

Abstract

Project Code: RSA5780030

Project Title: Expression profiling of cassava genes during storage root initiation

Investigator: Dr. Puchapat Sojikul

Department of Biotechnology, Faculty of Science, Mahidol University

E-mail Address: punchapat.soj@mahidol.ac.th

Project Period: June 16, 2014 – June 15, 2017

Understanding of molecular mechanism involved in storage root development at the early transition stage from fibrous to storage stage using oligo-microarray. A relatively high quality and large database were generated and the transcriptomic profiling in early storage root development were unraveled. A total of 1,259 genes were significantly expressed, of which only 919 genes were GO-term annotated. Transcription and gene expression were found to be the key regulating processes during the transition stage from fibrous to intermediate roots, while homeostasis and signal transduction influenced regulation from intermediate to storage roots. Clustering analysis of significant genes and transcription factors (TF) indicated that a number of phytohormone-related TF were differentially expressed; therefore, phytohormone-related genes were assembled into a network of correlative nodes. A model showed the relationships between KNOX1 and phytohormones during the storage root initiation. Exogeneous treatment of phyto- hormones N6-benzylaminopurine and 1-Naphthaleneacetic acid were used to induce in vitro storage root initiation stage and to investigate expression patterns of the genes involved in storage root initiation. The results support the hypothesis that phytohormones are acting in concert to regulate the onset of cassava storage root development. Moreover, MeKNOX1, MeCDPK and MeAGL20 are putative factors that might play important roles at the onset of storage root initiation when the root tip becomes swollen.

KEYWORDS: cassava / microarray / phytohormone / storage root initiation

บทคัดย่อ

รหัสโครงการ: RSA5780030

โครงการ: การวิเคราะห์การแสดงออกของยีนในช่วงการกระตุ้นการสร้างและพัฒนารากสะสมแป้งในมันสำปะหลัง

ผู้วิจัย: ผศ. ดร. ปัญจภัทร โสจิกุล

ภาควิชาเทคโนโลยีชีวภาพ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล

E-mail Address: punchapat.soj@mahidol.ac.th

ระยะเวลาของโครงการ: 16 มิถุนายน 2557 - 15 มิถุนายน 2560

การศึกษากระบวนการพัฒนารากสะสมแป้งในมันสำปะหลัง ในระยะเริ่มต้นจากรากวิสามัญไปสู่รากสะสมโดยใช้เทคนิคไมโครอะเรย์พบว่า เมื่อนำกลุ่มของยีนที่มีการแสดงออกอย่างมีนัยสำคัญจำนวน 1,259 ยีน และทรานสคริปชันแฟคเตอร์ มาวิเคราะห์โดยการวิเคราะห์แบบจัดกลุ่ม ข้อมูลบ่งชี้ว่ากระบวนการหลักในขั้นตอนการกระตุ้นการเปลี่ยนแปลงจากรากวิสามัญไปสู่รากสะสม คือกระบวนการการถอดรหัส และการควบคุมการแสดงออกของยีน ในขณะที่การแสดงออกของยีนที่เกี่ยวข้องกับการรักษาสภาวะสมดุล และการถ่ายโอนสัญญาณมีอิทธิพลต่อการควบคุมการพัฒนาจากรากสะสม จากการวิเคราะห์แบบจำลองเครือข่ายความสัมพันธ์ของการทำงานร่วมกันของยีนในระยะกระตุ้นการสร้างรากสะสม พบว่า ทรานสคริปชันแฟคเตอร์และการยีนที่เกี่ยวข้องกับการทำงานของฮอร์โมนพืชมีบทบาทสำคัญ ผลการทดลองบ่งบอกถึง ความสัมพันธ์ระหว่าง ยีน KNOX กับ ยีนที่เกี่ยวข้องหรือยีนที่ถูกควบคุมโดยฮอร์โมนพืช เมื่อทำการทดสอบแบบจำลองโดยการกระตุ้นรากวิสามัญด้วยฮอร์โมนไซโตไคนิน (BAP) และ ออกซิน (NAA) พบว่าสามารถกระตุ้นการพัฒนาของรากวิสามัญไปสู่รากสะสมอาหารได้ และ มีการเพิ่มขึ้นหรือลดลงของการแสดงออกของยีน ตามแบบจำลอง นอกจากนี้ยังพบว่า ยีน MeKNOX MeCDPK และ MeAGL20 มีบทบาทสำคัญในการกระตุ้นการพัฒนาของรากสะสมอาหารในมันสำปะหลัง

KEYWORDS: cassava / microarray / phytohormone / storage root initiation