



Comisión Nacional de Investigación
Científica y Tecnológica - CONICYT



COMISIÓN NACIONAL DE INVESTIGACION CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA

VERSION OFICIAL

FECHA: 13/03/2015

N° PROYECTO : 1120635

DURACIÓN : 3 años

AÑO ETAPA : 2014

TÍTULO PROYECTO : EARLY RESPONSE TO INCLINATION IN YOUNG SEEDLINGS OF RADIATA PINE:
CHARACTERIZING KEY MOLECULAR PLAYERS

DISCIPLINA PRINCIPAL : GENETICA VEGETAL

GRUPO DE ESTUDIO : AGRONOMIA

INVESTIGADOR(A) RESPONSABLE : RAUL SIMON HERRERA FAUNDEZ

DIRECCIÓN :

COMUNA :

CIUDAD : Talca

REGIÓN : VII REGION

FONDO NACIONAL DE DESARROLLO CIENTIFICO Y TECNOLOGICO (FONDECYT)

Moneda 1375, Santiago de Chile - casilla 297-V, Santiago 21

Telefono: 2435 4350 FAX 2365 4435

Email: informes.fondecyt@conicyt.cl

INFORME FINAL
PROYECTO FONDECYT REGULAR

MODIFICACIONES ACADÉMICAS

El informe no presenta modificaciones académicas.

Informe Final Proyecto Fondecyt 1120625

Se propusieron tres objetivos en este proyecto:

Objetivo 1. Evaluar el efecto de inclinación y tratamiento hormonal sobre la expresión de dos factores de transcripción MADBT y MADBJ, identificados previamente desde la biblioteca de SSH.

Objetivo 2. Evaluar del rol del factor de transcripción MADBT y MADBJ en el control de de la expresión de genes candidatos de la pared celular

Objetivo 3. Caracterización de ESTs desconocidos, los cuales son expresados diferencialmente en respuesta a plántulas inclinación

Dichos objetivos fueron logrados en su totalidad. Los resultados incorporados en este informe, complementan aquellos reportados en años anteriores.

Observación: Las secuencias de los factores de transcripción MADBT y MADBJ fueron depositadas en Genbank, renombrándose como MADs10 y MADs11, respectivamente.

RESULTADOS

Análisis del gen MADS de pino

A partir de las bibliotecas substractivas, se identificó dos fragmentos que presentaron identidad con genes de tipo MADS. Estos genes del tipo MADS fueron identificados y clonados desde pino radiata. Los fragmentos fueron extendidos, pudiéndose observar que presentaban distinto largo de fragmento. Por un lado, PrMADs10 presentó un largo de 579 aa y PrMADs11 un largo de 495 aa. Para la obtención de los putativos dominios, se ingresaron las secuencias aminoacídicas de cada MADs-box en la página de NCBI, realizando un blastp contra la base de datos correspondiente, obteniéndose para PrMADs10 que es una secuencia de 193 aa, se observa que el dominio MADs comienza a los 10 aa aproximadamente hasta los 70 aa, estando incluidos el él el sitio de unión a DNA, sitio putativo de fosforilación e interface de dimerización, además de la región conservada K-box desde los 80 aa aprox a los 170 aa (90 aa), la cual está relacionada a la dimerización de proteínas, de la cual al tener esta región K, clasifica a la secuencia o putativo factor de transcripción MADs como del tipo II MIKC.

Sin embargo, la secuencia de PrMADs11, al ser ingresada para realizar un blastp en la página de NCBI, presenta sólo el dominio MADs y no la región conservada K (Fig. 1).

Dado el resultado anterior, se utilizó el recurso Web SMART para precisar de mejor manera la las proteínas MADs. Esta permite la identificación simple y anotación amplia de dominios de la proteína y la exploración de arquitecturas de dominio, a partir de bases de datos con la que esta sincronizado como UniProt, Ensembl y STRING, para la cual utiliza como motor de búsqueda la herramienta HMMER que es a base de cadenas ocultas de Markov (HMMs). Por lo tanto, en este caso se ingresó la secuencia aminoacídica de MADs10 a la página, obteniendo como se ve en la figura 2, el dominio conservado MADs desde la posición 1 a la 60 de la secuencia y en concordancia con la base de datos Pfam la región K-box desde la posición 75 a la 169 de la secuencia, con sus E-value correspondientes. Adicionalmente, es posible observar las secuencias que sirvieron de base para realizar la comparación (contra que secuencias homólogas) y desde la cual se obtuvo la predicción de dominios.

Para la secuencia de PrMADs11 se obtuvo el dominio conservado MADs desde la posición 1 a la 60 de la secuencia y en concordancia con la base de datos Pfam la región K-box desde la posición 72 a la 161 de la secuencia (Fig. 3).

Ambas proteínas identificadas como MADS, presentan diferente tamaño y aparentemente la no existencia de uno de sus dominios, podría influir en el reclutamiento diferencial de otras proteínas.

Los genes MADS fueron alineado con la herramienta CLUSTALX, incorporada en MEGA6 (Fig. 4). Se puede observar que el dominio MADs es altamente conservado entre especies vegetales, en este caso de *Pinus radiata*, *P. taeda*, *E. grandis*, *S. mays*, *V. vinífera*, *S. lycopersicum*, *A. thaliana*, *C. papaya*, entre otras. Y un poco menos conservado el K-box. Sin embargo, presenta una alta variabilidad en la región C-terminal (Fig. 5).

Al mirar con mayor detalle el motivo MADS-box, se pudo observar que comprende de 56 aminoácidos ubicados en el extremo N-terminal de las secuencias (Fig. 6). Las secuencias alineadas presentan una alta identidad en este motivo.

Al construir un árbol filogenético, se puede observar que ambos genes de pino son agrupados en un mismo clado general (gimnospermas), pero del cual MADs10 presenta una mayor cercanía con un gen de *Pice abies*, otra conífera (Fig. 7).

Expresión heteróloga de MADs

Se clonó ambos genes en vectores de expresión y se transformó *Saccharomyces cerevisiae* cepa BY4743 WT, para expresarlas heterológicamente. Se realizó extracción plasmidial desde *E.coli* DH5 α que contenían el plásmido recombinante pYES2.1::PrMAD10. Se transformó la levaduras con DNA plasmidial mediante electroporación. Posteriormente se realizó "PCR colony" para verificar la presencia del plásmido recombinante (Fig. 8). Del mismo modo, mediante "PCR colony" se pudo amplificar el plásmido recombinante pYES2.1/V5-His-TOPO::PrMAD11 (Fig. 9).

Análisis de plantas transgénicas portando el gen MADs

Se transformaron plantas de *Arabidopsis* y tabaco con los genes antes mencionados. Estas plantas transgénicas fueron analizadas tanto fenotípicamente, como molecularmente determinando los niveles de expresión de genes. Se pudo observar que la sobre-expresión de MADs no alteró los fenotipos de las plantas de tabaco o *arabidopsis* (Fig. 10). Sin embargo, se observó que plantas de tabaco presentaron una diferencia en la elongación de la raíz al compararla con el "wildtype" luego de 14 días de siembra en medio MS (Fig. 11), del mismo modo, se realizó análisis estadístico de este fenotipo, mostrando que efectivamente presentan diferencia significativa (Fig. 12). Para ello, se evaluó las características del fenotipo raíz de tres líneas 35S::PrMADs10 y tres líneas 35S::PrMADs11 de plantas de tabaco crecidas en medio MS. La significancia fue analizada usando ANOVA de una vía, utilizando test de Tukey ($P < 0.05$), tanto para raíces principales, laterales, adventicias y el índice de densidad de la raíz. Las plantas de tabaco se mantuvieron en cámara de crecimiento para luego realizar el estudio químico y molecular (Fig. 13). Por otro lado, se determinó químicamente la cantidad de lignina que acumulaban estas plantas de tabaco transgénicas, cuyos tallos presentaron una mayor acumulación de lignina respecto del "wild type" (Fig. 14).

En tanto el análisis molecular, contempló el estudio mediante qPCR de los genes involucrados en la síntesis de lignina y flavonoides (Fig. 15). Para el análisis de cada línea transgénica de *arabidopsis* se utilizó cDNA de tallo de cinco plantas, estudiándose la expresión diferencial de 11 genes, que incluyeron PAL, CHS, F3H, DFR, LDOX, FLS1, FLS3, CAD, CCR, CCoAOMT, y COMT. La expresión relativa fue normalizada con el gen *Fbox* y la significancia fue analizada usando ANOVA de una vía utilizando test de Tukey ($P < 0.05$). En el caso de PrMADs11, se pudo apreciar que todas las líneas presentaron una sobre expresión de PAL, así como, una notable sobreexpresión de los genes involucrados en la síntesis de lignina (Fig. 16). Estos resultados, son concomitantes con el análisis químico de acumulación de lignina.

Asimismo, se analizó plantas transgénicas de tabaco, transformadas con el factor de transcripción PrMADs11. Estas plantas presentaron patrones de expresión similares a lo observado en *arabidopsis* (Figs. 17). En este caso, se utilizó *NbActin* como gen normalizador de la técnica de qPCR.

Análisis de expresión diferencial en plantas transgénicas de *arabidopsis* mediante microarreglo

Se realizó un ensayo de microarreglo para plantas que sobre-expresan constitutivamente la secuencia de interés (PrMADs10 y PrMADs11) y muestras WT (control). De los 28.473 genes del genoma de *Arabidopsis*, se obtuvo el promedio de las 3 réplicas técnicas, tanto de los datos controles como de los transformados con PrMADs10 y PrMADs11, en el cual se realiza una diferencia entre el grupo control y el tratado, a este valor se le aplica logaritmo, estos mismos datos son sometidos a un test estadístico t-student considerando un $p < 0.05$, luego aquellos que tienen un valor \log_2 menor a 0 son aquellos genes que están reprimidos y aquellos con valores por sobre 0 y que fluctúan entre 2 a 3 unidades por sobre el control. El análisis contempló la comparación de los transgénicos y el WT, del cual fue posible discriminar 800 genes que se expresan diferencialmente a partir de los 28445 genes que contiene el chip de *Arabidopsis thaliana* (Fig. 18). Los resultados de este análisis diferencial contra el WT, permite identificar que ambas plantas presentan 679 genes comunes, pero más interesante, cada MADs es

capaz de regular diferencialmente un grupo particular de otros genes. Así, PrMADs10 regula 532 genes y PrMADs11 268 genes.

Un análisis más detallado de este grupo de genes clasificados por categorías funcionales GO, muestra que PrMADs10 destaca genes en común para las categorías de glicólisis, fermentación, transformación de TCA/ácidos grasos, pared celular, metabolismo secundario, metabolismo hormonal, metabolismo nucleotídico, señalización, célula desarrollo, transporte, entre otros (Fig. 19). A su vez, entre los diferencialmente regulados, se destacan las categorías de metabolismo mayor y menor CHO, metabolismo de aminoácidos, manipulación de metales, metabolismo secundario y hormonal, síntesis de tetrapirrol, estrés, biodegradación de xenobióticos, RNA, proteína, desarrollo y no asignado.

En el caso de PrMADs11 destacan los genes en común las categorías de glicólisis, fermentación, transformación de TCA/ácidos grasos, pared celular, metabolismo secundario, metabolismo hormonal, metabolismo nucleotídico, señalización, célula desarrollo, transporte, entre otros. Por otro lado, en los diferencialmente regulados, se destacan las categorías de metabolismo mayor de CHO, glicólisis, metabolismo del nitrógeno, de aminoácidos y nucleótidos, metabolismo C1 y señalización (Fig. 20).

Al utilizar Mapman, se pudo construir rutas metabólicas para cada gen que está representado por una señal discreta, lo que permite respuestas individuales a ser identificados (Fig. 21). Señales para genes que están implicados en un proceso en particular se agrupan espacialmente, por lo que es posible discernir tendencias generales que serían menos evidentes a partir de las listas de genes individuales. La estructura modular permite mostrar muchos tipos diferentes de datos y crear nuevas categorías funcionales y diagramas. De esta manera, es posible observar de manera global las distintas categorías funcionales, cuyos genes modulan su expresión por efectos de la sobreexpresión del gen MADs10 (Fig. 22). Se observa que genes involucrados en las vías fenilpropanoide, síntesis de aminoácidos, metabolismo de lípidos son entre otros positivamente regulados (en rojo). Por otro lado, genes involucrados en pared celular, terpenos, ceras y síntesis de nucleótidos están negativamente regulados (en azul). En este caso, se determinó que de los genes sobre-expresados para la vía de los flavonoides se encuentra una transferasa, LAP5 que se vincula con formación de polen, y reprimida una proteína con dominio chalcona isomerasa, pero que a la vez se le denomina FAP3. Para la ruta de los fenilpropanoides, UGT72E1 que glicosila sinapil y coniferil aldehído que presenta una sobre-expresión, al igual que una transferasa, PAL 4, 4CL5, 4CL2, y 2 de CCoAMT. Por otro lado, presentan una represión CCR, O-metiltransferasa, LAC10, y LAC11.

A su vez, es posible apreciar que el factor de transcripción MADs11 modula genes de distintas vías metabólicas a las reportadas para el MADs10 (Fig. 23). De los genes ingresados a mapman de MADs11 (954 genes), se observa que 21 están involucrados en el metabolismo secundario de acuerdo al código AGI, de los cuales 2 se observan en flavonoides los mismo dos genes reportados para MADs10. En tanto para la ruta de los fenilpropanoides UDP-glicosil transferasa que glicosila sinapil y coniferil aldehído están sobre-expresados, así como, PAL 4, 4CL5, 4CL2, CCoAMT, LAC3, LAC4. Del mismo modo, se encuentra reprimido 4CL2 like, 4CL4, y LAC11.

Caracterización de la región promotora del gen XTH de Pinus radiata

Caracterización de la zona promotora

Una vez determinada la secuencia completa de ADNc de XTH se diseñaron 2 partidores del extremo 5' de la secuencia para amplificar por Genome Walker la zona promotora del gen. Se desarrollaron 4 bibliotecas de ADN en la cuales fueron tratadas con distintas enzima de restricción que fueron usadas como templado para las amplificaciones por PCR (Fig. 24). Los cuatro productos de amplificación obtenidos se ligaron en pGEMT-easy y fueron secuenciados. Las secuencias obtenidas fueron analizadas y ensambladas.

Como resultado del ensamble se obtuvo una secuencia promotora de un largo de 2000 pb desde el ATG de XTH (Fig. 25). Los 2000 pb fueron analizados bioinformáticamente por varias bases de datos de promotores, encontrando que la caja TATA más próxima al ATG se encuentra a -165 pb (Tabla IV). Dentro de los elementos cis encontrados están AG que es zona de unión para factores de transcripción 8 Agamous (cattCCAAAtatattgt),

4 AGL para Agamous Like (gtcgCCATAgattaatta), 10 elementos cis CARG (CWWWWWWWWG) que es sitio de unión para factores de transcripción del tipo MADbox, 29 HB (CAATTATTA; CAATTATTG y NNNNGTAATGATTRCNYBS) secuencia de unión para factores de transcripción HD-zip I y III. Además, presentó secuencia de respuesta a hormonas, un ARF (TGTCTC) y 4 SURECOREATSULTR11 (GAGAC) sitio de unión del factor de respuesta auxina. Varias secuencias relacionadas con regulación lumínica y con ciclo circadiano, 19 cajas GATA (GATAGGG), 1 caja GAP (AAATGGAGA), los cuales son listado en Tabla I.

Caracterización de ESTs desconocidos desde la biblioteca SSH

Del total de ESTs contenidos en la biblioteca SSH de *Pinus radiata*, un 50% de ESTs no presentaron anotación o correspondieron a secuencias de Arabidopsis sin función conocida.

Dado que se contó con un amplio número de ESTs a partir del ensamblaje de las secuencias obtenidas por la técnica de RNAseq, se procedió a realizar alineamientos comparativos para identificar la identidad de los ESTs provenientes de la Librería SSH y la secuenciación RNAseq. Este alineamiento se realizó utilizando BLASTn con un valor de e-value de 10^{-4} . Con esta estrategia se logró enriquecer la información generada por la Biblioteca SSH, y utilizando los alineamientos de los ESTs sin anotación con los transcritos obtenidos mediante RNAseq en sus diferentes condiciones. Mediante este un cruce de información entre la anotación para los transcritos RNAseq, se logró reducir los fragmentos desconocidos a un 30% del total de secuencias contenidas en las bibliotecas de SSH.

En anexo_1 es posible apreciar las anotaciones, donde se encuentran a 2,5 horas tallo superior, Chalcone synthase, caffeic acid/5-hydroxyferulic acid methyltransferase, XTH5, cellulose synthase A catalytic subunit 7 [UDP-forming], cinnamyl alcohol dehydrogenase y un número importante de factores de transcripción. A su vez, al mismo tiempo de muestreo pero en el tallo inferior, es posible apreciar: glycine hydroxymethyltransferase activity, Hydrolase activity, Calcium-dependent phospholipid binding, response to abscisic acid stimulus, ATP biosynthetic process, cation transport, ATPase activity, Induction of programmed cell death, Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase, además de otros factores de transcripción reportado anteriormente.

Validación de genes SSH y RNAseq

Se seleccionaron 5 genes (Auxin repressed protein, chalcone synthase, EIN3-like protein, homeobox protein y PAL) reportados previamente en el artículo de Ramos et al. (2012) y sus niveles de transcritos fueron comparados con los valores de FPKM obtenidos por RNAseq. El valor FPKM es un índice de la abundancia relativa de un transcrito en particular que está presente en las bibliotecas de RNAseq. En este caso, se tomaron las secuencias de SSH y se realizó un BLAST contra las secuencias del RNAseq, obteniendo una alta identidad entre las secuencias bajo estudio. Para los cinco genes fue posible apreciar que sus niveles de transcritos varían según condición experimental y que dichos valores se correlacionaron con los reportados por qPCR en el artículo publicado en Plant Biology (Anexo_2). En el caso de las secuencias obtenidas por RNAseq se procedió a su análisis, poniendo énfasis, por razones de cómputo, en tiempos tempranos, los cuales están compilados en anexo_RNAseq.

Caracterización de genes fenilpropanoides que responden a inclinación

Se obtuvo fragmento de largo completo a partir de las secuencias parciales obtenidas de luego de la SSH (Ramos et al. 2012). Las secuencias obtenidas fueron depositadas en Genbank. Las secuencias de proteína deducida mostraron una alta identidad comparado con otras proteínas vegetales involucradas en la síntesis de fenilpropanoides.

Perfil transcripcional de genes involucrados en la biosíntesis de flavonoides

El perfil de expresión global de genes involucrados en biosíntesis de flavonoides en respuesta a inclinación, se realizó con muestra total de tallo considerando crecimiento vertical normal (control) y plántulas jóvenes inclinadas en 45° (Fig. 26). El análisis de qPCR muestra que transcritos de CHS, un gen que codifica para la primera enzima de la vía de síntesis de flavonoides, tienen un incremento de 3-veces su nivel de expresión en plántulas inclinadas. A su vez, un incremento en transcritos de CHS, es concomitante con una gran inducción en los niveles de transcritos de F3H y FLS, aproximadamente 5- y

8-veces, respectivamente. Además, con el fin de tener un indicador molecular intrínseco de la distribución de auxina, se ensayó el análisis del perfil de transcripción de una proteína represora de auxina (ARP). La acumulación de transcritos del gen ARP mostró una fuerte represión en los tallos inclinados (Fig. 2). El efecto de la represión de las auxinas por ARP se confirmó en plántulas de pino radiata (Fig. 3), donde se observó una clara represión después de los tratamientos con indol-3-acético (IAA) y ácido 1-naftalenoacético (NAA) (Fig. 3).

Análisis transcripcional de genes involucrados en la biosíntesis de flavonoides

Disecciones de tallo se realizaron para proporcionar una mejor visión de los cambios específicos en la expresión de genes involucrados en la biosíntesis de flavonoides lo largo del experimento de tallos inclinados. En primer lugar, los tallos fueron disecados en tres alturas: Zona apical (S1), la zona medial (S2) y la zona basal (S3). La expresión del gen CHS mostró una inducción rápida en la parte de vástago S3, alcanzando un alto nivel de expresión después de 2,5 h de inclinación (incremento de 4 veces), y que permanece alta, incluso después de 24 h (Fig. 4A). El nivel de transcritos de CHS aumenta en la zona S2 (4 veces) después de 10 h de inclinación y también en la zona S1 después de 24 h. En el caso de F3H, un incremento en el nivel de expresión se observó en la zona S3 en 2,5 h, con un nivel de expresión máximo después de 10 h (5,5 veces) (Fig. 4A). En las otras zonas, se observó el aumento de las transcripciones de F3H después de 24 h. FLS mostró un incremento claro (5 veces) en su nivel después de 2,5 h de inclinación en la zona S3, sin embargo, la expresión también se reguló en la otra zona (S1 y S2) después de 24 h y 10 h de gravi-estimulación respectivamente (Fig. 4A). Se observó un aumento notorio en el nivel de expresión (8 veces) después de 24 h de inclinación de la S3. Estos datos indican que los genes de la biosíntesis de flavonoides se inducen en los primeros tiempos de la inclinación, preferentemente en la zona basal de los tallos.

Análisis morfo-anatómico de tallos inclinados

Con el fin de tener una visión más detallada del cambio en las paredes celulares, se observó por microscopía confocal secciones de tallo a distintas alturas. Además, las mediciones del espesor de la pared celular se llevaron a cabo en los tres niveles a lo largo del tallo (S1, S2 y S3) (Fig. 5). Es posible apreciar que se presentan diferencias a las distintas alturas de corte.

Acumulación de flavonoles durante la respuesta gravitrópica

Se cuantificó el contenido de flavonoles (quercetina y kaempferol) en la mitad superior e inferior de los tallos inclinados por HPLC-DAD. Los niveles de kaempferol mostraron cambios no significativos entre las mitades superior e inferior durante las primeras 24 h, pero después de un mes de inclinación se observó una reducción significativa en la mitad inferior (Fig. 6). La quercetina muestra un patrón de acumulación diferencial en ambos lados del tallo. Después de 24 h la concentración de quercetina fue mayor en la mitad superior, pero similar a la del control. Sólo después de un mes de inclinación, la concentración de quercetina en la mitad superior fue significativamente mayor a la mitad inferior y para las plantas de semillero no inclinadas (Fig. 6).

Perfil transcripcional de genes en diferentes tejidos

Se realizó el análisis transcripcional de genes implicados en la ruta de biosíntesis de flavonoides en otros tejidos (Fig. 7). En acículas el nivel de expresión de CHS era aproximadamente 4 veces mayor que en tallos. El nivel de transcritos de F3H no difirió en comparación con tallo. Finalmente, los niveles de transcritos de FLS se mostraron más bajos que en tallo. Además, los niveles de ARP en acículas fueron menores en comparación con los observados en los tallos. Por último, similares niveles de transcritos se obtuvieron entre el control y acículas inclinadas.

Entrenamiento de estudiantes y charlas

Durante la ejecución del proyecto, se realizaron presentaciones a Congresos (nacionales e internacionales). Se dictó conferencias, tanto a alumnos de enseñanza media, como a la comunidad científica en Congresos y workshops. Además, estudiantes de pregrado (2) y doctorado (2) realizaron sus tesis en el marco del proyecto. Al mismo tiempo, estudiantes de pre grado (4) y doctorado (1) realizaron sus prácticas curriculares. Adicionalmente, dos alumnos del colegio Instituto Linares, trabajaron en el marco del proyecto para sus propuestas a presentación al concurso Explora (anexo_Productos).

PRODUCTOS

ARTÍCULOS

Para trabajos en Prensa/ Aceptados/Enviados adjunte copia de carta de aceptación o de recepción.

Nº : 1
Autor (a)(es/as) : Garces, M.; Le Provost G.; Lalanne C.; Claverol S.; Barre A.; Plomion C.; Herrera R.
Nombre Completo de la Revista : Tree Physiology
Título (Idioma original) : Inglés
Indexación : ISI
ISSN : 0829-318X
Año : 2014
Vol. : 00
Nº : 0
Páginas : 1-15
Estado de la publicación a la fecha : Publicada
Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :

Envía documento en papel : si

Archivo(s) Asociado(s) al artículo :

garces_proteomic_analysis_during_ontogenesis_of_secondary_xylem_in_maritime_pine.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_articulos/descarga/8306042/1120635/2014/68792/1/

Nº : 2
Autor (a)(es/as) : Ramos P., Herrera R.
Nombre Completo de la Revista : Biologia Plantarum
Título (Idioma original) : Anatomical changes of xylem cells of stem in young Pinus radiata D. Don seedlings exposed to inclination.
Indexación : ISI
ISSN : 0006-3134
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Estado de la publicación a la fecha : En Prensa
Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :

Envía documento en papel : si

Archivo(s) Asociado(s) al artículo :

herrera_biologia_plantarum.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_articulos/descarga/8306042/1120635/2014/68793/1/

Nº : 3
Autor (a)(es/as) : Valenzuela, C.; Ramos, P.; Carrasco, C.; Moya-Leon, Ma.; Herrera R
Nombre Completo de la Revista : Tree Genetics and Genomes
Título (Idioma original) : Cloning and characterization of a xyloglucan endo-transglycosylase/hydrolase gene expressed in response to inclination in radiata pine seedlings
Indexación : ISI
ISSN : 1614-2942
Año : 2014
Vol. : 10
Nº : 5
Páginas : 1305-1315
Estado de la publicación a la fecha : Publicada
Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :
Universidad de Talca; PBCT-PSD61 project; Fondecyt 11121170

Envía documento en papel : no
Archivo(s) Asociado(s) al artículo :

valenzuela_cloning_XTH_de_pino.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_articulos/descarga/8306042/1120635/2014/68802/3/

OTRAS PUBLICACIONES / PRODUCTOS

Nº : 1
Autor (a)(es/as) : Mauriat M; Le Provost G; Delzon S; Rozenberg P; Breda N; Clair B; Coutand C; Domec JC; Fourcaud T; Grima-Pettenati J; Herrera R; et al.
Título (Idioma original) : Wood formation in trees
Tipo de publicación o producto : Capítulo de Libro
ISBN : 978-1-4665-9714-3
Editor (es) (Libro o Capítulo de libros) : Ramawat K., Merillon JM., Ahuja MR.
Nombre de la editorial /Organización : CRC-Press
País : ESTADOS UNIDOS DE AMERICA
Ciudad : new york
Fecha : Febrero - 2014
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Otras Fuentes de financiamiento, si las hay :

Envía documento en papel : no
Archivo(s) Asociado(s) al artículo :

CONGRESOS

N° : 1
Autor (a)(es/as) : Latapiat, V.; Morales-Quintana, L.; Moya-León, MA.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Structural characterization of two MADS transcription factors that bind to the promoter of PRXTH, a gene involved in the inclination response of Pinus radiata D. Don
Nombre del Congreso : VIII Reunión de Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : Pucón
Fecha Inicio : 02/12/2013
Fecha Término : 05/12/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
N° :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
VIII_Reunión_Biología-35.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110651/1/

N° : 2
Autor (a)(es/as) : Ramos, P.; Moya-León, MA.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Flavonols: Molecules that play an important role in the growth of pine
Nombre del Congreso : VIII Reunión de Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : Pucón
Fecha Inicio : 02/12/2013
Fecha Término : 05/12/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
N° :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
VIII_Reunión_Biología-38.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110652/1/

N° : 3
Autor (a)(es/as) : Carrasco, C.; Valenzuela, C.; Ramos, P.; Moya-León, MA.; Herrera, R.

Título (Idioma original) : Binding prediction of PRXTH enzyme with putative substrates by molecular docking, molecular dynamics and MM-GBSA
Nombre del Congreso : VIII Reunión Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : Pucón
Fecha Inicio : 02/12/2013
Fecha Término : 05/12/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
VIII_Reunión_de_Biología-55.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110653/1/

Nº : 4
Autor (a)(es/as) : Cruz, N.; Ramos, P.; Valenzuela, C.; Norambuena, L.; Figueroa, A.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Heterologous over expression of two radiata pine MADS-Box genes regulates phenylpropanoids pathway in arabidopsis thaliana
Nombre del Congreso : VIII Runión Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : Pucón
Fecha Inicio : 02/12/2013
Fecha Término : 05/12/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
VIII_Reunión_de_Biología-104.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110654/1/

Nº : 5
Autor (a)(es/as) : Valenzuela, C.; Ramos, P.; Moya-León, MA.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Cloning and characterization of a xyloglycan endo-transglycosilase/hidrolase gene of radiata pine seedlings
Nombre del Congreso : XII PABMB Congress

País : CHILE
Ciudad : Puerto Varas
Fecha Inicio : 09/11/2013
Fecha Término : 14/11/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
XII_PABMB-50.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110655/1/

Nº : 6
Autor (a)(es/as) : Ramos, P.; Moya-León, MA.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Phenylpropanoids biosynthesis pathway are activated in response to stem inclination in seedlings of radiata pine
Nombre del Congreso : XII PABMB Congress
País : CHILE
Ciudad : Puerto Varas
Fecha Inicio : 09/11/2013
Fecha Término : 14/11/2013
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
XII_PABMB-72.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110656/1/

Nº : 7
Autor (a)(es/as) : Herrera, R.; Ramos, P.; Moya-León, MA.
Título (Idioma original) : Transcriptional and morphological study for the role of ethylene in the response to inclination in pine
Nombre del Congreso : XXII Plant and Animal Genome
País : ESTADOS UNIDOS DE AMERICA
Ciudad : San Diego
Fecha Inicio : 11/01/2014
Fecha Término : 15/01/2014

Nombre Publicación :**Año :****Vol. :****Nº :****Páginas :****Envía documento en papel :** no**Archivo Asociado :**

Plant_Animal_Genome_XXII-261.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110657/1/

Nº : 8**Autor (a)(es/as) :** Ramos P., Valenzuela C., Cruz N., Moya-León MA., Herrera R.**Título (Idioma original) :** Response to inclination in Young seedlings of radiata pine. Hormonal signaling and molecular players.**Nombre del Congreso :** XXXV Reunión anual de la Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular de Chile.**País :** CHILE**Ciudad :** Puerto varas**Fecha Inicio :** 02/10/2012**Fecha Término :** 05/10/2012**Nombre Publicación :****Año :****Vol. :****Nº :****Páginas :****Envía documento en papel :** no**Archivo Asociado :**

Reunión_Bioq.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110658/1/

Nº : 9**Autor (a)(es/as) :** Carrasco-Orellana C., Valenzuela C., Ramos P. Moya-León M., Herrera R.**Título (Idioma original) :** Structural characterization of prXTH1 enzyme from Pinus radiata.**Nombre del Congreso :** VII Reunión Biología Vegetal.**País :** CHILE**Ciudad :** Pucón**Fecha Inicio :** 03/12/2012**Fecha Término :** 06/12/2012**Nombre Publicación :****Año :****Vol. :****Nº :**

Páginas :

Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

Reunión_Biol.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110659/1/

Nº : 10

Autor (a)(es/as) : Ramos P., Valenzuela C., Cruz N., Moya-León MA., Herrera R.

Título (Idioma original) : Genes involved in phenylpropanoids pathway are induced after stem inclination in young seedlings of radiata pine.

Nombre del Congreso : VII Reunión Biología Vegetal.

País : CHILE

Ciudad : Pucón

Fecha Inicio : 03/12/2012

Fecha Término : 06/12/2012

Nombre Publicación :

Año :

Vol. :

Nº :

Páginas :

Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

Reunión_Bio_Veg.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110660/1/

Nº : 11

Autor (a)(es/as) : Ramos, P.; Guajardo, J.; Moya-León, MA.; Herrera R.

Título (Idioma original) : Flavonols biosynthetic genes are activated during the inclination stress response in pine

Nombre del Congreso : XXIII Plant and Animal Genome

País : ESTADOS UNIDOS DE AMERICA

Ciudad : San Diego

Fecha Inicio : 10/01/2015

Fecha Término : 14/01/2015

Nombre Publicación :

Año :

Vol. :

Nº :

Páginas :

Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

Abstract.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110752/1/

N° : 12
Autor (a)(es/as) : Ramos, P.; Morales-Quintana, L.; Moya-León, M.A.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Molecular and structural characterization of the transporter PrMATE1 involved in the assymetrical growth of radiata pine in response to inclination
Nombre del Congreso : IX Reunión Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : La Serena
Fecha Inicio : 01/12/2014
Fecha Término : 04/12/2014
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
N° :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
BiolVeg2014_2.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110773/1/

N° : 13
Autor (a)(es/as) : Méndez T., Stappung Y., Ramos P., Herrera R.
Título (Idioma original) : Discovery of differentially expressed genes in tilt Young seedlings of radiata pine by RNA-seq analysis
Nombre del Congreso : IX Reunión Biología Vegetal
País : CHILE
Ciudad : La Serena
Fecha Inicio : 01/12/2014
Fecha Término : 04/12/2014
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
N° :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
BiolVeg2014_3.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110786/1/

N° : 14
Autor (a)(es/as) : Ramos, P.; Guajardo, J.; Moya-León, M.A.; Herrera, R.
Título (Idioma original) : Flavonols: molecules that playing a role in the assymetrical growth of radata pine in response

to inclination

Nombre del Congreso : XXXVII Annual Meeting Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular de Chile

País : CHILE

Ciudad : Puerto Varas

Fecha Inicio : 30/09/2014

Fecha Término : 03/10/2014

Nombre Publicación :

Año :

Vol. :

Nº :

Páginas :

Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

bioq_1.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110884/1/

Nº : 15

Autor (a)(es/as) : Carrasco, C., Valenzuela, C., Moya-León, M.A., Herrera, R

Título (Idioma original) : Bioinformatics evaluation: use of MM-GBSA and APBS reproducing the binding free energies of XTH enzyme with different fibers polymers

Nombre del Congreso : XXXVII Annual Meeting Sociedad de Bioquímica y Biología Molecular de Chile

País : CHILE

Ciudad : Puerto Varas

Fecha Inicio : 30/09/2014

Fecha Término : 03/10/2014

Nombre Publicación :

Año :

Vol. :

Nº :

Páginas :

Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

bioq_2.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110887/1/

Nº : 16

Autor (a)(es/as) : Herrera R

Título (Idioma original) : Comprendiendo los eventos moleculares de la pared secundaria

Nombre del Congreso : LVII Reunión Anual Sociedad de Biología de Chile

País : CHILE

Ciudad : Puerto Varas

Fecha Inicio : 25/11/2014
Fecha Término : 27/11/2014
Nombre Publicación :
Año :
Vol. :
Nº :
Páginas :
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
socbiol_raul1.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_congresos/descarga/8306042/1120635/2014/110999/1/

TESIS/MEMORIAS

Nº : 1
Título de Tesis : Caracterización estructural de factores de transcripción del tipo MADS en su unión a ADN omvolucrado en la respuesta a inclinación de Pinus radiata D. Don
Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) : Verónica Latapiat Guerra
Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) : Raúl Herrera
Título Grado : Pregrado
Institución : Universidad de Talca
País : CHILE
Ciudad : Talca
Estado de Tesis : Terminada
Fecha Inicio : 11/03/2013
Fecha Término : 22/10/2013
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
Memoria_Verónica_Latapiat.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/8306042/1120635/2014/57449/1/

Nº : 2
Título de Tesis : Análisis del gen Xiloglucano endotransglucosilasa/hidrolasa (PrXTH1) involucrado en la respuesta gravitrópica de Pinus radiata D
Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) : Claudio Valenzuela Cabezas
Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) : Raúl Herrera
Título Grado : Doctorado
Institución : Universidad de Talca
País : CHILE
Ciudad : Talca
Estado de Tesis : En Ejecución
Fecha Inicio : 02/01/2012
Fecha Término : 30/06/2014
Envía documento en papel : no

Archivo Asociado :

Claudio_Valenzuela.PDF

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/8306042/1120635/2014/57450/1/

N° : 3
Título de Tesis : Caracterización de los factores de transcripción Aux/IAA y MADS-box inducidos en respuesta a inclinación en Pinus radiata D. Don
Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) : Nicolás Cruz Rosero
Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) : Raúl Herrera
Título Grado : Doctorado
Institución : Universidad de Talca
País : CHILE
Ciudad : Talca
Estado de Tesis : En Ejecución
Fecha Inicio : 01/03/2011
Fecha Término : 31/07/2014
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
Nicolas_Cruz.PDF
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/8306042/1120635/2014/57451/1/

N° : 4
Título de Tesis : Modelamiento de proteína transportadora de membrana de Pinus radiata del tipo ABC
Nombre y Apellidos del(de la) Alumno(a) : Roberto Miño Ortiz
Nombre y Apellidos del(de la) Tutor(a) : Raúl Herrera
Título Grado : Pregrado
Institución : Raul Herrera
País : CHILE
Ciudad : Talca
Estado de Tesis : En Ejecución
Fecha Inicio : 05/01/2015
Fecha Término : 24/06/2015
Envía documento en papel : no
Archivo Asociado :
Constancia_Roberto_Miño1.pdf
http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f4_tesis_memorias/descarga/8306042/1120635/2014/57567/1/

ANEXOS

N° : 1

Archivo Asociado : Figuras_Reporte1.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f5_anexos/descarga/8306042/1120635/2014/57206/

Nº : 2

Archivo Asociado : anexo_21.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f5_anexos/descarga/8306042/1120635/2014/57207/

Nº : 3

Archivo Asociado : anexo_genes1.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f5_anexos/descarga/8306042/1120635/2014/57208/

Nº : 4

Archivo Asociado : Anexo_Productos1.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f5_anexos/descarga/8306042/1120635/2014/57210/

Nº : 5

Archivo Asociado : anexo_RNAseq1.pdf

http://sial.fondecyt.cl/index.php/investigador/f5_anexos/descarga/8306042/1120635/2014/57211/

A continuación se detallan los anexos físicos/papel que no se incluyen en el informe en formato PDF.

--