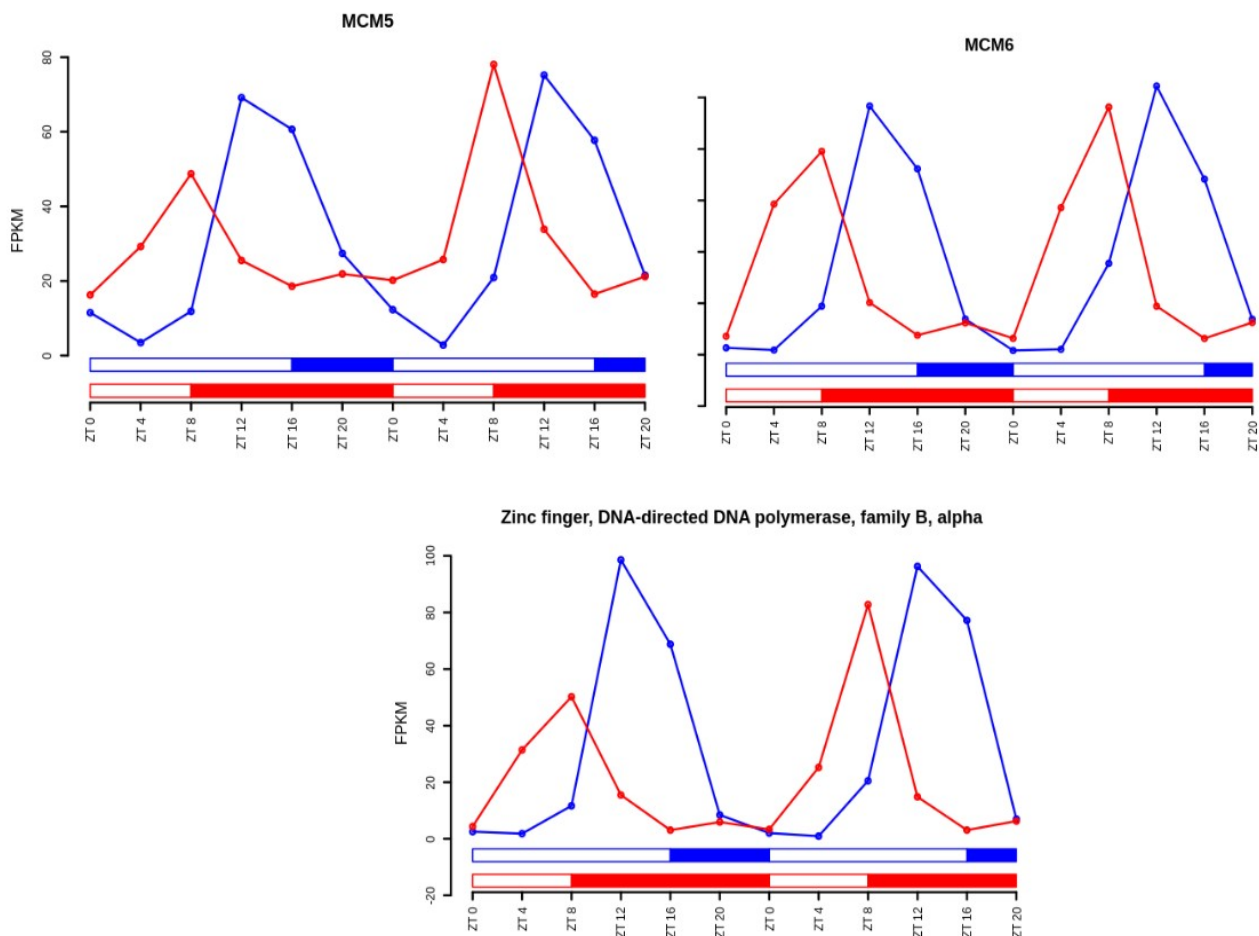


# Resumen rutas *Ostreococcus tauri*.

## Replicación de DNA.

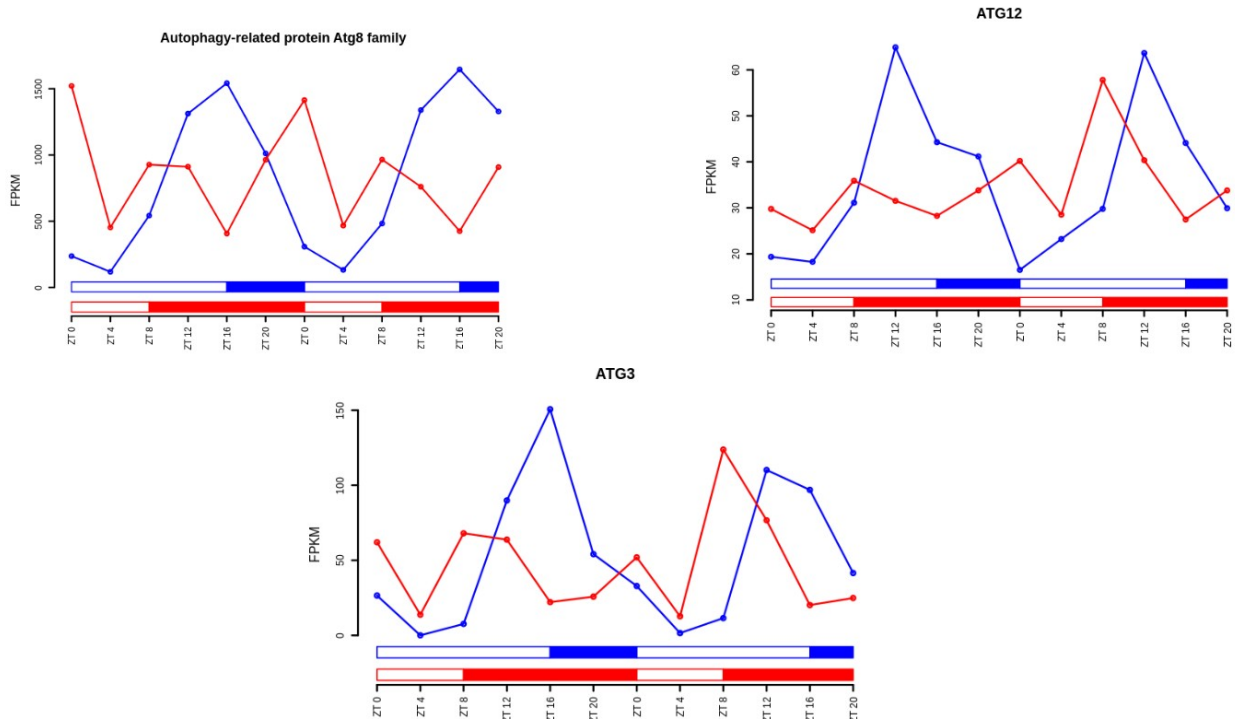
Se observa un comportamiento uniforme tanto en las proteínas encargadas de controlar la replicación (por ej. **MCM6** ostta01g02580 y **MCM5** ostta04g00450), como en las subunidades de la **polimarasa alpha**(ostta08g00710, ostta11g01400, ostta13g02040, ostta11g00940) y en las subunidades de las demás polimerasas implicadas. En condiciones de LD el pico de expresión de estas enzimas encargadas de la replicación se encuentra antes del anochecer(4h antes), en torno a ZT12. En cambio, en condiciones de SD parece apurar el día al máximo y presenta el pico de expresión de estas proteínas justo en ZT8.

Además, podemos observar el mismo comportamiento en los genes implicados en los distintos **mecanismos de reparación** del DNA.

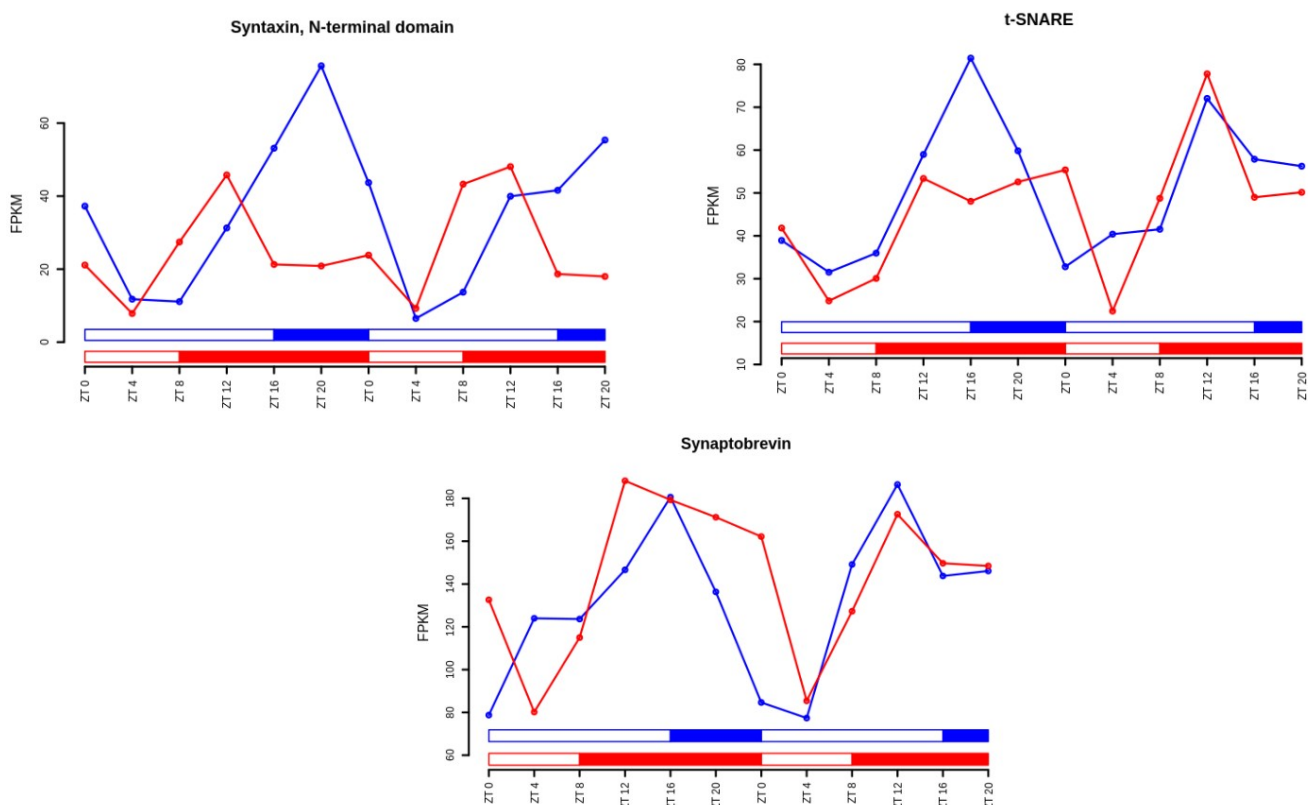


# Autofagia.

Casi de forma generalizada(**ATG8** ostta01g05650,**ATG3** ostta06g03810,etc), las proteínas relacionadas con la autofagia, presentan un pico al final del día en condiciones de LD, coincidiendo con el pico en torno a ZT8 que se manifiesta en SD. Sin embargo, en SD aparece un segundo pico, en la mayoría de ocasiones incluso mas elevado que el primero al final de la noche.



Paralelamente, los genes involucrados en el transporte de vesículas por **SNARE** también presentan el mismo perfil de expresión, en concordancia con la relación existente entre ambos procesos.

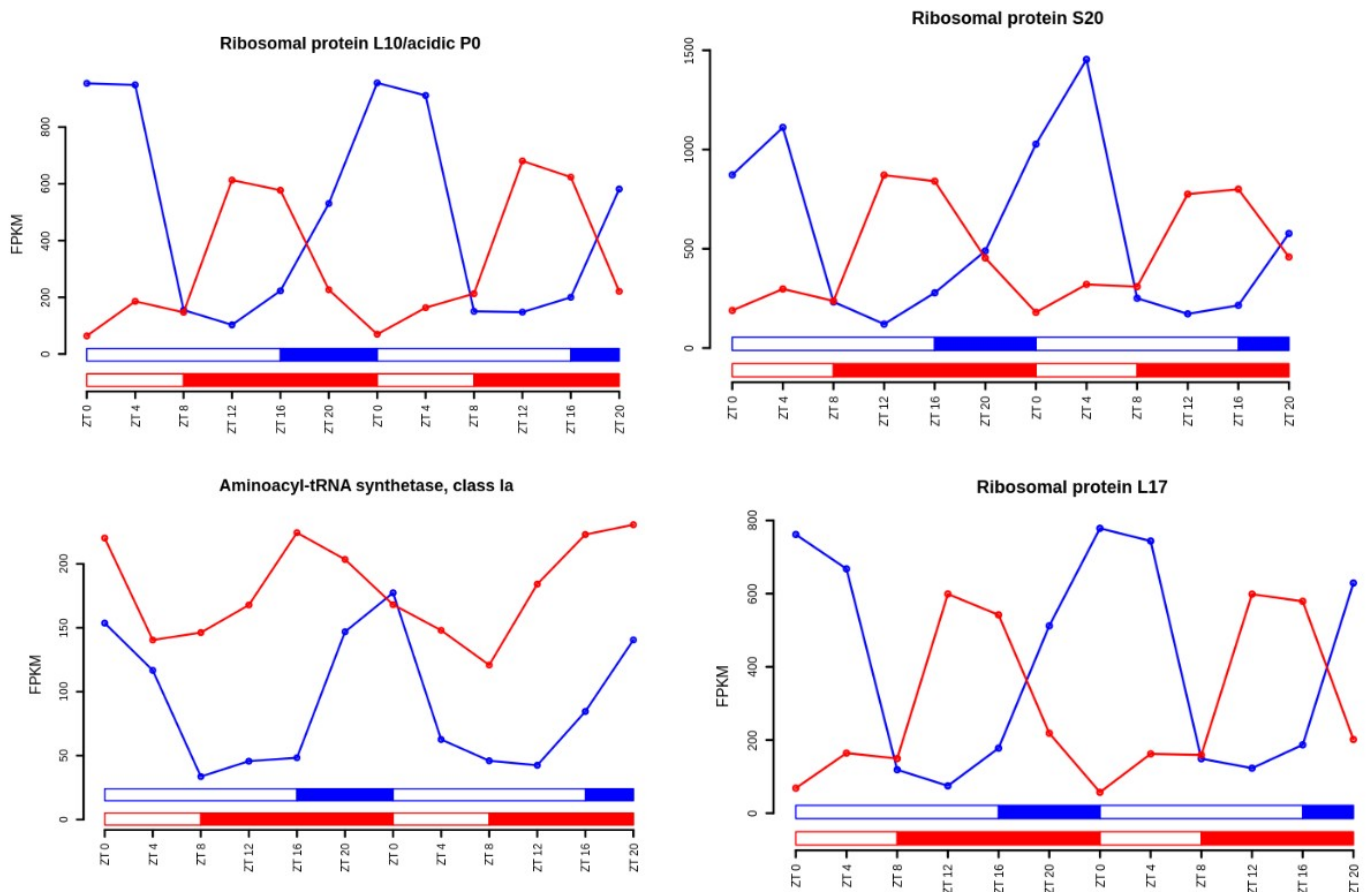


## Traducción.

En condiciones SD la mayoría de las subunidades que componen los **ribosomas**, así como las enzimas involucradas en su ensamblaje y biogénesis tienen su pico de expresión 4h después de anochecer (ZT12).

En cambio, en condiciones de LD tienen su pico de expresión en ZT0, al amanecer.

Coincide con el perfil de expresión que presentan los genes involucrados en la **síntesis de los RNAt** y en la unión de los mismos con el correspondiente aminoácido (Picos de expresión entre ZT12 y ZT16 en SD y entre ZT0 y ZT4 en LD).

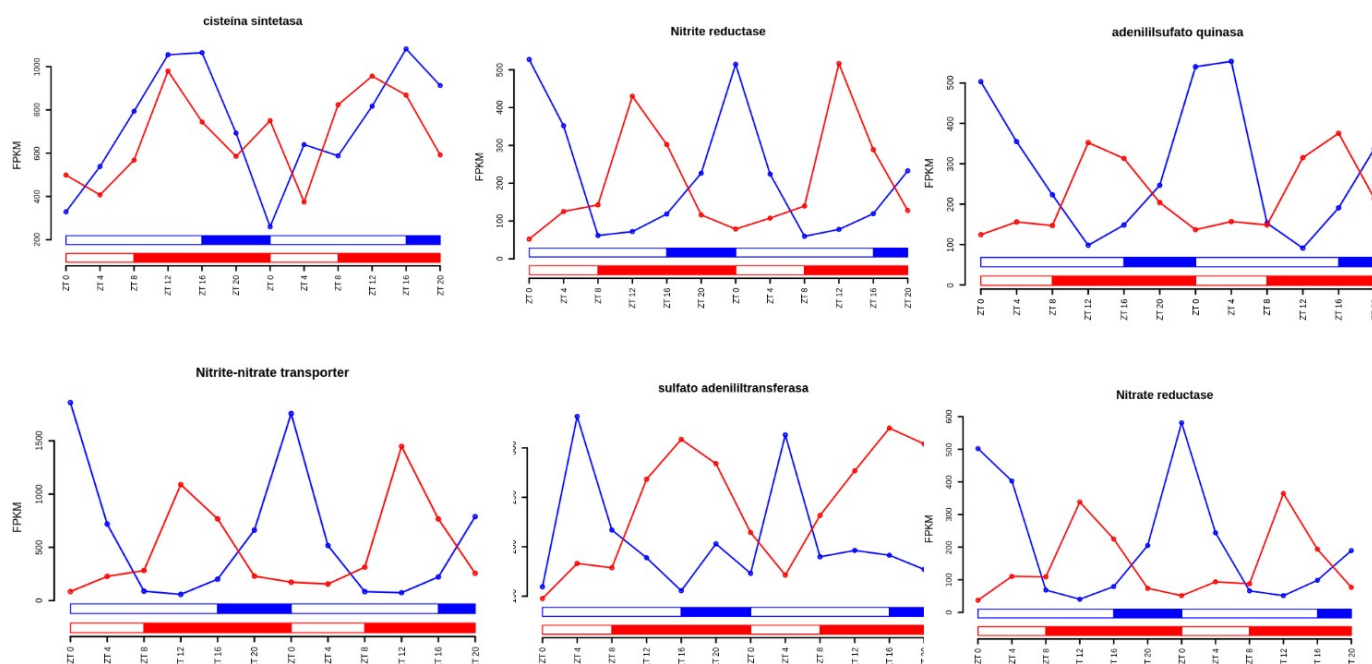


## Asimilación de sulfuro y nitrógeno.

Las enzimas de la ruta de la **reducción asimilatoria del nitrógeno**, tanto la **nitrito reductasa** (osta10g00920) como la **nitrito reductasa** (osta10g00930), muestran comportamientos distintos en SD y LD. En condiciones de SD ambas tienen un pico de expresión a ZT12, a mitad de la noche, mientras que en condiciones de LD lo tienen en ZT0. Se observa el mismo patrón con los niveles de expresión del **transportador de nitrito/nitrato** (osta10g00950).

Del mismo modo, las enzimas de la ruta de la **reducción asimilatoria del sulfato** (la sulfato adenililtransferasa (osta10g00290), y la adenililsufato quinasa (osta09g03020)) muestran un pico de expresión a la mitad de la noche en SD y en ZT4 (después de amanecer) en LD.

Sin embargo, las enzimas finales de estas rutas (cisteína sintetasa y glutamina/glutamato sintetasa) no coinciden con este perfil de expresión.

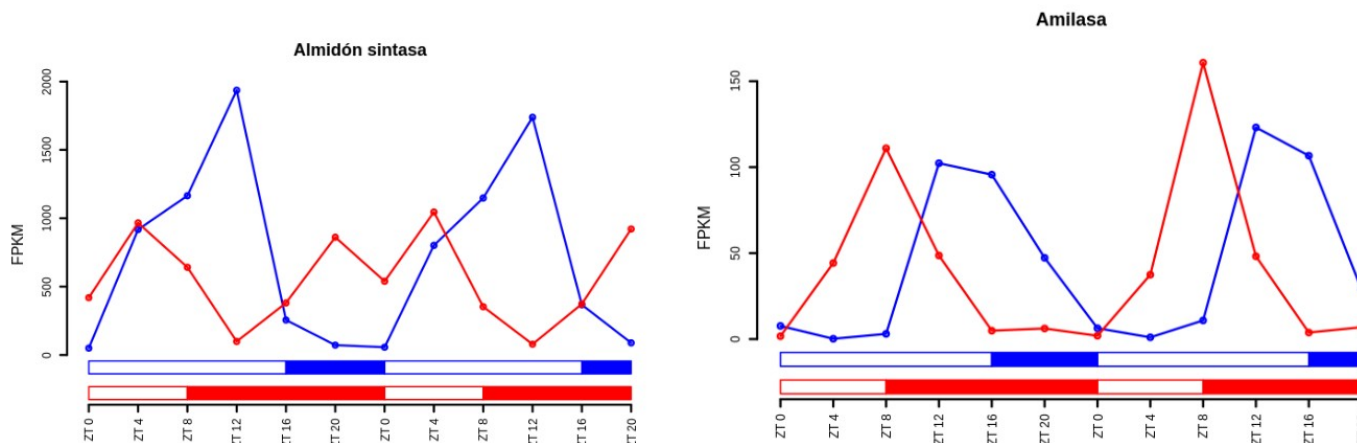


## Metabolismo del almidón

Centrándonos en los perfiles de expresión de dos enzimas, la **amilasa** (ostta07g01950) y la **almidón sintasa** (Ostta06g02940), los resultados cumplen con lo esperado.

Por un lado, en condiciones de LD el almidón debería aumentar durante el día, coincidiendo con el perfil de expresión del gen codificante para la almidón sintasa, la cual mantiene altos sus niveles de expresión desde que amanece hasta ZT16, teniendo su pico más alto en ZT12. Paralelamente, la amilasa presenta un perfil de expresión complementario, teniendo su pico de expresión en ZT12 y alargando su expresión durante la noche.

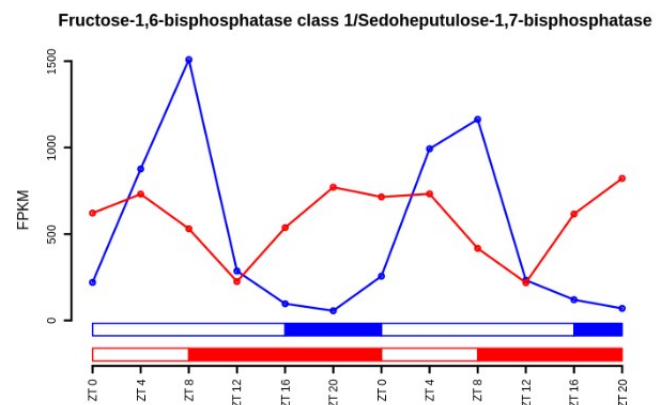
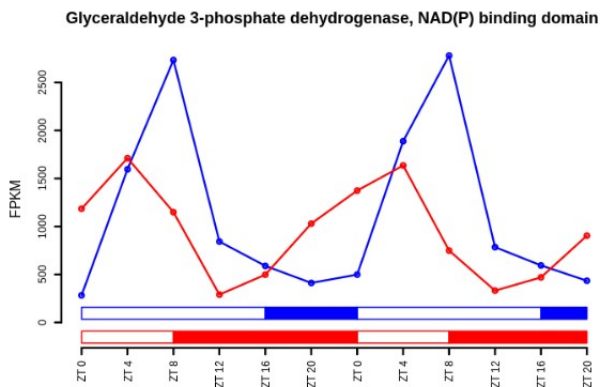
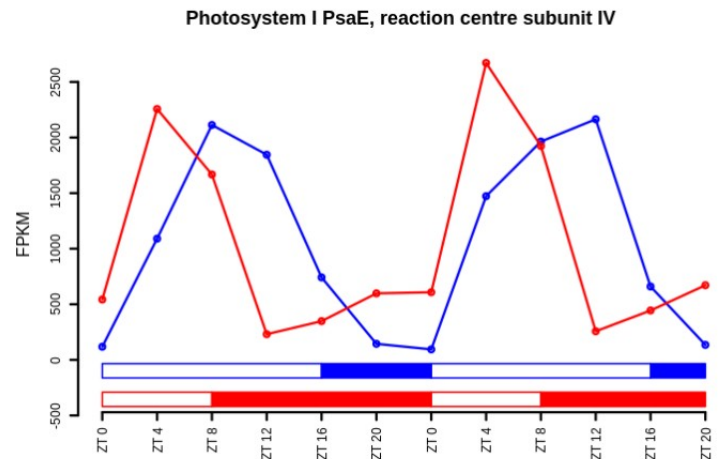
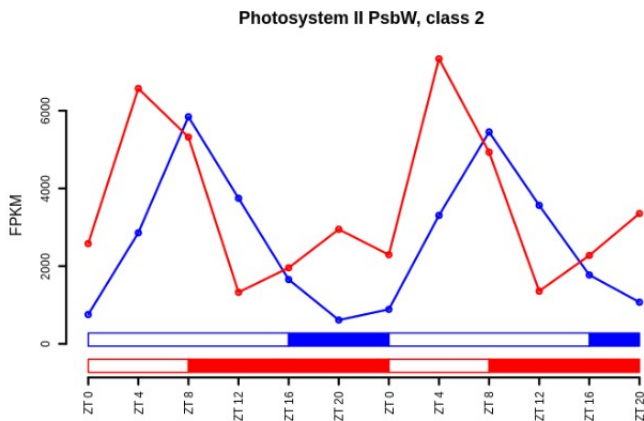
De forma similar, en condiciones de SD, el nivel de expresión del gen que codifica para la almidón sintasa aumenta durante el día, desde que amanece hasta ZT12, teniendo su pico en ZT4. De nuevo, paralelamente la amilasa tiene su pico de expresión en ZT8, alargándose solo hasta la mitad de la noche (ZT16) donde se presenta su nivel de expresión más bajo.



# Fotosíntesis y ciclo de Calvin.

Los genes codificantes para los fotosistemas e incluso las enzimas del ciclo de Calvin, presentan su máximo pico de expresión cuando la irradiancia es máxima (ZT4 en condiciones de SD y ZT8 en condiciones de LD).

Sin embargo, el perfil de expresión de todos estos genes en condiciones de SD se diferencian con los de LD por comenzar a expresarse antes de que amanezca, pudiéndose incluso observar en algunos casos un segundo pico de expresión a ZT20.



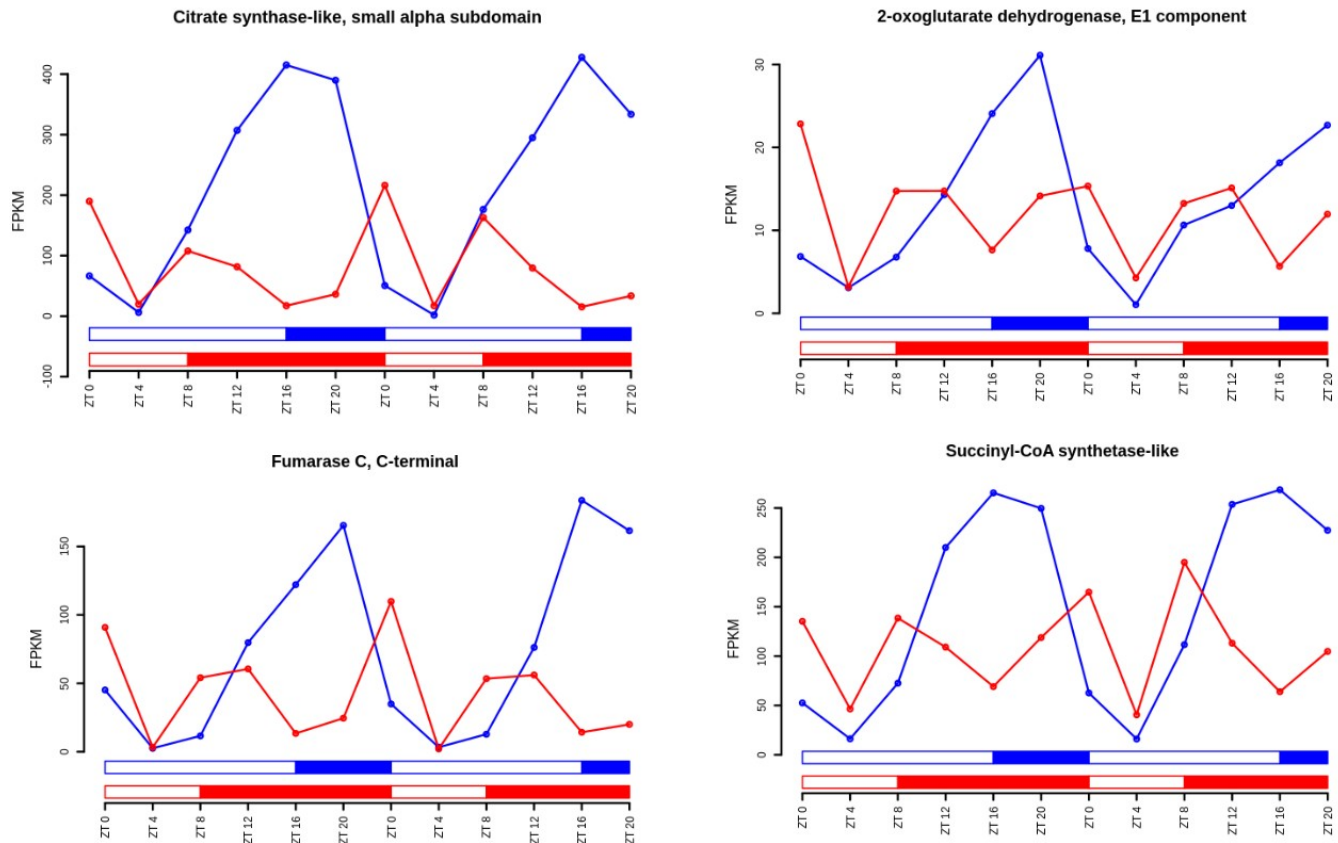


## Ciclo de Krebs.

Los genes codificantes para la mayoría de enzimas involucradas en el Ciclo de Krebs (**citrato sintasa, 2-oxoglutarato deshidrogenasa, fumarasa, malato deshidrogenasa, succinil-CoA sintetasa**, etc) muestran unas diferencias peculiares entre los perfiles de expresión en condiciones de LD y SD.

En condiciones de LD, todas esas enzimas muestran un pico de expresión al inicio de la noche, concretamente a ZT16.

Sin embargo, en condiciones de SD, ciclan cada 12h teniendo un pico de expresión al inicio de la noche (entre ZT8 y ZT12) y otro pico a ZT0 que baja drásticamente cuando aumenta la irradiancia.

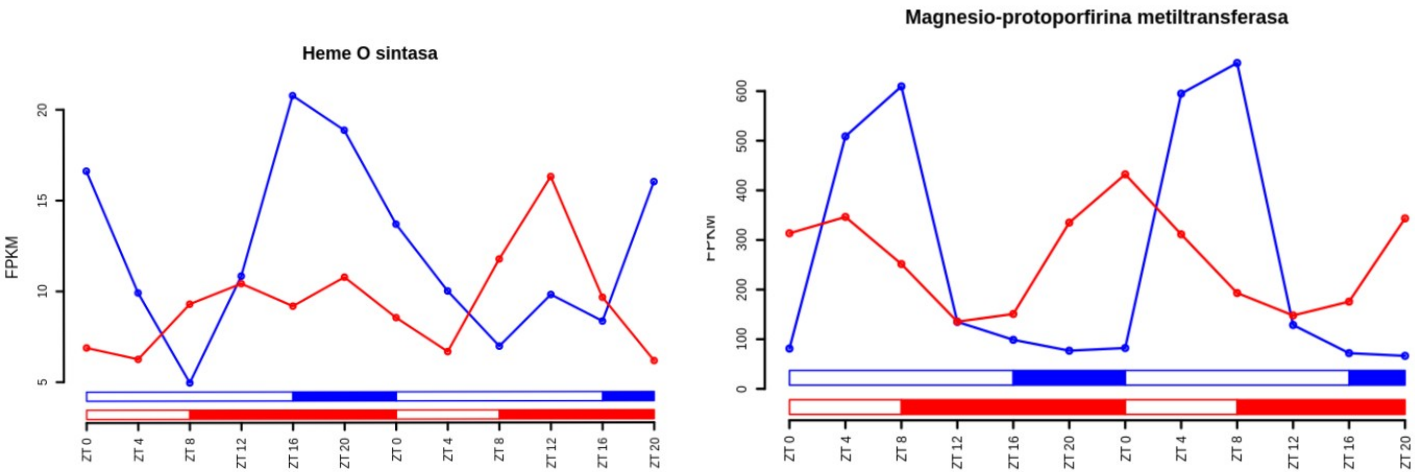


## Biosíntesis de tetrapirroles.

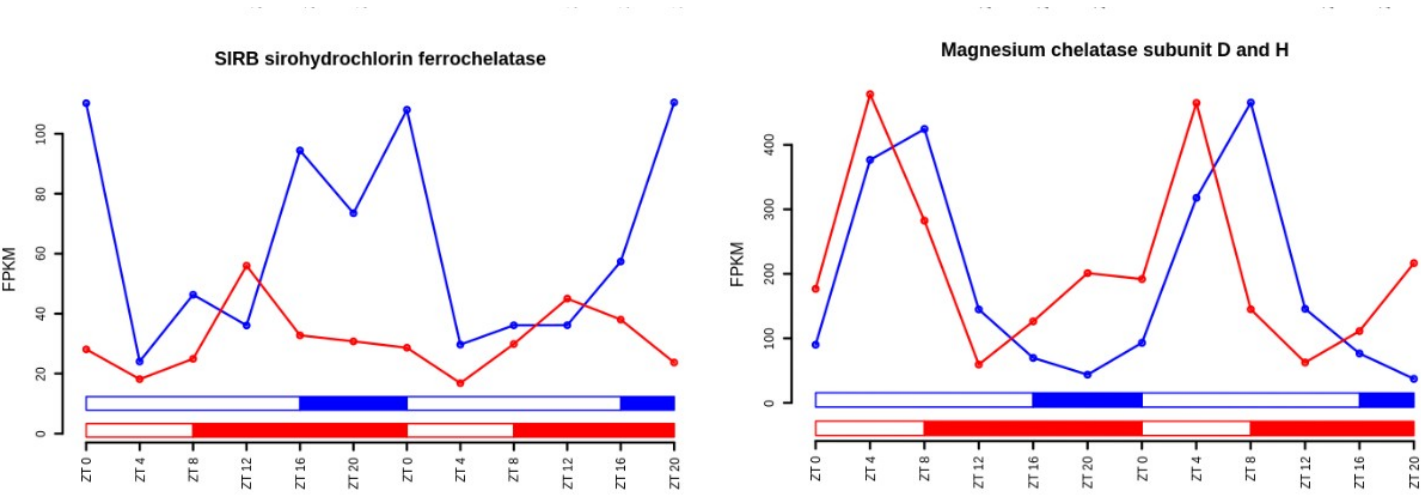
Esta ruta da lugar a productos finales que son requeridos en distintos momentos del día: la clorofila y los grupos hemo (necesarios para producir los citocromos). Existe un punto en el que la ruta se bifurca para dar lugar un producto u otro. En los perfiles de expresión de los genes que codifican para las enzimas que participan en esta bifurcación se encuentran dos patrones distintos.

Por un lado, la enzima que dirige los metabolitos hacia la producción de clorofila (la **magnesio-protoporfirina metiltransferasa** osta07g02590) se encuentra más activa en el momento de máxima irradiancia en condiciones de LD, mientras que en condiciones de SD comienza a aumentar su nivel de expresión a mitad de la noche, estando en su punto más alto al amanecer para tener la maquinaria lista al comenzar el día.

Por otro lado, las enzimas que dirigen los metabolitos hacia la producción de grupos hemo (como la **hemo O sintasa** *ostta04g04940*) muestran sus picos de expresión durante la noche. En general, se observa una separación temporal de la producción los dos metabolitos principales de esta ruta.



Aparte, el gen **SIRB** involucrado en la producción de grupos sirohemos y las subunidades de la **magnesio quelatasa**, aunque no estén incluidos en KEGG (tabla suplementaria), también presentan unos perfiles de expresión similares.



## Material suplementario.

### Sulfur and nitrogen assimilation

cysteine synthetase	ostta12g03060
sulfate adenililtransferase	ostta10g00290
adenililsulfate quinase	ostta09g03020
nitrate reductase	ostta10g00920
nitrite reductase	ostta10g00930
nitrate/nitrite transporter	ostta10g00950

### Starch metabolism

starch synthase	ostta06g02940
amilase	ostta07g01950

### Photosynthesis

photosystem II	ostta02g02320
photosystem I	ostta02g03860
glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	ostta01g01560
fructose-1,6-biphosphatase	ostta03g00350

### TCA cycle

citrate synthase	ostta17g02090
fumasare C	ostta10g01370
Succinyl-CoA synthetase	ostta03g05920
2-oxoglutarate dehydrogenase	ostta03g02250

### Tetrapyrrole metabolism

Heme O synthase	ostta04g04940
Magnesium-protoporfirine methyltransferase	ostta07g02590

*Lista 1: Genes representados en el informe.*

### DNA Replication.

MCM6	ostta01g02580
MCM5	ostta04g00450
	ostta08g00710
	ostta11g01400
alpha polimerase	ostta13g02040
	ostta11g00940

### Autophagy

ATG8	ostta01g05650
ATG3	ostta06g03810
ATG12	ostta06g00610

### SNARE proteins

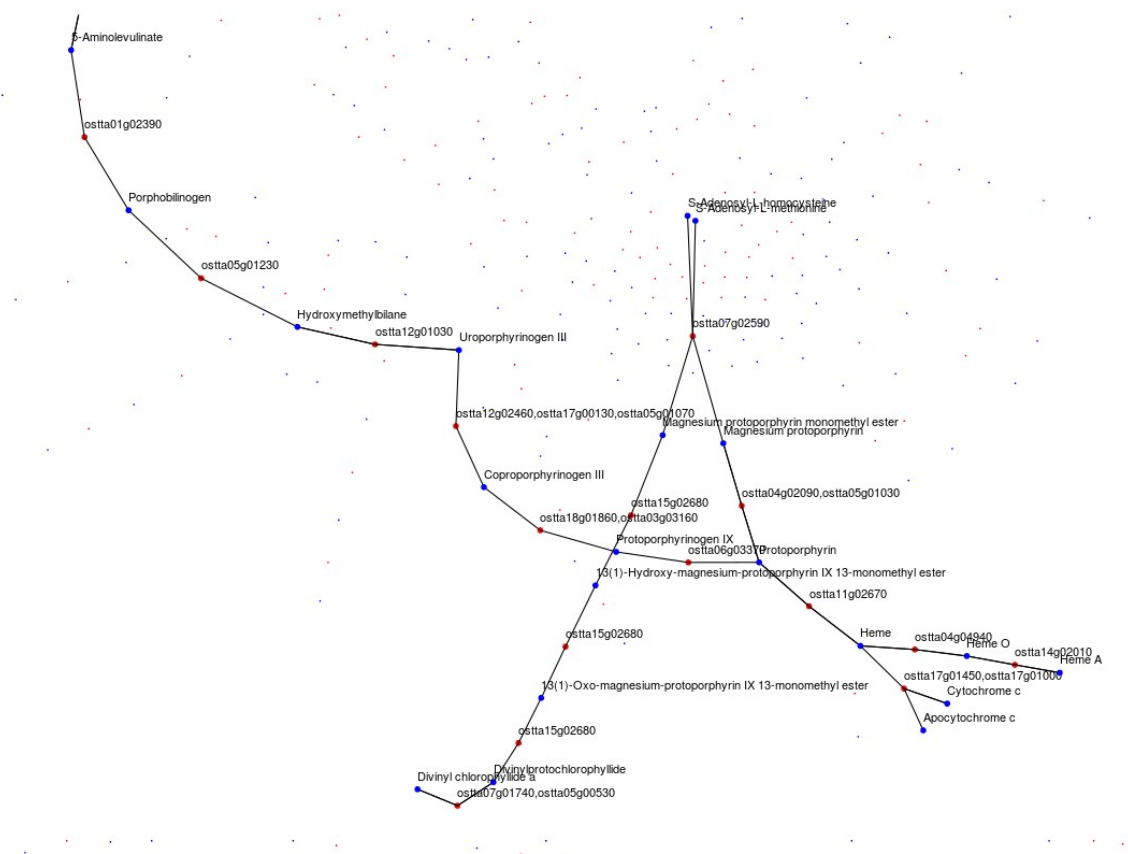
syntaxina	ostta02g04320
T-SNARE	ostta05g03640
synaptobrevin	ostta14g02870

### Translation

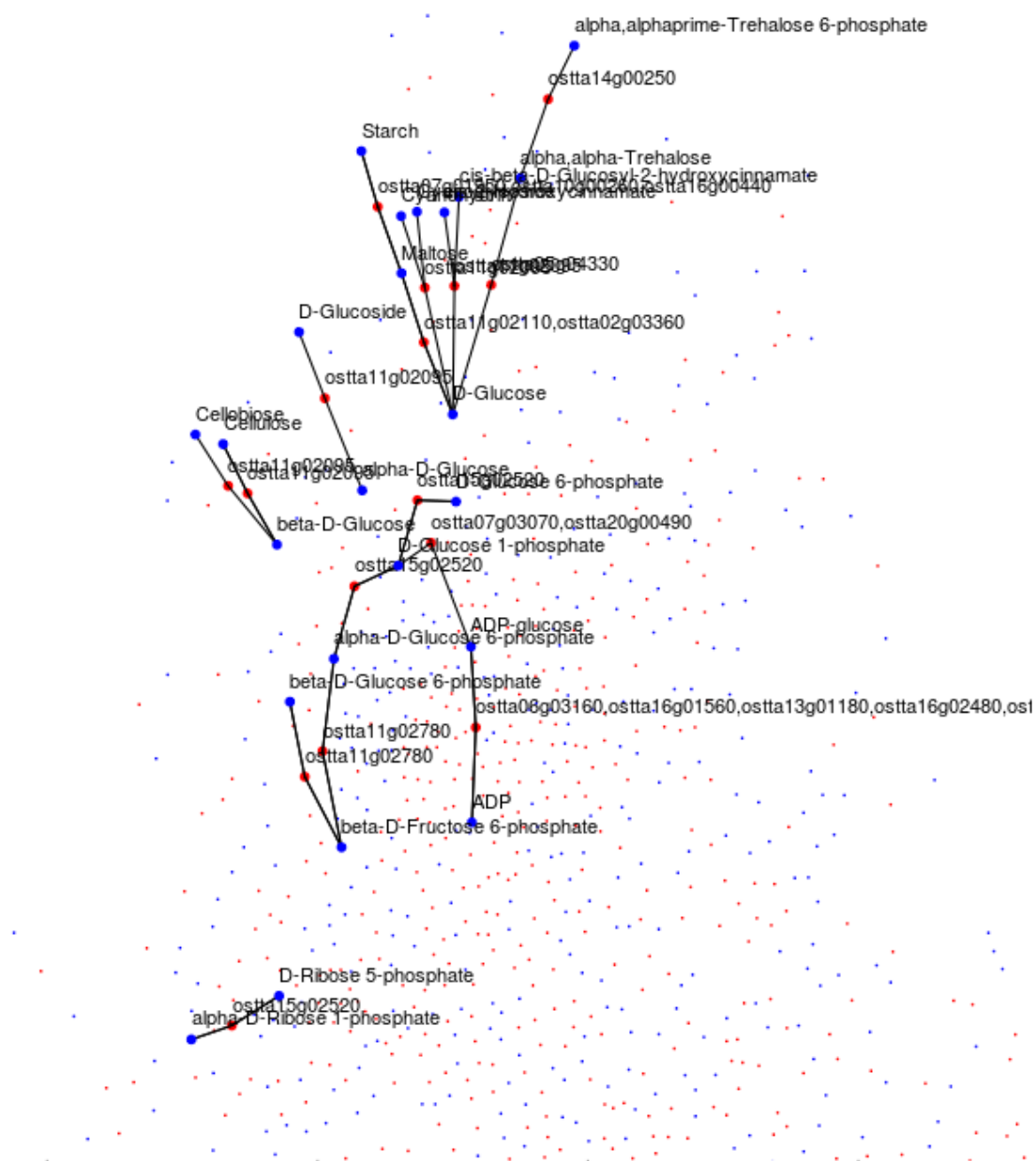
L10	ostta02g05480
S20	ostta02g03140
L17	ostta01g06000
aminoacil-tRNA synthetase	ostta03g02860



**Representación de rutas metabólicas en la red OMEN.**



*Illustration 1: Representación de la ruta de biosíntesis de tetrapirroles en la red metabólica OMEN.*



*Illustration 2: Representación de la ruta del metabolismo de almidón en la red metabólica OMEN.*

## Tablas suplementarias: genes no incluidos en KEGG.

Se obtuvieron mediante la alineación de las secuencias proteicas resultantes de los genes de *Chlamydomonas reinhardtii* contra todas las secuencias de proteínas de *Ostreococcus tauri*. Se han representado con el código de colores propuesto por ORCAE para indicar el nivel de similitud entre los candidatos a ser genes homólogos.

Color code for score bits		<50	50-100	100-150	150-200	>200
<b>Tetrapyrrole metabolism-related genes</b>						
ALAD	ostta01g02390	d-aminolevulinic acid dehydratase				Cre02.g091050
PBGD	ostta05g01230	porphobilinogen deaminase				Cre16.g663900
UROS	ostta12g01030	uroporphyrinogen-III synthase				Cre09.g409100
UROD1	ostta12g02460	uroporphyrinogen-III decarboxylase				Cre11.g467700
UROD2	ostta17g00130	uroporphyrinogen decarboxylase				Cre02.g076300
UROD3	ostta01g03390	uroporphyrinogen decarboxylase				Cre02.g073700
CPX	ostta03g03160	coproporphyrinogen III oxidase				Cre02.g085450
PPX	ostta06g03370	protoporphyrinogen oxidase				Cre09.g396300
CHLD	ostta05g04960	magnesium chelatase subunit D and H				Cre05.g242000
CHLH1	ostta05g04960	magnesium chelatase subunit H				Cre07.g325500
CHLH2	ostta05g01030	magnesium chelatase subunit H				Cre11.g477625
CHLI1	ostta02g02390	magnesium chelatase subunit I				Cre06.g306300
CHLI2	ostta01g05690	magnesium chelatase subunit I				Cre12.g510800
GUN4	ostta17g00100	tetrapyrrole-binding protein				Cre05.g246800
CHLM	ostta07g02590	magnesium protoporphyrin O-methyltransferase				Cre12.g498550
CRD1	ostta15g02680	copper response defect 1 protein				Cre07.g346050
CTH1	ostta15g02680	copper target 1 protein				Cre12.g510050
DVR1	ostta15g01850	3,8-divinyl protochlorophyllide a 8-vinyl reductase				Cre01.g042800
POR1	ostta07g01740	light-dependent protochlorophyllide reductase				Cre01.g015350
CHLG	ostta08g01100	chlorophyll synthetase				Cre06.g294750
CAO1	ostta12g01390	chlorophyllide a oxygenase				Cre01.g043350
FLP	ostta08g02730	FLU chloroplast precursor, alternative spliced version I-FLF				Cre10.g460050
NYC1	ostta01g02870	non-yellow coloring				Cre12.g517700
NOL	ostta01g02870	short-chain dehydrogenase/reductase; probably chlorophyll				Cre14.g608800
HCAR	ostta07g00390	Coenzyme F420 hydrogenase/dehydrogenase beta subunit				Cre11.g468700
<b>Chlorophyll catabolism</b>						
CHL1	ostta16g01470	Chlorophyllase I				Cre03.g148750
<b>Siroheme biosynthesis</b>						
SUMT1	ostta14g00340	S-adenosyl-L-methionine-dependent uroporphyrinogen III methyltransf				Cre09.g396401
SIRB	ostta16g01550	sirohydrochlorin ferrochelatase				Cre04.g214100
<b>Heme synthesis</b>						
HEM15	ostta11g02670	ferrochelatase				Cre07.g339750
HCS	ostta17g01450	cytochrome c heme lyase				Cre12.g525700; Cre16.g690050
<b>Heme catabolism</b>						
HMOX1	ostta18g01610	heme oxygenase				Cre10.g423500
HMOX2	ostta18g01610	heme oxygenase				Cre11.g467753
PCYA	ostta04g04540	phycocyanobilin ferredoxin oxidoreductase-like protein				Cre13.g587100

Table 1: Genes no incluidos en KEGG involucrados en la biosíntesis de tetrapirroles.

PSII core subunits			Chlamydomonas reinhardtii homologs
PSBP1	ostta14g02630	OEE2	Cre12.g550850
PSBPQ	ostta16g01620	OEE3	Cre08.g372450
PSBPO	ostta14g00150	OEE1	Cre09.g396213
PSBX	ostta15g01520	X protein, 4.1 kDa photosystem II subunit	Cre02.g082750
PSBR	ostta05g04560	10 kDa photosystem II polypeptide	Cre06.g261000
PSBY	ostta12g00520	Ycf32-related polypeptide of photosystem II	Cre10.g452100
PSII putative assembly factors			
LTO1	ostta10g00200	CPLD41	Cre12.g493150
REP27	ostta11g02260		Cre10.g430150
RBD1	ostta07g04470		Cre07.g315150
LHCII subunits			
LHCBM1	ostta11g00990	LHCII	Cre01.g066917; Cre04.g232104; Cre03.g156900; Cre06.g284200
LHCBM2	ostta14g01180	LHCII	Cre12.g548400; Cre06.g283950; Cre06.g285250; Cre12.g548950; Cre
LHCII assembly factor			
ALB3.1	ostta03g02230		Cre06.g251900; Cre17.g729800
PSI subunits			
PSAD	ostta15g02670	PsaD	Cre05.g238332
PSAE	ostta02g03860	PsaE	Cre10.g420350
PSAF	ostta04g01790	PsaF	Cre09.g412100
PSAG	ostta05g00800	PsaG	Cre12.g560950
PSAH	ostta15g00990	PsaH	Cre07.g330250
PSAK	ostta17g00570	PsaK	Cre17.g724300
PSAL	ostta02g00580	PsaL	Cre12.g486300
PSAN	ostta06g00250	PsaN	Cre02.g082500
PSAO	ostta02g05340	PsaO	Cre07.g334550
PSI putative assembly factors			
CGL71	ostta13g01320	CGL71	Cre12.g524300
LHCI subunits			
LHCA1	ostta02g04800	p22/p22.1	Cre06.g283050
LHCA2	ostta03g04920	p19	Cre12.g508750
LHCA3	ostta18g01230	p14.1	Cre11.g467573
LHCA4	ostta02g03330	p14	Cre10.g452050; Cre10.g425900; Cre06.g278213
LHCA7	ostta09g04420	p15	Cre16.g687900; Cre06.g272650
LHCA9	ostta05g03830	p22.2	Cre07.g344950
b6f subunits			
PETC	ostta01g06610		Cre13.g585750
PETM	ostta04g04150		Cre12.g546150
PETN	ostta12g00550		Cre16.g650100
PETO	ostta04g05020		Cre12.g558900
b6f assembly factors			
CCB1 (CPLD5)	ostta06g02600		Cre16.g662150
CCB2	ostta07g04220		Cre12.g537850
CCB3 (CPLD4)	ostta08g00450		Cre01.g052400
CCB4 (CGLD2)	ostta08g00720		Cre08.g382300
CPLD38	ostta13g01750		Cre01.g000850
CCS1	ostta16g01590		Cre13.g575000
CCS2	ostta01g01220		Cre03.g213201
CCS5	ostta10g03140		Cre17.g702150
Chloroplast ATP synthase			
ATPC	ostta09g01080		Cre06.g259900
ATPG	ostta01g00830		Cre11.g481450
Chloroplast ATP synthase assembly factors			
CGL160	ostta17g00165		Cre01.g049600

Table 2: Genes no incluidos en KEGG involucrados en la fotofosforilación.

**Chloroplast division genes**

FTSZ1	ostta08g02230
FTSZ2	ostta07g01610
MIND1	ostta02g03880
DRP8	ostta04g04800
ARC6	ostta04g00170

**Chlamydomonas reinhardtii homologs**

Cre02.g118600  
 Cre02.g142186  
 Cre12.g522950  
 Cre10.g433050  
 Cre12.g488500

*Table 3: Genes no incluidos en KEGG involucrados en la división cloroplastídica.*

**LHC-like proteins**

ELIP1	ostta04g01820
ELIP4	ostta13g02170
ELIP6	ostta12g00250
ELIP8	ostta08g04020
LHCSR	ostta05g01780
PSBS	ostta06g04600

**Chlamydomonas reinhardtii homologs**

Cre16.g679250; Cre08.g384650; Cre09.g394325; Cre01.g033071  
 Cre07.g320400; Cre07.g320450  
 Cre04.g211850  
 Cre14.g626750  
 Cre08.g365900; Cre08.g367500; Cre08.g367400  
 Cre01.g016600; Cre01.g016750

*Table 4: Genes LHC-like no incluidos en KEGG.*

**PSII core subunits**

PSBP1	ostta14g02630	OEE2
PSBPQ	ostta16g01620	OEE3
PSBPO	ostta14g00150	OEE1
PSBX	ostta15g01520	X protein, 4.1 kDa photosystem II subunit
PSBR	ostta05g04560	10 kDa photosystem II polypeptide
PSBY	ostta12g00520	Ycf32-related polypeptide of photosystem II

**PSII putative assembly factors**

LTO1	ostta10g00200	CPLD41
REP27	ostta11g02260	
RBD1	ostta07g04470	

**LHCII subunits**

LHCBM1	ostta11g00990	LHCII
LHCBM2	ostta14g01180	LHCII

**LHCII assembly factor**

ALB3.1	ostta03g02230	
--------	---------------	--

**PSI subunits**

PSAD	ostta15g02670	PsaD
PSAE	ostta02g03860	PsaE
PSAF	ostta04g01790	PsaF
PSAG	ostta05g00800	PsaG
PSAH	ostta15g00990	PsaH
PSAK	ostta17g00570	PsaK
PSAL	ostta02g00580	PsaL
PSAN	ostta06g00250	PsaN
PSAO	ostta02g05340	PsaO

**PSI putative assembly factors**

CGL71	ostta13g01320	CGL71
-------	---------------	-------

**LHCI subunits**

LHCA1	ostta02g04800	p22/p22.1
LHCA2	ostta03g04920	p19
LHCA3	ostta18g01230	p14.1
LHCA4	ostta02g03330	p14
LHCA7	ostta09g04420	p15
LHCA9	ostta05g03830	p22.2

**b6f subunits**

PETC	ostta01g06610	
PETM	ostta04g04150	
PETN	ostta12g00550	
PETO	ostta04g05020	

**b6f assembly factors**

CCB1 (CPLD5)	ostta06g02600	
CCB2	ostta07g04220	
CCB3 (CPLD4)	ostta08g00450	
CCB4 (CGLD2)	ostta08g00720	
CPLD38	ostta13g01750	
CCS1	ostta16g01590	
CCS2	ostta01g01220	
CCS5	ostta10g03140	

**Chloroplast ATP synthase**

ATPC	ostta09g01080	
ATPG	ostta01g00830	

**Chloroplast ATP synthase assembly factors**

CGL160	ostta17g00165	
--------	---------------	--

**Chlamydomonas reinhardtii homologs**

Cre12.g550850
Cre08.g372450
Cre09.g396213
Cre02.g082750
Cre06.g261000
Cre10.g452100
Cre12.g493150
Cre10.g430150
Cre07.g315150
Cre01.g066917; Cre04.g232104; Cre03.g156900; Cre06.g284200
Cre12.g548400; Cre06.g283950; Cre06.g285250; Cre12.g548950; Cre06.g284250
Cre06.g251900; Cre17.g729800
Cre05.g238332
Cre10.g420350
Cre09.g412100
Cre12.g560950
Cre07.g330250
Cre17.g724300
Cre12.g486300
Cre02.g082500
Cre07.g334550
Cre12.g524300
Cre06.g283050
Cre12.g508750
Cre11.g467573
Cre10.g452050; Cre10.g425900; Cre06.g278213
Cre16.g687900; Cre06.g272650
Cre07.g344950
Cre13.g585750
Cre12.g546150
Cre16.g650100
Cre12.g558900
Cre16.g662150
Cre12.g537850
Cre01.g052400
Cre08.g382300
Cre01.g000850
Cre13.g575000
Cre03.g213201
Cre17.g702150
Cre06.g259900
Cre11.g481450
Cre01.g049600