهان آرابیدوپسیس و برنج بیشتر است.



شکل ۳-۵: درختچه فیلوژنی برای ژن‌های مختلف پکتات‌لیاز و برنج و مقایسه آنها با یکدیگر. درختچه فیلوژنی با نرم افزار مگا، روش اتصال مجاور و آنالیز Bootstrap با تکرار ۱۰۰۰ رسم شد. ۲۶ ژن پکتات‌لیاز در آرآبیدوپسیس و ۸ ژن پکتات‌لیاز در برنج در ۷ خوشه قرار گرفته‌اند.



فصل چهارم  
بحث و پیشنهادات



با پیشرفت دانش و تجهیزات در علوم زیست‌شناسی به ویژه علوم سلولی و مولکولی با افزایش حجم عظیم داده‌های استخراج شده از سلول‌ها و موجودات مواجه هستیم. افزایش این حجم از داده‌ها و به سبب آن نیاز به ذخیره، بازیابی و تحلیل مناسب این داده‌ها، موجب پیدایش علم بیوانفورماتیک گردید. این دانش نوظهور، به عنوان یک دانش بین رشته‌ای، تلاش می‌کند تا با استفاده از تکنیک‌های موجود در علوم کامپیوتر، ریاضیات، شیمی، فیزیک و علوم مرتبط دیگر، مسایل مختلف زیست‌شناختی را که معمولاً در سطح مولکولی هستند حل کند. تلاش‌های پژوهشی اصلی در این رشته تطابق توالی، کشف ژن، گردآوری ژنوم، تنظیم ساختار پروتئینی، پیش‌بینی ساختارهای دوم و سوم پروتئین، پیش‌بینی بیان ژن و تعاملات پروتئین-پروتئین و مدل‌سازی تکامل است (چرکاسو، ۲۰۰۵).

ژن‌های پکتات‌لیاز گیاهی (*Pectate Lyase-Like (PLL)*) پروتئین‌هایی را کدگذاری می‌کنند که همسانی قوی با ایزوفرم *PelC* (پکتات‌لیاز باکتریایی) دارند (وینگ و یاماگوچی، ۱۹۹۰ و مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۲) و این ژن‌ها در بسیاری از خانواده‌های گیاهی حضور دارند (هنریسات و همکاران، ۲۰۰۱). آنزیم پکتات‌لیاز نقش زیادی در فرآیند تخریب سلول و نرم شدگی بافت میوه دارد. تحقیقات نشان داده‌اند که آنزیم پکتات‌لیاز تاثیر قابل توجهی در مرحله ترش-شیرین میوه انگور با تخریب دیواره سلولی و به دنبال آن نرم شدن حبه انگور دارد. که این مسئله موجب کاهش عمر نگهداری و ماندگاری میوه و افزایش فسادپذیری میوه می‌شود، بنابراین با کاهش فعالیت آنزیم پکتات‌لیاز به طور مستقیم و غیر مستقیم می‌توان میزان ماندگاری میوه را افزایش داد. این تغییرات در دیواره سلولی در بسیاری از میوه‌های رسیده مشترک است (رز و بنت، ۱۹۹۹). پکتات‌لیازها از آنزیم‌هایی هستند که ممکن است به تخریب پکتین در هنگام رسیدگی کمک کنند (دومینگوس و همکاران، ۱۹۹۷). در میوه‌های مختلف پکتات‌لیازهایی شناسایی شده‌اند که الگوهای بیانشان در هنگام رسیدگی افزایش می‌یابد (دومینگوس و همکاران، ۱۹۹۷؛ مدینا و همکاران، ۱۹۹۷ و نانان و همکاران، ۲۰۰۱). همچنین این آنزیم در فرآیندهای صنعتی مختلفی همچون صنایع نساجی، فرآوری الیاف گیاهی، قهوه، چای، استخراج روغن و ... به کار رفته است. به علاوه گزارشاتی نیز از کاربرد آنها در

خالص‌سازی ویروس‌ها (جایانی و همکاران، ۲۰۰۵) و تولید کاغذ (باجپای، ۱۹۹۹) وجود دارد. بدین ترتیب مشاهده شد که پکتات‌لیازها اهمیت ویژه‌ای در صنعت و کشاورزی دارند و در برخی موارد محتاج تولید بیشتر در مواردی نیز لازم است که با کاهش تولید همراه باشند.

در این پروژه با هدف مطالعه بیوانفورماتیکی و شناسایی ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن‌های هم‌بیان با آنها در گیاه آرابیدوپسیس و برنج، ۲۶ ژن پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس و ۸ ژن در برنج (*Oryza sativa*) شناسایی شد که ممکن است به علت دوبرابردگی ژنی ایجاد شده باشند (ژانگ، ۲۰۰۳). در دولپه‌ای‌ها تعداد تقریباً برابر با آرابیدوپسیس یافت شده است اما تعداد کم در برنج تعجب آور است. کاهش توالی برنج ممکن است به علت انواع گوناگون اجزای پلی‌ساکارید و معماری دیواره سلولی گراس‌ها باشد. ساختار شیمیایی دیواره‌های سلول اولیه گراس‌ها با دولپه‌ای‌ها متفاوت است و دیواره سلولی گراس در مقایسه با دیواره سلولی دولپه‌ای‌ها از نظر پکتین فقیرتر هستند (کارپیتا، ۱۹۹۶) و لیگنین بیشتری دارند (لی‌یاما و همکاران، ۱۹۹۳). در آرابیدوپسیس فراوانی ژن‌های پکتات‌لیاز به ترتیب بر روی کروموزوم ۳ (۹ ژن)، کروموزوم ۵ (۶ ژن)، کروموزوم ۴ (۵ ژن)، کروموزوم ۱ (۵ ژن) و کروموزوم ۲ (یک ژن) می‌باشد و در برنج بر روی کروموزوم ۶ فراوانی ژن‌های پکتات‌لیاز (۴ ژن) بیشتر است.

فعالیت پروموتور *PLL* در انواع سلول‌های برنامه‌ریزی شده برای ریزش و بیشتر در مناطق ریزش بافت گل، مناطق باز شدن میوه و منطقه ریزش دانه رایج است (سان و نوکر، ۲۰۱۰). فعالیت *PLL* همچنین در مناطقی مانند لایه‌های سلولی در منطقه شروع ظهور ریشه‌های جانبی دیده شد. انتظار می‌رود فعالیت پکتات‌لیازها عمل هماهنگی با فعالیت‌های بازسازی دیواره سلولی در شرایط جداسازی سلول داشته باشد. همچنین فعالیت محدودتری از پروموتور پکتات‌لیاز در پایه ساقه گل و میوه دیده شد (تنویک و همکاران، ۲۰۰۶). بسیاری از فعالیت‌های پروموتور ژن‌های *PLL* در مواردی که به طور مستقیم در ارتباط با جداسدن سلول هستند (مناطق ریزش بافت گلپوش، محل‌های ظهور ریشه جانبی، مناطق باز شدن میوه، منطقه ریزش دانه، دانه جوانه زده) و مواردی که امکان دارد فعالیت

محدود به بازسازی دیواره سلولی (نمو دانه‌ها و گرده) باشد در ظاهر مشابه ژن‌های پلی‌گالاکتوروناز<sup>۱</sup> است (گونزالز کارادزا و همکاران، ۲۰۰۷). این بدین معنی است که ارتباط عملی نزدیکی بین *PLL*ها و *PG*ها وجود دارد که انتظار می‌رود هر دو پکتین را مورد هدف قرار می‌دهند. خانواده ژن *PLL* یکی از بزرگترین و پیچیده‌ترین خانواده‌های ژنی در آرابتیدوپسیس هستند و نشان می‌دهد پتانسیل بالایی برای تخصصی شدن زمانی و مکانی ژن‌ها وجود دارد. با این حال تداخل فعالیت در میان پروموتورهای پکتات‌لیاز یافت شده است (گونزالز کارادزا و همکاران، ۲۰۰۷).

#### ۴-۱- بحث پیرامون آنالیز فیلوژنتیک

در آنالیز فیلوژنتیکی مشخص شد که توالی پروتئینی ژن‌های آرابتیدوپسیس در ۷ زیرخانواده تقسیم می‌شوند. این محتوی ژنومی و سازماندهی فیلوژنتیکی مشابه گزارشات قبلی برای *PLL*های چندین گونه گیاهی از جمله آرابتیدوپسیس است ( فوتامورا و همکاران، ۲۰۰۲ و پلاسا و همکاران، ۲۰۰۷). در تمامی *PLL*های آرابتیدوپسیس منطقه‌ای با توالی همسان با پکتات‌لیاز *C* (*pelC*) موجود در *Erwinia chrysanthemi* وجود دارد که به عنوان دماین *Pec\_lyase\_C* (Pfam0054) نامگذاری شده است و همچنین در چهار پکتات‌لیاز (*PLL8-11*) منطقه‌ای با توالی یکسان که ساختار و عملکردشان مشخص نیست به نام دماین *Pec\_lyase\_N* (Pfam04431) وجود دارد. در *PMR6* (*POWDERY MILDEW RESISTANCE 6* یا *PLL13*) جایگاه لنگر *carboxyl-terminal* *glycosyl- phosphatidylinositol* (GPI) شناسایی شده است که در *PLL*های دیگر وجود ندارد. این نشان می‌دهد که *PMR6* عملکرد بخصوصی در ارتباط با حساسیت به بیماری کپک پودری دارد (وگل و همکاران، ۲۰۰۲).

نتایج حاصل از درصد یکسانی و درختچه فیلوژنتیکی در برنج نشان داد که ژن‌های *Os06g144200* و *Os06g0145100* در کلاستر یک مشابه یکدیگر هستند. با توجه به اینکه برای

---

1 - Polygalacturonase

شماره دسترسی Os06g0145100 در پایگاه‌های مختلف برنج اطلاعاتی وجود ندارد احتمالاً این دو ژن همولوگ‌های یکسانی هستند و می‌توان ژن Os06g0145100 را از لیست ژن‌های پکتات‌لیاز در برنج حذف کرد.

#### ۴-۲- بحث پیرامون عملکرد ژن‌های پکتات‌لیاز

پکتات‌لیازها (EC 4.2.2.2) یا Pectate transeliminase ها پکتین داستری شده را که بخش بزرگی از دیواره سلولی اولیه در گیاهان عالی است توسط برش حذفی کاتالیز می‌کنند (کارپیتا و گیبوت، ۱۹۹۳). پکتات‌لیازها پیوندهای  $\alpha$ -1,4-گلیکوسیدی در پلی‌گالاکترونیک اسید را با واکنش حذف  $\beta$  می‌شکنند و پیوندهای اشباع نشده  $\Delta$ 4,5 در انتها کاهش یافته پلی‌ساکاریدها تولید می‌کنند و الیگولاکترونهاشباع شده ۴، ۵ ایجاد می‌کنند (دابی و همکاران، ۲۰۱۰).

نتایج حاصل از بررسی عملکرد ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیازهای نشان داد که اکثر ژن‌های هم‌بیان در برنج پروتئین‌هایی با عملکرد ناشناخته هستند در صورتی که ژن‌های هم‌بیان در آرابیدوپسیس دارای عملکرد شناخته شده و اکثراً عملکرد گلیکوسیل هیدرولازی (موجب هیدرولیز گلیکوزید در قندهای پیچیده می‌شوند. این آنزیم‌ها در تخریب مواد گیاهی مثلاً سلولاز برای تخریب سلولز به گلوکز، استفاده می‌شوند)، عملکرد پکتین متیل استرازی<sup>۱</sup> (PME) (این آنزیم در دیواره سلول‌های گیاهی وجود دارد و پکتین داستری را کاتالیز می‌کند)، عملکرد Expansin (این آنزیم‌ها نقش‌های مهمی در رشد سلول گیاه، رسیدگی میوه، ریزش، ظهور ریشه جانبی، خروج لوله گرده از کلاله و فرآیندهای نموی دیگر که در آن شل شدن دیواره سلولی اتفاق می‌افتد (کاسگرو، ۲۰۰۰)، را دارند) و ژن‌هایی با عملکرد پکتات‌لیازی هستند. این نتایج نشان می‌دهد که ژن‌های هم‌بیان مستقیم‌تر احتمالی شناسایی شده به مسیر عملکرد پکتات‌لیاز کمک کرده موجب تجزیه دیواره سلولی و در تخریب دیواره سلولی نقش دارند.

---

1 - Pectin methylesterase

#### ۴-۳- بحث پیرامون جایگاه بیان ژن‌های پکتات‌لیاز

ژن‌های *PLL* در پاسخ به هورمون‌های مختلف گیاهی (ابوت و بوراستون، ۲۰۰۷)، تنش‌های محیطی (آلکوتا و همکاران، ۱۹۹۸) و عفونت عوامل بیماری‌زا (برنزمیر و همکاران، ۲۰۰۴)، بیان می‌شوند. با استفاده از آنالیزهای متنوع ژن‌های پکتات‌لیاز گیاهی مشخص شد که این ژن‌ها در طیف وسیعی از اندام‌ها و قسمت‌های مختلف گیاهی شامل ریشه، برگ، گل، گرده، فیلامنت، خامه، مادگی و میوه رسیده بیان می‌شوند (پوآ و همکاران، ۲۰۰۱؛ مارین رودریگز و همکاران، ۲۰۰۲؛ فوتامارا و همکاران، ۲۰۰۲، میتا و همکاران، ۲۰۰۶ و پلازا و همکاران، ۲۰۰۷). آنالیز اطلاعات ریزآرایه در دسترس نشان داد که الگوهای بیان منحصر به فردی برای اکثر ژن‌های پکتات‌لیاز آرآبیدوپسیس وجود دارد. سان و نوکر (۲۰۱۰) با آنالیز پروموتور در آرآبیدوپسیس، ارتباط نزدیک ژن‌های *PLL* با جداشدن سلول را نشان دادند به این علت که چندین پروموتور *PLL* فعالیت مستقیم در برنامه‌ریزی دومین‌های جای‌گرفته در مناطق ریزش<sup>۱</sup> دارند. در میوه‌های مختلف پکتات‌لیازهایی شناسایی شده‌اند که الگوهای بیانشان در هنگام رسیدگی افزایش می‌یابد (پلازا و همکاران، ۲۰۰۷ و سان و نوکر، ۲۰۱۰). در گیاهان تراریخته توت فرنگی کاهش بیان یک ژن پکتات‌لیاز نشان داد که پکتات‌لیازها نقش طبیعی در نرمی بافت میوه در طول رسیدگی میوه دارند (جیمنز و همکاران، ۲۰۰۲). ژیانگ و همکاران (۲۰۱۳)، اندازه الگوهای بیان ژن‌های *PLL* در بافت‌های مختلف به خصوص در بافت‌های تولید مثلی *Brassica rapa* را مورد بررسی قرار داده و نشان دادند که ژن‌های *BrPLL* در بافت‌های متنوعی (بسیاری از آنها در گل) بیان می‌شوند. ۱۱ ژن *PLL* خاص برای گرده و چندین ژن دیگر با الگوهای بیان منحصر به فرد زمانی و مکانی شناسایی شد. در *Brassica rapa* ۲ ژن *PLL* به طور گسترده در گرده و مادگی بیان می‌شود (یودر و همکاران، ۱۹۹۳ و دمینگو و همکاران، ۱۹۹۸).

در گیاهان عالی تشکیل گرده یک فرآیند نمو منحصر به فرد است که شامل تغییرات سلولی و

---

1 - Abscission zones

بیوشیمیایی در انواع سلول‌های مختلف می‌باشد (ماسکارن‌هارز، ۱۹۷۵). این فرآیندها بر اساس برنامه‌ریزی پیچیده بیان ژن هم در بافت‌های اسپروفیتی و هم گامتوفیتی اتفاق می‌افتد (ماسکارن‌هارز، ۱۹۹۰). ژن‌هایی که در بساک در طول نمو میکروسپورها بیان می‌شوند ممکن است نقش مهمی در مسیرهای نمو بساک بازی کنند. ماسکارن‌هارز، (۱۹۹۰)، این ژن‌ها را بر اساس الگو بیانشان در ۲ کلاس طبقه‌بندی کرد. ژن‌های اوایل<sup>۱</sup> که به سرعت بعد از میوز فعال می‌شوند و سطوح رونوشت آنها کاهش می‌یابد و در گرده بالغ غیر قابل تشخیص هستند. ژن‌های اواخر<sup>۲</sup> بعد از میتوز میکروسفر فعال می‌شوند و رونوشت آنها همچنان تا گرده به سن بلوغ برسد تجمع پیدا می‌کند. بر اساس توالی نوکلئوتیدی و جایگاه رونوشت آنها این دو کلاس ژنی احتمالاً نقش‌های متفاوتی دارند. ژن‌های اوایل احتمالاً درگیر نمو گرده مانند سنتز دیواره هستند. ژن‌های اواخر در طول رشد یا بلوغ لوله گرده مورد نیاز هستند. پکتات‌لیازها مانند ژن *LAT56* گوجه فرنگی ژن‌هایی هستند که مورد نیاز رشد لوله گرده می‌باشند (وینگ و همکاران، ۱۹۹۰). بیان ژن پکتات‌لیاز در گرده ممکن است در رابطه با نیاز به تخریب پکتین در طول رشد لوله گرده باشد. پکتین‌ها جزء اصلی دیواره سلولی گرده هستند (تیلور و هپلر، ۱۹۹۷). اگرچه نقش دقیق *PLL*‌ها در عملکرد گرده مشخص نیست حقیقت این است که بسیاری از *PLL*‌ها در گرده بیان می‌شوند و بیان بعضی از آنها در سطح بسیار بالا، احتمالاً در عملکرد بعضی از جنبه‌های زیست‌شناسی گرده دخالت دارند. تصور می‌شود که *PLL*‌ها در جوانه زنی گرده موجب شل شدن دیواره سلولی و اجازه ظهور لوله گرده، رشد و یا تخریب دیواره سلولی در بافت خامه برای تسهیل نفوذ گرده را می‌دهند (تانیگوچی و همکاران، ۱۹۹۵ و وو و همکاران، ۱۹۹۶). همچنین بیان ژن‌های *PLL* در کلاله و خامه ممکن است به منظور تسهیل رشد لوله گرده از طریق جدا کردن سلول‌های مجاری انتقال و یا بازسازی دیواره در این بافت‌ها باشد (پلازا و همکاران، ۲۰۰۷). پلازا و همکاران (۲۰۰۷) با آنالیز الگوهای بیان *AtPLL*‌ها در شرایط مختلف نشان دادند که از ۲۶ ژن

---

1 - Early

2 - Late

پکتات‌لیاز، ۱۴ ژن (*PLL2*, 5, 8, 9, 10, 11, 13, 16, 19, 20, 21, 22, 24 و 25) در گرده بیان می‌شوند با این حال بیان آنها منحصرًا خاص گرده نیست. بررسی ما نشان داد که پکتات‌لیازها در گرده برنج نیز بیان بالایی دارند.

*PLL8*, 9, 10 و 11 آرابیدوپسیس با شدت بیشتری در گرده در مقایسه با اندام‌های دیگر از جمله گل بیان می‌شوند. این ۴ ژن در یک گروه یکسان در درختچه ژنی قرار گرفته‌اند. *PLL8*, 9, 10 و 11 آرابیدوپسیس بالاترین شباهت در توالی را با *LAT59* گوجه فرنگی و تنباکو دارند. ژن‌های *LAT56* و *LAT59* که در چندین گونه گیاهی وجود دارند عمدتاً در بساک و گرده بیان می‌شوند (بادلیر و همکاران، ۱۹۹۰ و کولیکاسکاس و مکورمیک، ۱۹۹۷). همچنین سان و نوکر (۲۰۱۰) نشان دادند که ۵ ژن پکتات‌لیاز (*PLL19*, 20, 21, 24 و 26) در منطقه ریزش بیان بالایی دارند. *PLL18* و *PLL26* به ترتیب در منطقه ریزش گل و پرچم بیان بالایی داشته‌اند (کای و لاشبروک، ۲۰۰۸).

نتایج نشان داده است که *PLL2* در هیچ بافتی بیان بالاتر از ۷۰ درصد نداشته است. همچنین سان و نوکر (۲۰۱۰) بیان داشتند که با وجود اینکه بر اساس آنالیز ریزآرایه انتظار می‌رفت که *PLL2* در اصل به عنوان ژن *Housekeeping* بیان شود، فعالیت پرموتوری آن تنها در یک زیر مجموعه از آنالیز مناطق، مشاهده شد. نتایج بدست آمده از بررسی جایگاه‌های بیان در ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیازهای آرابیدوپسیس در این پروژه نشان داد که بافت‌های گرده، پرچم، ریشه، گل و منطقه ریزش مناطقی هستند که ژن‌های هم‌بیان نیز در این مکان‌ها بیان بالایی (بیشتر از ۷۵ درصد) دارند. آنالیز رونویسی در آرابیدوپسیس نشان داد که زیر مجموعه کوچکی از ژن‌های پکتات‌لیاز در طول ریزش پرچم و یا در جداسازی سلول کرتیکول در طول ظهور ریشه جانبی تنظیم می‌شوند (اسوارپ و همکاران، ۲۰۰۸). نتایج حاصل از آنالیزهای بیوانفورماتیکی در این پروژه نیز نشان داد که ۱۳ ژن پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس در بافت ریشه (*PLL1*, *PLL12*, *PLL13*, *PLL16*, *PLL17*, *PLL19*, *PLL20*, *PLL21*, *PLL22*, *PLL23*, *PLL24*, *PLL25* و *PLL26*)، ۷ ژن در گرده (*PLL3*, *PLL6*, *PLL8*, *PLL9*, *PLL10*, *PLL11* و *PLL24*)، ۵ ژن در پرچم (*PLL7*, *PLL8*, *PLL9*, *PLL10* و *PLL10*)

(PLL11)، ۵ ژن در منطقه ریزش (PLL19، PLL20، PLL21، PLL24 و PLL26) و ۴ ژن در کلاله (PLL20، PLL21، PLL24 و PLL25)، دارای بیان بالاتر از 70 درصد می‌باشند.

#### ۴-۴ بحث پیرامون نتایج حاصل از آنالیز عناصر سیس

توسعه انواع مختلف سلول از مجموعه ژن‌هایی اداره می‌شود که فرآیندهای فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی فعالیت آنها را کنترل می‌کنند. بیان انتخابی این مجموعه ژن‌ها نمو گیاه، تمایز سلولی و پاسخ به محرک‌های محیطی را هدایت می‌کند (فرانکلین و کاند، ۱۹۹۹). رونویسی در بیان ژن مرحله‌ای ضروری است و به طور گسترده در زیست‌شناسی سلولی و مولکولی مورد مطالعه قرار گرفته است (وتند آلبین، ۲۰۰۴). تنظیم خاص ژن رونویسی اهمیت زیادی برای تمام مراحل عملکردهای سلولی دارد. انتشار توالی‌های ژنومی گیاه آرابیدوپسیس (ری و همکاران، ۲۰۰۳) و برنج (یوو و همکاران، ۲۰۰۲ و اوینگ و همکاران، ۲۰۰۷) و توسعه ابزارهای بیوانفورماتیکی موجب شده است که درهایی برای مطالعات تنظیم بیان ژن‌ها باز شود. در این پروژه از پایگاه‌های در دسترس برای شناسایی عناصر سیس تنظیمی موجود در ۱۰۰۰ جفت باز بالادست مناطق تنظیمی ژن‌های پکتات‌لیاز و ژن‌های هم‌بیان با آن استفاده شد. مجموعه ژن‌هایی که با هم تنظیم می‌شوند اغلب مجموعه‌ای از موتیف‌های تنظیمی مرتبط را به اشتراک می‌گذارند (مارگر و سایر، ۱۹۹۳). الگو بیان یک ژن توسط یک عنصر سیس تنظیمی نمی‌شود بلکه توسط ترکیبی از عناصر تنظیمی مختلف در زمان‌های مختلف و در سلول یا بافت‌های متفاوت تنظیم می‌شود (کای، ۲۰۰۳). فرض بر این است ژن‌هایی که الگو بیان مشابه دارند عناصر سیس تنظیمی مشترکی نیز در مناطق تنظیمی ۵ خود خواهند داشت (ویلو و همکاران، ۲۰۰۰). در نتیجه مجموعه مشترکی از فاکتورهای رونویسی آنها را کنترل می‌کنند. عناصر تنظیمی سیس مشترک فاکتور اصلی برای ژن‌های Co-regulated هستند که اغلب در مناطقی که تعاملات پیچیده پروتئینی روی می‌دهد حضور دارند (وانگ و همکاران، ۲۰۰۴). با این حال از آنجا که یک موتیف می‌تواند به TFهای مختلفی متصل شود در نتیجه ژن‌ها در معرض کنترل‌کننده‌های تنظیمی متعددی قرار می‌گیرند (یانگی ساوا، ۲۰۰۲). در این پروژه نتایج حاصل از آنالیز توالی



پروموتوری ژن‌های آرابیدوپسیس نشان داده است که در بین عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز عناصر پاسخ دهنده به نور سهم بیشتری دارند. نور برای رشد و نمو طبیعی گیاهان نه تنها به عنوان منبع انرژی است همچنین به عنوان محرکی که فرآیندهای متابولیکی و رشد را تنظیم می‌کند ضروری است. پاسخ‌های گیاهی متنوع و پیچیده هستند و به کیفیت و کمیت نور محیط وابسته می‌باشند. نیاز اولیه برای نور به عنوان سیگنالی برای جوانه‌زنی در بسیاری از گونه‌ها وجود دارد. بعد از جوانه‌زنی در تاریکی کامل نهال‌ها دارای مورفولوژی متفاوتی نسبت به آنهایی هستند که در نور رشد می‌کنند و در تاریکی ژن‌هایی که تحت تاثیر نور قرار دارند بیان نمی‌شوند. بمحض روشن سازی این نهال‌های بی‌رنگ، تغییراتی در رونویسی ژن‌های پاسخ دهنده به نور رخ می‌دهد و به سرعت تغییرات مورفولوژیکی ناشی از نور ایجاد می‌شود (الیس، ۱۹۸۶ و کندریک و کرونببرگ، ۲۰۱۳). نور توسط شدت، کیفیت و مدت زمانش به طور مستقیم رشد گیاه را تحت تاثیر قرار می‌دهد. فتوسنتز، تنفس و تعرق در گیاهان تحت تاثیر شدت نور هستند (الکساندر و همکاران، ۱۹۹۵ و او گراد و همکاران، ۲۰۰۸). محتویات اجزای دیواره سلولی تحت شدت و کیفیت‌های مختلف نور در گیاهان علفی تغییر می‌کند (میاموتو و همکاران، ۱۹۹۴ و کاسال و همکاران، ۱۹۹۵). در آرابیدوپسیس تالیانا و ذرت بیان برخی از ژن‌ها و فعالیت بعضی از آنزیم‌ها در بیوسنتز پلی‌ساکاریدها و لیگنین دیواره سلولی در معرض نور و با شدت نور تنظیم می‌شوند (واتون و رای، ۱۹۸۲ و وان و والتون، ۲۰۰۹). از بین عناصر پاسخ‌دهنده به نور در توالی پکتات‌لیاز عناصر Box 4، G-box، و GA-motif دارای بیشترین تکرار در توالی هستند. این عناصر به عنوان عناصر سیس پاسخ‌دهنده به نور<sup>۱</sup> (LREs) شناخته شده‌اند. آنها در مناطق تنظیمی ژن‌های که تحت تاثیر تابش نور قرار دارند یافت می‌شوند و برای فعالیت‌های رونویسی که توسط نور کنترل می‌شود ضروری هستند (لام و چوآ، ۱۹۸۹ و گیلمارتین و همکاران، ۱۹۹۰). حذف و جهش این توالی‌ها توانایی منطقه تنظیمی پاسخ دهنده به نور

---

1 - Light responsive cis-elements (LREs)

و اشعه ماوراءبنفش را به خطر می‌اندازد. توالی این عناصر در همه ژن‌های پکتات‌لیاز و اکثر ژن‌های هم‌بیان با پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس و برنج با فراوانی بالا وجود دارند.

ژن‌های پکتات‌لیاز بیان بالایی را در پاسخ به اکسین، زخمی شدن و عفونت پاتوژن‌ها نشان می‌دهند (میلیونی و همکاران، ۲۰۰۱ و ووگل و همکاران، ۲۰۰۲). اکسین در غلظت کم مانع و در غلظت بالا باعث تقویت رسیدگی در میوه‌های گل‌ابی و آووکادو می‌شود (فرنکل و دیک، ۱۹۷۳). غلظت بالای اکسین موجب القا تولید زودرس اتیلن می‌شود که به نوبه خود شروع رسیدگی است (پرات و گاسک، ۱۹۶۹). اکسین بیان ۴ ژن پکتات‌لیاز (*PLL1, 12, 13, 23*) را افزایش و موجب کاهش بیان ژن‌های *PLL9* و *PLL16* می‌شود. ۶ ژن پکتات‌لیاز (*PLL16, 19, 21-23, 26*) که در ابتدا در ریشه‌های جانبی حضور داشتند فعالیت قوی در ریشه اولیه نشان دادند. القا ریشه جانبی توسط اکسین موجب افزایش رونویسی ژن‌های *PLL16* و *PLL26* می‌شود (لاسکوسکی و همکاران، ۲۰۰۶ و اسوراپ و همکاران، ۲۰۰۸). ۴ پروموتور *PLL13* و *PLL17*، *PLL22* و *PLL25* در نوک ریشه فعال هستند و *PLL25* بیان منحصر به فردی در نوک ریشه دارد. پلازا و همکاران (۲۰۰۷) با آنالیز بیان ژن‌های پکتات‌لیاز در آرابیدوپسیس نشان دادند که ۴ ژن *PLL1, 12, 13, 23* و *26* در پاسخ با اکسین بیان می‌شوند. از این رو اینها احتمالاً در طویل شدن سلول و یا تمایز سلولی نقش دارند. بیان پکتات‌لیاز در میوه موز با کاربرد اتیلن افزایش می‌یابد که نشان می‌دهد اتیلن فعالیت *PLL* در میوه‌ها را تنظیم می‌کند (دومینگو و همکاران، ۱۹۹۸). عناصر پاسخ دهنده به آبسزیک اسید<sup>۱</sup> (ABRE) در مناطق تنظیمی ۵ ژن‌های متعددی که توسط ABA تنظیم یا بیان می‌شوند شناسایی شده‌اند (باسک و پاگس، ۱۹۹۸). همچنین ABRE مثالی از عناصر توسعه یافته است که شامل توالی هسته G-box [*(C/A)ACG(T/C)G(T/C/G)*] می‌باشد (پاگس و ۱۹۹۸). مطالعات حذف و جهش با پروموتورهای حاوی ABRE نشان داد که اگرچه G-box برای عملکرد ژن‌های حاوی ABRE لازم

---

1 - ABA responsive element (ABRE)

است اما حضور G-box برای تشخیص پیام ABA کافی نیست (باکس و پاگس، ۱۹۹۸). در عوض G-box برای پاسخ به ABA با عناصر سیس دیگر در ارتباط است. بنابراین به نظر می‌رسد G-box بکارگیری یک فاکتور رونویسی عمومی تر نقش دارد و در ارتباط با پروتئین‌های تنظیمی خاص برای فعال شدن RNA پلی‌مراز II کاربرد دارد (کانگ و همکاران، ۲۰۰۲). ABA در فرآیندهای مختلف گیاهی مانند نمو دانه، جوانه زنی و رشد گیاهچه تاثیر آنتاگونیستی دارد (فینکلستین و گیبسون، ۲۰۰۲). گارسیاروبیو و همکاران (۱۹۹۷) دریافتند که ABA در آرابیدوپسیس با محدود کردن دسترسی به مواد غذایی بر روی جوانه‌زنی بذور بالغ و رشد نهال جوان تاثیر می‌گذارد.

پاسخ‌های گیاهی به اتیلن با تغییرات در بیان ژن در ارتباط هستند و عناصر پاسخ دهنده به اتیلن<sup>۱</sup> (ERE) در مناطق تنظیمی<sup>۲</sup> این ژن‌ها شناسایی شده‌اند که به فاکتور پاسخگو به اتیلن<sup>۲</sup> (ERF) متصل می‌شوند (ایتزاکي و همکاران، ۱۹۹۴). هر ERE شامل یک موتیف ۸ جفت باز با توالی A(A/T)TTCAAA است و در منطقه تنظیمی<sup>۳</sup> ۵ ژن‌هایی که با اتیلن تحریک شده‌اند شناسایی شده است (ایتزاکي و همکاران، ۱۹۹۴). اتیلن هورمون است که رشد و توسعه گیاه را تنظیم می‌کند. پیام‌رسانی اتیلن نقش مهمی در پاسخ گیاه به تعداد زیادی از تنش‌های زنده (زخمی شدن (زو) و همکاران، ۱۹۹۴)، عفونت پاتوژن (بروکارت و همکاران، ۲۰۰۶) و غیر زنده (خشکسالی (ماناولا و همکاران، ۲۰۰۶)، عدم تعادل اسمزی (روسادو و همکاران، ۲۰۰۶) و شرایط فیزیولوژیکی (رسیدگی میوه (والترینگ و دورن، ۱۹۸۸)، پیری (الکساندر و گریسون، ۲۰۰۲)) بازی می‌کند. با توجه به نقش ژن‌های پکتات‌لیاز در مراحل انتهایی رشد عنصر ERE در پروموتور *PLL1*، *PLL2*، *PLL17* و *PLL21* فراوانی بالایی دارد. TCA عنصر سیس درگیر در پاسخ به سالیسیلیک اسید<sup>۳</sup> (SA) است و در مناطق non-translated بسیاری از ژن‌های تک‌لپه‌ای و دولپه‌ای که توسط بسیاری از تنش‌ها القا می‌شوند

---

1 - Ethylene-responsive elements (EREs)

2 - Ethylene-responsive factor (ERF)

3 - Salicylic acid (SA)

حضور دارد (گلدسبرا و همکاران، ۱۹۹۳). تجمع SA در گیاهان که به عنوان یک مولکول پیام رسان سیستماتیک عمل می‌کند موجب القا سنتز پروتئین‌های مرتبط با فاتوزن‌ها و ترکیبات دیگر می‌شود (مترو و همکاران، ۱۹۹۰). SA به گیاهان برای غلبه بر شرایط تنش با ایجاد یا افزایش فرآیندهای شیمیایی و فیزیولوژیکی کمک می‌کند. همچنین SA با ایجاد فعالیت آنتی‌اکسیدانی گیاهان را از آسیب‌های اکسیداتیو محافظت می‌کند (بروسانی و همکاران، ۲۰۰۱ و خداری، ۲۰۰۴) فراوانی این عنصر در پکتات‌لیازهای 2، 8، 12، 13، 16، 18 و 24 بیشتر است.

عنصر MeJA در منطقه پروموتوری ۱۸ ژن پکتات‌لیاز وجود دارد. این عنصر در بسیاری از ژن‌های پاسخ دهنده به فاتوزن یا زخم در گیاهان دولپه‌ای و تک‌لیه‌ای یافت شده است. جاسمونات‌ها (جاسمونیک اسید و یا متیل استر آن، MeJA) در پروموتور ژن‌های پکتات‌لیاز تاثیرات فیزیولوژیکی فراوانی بر روی افزایش پیری برگ، مهار جوانه‌زنی بذر، القا یا افزایش پروتئین‌های ذخیره‌سازی رویشی دارد (سمدندر و پارتیر، ۱۹۹۳؛ کریلمن و مولت، ۱۹۹۷؛ واسترناک و پارتیر، ۱۹۹۷). متیل جاسمونات<sup>۱</sup> (MeJA) مولکول پیام رسان مهمی در گیاهان است. توالی عناصر پاسخگو جیبرلین<sup>۲</sup> (GARE) در پکتات‌لیازهای *PLL1*، *PLL2*، *PLL10*، *PLL12* و *PLL13* فراوانی بالایی دارد که نقش اساسی در عمل GA بازی می‌کند زیرا تغییر در این توالی موجب کاهش زیاد بیان ژن هدایت شده با GA می‌شود (گوبلر و جاکوبسن، ۱۹۹۲). جیبرلین (GA) فیتوهورمون مهمی است که در پروموتور ژن‌های پکتات‌لیاز موجب کنترل بسیاری از مناطق رشد گیاه مانند جوانه زنی بذر (بولی، ۱۹۹۷)، گسترش برگ‌ها و طول شدن ساقه‌ها (ریچاردز و همکاران، ۲۰۰۱)، گلدهی و نمو بذر (درکس و همکاران، ۱۹۹۴) می‌شود.

نتایج حاصل از بررسی عناصر سیس موجود در توالی پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز در کلاسترهای درختچه فیلوژنتیکی نشان داد که ژن‌های موجود در هر کلاستر از نظر درصد شباهت

---

1 - Methyl jasmonate (MeJA)

2 - Gibberellin responsive element (GARE)

عناصر سیس مشابه یکدیگر هستند بنابراین آنالیز عناصر تنظیمی سیس، خوشه‌بندی ژن‌ها در درختچه فیلوژنتیکی را تایید می‌کند.

بررسی عناصر سیس موجود در مناطق پروموتوری ژن‌های پکتات‌لیاز آرابیدوپسیس اختلافاتی را با گیاه برنج نشان داد که این تفاوت احتمالا به علت از دست دادن عناصر سیس مشترک از ژن پکتات‌لیاز اجدادی می‌باشد. این اختلاف با مدل Degenerative Complementation موافق است. فرآیندی که بعد از تکثیر ژن، هر ژن دختری تنها بخشی از عناصر تنظیمی را در مقایسه با منشاء اجدادی نگه می‌دارد (لینچ و فرس، ۲۰۰۰). همچنین دلیل دیگر این اختلاف احتمالا بدلیل اندازه توالی پروموتوری مورد بررسی در این پروژه باشد امکان دارد در نواحی بالادست با جفت بازهای بیشتر درصد تشابه عناصر سیس ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه آرابیدوپسیس و برنج بیشتر شود. می‌توان نتیجه گرفت ژن‌هایی که با یکدیگر درصد یکسانی نزدیکی از عناصر سیس در مناطق تنظیمی خود دارند ممکن است توسط فاکتورهای محیطی و سلولی مشابه‌ای تنظیم شوند.

#### ۴-۵- پیشنهادات

نوشتن برنامه نرم‌افزاری که بتواند به طور خودکار به شناسایی ژن‌های هم‌بیان به طور هم‌زمان و با بهره‌گیری از منابع منتشره، فاکتورهای نسخه برداری، عناصر سیس، بیان ژن در بافت و زمان مشخص و محل استقرار ژن در ژنوم پردازد.

انجام Real-time PCR یا RNA-Seq برای بررسی هم‌بیانی ژن‌ها با پکتات‌لیازها در شرایط فیزیولوژیک مختلف. بررسی آثار ناشی از جهش تک تک PLLها و ژن‌های هم‌بیان واقعی آنها. بررسی ژن‌های هم‌بیانی که دارای عملکردهای ناشناخته و یا دارای عملکردهای دیگری هستند که در بین ژن‌های هم‌بیان مستقیم احتمالی فراوانی کمتری داشتند تا با دستکاری آنها مشاهده شود که آیا ساختار ملکولی پکتین‌ها و محتوی آنها را تغییر می‌دهند یا خیر.

تعیین محل فعالیت PLLها و ژن‌های هم‌بیان آنها در زنجیره‌های متابولیکی و یافتن نقش مشترک آنها در آن مسیر.



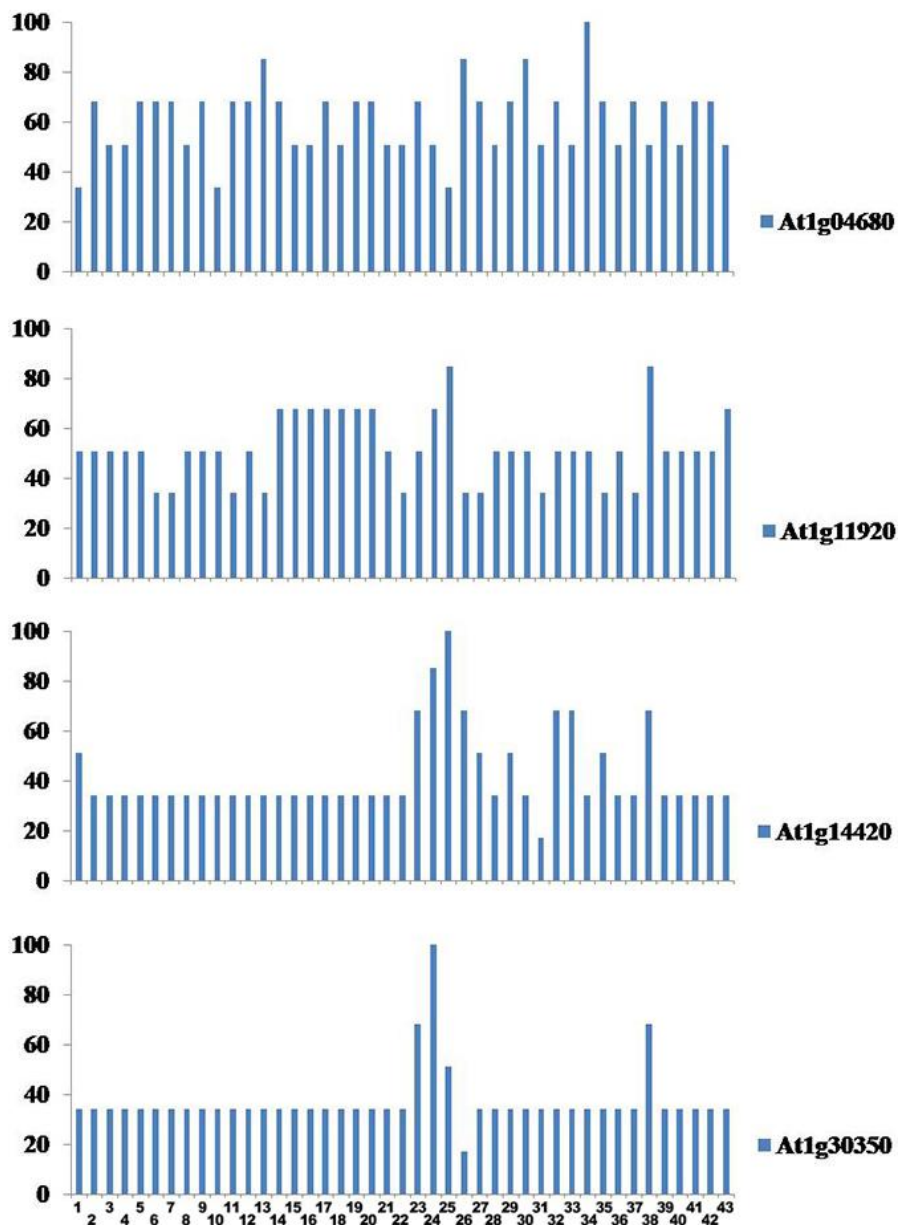


پوست



PLL	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	
1																											
2		69																									
3		32	32																								
4		35	36	46																							
5		34	36	46	92																						
6		37	39	51	69	69																					
7		38	40	52	61	60	70																				
8		36	33	43	52	50	51	47																			
9		35	35	44	51	51	48	73																			
10		33	37	43	53	52	47	54	52																		
11		35	36	42	52	50	51	47	51	51	79																
12		37	37	48	56	56	59	53	51	52	50	52															
13		38	40	47	55	55	56	54	53	47	55	53	68														
14		38	40	46	52	51	53	50	50	48	49	47	55	53													
15		36	38	50	57	58	58	49	53	52	58	57	63	60	55												
16		38	37	52	56	57	60	56	52	51	53	53	62	59	60	80											
17		35	36	46	54	53	55	48	52	52	54	53	60	61	50	62	61										
18		38	36	53	56	56	58	56	53	50	56	54	56	55	54	71	72	56									
19		34	36	48	56	57	55	53	54	51	57	53	59	58	55	78	53	74									
20		36	37	49	56	55	59	48	20	52	55	59	59	55	57	67	70	61	55	70							
21		36	38	47	56	56	59	54	55	51	55	60	57	57	57	68	69	54	66	69	86						
22		36	37	46	55	55	59	52	57	51	55	54	59	57	57	71	74	52	57	73	83						
23		36	37	49	56	55	58	54	55	53	55	54	56	59	60	72	73	54	67	73	76	75	80				
24		36	34	52	57	57	59	52	45	50	53	49	62	58	54	68	69	52	54	66	74	71	65	64			
25		38	36	50	55	55	58	51	56	51	55	60	58	60	59	72	70	51	69	73	80	79	71	72	71		
26		37	36	48	57	56	59	54	56	52	55	54	55	60	67	72	65	56	73	77	74	72	72	75	71		

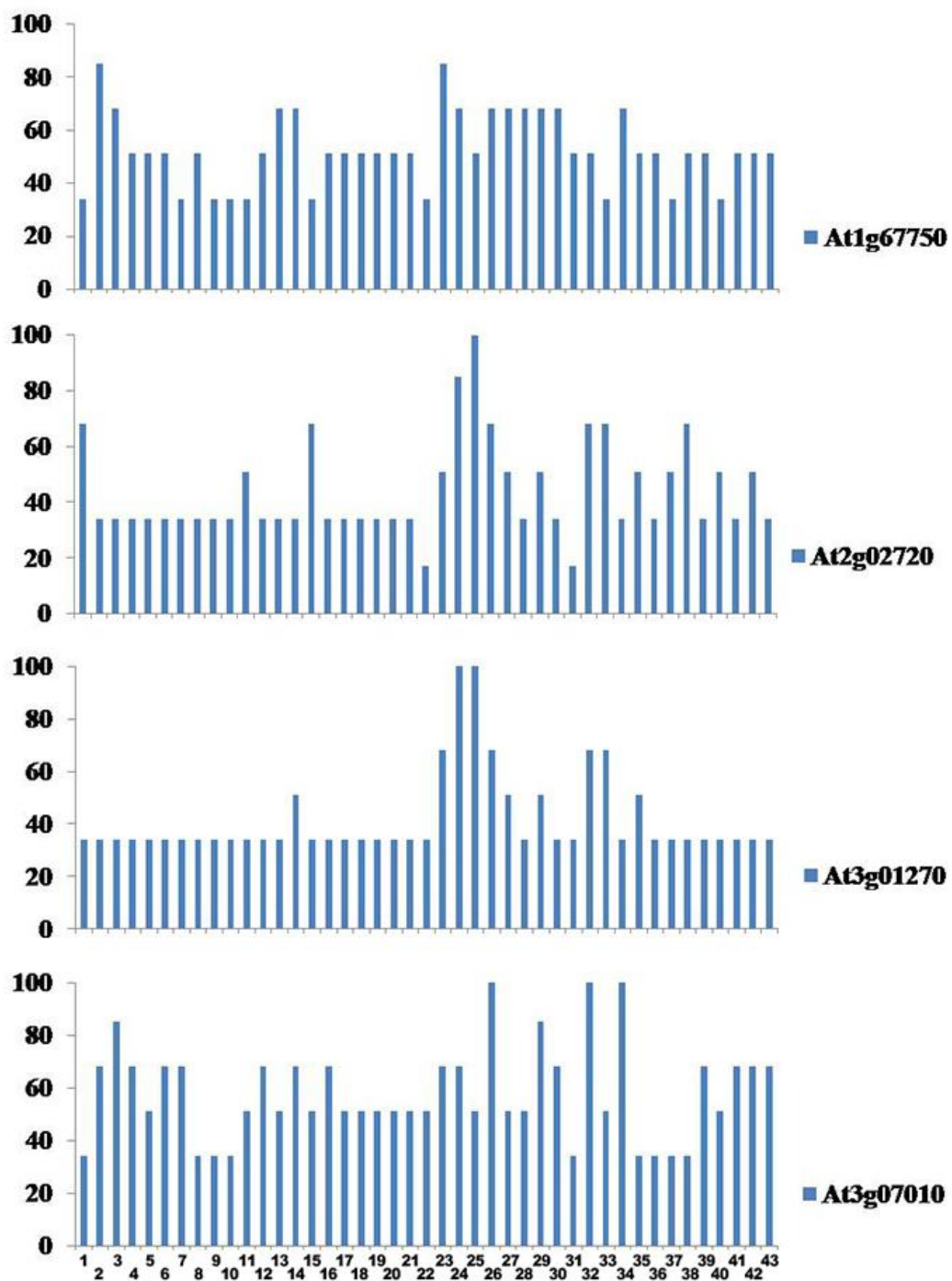
جدول پیوست ۱- درصد یکسانی توالی پروتئینی زن‌های پکتان‌لیاز در گیاه آرکیدوپسیس تالیانا، یکسانی بین ۲ توالی آمینو اسیدی با استفاده از نرم افزار (BLASTp (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) بدست آمده است.



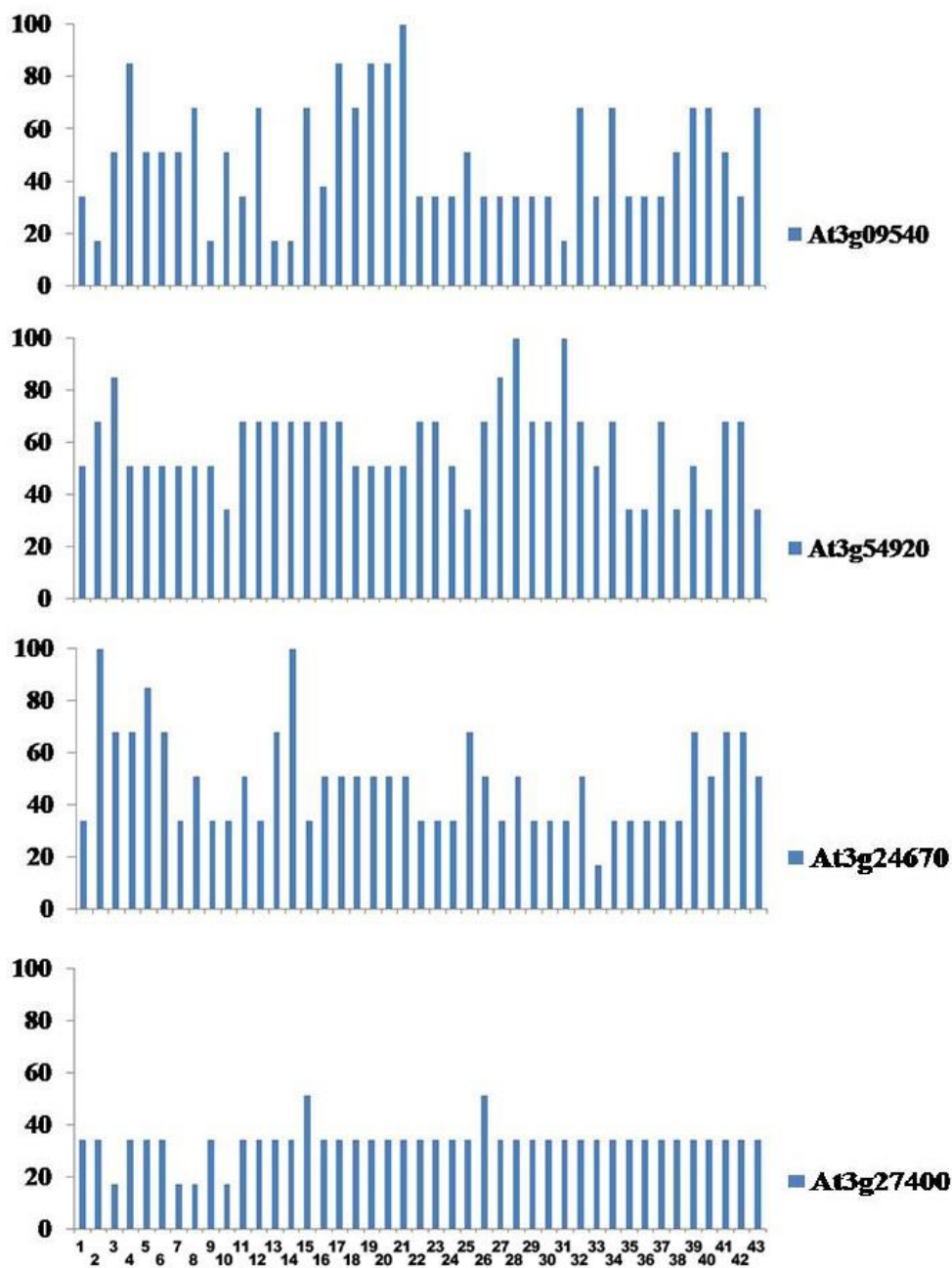
شکل پیوست ۱: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن‌های پکتات‌لیاز آرآبیدوپسیس. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-

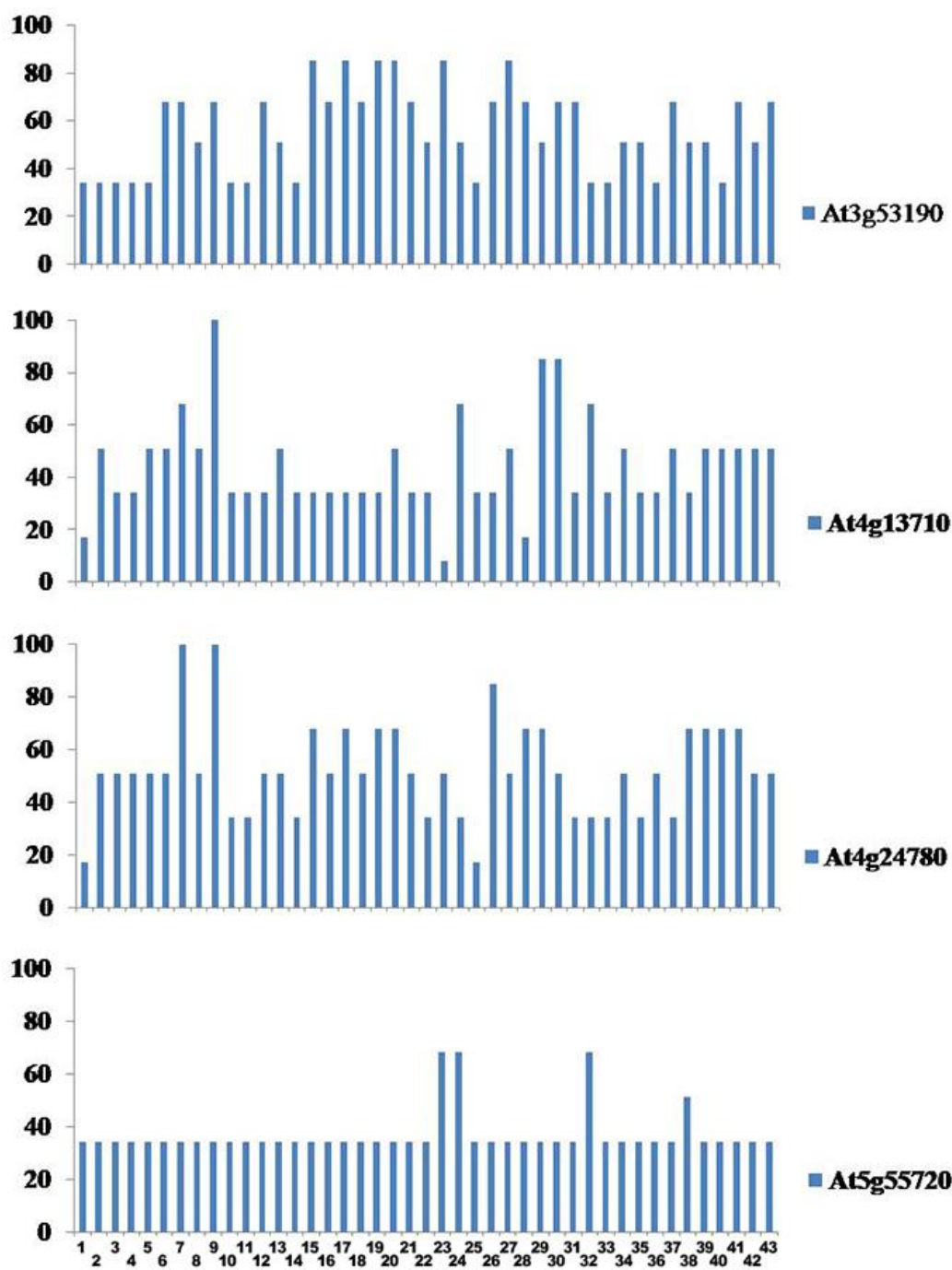
ادامه دارد.



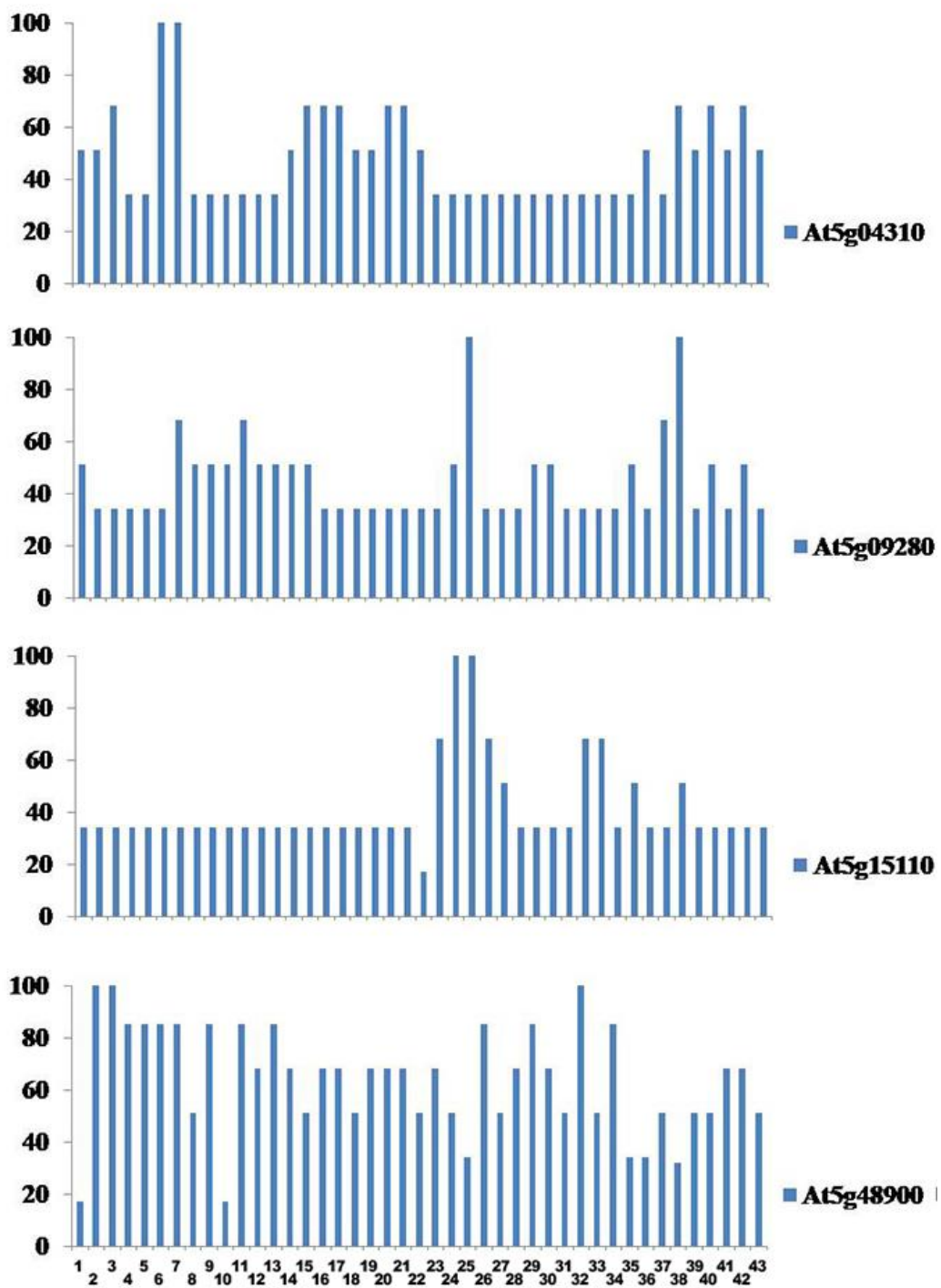
ادامه شکل پیوست ۱.



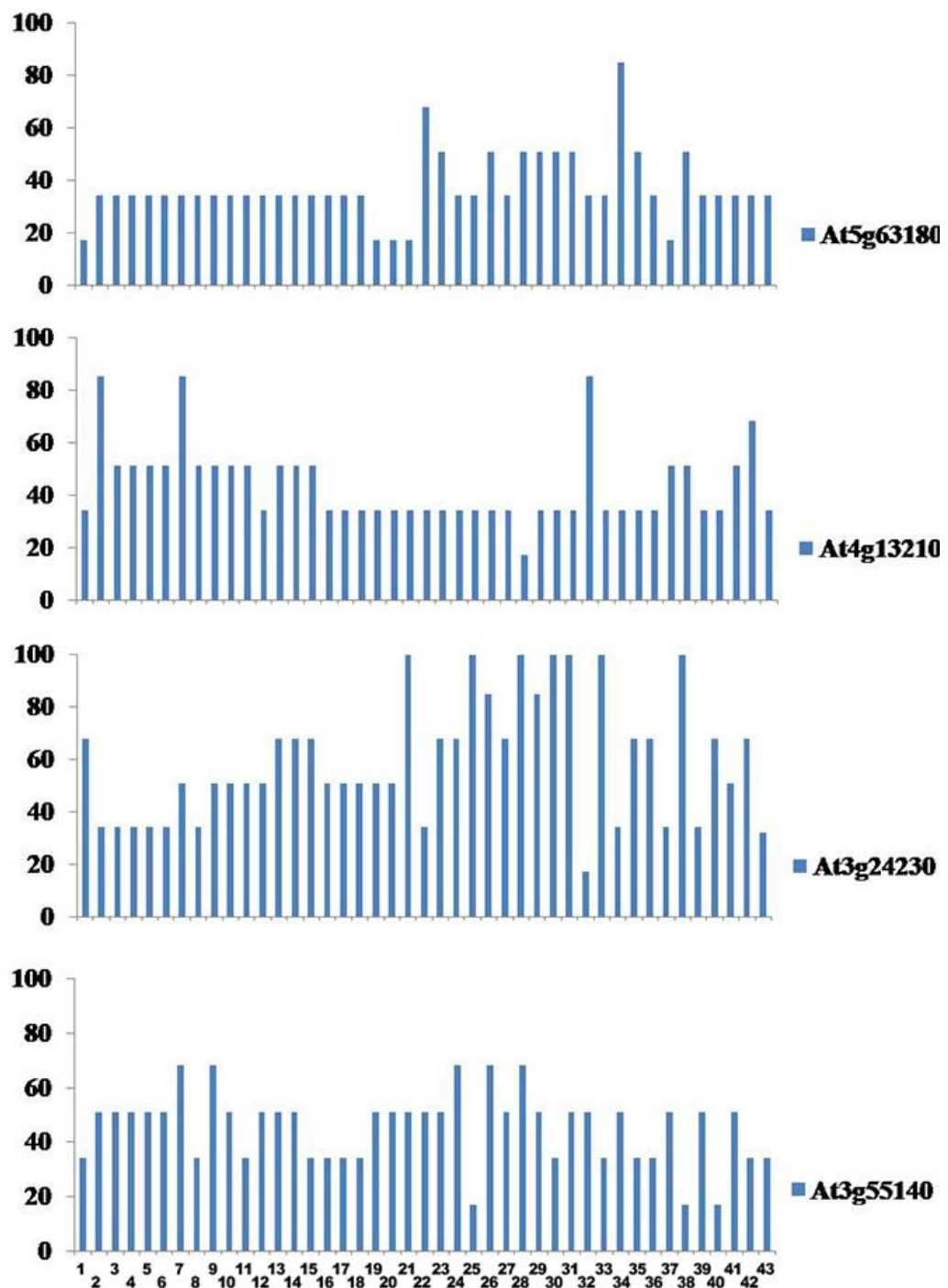
ادامه شکل پیوست ۱.



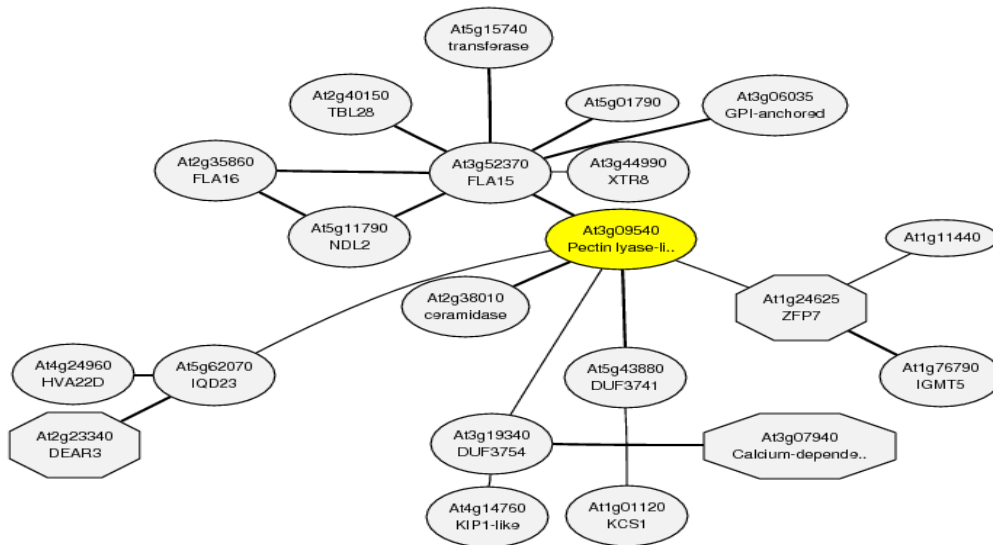
ادامه شکل پیوست ۱.



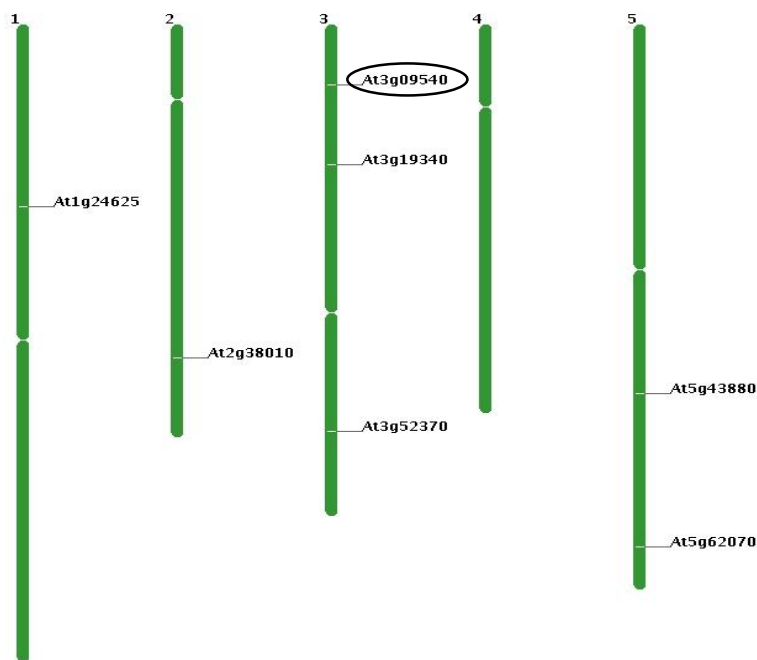
ادامه شکل پیوست ۱.



ادامه شکل پیوست ۱.

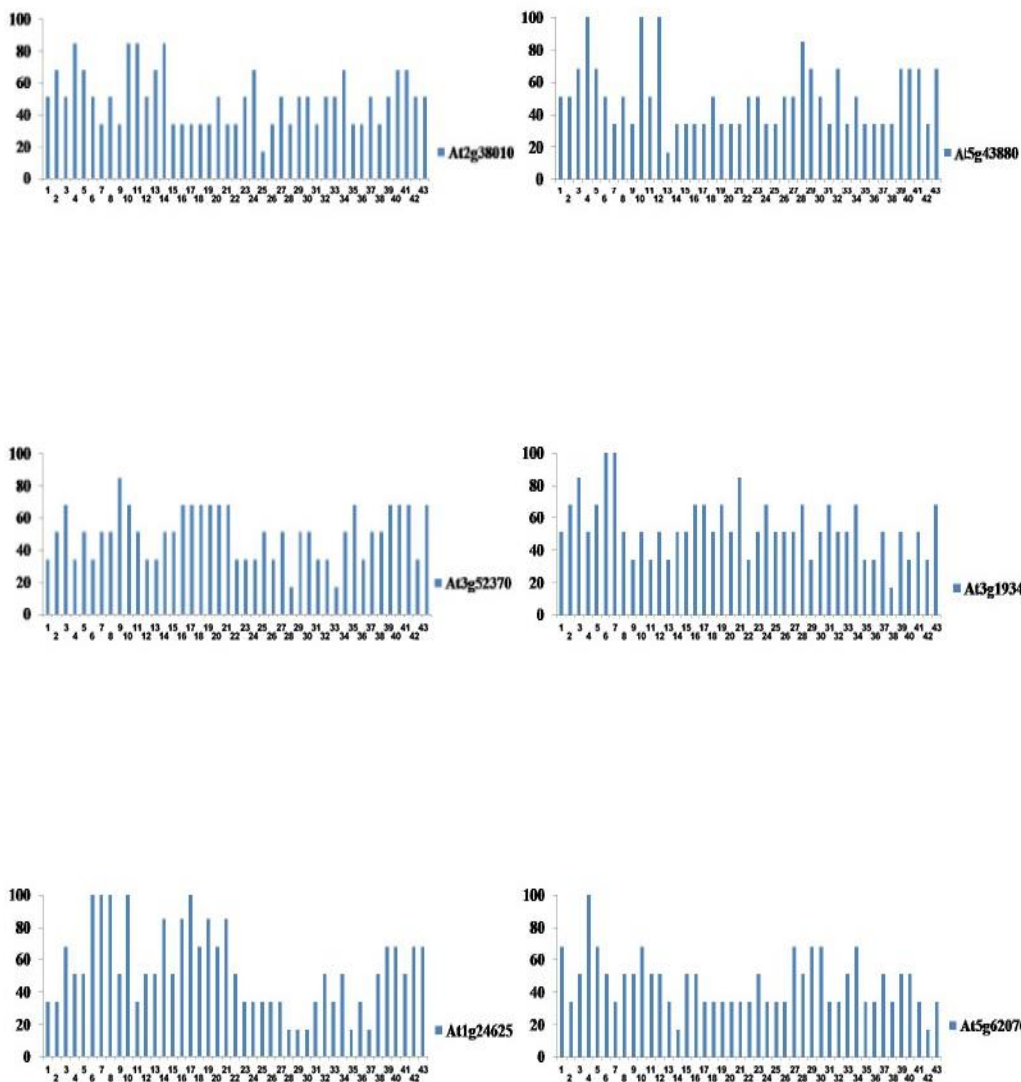


شکل پیوست ۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g09540-PLLI* بدست آمده از سایت *ATTED-II*. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۳: نقشه کروموزومی ژن *At3g09540-PLLI* و ژن‌های هم‌بیان با آن





شکل پیوست ۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g09540-PLLI*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

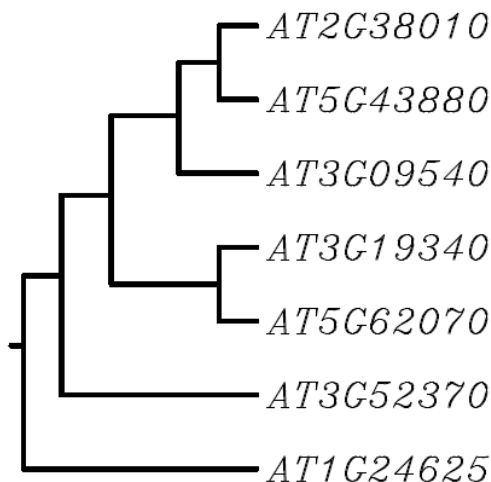
1- root protoplast, 2- root epidermis and lateral root cap protoplast, 3- root cortex protoplast, 4- root endodermis and quiescent center protoplast, 5- root stele protoplast, 6- root phloem protoplast, 7- root protophloem and metaphloem protoplast, 8- root phloem companion cell protoplast, 9- root xylem protoplast, 10- root phloem pole pericycle protoplast, 11- root xylem pole pericycle protoplast, 12- root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13- root epidermal atrichoblast protoplast, 14- root hair cell protoplast, 15- root cell, 16- root cortex cell, 17- root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18- root endodermis and quiescent center cell, 19- root stele cell, 20- root vascular tissue cell, 21- root phloem companion cell, 22- root culture, 23- flower, 24- stamen, 25- pollen, 26- abscission zone, 27- pistil, 28- carpel, 29- stigma, 30- ovary, 31- ovule, 32- petal, 33- sepal, 34- pedicel, 35- silique, 36- seed, 37- embryo, 38- phloem, 39- roots, 40- primary root, 41- root tip, 42- root apical meristem, 43- lateral root.

جدول پیوست ۲: محل بیان ژن *At3g09540- PLL1* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At3g09540	4-17-19-20-21	At2g38010	4-10-11-14
		At5g43880	4-10-12-28
		At3g52370	9
		At3g19340	3-6-7-21
		At1g24625	6-7-8-10-14-16-17-19-21
		At5g62070	4

هر محل بیان با عدد مربوط به خود نامگذاری شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

3- root cortex protoplast, 4- root endodermis and quiescent center protoplast, 6- root phloem protoplast, 7- root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9- root xylem protoplast, 10- root phloem pole pericycle protoplast, 11- root xylem pole pericycle protoplast, 12- root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 14- root hair cell protoplast, 16-root cortex cell, 17- root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 19- root stele cell, 20- root vascular tissue cell, 21- root phloem companion cell, 28- carpel

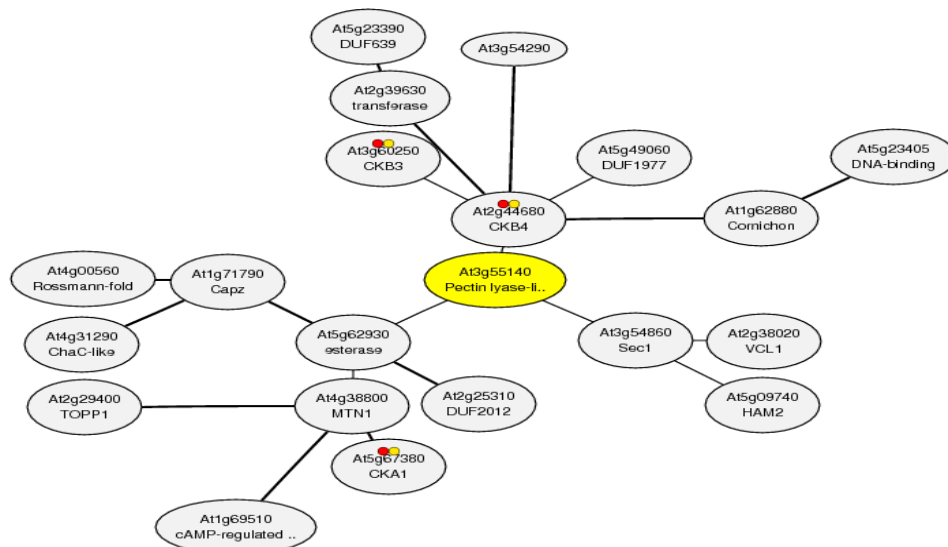


شکل پیوست ۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g09540-PLL1* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

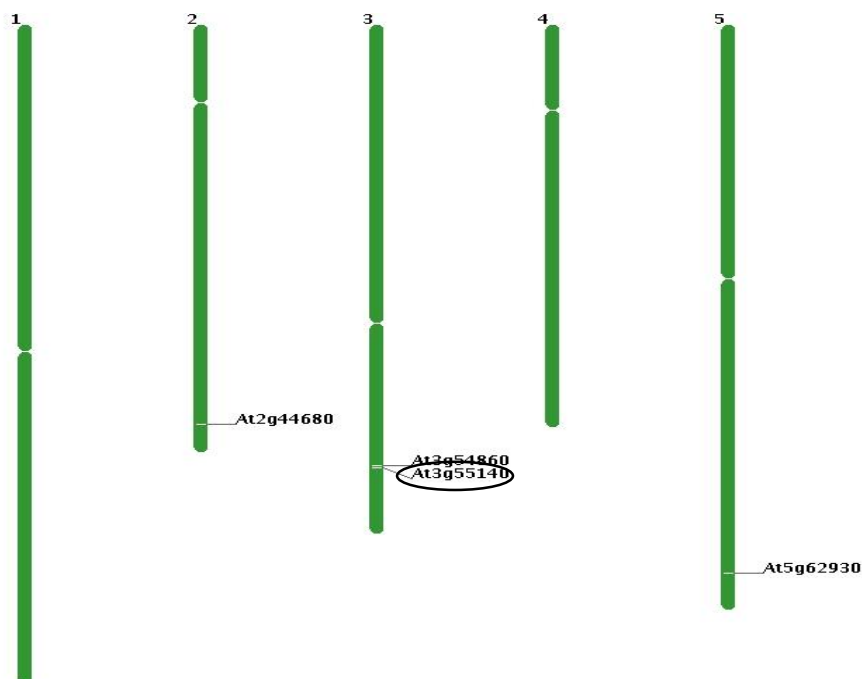
جدول پیوست ۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g09540* در آرایی‌دوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At2g38010	2.8	G-Box, G-box,	4	GARE-motif,	1	Skn-1-motif, TC-rich repeats, circadian	3
At5g43880	3	ATCC-motif, Box4, BoxIII, MRE, chs-CMA1a	11	ARE, GARE-motif	2	GCN4-motif, Skn-1-motif,	4
At3g52370	4.2	AE-box, Box4, GA-motif, Sp1, chs-CMA1a	7	CGTCA-motif, TGACG-motif	2	MBS, TC-rich repeats, WUN-motif	3
At3g19340	7.3	AAAC-motif	1	TGACG-motif	1		0
At1g24625	9.4	Box4, Box1, MNF1	4	ARE, GARE-motif, HSE, TGACG-motif	4	MBS, MBSII,	3
At5g62070	9.9	Box I, G-box, GA-motif, GT1-motif, Sp1,	6	ARE, TGA-box, ERE	3	Skn-1_motif, TC-rich repeats	2

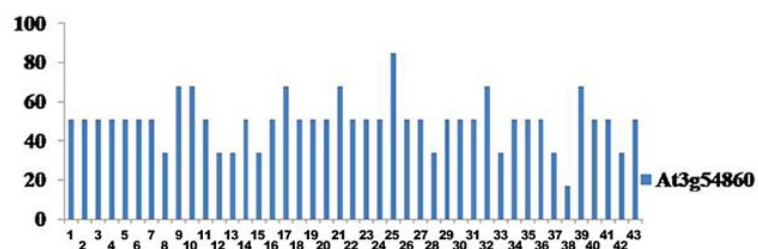
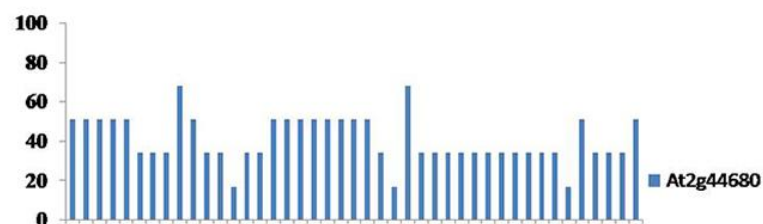
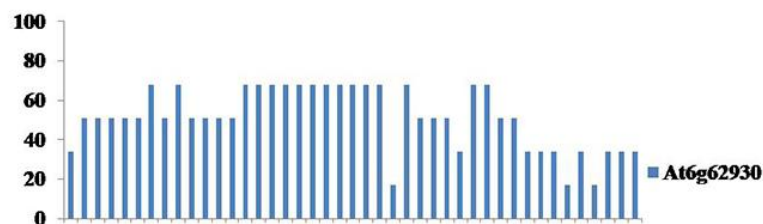
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g55140-PLL2* بدست آمده از سایت *ATTED-II*. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۷: نقشه کروموزومی ژن *At3g55140-PLL2* و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g55140-PLL2*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

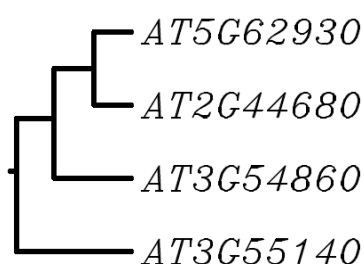
1- root protoplast, 2- root epidermis and lateral root cap protoplast, 3- root cortex protoplast, 4- root endodermis and quiescent center protoplast, 5- root stele protoplast, 6- root phloem protoplast, 7- root protophloem and metaphloem protoplast, 8- root phloem companion cell protoplast, 9- root xylem protoplast, 10- root phloem pole pericycle protoplast, 11- root xylem pole pericycle protoplast, 12- root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13- root epidermal atrichoblast protoplast, 14- root hair cell protoplast, 15- root cell, 16- root cortex cell, 17- root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18- root endodermis and quiescent center cell, 19- root stele cell, 20- root vascular tissue cell, 21- root phloem companion cell, 22- root culture, 23- flower, 24- stamen, 25- pollen, 26- abscission zone, 27- pistil, 28- carpel, 29- stigma, 30- ovary, 31- ovule, 32- petal, 33- sepal, 34- pedicel, 35- silique, 36- seed, 37- embryo, 38- phloem, 39- roots, 40- primary root, 41- root tip, 42- root apical meristem, 43- lateral root.

جدول پیوست ۴: محل بیان ژن *At3g55140-PLL2* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At3g55140	-	At6g62930	-
		At2g44680	-
		At3g54860	25

- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند. هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات-لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

25-pollen

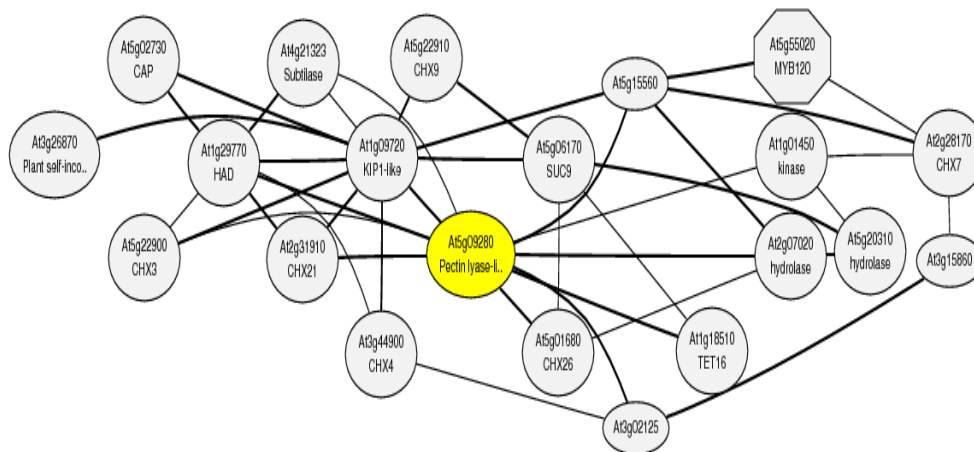


شکل پیوست ۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g55140-PLL2* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

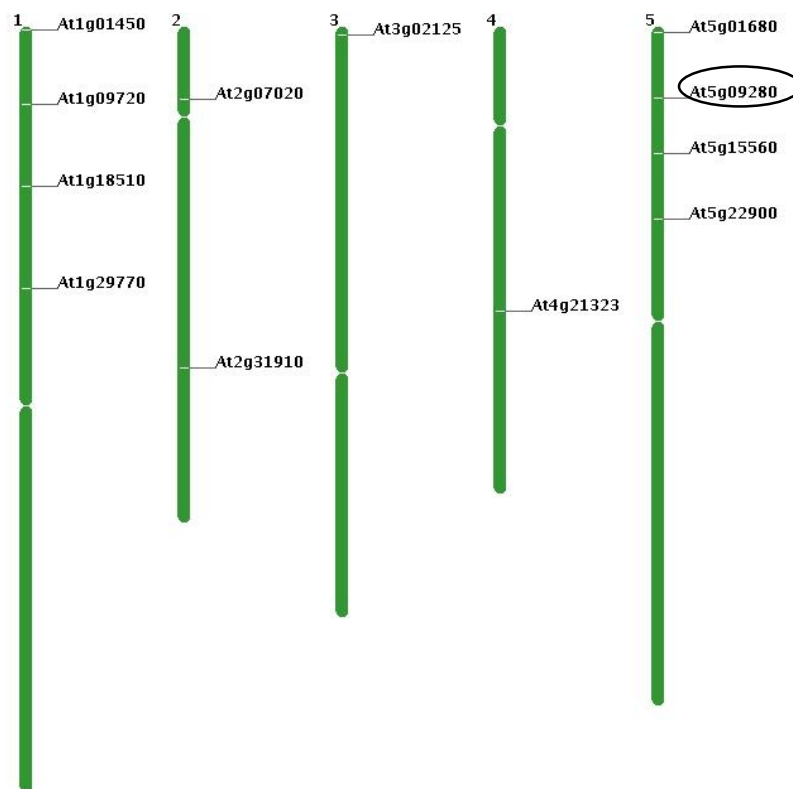
جدول پیوست ۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At3g55140* در آرآیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At3g54860	8.7	GAG-motif, GT1-motif, G-box, ACE, Box 4, Box I, GA-motif	7	ARE, TCA-element, TGACG- motif	6	TC-rich repeats	1
At5g62930	20.2	Box 4, Box I	4	HSE, GARE-motif	2	LTR, MBS, circadian	3
At2g44680	28.1	G-box	2	ABRE, ARE, HSE, TCA-element	4	LTR, MBS, MBSI, O2-site, Skn1-motif, circadian	6

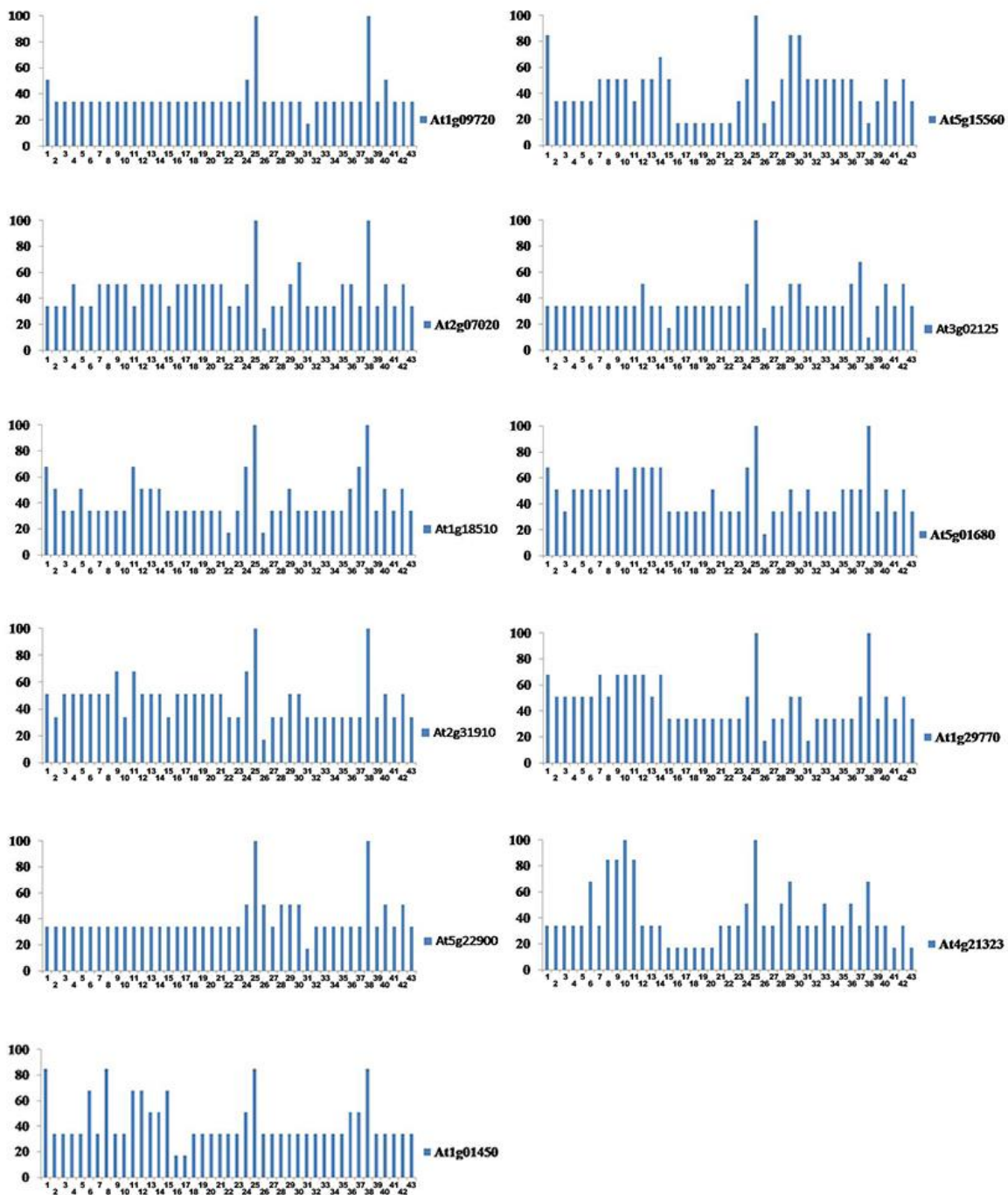
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At5g09280-PLL3* بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۱۱: نقشه کروموزومی ژن *At5g09280-PLL3* و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۱۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g09280-PLL3*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

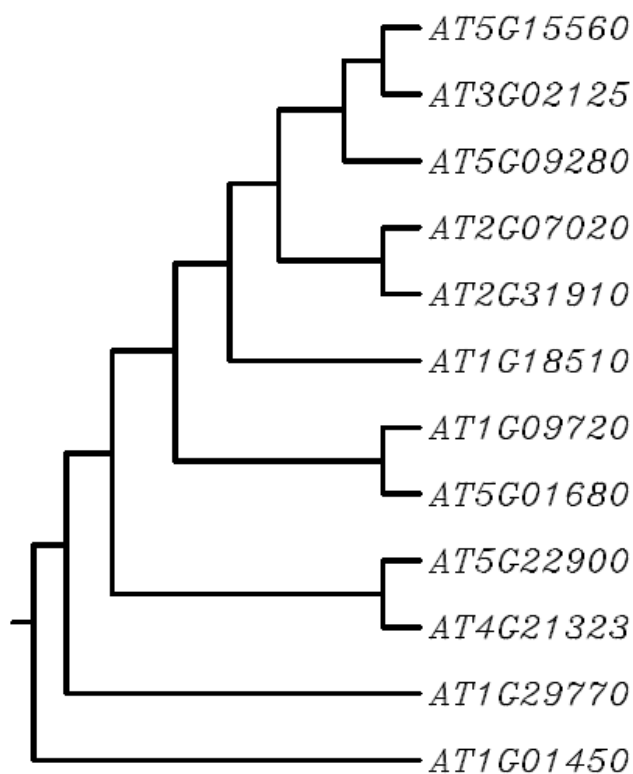
1- root protoplast, 2- root epidermis and lateral root cap protoplast, 3- root cortex protoplast, 4- root endodermis and quiescent center protoplast, 5- root stele protoplast, 6- root phloem protoplast, 7- root protophloem and metaphloem protoplast, 8- root phloem companion cell protoplast, 9- root xylem protoplast, 10- root phloem pole pericycle protoplast, 11- root xylem pole pericycle protoplast, 12- root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13- root epidermal atrichoblast protoplast, 14- root hair cell protoplast, 15- root cell, 16- root cortex cell, 17- root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18- root endodermis and quiescent center cell, 19- root stele cell, 20- root vascular tissue cell, 21- root phloem companion cell, 22- root culture, 23- flower, 24- stamen, 25- pollen, 26- abscission zone, 27- pistil, 28- carpel, 29- stigma, 30- ovary, 31- ovule, 32- petal, 33- sepal, 34- pedicel, 35- silique, 36- seed, 37- embryo, 38- phloem, 39- roots, 40- primary root, 41- root tip, 42- root apical meristem, 43- lateral root.

جدول پیوست ۶: محل بیان ژن *At5g09280-PLL3* و ژنهای هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
			At1g09720	25-38
			At5g15560	1-25-29-30
			At2g07020	25-38
			At3g02125	25
			At1g18510	25-38
		25-38	At5g01680	25-38
			At2g31910	25-38
			At1g29770	25-38
			At5g22900	25-38
			At4g21323	8-9-10-11-25
			At1g01450	1-8-25-38

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-root protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast 29-stigma, 30-ovary, 38-phloem.



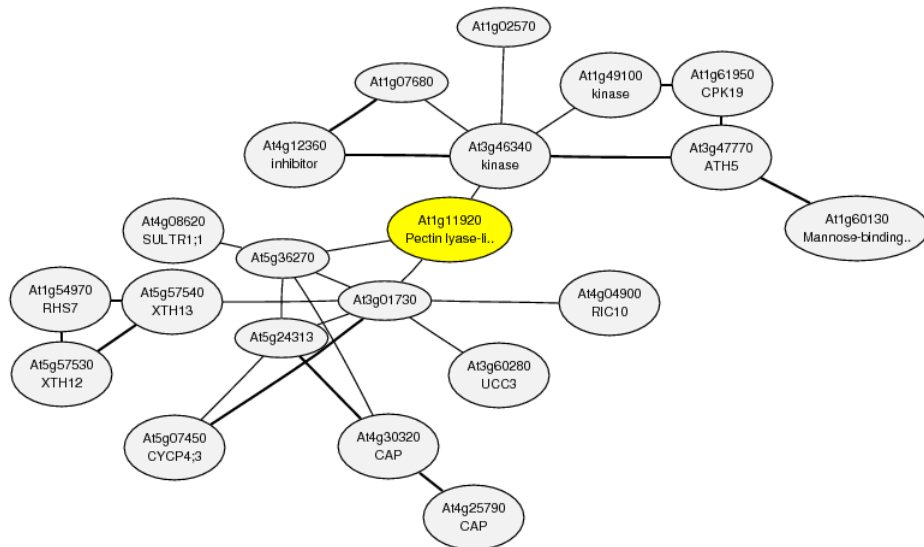
شکل پیوست ۱۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g09280-PLL3* و ژن‌های هم‌بیان با آن.



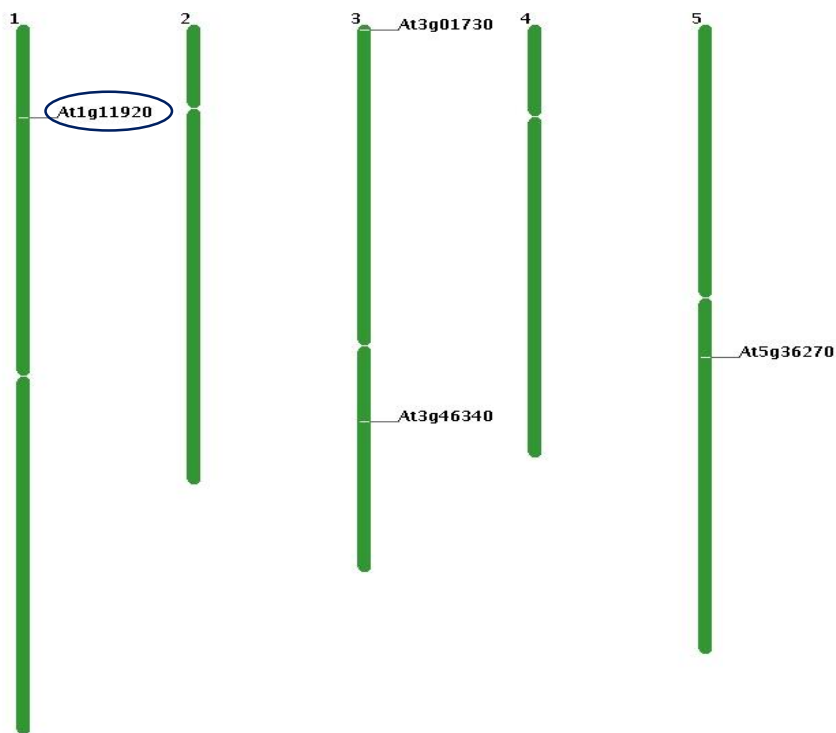
جدول پیوست ۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن AT5g09280 در آرکیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g09720	1	ACE, AE-box, Box III, G-box, GA-motif, GAG-motif, TCT-motif, ATCT-motif, Box4, G-box, TCT-motif	9	ABRE, ARE, GARE-motif, TCA-element, TCACG-motif,	6	TC-rich repeats, Skn-1-motif	2
At5g15560	1.4	ATCT-motif, Box4, G-box, TCT-motif	11	ABRE	4	LTR, O2-site	۴
At2g07020	2	ATCT-motif, Box4, GA-motif, GAG-motif, Sp1, chs-CMA1a	7	ARE, CGTCA-motif, HSE	3	LTR, MBS, Ry-element, Skn-1-motif, circadian	7
At3g02125	3.3	ACE, Sp1	3	CGTCA-motif, HSE	3	MBS, Skn-1-motif, TC-rich repeats	5
At1g18510	4.1	Box I, Box II	2	ARE, CGTCA-motif, ERE, GARE-motif, HSE	5	MBS, Skn-1-motif	4
At5g01680	4.2	AE-box, ATC-motif, Box 4,	6	TCA-element, TCACG-motif	2	GCN4-motif, Skn-1-motif	2
At1g29770	4.2	Box I, G-Box, G-box, I box,	5	ABRE, ARE, ERE, TCA-element	5	Skn-1-motif, WUN-motif	3
At2g31910	4.9	ATC-motif, GT1-motif, MNF1, Sp1, Box 4, TCT-motif	7	GARE-motif	2	Skn-1-motif, circadian	2
At5g22900	6.5	Box 4, G-Box, G-box, GAG-motif, Box I	6	ABRE, CGTCA-motif, ERE, GARE-motif	4	Skn-1-motif, O2-site, circadian	4
At4g21323	8.4	ACE, Box4, G-box, G-Box,	4	ABRE, ARE, CGTCA-motif	3	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif, circadian, TC-rich repeats	8
At1g01450	9.4	Box 4, CATT-motif, GAG-motif, G-box,	8	TCA-element, CGTCA-motif	2		0

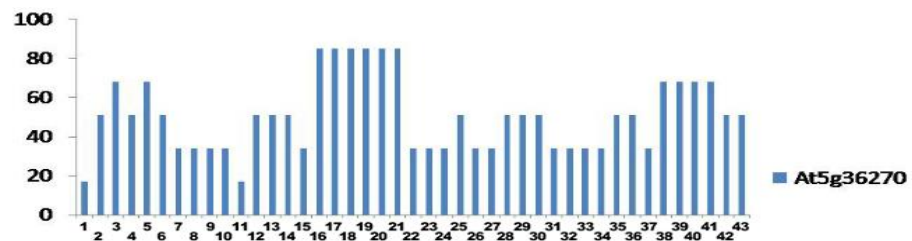
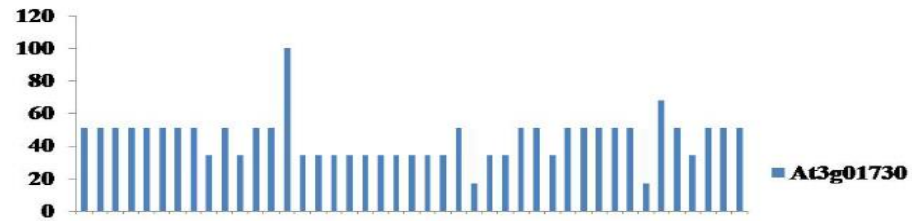
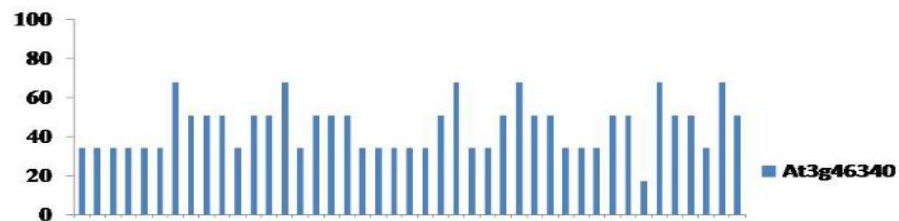
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۴: شبکه ژنهای هم بیان ژن *AT1g11920-PLL6* بدست آمده از سایت *ATTED-II*. خطوط نشان دهنده ژنهای هم بیان هستند. گرههای هشت وجهی شکل نشان دهنده ژنهای TF و گرههای دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۱۵: نقشه کروموزومی ژن *AT1g11920-PLL6* و ژنهای هم بیان با آن



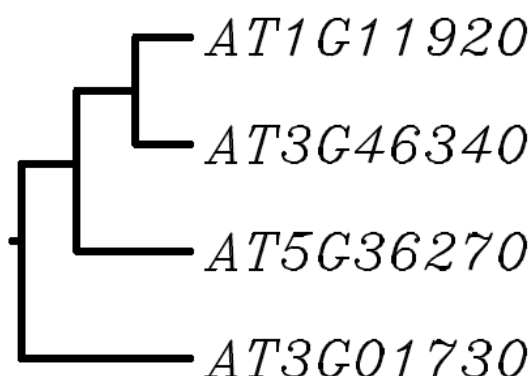
شکل پیوست ۱۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g11920-PLL6*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.  
 1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۸: محل بیان ژن *At1g11920-PLL6* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At1g11920	25-38	At3g46340	-
		At3g01730	14
		At5g36270	16-17-18-20-21

- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. 14-root hair cell protoplast, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 25-pollen38-phloem,



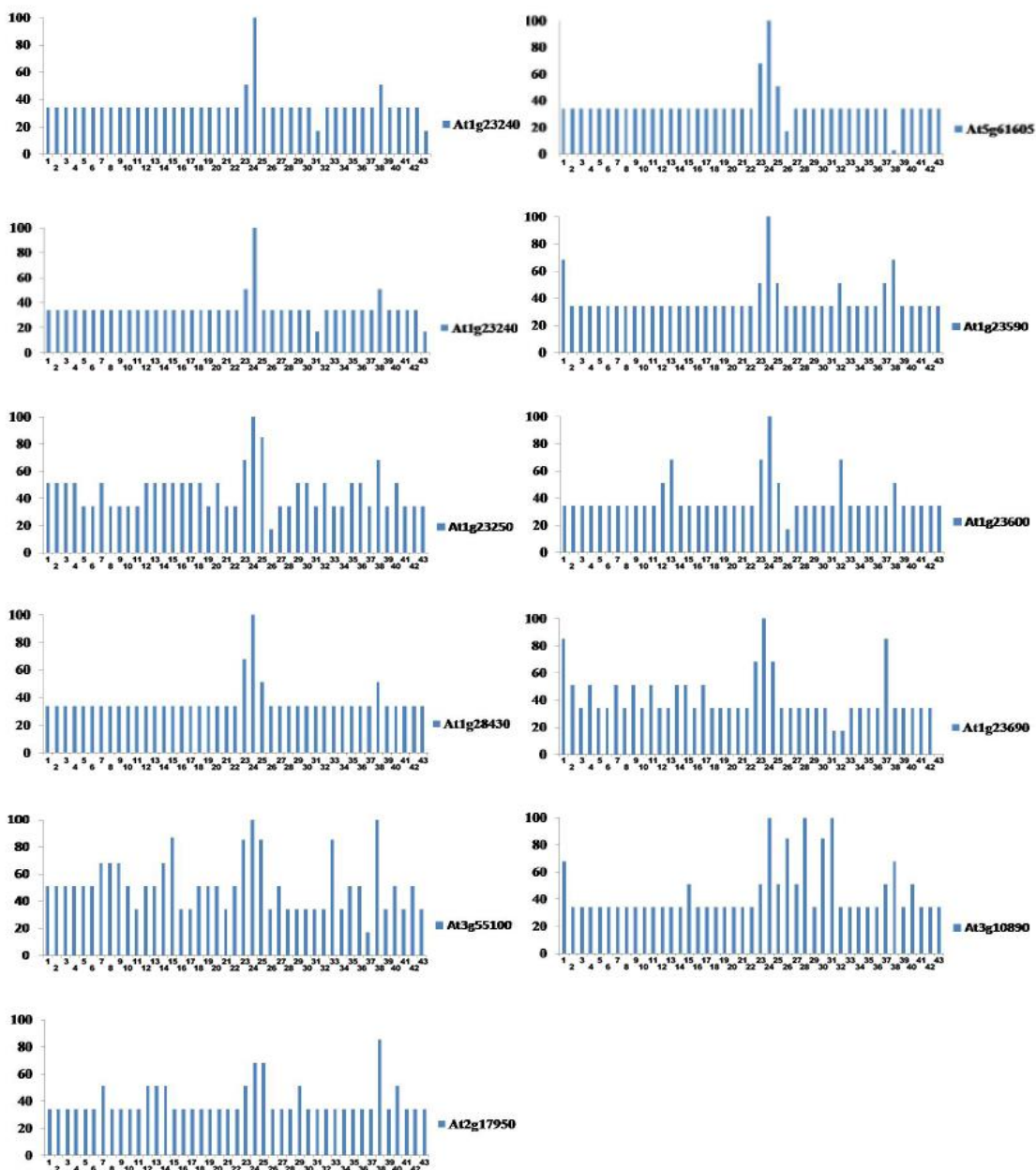
شکل پیوست ۱۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g11920-PLL6* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

جدول پیوست ۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *At1g11920-PLL6* در آرآبیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At3g46340	6.5	Box 4, G-Box, G-box, GATA-motif, l box, Sp1	8	GARE-motif, TCA-element	2	LTR, TC-rich repeats	2
At3g01730	11.1	BOX4, G-Box	2	ARE	1	Skn-1-motif, TC-rich repeats	2
At5g36270	13.4	Box 4, G-box, Sp1, H-box, G-Box, Box 1	9	ABRE, ARE, ERE, HSE, TCA-element	7	TC-rich repeats, Skn-1-motif	2

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هر چه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.





شکل پیوست ۲۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای *At1g30350-PLL7*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

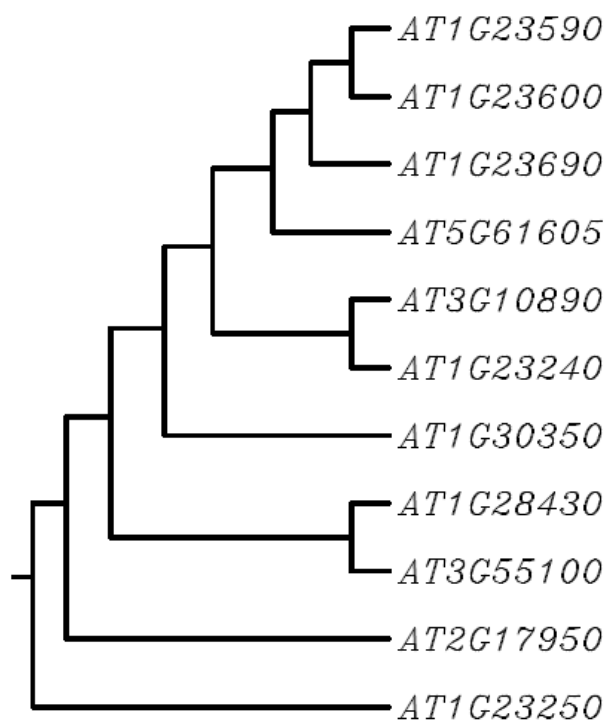
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۱۰: محل بیان ژن *At1g30350-PLL7* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
			24
			24
			24
			24-25
			24
			24
			24
			24
			15-23-25-33-38
			24-26-28-30-31
			38

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

15-root cell, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 28-carpel, 30-ovary, 31-ovule, 33-sepal, 38-phloem, 39-roots.



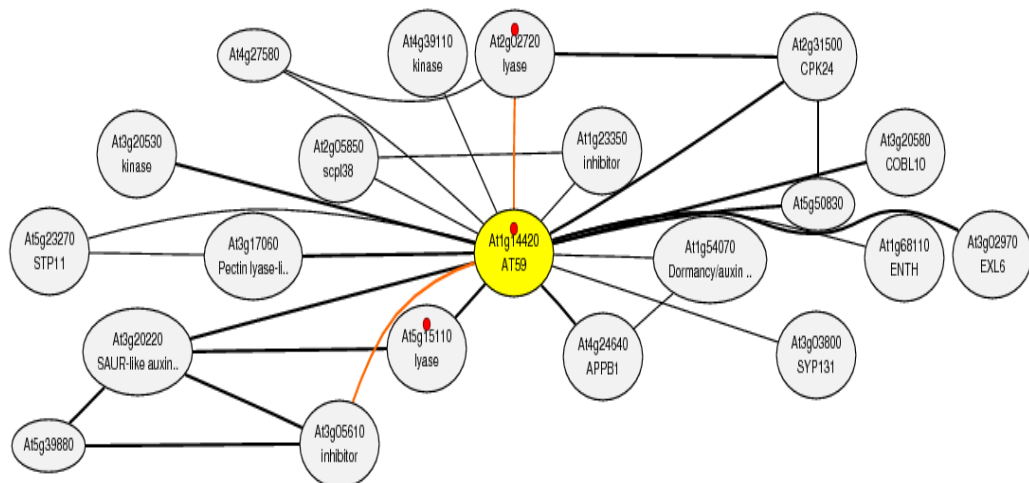
شکل پیوست ۲۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At1g30350-PLL7* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

جدول پیوست ۱۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At1g30350-*PLL7* در آرابیدوپسیس تالیانا

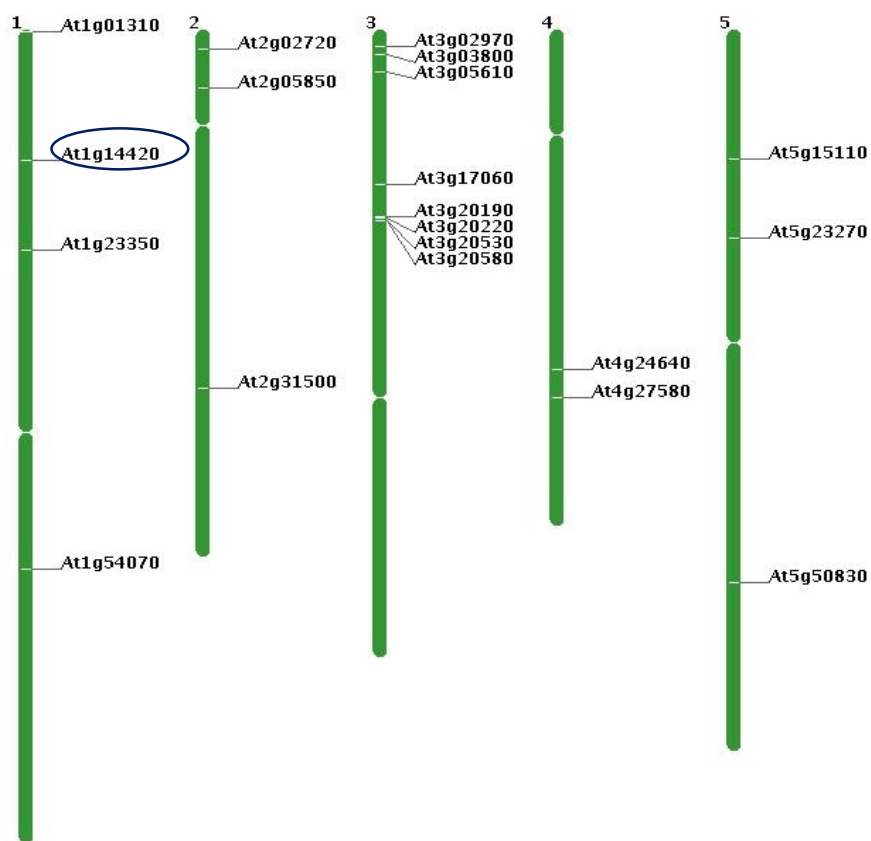
شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At5g61605	2	Box 1, GAG-motif, GT1-motif	3	ARE,HSE, TCA-motif, TGACG-motif	4	MBS, Skn-1-motif, Ry-element	5
At1g23240	2	AE-box, I box, G-box	4	ARE, TGACG-motif	4	MBS, TC-rich repeats	2
At1g23590	2.8	GATA-motif, I-box, G-box	4	TCA-motif, TCACG-motif, CGTCA-motif	3	MBS, O2-site, TC rich repeats	4
At1g23250	3	AE-box, ATCT-motif, Box 1,	4	ERE, TCA-element, TGACG-motif	4	MBS, circadian	3
At1g28430	3	G-box, Box 4	2	ABRE, ARE, CGTCA-motif	4	MBS, TC rich repeats	2
At1g23600	3.2	ATCT-motif, GATA-motif, GT1-motif	3	CGTCA-motif, GARE, motif,	3	Circadian	2
At1g23690	4.4	G-box, Box 1,	3	ARE, GARE-motif, TGACG-motif	4	Circadian,MBS,MRE	3
At3g55100	9.5	ACE, AE-box, Box 4, CATT-motif	5	ABRE, CGTCA-motif, TGA- motif	4	Skn-1-motif, WUN-motif	3
At3g10890	10.2	G-box, Box 1,	5	ABRE, TCA-motif, TGACG-motif	5	TC-rich repeats, Skn-1-motif	2
At2g17950	10.2	GAG-motif	1	TCA-element	1	MBS, TC-rich repeats, Skn-1-motif	4

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

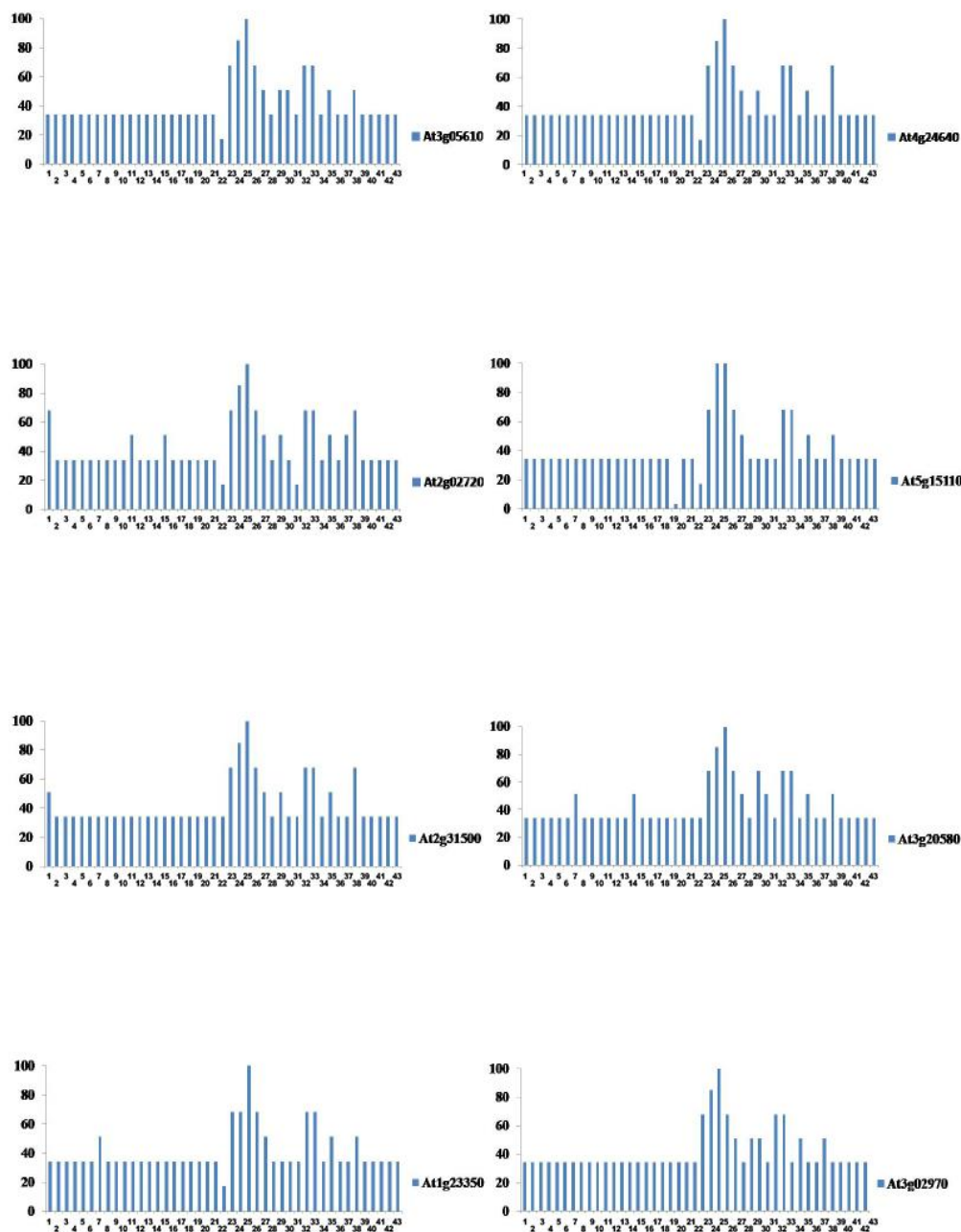




شکل پیوست ۲۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At1g14420-PLL8* بدست آمده از سایت *ATTED-II*. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



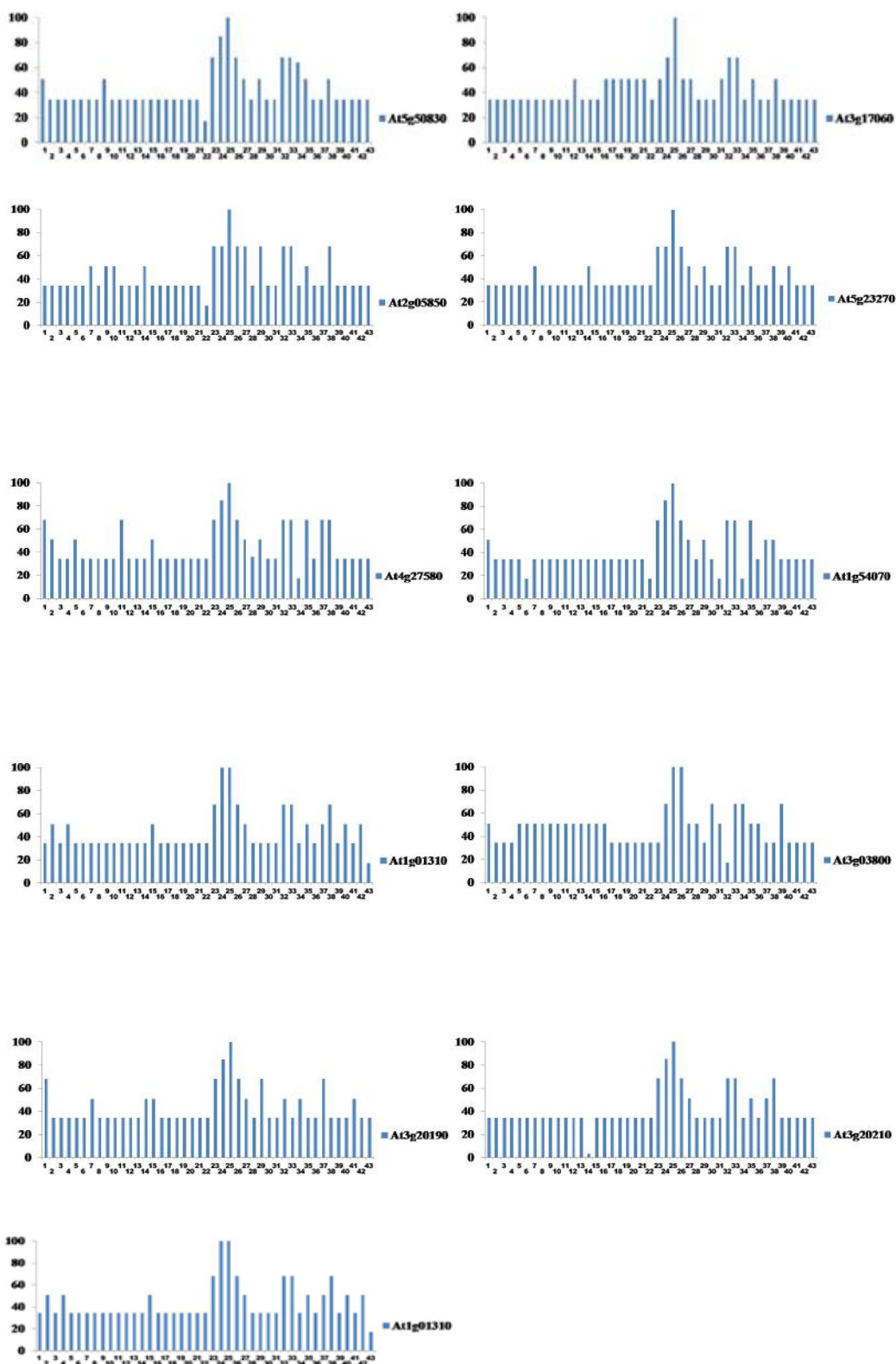
شکل پیوست ۲۳: نقشه کروموزومی ژن *At1g14420-PLL8* و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۲۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At1g14420-PLL8*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

ادامه دارد.



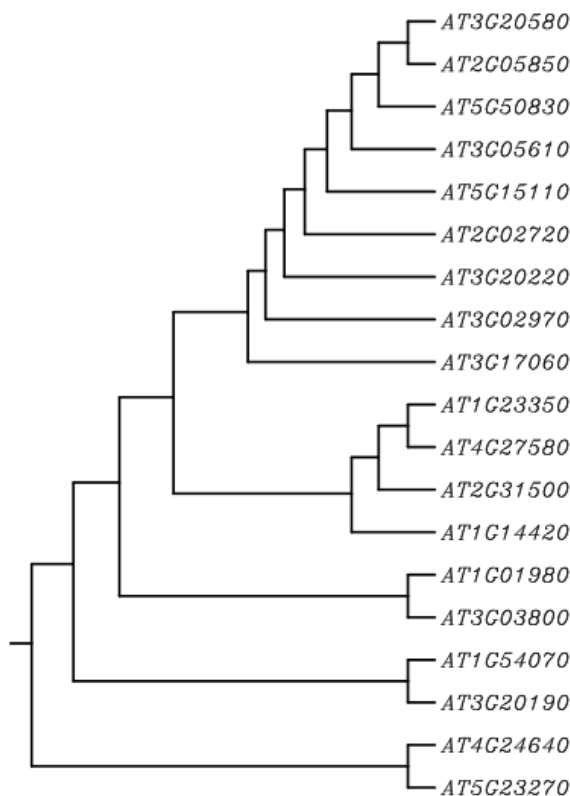
ادامه شکل پیوست ۲۴.

جدول پیوست ۱۲: محل بیان ژن At1g14420-PLL8 و ژن های هم بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت هایی که ژن پکتات لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت هایی که ژن های هم بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At3g05610	24-25
		At4g24640	24-25
		At2g02720	24-25
		At5g15110	24-25
		At2g31500	24-25
		At3g20580	24-25
		At1g23350	25
		At3g02970	24-25
		At2g05850	25
At1g14420	24-25	At5g23270	25
		At4g27580	25
		At1g54070	24-25
		At1g01310	24-25
		At3g03800	25
		At3g20190	24-25
		At3g20210	24-25
		At5g50830	24-25
		At3g17060	25
		At1g01310	24-25

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه های بیان مشترک بین ژن های هم بیان و ژن پکتات لیاز پررنگ تر مشخص شده است.

24-stamen, 25-pollen



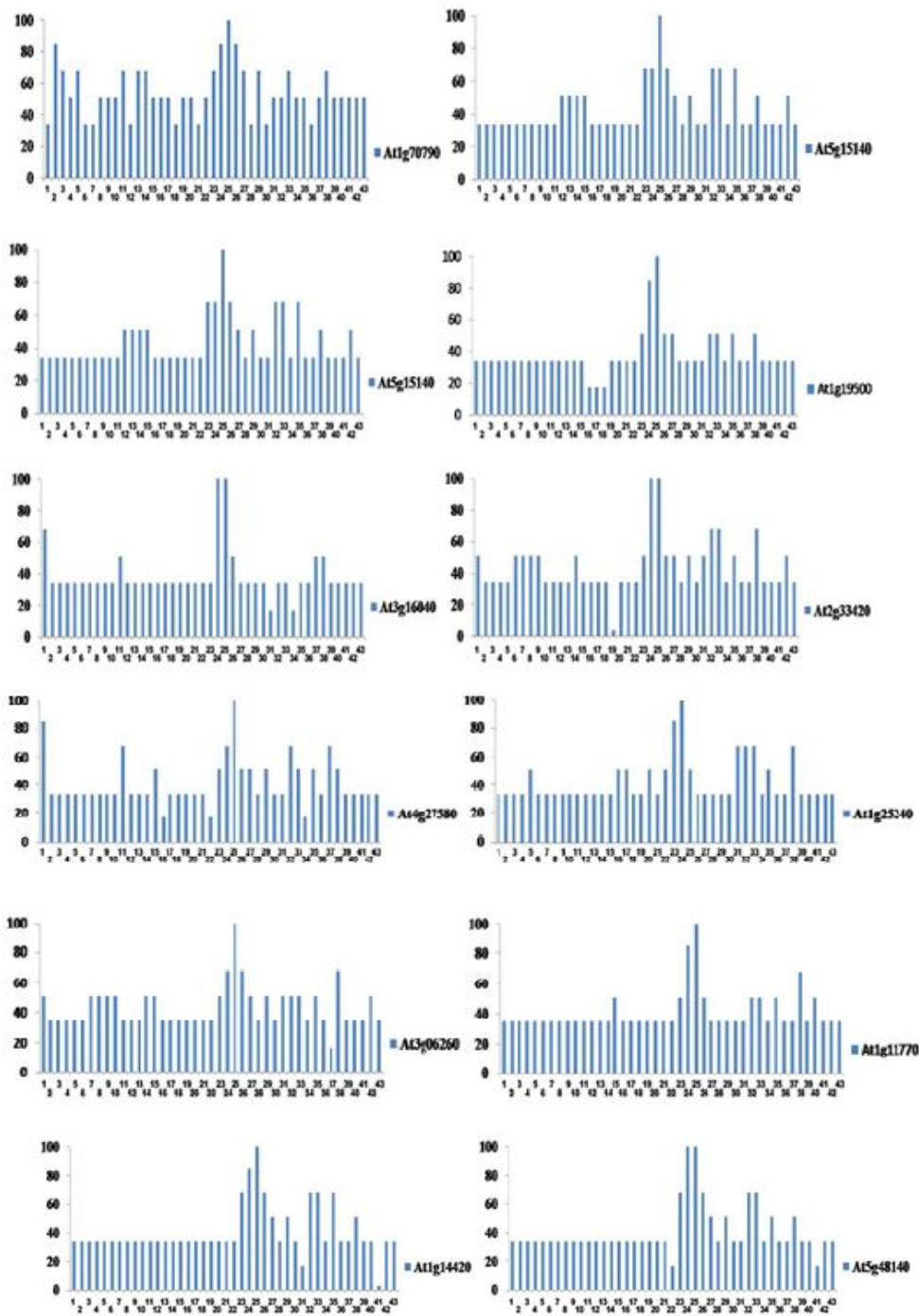
شکل پیوست ۲۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At1g14420-PLL8 و ژن های هم بیان با آن.

جدول پیوست ۱۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At1g14420-*PLL8* در آرایی‌دوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At3g05610	1.4	Box4, BoxI	4	CGTCA-motif, GARE-motif	2	MBS, Skn1-motif	3
At4g24640	1.4	ATCT-motif, Box4, G-box, TCT-motif, rbcS-CAM7a	6	ARE, TCA-element	2	Skn1-motif	1
At2g02720	1.7	Box4, BoxI, MRE	3	ARE, CGTCA-motif, GARE-motif, HSE	4	MBS, circadian	3
At5g15110	2.2	AE-box, MRE, TCT-motif	4	ARE, TATC-box	2	LTR, TC-rich repeats	2
At2g31500	2.5	Box4	1	GARE-motif, TGACG-motif	2	GCN4-motif, LTR, TC-rich repeats	3
At3g20580	2.6	BoxI, GA-motif, GT1-motif, TCCC-motif	3	ARE, CGTCA-motif, GARE-motif, HSE	5	LTR, RY-element, Skn-1 motif, circadian	8
At3g20220	2.8	CAG-motif, GAG-motif, TCT-motif, GT1-motif, chs-CMA2a	5	TGACG-motif	1	MBS, circadian	3
At1g01980	3	Box 4, Box I, G-Box, G-box, GAG-motif, GATA-motif, GT1-motif, I-box	10	GARE-motif, TATC-box	3	MBS, TC-rich repeats, circadian	4
At3g02970	3.2	GT1-motif, G-box, I-box, Sp1	3	ABRE, ARE	3	O2-site, Skn-1-motif	2
At5g50830	4	Box4, GAG-motif, chs-CMA1a	8		0	GCN4-motif, Skn-1-motif, circadian	4
At3g17060	4.5	Box4, BoxIII, Sp1, ATCT-motif	7	CGTCA-motif, TGACG-motif	2	MBS, TC-rich repeats, circadian	4
At3g20530	4.7	Box4	1	TCA-element, TGACG-motif	3	Circadian, Skn-1-motif	2
At5g23270	6.3	Box4	2	TCA-element	1	LTR, circadian	2
At4g27580	7.2	AE-box, BoxI, as-2-box	3	GARE-motif, TCA-element	3	O2-site, Skn-1-motif	3
At1g23350	7.9	AE-box, BoxI, ATCT-motif, ATC-motif, MNF1	5	CGTCA-motif, ERE, TCA-element, TGACG-motif	4	Circadian, MBS	3
At2g05850	8.4	ATCT-motif, Box I	2		0	TC-rich repeats, Skn-1-motif	3

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.





شکل پیوست ۲۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At2g02720-PLL9*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

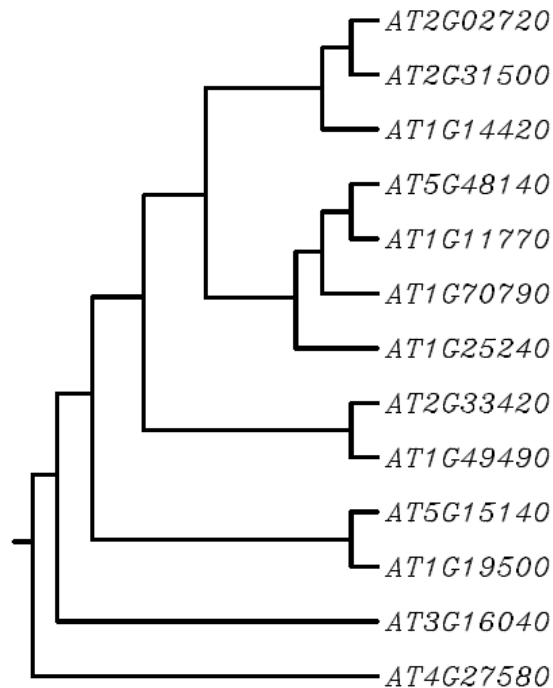
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۱۴: محل بیان ژن At2g02720-PLL9 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
			At1g14420	24-25
			At5g48140	24-25
			At3g06260	25
			At1g11770	24-25
			At1g25240	23-24
	24-25		At4g27580	1-26
At2g02720			At2g33420	24-25
			At3g16040	24-25
			At1g19500	24-25
			At5g15140	25
			At1g49490	1-25
			At1g70790	2-24-25-26

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone



شکل پیوست ۲۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At2g02720-PLL9 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

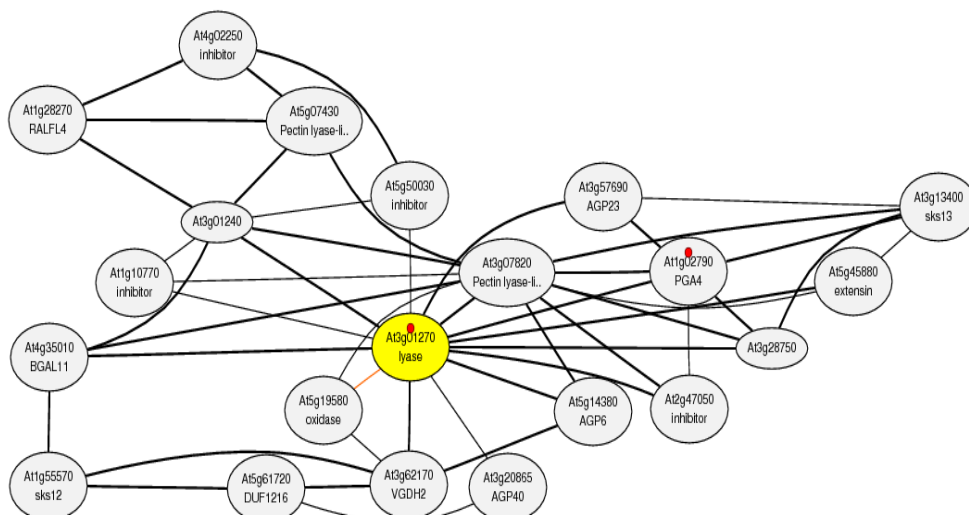


جدول پیوست ۱۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At2g02720-PLL9 در آراییدوپسیس

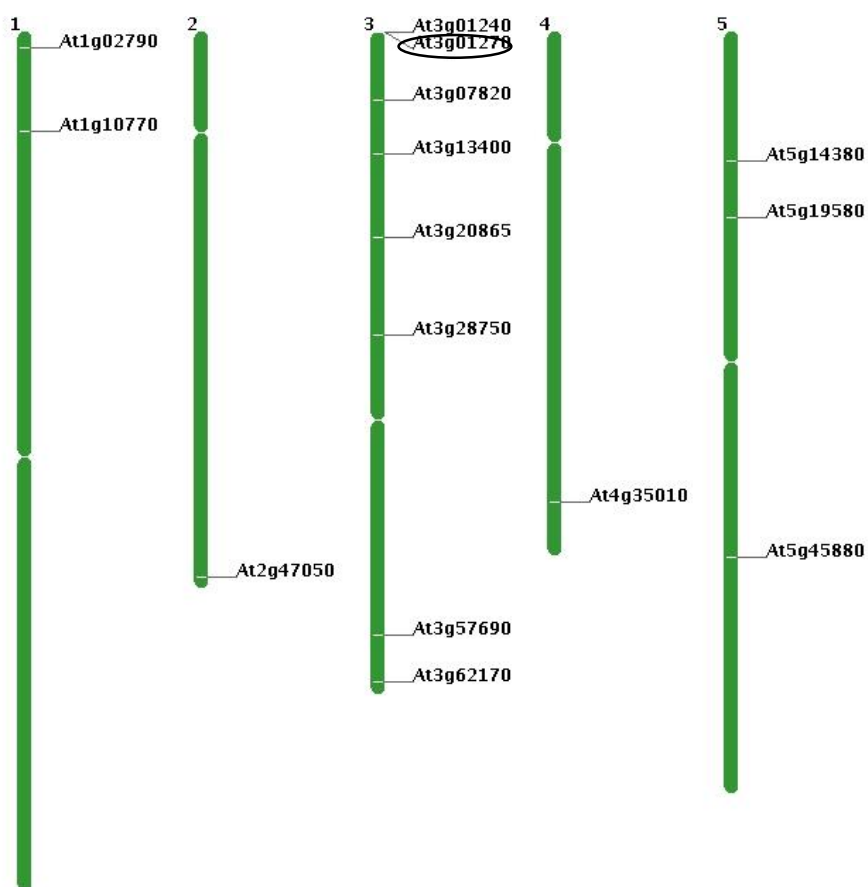
تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g14420	1.7	ACE,AE-box, ATCC-motif, Box 4, CG-motif, G- box,GAG-motif, l box, sp1, rbcS- CMA7a	12	CGTCA-motif, TCA- element,	2	MBS, Skn-1-motif, circadian	4
At5g48140	2	ACE, AE-box,G- Box,G-box, Box 4, l box	11	TCA-element, HSE	3	MBS, circadian, GCN4- motif,	4
At2g31500	2.5	Box4	1	GARE-motif, TGACG- motif	2	LTR, GCN4-motif, TC- rich repeats,	3
At1g11770	3	ATCT-motif, Box4, GA motif, MRE, ACE, AT1-motif, Box 4, G-Box, G box, MNF1, MRE,	5	ARE	1	LTR,MBS,Skn-1-motif, circadian	5
At1g25240	7.2	Box 4, G-Box, G box, MNF1, MRE, TCT-element 5UTR Py-rich	9	ABRE, ARE, TCA- element,	3	MBS,MBS1, circadian	3
At4g27580	9.2	stretch, AE-box, Box 1, as-2-box 5UTR Py-rich	4	TCA-element, GARE- motif	3	O2-site, Skn-1-motif,	2
At2g33420	12.2	stretch, CATT- motif, TCT motif, ACE,AE-box,G- Box,G-box, GAG- motif, as-2-box 5UTR Py-rich	4	TGACG-motif,	1	TC-rich repeats, circadian	2
At3g16040	13.1	Box,G-box, GAG- motif, as-2-box 5UTR Py-rich	8	ABRE,	1		0
At1g19500	13.4	stretch, ATCT-motif, Box4, G box, Box 4, Box 1, as-2- box	6	ARE	1	MBS	1
At5g15140	15.6	Box 4, Box 1, as-2- box	4	CGTCA-motif, ERE,	1	O2-site, Skn-1-motif, TC-rich repeats	4
At1g49490	17.4	Box 4, Box 1,	4	CGTCA-motif, TGA- element	2	GCN4-motif, Skn-1- motif, TC-rich repeats,	3
At1g70790	33.7	Box 4, Box 1, G-Box, G box, MRE,	6	ERE, GARE-motif,	2	MBS,circadian	2

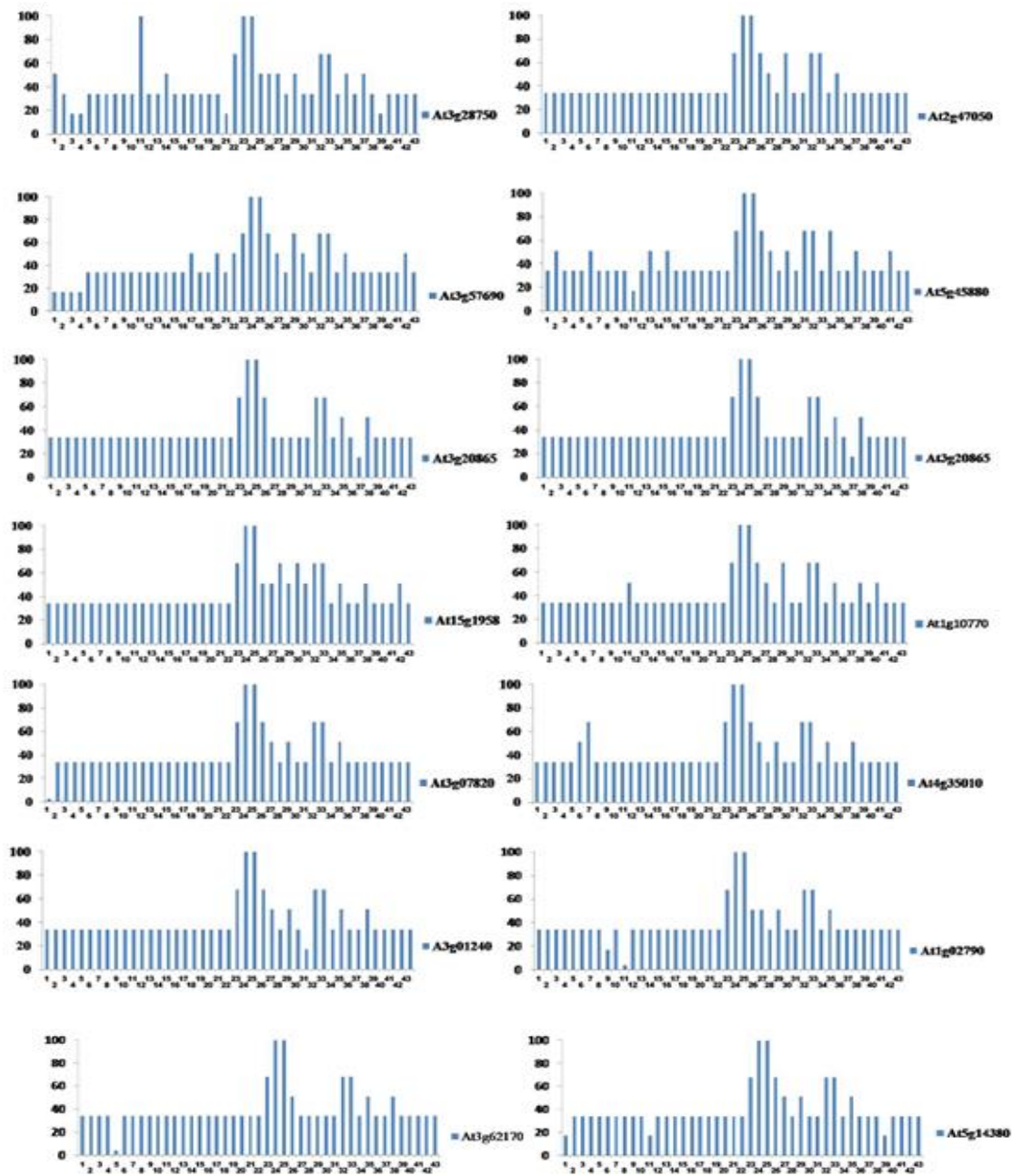
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۳۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن *At3g01270-PLL10* بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۳۱: نقشه کروموزومی ژن *At3g01270-PLL10* و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۳۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At3g01270-PLL10*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

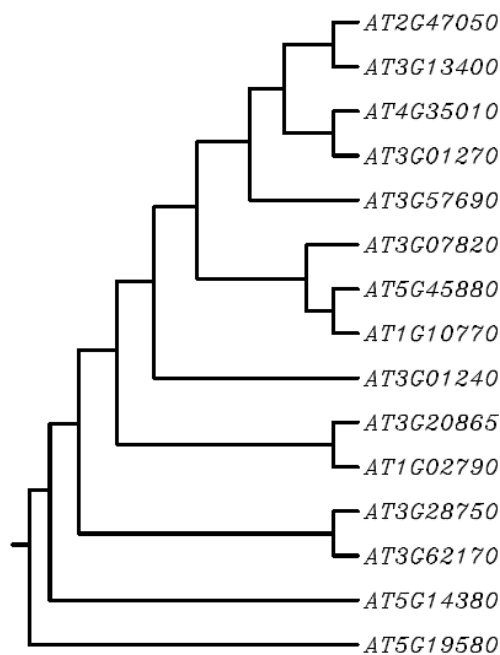
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۱۶: محل بیان ژن *At3g01270-PLL10* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		24-25	At3g07820
		24-25	At4g35010
		24-25	At3g01240
		24-25	At1g02790
		24-25	At3g62170
		24-25	At5g14380
		24-25	At3g28750
	24-25	24-25	At2g47050
At3g01270		24-25	At3g57690
		24-25	At5g45880
		24-25	At3g13400
		24-25	At3g20865
		24-25	At15g1958
		24-25	At1g10770

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

24-stamen, 25-pollen

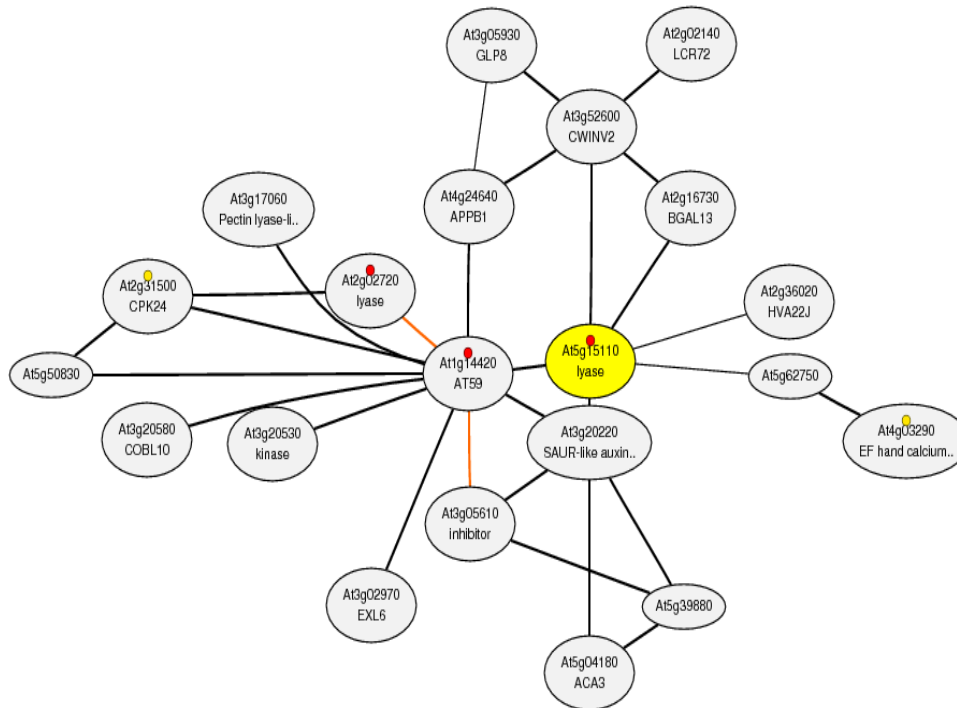


شکل پیوست ۳۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g01270-PLL10* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

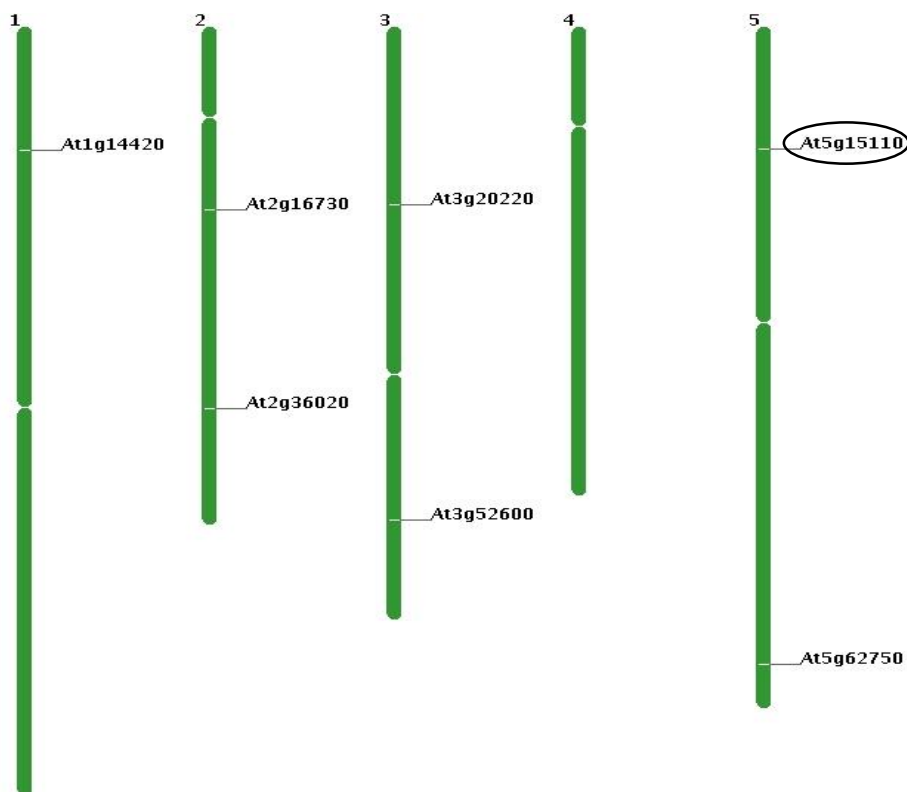
جدول پیوست ۱۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیمان با ژن At3g01270-PPL10 در آراییدوپسیس تالیانا.

شماره دسترس	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
A3g07820	1	Box4, Box 1, CATT- motif, G-box, ACE,	9	HSE, , TCA-element, TGA- element, TGACG,motif	4	Ry-element	1
At4g35010	2	Box 1, GAG-motif,	2	ARE, HSE, TGA-element	5	GCN4-motif, Skn-1- motif	2
At3g01240	2	G-Box, G-Box,CATT- motif	3	CGTCA-motif	1	Skn-1-motif, TC-rich repeats, circadian	4
At1g02790	2.5	AE-box, ATCT-motif, G-Box, G-box, GAG- motif, I-box	6	TGACG-motif, ABRE, CGTCA-motif	4	O2-site	2
At3g62170	2.8	TCCC-motif, TCT- motif	2	ABRE, ARE, CGTCA- motif, TGA-element	6	MBS, Skn-1-motif, circadian	4
At5g14380	3	G-Box, chs-unit 1 m1, TCT-motif, GA-motif	6	ABRE,ARE, HSE, TCA- element	6	GCN4-motif, Skn-1- motif, circadian, TC- rich repeats	5
At3g28750	3.2	Sp1, TCT-motif	2	HSE	1		0
At2g47050	3.5	TCT-motif, Box4, Box 1, LAMP-element	8	HSE	1	TC-rich repeats	1
At3g57690	4.5	ATCT-motif, Box 4,Sp1	4	TGACG-motif, CGTCA- motif, GARE-motif	3	TC-rich repeats, Skn- 1-motif	4
At5g45880	4.7	ACE, Box4, G-box	3		0	MBS, Skn-1-motif	6
At3g13400	5.5	Box 4, LAMP- element, GA-motif	5	TCA-element	1	Skn-1-motif	1
At3g20865	5.7	AE-box, ATCT-motif, Box 1, Sp1, as-2-box ACE, Box4, Box 1, G- Box, G-box, GAG- motif, I-box, TCT- motif, GT1-motif	5	ARE,HSE	2	Circadian, TC-rich repeats, Skn-1-motif	3
At5g19580	6.2	rbcS-CMA7a, Box 4, Box 1	11	ARE, CGTCA-motif	3	Skn-1-motif, TC-rich repeats	3
At1g10770	8.7		3	ERE,	1	TC-rich repeats	1

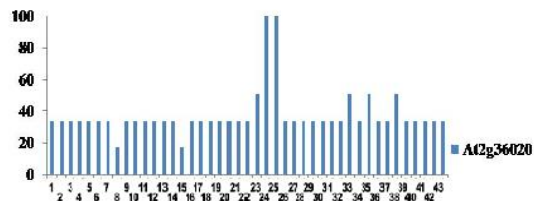
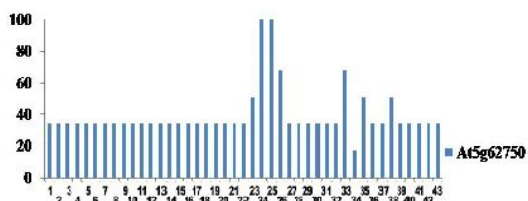
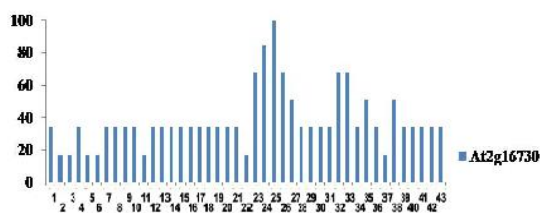
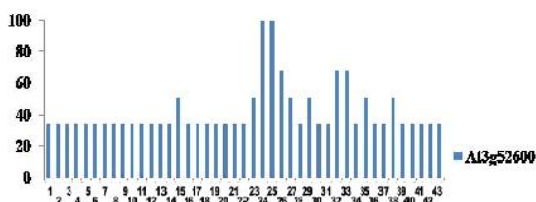
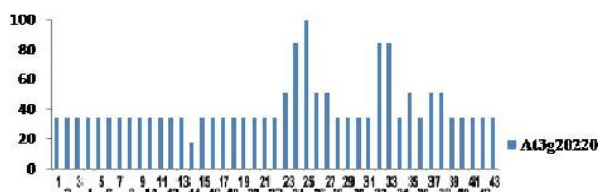
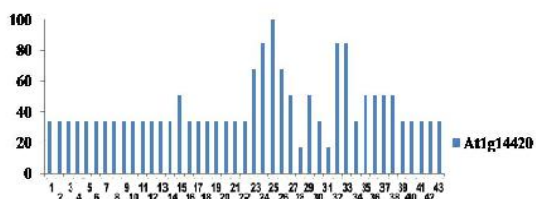
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیمان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۳۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At5g15110-PLL11 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۳۵: نقشه کروموزومی ژن At5g15110-PLL11 و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۳۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At5g15110-PLL11. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

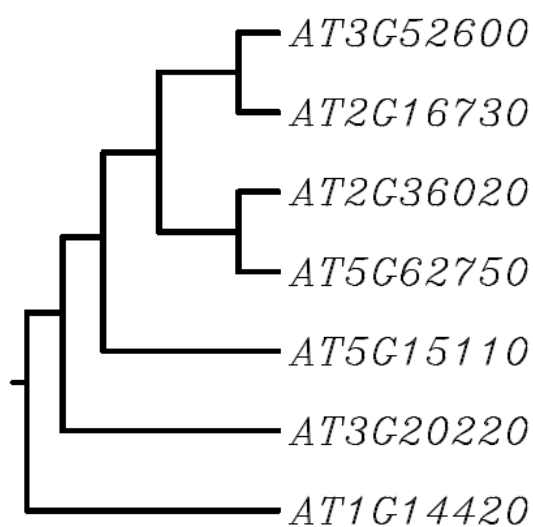
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۱۸: محل بیان ژن At5g15110-PLL11 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
			24-25-32-33
			24-25-32-33
			24-25
At5g15110	24-25	At1g14420	
		At3g20220	
		At3g52600	
		At2g16730	
		At5g62750	
		At2g36020	

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

24-stamen, 25-pollen, 32-petal, 33-sepal.



شکل پیوست ۳۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At5g15110-PLL11 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



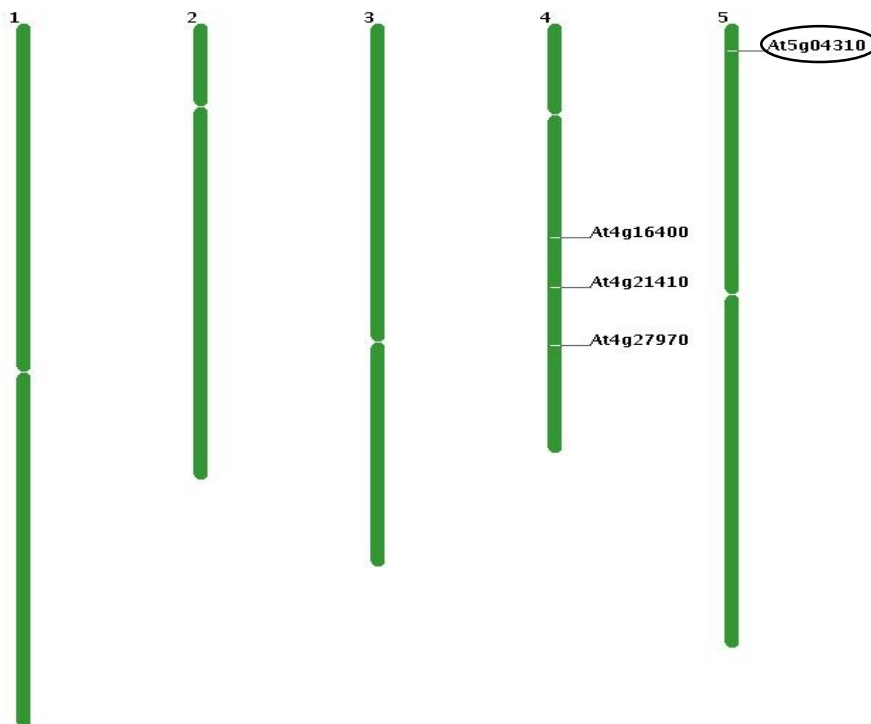
جدول پیوست ۱۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ bp بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن AT5g15110 در آراییدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g14420	2.2	ACE, AE-box, ATCC-motif, Box4, CG-motif, G-box, GAG-motif, L-box, Sp1, rbcS-CMA7a	12	TCA element, CGTCA-motif	2	MBS, Skn-1-motif, circadian	4
At3g20220	2.8	CAG-motif, GT1-motif, TCT-motif, chs-CMA2a	5	TGACG-motif	1	Circadian, MBS	3
At3g52600	2.8	Box I, GAG-motif, I-box, rbcS-CMA7a	11		0	TC-rich repeats, circadian	3
At2g16730	4.9	G-box, Box4, GT1-motif, GA-motif, chs-CMA1a	6	ABRE, ARE, CGTCA-motif, HSE, TCA-element,	8	MBS, Skn-1-motif, RY-element	4
At5g62750	8.9	ACE, AE-box, Box 4, G-Box, TCCC-motif	5	ARE, TGACG-motif	2	TC-rich repeats	1
At2g36020	16.4	ACE, Box4, Box I, TCT-motif	6	ERE, TGACG-motif, TCA-element	3	MBS, TC-rich repeats	3

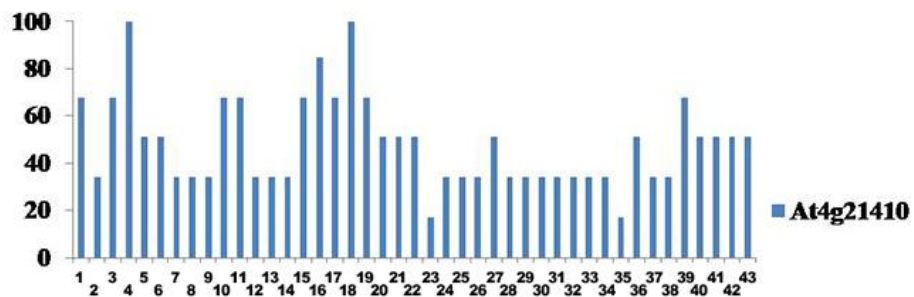
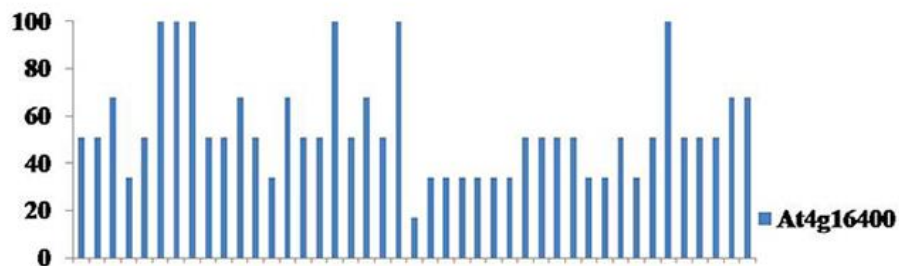
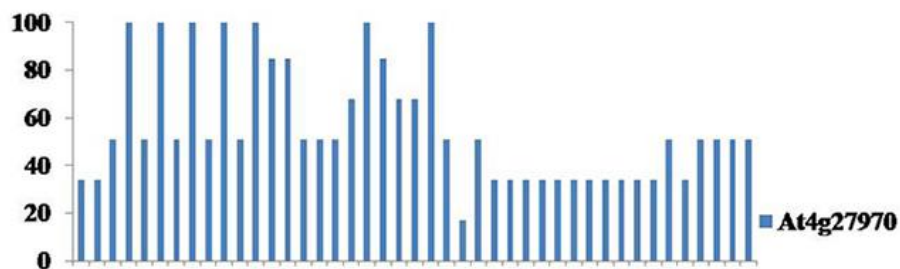
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۳۸: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At5g04310-PLL12 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۳۹: نقشه کروموزومی ژن At5g04310-PLL12 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۴۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن *At5g04310-PLL12*. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

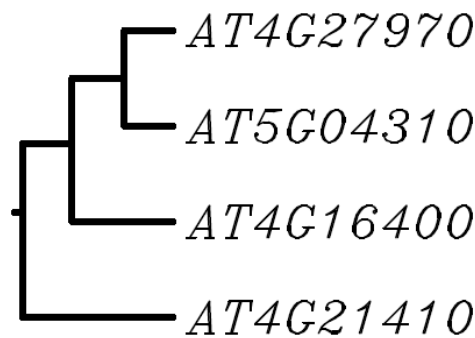
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۲۰: محل بیان ژن At5g04310-PLL12 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At5g04310	6-7	At4g27970	4-6-8-10-12-13-14-19-20-23
		At4g16400	6-7-8-17-21-38
		At4g21410	4-16-18

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

4-root endodermis and quiescent center protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 23-flower, 38-phloem,

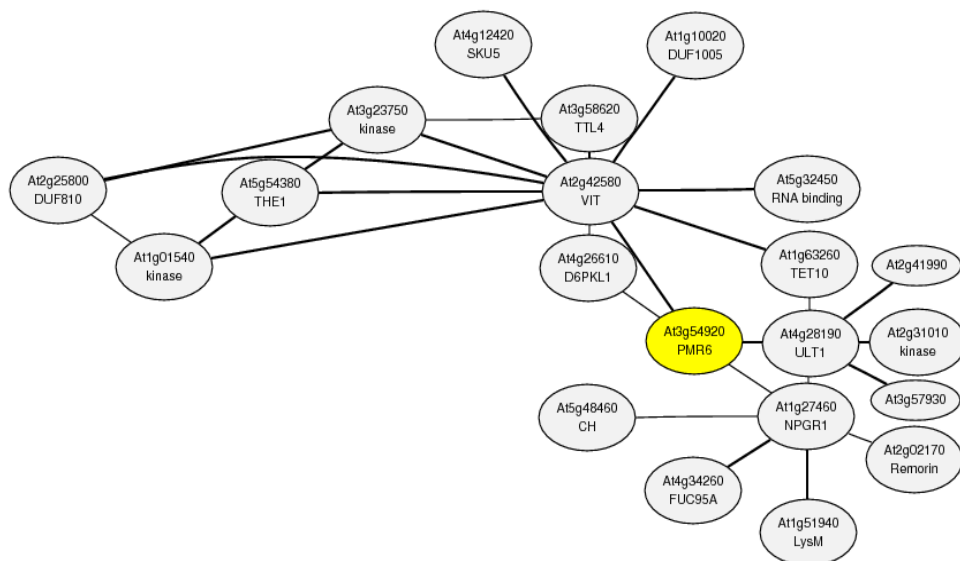


شکل پیوست ۴۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At5g04310-PLL12 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

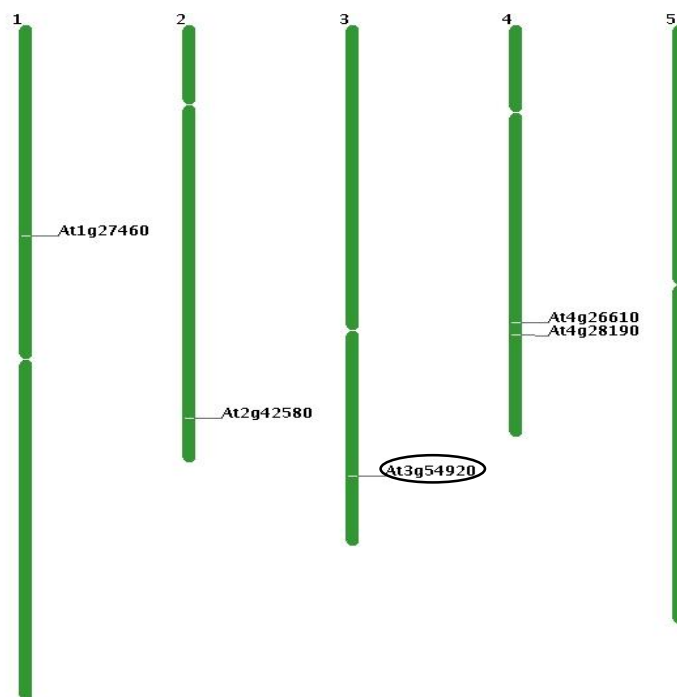
جدول پیوست ۲۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن AT5G04310-PPL12 در آراییدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At4g27970	3.5	ACE, BoxI, GT1-motif, TCT-motif, chs-CMA2a	5	TGACG-motif, ABRE, ARE	4	MBS, TC-rich repeats,	3
At4g16400	7.5	AAAC-motif, G-Box, G-box, I box, Sp1, chs-CMA2a	۷	TCA-element, ARE	2	GCN4-motif, MBS,	2
At4g21410	9.3	ATC-motif, Box4, CATT-motif, GT1-motif, rbcS-CMA7a	6	TGA-element, ARE	3	O2-site, TC-rich repeats	2

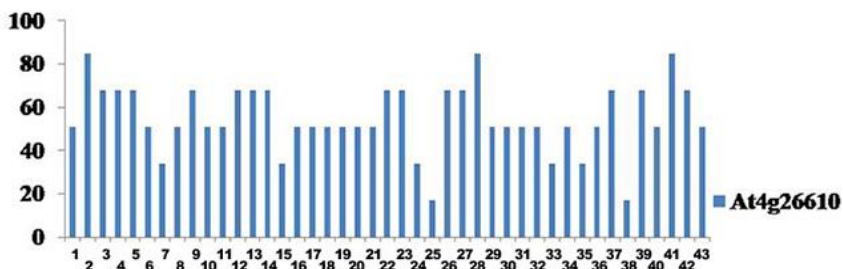
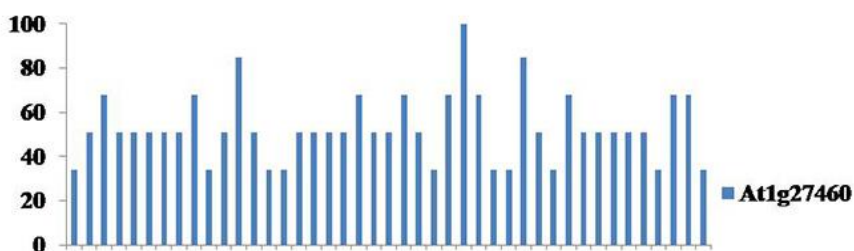
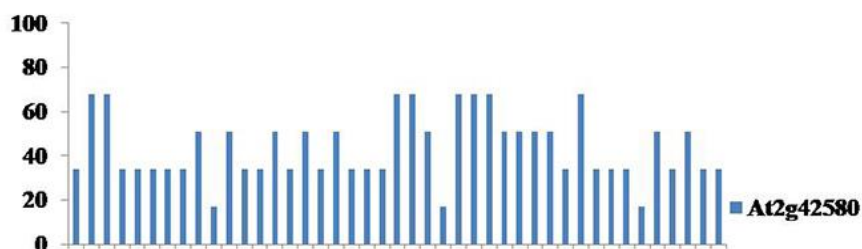
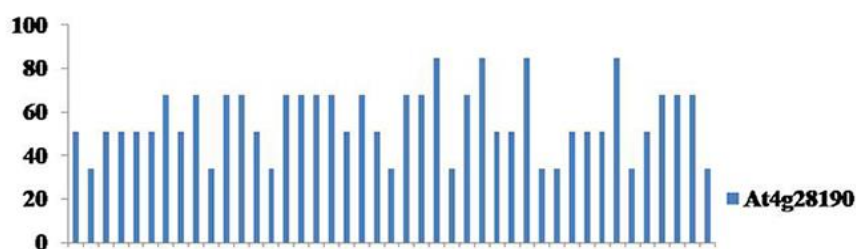
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم-بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۴۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At3g54920-PLL13 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۴۳: نقشه کروموزومی ژن At3g54920-PLL13 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۴۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g54920-PLL13. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

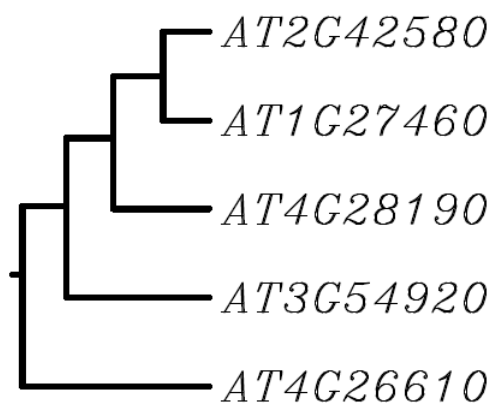
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۲۲: محل بیان ژن At3g54920-PLL13 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At3g54920	3-27-28-31	At4g28190	25-31-37
		At2g42580	-
		At1g27460	12-27-31
		At4g26610	2-28-41

:- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند. هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 25-pollen, 27-pistil, 28-carpel, 31-ovule, 37-embryo, 41-root tip,

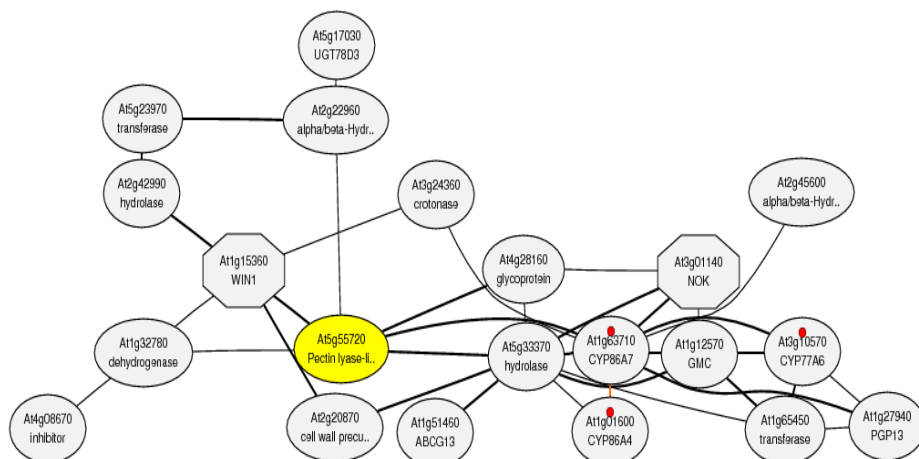


شکل پیوست ۴۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At3g54920-PLL13 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

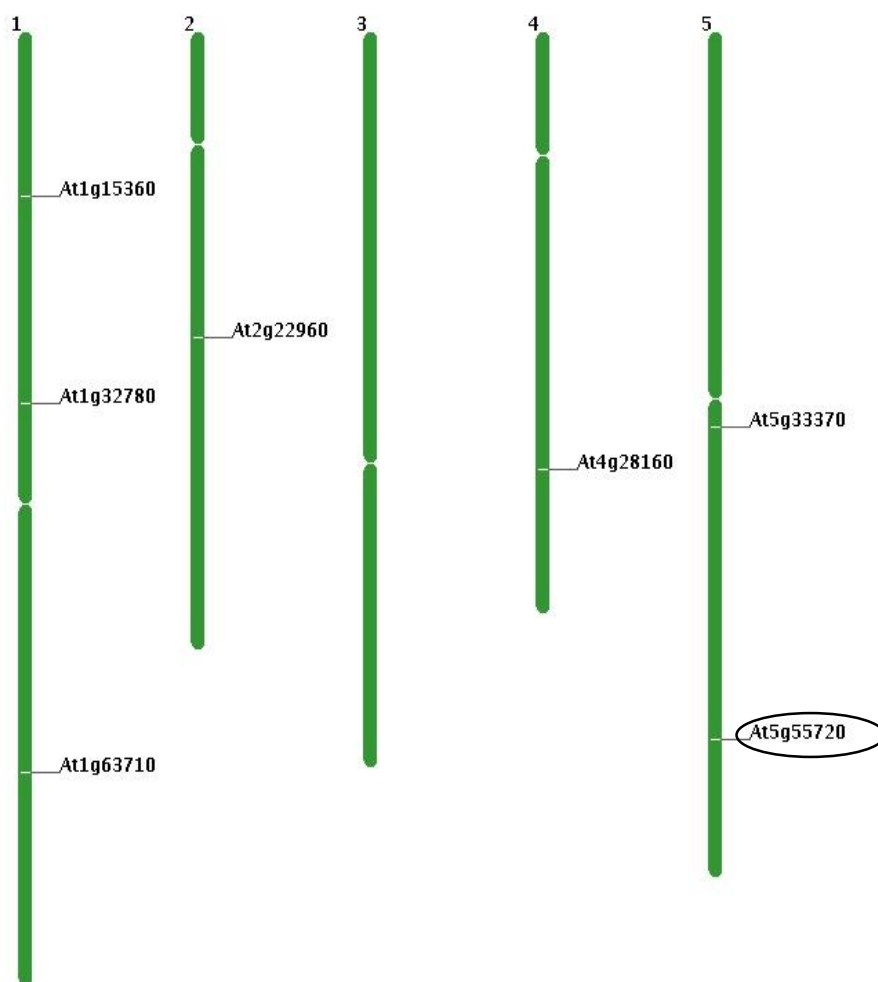
جدول پیوست ۲۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g54920 در آرآبیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At4g28190	1.7	GAG-motif, MRE	1	ARE, CGTCA-motif, TGACG-motif	4	Skn-1-motif, TC-rich repeats	3
At2g42580	1.7	Box4, GT1-motif, MNF1	8	CGTCA-motif, GARE-motif, HSE, TGA-element,	6	Skn-1-motif, TC-rich repeats	3
At1g27460	7.3	Box4, TCT-motif	2	ARE, GARE-motif	3		0
At4g26610	11.2	AE-box, Box4, G-box, GAG-motif LAMP-element	5	TGACG-motif, HSE, TCA-element	3	MBS, Skn-1-motif	2

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

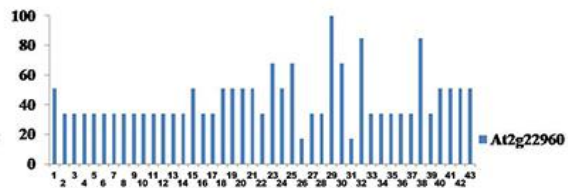
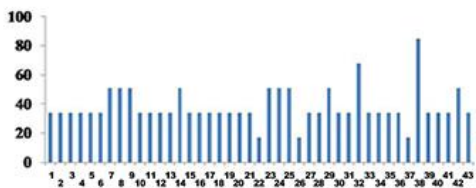
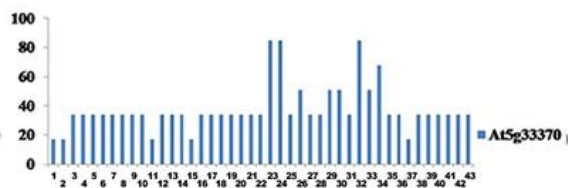
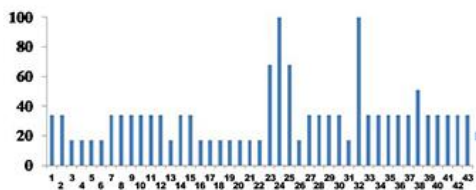
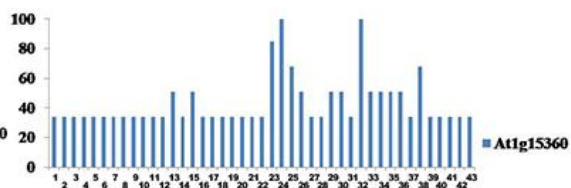
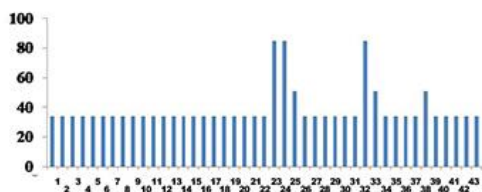


شکل پیوست ۴۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At5g55720-PLL14 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۴۷: نقشه کروموزومی ژن At5g55720-PLL14 و ژن‌های هم‌بیان با آن.





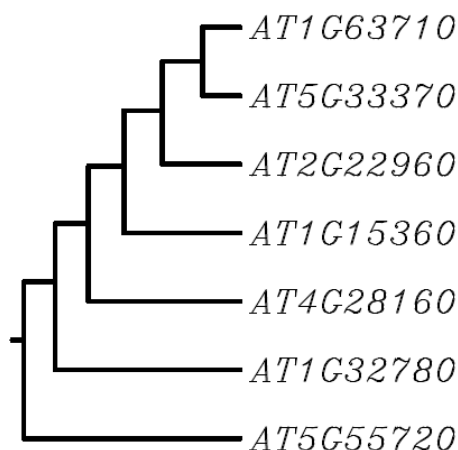
شکل پیوست ۴۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At5g55720-PLL14. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۲۴: محل بیان ژن *At5g57720-PLL14* و ژن‌های هم‌بیان با آن .

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At5g55720	-	At1g63710	23-24-32
	-	At1g15360	23-24-32
	-	At1g32780	24-32
	-	At5g33370	23-24
	-	At4g28160	38
	-	At2g22960	29-32-38

- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.  
23-flower, 24-stamen, 29-stigma32-petal, 33-sepal, 38-phloem,

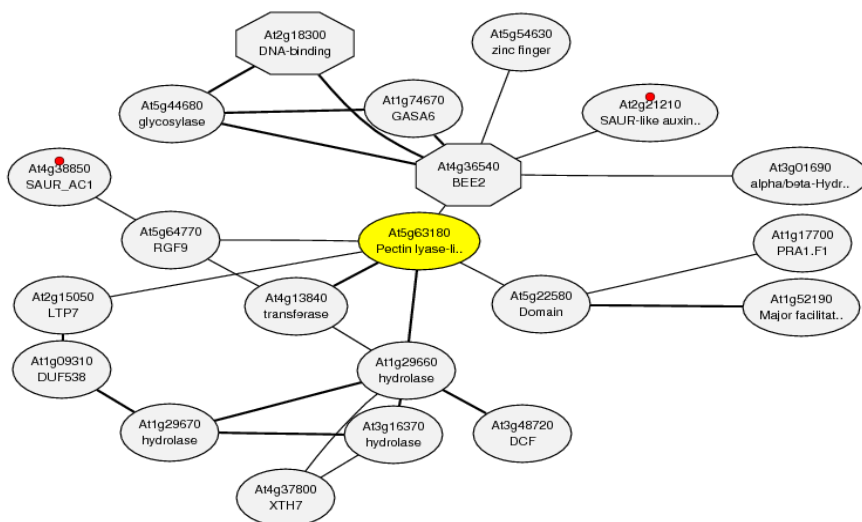


شکل پیوست ۴۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At5g55720-PLL14* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

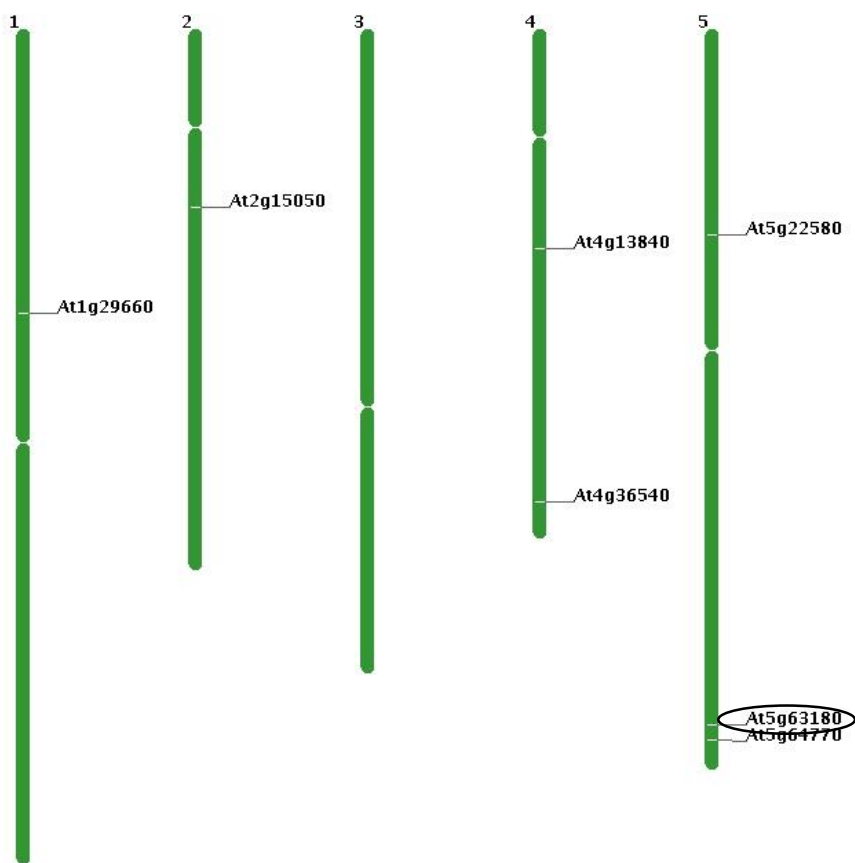
جدول پیوست ۲۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن *AT5g55720-PLL14* در آرآبیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g63710	1.4	AAAC-motif, Box4, BoxII, GATA-motif,	6	TCA-element	1	TCA-rich repeats, Skn-1-motif	2
At1g15360	3	Box4, G-box, as-2-box	4	ABRE, CGTCA-motif, GARE-motif	3	O2-site, RY-element	2
At5g33370	3.2	Box4, TCT-motif, TCCC-motif, as-2-box	5	ARE	1	GCN4-motif	1
At4g28160	4.6	BoxI, G-Box, TCT-motif	3	ARE, GARE-motif, TCA-element	4	MBS, O2-site, TCA-rich repeats	4
At2g22960	6.8	Box4	4	TCA-element	1	LTR, O2-site, circadian	3
At1g32780	13.4	Box4, BoxI, GAG-motif, CATT-motif, TCT-motif	5	ARE, TCA-element, TGACG-motif,	9	O2-site, TCA-rich repeats, Skn-1-motif	3

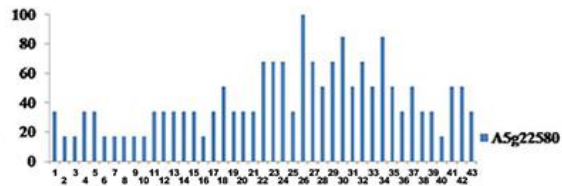
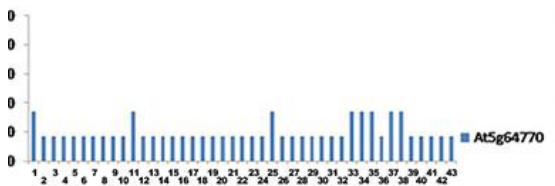
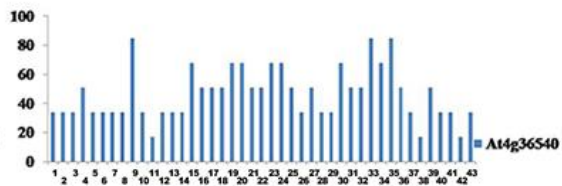
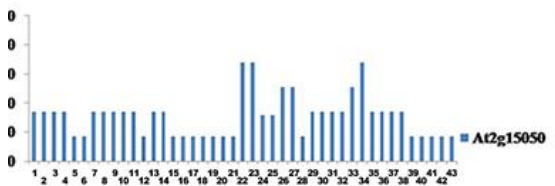
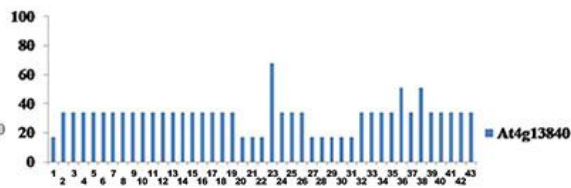
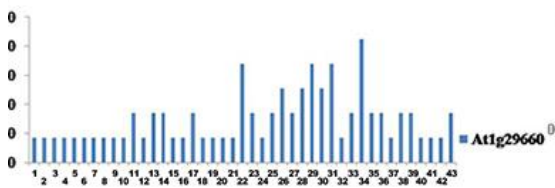
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۵۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At5g63180-PLL15 بدست آمده از سایت ATTED-II خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۵۱: نقشه کروموزومی ژن At5g63180-PLL15 و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۵۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن AT5G63180-PLL15. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

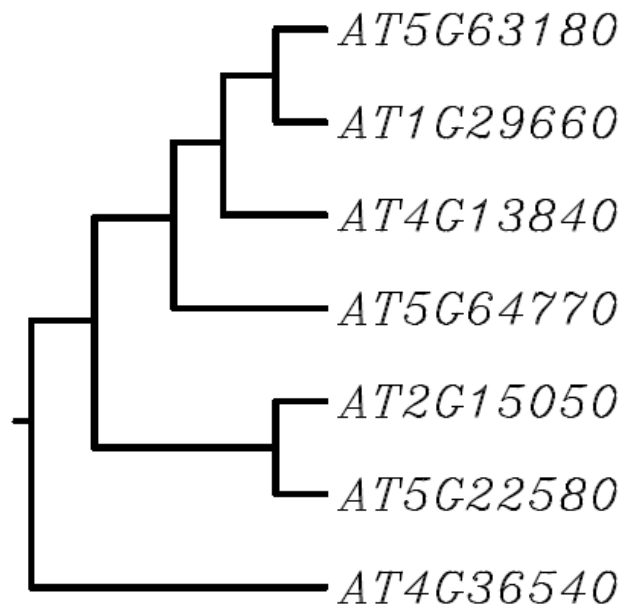
جدول پیوست ۲۶: محل بیان ژن At5g63180-PLL15 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At1g29660	34
		At4g13840	-
		At2g15050	-
At5g63180	-	At4g36540	9-33-35
		At5g64770	-
		A5g22580	26-34

-: ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است.

9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 26-abscission zone, 33-sepal, 35-silique,

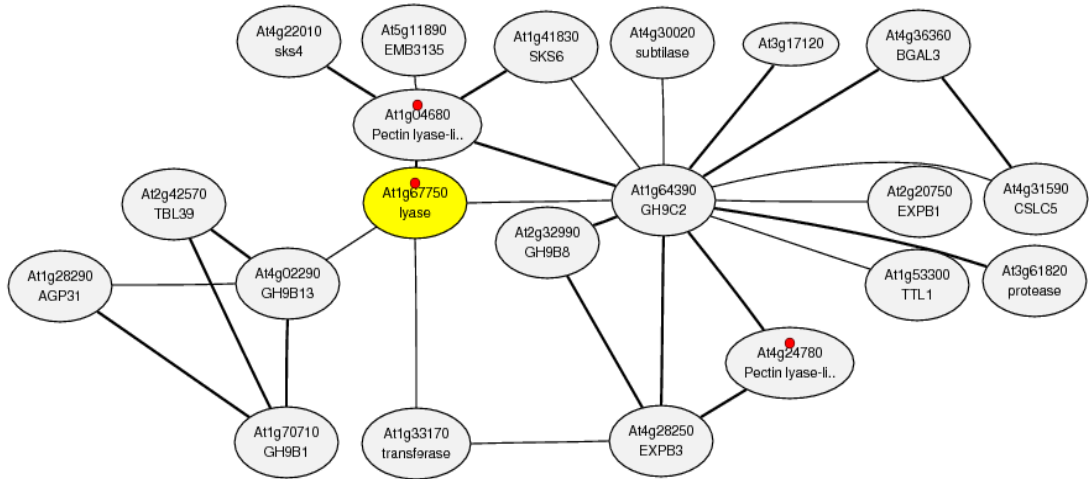


شکل پیوست ۵۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At5g63180-PLL15 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

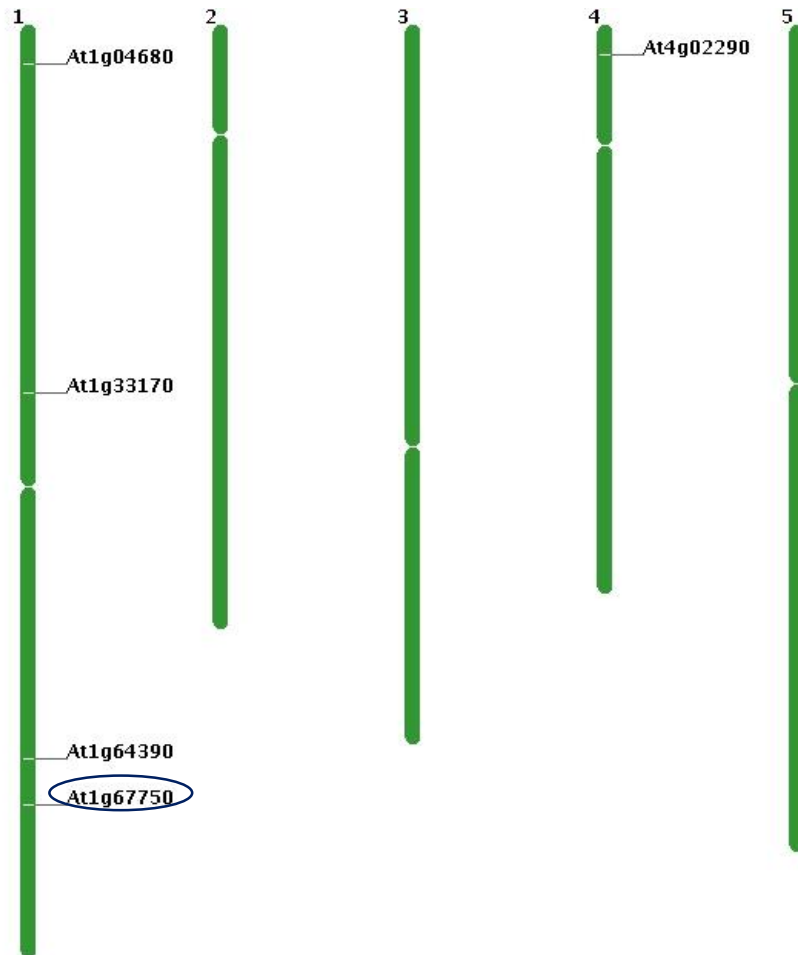
جدول پیوست ۲۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن AT5g63180 در آرایی‌دوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g29660	1.7	G-Box, Box4, GATA-motif, MRE, Sp1, TCT-motif	6	ABRE, HSE	2	TCA-rich repeats, Skn-1-motif, LTR, circadian	6
At4g13840	2.5	ATCT-motif, G-box, TCT-motif	6	ABRE, CGTCA-motif, ARE	7	Skn-1-motif, TCA-rich repeats, circadian	8
At4g36540	5.1	Box4, G-Box, G-box, GA-motif, GATA-motif, TCT-motif	6	CGTCA-motif	1	Skn-1-motif, TCA-rich repeats, circadian	4
At2g15050	8.8	Box4	1	GARE-motif, HSE, TGACG-motif	3	LTR, Skn-1-motif, TCA-rich repeats, O2-site, RY-element	5
At5g64770	11.6	Box4, GT1-motif, TCT-motif	6	ARE, CGTCA-motif, TATC-box, TCA-element	6	LTR, Skn-1-motif, WUN-motif, circadian	4
At5g22580	12	ACE, AE-box, G-box, sp1, MRE	6	ABRE, CGTCA-motif, ERE	4	Skn-1-motif, MBS	2

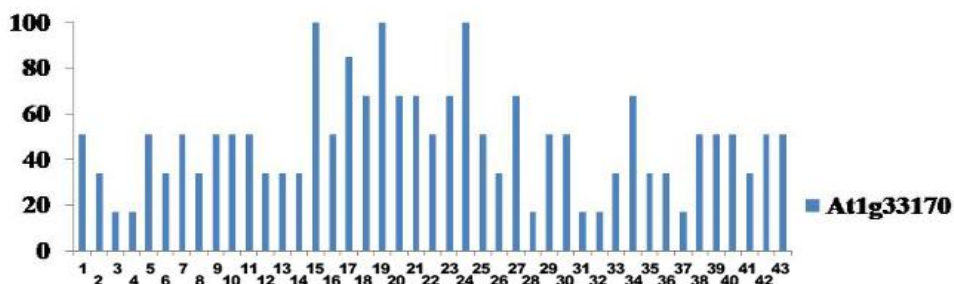
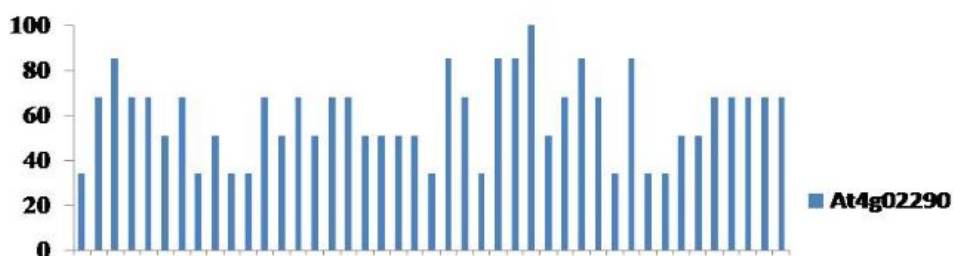
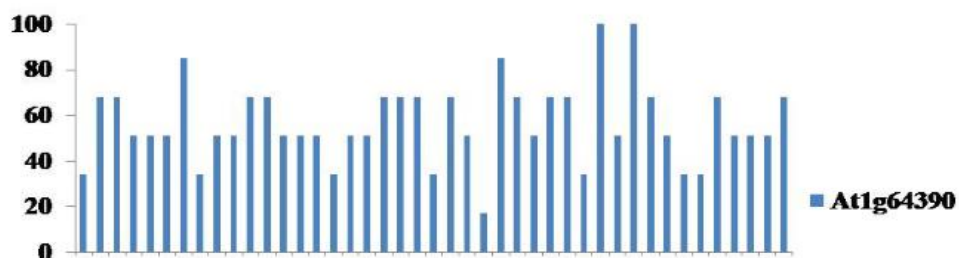
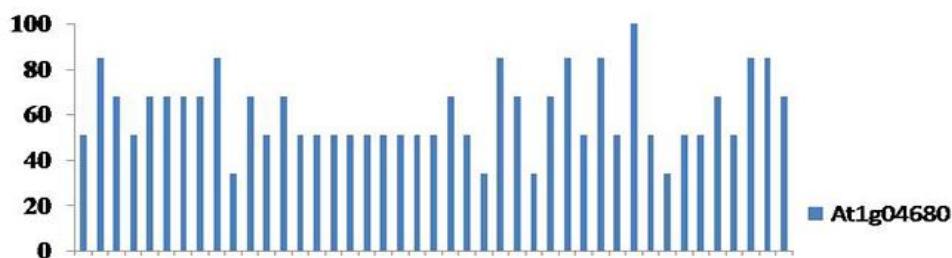
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۵۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At1g67750- PLL16 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۵۶: نقشه کروموزومی ژن At1g67750- PLL16 و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۵۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At1g67750-PLL16. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

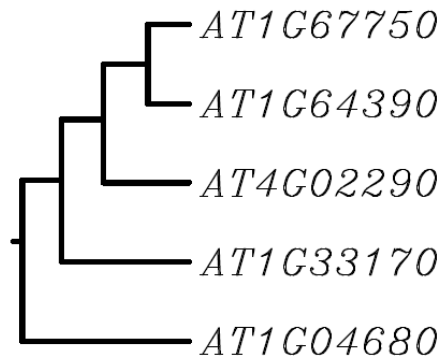


جدول پیوست ۲۸: محل بیان ژن At1g67750-PLL16 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At1g04680	2-9-26-30-32-34-41-42
		At1g64390	7-26-32-34
At1g67750	2-23	At4g02290	3-6-23-27-28-31-34
		At1g33170	15-17-19-24

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات-لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 9-root xylem protoplast, 15-root cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 19-root stele cell, 23-flower, 24-stamen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 34-pedicel41-root tip, 42-root apical meristem.



شکل پیوست ۵۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At1g67750-PLL16 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

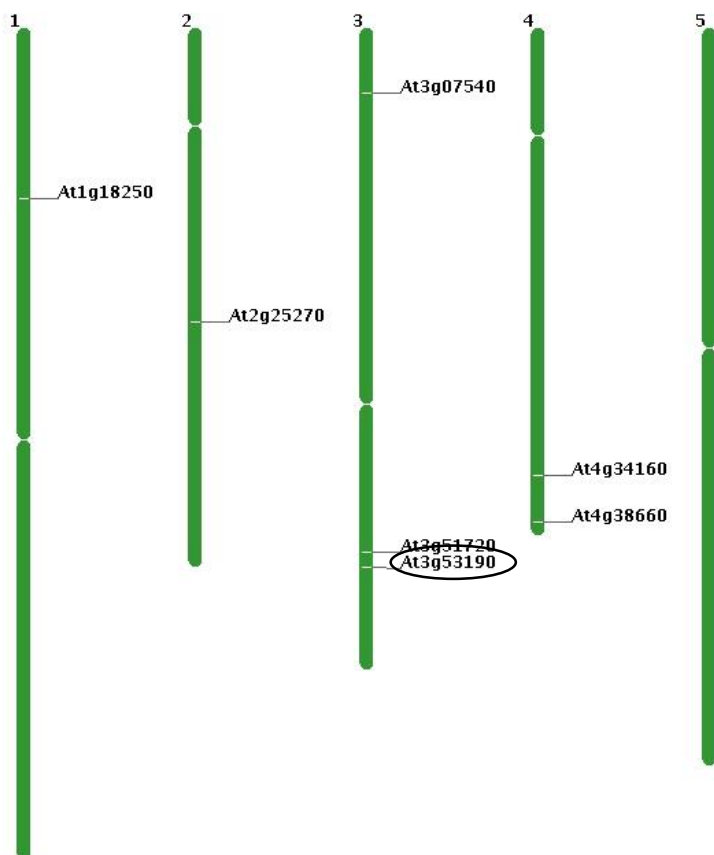
جدول پیوست ۲۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At1g67750-PLL16 در آرآبیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g04680		CATT-motif, G-Box, G-box	3	ARE, TGA-element	2	Skn-1-motif, O2 site, MBS, GCN4-motif	6
At1g64390	5.7	Box 4, Box 1, chs-CAM2a	8	ERE, HSE	3	MBS, TC-rich repeats	3
At4g02290	7.5	G-Box, LAMP-element, Box 4, ATCT- motif	4	CGTCA-motif, TCA-motif, TGACG-motif	4	Skn-1-motif, circadian	5
At1g33170	18.8	ATCT-motif, Box 4, G-box, G-Box, GATA-motif, I- box	11	ABRE, ARE	3	TC-rich repeats, circadian	4

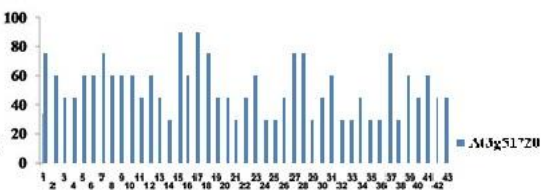
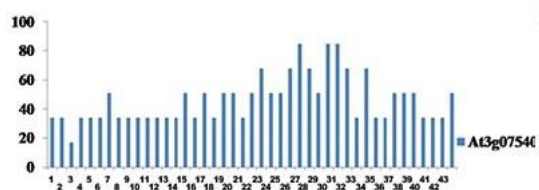
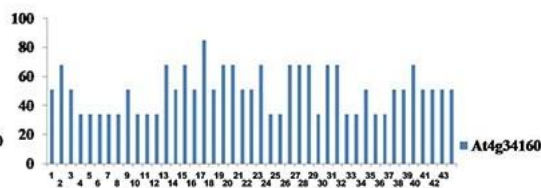
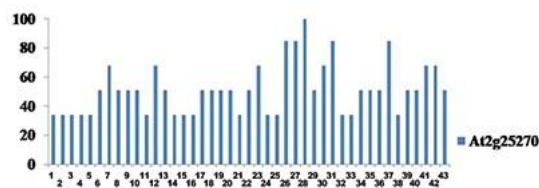
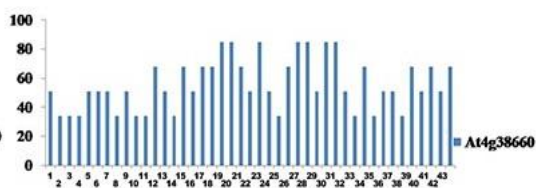
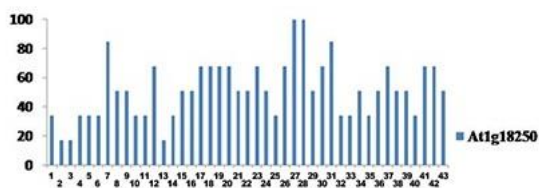
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۵۸: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At3g53190-PLL17 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۵۹: نقشه کروموزومی ژن At3g53190-PLL17 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۶۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g53190-PLL17. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

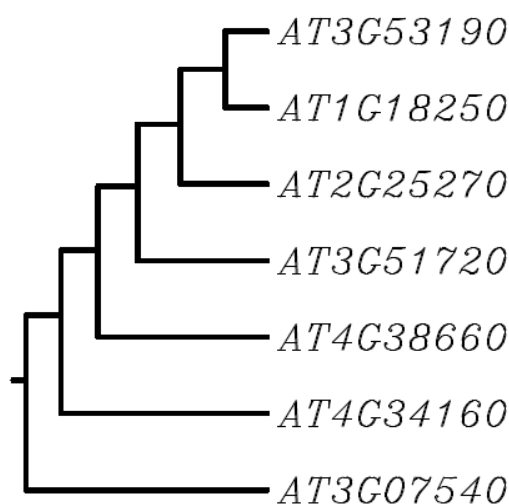
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۳۰: محل بیان ژن At3g53190-PLL17 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
	At1g18250		27-28-31
	At4g38660		19-20-27-28-30-31
	At2g25270		26-27-28-31
At3g53190	At4g34160	15-17-19-20-23-27	17
	At3g07540		27-30-31
	At3g51720		1-7-15-17-18-27-28-37

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-root protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast 15-root cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 23-flower, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 30-ovary, 31-ovule, 37-embryo,

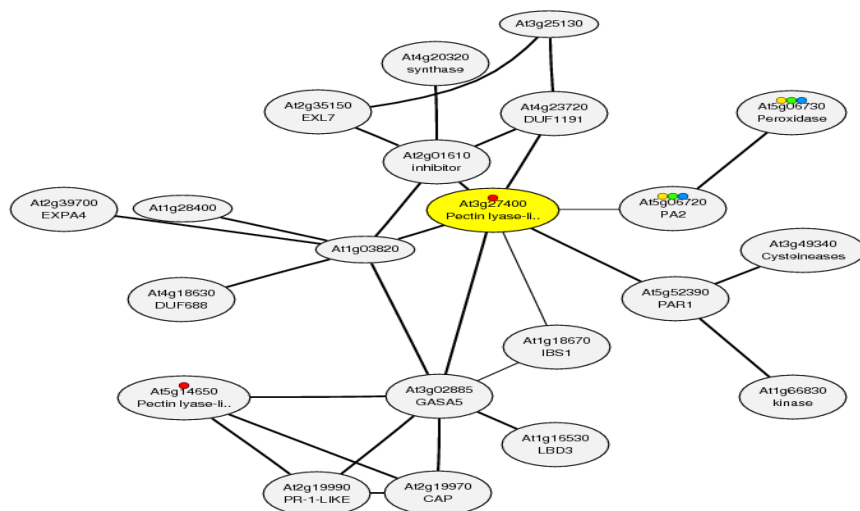


شکل پیوست ۶۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At3g53190-PLL17 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

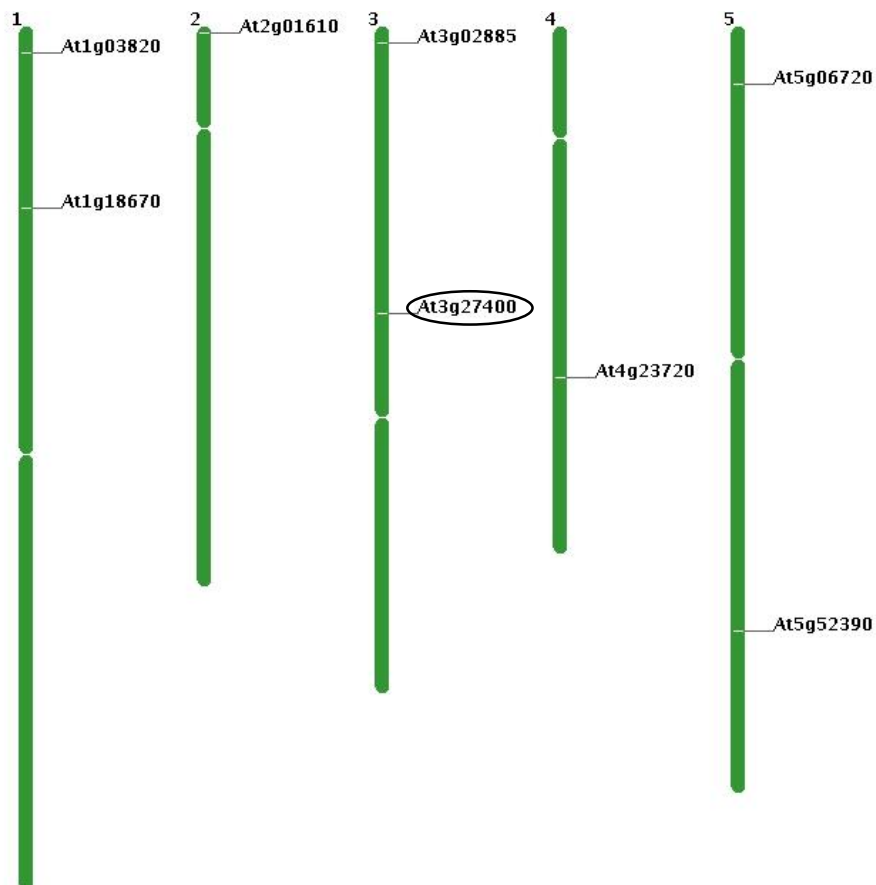
جدول پیوست ۳۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g53190-PLL17 در آرایی‌دوپیسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g18250	1	Box4, GATT-motif, G-box, I box	7	ABRE, CGTCA-motif, TCA-element, TGA-element, TGACG-motif	6	O2-site, Skn-1-motif	3
At4g38660	3.6	Box4, BoxI, GAG-motif, I box, Sp1	6	ERE, CGTCA-motif, ARE	3	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif	3
At2g25270	4.1	Box4, G-box	3	ABRE, ARE, HSE, TCA-element	6	MBS, Skn-1-motif, WUN-motif	3
At4g34160	9.2	GT1-motif, Sp1, Box4, BoxI, G-box,	2	ARE, TGACG-motif	3	Skn-1-motif	3
At3g07540	9.2	L-box, TCT-motif, TCCC-motif	9	ABRE, ARE, CGTCA-motif, TGA-element, TGACG-motif	6	Skn-1-motif	1
At3g51720	9.4	Box4, G-box, I-box, Sp1, TCT-motif	6	GARE-motif, TGA-element, TGACG-motif	3	MBS, Skn-1-motif, TC-rich repeats	3

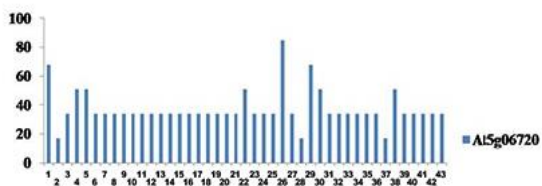
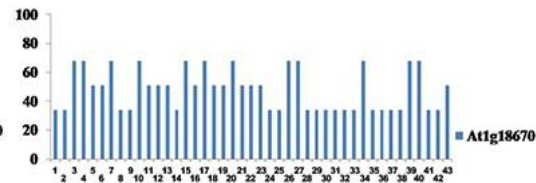
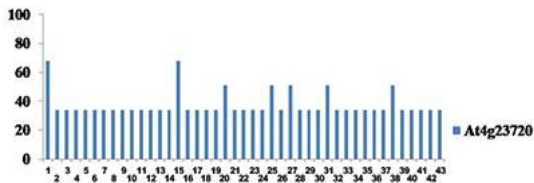
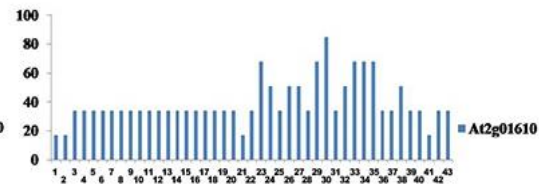
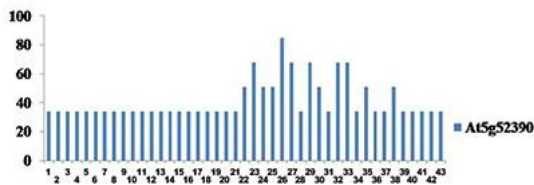
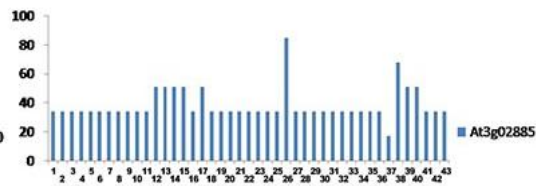
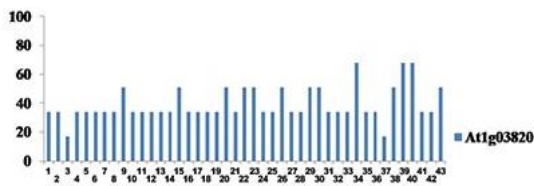
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۶۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At3g27400-PLL18 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۶۳: نقشه کروموزومی ژن At3g27400-PLL18 و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۶۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g27400-PLL18. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

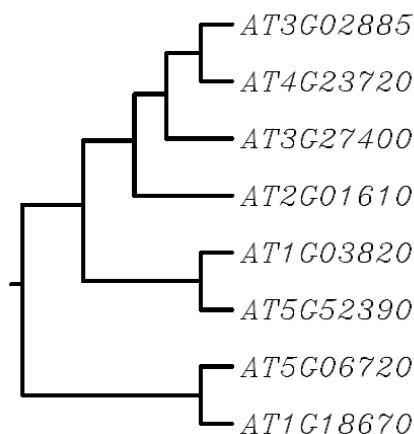
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۳۲: محل بیان ژن At3g27400-PLL18 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At3g27400	-	At1g03820	-
	-	At3g02885	26
	-	At5g52390	-
	-	At2g01610	30
	-	At4g23720	-
	-	At1g18670	-
	-	At5g06720	26

-: ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند. هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است.

26-abscission zone, 30-ovary.

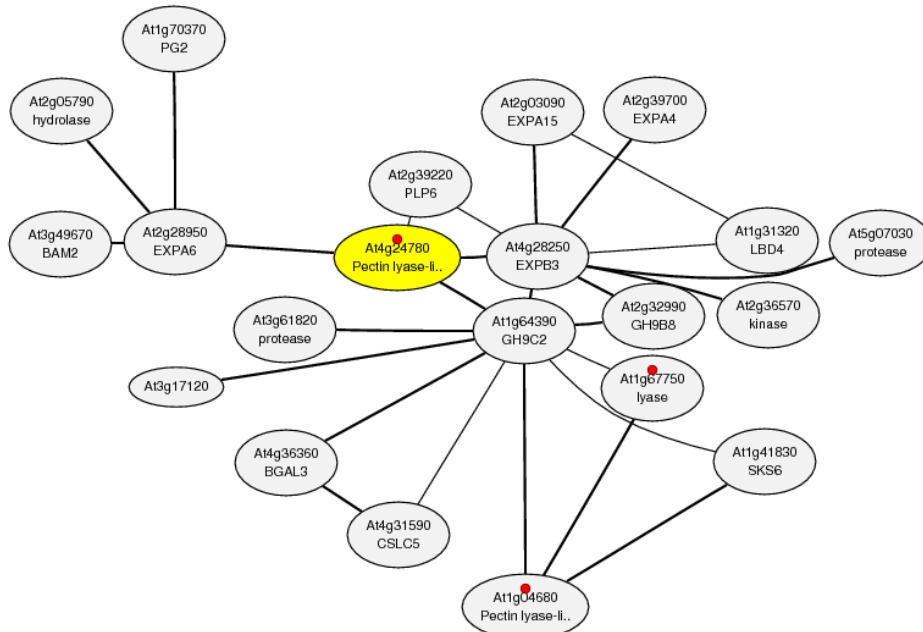


شکل پیوست ۶۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At3g27400-PLL18 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

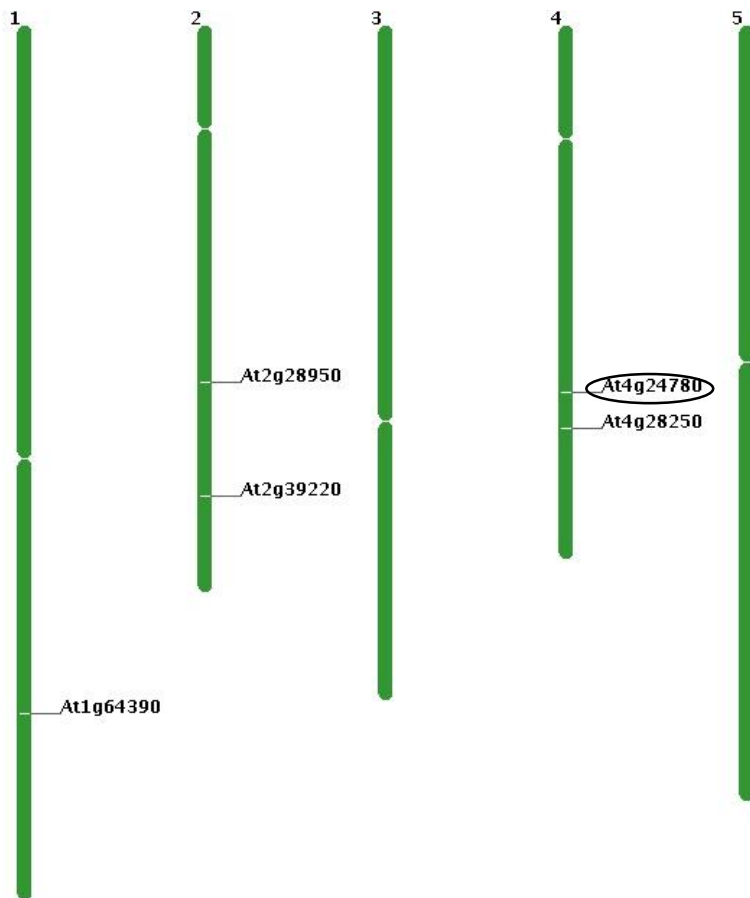
جدول پیوست ۳۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g27400 در آرآبیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g03820	1.7	Box I, G-Box, Box II, G-box, GT1-motif, GAG-box, L-box, TCT-box	9	ABRE, CGTCA- motif, TGA-element, TGACG-motif	4	Skn-1-motif	1
At3g02885	2	Box4, Box III, Box I, G-Box, GT1-motif, chs-unit 1 ml	8	CGTCA- motif, ABRE, ERE, GARE-motif, TGA-element	5	Skn-1-motif, TC-rich repeats	2
At5g52390	2.5	Box4, G-Box, G-box, ACE, Box4, G-Box,	6	CGTCA- motif, ARE	3	GCN4-motif, Skn-1-motif	5
At2g01610	2.5	GAG-motif, I-box, TCT-motif	7	ARE, HSE, TGA-element,	4	Skn-1-motif, TC-rich repeats, circadian, LTR	5
At4g23720	4	ATCT-motif, Box 4, TCT- motif, Box I, Box 4, G-Box, G-box,	5	CGTCA- motif, TATC-box, TGA-element	4	WUN-motif	1
At1g18670	8.4	GAG-box, GT1-motif, TCT- motif,	8	HSE, TGACG-motif	2	Skn-1-motif, TC-rich repeats	3
At5g06720	14.11	AE-box, ATCT-motif, Box4, Box I, G-Box, G-box, MRE	10	TGA-element, TCA0element, ERE	4	Skn-1-motif, TC-rich repeats, GCN4-motif	3

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

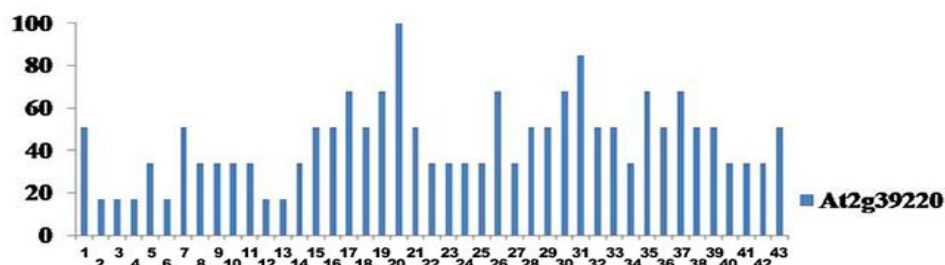
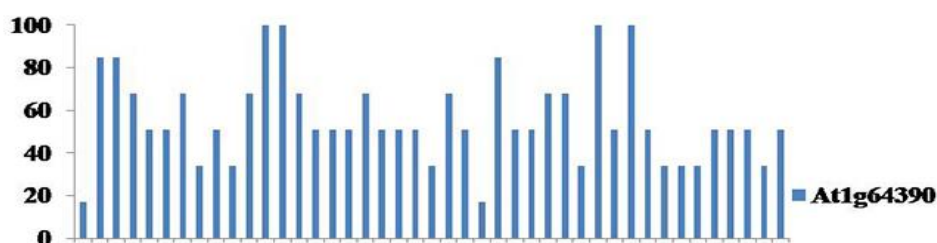
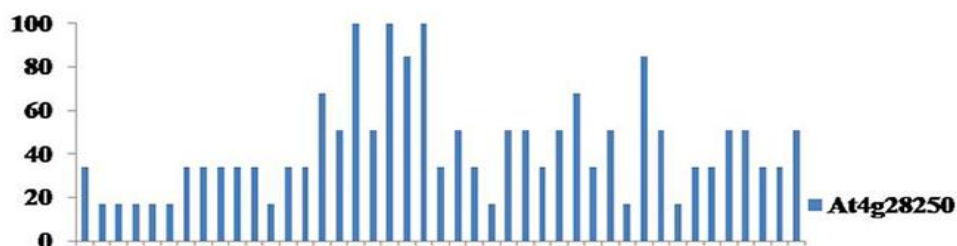
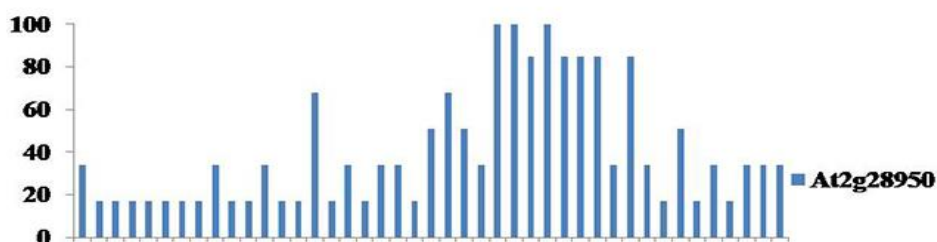


شکل پیوست ۶۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At4g24780-PLL19 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۶۷: نقشه کروموزومی ژن At4g24780-PLL19 و ژن‌های هم‌بیان با آن





شکل پیوست ۶۸: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At4g24780-PLL19. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

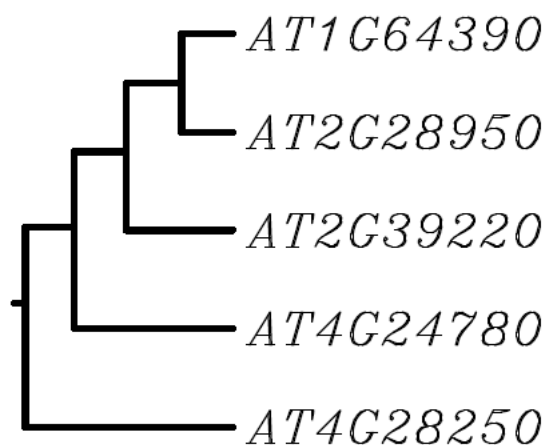
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۳۴: محل بیان ژن At4g24780-PLL19 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	یافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	یافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At4g24780	7-9-26	At2g28950	26-27-28-29-30-31-32-34
		At4g28250	17-19-20-21
		At1g64390	2-3-12-13-26-32-34
		At2g39220	20

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 47-root protophloem and metaphloem protoplast, 9-root xylem protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 34-pedicel.

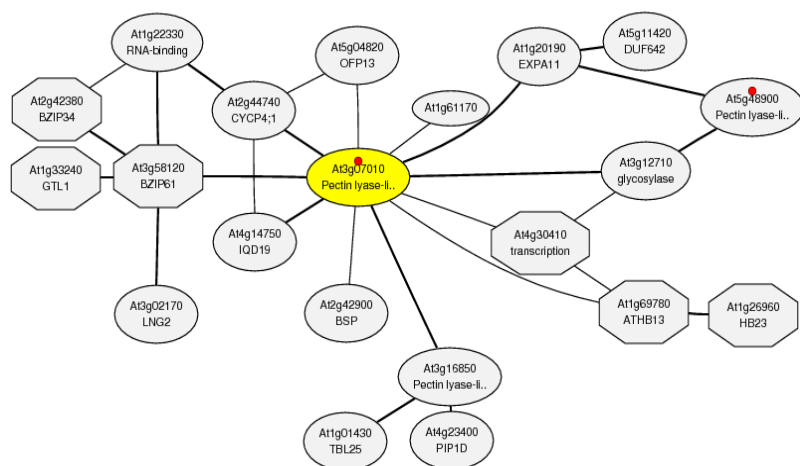


شکل پیوست ۶۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At4g24780-PLL19 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

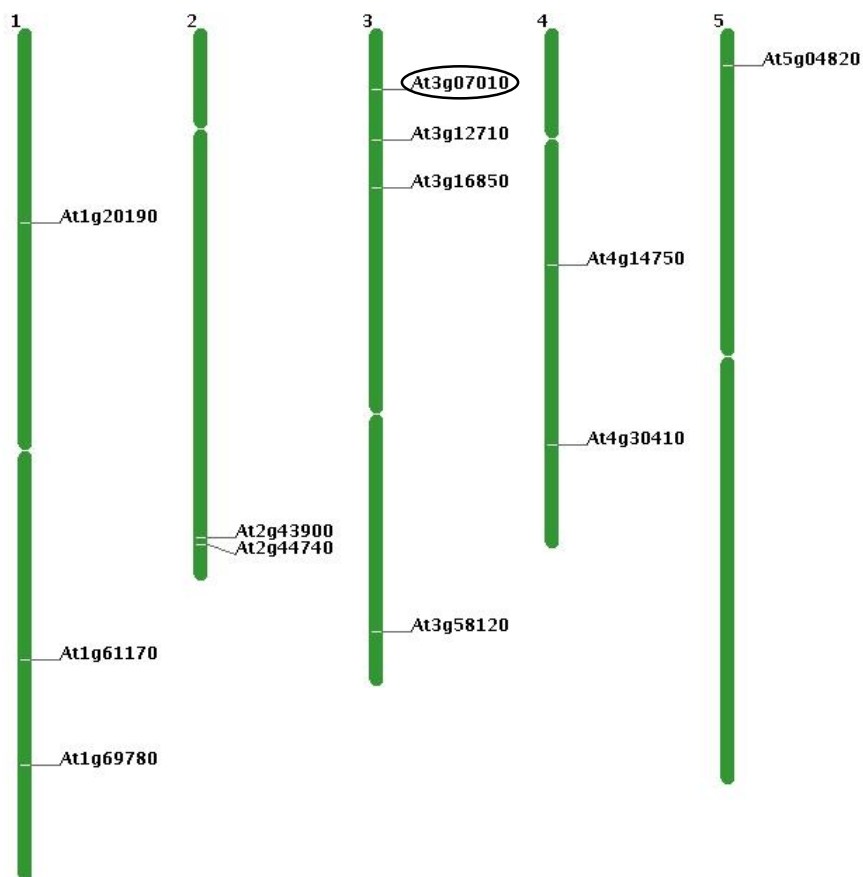
جدول پیوست ۳۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At4g24780-PLL19 در آرآیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At2g28950	1	AE-box, ATC-motif, G-box, G-Box, GT1-motif, LAMP-element, chs-CMA1a	7	HSE, TCA-element	2	LTR	2
At4g28250	2.5	Box 4	2	GARE-motif, MRE, TGACG-motif	3	GCN4-motif, MBS, MBS1, O2-site, Skn-1-motif, circadian	9
At1g64390	2.8	Box 4, Box I, chs-CMA2a,	8	ERE, HSE,	3	MBS, TC-rich repeats,	2
At2g39220	18.2	ACE, Box 4, GT1-motif, GAG-motif, chs-CMA1a, TCT-motif	9	CGTCA-motif, HSE, MRE	3	LTR, MBS, Skn-1-motif, tc-rich repeats	5

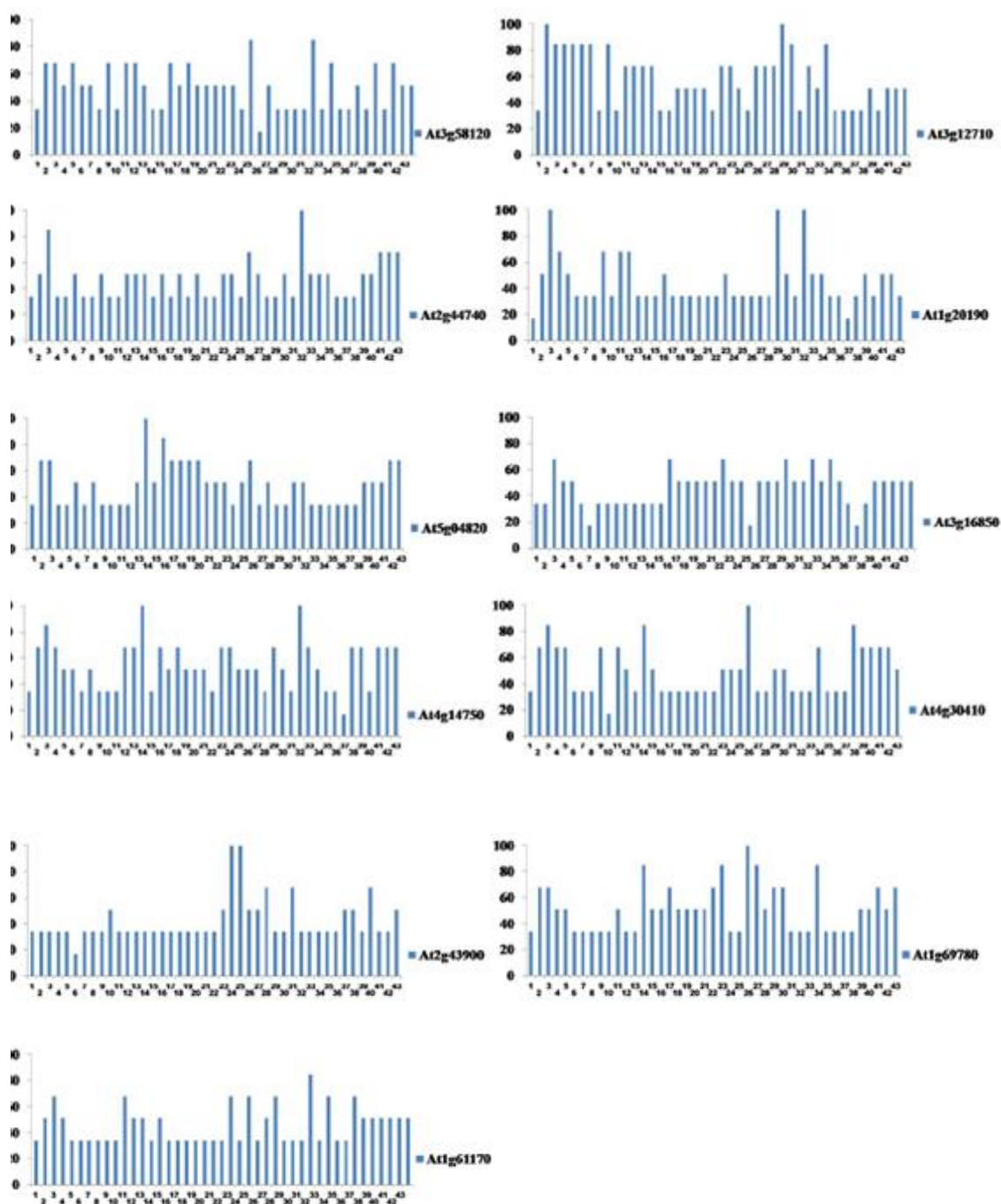
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۷۰: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن At3g07010-PLL20 بدست آمده از سای ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۷۱: نقشه کروموزومی ژن At3g07010-PLL20 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۷۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g07010-PLL20. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

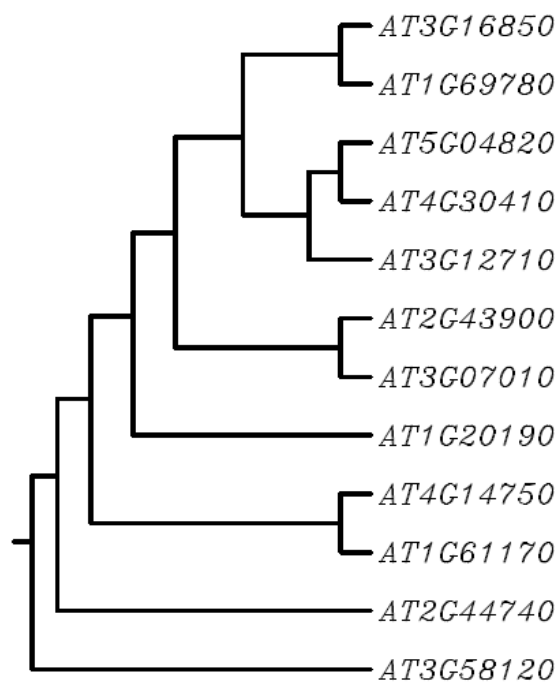
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۳۶: محل بیان ژن *At3g07010-PLL20* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At3g58120	25-32
		At3g12710	2-3-4-5-6-7-9-29-30-34
		At2g44740	3-32
		At1g20190	3-29-32
		At5g04820	14-16
At3g07010	3-26-29-32-34	At3g16850	-
		At4g14750	3-14
		At4g30410	3-14-26-38
		At2g43900	24-25
		At1g69780	14-23-26-27
		At1g61170	32

- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند. هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 9-root xylem protoplast, 14-root hair cell protoplast, 16-root cortex cell, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 29-stigma, 30-ovary, 32-petal, 34-pedicel 38-phloem, 39-roots.

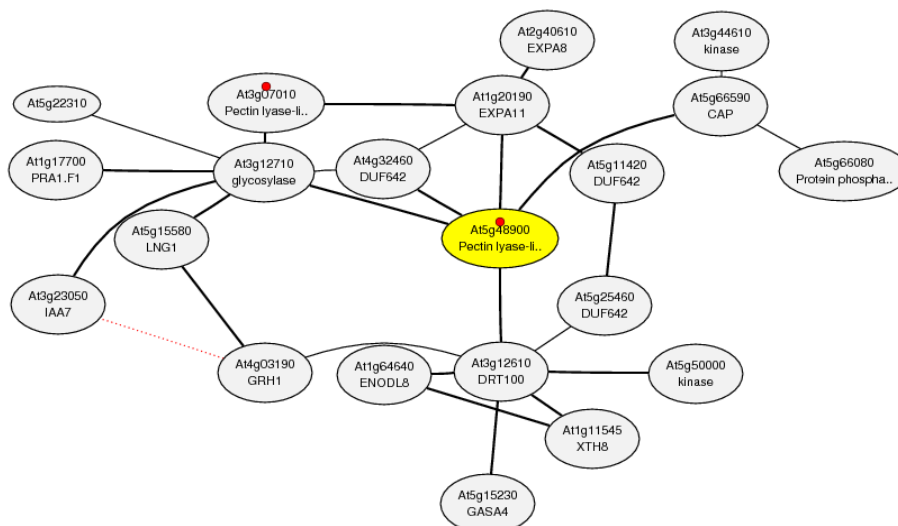


شکل پیوست ۷۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن *At3g07010-PLL20* و ژن‌های هم‌بیان با آن.

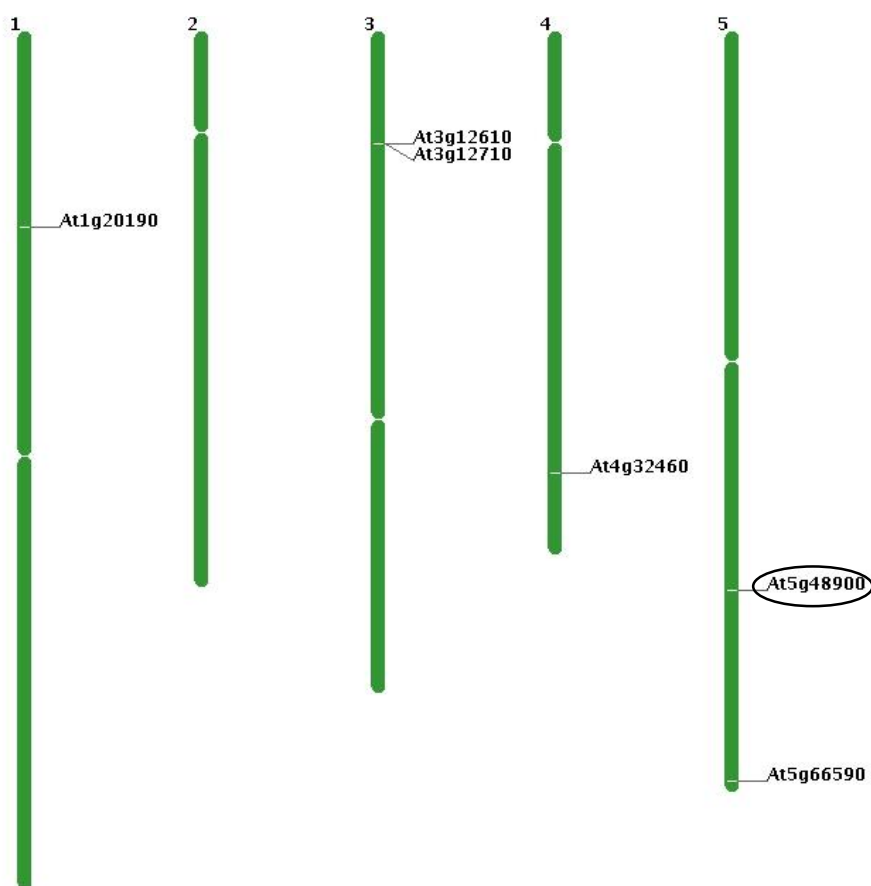
جدول پیوست ۳۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g07010 در آرآبیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At3g58120	1	Box 4, GT1-motif, G-box, TCT-motif, I-box, Sp1	7	ABR	1	LTR, MBS, Skn-1-motif	3
At3g12710	2.5	Box II, GATA-motif, G-box	4	HSE, TGA-element	2	O2-site	1
At2g44740	2.6	Box I, Box 4, G-box, GT1-motif	5	HSE, TGA-element, TGACG, element	3	MBS, Skn-1-motif	2
At1g20190	2.8	ACE, I-box, TCT-motif,	6	GARE-motif, TGA-element, TGACG-motif	4	TC-rich repeats	1
At3g16850	2.8	Box 4, GA-motif, GATA-motif	9	ARE, GARE-motif	4	CGN4-motif, MBS, Skn-1-motif	3
At4g14750	2.3	ACE, Box 4, G-box	5		0	Skn-1-motif	1
At4g30410	5.5	ACE, Box 4, G-box, H-box, Box I	6	ABRE, CGTCA-motif, ERE, TGACG-motif	4	Ry-element, MBS	2
At2g43900	6.3	Box 4, GA-motif, GAG-motif, TCT-motif,	5	TGACG-motif	1	TC-rich repeats, Skn-1-motif, CGN4-motif	4
At1g69780	10.3	ACE, Box 4, GATA-motif, GT1-motif	5	HSE, TCA-motif	2		0
At1g61170	14.9	AE-box, CATT-motif	2	ARE, CGTCA-motif, HSE,	3	MBS, Skn-1-motif, TC-rich repeats, circadian, CGN4-motif	6
At5g04820	16.4	Box I, TCT-motif	2	CGTCA-motif, TATC-box, TCA-element, TGA-element	5	TC-rich repeats, circadian	2

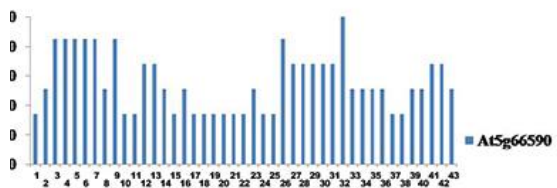
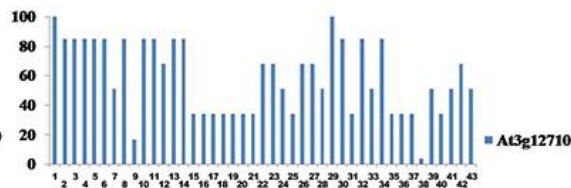
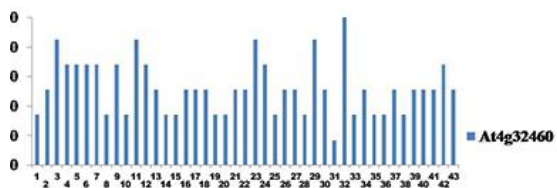
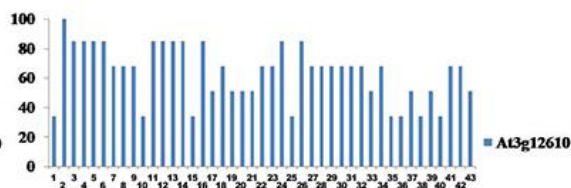
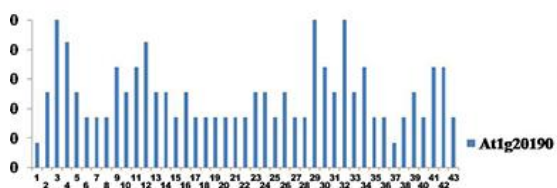
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۷۴: شبکه ژن‌های هم‌بیم‌ژن At5g48900-PLL21 بدست آمده از سایت ATTED-II



شکل پیوست ۷۵: نقشه کروموزومی ژن At5g48900-PLL21 و ژن‌های هم‌بیم‌ژن با آن



شکل پیوست ۷۶: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At5g48900-PLL21. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

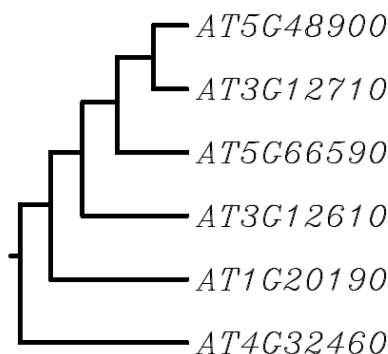


جدول پیوست ۳۸: محل بیان ژن At5g48900-PLL21 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At1g20190	3-4-29-32
		At3g12610	2-3-4-5-6-11-12-13-14-16-24-26
At5g48900	2-3-4-5-6-7-9-11-13-26-29-34-39	At4g32460	3-11-23-29-32
		At3g12710	1-2-3-4-5-6-8-10-11-13-14-29-30-32-34
		At5g66590	3-4-5-6-7-8-26-32

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ تر مشخص شده است.

1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 16-root cortex cell, 23-flower, 24-stamen, 26-abscission zone, 29-stigma, 32-petal, 34-pedicel, 35-silique, 39-roots, 40- primary root.

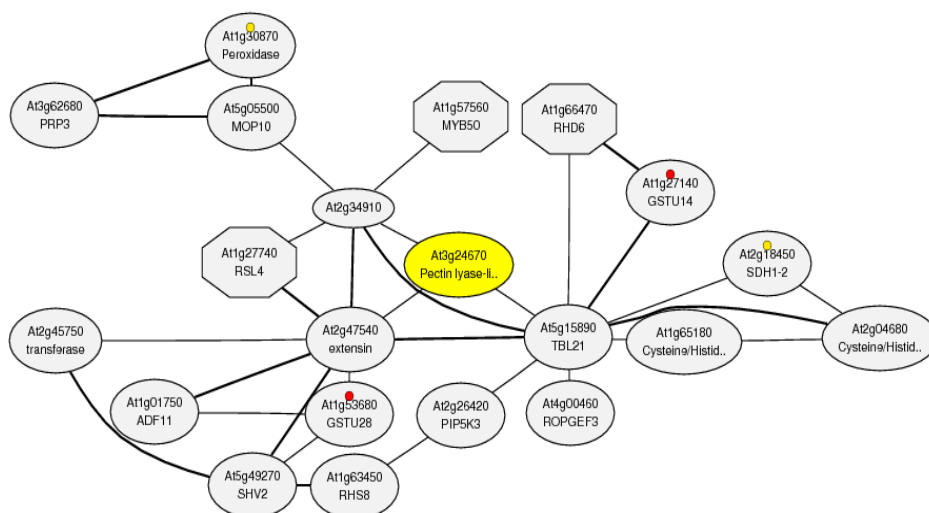


شکل پیوست ۷۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At5g48900-PLL21 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

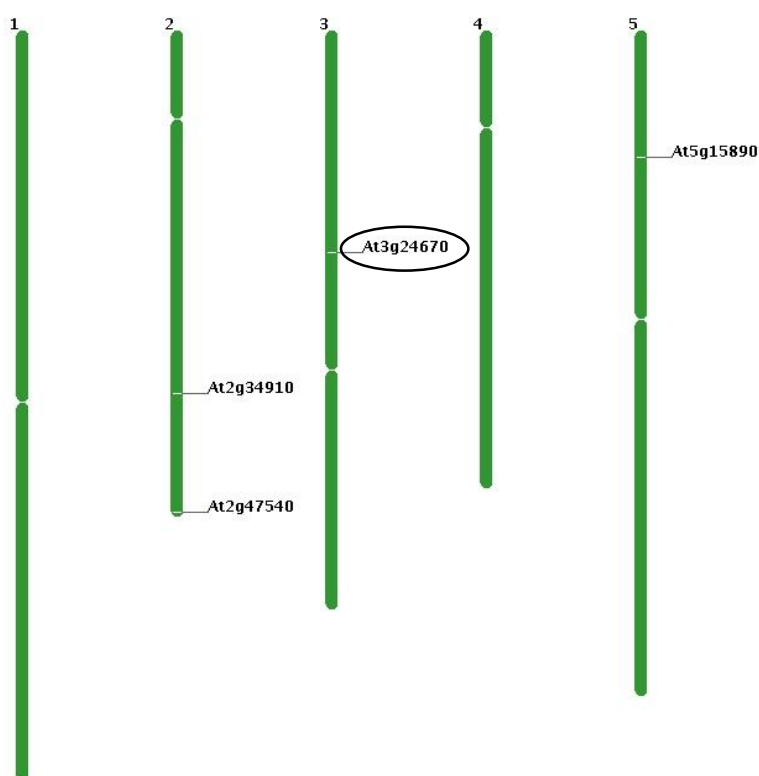
جدول پیوست ۳۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At5g48900 در آرکیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g20190	1	ACE, 1 box, TCT-motif,	7	GARE-motif, TGA-element, TGACG-motif	4	TC-rich repeats	1
At3g12610	2	AE-box, Box4, GAG-motif	3	ARE	1	Circadian, Skn-1-motif, GCN4-motif	3
At4g32460	2.5	Box4, G-box, GATA-motif, TCT-motif	5	ARE, TGA-element	2	Circadian, MBS, Skn-1-motif	3
At3g12710	2.8	BoxII, G-box, GATA-motif, AE-box, Box4,	4	HSE, TGA-element	2		0
At5g66590	2.8	ATCT-motif, Box 1, CATT-motif, G-box, G-Box, GATA-motif, I-box,	14	ABRE, ERE, GARE-motif, HSE, TCA-element	5	Skn-1-motif, Circadian	2

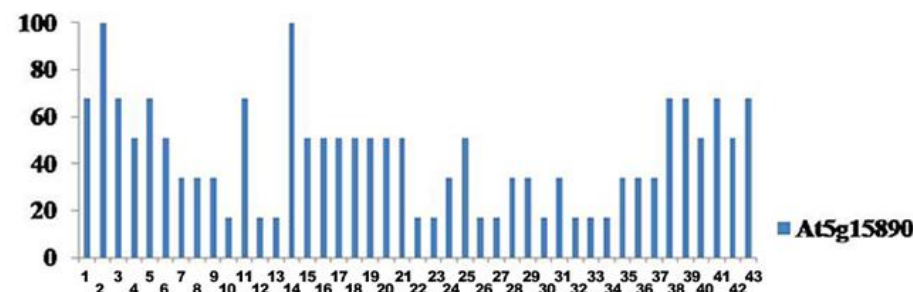
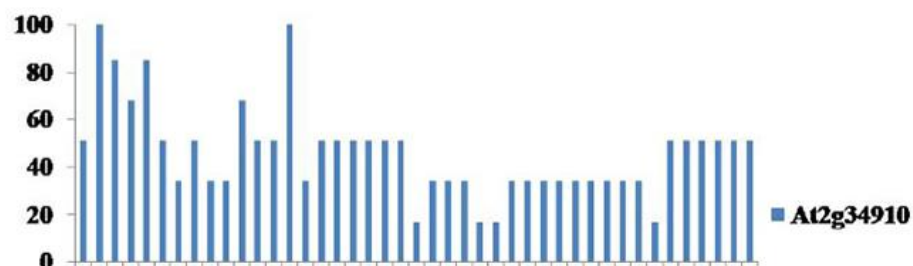
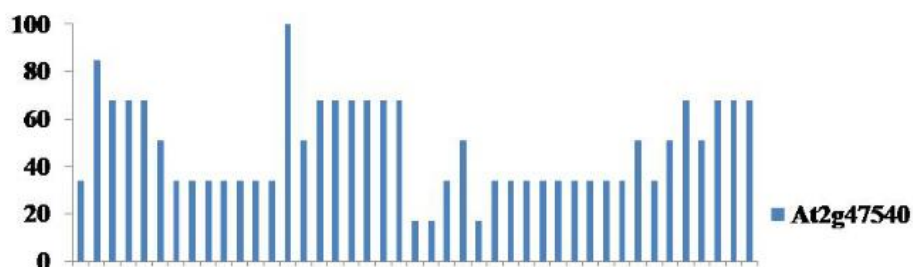
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۷۸: شبکه ژن‌های هم‌بیم‌باز ژن At3g24670-PLL2 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیم‌باز هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۷۹: نقشه کروموزومی ژن At3g24670-PLL2 و ژن‌های هم‌بیم‌باز با آن.



شکل پیوست ۸۰: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g24670-PLL22. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

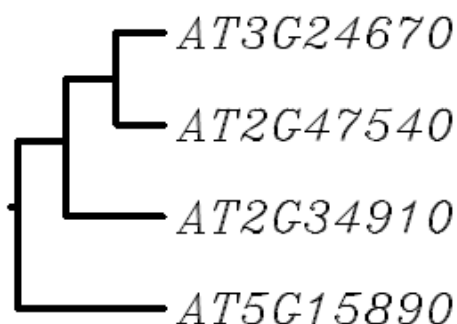
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۴۰: محل بیان ژن At3g24670-PLL22 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At3g24670	2-5-14	At2g47540	2-14
		At2g34910	2-14
		At5g15890	2-14

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 5-root stele protoplast, 14-root hair cell protoplast.

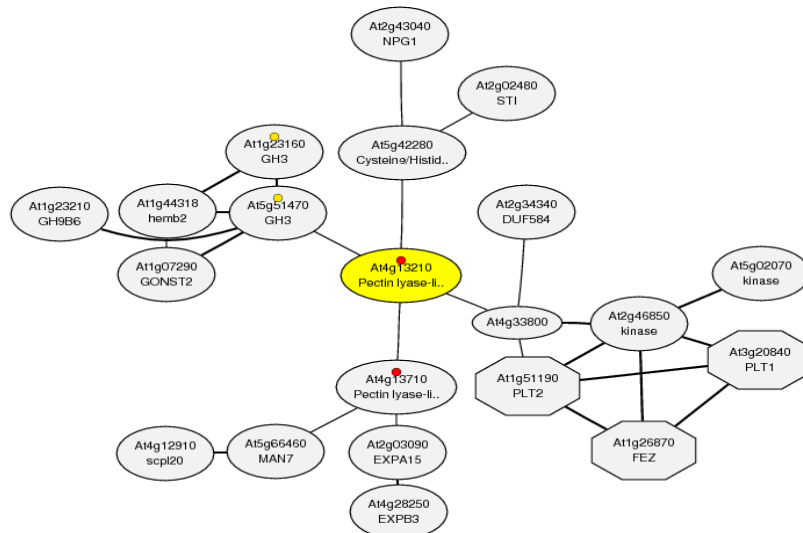


شکل پیوست ۸۱: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At3g24670-PLL22 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

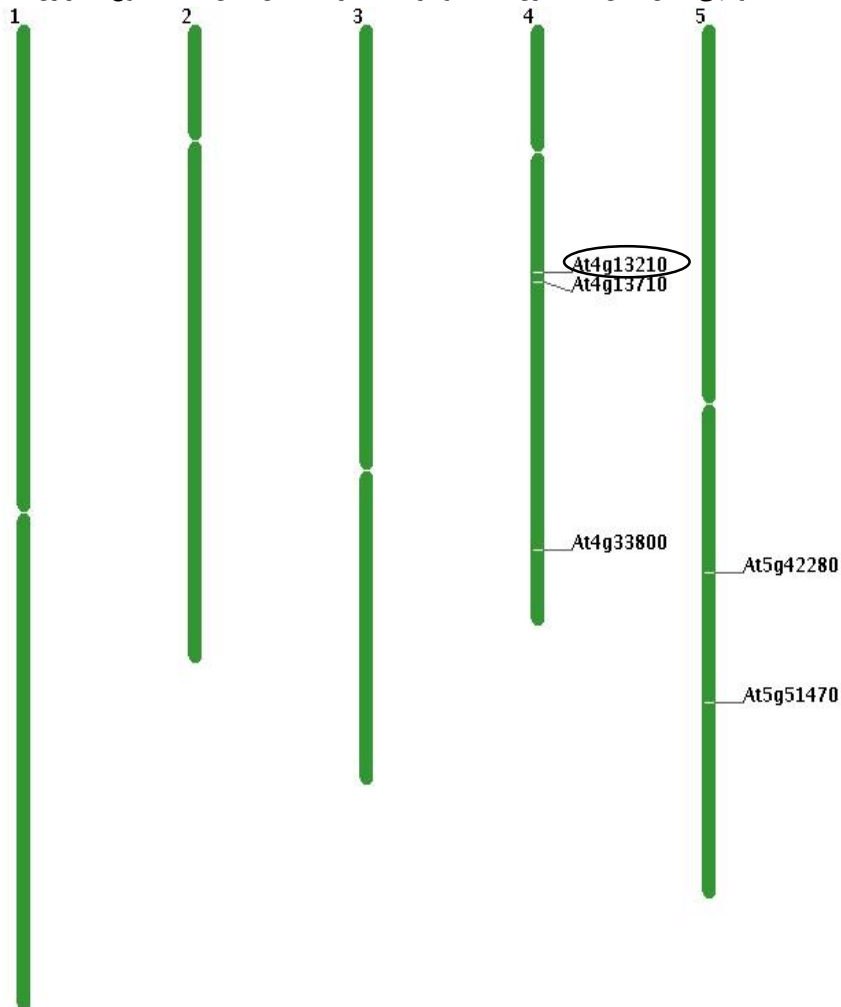
جدول پیوست ۴۱: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g24670 در آرآیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At2g47540	7	Box 4, G-Box, G-box, GATA-motif	8	ARE, GARE-motif, TATC-box, TGACG-motif	5	MBS, Skn1-motif,	4
At2g34910	9.7	AE-box, l-box, G-Box, TCT-motif, Box 4	7	ARE, CGTCA-motif, HSE, TATC-box	7	Skn-1-motif	1
At5g15890	12.8	Box 1, G-Box, G-box, GT!-motif, TCCC-motif, TGG-motif	8	CGTCA-motif, ERE, TCA-element, TGA-element, TGACG-motif	5	MBS	1

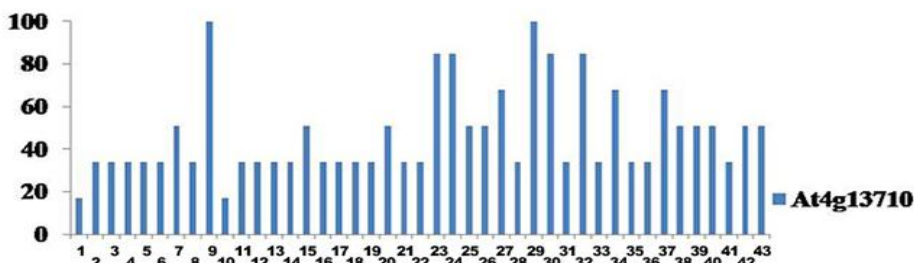
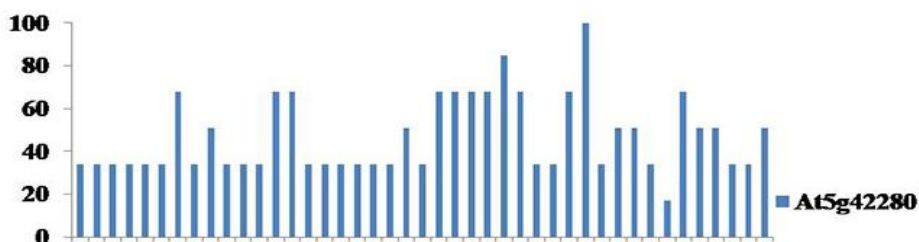
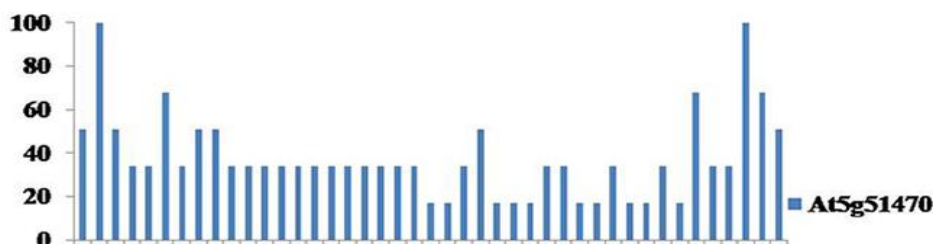
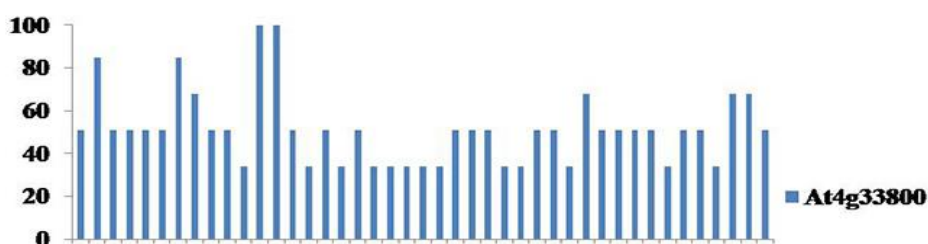
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۸۲: شبکه ژن‌های هم‌بیان مستقیم با ژن At4g13210-PLL23 بدست آمده از سایت ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۸۳: نقشه کروموزومی ژن At4g13210-PLL23 و ژن‌های هم‌بیان با آن.



شکل پیوست ۸۴: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At4g13210-PLL23. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

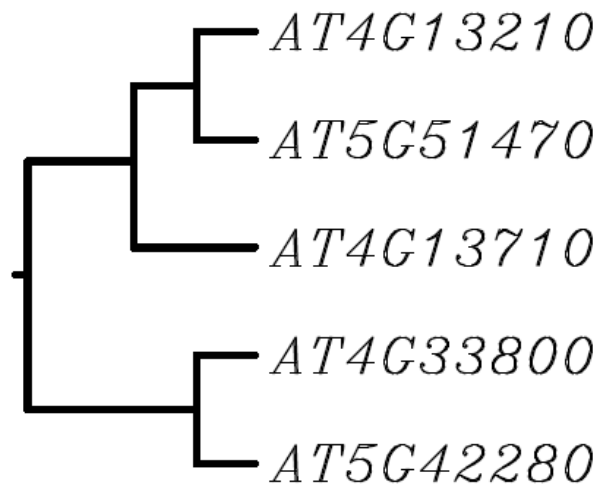
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۴۲: محل بیان ژن At4g13210-PLL23 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At4g13210	2-7-32	At4g33800	2-7-12-13
		At5g51470	2-41
		At5g42280	27-32
		At4g13710	9-23-24-29-30-32

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 9-root xylem protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 23-flower, 24-stamen, 27-pistil, 29-stigma, 30-ovary32-petal, 41-root tip.



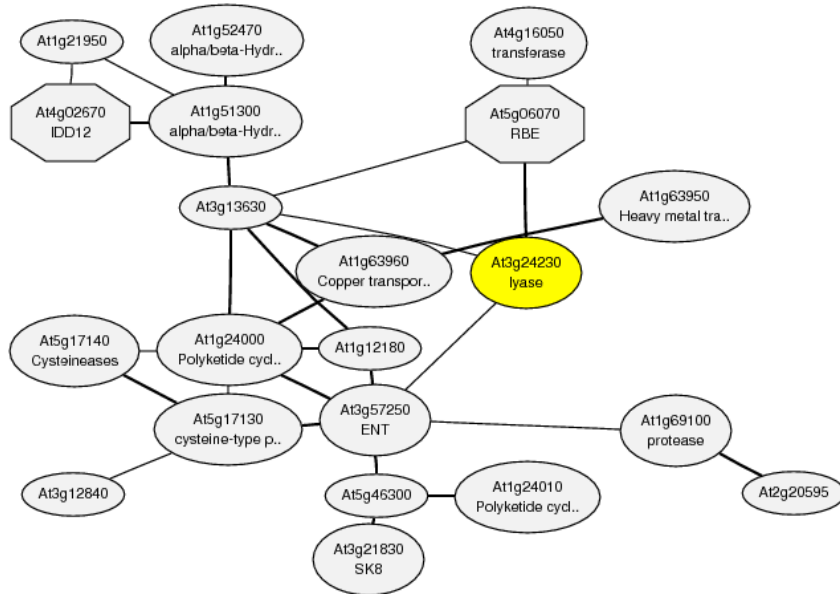
شکل پیوست ۸۵: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At4g13210-PLL23 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

جدول پیوست ۴۳: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At4g13210 در آرآبیدوپسیس

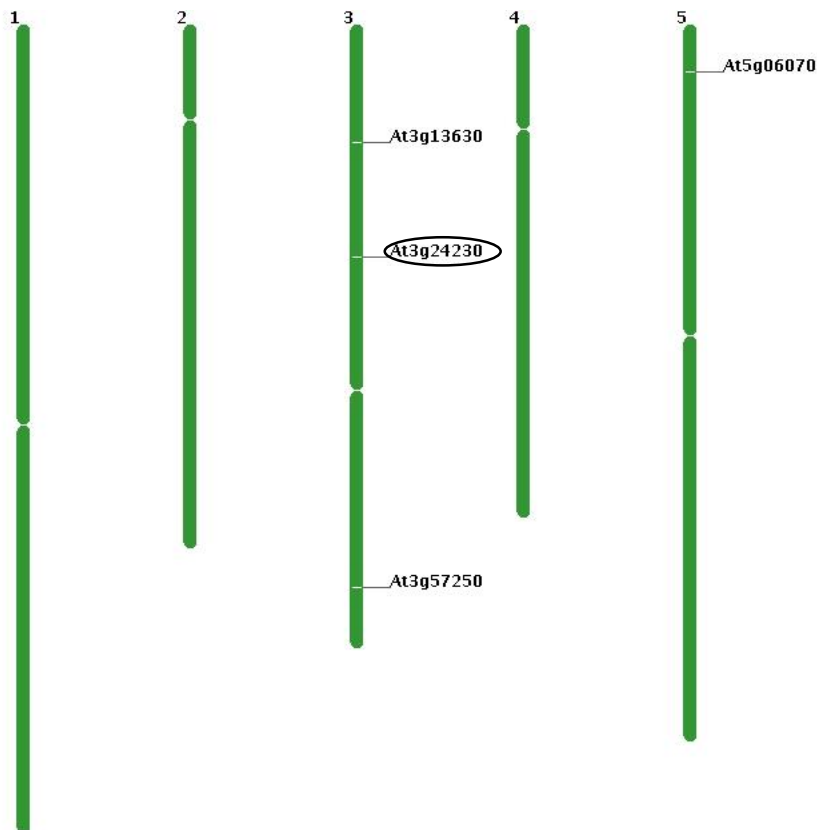
تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At4g32800	8.5	Box4, G-box, G-Box, GA-motif, MRE,	7	TGA-element, ABRE	2	Skn-1-motif	1
At5g51470	8.5	ATCT-motif, Box4, l-box, TCT-motif	5	ARE, TATC-box, TGAVG-motif	3	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif	3
At5g42280	14.1	ACE	1	TGA-element	1	TC-rich repeats, LTR	2
At4g13710	14.7	Box4, Box 1, GT1-motif, LAMP-element, MRE	6	TGA-element	3	TC-rich repeats, circadian	2

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم-بیان مستقیم‌تری است.

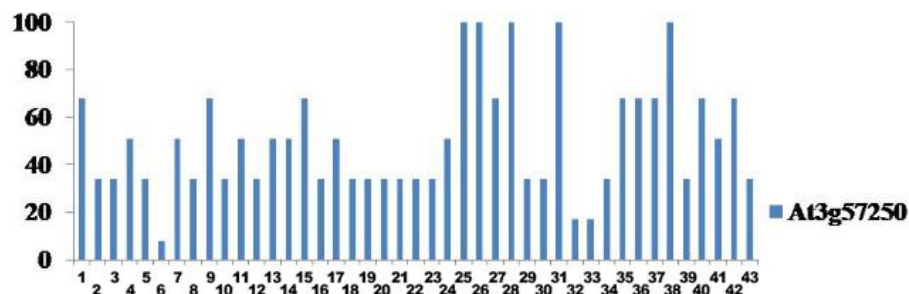
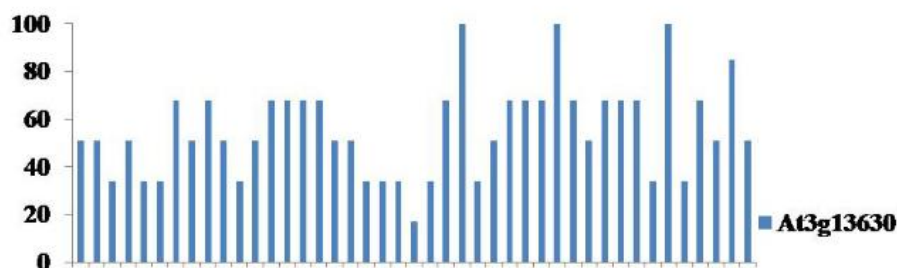
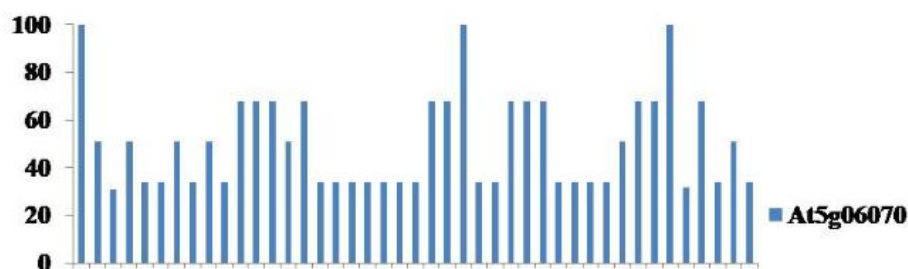


شکل پیوست ۸۶: شبکه ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g24230-PLL24 بدست آمده از پایگاه ATTED-II. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۸۷: نقشه کروموزومی ژن At3g24230-PLL24 و ژن‌های هم‌بیان با آن





شکل پیوست ۸۸ : نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At3g24230-PLL24. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

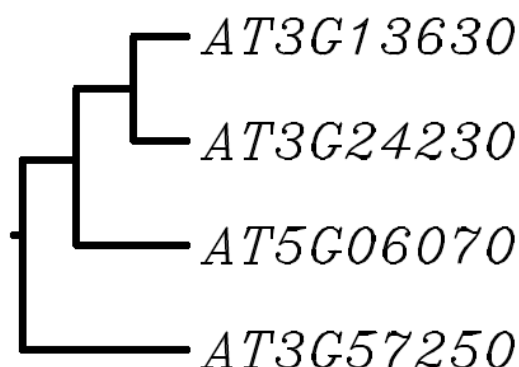
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۴۴: محل بیان ژن At3g24230-PLL24 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
		At5g06070	1-25-38
At3g24230	21-25-26-28-29-30-31-33-38	At3g13630	25-31-38-42
		At3g57250	24-25-28-38

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-root protoplast, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 42-root apical meristem.

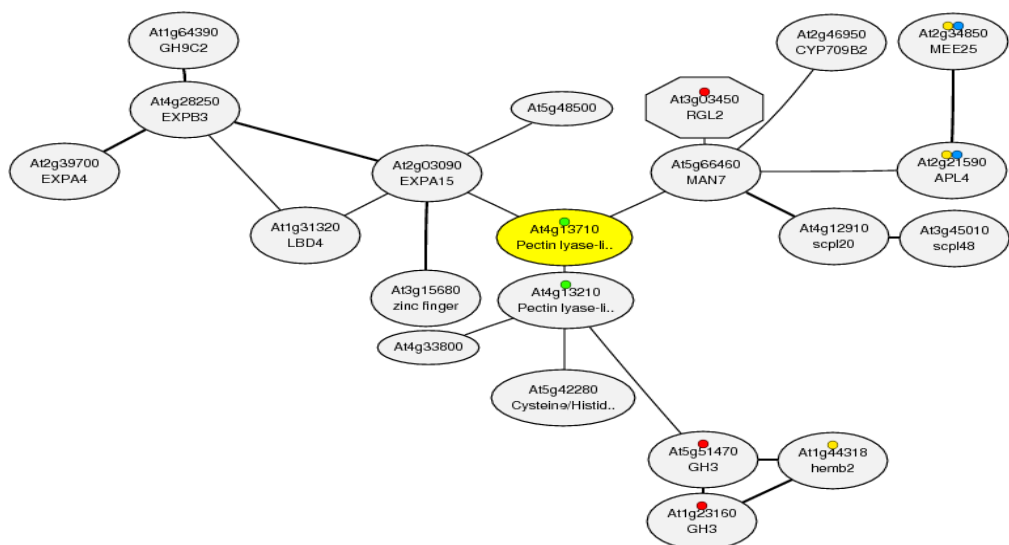


شکل پیوست ۸۹: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At3g24230-PLL24 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

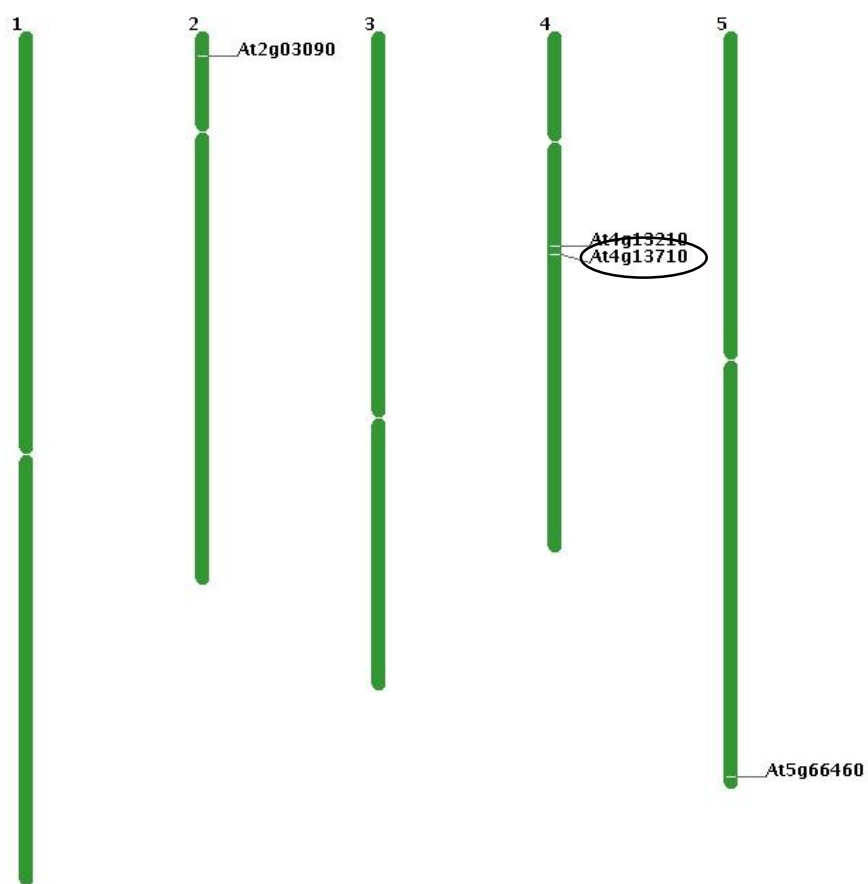
جدول پیوست ۴۵: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At3g24230-PLL24 در آرآبیدوپسیس تالیانا

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At5g06070	2	Box4, Box 1, G-box, G-Box, 1-Box, TCCC-, otif	10	ABRE, ARE, ERE, TATC-box	6	Skn-1-motif	2
At3g13630	9.2	ATC-motif, Box 1, G-box, GA-motif, TCT-motif	7	ARE, CGTCA-motif, ERE,	4	Skn-1-motif, TC-rich repeats	5
At3g57250	9.3	G-box, G-Box, GT1-motif,	4		0	MBS, TC-rich repeats	2

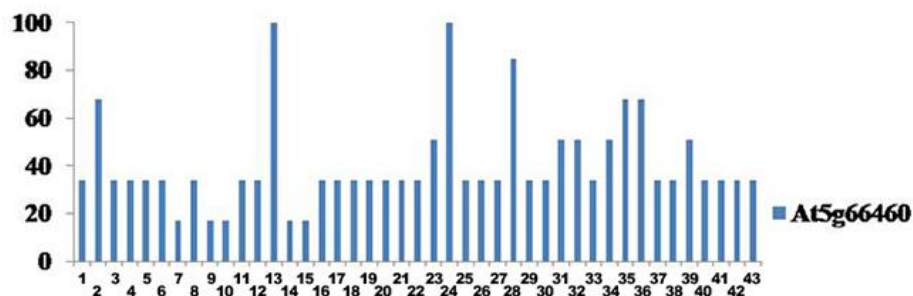
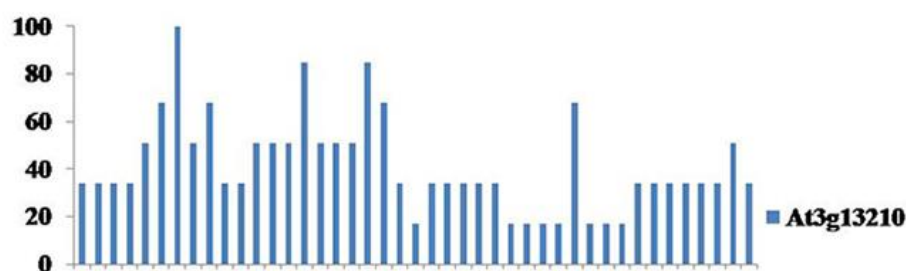
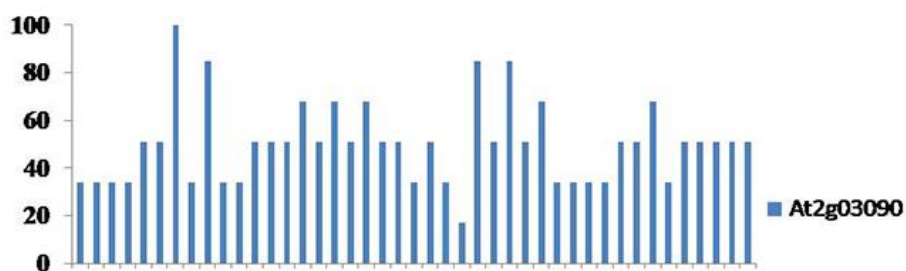
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هر چه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۹۰: شبکه ژن‌های هم‌بیمیان با ژن *At4g13710-PLL25* بدست آمده از سایت *ATTED-II*. خطوط نشان دهنده ژن‌های هم‌بیمیان هستند. گره‌های هشت وجهی شکل نشان دهنده ژن‌های TF و گره‌های دایره‌ای شکل نشان دهنده انواع دیگر ژن هستند.



شکل پیوست ۹۱: نقشه کروموزومی ژن *At4g13710-PLL25* و ژن‌های هم‌بیمیان با آن.



شکل پیوست ۹۲: نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At4g13710-PLL25. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده است.

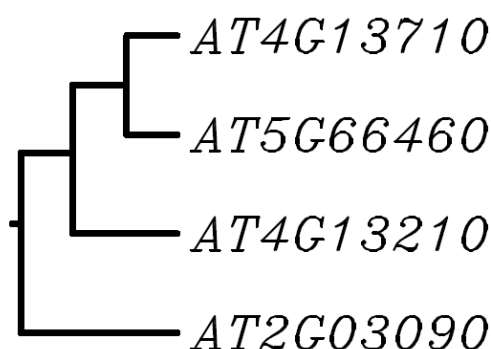
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pole pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۴۶: محل بیان ژن At4g13710-PLL25 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At4g13710	9-29-30	At2g03090	7-28
		At3g13210	7-15-19
		At5g66460	13-24-28

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

7-root protophloem and metaphloem protoplast, 9-root xylem protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 15-root cell, 19-root stele cell, 24-stamen, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary.



شکل پیوست ۹۳: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At4g13710-PLL25 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

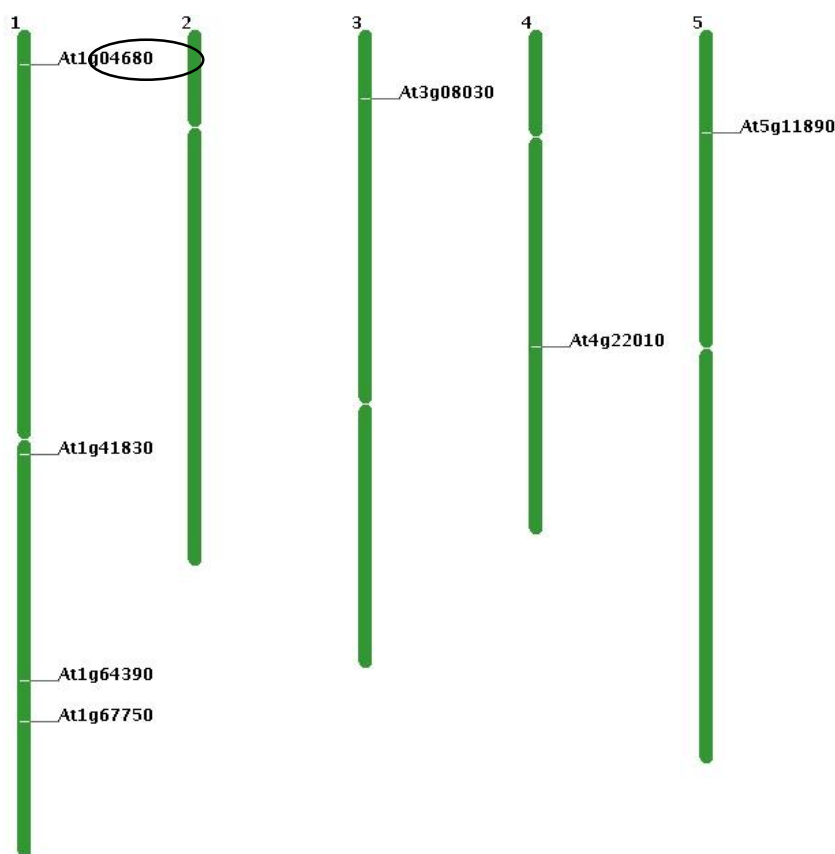
جدول پیوست ۴۷: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن At4g13710 در آرآبیدوپسیس تالیانا.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At2g03090	8.7	Box I, GA-motif, GAG-motif, MNF1, MRE, Sp1 ACE, Box4, GA-motif, GAG-motif, GATA-motif, TCT-motif, rbcS-CMA7a	6	TCA-element, ERE	2	GCN4-motif, MBS	2
At4g13210	14.7	G-Box, G-box, TCT-motif, chs-CA1a	9	CGTCA-motif, HSE	3	LTR, MBS, MBS1	5
At5g66460	26.3		6	TCA-element, GARE-motif, ABRE, ARE	5	LTR, TC-rich repeats	2

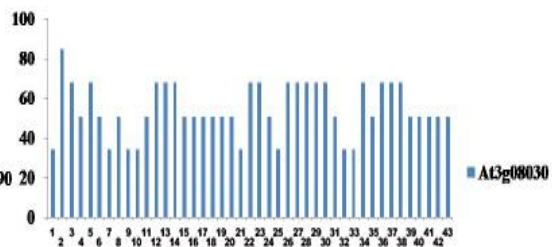
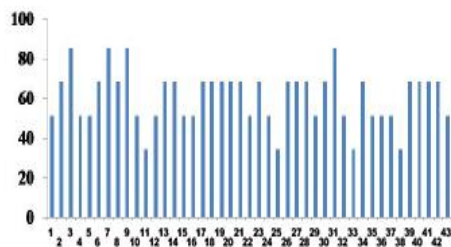
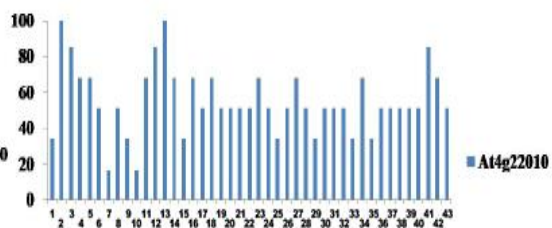
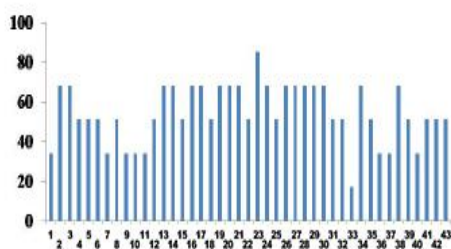
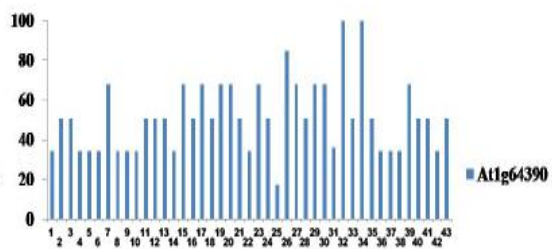
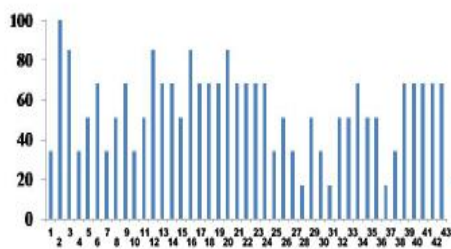
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۹۴: شبکه ژن‌های هم‌بیان با ژن At1g04680-PLL26 بدست آمده از سایت ATTED-II



شکل پیوست ۹۵: نقشه کروموزومی ژن At1g04680-PLL26 و ژن‌های هم‌بیان با آن



شکل پیوست ۹۶ : نمودار میزان بیان در ۴۳ محل برای ژن At1g04680-PLL26. هر شماره بیانگر یک محل است که در زیر آورده شده

است.

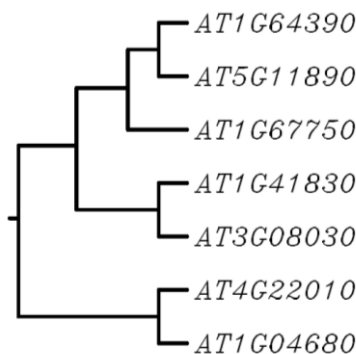
1-root protoplast, 2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 4-root endodermis and quiescent center protoplast, 5-root stele protoplast, 6-root phloem protoplast, 7-root protophloem and metaphloem protoplast, 8-root phloem companion cell protoplast, 9-root xylem protoplast, 10-root phloem pole pericycle protoplast, 11-root xylem pericycle protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 14-root hair cell protoplast, 15-root cell, 16-root cortex cell, 17-root epid. atrichoblast and phloem companion cell, 18-root endodermis and quiescent center cell, 19-root stele cell, 20-root vascular tissue cell, 21-root phloem companion cell, 22-root culture, 23-flower, 24-stamen, 25-pollen, 26-abscission zone, 27-pistil, 28-carpel, 29-stigma, 30-ovary, 31-ovule, 32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 35-silique, 36-seed, 37-embryo, 38-phloem, 39-roots, 40- primary root, 41-root tip, 42-root apical meristem, 43-lateral root.

جدول پیوست ۴۸: محل بیان ژن At1g04680-PLL26 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بیان بالاتر از ۷۰ درصد دارند	شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بیان بالاتر از ۷۵ درصد دارند
At1g04680	13-26-30-34	At1g41830	2-3-12-16-20
		At1g64390	26-32-34
		At1g67750	23
		At4g22010	2-3-12-13-41
		At5g11890	3
		At3g08030	2

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

2-root epidermis and lateral root cap protoplast, 3-root cortex protoplast, 12-root cortex, endodermis and quiescent center protoplast, 13-root epidermal atrichoblast protoplast, 16-root cortex cell, 20-root vascular tissue cell, 26-abscission zone, 30-ovary32-petal, 33-sepal, 34-pedicel, 41-root tip.



شکل پیوست ۹۷: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن At1g04680-PLL26 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

جدول پیوست ۴۹: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ bp بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن AT1G04680 در آرآبیدوپسیس

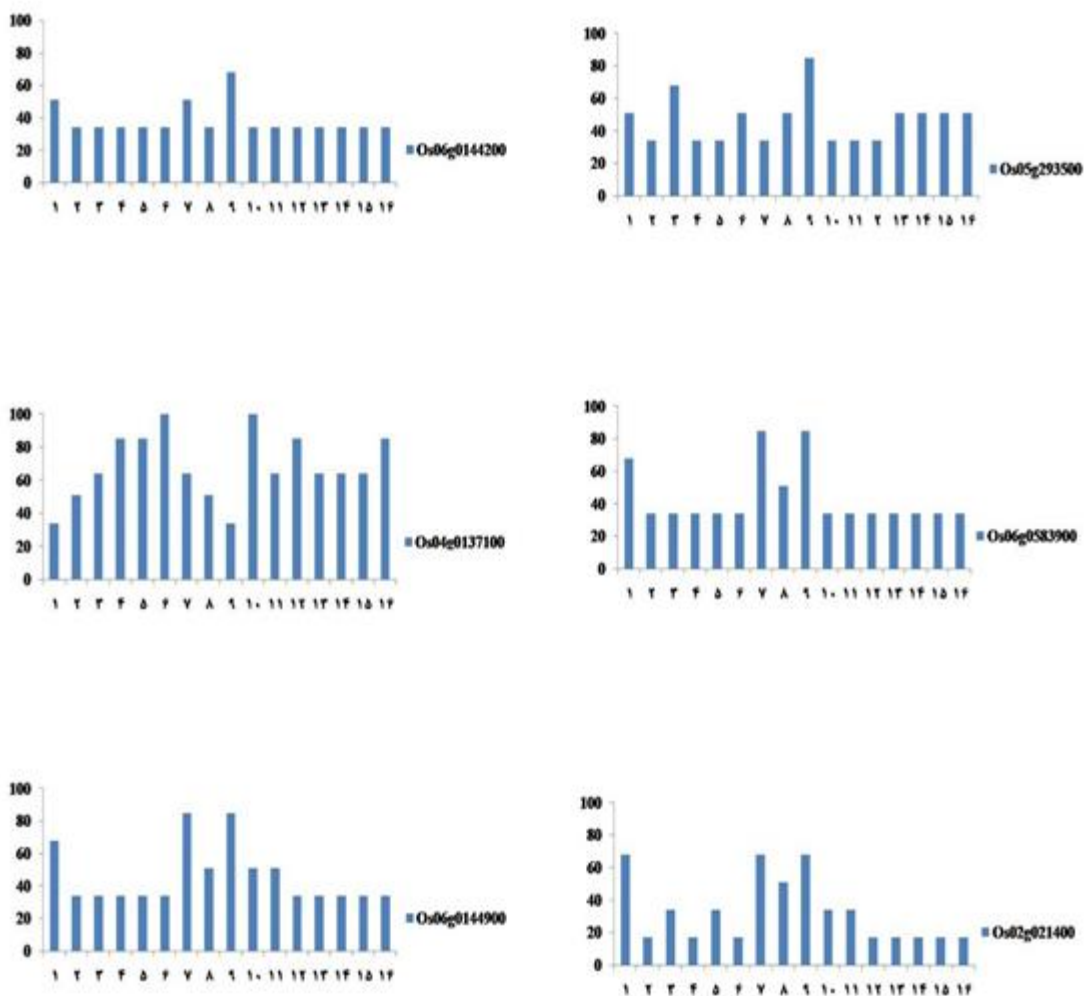
شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
At1g41830	1.4	ATCT-motif, Box4, BoxI, Box II, G-Box, G-box, GATA-motif, Sp1, as-2-box	11	HSE, GARE-motif	5	TC-rich repeats	1
At1g64390	1.7	Box4, BoxI, Sp1, chs-CMA2a	9	ERE, HSE	3	MBS, Skn-1-motif, TC-rich repeats	3
At1g67750	3	Box4, BoxI, GATA-motif, H-box	4	TGACG-motif	2	LTR, MBSI, circadian, TC-rich repeats, Skn-1-motif	5
At4g22010	4	Box4, BoxI, G-Box, G-box, TCT-motif	7	HSE, ABRE	2	TC-rich repeats	2
At5g11890	6.2	ATCT-motif, Box4, G-box, G-box, Sp1	7	ABRE, ARE, CGTCA-motif	3	LTR, Skn-1-motif	3
At3g08030	8.9	ACE, Box4, G-box, chs-CMA2a	5	ABRE, HSE	3	TC-rich repeats, Ry-element	3

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



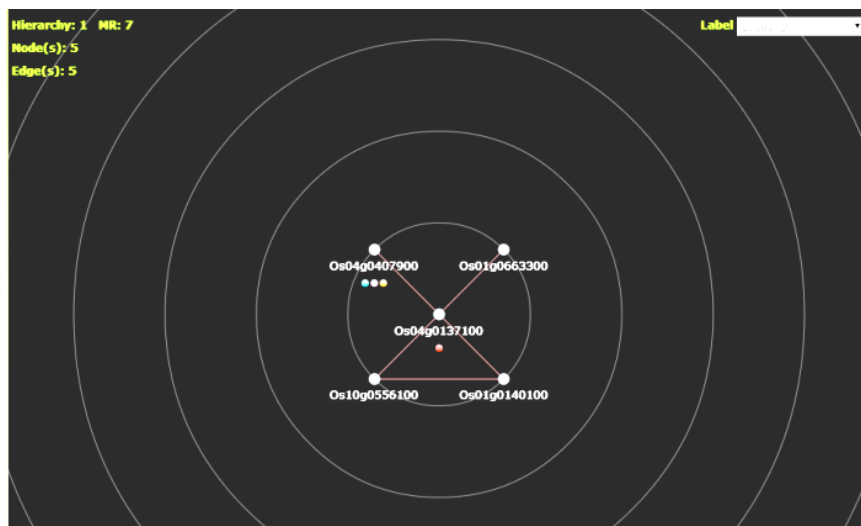
PLL	Os06g0583900	Os06g0144900	Os06g0144200	Os05g0293500	Os02g0214400	Os04g0137100	Os06g0145100
Os06g0583900							
Os06g0144900	56						
Os06g0144200	57	70					
Os05g0293500	46	50	48				
Os02g0214400	65	57	58	49			
Os04g0137100	54	54	56	55	53		
Os06g0145100	63	74	100	48	62	59	

جدول پیوست ۵۰: درصد یکسانی توالی پروتئینی ژن‌های پکتات‌لیاز در گیاه برنج. یکسانی بین ۲ توالی آمینو اسیدی با استفاده از نرم افزار BLASTp (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>) بدست آمده است.

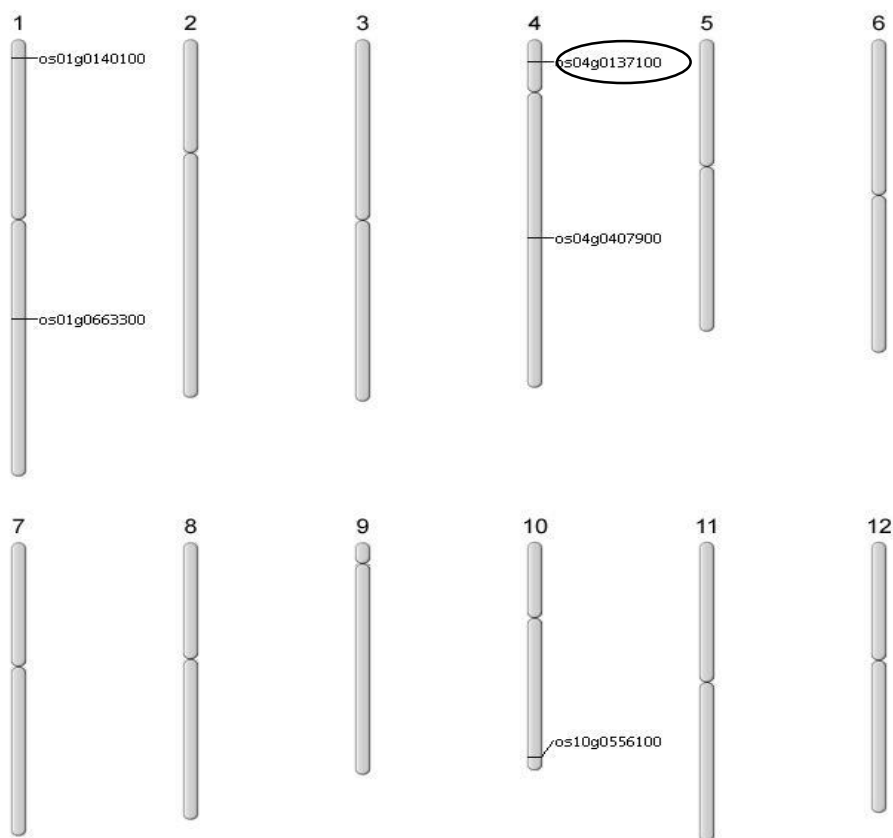


شکل پیوست ۹۸: نمودار میزان بیان در ۱۶ محل برای ژن‌های پکتات‌لیاز برنج.

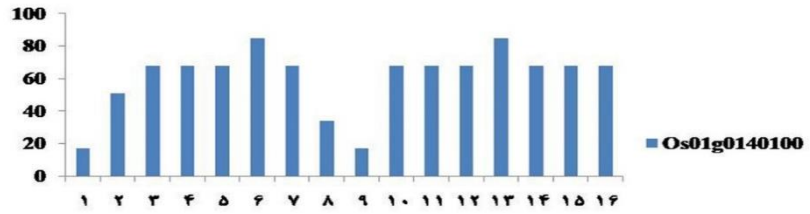
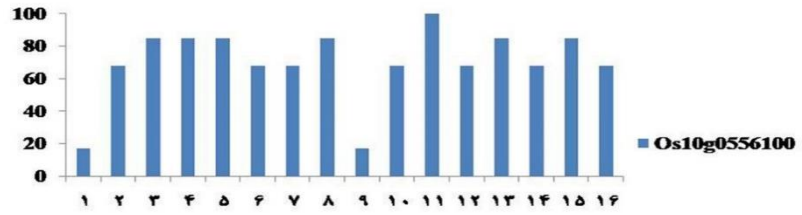
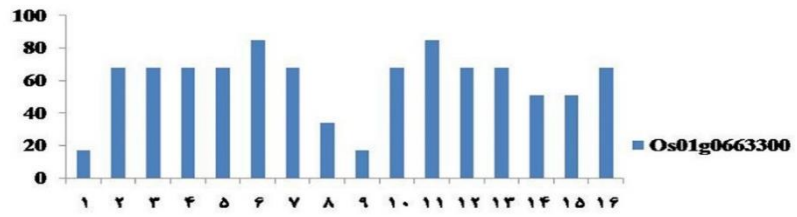
1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip



شکل پیوست ۹۹: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن LOC\_Os04g05050/Os04g0137100 بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND.



شکل پیوست ۱۰۰: نقشه کروموزومی ژن LOC\_Os04g05050/Os04g0137100 و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن



شکل پیوست ۱۰۱: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os04g137100/LOC\_Os04g05050 در مکان‌های مختلف.

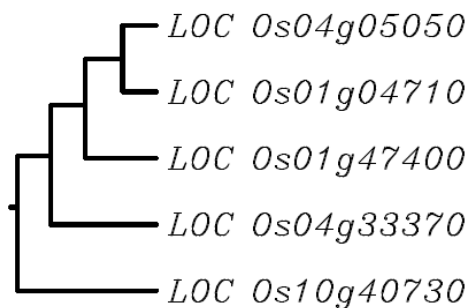
1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

جدول پیوست ۵۱: محل بیان ژن Os04g137100 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
Os04g137100 LOC_Os04g05050	4,5,6,10,12,16	Os01g0663300 LOC_Os01g47400 Os10g0556100 LOC_Os10g40730 os01g0140100 LOC_Os01g04710	6-11 3-4-5-8-11-13-15 6-13

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 8- stamen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 15- roots, 16- root tip.



شکل پیوست ۱۰۲: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os04g0137100 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

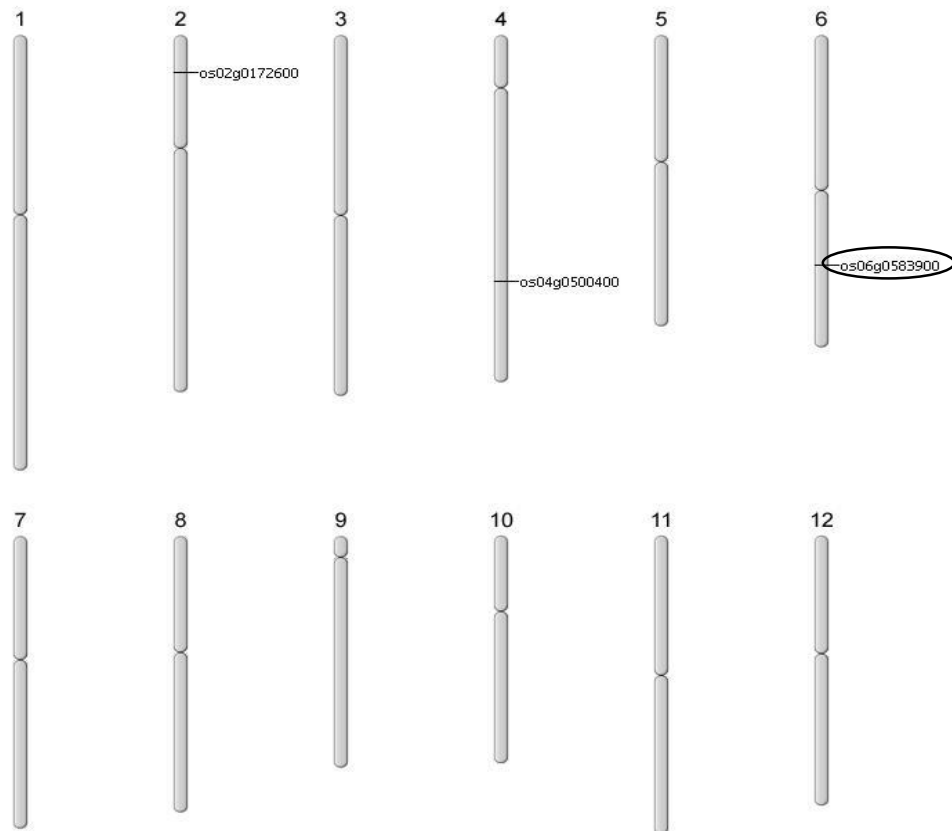
جدول پیوست ۵۲: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن LOC-os04g05050 / Os04g0137100 در برنج.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز		عناصر دیگر	تعداد
				برای تنظیم هورمونی	تعداد		
Os01g0663300 LOC_Os01g47400	2.44	Box4, GT1-motif, MNF1, SP1	6	GARE, P-box, TGA-element	3	LTR	1
Os10g0556100 LOC_Os10g40730	3.16	Box-I, SP1, GA-motif, GT1-motif	5	ARE, CGTCA, ERE, TCA-motif	4	O2-site, Skn-1-motif, TC-rich repeats	4
os04g0407900 LOC_Os04g33370	4.47	G-box, GAG-motif, SP1	4	TGACG-motif	1	Skn-1-motif, TC-rich repeat, circadian	5
os01g0140100 LOC_Os01g04710	4.89	ACE, G Box, G-box, GT1-motif, TGT-motif	5	GARE, TGACG	2	MBS, RY- element, TC-rich repeats	3

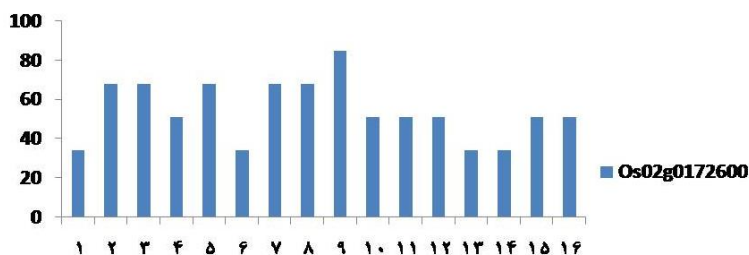
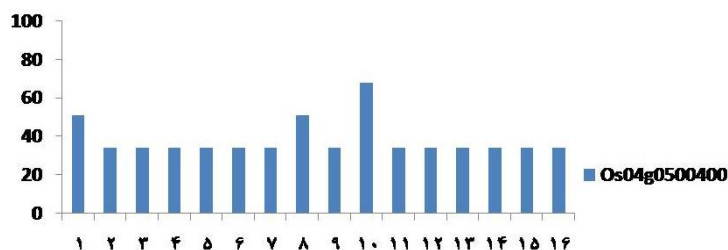
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۰۳: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن LOC-os06g38510/Os06g0583900 بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND.



شکل پیوست ۱۰۴: نقشه کروموزومی ژن LOC-os06g38510/Os06g0583900 و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن.



شکل پیوست ۱۰۵: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0583900/LOC\_Os06g38510 در مکان‌های مختلف.

1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tin

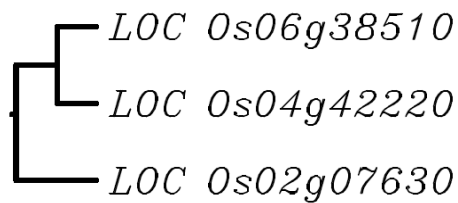
جدول پیوست ۵۳: محل بیان ژن Os06g0583900 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
Os06g0583900 LOC_Os06g38510 LOC_Os06g38520	7,9	os04g0500400 LOC_Os04g42220 os02g0172600 LOC_Os02g07630	-

-: ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

7- floret, 9- pollen.



شکل پیوست ۱۰۶: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os06g38510 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

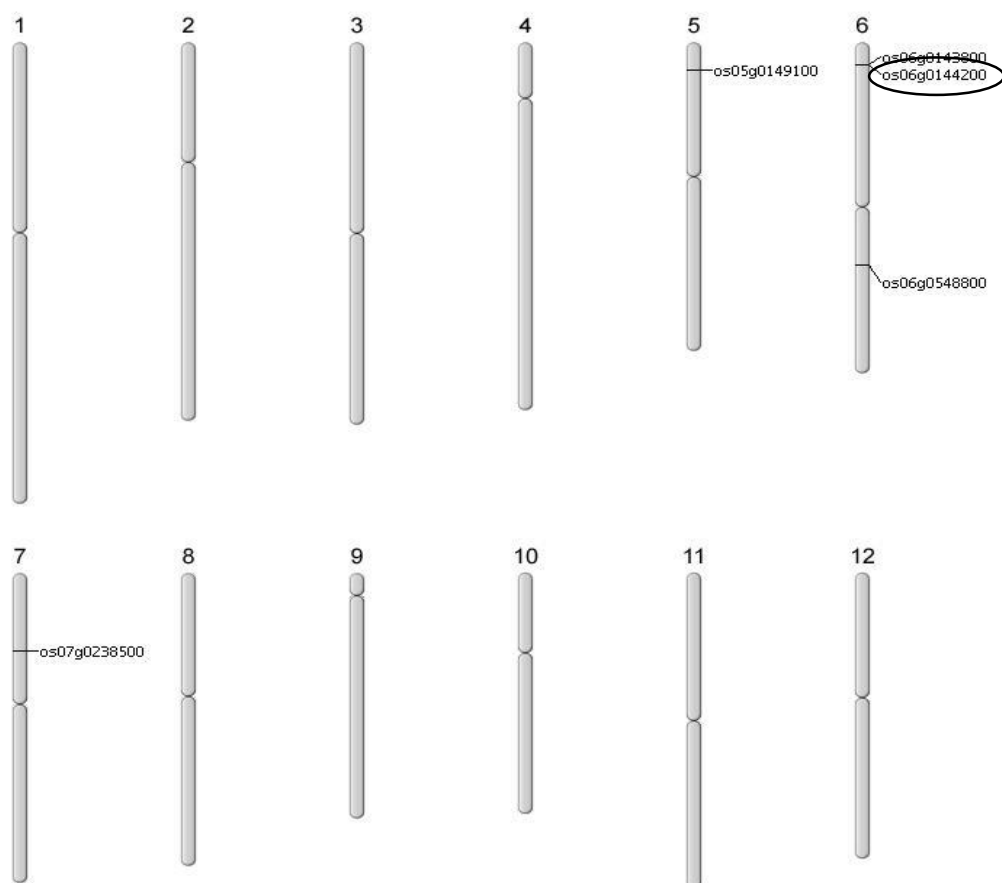
جدول پیوست ۵۴: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g38510/LOC-os06g38520

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	عناصر مورد نیاز				
			تعداد	برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	
os04g0500400 LOC_Os04g42220	29.63	5UTR-Py rich stretch, Box 4, Box I, I box, SP1, G-Box, G-box	8	ARE, GARE-motif	3	RY-element	1
os02g0172600 LOC_Os02g07630	47.96	ACE, GAG-motif, SP1, CATT, G-Box, G-box, GT1-motif	8	ARE, P-box	2	LTR, circadian, MBS, TC-rich repeats, Skn 1-motif	5

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

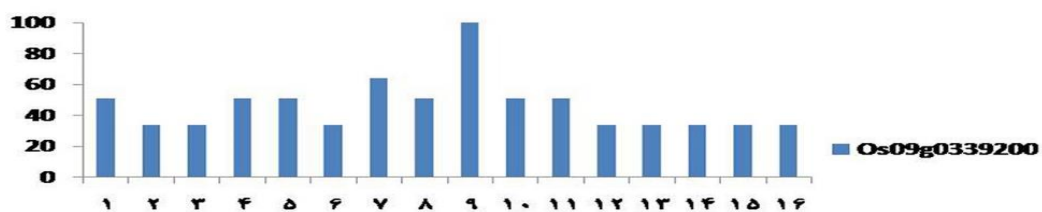
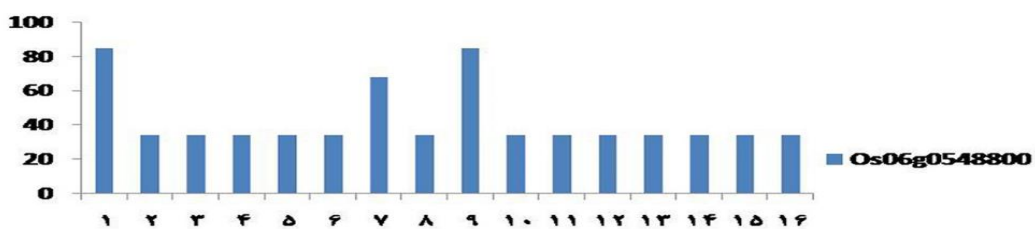
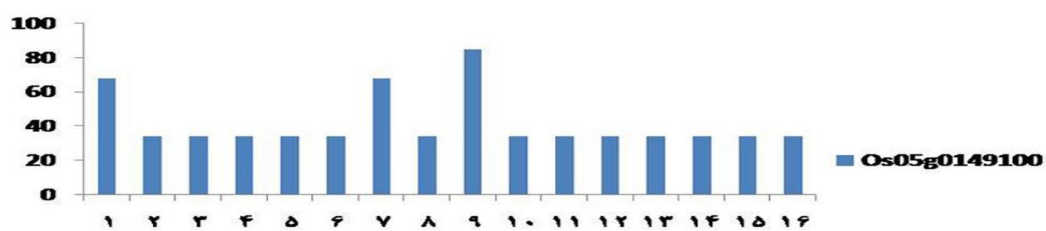


شکل پیوست ۱۰۷: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن LOC-os06g05209/Os06g0144200 بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND



شکل پیوست ۱۰۸: نقشه کروموزومی ژن LOC-os06g05209/Os06g0144200 و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن.





شکل ۱۰۹: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0144200/LOC\_Os06g0143800 در مکان‌های مختلف.

1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

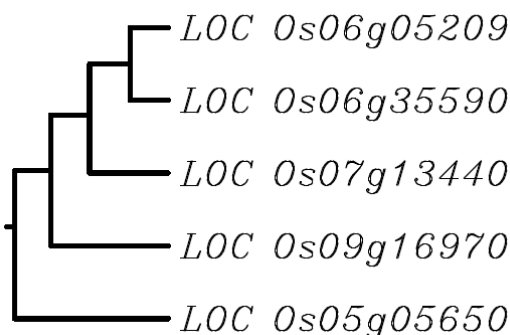
جدول پیوست ۵۵: محل بیان ژن Os06g0144200 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	شماره دسترسی ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
Os06g0144200	Os06g0143800	-	-
LOC_	Os06g0548800	-	1-9
Os06g05209	LOC_Os06g35590	-	9
LOC_	Os09g0339200	-	9
Os06g05272	LOC_Os09g16970	-	9
	Os05g0149100	-	9
	LOC_Os05g05650	-	9

:- ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است.

1-sperm cell9- pollen.

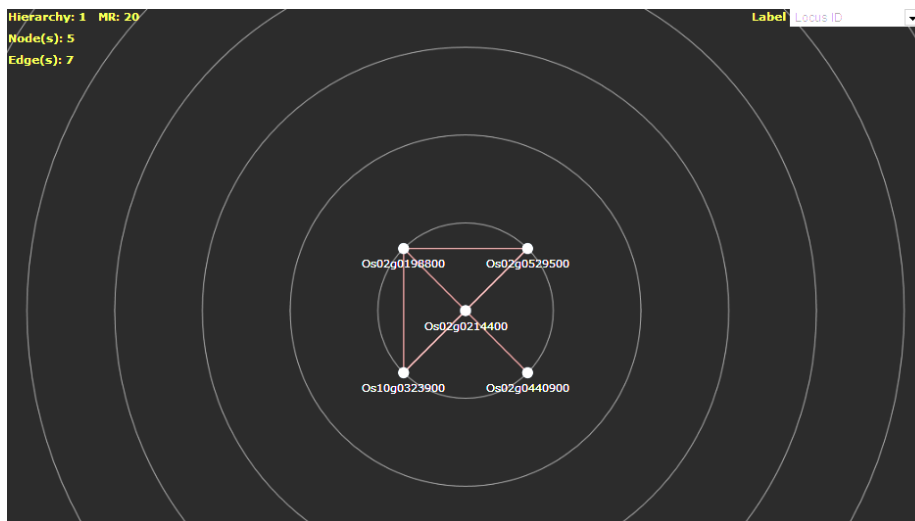


شکل پیوست ۱۱۰: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os06g0144200 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

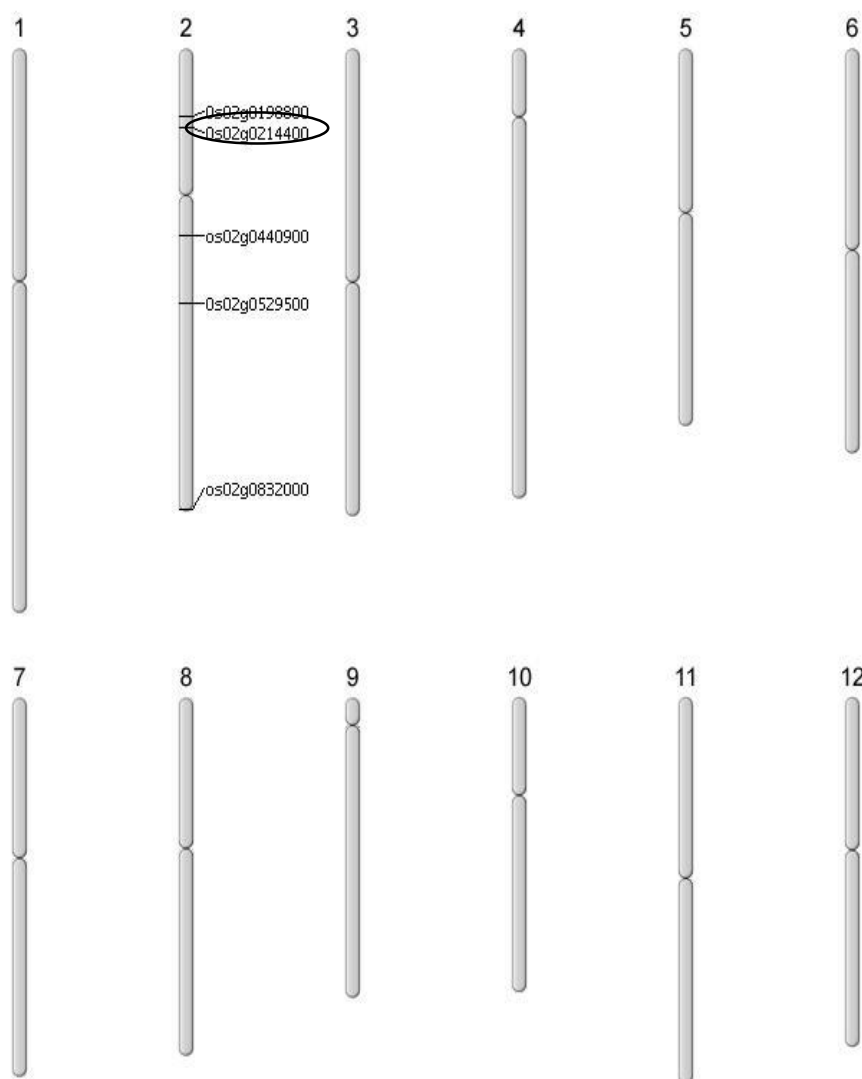
جدول پیوست ۵۶: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0144200 / LOC-os06g05209.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	عناصر مورد نیاز		عناصر دیگر	تعداد
			تعداد	برای تنظیم هورمونی		
os09g0339200 LOC_Os09g16970	4.58	ATCT-motif, CCGTCC-Box I, CAT-box, G-box, MRE	6	GARE-motif, HSE	LTR, Skn-1-motif, circadian	3
os05g0149100 LOC_Os05g05650	5.62	CG-motif, G-Box, GAG-motif, G-box,	9	CGTCA-motif, motif IIb, HSE, GARE	MBS, circadian, LTR, Skn-1-motif	4
os07g0238500 LOC_Os07g13440	6.48	Box 4, Box I, MNF1, CAT-box, MRE	7	CGTCA-motif		
os06g0548800 LOC_Os06g35590	7	5UTR-Py- rich stretch, Box 4, CATT-motif, CCGTCC-box, G- Box, G-box, SPI	11	CGTCA-motif, TGA-element	MBS, Skn-1-motif, TC-rich-repeats	3

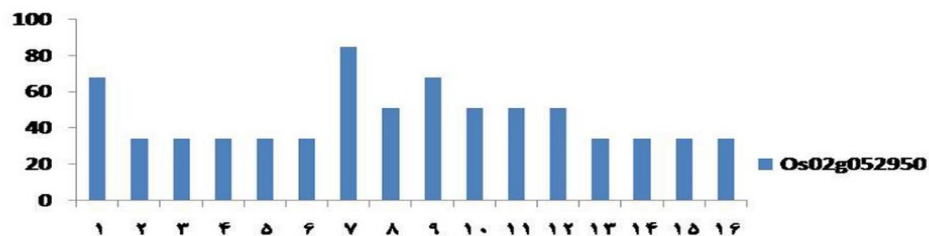
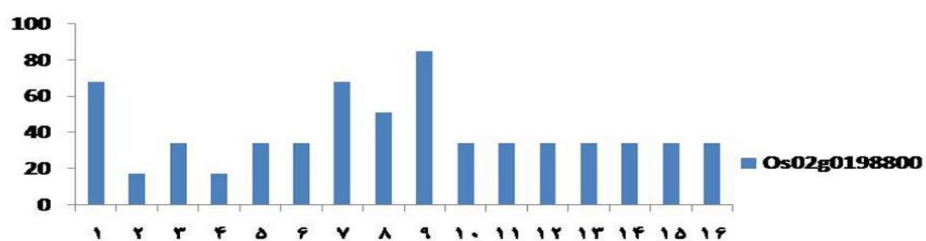
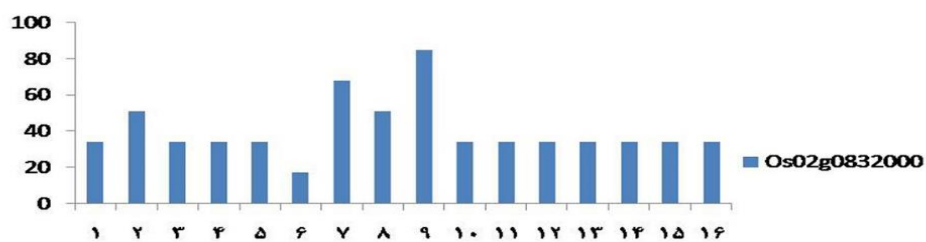
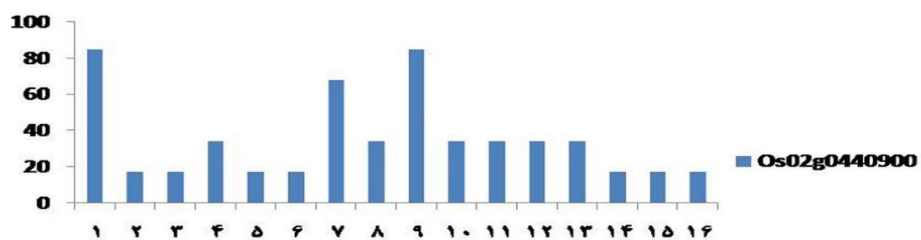
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۱۱: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن Os02g0214400 /LOC-os02g12300 بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND



شکل پیوست ۱۱۲: نقشه کروموزومی ژن Os02g0214400 /LOC-os02g12300 و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن.



شکل پیوست ۱۱۳: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os02g0214400/LOC\_Os02g12300 در مکان‌های مختلف.

1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

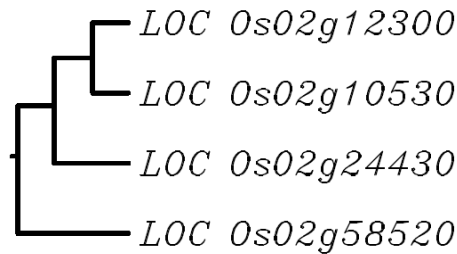
جدول پیوست ۵۷: محل بیان ژن Os02g0214400 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن-های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم-بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
		os02g0440900	
		LOC_Os02g24430	
1-9		os02g0832000	
9		LOC_Os02g58520	
		Os02g0529500	Os02g0214400
7		LOC_Os02g32740	LOC_Os02g12300
9		Os02g0198800	
		LOC_Os02g10530	

-: ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است.

1-sperm cell, 7- floret, 9- pollen.

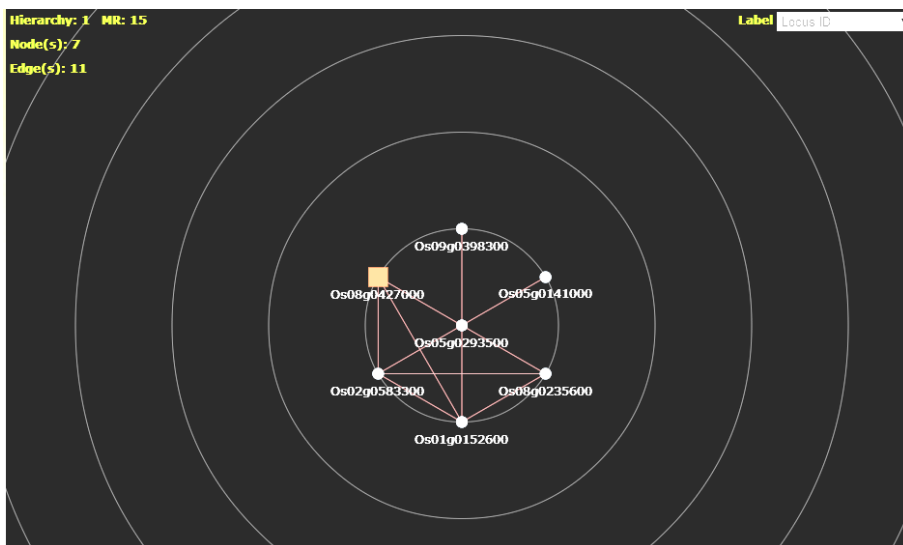


شکل پیوست ۱۱۴: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os02g0214400 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

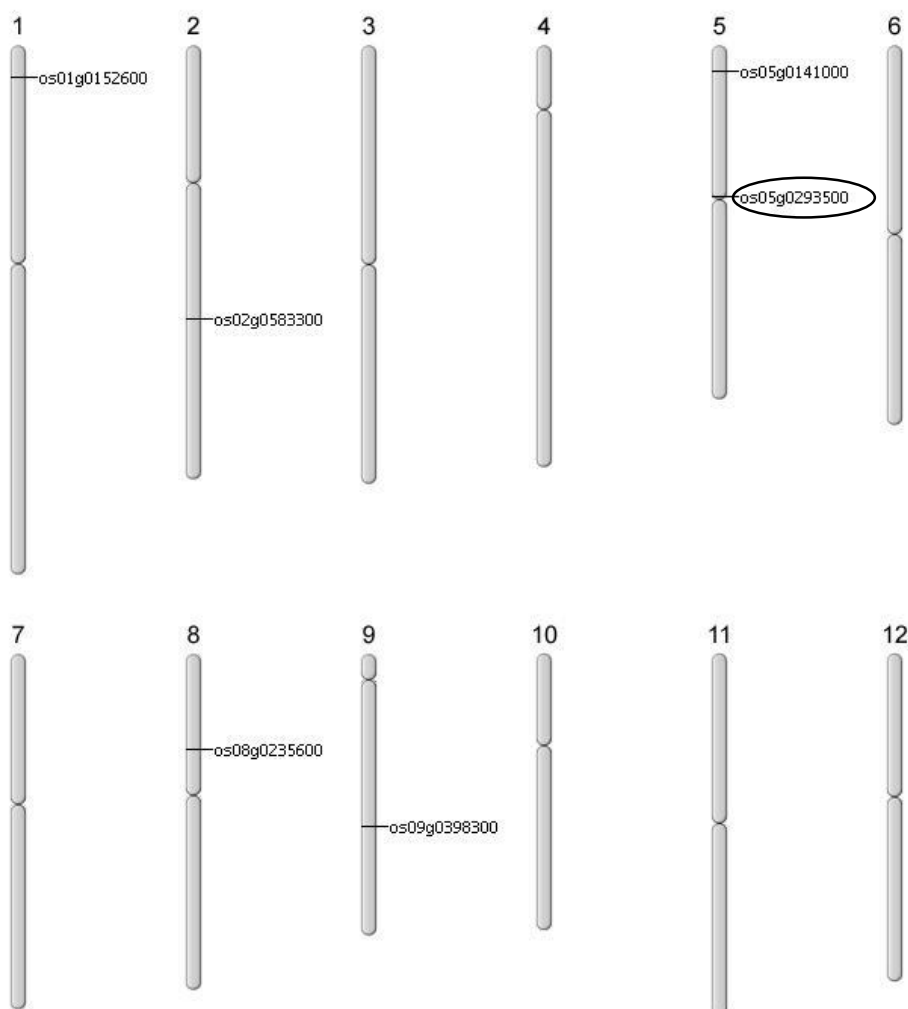
جدول پیوست ۵۸: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ bp بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن Os02g0214400/LOC-Os02g12300.

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
os02g0440900 LOC_Os02g24430	11.74	AE-box, Box 4, G-Box, G-box,	4	CGTCA-motif, TATC-box	2	GCN4-motif, Skn-1-motif	5
os02g0832000 LOC_Os02g58520	34.14	ACE, TCT-motif, G-box, GAG	6	ABRE, ARE, MBS, GARE, P-box	6	Skn-1-motif, TC-rich repeats	2
Os02g0198800 LOC_Os02g10530	17.23	5UTR-Py-rich stretch, Box 4, G-box, GAG, GATA, Chs, CMA1a	6	ARE, HSE, TGACG-motif, SARE	4	MSB, GCN4-motif, RY-element, TC-rich repeats, circadian	6
Os02g0529500 LOC_Os02g32740	18.86	Box 4, Box I, TCT-motif, G-box, G-Box, I-box, SPI, TCCC-motif	13	ABRE, CGTCA-motif	2	Skn-1-motif, RY-element	3

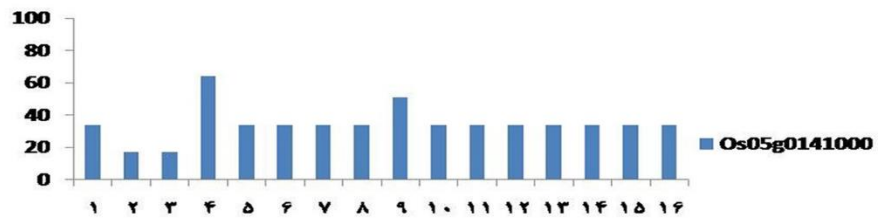
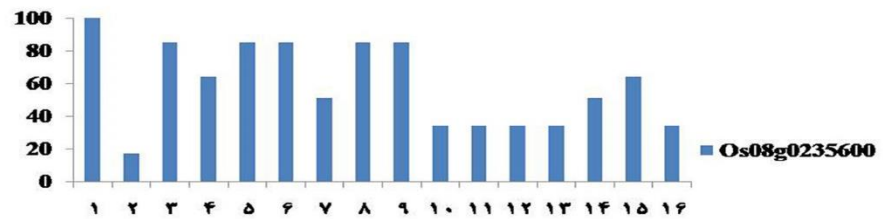
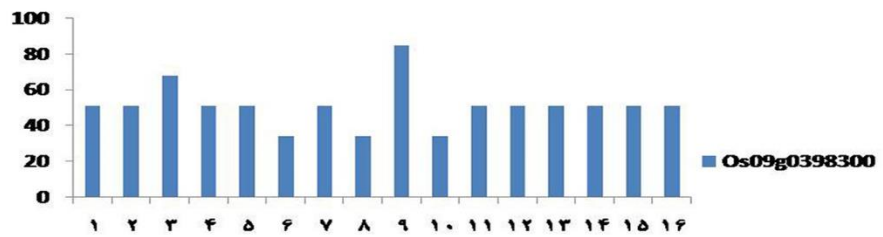
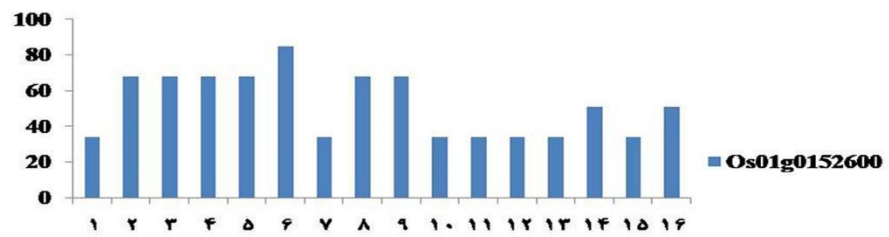
MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۱۵: شبکه ژن‌های هم‌بیم‌ژن LOC-os05g22800/Os05g0293500 بدست آمده از پایگاه RiceFRIEND



شکل پیوست ۱۱۶: نقشه کروموزومی ژن LOC-os05g22800/Os05g0293500 و ژن‌های هم‌بیم‌ژن مستقیم با آن.



شکل پیوست ۱۱۷: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن LOC-os05g22800/Os05g0293500 در مکان‌های مختلف.

1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

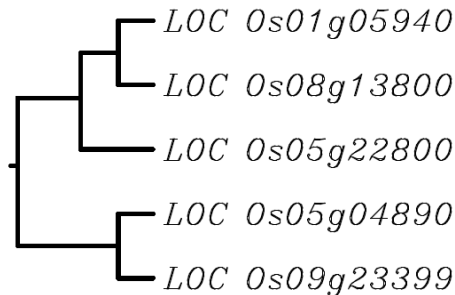
جدول ۵۹: محل بیان ژن Os05g0293500 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن-های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم-بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
		os05g0141000	-
		LOC_Os05g04890	9
		os09g0398300	
		LOC_Os09g23399	
	9	os02g0583300	
		LOC_Os02g37220	6
		os01g0152600	
		LOC_Os01g05940	1-3-5-6-8-9
		os08g0235600	
		LOC_Os08g13800	

ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند.

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-sperm cell, 3-radicle, 5-panicle, 6- spikelet, 8- stamen,



شکل پیوست ۱۱۸: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os05g0293500 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

جدول پیوست ۶۰: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن LOC-Os05g22800 / Os05g0293500.

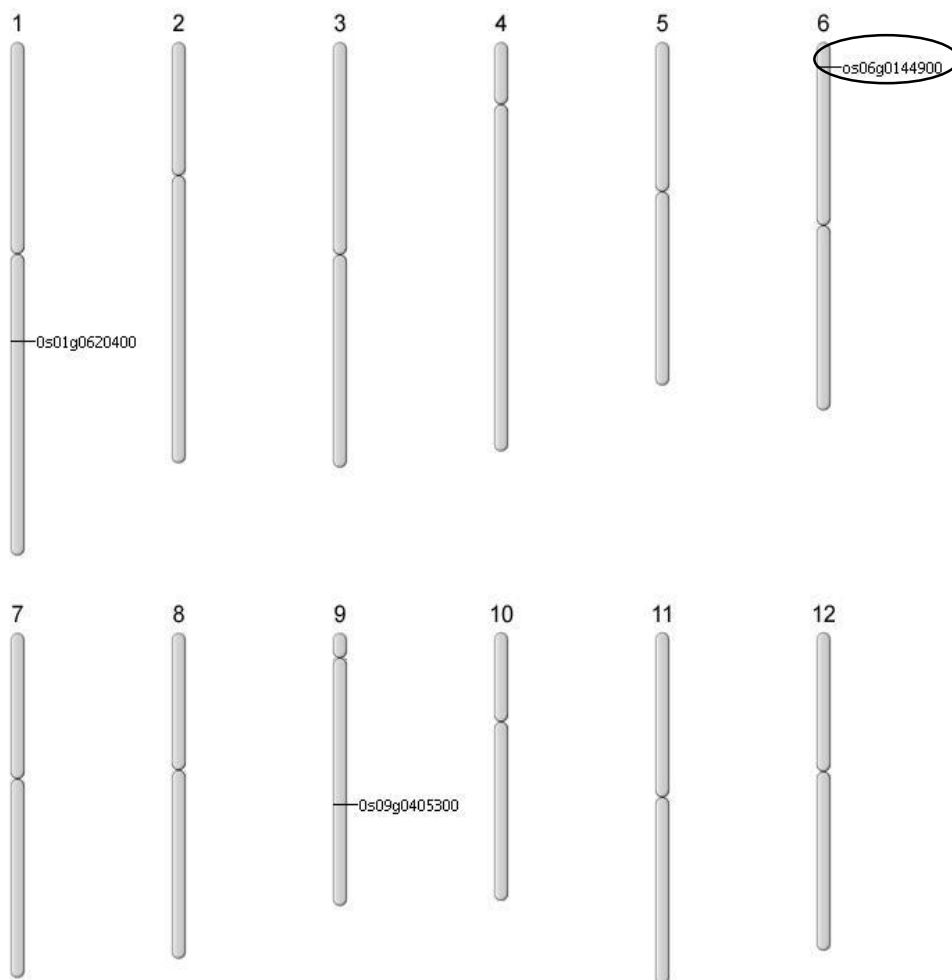
شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز		تعداد	عناصر دیگر	تعداد
				برای تنظیم هورمونی	تعداد			
Os01g0152600 LOC_Os01g05940	11	ATCT-motif, Box I, MNF1, TCT-motif	4	ARE, CGTCA-motif, TGACG-motif,	4	O2-site, RY-element, Skn-1-motif	3	
Os08g0235600 LOC_Os08g13800	11.6	Box 4, TCT-motif, box E, GAG-motif, SP1, as-z-box	6	CGTCA-motif, HSE, GARE	4	Skn-1-motif, RY-element, circadian	4	
Os09g0398300 LOC_Os09g23399	11.8	ACE,SP1	2	ABRE, HSE, CCGTCC-box	4	GCN4-motif, O2-site, MBA, Skn-1-motif, circadian	12	
Os05g0141000 LOC_Os05g04890	12.7	Box 4, SP1, CATT, G-Box, G-box, GT1-motif, LAMO-element, MRE	9	ABRE, ARE, HSE, TGACG-motif	6	LTR	1	

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

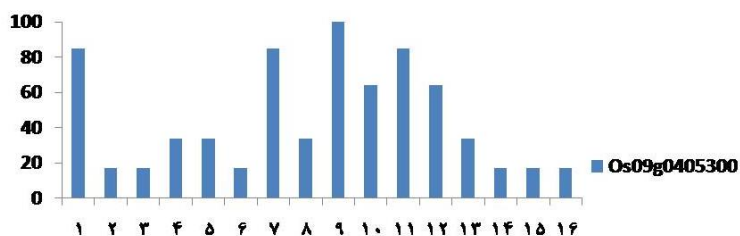
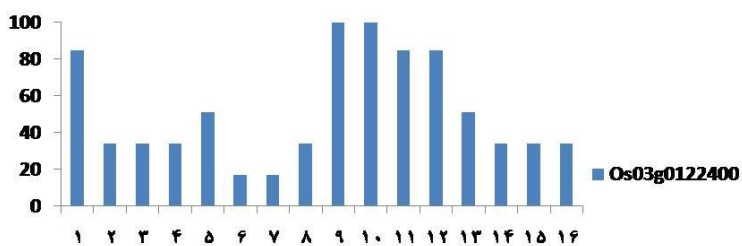
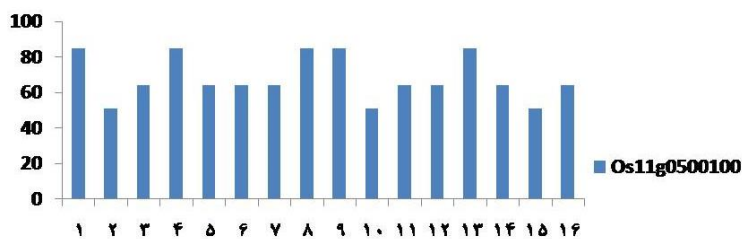
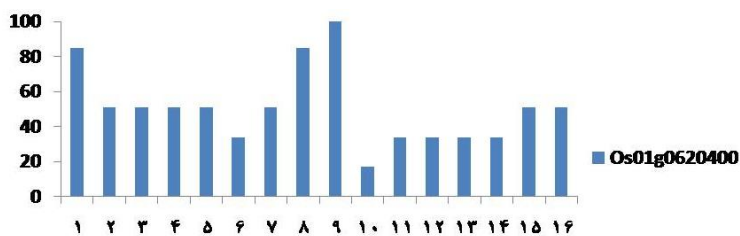
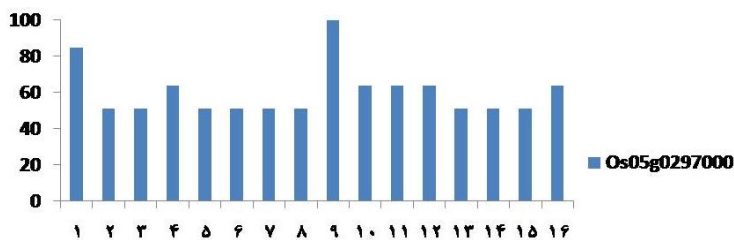
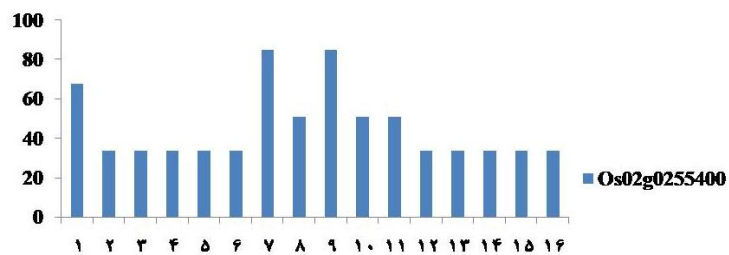




شکل پیوست ۱۱۹: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن LOC-os06g05260/Os06g0144900 بدست آمده از پایگاه RiceFREND



شکل پیوست ۱۲۰: نقشه کروموزومی ژن LOC-os06g05260/Os06g0144900 و ژن‌های هم‌بیان مستقیم با آن.



شکل پیوست ۱۲۱: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0144900/LOC\_Os06g05260 در مکان‌های مختلف.

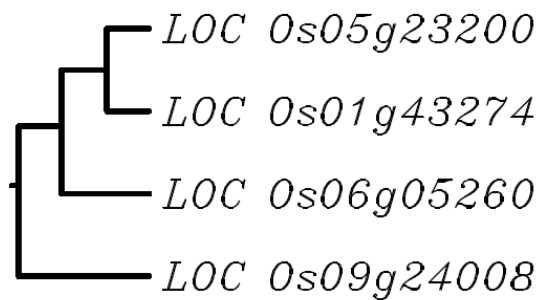
1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

جدول پیوست ۶۱: محل بیان ژن Os06g144900 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن-های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
		os02g0255400	7-9
		LOC_Os02g15630	
		Os03g0122400	1-9-10-11-12
		LOC_Os03g03050	
		Os05g0297000	1-9
		LOC_Os05g23200	
	7,9	Os09g0405300	
		LOC_Os09g24008	1-7-8-11
		LOC_Os09g24020	
		LOC_Os09g24038	
		Os11g0500100	1-4-8-9-13
		LOC_Os01g43274	
		Os01g0620400	1-8-9
		LOC_Os11g30590	

هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است. جایگاه‌های بیان مشترک بین ژن‌های هم‌بیان و ژن پکتات‌لیاز پررنگ‌تر مشخص شده است.

1-sperm cell, 4-inflorescence, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis,

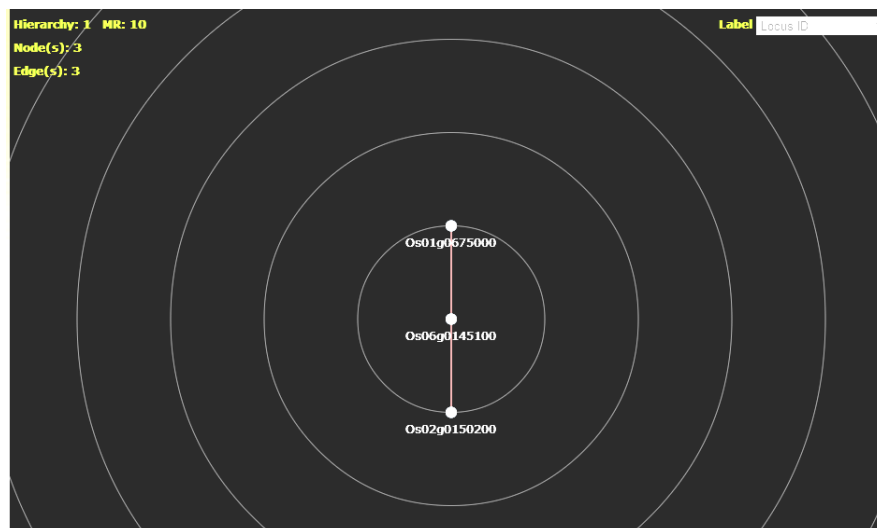


شکل پیوست ۱۲۲: درختچه فیلوژنتیکی توالی پروموتوری ژن Os06g0144900 و ژن‌های هم‌بیان با آن.

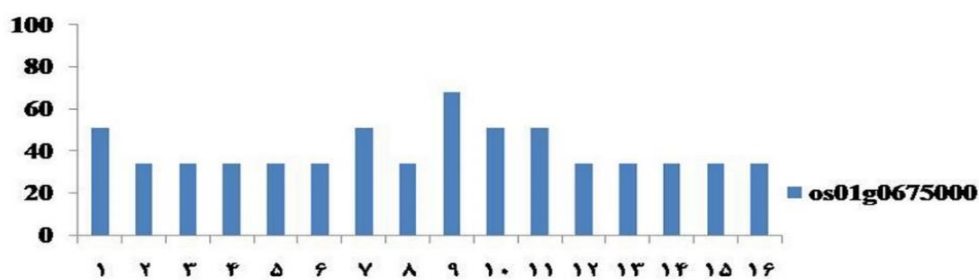
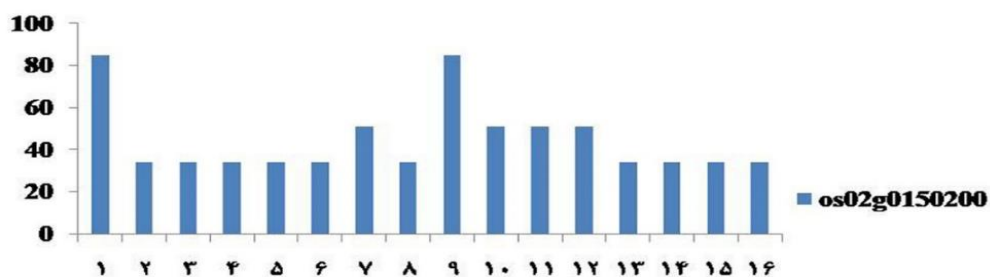
جدول پیوست ۶۲: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن LOC-os06g05260/Os06g0144900

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
Os05g0297000 LOC_Os05g23200	10.86	GAG-motif, GATA-motif, SP1	3		0	Circadian	1
Os11g0500100 LOC_Os01g43274	11.66	ACE, Box4, G- box, SPI, rbcS- CMA7a	8		3	MBS	1
Os01g0620400 LOC_Os11g30590	12.36						
Os03g0122400 LOC_Os03g03050	13.55						
Os09g0405300 LOC_Os09g24008 LOC_Os09g24020 LOC_Os09g24038	14.8	Box 4, G-box, TCT-motif	4	CGTCA, TCA- element	4	RY-element	1

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.



شکل پیوست ۱۲۳: شبکه ژن‌های هم‌بیان ژن Os06g0145100 بدست آمده از پایگاه RiceFREND



شکل پیوست ۱۲۴: نمودار میزان بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g145100 در مکان‌های مختلف.

1-sperm cell, 2-root, 3-radicle 4-inflorescence, 5-panicle, 6- spikelet, 7- floret, 8- stamen, 9- pollen, 10- pistil, 11- stigma, 12- ovary, 13- caryopsis, 14- embryo, 15- roots, 16- root tip

جدول پیوست ۶۳: محل بیان ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g0145100

شماره دسترسی	بافت‌هایی که ژن پکتات‌لیاز در آن بالاتر از ۷۰ درصد بیان شده‌اند در برنج	شماره دسترسی ژن‌های هم‌بیان	بافت‌هایی که ژن‌های هم‌بیان در آن بالاتر از ۷۵ درصد بیان شده‌اند
Os06g0145100	-	os02g0150200 LOC_Os02g05670 LOC_Os01g48410 os01g0675000	1-9 -

-: ژن پکتات‌لیاز و ژن هم‌بیان با آن به ترتیب در هیچ محلی بیان بالاتر از ۷۰ و ۷۵ درصد نداشته‌اند. هر محل بیان با عدد مربوط به خود بیان شده است.

1-sperm cell, 9- pollen

جدول پیوست ۶۴: عناصر سیس موجود در توالی ۱۰۰۰ جفت باز بالادست ژن‌های هم‌بیان با ژن Os06g145100

شماره دسترسی	MR	عناصر پاسخ دهنده به نور	تعداد	عناصر مورد نیاز برای تنظیم هورمونی	تعداد	عناصر دیگر	تعداد
os02g0150200 LOC_Os02g05670	8.24	AT1-motif, CCGTCC-box, GA-motif, Box4, CAT-box, GAG-motif	8	ARE, TGACG-motif	4	Skn-1-motif	1
os01g0675000 LOC_Os01g48410	9.78	5UTR-Py rich stretch, ACE, GAG-motif, SP1, L-box, CG-motif, Catt-motif	9	ABRE	1	GCN4-motif, MBS, Skn-1-motif, TC-rich-repeats	6

MR: انتخاب سطح معینی از درجه همبستگی که می‌تواند یک شبکه را با کاهش تعداد گره ساده کند. هرچه MR کمتر باشد ژن، هم‌بیان مستقیم‌تری است.

منابع

Abbott, D. W., & Boraston, A. B. (2007). **A family 2 pectate lyase displays a rare fold and transition metal-assisted  $\beta$ -elimination.** *Journal of Biological Chemistry*, 282(48), 35328-35336.

Alexander, J. D., Donnelly, J. R., & Shane, J. B. (1995). **Photosynthetic and transpirational responses of red spruce understory trees to light and temperature.** *Tree physiology*, 15(6), 393-398.

Alexander, L., & Grierson, D. (2002). **Ethylene biosynthesis and action in tomato: a model for climacteric fruit ripening.** *Journal of Experimental Botany*, 53(377), 2039-2055.

Alkorta, I., Garbisu, C., Llama, M. J., & Serra, J. L. (1998). **Industrial applications of pectic enzymes: a review.** *Process Biochemistry*, 33(1), 21-28.

Angayarkanni, J., Palaniswamy, M., Murugesan, S., & Swaminathan, K. (2002). **Improvement of tea leaves fermentation with *Aspergillus spp.* pectinase.** *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 94(4), 299-303.

Aoki, K., Ogata, Y., & Shibata, D. (2007). **Approaches for extracting practical information from gene co-expression networks in plant biology.** *Plant and cell physiology*, 48(3), 381-390.

Apweiler, R., Bairoch, A., Wu, C. H., Barker, W. C., Boeckmann, B., Ferro, S., & Yeh, L. S. L. (2004). **UniProt: the universal protein knowledgebase.** *Nucleic Acids Research*, 32(1), D115-D119.

Atias, O., Chor, B., & Chamovitz, D. A. (2009). **Large-scale analysis of Arabidopsis transcription reveals a basal co-regulation network.** *BMC Systems Biology*, 3(1), 86.

Bajpai, P. (1999). **Application of enzymes in the pulp and paper industry.** *Biotechnology Progress*, 15(2), 147-157.

Barras, F., van Gijsegem, F., & Chatterjee, A. K. (1994). **Extracellular enzymes and pathogenesis of soft-rot *Erwinia*.** *Annual Review of Phytopathology*, 32(1), 201-234.

Barrett, T., Troup, D. B., Wilhite, S. E., Ledoux, P., Rudnev, D., Evangelista, C., & Edgar, R. (2007). **NCBI GEO: mining tens of millions of expression profiles—database and tools update.** *Nucleic Acids Research*, 35(suppl 1), D760-D765.

Belfield, E. J., Ruperti, B., Roberts, J. A., & McQueen-Mason, S. (2005). **Changes in expansin activity and gene expression during ethylene-promoted leaflet abscission in *Sambucus nigra*.** *Journal of Experimental Botany*, 56(413), 817-823.

Ben-Dor, A., Shamir, R., & Yakhini, Z. (1999). **Clustering gene expression patterns.** *Journal of Computational Biology*, 6(3-4), 281-297.

Benen, J. A. E., & Visser, J. (2003). **Pectate and pectin lyases.** In *Handbook of Food Enzymology* (p. 1108). Dekker.

Benítez-Burraco, A., Blanco-Portales, R., Redondo-Nevado, J., Bellido, M. L., Moyano, E., Caballero, J. L., & Muñoz-Blanco, J. (2003). **Cloning and characterization of two ripening-related strawberry (*Fragaria* × *ananassa* cv. Chandler) pectate lyase genes.** *Journal of Experimental Botany*, 54(383), 633-645.

Berendzen, K. W., Weiste, C., Wanke, D., Kilian, J., Harter, K., & Dröge-Laser, W. (2012). **Bioinformatic cis-element analyses performed in Arabidopsis and rice disclose bZIP- and MYB-related binding sites as potential AuxRE-coupling elements in auxin-mediated transcription.** *BMC Plant Biology*, 12(1), 125.

Berensmeier, S., Singh, S. A., Meens, J., & Buchholz, K. (2004). **Cloning of the *pelA* gene from *Bacillus licheniformis* 14A and biochemical characterization of recombinant, thermostable, high-alkaline pectate lyase.** *Applied Microbiology and Biotechnology*, 64(4), 560-567.

Bergmann, S., Ihmels, J., & Barkai, N. (2004). **Similarities and differences in genome-wide expression data of six organisms.** *PLoS Biology*, 2(1), E9-E9.

Bewley, J. D. (1997). **Seed germination and dormancy.** *The Plant Cell*, 9(7), 1055.



Borghi, L., Gutzat, R., Fütterer, J., Laizet, Y. H., Hennig, L., & Gruitsem, W. (2010). **Arabidopsis retionoblastoma-related is required for stem cell maintenance, cell differentiation, and lateral organ production.** *The Plant Cell*, 22(6), 1792-1811.

Brent, R., & Ptashne, M. (1985). **A eukaryotic transcriptional activator bearing the DNA specificity of a prokaryotic repressor.** *The Plant Cell*, 43(3), 729-736.

Broekaert, W. F., Delauré, S. L., De Bolle, M. F., & Cammue, B. P. (2006). **The role of ethylene in host-pathogen interactions.** *Annu. Rev. Phytopathol.*, 44, 393-416.

Brummell, D. A. (2006). **Cell wall disassembly in ripening fruit.** *Functional Plant Biology*, 33(2), 103-119.

Brummell, D. A., & Harpster, M. H. (2001). **Cell wall metabolism in fruit softening and quality and its manipulation in transgenic plants.** In *Plant Cell Walls* , 311-340.

Buchanan, B. B., & Jones, R. L. (2000). *Biochemistry & molecular biology of plants (Vol. 40)*. Rockville, MD: American Society of Plant Physiologists.

Budelier, K. A., Smith, A. G., & Gasser, C. S. (1990). **Regulation of a stylar transmitting tissue-specific gene in wild-type and transgenic tomato and tobacco.** *Molecular and General Genetics MGG*, 224(2), 183-192.

Busk, P. K., & Pages, M. (1998). **Regulation of abscisic acid-induced transcription.** *Plant Molecular Biology*, 37(3), 425-435.

Caffall, K. H., & Mohnen, D. (2009). **The structure, function, and biosynthesis of plant cell wall pectic polysaccharides.** *Carbohydrate Research*, 344(14), 1879-1900.

Carles, C. C., Choffnes-Inada, D., Reville, K., Lertpiriyapong, K., & Fletcher, J. C. (2005). **Ultrapetala1 encodes a SAND domain putative transcriptional regulator that controls shoot and floral meristem activity in Arabidopsis.** *Development*, 132(5), 897-911.

Carpita, N. C. (1996). **Structure and biogenesis of the cell walls of grasses.** *Annual Review of Plant Biology*, 47(1), 445-476.

Carpita, N. C., & Gibeaut, D. M. (1993). **Structural models of primary cell walls in flowering plants: consistency of molecular structure with the physical properties of the walls during growth.** *The Plant Journal*, 3(1), 1-30.

Carpita, N. C., & Gibeaut, D. M. (1993). **Structural models of primary cell walls in flowering plants: consistency of molecular structure with the physical properties of the walls during growth.** *The Plant Journal*, 3(1), 1-30.

Carter, C. J., & Thornburg, R. W. (2004). **Tobacco nectarin V is a flavin-containing berberine bridge enzyme-like protein with glucose oxidase activity.** *Plant Physiology*, 134(1), 460-469.

Casal, J. J., Sánchez, R. A., Paganelli-Blau, A. R., & Izaguirre, M. (1995). **Phytochrome effects on stem carbon gain in light-grown mustard seedlings are not simply the result of stem extension-growth responses.** *Physiologia Plantarum*, 94(2), 187-196.

Cassab, G. I. (1998). **Plant cell wall proteins.** *Annual Review of Plant Biology*, 49(1), 281-309.

Chang, R. L., Luo, F., Johnson, S., & Scheuermann, R. H. (2010). **Deterministic graph-theoretic algorithm for detecting modules in biological interaction networks.** *International Journal of Bioinformatics Research and Applications*, 6(2), 101-119.

Childs, K. L., Davidson, R. M., & Buell, C. R. (2011). **Gene coexpression network analysis as a source of functional annotation for rice genes.** *PloS One*, 6(7), e22196.

Chourasia, A., Sane, V. A., & Nath, P. (2006). **Differential expression of pectate lyase during ethylene-induced postharvest softening of mango (*Mangifera indica* var. Dashehari).** *Physiologia Plantarum*, 128(3), 546-555.

Collmer, A., & Keen, N. T. (1986). **The role of pectic enzymes in plant pathogenesis.** *Annual Review of Phytopathology*, 24(1), 383-409.

Cosgrove, D. J. (2000). **Loosening of plant cell walls by expansins.** *Nature*, 407(6802), 321-326.

Cosgrove, E. J., Gardner, T. S., & Kolaczyk, E. D. (2010). **On the choice and number of microarrays for transcriptional regulatory network inference.** *BMC Bioinformatics*, 11(1), 454.

Creelman, R. A., & Mullet, J. E. (1997). **Biosynthesis and action of jasmonates in plants.** *Annual Review of Plant Biology*, 48(1), 355-381.

D'Agostino, N., Aversano, M., & Chiusano, M. L. (2005). **ParPEST: a pipeline for EST data analysis based on parallel computing.** *BMC Bioinformatics*, 6(Suppl 4), S9.

Davuluri, R. V., Sun, H., Palaniswamy, S. K., Matthews, N., Molina, C., Kurtz, M., & Grotewold, E. (2003). **AGRIS: Arabidopsis gene regulatory information server, an information resource of Arabidopsis cis-regulatory elements and transcription factors.** *BMC Bioinformatics*, 4(1), 25.

Derkx, M. P. M., Vermeer, E., & Karssen, C. M. (1994). **Gibberellins in seeds of Arabidopsis thaliana: biological activities, identification and effects of light and chilling on endogenous levels.** *Plant Growth Regulation*, 15(3), 223-234.

Di Matteo, A., Giovane, A., Raiola, A., Camardella, L., Bonivento, D., De Lorenzo, G., & Tsernoglou, D. (2005). **Structural basis for the interaction between pectin methylesterase and a specific inhibitor protein.** *The Plant Cell*, 17(3), 849-858.

Di Pietro, A., & Roncero, M. I. G. (1996). **Purification and characterization of an exopolygalacturonase from the tomato vascular wilt pathogen Fusarium oxysporum f. sp. lycopersici.** *FEMS Microbiology Letters*, 145(2), 295-299.

Domingo, C., Roberts, K., Stacey, N. J., Connerton, I. A. N., Ruiz-Teran, F., & McCann, M. C. (1998). **A pectate lyase from Zinnia elegans is auxin inducible.** *Plant Journal*, 13(1), 17-28.

Dominguez-Puigjaner, E., Llop, I., Vendrell, M., & Prat, S. (1997). **A cDNA clone highly expressed in ripe banana fruit shows homology to pectate lyases.** *Plant Physiology*, *114*(3), 1071-1076.

Dong, Q., Schlueter, S. D., & Brendel, V. (2004). **PlantGDB, plant genome database and analysis tools.** *Nucleic Acids Research*, *32*(suppl 1), D354-D359.

Doyle, E. A., & Lambert, K. N. (2002). **Cloning and characterization of an esophageal-gland-specific pectate lyase from the root-knot nematode *Meloidogyne javanica*.** *Molecular Plant-Microbe Interactions*, *15*(6), 549-556.

Dubey, A. K., Yadav, S., Kumar, M., Singh, V. K., Sarangi, B. K., & Yadav, D. (2010). **In silico characterization of pectate lyase protein sequences from different source organisms.** *Enzyme research*, 2010.

Dumville, J. C., & Fry, S. C. (2003). **Solubilisation of tomato fruit pectins by ascorbate: a possible non-enzymic mechanism of fruit softening.** *Planta*, *217*(6), 951-961.

Dutilh, B. E., Huynen, M. A., & Snel, B. (2006). **A global definition of expression context is conserved between orthologs, but does not correlate with sequence conservation.** *BMC Genomics*, *7*(1), 10.

Eisen, M. B., Spellman, P. T., Brown, P. O., & Botstein, D. (1998). **Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *95*(25), 14863-14868.

Ellis, R. J. (1986). **Photoregulation of plant gene expression.** *Bioscience reports*, *6*(2), 127-136.

Ender, F., Hallmann, A., Amon, P., & Sumper, M. (1999). **Response to the sexual pheromone and wounding in the green alga *Volvox*: induction of an extracellular glycoprotein consisting almost exclusively of hydroxyproline.** *Journal of Biological Chemistry*, *274*(49), 35023-35028.

Ficklin, S. P., & Feltus, F. A. (2011). **Gene coexpression network alignment and conservation of gene modules between two grass species: maize and rice.** *Plant Physiology*, 156(3), 1244-1256.

Ficklin, S. P., Luo, F., & Feltus, F. A. (2010). **The association of multiple interacting genes with specific phenotypes in rice using gene coexpression networks.** *Plant Physiology*, 154(1), 13-24.

Finkelstein, R. R., & Gibson, S. I. (2002). **ABA and sugar interactions regulating development: cross-talk or voices in a crowd?.** *Current Opinion in Plant Biology*, 5(1), 26-32.

Franklin, A. E., & Cande, W. Z. (1999). **Nuclear organization and chromosome segregation.** *The Plant Cell*, 11(4), 523-534.

Frenkel, C., & Dyck, R. (1973). **Auxin inhibition of ripening in Bartlett pears.** *Plant Physiology*, 51(1), 6-9.

Friedberg, E. C., Walker, G. C., Siede, W., & Wood, R. D. (2005). **DNA repair and mutagenesis.** American Society for Microbiology Press.

Fukushima, A., Kanaya, S., & Arita, M. (2009). **Characterizing gene coexpression modules in *Oryza sativa* based on a graph-clustering approach.** *Plant Biotechnology*, 26(5), 485-493.

Futamura, N., Kouchi, H., & Shinohara, K. (2002). **A gene for pectate lyase expressed in elongating and differentiating tissues of a Japanese willow (*Salix gilgiana*).** *Journal of Plant Physiology*, 159(10), 1123-1130.

Galperin, M. Y. (2001). **Conserved 'hypothetical' proteins: new hints and new puzzles.** *Comparative and Functional Genomics*, 2(1), 14-18.

Galperin, M. Y., & Koonin, E. V. (2004). **'Conserved hypothetical' proteins: prioritization of targets for experimental study.** *Nucleic Acids Research*, 32(18), 5452-5463.

Gilmartin, P. M., Sarokin, L., Memelink, J., & Chua, N. H. (1990). **Molecular light switches for plant genes.** *The Plant Cell*, 2(5), 369.

Goldsbrough, A. P., Albrecht, H., & Stratford, R. (1993). **Salicylic acid-inducible binding of a tobacco nuclear protein to a 10 bp sequence which is highly conserved amongst stress-inducible genes.** *The Plant Journal*, 3(4), 563-571.

González-Carranza, Z. H., Elliott, K. A., & Roberts, J. A. (2007). **Expression of polygalacturonases and evidence to support their role during cell separation processes in *Arabidopsis thaliana*.** *Journal of Experimental Botany*, 58(13), 3719-3730.

Goodstein, D. M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R. D., Fazo, J., & Rokhsar, D. S. (2012). **Phytozome: a comparative platform for green plant genomics.** *Nucleic Acids Research*, 40(D1), D1178-D1186.

Gubler, F., & Jacobsen, J. V. (1992). **Gibberellin-responsive elements in the promoter of a barley high-pI alpha-amylase gene.** *The Plant Cell*, 4(11), 1435-1441.

Haberer, G., Mader, M. T., Kosarev, P., Spannagl, M., Yang, L., & Mayer, K. F. (2006). **Large-scale cis-element detection by analysis of correlated expression and sequence conservation between *Arabidopsis* and *Brassica oleracea*.** *Plant Physiology*, 142(4), 1589-1602.

Hallett, I. C., Macrae, E. A., & Wegrzyn, T. F. (1992). **Changes in kiwifruit cell wall ultrastructure and cell packing during postharvest ripening.** *International Journal of Plant Sciences*, 153(1), 49-60.

Hamada, K., Hongo, K., Suwabe, K., Shimizu, A., Nagayama, T., Abe, R., & Yano, K. (2011). **OryzaExpress: an integrated database of gene expression networks and omics annotations in rice.** *Plant and Cell Physiology*, 52(2), 220-229.

Hannun, Y. A., & Obeid, L. M. (2008). **Principles of bioactive lipid signalling: lessons from sphingolipids.** *Nature reviews Molecular cell biology*, 9(2), 139-150.

Hansen, S. F., Bettler, E., Wimmerová, M., Imberty, A., Lerouxel, O., & Breton, C. (2008). **Combination of several bioinformatics approaches for the identification of new putative glycosyltransferases in Arabidopsis.** *Journal of Proteome Research*, 8(2), 743-753.

Hatorangan, M. R., Sentausa, E., & Wijaya, G. Y. (2009). **In silico identification of cis-regulatory elements of phosphate transporter genes in rice (*Oryza sativa* L.).** *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 12(1), 25-30.

Have, A. T., Mulder, W., Visser, J., & van Kan, J. A. (1998). **The endopolygalacturonase gene Bcpg1 is required for full virulence of *Botrytis cinerea*.** *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 11(10), 1009-1016.

Henriksson, G., Akin, D. E., Hanlin, R. T., Rodriguez, C., Archibald, D. D., Rigsby, L. L., & Eriksson, K. L. (1997). **Identification and retting efficiencies of fungi isolated from dew-retted flax in the United States and Europe.** *Applied and Environmental Microbiology*, 63(10), 3950-3956.

Henrissat, B., Coutinho, P. M., & Davies, G. J. (2001). **A census of carbohydrate-active enzymes in the genome of *Arabidopsis thaliana*.** In *Plant Cell Walls* (pp. 55-72). Springer Netherlands.

Hirano, K., Aya, K., Morinaka, Y., Nagamatsu, S., Sato, Y., Antonio, B. A., & Matsuoka, M. (2013). **Survey of genes involved in rice secondary cell wall formation through a co-expression network.** *Plant and Cell Physiology*, pct121.

Hirayama, T., Kieber, J. J., Hirayama, N., Kogan, M., Guzman, P., Nourizadeh, S., & Ecker, J. R. (1999). **Responsive-to-antagonist1, a menkes/wilson disease-related copper transporter, is required for ethylene signaling in Arabidopsis.** *Cell*, 97(3), 383-393.

Hruz, T., Laule, O., Szabo, G., Wessendorp, F., Bleuler, S., Oertle, L., & Zimmermann, P. (2008). **Genevestigator v3: a reference expression database for the meta-analysis of transcriptomes.** *Advances in Bioinformatics*, 2008, 420-747.

HS Chawla. (2002). *Introduction to plant biotechnology*. Science Publishers.

Hu, B., Liu, B., Liu, L., Liu, C., Xu, L., & Ruan, Y. (2014). **Epigenetic control of Pollen Ole e 1 allergen and extensin family gene expression in Arabidopsis thaliana.** *Acta Physiologiae Plantarum*, 36(8), 2203-2209.

Hughes-Davies, L., Huntsman, D., Ruas, M., Fuks, F., Bye, J., Chin, S. F., & Kouzarides, T. (2003). **EMSY links the BRCA2 pathway to sporadic breast and ovarian cancer.** *Cell*, 115(5), 523-535.

Hutchins, A. P., Roberts, G. R., Lloyd, C. W., & Doonan, J. H. (2004). **In vivo interaction between CDKA and eIF4A: a possible mechanism linking translation and cell proliferation.** *FEBS Letters*, 556(1), 91-94.

Ibraheem, O., Botha, C. E., & Bradley, G. (2010). **In silico analysis of cis-acting regulatory elements in 5' regulatory regions of sucrose transporter gene families in rice (Oryza sativa Japonica) and Arabidopsis thaliana.** *Computational Biology and Chemistry*, 34(5), 268-283.

Iiyama, K., Lam, T. B. T., & Stone, B. A. (1990). **Phenolic acid bridges between polysaccharides and lignin in wheat internodes.** *Phytochemistry*, 29(3), 733-737.

Innan, H., & Kondrashov, F. (2010). **The evolution of gene duplications: classifying and distinguishing between models.** *Nature Reviews Genetics*, 11(2), 97-108.

Itzhaki, H., Maxson, J. M., & Woodson, W. R. (1994). **An ethylene-responsive enhancer element is involved in the senescence-related expression of the carnation glutathione-S-transferase (GST1) gene.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(19), 8925-8929.

Jain, M., Kaur, N., Tyagi, A. K., & Khurana, J. P. (2006). **The auxin-responsive GH3 gene family in rice (Oryza sativa).** *Functional & Integrative Genomics*, 6(1), 36-46.

Jarvis, M. C. (1998). **Intercellular separation forces generated by intracellular pressure.** *Plant, Cell & Environment*, 21(12), 1307-1310.



Jayani, R. S., Saxena, S., & Gupta, R. (2005). **Microbial pectinolytic enzymes: a review.** *Process Biochemistry*, 40(9), 2931-2944.

Jiang, J., Jiang, J., Qiu, L., Miao, Y., Yao, L., & Cao, J. (2012). **Identification of gene expression profile during fertilization in *Brassica Campestris* subsp. *chinensis*.** *Genome*, 56(1), 39-48.

Jiang, J., Yao, L., Miao, Y., & Cao, J. (2013). **Genome-wide characterization of the pectate lyase-like (PLL) genes in *Brassica rapa*.** *Molecular Genetics and Genomics*, 288(11), 601-614.

Jiang, J., Zhang, Z., & Cao, J. (2013). **Pollen wall development: the associated enzymes and metabolic pathways.** *Plant Biology*, 15(2), 249-263.

Jiménez-Bermúdez, S., Redondo-Nevado, J., Muñoz-Blanco, J., Caballero, J. L., López-Aranda, J. M., Valpuesta, V., & Mercado, J. A. (2002). **Manipulation of strawberry fruit softening by antisense expression of a pectate lyase gene.** *Plant Physiology*, 128(2), 751-759.

Kang, J. Y., Choi, H. I., Im, M. Y., & Kim, S. Y. (2002). **Arabidopsis basic leucine zipper proteins that mediate stress-responsive abscisic acid signaling.** *The Plant Cell*, 14(2), 343-357.

Keen, N. T., Dahlbeck, D., Staskawicz, B., & Belser, W. (1984). **Molecular cloning of pectate lyase genes from *Erwinia chrysanthemi* and their expression in *Escherichia coli*.** *Journal of Bacteriology*, 159(3), 825-831.

Kenagy, R. D., Civelek, M., Kikuchi, S., Chen, L., Grieff, A., Sobel, M., & Clowes, A. W. (2015). **Scavenger receptor class A member 5 (SCARA5) and suprabasin (SBSN) are hub genes of coexpression network modules associated with peripheral vein graft patency.** *Journal of Vascular Surgery*.

Kendrick, R. E., & Kronenberg, G. H. M. (Eds.). (2013). **Photomorphogenesis in plants.** *Springer Science & Business Media*.

Kenichi, H., Yoshihiro, U., Masao, I., & Tomoko, K. (1999). **Plant cis-acting regulatory DNA elements (PLACE) database.** *Nucleic Acids Res*, 27(1), 297-300.

Kinoshita, K., & Obayashi, T. (2009). **Multi-dimensional correlations for gene coexpression and application to the large-scale data of Arabidopsis.** *Bioinformatics*, 25(20), 2677-2684.

Kobe, B., & Kajava, A. V. (2001). **The leucine-rich repeat as a protein recognition motif.** *Current Opinion in Structural Biology*, 11(6), 725-732.

Koh, T. H., & Melton, L. D. (2002). **Ripening-related changes in cell wall polysaccharides of strawberry cortical and pith tissues.** *Postharvest Biology and Technology*, 26(1), 23-33.

Krom, N., & Ramakrishna, W. (2008). **Comparative analysis of divergent and convergent gene pairs and their expression patterns in rice, Arabidopsis, and Populus.** *Plant Physiology*, 147(4), 1763-1773.

Kulikauskas, R., & McCormick, S. (1997). **Identification of the tobacco and Arabidopsis homologues of the pollen-expressed LAT59 gene of tomato.** *Plant Molecular Biology*, 34(5), 809-814.

Kumar, S., Asif, M. H., Chakrabarty, D., Tripathi, R. D., Dubey, R. S., & Trivedi, P. K. (2015). **Comprehensive analysis of regulatory elements of the promoters of rice sulfate transporter gene family and functional characterization of OsSul1; 1 promoter under different metal stress.** *Plant Signaling & Behavior*, 10(4), e990843.

Lakhssassi, N., Doblaz, V. G., Rosado, A., del Valle, A. E., Posé, D., Jimenez, A. J., & Botella, M. A. (2012). **The Arabidopsis tetratricopeptide thioredoxin-like gene family is required for osmotic stress tolerance and male sporogenesis.** *Plant Physiology*, 158(3), 1252-1266.

Lam, E., & Chua, N. H. (1989). **ASF-2: a factor that binds to the cauliflower mosaic virus 35S promoter and a conserved GATA motif in Cab promoters.** *The Plant Cell*, 1(12), 1147-1156.

Langfelder, P., & Horvath, S. (2008). **WGCNA: an R package for weighted correlation network analysis**. *BMC Bioinformatics*, 9(1), 559.

Laskowski, M., Biller, S., Stanley, K., Kajstura, T., & Prusty, R. (2006). **Expression profiling of auxin-treated Arabidopsis roots: toward a molecular analysis of lateral root emergence**. *Plant and Cell Physiology*, 47(6), 788-792.

Leclere, L., Van Cutsem, P., & Michiels, C. (2013). **Anti-cancer activities of pH-or heat-modified pectin**. *Frontiers in Pharmacology*, 4.

Lee, I., Ambaru, B., Thakkar, P., Marcotte, E. M., & Rhee, S. Y. (2010). **Rational association of genes with traits using a genome-scale gene network for Arabidopsis thaliana**. *Nature Biotechnology*, 28(2), 149-156.

Lee, T. H., Kim, Y. K., Pham, T. T. M., Song, S. I., Kim, J. K., Kang, K. Y., & Nahm, B. H. (2009). **RiceArrayNet: a database for correlating gene expression from transcriptome profiling, and its application to the analysis of coexpressed genes in rice**. *Plant Physiology*, 151(1), 16-33.

Lescot, M., Déhais, P., Thijs, G., Marchal, K., Moreau, Y., Van de Peer, Y., & Rombauts, S. (2002). **PlantCARE, a database of plant cis-acting regulatory elements and a portal to tools for in silico analysis of promoter sequences**. *Nucleic Acids Research*, 30(1), 325-327.

Li, A., & Horvath, S. (2009). **Network module detection: Affinity search technique with the multi-node topological overlap measure**. *BMC Research Notes*, 2(1), 142.

Li, J., Yuan, J., & Li, M. (2014). **Characterization of Putative cis-Regulatory Elements in Genes Preferentially Expressed in Arabidopsis Male Meiocytes**. *BioMed Research International*, 2014.

Liang, H., Yao, N., Song, J. T., Luo, S., Lu, H., & Greenberg, J. T. (2003). **Ceramides modulate programmed cell death in plants**. *Genes & Development*, 17(21), 2636-2641.

Lombard, V., Ramulu, H. G., Drula, E., Coutinho, P. M., & Henrissat, B. (2014). **The carbohydrate-active enzymes database (CAZy) in 2013.** *Nucleic Acids Research*, 42(D1), D490-D495.

Lu, X., Li, Y., Su, Y., Liang, Q., Meng, H., Li, S., & Zhang, C. (2012). **An Arabidopsis gene encoding a C2H2-domain protein with alternatively spliced transcripts is essential for endosperm development.** *Journal of Experimental Botany*, ers243.

Lynch, M., & Force, A. (2000). **The probability of duplicate gene preservation by subfunctionalization.** *Genetics*, 154(1), 459-473.

Lynch, M., & Force, A. (2000). **The probability of duplicate gene preservation by subfunctionalization.** *Genetics*, 154(1), 459-473.

Ma, S., Gong, Q., & Bohnert, H. J. (2007). **An Arabidopsis gene network based on the graphical Gaussian model.** *Genome Research*, 17(11), 1614-1625.

Manavella, P. A., Arce, A. L., Dezar, C. A., Bitton, F., Renou, J. P., Crespi, M., & Chan, R. L. (2006). **Cross-talk between ethylene and drought signalling pathways is mediated by the sunflower Hahb-4 transcription factor.** *The Plant Journal*, 48(1), 125-137.

Mao, L., Van Hemert, J. L., Dash, S., & Dickerson, J. A. (2009). **Arabidopsis gene co-expression network and its functional modules.** *BMC Bioinformatics*, 10(1), 346.

Marger, M. D., & Saier, M. H. (1993). **A major superfamily of transmembrane facilitators that catalyze uniport, symport and antiport.** *Trends in Biochemical Sciences*, 18(1), 13-20.

Marín-Rodríguez, M. C., Orchard, J., & Seymour, G. B. (2002). **Pectate lyases, cell wall degradation and fruit softening.** *Journal of Experimental Botany*, 53(377), 2115-2119.

Marin-Rodriguez, M. C., Smith, D. L., Manning, K., Orchard, J., & Seymour, G. B. (2003). **Pectate lyase gene expression and enzyme activity in ripening banana fruit.** *Plant Molecular Biology*, 51(6), 851-857.

Markakis, M. N., Boron, A. K., Van Loock, B., Saini, K., Cirera, S., Verbelen, J. P., & Vissenberg, K. (2013). **Characterization of a small auxin-up RNA (SAUR)-like gene involved in Arabidopsis thaliana development.** *PLoS ONE*, 8(11), e82596.

Mascarenhas, J. P. (1975). **The biochemistry of angiosperm pollen development.** *The botanical review*, 41(3), 259-314.

Mascarenhas, J. P. (1990). **Gene activity during pollen development.** *Annual review of plant biology*, 41(1), 317-338.

McCann, M. C., & Roberts, K. (1991). **Architecture of the primary cell wall.** *The Cytoskeletal Basis of Plant Growth and Form*, 109-129.

McCormick, S., Twell, D., Vancanneyt, G., & Yamaguchi, J. (1990). **Molecular analysis of gene regulation and function during male gametophyte development.** In *Symposia of the Society for Experimental Biology*, 45(1), 229-244.

Medina-Escobar, N., Cárdenas, J., Moyano, E., Caballero, J. L., & Muñoz-Blanco, J. (1997). **Cloning, molecular characterization and expression pattern of a strawberry ripening-specific cDNA with sequence homology to pectate lyase from higher plants.** *Plant Molecular Biology*, 34(6), 867-877.

Medina-Suárez, R., Manning, K., Fletcher, J., Aked, J., Bird, C. R., & Seymour, G. B. (1997). **Gene expression in the pulp of ripening bananas (two-dimensional sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis of in vitro translation products and cDNA cloning of 25 different ripening-related mRNAs).** *Plant Physiology*, 115(2), 453-461.

**MetNet: software to build and model the biogenetic lattice of Arabidopsis.** *Comparative and Functional Genomics*, 4(2), 239-245.

Métraux, J. P., Signer, H., Ryals, J., Ward, E., & Wyss-Benz, M. (1990). **Increase in salicylic acid at the onset of systemic acquired resistance in cucumber.** *Science*, 250(4983), 1004.

Milioni, D., Sado, P. E., Stacey, N. J., Domingo, C., Roberts, K., & McCann, M. C. (2001). **Differential expression of cell-wall-related genes during the formation of tracheary elements in the *Zinnia mesophyll* cell system.** In *Plant Cell Walls*, 221-238.

Mita, S., Nagai, Y., & Asai, T. (2006). **Isolation of cDNA clones corresponding to genes differentially expressed in pericarp of mume (*Prunus mume*) in response to ripening, ethylene and wounding signals.** *Physiologia Plantarum*, 128(3), 531-545.

Miyamoto, K., Ueda, J., Takeda, S., Ida, K., Hoson, T., Masuda, Y., & Kamisaka, S. (1994). **Light-induced increase in the contents of ferulic and diferulic acids in cell walls of *Avena coleoptiles*: its relationship to growth inhibition by light.** *Physiologia Plantarum*, 92(2), 350-355.

Mohnen, D. (2008). **Pectin structure and biosynthesis.** *Current Opinion in Plant Biology*, 11(3), 266-277.

Mølgaard, A., Kauppinen, S., & Larsen, S. (2000). **Rhamnogalacturonan acetyltransferase elucidates the structure and function of a new family of hydrolases.** *Structure*, 8(4), 373-383.

Mollet, J. C., Faugeron, C., & Morvan, H. (2007). **Cell adhesion, separation and guidance in compatible plant reproduction.** *Annual Plant Reviews*, 25, 69-90.

Murphy, D. J., Hernandez-Pinzon, I., Patel, K., Hope, R. G., & McLauchlan, J. (2000). **New insights into the mechanisms of lipid-body biogenesis in plants and other organisms.** *Biochemical Society Transactions*, 28(6), 710-712.

Mushegian, A. R., & Koonin, E. V. (1995). **A putative FAD-binding domain in a distinct group of oxidases including a protein involved in plant development.** *Protein Science*, 4(6), 1243-1244.

Mutwil, M., Øbro, J., Willats, W. G., & Persson, S. (2008). **GeneCAT—novel webtools that combine BLAST and co-expression analyses.** *Nucleic Acids Research*, *36*(2), W320-W326.

Mutwil, M., Usadel, B., Schütte, M., Loraine, A., Ebenhöf, O., & Persson, S. (2010). **Assembly of an interactive correlation network for the Arabidopsis genome using a novel heuristic clustering algorithm.** *Plant Physiology*, *152*(1), 29-43.

Negi, V. S., Pal, A., Singh, R., & Borthakur, D. (2011). **Identification of species-specific genes from *Leucaena leucocephala* using interspecies suppression subtractive hybridisation.** *Annals of Applied Biology*, *159*(3), 387-398.

Nunan, K. J., Davies, C., Robinson, S. P., & Fincher, G. B. (2001). **Expression patterns of cell wall-modifying enzymes during grape berry development.** *Planta*, *214*(2), 257-264.

Obayashi, T., & Kinoshita, K. (2009). **Rank of correlation coefficient as a comparable measure for biological significance of gene coexpression.** *DNA Research*, *16*(5), 249-260.

Obayashi, T., Kinoshita, K., Nakai, K., Shibaoka, M., Hayashi, S., Saeki, M., & Ohta, H. (2007). **ATTED-II: a database of co-expressed genes and cis elements for identifying co-regulated gene groups in Arabidopsis.** *Nucleic Acids Research*, *35*(1), D863-D869.

Ogata, Y., Suzuki, H., Sakurai, N., & Shibata, D. (2010). **CoP: a database for characterizing co-expressed gene modules with biological information in plants.** *Bioinformatics*, *26*(9), 1267-1268.

O'Grady, A. P., Worledge, D., Wilkinson, A., & Battaglia, M. (2008). **Photosynthesis and respiration decline with light intensity in dominant and suppressed *Eucalyptus globulus* canopies.** *Functional plant biology*, *35*(6), 439-447.

Østergaard, L., Borkhardt, B., & Ulvskov, P. (2007). **Dehiscence.** *Annual Plant. Plant Cell Separation and Adhesion*, *25*(1), 137-163.

Ouyang, S., Zhu, W., Hamilton, J., Lin, H., Campbell, M., Childs, K., & Buell, C. R. (2007). **The TIGR rice genome annotation resource: improvements and new features.** *Nucleic Acids Research*, 35(1), D883-D887.

Palusa, S. G., Golovkin, M., Shin, S. B., Richardson, D. N., & Reddy, A. S. (2007). **Organ-specific, developmental, hormonal and stress regulation of expression of putative pectate lyase genes in Arabidopsis.** *New Phytologist*, 174(3), 537-550.

Pan, Y., Tsai, C. J., Ma, B., & Nussinov, R. (2010). **Mechanisms of transcription factor selectivity.** *Trends in Genetics*, 26(2), 75-83.

Payasi, A., & Sanwal, G. G. (2003). **Pectate lyase activity during ripening of banana fruit.** *Phytochemistry*, 63(3), 243-248.

Payasi, A., Misra, P. C., & Sanwal, G. G. (2006). **Purification and characterization of pectate lyase from banana (*Musa acuminata*) fruits.** *Phytochemistry*, 67(9), 861-869.

Pérez-Rodríguez, P., Riano-Pachon, D. M., Corrêa, L. G. G., Rensing, S. A., Kersten, B., & Mueller-Roeber, B. (2009). **PlnTFDB: updated content and new features of the plant transcription factor database.** *Nucleic Acids Research*, gkp805.

Petersen, S. (2001). **Enzymes to upgrade plant nutrients.** *Feed Mix*, 9, 12-15.

Pilatzke-Wunderlich, I., & Nessler, C. L. (2001). **Expression and activity of cell-wall-degrading enzymes in the latex of opium poppy, *Papaver somniferum* L.** *Plant Molecular Biology*, 45(5), 567-576.

Prade, R. A., Zhan, D., Ayoubi, P., & Mort, A. J. (1999). **Pectins, pectinases and plant-microbe interactions.** *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews*, 16(1), 361-392.

Pratt, H. K., & Goeschl, J. D. (1969). **Physiological roles of ethylene in plants.** *Annual Review of Plant Physiology*, 20(1), 541-584.



Pua, E. C., Ong, C. K., Liu, P., & Liu, J. Z. (2001). **Isolation and expression of two pectate lyase genes during fruit ripening of banana (*Musa acuminata*)**. *Physiologia Plantarum*, 113(1), 92-99.

Qiu, P. (2003). **Computational approaches for deciphering the transcriptional regulatory network by promoter analysis**. *Biosilico*, 1(4), 125-133.

Red Redgwell, R. J., MacRae, E., Hallett, I., Fischer, M., Perry, J., & Harker, R. (1997). **In vivo and in vitro swelling of cell walls during fruit ripening**. *Planta*, 203(2), 162-173.

Ren, G., Zhou, Q., Wu, S., Zhang, Y., Zhang, L., Huang, J., & Kuai, B. (2010). **Reverse genetic identification of CRN1 and its distinctive role in chlorophyll degradation in Arabidopsis**. *Journal of Integrative Plant Biology*, 52(5), 496-504.

Reviews Oxford: Blackwell Publishing Ltd Roberts JA, Gonzalez-Carranza Z Ridley, B. L., O'Neill, M. A., & Mohnen, D. (2001). **Pectins: structure, biosynthesis, and oligogalacturonide-related signaling**. *Phytochemistry*, 57(6), 929-967.

Rhee, S. Y., Beavis, W., Berardini, T. Z., Chen, G., Dixon, D., Doyle, A., & Zhang, P. (2003). **The Arabidopsis Information Resource (TAIR): a model organism database providing a centralized, curated gateway to Arabidopsis biology, research materials and community**. *Nucleic Acids Research*, 31(1), 224-228.

Richards, D. E., King, K. E., Ait-ali, T., & Harberd, N. P. (2001). **How gibberellin regulates plant growth and development: a molecular genetic analysis of gibberellin signaling**. *Annual Review of Plant Biology*, 52(1), 67-88.

Rivera, C. G., Vakil, R., & Bader, J. S. (2010). **NeMo: network module identification in Cytoscape**. *BMC Bioinformatics*, 11(1), S61.

Rogers, H. J., Harvey, A., & Lonsdale, D. M. (1992). **Isolation and characterization of a tobacco gene with homology to pectate lyase which is specifically expressed during microsporogenesis**. *Plant Molecular Biology*, 20(3), 493-502.

- Rosado, A., Amaya, I., Valpuesta, V., Cuartero, J., Botella, M. A., & Borsani, O. (2006). **ABA-and ethylene-mediated responses in osmotically stressed tomato are regulated by the TSS2 and TOS1 loci.** *Journal of Experimental Botany*, 57(12), 3327-3335.
- Rose, J. K., & Bennett, A. B. (1999). **Cooperative disassembly of the cellulose–xyloglucan network of plant cell walls: parallels between cell expansion and fruit ripening.** *Trends in plant Science*, 4(5), 176-183.
- Rose, J. K., Braam, J., Fry, S. C., & Nishitani, K. (2002). **The XTH family of enzymes involved in xyloglucan endotransglucosylation and endohydrolysis: current perspectives and a new unifying nomenclature.** *Plant and Cell Physiology*, 43(12), 1421-1435.
- Rougemont, J., & Hingamp, P. (2003). **DNA microarray data and contextual analysis of correlation graphs.** *BMC Bioinformatics*, 4(1), 15.
- Roy, S., Jauneau, A., & Vian, B. (1994). **Analytical detection of calcium ions and immunocytochemical visualization of homogalacturonic sequences in the ripe cherry tomato.** *Plant Physiology and Biochemistry*, 32(5), 633-640.
- Ruiz-Medrano, R., Jimenez-Moraila, B., Herrera-Estrella, L., & Rivera-Bustamante, R. F. (1992). **Nucleotide sequence of an osmotin-like cDNA induced in tomato during viroid infection.** *Plant Molecular Biology*, 20(6), 1199-1202.
- Saladié, M., Matas, A. J., Isaacson, T., Jenks, M. A., Goodwin, S. M., Niklas, K. J., & Rose, J. K. (2007). **A reevaluation of the key factors that influence tomato fruit softening and integrity.** *Plant Physiology*, 144(2), 1012-1028.
- Salazar, L., & Jayasinghe, U. (1999). **Fundamentals of purification of plant viruses.** *Techniques in Pplant Virology CIP Training Manual*, 5, 1-10.
- Santiago-Doménech, N., Jiménez-Bemúdez, S., Matas, A. J., Rose, J. K., Muñoz-Blanco, J., Mercado, J. A., & Quesada, M. A. (2008). **Antisense inhibition of a pectate lyase gene supports a role for pectin depolymerization in strawberry fruit softening.** *Journal of Experimental Botany*, 59(10), 2769-2779.

Sarkar, N. K., Kim, Y. K., & Grover, A. (2014). **Coexpression network analysis associated with call of rice seedlings for encountering heat stress.** *Plant Molecular Biology*, 84(1-2), 125-143.

Sato, Y., Namiki, N., Takehisa, H., Kamatsuki, K., Minami, H., Ikawa, H., & Nagamura, Y. (2012). **RiceFRIEND: a platform for retrieving coexpressed gene networks in rice.** *Nucleic Acids Research*, gks1122.

Schena, M., Shalon, D., Davis, R. W., & Brown, P. O. (1995). **Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray.** *Science*, 270(5235), 467-470.

Schmid, M., Davison, T. S., Henz, S. R., Pape, U. J., Demar, M., Vingron, M., & Lohmann, J. U. (2005). **A gene expression map of Arabidopsis thaliana development.** *Nature Genetics*, 37(5), 501-506.

Schröder, R., Wegrzyn, T. F., Sharma, N. N., & Atkinson, R. G. (2006). **LeMAN4 endo- $\beta$ -mannanase from ripe tomato fruit can act as a mannan transglycosylase or hydrolase.** *Planta*, 224(5), 1091-1102.

Schuler, M. A. (1996). **Plant cytochrome P450 monooxygenases.** *Critical Reviews in Plant Sciences*, 15(3), 235-284.

Sedbrook, J. C., Carroll, K. L., Hung, K. F., Masson, P. H., & Somerville, C. R. (2002). **The Arabidopsis *SKU5* gene encodes an extracellular glycosyl phosphatidylinositol-anchored glycoprotein involved in directional root growth.** *The Plant Cell*, 14(7), 1635-1648.

Sembdner, G. A. P. B., & Parthier, B. (1993). **The biochemistry and the physiological and molecular actions of jasmonates.** *Annual Review of Plant Biology*, 44(1), 569-589.

Seymour, G. B., & Gross, K. C. (1996). **Cell wall disassembly and fruit softening.** *Postharvest News and Information (United Kingdom)*.

Sharan, R., Maron-Katz, A., & Shamir, R. (2003). **Click and expander: a system for clustering and visualizing gene expression data.** *Bioinformatics*, 19(14), 1787-1799.

Shcherban, T. Y., Shi, J., Durachko, D. M., Gultinan, M. J., McQueen-Mason, S. J., Shieh, M., & Cosgrove, D. J. (1995). **Molecular cloning and sequence analysis of expansins--a highly conserved, multigene family of proteins that mediate cell wall extension in plants.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 92(20), 9245-9249.

Shoemaker, B. A., & Panchenko, A. R. (2007). **Deciphering protein-protein interactions. Part II. Computational methods to predict protein and domain interaction partners.** *PLoS Comput Biol*, 3(4), e43.

Showalter, A. M. (1993). **Structure and function of plant cell wall proteins.** *The Plant Cell*, 5(1), 9.

Steinhauser, D., Usadel, B., Luedemann, A., Thimm, O., & Kopka, J. (2004). **CSB. DB: a comprehensive systems-biology database.** *Bioinformatics*, 20(18), 3647-3651.

Stenvik, G. E., Butenko, M. A., Urbanowicz, B. R., Rose, J. K., & Aalen, R. B. (2006). **Overexpression of inflorescence deficient in abscission activates cell separation in vestigial abscission zones in Arabidopsis.** *The Plant Cell*, 18(6), 1467-1476.

Sterck, L., Rombauts, S., Vandepoele, K., Rouze, P., & Van de Peer, Y. (2007). **How many genes are there in plants and why are they there?.** *Current Opinion in Plant Biology*, 10(2), 199-203.

Sun, L., & van Nocker, S. (2010). **Analysis of promoter activity of members of the pectate lyase like (PLL) gene family in cell separation in Arabidopsis.** *BMC Plant Biology*, 10(1), 152.

Swarbreck, D., Wilks, C., Lamesch, P., Berardini, T. Z., Garcia-Hernandez, M., Foerster, H., & Huala, E. (2008). **The Arabidopsis Information Resource (TAIR): gene structure and function annotation.** *Nucleic Acids Research*, 36 (suppl 1), D1009-D1014.

Swarup, K., Benková, E., Swarup, R., Casimiro, I., Péret, B., Yang, Y., & Bennett, M. J. (2008). **The auxin influx carrier LAX3 promotes lateral root emergence.** *Nature Cell Biology*, 10(8), 946-954.

Takebe, I., Otsuki, Y., & Aoki, S. (1968). **Isolation of tobacco mesophyll cells in intact and active state.** *Plant and Cell Physiology*, 9(1), 115-124.

Tamayo, P., Slonim, D., Mesirov, J., Zhu, Q., Kitareewan, S., Dmitrovsky, E., & Golub, T. R. (1999). **Interpreting patterns of gene expression with self-organizing maps: methods and application to hematopoietic differentiation.** *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 96(6), 2907-2912.

Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011). **MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods.** *Molecular Biology and Evolution*, 28(10), 2731-2739.

Taniguchi, Y., Ono, A., Sawatani, M., Nanba, M., Kohno, K., Usui, M., & Matuhasi, T. (1995). **Cry j I, a major allergen of Japanese cedar pollen, has pectate lyase enzyme activity.** *Allergy*, 50(1), 90-93.

Tavazoie, S., Hughes, J. D., Campbell, M. J., Cho, R. J., & Church, G. M. (1999). **Systematic determination of genetic network architecture.** *Nature Genetics*, 22(3), 281-285.

Taylor, L. P., & Hepler, P. K. (1997). **Pollen germination and tube growth.** *Annual Review of Plant Biology*, 48(1), 461-491.

Thompson, J. D., Gibson, T., & Higgins, D. G. (2002). **Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX.** *Current Protocols in Bioinformatics*, 2-3.

Torii, K. U. (2004). **Leucine-rich repeat receptor kinases in plants: structure, function, and signal transduction pathways.** *International Review of Cytology*, 234, 1-46.

Toufighi, K., Brady, S. M., Austin, R., Ly, E., & Provart, N. J. (2005). **The Botany Array Resource: E-Northern, Expression Angling, and promoter analyses.** *The Plant Journal*, 43(1), 153-163.

Turcich, M. P., Hamilton, D. A., & Mascarenhas, J. P. (1993). **Isolation and characterization of pollen-specific maize genes with sequence homology to ragweed allergens and pectate lyases.** *Plant Molecular Biology*, 23(5), 1061-1065.

Tuskan GA, DiFazio S, Jansson S, Bohlmann J, Grigoriev I, Hellsten U, Yang, Q., Reinhard, K., Schiltz, E., & Matern, U. (1997). **Characterization and heterologous expression of hydroxycinnamoyl/benzoyl-CoA: anthranilate nhydroxycinnamoyl/benzoyltransferase from elicited cell cultures of carnation, *Dianthus caryophyllus*.** *Plant Molecular Biology*, 35(6), 777-789.

Tuskan, G. A., Difazio, S., Jansson, S., Bohlmann, J., Grigoriev, I., Hellsten, U., & Henrissat, B. (2006). **The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray).** *Science*, 313(5793), 1596-1604.

Usadel, B., Obayashi, T., Mutwil, M., Giorgi, F. M., Bassel, G. W., Tanimoto, M., & Provart, N. J. (2009). **Co-expression tools for plant biology: opportunities for hypothesis generation and caveats.** *Plant, Cell & Environment*, 32(12), 1633-1651.

Vahisalu, T., Kollist, H., Wang, Y. F., Nishimura, N., Chan, W. Y., Valerio, G., & Kangasjärvi, J. (2008). **SLAC1 is required for plant guard cell S-type anion channel function in stomatal signalling.** *Nature*, 452(7186), 487-491.

van Erp, H., & Walton, J. D. (2009). **Regulation of the cellulose synthase-like gene family by light in the *maize mesocotyl*.** *Planta*, 229(4), 885-897.

Vandepoele, K., & Van de Peer, Y. (2005). **Exploring the plant transcriptome through phylogenetic profiling.** *Plant Physiology*, 137(1), 31-42.

Vandepoele, K., Quimbaya, M., Casneuf, T., De Veylder, L., & Van de Peer, Y. (2009). **Unraveling transcriptional control in *Arabidopsis* using cis-regulatory elements and coexpression networks.** *Plant Physiology*, 150(2), 535-546.

Vilo, J., Brazma, A., Jonassen, I., Robinson, A. J., & Ukkonen, E. (2000). **Mining for putative regulatory elements in the yeast genome using gene expression data.** In *Ismb*, 384-394.

Vogel, J. (2008). **Unique aspects of the grass cell wall.** *Current Opinion in Plant Biology*, 11(3), 301-307.

Vogel, J. P., Raab, T. K., Schiff, C., & Somerville, S. C. (2002). **PMR6, a pectate lyase-like gene required for powdery mildew susceptibility in Arabidopsis.** *The Plant Cell*, 14(9), 2095-2106.

Voxeur, A., André, A., Breton, C., & Lerouge, P. (2012). **Identification of putative rhamnogalacturonan-II specific glycosyltransferases in Arabidopsis using a combination of bioinformatics approaches.** *PLOS ONE*, 7(12), e51129.

Walter, S. (2002). **Structure and function of the GroE chaperone.** *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 59(10), 1589-1597.

Walton, J. D., & Ray, P. M. (1982). **Inhibition by light of growth and Golgi-localized glucan synthetase in the maize mesocotyl.** *Planta*, 156(4), 302-308.

Wang, X., Haberer, G., & Mayer, K. F. (2009). **Discovery of cis-elements between sorghum and rice using co-expression and evolutionary conservation.** *BMC Genomics*, 10(1), 284.

Wang, Z., Dalkilic, M., & Kim, S. (2004, March). **Guiding motif discovery by iterative pattern refinement.** In *Proceedings of the 2004 ACM Symposium on Applied Computing*, 162-166.

Wanner, L. A., Li, G., Ware, D., Somssich, I. E., & Davis, K. R. (1995). **The phenylalanine ammonia-lyase gene family in Arabidopsis thaliana.** *Plant Molecular Biology*, 27(2), 327-338.

Wasserman, W. W., & Sandelin, A. (2004). **Applied bioinformatics for the identification of regulatory elements.** *Nature Reviews Genetics*, 5(4), 276-287.

Wasternack, C., & Parthier, B. (1997). **Jasmonate-signalled plant gene expression.** *Trends in plant Science*, 2(8), 302-307.

Wei, H., Persson, S., Mehta, T., Srinivasasainagendra, V., Chen, L., Page, G. P., & Loraine, A. (2006). **Transcriptional coordination of the metabolic network in Arabidopsis.** *Plant Physiology*, 142(2), 762-774.

Whitaker, J. R. (1990). **Microbial pectolytic enzymes.** In *Microbial Enzymes and Biotechnology* (pp. 133-176).

Wilkins, O., Nahal, H., Foong, J., Provart, N. J., & Campbell, M. M. (2009). **Expansion and diversification of the Populus R2R3-MYB family of transcription factors.** *Plant Physiology*, 149(2), 981-993.

Willats, W. G., McCartney, L., Mackie, W., & Knox, J. P. (2001). **Pectin: cell biology and prospects for functional analysis.** In *Plant Cell Walls*, 9-27.

Willats, W. G., Orfila, C., Limberg, G., Buchholt, H. C., van Alebeek, G. J. W., Voragen, A. G., & Knox, J. P. (2001). **Modulation of the Degree and Pattern of Methyl-esterification of Pectic Homogalacturonan in plant cell walls implications for pectin methyl esterase action, matrix properixs, and cell adhesion.** *Journal of Biological Chemistry*, 276(22), 19404-19413.

Wing, R. A., Yamaguchi, J., Larabell, S. K., Ursin, V. M., & McCormick, S. (1990). **Molecular and genetic characterization of two pollen-expressed genes that have sequence similarity to pectate lyases of the plant pathogen *Erwinia*.** *Plant molecular biology*, 14(1), 17-28.

Wolfe, C. J., Kohane, I. S., & Butte, A. J. (2005). **Systematic survey reveals general applicability of.** *BMC Bioinformatics*, 6(1), 227.



Woltering, E. J., & Van Doorn, W. G. (1988). **Role of ethylene in senescence of petals—morphological and taxonomical relationships.** *Journal of Experimental Botany*, 1605-1616.

Wu, Y., Meeley, R. B., & Cosgrove, D. J. (2001). **Analysis and expression of the  $\alpha$ -expansin and  $\beta$ -expansin gene families in maize.** *Plant Physiology*, 126(1), 222-232.

Wu, Y., Qiu, X., Du, S., & Erickson, L. (1996). **PO149, a new member of pollen pectate lyase-like gene family from alfalfa.** *Plant Molecular Biology*, 32(6), 1037-1042.

Xin, Z., Wang, A., Yang, G., Gao, P., & Zheng, Z. L. (2009). **The Arabidopsis A4 subfamily of lectin receptor kinases negatively regulates abscisic acid response in seed germination.** *Plant Physiology*, 149(1), 434-444.

Xu, G., Bennett, L., Papageorgiou, L. G., & Tsoka, S. (2010). **Module detection in complex networks using integer optimisation.** *Algorithms for Molecular Biology*, 5, 36.

Xu, Y. I., Chang, P. F. L., Liu, D., Narasimhan, M. L., Raghothama, K. G., Hasegawa, P. M., & Bressan, R. A. (1994). **Plant defense genes are synergistically induced by ethylene and methyl jasmonate.** *The Plant Cell*, 6(8), 1077-1085.

Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2006). **Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses.** *Annu. Rev. Plant Biol.*, 57, 781-803.

Yamazaki, Y., Sakaniwa, S., Tsuchiya, R., Nonomura, K. I., & Kurata, N. (2010). **Oryzabase: an integrated information resource for rice science.** *Breeding Science*, 60(5), 544-548.

Yan, X., Mehan, M. R., Huang, Y., Waterman, M. S., Philip, S. Y., & Zhou, X. J. (2007). **A graph-based approach to systematically reconstruct human transcriptional regulatory modules.** *Bioinformatics*, 23(13), i577-i586.

Yoder, M. D., Keen, N. T., & Jurnak, F. (1993). **New domain motif: the structure of pectate lyase C, a secreted plant virulence factor.** *Science*, 260(5113), 1503-1507.

Yokoyama, R., & Nishitani, K. (2004). **Genomic basis for cell-wall diversity in plants. A comparative approach to gene families in rice and Arabidopsis.** *Plant and Cell Physiology*, 45(9), 1111-1121.

Yong, W., Link, B., O'Malley, R., Tewari, J., Hunter, C. T., Lu, C. A., & Carpita, N. C. (2005). **Genomics of plant cell wall biogenesis.** *Planta*, 221(6), 747-751.

Zhang, J. (2003). **Evolution by gene duplication: an update.** *Trends in Ecology & Evolution*, 18(6), 292-298.

Zheng, L., Du, Y., & Zhang, J. (2001). **Degumming of ramie fibers by alkalophilic bacteria and their polysaccharide-degrading enzymes.** *Bioresource Technology*, 78(1), 89-94.

Zhu, S., Jeong, R. D., Venugopal, S. C., Lapchyk, L., Navarre, D., Kachroo, A., & Kachroo, P. (2011). **SAG101 forms a ternary complex with EDS1 and PAD4 and is required for resistance signaling against turnip crinkle virus.** *PLoS Pathog*, 7(11), e1002318.

Zilly, F. E., Sorensen, J. B., Jahn, R., & Lang, T. (2006). **Munc18-bound syntaxin readily forms SNARE complexes with synaptobrevin in native plasma membranes.** *PLoS Biol*, 4(10), e330.

Zimmermann, P., Hirsch-Hoffmann, M., Hennig, L., & Gruissem, W. (2004). **GENEVESTIGATOR. Arabidopsis microarray database and analysis toolbox.** *Plant physiology*, 136(1), 2621-2632.

## Abstract

The advancement of knowledge in biological sciences has led to a massive increase in the volume of data to be extracted from the cells lining. Increase the volume of data and the need to store, retrieve and analyze relevant data, was the emergence of bioinformatics. Genes involved in biological pathways associated often together, are expressed and so about coexpression key to understanding biological systems. expected to genes involved in the same process in many different situations have similar expression patterns. Clustering gene expression levels based on the similarity of the perfect tool for grouping genes related activities together. Specific regulation of gene transcription for all the important cellular functions. Each gene contains a unique combination of cis-regulatory elements sequence in its regulatory region 5'. Cis-regulatory elements that control many biological processes and response to stress. In this project to study bioinformatics genes coexpression with pectate lyase enzyme, with use of databases CAZy, Cell Wall Genomics, ATTED-II and RiceFRIEND, identified and evaluated 26 pectate lyase gene and 159 coexpression genes with it in arabidopsis and 8 pectate lyase gene and 32 coexpression genes with it in rice. To identify the possible direct coexpression genes from analysis the position expressed in various tissues and analysis of cis-regulatory elements in the promoter sequence 1000 base pairs upstream of genes were used of information Genevestigator and PlantCARE base. 69 possible direct coexpression gene with pectate lyase gene was identified in *Arabidopsis thaliana* that their function is Glycosyl hydrolases, Pectate lyase, Pectin methyl esterase and are Expansin and in rice 10 possible direct gene was identified most of which have unknown functions. The results draw phylogenetic trees using the software MEGA5 showed that *PLL1* and *PLL2* of the more old and according to the results of the rice genes Can be eliminated Os06g145100 accession number from the list of pectate lyase genes. Pectate lyase genes in pollen tissue, root, stigma, flag and abscission zines high expression. The frequency of cis-regulatory elements responsive to light is high in the sequence promoter of pectate lyase. As well as elements responding to methyl jasmonate, auxin, salicylic acid and MBS are more repetition.

**Keywords:** Bioinformatics, Coexpression, Cis regulatory elements, Arabidopsis, ATTED-II, PlantCARE



**University of Shahrood**

**Faculty Of Agriculture**

**Study bioinformatics coexpression genes with Pectate lyase  
enzyme of dicotyledonous model plant (*Arabidopsis thaliana*)**

**Seyedeh Sedigheh Ghoreyshi Amiri**

**Supervisors:**

**Dr. Naser Farrokhi**

September 2015