

جداسازی و مطالعه پیشبر ژن اوژنول *O*-متیل ترانسفراز (*EOMTs*) گیاه
ریحانIsolation and investigation of eugenol *O*-methyl transferase(*EOMTs*) gene promoter from *Ocimum basilicum* L.

فاطمه خاکدان^۱، مجتبی رنجبر^{۲*}، نادر چاпарزاده^۳، اطهر سادات جوانمرد^۴، هوشنگ علیزاده^۵
Fatemeh Khakdan¹, Mojtaba Ranjbar^{2*}, Nader Chaparzadeh³, Athar Sadat
Javanmard⁴, Houshang Alizadeh⁵

۱- گروه زیست فناوری، دانشکده کشاورزی، دانشگاه جهرم، جهرم

۲- استادیار، گروه بیوتکنولوژی میکروبی، دانشکده زیست فناوری، دانشگاه تخصصی فناوری های نوین
آمل، آمل

۳- استاد، گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه شهید مدنی آذربایجان، تبریز

۴- استادیار، گروه زیست شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه یاسوج، یاسوج

۵- دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران، کرج

- 1- Department of Biotechnology, College of Agriculture, Jahrom University, Jahrom, Iran
2- Assistant Professor, Department of Microbial Biotechnology, Faculty of Biotechnology,
Amol University of Special Modern Technologies, Amol, Iran
3- Professor, Department of Biology, Faculty of Science, Azarbaijan Shahid Madani
University, Tabriz, Iran
4- Assistant Professor, Department of Biology, Faculty of Science, Yasouj University, Yasuj,
Iran
5- Associate Professor, Department of Agronomy & Plant Breeding, College of Agriculture
& Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ranjbarf@ausmt.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۷/۱۰/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۲/۲۶)

چکیده

ریحان *Ocimum basilicum* L. (2n=48)، گیاهی دارویی و معطر از تیره نعنائیان است. اوژنول یکی از ترکیبات مهم فنیل پروپانوییدی موجود در اساس ریحان است که بر علیه باکتری ها، قارچ ها، نماتدها، حشرات در صنایع مختلف مورد استفاده قرار می گیرد. فنیل پروپانوییدها از جمله متیل اوژنول با داشتن خاصیت آنتی اکسیدانی بر علیه رادیکال های آزاد ترکیبی حفاظتی در پاسخ به تنش های زیستی و غیرزیستی به شمار می آید. متیل اوژنول *O*-متیل ترانسفراز (*EOMTs*) به عنوان یک آنزیم کلیدی در مسیر بیوسنتز فنیل پروپانوییدها، متیلاسیون اوژنول به متیل اوژنول را انجام می دهد. در تحقیق حاضر، برای بررسی احتمال تنظیم بیان ژن اوژنول *O*-متیل ترانسفراز در شرایط مختلف محیطی و شناسایی موتیف های تنظیمی، پیشبر این ژن از گیاه ریحان جداسازی و در ناقل pTG19-T همسانه سازی و سپس توالی یابی شد. سپس مشخصه یابی و بررسی عملکردی آن با استفاده از روش های تجزیه بیوانفورماتیکی انجام شد. نتایج تجزیه پیشبر ژن *EOMTs* (۱۲۰۹ bp) نشان داد که این توالی شامل عناصر مهم تنظیمی پاسخ دهنده به دمای بالا و تنش خشکی از جمله MYB، MYC، HSE و WRKY است. بیان موقت ژن گزارشگر *GUS* تحت کنترل پیشبر *ObEOMTs* در برگ های گیاه توتون نشان داد که با حضور عناصر پایه، این پیشبر قادر به هدایت و بیان این ژن است. با توجه به حضور جایگاه های تنظیمی پاسخ دهنده به تنش های زیستی و غیر زیستی در پیشبر ژن *ObEOMTs*، انتظار می رود این پیشبر علاوه بر بیان ژن *EOMTs* در حد پایه، قادر باشد در مواجهه با تنش های محیطی، میزان بیان ژن را تغییر دهد.

واژه های کلیدی

پیشبر *EOMTs*
عناصر cis-acting
تنش خشکی،
ریحان

مقدمه

فنیل پروپانویدها علاوه بر نقش حفاظتی در پاسخ‌های دفاعی، با دارا بودن خواص ضد باکتریایی، آنتی‌اکسیدانی، ضد سرطانی و ضد توموری در صنایع مختلف عطرسازی، غذایی و دارویی از جایگاه ویژه‌ای برخوردار هستند (Juliani and Simon, 2002; Lee *et al.* 2005). متیل اوژنول موجود در اسانس گیاهان معطر به خصوص گیاه ریحان، به علت اثر دفاعی بر علیه باکتری‌ها، قارچ‌ها، نامتدها و حشرات ترکیبی حفاظتی به شمار می‌رود. به علاوه با دارا بودن خاصیت ضد درد در دندان پزشکی به عنوان مسکن و ضد اکسایشی بسیار قوی در جذب و خستگی کردن رادیکال‌های آزاد نقش مهمی ایفا می‌کند (Koeduka *et al.* 2006; Politeo *et al.* 2007).

فنیل پروپانویدها از اسید آمینه فنیل آلانین مشتق می‌شوند که ابتدا توسط آنزیم فنیل آلانین آمونیالیاز (PAL) در اثر دامیناسیون به اسید ترانس سینامیک تبدیل می‌شود. سپس توسط سینامات 4-هیدروکسیلاز، *p*-کوماریک اسید به وجود می‌آید. این پیش ماده در طی مراحل و توسط مجموعه‌ای از آنزیم‌ها شامل اکسیژناز، لیگاز، اکسیدوردوکتاز و ترانسفراز و آنزیم کلیدی اوژنول-*O*-متیل ترانسفراز (Eugenol *O*-methyl transferase, *EOMTs*) به متیل اوژنول تبدیل می‌شود (Gang *et al.* 2001) (شکل ۱).

ریحان (*Ocimum basilicum* L. (2n=48)، گیاهی دارویی و معطر از تیره نعناعیان در مناطق گرمسیری و نیمه گرمسیری خصوصا ایران رشد می‌کند و به عنوان یکی از مهمترین گیاهان معطر برای تولید اسانس مورد استفاده قرار می‌گیرد (Kothari *et al.* 2004). این گیاه با داشتن ترکیبات مهم آروماتیک و دارویی دارای اهمیت اقتصادی در صنایع غذایی، دارویی، عطرسازی و آرایشی-بهداشتی است. از عصاره این گیاه به طور وسیعی برای درمان بیماری‌های گوناگون مانند سردردهای عصبی، گلودرد، آسم، سرماخوردگی، ورم کلیه و اسهال استفاده می‌شود. در علوم نوین آروماتراپی از این گیاه به دلیل اثرات ضد تشنجی در تقویت عملکرد سلول‌های مغز و قلب استفاده می‌شود. در اسانس ریحان ترکیبات شیمیایی زیادی شناسایی شده است که در بین آنها برخی فنیل پروپانویدها از جمله متیل-کاویکول (methyl chavicol)، متیل اوژنول (methyl eugenol) و مشتقات مونوترپنی و سسکوئی‌ترپنی حجم اصلی اسانس را تشکیل می‌دهند (Hiltunen and Holm, 2006). این ترکیبات در کرک‌های غده‌ای (glandular trichomes) بر سطح قسمت‌های هوایی گیاه تجمع می‌یابند (Gang *et al.* 2001).

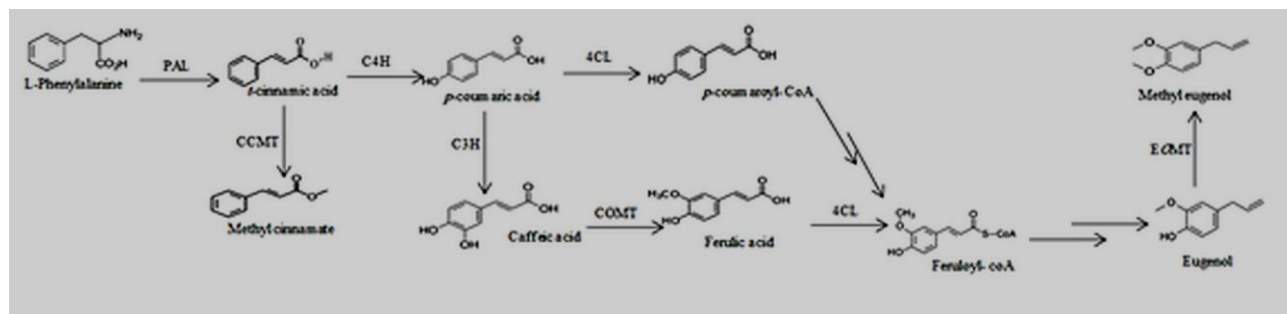


Figure 1- Methyl eugenol biosynthesis pathway

شکل ۱- مسیر بیوسنتز متیل اوژنول.

PAL= Phenyl alanine ammonia-lyase, C4H= Cinnamate 4- hydroxylase, 4CL= 4- Coumarate Co A- ligase, COMT= Caffeic acid *o*- methyl transferase, EOMT= Eugenol *O*- methyl transferase, CVOMT: Chavicol *O*- methyl transferase, CCMT= P-Coumarate/ Cinnamate Carboxyl methyl transferase, EOMT: Eugenol *O*-methyl transferase (Gang *et al.* 2001).

پلیوتروپیک (Pleiotropic effects) در گیاهان تراریخت شود. بنابراین شناسایی پیشبرهای ژنی که بتوانند دارای بیان ویژه بافتی یا بیان ویژه نموی در گیاه تراریخته باشند، بسیار مطلوب خواهد بود (Tu et al. 2009). در سال‌های گذشته، توجه زیادی به سمت ژن‌هایی جلب شده است که الگوی بیان آن‌ها در سطوح مختلف تنش متفاوت است؛ عناصر cis-acting موجود در پیشبر این ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش برای طراحی پیشبرهای مینیمال در بیوتکنولوژی کاربرد مهمی دارند. پیشبرهای مینیمال شامل ترکیب مختلف و تعداد کپی‌های متفاوت از عناصر cis-acting هستند که از پیشبرهای القایی تحت شرایط تنش به دست آمده‌اند و برای مطالعه پاسخ‌های خشکی و شوری در آراییدوپسیس مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Hou et al. 2012).

تاکنون دانسته‌هایی درباره دومین‌های تنظیمی پیشبر ژن کلیدی مسیر بیوستنز متیل اوژنول (EOMTs) و نیز نقش آن‌ها در بیان این ژن در شرایط تنش‌های محیطی در دسترس نیست. بنابراین برای درک بهتر تنظیم بیان این ژن در شرایط مختلف محیطی، این مطالعه با هدف جداسازی و مشخصه‌یابی پیشبر با بررسی بیان ژن گزارشگر *GUS* برای تایید فعال بودن پیشبر انجام شد و در نهایت تجزیه بیوانفورماتیکی پیشبر برای تعیین حضور موتیف‌های تنظیمی پاسخ‌دهنده به تنش‌های محیطی مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

ماده گیاهی و شرایط کشت

بذرهای توده‌ای از گیاه ریحان (*O. basilicum* L.) از استان فارس تهیه و در شرایط گلخانه تحقیقاتی گروه زراعت و اصلاح نباتات دانشگاه تهران کشت شدند. بذور در خاک با

مطالعه‌ها نشان می‌دهد که فعالیت آنزیم‌های مسیر بیوستنز فنیل پروپانوئیدها در سطح نسخه‌برداری تنظیم می‌شود و بسته به مراحل تمایز سلول و قرار گرفتن در معرض انواع گوناگون تنش از جمله پاتوژن، تابش UV، نور زیاد، کمبود مواد غذایی و دما به طور وسیعی تغییر می‌یابد (Dixon and Paiva, 1995). مطالعه گذشته نشان داد که سطح بیان آنزیم اوژنول متیل ترانسفراز و میزان ترکیب نهایی متیل اوژنول، در گیاه ریحان تحت تاثیر تنش خشکی تغییر می‌یابد (Khakdan et al. 2017). با توجه به این‌که پیشبر ژن‌ها، در بیوستنز انواع ترکیبات ثانویه نقش تنظیمی مهمی را در سطح نسخه‌برداری ایفا می‌کند، بنابراین شناسایی موتیف‌های تنظیمی پیشبر این ژن اوژنول متیل ترانسفراز امکان مطالعه گسترده‌تر تنظیم بیان آن در شرایط تنش خشکی را فراهم خواهد کرد (Xie et al., 2008). نقش عناصر cis-acting و فاکتورهای نسخه‌برداری به عنوان سازوکارهای متداول در تنظیم الگوی بیان ژن‌ها بسیار با اهمیت است. مطالعات گذشته نشان می‌دهد، تغییرات الگوی بیان زمانی و مکانی ژن‌های مرتبط با تنش بخش مهم پاسخ گیاه به تنش را شامل می‌شود که توسط شبکه پیچیده‌ای از پروتئین‌های تنظیم کننده نسخه‌برداری مانند پروتئین‌های MYC و MYB کنترل می‌شود (Liao et al. 2015).

به علاوه فناوری تراژن ابزاری قدرتمند جهت بررسی عملکرد و بیان پایدار ژن انتقال یافته در گیاهان به شمار می‌رود. در اغلب موارد از پیشبرهای قوی و دائمی مانند Cauliflower mosaic virus 35S (CaMV 35S) برای بیان تراژن استفاده می‌شود. این پیشبرهای غیراختصاصی در اغلب بافت‌ها و در تمام مراحل رشد و نمو گیاه بدون تنظیم زمانی یا مکانی بیان شده و در مسیر اصلاح ژنتیکی گیاه مشکلات بالقوه‌ای را ایجاد می‌کنند (Gittins et al. 2000) سنتز دائمی و تجمع بالای محصولات تراریخته با مسیرهای سوخت و سازی گیاه تداخل پیدا کرده و منجر به اثرهای

Walker از *O. basilicum* با الگو گرفتن از Universal Genome Walker Kit (Clontech, USA) کار جداسازی پیشبر انجام شد. به طور خلاصه، رقت‌های متفاوت DNA به کمک آنزیم‌های برشی *EcoRV* (*Eco321*)، *EcoRI* و *HindIII* برش خورده و سپس به آداپتورهای دو رشته‌ای متصل شد. لیست توالی آغازگرها و آداپتور در جدول (۱) آورده شده است.

بافت لومی-شنی در دمای ۳۰-۲۰ درجه سانتی‌گراد تحت نور طبیعی کرج رشد یافتند.

استخراج DNA، ساخت کتابخانه ژنومی و تکثیر توالی پیشبر ژن *ObEOMTs*

استخراج DNA ژنومی از برگ‌های جوان گیاه ریحان با استفاده از کیت کیاژن و بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده انجام گرفت. با استفاده از ساخت کتابخانه Genome

جدول ۱- فهرست آداپتورها و آغازگرهای مورد استفاده جهت تکثیر پیشبر ژن *ObEOMTs*

Table 1- List of utilized adaptors and primers for amplification of *ObEOMTs* gene promoter

طول قطعه (جفت باز)	توالی	شماره دسترسی	نام آغازگر/ آداپتور
	5'-CTATAGTGACTGCTGGTTCGAGGGCCCGGGCTGGT-3'		آداپتور ۱ Adapt-1
	5'-ACCAGCCC-3'		آداپتورهای ۲ Adapt-EcoV
	5'-AATTACCAGCCC-3'		Adapt-EcoR
	5'-TCGAACCAGCCC-3'		Adapt-Hind
۱۲۰۹	5'- ATGGGGATGGATTGGAGTAATTGGG -3' 5'- TAAGGACATTGAGTTGCAAAGGCGTAC -3'	AF435008	pEOMT- 1 pEOMT- 2
۱۲۰۹	5'- CCAAGCTTCAAATTGTCGGTCTGGAAG-3' 5'- CGCGGATCCGCTCGGGCTGGTATCA - 3'	KY49234 KY49234	Ecomt- <i>HindIII</i> - F Ecomt- <i>BamHI</i> -R

سپس، از DNA متصل به آداپتور به عنوان الگو برای واکنش زنجیره‌ای پلیمرز استفاده شد. واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در دو مرحله صورت گرفت: مرحله اول از آغازگر آداپتور به عنوان آغازگر برگشت و آغازگرهای اختصاصی به عنوان آغازگر رفت استفاده شد. مرحله دوم شامل واکنش زنجیره‌ای پلیمرز بود که رقت‌های $\frac{1}{10}$ و $\frac{1}{20}$ محصول واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در مرحله اول به عنوان الگو برای آغازگرهای اختصاصی شماره ۲ به عنوان آغازگر رفت، آداپتور آغازگر به عنوان آغازگر برگشت مورد استفاده قرار گرفت. واکنش‌ها با استفاده از دستورالعمل touch-down PCR تکثیر یافت. برنامه واکنش شامل یک مرحله با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴، سپس ۵ چرخه با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت

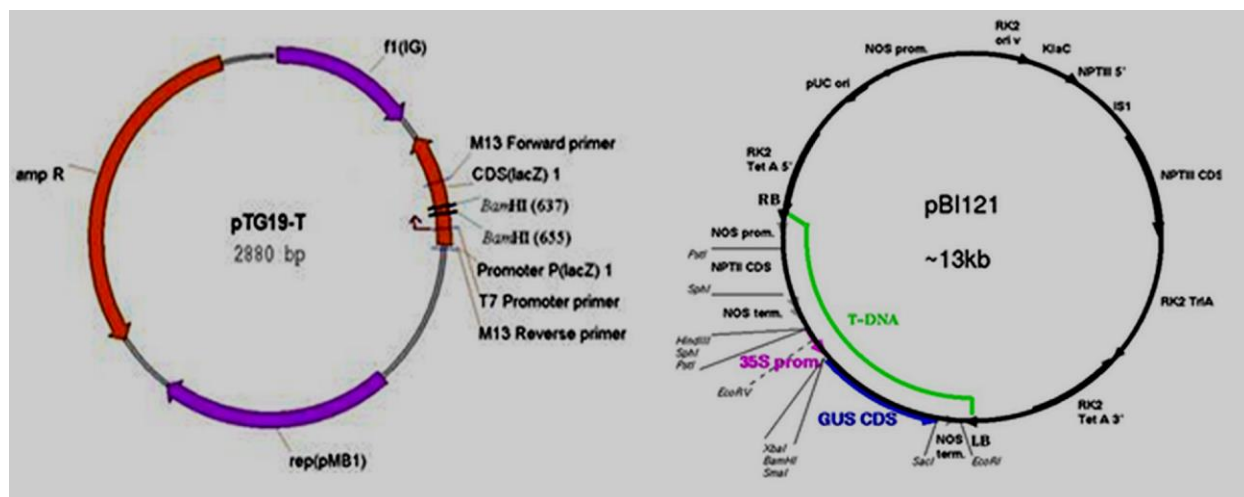
۴۵ ثانیه، دمای ۶۳ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه و ۲۶ چرخه بعد با دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، دمای ۶۱ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه اجرا شد. سپس محصول تکثیر یافته با روش glass-milk از ژل آگاروز خالص‌سازی و در ناقل pTG19-T (شرکت ویوانتیس- کره جنوبی) همسانه‌سازی شد. واکنش الحاق طبق جدول ۲ در دمای ۱۶ درجه سانتی‌گراد و به صورت شبانه انجام گرفت. محصولات مرحله الحاق جهت ترانسفورماسیون سلول‌های مستعد *E. coli* سویه DH5a مورد استفاده قرار گرفتند (Russell and Sambrook 2001). از محیط مک‌کانکی برای غربالگری و شناسایی پلاسمیدهای

نوترکیب، بر اساس بیان و یا عدم بیان ژن بتا گالاکتوزیداز استفاده شد. کلونی‌های نوترکیب باکتری بر روی محیط کشت مک‌کانکی حاوی آنتی‌بیوتیک آمپی‌سیلین (100 mg/L) و ماده X-gal انتخاب شدند. استخراج پلاسمید نوترکیب (با استفاده از روش لیز قلیایی، Russell and Sambrook 2001) از ه در دمای ۱۶ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد و محصول واکنش بر روی ژل آگاروز ۱/۲ درصد بررسی شد. سپس وکتور نوترکیب جهت توالی‌یابی به شرکت بیونیر- کره جنوبی ارسال شد. جهت به دست آوردن توالی نهایی، نواحی ناخوانا و هم‌پوشان با استفاده از نرم‌افزارهای BioEdit و EditSeq اصلاح شد. در ادامه هم‌ردیفی قطعه توالی‌یابی شده در برنامه آنالین BLAST انجام و صحت قطعه بدست‌آمده تایید شد. در نهایت، از نرم‌افزارهای TSSP و BDGP برای یافتن نقطه آغاز رونویسی (transcription start site) و از نرم‌افزارهای برخط PLACE و PLANTCARE و www.bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html و <http://www.dna.affrc.go.jp/PLACE/signalscan.html> و PlantPAN (<http://plantpan2.itps.ncku.edu.tw>) برای یافتن جایگاه اتصال فاکتورهای نسخه‌برداری و موتیف‌های عملکردی مختلف در توالی موردنظر استفاده شد.

ساخت سازه بیانی *pEOMTs-GUS*

برای ساخت سازه ژنی شامل *pEOMTs* که به ژن گزارشگر متصل شده است، از ناقل pTG19-T حاوی *pEOMTs* و ناقل دوگانه pBI121 (شکل ۲) استفاده شد. در مرحله اول، قطعه پیشبر موجود در ناقل pTG19-T با استفاده از آغازگرهای دارای جایگاه برشی برای آنزیم‌های *BamHI* و *HindIII* (Ecomt- *BamHI*-R و Ecomt- *HindIII*- F) و طی واکنش PCR تکثیر شد. تکثیر توسط آنزیم Pfu پلیمرز و چرخه دمایی شامل ۴ دقیقه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد و ۳۰ چرخه سه مرحله‌ای، ۴۵ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد،

کلونی‌های سفید انجام شده و وجود قطعه DNA پیشبر با استفاده از آنزیم برشی *BamHI* مورد تایید قرار گرفت. مخلوط هضم آنزیمی حاوی پلاسمید (۱ μg)، بافر X ۱۰ آنزیم *BamHI* (۲ μl)، آنزیم *BamHI* با غلظت ۱۰ U/μl (۱ μl) و آب دیونیزه (باقیمانده حجم تا ۲۰ μl) به صورت شبان ۳ دقیقه در دمای بهینه شده ۵۷ درجه سانتی‌گراد و ۴۵ ثانیه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد انجام شد؛ و در نهایت ۱۰ دقیقه تکثیر نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد در نظر گرفته شد محصول واکنش زنجیره‌ای پلیمرز از روی ژل آگاروز خالص‌سازی شده و سپس با دو آنزیم برشی *BamHI* و *HindIII* برش داده شد. مخلوط واکنش هضم دوگانه حاوی پلاسمید (۱ μg)، بافر X ۱۰ (۲ μl)، آنزیم *BamHI* با غلظت ۱۰ U/μl (۱ μl)، آنزیم *HindIII* با غلظت ۱۰ U/μl (۱ μl) و آب دیونیزه (باقیمانده حجم تا ۲۰ μl) به صورت شبانه در دمای ۱۶ درجه سانتی‌گراد قرار گرفت در مرحله دوم، ناقل pBI121 نیز توسط این دو آنزیم مورد هضم آنزیمی قرار گرفت؛ و *pEOMTs* به داخل ناقل pBI121 در محل پیشبر *CamV 35S* الحاق شد. واکنش الحاق جهت اتصال قطعه هدف به ناقل با احتساب نسبت ۳:۱ (ناقل: قطعه PCR)، در حجم ۲۰ میکرولیتر، طبق جدول ۲ تهیه و مخلوط الحاق به صورت شبانه در ۱۶ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. ناقل‌های حاصل از این مرحله توسط فرآیند ترانسفورماسیون به *E. coli* منتقل شده و کلون‌های رشد یافته بر روی محیط کشت حاوی کانامایسین (۱۰۰ mg/L) انتخاب شدند. پلاسمید نوترکیب از این کلون‌ها خالص‌سازی شده و با استفاده از عمل هضم آنزیمی (توسط آنزیم‌های برشی *BamHI* و *HindIII*)، برای حضور قطعه پیشبر مورد نظر، تایید شد. بنابراین قطعه پیشبر *pEOMTs* در ناحیه بالادست ژن گزارشگر *GUS* قرار گرفت تا عملکرد آن مطالعه شود.



شکل ۲- ناقل‌های pTG19-T و pBI121 و جایگاه‌های برشی آنها

Figure 2- pTG19-T and pBI121 vectors and their restriction sites.

جدول ۲- مخلوط واکنش الحاق

Table 2- Mixture of ligation reaction.

نام ماده	حجم مورد استفاده (میکرولیتر)
ناقل (۲۵ ng/ μ l)	۲
قطعه PCR (۱۵۰ ng)	۱۰
بافر الحاق ۱۰X	۲
T4 DNA لیگاز (۲۰۰ u/ μ l)	۱
آب دیونیزه	مابقی حجم واکنش

شد (Wang 2006)، و فعالیت ژن *GUS* در نمونه‌ها مورد مطالعه قرار گرفت (Jefferson *et al.* 1987). در ادامه برگ‌های اینفیلتره شده در محلول رنگ‌آمیزی ایکس گلوک (ساخت شرکت فرمتاز) شناور شده و به مدت یک دقیقه تحت خلاء ۲۵۰ میلی‌بار قرار داده شدند و در نهایت نمونه‌های برگگی بین سه ساعت تا یک شبانه روز در دمای ۳۷ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. پس از آن برگ‌ها در اتانول ۷۵ درصد قرار داده شد و تا زمان حذف کامل کلروفیل، اتانول آن به صورت مرتب تعویض شد. در انتها عکس‌برداری از نمونه‌ها پس از حذف کامل کلروفیل انجام گرفت.

آگرواینفیلتراسیون، بیان موقت سازه‌موردنظر و سنجش کیفی (هیستوشیمیایی) ژن گزارشگر *GUS*

پس از تایید سازه نهایی pBI121، انتقال آن به *Agrobacterium tumefaciens* سویه C58 طبق دستورالعمل ترانسفورماسیون این باکتری توسط Wang انجام شد (Wang 2006) و سپس به آگروباکتریوم اجازه داده شد تا به مدت ۱۸-۲۴ ساعت در محیط کشت مورد نظر حاوی آنتی‌بیوتیک‌های کانامایسین با غلظت ۱۰۰ μ g/mL و ریفامپسین ۱۵ μ g/mL رشد کند تا OD در طول موج ۶۰۰ nm به ۰/۷ تا ۱ برسد. سپس بافت برگگی توتون با استفاده از روش آگرواینفیلتریشن در شرایط خلاء تراریخت

نتایج

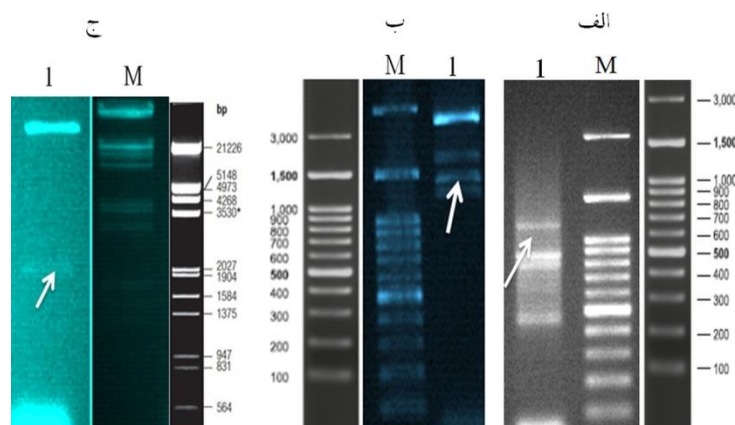
بیوسنتز، سوخت و ساز و تجمع متابولیت‌های ثانویه تحت تاثیر گونه، شرایط رشد، بافت گیاه و نیز مراحل رشد و نمو است. در بین ترکیبات فعال موجود در سیستم دفاعی گیاهان، فنیل پروپانویدهای فرار ملکول‌های علامتی هستند که هم در نمو گیاه و هم در حفاظت سلول‌های گیاهی در برابر انواع تنش‌های محیطی نقش مهمی ایفا می‌کنند (Dixon et al. 2014; Loreto et al. 2002). تنظیم سرعت تولید و تجمع ترکیبات مهم فرار موجود در اسانس گیاهان معطر و دارویی در شرایط مختلف نامطلوب محیطی مرتبط با کنترل میزان فعالیت آنزیم‌های درگیر در مسیرهای سوخت و سازی انجام می‌گیرد که معمولاً در سطوح مختلف نسخه‌برداری ژن، تغییرات پس از نسخه‌برداری، تغییرات حین ترجمه و تغییرات پس از ترجمه کنترل می‌شود (Xie et al. 2008; Liu et al. 2011).

مطالعه مسیرهای بیوسنتز فنیل پروپانویدهای فرار (شکل ۱) تحت شرایط انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی نسبت به مسیرهای بیوسنتز سایر ترکیبات فرار بسیار محدود هستند و کمتر مورد توجه واقع شده‌اند. نتایج مطالعات پیشین بر تاثیر تنش خشکی بر پروفایل بیان ژن اوژنول سنتاز بر روی سه توده ریحان، ۱ و ۲ از استان مازندران و توده ۳ از استان فارس نشان داد که با تغییر سطوح تنش الگوی بیان این ژن تغییر می‌یابد و این نحوه پاسخ‌دهی با تغییر میزان متیل اوژنول مطابقت داشت (Khakdan et al. 2017). کاهش پیش ماده‌های بالا دستی مسیر منجر به کاهش فعالیت آنزیم انتهایی مسیر بیوسنتز متیل اوژنول می‌شود. کاهش اوژنول در گیاهانی که کاهش بیان ژن شاخص مسیر را نشان

می‌دهند، ممکن است نتیجه کاهش سطوح پیش ماده‌های مسیر در اثر عملکرد آنزیم‌های C3H، COMT، CCR، CAD، CAAT و در انتها EGS باشد (Gang et al. 2001). چنین نتایجی به تاثیر آنزیم‌های یک مسیر بیوسنتزی در هدایت ذخیره کربن در جهت بیوسنتز ترکیب نهایی اشاره می‌کند. به لحاظ تکاملی، سازماندهی سلول‌های موجود در هر توده گیاهی در جهت پاسخ به تنش خشکی، با توجه به نیاز گیاه به افزایش بیان این ژن‌ها صورت می‌گیرد. به علاوه برای بیان و تجمع متابولیت‌ها در شرایط مختلف، هر ژنی در ناحیه بالا دستی خود دارای گیرنده‌های تنظیمی زیست‌شناختی متفاوتی است، وجود این گیرنده‌ها این امکان را فراهم می‌کند که کمپلکس‌های پروتئینی (فاکتورهای نسخه‌برداری) بتوانند پاسخ‌های دفاعی گیاه را تحت شرایط مختلف محیطی تحریک کنند (Liu et al. 2014). یکی از بهترین راهکارها برای بررسی چگونگی تنظیم بیوسنتز ترکیب متیل اوژنول در شرایط تنش محیطی در توده ریحان مورد مطالعه، تجزیه و تحلیل پیشبر ژن کدکننده آنزیم سنتزکننده آن است. با توجه به عدم شناخت از توالی پیشبر این ژن، جداسازی و مطالعات بیوانفورماتیک و تایید عملکرد این پیشبر ضروری به نظر می‌رسد و به علاوه امکان مطالعه گسترده‌تر تنظیم بیان ژن در انواع شرایط محیطی را فراهم می‌کند.

همسازسازی و توالی‌یابی پیشبر ژن *ObEOMTs* در گیاه ریحان (*O. basilicum*)

با استفاده از روش Genome walking، توالی بالادستی پیشبر (توالی 5'UTR و پیشبر) با طول ۱۲۰۹ جفت باز (شکل ۳ الف) تکثیر یافت.



شکل ۳- تأیید مراحل جداسازی و همسانه‌سازی پیشبر ژن *ObEOMTs*. الف) الکتروفورز محصول حاصل از واکنش PCR محصول حاصل از واکنش PCR با استفاده از آغازگرهای اختصاصی pEOMT- 1 و pEOMT- 2 برای جداسازی پیشبر ژن *ObEOMTs* (چاهک ۱)، نشانگر اندازه DNA، ۱۰۰ جفت باز فرمتناز (M). توالی آغازگرها در جدول (قابل مشاهده است). ب) تأیید همسانه‌سازی قطعه پیشبر *pEOMTs* در ناقل pTG19-T. همسانه‌سازی قطعه پیشبر *pEOMTs* حاصل از واکنش PCR در ناقل pTG19-T با استفاده از هضم آنزیمی ناقل‌های نوترکیب توسط آنزیم *Bam*HI تأیید شد. قطعه پیشبر *pEOMTs* (چاهک ۱)، نشانگر اندازه DNA، ۱۰۰bp، فرمتناز (M). ج) تأیید همسانه‌سازی توالی جداسازی شده پیشبر *pObEOMTs* در ناقل pBI121. هضم آنزیمی ناقل نوترکیب pBI121، جایگزینی پیشبر *CaMV 35S* توسط قطعه جداسازی شده پیشبر *EOMTs* را تأیید کرد. قطعه DNA حاصل از هضم آنزیمی ناقل نوترکیب pBI121 توسط آنزیم‌های برشی *Bam*HI و *Hind*III (چاهک ۱)، نشانگر اندازه DNA، لاندای (M). اندازه قطعه DNA قرار گرفته بین این دو جایگاه برشی در ناقل غیرنوترکیب pBI121 (شامل پیشبر *CaMV 35S*)، ۸۷۱ نوکلئوتید است.

Figure 3- Confirmation of isolation and cloning of *EOMTs* gene promoter. A) Electrophoresis of PCR product. PCR was performed with specific primers (pEOMT-1 and pEOMT-2) for *EOMTs* gene promoter isolation. Lane 1, PCR product., Lane M, DNA size marker, 100 bp, Fermentas. Sequences of specific primers have been showed in table 2. B) Cloning confirmation of *pEOMTs* DNA fragment in pTG19-T vector. Cloning of pEOMT DNA fragment, produced by PCR, was confirmed using of enzymatic digestion of recombinant vectors by *Bam*HI restriction enzyme. Lane 1: *pEOMTs* DNA fragment, M: DNA size marker, 100 bp, Fermentas. C) Confirmation of isolated *pObEOMTs* cloning in pBI121 vector. Enzymatic digestion of recombinant pBI121 vector confirmed replacement of *CamV35S* promoter by isolated *pEOMTs* fragment in this vector. Lane 1: Produced DNA fragments from enzymatic digestion of recombinant pBI121 vector by *Bam*HI and *Hind*III restriction enzymes. Lane M: DNA size marker, Lambda. It is mention that DNA fragment flanked by these two restriction enzymes, including *CaMV 35S* promoter, has 871 nt size in pBI121 vector.

پیش‌بینی شده برای ژن *EOMTs*، ۶۶ جفت باز بالاتر از کدون شروع ترجمه (ATG) قرار گرفته است. توالی پیشبر برای حضور cis-elements مورد بررسی قرار گرفت و نتایج در جدول ۳ ارائه شده است.

نتایج نشان می‌دهد که پیشبر *ObEOMTs* حاوی cis-elementهای ضروری TATA و CAAT است. نتایج بررسی‌ها برای شناسایی حضور عناصر تنظیمی cis-elementها و موتیف‌های تنظیمی نشان داد که این ژن دارای عناصر تنظیمی cis-acting شامل AE-Box و CATT-Box از عناصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به نور است (جدول ۳). حضور هر دو موتیف در ژن‌های درگیر در علامت‌دهی

قطعه تکثیر یافته در ناقل pTG19T الحاق شد و این همسانه‌سازی با استفاده از آنزیم برشی *Bam*HI تأیید شد (شکل ۳ ب).

ناقل‌های نوترکیب جهت توالی‌یابی مورد استفاده قرار گرفت. پس از توالی‌یابی برای بررسی‌های بیشتر، با استفاده از برنامه BLAST مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفت. در نهایت پس از تأیید درستی توالی، توالی *pEOMTs* به عنوان تنها توالی موجود در پایگاه داده‌های NCBI برای پیشبر این ژن با شماره دسترسی KY492343 ثبت شد. تعیین جایگاه شروع رونویسی با استفاده از نرم‌افزارهای TSSP، BDGP انجام شد. نتایج نشان داد که جایگاه شروع رونویسی

نوری AtPol λ در تنظیم چرخه سلولی در گیاه آرابیدوپسیس مورد بررسی قرار گرفته است. همچنین محققین با ایجاد جهش در این بخش از پیشبر به اهمیت این جایگاه بر میزان بیان این ژن در چرخه سلولی پی برده‌اند (Roy et al. 2012). توالی CCAAT box یکی از معمول‌ترین عناصر پیشبر است که در حدود ۳۰ درصد از پیشبرهای یوکاریوتی وجود دارد (Bucher, 1990) و بسیاری از فاکتورهای نسخه‌برداری از جمله CTF/NF1 (فاکتور نسخه‌برداری / فاکتور هسته‌ای ۱)، C/EBP (CCAAT/ enhancer binding protein) و CDP (CCAAT displacement protein) به این موتیف تنظیمی متصل می‌شوند (Edwards et al. 1998).

شناسایی شده در پیشبر *ObEOMTs* است. این عناصر تنظیمی *cis-acting* به عنوان جایگاه اتصال دو فاکتور نسخه‌برداری *ATMYB1* و *ATMYB2* در تنظیم ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش خشکی، بیان فلاونوئید و توالی تنظیمی بالادستی ژن‌های دفاعی مشاهده شده است (Yamamoto et al. 2004). به علاوه مطالعات نشان می‌دهد که این موتیف تنظیمی، جایگاه اتصال فاکتورهای نسخه‌برداری *BZIP*، *R2R3-MYB* و *BHLH* بوده و در کنترل فعالیت ژن‌های پاسخ به نور و وابسته به بافت در مسیر بیوستز فنیل پروپانوئید نیز موثر است (Hartmann et al. 2005).

جدول ۳- نوع، تعداد و نقش عناصر تنظیمی پیش‌بینی شده در پیشبر ژن *pEOMTs* در ریحان

Table 3- Type, number and role of predicted regulatory elements of *pEOMTs* gene promoter from *O. basilicum* L.

نام عناصر	تعداد	توالی و عملکرد
AE-Box	۴	CANNTG قسمتی از عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به نور
CATT-Box	۲	CATT قسمتی از عناصر پاسخ‌دهنده به نور
CCAATT-Box	۶	CCAATT محل اتصال فاکتور نسخه‌برداری MYBHv1
CGTCA-motif	۱	CCGTCC عناصر تنظیمی <i>cis-acting</i> مرتبط با فعالیت اختصاصی مریستم
CGTCA-motif	۳	CGTCA عناصر تنظیمی <i>cis-acting</i> در پاسخ به متیل جاسمونات
WBOXNTERF3	۴	TTGAC عناصر تنظیمی <i>cis-acting</i> در پاسخ به تنش زیستی
TCA-element	۱	TCATCTTCTT عناصر تنظیمی <i>cis-acting</i> در پاسخ به سالیسیلیک اسید
BOXATGAP3	۱	CANNTG مکان اتصال فاکتور نسخه‌برداری MYB و p-gene در مسیر بیوستز فلاونوئید
I-Box	۲	ACTTTG قسمتی از عنصر پاسخ‌دهنده به نور
MBS	۳	CGGTCA و CAACTG مکان اتصال فاکتور نسخه‌برداری MYB با تحریک در تنش خشکی
WRKY710S	۲	TGAC جایگاه اتصال فاکتور نسخه‌برداری MYB-WRKY
DRE2COREZMRAB12	۱	عناصر پاسخ‌دهنده به خشکی در مسیر تولید ABA
HSE	۳	CNNGAANN TTCNNG عناصر تنظیمی <i>cis-acting</i> در پاسخ به تنش گرما

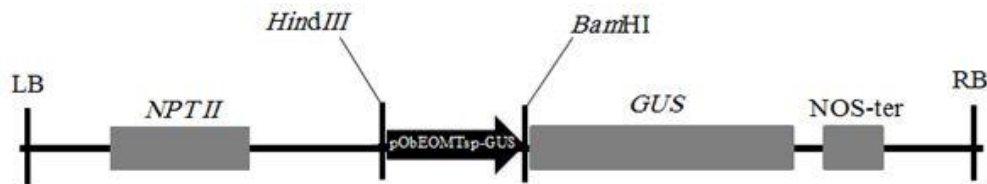
که ژن *Chrysanthemum CmWRKY1* را بیش‌بیان می‌کنند، افزایش در تحمل dehydration (کم‌آبی) را نشان می‌دهند (Fan *et al.* 2016). با توجه به نتایج حاضر حضور جایگاه‌های تنظیمی پاسخ‌دهنده به سایر تنش‌های غیرزیستی می‌تواند برای تحریک افزایش بیان ژن بیوستتر کننده متیل اوژنول کارساز باشد که این ادعا نیازمند کاهش عملکرد (Loss of function) آن در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی است.

بررسی بیان ژن گزارشگر *GUS* تحت فعالیت پیشبر ژن *ObEOMT*

جهت بررسی پیشبر جداسازی شده، توالی مذکور جایگزین پیشبر *CaMV 35S* در ناقل pBI121 شد. همسانه‌سازی پیشبر ژن *ObEOMTs* در این ناقل با استفاده از آنزیم‌های برشی مورد تأیید قرار گرفت (شکل ۳ ج). برای مقایسه بهتر بیان ژن *GUS* از پیشبر *CaMV 35S* در ناقل pBI121 استفاده شد. دو ناقل بیانی شامل *pEOMTs-GUS* و *pCaMV 35S-GUS* برای ترانسفورماسیون توتون از طریق روش اگرواینفیلتراسیون تحت خلا به کار گرفته شدند (شکل ۴) (Wang 2006). در نهایت پس از ۷۲ ساعت نمونه‌ها مورد سنجش هیستوشیمیایی *GUS* قرار گرفتند (Jefferson *et al.* 1987). بیان ژن *GUS* با دو سازه بیانی مذکور مشاهده شد (شکل ۵). عناصر موجود در پیشبر *pEOMTs* نشان می‌دهد که با حضور عناصر پایه، این پیشبر قادر به هدایت و بیان ژن *GUS* است. نتایج بیان هیستوشیمیایی ژن *GUS* فعالیت و عملکرد پیشبر *pEOMTs* را تایید می‌کند. برای تایید نقش موتیف‌های تنظیمی مرتبط با تنش خشکی و شناخت نقش آن‌ها در فعالیت ژن اوژنول *O*-متیل ترانسفراز بررسی حضور این عناصر تنظیمی در هدایت ژن گزارشگر *GUS* تحت شرایط تنش خشکی مورد نیاز است.

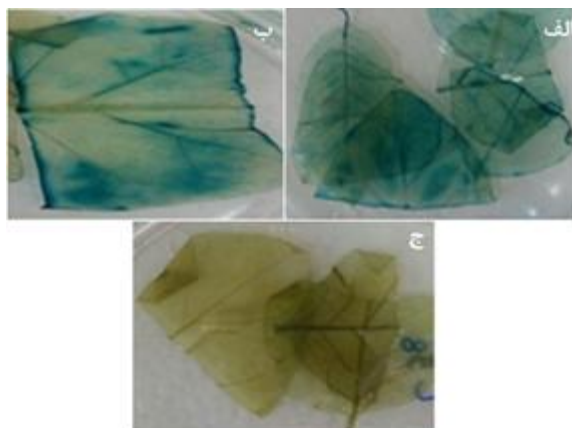
فاکتورهای نسخه‌برداری R2R3-MYB در کنترل بسیاری از فرآیندهای زیستی گیاهان مانند انتقال پیام هورمون‌ها، متابولیسم ثانویه و پاسخ به تنش‌ها نقش دارند (Dubos *et al.* 2010; Baldoni *et al.* 2015). فاکتورهای نسخه‌برداری bZIP نیز در طیف وسیعی از فرآیندهای زیستی از جمله پاسخ گیاه به انواع تنش‌های زیستی و غیرزیستی شامل دفاع در برابر حمله پاتوژن‌ها (Thurrow *et al.* 2005; Kaminaka *et al.* 2006)، مسیرهای پیام‌رسانی هورمون‌ها (Uno *et al.* 2005; Nieva *et al.* 2000) و تحمل گیاه نسبت به تنش‌های شوری و خشکی (Liu *et al.* 2014) مشارکت دارند. بسیاری از فاکتورهای نسخه‌برداری bHLH در تنظیم پیام نور (Castelain *et al.* 2012) و در عملکرد پیام‌رسانی هورمون‌ها مانند آبسزیک اسید (Abe *et al.* 2003)، اتیلن و جاسمونیک اسید (Fernandez-Calvo *et al.* 2011) درگیر هستند. علاوه بر این، فاکتورهای نسخه‌برداری bHLH در پاسخ گیاه به تنش‌ها مانند کاهش دما، خشکی و شوری نقش دارند (Feng *et al.* 2013; Tang *et al.* 2017). در مجموع این پروتئین‌ها در پاسخ گیاه به تنش‌های زیستی و غیرزیستی درگیر هستند (Sun *et al.* 2018).

به علاوه توالی TGAC موجود در پیشبر ژن *ObEOMT* مکان اتصال فاکتورهای نسخه‌برداری MYB-WRKY است. فاکتورهای نسخه‌برداری WRKY به صورت گسترده در گیاهان یافت شده‌اند و در پاسخ به انواع تنش‌های غیرزیستی (Banerjee and Roychoudhury 2015; Muthamilarasan *et al.* 2015; Phukan *et al.* 2016) زیستی (Eulgem and Somssich 2007; Buscail and Rivas 2014; Phukan *et al.* 2016) نقش مهمی ایفا می‌کند. در میان ۲۸۷ ژن *BnWRKY* در *Brassica napus*، اغلب آن‌ها توسط تنش دمای پایین، شوری و خشکی القا می‌شوند و در شرایط خشکی سه تا از این ژن‌ها بیش‌تنظیم (up-regulated) می‌شوند (He *et al.* 2016) گیاهان تراریخته‌ای



شکل ۴- طرح شماتیک از ساخت ناقل بیانی pObEOMTsp-GUS

Figure 4- Schematic diagram of expression vector pObEOMTsp-GUS



شکل ۵- آزمون هیستوشیمیایی ژن گزارشگر β -گلوکورونیداز (*GUS*) در توتون تراریخته. الف) نتیجه بیان موقت ژن گزارشگر *GUS* تحت هدایت پیشبر *ObEOMTs*. ب) کنترل مثبت: نتیجه بیان موقت ژن گزارشگر *GUS* تحت هدایت پیشبر *CaMV 35S*، ج) کنترل منفی: آگروباکتریوم بدون پلاسمید نوترکیب.

Figure 5- Histochemical test of the β -glucuronidase (*GUS*) gene reporter in transgenic *Nicotiana tabacum*. A) Results of transient expression of the *GUS* reporter gene under *ObEOMTs* promoter control, B) Positive control: results of transient expression of the *GUS* gene reporter under *CaMV35S* promoter control, C) Negative control: *Agrobacterium* without recombinant plasmid.

سپاسگزاری

برای فراهم آوردن محیط مناسب آزمایشگاهی جهت انجام این پژوهش تشکر و قدردانی کنند.

نویسندگان بر خود لازم می‌دانند از گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

منابع

- Abe H, Urao T, Ito T, Seki M, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. 2003.** *Arabidopsis* AtMYC2 (bHLH) and AtMYB2 (MYB) function as transcriptional activators in abscisic acid signaling. *The Plant Cell* 15(1):63-78.
- Baldoni E, Genga A, Cominelli E. 2015.** Plant MYB transcription factors: their role in drought response mechanisms. *International Journal of Molecular Sciences* 16(7):15811-15851.
- Banerjee A, Roychoudhury A. 2015.** WRKY proteins: signaling and regulation of expression during abiotic stress responses. *The Scientific World Journal* 2015:807560. doi: 10.1155/2015/807560.
- Bucher P. 1990.** Weight matrix descriptions of four eukaryotic RNA polymerase II promoter elements derived from 502 unrelated promoter sequences. *Journal of Molecular Biology* 212(4):563-578.
- Buscaill P, Rivas S. 2014.** Transcriptional control of plant defence responses. *Current Opinion in Plant Biology* 20:35-46.
- Castelain M, Le Hir R, Bellini C. 2012.** The non-DNA-binding bHLH transcription factor PRE3/bHLH135/ATBS1/TMO7 is involved in the regulation of light signaling pathway in *Arabidopsis*. *Physiologia Plantarum* 145(3):450-60.
- Dixon RA, Achnine L, Kota P, Liu CJ, Reddy MS, Wang L. 2002.** The phenylpropanoid pathway and plant defence-a genomics perspective. *Molecular Plant Pathology* 3(5):371-390.
- Dixon RA, Paiva NL. 1995.** Stress-induced phenylpropanoid metabolism. *The Plant Cell* 7(7):1085-1097.
- Dubos C, Stracke R, Grotewold E, Weisshaar B, Martin C, Lepiniec L. 2010.** MYB transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends in Plant Science* 15(10):573-581.
- Edwards D, Murray JA, Smith AG. 1998.** Multiple genes encoding the conserved CCAAT-box transcription factor complex are expressed in *Arabidopsis*. *Plant Physiology* 117(3):1015-1022.
- Eulgem T, Somssich IE. 2007.** Networks of WRKY transcription factors in defense signaling. *Current Opinion in Plant Biology* 10(4):366-371.
- Fan Q, Song A, Jiang J, Zhang T, Sun H, Wang Y, Chen S, Chen F. 2016.** CmWRKY1 enhances the dehydration tolerance of chrysanthemum through the regulation of ABA-associated genes. *PLoS One* 11(3):e0150572. doi: 10.1371/journal.pone.0150572.
- Feng HL, Ma NN, Meng X, Zhang S, Wang JR, Chai S, Meng QW. 2013.** A novel tomato MYC-type ICE1-like transcription factor, SlICE1a, confers cold, osmotic and salt tolerance in transgenic tobacco. *Plant Physiology and Biochemistry* 73:309-320.
- Fernández-Calvo P, Chini A, Fernández-Barbero G, Chico JM, Gimenez-Ibanez S, Geerinck J, Eeckhout D, Schweizer F, Godoy M, Franco-Zorrilla JM, Pauwels L. 2011.** The *Arabidopsis* bHLH transcription factors MYC3 and MYC4 are targets of JAZ repressors and act additively with MYC2 in the activation of jasmonate responses. *The Plant Cell* 23(2):701-715.
- Gang DR, Wang J, Dudareva N, Nam KH, Simon JE, Lewinsohn E, Pichersky E. 2001.** An investigation of the storage and biosynthesis of phenylpropanes in sweet basil. *Plant Physiology* 125(2):539-555.
- Gittins JR, Pellny TK, Hiles ER, Rosa C, Biricolti S, James DJ. 2000.** Transgene expression driven by heterologous ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase small-subunit gene promoters in the vegetative tissues of apple (*Malus pumila* Mill.). *Planta* 210(2):232-240.
- Hartmann U, Sagasser M, Mehrtens F, Stracke R, Weisshaar B. 2005.** Differential combinatorial interactions of cis-acting elements recognized by R2R3-MYB, BZIP, and BHLH factors control light-responsive and tissue-specific activation of phenylpropanoid biosynthesis genes. *Plant Molecular Biology* 57(2):155-171.
- He GH, Xu JY, Wang YX, Liu JM, Li PS, Chen M, Ma YZ, Xu ZS. 2016.** Drought-responsive WRKY transcription factor genes TaWRKY1 and TaWRKY33 from wheat confer drought and/or heat resistance in *Arabidopsis*. *BMC Plant Biology* 16(1):116. doi: 10.1186/s12870-016-0806-4.
- Hiltunen R, Holm Y. 2006.** Essential oil of *Ocimum*. In: Hiltunen R, Holm Y (Eds.) *The genus Ocimum*, Harwood Academic Publisher, Amsterdam, 77-111.
- Hou L, Chen L, Wang J, Xu D, Dai L, Zhang H, Zhao Y. 2012.** Construction of stress responsive synthetic promoters and analysis of their activity in transgenic *Arabidopsis thaliana*. *Plant Molecular Biology Reporter* 30(6):1496-1506.
- Jefferson RA, Kavanagh TA, Bevan MW. 1987.** GUS fusions: beta-glucuronidase as a sensitive and versatile gene fusion marker in higher plants. *The EMBO Journal* 6(13):3901-3907.
- Juliani HR, Simon JE. 2002.** Antioxidant activity of basil. In: Janic J, Whipkey A (Eds.) *Trends in New Crops and New Uses*, ASHS Press, Alexandria, 575-579.
- Kaminaka H, Näke C, Epple P, Dittgen J, Schütze K, Chaban C, Holt BF, Merkle T, Schäfer E, Harter K, Dangl JL. 2006.** bZIP10-LSD1 antagonism modulates basal defense and cell death in *Arabidopsis* following infection. *The EMBO Journal* 25(18):4400-4411.
- Khakdan F, Nasiri J, Ranjbar M, Alizadeh H. 2017.** Water deficit stress fluctuates expression profiles of 4Cl, C3H, COMT, CVOMT and EOMT genes involved in the biosynthetic pathway of volatile phenylpropanoids alongside accumulation of methylchavicol and methyleugenol in different Iranian cultivars of basil. *Journal of Plant Physiology* 218:74-83.
- Koeduka T, Fridman E, Gang DR, Vassão DG, Jackson BL, Kish CM, Orlova I, Spassova SM, Lewis NG, Noel JP. 2006.** Eugenol and isoeugenol, characteristic aromatic constituents of spices, are biosynthesized via reduction of a coniferyl alcohol ester. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103(26):10128-10133.
- Kothari S, Bhattacharya ARamesh S. 2004.** Essential oil yield and quality of methyl eugenol rich *Ocimum tenuiflorum* Lf (syn. *O. sanctum* L.) grown in south India as influenced by

- method of harvest. *Journal of Chromatography A* 1054(1-2):67-72.
- Lee SJ, Umamo K, Shibamoto T, Lee KG. 2005.** Identification of volatile components in basil (*Ocimum basilicum* L.) and thyme leaves (*Thymus vulgaris* L.) and their antioxidant properties. *Food Chemistry* 91(1):131-137.
- Liao YL, Shen YB, Chang J, Zhang WW, Cheng SY, Xu F. 2015.** Isolation, expression, and promoter analysis of GbWRKY2: a novel transcription factor gene from *Ginkgo biloba*. *International Journal of Genomics* 2015, 607185. doi: 10.1155/2015/607185.
- Liu C, Mao B, Ou S, Wang W, Liu L, Wu Y, Chu C, Wang X. 2014.** OsbZIP71, a bZIP transcription factor, confers salinity and drought tolerance in rice. *Plant Molecular Biology* 84(1-2):19-36.
- Liu H, Wang X, Wang D, Zou Z, Liang Z. 2011.** Effect of drought stress on growth and accumulation of active constituents in *Salvia miltiorrhiza* Bunge. *Industrial Crops and Products* 33(1):84-88.
- Liu JH, Peng T, Dai W. 2014.** Critical cis-acting elements and interacting transcription factors: key players associated with abiotic stress responses in plants. *Plant Molecular Biology Reporter* 32(2):303-317.
- Loreto F, Pollastri S, Fineschi S, Velikova V. 2014.** Volatile isoprenoids and their importance for protection against environmental constraints in the Mediterranean area. *Environmental and Experimental Botany* 103:99-106.
- Muthamilarasan M, Bonthala VS, Khandelwal R, Jaishankar J, Shweta S, Nawaz K, Prasad M. 2015.** Global analysis of WRKY transcription factor superfamily in *Setaria* identifies potential candidates involved in abiotic stress signaling. *Frontiers in Plant Science* 6:910. doi: 10.3389/fpls.2015.00910.
- Nieva C, Busk PK, Domínguez-Puigjaner E, Lumberras V, Testillano PS, Riusueño MC, Pagès M. 2005.** Isolation and functional characterisation of two new bZIP maize regulators of the ABA responsive gene rab28. *Plant Molecular Biology* 58(6):899-914.
- Phukan UJ, Jeena GS, Shukla RK. 2016.** WRKY transcription factors: molecular regulation and stress responses in plants. *Frontiers in Plant Science* 7:760. doi: 10.3389/fpls.2016.00760.
- Politeo O, Jukic M, Milos M. 2007.** Chemical composition and antioxidant capacity of free volatile aglycones from basil (*Ocimum basilicum* L.) compared with its essential oil. *Food Chemistry* 101(1):379-385.
- Roy S, Choudhury SR, Singh SK, Das KP. 2012.** Functional analysis of light-regulated promoter region of AtPolII gene. *Planta* 235(2):411-432.
- Russell DW, Sambrook J. 2001.** Molecular cloning: a laboratory manual. Cold Spring Harbor, New York, USA.
- Sun X, Wang Y, Sui N. 2018.** Transcriptional regulation of bHLH during plant response to stress. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 503(2):397-401.
- Tang S, Li L, Wang Y, Chen Q, Zhang W, Jia G, Zhi H, Zhao B, Diao X. 2017.** Genotype-specific physiological and transcriptomic responses to drought stress in *Setaria italica* (an emerging model for Panicoideae grasses). *Scientific Reports* 7(1):10009. doi: 10.1038/s41598-017-08854-6.
- Thurrow C, Schiermeyer A, Krawczyk S, Butterbrodt T, Nickolov K, Gatz C. 2005.** Tobacco bZIP transcription factor TGA2. 2 and related factor TGA2. 1 have distinct roles in plant defense responses and plant development. *The Plant Journal* 44(1):100-113.
- Tu CH, Liu WP, Huang LL, Mo YQ, Yang DZ. 2009.** Cloning and transcriptional activity of a novel ovarian-specific promoter from rat retrovirus-like elements. *Archives of Biochemistry and Biophysics* 485(1):24-29.
- Uno Y, Furihata T, Abe H, Yoshida R, Shinozaki K, Yamaguchi-Shinozaki K. 2000.** *Arabidopsis* basic leucine zipper transcription factors involved in an abscisic acid-dependent signal transduction pathway under drought and high-salinity conditions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 97(21):11632-11637.
- Wang K. 2006.** Agrobacterium protocols. Humana press, New York, USA:
- Xie Z, Kapteyn J, Gang DR. 2008.** A systems biology investigation of the MEP/terpenoid and shikimate/phenylpropanoid pathways points to multiple levels of metabolic control in sweet basil glandular trichomes. *The Plant Journal* 54(3):349-361.
- Yamamoto S, Nakano T, Suzuki K, Shinshi H. 2004.** Elicitor-induced activation of transcription via W box-related cis-acting elements from a basic chitinase gene by WRKY transcription factors in tobacco. *Biochimica et Biophysica Acta* 1679(3):279-287.

Genetic Engineering and Biosafety Journal

Volume 7, Number 2

Isolation and investigation of eugenol *O*-methyl transferase (*EOMTs*) gene promoter from *Ocimum basilicum* L.Fatemeh Khakdan¹, Mojtaba Ranjbar^{2*}, Nader Chaparzadeh³, Athar Sadat Javanmard⁴, Houshang Alizadeh⁵

1- Department of Biotechnology, College of Agriculture, Jahrom University, Jahrom, Iran

2- Assistant Professor, Department of Microbial Biotechnology, Faculty of Biotechnology, Amol University of Special Modern Technologies, Amol, Iran

3- Professor, Department of Biology, Faculty of Science, Azarbaijan Shahid Madani University, Tabriz, Iran

4- Assistant Professor, Department of Biology, Faculty of Science, Yasouj University, Yasuj, Iran

5- Associate Professor, Department of Agronomy & Plant Breeding, College of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

Abstract

Ocimum basilicum L. (2n=48) is a medicinal plant that belongs to Lamiaceae family. Eugenol is one of the most important components of basil essential oil which is utilized as an anti-bacterial and anti-fungal material in various industries. Phenylpropanoids such as methyl eugenol possess anti-oxidant properties against free radicals and act as protective compounds in plant responses to the biotic and abiotic stresses. Methyl eugenol *O*-methyl transferase (*EOMTs*), as a key enzyme of phenylpropanoids biosynthesis pathway, converts eugenol into methyl eugenol by methylation. In this study, we isolated *EOMTs* gene promoter from the basil plant and cloned in pTG19-T vector for sequencing. Then, this sequence was characterized and analyzed by bioinformatics softwares. We aimed to investigate the possible gene expression regulation of *EOMTs* gene under different environmental conditions and recognition different regulatory motifs of its promoter. Analysis of *EOMTs* gene promoter (1209 bp) indicated that this sequence included some important regulatory elements which could respond to high temperature and drought stress such as MYB, MYC, HSE, and WRKY. Transient expression of the *GUS* gene under *ObEOMTs* promoter control in *Nicotiana tabacum* leaves showed that this promoter including core elements was able to direct the basal expression of this gene. It is expected that this promoter will be capable of changing the expression levels of *EOMTs* gene in reaction to different environmental stresses because there are stress-responsive regulatory sites in *ObEOMTs* gene promoter.

Key words: *EOMTs* promoter, cis-acting elements, drought stress, *Ocimum basilicum* L.