

# WATER-STRESS REGULATION AND MOLECULAR ANALYSIS OF THE SOYBEAN BiP GENE FAMILY<sup>1</sup>

José E. F. Figueiredo<sup>2</sup>, Júlio C. M. Cascardo<sup>3</sup>, Sônia M. B. Carolino<sup>4</sup>, Fátima C. Alvim<sup>4</sup> and Elizabeth P. B. Fontes<sup>5</sup>

Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 36571-000, Brazil

**ABSTRACT-** In order to gain more insight into the complexity of the BiP gene family in soybean, we have cloned a novel BiP cDNA and performed a molecular analysis of the soybean BiP gene family. Despite the high conservation of the soybean BiP cDNA's, they may be divided in three groups according to the level of nucleotide sequence homology among their 5' and 3' untranslated regions. As an endoplasmic reticulum molecular chaperone, the soybean BiP genes are regulated through the unfolded protein response pathway. However, unlike other plant BiP's, the soybean BiP genes are also induced by water-stress and heat shock. The difference in BiP gene copy number in plants may account, in part, for the differential regulation of their genes in response to stress conditions.

**Additional index terms:** molecular chaperone, soybean, stress induction.

## REGULAÇÃO POR ESTRESSE HÍDRICO E ANÁLISE DA FAMÍLIA GÊNICA DE BiP DA SOJA

**RESUMO-** Com a finalidade de elucidar a complexidade da família multigênica de BiP da soja, um novo membro da família de genes BiP da soja foi

<sup>1</sup>Received 15/05/1997 and accepted 02/08/1997. Research supported by FINEP, CAPES, CNPq and FAPEMIG

<sup>2</sup>Estudante de Doutorado, Depto de Bioquímica e Imunologia, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG, Belo Horizonte, MG, 30000-000, Brazil

<sup>3</sup>Estudante de Doutorado, Departamento de Biologia Vegetal, BIOAGRO, UFV, 36570-000 Viçosa, MG, Brazil

<sup>4</sup>Estudante de Mestrado, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, BIOAGRO, UFV, Viçosa, MG, 36570-000, Brazil

<sup>5</sup>Professora Titular, PhD, Depto de Bioquímica e Biologia Molecular, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 36570-000, Brazil - **Corresponding author.**

clonado e a análise molecular dessa família multigênica foi conduzida. Apesar do elevado nível de conservação de estrutura primária entre os genes BiP da soja, esses podem ser divididos em três grupos de acordo com a homologia de seqüência de nucleotídeos das extremidades não traduzidas 5' e 3'. Como chaperones moleculares residentes no retículo endoplasmático, os genes BiP da soja são regulados por meio da via de resposta a proteínas mal dobradas. No entanto, diferentemente de outros BiP's de plantas, BiP da soja é induzido por estresse hídrico e choque térmico. Provavelmente, a diferença no número de cópias dos genes BiP em plantas contribui, parcialmente, para a regulação diferenciada dos seus genes em resposta a condições de estresse.

**Termos adicionais para indexação:** chaperone molecular, indução por estresse.

## INTRODUCTION

The binding protein (BiP) is a member of the ubiquitous stress-induced family of heat shock proteins that transiently interacts with a wide variety of cellular proteins (Ellis & van der Vies, 1991). As a molecular chaperone, BiP has been described as a key mediator of translocation, folding, assembly and transport of newly synthesized secretory proteins within the endoplasmic reticulum (Denecke, 1996). BiP binds to nascent polypeptides as they enter into the endoplasmic reticulum lumen, forming intermediate complexes with the target proteins which disfavor misfolding and misaggregation (Gething & Sambrook, 1992; Vitale *et al.*, 1993; Fontes *et al.*, 1996; Pedrazzini & Vitale, 1996). This is achieved by reversibly binding to exposed hydrophobic stretches in the protein backbone of nascent polypeptides (Blond-Elguindi *et al.*, 1993). Because the intracellular transport depends upon correct tertiary and quaternary structures, BiP has been implicated in sorting and control of protein exit from the endoplasmic reticulum (Hurtley *et al.*, 1989; Knittler &

