

นางสาวธนิยา วัณณคุปต์



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาชีวเวขเคมี ภาควิชาชีวเคมีและจุลชีววิทยา คณะเภสัชศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ปีการศึกษา 2557 ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย



CLONING AND CHARACTERIZATION OF HOMOGENTISATE PHYTYLTRANSFERASE GENES FROM *CLITORIA TERNATEA* AND *ARTOCARPUS LAKOOCHA*

Miss Thaniya Wunnakup

, I

A Dissertation Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements

for the Degree of Doctor of Philosophy Program in Biomedicinal Chemistry

Department of Biochemistry and Microbiology

Faculty of Pharmaceutical Sciences

Chulalongkorn University

Academic Year 2014

Copyright of Chulalongkorn University

Thesis Title

CLONING AND CHARACTERIZATION OF
HOMOGENTISATE PHYTYLTRANSFERASE GENES
FROM CLITORIA TERNATEA AND ARTOCARPUS
LAKOOCHA

By
Miss Thaniya Wunnakup
Field of Study
Biomedicinal Chemistry
Thesis Advisor
Associate Professor Wanchai De-eknamkul, Ph.D.

Accepted by the Faculty of Pharmaceutical Sciences, Chulalongkorn University in Partial Fulfillment of the Requirements for the Doctoral Degree

Dean of the Faculty of Pharmaceutical Sciences

(Assistant Professor Rungpetch Sakulbumrungsil, Ph.D.)

HESIS COMMITTEE	
Manievall outromby Chairman	
(Associate Professor Maneewan Suksomtip, Ph.D.)	
M. We Ele-C Thesis Advisor	
(Associate Professor Wanchai De-eknamkul, Ph.D.)	
Bonn Spotthe Examiner	
(Assistant Professor Boonsri Ongpipattanakul, Ph.D.)	
D. Kecksunyau Examiner	
(Associate Professor Duangdeun Meksuriyen, Ph.D.)	
Worp- Silhiham External Examine	٦٢
(Associate Professor Woranan Sitthithaworn, Ph.D.)	

ธนิยา วัณณคุปต์ : การโคลนยีนและศึกษาคุณลักษณะของยีนโฮโมเจนทิเสตไฟทิวทรานส เฟอเรสจากอัญขันและมะหาด (CLONING AND HOMOGENTISATE PHYTYLTRANSFERASE GENES FROM CLITORIA TERNATEA AND ARTOCARPUS LAKOOCHA) อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: รศ. ดร. วันชัย ดีเอก นามกูล, 94 หน้า.

สารพรีนิวแอโรมาติกเป็นกลุ่มสารทุติยภูมิที่พบมากในพืช ซึ่งสารเหล่านี้ถูกสังเคราะห์ขึ้น โดยปฏิกริยาการเติมหมู่พรีนิวด้วยการทำงานของเอนไซม์ในกลุ่มแอโรมาติกพรีนิวทรานสเฟอเรส เอนไซม์จะทำการเติมหมู่พรีนิวที่มีความยาวของโครงสร้างที่ต่างกัน (C5, C10, C15 หรือ C20) ให้กับ สับสเตรทที่เป็นแอโรมาติกที่ตำแหน่งต่าง ๆ ที่คาร์บอนของโครงสร้างแอโรมาติก ได้สารพรีนิวแอโร มาติกเป็นผลิตภัณฑ์ ในการศึกษานี้ได้ทำการแยกยีนโฮโมเจนทิเสต ไฟทิวทรานสเฟอเรส ซึ่งเป็นยีนใน กลุ่มของแอโรมาติกพรีนิวทรานสเฟอเรสและเกี่ยวข้องกับวิถีสังเคราะห์สารโทโคฟีรอลจากอัญชัน (Clitoria ternatea:clt) และมะหาด (Artocarpus lakoocha: alrc2) โดยยืน clt มีความยาว ทั้งหมด 1,495 bp และมี ORF เท่ากับ 1,224 bp และยืน alrc2 มีความยาวทั้งหมด 1,625 bp และ มี ORF เท่ากับ 1,233 bp ยีนทั้งสองจะสังเคราะห์โปรตีน CTL และ ALRC2 ที่มีขนาด 407 และ 410 กรดอะมิโน ซึ่งทำนายน้ำหนักโมเลกุลได้ 45.58 kDa และ 45.59 kDa ตามลำดับ ในส่วนของลำดับ ของโปรตีนจะประกอบด้วยคุณลักษณะของเอนไขม์แอโรมาติกพรีนิวทรานสฟอเรสประกอบด้วย สาย เปปไทด์ส่งสัญญาณที่ปลายด้านอะมิโน (N-terminal) บริเวณจำเพาะที่จับกับสับเสตรท (NQXXDXXXD และ KDXXDXD) และส่วนแอลฟาเยลิกซ์ทรานสเมมเบรน จากการวิเคราะห์ ความสัมพันธ์พบว่ายีนที่ได้มีความใกล้เคียงกับกลุ่มเอนไขม์โฮโมเจนทิเสต ไฟทิวทรานสเฟอเรส และ ใด้ทำการศึกษ เการทำงานของเอนไซม์โดยการอาศัยการแสดงออกในต้นมะเขือเทศด้วยเทคนิค agroinfiltration จากนั้นทำการวัดการแสดงออกของยืนด้วยเทคนิค RT-PCR และตรวจวัดการ ทำงานของเอนไซม์โดยพบสาร intermediate และสารปลายทางของวิถีสังเคราะห์สารโทโคฟีรอล (DMPBQ และ **α**-tocopherol) ด้วยเทคนิค TLC และ GC จากผลการทดลองพบว่าหลังจากนำยืน clt และ alrc2 เข้าสู่ใบมะเขือเทศเป็นเวลา 3 วัน พบการสะสมของ α -tocopherol ที่เพิ่มขึ้น 2.4 \pm 0.38 และ 1.4 ± 0.05 เท่าเมื่อเทียบกับกลุ่มควบคุม จากผลการทดลองทั้งหมดบ่งชี้ว่ายีน clt และ alrc2 ทั้งสองนี้เป็นยืนที่ทำหน้าที่สร้างเอนไซม์โฮโมเจนทิเสต ไฟทิวทรานสเฟอเรส

ชีวเคมีและจุลชีววิทยา ภาควิชา สาขาวิชา ชีวเวชเคมี

ปีการศึกษา 2557





KEYWORDS: HOMOGENTISATE PHYTYLTRANSFERASE / CLITORIA TERNATEA / ARTOCARPUS LAKOOCHA / α -TOCOPHEROL

THANIYA WUNNAKUP: CLONING AND CHARACTERIZATION OF HOMOGENTISATE PHYTYLTRANSFERASE GENES FROM CLITORIA TERNATEA AND ARTOCARPUS LAKOOCHA. ADVISOR: ASSOC. PROF. WANCHAI DE-EKNAMKUL, Ph.D., 94 pp.

Prenylated aromatic compounds are secondary metabolites found to be distributed in various plant families. The group of key enzymes catalyzing the prenylation reaction to produce these prenylated aromatic compounds is called aromatic prenyltransferases (PTases). Each of these enzymes transfers a prenyl group in different lengths (C5, C10, C15 or C20) to an aromatic substrate at a specific carbon position to form a prenylated aromatic product. In this study, two genes encoding similar homogentisate phytyltransferases (HPT), a member of aromatic PTases were isolated from Clitoria ternatea L. (clt) and Artocarpus lakoocha Rox. (alc2). The full-length cDNAs of clt and alrc2 were 1,495 and 1,625 bp in size, containing 1,224 bp and 1,233 bp ORF, respectively. The clt and alrc2 genes encoded CLT and ALRC2 proteins of 407 and 410 amino acids with predicted MWs of 45.58 and 45.59 kDa, respectively. Both proteins contained important characteristics of aromatic PTase structures, including a signal transit peptide at Nterminal, Asp-rich regions of substrate binding site (NQXXDXXXD and KDXXDXD), and nine transmembrane α -helixes. According to the results from phytogenetic analysis, both were closely related to the HPT family members. The functional study of clt and alrc2 was then carried out in tomato by transient expression using agroinfiltration method, and evaluated by RT-PCR. For their enzyme activities, these were indirectly evaluated by detection of the accumulation of the intermediate 2,3-dimethyl-5-phytyl-1,4-benzoquinone (DMPBQ) and the pathway product αtocopherol by TLC and GC-MS. The results revealed that the isolated clt and alrc2 could enhance the α -tocopherol accumulation in tomato leaves after 3 days agroinfiltration by 2.4 \pm 0.38 and 1.4 \pm 0.05 fold higher than control. Taken together, both genes were possibly functioned as HPT enzyme.

Department:

Academic Year: 2014

Field of Study: Biomedicinal Chemistry

Biochemistry and Microbiology Student's Signature Thantya Wannadys

Biomedicinal Chemistry Advisor's Signature W. W. Commander



ACKNOWLEDGEMENTS

I would like to express deepest gratitude to my advisor, Assoc. Prof. Wanchai De-Eknamkul for his advice and encouragement that lead me to finish my doctoral research. His comments helped me to establish overall direction of the research and reach my goal. I thank him for gave me the opportunity and freedom to explore on my own.

I am grateful Asst. Prof. Sorkanok Vimolmangkang and Dr. Worrawat Promden for suggestion with direction, technical support and teaching me how to do research that helped me sort out the detail of my work.

I thank my colleagues of our laboratory for sharing idea and become a good friend.

I also thankful to all staffs of my department (Biochemistry and microbiology, Faculty of pharmaceutical sciences) for kind advice and help in information management and always ready to help with smile.

I acknowledge the 90th Anniversary of Chulalongkorn University Fund for providing scholarships for chemicals and faculty of pharmaceutical sciences for supporting.

Finally, none of this would have been possible without the love, patience and understanding of my family. They never complain and tell me to focus on my study. I fell so lucky to have them to be my parents.

CONTENTS

	Pagi
THAI ABSTRACT	iv
ENGLISH ABSTRACT	V
ACKNOWLEDGEMENTS	vi
CONTENTS	vii
List of Tables	xi
List of Figures	xii
CHAPTER Introduction	1
CHAPTER Literature review	3
2.1 Plant prenylated aromatic compounds	3
2.1.1 Prenylated flavonoids	3
2.1.2 Prenylated xanthones	5
2.1.3 Prenylated quinones	6
2.2 Plant aromatic prenyltransferase	7
2.2.1 Aromatic prenyltransferase in prenylated flavonoid biosynthesis	8
2.2.2 Aromatic prenyltransferase in prenylated quinone biosynthesis	. 11
2.3 Characterize and function of aromatic PTases	. 14
2.4 Artocarpus lakoocha Rox	. 17
2.4.1 Plant description	. 17
2.4.2 Chemical constituents and biological activities of <i>A. lakoacha</i>	. 18
2.5 Clitoria ternatea L	. 19
2.5.1 Plant description	. 19
2.5.2 Chemical constituents and biological activities in <i>C. ternatea</i>	. 20



		Page
C	HAPTER III Material and Methods	21
	3.1 Plant materials	21
	3.2 Bacterial Strains	21
	3.3 Plasmids	22
	3.4 Total RNA extraction	22
	3.5 Synthesis cDNA	23
	3.6 Determination of core sequences encoding PTases	23
	3.7 Determination of full length gene by rapid amplification of cDNA ends (RACE)	25
	3.8 Determination of full length gene for prenyltransferases genes	29
	3.9 Cloning of gene in pGEM®-T Easy Vector for sequencing	30
	3.10 Bioinformatics analysis	31
	3.11 Alkaline lysis method for plasmid extraction (Sambrook, et al., 1989)	32
	3.12 Presto Mini Plasmid Kit for plasmid extraction	32
	3.13 Preparation of competent <i>E. coli</i> cells	33
	3.14 Transformation by heat-shock	33
	3.15 Construction of expression vector	34
	3.15.1 pENTR /D-TOPO vector	34
	3.15.2 Binary vector	36
	3.16 Preparation of competent <i>Agrobacterium</i> cells	36
	3.17 Transformation of A. tumefaciens by electroporation	37
	3.18 Agrobacterium infiltration into tomato leaves	37
	3.19 Gene expression analysis	38

	Page
3.19.1 RT-PCR	38
3.20 Extraction of recombinant protein from tomato leaves	39
3.21 Protein analysis	40
3.21.1 Sodium Dodecyl Sulfate Polyacrylamide Gel Electrophoresis (SDS-PAGE) 40	
3.21.2 Western blot	40
3.22 Tocopherol extraction	41
3.23 Chlorophyll analysis	41
3.24 Tocopherol analysis	42
3.24.1 Thin Layer Chromatography (TLC)	42
3.24.2 Gas Chromatography-Mass Spectrophotometer (GC-MS)	42
HAPTER IV Results	44
4.1 Total RNA extraction	44
4.2 Isolation of core sequences from degenerate primers	44
4.3 Full length genes from RACE PCR	45
4.4 Cloning of full length genes	51
4.5 In silico protein identification and characterization	51
4.6 Phylogenetic analysis	59
4.7 Construction of plant expression vectors	62
4.8 Gene expression of <i>ctl</i> and <i>alrc2</i> overexpressed in tomato leaves	64
4.9 Recombinant protein expression in tomato leaves	67
4.10 Determination of tocopherol content in agroinfiltrated tomato leaves	68
4.11 Determination of total chlorophyll content in agroinfiltrated tomato	
leaves	68

	Page
CHAPTER V Discussion	.76
CHAPTER VI Conclusion	83
REFERENCES	.84
VITA	.94



List of Tables

	Pages
Table 1 Aspartate rich regions of plant aromatic PTases	16
Table 2 Specific primers the determination of PTase core sequence	24
Table 3 The expected size PCR products of each pair of primers	24
Table 4 PCR thermal cycling condition for amplification of the core sequence	25
Table 5 The specific primers for RACE PCR technique	28
Table 6 The components of RACE PCR reaction.	28
Table 7 RACE PCR thermal cycling condition.	29
Table 8 The specific primers of full length gene	30
Table 9 PCR thermal cycling condition of full length gene.	30
Table 10 The components of ligation reaction for pGEM®-T Easy Vector	31
Table 11 PCR thermal cycling condition of gene expression analysis.	39
Table 12 Summary of computed pl and MW of the deduced proteins	53
Table 13 List of transmembrane domains of ALRC2 and CTL.	54
Table 14 Sequence data analysis by TargetP	55
Table 15 Sequence data analysis by Wol F PSORT and Protcomp	56

List of Figures

Pa	iges
Figure 1 The example of plant prenylated flavonoids	4
Figure 2 The example of plant prenylated xanthones	6
Figure 3 The example of plant prenylated quinones	7
Figure 4 The example of plant flavonoid prenylated prenyltransferases activity	10
Figure 5 The activity of p-hydroxybenzoate geranyltransferase (PGT) in shikonin biosynthesis.	11
Figure 6 Biosynthesis of tocopherol, tocotrienol and platoquinone in plants	13
Figure 7 Phylogenetic relationship of aromatic prenyltransferases.	14
Figure 8 Leaves of <i>Artocarpus lakoacha</i> Rox	17
Figure 9 The secondary metabolites from <i>A. lakoacha</i>	19
Figure 10 Plant and flower of <i>Clitoria ternotea</i> L.	20
Figure 11 The strategies for RACE PCR.	27
Figure 12 The strategies for construction of expression vector	35
Figure 13 The alignment of western blot setup.	41
Figure 14 Agarose gel of the total RNA isolated from <i>C. ternatea</i> L. (A) and <i>A. lakoocha</i> Rox (B)	44
Figure 15 Agarose gel of the partial gene sequences from <i>C. ternatea</i> L. (A) and <i>A. lakoocha</i> Rox (B) amplified by multiple pairs of the degenerate primers	
Figure 16 Isolation of full length cDNA of ctl and alrc2 by RACE PCR. The nested RACE-PCR products (5' and 3' fragments) from <i>C. ternatea</i> (A) and <i>A. lakoocha</i>	
(B) are shown on 1% agarose gel, M: 1 kb DNA marker	47
Figure 17 Agarose gels of <i>ctl</i> and <i>alrc2</i> coding sequence	48
Figure 18 The full length cDNA of <i>ctl</i> gene and its translated protein	49

Figure 19 The full length cDNA of <i>alrc2</i> gene and its translated protein	. 50
Figure 20 Verification of gene insertion to pGemT vector by restriction enzyme	
digestion are shown on 1% agarose gel against 1 kb DNA marker (M)	. 51
Figure 21 PSI-blast search of the putative proteins CTL and ALRC2	. 52
Figure 22 TMHMM analysis of ALRC2 and CTL protein sequences	. 55
Figure 23 Multiple alignment of prenyltransferases family in plants.	. 57
Figure 24 The graphical image of transmembrane prediction by SignalP, C-, S-, and Y-score cleavage site were predicted to be at position of maximal Y score (A) CTL and (B) ALRC2.	. 58
Figure 25 The phylogenetic tree of putative protein sequences of CTL and ALRC2 and related prenyltransferase proteins in plants.	. 60
Figure 26 Phylogenetic trees for conserved amino acid sequences (the aspartate rich regions) of prenyltransferase family	. 61
Figure 27 The construction of the entry vector (pENTR /D-TOPO harboring the ctl and alrc2 genes were analyzed on 1% agarose gel against 1 kb DNA marker (M)	63
Figure 28 The construction of the destination vector	. 64
Figure 29 Tomato leaves after infiltration of the recombinant expression vectors via A. tumefaciens-mediated transformation	66
Figure 30 RT-PCR expression analysis of <i>ctl</i> and <i>alrc2</i> in the agroinfitrated tomato leaves at 1 – 9 dpa	67
Figure 31 Detection of the recombinant proteins by western blots analysis	68
Figure 32 The standard curve of α -tocopherol	69
Figure 33 The α -tocopherol and total chlorophyll contents in pGWB6:: $alrc2$ and pGWB6:: ctl agroinfiltrated leaves	70
Figure 34 TLC patterns of tomato leaves expressing <i>alrc2</i> and <i>ctl</i> extracts	71

Figure 35 GC-MS chromatogram of infiltrated leaves in 3 dpa of pGWB6::ctl	
showed the increase of metabolites	73
Figure 36 GC-MS analysis of the chemical profiles of phytol and fatty acids	
comparing between the transient expression of \it{ctl} (A) and $\it{alrc2}$ (B) and α -	
tocopherol together with intermediates (MPBQ, DMPBQ) involved in the	
biosynthetic pathway of <i>ctl</i> (C) and <i>alrc2</i> (D) in tomato leaves at 1, 3, 6 and 9 dpa	
compare with control (empty vector: pGWB6)	.74
Figure 37 Mass spectra of silylated (A) α -tocopherol (12.955 min), (B) MPBQ (7.923	
min) and (C) DMPBQ (8.203 min) from infiltrated leaves.	. 75