

---

**UNIVERSIDAD AUTONOMA DE MADRID**

**Departamento de Biología Molecular**

**Facultad de Ciencias**

**Regulación transcripcional de la respuesta al ayuno de fosfato en  
*Arabidopsis thaliana*.**

**TESIS DOCTORAL**

**Francisco Scaglia Linhares**

**Madrid, 2008**

---

Memoria presentada por

Francisco Scaglia Linhares

para optar al grado de  
Doctor por la Universidad Autónoma de Madrid

Universidad Autónoma de Madrid

Septiembre, 2008

El Doctorando

Francisco Scaglia Linhares

Vº Bº del Director de Tesis

Dr. Fco. Javier Paz-Ares Rodríguez

---

## RECONOCIMIENTOS

Este trabajo no hubiera sido posible sin la colaboración y el esfuerzo de muchas personas, a las que debo mi sincero agradecimiento.

En primer lugar, tengo que agradecer a mi director de tesis, el Dr. Javier Paz-Ares, la excelente labor que ha realizado en la dirección de este trabajo y la confianza que ha depositado en mí durante todo este tiempo.

Deseo agradecer a mi tutor de tesis, el Dr. José López Carrascosa, la amabilidad con la que ha colaborado para que este trabajo llegara a buen término.

A la Dra. Sabrina Sabatini (Università La Sapienza – Roma), por su inestimable ayuda intelectual en la realización de los experimentos finales.

Al Prof. Paolo Costantino (Università La Sapienza – Roma) por permitirme efectuar algunos de los experimentos aquí descritos en su laboratorio.

Al Prof. Rodolfo Negri (Università La Sapienza – Roma) por los anticuerpos utilizados en los experimentos de inmunoprecipitación de cromatina.

Al Dr. Vicente Rubio por la lectura crítica y correcciones “orstogràphycas” del manuscrito.

A Gabriel Castrillo y en especial a la Dra. Regla Bustos, cuya colaboración ha permitido la obtención de resultados aquí descritos en relación a los análisis transcptómicos y los estudios de la secuencia P1BS.

A M<sup>a</sup> Jesús Benito por su excelente labor técnica, que ha sido fundamental en todo el periodo de tesis.

Al Dr. Roberto Solano, por su amabilidad y contribución a través del Servicio de Genómica del CNB.

A Joaquín Iglesias, por su ayuda y enseñanzas en todas las pequeñas labores diarias de laboratorio.

Al Servicio de Genómica del CNB, por la colaboración en el análisis transcriptómico.

A las personas de los Servicios de Invernadero, Cultivo *in vitro*, Fotografía e Informática entre otros, cuya labor ha facilitado enormemente mi trabajo.

A las personas del laboratorio 311 por los consejos científicos diarios que me han brindado. A Jesús Vicente por el plásmido pTi0046.

Este trabajo ha sido realizado en el Departamento de Genética Molecular de Plantas del Centro Nacional de Biotecnología-CSIC y fue financiado por la Fondazione Cenci-Bolgnetti, por la Unión Europea (dentro del programa QLG-CT1999-00876), y por el Ministerio de ciencia y Tecnología (dentro del programa : BIO2005-09390).

---

## AGRADECIMIENTOS

A lo largo de los años que he pasado en el CNB he tenido la suerte de conocer a numerosas personas con las que he compartido muchos y agradables momentos, tanto dentro como fuera del laboratorio. Me resulta difícil hacer una lista de todas ellas sin riesgo de olvidarme de alguien, sin que por ello sea menos importante. A todas estas personas, deseo darles las gracias.

A Juaqui, por la gran amistad que nos ha unido y nos une. Y por esos cigarrillos en los momentos de emoción.

A Regla, mi compañera de poyata, no sólo por su experiencia y conocimientos, sino también por todos los conocimientos científicos y de vida que me ha brindado desde el principio.

A José Manuel, por sus consejos y por su dedicación científica ejemplar.

A todos aquellos que han formado parte de los laboratorios 311-312 a lo largo de este tiempo, con los que he aprendido tanto. A Ana C., Antonio F., Berenice, Joaquín, José Manuel, Lola, Mabel, M<sup>a</sup> Jesús, Mónica, Pablo, Raquel, Regla, Roberto, Vicente, Yolanda, Isabel, Marisa y Ximena. A todos ellos tengo tantas cosas que agradecer que sería una lista interminable. A Antonio Leyva por tantos ratos de buen tenis y por su risas contagiosas.

A las personas que moran o han morado en otros laboratorios, siempre dispuestos a echar una mano y con los que he compartido muy buenos ratos. A Bruce y Jose Sanchez Serrano, por aquellos maravillosos partidos de Squash para aliviar tensión entre un experimento y otro. A Patrick y Sonia del servicio de informática, por tantos momentos de alegría que hemos compartido juntos, por los proyectos que hemos inventado (CiNeB) y por la amistad que se ha fortalecido con los años. A Mar(emoto), por su amistad y por su alegría. A Inés de fotografía, por estar siempre de buen rollo y por su amistad leal. Especialmente a Juan Ignacio, amigo inestimable que nos abandonó por el mundo de la farmacia, a quien debo mucho. A Inés y Raquelita GUS, por su cariño y ánimo en mi llegada a Madrid. A mi familia de Madrid: Dani, Leire (mochito incluido), La Marquesa, Karim, Ana Oña, Paco, Teca, Pedro, Fedekananda y Maria, La Simo, El Loncha, El Cigala y Raquel, por sus sonrisas que me han dado ánimos y alegría en todas las ocasiones. A Clara y su familia. A Elenita y Susy por aguantarme durante la convivencia.

A mi familia en Brasil, por estar ahí siempre en los buenos y en los malos momentos. A Liliza, gran amiga, que sigue estimulándome a hacer el grande salto. A mi tío Tati, que tanto me ha ayudado en la vida, y al cual no podré nunca agradecerse lo suficientemente. A Paulo Tristão y Zara por haberme tratado siempre como un hijo.

A los italianos Careca, Giulietta, Vania, Guccio, Simona, Sabri, Marco Perez, Pascal, Michi, Kim, Claudia y Danila. A los chicos del lab de Sabri: Emanuele, Cristina, Raffo, Layla, Serena, Giulio, Silvia, Ric y Ale. A los Brasileños de Paris, Felipe y Cristian.

A Kieran por su amistad y por lo mucho que hemos compartido en estos tiempos. Que las experiencias difíciles se transformen en un hecho pasado. Suerte, Mate!

---

A Sergio y Stefano, por su amistad incondicional en todas las aventuras de la vida.

A Vicentico y Raquel, por las aficiones que compartimos antes, ahora y siempre.

A mis padres, por haber estado siempre conmigo y por haberme enseñado valores de vida que ya no se encuentran fácilmente en este extraño período histórico y por haberme enseñado a pensar de manera independiente y autónoma.

A mi madre por ser una mujer maravillosa, sensible, generosa y siempre correcta.

A mi padre, con quien espero un día compartir la sexta planta.

---

**A mis padres**

---

## ABREVIATURAS:

**aa** – aminoácido

**ABA** – ácido abscísico

**aRNA** – RNA amplificado

**BAP** - Bencilaminopurina

**BSA** – seroalbúmina bovina

**Ci** - Curio

**Cy3 y Cy5** – colorantes fluorescentes hidro-solubles de la familia, de los colorantes cianidínicos.

**[ $\alpha$ -<sup>32</sup>P] dCTP** – Citosina trifosfato marcada con fósforo 32 en el fosfato en alfa.

**DEPC** - Dietilpirocarbonato

**DNA** - Ácido desoxirribonucleico

**DTT** – Ditioneitol

**EDTA** - Ácido etilendiaminotetraacético

**EMSA** – Ensayo de movilidad electroforética

**EtBr** – bromuro de etidio

**FDR** – del inglés “False detection Rate”, índice de detección de falsos positivos

**GA** - Giberelina

**GFP** – del inglés “Green Fluorescent Protein”

**gr.** – gramos

**GUS** –  $\beta$ -Glucuronidasa

**HAT** – histona acetil transferasa

**HDAC** – histona deacetilasa

**HMT** – histona metil transferasa

**Kb** – kilobase

**l.** – litro

**LB** – medio de cultivo Luria-Bertani

**MES** – ácido 3-[N-morfolín] sulfónico

**Min** – minutos

**miR o miRNA** – microRNA

**ml** – mililitro

**mM** – milimolar

**MM** – marcador molecular

**MOPS** – ácido 3-aminopropano-1-sulfónico

**mRNA** – RNA mensajero

**MS** – medio de cultivo Murashiige-Skoog

**nm** – nanómetros

---

**nmol.** – nanomoles

**Nuc** - nucleosoma

**Pb** – pares de bases

**PCR** – del inglés “Polymerase Chain Reaction”

**PE** – del inglés “Percentage of amplification efficiency”

**Pi** - Fosfato

**PMSF** – fluoruro de fenilsulfonilmetilo

**p/v** – relación peso/volumen

**qRT-PCR** – del inglés “quantitative-Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction”

**RNA** – ácido ribonucleico

**RNApol II** – RNA polimerasa II

**RNAse-H** - Ribonucleasa H, enzima de degradación del RNA

**Rpm** - revoluciones por minuto

**SDS** – dodecilsulfato sódico

**Silv.** - Silvestre

**SSC** – tampón salino de citrato sódico

**TAE** – tampón Tris-acético-EDTA

**TAIR** – abreviatura del inglés “The Arabidopsis Information Resource”, base de datos de Arabidopsis

**TF** – factor de transcripción

**U.** – Unidad

**UAS** – del inglés “Upstream Activating Sequence”, secuencia activadora localizada aguas arriba-

**UTP** – uridina trifosfato

**μM** – micromolar



---

## INDICE

<b>RESUMEN (SUMMARY)</b>	pag.13
<b>INTRODUCCIÓN</b>	pag.14
<b>1.- LA IMPORTANCIA DEL FOSFATO PARA LOS ORGANISMOS FOTOSINTÉTICOS.</b>	pag.14
1.1.- La respuesta de las plantas a la carencia de fosfato. Adaptaciones de desarrollo, fisiológicas y metabólicas.	pag.14
1.2.- Control transcripcional y post transcripcional de la respuesta al ayuno de fosfato.	pag.16
1.2.1.- Regulación del tráfico intracelular de los transportadores de alta afinidad en la respuesta al ayuno de fosfato.	pag.16
1.2.2.- Posible implicación de la ruta de la ubiquitina/proteosoma 26S en la regulación de las respuestas al ayuno de fosfato.	pag.17
1.2.3.- Sumoilación en la respuesta al ayuno de fosfato.	pag.17
1.2.4.- Regulación de la homeostasis del fosfato por microRNAs.	pag.17
1.2.5.- Un nuevo mecanismo regulador de la función de miRNA en la respuesta al ayuno de fosfato.	pag.18
1.3.- Papel de las hormonas en los cambios fisiológicos y génicos en respuesta al ayuno de fosfato.	pag.19
<b>2. - REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL</b>	pag.20
2.1.- Factores Transcripcionales.	pag.20
2.2.- Secuencias cis-reguladoras.	pag.21
2.3.- Co-activadores y co-represores.	pag.22
<b>3.- CROMATINA Y REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL.</b>	pag.23
3.1.- Genes de ensamblaje de la cromatina	pag.24
3.2.- Genes de remodelación de la cromatina.	pag.24
3.2.1.- Metilación del DNA.	pag.24
3.2.2.- Modificaciones de la cromatina dependientes de ATP	pag.24
3.3.- La modificación covalente de las colas histónicas: el “código de las histonas”.	pag.25
3.3.1.- Metilación de las histonas	pag.26
3.3.2.- Acetilación de las histonas	pag.26
<b>4.- LA CARENCIA DE FOSFATO EN LEVADURAS. UN MODELO DE REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL Y EPIGENÉTICA.</b>	pag.27
<b>5.- REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL EN LA CARENCIA DE FOSFATO DE ARABIDOPSIS.</b>	pag.29

---

<b>OBJETIVOS</b>	pag.31
<b>MATERIALES Y METODOS</b>	pag.32
1.- MATERIAL BIOLÓGICO	pag.32
1.1 - Estirpes bacterianas.	pag.32
1.2 - Plásmidos.	pag.32
1.3 - Material vegetal.	pag.32
2. - TIPOS DE CULTIVO.	pag.32
2.1 - Cultivos de estirpes bacterianas.	pag.32
2.2 – Cultivo de plantas.	pag.33
2.2.1 - Cultivos de <i>Arabidopsis thaliana in vitro</i> .	pag.33
2.2.2 - Preparación de semillas de <i>Arabidopsis</i> para cultivo <i>in vitro</i> .	pag.33
2.2.3 - Cultivos de <i>Arabidopsis</i> en tierra.	pag.34
3. - MÉTODOS DE TRANSFORMACIÓN.	pag.34
3.1 - Transformación de <i>Escherichia coli</i> .	pag.34
3.2 - Transformación de <i>Agrobacterium tumefaciens</i> .	pag.34
3.3 - Método de transformación de <i>Arabidopsis thaliana</i> por infiltración mediante <i>Agrobacterium tumefaciens</i> .	pag.34
4. - TECNOLOGÍA DE ÁCIDOS NUCLEICOS.	pag.35
4.1 - Aislamiento y purificación de DNA.	pag.35
4.2 - Amplificación de fragmentos de DNA.	pag.35
4.3 - Extracción de RNA total de planta y purificación de RNA mensajeros.	pag.35
4.4 - Protocolo de transcripción inversa.	pag.36
4.5 - Protocolo de amplificación cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR).	pag.36
4.6 - Técnicas electroforéticas.	pag.38
4.7 - Ensayo de transferencia de RNA de tipo Northern blot.	pag.38
4.8. - Hibridación de microordenamientos.	pag.39
4.9. - Inmunoprecipitación de cromatina (ChIP).	pag.40
4.9.1 - Preparación de acrilamida lineal al 5%.	pag.42
5. CLONACIÓN.	pag.42
5.1 Construcción de promotores de IPS1 mutados en los motivos P1BS.	pag.42
5.2 Construcción de un elemento artificial de respuesta al ayuno de fosfato.	pag.43
6. - ENSAYOS HISTOLÓGICOS DE ACTIVIDAD $\beta$ -GLUCOURONIDASA(GUS).	pag.44
7. - PROCESAMIENTO Y COMPARACIÓN DE SECUENCIAS <i>IN SILICO</i> .	pag.44
<b>RESULTADOS</b>	pag.46

---

1.- ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE PLANTAS SILVESTRES Y MUTANTES <i>PHR1</i> EN CONDICIONES DE PRESENCIA/CARENCIA DE FOSFATO.	pag.46
1.1.- Hibridación de microordenamientos de <i>Arabidopsis</i> con muestras de plantas silvestres y mutantes <i>phr1</i> crecidas en carencia/presencia de fosfato.	pag.46
1.2.- Análisis transcriptómico de genes con expresión modulada en carencia de fosfato y en el mutante <i>phr1</i> .	pag.47
1.3.- Validación experimental de los datos de microordenamiento.	pag.51
1.4.- Análisis de motivos P1BS en los genes modulados en la respuesta al ayuno de fosfato.	pag.53
1.5.-Comparación de genes modulados por la respuesta al ayuno de fosfato con genes modulados por otros estreses y estímulos.	pag.55
2.- CARACTERIZACIÓN DE MOTIVOS CIS-REGULADORES P1BS FUNCIONALES <i>IN VIVO</i> .	pag.59
2.1.- Mutagénesis de motivos P1BS funcionales <i>in vivo</i> .	pag.59
2.2.- Construcción de un elemento artificial de respuesta a <i>PHR1</i> en el ayuno de fosfato.	pag.61
3.- CARACTERIZACIÓN DE LAS PRINCIPALES MODIFICACIONES EPIGENÉTICAS EN LA RESPUESTA A LA CARENCIA DE FOSFATO.	pag.63
3.1.- Estado de metilación de las histonas de los genes implicados en la respuesta a la carencia de fosfato.	pag.63
3.2.- Análisis del posicionamiento y del estado de acetilación de las histonas en la respuesta a la carencia de fosfato.	pag.66
4.- COMPROBACIÓN DE LA EXISTENCIA DE UN MECANISMO DE EVICCIÓN DE HISTONAS EN <i>ARABIDOPSIS</i> .	pag.68
4.1.- Análisis cuantitativo de evicción de histonas.	pag.68
4.2.- Análisis del estado de acetilación y posicionamiento de histonas del promotor de <i>ACP5</i> en condiciones de baja concentración de fosfato en el medio.	pag.70
<b>DISCUSIÓN</b>	pag.71
1.- ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE LA RESPUESTA AL AYUNO DE FOSFATO. PAPEL CENTRAL DE <i>PHR1</i> .	pag.71
2.- IMPORTANCIA DEL ELEMENTO CIS-REGULADOR P1BS <i>IN VIVO</i> .	pag.74
3.- MODIFICACIONES DE LA ESTRUCTURA DE LA CROMATINA DURANTE LA RESPUESTA AL AYUNO DE FOSFATO.	pag.74

---

<b>CONCLUSIONES</b>	pag.77
<b>BIBLIOGRAFIA</b>	pag.78
Tabla Sup1	pag.85
Tabla Sup2	pag.96
Tabla Sup3	pag.104
Tabla Sup4	pag.112
Tabla Sup5	pag.115

---

## RESUMEN (SUMMARY).

### Characterization of transcriptional regulatory mechanisms in response to phosphate starvation in *Arabidopsis thaliana*.

Plants have evolved adaptative responses that allow them to grow under conditions of limited phosphate (Pi) supply. These responses involve physiological and developmental changes, and are controlled by a complex regulatory mechanism whose details are beginning to be understood. PHR1 transcription factor is a key component of this regulatory system, previously described by Rubio *et al.*, (2001). *phr1* mutants display impaired Pi starvation induced physiological and developmental responses. In addition, PHR1 is known to bind *in vitro* to the sequence GNATATNC called P1BS (Rubio *et al.*, 2001).

In this study, we investigated the transcriptome fluctuations due to Pi starvation and the control of PHR1 on these transcriptional changes using oligo-based microarrays. The public availability of microarray data, through the GENEVESTIGATOR database, enabled us to compare the Pi starvation response with other treatments, highlighting correlations between Pi starvation and other treatments. PHR1 regulated genes display similar behaviour (with regard to co-modulation by other signals) than all other Pi starvation responsive genes. This indicates that PHR1 controls both Pi starvation specific and general stress responsive genes.

The *in vivo* analysis of the cis-regulatory element P1BS demonstrated its important role in Pi starvation responsiveness, and demonstrated that the precise localisation of P1BS in the promoter greatly affects its functionality. We also constructed an artificial PHR1 responsive element that showed correct *in vivo* functionality, and therefore it could be used as a sensor for Pi starvation.

Finally, we also performed analysis of epigenetic modifications in the promoter region of some Pi starvation responsive genes. The results revealed that histone modifications establish a new layer of differential transcriptional regulation in the control of Pi starvation inducible genes. We also encountered in *Arabidopsis* a histone eviction mechanism in the P1BS proximal region of the promoter of the acid phosphatase *ACP5*, previously unknown for any plant species. It is therefore noticeable that *ACP5*, even displaying no sequence homology to the yeast phosphatases *PHO5* and *PHO8*, converged to a common chromatin remodelling mechanism. Nucleosome remodelling mechanism has been previously described for the promoter of the yeast genes for *PHO5* and *PHO8* phosphatases.

---

## **INTRODUCCIÓN.**

### **1. - LA IMPORTANCIA DEL FOSFATO PARA LOS ORGANISMOS FOTOSINTÉTICOS.**

Las plantas necesitan nutrientes minerales para crecer y desarrollarse. A diferencia de los animales que pueden moverse para buscar alimentos, las plantas con su característica inmovilidad tienen que recurrir a otros mecanismos. Entre los minerales fundamentales que las plantas tienen que extraer del suelo para poder sobrevivir se pueden distinguir dos clases, de acuerdo con la cantidad necesaria para el crecimiento, macronutrientes (nitrógeno, fósforo, potasio, calcio, magnesio y azufre) y micronutrientes (boro, cobre, hierro, cloro, manganeso, molibdeno, níquel y zinc). El fósforo desempeña importantes funciones en la planta como parte relevante de moléculas fundamentales para la vida, tales como DNA, RNA y fosfolípidos, y es uno de los nutrientes más importantes para el crecimiento de la planta, tanto desde un punto de vista cualitativo como cuantitativo (Marschner, 1995). La importancia del fósforo a nivel cuantitativo tiene gran relevancia agronómica puesto que la disponibilidad en el suelo de su principal forma asimilable, el fosfato, suele ser baja. Así, el fósforo es, después del nitrógeno, el macronutriente más limitante para el desarrollo de sistemas vegetales y por tanto para la productividad de las cosechas.

Hasta el momento, en los países desarrollados los problemas de nutrición de fosfato se han solventado a través de una aportación masiva de fertilizantes ricos en fosfato (hasta 4 veces la cantidad necesaria) a las superficies cultivadas. Este excesivo aporte de fosfato implica que este nutriente puede lavarse por las aguas de escorrentía y provocar, en último término, la eutrofización de ecosistemas acuáticos. Además, el fosfato lavado de los suelos se va depositando en el fondo de los mares de donde es difícilmente recuperable. Por lo tanto, las reservas minerales de fosfato no son renovables en la práctica y se estima que al actual ritmo de consumo se producirá el agotamiento de las fuentes de fosfato mundiales, con costes de extracción razonables, en los próximos 60-90 años (Raghothama, 1999).

#### **1.1 La respuesta de las plantas a la carencia de fosfato. Adaptaciones de desarrollo, fisiológicas y metabólicas.**

Dada la baja disponibilidad de fosfato en muchos suelos naturales, las plantas han desarrollado, a lo largo de su evolución, sistemas de rescate que les permiten adaptar su crecimiento a suelos con bajo contenido en fosfato. Estos sistemas adaptativos de rescate implican cambios a nivel de desarrollo, fisiológico, metabólico y molecular. A nivel de desarrollo se observa una disminución en la tasa de crecimiento global de la planta asociada a un aumento de la relación raíz/parte aérea (Bates and Lynch, 1996). Este aumento relativo del crecimiento de la raíz es resultado de un incremento en el número y longitud de las raíces laterales, y tiene como

---

finalidad aumentar el volumen de suelo a explorar. Así mismo, se produce un incremento en el número y tamaño de los pelos radiculares, aumentando por tanto la superficie de contacto planta/suelo, lo cual es importante al tratarse el fosfato de un ión poco móvil. Este fenómeno característico de la respuesta al ayuno de fosfato va acompañado de una reducción del contenido de citoquininas, hormonas vegetales que favorecen el desarrollo de la parte aérea y que inhiben la proliferación de raíces laterales (Horgan and Wareing, 1980). Además de este cambio de desarrollo se producen otros como el retraso en la floración, reducción del número de flores, restricción de la formación de semillas, reducción de la superficie y del número de hojas, y senescencia prematura de las mismas (Marschner, 1995).

Otra respuesta adaptativa de desarrollo común a numerosas especies de plantas, fundamentalmente de la familia Proteaceae, es la formación de estructuras especializadas en la movilización y captación de fosfato del suelo. Dichas estructuras, denominadas proteoides, son agrupaciones de pequeñas raíces laterales con numerosos pelos que se originan en diferentes lugares que las raíces laterales (Skene, 2000). Los proteoides se caracterizan por su eficacia en la captación de fosfato inmovilizado, ya que secretan grandes cantidades de ácidos orgánicos (malato y citrato),  $H^+$  y fosfatasas en un volumen de suelo muy pequeño (Watt and Evans, 1999). Además, muchas plantas han desarrollado también la capacidad de establecer interacciones simbióticas con hongos micorrícicos para potenciar la captación de fosfato, lo que permite explorar un gran volumen de suelo gracias a las hifas de estos hongos (revisado en Harrison, 1999).

Las adaptaciones fisiológicas y metabólicas implican cambios que incrementan la disponibilidad de fosfato endógeno y exógeno. A nivel fisiológico el cambio más evidente es la removilización de las fuentes de reserva de fosfato y carbohidratos, invirtiendo la dirección de los flujos fuente/sumidero y permitiendo un flujo de fosfato desde las hojas hacia las raíces. Este proceso permite a la raíz contar con las fuentes de energía necesarias para explorar el suelo en búsqueda de nuevas fuentes de fosfato (Adalsteinsson and Jensen, 1990).

Otros cambios adaptativos incluyen alteraciones en la composición lipídica en el tilacoide, donde los fosfolípidos se reemplazan en parte por sulfolípidos, la acumulación de antocianinas como pigmentos fotoprotectores y la utilización de reacciones alternativas en la glicólisis y en la respiración (Duff *et al.*, 1989). Estas reacciones alternativas están mediadas por enzimas que no requieren fosfato ni nucleótidos fosfato y contribuyen a la supervivencia de las plantas en periodos largos de carencia de fosfato. La planta incrementa también la producción y secreción de ácidos orgánicos por la raíz que ayudan en la liberación de moléculas de fosfato de sus sales con iones hierro y aluminio (Lipton *et al.*, 1987), induce la síntesis de transportadores de fosfato de alta afinidad para aumentar la captación de fosfato, e induce y secreta algunas fosfatasas, que en conjunto con la acción de RNAsas inducibles por fosfato, permiten la movilización eficiente de fosfato de la materia orgánica presente en el suelo (Abel *et al.*, 2000).

---

## **1.2.- Control transcripcional y post-transcripcional de la respuesta al ayuno de fosfato.**

Las alteraciones antes mencionadas son, en gran parte, resultado de cambios en la expresión génica. Desde hace varios años se conocen varios genes que responden a la carencia de fosfato, tales como aquellos que codifican los transportadores de fosfato de alta afinidad, RNasas y fosfatasas (Bariola *et al.*, 1994, del Pozo *et al.*, 1999, Haran *et al.*, 2000). Algunas de estas respuestas son inducibles también por otros estímulos y estreses ambientales, mientras que otras son exclusivamente específicas de la respuesta al ayuno de fosfato. En los últimos años también se han descubierto otros mecanismos de regulación post-transcripcional de la respuesta al ayuno de fosfato. En esta sección se describirán en primer lugar estos mecanismos post-transcripcionales y, posteriormente, se describirán más extensivamente los mecanismos de control transcripcional de dicha respuesta (véase Figura 1).

### **1.2.1.- Regulación del tráfico intracelular de los transportadores de alta afinidad en la respuesta al ayuno de fosfato.**

Estudios en levaduras demostraron la importancia de las proteínas que facilitan la salida de los transportadores de fosfato desde el retículo endoplasmático, donde se sintetizan, hacia la membrana plasmática. Así, PHO86, una proteína del retículo endoplasmático de levaduras, es la encargada de reclutar a los transportadores de fosfato en el retículo endoplasmático y cargarlos en las vesículas COPII. De este modo, los transportadores son dirigidos hacia el Golgi y finalmente son incorporados a la membrana plasmática, donde ejercen su función (Lau *et al.*, 2000, Barlowe, 2003).

A través de una búsqueda de plantas mutantes de *Arabidopsis* que expresaran de manera constitutiva el gen *IPS1*, altamente inducible por carencia de fosfato, se identificó el mutante *phf1* (*phosphate transporter traffic facilitator1*), en el cual la proteína PHT1 (transportador de fosfato de alta afinidad) está retenida siempre en el retículo endoplasmático. El estudio de dicho mutante mostró que la proteína PHF1 facilita el transporte de PHT1 desde el retículo endoplasmático hacia la membrana plasmática. PHF1 está relacionada con las proteínas SEC12 de levaduras y, aunque exhibe una similitud funcional con PHO86 de levaduras, es estructuralmente diferente a ésta última. Estos datos indican que plantas y levaduras explotaron de manera diferente las bajas restricciones estructurales propias de los cofactores de salida del retículo endoplasmático para evolucionar de manera independiente proteínas accesorias del tráfico intracelular (Gonzalez *et al.*, 2005).



---

### **1.2.2.- Posible implicación de la ruta de la ubiquitina/ proteosoma 26S en la regulación de las respuestas al ayuno de fosfato.**

El descubrimiento de que procesos de degradación de las proteínas podían ejercer un papel importante como uno de los principales mecanismos reguladores post-traduccionales se conoce desde los años 70, pero solo recientemente se han relacionado estos procesos de degradación en plantas con respuestas a estreses bióticos y a hormonas (Dreher and Callis, 2007). El sistema de degradación dependiente de ubiquitinación y degradación via proteosoma permite de esta manera alterar el proteoma de una planta para que ésta tenga mayor plasticidad y capacidad adaptativa a variables medioambientales (Stone and Callis, 2007).

La posible implicación de dicho mecanismo regulador en la respuesta al ayuno de fosfato se dedujo a partir de la clonación posicional de *PHO2* (uno de los principales genes reguladores de la homeostasis del fosfato). *PHO2* posee alta homología con enzimas E2 ubiquitín-conjugasas (Delhaize and Randall, 1995, Bari *et al.*, 2006). Estas enzimas catalizan la transferencia, dependiente de ATP, de una molécula de ubiquitina a una proteína sustrato, tanto directamente como indirectamente vía una E3 ligasa. Este proceso marca la proteína sustrato y, en muchos casos, determina su degradación proteica dependiente del proteosoma 26S (Smalle and Vierstra, 2004). Dicha evidencia, aunque no confirmada por vía experimental, sugiere que uno de los posibles mecanismos de regulación de la homeostasis interna del fosfato pasa a través de la ubiquitinación de proteínas específicas y su posible degradación via proteosoma.

### **1.2.3.- Sumoilación en la respuesta al ayuno de fosfato.**

La identificación del mutante *siz1*, que tiene afectada la función de una SUMO (small ubiquitin-like modifier) E3-ligasa, ha aportado evidencias sobre un posible papel de los procesos de sumoilación en la respuesta al ayuno de fosfato, puesto que el mutante *siz1* presenta algunas respuestas alteradas negativamente en presencia de fosfato y positivamente en condiciones de ayuno de fosfato. Experimentos *in vitro* han determinado además que la proteína SIZ1 es capaz de sumoilar al factor de transcripción PHR1, específico de la respuesta al ayuno de fosfato, sugiriendo que su acción de regulación génica sea modulada a través de modificaciones post-traduccionales (Miura *et al.*, 2007, Miura *et al.*, 2005).

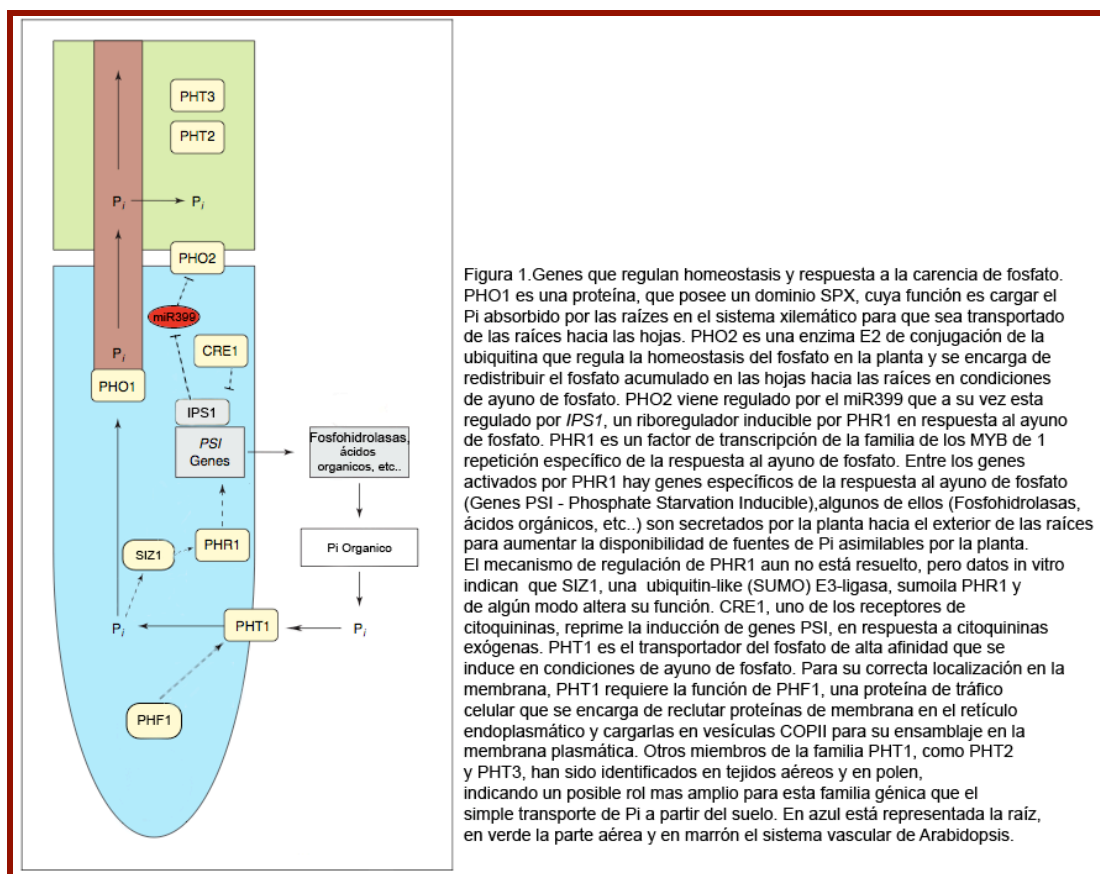
### **1.2.4.- Regulación de la homeostasis del fosfato por microRNAs.**

Otro conocido e importante mecanismo regulador post-transcripcional de plantas y animales es aquel mediado por microRNAs, que dirigen la degradación o represión traduccional de sus mRNAs diana. Se ha identificado un microRNA inducible por ayuno de Pi, el microRNA 399 (miR399), que tiene como diana el mRNA de *PHO2*, cuyos niveles se reducen rápidamente en ausencia de fosfato (Chiou *et al.*, 2006; Fujii *et al.*, 2005). Experimentos con injertos han indicado

un posible movimiento del miR399 de la parte aérea hacia la raíz durante el ayuno de fosfato, sugiriendo un posible mecanismo de control a distancia por parte de los miR sobre *PHO2* para limitar la translocación de fosfato al tallo en respuesta a esta carencia nutricional (Lin *et al.*, 2008).

### 1.2.5.- Un nuevo mecanismo regulador de la función de miRNAs en la respuesta al ayuno de fosfato.

En los últimos años se han identificado varios miembros de la familia génica *Mt4/TPS11*. Estos genes se inducen específicamente por el ayuno de fosfato y codifican RNAs con marcos de lectura abiertos, pequeños y no conservados, lo cual sugeriría que podrían actuar como riborreguladores (Burleigh and Harrison, 1999, Martin *et al.*, 2000). Estudios recientes han demostrado el mecanismo de acción de estos riborreguladores, que imitan a una diana de miRNA pero al no ser degradables por la acción de éste, lo secuestran. El RNA de *IPS1* por ejemplo, tiene alta complementariedad, aunque no completa, con el miRNA miR399, con el que se aparea de forma estable presentando un bucle de desapareamiento de 3 nucleótidos, justo en el sitio de corte por lo que es resistente a la degradación dirigida por miR399. Con este mecanismo, denominado de imitación de diana (target mimicry), se inhibe la actuación del miRNA y tiene como resultado un incremento de la acumulación del mRNA de *PHO2* (Franco-Zorrilla *et al.*, 2007).



---

### 1.3 Papel de las hormonas en los cambios fisiológicos y génicos en respuesta al ayuno de fosfato.

Se conoce desde hace años la implicación de varias hormonas en la respuesta al ayuno de fosfato (revisado en Rubio *et al.*, 2008). La primera evidencia se obtuvo a partir de estudios que determinaron un papel regulador negativo de las citoquininas en muchos de los genes inducibles por ayuno de fosfato, tales como *At4*, *IPS1*, *AtPHT1* y *ACP5* (Martin *et al.*, 2000). Por otra parte, este efecto de las citoquininas se veía reducido en el mutante del receptor canónico de citoquininas *cre1*, por lo que se sugirió la existencia de al menos un componente compartido entre las distintas rutas de señalización mediadas por este tipo de hormona (Franco-Zorrilla *et al.*, 2002).

Estudios recientes sugieren que el papel de las citoquininas no es directo sobre los genes de respuesta al ayuno de fosfato, sino que los efectos de estas hormonas dependen directamente de la tasa de actividad del ciclo celular, que viene afectada por las citoquininas (Lai *et al.*, 2007).

Existen datos que sugieren que la carencia de fosfato aumenta la sensibilidad de la raíz de *Arabidopsis* a la hormona auxina, puesto que los requerimientos de auxina para obtener idénticos efectos fenotípicos en condiciones de presencia de fosfato son 100 veces mayores (López-Bucio *et al.*, 2002). Por otra parte, se han descrito cambios importantes en la distribución de la hormona auxina en condiciones de ayuno de fosfato (Nacry *et al.*, 2005), aunque muchos mutantes de la vía de señalización de esta hormona responden de manera normal a la carencia de fosfato.

Por su parte, el etileno provoca una disminución del crecimiento de la raíz en condiciones de disponibilidad de fosfato, mientras que en condiciones de carencia de fosfato provoca el efecto contrario (Borch *et al.*, 1999, Ma *et al.*, 2003). Además, la inhibición de la síntesis de etileno provoca que la iniciación de los pelos radiculares tenga lugar más cerca del meristemo de la raíz en plantas sometidas al estrés, mientras que éstos se desarrollan a una mayor distancia del mismo en plantas cultivadas en medio rico (Ma *et al.*, 2003). Así pues, la señal de etileno que influye en la formación de pelos radiculares en condiciones de escasez de fosfato parece afectar a un mecanismo distinto al que impera en condiciones de disponibilidad de fosfato.

La hormona giberelina (GA) y las proteínas de la familia DELLA han sido recientemente relacionadas con diversos aspectos de la adaptación de la planta en respuesta a muchas variables ambientales, incluido el ayuno de fosfato (Jiang *et al.*, 2007). Se ha observado que niveles adecuados de GA activa y de las proteínas DELLA son necesarios para que al menos algunas de las respuestas características al ayuno de fosfato se manifiesten.

Estos datos implican varios niveles de interacción entre hormonas y la respuesta al ayuno de fosfato, aunque hasta el momento no se conocen los mecanismos moleculares exactos y si la regulación es directa o indirecta.

---

## 2. - REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL

En el modelo general de expresión génica en eucariotas intervienen distintos elementos. El núcleo del promotor (core promoter) de un determinado gen marca el punto de anclaje para la RNA Polimerasa II y la maquinaria general de transcripción (factores de transcripción [TF] generales). Para que se produzca esta interacción es necesaria la presencia de TF específicos que se unan a secuencias cis-reguladoras generalmente presentes en la región del promotor y modulen la tasa de inicio de la transcripción de su gen diana de manera específica (Carey and Smale, 2000). Además, en este entorno se encuentran co-activadores/co-represores que interactúan con los reguladores transcripcionales mediando o facilitando los efectos de estos sobre la maquinaria general de transcripción, tanto por interacciones directas con los reguladores como indirectamente modificando la estructura cromatínica (Martinez, 2002).

### 2.1 Factores Transcripcionales (TF)

Los factores de transcripción son las proteínas que en última instancia determinan la actividad transcripcional efectiva de cada gen, actuando tanto como activadores o represores de la transcripción. Actúan reconociendo secuencias específicas de DNA, llamadas elementos cis-reguladores, y lo hacen a través de dominios de interacción con el DNA, cuya homología de secuencia permite catalogarlos en familias concretas, tales como por ejemplo los motivos “dedo de zinc”, homeodominio, bHLH, bZIP, MYB y muchos otros más. Los dominios activadores y represores determinan su papel regulador positivo o negativo a través de contactos directos con la maquinaria general de transcripción. La estructura de los TF es modular y los dominios de unión a DNA y los de activación/represión pueden ser intercambiables entre distintos TF y funcionales en distintos organismos manteniendo las características del dominio intactas (Ptashne, 1988). Algunos TF pueden interactuar con el DNA como dímeros (homo- y heterodímeros) o con el auxilio de moléculas inorgánicas como en el caso de los dominios “dedo de zinc”. La capacidad de reconocer una secuencia específica junto con la naturaleza combinatorial y competitiva de los TF para reconocer una determinada secuencia y activar/reprimir la transcripción permite modular de manera específica una respuesta génica (Carey and Smale, 2000).

El número de TF presentes en el genoma de Arabidopsis parece ser mayor que en otros organismos, puesto que cuenta con el 6% de TF contra un 3% de Caenorhabditis y 5% de Drosophila. Además, hay que apuntar que cerca del 45% de los TF de plantas pertenece a clases de TF específicos de plantas que no tienen homólogos en otros reinos. Estos datos, que indican una complejidad reguladora incluso mayor que en animales, podría reflejar tanto las numerosas duplicaciones parciales que ha sufrido el genoma de Arabidopsis a lo largo de la evolución, como también la complejidad de su metabolismo secundario (Riechmann and Ratcliffe, 2000) y la

flexibilidad reguladora necesaria de un sistema que está expuesto y tiene que responder a continuas alteraciones del medio (Ratcliffe and Riechmann, 2002).

## 2.2 Secuencias cis-reguladoras.

Como se ha indicado, los TF reconocen secuencias específicas de DNA generalmente localizadas en la región promotora de los genes bajo su control denominadas elementos cis-reguladores. Estos elementos cis-reguladores que componen un promotor se caracterizan por ser secuencias relativamente cortas y pueden ser clasificados como generales, como por ejemplo la TATA-box que define el punto de anclaje de la maquinaria de transcripción, y como específicos puesto que van a dirigir la expresión de un gen en respuesta a una señal medioambiental o de desarrollo. La regulación de la expresión génica se consigue a través del conjunto de elementos cis-reguladores que funcionan como módulos en gran parte independientes y de los TF presentes en cada célula. El posicionamiento de cada elemento en relación al de los nucleosomas es fundamental para distinguir un elemento cis-regulador funcional de una secuencia casual. La transcripción va a ocurrir en función de la acción combinatorial de los TF presentes en el núcleo de una célula, y la combinación de elementos cis-reguladores presentes en el promotor de un gen, que en conjunto van a modular la respuesta transcripcional. En Arabidopsis se conocen numerosos elementos cis-reguladores específicos de respuesta a determinados estreses (véase Tabla 1).

Elemento cis-regulador	Secuencia	Tipo de TF que une este elemento cis-regulador	Gen	Tipo de estrés
ABRE	PyACGTGGC	bZIP	Em, RAB16	Déficit hídrico, ABA
CE1	TGCCACCGG	ERF/AP2	HVA1	ABA
CE2	ACGCGTGCCTC	desconocido	HVA22	ABA
ABRE	ACGTGTC	bZIP	Osem	ABA
ABRE	ACGTGGC, ACGTGTC	bZIP	RD29B	Déficit hídrico, ABA
MYBR	TGGTTAG	MYB	RD22	Déficit hídrico, ABA
MYCR	CACATG	bHLH	RD22	Déficit hídrico, ABA
DRE	TACCGACAT	ERF/AP2	RD29A	Déficit hídrico, frío
CRT	GGCCGACAT	ERF/AP2	Cor15A	Frío
LTRE	GGCCGACGT	ERF/AP2	BN115	Frío
NACR	ACACGCATGT	NAC	ERD1	Déficit hídrico, Frío
ICEr1	GGACACATGTCAGA	desconocido	CBF2/DREB1C	Frío
ICEr2	ACTCCG	desconocido	CBF2/DREB1C	Frío
P1BS	GNATATNC	MYB	PHR1	Fosfato

Tabla 1.

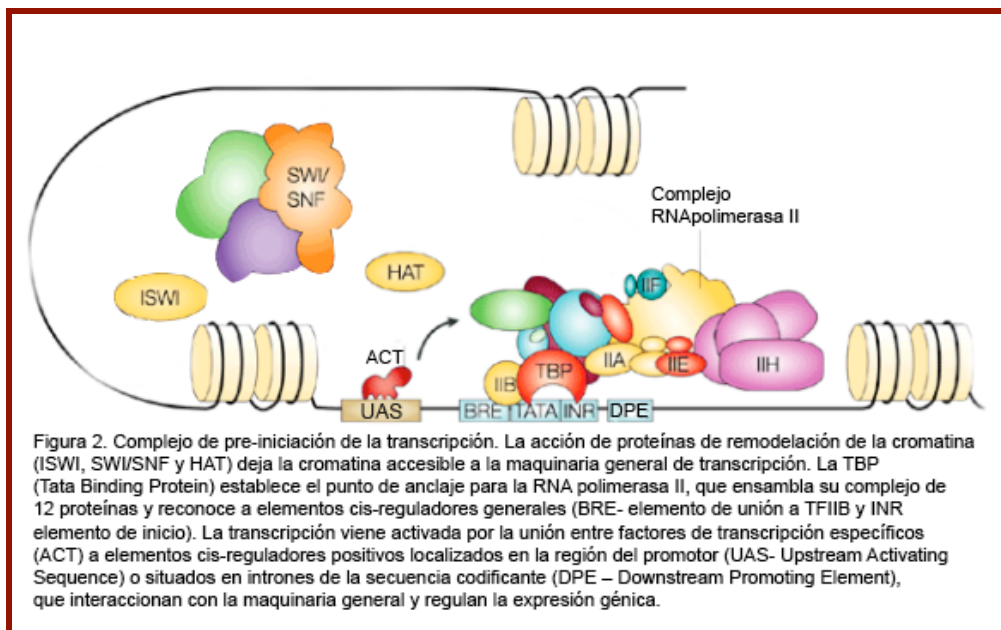
(extraído de Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki, 2005)

Desde un punto de vista evolutivo la modularidad, el tamaño pequeño y la acción combinatorial de los elementos cis-reguladores ha permitido que estos sean una fuente predominante de evolución y de variabilidad morfológica de los organismos eucariotas (Carroll,

2000). En general, a diferencia de lo que ocurre en animales, en *Arabidopsis* las secuencias cis-reguladoras se encuentran agrupadas en zonas bastante delimitadas y cercanas al comienzo del gen (no existen “enhancers”), como también dentro de los primeros intrones de la secuencia génica (Ratcliffe and Riechmann, 2002).

### 2.3 Co-activadores y co-represores.

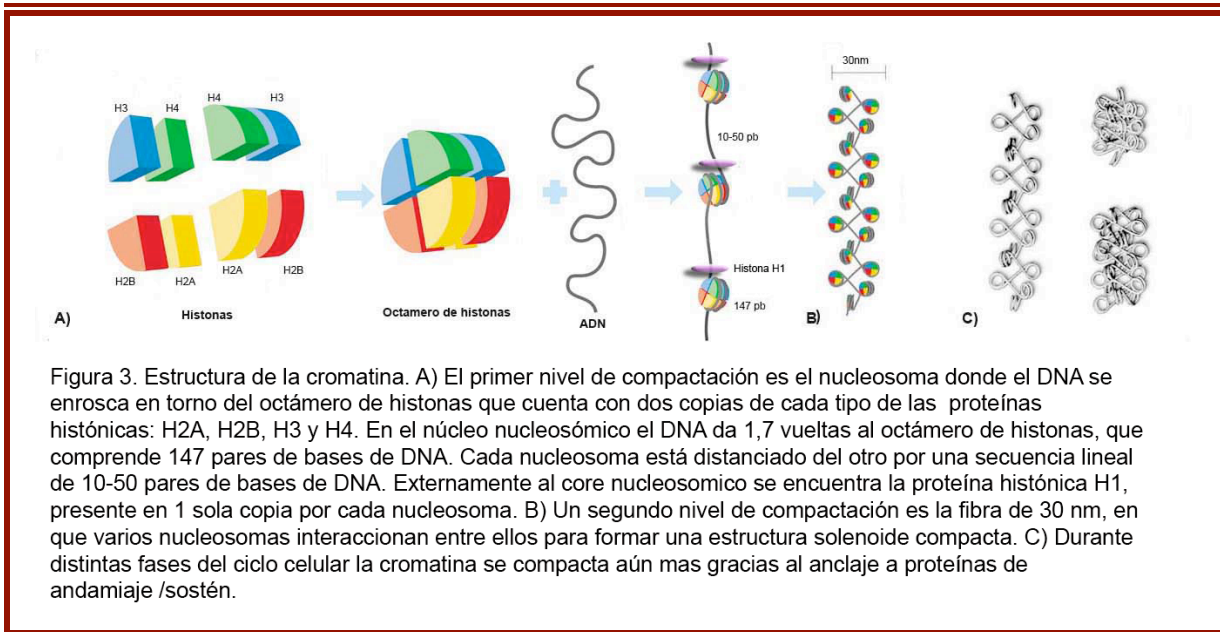
La expresión génica también puede ser modulada por co-represores y co-activadores. Se puede definir un co-represor/co-activador como aquella proteína que no tiene capacidad de unión al DNA y, por lo tanto, que modula la transcripción cuando es reclutada hacia un complejo regulador por interacciones proteína-proteína (Herschbach and Johnson, 1993). Existen co-reguladores generales que tienen función de puente entre distintos reguladores o que tienen función basal asociándose a la maquinaria general de transcripción, mientras que hay co-reguladores asociados a reguladores que son reclutados hacia las secuencias cis-reguladoras por reguladores específicos y que tienen la función enzimática de modificar la estructura de la cromatina (Martinez, 2002).



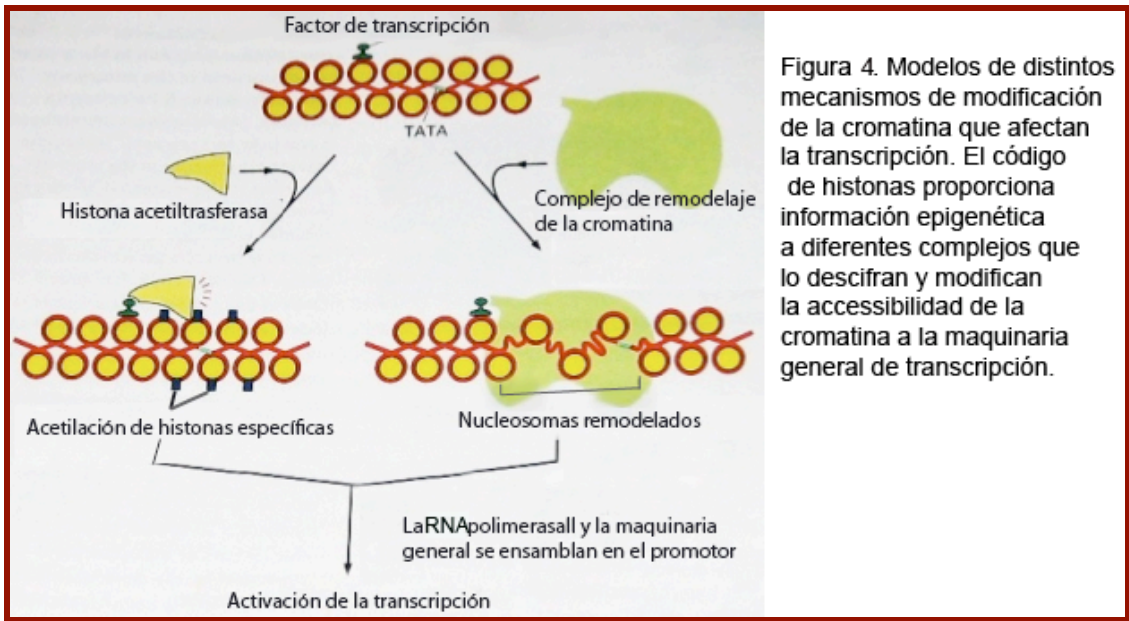
### 3.- CROMATINA Y REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL.

La cromatina, el complejo de DNA, proteínas y RNA presentes en el núcleo de los eucariotas, sirve para organizar y compactar el material genético (véase Fig.3). El empaquetamiento de la cromatina afecta, mediante su efecto sobre la accesibilidad y compactación, a numerosos procesos relacionados con el DNA, tanto de replicación como de transcripción (véase Fig.4).





Un factor de extrema importancia en la plasticidad de este mecanismo regulador es que una alteración de los niveles de transcripción, realizada a través de modificaciones cromatínicas, se perpetúa a través de la mitosis pero al mismo tiempo es fácilmente reversible.



### 3.1 Genes de ensamblaje de la cromatina

Las principales actividades de los genes de ensamblaje de la cromatina están relacionadas con la replicación del DNA, pero también se han visto implicaciones en la expresión génica eucromática. Las proteínas del complejo de ensamblaje de la cromatina son chaperonas de histonas (ASF1 y CAF1) que participan facilitando y reclutando a las histonas hacia los sitios de ensamblaje (Ramirez-Parra and Gutierrez, 2007), y pueden interactuar con histona deacetilasas

---

y Retinoblastoma (Nicolas *et al.*, 2000) y por lo tanto afectar a la transcripción, tal como se ha comprobado mediante análisis transcriptómico en los mutantes de CAF1 (Schonrock *et al.*, 2006).

### **3.2 Genes de remodelación de la cromatina.**

El término remodelación de la cromatina incluye diferentes procesos tales como: i) metilación del DNA; ii) modificaciones de la cromatina que requieren hidrólisis de ATP y iii) modificaciones covalentes de las colas de histonas. Aunque todos estos procesos se han implicado en la regulación transcripcional de diferentes organismos, el papel de alguno de ellos no ha podido constatarse en todas las especies. A continuación se describirán solo los genes mas importantes relacionados con cada uno de los procesos y sus efectos en el desarrollo vegetal.

#### **3.2.1 Metilación del DNA.**

La metilación del DNA afecta a la estructura tridimensional de la cromatina y el reconocimiento por parte de los TF de los elementos cis-reguladores, afectando así a la transcripción. En Arabidopsis, la metilación de DNA se ha asociado principalmente con procesos de silenciamiento de transposones y de transgenes (Jacobsen and Meyerowitz, 1997, Lippman *et al.*, 2004, Miura *et al.*, 2001, Soppe *et al.*, 2002, Murfett *et al.*, 2001). Aún hoy no se ha esclarecido de manera unívoca las relación entre metilación del DNA y la metilación de histonas, que parecen ser procesos ligados el uno al otro (Johnson *et al.*, 2002). En plantas, la metilación del DNA puede ocurrir no solo en secuencias simétricas CG tal como ocurre en animales (Bird, 2002), sino también en secuencias CNG (N= cualquier nucleótido) y secuencias asimétricas CHH (H= A, C y T) (Finnegan and Kovac, 2000). La metilación del DNA está mediada principalmente por metiltransferasas, aunque se ha visto que las metilaciones CNG, específicas de las plantas, son catalizadas por la cromometilasa 3 (CMT3) (Lindroth *et al.*, 2001, Bartee *et al.*, 2001) que también está implicada en los procesos de metilación de CHH asimétricos.

#### **3.2.2 Modificaciones de la cromatina dependientes de ATP**

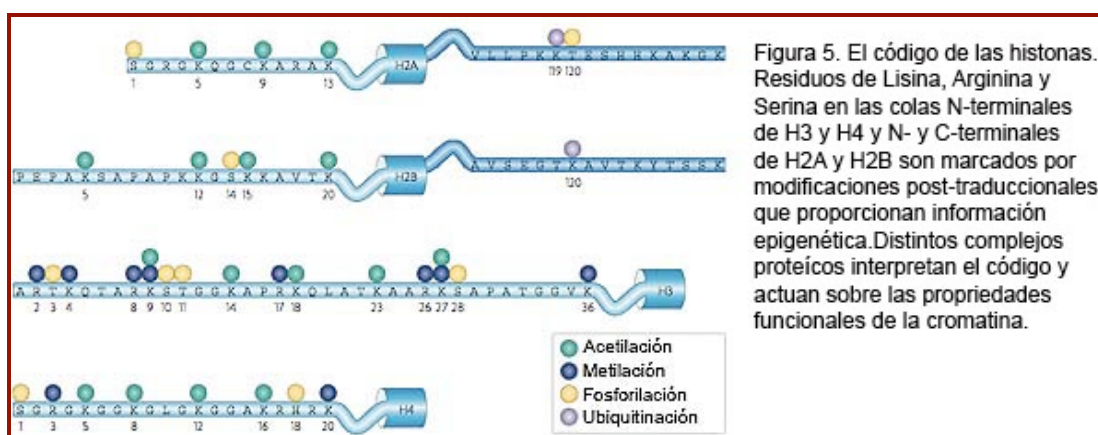
La remodelación de la cromatina dependiente de ATP se lleva a cabo por complejos multiproteicos (CRMs) que modulan la fluidez de la cromatina variando la estructura del nucleosoma o introduciendo torsión súper helicoidal en el DNA, proceso que requiere energía (ATP) (Havas *et al.*, 2000). La actividad de estos complejos puede causar el deslizamiento de un nucleosoma, puede retirarlo o bien puede mejorar la accesibilidad a enzimas como la DNasa I, sin cambios aparentes en la posición del octámero. De esta forma se aumenta la fluidez de la cromatina (Narlikar *et al.*, 2002) y con ello la accesibilidad, de modo transitorio, a varios factores implicados en la regulación de la transcripción.



Los complejos dependientes de ATP se caracterizan por presentar una subunidad central que es la ATPasa dependiente de DNA. Estos complejos multiproteicos se clasifican según el tipo de ATPasa que forma el núcleo catalítico del complejo. Actualmente, se distinguen 3 subfamilias de ATPasas denominadas SWITCH2/SUCROSE NON-FERMENTING2 (SWI2/SNF2), IMITATOR OF SWITCH (ISWI) y CHD (Cromodominio, dominio Helicasa-ATPasa y dominio de unión al DNA). En Arabidopsis se ha caracterizado una cuarta clase de ATPasas que presenta características intermedias entre ISWI y SWI2/SNF2, la del gen DECREASE IN DNA METHYLATION (DDM1) (Jeddeloh *et al.*, 1999, Brzeski and Jerzmanowski, 2003).

### 3.3 La modificación covalente de las colas histónicas: el “código de las histonas”

Las colas N-terminales y C-terminales de las histonas están sujetas a diversas modificaciones post-traduccionales covalentes tales como: acetilaciones, metilaciones, fosforilaciones, ubiquitinaciones, glicosilaciones, ADP-ribosilaciones, carbonilaciones y sumoilaciones. Las mas estudiadas hasta el momento son las metilaciones y acetilaciones aunque el campo de las modificaciones de histonas está en continua revisión (Berger, 2007). Este conjunto de modificaciones se ha denominado “código de las histonas”, puesto que proporcionan información epigenética a la cromatina, alterando sus propiedades funcionales, y por lo tanto la información genética en ella encerrada (Strahl and Allis, 2000, Turner, 2000). Las modificaciones covalentes de las histonas sirven para reclutar proteínas hacia los nucleosomas, que “descifran” el código e “interpretan” de forma biológica este mensaje (revisado en Loidl, 2004). La información de estas modificaciones viene determinada por su naturaleza combinatoria y por la interdependencia entre ellas, de manera que ciertas modificaciones pueden promover o impedir otras (Rice and Allis, 2001).



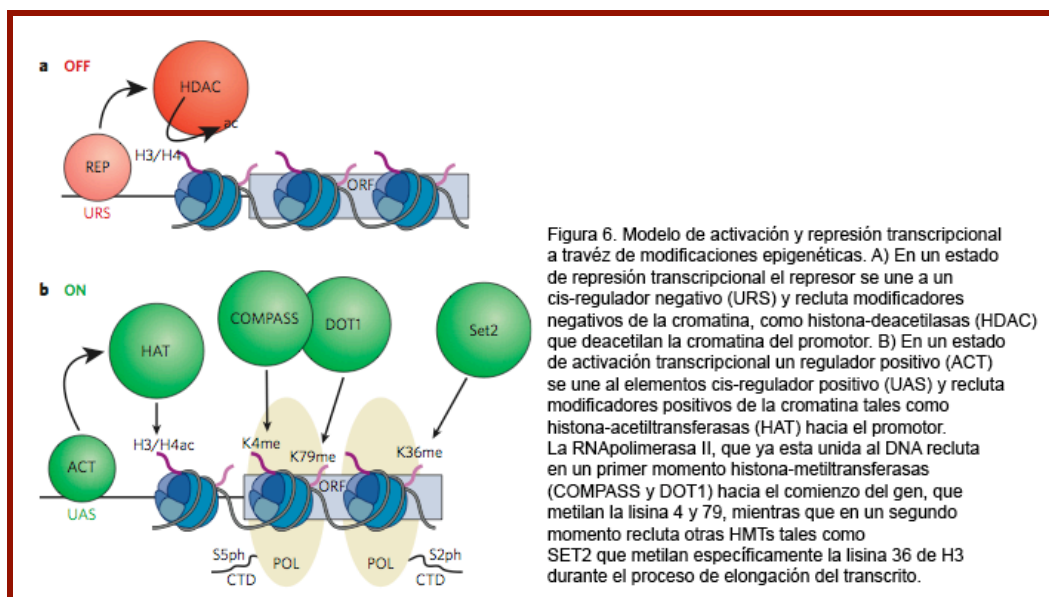
#### 3.3.1 Metilación de las histonas

La metilación de las histonas se lleva a cabo mediante enzimas metiltransferasas (HMTs), que metilan los residuos lisina (K) y arginina (R) de las colas de las histonas H3 y H4. Las HMTs presentan un dominio característico llamado SET, que se definió a partir de 3 proteínas de

*Drosophila*: SUPPRESSOR OF VARIATION 3-9 (SU(VAR3-9)), ENHANCER OF ZESTE (E(z)) y THRYTHORAX (TRX). El descubrimiento de que SU(VAR3-9) era capaz de metilar H3K9 ha establecido una relación unívoca entre la metilación de la lisina 9 de la histona H3 (H3K9<sup>Me</sup>) y la heterocromatina (Rea *et al.*, 2000). En *Arabidopsis* H3K9<sup>Me</sup> se encuentra principalmente en regiones heterocromatínicas centroméricas y pericentroméricas, llamadas cromocentros debido a su densa coloración por tinción con DAPI. La metilación de la lisina 4 de la histona H3 tiene funciones mucho más pleiotrópicas. Estudios recientes en animales indican que las metilaciones H3K4<sup>Me</sup> tienden a reclutar numerosas proteínas hacia estas zonas, y sorprendentemente éstas tienen actividad tanto inductora como represora (Berger, 2007). En cualquier caso, al menos en plantas las metilaciones H3K4<sup>Me</sup> se han asociado, hasta el momento, solamente a la activación génica y nunca a la represión génica, mientras las metilaciones H3K9<sup>Me</sup> se han asociado sólo a la represión génica (Fuchs *et al.*, 2006).

### 3.3.2 Acetilación de las histonas

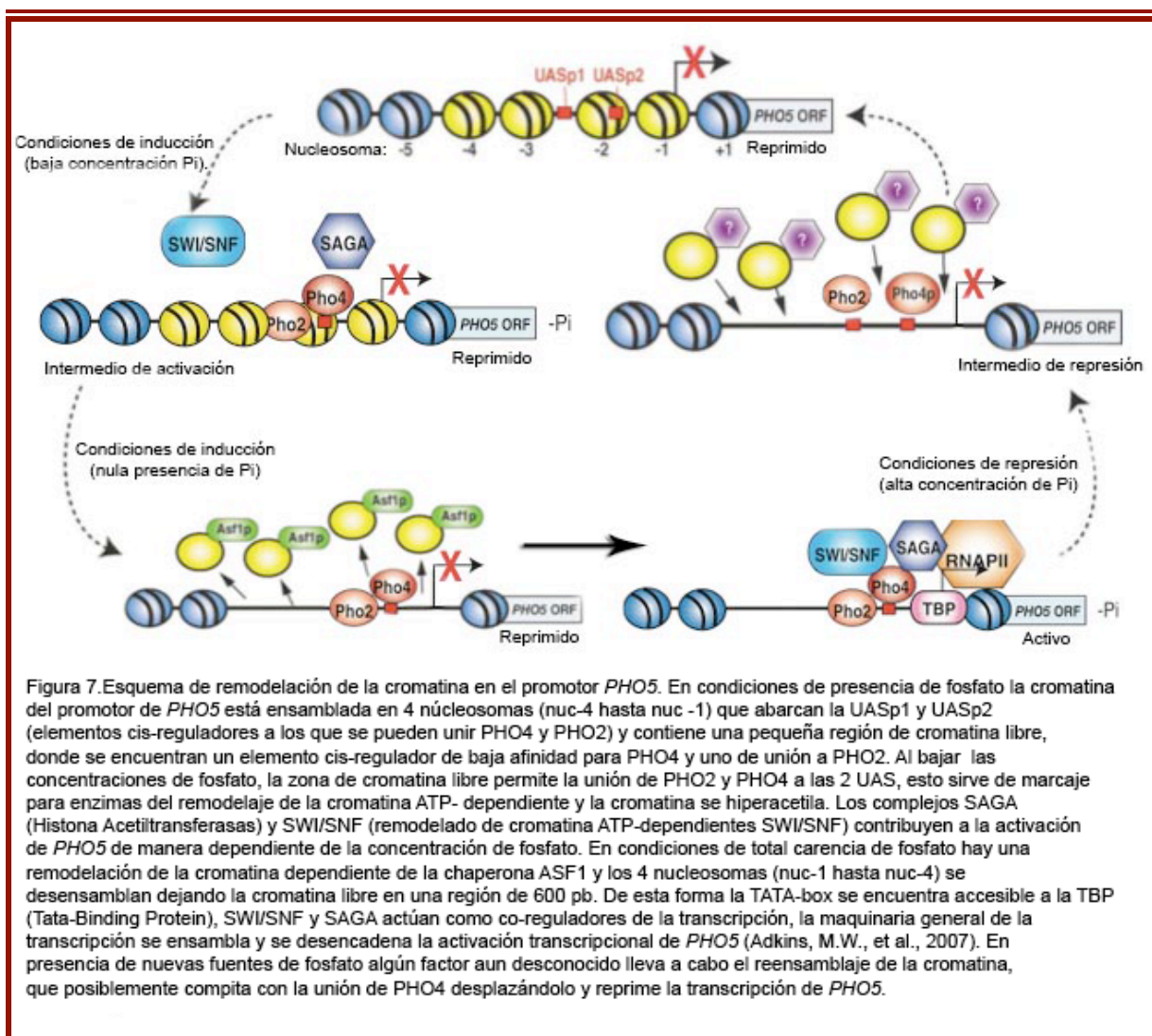
La acetilación de las colas de histonas se lleva al cabo exclusivamente en residuos de lisina de las histonas H3, H4, H2A y H2B y es un proceso reversible. Las acetilaciones están mediadas por las histona-acetiltransferasas (HATs), mientras que son eliminadas por las histona-deacetilasas (HDAC). Las histonas más acetiladas se localizan en zonas de la cromatina transcripcionalmente activas. La acetilación neutraliza la carga positiva de las lisinas, por lo tanto, el DNA (negativo) se une con menos fuerza al nucleosoma y queda más accesible a la maquinaria de transcripción. Por el momento las acetilaciones se han asociado solo a procesos de activación transcripcional (Carey and Smale, 2000). Por lo tanto, se habla de un estado permisivo, o sea más accesible a la maquinaria de transcripción, cuando la cromatina está hiperacetilada y restrictivo cuando está hipocetilada (Eberharter and Becker, 2002).



---

#### 4.- LA CARENCIA DE FOSFATO EN LEVADURAS. UN MODELO DE REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL Y EPIGENÉTICA.

El sistema emblemático donde se ha estudiado más en profundidad la respuesta al ayuno de fosfato es la levadura *Saccharomyces cerevisiae*. El regulón *PHO* de levaduras responde a los niveles de fosfato en el medio e incluye genes que codifican fosfatasas ácidas (PHO3, PHO5, PHO10 y PHO11) y alcalinas (PHO8 y PHO13), transportadores de alta afinidad (PHO84 y PHO89), reguladores positivos (PHO2 y PHO4) y negativos (PHO80 y PHO85) (Magbanua *et al.*, 1997a, Magbanua *et al.*, 1997b). El estado de fosforilación de PHO4 regula su localización subcelular. Bajo condiciones de disponibilidad de fosfato la proteína PHO4 se encuentra hiperfosforilada, y esta fosforilación, mediada por el complejo PHO80-PHO85 homólogo a un complejo ciclina-cdk quinasa (Kaffman *et al.*, 1994), la confina en el citoplasma. En condiciones de baja o nula presencia de fosfato una cascada de señalización activa PHO81 que inhibe la función quinasa del complejo PHO80-PHO85, permitiendo que PHO4 se defosforile y como consecuencia se trasloque al núcleo. PHO4 en el núcleo interacciona con otro factor de transcripción (PHO2) y activa la transcripción de los genes del regulón *PHO* (Lenburg and O'Shea, 1996). Dicha activación se realiza a través de la unión de PHO4 a secuencias específicas (tipo 1: GCACGTGGG y tipo 2: GCACGTTTT) flanqueadas por regiones ricas en A/T, a las cuales se une PHO2 (Magbanua *et al.*, 1997a). Por otro lado los datos *in vivo* evidencian que este mecanismo regulador no puede ser el único, puesto que mutando los únicos 5 sitios fosforilables de PHO4, éste se encuentra efectivamente defosforilado y localizado en el núcleo, pero es incapaz de reestablecer constitutivamente y completamente la función de PHO5, sino que se reestablece sólo parcialmente (O'Neill *et al.*, 1996).



En este sentido, se ha comprobado que la regulación del gen *PHO5* tiene un nivel de complejidad mayor puesto que su promotor puede presentar dos estados conformacionales de cromatina distintos. Así, estudios sobre la composición cromatínica del promotor de *PHO5* han demostrado la existencia de un mecanismo de eliminación (evicción) de histonas (Histone eviction) para controlar la conformación de la cromatina sin que haya desplazamiento de las histonas (Korber *et al.*, 2004). Además, se ha visto que *PHO8* también tiene un sistema de regulación de la cromatina idéntico con la única diferencia de que no se pierden 4 histonas sino que sólo se pierden 2, siempre en torno al elemento cis-regulador UASp2 (Munsterkötter *et al.*, 2000). El modelo de activación transcripcional de *PHO5* y *PHO8* está descrito en la Figura 7. Se ha descubierto además que en carencia de glucosa la TBP se desensambla del promotor de *PHO8*, un proceso que depende de ISWI1 (Imitation of Switch1) y del factor de transcripción de la familia bHLH-LZ, CBF1. Estos resultados indican la existencia de un mecanismo de regulación basal de la transcripción que desplaza TBP de su promotor, una forma de integrar la regulación transcripcional mediada por fosfato con la mediada por azúcar (Moreau *et al.*, 2003).

Estudios recientes han establecido la importancia de la remodelación de la cromatina como un nivel independiente de los TF en el control transcripcional. Así, mientras la fuerza de la

---

interacción del TF con su elemento cis-regulador determinará la intensidad máxima de activación, la estructura de la cromatina determinará la accesibilidad del TF al elemento cis-regulador (Lam *et al.*, 2008).

Por último, otros estudios indican que la remodelación de la cromatina de *PHO5* tiene dinámicas estocásticas para los 4 nucleosomas, y que la evicción de histonas sigue un modelo dinámico y no un modelo estático como se había propuesto anteriormente (Boeger *et al.*, 2008).

## **5.- REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL EN LA CARENCIA DE FOSFATO DE ARABIDOPSIS.**

Diversos análisis transcriptómicos realizados en Arabidopsis han demostrado que durante la carencia de fosfato se producen variaciones sustanciales en la expresión génica (Hammond *et al.*, 2003, Wu *et al.*, 2003, Misson *et al.*, 2005, Morcuende *et al.*, 2007). Se conocen diversos elementos reguladores que controlan a nivel transcripcional la respuesta al ayuno de fosfato en plantas. El primero factor de transcripción específico de la respuesta al ayuno de fosfato identificado fue PHR1. Las mutaciones en *PHR1* afectan significativamente a un gran número de respuestas de ayuno al fosfato, entre otras, al incremento de la relación raíz/parte aérea y a la acumulación de antocianinas, así como a la respuesta de varios genes al ayuno de fosfato, por lo que representa un gen clave en la regulación de esta respuesta. PHR1 codifica un factor transcripcional de la superfamilia MYB, muy relacionado con el gen *PSR1* de *Chlamydomonas reinhardtii* que ejerce un papel similar en esta alga azul (Wykoff *et al.*, 1999). La proteína PHR1 tiene un tamaño de 409 aminoácidos, y posee dos dominios funcionales bien caracterizados, un dominio de unión al DNA de tipo MYB en la región central (aa 225-278) y un dominio de interacción proteína-proteína de tipo “coiled-coil” en la región carboxiterminal (aa 315-354). Mediante experimentos de tipo EMSA se determinó *in vitro* el dominio de unión al DNA de PHR1, llamado P1BS (de las siglas en inglés, PHR1 Binding Sequence) cuya secuencia pseudopalindrómica, GNATATNC, está presente en muchos de los genes altamente inducidos por el ayuno de fosfato (Rubio *et al.*, 2001).

El mecanismo de regulación de la actividad de PHR1 aún no se conoce completamente. Su expresión génica es relativamente alta en presencia de Pi y se induce levemente (2 veces) en condiciones de ayuno de fosfato, por lo que tienen que existir mecanismos de control adicionales. Éstos, sin embargo, no afectan a la localización de la proteína PHR1, ya que ésta se localiza en el núcleo en plantas crecidas tanto en presencia como en ausencia de fosfato.

Otro factor de transcripción que está implicado en la respuesta al ayuno de fosfato, aunque de manera menos específica, puesto que responde a otros estreses tales como carencia de potasio, hierro y nitrógeno, es la proteína “dedo de zinc” ZAT6, la cual se induce por carencia de fosfato y se localiza siempre en el núcleo. No se han encontrado mutantes nulos puesto que la mutación, como la eliminación de la expresión de ZAT6 por RNA interferente, es letal. La

---

sobreexpresión de este gen provoca un incremento en la acumulación de antocianinas y menor acumulación de fosfato en los primeros días después de la germinación, y alteraciones en la raíz como la pérdida de dominancia apical (Devaiah *et al.*, 2007b).

El factor de transcripción bHLH32 también presenta una fuerte inducción en carencia de fosfato, y está implicado en procesos de producción de antocianinas, acumulación de Pi endógeno y producción de pelos radiculares, típicos de la respuesta a la carencia de fosfato. Además, en presencia de fosfato regula negativamente PPCK1 y PPCK2, dos quinasas que regulan a su vez PEPC, un enzima clave de una de las vías bioquímicas alternativas de la glicólisis, que se desarrollan en carencia de fosfato (Chen *et al.*, 2007).

Por último se ha descubierto que *WRKY75* (Devaiah *et al.*, 2007a), un gen que se induce fuertemente en condiciones de ayuno de fosfato, también regula positivamente la respuesta al ayuno de fosfato. Los mutantes producidos por RNA interferente presentan acumulación de antocianinas precoz en respuesta al ayuno de fosfato, aunque se encontró que el TF *WRKY75* actúa también en respuesta a infecciones por patógeno (Dong *et al.*, 2003).

No se han establecido todavía las relaciones de jerarquía entre todos estos factores transcripcionales, aunque *PHR1* es el más específico y su mutación es la que provoca mayores efectos en el ayuno de fosfato.



---

## OBJETIVOS.

El objetivo de este trabajo es contribuir a la caracterización de los mecanismos de regulación transcripcional de la respuesta al ayuno de fosfato en *Arabidopsis*, en la que el factor transcripcional PHR1 tiene un papel fundamental. En los últimos años se ha puesto de manifiesto que la regulación transcripcional está modulada a diferentes niveles por la acción de factores de transcripción, por la presencia de elementos cis-reguladores en sus genes diana y por mecanismos epigenéticos que modulan la accesibilidad y estructura de la cromatina.

En relación a este objetivo genérico, se han abordado los siguientes objetivos específicos:

1. Análisis transcriptómico de plantas de *Arabidopsis thaliana* silvestre y mutante *phr1* en ayuno de fosfato, mediante la hibridación de microordenamientos.
2. Correlación entre patrones transcriptómicos causados por el ayuno de fosfato y otros tratamientos, incluidos varios tipos de estrés, distinguiendo los genes controlados por PHR1.
3. Caracterización funcional *in vivo* del elemento cis-regulador P1BS y construcción de un sensor artificial de la respuesta al ayuno de fosfato.
4. Caracterización de las principales modificaciones epigenéticas durante el ayuno de fosfato.

---

## MATERIALES Y MÉTODOS.

### 1. - MATERIAL BIOLÓGICO.

#### 1.1 - Estirpes bacterianas.

*Escherichia coli* **XL1-Blue** (Vicente and Sacristán, 1988) .

*Escherichia coli* **DH5 $\alpha$**  (Woodcock *et al.*, 1989).

*Agrobacterium tumefaciens* **C58C1** (Yanofsky and Nester, 1986).

#### 1.2 - Plásmidos.

**pBluescript SK+**: amp<sup>r</sup>, lacZ, promotores T3 y T7, (Stratagene).

**pBI101.2**: (Clontech ®) Plásmido derivado de pBIN19 (Bevan, 1984) que contiene la secuencia del gen de la  $\beta$ -Glucuronidasa (GUS) sin promotor, señales de terminación *nos* y secuencia del gen *nptII* (neomicina fosfotransferasa) para la resistencia en planta al antibiótico kanamicina.

**pTi0046**: Plásmido derivado de pBI101.3 (Clontech®) que contiene la secuencia mínima - 46 (desde el nucleótido -46 hasta el +8) del promotor 35S CaMV del virus del mosaico de la coliflor, aguas arriba del gen delator para la  $\beta$ -Glucuronidasa (GUS), señales de terminación *nos* y secuencia del gen *nptII* (neomicina fosfotransferasa) para la resistencia en planta al antibiótico kanamicina (cedido por Jesús Vicente, sin publicar).

#### 1.3 - Material vegetal.

Para la realización de este trabajo se han utilizado plantas de:

*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh, ecotipo Columbia.

Mutante *phr1* de *A.thaliana* (Rubio *et al.*, 2001).

Mutante *na 3.2* de *A.thaliana*, alelo de *phr1-1* en fondo genético *IPS1::GUS* (Rubio *et al.*, 2001).

Plantas transgénicas de *A.thaliana IPS1::GUS* (Martin *et al.*, 2000).

### 2. - TIPOS DE CULTIVO.

#### 2.1 - Cultivos de estirpes bacterianas

Se utilizó el medio de cultivo LB (Luria-Bertani), tanto líquido como sólido (15gr/l de bacto-agar de Difco) para el crecimiento de las estirpes bacterianas de *E.coli* XL1-Blue y *A.tumefaciens* C58C1 (Sambrook *et al.*, 1989). La temperatura de crecimiento fue de 37°C para *E.coli* y 28°C



---

para *A.tumefaciens*. El crecimiento en medio líquido se realizó a 220 rpm para *E.coli* y 150 rpm para *A.tumefaciens*.

## **2.2 – Cultivo de plantas.**

### **2.2.1 - Cultivos de *Arabidopsis thaliana in vitro*.**

Para cultivar plantas en medio sólido *in vitro* y poder controlar exactamente la concentración de los nutrientes en el medio, se usó el medio de cultivo sólido descrito por (Johnson *et al.*, 1957) con las modificaciones realizadas posteriormente por (Bates and Lynch, 1996). La concentración de Pi en el medio se modificó dependiendo de los tratamientos. Se usó una concentración final de 1mM de  $\text{KH}_2\text{PO}_4$  para las condiciones de presencia de fosfato (también denominado medio completo), ningún fosfato añadido para las condiciones de carencia de fosfato (aunque el medio por si solo contiene trazas inferiores a  $1\mu\text{M}$  de Pi debidas al agar) y  $5\mu\text{M}$  de fosfato para condiciones de baja concentración de fosfato. La concentración de sacarosa utilizada es de 1% p/v.

La selección de plantas transgénicas se llevó a cabo en medio 0,5 X MS (Duchefa), suplementado con 1% p/v de sacarosa y 0,05% de MES, al cual se le añadió el correspondiente antibiótico.

Los agentes gelificantes utilizados fueron Phytigel al 0,2% en el caso de placas de cultivo horizontal y Agar 0,8% para placas puestas a crecer verticalmente. El pH de los medios de cultivo se ajustó a pH5,7 con KOH 1N.

### **2.2.2 - Preparación de semillas de *Arabidopsis* para cultivo *in vitro*.**

Se tomó una cantidad deseada de semillas en un tubo tipo Eppendorf 1,5 ml, y se les añadió 400  $\mu\text{l}$  de solución de esterilización (lejía al 70 % y Tween-20 al 0,01 % de Merck). Se agitó bien y se incubó durante 3 a 10 minutos, agitando esporádicamente. Al cabo del tiempo se eliminó la solución y se lavó cuatro veces con 400  $\mu\text{l}$  de agua bidestilada estéril. Las semillas así esterilizadas se estratificaron durante al menos cuatro días a  $4^\circ\text{C}$  en oscuridad en el agua del último lavado, o bien en 500  $\mu\text{l}$  de agarosa estéril al 0,15 % (Pronadisa). Esta agarosa se preparó dejando que solidificara y luego rompiéndola agitando bien el bote cerrado, de modo que queda como un líquido denso.

Después del periodo de estratificación se sembraron las semillas sobre el medio bien separadas unas de otras. Esto es importante, sobre todo en las placas con antibióticos, ya que si dos plantas crecen suficientemente juntas, el efecto del antibiótico puede reducirse y la selección de plantas transformadas no resulta eficaz.

---

### **2.2.3 - Cultivos de Arabidopsis en tierra.**

La siembra se realizó directamente en substrato universal/vermiculita (3:1). Tras la estratificación a 4°C por 2-4 días, las plantas se cultivaron en el invernadero a una temperatura de 22°C y un fotoperiodo de 16 horas de luz y 8 horas de oscuridad (día largo).

## **3. - MÉTODOS DE TRANSFORMACIÓN.**

### **3.1 - Transformación de *Escherichia coli*.**

La transformación de las células competentes de *E.coli* con DNA plasmídico de interés, se realizó siguiendo el protocolo de choque térmico descrito previamente (Sambrook *et al.*, 1989). Estas células competentes se obtuvieron por el método de congelación con CaCl<sub>2</sub> (Hanahan, 1985).

### **3.2 - Transformación de *Agrobacterium tumefaciens*.**

La transformación de *A. tumefaciens* se realizó según Weigel y Glazebrook, (2002) y los transformantes se plaquearon en medio con LB sólido con el antibiótico para el que confería resistencia el plásmido a incorporar, lo que permitía el crecimiento selectivo del *A. tumefaciens* transformado (Lichtenstein and Draper, 1985).

### **3.3 - Método de transformación de *Arabidopsis thaliana* por infiltración mediante *A. tumefaciens*.**

Previamente a su transformación, las semillas fueron estratificadas y crecidas en tierra durante 20-25 días con un fotoperiodo de 16 horas de luz y 8 horas de oscuridad. Las inflorescencias jóvenes de estas plantas se infiltraron por vacío con una suspensión de *A. tumefaciens*, portador de la construcción de interés, en medio MS suplementado con 5% de sacarosa, 11ng/ml de BAP y 0,02% del agente surfactante "Silwet L-77" (Bechtold *et al.*, 1993).

Las semillas generadas por las plantas transformadas se plaquearon sobre medio MS al que se le añade el antibiótico correspondiente a la resistencia del vector. Las plantas resistentes se trasplantaron a tierra, recogiendo posteriormente sus semillas, que se hacen crecer generando plantas transformadas. A partir de estas plantas transformadas se extrae el DNA genómico de las hojas según el método descrito por (Dellaporta *et al.*, 1983) para confirmar la inserción por PCR (Sambrook *et al.*, 1989).

---

## **4. - TECNOLOGÍA DE ÁCIDOS NUCLEICOS.**

### **4.1 - Aislamiento y purificación de DNA.**

El aislamiento y purificación de fragmentos de DNA a partir de geles de agarosa se realizó según el protocolo del Qiaquick® Gel Extraction Kit (QIAGEN).

El DNA plasmídico de bacterias se extrajo mediante lisis alcalina, utilizando para minipreparaciones el Qiaprep® Spin Miniprep Kit y para midipreparaciones el HiSpeed® Plasmid MidiKit (QIAGEN).

El DNA genómico de plantas se extrajo según el método descrito por (Dellaporta *et al.*, 1983).

En todos los casos el DNA se cuantificó tanto mediante geles de agarosa, como por espectrofotometría.

### **4.2 - Amplificación de fragmentos de DNA.**

La amplificación de fragmentos de DNA se realizó mediante PCR (Sambrook *et al.*, 1989). Para ello se utilizaron las polimerasas termoestables Taq (Fermentas) y Expand High Fidelity (Roche) siguiendo las especificaciones del fabricante, y usando los cebadores necesarios en cada caso.

### **4.3 - Extracción de RNA total de planta y purificación de RNA mensajeros .**

El RNA total se extrajo a partir de plantas enteras cultivadas bajo diferentes condiciones de presencia / ayuno de fosfato. Las plantas recolectadas fueron inmediatamente congeladas en nitrógeno líquido, pesadas y almacenadas a  $-80^{\circ}\text{C}$  para evitar su degradación. Para la extracción de RNA total se utilizó el reactivo Trizol (Invitrogen®). El material vegetal congelado se redujo a polvo en un mortero estéril y se añadió 1ml de Trizol (Invitrogen®) cada 100mg de tejido. El homogeneizado, pasado a un tubo de 10ml, se agitó mediante vórtex durante 10 segundos y en seguida incubado en hielo durante 5 minutos. Por cada 1 ml de Trizol se añadieron al homogeneizado otros 200µl de cloroformo, y se agitó manualmente incubando 2-3 minutos a temperatura ambiente. En seguida se centrifugó el homogeneizado durante 15 minutos a 11000 rpm a  $4^{\circ}\text{C}$  para separar dos fases, acuosa e hidrofóbica. Seguidamente se recuperó solo la fase superior (acuosa) sobre la que se efectuó una precipitación del RNA empleando isopropanol (Sambrook *et al.*, 1989). El pellet de RNA se resuspendió en 40µl de agua DEPC estéril.

Para eliminar estructuras secundarias en el RNA se llevó a cabo una incubación de 10 minutos en un termobloque a  $65^{\circ}\text{C}$  y en seguida se pasaron las muestras directamente a hielo. Antes de proceder con la purificación de RNA mensajeros se controló la estabilidad de los RNA a la degradación, separando las distintas muestras en un gel de agarosa al 1,2% y descartando las muestras degradadas. La concentración de RNA presente en cada muestra se cuantificó por

---

medio de espectrofotometría (OD 260/280) UV/visible (Sambrook *et al.*, 1989). Para la purificación de los RNAs mensajeros se recurrió a columnas de purificación oligo-dT del RNAeasy Mini Kit (QIAGEN) según su protocolo.

#### **4.4 - Protocolo de transcripción inversa.**

Para la validación de los datos obtenidos por microordenamiento se utilizó la cuantificación de los mRNA por qRT-PCR a partir de cDNAs. A partir de 100ng de mRNA extraídos de plantas crecidas en condiciones de carencia/presencia de fosfato se efectuó inicialmente la síntesis de la primera cadena con la enzima SUPERSRIPT III (Invitrogen®) según el protocolo establecido por el fabricante.

A partir de la síntesis de la primera cadena se empleó qRT-PCR para cuantificar los transcritos.

#### **4.5 - Protocolo de amplificación cuantitativa en tiempo real (qRT-PCR).**

Este protocolo se utilizó para cuantificar transcritos extraídos de plantas crecidas en diferentes condiciones de fosfato y/o cuantificar cromatina inmunoprecipitada. En ambos tipos de experimento el protocolo es el mismo, lo que variaba es la dilución de cDNA (1µl diluido 1/5) o DNA inmunoprecipitado (2µl de inmunoprecipitado) inicial en cada reacción.

Puesto que una de las principales limitaciones de la PCR cuantitativa en tiempo real es la linealidad de amplificación, debida al grado de apareamiento de los cebadores, inicialmente se escogieron cebadores de manera bastante restrictiva. Así, para el diseño de las parejas de cebadores se utilizó el programa bioinformático “primer3” (Rozen and Skaletsky, 2000), poniendo las siguientes restricciones: mínimo tamaño de cada oligo 21 mer, máximo tamaño de cada cebador 25mer. Temperatura mínima de fusión 40°C, máxima 80°C, óptima 60°C. Tamaño óptimo del amplificado entre 80 y 120 pares de bases.

Para la normalización de las parejas de cebadores utilizados en los ensayos de qRT-PCR se efectuó previamente una serie de curvas de normalización con cDNA o DNA genómico en 4 diluciones 1/10 como fué descrito por (Quellhorst *et al.*, 2005) [www.superarray.com/manuals/MicroarrayValidation.pdf](http://www.superarray.com/manuals/MicroarrayValidation.pdf)). Para las amplificaciones se utilizó el protocolo descrito por (Bustin, 2004) modificando el volumen final para cada muestra como sigue:

5 µl de cDNA diluido según cuantificación por espectrofotómetro o DNA genómico diluido 1/5

10 µl de mezcla de cebadores 0,9µM

15 µl de SYBR(R) GREEN JUMPSTART TAQ READYMIX (Sigma-Aldrich)

En todos los análisis por qRT-PCR se efectuaron réplicas biológicas por duplicado y réplicas experimentales por triplicado para cada condición. Además, en los casos de

---

cuantificación por qRT-PCR para validar los datos de microordenamiento, se utilizaron parejas de cebadores de 2 genes normalizadores: *Actina 3* (An *et al.*, 1996) y *Ubiquitina 10* (Forés *et al.*, 2002). En el caso de análisis cuantitativo de cromatina inmunoprecipitada se efectuaron 3 réplicas biológicas independientes, utilizando como gen normalizador el transposón *Ta2* tal y como se ha descrito anteriormente (Johnson *et al.*, 2002).

Los cebadores utilizados para la validación cuantitativa de los datos de microordenamiento fueron:

*At3g09922*:

***At3g09922LP***: 5' – AGATATGGAGCAATGAAGACTGC – 3'

***At3g09922RP***: 5' – TCCTCACACAAAGAACACACAAC – 3'

*At5g03545*:

***At5g03545LP***: 5' – GATGATGATGAGGATTGTGTGTG – 3'

***At5g03545RP***: 5' – ACATAGGAACACACCTGAATGGT – 3'

*At1g73220*:

***At1g73220LP***: 5' – CGTCCACTATTCTCGAATTCATC – 3'

***At1g73220RP***: 5' – AGTTTCTCGTAGCCAGAGACTCA – 3'

*At5g42800*:

***At5g42800LP***: 5' – CCGAATATAACGTACCTTCAACG – 3'

***At5g42800RP***: 5' – GTCTTGATCTCCGATATGGATTG – 3'

*At5g43350*:

***At5g43350LP***: 5' – AGGTAGTTCCAAGGAGATGAAGC – 3'

***At5g43350RP***: 5' – TACCCGCAGCTTTGACTTACTAC – 3'

*At3g12220*:

***At3g12220LP***: 5' – TCCTACTCAAGAAATCCACTTGC – 3'

***At3g12220RP***: 5' – GAACCTGAAGCCTTATTTGAGGT – 3'

*At2g02990*:

***At2g02990LP***: 5' – TCGTAATCTTGCCTTCTGTCTTC – 3'

***At2g02990RP***: 5' – GATATCGTTGAGCTATCGAATGG – 3'

*At2g11810*:

***At2g11810LP***: 5' – CCTCCCAATTATCCTCAATGACT – 3'

***At2g11810RP***: 5' – GTTGTTGTTGGGATAGATGATGG – 3'

*At3g66656*:

***At3g66656RP***: 5' – ACTGAAGAAGCTGAAGCTGAGAA – 3'

***At3g66656LP***: 5' – AGACGAAGCCTGCATATGACTAA – 3'

*Actina 3*:

***ACT3LP***: 5' – GGTTGTGTCAAGAAGTCTTGTGTACTTTAGTTTTA – 3'

***ACT3RP***: 5' – ATAGCTGCATTGTCACCCGA – 3'

---

*Ubiquitina 10:*

**UBQ10LP:** 5' – GGACCAGCAGCGTCTCATCTTCGC – 3'

**UBQ10RP:** 5' – CTTATTCATCAGGGATTATACAAG – 3'

Para el análisis cuantitativo de evicción de histonas se emplearon los siguientes cebadores:

*ACP5* 0,5 kb:

**ACP5LP1:** 5' – GACGAGAAGAAGAGAAACGTGAA – 3'

**ACP5RP1:** 5' – GGCTACTGGTTGGAATATCCTTC – 3'

*ACP5* 1,5 kb:

**ACP5LP2:** 5' – ACTCGGACCACTAATTCTTCCTT – 3'

**ACP5RP2:** 5' – TTCCTTCTGCAACTTTTGGTTTA – 3'

*IPS1* 0,5 kb:

**IPS1LP:** 5' – TTCTTTTCCCCACTAGGTTCC – 3'

**IPS1RP:** 5' – AGTTAGTGTGATGGGCTCCTG – 3'

Gen Normalizador *Ta2:*

**Ta2LP:** 5' – AAACGATGCGTTGGGATAGGTC – 3'

**Ta2RP:** 5' – ATACTCTCCACTTCCCGTTTTTCTTTTTA – 3'

#### 4.6 - Técnicas electroforéticas.

Para la separación de fragmentos de DNA se utilizaron rutinariamente geles horizontales de agarosa (0,8-1,2%) con EtBr (0,4 µg/ml) en tampón TAE (Tris-acetato 50 mM, EDTA 1mM) a un voltaje de 80-100V.

#### 4.7 - Ensayo de transferencia de RNA de tipo Northern blot.

Los geles para los ensayos de tipo Northern blot se realizaron según (Sambrook *et al.*, 1989). Como tampón de electroforesis se utilizó MOPS 1x, formamida al 50%, formaldehído al 5,9%, azul de bromofenol 0,4 mg/ml y EtBr 1mg/ml. Posteriormente, el RNA se transfirió a filtros Hybond C+ por capilaridad. Para cada muestra se cargaron entre 10-15µg de RNA.

La sonda del gen *IPS1* se obtuvo por PCR según Rubio *et al.*, (2001). Los fragmentos de DNA que se emplearon como sondas se marcaron radiactivamente con 50µCi de [ $\alpha$ -<sup>32</sup>P] dCTP cada uno, utilizado el Kit Rediprime™ II Random Primed DNA Labelling (Amersham). Posteriormente, se purificaron las sondas para eliminar los nucleótidos no incorporados mediante columnas MicroSpin S-200HR (Amersham) según el protocolo del fabricante. La hibridación se llevo a cabo según (Church and Gilbert, 1984) a 65°C. Los lavados se realizaron a 65°C con las soluciones 2xSSC, 1% SDS y 1xSSC,1% SDS. El revelado de los filtros se realizó mediante el sistema PhosphorImager (BioRad).

---

#### 4.8. - Hibridación de microordenamientos.

Para las condiciones de carencia de fosfato se cultivaron plantas de *A. thaliana* ecotipo Columbia silvestre, plantas transgénicas *IPS1::GUS* y mutantes *phr1* y *na3.2* durante 7 días directamente en medio Johnson sin fosfato, mientras que para condiciones de presencia de fosfato las mismas plantas fueron cultivadas en medio Johnson completo con aporte de 1mM de  $K_2HPO_4$ . Se efectuaron 2 réplicas experimentales sembradas en días distintos para cada condición. El RNA total se extrajo de los tejidos con el reactivo Trizol (Invitrogen) siguiendo el protocolo descrito anteriormente. Inicialmente se comprobó la calidad de los RNA corriendo una muestra de 2µl en un gel de agarosa al 1,2%. Seguidamente, se purificaron los RNA mensajeros de cada muestra empleando columnas de purificación oligo-dT RNeasy (Qiagen) según el protocolo del fabricante, se separaron los RNAs en geles de agarosa/formaldehído al 1,5% que fueron transferidos posteriormente mediante técnicas de Northern Blot a membranas. Estas últimas fueron hibridadas con una sonda de *IPS1* marcada con 50µCi de  $[\alpha\text{-}^{32}\text{P}]$ . La visualización de las hibridaciones se llevó a cabo mediante el sistema PhosphorImager (Molecular Dynamics) con exposiciones de 12-24 horas.

Para la hibridación de microordenamientos los mRNA fueron cuantificados mediante un espectrofotómetro NanoDrop ND-100 (Nano-Drop Technologies) y su calidad comprobada con el Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies). El RNA fué amplificado con el sistema MessageAmp aRNA (Ambion) siguiendo el protocolo indicado por el fabricante. Para permitir su marcaje con los fluoróforos Cy3 y Cy5, se añadió a la mezcla de reacción de amplificación dirigida por la RNapolimerasa T7, el UTP conjugado con un grupo aminoalílico (Ambion). La cantidad y calidad de los aRNAs obtenidos se comprobó tal y como se ha descrito anteriormente para los mRNAs. El marcado de los aRNAs (10µg) se llevó a cabo por medio de incubación con 8 nmol de colorante monofuncional NHS ester (Cy3/Cy5) RPN 5661 (Amersham Biosciences) en 1M  $Na_2CO_3$  a temperatura ambiente en total oscuridad por 1 hora. Seguidamente, se les añadieron 35 µl de acetato de sodio 0,1M pH 5.2 y se incubó la mezcla durante 5 minutos en total oscuridad. Los aRNAs marcados con fluoróforo Cy3 y Cy5 fueron purificados utilizando el sistema Megaclear kit (Ambion) y seguidamente cuantificados con el espectrofotómetro NanoDrop ND-100 (Nano-Drop Technologies).

Las hibridaciones de las 2 réplicas biológicas de cada muestra se realizaron de manera independiente para cada análisis transcriptómico.

Los microordenamientos empleados contenían oligonucleótidos sintéticos 70-mer derivados del Operon Arabidopsis Genome Oligo Set Version 1.0 (Qiagen), distribuidos sobre un soporte de vidrio recubierto por aminosilano (Telechem) por la Universidad de Arizona.

La hibridación de los microordenamientos se realizó según ha sido descrito por (Adie *et al.*, 2007).

---

La lectura se llevó a cabo empleando un escáner GenePix 400B (Molecular Devices) a una resolución de 10µm. Las imágenes fueron cuantificadas con el programa GenePix Pro 5.1 (Axon). Los datos de cada chip fueron inicialmente escalados y normalizados usando el método Lowess y después transformados en valores logarítmicos. Se generaron tanto las medias de las tres señales de intensidad en Log-ratio como las desviaciones estándar.

Los datos de expresión génica obtenidos a partir de dicha lectura fueron normalizados y analizados estadísticamente con el paquete de programas LIMMA (Smyth and Speed, 2003). LIMMA es parte de Bioconductor, un proyecto en lenguaje R (Ihaka and Gentleman, 1996). Inicialmente, se filtraron los datos en base a la calidad de los puntos. Se optó por una estrategia de corrección adaptativa del fondo para impedir que los puntos de baja intensidad dieran una variabilidad exagerada. Para la corrección localizada del fondo se utilizó el método “normexp” de LIMMA de manera que el fondo se ajustara a la mediana del fondo local. Los Log-ratio obtenidos fueron normalizados en cada microordenamiento con el método “print-tip loess” (Smyth and Speed, 2003). Para obtener una distribución similar y datos consistentes en todos los microordenamientos, los Log-ratios fueron escalados utilizando como estimador de escala el valor de mediana absoluta (Smyth and Speed, 2003).

#### **4.9. - Inmunoprecipitación de cromatina (ChIP).**

Se emplearon 300-500 plantas de *A. thaliana* cultivadas *in vitro* durante 12 días en placas cuadradas puestas verticalmente, con una densidad no superior a 120 plantas/placa, que fueron recogidas y submergidas en agua bidestilada. El entrecruzamiento reversible de la cromatina se efectuó directamente sobre plantas enteras, sumergiéndolas en una solución de formaldehído al 1% o 0,5% dependiendo de las necesidades (descripción en Resultados), durante 15 minutos empleando vacío. Seguidamente, se bloqueó la reacción de entrecruzamiento aplicando 5 minutos de vacío después de haber añadido Glicina, llevando la solución a una concentración final de 0,125M de Glicina. A continuación se efectuaron 2 lavados con agua bidestilada, secado de las plantas con papel, congelado en nitrógeno líquido y triturado hasta obtener un polvo fino. Al polvo de tejido vegetal se le añadió el tampón de extracción 1 (sacarosa 0,4M; Tris-HCl pH8.0 10mM; MgCl 10mM; BME 5mM; PMSF 0,1mM e inhibidores de proteasas (Roche)) en una relación 5:1 de tampón/tejido vegetal. Se filtró el homogeneizado 2 veces a través de un filtro Miracloth (Calbiochem®) doble, y se centrifugó durante 20 minutos a 4000 rpm a 4°C en tubos falcon de 50 ml. A continuación, se eliminó con cuidado el sobrenadante y se resuspendió el pellet en 1 ml de tampón de extracción 2 (sacarosa 0,25M; Tris-HCl pH8.0 10mM; MgCl 10mM; Triton X-100 1%; BME 5mM; PMSF 0,1mM e inhibidores de proteasas (Roche)), pasando el líquido a tubos eppendorf de 1,5ml (Eppendorf AG). Se centrifugó la solución resultante durante 10 minutos a 12000 rpm a 4°C y se eliminó con cuidado el sobrenadante, resuspendiendo el pellet en 300µl de



---

tampón de extracción 3 (sacarosa 1,7M; Tris-HCl pH8.0 10mM; MgCl 2mM; Triton X-100 0,15%; BME 5mM; PMSF 0,1mM e inhibidores de proteasas (Roche)). Posteriormente, la solución obtenida se pasó a un tubo nuevo al que previamente se había añadido 300µl de tampón de extracción 3 limpio, depositando delicadamente la solución sobre el tampón limpio para poder crear 2 fases distintas. Se procedió a la centrifugación durante 1 hora a 16000 rpm a 4°C. Se eliminó el sobrenadante y se resuspendió el pellet en 200-300µl de tampón de lisis de núcleos (Tris-HCl 50mM; EDTA 10mM, inhibidores de proteasas (Roche) y SDS 1%). Se guardaron 2µl de esta solución que se utilizaron como control de sonicación (no sonicado). Seguidamente, se realizaron de 10 a 15 ciclos de sonicación, de 15 segundos de duración, con intervalos de 5 minutos en hielo en un sonicador SonicMaster 205 (TFR®) a 0,3 U de intensidad. La efectividad de la sonicación se analizó corriendo la muestra sonicada y el control de sonicación en un gel de agarosa al 1,2%, para verificar que los fragmentos cromatínicos posean tamaños entre 100 y 1100 pb, con una mayor concentración entre 300 y 700 pb. Después de una corta centrifugación de 5 minutos a 4°C para quitar los restos celulares, se añadió tampón de dilución (Triton X-100 1,1%; EDTA 1,2mM; Tris-Hcl pH8.0 16.7mM y NaCl 167mM) en una relación 10:1 para obtener una concentración final de SDS de 0,1%. Seguidamente, se recogieron 20µl de esta solución que se guardaron en un tubo de tipo eppendorf nuevo a -20°C. Esta muestra ha servido en las amplificaciones por PCR semicuantitativa como control cuantitativo de cromatina total cargada de cada muestra.

Para el siguiente paso se dividió cada muestra en 3 tubos, de modo que, 2 tubos llevarán cada uno un anticuerpo distinto, mientras que el tercero no llevara ningún anticuerpo de forma que servirá como control del ruido de fondo de la inmunoprecipitación. A los 3 tubos se les practicó inicialmente un prelavado con 20µl de matriz ProteinA-Beads (Dynal), previamente lavadas 2 veces con 500µl de tampón de dilución. después de cada lavado se recuperó la matriz mediante una trampa magnética (Dynal), guardando el sobrenadante en tubos nuevos. A cada tubo se le añadió el anticuerpo correspondiente (5µl de anticuerpo diluido 1:2000), excepto en el caso de la muestra sin anticuerpo (No AB). La solución con el anticuerpo se incubó durante toda la noche a 4°C en un plato giratorio vertical a 20 rpm. Los complejos inmunoprecipitados se recolectaron añadiendo a todos los tubos 40µl de ProteinA-Beads, y se incubaron durante 1 hora a 4°C en un plato giratorio. Al cabo, los inmunoprecipitados fueron recogidos mediante la trampa magnética (Dynal) y seguidamente se efectuaron lavados de 5 minutos cada, con diferentes concentraciones salinas, eliminando siempre el sobrenadante entre cada lavado. En primer lugar se efectuaron 2 lavados con tampón de lavado de baja concentración salina (150mM NaCl, 0,1% SDS, 1% Triton X-100, 2 mM EDTA y 20 mM Tris-HCl pH8.0). La segunda tanda de 2 lavados se realizó mediante un tampón de alta concentración salina (500mM NaCl, 0,1% SDS), 1% Triton X-100, 2 mM EDTA y 20 mM Tris-HCl pH8.0. Durante la tercera tanda de 2 lavados se empleó tampón de lavado de Cloruro de litio (0,25 mM LiCl, 1% Igepal CA-630, 1% deoxicolato sódico, 1mM EDTA y 10mM

---

Tris-HCl pH8.0). Por último, se realizó una última serie de 2 lavados en tampón TE (10 mM Tris-HCl pH8.0, 1 mM EDTA).

Para la elución de los complejos inmunoprecipitados se añadieron 250 µl de tampón de elución (1%SDS, 0,1M NaHCO<sub>3</sub>) y se agitó los tubos mediante vórtex durante 1 minuto. Seguidamente, los tubos fueron transferidos a un baño a 65°C durante 15 minutos con suave agitación. Se recuperó el sobrenadante, pasándolo a tubos nuevos, y se efectuó otro proceso de elución idéntico al descrito, combinando al final los 2 sobrenadantes.

A las muestras inmunoprecipitados y al control cuantitativo de cromatina total se les efectuó un proceso de reversión del entrecruzamiento, añadiendo a cada muestra 20µl de NaCl 5M e incubando por lo menos 6 horas a 65°C. A continuación, se digirieron las proteínas añadiendo 2µl de proteinasa K concentrada 10mg/ml (Sigma-Aldrich), 10µl de EDTA 0,5M y 20µl de Tris-HCl pH6.5, incubando la solución durante 1 hora a 45°C.

Para terminar, se recuperó el DNA añadiendo un volumen igual de fenol/cloroformo, centrifugando durante 10 minutos a temperatura ambiente, recuperando el sobrenadante y efectuando una precipitación de DNA con etanol según descrito en (Sambrook *et al.*, 1989), añadiendo a cada muestra 2µl de acrilamida lineal como “carrier”. El pellet se resuspendió en 50µl de agua bidestilada estéril. Para los experimentos de amplificación por PCR semicuantitativa y cuantitativa se utilizaron 2µl de inmunoprecipitado por muestra.

#### **4.9.1.- Preparación de acrilamida lineal al 5%.**

Se preparó una solución de acrilamida al 5%, sin bis-acrilamida, en Tris-HCl 40mM (pH.8), 20mM acetato sódico y 1mM EDTA a la que se le añadió persulfato amónico hasta obtener una concentración final de 0,1%. Para que la acrilamida polimerizara, se añadió 1/1000 de volumen de TEMED y se dejó polimerizar a temperatura ambiente durante 30 minutos. Una vez que se obtuvo una solución viscosa, se precipitó el polímero con 2,5 volúmenes de etanol 96%, centrifugando y recuperando el polímero precipitado y resuspendiéndolo en Tris-HCl 10mM (pH 8.0), 1mM EDTA, llevando la acrilamida a una concentración final de 5 mg/ml.

## **5. CLONACIÓN.**

### **5.1 Construcción de promotores de *IPS1* mutados en los motivos P1BS.**

Para efectuar la mutagénesis de los motivos P1BS se partió de la construcción *IPS1::GUS* clonada en pBI101.2, que responde de manera específica a la carencia de fosfato (Martin *et al.*, 2000). La construcción *IPS1::GUS* posee 2,8 kb del promotor de *IPS1* fusionado al gen delator *GUS*. A partir de esta construcción se delecionó un fragmento de 1,8 kb de la región 5' del promotor de *IPS1* mediante digestión con la enzima de restricción *HindIII*. De esta forma se

---

obtuvo una versión del promotor de *IPS1* de aproximadamente 1 kb fusionada al gen delator *GUS* (véase resultados Fig.14 Construcción 1). La amplificación mediante PCR utilizada en la mutagénesis de los motivos P1BS empleó 2 pares de cebadores. Un primer par de cebadores que se aparean en la región de los motivos P1BS y presentan los motivos P1BS mutagenizados en su secuencia, según la construcción utilizada (véase Figura 14 Resultados). Una segunda pareja de cebadores (*gapsi\_329+* y *gapsi\_330-*) que se aparean en los extremos del promotor *IPS1* y presentan secuencias de reconocimiento para los enzimas de restricción *HindIII* y *BamHI*, utilizados para el clonaje en el vector pBI101.2. Se realizaron inicialmente 25 rondas de amplificación por PCR a una temperatura de apareamiento mas alta (64°C), en las que los cebadores (1 interno y 1 de los extremos) servían de inicio para la reacción de PCR, amplificando 2 distintos fragmentos, que poseen ambos el motivo P1BS mutado. En las siguientes 10 rondas de amplificación se disminuyó la temperatura de apareamiento (54°C) para que, de esta forma, las regiones con los motivos P1BS, presentes en ambos fragmentos amplificados, se aparearan y ejercieran de cebadores, junto con los cebadores de los extremos, para la amplificación del fragmento completo.

Para la construcción de promotores con 1 motivo P1BS mutagenizado (construcciones 2 y 3; véase la Figura 14 en Resultados) se emplearon los siguientes cebadores sobre la construcción 1 (véase la Figura 14 en Resultados) de 1 kb de promotor:

En las extremidades: ***gapsi\_329(+)***: 5' - CCAAGCTTGTTTCATTAGGTGATCAATCG - 3'

***gapsi\_330(-)*** : 5' – CGGGATCCATTTTTCTTTTGTTTTGTGGTG – 3'

En la región de motivos P1BS:

Para la construcción 2:

***gapno1\_331(+)***: 5' – CTCTTAAAACCTAGTAGGCTACAGGCGCATGC – 3'

***gapno1\_332(-)***: 5' – CCGTAAAACCATTCATGCGCCTGTAGCCTAC – 3'

Para la construcción 3:

***gapno2\_333(+)***: 5'- GTTCCCCTCAGAATGCAAGGCGCATAAACTC – 3'

***gapno2\_334(-)***: 5' – ACTAGGTTTTAAGAGTTTTATGCGCCTTGCAT – 3'

La construcción 4, en la que ambos motivos P1BS están mutados, se realizó a partir de la construcción 3, que posee el motivo P1BS 2 mutagenizado, con los cebadores utilizados para la construcción 2, que sirven para mutagenizar el motivo P1BS 1.

## 5.2 Construcción de un elemento artificial de respuesta al ayuno de fosfato.

Para la creación de un elemento artificial 4xP1BS se utilizaron los siguientes cebadores apareados entre si, que poseen secuencias de reconocimiento para las enzimas de restricción *EcoRI* y *XbaI* en sus extremos. El fragmento resultante fué digerido y clonado en el vector pTi0046:

---

**4xP1BS (+):**

5'-AAAAGAATTCGAATTGAATATGCAATGGAATATGCTTAGGCATATTCCATAGAATATTCCTAGATCTAGAAAA-3'

**4XP1BS (-):**

5'-AAAATCTAGATCTAGGAATATTCTATGGAATATGCCTAAGCATATTCCATTGCATATTCAATTCGAATTCAAAAA-3'

**6. - ENSAYOS HISTOLÓGICOS DE ACTIVIDAD  $\beta$ -GLUCURONIDASA (GUS).**

Los experimentos de tinción GUS se llevaron al cabo según se describe en Jefferson *et al.*, (1987), con algunas modificaciones. Plántulas crecidas en las distintas condiciones nutricionales se infiltraron 2 veces por vacío durante 5 minutos cada, con una solución 1mM de ácido 5-bromo-4cloro-3-indolil- $\beta$ -D-glucourónico (X-GlcA) (Duchefa), 0,1% Triton en tampón fosfato sódico 50 mM pH7 y se incubaron a 37°C hasta que la coloración azul, característica del colorante histoquímico GUS, fué detectable. Posteriormente, el material teñido se lavó varias veces con etanol al 70% (en agua) para eliminar la clorofila. Para la conservación de las muestras teñidas se efectuó posteriormente una rehidratación de las muestras mediante lavados de 30 minutos en etanol 50%, etanol 40%, etanol 30% y agua bidestilada. Para su conservación se almacenaron las muestras a 4°C hasta su fotografiado.

**7. - PROCESAMIENTO Y COMPARACIÓN DE SECUENCIAS *IN SILICO*.**

Las búsquedas y comparaciones de secuencias de DNA genómico, cDNA y proteínas se realizaron empleando los programas FASTA, BLAST (Altschul *et al.*, 1990, Pearson and Lippman, 1988), TBLASTX, ClustalW (Higgins *et al.*, 1996) utilizando el método del vecino más próximo (Saitou and Nei, 1987), sobre diversas bases de datos (Swissprot, EMBL, TAIR y NCBI) disponibles en Internet.

La búsqueda de secuencias cis-reguladoras conocidas se llevó a cabo utilizando la base datos PLACE (<http://www.dna.affrc.go.jp/sigscan>).

Para el análisis de comparación de datos de microordenamiento se empleó la base datos de GENEVESTIGATOR ([www.genevestigator.org](http://www.genevestigator.org)), transfiriendo los datos relativos a todos los genes modulados en los varios estímulos a una tabla Excel® (Microsoft Office 2004®). Se seleccionaron sólo los genes que presentaban valores de inducción/represión con ratio > 2. Estos genes inducidos/reprimidos por los estímulos, definidos en la tabla Sup5, se compararon individualmente con los genes inducidos/reprimidos en nuestros experimentos de microordenamiento en condiciones de carencia/presencia de fosfato mediante comparación de los números identificativos (TAIR; [www.Arabidopsis.org](http://www.Arabidopsis.org)) con el software Venny (Oliveros, 2007) (<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>). Puesto que la coincidencia entre los genes presentes en los análisis de GENEVESTIGATOR, que se refieren al microordenamiento ATH1, y

---

los datos de nuestro experimento, que se refiere al microordenamiento OPERON, no es total, dado que solo 84,38% de los genes están presentes en ambos los microordenamientos, este valor se integró en los cálculos de distribución binomial, que se realizaron con la función BINDST del programa Microsoft Excel ®.

La búsqueda de motivos P1BS en las secuencias promotoras de los genes inducidos por ayuno de fosfato se realizando descargando secuencias promotoras de tamaño 0,5 kb o 1 kb de dichos genes desde la base datos del TAIR ([www.arabidopsis.org](http://www.arabidopsis.org)) mediante la función Bulk Data Retrieval y a continuación interrogando al buscador de secuencias reguladoras RSAT (van Helden, 2003) (<http://rsat.ulb.ac.be/rsat/>) por motivos P1BS.

---

## RESULTADOS

### 1.- ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE PLANTAS SILVESTRES Y MUTANTES *phr1* EN CONDICIONES DE PRESENCIA/CARENCIA DE FOSFATO.

El factor transcripcional PHR1 es un gen regulador clave en la respuesta al ayuno de fosfato. El mutante *phr1* tiene afectada la mayor parte de las respuestas fenotípicas estudiadas, tales como la acumulación del fosfato, la acumulación de antocianinas, la tasa de crecimiento y la relación raíz/parte aérea (Rubio *et al.*, 2001). Para estudiar los cambios transcripcionales que subyacen a estas alteraciones se ha efectuado el análisis transcriptómico comparativo de la respuesta al ayuno de fosfato entre el genotipo silvestre y el mutante *phr1*.

#### 1.1.- Hibridación de microordenamientos de Arabidopsis con muestras de plantas silvestres y mutantes *phr1* crecidas en carencia/presencia de fosfato.

Con objeto de analizar la variación de expresión génica entre plantas silvestres y el mutante *phr1* en condiciones de presencia/carencia de fosfato se ha empleado un microordenamiento compuesto por oligonucleotidos sintéticos 70-mer derivados del Operon Arabidopsis Genome Oligo Set Version 1.0 (Qiagen), que contiene 23319 sondas oligonucleotídicas, que representan cerca de 80% de los genes de Arabidopsis. Para este objetivo se han preparado 2 réplicas biológicas separadas e independientes de una serie de experimentos entrecruzados con plantas silvestres y mutantes *phr1* de Arabidopsis, crecidas directamente durante 7 días en condiciones de presencia/carencia de fosfato, como se observa en el esquema representado en la Figura 8.A. Para minimizar vicios de expresión debidos a un genotipo particular se utilizaron de forma cruzada 2 genotipos de plantas silvestres, Columbia (L) Heynh y plantas transgénicas *IPS1::GUS*, y 2 genotipos distintos de plantas mutantes *phr1* tales como *phr1-1* y *na3.2* (alelo de *phr1-1* que posee el transgén *IPS1::GUS*), de manera que ningún experimento se ha realizado con el mismo tipo de muestra biológica. Para la obtención de la distintas muestras de RNA, las semillas de los genotipos estudiados se sembraron directamente sobre un medio de cultivo *in vitro*, completo o carente de fosfato, donde se crecieron durante 7 días, puesto que así se obtienen los máximos efectos sobre los genes de respuesta típicos al ayuno de fosfato regulados por PHR1, tales como *IPS1* y *RNS1* (Rubio *et al.*, 2001). También se puso particular atención en sembrar y recoger las plantas de las diferentes réplicas a la misma hora del día para minimizar el efecto de los cambios en las concentraciones de fosfato que ocurren dentro de la normal variación diurna.

Con objeto de verificar, antes de la hibridación con los microordenamientos, la inducción de los genes de respuesta a la carencia de fosfato, se ha efectuado sobre el material vegetal preparado para la hibridación con microordenamiento una hibridación de tipo Northern utilizando una sonda del gen *IPS1*. Tal como se puede observar en la Figura 8.B, *IPS1* se induce en

---

carencia de fosfato en plantas silvestres en las condiciones de crecimiento utilizadas, mientras que en el mutante *phr1* esta inducción es menos intensa. En ninguno de los casos analizados se observa inducción de *IPS1* en RNAs extraídos de plantas crecidas en presencia de fosfato. Estos datos están de acuerdo con los observados anteriormente en la caracterización del mutante *phr1* (Rubio *et al.*, 2001).

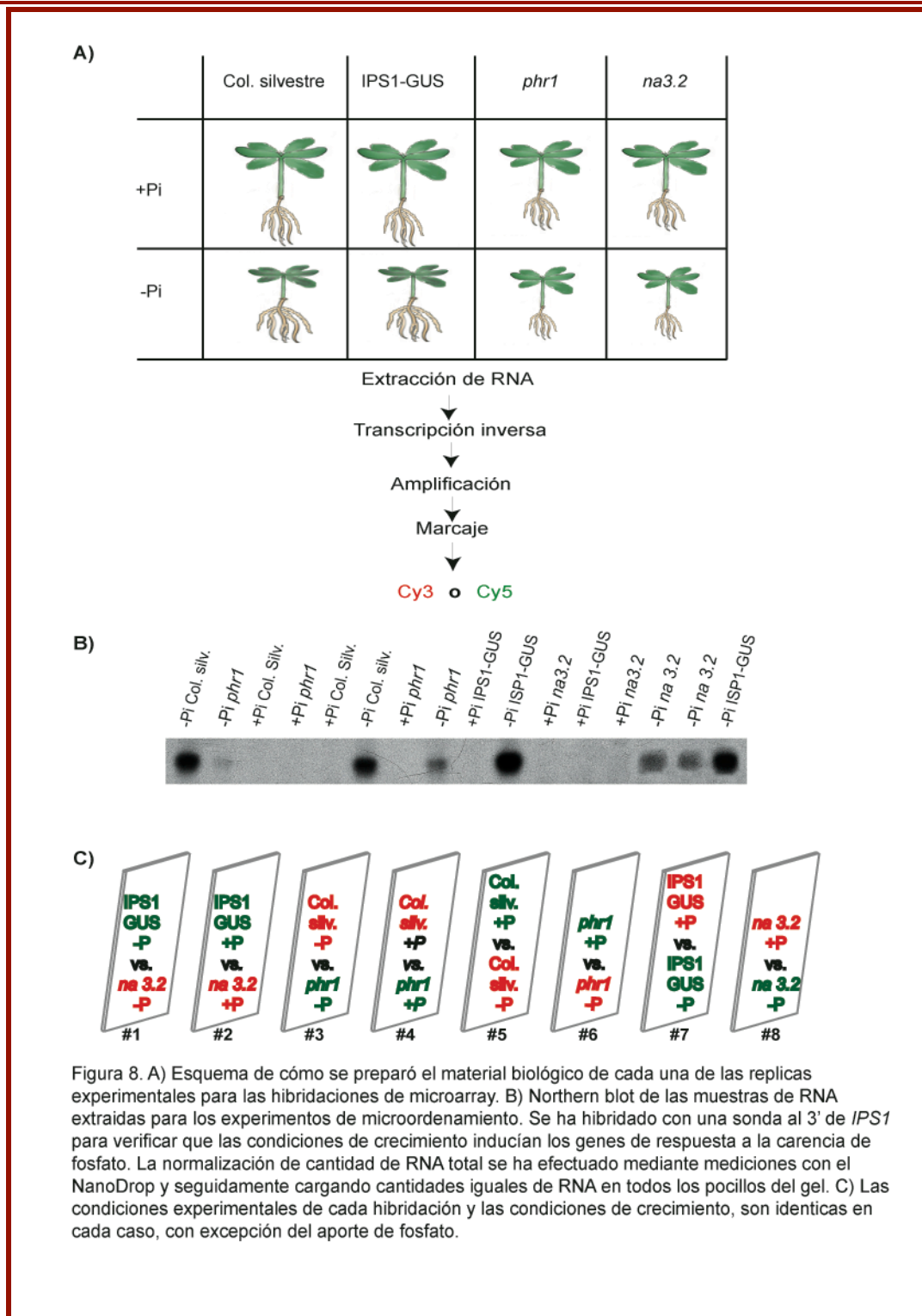
El esquema de hibridación con las distintas muestras biológicas está representado en la Figura 8.C, y en base a dicho esquema se ha realizado una réplica experimental utilizando alternancia de fluoróforo (dye swap) para minimizar los efectos de diferente afinidad de los fluoróforos empleados por las sondas del microordenamiento.

## **1.2.- Análisis transcriptómico de genes con expresión modulada en carencia de fosfato y en el mutante *phr1*.**

Los datos obtenidos por hibridaciones de microordenamientos Operon con RNAs de plantas silvestres crecidas en carencia/presencia de fosfato se han seleccionado, después del análisis estadístico (descrito en materiales y métodos), con criterios de ratio  $-Pi/+Pi \geq 2$  para los inducidos en  $-Pi$ , y  $\leq 0,5$  para los reprimidos en  $-Pi$ , siempre que los datos fuesen estadísticamente significativos, con valores FDR  $\leq 0,05$  (del inglés False Detection Rate, descrito por Benjamini and Hochberg, 1995). En la tabla Sup1 y Sup2 están representados los 575 genes inducidos y los 310 reprimidos, respectivamente, por ayuno de fosfato, indicándose los correspondientes números identificativos para cada sonda en el microordenamiento, el número identificativo del TAIR, función, nivel de alteración medido como el ratio de expresión en plantas crecidas en ausencia vs. presencia de fosfato (Ratio) y valor FDR.

Los datos del análisis transcriptómico entre plantas silvestres y *phr1* en condiciones de carencia de fosfato han presentado, efectuando un corte restrictivo de valores FDR  $\leq 0,05$ , un número bajo de genes menos inducidos y menos reprimidos en el mutante frente al silvestre; tan solo 45 menos inducidos (ratio *phr1/silv.*  $\leq 0,5$ ) y 4 menos reprimidos (ratio *phr1/silv.*  $\geq 2$ ) en el mutante *phr1*. Este es un número relativamente pequeño en relación a los efectos de la mutación de PHR1 sobre las distintas respuestas al ayuno de fosfato. Además se ha notado que muchos de los genes de respuesta a carencia de fosfato notoriamente regulados por PHR1 (Rubio *et al.*, 2001) tenían valores de FDR bastante elevados, entre 0,05 y 0,2 y modulaciones de la expresión génica bastante bajas, con variaciones entre 1x y 2x.





Por este motivo se han examinado los datos con diferentes cortes, menos restrictivos (valores de FDR desde 0,05 a 0,2), y diferentes valores de modulación de la expresión génica ( $\geq 1x$  y  $\leq 2x$ ). Se supone que un aumento del valor de corte FDR debería permitir la detección de un mayor número de genes modulados, pero generalmente conlleva también un aumento de los falsos positivos. El porcentaje de falsos positivos en cada caso se puede estimar como el incremento relativo de genes menos expresados en el mutante y reprimidos en el genotipo silvestre, o entre los mas expresados en el mutante y los inducidos en el genotipo silvestre.



---

Tal como se puede observar en la Tabla 2A-2D el número de genes que se encuentran inducidos en  $-Pi/+Pi$  y al mismo tiempo con expresión reducida en *phr1/silv.* aumenta significativamente tanto al variar el valor de FDR como al variar la fuerza de modulación (de 45 genes con FDR 0,05 a 337 genes con FDR  $\leq 0,2$ , ratio *phr1/silv.*  $\geq 1x$ ), mientras que el número de genes que se encuentran inducidos en respuesta al ayuno de fosfato apenas incrementa en el conjunto de genes mas expresados en el mutante (de 1 gen con FDR  $\leq 0,05$  a 2 genes con FDR  $\leq 0,2$ ). Este dato indica que la relajación en las condiciones de corte de datos no afecta significativamente al número de falsos positivos. Por esta razón de aquí en adelante se tomarán los genes con FDR  $\leq 0,2$  y ratio  $\leq 1$  (menos expresados) o  $\geq 1$  (mas expresados) como conjunto de genes regulado por PHR1.

En la tabla Sup3 y Sup4 están representados todos los genes que presentan un valor FDR  $\leq 0,2$  y modulación  $\geq 1x$  (337 genes menos inducidos y 130 genes menos reprimidos en el mutante *phr1* respecto al silvestre). Se puede observar que el número de genes menos inducidos en el mutante *phr1* en condiciones de carencia de fosfato es mayor que los menos reprimidos y que, como cabe esperar, algunos genes notoriamente inducidos en  $-Pi$  por PHR1 (Rubio *et al.*, 2001) corresponden a genes menos inducidos en el mutante *phr1* tales como *CaBP22* (log ratio = -2,00) y *RNS1* (log ratio = -1,25), mientras otros tales como *ACP5* (log ratio = -0,86) y *At4* (log ratio = -0,701) se reprimen solo débilmente.

Tabla 2.A FDR de *phr1*/silvestre < 0,05  
Total 72 genes

	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 4x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 8x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 4x
<i>phr1</i> < silvestre ratio 2x	40	28	7	1	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1,5x	45	30	7	1	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1x	45	30	7	1	0
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1x	1	0	0	4	1
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1,5x	1	0	0	4	1
<i>phr1</i> > silvestre ratio 2x	1	0	0	4	1

Tabla 2.B FDR de *phr1*/silvestre < 0,1  
Total 579 genes

	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 4x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 8x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 4x
<i>phr1</i> < silvestre ratio 2x	81	53	14	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1,5x	172	74	15	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1x	193	74	15	3	0
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1x	1	0	0	61	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1,5x	1	0	0	56	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 2x	1	0	0	13	1

Tabla 2.C FDR de *phr1*/silvestre < 0,15  
Total 1124 genes

	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 4x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 8x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 4x
<i>phr1</i> < silvestre ratio 2x	92	59	15	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1,5x	213	90	18	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1x	284	90	18	4	0
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1x	2	0	0	107	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1,5x	2	0	0	81	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 2x	1	0	0	15	1

Tabla 2.D FDR de *phr1*/silvestre < 0,2  
Total 1626 genes

	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 4x	Inducidos en -Pi/+Pi ratio 8x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 2x	Reprimidos en -Pi/+Pi ratio 4x
<i>phr1</i> < silvestre ratio 2x	98	60	16	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1,5x	231	93	19	2	0
<i>phr1</i> < silvestre ratio 1x	337	95	19	4	0
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1x	2	0	0	130	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 1,5x	2	0	0	85	2
<i>phr1</i> > silvestre ratio 2x	1	0	0	15	1

---

### 1.3.- Validación experimental de los datos de microordenamiento.

Con objeto de validar experimentalmente los datos obtenidos por hibridación de los microordenamientos se han analizado los niveles de expresión de algunos genes inducidos por el ayuno de fosfato tanto en plantas silvestres como en el mutante *phr1* mediante RT-PCR cuantitativa en tiempo real. Para esta finalidad se cultivaron plantas mutantes *phr1* y silvestres en las mismas condiciones utilizadas para el análisis transcriptómico, realizándose una transcripción inversa con oligo dTs para obtener cDNAs de los RNAs extraídos. A continuación se efectuaron amplificaciones por PCR cuantitativa en tiempo real utilizando parejas de cebadores específicos de genes inducidos en el análisis transcriptómico, utilizando como molde diferentes diluciones de los distintos cDNAs. A través de estas amplificaciones se han creado curvas de normalización para verificar la capacidad de amplificación lineal de las parejas de cebadores, en los distintos rangos de dilución utilizados para las amplificaciones. Además, en todos los casos se escogieron sólo parejas de cebadores con rectas de normalización en las distintas diluciones con una  $PE \geq 0,985$  (PE del inglés Percentage amplification Efficiency, descrito por Yuan *et al.*, 2006), que garantizan niveles de amplificación muy similares a una recta de amplificación lineal ideal, y los valores de PE se integraron en el análisis de los datos siguiendo la metodología descrita por (Yuan *et al.*, 2006).

En las posteriores amplificaciones experimentales por qRT-PCR se han utilizado siempre dos genes normalizadores, endógenos y constitutivos, cuya expresión no es modulada por ninguna de las condiciones utilizadas, tales como la *Actina 3 (ACT)* y la *Ubiquitina 10 (UBQ10)*. Para cada condición experimental, se han analizado 2 réplicas biológicas independientes y en cada proceso de amplificación 3 réplicas experimentales para minimizar el error experimental de pipeteo. Tal como se representa gráficamente en la Figura 9A, se han comparado los log ratios de los datos obtenidos por el análisis transcriptómico de  $-Pi/+Pi$  con los log ratios obtenidos por el análisis cuantitativo por RT-PCR con su respectiva desviación estándar representada por la barra de error. Con excepción de los datos relativos al gen At3g12200, los datos obtenidos por microordenamiento coinciden, en tendencia, con los datos obtenidos por qRT-PCR aunque en muchos casos las modulaciones medidas por RT-PCR son de menor nivel que las obtenidas por hibridación del microordenamiento. Este efecto ya se ha observado en otros estudios transcriptómicos (Misson *et al.*, 2005) y parece ser debido a un mayor ruido de fondo en la metodología de hibridación de microordenamiento respecto a la de análisis cuantitativos mediante RT-PCR, principalmente en genes con niveles de expresión bajos. Los datos cuantitativos obtenidos por RT-PCR relativos al gen At3g09922 no se pudieron comparar con los datos de hibridación del microordenamiento puesto que este gen no está representado en el microordenamiento Operon. De todas formas, el gen At3g09922, correspondiente al riboregulador *IPS1*, es conocido por ser uno de los RNAs más inducidos durante la respuesta al ayuno de fosfato, dato que coincide con los resultados obtenidos por RT-PCR.

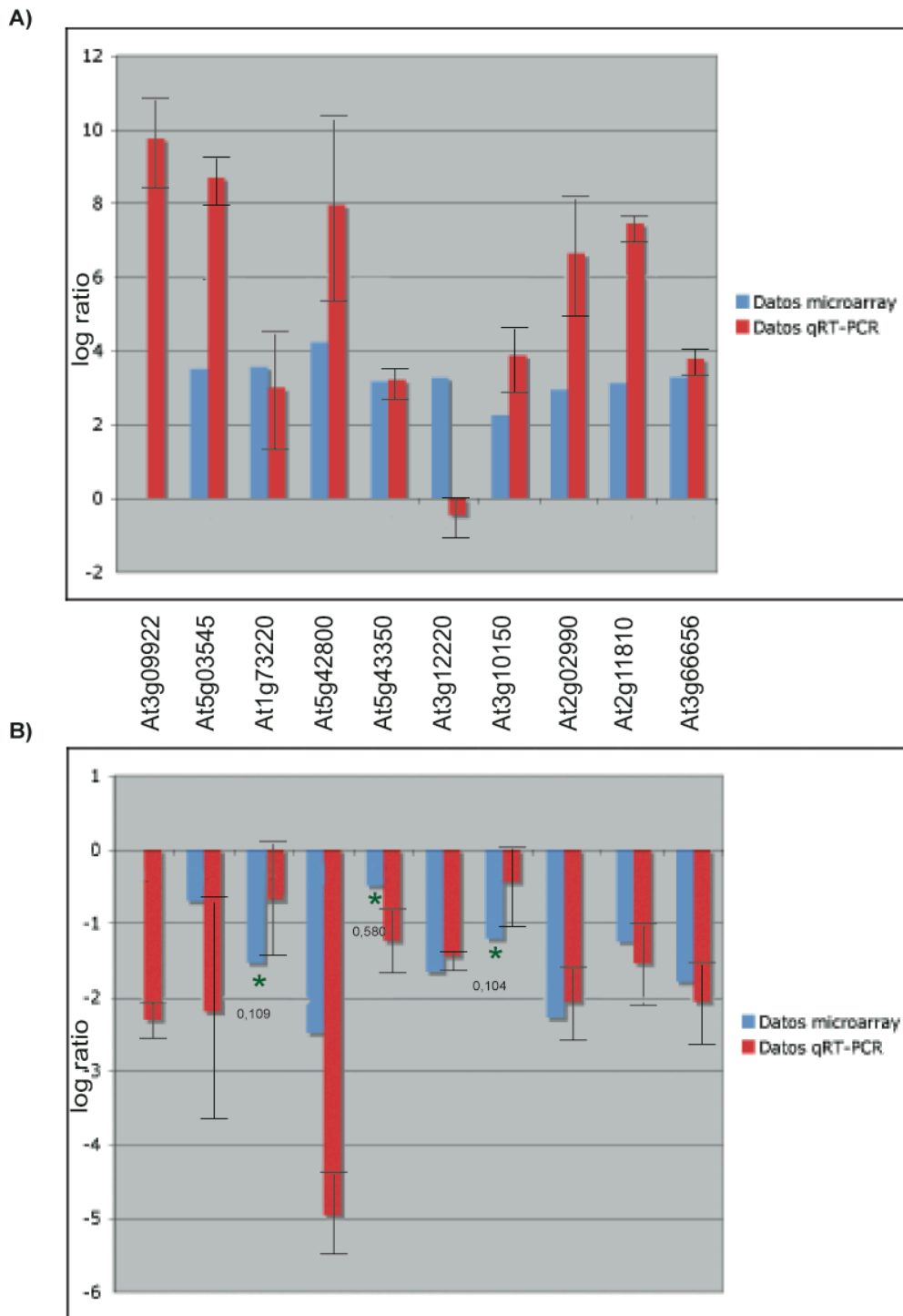


Figura 9. Comprobación por RT-PCR cuantitativa de los datos de hibridación con microordenamientos de plantas silvestres en carencia/presencia de fosfato (A) y de los datos del mutante *phr1*/silvestre en condiciones de carencia de fosfato. El asterisco (\*) indica datos de microordenamiento con valores FDR.  $\geq 0,1$ .

En la Figura 9B se han representado gráficamente los valores de log del ratio de los datos obtenidos con los microordenamientos de *phr1*/silvestre en condiciones de carencia de fosfato y comparado con los log ratios obtenidos, en las mismas condiciones, por RT-PCR cuantitativa. Tal como se puede observar en la Figura 9B, todos los genes valorados, incluso los que presentan

---

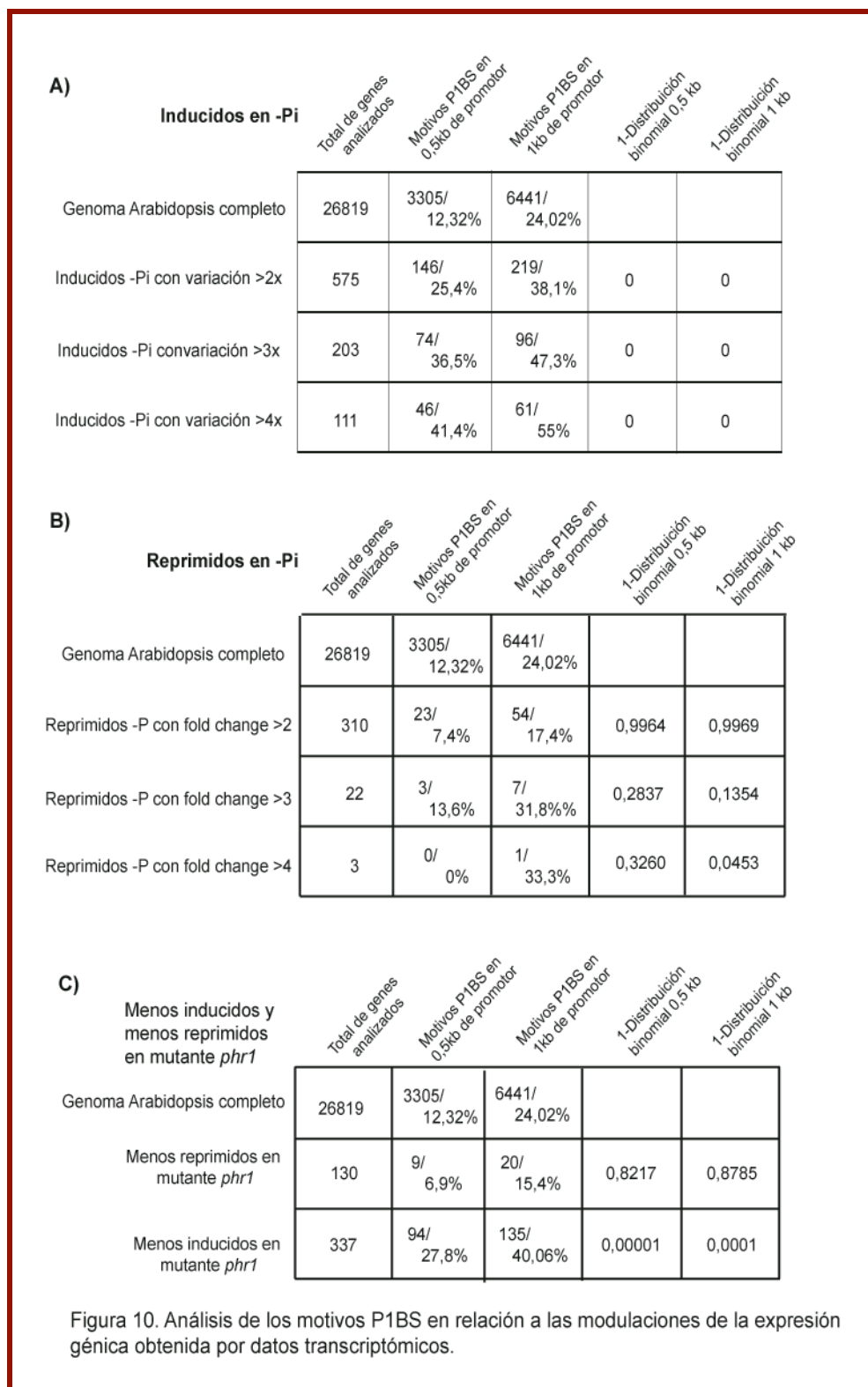
valores FDR entre 0,05 y 0,2, están reprimidos en el mutante respecto a plantas silvestres y presentan valores de log ratio similares entre los dos tipos de análisis. El gen At5g43350, que presenta un valor de FDR de 0,58, también presenta valores de log ratio similares a los obtenidos por qRT-PCR y estos datos avalan la elección de valores de corte de FDR superiores a 0,05.

#### **1.4.- Análisis de motivos P1BS en los genes modulados en la respuesta al ayuno de fosfato.**

Tal y como se ha mencionado en la sección “Introducción”, la presencia de elementos cis-reguladores tiene un papel fundamental en la regulación génica. PHR1 tiene capacidad de unir *in vitro* el motivo P1BS, y por ello se ha examinado la presencia de motivos P1BS en genes modulados por carencia de fosfato. Para esta finalidad se han identificado motivos P1BS tanto en regiones promotoras de 500 pb como de 1 kb aguas arriba del ATG de genes inducidos o reprimidos por  $-P_i$  y estos datos se han comparado con datos relativos a la presencia de motivos P1BS en regiones promotoras de dimensiones idénticas de todos los genes de Arabidopsis. Los datos relativos a la presencia de motivos P1BS en regiones promotoras de todos los genes de Arabidopsis representan la probabilidad debida al azar de que estos motivos estén presentes en una región promotora. Además para analizar la importancia de los motivos P1BS respecto a los niveles de inducción/represión de la expresión se ha dividido este análisis en genes inducidos/reprimidos  $>2x$ ,  $>3x$  y  $>4x$  (ver la Figura 10). Para calcular la representatividad de los datos obtenidos por este análisis se ha calculado la distribución binomial de estos datos respecto a los datos relativos a los motivos P1BS del genoma entero de Arabidopsis, que se considera representan una distribución de motivos P1BS debida al azar.

Tal como se puede observar en la Figura 10.A los datos indican que los genes inducidos en la respuesta al ayuno de fosfato presentan un número significativamente mayor de motivos P1BS respecto al azar y que cuanto mayor la variación de expresión génica mayor la representación de motivos P1BS. En lo que se refiere a los genes reprimidos por la respuesta al ayuno de fosfato (Figura 10.B), analizando todos los genes reprimidos se ha observado una representación de motivos P1BS similar a la debida al azar. Además se han buscado motivos P1BS en los genes con expresión alterada en el mutante *phr1* en carencia de fosfato (Figura 10.C) y se puede observar que de los 337 genes que presentan inducción reducida en el mutante *phr1* un 40% de genes posee motivos P1BS (analizando 1 kb de promotor), mientras que entre los 130 genes que presentan represión reducida en el mutante *phr1* solo 15,6% presentan motivos P1BS. Puesto que se han detectado pocos genes que presentasen variación de expresión génica  $\geq 2x$  en el análisis del mutante *phr1* (29 genes con ratio  $\leq 1/3$  y 7 genes con ratio  $\leq 1/4$  en el experimento *phr1*/silvestre; 3 genes con ratio  $\geq 3$  y 1 gen con ratio  $\geq 4$  en el experimento *phr1*/silvestre), la subdivisión en categorías de diferentes niveles de variación de la expresión

génica (> 2x, >3x y >4x tal como se ha efectuado para el genotipo silvestre en -Pi) no se ha realizado.



Comparando el número de motivos P1BS de los genes alterados en el mutante *phr1* (tanto en una región promotora de 0,5 kb como en 1 kb aguas arriba del ATG) con los del total de genes

---

alterados en respuesta al ayuno de fosfato, se concluye que no hay diferencias significativas entre ambos grupos de genes, lo que indica que PHR1 no controla preferentemente a los genes con motivo P1BS, es decir una parte importante de su acción reguladora es probablemente indirecta.

### **1.5.- Comparación de genes modulados por la respuesta al ayuno de fosfato con genes modulados por otros estreses y estímulos.**

La utilización de técnicas genómicas de hibridación con microordenamientos, en condiciones normalizadas, ha permitido a la comunidad científica crear una base de datos de análisis transcriptómicos (GENEVESTIGATOR). Esta base de datos describe la variación de la expresión génica de 22915 genes de Arabidopsis en diferentes condiciones experimentales, tales como tratamientos hormonales, estreses nutricionales y ambientales, tratamientos con agentes patógenos y estímulos luminosos de distinta calidad entre otros. Mediante la comparación de la información transcriptómica presente en la base de datos GENEVESTIGATOR y los datos transcriptómicos relativos al ayuno de fosfato es posible relacionar y determinar aquellos genes que se modulan conjuntamente en respuesta al ayuno de fosfato y otro tratamiento, es decir qué tratamientos muestran una correlación estadísticamente significativa en sus patrones de expresión con el causado por el ayuno de fosfato.

Para esta finalidad se han identificado y analizado los genes inducidos y/o reprimidos en cada tratamiento descrito en GENEVESTIGATOR que presentan una modulación de la expresión génica  $\geq 2$ . Puesto que no todos los genes representados en el microordenamiento ATH1, utilizado en la base de datos GENEVESTIGATOR, están representados en el microordenamiento Operon, el estudio se ha restringido a los genes que se encuentran representados en ambos microordenamientos, que representan un 84,38% de los genes del microordenamiento ATH1. A continuación, se han buscado, por separado, todos los genes que se encuentran inducidos o reprimidos en ayuno de fosfato y al mismo tiempo inducidos o reprimidos en cada tratamiento de la base de datos GENEVESTIGATOR, teniéndose así cuatro subgrupos (inducidos por tratamiento/ inducidos por  $-P_i$ ; inducidos por tratamiento/ reprimidos por  $-P_i$ ; reprimidos por tratamiento/ inducidos por  $-P_i$  y reprimidos por tratamiento/ reprimidos por  $-P_i$ )

Para evaluar qué tratamientos muestran correlación estadísticamente significativa en su patrón de expresión con el causado por el ayuno de fosfato, se realizó un test binomial en cada uno de los subgrupos (el número de genes esperados por azar en cada subgrupo se calcula mediante la fórmula  $E = P \times T / 22915$ , siendo E = n° de genes esperados, P = n° de genes (normalizados) inducidos o reprimidos por el ayuno de fosfato y T = n° de genes inducidos o reprimidos por el tratamiento en cuestión). Correlaciones positivas corresponden a  $P \leq 0,05$  en los subgrupos: Inducidos por tratamiento/ Inducidos por  $-P_i$ ; Reprimidos por tratamiento/ reprimidos por  $-P_i$ . Tal como se puede observar en las Figuras 11 (correlaciones positivas) y 12

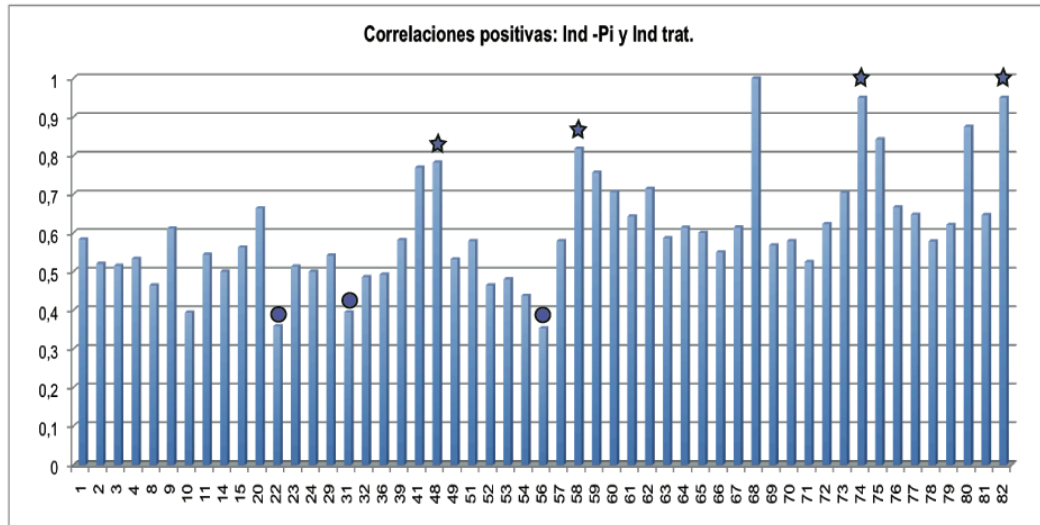
---

(correlaciones negativas) y en la tabla 4 existe un gran número de tratamientos con patrones de expresión correlacionados con el causado por el ayuno de fosfato. El número de correlaciones positivas es significativamente mayor que el de correlaciones negativas (70 vs. 31). Asimismo, las correlaciones significativas con los genes inducidos en ayuno de fosfato son más numerosas que con los genes reprimidos (72 vs. 32).

Dado que PHR1 es un regulador específico de la respuesta al ayuno de fosfato, se ha examinado si PHR1 modula la respuesta únicamente de los genes específicos o si modula también genes coincidentemente con otros tratamientos. Para ello se ha examinado si en los casos de tratamientos correlacionados con el ayuno de fosfato existen diferencias significativas en el comportamiento de los genes controlados por PHR1 respecto a los totales que responden al ayuno de fosfato. Así, por ejemplo, dentro de un grupo de genes inducidos por fosfato y por un tratamiento determinado, si la proporción de genes controlados por PHR1 es significativamente menor que en el conjunto de genes inducidos por el ayuno de fosfato, indicaría que los genes controlados por PHR1 son más específicos en relación a este tratamiento, que los no controlados por PHR1. En la tabla 4 se muestra el resultado del análisis. Como se puede observar, para la mayor parte de los tratamientos que muestran correlación en su patrón de expresión no hay diferencias significativas en el comportamiento de los genes controlados por PHR1 en relación al total de los genes que responden al ayuno de fosfato. Tan solo en 15 de los 104 casos hay diferencias significativas, pero entre éstas 15, las hay de 2 clases (7 casos de sobre-representación y 8 casos de infra-representación).



A.



B.

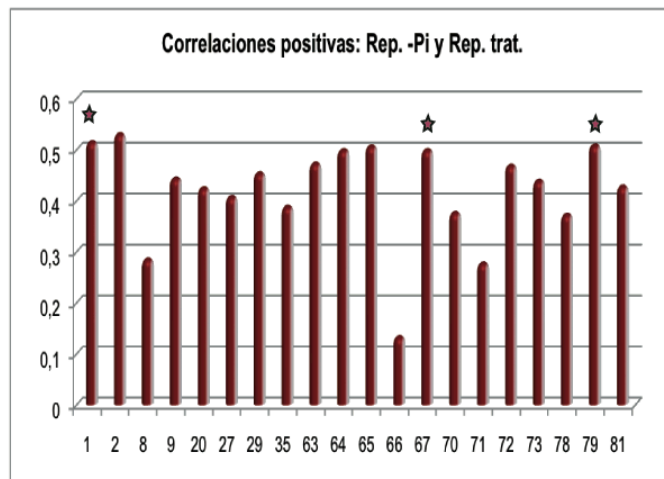
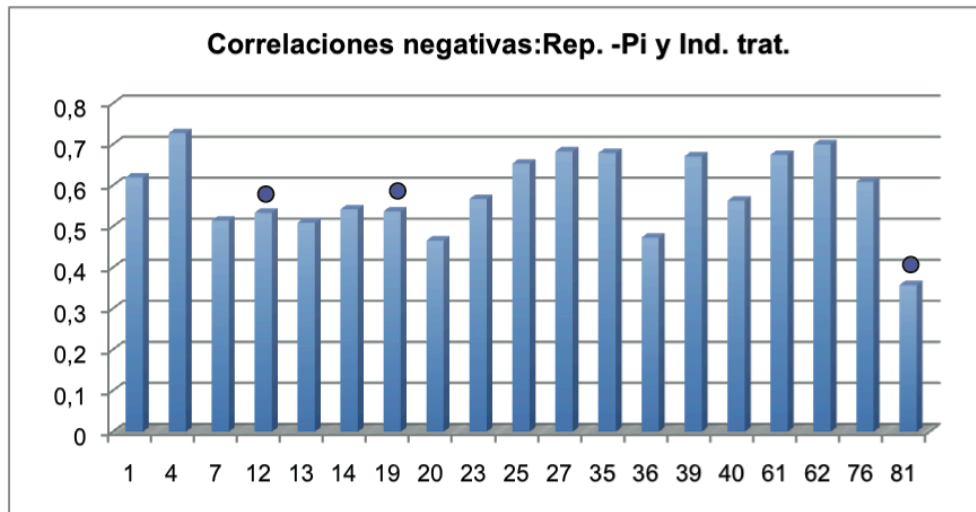


Fig. 11. Representación del ratio (observado vs. esperado) para las correlaciones positivas. En A. se muestran aquellos casos en los que, tanto en ayuno de fosfato como en el tratamiento GENEVESTIGATOR los genes coincidentes están inducidos. En B. se muestran aquellos casos en que los genes coincidentes en ambos tratamientos están reprimidos.

Los asteriscos indican sobre-representación de los genes controlados por PHR1 en relación a los genes totales que responden al ayuno de fosfato y al estímulo en cuestión, mientras los círculos indican infra-representaciones. La numeración es relativa al tratamiento GENEVESTIGATOR como sigue: 1- Biotic: *A. tumefaciens* (+); 2-Biotic: *B. cinerea* (+); 3- Biotic: *E. cichoracearum* (+); 4-Biotic: *E. orontii* (+); 5-Biotic: *M. persicae* (+); 6-Biotic: micorrhiza (+);7-Biotic: nematode (+);8-Biotic: *P. infestans* (+); 9-Biotic: *P. syringae* (+); 10-Chemical: 2,4,6 T (+); 11-Chemical: 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (+); 12-Chemical: 4-thiazolidinone/acetic acid (+); 13-Chemical: 6-benzyl adenine (+); 14-Chemical: AgNO<sub>3</sub> (+);15-Chemical: AVG (+); 16-Chemical: brz220 (+); 17-Chemical: brz91 (+); 18-Chemical: chitin (+); 19-Chemical: CO<sub>2</sub> high; 20-Chemical: cycloheximide (+); 21-Chemical: daminozide (+);22-Chemical: furyl acrylate ester (+); 23-Chemical: hydrogen peroxide (+); 24-Chemical: ibuprofen (+); 25-Chemical: isoxaben (+); 26-Chemical: MG13 (+); 27-Chemical: norflurazon (+); 28-Chemical: NPA (+); 29- Chemical: ozone\_1; 30-Chemical: paclobutrazole (+); 31-Chemical: PCIB (+); 32-Chemical: PNO8 (+);33-Chemical: prohexadione (+); 34-Chemical: propiconazole (+); 35-Chemical: syringolin (+); 36-Chemical: TIBA (+); 37-Chemical: uniconazole (+); 38-Chemical: zearalenone (+); 39-Hormone: ABA (+); 40-Hormone: ACC (+);41-Hormone: BL (+); 42-Hormone: BL / H3BO<sub>3</sub> (+); 43-Hormone: ethylene (+); 44-Hormone: GA3 (+); 45-Hormone: IAA\_1; 46-Hormone: IAA\_2; 47-Hormone: IAA\_3; 48-Hormone: MJ (+); 49-Hormone: salicylic acid (+); 50-Hormone: zeatin (+); 51-Light intensity: light\_1; 52-Light quality: blue; 53-Light quality: far red; 54-Light quality: red; 55-Light quality: UV-A; 56-Light quality: UV-AB; 57-Light quality: white; 58-Light: UV\_filtered\_WG295; 59-Light: UV\_filtered\_WG305; 60-Light: UV\_filtered\_WG327; 61-Nutrient: Caesium-137 (+); 62-Nutrient: Cs (+); 63-Nutrient: glucose\_2-4-6h; 64-Nutrient: K (-); 65-Nutrient: lowN\_glucose; 66-Nutrient: mannitol\_2-4-6h; 67-Nutrient: Nitrate\_low; 68-Nutrient: S deprivation; 69-Nutrient: sucrose (+); 70-PCD: senescence; 71-Stress: cold\_1; 72-Stress: cold\_2; 73-Stress: cold\_3; 74-Stress: drought; 75-Stress: genotoxic; 76-Stress: heat\_1; 77-Stress: heat\_2; 78-Stress: hypoxia (+); 79-Stress: osmotic; 80-Stress: oxidative; 81-Stress: salt y 82-Stress: wounding

A.



B.

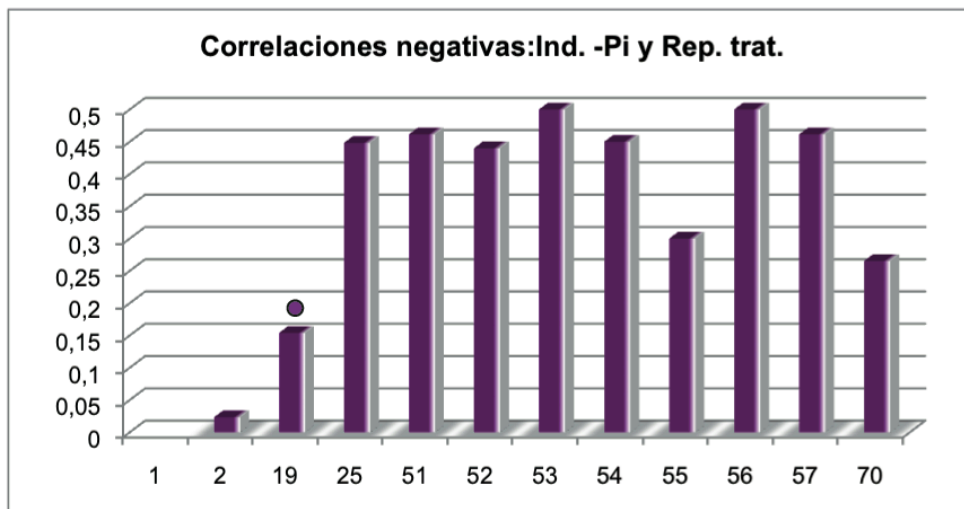


Fig. 12. Representación del ratio (observado vs. esperado) para las correlaciones negativas. En A. se muestran los casos en los que los genes coincidentes están reprimidos en -Pi y inducidos para el tratamiento GENEVESTIGATOR, y en B. se muestran los casos inducidos en -Pi y reprimidos por el tratamiento GENEVESTIGATOR. Los asteriscos indican sobre-representación de los genes controlados por PHR1 en relación a los genes totales que responden al ayuno de fosfato y al estímulo en cuestión, mientras los círculos indican infra-representaciones. La numeración es relativa al tratamiento GENEVESTIGATOR como sigue:1- Biotic: A. tumefaciens (+); 2-Biotic: B. cinerea (+); 3- Biotic: E. cichoracearum (+); 4-Biotic: E. orontii (+); 5-Biotic: M. persicae (+); 6-Biotic: mycorrhiza (+);7-Biotic: nematode (+); 8-Biotic: P. infestans (+); 9-Biotic: P. syringae (+);10-Chemical: 2,4,6 T (+); 11-Chemical: 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (+); 12-Chemical: 4-thiazolidinone/acetic acid (+);13-Chemical: 6-benzyl adenine (+); 14-Chemical: AgNO3 (+);15-Chemical: AVG (+); 16-Chemical: brz220 (+); 17-Chemical: brz91 (+); 18-Chemical: chitin (+); 19-Chemical: CO2 high; 20-Chemical: cycloheximide (+) 21-Chemical: daminozide (+);22-Chemical: furyl acrylate ester (+); 23-Chemical: hydrogen peroxide (+); 24-Chemical: ibuprofen (+); 25-Chemical: isoxaben (+); 26-Chemical: MG13 (+); 27-Chemical: norflurazon (+); 28-Chemical: NPA (+); 29- Chemical: ozone\_1; 30-Chemical: paclobutrazole (+); 31-Chemical: PCB (+); 32-Chemical: PNO8 (+);33-Chemical: prohexadione (+); 34-Chemical: propiconazole (+); 35-Chemical: syringolin (+); 36-Chemical: TIBA (+); 37-Chemical: uniconazole (+); 38-Chemical: zearalenone (+); 39-Hormone: ABA (+); 40-Hormone: ACC (+);41-Hormone: BL (+) ; 42-Hormone: BL / H3BO3 (+); 43-Hormone: ethylene (+); 44-Hormone: GA3 (+); 45-Hormone: IAA\_1; 46-Hormone: IAA\_2 ; 47-Hormone: IAA\_3; 48-Hormone: MJ (+); 49-Hormone: salicylic acid (+); 50-Hormone: zeatin (+); 51-Light intensity: light\_1 ; 52-Light quality: blue; 53-Light quality: far red; 54-Light quality: red; 55-Light quality: UV-A; 56-Light quality: UV-AB; 57-Light quality: white; 58-Light: UV\_filtered\_WG295; 59-Light: UV\_filtered\_WG305; 60-Light: UV\_filtered\_WG327; 61-Nutrient: Caesium-137 (+); 62-Nutrient: Cs (+); 63-Nutrient: glucose\_2-4-6h; 64-Nutrient: K (-); 65-Nutrient: lowN\_glucose; 66-Nutrient: mannitol\_2-4-6h; 67-Nutrient: Nitrate\_low; 68-Nutrient: S deprivation; 69-Nutrient: sucrose (+); 70-PCD: senescence; 71-Stress: cold\_1; 72-Stress: cold\_2; 73-Stress: cold\_3; 74-Stress: drought; 75-Stress: genotoxic; 76-Stress: heat\_1; 77-Stress: heat\_2; 78-Stress: hypoxia (+); 79-Stress: osmotic; 80-Stress: oxidative; 81-Stress: salt y 82-Stress: wounding

	Inducidos en -Pi	Reprimidos en -Pi
Nr. de tratamientos con correlación positiva	53 → 4 → 3	20 → 3 → 0
Nr. de tratamientos con correlación negativa	19 → 0 → 3	12 → 0 → 1

Tabla 4. Resumen de la tabla Sup5. Tratamientos con patrones de expresión correlacionados con el causado por el ayuno de fosfato. Se analizaron por separado los genes inducidos y reprimidos tanto el caso del ayuno de fosfato como en el de otros tratamientos (GENEVESTIGATOR). Se considera correlación positiva o negativa con un tratamiento dado, cuando los genes inducidos por el ayuno de fosfato están sobre-representados en el conjunto de genes inducidos o reprimidos por dicho tratamiento respectivamente, o cuando los genes reprimidos por el ayuno de fosfato están sobre-representados en el conjunto de genes reprimidos o inducidos, respectivamente, por dicho tratamiento. En los casos en que se ha detectado correlación positiva o negativa entre el ayuno de fosfato y un tratamiento, se ha analizado también si los genes controlados por PHR1 están sobre-representados (en rojo) o infra-representados (en azul) entre los genes coincidentes entre el ayuno de fosfato y el tratamiento para el que existe correlación. El número total de tratamientos presentes en la base datos GENEVESTIGATOR en el momento de la realización de este análisis es 82.

## 2.- CARACTERIZACIÓN DE MOTIVOS CIS-REGULADORES P1BS FUNCIONALES *IN VIVO*.

### 2.1.- Mutagénesis de motivos P1BS funcionales *in vivo*.

Con objeto de comprobar *in vivo* el papel del elemento P1BS, reconocido por PHR1 en la respuesta al ayuno de fosfato, se ha realizado un análisis del efecto de mutagénesis de los motivos P1BS en el promotor de *IPS1*, que responde específicamente al ayuno de fosfato. *IPS1* contiene 2 motivos P1BS en una región de 1kb aguas arriba del gen (Figura 13). En el laboratorio donde se realizó este trabajo de tesis se había clonado una región de 2,8kb de promotor de *IPS1* fusionado con el gen delator *GUS* (Martin *et al.*, 2000), que se había comprobado que respondía de manera específica a la carencia de fosfato.

Sin embargo, para facilitar la mutagénesis y puesto que la mayoría de los genes de *Arabidopsis*, a diferencia de lo que ocurre en animales que presentan “enhancers”, generalmente presenta elementos cis-reguladores en posiciones proximas al ATG del gen, se ha recortado la región promotora de *IPS1* hasta reducirla a 1 kb (ver Figura 13 y Materiales y Métodos).

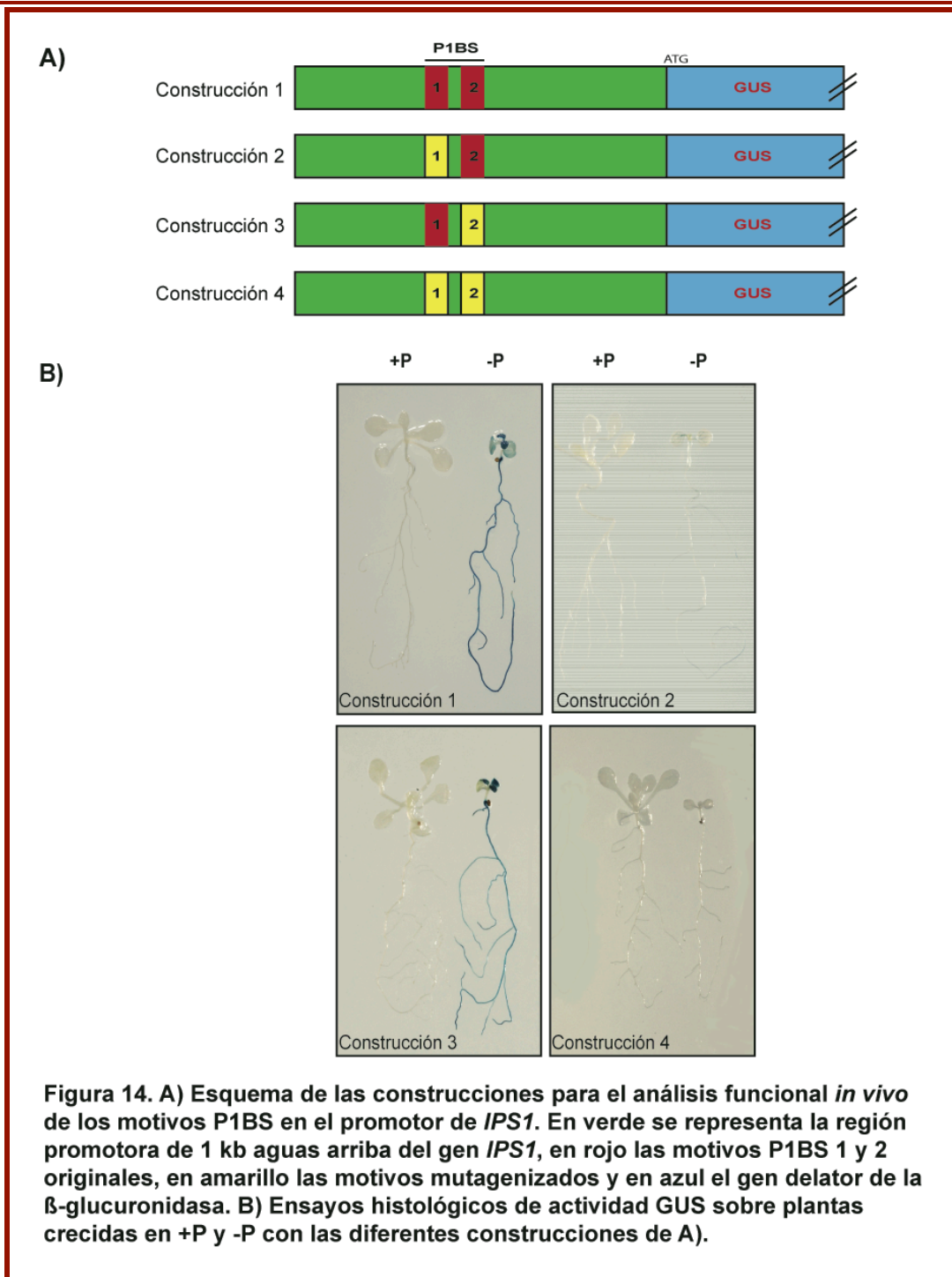
La construcción conteniendo esta región promotora de 1kb fusionada al gen delator *GUS* se utilizó para transformar plantas silvestres de *Arabidopsis*. Se obtuvieron 10 líneas transgénicas independientes y en todos los casos se observó respuesta de este gen delator al ayuno de fosfato, medido mediante ensayo histoquímico de la actividad *GUS* (Figura 14 – Construcción 1). A partir de esta construcción se ha seguido una estrategia de mutagénesis de las secuencias cis-reguladoras P1BS para comprobar su importancia *in vivo* de cada una de ellas en la respuesta al

ayuno de fosfato.

```
HindIIIgtgtcattaggtgatcaatcgttccaaaaaaaaaagataaacgtaatgcgtcttattgtttataaatatttactttcaagcgaaaca  
atatttgggacccataattttcctaaaagaatgcctccaattgatcataaagaaagagcttggtatattataacaaaacgaaagagctaag  
aactgtcaagttattaacataacacacagaattaaataatctgtatattcagtaaaaagactttcacagagtaattattataaaaaca  
gttgcttttcatgagtaattgcattgtatttactaaaacaaatgtacgttctgacagctcaaggcattatacctgactaattaagtattgaatt  
aaaaatcaactcaacttctgtgtatgcatcagatgagtggtatgtctgtgtaaactgaaaaggcaatttggtaacggcatattccatcg  
gatgatccaaaattcctaaaacgatattcacgtaagactcccctgtttccatcatctgctccactataaacatttatattttaaacttgc  
actcttttacaccatataatatttccccttacaccaataatataactcttcttttcttcttccagaatttaaatcaagata  
aacgtgtacattgggaatttctgtatctttttgtatgttacgtgtttatgataccaaaatataaatatcatatacgcattataactataaaaga  
aaagaaatcattataaagaaccttaacaaacatgaaatataatgggtgattgttacaaaagttagtatttttctaatgaaaagaaatg  
aggaaaggtggaagaacaatagcttatgtaataatataatggggttcagtgatcttttaagtcttcatgaccaagacaacaaca  
caataaacgcaaaaaagaagaatgctataaaacccccctagagcctcattgtgaaccctctctaactggcaaacaccaca  
aaaacaaaagaaaaATG GUS
```

Figura 13. Secuencia del promotor de *IPS1* clonado en el vector binario pBI101.2. en rojo está representada la región 5' del mRNA de *IPS1* con su hipotético ATG y el posicionamiento del gen codificante para la  $\beta$ -Glucuronidasa. En amarillo están representados los 2 motivos P1BS presentes en el promotor de este gen. Los 2 motivos poseen idéntica secuencia y se encuentran a poca distancia el uno del otro.

La mutagénesis de los motivos P1BS se llevó a cabo utilizando una estrategia de PCR sobre el vector *IPS1-GUS* (de 1kb) con cebadores internos mutados para los motivos P1BS (Materiales y Métodos). Se han obtenido versiones mutadas del motivo 1, del motivo 2 y de los motivos 1 y 2 juntos (Figura 14) y, previa comprobación de la secuencia por secuenciación, se transformaron plantas silvestres de *Arabidopsis* con las construcciones correspondientes. Las plantas transformadas, seleccionadas y crecidas en medio con presencia/carencia de fosfato (10 líneas independientes/construcción) se sometieron a ensayos histológicos de actividad GUS. Tal como se muestra en la Figura 14, los resultados indican que la delección del motivo 1 compromete la expresión del gen delator *GUS* en la planta entera, mientras que la delección del motivo 2 no afecta de manera detectable la expresión del gen delator. Por lo tanto, se puede observar que el posicionamiento del motivo P1BS en posición 1 es crucial para una correcta respuesta del gen *IPS1* en ayuno de fosfato. El motivo 2 no parece afectar a la respuesta al ayuno de fosfato y su papel, si alguno, se desconoce.



## 2.2.- Construcción de un elemento artificial de respuesta a PHR1 en el ayuno de fosfato.

Con objeto de verificar si el motivo P1BS es suficiente por sí sólo para la activación transcripcional *in vivo*, se abordó la construcción de un gen delator *GUS* en el que al promotor mínimo (-46) 35S CaMV (Benfey and Chua, 1990, Benfey *et al.*, 1990) se le fusionó una secuencia con cuatro motivos P1BS. El promotor mínimo (-46) del 35S CaMV se caracteriza por ser incapaz por sí sólo de activar la transcripción pero por otra parte presenta la región de unión de la TATA-



box y por lo tanto ejerce una función auxiliadora de la activación transcripcional dirigida por otros motivos reguladores como se ha demostrado previamente (Ulmasov *et al.*, 1995).

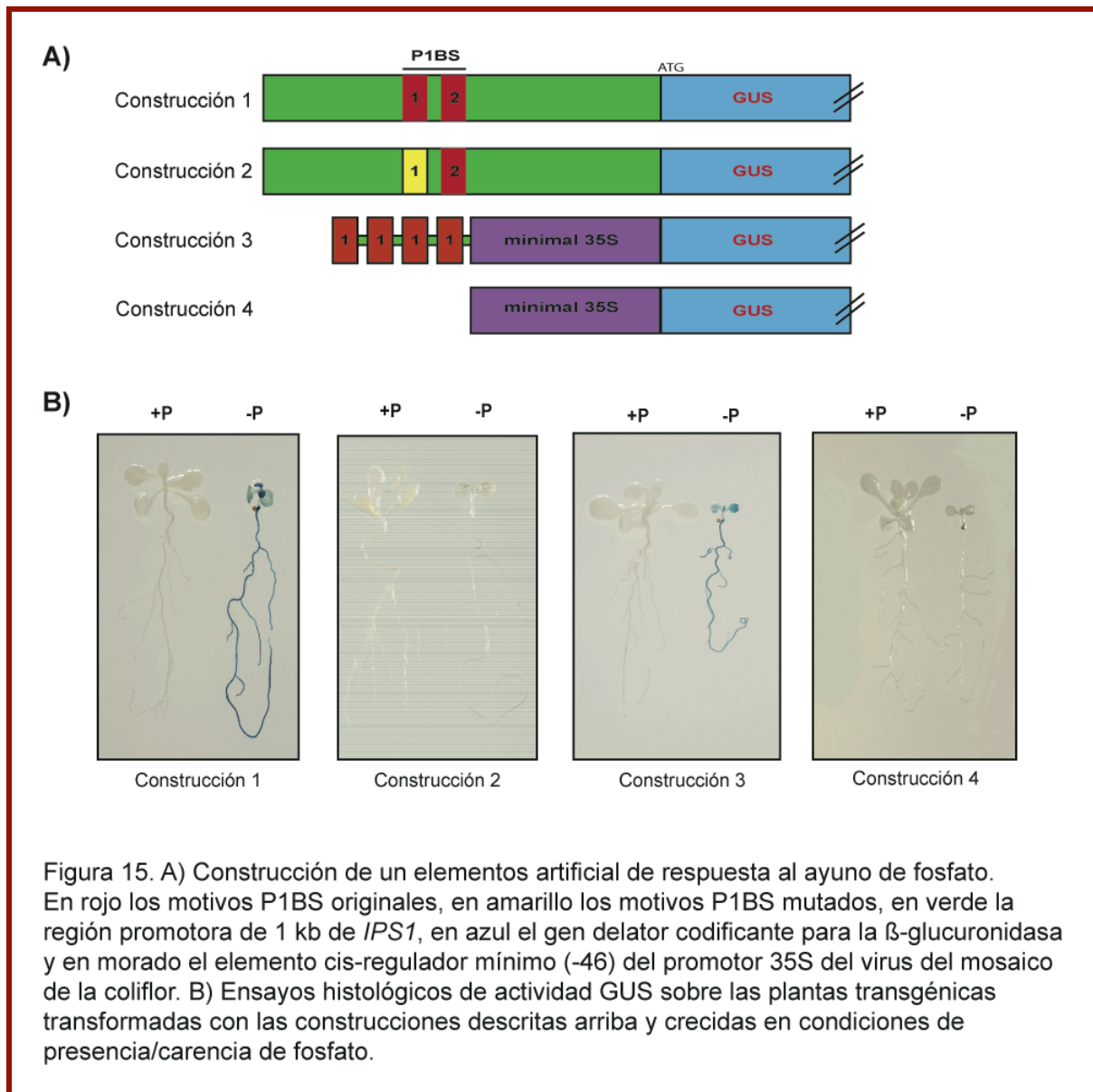


Figura 15. A) Construcción de un elemento artificial de respuesta al ayuno de fosfato. En rojo los motivos P1BS originales, en amarillo los motivos P1BS mutados, en verde la región promotora de 1 kb de *IPS1*, en azul el gen delator codificante para la  $\beta$ -glucuronidasa y en morado el elemento cis-regulador mínimo (-46) del promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor. B) Ensayos histológicos de actividad GUS sobre las plantas transgénicas transformadas con las construcciones descritas arriba y crecidas en condiciones de presencia/carencia de fosfato.

Para crear las 4 repeticiones del motivo P1BS se han utilizado un par de cebadores complementarios entre ellos, que presentaban 4 repeticiones del motivo P1BS separados por 4 pares de bases elegidos al azar y flanqueados por secuencias de reconocimiento de enzimas de restricción. Se ha utilizado esta construcción para transformar plantas silvestres de *Arabidopsis*, se han seleccionado 10 líneas independientes, resistentes a kanamicina, y sobre su progenie se han realizado ensayos GUS. La Figura 15 muestra la tinción histológica GUS de plantas transgénicas 4xP1BS-min35S::GUS en condiciones de crecimiento de presencia/carencia de fosfato, en las que se observa tinción histológica solo en ayuno de fosfato. Además, se ha comprobado que la construcción con el gen delator sin motivos P1BS no produce coloración en plantas transgénicas, independientemente del régimen de crecimiento (Construcción 4 en la Figura 15).

---

### **3.- CARACTERIZACIÓN DE LAS PRINCIPALES MODIFICACIONES EPIGENÉTICAS EN LA RESPUESTA A LA CARENCIA DE FOSFATO.**

#### **3.1.- Estado de metilación de las histonas de los genes implicados en la respuesta a la carencia de fosfato.**

Como se ha descrito (ver “Introducción”) la regulación transcripcional puede ser modulada a varios niveles, y uno de ellos es el estado de compactación de la cromatina. La cromatina cuando está metilada en la lisina 9 de la histona H3 se encuentra en un estado heterocromático y sus histonas se encuentran empaquetadas densamente, produciéndose inhibición de la transcripción génica. Alternativamente al estado heterocromático, la cromatina también puede presentarse en un estado eucromático, mas relajado, que presenta mayor accesibilidad y permite la transcripción, siempre que los factores necesarios para la activación génica estén presentes. Con el fin de comprobar si la carencia de fosfato afecta el estado de metilación de las histonas, se utilizó la técnica de inmunoprecipitación de la cromatina, utilizando anticuerpos monoclonales que reconocen específicamente metilaciones en tan sólo algunas de las lisinas de las colas de histonas. Este abordaje consiste en dos fases experimentales distintas, una primera de inmunoprecipitación de la cromatina con un anticuerpo específico, a partir de extractos nucleares de tejido vegetal crecido en condiciones controladas, y una segunda de revelado de la inmunoprecipitación. Esta última puede ser visualizada de diferentes maneras: secuenciación, amplificación mediante PCR cuantitativa o semi-cuantitativa, o amplificación seguida por hibridación con microordenamientos de secuencias promotoras.

Para identificar genes en los que la cromatina de su promotor se encuentra en estado eucromático, se ha utilizado un anticuerpo monoclonal que reconoce específicamente la lisina 4 de la cola N-terminal de la histona H3 en su estado metilado (Gendrel *et al.*, 2005, Gendrel *et al.*, 2002). Para identificar genes en los que el promotor se encuentra en un estado heterocromático, se ha utilizado un anticuerpo monoclonal que reconoce específicamente la lisina 9 de la cola N-terminal de la histona H3 en su estado metilado (Gendrel *et al.*, 2002).

El experimento se ha llevado a cabo con semillas de *Arabidopsis*, esterilizadas, estratificadas durante 4 días, sembradas y crecidas en placas verticales en un medio sólido Johnson completo durante 7 días y a continuación, pasadas individualmente a un medio sólido Johnson completo o carente de fosfato, durante 5 días. Para comprobar que las condiciones de crecimiento en carencia de fosfato son suficientes para desencadenar la respuesta al ayuno de fosfato, se han utilizado plantas transgénicas *IPS1::GUS* (Martin *et al.*, 2000). Las plantas se han sembrado en las mismas condiciones descritas anteriormente, y al final de los 12 días de crecimiento se ha realizado un ensayo de tinción histológica de actividad GUS. Las plantas

---

sometidas al ayuno de fosfato durante 5 días presentaban una fuerte tinción histoquímica debida a la expresión del gen *IPS1::GUS*, mientras que las plantas pasadas a medio completo no presentaban tinción histoquímica alguna (datos no mostrados).

El protocolo que se ha utilizado para el experimento de inmunoprecipitación de cromatina (llamado ChIP de ahora en adelante) es el descrito por Martiansen (comunicación personal) con algunas modificaciones en lo que se refiere al medio de cultivo y tiempos de siembra (descrito en materiales y métodos). Durante la sonicación se ha prestado particular atención en lo que se refiere al tamaño de los fragmentos de cromatina obtenidos, puesto que este es uno de los puntos mas críticos de este método para su correcto revelado mediante PCR semicuantitativa. Se han tomado solo muestras sonicadas con tamaños comprendidos entre 150 y 1100 pares de bases, con una mayor concentración de fragmentos entre 300 y 700 pares de bases (ver Figura 16.A). Para cada condición experimental se han usado controles de normalización, con la cromatina total no inmunoprecipitada, y de nivel de fondo, con una inmunoprecipitación sin anticuerpo. Los experimentos se han efectuado por duplicado, de manera independiente, y siempre han producido resultados similares.

Para comparar el estado de metilación de la cromatina en condiciones de presencia/carencia de fosfato se ha realizado un experimento de PCR semi-cuantitativa sobre el DNA recuperado de la inmunoprecipitación (ver Figura 16.B). Se han analizado promotores de los genes PSI (de las siglas en inglés; Phosphate Starvation Induced) representativos de los que contienen 2 motivos de unión P1BS en el promotor, tales como *IPS1*, *PHT1* y *At4*, de los que contienen 1 solo motivo de unión P1BS tales como *ACP5*, *SQD1* y *RNS1*, y de los que no contienen ningún motivo P1BS tales como *CaBP22*. El numero de motivos P1BS se ha calculado en una región de 1 kb a partir del codón de inicio de traducción de cada gen. Por otra parte, se ha analizado también el promotor del gen *At2g41240*, que se encuentra reprimido en la respuesta al ayuno de fosfato y que contiene 1 motivo P1BS. Además, se han usado también, como controles positivos el promotor del gen *At4g03870* que no contiene motivos P1BS, y el promotor del gen *At4g04040* que contiene 2 motivos de unión P1BS. Estos dos últimos promotores habían sido previamente definidos como marcadores constitutivos de estado heterocromático y eucromático, respectivamente (Gendrel *et al.*, 2002). Todos los cebadores utilizados para la amplificación se han escogido alrededor del motivo de unión P1BS, y a -500 pares de bases del ATG en los casos de falta de motivo P1BS (*CaBP22* y *At4g03870*). En los casos de *ACP5* y *PHT1* se eligieron pares de cebadores a -500 y -1500 pares de bases del ATG, para determinar si el estado cromatínico depende del reconocimiento de motivos P1BS.



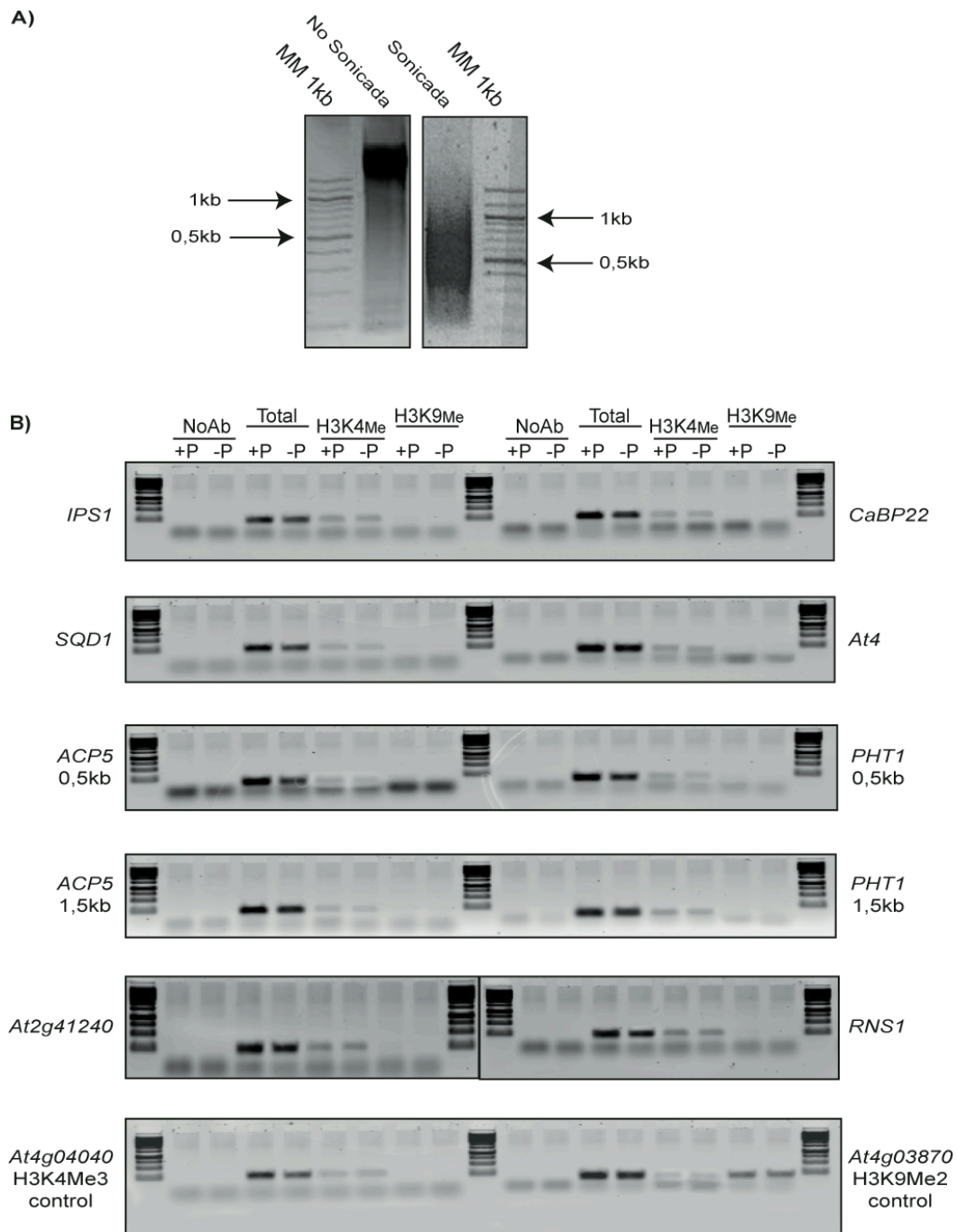


Figura 16. A) Cromatina entrecruzada con formaldehído 1% y analizada en un gel de agarosa al 1,2%. 2µl de extracto nuclear sonicado y no sonicado cargados junto a un marcador molecular de DNA de 1kb (Fermentas). B) Amplificación por PCR semicuantitativa del inmunoprecipitado del experimentos de ChIP de metilación de la histona H3. Las muestras sin anticuerpo (No Ab) fueron amplificadas 35 ciclos, las de DNA total (Total) 25 ciclos, las inmunoprecipitadas con Ab Anti-H3K4Me 30 ciclos y las inmunoprecipitadas con Ab Anti-H3K9Me 35 ciclos. Las muestras fueron cargadas en un gel de agarosa al 1,5% .

Tal como se muestra en la Figura 16, en todos los casos se ha detectado inmunoprecipitación con el anticuerpo frente a la metilación de la lisina 4 de la histona H3 (eucromatina) para todos los promotores de los genes implicados en la respuesta al ayuno de fosfato analizados, independientemente de la presencia/ausencia de motivos de unión P1BS y de

---

su posicionamiento. En ninguno de los genes analizados, implicados en la respuesta al ayuno de fosfato, se ha observado el marcador de estado heterocromático (metilación de la lisina 9 de la histona H3). El control positivo eucromático presentó inmunoprecipitación solo con el marcador eucromático, mientras que el control positivo heterocromático presentó no solo inmunoprecipitación con el anticuerpo para la lisina 9 de la histona H3 (heterocromatina), sino que también con el anticuerpo para la lisina 4 de la histona H3 (eucromatina), aunque de forma mucho más débil. La señal no específica del anticuerpo que reconoce la eucromatina en muestras de heterocromatina ya había sido descrita previamente (Gendrel *et al.*, 2002).

### **3.2.- Análisis del posicionamiento y del estado de acetilación de las histonas en la respuesta a la carencia de fosfato.**

Otro determinante fundamental de la activación génica es el estado de compactación de la cromatina, que puede ser alterado tanto por el posicionamiento de las histonas sobre el DNA como por la acetilación de las lisinas en las colas de las histonas. La acetilación de las histonas se supone que actúa sobre la carga eléctrica de la cromatina (reduce la basicidad de las histonas), que a su vez influye sobre la fuerza de unión entre el DNA y los nucleosomas. Como consecuencia de ello, se produce un relajamiento de la estructura cromatínica que lleva a un aumento de la accesibilidad de la cromatina a los TF. Además estudios sobre los genes *PHO5* y *PHO8*, genes de respuesta a la carencia de fosfato en la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, han evidenciado que el posicionamiento de las histonas en el promotor de los genes tiene un papel importante sobre la transcripción a través de un mecanismo llamado evicción de histonas. Con el fin de comprobar si la respuesta a la carencia de fosfato afecta tanto el estado de acetilación de las histonas como su posicionamiento, también se utilizó la técnica de inmunoprecipitación de la cromatina. Las condiciones de crecimiento y sonicación son similares a las descritas previamente (ver sección 3.1 en Resultados). Para identificar genes en los que su promotor contiene histonas H4 acetiladas se ha utilizado un anticuerpo policlonal de conejo que reconoce de manera específica acetilaciones de las lisinas 5, 8, 12 y 16 de forma bi-, tri- y penta-acetiladas de la cola N-terminal de la histona H4 (Heintzman *et al.*, 2007). La elección de este marcador de acetilación respecto a otros posibles es debida a que su espectro es el más genérico posible, a falta de evidencias experimentales previas relativas al estado de acetilación de las histonas en condiciones de carencia/presencia de fosfato en plantas.

Además, para comprobar si existe un mecanismo similar al de *PHO5* y *PHO8* de evicción de histonas en los genes de respuesta al ayuno de fosfato se ha utilizado un anticuerpo policlonal de conejo que reconoce específicamente la histona H4. El anticuerpo utilizado había sido previamente testado en el laboratorio del Prof. Rodolfo Negri (Universidad "La Sapienza" de Roma) para su capacidad de reconocer específicamente la histona H4 también en ensayos de inmunoprecipitación de cromatina (comunicación personal) en la levadura *Saccharomyces*

*cerevisiae*. Por lo tanto, inicialmente, se ha efectuado un ensayo piloto de ChIP sobre plantas de *Arabidopsis* crecidas en condiciones de presencia de fosfato, analizando mediante PCR semicuantitativa el promotor del transposón *Ta2*. Este gen es conocido por tener la cromatina en su promotor en estado heterocromático (Gendrel *et al.*, 2002). Tal como se muestra en la Figura 17.A este ensayo confirmó la capacidad del anticuerpo anti-H4 de reconocer específicamente la histona H4 también en *Arabidopsis*.

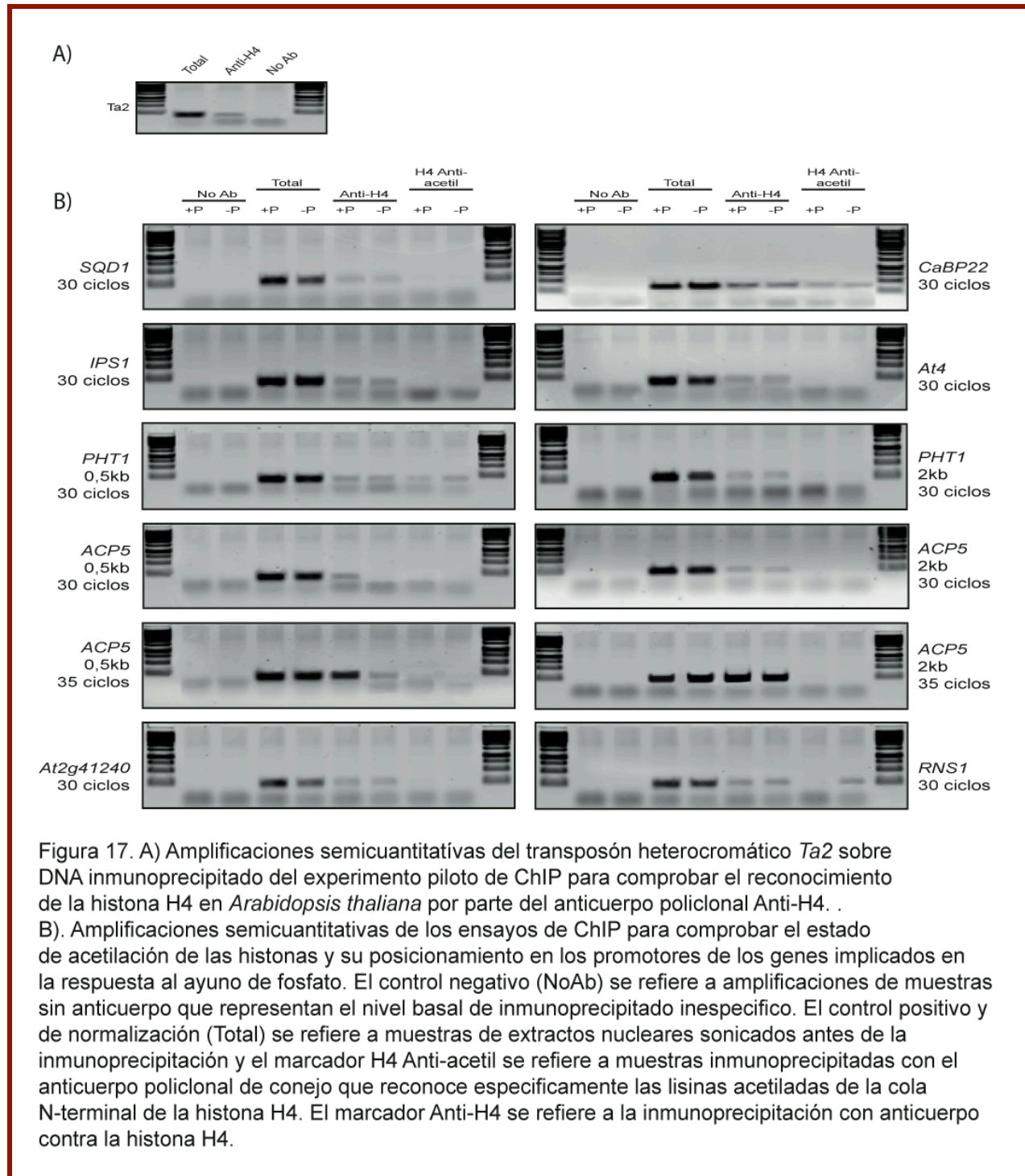


Figura 17. A) Amplificaciones semicuantitativas del transposón heterocromático *Ta2* sobre DNA inmunoprecipitado del experimento piloto de ChIP para comprobar el reconocimiento de la histona H4 en *Arabidopsis thaliana* por parte del anticuerpo policlonal Anti-H4. . B). Amplificaciones semicuantitativas de los ensayos de ChIP para comprobar el estado de acetilación de las histonas y su posicionamiento en los promotores de los genes implicados en la respuesta al ayuno de fosfato. El control negativo (NoAb) se refiere a amplificaciones de muestras sin anticuerpo que representan el nivel basal de inmunoprecipitado inespecífico. El control positivo y de normalización (Total) se refiere a muestras de extractos nucleares sonicados antes de la inmunoprecipitación y el marcador H4 Anti-acetil se refiere a muestras inmunoprecipitadas con el anticuerpo policlonal de conejo que reconoce específicamente las lisinas acetiladas de la cola N-terminal de la histona H4. El marcador Anti-H4 se refiere a la inmunoprecipitación con anticuerpo contra la histona H4.

Para estudiar los niveles de acetilación de la cromatina en plantas crecidas en presencia/carencia de fosfato se efectuaron ensayos de PCR semicuantitativa sobre la cromatina

---

inmunoprecipitada, utilizando los mismos cebadores descritos en la sección 3.1 de Resultados. Los resultados representados en la Figuras 17.B indican que, por lo que se refiere a cambios específicos, debidos al ayuno de fosfato, en el estado de acetilación de la histona H4, el único promotor que presenta acetilaciones sólo en condiciones de ayuno de fosfato es el promotor del gen *RNS1*. Los promotores de los genes *CaBP22* y *PHT1* se encuentran acetilados para este marcador tanto en condiciones de ayuno como de presencia de fosfato. El análisis del promotor del gen del transportador de fosfato *PHT1* en una región distal, alrededor de 1,5kb de distancia del comienzo del gen, presenta un promotor no acetilado tanto en presencia como en ayuno de fosfato.

En lo referente al análisis de posicionamiento de histonas en condiciones de presencia/carencia de fosfato, representado en la Figura 17.B, se puede observar que hay variaciones en el posicionamiento de las histonas H4 sólo para la región próxima al motivo P1BS del gen que codifica la fosfatasa ácida *ACP5*, mientras que para todos los otros casos se observa un posicionamiento normal de las histonas en estas zonas. En condiciones de carencia de fosfato la región próxima al motivo P1BS del promotor de *ACP5* presenta una señal mas débil que en condiciones de presencia de fosfato, indicando una posible evicción de histonas similar al mecanismo de *PHO5* y *PHO8* de levaduras. Este experimento se ha repetido por triplicado en réplicas biológicas separadas con resultados similares.

#### **4.- COMPROBACIÓN DE LA EXISTENCIA DE UN MECANISMO DE EVICCIÓN DE HISTONAS EN ARABIDOPSIS.**

##### **4.1.- Análisis cuantitativo de evicción de histonas.**

Para comprobar y validar con datos cuantitativos la hipótesis de evicción de histonas del promotor de *ACP5*, que supone una eliminación local de las histonas en la zona de unión de TF cruciales para la activación génica, se ha utilizado una modificación experimental del protocolo de inmunoprecipitación de la cromatina. Dada la fuerte interacción natural entre histonas y DNA se ha disminuido el grado de entrecruzamiento DNA-proteínas en el protocolo de ChIP, disminuyendo la concentración de formaldehído de 1% al 0,5%. Con este pequeño cambio experimental se ha conseguido disminuir la dimensión de los fragmentos de cromatina (representado en la Figura 18 – A) de tamaños entre 0,3-1,1kb hasta tamaños entre 0,15-0,8kb. De esta forma, en caso de ausencia local de histonas, se debería observar mejor una disminución cuantitativa de la señal de amplificación, ya que se disminuye la inmunoprecipitación mediada por nucleosomas adyacentes. Por este motivo, se ha optado por un análisis cuantitativo de la señal debida a la inmunoprecipitación, optando por amplificaciones por PCR cuantitativa en tiempo real y utilizando como gen normalizador el promotor del trasposón *Ta2* (Johnson *et al.*, 2002). Se han utilizado

también cebadores distintos cuya distancia entre si se ha reducido a 100 pares de bases. Además, se han analizado los datos de la región proximal al motivo P1BS, una región distal a 1,5 kb aguas arriba del gen *ACP5* y la región próxima al motivo P1BS del gen *IPS1*. Tal como se muestra en la Figura 18.B se detectó una disminución de la señal de posicionamiento de histonas sólo para la región proximal al motivo P1BS del gen *ACP5*, mientras que en los otros casos la señal se ha mantenido estable, indicando presencia estable de nucleosomas ensamblados.

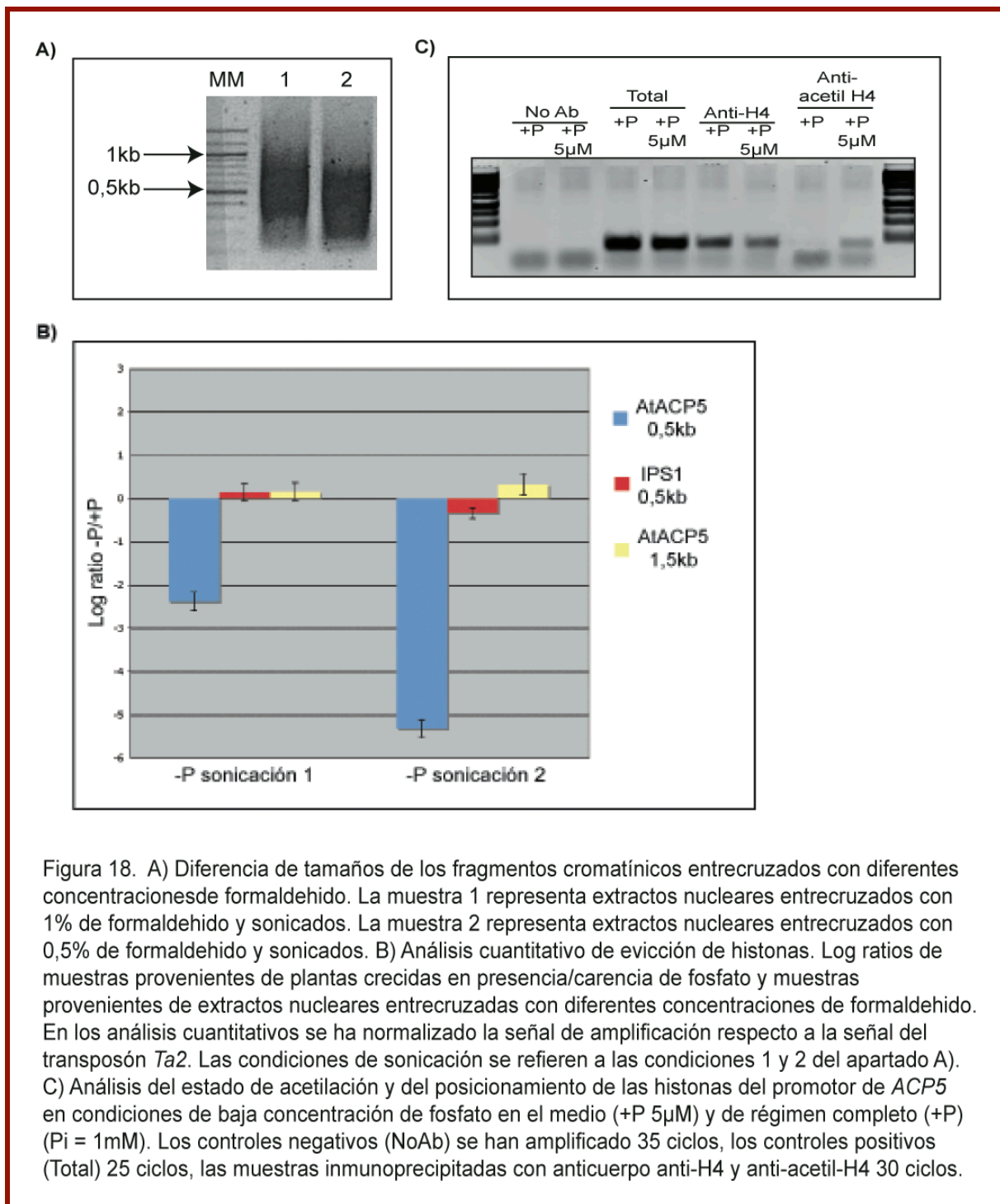


Figura 18. A) Diferencia de tamaños de los fragmentos cromatínicos entrecruzados con diferentes concentraciones de formaldehído. La muestra 1 representa extractos nucleares entrecruzados con 1% de formaldehído y sonicados. La muestra 2 representa extractos nucleares entrecruzados con 0,5% de formaldehído y sonicados. B) Análisis cuantitativo de evicción de histonas. Log ratios de muestras provenientes de plantas crecidas en presencia/carencia de fosfato y muestras provenientes de extractos nucleares entrecruzados con diferentes concentraciones de formaldehído. En los análisis cuantitativos se ha normalizado la señal de amplificación respecto a la señal del transposón *Ta2*. Las condiciones de sonicación se refieren a las condiciones 1 y 2 del apartado A). C) Análisis del estado de acetilación y del posicionamiento de las histonas del promotor de *ACP5* en condiciones de baja concentración de fosfato en el medio (+P 5µM) y de régimen completo (+P) (Pi = 1mM). Los controles negativos (NoAb) se han amplificado 35 ciclos, los controles positivos (Total) 25 ciclos, las muestras inmunoprecipitadas con anticuerpo anti-H4 y anti-acetil-H4 30 ciclos.

---

#### **4.2.- Análisis del estado de acetilación y posicionamiento de histonas del promotor de *ACP5* en condiciones de baja concentración de fosfato en el medio.**

La inducción del gen de la fosfatasa alcalina *PHO8* en la carencia de fosfato de levaduras supone la evicción de histonas en este estrés, mientras que en condiciones de presencia de fosfato los nucleosomas se empaquetan de manera normal. Por otra parte, durante la transición de un estado de presencia de fosfato a un estado de carencia de fosfato se produce una hiperacetilación de algunas histonas presentes en el promotor de *PHO8*. Tal como se ha demostrado (Reinke *et al.*, 2001) la hiperacetilación es dependiente del complejo SAGA, que percibe la bajada de las concentraciones de fosfato, hiperacetila las histonas de la región próxima al motivo de unión a PHO4 en estado de estrés total y de esta forma marca las histonas que a continuación van a ser eliminadas de la cromatina. Por este motivo se han analizado mediante CHIP tanto el posicionamiento de las histonas como su estado de acetilación en la región proximal al motivo P1BS del promotor de *ACP5* en una condición de baja concentración de fosfato (5 $\mu$ M). Tal como se muestra en la Figura 18.C, en presencia de 5 $\mu$ M fosfato, los nucleosomas de la región próxima al motivo P1BS se encuentran normalmente ensamblados. Además, en condiciones de bajo aporte de fosfato, se produce la acetilación de las histonas que se van a eliminar del DNA, de manera similar a lo que ocurre para el gen *PHO8* de levaduras.



---

## DISCUSIÓN

En los últimos años se ha puesto de manifiesto que la regulación transcripcional se desarrolla a distintos niveles. Uno es el mediado por TF, que reconocen elementos cis-reguladores de sus genes diana generalmente localizados en la región promotora. Otro es el derivado de la acción reguladora de diversos factores cromatínicos que modifican la accesibilidad de los TF a la cromatina. En este trabajo se han analizado aspectos importantes de estos niveles de regulación transcripcional, poniéndose de manifiesto el papel central del factor transcripcional PHR1 y su elemento cis-regulador P1BS, así como la existencia del fenómeno de evicción de histonas, descrito por primera vez en este trabajo para organismos vegetales.

### **1.- ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE LA RESPUESTA AL AYUNO DE FOSFATO. PAPEL CENTRAL DE PHR1.**

La carencia de fosfato en las plantas implica numerosos cambios a nivel bioquímico, fisiológico y de desarrollo. Estos cambios se han reflejado a nivel transcripcional en el alto número de genes modulados en ayuno de fosfato (885 genes) con una variación de expresión génica  $\geq 2x$  en el análisis transcriptómico de plantas silvestres, que representa cerca del 3,72% de los genes analizados por microordenamientos Operon. Comparando estos datos con estudios transcriptómicos realizados previamente, y no teniendo en consideración los análisis transcriptómicos de Wu *et al.*, (2003), Hammond *et al.*, (2003) puesto que analizan un número de sondas muy inferior (6000 y 8000 sondas respectivamente), se ha comprobado que el número de genes alterados es similar en número, aunque hay divergencias entre los genes que se alteran en cada experimento (Misson *et al.*, 2005, Morcuende *et al.*, 2007). Tal como se puede observar en la Tabla 5 las coincidencias entre los genes inducidos en carencia de fosfato son muy similares para los 3 experimentos (aprox. 40%), mientras que se notan valores claramente mas bajo entre los reprimidos en carencia de fosfato en el experimento descrito por Misson *et al.*, (2005). Por tanto la calidad de nuestros resultados son al menos similares a la de los otros dos estudios transcriptómicos. Se puede suponer que, la relativamente baja coincidencia de genes entre los experimentos mencionados refleje las diferentes condiciones de crecimiento utilizadas en laboratorios distintos, relativas a otros parámetros diferentes de la concentración de fosfato.

Inducidos en -Pi

	Misson, J. (22815 genes)	Morcuende, R. (22815 genes)	Este trabajo (23819 genes)
Misson, J. (22915 genes)	100%	42,35%	38,58%
Morcuende, R. (22915 genes)	42,35%	100%	41,38%
Este trabajo (23319 genes)	38,58%	41,38%	100%

Coincidentes en los 3 microordenamientos = 133 genes/28,66% Normalizado  
De los 133 genes coincidentes, 78 poseen motivo P1BS = 59,1% Normalizado

Reprimidos en -Pi

	Misson, J. (22815 genes)	Morcuende, R. (22815 genes)	Este trabajo (23819 genes)
Misson, J. (22915 genes)	100%	20,35%	14,29%
Morcuende, R. (22915 genes)	20,35%	100%	44,36%
Este trabajo (23319 genes)	14,29%	44,36%	100%

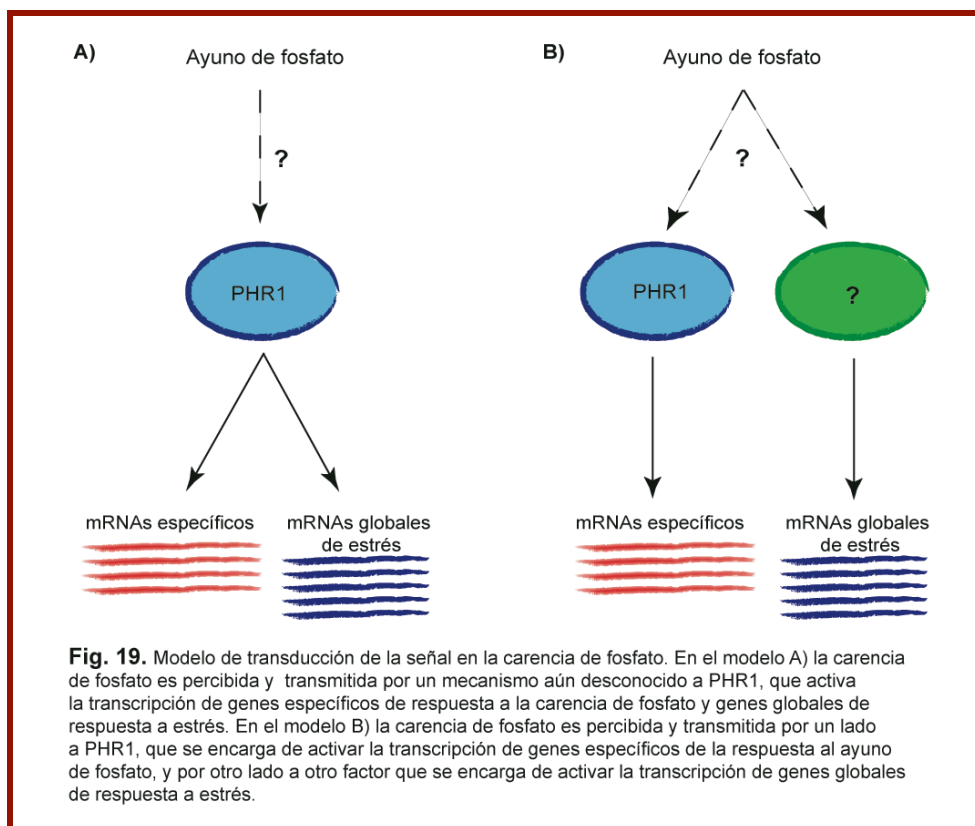
Coincidentes en los 3 microordenamientos = 13 genes/5,06% Normalizado  
De los 13 genes coincidentes, 1 posee motivo P1BS = 7,7% Normalizado

Tabla 5. Análisis de genes inducidos y reprimidos, coincidentes en los experimentos de hibridación por microordenamiento en - Pi. La normalización se hizo considerando el índice de coincidencia de sondas presentes en los distintos microordenamientos (ver resultados sección 1.5)

En relación al análisis transcriptómico con el mutante *phr1*, se ha detectado que menos del 6% de los genes produce una variación génica  $\geq 2x$  (49 genes con  $FDR \leq 0,05$ ) en el mutante *phr1*, respecto a los modulados en el silvestre en ayuno de fosfato. Este porcentaje es muy pequeño, en relación con los efectos fisiológicos y en el desarrollo causados por la mutación de PHR1. Además muchos de los genes que poseen un motivo P1BS en su promotor y están altamente inducidos en el silvestre, se encuentran solo débilmente reprimidos en el mutante *phr1*, con variaciones de la expresión génica que frecuentemente se encuentran entre  $\geq 1x$  y  $\leq 2x$ . Puesto que la familia génica de PHR1, MYB de 1 repetición, consiste de 15 genes subdivididos en 2 subfamilias, y existen 6 genes que presentan un alto grado de identidad de secuencia con PHR1 cabe la posibilidad de una redundancia génica entre miembros de la familia MYB de 1 repetición. De hecho, en el laboratorio donde se realizó este trabajo de tesis se ha detectado que PHR3 es capaz de complementar parcialmente la función de PHR1 (Gabriel Castrillo, tesis doctoral en preparación). Por lo tanto se han analizado los resultados del análisis transcriptómico de *phr1* con parámetros de corte mas relajados, que han mostrado no aumentar la incidencia de falsos positivos (ver resultados Tabla 2A-2D), y en estas condiciones, se ha constatado un papel regulador global de PHR1 puesto que afecta aproximadamente a un 52% de los genes implicados en la respuesta a la carencia de fosfato.



En los últimos años se ha puesto de manifiesto que los distintos tipos de estrés a los que están sometidas las plantas tienen un impacto sobre la condición energética global de las mismas, que lleva al desencadenamiento de respuestas con patrones transcripcionales solapantes (Baena-Gonzalez and Sheen, 2008). Este hecho se observa también con el ayuno de fosfato, que posee patrones de expresión correlacionados con muchos tratamientos analizados, incluidos varios tipos de estrés (Tabla Sup 5). Cómo se regulan estos patrones transcripcionales solapantes, no es del todo conocido. En un escenario simple, se podrían suponer 2 modelos. En uno, representado en la Figura 19.B, los genes que responden específicamente a un tipo de estrés, se controlan por un sistema regulador específico, mientras que los genes comunes (que responden a distintos tipos de estrés) se controlan por un regulador general de estrés. Otro modelo sería aquel en el que todos los genes de respuesta a un estrés determinado, están controlados por un regulador específico de dicho estrés (Figura 19.A). En este caso, los genes comunes tendrían en su región promotora distintos elementos cis-reguladores que les permitirían el control por un número mayor de TF o proteínas reguladoras. Los datos transcriptómicos para el mutante *phr1* indican que el segundo modelo es el correcto. En efecto, en los tratamientos que causan patrón de expresión correlacionado con el de ayuno de fosfato, el comportamiento de los genes controlados por PHR1 es similar al del conjunto de los genes que responden al ayuno de fosfato. Sólo en 15 de los 85 casos analizados hay diferencias significativas (ver Tabla 4 y Tabla Sup5). Es más, en 7 de los 15 casos en que hay diferencias, los genes controlados por PHR1 muestran una mayor correlación con el tratamiento (es decir mayor coincidencia relativa de genes) que con el total de los genes de ayuno de fosfato.



---

## **2.- IMPORTANCIA DEL ELEMENTO CIS-REGULADOR P1BS *IN VIVO*.**

Estudios anteriores habían mostrado que PHR1 reconoce el motivo palindrómico imperfecto (GNATATNC, llamado motivo P1BS). El análisis transcriptómico realizado en este trabajo de tesis ha puesto de manifiesto la presencia de un número significativamente alto de motivos P1BS en los genes inducidos en plantas silvestres (38,1% vs. 24% del genoma de *Arabidopsis*) y en los genes con inducción disminuida en el mutante *phr1* (40%) durante la respuesta al ayuno de fosfato, mientras que no hay sobre-representación del motivo P1BS en los genes reprimidos por el ayuno de fosfato. Este dato respalda la importancia funcional de PHR1 en la inducción génica en respuesta a este estrés nutricional a través de la unión al motivo P1BS, mientras indica que la participación de PHR1 en los procesos de represión génica es fundamentalmente indirecta.

La importancia del motivo P1BS en la respuesta al ayuno de fosfato también se comprobó experimentalmente mediante mutagénesis de los 2 motivos P1BS de *IPS1*, un gen emblemático en la respuesta al ayuno de fosfato. El análisis de la actividad del promotor de *IPS1* y de derivados mutagenizados del mismo ha mostrado la importancia del motivo 1 P1BS en la respuesta al ayuno de fosfato, mientras que el efecto de la mutagénesis del motivo 2 P1BS no parece tener consecuencias en dicha respuesta. En conjunto estos resultados indican la importancia no sólo del elemento cis-regulador P1BS, sino también de la posición del mismo en el promotor.

La construcción del elemento artificial de respuesta al ayuno de fosfato constituido por cuatro repeticiones del motivo P1BS auxiliadas por la región mínima (-46) del promotor 35S CaMV y fusionado al gen delator *GUS* ha validado la idea de que el elemento cis-regulador P1BS funciona por sí sólo en la respuesta al ayuno de fosfato. Esta construcción será de gran ayuda para experimentos futuros, puesto que podrá ser utilizada como sensor a nivel celular del ayuno de fosfato de la misma manera que previamente se ha demostrado para el elemento artificial *DR5-GUS* de respuesta a la hormona auxina (Ulmasov *et al.*, 1995, Ulmasov *et al.*, 1997). A pesar de la importancia de PHR1, y que un promotor artificial que contiene sólo motivos P1BS es funcional, es esperable sin embargo que en el contexto de promotores naturales, PHR1 actúe en concierto con otros factores transcripcionales. Esta posibilidad se está estudiando en el laboratorio donde se realizó este trabajo de tesis, habiéndose constatado ya que esto ocurre en la regulación de *IPS1* (Castrillo G., tesis doctoral en preparación).

## **3.- MODIFICACIONES DE LA ESTRUCTURA DE LA CROMATINA DURANTE LA RESPUESTA AL AYUNO DE FOSFATO.**

Los análisis realizados en este trabajo de tesis sobre las principales modificaciones de la estructura de la cromatina han puesto de manifiesto algunas modificaciones epigenéticas

---

diferenciales durante la respuesta al ayuno de fosfato. Sin embargo, en lo que se refiere a cambios en el estado de la cromatina entre los promotores analizados, todos se han presentado en un estado eucromático, y por tanto no se han detectado modificaciones diferenciales en el estado de la misma (eucromatina vs. heterocromatina). Cabe mencionar que la regulación transcripcional de procesos tales como la floración, vernalización y desarrollo de la epidermis radicular implica cambios cromatínicos, de un estado eucromático a heterocromático (Sung *et al.*, 2006; Caro *et al.*, 2008). Dada la heterogeneidad de la composición en nutrientes de los suelos, es posible que un estrés nutricional tal como el ayuno de fosfato requiera mecanismos reguladores potencialmente reversibles, puesto que cuando la planta encuentra una nueva fuente de fosfato en el suelo la respuesta tiene que ser rápidamente revertida. Por lo tanto, es posible que durante la evolución no se haya seleccionado un mecanismo regulador que bloquee la transcripción de manera tan dramática como es la producción de heterocromatina.

Sin embargo se han detectado algunas modificaciones epigenéticas, que determinan cambios de la estructura cromatínica menos rígidas, como es el caso de acetilaciones de las histonas. Estas no son generales para todos los genes de respuesta al ayuno de fosfato, sino que afectan a subgrupos de éstos. Unas son diferenciales, como lo ejemplifica el caso del promotor de *RNS1*, en que la histona H4 se encuentra acetilada sólo en condiciones de carencia de fosfato. Otros promotores de genes implicados en la respuesta al ayuno de fosfato, tales como *CaBP22* y *PHT1*, han presentado acetilaciones tanto en presencia como en carencia de fosfato, mientras que otros no han presentado acetilación alguna de la histona H4 ni en presencia ni en carencia de fosfato.

Por último, otro caso de modificación epigenética diferencial entre el ayuno y presencia de fosfato es aquel que se refiere al remodelaje de la cromatina en condiciones de ayuno de fosfato para el promotor de la fosfatasa ácida *ACP5*. Este promotor ha presentado un mecanismo de evicción de histonas descrito por primera vez en este trabajo de tesis para organismos vegetales. Es interesante el hecho que este mecanismo, en que una parte de la región promotora en torno al sitio de unión de un factor de transcripción fundamental para la regulación de la respuesta (*PHR1*) se remodela completamente, teniendo como resultado que la cromatina se queda desnuda, se haya mantenido entre genes tan poco conservados como *PHO5*, *PHO8* de levaduras y *ACP5* de *Arabidopsis*.

Tal como se ha descrito recientemente, el fenómeno de evicción de histonas provee de un nivel adicional de control a la actividad transcripcional (Lam *et al.*, 2008). En este nuevo escenario los TF juegan un papel fundamental en la activación génica, por su capacidad de reconocer y unir elementos cis-reguladores y la evicción de histonas determinan la accesibilidad de los TF a sus elementos cis-reguladores. La fuerza de unión entre los TF y cada secuencia cis-reguladora determinará el nivel de activación transcripcional máximo y el momento en que ocurre el fenómeno de evicción de histonas determinará cuando tiene lugar la activación.

---

Razonamientos similares se pueden utilizar en relación a otras modificaciones epigenéticas. Dado que éstas no son generales para todos los genes, proveen de un nivel adicional de regulación contribuyendo así a la generación de un sistema regulador sofisticado que permite un control afinado de un proceso tan importante como es la homeostasis del fosfato.

---

## CONCLUSIONES.

1.- PHR1 tiene un papel crucial en la activación de la respuesta al ayuno de fosfato, puesto que el mutante *phr1* tiene afectados aproximadamente un 50% de los genes de respuesta al ayuno de fosfato.

2.- PHR1 regula no sólo genes específicos de la respuesta al ayuno de fosfato, sino también genes de respuesta globales que responden a otros estímulos, lo cual sugiere que los genes que responden a más estímulos, tendrán en sus promotores un mayor número de secuencias cis-reguladoras.

3.- El motivo de DNA reconocido por PHR1 (P1BS) ejerce un papel fundamental en la inducción de genes por ayuno de fosfato, puesto que los genes inducidos presentan un número significativamente mayor que el esperado por azar de dichos motivos. Por el contrario, P1BS no parece tener un papel importante en la represión de genes de respuesta al ayuno de fosfato, puesto que su representación en los promotores de genes reprimidos es similar a la esperada por azar.

4.- Un promotor artificial compuesto exclusivamente por el motivo general TATA y cuatro repeticiones del motivo P1BS ha demostrado su funcionalidad *in vivo*, y puede ser utilizado como sensor a nivel celular de la respuesta al ayuno de fosfato.

5.- El ayuno de fosfato no implica cambios en el estado de la cromatina (eucromatina vs. heterocromatina), y los promotores de genes de respuesta al ayuno de fosfato se encuentran todos en estado eucromático.

6.- Durante la respuesta al ayuno de fosfato se detectan modificaciones en el estado de acetilación de las histonas. Los genes que responden al ayuno de fosfato muestran diferencias en el grado de acetilación de histonas de sus promotores. Así, de los 8 promotores estudiados, sólo 3 presentan acetilación de histonas y sólo en un caso, el de *RNS1*, esta modificación es dependiente del ayuno de fosfato. Otros promotores analizados no han presentado niveles de acetilación detectables independientemente del régimen de crecimiento de las plantas.

7.- Durante la respuesta al ayuno de fosfato se produce un remodelaje diferencial de la cromatina, por medio de la evicción de histonas para el promotor de la fosfatasa ácida *ACP5*, que se describe en este trabajo por primera vez para organismos vegetales.

---

## BIBLIOGRAFIA.

- ABEL, S., NURNBERGER, T., AHNERT, V., KRAUSS, G. J. & GLUND, K. (2000) Induction of an extracellular cyclic nucleotide phosphodiesterase as an accessory ribonucleolytic activity during phosphate starvation of cultured tomato cells. *Plant Physiol*, 122, 543-52.
- ADALSTEINSSON, S. & JENSEN, P. (1990) Influence of temperature on root development and phosphate influx in winter wheat growth at different P levels. *Physiol. Plantarum*, 80, 69-74.
- ADIE, B. A., PEREZ-PEREZ, J., PEREZ-PEREZ, M. M., GODOY, M., SANCHEZ-SERRANO, J. J., SCHMELZ, E. A. & SOLANO, R. (2007) ABA is an essential signal for plant resistance to pathogens affecting JA biosynthesis and the activation of defenses in Arabidopsis. *Plant Cell*, 19, 1665-81.
- ADKINS, M.W., WILLIAMS, S.K., LINGER, J. & TYLER, J.K. (2007) Chromatin Disassembly from the PHO5 Promoter is essential for the Recruitment of the general Transcription Machinery and Coactivators. *Mol. Cell. Biol*, 18, 6372-6376.
- ALTSCHUL, S. F., GISH, W., MILLER, W., MYERS, E. W. & LIPPMAN, D. J. (1990) Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410.
- AN, Y. Q., HUANG, S., MCDOWELL, J. M., MCKINNEY, E. C. & MEAGHER, R. B. (1996) Conserved expression of the Arabidopsis ACT1 and ACT 3 actin subclass in organ primordia and mature pollen. *Plant Cell*, 8, 15-30.
- BAENA-GONZALEZ, E. & SHEEN, J. (2008) Convergent energy and stress signaling. *Trends Plant Sci*.
- BARI, R., DATT PANT, B., STITT, M. & SCHEIBLE, W. R. (2006) PHO2, microRNA399, and PHR1 define a phosphate-signaling pathway in plants. *Plant Physiol*, 141, 988-99.
- BARIOLA, P. A., HOWARD, C. J., TAYLOR, C. B., VERBURG, M. T., JAGLAN, V. D. & GREEN, P. J. (1994) The Arabidopsis ribonuclease gene RNS1 is tightly controlled in response to phosphate limitation. *Plant J*, 6, 673-85.
- BARLOWE, C. (2003) Signals for COPII-dependent export from the ER: what's the ticket out? *Trends Cell Biol*, 13, 295-300.
- BARTEE, L., MALAGNAC, F. & BENDER, J. (2001) Arabidopsis cmt3 chromomethylase mutations block non-CG methylation and silencing of an endogenous gene. *Genes Dev*, 15, 1753-8.
- BATES, T. R. & LYNCH, J. P. (1996) Stimulation of root hair elongation in Arabidopsis thaliana by low phosphorous availability. *Plant, Cell and Environment.*, 19.
- BECHTOLD, N., ELLIS, J. & PELLETIER, G. (1993) In Planta *Agrobacterium* mediated gene transfer by infiltration of adult *Arabidopsis thaliana* plants. *C R Acad. Sci. Paris Life Sciences*, 316, 15-18.
- BENFEY, P. N. & CHUA, N. H. (1990) The Cauliflower Mosaic Virus 35S Promoter: Combinatorial Regulation of Transcription in Plants. *Science*, 250, 959-966.
- BENFEY, P. N., REN, L. & CHUA, N. H. (1990) Combinatorial and synergistic properties of CaMV 35S enhancer subdomains. *EMBO J*, 9, 1685-96.
- BENJAMINI, Y. & HOCHBERG, Y. (1995) Controlling the false discovery rate - a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B.*, 57, 289-300.
- BERGER, S. L. (2007) The complex language of chromatin regulation during transcription. *Nature*, 447, 407-12.
- BEVAN, M. (1984) Binary *Agrobacterium* vectors for plant transformation. *Nucleic Acids Res*, 12, 8711-21.
- BIRD, A. (2002) DNA methylation patterns and epigenetic memory. *Genes Dev*, 16, 6-21.
- BOEGER, H., GRIESENBECK, J. & KORNBERG, R. D. (2008) Nucleosome retention and the stochastic nature of promoter chromatin remodeling for transcription. *Cell*, 133, 716-26.
- BORCH, K., BOUMA, T. J., LYNCH, J. P. & BROWN, K. M. (1999) Ethylene: a regulator of root architectural responses to soil phosphorus availability. *Plant Cell Environ.*, 22, 425-431.
- BRZESKI, J. & JERZMANOWSKI, A. (2003) Deficient in DNA methylation 1 (DDM1) defines a novel family of chromatin-remodeling factors. *J Biol Chem*, 278, 823-8.

- 
- BURLEIGH, S. H. & HARRISON, M. J. (1999) The down-regulation of Mt4-like genes by phosphate fertilization occurs systemically and involves phosphate translocation to the shoots. *Plant Physiol*, 119, 241-8.
- BUSTIN, S. A. (2004) *A-Z of quantitative PCR*, International University Line
- CAREY, M. & SMALE, S. T. (2000) *Transcriptional regulation in eucaryotes: Concepts, Strategies and Techniques*, Cold Spring Harbour, NY, Cold Spring Harbour Laboratory Press.
- CARROLL, S. B. (2000) Endless forms: the evolution of gene regulation and morphological diversity. *Cell*, 101, 577-80.
- CHEN, Z. H., NIMMO, G. A., JENKINS, G. I. & NIMMO, H. G. (2007) BHLH32 modulates several biochemical and morphological processes that respond to Pi starvation in Arabidopsis. *Biochem J*, 405, 191-8.
- CHIOU, T. J., AUNG, K., LIN, S. I., WU, C. C., CHIANG, S. F. & SU, C. L. (2006) Regulation of phosphate homeostasis by MicroRNA in Arabidopsis. *Plant Cell*, 18, 412-21.
- CHURCH, G. M. & GILBERT, W. (1984) Genomic sequencing. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 81, 1991-5.
- DEL POZO, J. C., ALLONA, I., RUBIO, V., LEYVA, A., DE LA PEÑA, A., ARAGONCILLO, C. & PAZ-ARES, J. (1999) A type 5 acid phosphatase gene from *Arabidopsis thaliana* is induced by phosphate starvation and by some other types of phosphate mobilizing/oxidative stress conditions. *The Plant Journal*, 19, 579-589.
- DELHAIZE, E. & RANDALL, P. J. (1995) Characterization of a Phosphate-Accumulator Mutant of *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiol*, 107, 207-213.
- DELLAPORTA, S. L., WOOD, J. & HICKS, J. B. (1983) A Plant DNA miniprep: version II. *Plant Mol. Biol. Rep.*, 1, 19-21.
- DEVAIAH, B. N., KARTHIKEYAN, A. S. & RAGHOTHAMA, K. G. (2007a) WRKY75 transcription factor is a modulator of phosphate acquisition and root development in Arabidopsis. *Plant Physiol*, 143, 1789-801.
- DEVAIAH, B. N., NAGARAJAN, V. K. & RAGHOTHAMA, K. G. (2007b) Phosphate homeostasis and root development in Arabidopsis are synchronized by the zinc finger transcription factor ZAT6. *Plant Physiol*, 145, 147-59.
- DONG, J., CHEN, C. & CHEN, Z. (2003) Expression profiles of the Arabidopsis WRKY gene superfamily during plant defense response. *Plant Mol Biol*, 51, 21-37.
- DREHER, K. & CALLIS, J. (2007) Ubiquitin, hormones and biotic stress in plants. *Ann Bot (Lond)*, 99, 787-822.
- DUFF, S. M., MOORHEAD, G. B., LEFEVRE, D. D. & PLAXTON, W. C. (1989) Phosphate starvation inducible "bypasses" of adenylate and phosphate dependent glycolytic enzymes in *Brassica nigra* suspension cells. *Plant Physiol.*, 90, 1275-1278.
- EBERHARTER, A. & BECKER, P. B. (2002) Histone acetylation: a switch between repressive and permissive chromatin. Second in review series on chromatin dynamics. *EMBO Rep*, 3, 224-9.
- FINNEGAN, E. J. & KOVAC, K. A. (2000) Plant DNA methyltransferases. *Plant Mol Biol*, 43, 189-201.
- FORÉS, O., ARRÓ, M., PAHISSA, A., FERRERO, F., GERMANN, M., STUKEY, J., MCDONOUGH, V., NICKELS, J. T. J., CAMPOS, N. & FERRER, A. (2002) *Arabidopsis thaliana* expresses two functional isoforms of Arvp, a protein involved in the regulation of cellular lipid homeostasis. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular and Cell Biology of Lipids*, 1761, 725-735.
- FRANCO-ZORRILLA, J. M., MARTIN, A. C., SOLANO, R., RUBIO, V., LEYVA, A. & PAZ-ARES, J. (2002) Mutations at *CRE1* impair cytokinin-induced repression of phosphate starvation responses in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 32, 353-360.
- FRANCO-ZORRILLA, J. M., VALLI, A., TODESCO, M., MATEOS, I., PUGA, M. I., RUBIO-SOMOZA, I., LEYVA, A., WEIGEL, D., GARCIA, J. A. & PAZ-ARES, J. (2007) Target mimicry provides a new mechanism for regulation of microRNA activity. *Nat Genet*, 39, 1033-7.
- FUCHS, J., DEMIDOV, D., HOUBEN, A. & SCHUBERT, I. (2006) Chromosomal histone modification patterns--from conservation to diversity. *Trends Plant Sci*, 11, 199-208.



- 
- FUJII, H., CHIOU, T. J., LIN, S. I., AUNG, K. & ZHU, J. K. (2005) A miRNA involved in phosphate-starvation response in Arabidopsis. *Curr Biol*, 15, 2038-43.
- GENDREL, A. V., LIPPMAN, Z., MARTIENSSEN, R. & COLOT, V. (2005) Profiling histone modification patterns in plants using genomic tiling microarrays. *Nat Methods*, 2, 213-8.
- GENDREL, A. V., LIPPMAN, Z., YORDAN, C., COLOT, V. & MARTIENSSEN, R. A. (2002) Dependence of heterochromatic histone H3 methylation patterns on the Arabidopsis gene DDM1. *Science*, 297, 1871-3.
- GONZALEZ, E., SOLANO, R., RUBIO, V., LEYVA, A. & PAZ-ARES, J. (2005) PHOSPHATE TRANSPORTER TRAFFIC FACILITATOR1 is a plant-specific SEC12-related protein that enables the endoplasmic reticulum exit of a high-affinity phosphate transporter in Arabidopsis. *Plant Cell*, 17, 3500-12.
- HAMMOND, J. P., BENNETT, M. J., BOWEN, H. C., BROADLEY, M. R., EASTWOOD, D. C., MAY, S. T., RAHN, C., SWARUP, R., WOOLAWAY, K. E. & WHITE, P. J. (2003) Changes in gene expression in Arabidopsis shoots during phosphate starvation and the potential for developing smart plants. *Plant Physiol*, 132, 578-96.
- HANAHAN, D. (1985) *Techniques for transformation of E.coli.*, Oxford Press Limited.
- HARAN, S., LOGENDRA, S., SESKAR, M., BRATANOVA, M. & RASKIN, I. (2000) Characterization of Arabidopsis acid phosphatase promoter and regulation of acid phosphatase expression. *Plant Physiol*, 124, 615-26.
- HARRISON, M. J. (1999) Molecular and cellular aspects of the arbuscular mycorrhizal symbiosis. *Ann. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.*, 50, 361-389.
- HAVAS, K., FLAUS, A., PHELAN, M., KINGSTON, R., WADE, P. A., LILLEY, D. M. & OWEN-HUGHES, T. (2000) Generation of superhelical torsion by ATP-dependent chromatin remodeling activities. *Cell*, 103, 1133-42.
- HEINTZMAN, N. D., STUART, R. K., HON, G., FU, Y., CHING, C. W., HAWKINS, R. D., BARRERA, L. O., VAN CALCAR, S., QU, C., CHING, K. A., WANG, W., WENG, Z., GREEN, R. D., CRAWFORD, G. E. & REN, B. (2007) Distinct and predictive chromatin signatures of transcriptional promoters and enhancers in the human genome. *Nat Genet*, 39, 311-8.
- HERSCHBACH, B. M. & JOHNSON, A. D. (1993) Transcriptional repression in eukaryotes. *Annu Rev Cell Biol*, 9, 479-509.
- HIGGINS, D. G., THOMPSON, J. D. & GIBSON, T. J. (1996) Using Clustal for multiple sequence alignments. *Methods Enzymol.*, 266, 383-402.
- HOLFORD, I. C. R. (1997) Soil Phosphorus: its measurement and its uptake by plants. *Austr. J. Soil Res.*, 35, 227-239.
- HORGAN, J. M. & WAREING, P. F. (1980) Cytokinins and the growth responses of seedling of *Betula pendula* Roth. & *Acer pseudoplatanus* L. to nitrogen and phosphorus deficiency. *J. Exp. Botany*, 31, 525-532.
- IHAKA, R. & GENTLEMAN, R. (1996) R: A language for data analysis and graphics. *J. Comput. Graph. Statist.*, 5, 299-314.
- JACOBSEN, S. E. & MEYEROWITZ, E. M. (1997) Hypermethylated SUPERMAN epigenetic alleles in Arabidopsis. *Science*, 277, 1100-3.
- JEDDELOH, J. A., STOKES, T. L. & RICHARDS, E. J. (1999) Maintenance of genomic methylation requires a SWI2/SNF2-like protein. *Nat Genet*, 22, 94-7.
- JEFFERSON, R. A., KAVANAGH, T. A. & BEVAN, M. W. (1987) GUS fusions: beta-glucuronidase as a sensitive and versatile gene fusion marker in higher plants. *EMBO J*, 6, 3901-7.
- JIANG, C., GAO, X., LIAO, L., HARBERD, N. P. & FU, X. (2007) Phosphate starvation root architecture and anthocyanin accumulation responses are modulated by the gibberellin-DELLA signaling pathway in Arabidopsis. *Plant Physiol*, 145, 1460-70.
- JOHNSON, C. M., STOUT, P. R., BROYER, T. C. & CARLTON, A. B. (1957) Comparative chlorine requirements of different plant species. *Plant and Soil*, 8, 337-353.
- JOHNSON, L. M., CAO, X. & JACOBSEN, S. E. (2002) Interplay between Two epigenetic Marks: DNA Methylation and Histone H3 Lysine 9 Methylation. *Current Biology*, 12, 1360-1367.
- KAFFMAN, A., HERSKOWITZ, I., TJIAN, R. & O'SHEA, E. K. (1994) Phosphorylation of the transcription factor PHO4 by a cyclin-CDK complex, PHO80-PHO85. *Science*, 263, 1153-6.

- 
- KORBER, P., LUCKENBACH, T., BLASCHKE, D. & HORZ, W. (2004) Evidence for histone eviction in trans upon induction of the yeast PHO5 promoter. *Mol Cell Biol*, 24, 10965-74.
- LAI, F., THACKER, J., LI, J. & DOERNER, P. (2007) Cell division activity determines the magnitude of phosphate starvation responses in Arabidopsis. *The Plant Journal*, 50, 545-556.
- LAM, F. H., STEGER, D. J. & O'SHEA, E. K. (2008) Chromatin decouples promoter threshold from dynamic range. *Nature*, 453, 246-50.
- LAU, W. T., HOWSON, R. W., MALKUS, P., SCHEKMAN, R. & O'SHEA, E. K. (2000) Pho86p, an endoplasmic reticulum (ER) resident protein in *Saccharomyces cerevisiae*, is required for ER exit of the high-affinity phosphate transporter Pho84p. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 97, 1107-12.
- LENBURG, M. E. & O'SHEA, E. K. (1996) Signaling phosphate starvation. *Trends Biochem Sci*, 21, 383-7.
- LICHTENSTEIN, C. & DRAPER, J. (1985) Genetic Engineering of plants. IN GLOVER, D. M. (Ed.) *DNA cloning*. Oxford, Washington DC, IRL Press Limited.
- LIN, S. I., CHIANG, S. F., LIN, W. Y., CHEN, J. W., TSENG, C. Y., WU, P. C. & CHIOU, T. J. (2008) Regulatory network of microRNA399 and PHO2 by systemic signaling. *Plant Physiol*, 147, 732-46.
- LINDROTH, A. M., CAO, X., JACKSON, J. P., ZILBERMAN, D., MCCALLUM, C. M., HENIKOFF, S. & JACOBSEN, S. E. (2001) Requirement of CHROMOMETHYLASE3 for maintenance of CpXpG methylation. *Science*, 292, 2077-80.
- LIPPMAN, Z., GENDREL, A. V., BLACK, M., VAUGHN, M. W., DEDHIA, N., MCCOMBIE, W. R., LAVINE, K., MITTAL, V., MAY, B., KASSCHAU, K. D., CARRINGTON, J. C., DOERGE, R. W., COLOT, V. & MARTIENSSSEN, R. (2004) Role of transposable elements in heterochromatin and epigenetic control. *Nature*, 430, 471-6.
- LIPTON, D. S., BLANCHAR, R. W. & BLEVINS, D. G. (1987) Citrate, Malate, and Succinate Concentration in Exudates from P-Sufficient and P-Stressed *Medicago sativa* L. Seedlings. *Plant Physiol*, 85, 315-317.
- LOIDL, P. (2004) A plant dialect of the histone language. *Trends Plant Sci*, 9, 84-90.
- LOPÉZ-BUCIO, J., HERNÁNDEZ-ABREU, E., SÁNCHEZ-CALDERÓN, L., NIETO-JACOBO, M. F., SIMPSON, J. & HERRERA-ESTRELLA, L. (2002) Phosphate availability alters architecture and causes changes in hormone sensitivity in the *Arabidopsis* root system. *Plant Physiol.*, 129, 244-256.
- MA, Z., BASKIN, T. I., BROWN, K. M. & LYNCH, J. P. (2003) Regulation of root elongation under phosphorus stress involves changes in ethylene responsiveness. *Plant Physiol*, 131, 1381-90.
- MAGBANUA, J. P., FUJISAWA, K., OGAWA, N. & OSHIMA, Y. (1997a) The homeodomain protein Pho2p binds at an A/T-rich segment flanking the binding site of the basic-helix-loop-helix protein Pho4p in the yeast PHO promoters. *Yeast*, 13, 1299-308.
- MAGBANUA, J. P., OGAWA, N., HARASHIMA, S. & OSHIMA, Y. (1997b) The transcriptional activators of the PHO regulon, Pho4p and Pho2p, interact directly with each other and with components of the basal transcription machinery in *Saccharomyces cerevisiae*. *J Biochem*, 121, 1182-9.
- MARSCHNER, H. (1995) *Mineral Nutrition of Higher Plants. 2nd Edition.*, Boston M.A. USA, Academic Press.
- MARTIN, A. C., DEL POZO, J. C., IGLESIAS, J., RUBIO, V., SOLANO, R., DE LA PENA, A., LEYVA, A. & PAZ-ARES, J. (2000) Influence of cytokinins on the expression of phosphate starvation responsive genes in Arabidopsis. *Plant J*, 24, 559-67.
- MARTINEZ, E. (2002) Multi-protein complexes in eukaryotic gene transcription. *Plant Mol Biol*, 50, 925-47.
- MISSON, J., RAGHOTHAMA, K. G., JAIN, A., JOUHET, J., BLOCK, M. A., BLIGNY, R., ORTET, P., CREFF, A., SOMERVILLE, S., ROLLAND, N., DOUMAS, P., NACRY, P., HERRERA-ESTRELLA, L., NUSSAUME, L. & THIBAUD, M. C. (2005) A genome-wide transcriptional analysis using *Arabidopsis thaliana* Affymetrix gene chips determined plant responses to phosphate deprivation. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 102, 11934-9.

- 
- MIURA, A., YONEBAYASHI, S., WATANABE, K., TOYAMA, T., SHIMADA, H. & KAKUTANI, T. (2001) Mobilization of transposons by a mutation abolishing full DNA methylation in *Arabidopsis*. *Nature*, 411, 212-4.
- MIURA, K., BO JIN, J. & HASEGAWA, P. M. (2007) Sumoylation, a post-translational regulatory process in plants. *Curr. Opin. in Plant Biol.*, 10, 495-502.
- MIURA, K., RUS, A., SHARKHUU, A., YOKOI, S., KARTHIKEYAN, A. S., RAGHOTHAMA, K. G., BAEK, D., DUCK KOO, J., BRESSAN, R. A., YUN, D.-J. & HASEGAWA, P. M. (2005) The *Arabidopsis* SUMO E3 ligase *SIZ1* controls phosphate deficiency responses. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 102, 7760-7765.
- MORCUENDE, R., BARI, R., GIBON, Y., ZHENG, W., PANT, B. D., BLÄSING, O., USADEL, B., CZECHOWSKY, T., UVARDI, M. K., STITT, M. & W.R., S. (2007) Genome-wide reprogramming of metabolism and regulatory networks of *Arabidopsis* in response to phosphorus. *Plant, Cell and Environment*, 30, 85-112.
- MOREAU, J. L., LEE, M., MAHACHI, N., VARY, J., MELLOR, J., TSUKIYAMA, T. & GODING, C. R. (2003) Regulated displacement of TBP from the PHO8 promoter *in vivo* requires Cbf1 and the Isw1 chromatin remodeling complex. *Mol Cell*, 11, 1609-20.
- MUNSTERKOTTER, M., BARBARIC, S. & HORZ, W. (2000) Transcriptional regulation of the yeast PHO8 promoter in comparison to the coregulated PHO5 promoter. *J Biol Chem*, 275, 22678-85.
- MURFETT, J., WANG, X. J., HAGEN, G. & GUILFOYLE, T. J. (2001) Identification of *Arabidopsis* histone deacetylase HDA6 mutants that affect transgene expression. *Plant Cell*, 13, 1047-61.
- NACRY, P., CANIVENC, G., MULLER, B., AZMI, A., VAN ONCKELEN, H., ROSSIGNOL, M. & DOUMAS, P. (2005) A role for auxin redistribution in the responses of the root system architecture to phosphate starvation in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.*, 138, 2061-2074.
- NARLIKAR, G. J., FAN, H. Y. & KINGSTON, R. E. (2002) Cooperation between complexes that regulate chromatin structure and transcription. *Cell*, 108, 475-87.
- NICOLAS, E., MORALES, V., MAGNAGHI-JAULIN, L., HAREL-BELLAN, A., RICHARD-FOY, H. & TROUCHE, D. (2000) RbAp48 belongs to the histone deacetylase complex that associates with the retinoblastoma protein. *J Biol Chem*, 275, 9797-804.
- O'NEILL, E. M., KAFFMAN, A., JOLLY, E. R. & O'SHEA, E. K. (1996) Regulation of PHO4 nuclear localization by the PHO80-PHO85 cyclin-CDK complex. *Science*, 271, 209-12.
- OLIVEROS, J. C. (2007) VENNY. An interactive tool for comparing lists with Venn Diagrams. <http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>.
- PEARSON, W. R. & LIPPMAN, D. J. (1988) Improved tools for biological sequence comparison. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 99, 2444-2448.
- PTASHNE, M. (1988) How eukaryotic transcriptional activators work. *Nature*, 335, 683-9.
- QUELLHORST, G., HAN, Y. & BLANCHARD, R. (2005) Validating Microarray Data Using RT<sup>2</sup> Real-Time PCR. [www.superarray.com/manuals/MicroarrayValidation.pdf](http://www.superarray.com/manuals/MicroarrayValidation.pdf). SuperArray Bioscience, Frederick, MD.
- RAGHOTHAMA, K. G. (1999) Phosphate Acquisition. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol*, 50, 665-693.
- RAMIREZ-PARRA, E. & GUTIERREZ, C. (2007) The many faces of the chromatin assembly factor 1. *Trends in Plant Science*, 12, 570-576.
- RATCLIFFE, O. J. & RIECHMANN, J. L. (2002) *Arabidopsis* transcription factors and the regulation of flowering time: a genomic perspective. *Curr Issues Mol Biol*, 4, 77-91.
- REA, S., EISENHABER, F., O'CARROLL, D., STRAHL, B. D., SUN, Z. W., SCHMID, M., OPRAVIL, S., MECHTLER, K., PONTING, C. P., ALLIS, C. D. & JENUWEIN, T. (2000) Regulation of chromatin structure by site-specific histone H3 methyltransferases. *Nature*, 406, 593-9.
- REINKE, H., GREGORY, P. D. & HORZ, W. (2001) A transient histone hyperacetylation signal marks nucleosomes for remodeling at the PHO8 promoter *in vivo*. *Mol Cell*, 7, 529-38.
- RICE, J. C. & ALLIS, C. D. (2001) Code of silence. *Nature*, 414, 258-61.
- RIECHMANN, J. L. & RATCLIFFE, O. J. (2000) A genomic perspective on plant transcription factors. *Curr Opin Plant Biol*, 3, 423-34.

- 
- ROZEN, S. & SKALETSKY, H. J. (2000) Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. *Bioinformatics Methods and Protocols: Methods in Molecular Biology*, 365-386.
- RUBIO, V., LINHARES, F., SOLANO, R., MARTIN, A. C., IGLESIAS, J., LEYVA, A. & PAZ-ARES, J. (2001) A conserved MYB transcription factor involved in phosphate starvation signaling both in vascular plants and in unicellular algae. *Genes Dev*, 15, 2122-33.
- RUBIO, V., BUSTOS, R., IRIGOYEN, M.L., CARDONA-LOPEZ, X., ROJAS-TRIANA, M. & PAZ-ARES, J. (2008) Plant hormones and nutrient signaling. *Plant Mol Biol*. 2008 Aug 9. [Epub ahead of print]
- RUNGE-METZGER, A. (1995) *Closing the cycle: obstacles to efficient P management for improved global security.*, Chichester, UK, John Wiley and Sons Ltd.
- SAITOU, N. & NEI, M. (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4, 406-425.
- SAMBROOK, J., FRITSCH, E. F. & MANIATIS, T. (1989) *Molecular cloning: A Laboratory Manual, 2nd Edition.*, Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY.
- SCHONROCK, N., EXNER, V., PROBST, A., GRUISSEM, W. & HENNIG, L. (2006) Functional genomic analysis of CAF-1 mutants in *Arabidopsis thaliana*. *J Biol Chem*, 281, 9560-8.
- SKENE, K. R. (2000) Pattern formation in cluster roots: some developmental and evolutionary considerations. *Ann. Botany*, 85, 901-908.
- SMALLE, J. & VIERSTRA, R. D. (2004) The ubiquitin 26S proteasome proteolytic pathway. *Annu Rev Plant Biol*, 55, 555-90.
- SMYTH, G. K. & SPEED, T. (2003) Normalization of cDNA microarray data. *Methods*, 31, 265-73.
- SOPPE, W. J., JASENCAKOVA, Z., HOUBEN, A., KAKUTANI, T., MEISTER, A., HUANG, M. S., JACOBSEN, S. E., SCHUBERT, I. & FRANSZ, P. F. (2002) DNA methylation controls histone H3 lysine 9 methylation and heterochromatin assembly in *Arabidopsis*. *EMBO J*, 21, 6549-59.
- STONE, S. L. & CALLIS, J. (2007) Ubiquitin ligases mediate growth and development by promoting protein death. *Curr Opin Plant Biol*, 10, 624-32.
- STRAHL, B. D. & ALLIS, C. D. (2000) The language of covalent histone modifications. *Nature*, 403, 41-5.
- SUNG, S., HE, Y., ESHOO, T. W., TAMADA, Y., JOHNSON, L., NAKAHIGASHI, K., GOTO, K., JACOBSEN, S. E. & AMASINO, R. M. (2006) Epigenetic maintenance of the vernalized state in *Arabidopsis thaliana* requires LIKE HETEROCHROMATIN PROTEIN 1. *Nat Genet*, 38, 706-10.
- TURNER, B. M. (2000) Histone acetylation and an epigenetic code. *Bioessays*, 22, 836-45.
- ULMASOV, T., LIU, Z. B., HAGEN, G. & GUILFOYLE, T. J. (1995) Composite structure of auxin response elements. *Plant Cell*, 7, 1611-23.
- ULMASOV, T., MURFETT, J., HAGEN, G. & GUILFOYLE, T. J. (1997) Aux/IAA proteins repress expression of reporter genes containing natural and highly active synthetic auxin response elements. *Plant Cell*, 9, 1963-71.
- VAN HELDEN, J. (2003) Regulatory Sequence Analysis Tools. *Nucleic Acids Res.*, 31, 3593-3596.
- VICENTE, M. & SACRISTÁN, A. (1988) Vectores CDIG. CSIC, Madrid.
- VON UEXKÜLL, H. R. & MUTERT, E. (1995) Global extent, development and economic impact of acid soil. *Plant and Soil*, 171, 1-15.
- WATT, M. & EVANS, J. R. (1999) Proteoid roots. Physiology and development. *Plant Physiol*, 121, 317-24.
- WEIGEL, D. & GLAZEBROOK, J. (2002) *Arabidopsis: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbour, NY, Cold Spring Harbour Laboratory Press.
- WOMBLE, D. D. (2000) GCG: The Wisconsin Package of sequence analysis programs. *Methods Mol. Biol.*, 132, 3-22.
- WOODCOCK, D. M., CROWTHER, P. J., DOHERTY, J., JEFFERSON, S., DECRUZ, E., NOEYR-WEIDNER, M., SMITH, S. S., MICHAEL, M. Z. & GRAHAM, M. W. (1989) Quantitative evaluation of *Escherichia coli* host strains for tolerance to cytosine methylation in plasmid and phage recombinants. *Nucleic Acids Res.*, 17, 3469-78.

- 
- WU, P., MA, L., HOU, X., WANG, M., WU, Y., LIU, F. & DENG, X. W. (2003) Phosphate starvation triggers distinct alterations of genome expression in Arabidopsis roots and leaves. *Plant Physiol*, 132, 1260-71.
- WYKOFF, D. D., GROSSMAN, A. R., WEEKS, D. P., USUDA, H. & SHIMOGAWARA, K. (1999) Psr1, a nuclear localized protein that regulates phosphorus metabolism in Chlamydomonas. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 96, 15336-41.
- YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. & SHINOZAKI, K. (2005) Organization of cis-acting regulatory elements in osmotic- and cold-stress-responsive promoters. *Trends Plant Sci*, 10, 88-94.
- YANOFSKY, M. F. & NESTER, E. W. (1986) Molecular characterization of a host-range-determining locus from *Agrobacterium tumefaciens*. *J Bacteriol*, 168, 244-50.
- YUAN, S. J., REED, A., CHEN, F. & NEAL STEWARD, C. (2006) Statistical analysis of real-time PCR data. *BMC Bioinformatics*, 7, 85-97.
- ZHU, J.-K. & SHIMAMOTO, K. (2007) Cell Signaling and gene regulation. When will signaling meet small RNAs and epigenetic regulation? *Curr. Opin. Plant Biol.*, 10, 433-435.



Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A018009_01	At5g42800 * dihydroflavonol 4-reductase; protein id: At5g42800Nada1	4,229860294	18,76354209	0,006139284
A024060_01	At3g03530 * expressed protein; protein id: At3g03530Nada1	4,03195397	16,35833456	0,004438128
A002639_01	At1g73220 * putative transporter; protein id: At1g73220Nada1	3,572034617	11,89294924	0,0060625
A011658_01	At3g17790 * acid phosphatase type 5; protein id: At3g17790Nada1	3,52731788	11,5299782	0,005396059
A019417_01	At5g03545 * At4 Riboregulator	3,513067126	11,41664723	0,004675486
A023966_01	At3g12450 * hypothetical protein; protein id: At3g12450Nada1	3,505366858	11,35587413	0,004438128
A008640_01	At2g45130 * hypothetical protein; protein id: At2g45130Nada1	3,480955056	11,16533827	0,005333077
A005912_01	At5g53490 * chloroplast precursor; protein id: At5g53490.1	3,448291657	10,91538913	0,00931668
A003747_01	At1g08170 * putative; protein id: At1g08170.1	3,368301285	10,32665627	0,003529146
A006456_01	At2g30540 * putative glutaredoxin; protein id: At2g30540Nada1	3,321152916	9,994628315	0,003529146
A000171_01	At1g23140 * unknown protein; protein id: At1g23140Nada1	3,298280059	9,837420415	0,005354913
A023964_01	At3g66656 * MADS-box protein; protein id: At3g66656Nada1	3,287801997	9,766231643	0,004438128
A023968_01	At3g12220 * putative; protein id: At3g12220.1	3,27693908	9,692971973	0,004438128
A006386_01	At2g43920 * unknown protein; protein id: At2g43920Nada1	3,244634243	9,478338879	0,006399016
A025989_01	At5g43350 * phosphate transporter (gb AAB17265Nada1); protein id: At5g43350Nada1	3,172564079	9,016478487	0,00587743
A020242_01	At4g36850 * putative protein; protein id: At4g36850Nada1	3,155609799	8,911138715	0,006580081
A020524_01	At3g02040 * expressed protein; protein id: At3g02040Nada1	3,132231992	8,767903938	0,007081146
A008788_01	At2g11810 * putative monogalactosyldiacylglycerol synthase; protein id: At2g11810Nada1	3,1195888	8,691401305	0,004438128
A012119_01	At3g47420 * putative protein; protein id: At3g47420Nada1	3,08847661	8,505974973	0,004438128
A015755_01	At5g63130 * unknown protein; protein id: At5g63130Nada1	3,073856928	8,420214162	0,004438128
A024783_01	At5g01220 * putative protein; protein id: At5g01220Nada1	3,054796905	8,309702946	0,007344017
A023967_01	At3g12410 * hypothetical protein; protein id: At3g12410Nada1	3,039780196	8,223657591	0,004438128
A001059_01	At1g32900 * putative; protein id: At1g32900.1	2,983330877	7,908098697	0,007267844
A003092_01	At1g17710 * hypothetical protein; protein id: At1g17710Nada1	2,973080711	7,852111781	0,005333077
A008562_01	At2g02990 * RNS1; protein id: At2g02990.1	2,951263593	7,734261766	0,004438128
A003793_01	At1g67810 * F12A21Nada6; protein id: At1g67810Nada1	2,942950149	7,689821709	0,003529146
A025807_01	At5g01220 * putative protein; protein id: At5g01220Nada1	2,909234634	7,512195631	0,007673404
A005918_01	At1g71340 * Nada1 and unknown protein; protein id: At1g71350Nada1	2,899439957	7,461366925	0,005399544
A019800_01	At1g73010 * expressed protein; protein id: At1g73010Nada1	2,89632225	7,4452601	0,007698226
A014962_01	At4g22880 * putative leucoanthocyanidin dioxygenase (LDOX); protein id: At4g22880Nada1	2,878613604	7,354430373	0,006494082
A013519_01	At4g08870 * putative arginase; protein id: At4g08870Nada1	2,843093397	7,175569794	0,013350022
A010999_01	At3g44510 * putative protein; protein id: At3g44510Nada1	2,840996338	7,165147176	0,004438128
A016393_01	At5g59310 * nonspecific lipid-transfer protein precursor - like; protein id: At5g59310Nada1	2,785664689	6,89554551	0,007673404
A007181_01	At2g18130 * putative purple acid phosphatase precursor; protein id: At2g18130Nada1	2,777725924	6,857705378	0,004438128
A016152_01	At5g39720 * AIG2 - like protein; protein id: At5g39720Nada1	2,75027906	6,728472683	0,004584328
A021561_01	At1g18970 * putative; protein id: At1g18970.1	2,743990772	6,699209047	0,006557388
A018350_01	At5g67080 * protein kinase-like protein; protein id: At5g67080Nada1	2,740824207	6,68452111	0,004438128
A011942_01	At3g56040 * putative protein; protein id: At3g56040Nada1	2,74032785	6,682221706	0,006829176
A005906_01	At5g20150 * ids4-like protein; protein id: At5g20150	2,68525246	6,431933365	0,024560948
A013709_01	At4g33550 * putative protein; protein id: At4g33550Nada1	2,647815063	6,267174064	0,006508497
A018299_01	At5g08030 * glycerophosphodiester phosphodiesterase - like protein; protein id: At5g08030Nada1	2,642664329	6,24483879	0,006628336
A010898_01	At3g53620 * inorganic pyrophosphatase -like protein; protein id: At3g53620Nada1	2,629722774	6,189070578	0,004438128
A008811_01	At2g46880 * hypothetical protein; protein id: At2g46880Nada1	2,614170144	6,122709116	0,020472166
A022654_01	At3g60630 * scarecrow - like protein; protein id: At3g60630Nada1	2,591451016	6,027045749	0,004438128
A021852_01	At1g56650 * putative; protein id: At1g56650.1	2,584306741	5,99727339	0,005396059
A000656_01	At1g08310 * unknown protein; protein id: At1g08310Nada1	2,578095247	5,971507759	0,005892559
A017247_01	At5g20410 * monogalactosyldiacylglycerol synthase; protein id: At5g20410Nada1	2,529412017	5,773363319	0,005507953
A004261_01	At1g64590 * putative; protein id: At1g64590.1	2,518810113	5,731092228	0,005290691
A018006_01	At5g24780 * vegetative storage protein Vsp1; protein id: At5g24780Nada1	2,498666702	5,651628761	0,006277704
A004788_01	At1g56600 * putative; protein id: At1g56600.1	2,481763988	5,585800268	0,007038761
A025683_01	At1g68740 * putative receptor protein; protein id: At1g68740Nada1	2,470646988	5,542923082	0,003529146
A013755_01	At4g33030 * sulfolipid biosynthesis protein SQD1; protein id: At4g33030Nada1	2,456891712	5,490325608	0,007863152
A006046_01	At2g43510 * putative trypsin inhibitor; protein id: At2g43510Nada1	2,4491144	5,460807874	0,004438128
A011497_01	At3g05630 * phospholipase D family; protein id: At3g05630Nada1	2,42653726	5,376015358	0,006317959
A011663_01	At3g03790 * unknown protein; protein id: At3g03790Nada1	2,42379989	5,365824577	0,005333077

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A019543_01	At4g23600 * tyrosine transaminase like protein; protein id: At4g23600Nada1	2,415078759	5,333485864	0,0203865
A020798_01	At1g58280 * unknown protein; protein id: At1g58280Nada1	2,414457753	5,331190568	0,006198772
A021053_01	At5g24770 * vegetative storage protein Vsp2; protein id: At5g24770Nada1	2,408361689	5,308711309	0,009624304
A013770_01	At4g01480 * putative inorganic phosphatase; protein id: At4g01480Nada1	2,401598327	5,283882285	0,003529146
A013475_01	At4g03960 * putative protein; protein id: At4g03960Nada1	2,398538047	5,272685867	0,006771583
A005385_01	At1g65840 * putative; protein id: At1g65840.1 *	2,383504687	5,218028006	0,006162193
A017393_01	At5g43300 * putative protein; protein id: At5g43300Nada1	2,373687209	5,18264009	0,006162193
A008866_01	At2g35380 * peroxidase family; protein id: At2g35380Nada1	2,348977594	5,094630779	0,004438128
A009811_01	At3g03310 * expressed protein; protein id: At3g03310Nada1	2,346483949	5,085832502	0,004675778
A001005_01	At1g30500 * putative; protein id: At1g30500.1 *	2,342298076	5,071097722	0,005396059
A021637_01	At2g04460 * putative retroelement pol polyprotein; protein id: At2g04460Nada1	2,316746282	4,982073419	0,004438128
A006621_01	At2g18660 * hypothetical protein; protein id: At2g18660Nada1	2,298825282	4,920569435	0,007081146
A019769_01	At1g61800 * putative; protein id: At1g61800.1 *	2,293698058	4,903113158	0,004438128
A016785_01	At5g09480 * expressed protein; protein id: At5g09480Nada1	2,282087049	4,863810595	0,004438128
A014871_01	At4g24890 * putative protein; protein id: At4g24890Nada1	2,274886136	4,83959438	0,006368298
A007322_01	At2g27190 * purple acid phosphatase precursor; protein id: At2g27190Nada1	2,27223934	4,830723706	0,010774403
A023182_01	At1g08900 * ERD6 At1g08900 and hypothetical protein At1g08910 *	2,257498612	4,781617115	0,015322122
A002684_01	At1g73325 * similar to Dr4(protease inhibitor); protein id: At1g73325Nada1	2,256441572	4,778114984	0,006764799
A012163_01	At3g10150 * hypothetical protein; protein id: At3g10150Nada1	2,251490981	4,761747037	0,004438128
A021934_01	At5g15970 * cold-regulated protein COR6Nada6 (KIN2); protein id: At5g15970Nada1	2,249318417	4,754581686	0,007195339
A013264_01	At4g25160 * putative Ser Thr protein kinase; protein id: At4g25160Nada1	2,243472096	4,702643916	0,004438128
A011256_01	At3g43110 * putative protein; protein id: At3g43110Nada1	2,229838336	4,690814128	0,006628336
A020530_01	At1g29240 * unknown protein; protein id: At1g29240Nada1	2,216121119	4,646424996	0,0060625
A019920_01	At1g62540 * similar to flavin-binding monooxygenase-like protein (Z71258);	2,209109762	4,623898606	0,03623333
A006717_01	At2g39030 * expressed protein; protein id: At2g39030Nada1	2,207027232	4,617228822	0,005014445
A006213_01	At2g47200 * hypothetical protein; protein id: At2g47200Nada1	2,205805762	4,61332126	0,006580081
A006282_01	At2g38740 * expressed protein; protein id: At2g38740Nada1	2,193466305	4,574031513	0,004438128
A020071_01	At1g22990 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At1g22990Nada1	2,181812876	4,537233401	0,004438128
A000804_01	At1g72070 * putative; protein id: At1g72070.1 *	2,171530229	4,505009752	0,004438128
A004202_01	At1g71130 * expressed protein; protein id: At1g71130Nada1	2,168443282	4,49538065	0,006162193
A009791_01	At3g58550 * putative protein; protein id: At3g58550Nada1	2,162054617	4,475517832	0,004438128
A025346_01	At1g68740 * putative receptor protein; protein id: At1g68740Nada1	2,15499464	4,453669926	0,004438128
A012143_01	At3g25760 * hypothetical protein; protein id: At3g25760Nada1	2,152764384	4,446790337	0,016496938
A019455_01	At2g38940 * phosphate transporter (AtPT2); protein id: At2g38940Nada1	2,150569829	4,440031244	0,010091
A008919_01	At3g48240 * putative protein; protein id: At3g48240Nada1	2,148119694	4,43249712	0,005904571
A001242_01	At1g52400 * beta-glucosidase (BG1); protein id: At1g52400.1	2,143357686	4,417890576	0,013245567
A000441_01	At1g13750 * unknown protein; protein id: At1g13750Nada1	2,138141644	4,4019466	0,005333077
A021221_01	At2g42530 * cold-regulated protein cor15b precursor; protein id: At2g42530Nada1	2,115872729	4,334521469	0,005904571
A019074_01	At5g09570 * putative protein; protein id: At5g09570Nada1	2,112857932	4,325473086	0,00639071
A005648_01	At2g04160 * subtilisin-like serine protease AIR3; protein id: At2g04160Nada1	2,102258552	4,293810591	0,004438128
A001971_01	At1g14220 * ribonuclease; protein id: At1g14220Nada1	2,095966699	4,275125282	0,004438128
A000820_01	At1g62710 * beta-VPE; protein id: At1g62710Nada1	2,07034578	4,199873224	0,004438128
A024061_01	At3g03500 * unknown protein; protein id: At3g03500Nada1	2,06487924	4,183989525	0,004438128
A025942_01	At3g52180 * putative protein; protein id: At3g52180Nada1	2,058185748	4,164622554	0,006771583
A015342_01	At4g12090 * putative protein; protein id: At4g12090Nada1	2,04953942	4,139737874	0,008573624
A024213_01	At3g27100 * hypothetical protein; protein id: At3g27100Nada1	2,037813876	4,106228399	0,005333077
A006524_01	At2g37870 * expressed protein; protein id: At2g37870Nada1	2,037707931	4,105926866	0,007344017
A007816_01	At2g43530 * putative trypsin inhibitor; protein id: At2g43530Nada1	2,033557982	4,094133033	0,021325446
A020081_01	At1g23120 * major latex protein (MLP)-related; protein id: At1g23120Nada1	2,029330341	4,08215324	0,006289027
A020363_01	At2g39800 * delta-1-pyrroline 5-carboxylase synthetase (P5C1);	2,028149478	4,078813318	0,02240014
A013417_01	At4g32480 * putative protein; protein id: At4g32480Nada1	2,020325706	4,056753678	0,028877849
A023816_01	At1g22170 * expressed protein; protein id: At1g22170Nada1	2,017208829	4,047998706	0,006044871
A019732_01	At5g56630 * pyrophosphate-dependent phosphofructo-1-kinase-like protein;	2,01335588	4,037202298	0,004438128
A017284_01	At5g40690 * putative protein; protein id: At5g40690Nada1	2,011415883	4,031777106	0,007081146
A005468_01	At1g16710 * unknown protein; protein id: At1g16710Nada1	2,004240273	4,011773828	0,008691736



Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A023327_01	At1g32970 * putative protein	2,000819129	4,002271751	0,006139284
A005939_01	At4g11600 * putative; protein id: At4g11600.1 *	1,997865353	3,994085878	0,007344017
A020603_01	At5g06530 * ABC transporter family protein; protein id: At5g06530Nada1	1,991977892	3,977819717	0,004438128
A015941_01	At5g65280 * G protein-coupled receptor-like protein; protein id: At5g65280Nada1	1,984946901	3,95848093	0,006139284
A014520_01	At4g00500 * calmodulin-binding heat-shock protein; protein id: At4g00500Nada1	1,981465304	3,948939607	0,004438128
A003246_01	At1g67600 * F12A21Nada27; protein id: At1g67600Nada1	1,972597159	3,924740205	0,005396059
A001135_01	At1g35720 * Ca2+-dependent membrane-binding protein annexin; protein id: At1g35720Nada1	1,967252029	3,910226095	0,005415762
A018981_01	At5g47740 * unknown protein; protein id: At5g47740Nada1	1,960283982	3,891385699	0,013417792
A024062_01	At3g03370 * unknown protein; protein id: At3g03370Nada1	1,957265554	3,883252596	0,006198772
A014076_01	At4g16590 * cellulose synthase like protein; protein id: At4g16590Nada1	1,951133559	3,866782342	0,007252855
A003591_01	At1g52800 * putative oxidoreductase; protein id: At1g52800Nada1	1,944618271	3,849359119	0,007831136
A025250_01	At3g44870 * methyltransferase-related; protein id: At3g44870Nada1	1,941893614	3,842096124	0,017466261
A016337_01	At5g59320 * nonspecific lipid-transfer protein precursor - like; protein id: At5g59320Nada1	1,932646501	3,817548539	0,006603553
A009836_01	At3g01970 * WRKY family transcription factor; protein id: At3g01970Nada1	1,908618702	3,754494561	0,005415762
A016193_01	At5g01600 * ferritin 1 precursor; protein id: At5g01600Nada1	1,906330414	3,748544202	0,014906797
A008742_01	At2g33380 * RD20 protein; protein id: At2g33380Nada1	1,906282066	3,748418581	0,009405143
A019874_01	At2g01890 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01890Nada1	1,896763407	3,723768556	0,004438128
A021901_01	At5g15960 * cold and ABA inducible protein kin1; protein id: At5g15960Nada1	1,892644354	3,713151949	0,009025825
A019079_01	At5g43150 * unknown protein; protein id: At5g43150Nada1	1,887555109	3,700076524	0,005396059
A009187_01	At3g28270 * At14a; protein id: At3g28270Nada1	1,885039872	3,693631324	0,022763081
A009981_01	At3g02980 * putative N-acetyltransferase; protein id: At3g02980Nada1	1,88479493	3,693004269	0,005396059
A011828_01	At3g30480 * hypothetical protein; protein id: At3g30480Nada1	1,883445018	3,689550386	0,005396059
A007342_01	At2g17280 * unknown protein; protein id: At2g17280Nada1	1,877213697	3,673648762	0,011054303
A022257_01	BAC clone F10M6 (ESSAll project) *	1,870828733	3,657426147	0,006557388
A015313_01	At4g31240 * similar to putative receptor kinase; protein id: At4g31240Nada1	1,870298387	3,656081896	0,006788246
A025795_01	At3g52180 * putative protein; protein id: At3g52180Nada1	1,865803622	3,644708975	0,005396059
A012880_01	At4g11650 * osmotin precursor; protein id: At4g11650Nada1	1,856411505	3,62105855	0,021229766
A023704_01	At1g53610 * hypothetical protein; protein id: At1g53610Nada1	1,849357131	3,60339581	0,006289027
A022434_01	At4g27690 * putative protein; protein id: At4g27690Nada1	1,849275618	3,603192222	0,020092082
A004000_01	At1g70900 * expressed protein; protein id: At1g70900Nada1	1,848707623	3,601773909	0,007283937
A004326_01	At1g74460 * putative lipase/acylhydrolase; protein id: At1g74460Nada1	1,843212221	3,588080408	0,006317959
A016821_01	At5g07990 * flavonoid 3 -hydroxylase (F3 H); protein id: At5g07990Nada1	1,839092799	3,577849739	0,009876646
A022263_01	At5g09750 * putative protein; protein id: At5g09750Nada1	1,837843753	3,574753475	0,006649168
A012348_01	At3g52720 * carbonic anhydrase (CAH1); protein id: At3g52720Nada1	1,836522358	3,57148078	0,034965162
A010551_01	At3g25240 * hypothetical protein; protein id: At3g25240Nada1	1,835525811	3,569014619	0,006557388
A006090_01	At2g02850 * putative basic blue protein (plantacyanin); protein id: At2g02850Nada1	1,83430646	3,565999398	0,004438128
A006361_01	At2g18370 * putative lipid transfer protein; protein id: At2g18370Nada1	1,832383131	3,561248554	0,004438128
A014705_01	At4g35750 * putative protein; protein id: At4g35750Nada1	1,828755356	3,552304753	0,012881116
A001949_01	At1g18870 * putative protein *	1,824520992	3,54189389	0,007344017
A006925_01	At2g34210 * putative transcription elongation factor; protein id: At2g34210Nada1	1,822849885	3,537793609	0,005369125
A009577_01	At3g52790 * hypothetical protein; protein id: At3g52790Nada1	1,811189878	3,509316037	0,013350022
A008281_01	At2g42690 * putative lipase; protein id: At2g42690Nada1	1,80813735	3,501898697	0,007165091
A007911_01	At2g24390 * similar to avrRpt2-induced protein 2; protein id: At2g24390Nada1	1,807066198	3,499299621	0,007081146
A014989_01	At4g26620 * sucrose-like protein; protein id: At4g26620Nada1	1,806610541	3,498194586	0,007165091
A013585_01	At4g17030 * allergen like protein; protein id: At4g17030Nada1	1,804806574	3,493823126	0,005904571
A010546_01	At3g44520 * putative protein; protein id: At3g44520Nada1	1,783403224	3,442372509	0,007403621
A004588_01	At1g67920 * expressed protein; protein id: At1g67920Nada1	1,777324505	3,427898769	0,004438128
A008849_01	At2g44260 * expressed protein; protein id: At2g44260Nada1	1,774939378	3,422236297	0,005396059
A022233_01	At3g50420 * putative protein; protein id: At3g50420Nada1	1,771668849	3,414487018	0,005333077
A002780_01	At1g74210 * putative glycerophosphodiester phosphodiesterase; protein id: At1g74210Nada1	1,770588554	3,411931197	0,043915159
A012053_01	At3g14940 * phosphoenolpyruvate carboxylase (PPC); protein id: At3g14940Nada1	1,76149382	3,390490071	0,006494082
A003441_01	At1g22220 * hypothetical protein; protein id: At1g22220Nada1	1,758437027	3,383313882	0,006430842
A013535_01	At4g14020 * expressed protein; protein id: At4g14020Nada1	1,757265394	3,38056736	0,006649168
A014485_01	At4g14630 * germin precursor oxalate oxidase; protein id: At4g14630Nada1	1,755582643	3,376626585	0,006162193
A023610_01	At2g01880 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01880Nada1	1,754624015	3,374383663	0,009672202

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A018163_01	At5g56840 * putative protein; protein id: At5g56840Nada1	1,75080185	3,365455661	0,00587743
A020068_01	At3g22600 * expressed protein; protein id: At3g22600Nada1	1,740403096	3,341285118	0,00587743
A007556_01	At2g17660 * unknown protein; protein id: At2g17660Nada1	1,740055712	3,340480673	0,004438128
A022761_01	At3g27050 * expressed protein; protein id: At3g27050Nada1	1,737257992	3,334008985	0,006660788
A006016_01	At5g14130 * putative; protein id: At5g14130.1	1,735690106	3,330387633	0,004578197
A014275_01	At4g12890 * putative protein; protein id: At4g12890Nada1	1,717374139	3,288373423	0,010129249
A024639_01	At5g17220 * putative; protein id: At5g17220.1	1,708936598	3,26919764	0,009309361
A024398_01	At1g53310 * putative; protein id: At1g53310.1	1,708561911	3,268348697	0,005014445
A007285_01	At2g23120 * expressed protein; protein id: At2g23120Nada1	1,708217703	3,267569003	0,015710988
A005392_01	At1g17950 * myb family transcription factor; protein id: At1g17950Nada1	1,705060711	3,260426531	0,005539882
A000971_01	At1g35040 * hypothetical protein; protein id: At1g35040Nada1	1,70465712	3,259514561	0,006317959
A024298_01	At4g30270 * xyloglucan endotransglycosylase (meri5B); protein id: At4g30270Nada1	1,699835445	3,248639023	0,013245567
A021148_01	At2g44450 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At2g44450Nada1	1,6972035	3,24271785	0,006972178
A014392_01	At4g31240 * similar to putative receptor kinase; protein id: At4g31240Nada1	1,696954193	3,242157536	0,01178231
A007359_01	At2g43670 * glycosyl hydrolase family 17; protein id: At2g43670Nada1	1,694792813	3,237303919	0,007471275
A019049_01	At5g19430 * putative protein; protein id: At5g19430Nada1	1,689407369	3,225241897	0,007315364
A009756_01	At3g23870 * unknown protein; protein id: At3g23870Nada1	1,687850136	3,221762477	0,004438128
A003767_01	At1g31480 * shoot gravitropism 2; protein id: At1g31480Nada1	1,677248895	3,198175027	0,004438128
A022239_01	At3g59160 * putative protein; protein id: At3g59160Nada1	1,674178463	3,191375712	0,005507953
A010569_01	At3g25790 * expressed protein; protein id: At3g25790Nada1	1,666993542	3,175521508	0,004438128
A024831_01	At4g35010 * glycosyl hydrolase family 35 (beta-galactosidase); protein id: At4g35010Nada1	1,665298748	3,171793281	0,046614515
A026007_01	At5g39000 * protein kinase - like protein; protein id: At5g39000Nada1	1,663631557	3,168130048	0,004438128
A015071_01	At4g25100 * iron superoxide dismutase (FSD1); protein id: At4g25100Nada1	1,653308871	3,145542535	0,0396013
A014115_01	At4g28040 * Medicago nodulin N21-like protein; protein id: At4g28040Nada1	1,652530188	3,143845213	0,00508934
A019722_01	At5g23190 * cytochrome P450-like protein; protein id: At5g23190Nada1	1,652125653	3,142963795	0,004438128
A021719_01	At2g01890 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01890Nada1	1,649742806	3,13777696	0,004438128
A021698_01	At1g01380 * myb family transcription factor; protein id: At1g01380Nada1	1,646129883	3,129928897	0,004438128
A011811_01	At3g19710 * putative; protein id: At3g19710.1	1,645136534	3,127774566	0,033196177
A010557_01	At3g02870 * putative myo-inositol monophosphatase; protein id: At3g02870Nada1	1,638623753	3,113686625	0,015322122
A005756_01	At5g64100 * putative; protein id: At5g64100.1	1,636282722	3,108638208	0,004438128
A021419_01	At5g24660 * putative protein; protein id: At5g24660Nada1	1,631623611	3,098615211	0,004438128
A009906_01	At3g06420 * expressed protein; protein id: At3g06420Nada1	1,628536251	3,091991282	0,007781202
A007145_01	At2g36970 * putative glucosyltransferase; protein id: At2g36970Nada1	1,62691676	3,088522328	0,005892559
A016967_01	At5g55570 * unknown protein; protein id: At5g55570Nada1	1,623707264	3,081659073	0,012933469
A026087_01	At1g02850 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At1g02850Nada1	1,612278499	3,057343176	0,009368932
A017851_01	At5g17460 * expressed protein; protein id: At5g17460Nada1	1,600444054	3,032366336	0,004438128
A019122_01	At5g14340 * myb DNA-binding protein (MYB40); protein id: At5g14340Nada1	1,59873252	3,028771036	0,006281908
A015387_01	At4g13580 * disease resistance response protein-related; protein id: At4g13580Nada1	1,597160661	3,025472898	0,004438128
A001352_01	At1g74710 * isochorismate synthase 1 (isochorismate mutase) (ICS1); protein id: At1g74710Nada1	1,594134112	3,01913258	0,027413708
A002084_01	At1g01470 * hypothetical protein; protein id: At1g01470Nada1	1,577443227	2,984404785	0,005507953
A024206_01	At5g03210 * putative protein; protein id: At5g03210Nada1	1,568529938	2,966023314	0,019863446
A008119_01	At2g23950 * putative LRR receptor protein kinase; protein id: At2g23950Nada1	1,557666933	2,943774033	0,005396059
A005729_01	At2g25625 * auxin-regulated protein; protein id: At2g25625Nada1	1,55441205	2,937140033	0,005014445
A014173_01	At4g18940 * hypothetical protein; protein id: At4g18940Nada1	1,547155174	2,922403069	0,006254934
A022215_01	At3g55040 * putative; protein id: At3g55040.1	1,543387488	2,914780993	0,004438128
A005968_01	not annotated * between At2g14870 and At2g14880 Chr2 W/6340719-6340788	1,541307624	2,910581921	0,044762169
A015575_01	At5g08380 * glycosyl hydrolase family 27 (alpha-galactosidase/melibiose); protein id: At5g08380Nada1	1,538805148	2,905537648	0,007283937
A004909_01	At1g10060 * expressed protein; protein id: At1g10060Nada1	1,537802923	2,903519902	0,005014445
A007565_01	At2g26660 * unknown protein; protein id: At2g26660Nada1	1,534724814	2,897331607	0,01107653
A022009_01	At3g23390 * putative ribosomal protein; protein id: At3g23390Nada1	1,533838231	2,895551648	0,005396059
A015361_01	At4g17790 * expressed protein; protein id: At4g17790Nada1	1,533710815	2,895295931	0,026949885
A022088_01	At2g11540 * En/Spm-like transposon protein; protein id: At2g11540Nada1	1,523426106	2,874729292	0,006162193
A021149_01	At2g26560 * putative; protein id: At2g26560.1	1,521580716	2,871054498	0,034602244
A022648_01	At5g01660 * putative protein; protein id: At5g01660Nada1	1,518152227	2,864239689	0,006317959
A021230_01	At3g49580 * putative protein; protein id: At3g49580Nada1	1,515494302	2,858967662	0,029609694

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A022252_01	At5g35116 * similar to En/Spm-like transposon protein; protein id: At5g35116Nada1	1,510178064	2,848451938	0,007637972
A003844_01	At1g52040 * putative; protein id: At1g52040.1	1,508281704	2,844710231	0,018912898
A024522_01	At3g09390 * metallothionein-like protein; protein id: At3g09390Nada1	1,505751178	2,839724906	0,005892559
A001620_01	At1g56320 * hypothetical protein; protein id: At1g56320Nada1	1,505496089	2,839222847	0,004584328
A022209_01	At3g42440 * putative protein; protein id: At3g42440Nada1	1,500132324	2,828686592	0,004584328
A018308_01	At5g16360 * putative protein; protein id: At5g16360Nada1	1,495139648	2,818914359	0,005333077
A016426_01	At5g13440 * ubiquinol--cytochrome-c reductase - like protein; protein id: At5g13440Nada1	1,492400747	2,813567834	0,004801866
A023298_01	At1g73130 * hypothetical protein; protein id: At1g73130Nada1	1,491804181	2,812404643	0,004438128
A002437_01	At1g75390 * putative; protein id: At1g75390.1	1,4906243	2,810105511	0,004584328
A008450_01	At2g23540 * putative GDSL-motif lipase/hydrolase; protein id: At2g23540Nada1	1,48941912	2,807759021	0,004438128
A011203_01	At3g27190 * putative; protein id: At3g27190.1	1,489298102	2,807523506	0,005892559
A016319_01	At5g44610 * expressed protein	1,488852028	2,806655568	0,010527873
A020360_01	At3g13080 * ABC transporter family protein; protein id: At3g13080Nada1	1,485741517	2,800610821	0,005433337
A025397_01	At2g23010 * putative serine carboxypeptidase I; protein id: At2g23010Nada1	1,483661511	2,796575948	0,032136605
A019423_01	At5g52360 * actin depolymerizing factor-like; protein id: At5g52360Nada1	1,475443172	2,78069049	0,005415762
A006705_01	At2g23960 * unknown protein; protein id: At2g23960Nada1	1,474504395	2,778881655	0,006649168
A024820_01	At3g46350 * receptor-like protein kinase homolog; protein id: At3g46350Nada1	1,458750177	2,748701373	0,005892559
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,457759622	2,746814762	0,005799526
A009456_01	At3g12500 * glycosyl hydrolase family 19 (basic endochitinase); protein id: At3g12500Nada1	1,456326661	2,744087834	0,006191191
A001934_01	At1g17745 * Genomic sequence for ANadatNada BAC F22G5 from chromosome 1	1,454823084	2,741229435	0,004438128
A013956_01	At4g21470 * putative protein; protein id: At4g21470Nada1	1,45132912	2,734598672	0,00897787
A013697_01	At4g15610 * expressed protein; protein id: At4g15610Nada1	1,447201258	2,726785578	0,029024151
A011240_01	At3g27150 * unknown protein; protein id: At3g27150Nada1	1,446457581	2,725380344	0,006317959
A014189_01	At4g39210 * glucose-1-phosphate adenyllyltransferase (APL3); protein id: At4g39210Nada1	1,445997131	2,724510652	0,019797324
A002417_01	At1g16730 * hypothetical protein; protein id: At1g16730Nada1	1,444589595	2,721853834	0,028097158
A001497_01	At1g77410 * glycosyl hydrolase family 35 (beta-galactosidase); protein id: At1g77410Nada1	1,44322682	2,719283974	0,004438128
A009029_01	At3g44540 * acyl CoA reductase - protein; protein id: At3g44540Nada1	1,441092672	2,715264369	0,005904571
A003928_01	At1g03020 * putative glutaredoxin; protein id: At1g03020Nada1	1,439674085	2,712595792	0,005333077
A006404_01	At2g38660 * methylenetetrahydrofolate dehydrogenase; protein id: At2g38660Nada1	1,439575111	2,712409704	0,006289027
A014233_01	At4g09750 * putative protein; protein id: At4g09750Nada1	1,439549949	2,712362396	0,005290691
A013570_01	At4g16400 * hypothetical protein; protein id: At4g16400Nada1	1,43690047	2,707385773	0,005333077
A023059_01	At5g54040 * putative; protein id: At5g54040.1	1,434378392	2,702656933	0,005507953
A002008_01	At1g47960 * expressed protein; protein id: At1g47960Nada1	1,434370598	2,702642331	0,011539644
A006596_01	At2g29350 * putative tropinone reductase; protein id: At2g29350Nada1	1,433345036	2,7007218	0,019083602
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,431919263	2,698054074	0,005396059
A014072_01	At4g16520 * symbiosis-related like protein; protein id: At4g16520Nada1	1,429988609	2,694445878	0,015570335
A016357_01	At5g49350 * putative protein; protein id: At5g49350Nada1	1,428340028	2,69136867	0,008312187
A006166_01	At2g46650 * putative cytochrome b5; protein id: At2g46650Nada1	1,424597357	2,68439571	0,009217581
A022228_01	At3g50340 * putative protein; protein id: At3g50340Nada1	1,42350917	2,682371704	0,005396059
A025801_01	At3g09880 * B regulatory subunit of PP2A (AtB beta); protein id: At3g09880Nada1	1,421558354	2,678747047	0,007673404
A001139_01	At1g17830 * expressed protein; protein id: At1g17830Nada1	1,417852864	2,671875646	0,006139284
A007902_01	At2g32260 * putative phospholipid cytidyltransferase; protein id: At2g32260Nada1	1,417772951	2,671727652	0,012437378
A004033_01	At1g02310 * glycosyl hydrolase family 5/cellulase ((1-4)-beta-mannan endohydrolase); protein id: At1g02310	1,414833876	2,666290317	0,006317959
A025357_01	At1g65890 * putative; protein id: At1g65890.1	1,413904403	2,664573082	0,005396059
A015143_01	At4g14090 * UDP-glycosyltransferase family; protein id: At4g14090Nada1	1,413329031	2,663510616	0,025912566
A006777_01	At2g27370 * unknown protein; protein id: At2g27370Nada1	1,412263156	2,661543519	0,006162193
A011496_01	At3g05640 * putative; protein id: At3g05640.1	1,410869249	2,658973224	0,014903361
A019863_01	At2g48150 * putative; protein id: At2g48150.1	1,407898955	2,653504427	0,006139284
A020463_01	At3g52190 * expressed protein; protein id: At3g52190Nada1	1,400704111	2,640304113	0,014039997
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,400084212	2,639169868	0,005297455
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,394193688	2,628416106	0,006187375
A004301_01	At1g64670 * expressed protein; protein id: At1g64670Nada1	1,393581528	2,627301061	0,008112014
A002952_01	At1g34640 * expressed protein; protein id: At1g34640Nada1	1,393285604	2,626762207	0,00793506
A019388_01	At5g02420 * putative protein; protein id: At5g02420Nada1	1,392672303	2,625645788	0,005904571
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,390095803	2,620960848	0,006139284

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A022246_01	At3g12160 * putative; protein id: At3g12160.1 *	1,389570899	2,620007423	0,007344017
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,388018907	2,617190443	0,006162193
A008246_01	BAC F20F1 *	1,38600503	2,613539619	0,016449311
A020499_01	At1g16850.1 * expressed protein; protein id: At1g16850Nada1	1,38001567	2,60271198	0,015489304
A011437_01	At3g07350 * expressed protein; protein id: At3g07350Nada1	1,374070506	2,592008603	0,026792492
A017513_01	At5g13930 * chalcone synthase; protein id: At5g13930Nada1;	1,373387248	2,590781321	0,021095654
A015228_01	At4g24140 * putative protein; protein id: At4g24140Nada1	1,369928876	2,584578241	0,005114494
A009954_01	At3g50970 * dehydrin Xero2; protein id: At3g50970Nada1	1,366248201	2,57799274	0,015101433
A008807_01	At2g46860 * putative inorganic pyrophosphatase; protein id: At2g46860Nada1	1,366062596	2,577661099	0,00508934
A017693_01	At5g64960 * Cyclin-dependent kinase C;2; protein id: At5g64960Nada1	1,363796132	2,573614791	0,006771583
A023349_01	At2g41810 * unknown protein; protein id: At2g41810Nada1	1,363005752	2,572205223	0,012067666
A012773_01	At3g18080.1 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At3g18080Nada1	1,362082136	2,570559019	0,019875586
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,361147434	2,568894129	0,005580587
A000383_01	At1g74590 * putative; protein id: At1g74590.1 *	1,360951109	2,568544571	0,00875183
A018100_01	At5g41080 * putative protein; protein id: At5g41080Nada1	1,360368937	2,567508295	0,035271978
A024826_01	At5g07980 * unknown protein; protein id: At5g07980Nada1	1,360096882	2,567024174	0,006408378
A006579_01	At2g22080 * En/Spm-like transposon protein; protein id: At2g22080Nada1	1,359005234	2,565082512	0,02025565
A001447_01	At1g05000 * unknwn protein; protein id: At1g05000Nada1	1,35651101	2,560651663	0,00997962
A024807_01	At2g23980 * cyclic nucleotide-regulated ion channel (CNGC6); protein id: At2g23980Nada1	1,355883837	2,55953873	0,021513809
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,355061747	2,558080645	0,005892559
A002361_01	At1g48130 * peroxiredoxin; protein id: At1g48130Nada1	1,353573596	2,555443327	0,006601957
A024114_01	At4g19390 * putative protein; protein id: At4g19390Nada1	1,352893979	2,554239805	0,007403621
A021807_01	At4g24130 * putative protein; protein id: At4g24130Nada1	1,349848833	2,548854169	0,005396059
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,347048333	2,543911237	0,005290691
A023673_01	At2g10930 * unknown protein; protein id: At2g10930Nada1	1,346679205	2,543260436	0,005914937
A023859_01	At1g12200 * unknown protein; protein id: At1g12200Nada1	1,34560984	2,541376	0,006771583
A004038_01	At1g35190 * putative; protein id: At1g35190.1 *	1,344306608	2,539081332	0,007267844
A004469_01	At1g08230 * hypothetical protein; protein id: At1g08230Nada1	1,344109285	2,538734075	0,007778172
A023591_01	At2g16430 * putative purple acid phosphatase precursor; protein id: At2g16430Nada1	1,343479382	2,537625866	0,006771583
A012657_01	At3g19970 * expressed protein; protein id: At3g19970Nada1	1,338917507	2,529614437	0,005396059
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,336734026	2,525788828	0,005396059
A014663_01	At4g27330 * unknown protein; protein id: At4g27330	1,336693683	2,5257182	0,007746336
A024904_01	At4g23000 * hypothetical protein; protein id: At4g23000Nada1	1,335712961	2,524001837	0,005333077
A006388_01	At2g43910 * putative methyl chloride transferase; protein id: At2g43910Nada1	1,333963695	2,520943343	0,019415642
A021142_01	not annotated * Chr1 W/13147608-13147677 downstream of At1g35612	1,332477886	2,5183484	0,007863152
A016267_01	At5g63990 * 5-bisphosphate nucleotidase; protein id: At5g63990.1 *	1,327588107	2,509827318	0,00508934
A021860_01	At1g10660 * unknown protein; protein id: At1g10660Nada1	1,324845741	2,505061011	0,009368932
A007951_01	At2g21130 * cyclophilin (CYP2); protein id: At2g21130Nada1	1,322548122	2,501074655	0,011397276
A013253_01	At4g25820 * xyloglucan endotransglycosylase XTR9; protein id: At4g25820Nada1	1,321958862	2,500053316	0,008036049
A020734_01	At1g17020 * SRG1-like protein; protein id: At1g17020Nada1	1,319916484	2,496516573	0,005396059
A022459_01	At4g11700 * hypothetical protein; protein id: At4g11700Nada1	1,319721962	2,496179985	0,013678284
A004625_01	At1g05240 * putative; protein id: At1g05240.1 *	1,315689635	2,489212912	0,006162193
A021038_01	At3g22370 * alternative oxidase 1a precursor; protein id: At3g22370Nada1	1,314081583	2,48643994	0,00508934
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,313486052	2,485413773	0,005396059
A021919_01	At4g19030 * nodulin-26 - like protein; protein id: At4g19030Nada1	1,311556555	2,482091939	0,006317959
A021873_01	At5g18630 * triacylglycerol lipase-like protein; protein id: At5g18630Nada1	1,311076315	2,481265844	0,01050708
A009505_01	At3g21620 * unknown protein; protein id: At3g21620Nada1	1,310898229	2,480959577	0,007781202
A024446_01	At4g04610 * 5-adenylsulfate reductase; protein id: At4g04610Nada1	1,310130064	2,479638937	0,015108384
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,304637837	2,470217092	0,005333077
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,304079411	2,469261127	0,005580587
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,302271261	2,466168306	0,005650171
A015647_01	At5g10740 * protein phosphatase 2C -like protein; protein id: At5g10740Nada1	1,302052255	2,465793961	0,006403291
A002916_01	At1g68670 * expressed protein; protein id: At1g68670Nada1	1,301751587	2,465280126	0,017833408
A005152_01	At3g49960 * putative; protein id: At3g49960.1 *	1,301723142	2,46523152	0,006162193
A002794_01	At1g54095 * unknown protein; protein id: At1g54095Nada1	1,301480191	2,464816408	0,007673404



Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A007309_01	At4g37680 * expressed protein; protein id: At4g37680Nada1	1,300291155	2,462785799	0,035595554
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,298667815	2,460016199	0,005904571
A021917_01	At4g27560 * UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase-like protein;	1,297193498	2,457503545	0,007038761
A003292_01	At1g76790 * unknown protein id: At1g76790.1 *	1,29608898	2,455622817	0,005396059
A019633_01	At3g22850 * unknown protein; protein id: At3g22850Nada1	1,291556262	2,447919747	0,005507953
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	1,290169543	2,445567938	0,005399544
A015280_01	At4g13700 * putative protein; protein id: At4g13700Nada1	1,283922811	2,435001753	0,009119814
A012953_01	At4g19970 * hypothetical protein common family; protein id: At4g19970Nada1	1,277725269	2,424563887	0,005396059
A010497_01	At3g04530 * putative; protein id: At3g04530.1 *	1,275394113	2,420649357	0,041317474
A003134_01	At1g26440 * fatty acid elongase 3-ketoacyl-CoA synthase 1; protein id: At1g26440Nada1	1,271707667	2,414471889	0,006198772
A018189_01	At5g04080 * putative protein; protein id: At5g04080Nada1	1,271308651	2,413804195	0,006139284
A005195_01	At3g55440 * cytosolic triosephosphatisomerase; protein id: At3g55440Nada1	1,268052736	2,408362796	0,024898919
A023758_01	At1g20510 * expressed protein; protein id: At1g20510Nada1	1,265222306	2,403642449	0,011986603
A020903_01	At3g51240 * flavanone 3-hydroxylase (FH3); protein id: At3g51240Nada1	1,261646924	2,397692959	0,007474727
A002542_01	At1g51140 * expressed protein; protein id: At1g51140Nada1	1,259837077	2,394686963	0,015018845
A017839_01	At5g09540 * putative protein; protein id: At5g09540Nada1	1,254652933	2,386097397	0,010808426
A015506_01	At5g11110 * sucrose-phosphate synthase -like protein; protein id: At5g11110Nada1	1,252566697	2,382649882	0,009362983
A013996_01	At4g35190 * putative protein; protein id: At4g35190Nada1	1,25187938	2,381514579	0,005333077
A022743_01	At3g24340 * hypothetical protein; protein id: At3g24340Nada1	1,248999947	2,376766124	0,006105244
A018058_01	At5g66170 * senescence-associated protein; protein id: At5g66170Nada1	1,248137055	2,375344977	0,006883607
A018734_01	At5g48280 * unknown protein; protein id: At5g48280Nada1	1,243695324	2,368043075	0,010015018
A024473_01	At1g59700 * putative; protein id: At1g59700.1 *	1,243409168	2,367573425	0,011397276
A021629_01	At2g32210 * expressed protein; protein id: At2g32210Nada1	1,241174536	2,363909061	0,016831984
A000732_01	At1g35250 * unknown protein; protein id: At1g35250Nada1	1,240260538	2,362411915	0,007081146
A019032_01	At5g66530 * apospory-associated protein C-like; protein id: At5g66530Nada1	1,238514146	2,359553929	0,021011281
A020971_01	At5g42180 * putative; protein id: At5g42180.1 *	1,236838774	2,356815418	0,006317959
A020617_01	At1g54100 * putative; protein id: At1g54100.1 *	1,235541845	2,354697683	0,017593479
A015047_01	At4g24380 * putative protein; protein id: At4g24380Nada1	1,234449822	2,352916008	0,033529292
A002942_01	At1g70800 * unknown protein; protein id: At1g70800Nada1	1,234377196	2,352797565	0,013642919
A008873_01	At3g04070 * NAM-like protein (no apical meristem); protein id: At3g04070Nada1	1,230685386	2,346784529	0,005469461
A018935_01	At5g50800 * MtN3-like protein; protein id: At5g50800Nada1	1,230133862	2,345887555	0,017576436
A014370_01	At4g00670 * hypothetical protein; protein id: At4g00670Nada1	1,230021729	2,345705228	0,005399544
A006567_01	At2g46600 * putative caltractin; protein id: At2g46600Nada1	1,229369419	2,344644865	0,007081146
A019678_01	At5g43580 * unknown protein; protein id: At5g43580Nada1	1,228167771	2,342692779	0,006003398
A017824_01	At5g35320 * putative protein; protein id: At5g35320Nada1	1,227564196	2,341712879	0,029065906
A000424_01	At1g03940 * hypothetical protein; protein id: At1g03940Nada1	1,227536969	2,341668687	0,02313668
A011590_01	At3g05690 * putative transcription factor; protein id: At3g05690Nada1	1,226781268	2,340442414	0,010129418
A010700_01	At3g15990 * putative sulfate transporter; protein id: At3g15990Nada1	1,225828407	2,338897125	0,007671973
A003557_01	At1g71740 * hypothetical protein; protein id: At1g71740Nada1	1,225713154	2,338710284	0,006455599
A005008_01	At1g60680 * putative; protein id: At1g60680.1 *	1,225657727	2,338620435	0,007403397
A021943_01	At3g29250 * putative; protein id: At3g29250.1 *	1,223049667	2,334396567	0,006128443
A011364_01	At3g11230 * expressed protein; protein id: At3g11230Nada1	1,22132303	2,331604401	0,009124329
A022416_01	At4g26830 * glycosyl hydrolase family 17; protein id: At4g26830Nada1	1,22030792	2,329964413	0,009208134
A005955_01	At3g16190 * putative hydrolase; protein id: At3g16190Nada1	1,220192527	2,329778061	0,008728794
A021774_01	At3g04320 * putative trypsin inhibitor; protein id: At3g04320Nada1	1,219577971	2,328785837	0,006771583
A019524_01	At4g34990 * myb family transcription factor; protein id: At4g34990Nada1	1,217190061	2,324934482	0,005399544
A020895_01	At5g05470 * eukaryotic translation initiation factor 2 alpha subunit-like protein; protein id: At5g05470Nada1	1,216896258	2,324461061	0,006289027
A022103_01	At2g37020 * translin-like protein; protein id: At2g37020Nada1	1,216657541	2,324076472	0,006289027
A014954_01	BAC clone T5L19 (ESSA project) *	1,214396255	2,32043656	0,014906189
A012672_01	At3g52800 * zinc finger - like protein; protein id: At3g52800Nada1	1,212322939	2,317104224	0,006198772
A006617_01	At2g28670 * fibroin-related; protein id: At2g28670Nada1	1,212251167	2,316988955	0,00532152
A007839_01	At2g43270 * putative myb-related transcription factor; protein id: At2g43270Nada1	1,210991158	2,314966245	0,024423626
A012290_01	At3g11430 * unknown protein; protein id: At3g11430Nada1	1,208342923	2,310720753	0,00861056
A021937_01	At1g14870 * unknown protein; protein id: At1g14870Nada1	1,207380318	2,309179492	0,009119814
A016885_01	At5g13900 * putative protein; protein id: At5g13900Nada1	1,206974651	2,308530272	0,005396059

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A017300_01	putative; protein id: At5g62480.1 *	1,206481493	2,30774128	0,005904571
A013714_01	putative; protein id: At4g01610.1 *	1,205559895	2,306267559	0,008691736
A009205_01	At3g01470 * homeobox-leucine zipper protein HAT5 (HD-ZIP protein 5) (HD-ZIP protein ATHB-1); protein id: At3g01470Nada1	1,205317512	2,305880122	0,01502459
A006609_01	At2g11690 * En/Spm-like transposon protein; protein id: At2g11690Nada1	1,204147476	2,304010794	0,029066426
A018032_01	At5g09220 * amino acid transport protein AAP2	1,20284955	2,301938915	0,020264733
A012000_01	At3g04370 * hypothetical protein; protein id: At3g04370Nada1	1,200896871	2,298825361	0,006289027
A014404_01	At4g01470 * putative water channel protein; protein id: At4g01470Nada1	1,200309592	2,297889767	0,016357034
A021896_01	putative; protein id: At1g01750.1 *	1,199013159	2,295825767	0,005399544
A015337_01	At4g05100 * myb DNA-binding protein; protein id: At4g05100Nada1	1,195428738	2,290128797	0,005892559
A006013_01	putative; protein id: At3g01190.1 *	1,192670202	2,285754092	0,02098027
A011833_01	putative; protein id: At3g23470.1 *	1,187889715	2,278192595	0,006105244
A022630_01	At4g30320 * PR-1-like protein; protein id: At4g30320Nada1	1,187073726	2,276904412	0,005396059
A024072_01	At3g06460 * unknown protein; protein id: At3g06460Nada1	1,186626535	2,276198751	0,006883607
A019440_01	5-bisphosphate nucleotidase (emb CAB05889.1); protein id: At5g64000.1 *	1,185063111	2,27373341	0,037564638
A019919_01	At1g27030 * expressed protein; protein id: At1g27030Nada1	1,183478038	2,271236655	0,006660788
A018950_01	At5g39730 * avirulence induced gene (AIG) - like protein; protein id: At5g39730Nada1	1,183304802	2,270963946	0,007592039
A023865_01	At3g12460 * hypothetical protein; protein id: At3g12460Nada1	1,182973347	2,270442259	0,005415762
A005175_01	At4g36990 * heat shock transcription factor HSF4; protein id: At4g36990Nada1	1,181292424	2,267798446	0,007474727
A008331_01	At2g46660 * putative cytochrome P450; protein id: At2g46660Nada1	1,180972207	2,267295146	0,007781202
A020008_01	At2g39420 * putative phospholipase; protein id: At2g39420Nada1	1,175598618	2,258865887	0,00820101
A021524_01	At3g28550 * unknown protein; protein id: At3g28550Nada1	1,175545025	2,258781977	0,007165091
A011763_01	putative; protein id: At3g14990.1 *	1,175055226	2,258015244	0,007637972
A011032_01	putative; protein id: At3g14510.1 *	1,17179846	2,252923708	0,013730986
A010961_01	At3g59140 * ABC transporter family protein; protein id: At3g59140Nada1	1,171423704	2,252338563	0,01030185
A011829_01	gag-pol polyprotein (fragment) *	1,171220053	2,252020644	0,010570525
A007828_01	At2g28120 * nodulin-like protein; protein id: At2g28120Nada1	1,170074834	2,250233688	0,03507553
A016562_01	At5g12420 * putative protein; protein id: At5g12420Nada1	1,169885167	2,249937876	0,007474727
A010648_01	putative; protein id: At3g22890.1 *	1,169757987	2,249739543	0,021614662
A022467_01	At4g10650 * putative protein; protein id: At4g10650Nada1	1,162604926	2,238612662	0,005904571
A022782_01	At3g26020 * putative B regulatory subunit of protein phosphatase 2A; protein id: At3g26020Nada1	1,161936945	2,237576404	0,006162193
A012897_01	At4g18930 * putative protein; protein id: At4g18930Nada1	1,160829149	2,235858905	0,005396059
A006340_01	putative; protein id: At2g36890.1 *	1,159683689	2,2340844	0,006187375
A007479_01	At2g26310 * hypothetical protein; protein id: At2g26310Nada1	1,158942665	2,232937181	0,007692514
A007977_01	At2g18050 * histone H1; protein id: At2g18050Nada1	1,156891444	2,229764652	0,007315364
A022291_01	At4g19490 * putative protein; protein id: At4g19490Nada1	1,154271817	2,225719548	0,017704267
A002988_01	At1g04220 * putative beta-ketoacyl-CoA synthase; protein id: At1g04220Nada1	1,152331475	2,222728094	0,006972178
A025808_01	At1g55740 * glycosyl hydrolase family 36; protein id: At1g55740Nada1	1,152073107	2,222330069	0,009962915
A023941_01	putative; protein id: At1g07150.1 *	1,151352285	2,22121999	0,009303583
A013990_01	At4g39700 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At4g39700Nada1	1,150996245	2,220671888	0,007474727
A021660_01	putative; protein id: At2g33870.1 *	1,148432985	2,216729886	0,006003398
A015415_01	At4g38080 * extensin related; protein id: At4g38080Nada1	1,147057901	2,214618048	0,019712293
A018960_01	At5g36940 * cationic amino acid transporter -like protein; protein id: At5g36940Nada1	1,146351806	2,213534418	0,008403531
A015641_01	At5g63030 * glutaredoxin-like protein; protein id: At5g63030Nada1	1,144056751	2,210015903	0,006289027
A000124_01	At1g23040 * expressed protein; protein id: At1g23040Nada1	1,14087115	2,205141371	0,016700603
A022506_01	At4g39600 * putative protein; protein id: At4g39600Nada1	1,139093458	2,202425866	0,019878843
A018706_01	chromosome 5 *	1,137245924	2,199607216	0,029716984
A011995_01	At3g16640 * translationally controlled tumor protein-like protein; protein id: At3g16640Nada1	1,137150848	2,199462261	0,021812401
A020212_01	At1g21360 * unknown protein; protein id: At1g21360Nada1	1,136701778	2,198777738	0,006289027
A014634_01	At4g39730 * putative protein; protein id: At4g39730Nada1	1,136320517	2,198196744	0,018214641
A014664_01	At4g14580 * SNF1 like protein kinase; protein id: At4g14580Nada1	1,134408334	2,195285131	0,0402744
A008812_01	At2g11480 * hypothetical protein; protein id: At2g11480Nada1	1,13405413	2,194746221	0,006494082
A024208_01	At4g31910 * putative protein; protein id: At4g31910Nada1	1,133922226	2,194545567	0,00564607
A004728_01	putative; protein id: At1g44100.1 *	1,133211801	2,193465174	0,011529059
A008201_01	At2g34585 * Expressed protein; protein id: At2g34585Nada1	1,130495013	2,189338472	0,013552452
A012345_01	At3g12350 * F-box protein family; protein id: At3g12350Nada1	1,128867105	2,186869461	0,00834132

Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A011049_01	At3g13910 * expressed protein; protein id: At3g13910Nada1	1,128512921	2,186332646	0,007781202
A012649_01	At3g03640 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At3g03640Nada1	1,128294921	2,186002303	0,007165091
A012335_01	At3g57540 * putative protein; protein id: At3g57540Nada1	1,128166678	2,185807995	0,013642919
A000936_01	At1g80940 * expressed protein; protein id: At1g80940Nada1	1,127213684	2,184364604	0,009021051
A016633_01	At5g55900 * sucrose cleavage protein-like; protein id: At5g55900Nada1	1,124970478	2,180970835	0,018256758
A013734_01	At4g33730 * pathogenesis-related protein - like; protein id: At4g33730Nada1	1,124271905	2,179915034	0,005774877
A016239_01	xxxx * b/t putative protein; protein id: At5g37130Nada1 and sen1-like protein; protein id: At5g37140Nada1	1,123181171	2,178267556	0,02688823
A018322_01	At5g67430 * N-acetyltransferase hookless1-like protein; protein id: At5g67430Nada1	1,120755025	2,174607494	0,018912898
A016208_01	At5g05960 * putative protein; protein id: At5g05960Nada1	1,12004389	2,173535848	0,009275368
A019790_01	At1g16400 * cytochrome p450 family; protein id: At1g16400Nada1	1,119357345	2,172501759	0,017780455
A009353_01	At3g27890 * NADPH:quinone oxidoreductase (NQR); protein id: At3g27890Nada1	1,118979409	2,171932714	0,005415762
A010611_01	At3g09560 * unknown protein; protein id: At3g09560Nada1	1,11695585	2,168888443	0,009677103
A021111_01	putative; protein id: At1g67360.1	1,116809277	2,168668103	0,019827668
A018813_01	At5g39240 * hypothetical protein; protein id: At5g39240Nada1	1,114944485	2,165866746	0,005399544
A013102_01	At4g13000 * putative protein; protein id: At4g13000Nada1	1,114510313	2,165215038	0,009672202
A000938_01	At1g26250 * unknown protein; protein id: At1g26250Nada1	1,113612879	2,163868576	0,043530237
A024162_01	At5g52300 * low-temperature-induced 65 kD protein (sp)Q04980); protein id: At5g52300Nada1	1,113370197	2,163504613	0,027373804
A005763_01	At3g55600 * putative protein; protein id: At3g55600Nada1	1,112443982	2,162116082	0,009342671
A008254_01	At2g34810 * FAD-linked oxidoreductase family; protein id: At2g34810Nada1	1,111979842	2,161420604	0,008691736
A013525_01	putative; protein id: At4g09360.1	1,110493833	2,159195437	0,016302615
A018377_01	At5g61510 * quinone oxidoreductase - like protein; protein id: At5g61510Nada1	1,110066501	2,158555969	0,009256381
A021665_01	putative; protein id: At1g18980.1	1,109431397	2,157605938	0,026110179
A000690_01	At1g33700 * hypothetical protein; protein id: At1g33700Nada1	1,107934444	2,155368349	0,006972178
A011788_01	At3g21360 * unknown protein; protein id: At3g21360Nada1	1,107933945	2,155367603	0,018822883
A019893_01	putative; protein id: At1g64780.1	1,106720096	2,15355489	0,008414172
A003861_01	putative; protein id: At1g70300.1	1,105407806	2,151596886	0,005580587
A016833_01	At5g37700 * putative protein; protein id: At5g37700Nada1	1,103695277	2,149044381	0,019946872
A009255_01	At3g22240 * expressed protein; protein id: At3g22240Nada1	1,103084737	2,148135111	0,011539644
A009654_01	At3g13110 * serine acetyltransferase (Sat-1); protein id: At3g13110Nada1	1,101616596	2,145950199	0,028097158
A021309_01	At4g01060 * myb family transcription factor; protein id: At4g01060Nada1	1,100454501	2,144222327	0,005507953
A015888_01	At5g58010 * bHLH protein; protein id: At5g58010Nada1	1,099649238	2,143025828	0,008941852
A025785_01	At5g63680 * pyruvate kinase; protein id: At5g63680Nada1	1,098804829	2,141771883	0,006923121
A010704_01	At3g04350 * expressed protein; protein id: At3g04350Nada1	1,097160291	2,139331853	0,011808808
A016850_01	At5g13580 * ABC transporter family protein; protein id: At5g13580Nada1	1,095406073	2,136732155	0,006408378
A001216_01	At1g74020 * strictosidine synthase family; protein id: At1g74020Nada1	1,095212971	2,136446175	0,006139284
A021618_01	putative (PDF2.3); protein id: At2g02130.1	1,094835052	2,135886599	0,007403397
A017465_01	At5g49600 * putative protein; protein id: At5g49600Nada1	1,092159412	2,131929029	0,010485472
A026019_01	At5g28480.1 * putative protein; protein id: At5g28480Nada1	1,091915125	2,131568066	0,006660788
A015890_01	At5g05760 * syntaxin SYP31; protein id: At5g05760Nada1	1,091807244	2,13140868	0,021784855
A014219_01	putative; protein id: At4g26220.1	1,091660219	2,131191478	0,006289027
A024063_01	At3g03430 * pollen allergen Bra r II; protein id: At3g03430Nada1	1,09122641	2,130550739	0,006128443
A022461_01	At4g11720 * putative protein; protein id: At4g11720Nada1	1,090477043	2,129444372	0,009405143
A014736_01	At4g16480 * membrane transporter like protein; protein id: At4g16480Nada1	1,089781723	2,128418315	0,007041699
A015008_01	At4g24740 * protein kinase (AFC2); protein id: At4g24740Nada1	1,088551256	2,126603772	0,011054303
A021220_01	At5g37780 * calmodulin 1 (CAM1); protein id: At5g37780Nada1	1,088086295	2,125918508	0,005904571
A024048_01	At3g03910 * putative glutamate dehydrogenase; protein id: At3g03910Nada1	1,087883238	2,125619308	0,021355466
A021209_01	not annotated * Chr4 C/16247353-16247396/16247353-16247396	1,084915467	2,121251186	0,006557388
A021925_01	At5g57240 * oxysterol-binding protein-like; protein id: At5g57240Nada1	1,083724456	2,11950072	0,006637713
A013986_01	At4g08570 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At4g08570Nada1	1,081817802	2,116701454	0,014073344
A021308_01	At4g00680 * putative actin-depolymerizing factor; protein id: At4g00680Nada1	1,080995044	2,11549466	0,005433337
A006150_01	At2g43570.1 * glycosyl hydrolase family 19 (chitinase); protein id: At2g43570Nada1	1,079877238	2,1138562	0,010443149
A000575_01	At1g09350 * putative galactinol synthase; protein id: At1g09350Nada1	1,079397832	2,113153886	0,039057417
A025929_01	putative; protein id: At3g49120.1	1,078986814	2,112551943	0,006363458
A008880_01	At3g59300 * putative protein; protein id: At3g59300Nada1	1,078734578	2,112182622	0,006580081
A009807_01	At3g50640 * putative protein; protein id: At3g50640Nada1	1,078459437	2,111779841	0,01102963



Tabla Sup1  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A022071_01	At5g37100 * putative protein; protein id: At5g37100Nada1	1,077600037	2,110522247	0,005904571
A002087_01	At1g70890 * major latex protein (MLP)-related; protein id: At1g70890Nada1	1,077322201	2,110115556	0,019870687
A012437_01	At3g46140 * protein kinase - like; protein id: At3g46140Nada1	1,07576203	2,107835134	0,021910727
A021815_01	putative; protein id: At3g27380.1 *	1,073812513	2,104988736	0,006191191
A011500_01	putative; protein id: At3g09270.1 *	1,073375586	2,104351326	0,007673404
A007455_01	putative; protein id: At2g29460.1 *	1,073259401	2,104181863	0,019739957
A018715_01	At5g10750 * putative protein; protein id: At5g10750Nada1	1,072994781	2,103795948	0,006972178
A022561_01	At4g03630 * putative nodulin; protein id: At4g03630Nada1	1,072019126	2,102373689	0,00583646
A026016_01	putative; protein id: At1g27170.1 *	1,071917841	2,102226097	0,009797271
A020258_01	At5g22630 * chorismate mutase/prephenate dehydratase-like protein; protein id: At5g22630Nada1	1,071791393	2,10204185	0,006198772
A019247_01	At5g06860 * polygalacturonase inhibiting protein (PGIP1); protein id: At5g06860Nada1	1,071438884	2,101528299	0,009119814
A001790_01	At1g64970 * gamma-tocopherol methyltransferase; protein id: At1g64970Nada1	1,071207097	2,10119069	0,043891906
A005436_01	At1g70880 * Csf-2-related; protein id: At1g70880Nada1	1,070784428	2,100575191	0,023824019
A022490_01	At4g39340 * hypothetical protein; protein id: At4g39340Nada1	1,069147186	2,098192706	0,041698956
A011720_01	At3g62830 * dTDP-glucose 4-6-dehydratase homolog D18; protein id: At3g62830Nada1	1,06896948	2,097934273	0,018937367
A021773_01	At3g04330 * putative trypsin inhibitor; protein id: At3g04330Nada1	1,068430145	2,097150132	0,013294326
A024506_01	At2g36390 * starch branching enzyme II; protein id: At2g36390Nada1	1,068178169	2,096783883	0,013902091
A014006_01	At4g02270 * hypothetical protein similar to extensin-like protein; protein id: At4g02270Nada1	1,068158782	2,096755705	0,035986798
A020812_01	At4g32780 * putative protein; protein id: At4g32780Nada1	1,067390976	2,095640104	0,007403397
A007753_01	At2g37240 * expressed protein; protein id: At2g37240Nada1	1,066859789	2,094868651	0,033173648
A008472_01	At2g37040 * phenylalanine ammonia lyase (PAL1); protein id: At2g37040Nada1	1,066794563	2,094773942	0,006289027
A024517_01	At5g47450 * membrane channel protein-like; aquaporin (tonoplast intrinsic protein)-like; protein id: At5g47450Nada1	1,066063932	2,093713343	0,015018845
A007291_01	At2g22470 * arabinogalactan-protein (AGP2); protein id: At2g22470Nada1	1,065763908	2,093277978	0,015162571
A012159_01	At3g09950 * hypothetical protein; protein id: At3g09950Nada1	1,065133893	2,092364057	0,009078999
A013439_01	At4g01950 * unknown protein; protein id: At4g01950Nada1	1,063604854	2,090147642	0,021605025
A001697_01	At1g77450 * GRAB1-like protein; protein id: At1g77450Nada1	1,063428874	2,089892702	0,006764799
A020017_01	At5g09530 * surface protein PspC-related; protein id: At5g09530Nada1	1,063104729	2,089423196	0,00821011
A011834_01	At3g47020 * hypothetical protein; protein id: At3g47020Nada1	1,063012938	2,089290263	0,008414172
A012741_01	At3g10500 * expressed protein; protein id: At3g10500Nada1	1,062440464	2,088461378	0,005904571
A002208_01	putative; protein id: At1g43886.1 *	1,061770809	2,087492203	0,009124329
A012902_01	At4g00550 * similar to digalactosyldiacylglycerol; protein id: At4g00550Nada1	1,061641515	2,087305131	0,030524709
A018154_01	At5g56660 * IAA-amino acid hydrolase (gb AAC04866Nada1); protein id: At5g56660Nada1	1,059504142	2,084215049	0,006313106
A017969_01	At5g54490 * putative protein; protein id: At5g54490Nada1	1,059318702	2,083947167	0,009021051
A011878_01	At3g61680 * putative protein; protein id: At3g61680Nada1	1,058474869	2,082728621	0,005904571
A003098_01	At1g32030 * hypothetical protein; protein id: At1g32030Nada1	1,05801344	2,082062592	0,007191889
A020980_01	At5g40370 * glutaredoxin -like protein; protein id: At5g40370Nada1	1,056034281	2,079208275	0,007165091
A013444_01	At4g02090 * hypothetical protein; protein id: At4g02090Nada1	1,054760112	2,077372758	0,016831984
A020960_01	At5g07470 * peptide methionine sulfoxide reductase (msr); protein id: At5g07470Nada1	1,053520688	2,075588846	0,007243927
A007030_01	At2g46140 * putative desiccation related protein; protein id: At2g46140Nada1	1,052568585	2,074219519	0,011946491
A025907_01	At2g41790 * putative zinc protease; protein id: At2g41790Nada1	1,051307994	2,072407908	0,020441359
A006707_01	At2g24000 * putative serine carboxypeptidase II; protein id: At2g24000Nada1	1,049573836	2,069918315	0,015928596
A006622_01	At2g36710.1 * pectinesterase family; protein id: At2g36710Nada1	1,049306177	2,069534325	0,017704267
A005399_01	putative; protein id: At1g68850.1 *	1,049031539	2,069140397	0,006317959
A018349_01	At5g24030 * putative protein; protein id: At5g24030Nada1	1,048141035	2,067863612	0,049283479
A000084_01	At1g72690 * unknown protein; protein id: At1g72690Nada1	1,047938977	2,067574016	0,008226286
A021834_01	putative; protein id: At2g42060.1 *	1,046695457	2,065792655	0,01057916
A013595_01	At4g17480 * putative protein; protein id: At4g17480Nada1	1,045981384	2,064770427	0,007038761
A009741_01	At3g07400 * hypothetical protein; protein id: At3g07400Nada1	1,045593324	2,064215115	0,007165091
A009831_01	putative; protein id: At3g29590.1 *	1,045440952	2,063997112	0,035901669
A002073_01	At1g47128 * cysteine proteinase RD21A; protein id: At1g47128Nada1	1,043767016	2,061603678	0,011597431
A017188_01	At5g01900 * WRKY family transcription factor; protein id: At5g01900Nada1	1,043241572	2,060852958	0,01765781
A019584_01	At4g05020 * coded for by ANada thaliana cDNA W43435; protein id: At4g05020Nada1	1,040679852	2,057196853	0,01518299
A012034_01	putative; protein id: At3g21510.1 *	1,038613969	2,054253136	0,007816694
A000579_01	putative; protein id: At1g72230.1 *	1,038408227	2,0539602	0,00583646
A010676_01	At3g57450 * putative protein; protein id: At3g57450Nada1	1,037814441	2,053115004	0,007781202

**Tabla Sup1**  
Genes inducidos por -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A025940_01	At5g66690 * UTP-glucose glucosyltransferase; protein id: At5g66690Nada1	1,032757446	2,045930938	0,006105244
A016473_01	At5g01200 * myb family transcription factor; protein id: At5g01200Nada1	1,031131222	2,043626038	0,010383245
A015018_01	At4g10390 * putative protein kinase; protein id: At4g10390Nada1	1,029877301	2,041850588	0,006923121
A019435_01	putative; protein id: At5g67400.1 and putative protein; protein id: At5g67410.1 *	1,028950462	2,040539251	0,006580081
A006568_01	At2g27180 * expressed protein; protein id: At2g27180Nada1	1,02885099	2,040398564	0,010060462
A013657_01	At4g12080 * putative DNA-binding protein; protein id: At4g12080Nada1	1,028592759	2,040033381	0,007009201
A015001_01	At4g04840 * putative protein; protein id: At4g04840Nada1	1,027454716	2,038424773	0,037420024
A012826_01	At3g52990 * pyruvate kinase - like protein; protein id: At3g52990Nada1	1,026600304	2,037217908	0,015640662
A021452_01	putative; protein id: At5g58780.1 *	1,024124834	2,033725313	0,008560686
A013774_01	At4g34200 * Phosphoglycerate dehydrogenase - like protein; protein id: At4g34200Nada1	1,023341719	2,032621679	0,006494082
A021850_01	At1g69410 * putative; protein id: At1g69410.1 *	1,022078292	2,030842408	0,006128443
A012467_01	At3g21230 * putative 4-coumarate:CoA ligase 2; protein id: At3g21230Nada1	1,022011569	2,030748486	0,011670658
A005991_01	At5g44120 * legumin-like protein; protein id: At5g44120Nada1	1,021944063	2,030653466	0,014039997
A024102_01	At1g17170 * putative; protein id: At1g17170.1 *	1,019913265	2,027797045	0,040439046
A009795_01	At3g18880 * putative; protein id: At3g18880.1 *	1,019773467	2,027600559	0,006344333
A011565_01	At3g04420 * expressed protein; protein id: At3g04420Nada1	1,019273731	2,02689834	0,006788246
A006203_01	At2g36290 * expressed protein; protein id: At2g36290Nada1	1,019259323	2,026878098	0,008138884
A007798_01	At2g47180 * putative galactinol synthase; protein id: At2g47180Nada1	1,018892027	2,02636214	0,025214631
A012812_01	At3g47950 * H+-transporting ATPase - like protein; protein id: At3g47950Nada1	1,018087692	2,025232712	0,010384424
A005355_01	At4g38930 * putative ubiquitin-dependent proteolytic protein; protein id: At4g38930Nada1	1,01423666	2,019833902	0,013245567
A024437_01	At5g15070 * putative protein; protein id: At5g15070Nada1	1,014194516	2,0197749	0,006317959
A006975_01	At2g46680 * homeodomain transcription factor (ATHB-7); protein id: At2g46680Nada1	1,014011497	2,019518689	0,042392885
A002327_01	At1g48320 * hypothetical protein; protein id: At1g48320Nada1	1,010202647	2,014194002	0,016873505
A007969_01	At2g39270 * similar to putative adenylate kinase; protein id: At2g39270Nada1	1,008778422	2,012206576	0,010946742
A013041_01	At4g22235 * unknown protein; protein id: At4g22235Nada1	1,007259315	2,010088909	0,012954123
A003567_01	At1g64660 * putative; protein id: At1g64660.1 *	1,007200789	2,010007367	0,009461123
A025961_01	At4g34180 * putative protein; protein id: At4g34180Nada1	1,007092579	2,009856611	0,038003678
A025741_01	At1g73280 * putative serine carboxypeptidase; protein id: At1g73280Nada1	1,006626613	2,009207567	0,006388953
A024552_01	At2g30210 * putative; protein id: At2g30210.1 *	1,004851983	2,006737601	0,01081718
A003528_01	At1g76520 * expressed protein; protein id: At1g76520Nada1	1,004649777	2,006456358	0,006649168
A012281_01	At3g22540 * hypothetical protein; protein id: At3g22540Nada1	1,001809586	2,002510192	0,012893749
A019574_01	At4g23980 * auxin response transcription factor (ARF9); protein id: At4g23980Nada1	1,001480694	2,002053732	0,006289027
A020413_01	At3g08510 * phosphoinositide specific phospholipase C (AtPLC2); protein id: At3g08510Nada1	1,000005014	2,00000695	0,030797609

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A008304_01	At2g41240 * bHLH protein; protein id: At2g41240Nada1	-2,425534615	0,186140693	0,008728794
A003070_01	At1g73600 * putative; protein id: At1g73600.1	-2,011627115	0,247993272	0,100408257
A009127_01	At3g12930 * expressed protein; protein id: At3g12930Nada1	-2,008793534	0,248480831	0,004438128
A002045_01	<b>At1g74670 * GAST1-like protein; protein id: At1g74670Nada1</b>	-2,002813777	0,249512885	0,007818385
A018297_01	At5g47190 * putative protein; protein id: At5g47190Nada1	-1,914676476	0,265231407	0,006580081
A021253_01	At5g15200 * 40S ribosomal protein - like; protein id: At5g15200Nada1	-1,794593513	0,288252792	0,006289027
A012747_01	At3g15450 * expressed protein; protein id: At3g15450Nada1	-1,712765879	0,305074631	0,02908174
A022479_01	At4g12460 * putative SWH1 protein; protein id: At4g12460Nada1	-1,709352009	0,305797389	0,004438128
A009135_01	At3g59930 * putative protein; protein id: At3g59930Nada1	-1,706937101	0,306309687	0,041293871
A009498_01	At3g43600 * aldehyde oxidase; protein id: At3g43600Nada1	-1,689451163	0,310044851	0,004438128
A018256_01	At5g12860 * 2-oxoglutarate/malate translocator precursor -like protein; protein id: At5g12860Nada1	-1,676384504	0,312865719	0,006660788
A024599_01	At2g25080 * putative; protein id: At2g25080.1	-1,665636975	0,315205153	0,016587604
A013699_01	At4g17560 * putative protein; protein id: At4g17560Nada1	-1,64927527	0,318800264	0,004584328
A017207_01	At5g55220 * trigger factor-like protein; protein id: At5g55220Nada1	-1,648000611	0,319082057	0,004438128
A007949_01	At2g24090 * putative chloroplast ribosomal protein L35; protein id: At2g24090Nada1	-1,646067659	0,319509856	0,005014445
A004597_01	At1g23390 * Kelch repeat containing F-box protein family; protein id: At1g23390Nada1	-1,625384472	0,3241235	0,009856263
A003800_01	At1g07320 * expressed protein; protein id: At1g07320Nada1	-1,614620077	0,32655093	0,005290691
A021081_01	At3g53460 * chloroplast precursor (RNA-binding protein cp29); protein id: At3g53460.1	-1,609055208	0,327812959	0,006139284
A014688_01	At4g37610 * putative protein; protein id: At4g37610Nada1	-1,603221296	0,329141239	0,013190766
A000586_01	At1g49860 * putative; protein id: At1g49860.1	-1,601027997	0,329642007	0,006162193
A016369_01	At5g49450 * bZIP family transcription factor; protein id: At5g49450Nada1	-1,600980731	0,329652807	0,011539644
A015524_01	At5g08280 * hydroxymethylbilane synthase; protein id: At5g08280Nada1	-1,600594841	0,329740993	0,006152523
A016148_01	<b>At5g49360 * xylosidase glycosyl hydrolase family 3; protein id: At5g49360Nada1</b>	-1,587563037	0,332733023	0,008226286
A012788_01	At3g52380 * chloroplast RNA-binding protein cp33; protein id: At3g52380Nada1	-1,576207166	0,335362396	0,005399544
A008617_01	At2g43620 * glycosyl hydrolase family 19 (chitinase); protein id: At2g43620Nada1	-1,573099412	0,336085589	0,009342671
A001146_01	At1g48920 * putative; protein id: At1g48920.1	-1,565824242	0,33778467	0,00587743
A017130_01	At5g66570 * photosystem II oxygen-evolving complex 33 (OEC33); protein id: At5g66570Nada1	-1,555487312	0,340213593	0,011458898
A020659_01	At3g03630 * O-acetylserine (thiol) lyase; protein id: At3g03630Nada1	-1,547174679	0,34217952	0,007781202
A018019_01	At5g14740 * CARBONIC ANHYDRASE 2; protein id: At5g14740Nada1	-1,546212184	0,342407882	0,008226286
A016047_01	At5g58250 * similar to unknown protein (sp P72777); protein id: At5g58250Nada1	-1,539579561	0,343985686	0,004988211
A021078_01	At5g01530 * chlorophyll a/b-binding protein CP29	-1,530107852	0,346251481	0,018030231
A021344_01	At5g07090 * 40S ribosomal protein S4; protein id: At5g07090Nada1	-1,522727813	0,348027253	0,004438128
A008445_01	At2g43030 * 50S ribosomal protein L3; protein id: At2g43030Nada1	-1,511209738	0,350816926	0,009078999
A012115_01	At3g18680 * putative; protein id: At3g18680.1	-1,51011202	0,351083958	0,00730889
A015433_01	At4g36670 * sugar transporter like protein; protein id: At4g36670Nada1	-1,504370617	0,352483928	0,010485472
A011002_01	At3g26710 * expressed protein; protein id: At3g26710Nada1	-1,498758507	0,353857767	0,004438128
A008651_01	At2g40490 * putative uroporphyrinogen decarboxylase; protein id: At2g40490Nada1	-1,490971495	0,355772895	0,005333077
A012754_01	At3g13750 * glycosyl hydrolase family 35 (beta-galactosidase); protein id: At3g13750Nada1	-1,484359824	0,357407094	0,00983415
A018069_01	At5g65220 * 50S ribosomal protein L29; protein id: At5g65220Nada1	-1,478806129	0,358785595	0,005396059
A011533_01	At3g06980 * putative; protein id: At3g06980.1	-1,474082255	0,359962306	0,005399544
A025973_01	At3g23810 * putative; protein id: At3g23810.1	-1,473377467	0,360138198	0,015763535
A023457_01	At2g19720 * 40S ribosomal protein S15A; protein id: At2g19720Nada1	-1,47174774	0,360545255	0,015515372
A024545_01	At5g02260 * putative; protein id: At5g02260.1	-1,46887516	0,361263859	0,030669943
A020835_01	At1g29070 * putative; protein id: At1g29070.1	-1,458769102	0,363803392	0,005114494
A005783_01	At1g02280 * putative GTP-binding protein; protein id: At1g02280Nada1	-1,456343741	0,364415508	0,005396059
A007714_01	At2g44920.2 * thylakoid lumen pentapeptide repeat family protein; protein id: At2g44920Nada2	-1,452888085	0,36528943	0,005396059
A011396_01	At3g08740 * putative elongation factor P (EF-P); protein id: At3g08740Nada1	-1,444028241	0,367539639	0,006788246

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A025883_01	At4g20890 * tubulin beta-9 chain; protein id: At4g20890Nada1	-1,43572374	0,369661387	0,027746245
A019033_01	At5g16030 * putative protein with poly glutamic acid stretch; protein id: At5g16030Nada1	-1,430844326	0,370913755	0,007388459
A012203_01	At3g14930 * putative; protein id: At3g14930.1	-1,426019253	0,372156347	0,006580081
A009393_01	At3g14900 * hypothetical protein; protein id: At3g14900Nada1	-1,422419903	0,373085992	0,006660788
A006049_01	At2g10940 * expressed protein; protein id: At2g10940Nada1	-1,419533877	0,373833075	0,011095635
A015866_01	At5g22920 * PGPD14 protein; protein id: At5g22920Nada1	-1,414634332	0,37510481	0,01119489
A007260_01	At2g23600 * putative acetone-cyanohydrin lyase; protein id: At2g23600Nada1	-1,41411409	0,375240099	0,005290691
A020863_01	At2g39730 * auxin-regulated protein; protein id: At2g39730Nada1	-1,412069922	0,375772157	0,011855982
A015260_01	At4g16370 * isp4 like protein; protein id: At4g16370Nada1	-1,407608101	0,376936106	0,005290691
A018662_01	At5g35540 * putative protein; protein id: At5g35540Nada1	-1,405566395	0,377469924	0,008355816
A008605_01	At2g22990 * putative serine carboxypeptidase I; protein id: At2g22990Nada1	-1,405278463	0,377545267	0,036719765
A024670_01	At2g37220 * putative; protein id: At2g37220.1	-1,402858213	0,378179165	0,008226286
A009495_01	At3g21640 * putative; protein id: At3g21640.1	-1,401746677	0,378470648	0,006972178
A025642_01	At1g48630 * putative; protein id: At1g48630.1	-1,401686845	0,378486344	0,018822883
A003125_01	At1g53520 * putative; protein id: At1g53520.1	-1,392667752	0,380859886	0,004438128
A019330_01	At5g14910 * putative protein; protein id: At5g14910Nada1	-1,388984871	0,381833379	0,006289027
A003512_01	At1g12800 * putative; protein id: At1g12800.1	-1,382396711	0,383581033	0,005956825
A001141_01	At1g06950 * putative; protein id: At1g06950.1	-1,381977027	0,383692634	0,005904571
A017558_01	At5g44650 * expressed protein; protein id: At5g44650Nada1	-1,377846044	0,384792866	0,004578197
A025177_01	At3g13470 * putative; protein id: At3g13470.1	-1,375810108	0,38533627	0,007781202
A016046_01	At5g45680 * FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; protein id: At5g45680Nada1	-1,373409226	0,385978067	0,005396059
A020197_01	At4g01310 * putative L5 ribosomal protein; protein id: At4g01310Nada1	-1,37304046	0,386076739	0,005674481
A002741_01	At1g72610 * germin-like protein; protein id: At1g72610Nada1	-1,370428913	0,386776243	0,006317959
A015108_01	At4g02530 * chloroplast thylakoid lumen protein; protein id: At4g02530Nada1	-1,365903386	0,387991409	0,005014445
A009777_01	At3g18290 * putative; protein id: At3g18290.1	-1,361724112	0,389116992	0,012227687
A025680_01	At1g74960 * putative; protein id: At1g74960.1	-1,361703553	0,389122538	0,009327745
A009718_01	At3g24830 * putative; protein id: At3g24830.1	-1,357821504	0,39017101	0,00854195
A013832_01	At4g29060 * unknown protein; protein id: At4g29060	-1,35464861	0,391030051	0,010946742
A016303_01	At5g29771 * ribosomal protein S1; protein id: At5g29771Nada1	-1,353410279	0,391365834	0,006861051
A001212_01	At1g56220 * expressed protein; protein id: At1g56220Nada1	-1,351620262	0,391851721	0,009587528
A014766_01	At4g22470 * extensin - like protein; protein id: At4g22470Nada1	-1,349906899	0,392317365	0,026918197
A009797_01	At3g48500 * hypothetical protein; protein id: At3g48500Nada1	-1,349298023	0,392482974	0,006403291
A025957_01	At3g57290 * translation initiation factor 3 -like protein; protein id: At3g57290Nada1	-1,343949855	0,393940635	0,005396059
A025936_01	At1g12920 * putative; protein id: At1g12920.1	-1,340088672	0,394996378	0,012864597
A001311_01	At1g75350 * putative; protein id: At1g75350.1	-1,33949706	0,395158389	0,021074375
A008268_01	At2g46200.1 * hypothetical protein; protein id: At2g46200Nada1	-1,337599981	0,395678346	0,08831447
A020697_01	At1g78630 * putative; protein id: At1g78630.1	-1,332394046	0,397108722	0,008036049
A020399_01	At3g01480 * thylakoid lumen rotamase; protein id: At3g01480Nada1	-1,331527419	0,397347337	0,006788246
A001207_01	At1g20020 * putative; protein id: At1g20020.1	-1,329929639	0,397787642	0,007474727
A013835_01	At4g26370 * putative protein; protein id: At4g26370Nada1	-1,324230516	0,399362142	0,009124329
A019291_01	At5g46580 * putative protein; protein id: At5g46580Nada1	-1,323987183	0,399429507	0,009672202
A023144_01	At5g15870 * glycosyl hydrolase family 81; protein id: At5g15870Nada1	-1,32338351	0,399596677	0,284626591
A003373_01	At1g76010 * expressed protein; protein id: At1g76010Nada1	-1,319307797	0,400727161	0,019451175
A003029_01	At1g62780 * unknown protein; protein id: At1g62780Nada1	-1,31510998	0,401894857	0,004801866
A010758_01	At3g27160 * expressed protein; protein id: At3g27160Nada1	-1,31491221	0,401949954	0,008414172
A020030_01	At4g02330 * hypothetical protein; protein id: At4g02330Nada1	-1,314873468	0,401960748	0,005333077
A012752_01	<b>At3g54090 * fructokinase - like protein; protein id: At3g54090Nada1</b>	-1,31008043	0,403298395	0,009876646

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A017942_01	At5g22580 * expressed protein; protein id: At5g22580Nada1	-1,307582662	0,403997239	0,029541088
A015075_01	At4g01050 * expressed protein; protein id: At4g01050Nada1	-1,307403555	0,404047397	0,009886878
A025771_01	At3g48730 * glutamate-1-semialdehyde aminotransferase; protein id: At3g48730Nada1	-1,304597428	0,404834058	0,006289027
A006051_01	At2g18020 * 60S ribosomal protein L2; protein id: At2g18020Nada1	-1,303995913	0,405002884	0,005290691
A011790_01	At3g27060 * putative; protein id: At3g27060.1	-1,303373521	0,405177644	0,019740702
A000462_01	At1g04420 * hypothetical protein; protein id: At1g04420Nada1	-1,297884304	0,406722215	0,006660788
A018891_01	At5g20630 * germin-like protein; protein id: At5g20630Nada1	-1,292162092	0,408338615	0,006139284
A002060_01	At1g50900 * expressed protein; protein id: At1g50900Nada1	-1,282821571	0,410990921	0,00564607
A020621_01	At4g09650 * H+-transporting ATP synthase-like protein; protein id: At4g09650Nada1	-1,282424823	0,411103961	0,021721686
A008017_01	At2g33800 * 30S ribosomal protein S5; protein id: At2g33800Nada1	-1,280695453	0,41159705	0,005396059
A004630_01	At1g32990 * putative; protein id: At1g32990.1	-1,279109774	0,412049689	0,008464128
A008909_01	At3g26900 * putative shikimate kinase; protein id: At3g26900Nada1	-1,277951643	0,412380596	0,019381942
A020001_01	<b>At1g55490 * Rubisco subunit binding-protein beta subunit; protein id: At1g55490Nada1</b>	-1,277390242	0,412541099	0,008214802
A025911_01	At4g23560 * glycosyl hydrolase family 9; protein id: At4g23560Nada1	-1,27498143	0,413230478	0,010409783
A024804_01	At2g29550 * tubulin beta-7 chain; protein id: At2g29550Nada1	-1,273341958	0,413700338	0,012657588
A001387_01	At1g01300 * putative; protein id: At1g01300.1	-1,272392312	0,413972744	0,01107653
A020516_01	At5g20720 * chloroplast Cpn21 protein; protein id: At5g20720Nada1	-1,27131427	0,414282197	0,013730986
A019324_01	At5g23310 * iron superoxide dismutase (FSD3); protein id: At5g23310Nada1	-1,271288876	0,414289489	0,005399544
A021289_01	At4g13170 * ribosomal protein L13a like protein; protein id: At4g13170Nada1	-1,268683653	0,41503829	0,005396059
A001369_01	At1g10522 * Expressed protein; protein id: At1g10522Nada1	-1,264231796	0,41632099	0,01341248
A012995_01	At4g37510 * putative protein; protein id: At4g37510Nada1	-1,264017259	0,416382904	0,006580081
A010393_01	At3g54400 * nucleoid DNA-binding - like protein; protein id: At3g54400Nada1	-1,26189001	0,416997312	0,00816787
A008030_01	At2g35500 * expressed protein; protein id: At2g35500Nada1	-1,261374042	0,417146475	0,005333077
A000945_01	At1g56050 * putative; protein id: At1g56050.1	-1,259253124	0,417760176	0,007344017
A019512_01	At4g32340 * putative protein; protein id: At4g32340Nada1	-1,258694752	0,417921895	0,009124329
A015095_01	At4g23820 * putative; protein id: At4g23820.1	-1,255929586	0,41872368	0,006198772
A020550_01	At3g07110 * putative 60S ribosomal protein L13A; protein id: At3g07110Nada1	-1,255533859	0,41883855	0,010527873
A021116_01	At5g20890 * beta subunit; protein id: At5g20890.1	-1,251140123	0,42011607	0,007165091
A017654_01	At5g45820 * serine threonine protein kinase; protein id: At5g45820Nada1	-1,251119473	0,420122084	0,005802763
A005439_01	At3g51870 * putative carrier protein; protein id: At3g51870Nada1	-1,249991629	0,420450647	0,008560686
A004276_01	At1g03660 * unknown; protein id: At1g03660Nada1	-1,249934849	0,420467195	0,042669958
A018840_01	At5g40950 * 50S ribosomal protein L27; protein id: At5g40950Nada1	-1,249167365	0,420690934	0,006368298
A017657_01	At5g45930 * magnesium chelatase subunit of protochlorophyllide reductase	-1,247618377	0,421142863	0,005415762
A016419_01	At5g46110 * putative phosphate/triose-phosphate translocator precursor protein	-1,246134039	0,421576385	0,013498008
A006400_01	At2g32650 * expressed protein; protein id: At2g32650Nada1	-1,245433614	0,421781109	0,007471891
A022707_01	At3g18470 * hypothetical protein; protein id: At3g18470Nada1	-1,245140477	0,421866818	0,006771583
A017933_01	At5g66470 * GTP-binding protein-like; protein id: At5g66470Nada1	-1,240629153	0,423188065	0,006660788
A000988_01	At1g15980 * expressed protein; protein id: At1g15980Nada1	-1,235354304	0,424738177	0,017560766
A006034_01	At2g43560 * FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; protein id: At2g43560Nada1	-1,233417813	0,425308675	0,014073344
A014728_01	At4g16390 * salt-inducible protein homolog; protein id: At4g16390Nada1	-1,229129991	0,426574612	0,019320449
A011784_01	At3g04790 * putative ribose 5-phosphate isomerase; protein id: At3g04790Nada1	-1,227610924	0,427024004	0,038475899
A013775_01	At4g02790 * hypothetical protein; protein id: At4g02790Nada1	-1,227599419	0,42702741	0,007673404
A001289_01	At1g35680 * 50S ribosomal protein L21 chloroplast precursor (CL21); protein id: At1g35680Nada1	-1,226639701	0,427311574	0,006128443
A018046_01	At5g08650 * putative; protein id: At5g08650.1	-1,225692871	0,427592107	0,005333077
A011121_01	At3g48500 * hypothetical protein; protein id: At3g48500Nada1	-1,222775378	0,428457681	0,007267844
A020324_01	At5g53490 * chloroplast precursor; protein id: At5g53490.1	-1,218656517	0,429682666	0,006277704
A025978_01	At1g12900 * calreticulin; protein id: At1g12900.1	-1,217663132	0,429978631	0,005802138



Tabla Sup2  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A003769_01	At1g31660 * putative; protein id: At1g31660.1	-1,215054866	0,430756698	0,006829176
A012328_01	At3g15850 * putative delta 9 desaturase; protein id: At3g15850Nada1	-1,214963992	0,430783832	0,006191191
A003612_01	At1g32500 * expressed protein; protein id: At1g32500Nada1	-1,214938139	0,430791551	0,005290691
A018520_01	At5g06290 * 2-cys peroxiredoxin-like protein; protein id: At5g06290Nada1	-1,213940468	0,431089561	0,007283937
A025879_01	At5g56680 * SYNC1 protein (gb AAD46681Nada1); protein id: At5g56680Nada1	-1,212788277	0,431433983	0,02098027
A000006_01	At1g09640 * putative (eEF-1B gamma); protein id: At1g09640.1	-1,212177065	0,431616803	0,01590035
A020981_01	At5g20160 * ribosomal protein L7Ae-like; protein id: At5g20160Nada1	-1,209633631	0,432378403	0,075342805
A011634_01	At3g54210 * ribosomal protein L17 -like protein; protein id: At3g54210Nada1	-1,208993615	0,43257026	0,006139284
A020188_01	At4g24770 * RNA-binding protein RNP-T precursor	-1,207535557	0,433007657	0,005396059
A013018_01	At4g27600 * carbohydrate kinase - like protein; protein id: At4g27600Nada1	-1,205782789	0,433534049	0,005399544
A020620_01	At4g02920 * expressed protein; protein id: At4g02920Nada1	-1,203540472	0,434208396	0,01173297
A025894_01	At3g29360 * putative; protein id: At3g29360.1	-1,201135614	0,434932791	0,029163847
A014787_01	<b>At4g33720 * expressed protein 19.3K; protein id: At4g33720.1</b>	-1,198413608	0,435754175	0,101190662
A020731_01	At2g40000 * putative nematode-resistance protein; protein id: At2g40000Nada1	-1,197529243	0,436021372	0,012195818
A002722_01	At1g66230 * myb family transcription factor(MYB20); protein id: At1g66230Nada1	-1,197503056	0,436029286	0,006660788
A014136_01	At4g24750 * putative protein; protein id: At4g24750Nada1	-1,194153045	0,437042945	0,00997962
A021138_01	At5g35480 * unknown protein; protein id: At5g35480Nada1	-1,194151955	0,437043275	0,008428992
A024336_01	At3g48360 * putative protein; protein id: At3g48360Nada1	-1,192629125	0,437504838	0,046919627
A014752_01	At4g38710 * putative protein; protein id: At4g38710Nada1	-1,191882381	0,43773135	0,013245567
A001673_01	At1g56430 * putative; protein id: At1g56430.1	-1,191199878	0,437938479	0,006722475
A007290_01	At2g01250 * putative ribosomal protein L7; protein id: At2g01250Nada1	-1,190885597	0,438033891	0,008184592
A014630_01	At4g18970 * Expressed protein; protein id: At4g18970Nada1	-1,189439571	0,438473157	0,010097894
A019683_01	At5g52960 * putative protein; protein id: At5g52960Nada1	-1,187633677	0,439022359	0,015859963
A018784_01	At5g51520 * ripening-related protein-like; protein id: At5g51520Nada1	-1,183839581	0,440178449	0,071098614
A013522_01	At4g09040 * RRM-containing protein; protein id: At4g09040Nada1	-1,182758424	0,440508443	0,008414172
A023168_01	At4g01350 * putative; protein id: At4g01350.1	-1,182112371	0,440705751	0,310270115
A006095_01	At2g35040 * putative phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase; protein id: At2g35040Nada1	-1,180115866	0,441316054	0,010409783
A010739_01	At3g01500 * chloroplast precursor; protein id: At3g01500.1	-1,179751523	0,441427519	0,108661124
A012353_01	At3g21530 * unknown protein; protein id: At3g21530Nada1	-1,177918161	0,441988837	0,006289027
A024657_01	At2g17360 * putative ribosomal protein S4; protein id: At2g17360Nada1	-1,175475081	0,442737941	0,007781202
A012028_01	At3g16370 * putative APG protein; protein id: At3g16370Nada1	-1,174030881	0,443181363	0,007044795
A013765_01	At4g35250 * putative protein; protein id: At4g35250Nada1	-1,17344989	0,443359874	0,007072685
A017925_01	At5g53450 * putative protein; protein id: At5g53450Nada1	-1,170212669	0,444355833	0,021797886
A017497_01	At5g59500 * putative protein; protein id: At5g59500Nada1	-1,168527577	0,444875151	0,019124592
A021912_01	At3g19850 * hypothetical protein; protein id: At3g19850Nada1	-1,168251207	0,444960382	0,012882374
A003660_01	At1g07770 * ribosomal protein S15; protein id: At1g07770Nada1	-1,168046531	0,445023513	0,039861821
A013119_01	At4g31700 * ribosomal protein S6 - like; protein id: At4g31700Nada1	-1,167867307	0,445078801	0,012001295
A005571_01	At1g75690 * unknown protein; protein id: At1g75690Nada1	-1,16760201	0,445160654	0,011565892
A015929_01	At5g26360 * chaperonin gamma chain - like protein; protein id: At5g26360Nada1	-1,164925675	0,445987236	0,008910213
A011978_01	At3g63190 * putative protein; protein id: At3g63190Nada1	-1,161947262	0,446908918	0,014228162
A005726_01	At3g62030 * peptidylprolyl isomerase ROC4; protein id: At3g62030Nada1	-1,161639224	0,44700435	0,023760582
A016198_01	At5g19780 * tubulin alpha-5 chain; protein id: At5g19780Nada1	-1,160181234	0,447456322	0,007165091
A015435_01	At4g32915 * Expressed protein; protein id: At4g32915Nada1	-1,159335486	0,44771871	0,006128443
A008551_01	At2g11090 * hypothetical protein; protein id: At2g11090Nada1	-1,15905866	0,447804627	0,365481503
A024962_01	At4g12320 * cytochrome p450 family; protein id: At4g12320Nada1	-1,157628908	0,448248634	0,016831984
A009514_01	At3g13460 * unknown protein; protein id: At3g13460Nada1	-1,157165505	0,448392638	0,019958145
A009525_01	At3g53420 * plasma membrane intrinsic protein 2a; protein id: At3g53420Nada1	-1,156355662	0,448644409	0,080390498

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A019209_01	At5g51110 * unknown protein	-1,156164235	0,448703942	0,005396059
A010051_01	At3g62110 * putative; protein id: At3g62110.1	-1,155166415	0,44901439	0,017431562
A022225_01	At3g50280 * anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein; protein id: At3g50280Nada1	-1,154578455	0,449197419	0,009617473
A005746_01	At3g49010 * BBC1 protein; protein id: At3g49010.2	-1,154336031	0,449272907	0,006289027
A013977_01	At4g27520 * putative protein; protein id: At4g27520Nada1	-1,153202992	0,449625888	0,035753989
A018056_01	At5g05250 * expressed protein; protein id: At5g05250Nada1	-1,152732871	0,449772428	0,005396059
A019481_01	At3g51140 * putative protein; protein id: At3g51140Nada1	-1,15270912	0,449779833	0,006508497
A006988_01	At2g47940 * DegP2 protease; protein id: At2g47940Nada1	-1,15159803	0,450126363	0,010060462
A007219_01	At2g04030 * putative heat shock protein; protein id: At2g04030Nada1	-1,15030342	0,450530468	0,006289027
A025828_01	At1g66970 * unknown protein; protein id: At1g66970Nada1	-1,14989987	0,450656508	0,008184592
A005366_01	At5g20250 * glycosyl hydrolase family 36; protein id: At5g20250Nada1	-1,149656715	0,450732469	0,01912706
A012527_01	At3g60370 * FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; protein id: At3g60370Nada1	-1,149586686	0,450754348	0,006883607
A001090_01	At1g71720 * putative; protein id: At1g71720.1	-1,149476234	0,450788859	0,006813547
A023279_01	At4g04750 * putative sugar transporter; protein id: At4g04750Nada1	-1,147131804	0,451522002	0,010527873
A017015_01	At5g17870 * plastid-specific ribosomal protein 6 precursor (Psrp-6) - like	-1,146265106	0,451793335	0,007928946
A015908_01	At5g63780 * putative protein; protein id: At5g63780Nada1	-1,145932751	0,451897427	0,009677103
A020997_01	At1g67700 * auxin-regulated protein; protein id: At1g67700Nada2	-1,144896258	0,452222206	0,021725729
A023150_01	At5g16190 * putative protein; protein id: At5g16190Nada1	-1,142315738	0,453031811	0,192936911
A020653_01	At4g25340 * putative protein; protein id: At4g25340Nada1	-1,142053702	0,453114102	0,006162193
A016750_01	At5g11450 * oxygen-evolving complex related protein; protein id: At5g11450Nada1	-1,14200059	0,453130784	0,084267692
A019565_01	At4g12550 * putative cell wall-plasma membrane disconnecting CLCT protein (AIR1A); protein id: At4g12550Nada1	-1,141775449	0,453201503	0,018856455
A019626_01	At3g51820 * chlorophyll synthetase; protein id: At3g51820Nada1	-1,140183227	0,453701952	0,008184592
A024501_01	At4g32060 * putative protein; protein id: At4g32060Nada1	-1,139486358	0,453921158	0,006198772
A006254_01	At2g20890 * expressed protein; protein id: At2g20890Nada1	-1,13889087	0,454108558	0,006883607
A025935_01	At5g10540 * oligopeptidase A - like protein; protein id: At5g10540Nada1	-1,137463127	0,454558182	0,017582768
A007357_01	At2g37190 * 60S ribosomal protein L12; protein id: At2g37190Nada1	-1,135275674	0,455247919	0,006771583
A018028_01	At5g39740 * ribosomal protein L5 - like; protein id: At5g39740Nada1	-1,134829176	0,455388834	0,007403397
A022591_01	At4g09100 * putative protein; protein id: At4g09100Nada1	-1,134244613	0,45557339	0,006198772
A018316_01	At5g41250 * putative protein; protein id: At5g41250Nada1	-1,134103502	0,455617952	0,406196762
A020501_01	At5g61440 * thioredoxin-like 3; protein id: At5g61440Nada1	-1,132109028	0,456248263	0,034476424
A016301_01	At5g27470 * seryl-tRNA synthetase; protein id: At5g27470Nada1	-1,127779538	0,457619509	0,011150971
A010155_01	At3g59490 * putative protein; protein id: At3g59490Nada1	-1,12667009	0,457971559	0,346393762
A020346_01	At5g54600 * chloroplast precursor; protein id: At5g54600.1	-1,122672606	0,459242286	0,007781202
A018767_01	At5g48930 * anthranilate N-benzoyltransferase; protein id: At5g48930Nada1	-1,122308608	0,45935817	0,023896529
A012834_01	At3g53580 * diaminopimelate epimerase - like protein; protein id: At3g53580Nada1	-1,122258566	0,459374103	0,007038761
A015942_01	At5g48220 * indole-3-glycerol phosphate synthase; protein id: At5g48220Nada1	-1,121106667	0,45974103	0,012802718
A023712_01	At1g18070 * putative; protein id: At1g18070.1	-1,11995075	0,460109532	0,005904571
A003544_01	At1g16720 * unknown protein; protein id: At1g16720Nada1	-1,117847273	0,46078087	0,013730986
A025890_01	At1g64190 * putative; protein id: At1g64190.1	-1,117746921	0,460812922	0,008882538
A020763_01	At1g10960 * ferredoxin precursor isolog; protein id: At1g10960Nada1	-1,115121757	0,461652192	0,027355285
A006379_01	At2g02740 * hypothetical protein; protein id: At2g02740Nada1	-1,113254237	0,462250172	0,009895592
A007508_01	At2g23670 * expressed protein; protein id: At2g23670Nada1	-1,112851147	0,462379344	0,006191191
A024643_01	At3g15356 * similar to putative lectin; protein id: At3g15356Nada1	-1,11193251	0,462673858	0,027337948
A011820_01	At3g56360 * putative protein; protein id: At3g56360Nada1	-1,109135954	0,463571586	0,032674674
A020838_01	At3g25480 * rhodanese-like domain protein; protein id: At3g25480Nada1	-1,108018522	0,463930782	0,014073344
A010960_01	At3g59040 * putative protein; protein id: At3g59040Nada1	-1,105425705	0,46476531	0,008414172
A010369_01	At3g44890 * RP19 gene for chloroplast ribosomal protein CL9; protein id: At3g44890Nada1	-1,102116748	0,465832516	0,012864597



**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A007148_01	At2g42750 * expressed protein; protein id: At2g42750Nada1	-1,101515219	0,466026785	0,161382861
A007373_01	At2g44650 * chloroplast chaperonin 10; protein id: At2g44650Nada1	-1,10151205	0,466027808	0,007167534
A011472_01	At3g10060 * putative; protein id: At3g10060.1	-1,097119987	0,46744872	0,011937313
A002779_01	At1g69740 * putative aminolevulinatase; protein id: At1g69740Nada1	-1,094368851	0,468340968	0,007505458
A001760_01	At1g52930 * expressed protein; protein id: At1g52930Nada1	-1,093530581	0,468613174	0,009256381
A017809_01	At5g55280 * putative cell division protein FtsZ chloroplastomolog precursor; protein id: At5g55280	-1,092324402	0,469005127	0,013498008
A004236_01	At1g71500 * expressed protein; protein id: At1g71500Nada1	-1,091686731	0,469212473	0,005650171
A003088_01	At1g58230 * hypothetical protein; protein id: At1g58230Nada1	-1,090060799	0,469741578	0,020976614
A019821_01	At2g33210 * mitochondrial chaperonin (HSP60); protein id: At2g33210Nada1	-1,089524697	0,469916165	0,018851054
A001153_01	At1g80380 * auxin-regulated protein; protein id: At1g80380Nada2	-1,089493114	0,469926453	0,007691704
A015187_01	At4g14870 * expressed protein; protein id: At4g14870Nada1	-1,089147958	0,470038893	0,007673404
A022226_01	At3g50300 * anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase - like protein; protein id: At3g50300Nada1	-1,084275304	0,471629118	0,007442418
A021037_01	At4g12420 * pectinesterase (pectin methylesterase) family; protein id: At4g12420Nada1	-1,080926431	0,472725164	0,00583646
A012787_01	At3g26570 * putative; protein id: At3g26570.1	-1,080657837	0,472813182	0,013245567
A021551_01	At1g04470 * unknown protein; protein id: At1g04470Nada1	-1,079464136	0,473204554	0,007474727
A020349_01	At3g26060 * putative peroxiredoxin; protein id: At3g26060Nada1	-1,07780305	0,473749705	0,037594542
A004680_01	At1g68590 * expressed protein; protein id: At1g68590Nada1	-1,077742733	0,473769512	0,010139747
A016886_01	At5g24490 * putative protein; protein id: At5g24490Nada1	-1,076504305	0,474176377	0,017454176
A024688_01	At2g45660 * MADS-box protein (AGL20); protein id: At2g45660Nada1	-1,075906292	0,474372969	0,008315113
A025719_01	At4g34090 * expressed protein; protein id: At4g34090Nada1	-1,075832392	0,474397268	0,015710988
A012214_01	At3g61470 * light-harvesting chlorophyll a/b binding protein; protein id: At3g61470Nada1	-1,074199942	0,474934366	0,022740894
A004058_01	At1g16880 * expressed protein; protein id: At1g16880Nada1	-1,074102406	0,474966476	0,006494082
A010310_01	At3g47650 * putative protein; protein id: At3g47650Nada1	-1,074024237	0,474992211	0,015489304
A020748_01	At2g05540 * putative glycine-rich protein; protein id: At2g05540Nada1	-1,073787267	0,475070238	0,01341248
A012422_01	At3g06380 * F-box containing tubby family protein; protein id: At3g06380Nada1	-1,069635854	0,47643924	0,012029809
A025870_01	At4g14960 * tubulin alpha-6 chain (TUA6); protein id: At4g14960Nada1	-1,066465291	0,477487447	0,007339944
A016673_01	At5g54630 * putative protein; protein id: At5g54630Nada1	-1,06552966	0,477797212	0,013552452
A007555_01	At2g44640 * expressed protein; protein id: At2g44640Nada1	-1,063813329	0,478365971	0,007781202
A014139_01	At4g20130 * hypothetical protein; protein id: At4g20130Nada1	-1,063021236	0,478628684	0,012933469
A008222_01	At2g36500 * hypothetical protein; protein id: At2g36500Nada1	-1,062464668	0,478813367	0,262685677
A005379_01	At5g28770 * bZIP family transcription factor; protein id: At5g28770Nada1	-1,061560764	0,479113455	0,014758241
A003006_01	At1g79850 * chloroplast precursor (CS17); protein id: At1g79850.1 *	-1,061177132	0,479240875	0,032797805
A026089_01	At2g37660 * expressed protein; protein id: At2g37660Nada1	-1,060885865	0,479337639	0,006580081
A020596_01	At4g38160 * putative protein; protein id: At4g38160Nada1	-1,060807553	0,479363659	0,006972178
A007599_01	At2g18290 * expressed protein; protein id: At2g18290Nada1	-1,060043338	0,479617652	0,006317959
A013868_01	At4g26670 * putative protein; protein id: At4g26670Nada1	-1,059985945	0,479636732	0,006317959
A008439_01	At2g33330 * expressed protein; protein id: At2g33330Nada1	-1,059562016	0,479777692	0,020853278
A015456_01	At4g38700 * disease resistance response protein-related; protein id: At4g38700Nada1	-1,058337208	0,480185183	0,300664751
A022722_01	At3g23310 * putative protein kinase; protein id: At3g23310Nada1	-1,054897265	0,481331496	0,017362958
A021284_01	At4g13500 * putative protein; protein id: At4g13500Nada1	-1,054638809	0,481417733	0,007673404
A001537_01	At1g10840 * putative translation initiation factor; protein id: At1g10840Nada1	-1,05350615	0,481795843	0,007471891
A018829_01	At5g64290 * 2-oxoglutarate/malate translocator; protein id: At5g64290Nada1	-1,051627996	0,482423471	0,021812401
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	-1,051122474	0,482592542	0,023770673
A022195_01	At3g59830.1 * putative protein; protein id: At3g59830Nada1	-1,050918801	0,482660677	0,021047895
A012449_01	At3g23620 * expressed protein; protein id: At3g23620Nada1	-1,050656114	0,482748568	0,006764799
A008198_01	At2g26900 * putative Na+ dependent ileal bile acid transporter; protein id: At2g26900Nada1	-1,04724119	0,483892609	0,006508497
A025455_01	At2g25520 * putative phosphate/phosphoenolpyruvate translocator protein; protein id: At2g25520Nada1	-1,045760137	0,484389623	0,028957557

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A022201_01	At3g60430 * putative protein; protein id: At3g60430Nada1	-1,043089703	0,48528706	0,024386534
A022975_01	At5g53050 * unknown protein; protein id: At5g53050Nada1	-1,04241377	0,48551448	0,009523794
A022862_01	At5g55915 * nucleolar protein-like; protein id: At5g55915Nada1	-1,042337362	0,485540195	0,008653015
A014279_01	At4g24830 * argininosuccinate synthase -like protein; protein id: At4g24830Nada1	-1,038433393	0,486855858	0,006289027
A017768_01	At5g13120 * peptidyl-prolyl isomerase protein; protein id: At5g13120Nada1	-1,037108411	0,487303196	0,00821011
A007970_01	At2g15090 * putative fatty acid elongase; protein id: At2g15090Nada1	-1,036526181	0,487499897	0,044374847
A017894_01	At5g02870 * 60S ribosomal protein - like; protein id: At5g02870Nada1	-1,036402437	0,487541713	0,049983184
A009742_01	At3g07430 * expressed protein; protein id: At3g07430Nada1	-1,036043186	0,487663133	0,007746336
A017194_01	At5g02710 * putative protein; protein id: At5g02710Nada1	-1,035009048	0,48801282	0,009523794
A009256_01	At3g04840 * putative 40S ribosomal protein S3A (S phase specific); protein id: At3g04840Nada1	-1,03371475	0,488450831	0,037420024
A025264_01	At5g08680 * similar to H+-transporting ATP synthase beta chain; protein id: At5g08680Nada1	-1,033330408	0,488580975	0,014581656
A009792_01	At3g19810 * expressed protein; protein id: At3g19810Nada1	-1,033135341	0,488647041	0,006317959
A025675_01	At1g77510 * putative thioredoxin; protein id: At1g77510Nada1	-1,031963756	0,489044023	0,038643904
A002105_01	At1g68840 * AP2 domain protein RAP2Nada8 (RAV2); protein id: At1g68840Nada1	-1,03112231	0,489329339	0,073584731
A012789_01	At3g62910 * translation releasing factor RF-1 -like protein; protein id: At3g62910Nada1	-1,02913193	0,490004896	0,011406868
A006381_01	At2g44040 * expressed protein; protein id: At2g44040Nada1	-1,028823769	0,490109573	0,011982614
A024681_01	At2g23350 * putative; protein id: At2g23350.1	-1,028222293	0,490313948	0,009523794
A001606_01	At1g04530 * expressed protein; protein id: At1g04530Nada1	-1,027988484	0,490393416	0,006649168
A012818_01	At3g63140 * mRNA binding protein precursor - like; protein id: At3g63140Nada1	-1,027319809	0,490620762	0,086919346
A015324_01	At4g00620 * putative tetrahydrofolate synthase; protein id: At4g00620Nada1	-1,027000834	0,490729248	0,017415706
A017061_01	At5g61030 * glycine-rich RNA-binding protein; protein id: At5g61030Nada1	-1,025277977	0,491315624	0,007816694
A021112_01	At5g35630 * chloroplast (clone lambdaAtgsl1) (pir S18600); protein id: At5g35630.1 *	-1,025210758	0,491338516	0,013335214
A016585_01	At5g03940 * signal recognition particle 54CP protein precursor; protein id: At5g03940Nada1	-1,024841028	0,491464451	0,006289027
A021099_01	At3g63490 * chloroplast ribosomal L1 - like protein; protein id: At3g63490Nada1	-1,02439875	0,49161514	0,016991437
A001988_01	At1g27950 * putative; protein id: At1g27950.1 *	-1,022950453	0,492108911	0,006829176
A003690_01	At1g59990 * putative putative; protein id: At1g59990.1 *	-1,022761719	0,492173294	0,025921457
A001752_01	At1g36390 * putative heat shock protein; protein id: At1g36390Nada1	-1,022004685	0,492431622	0,010383245
A008364_01	At2g47240 * putative acyl-CoA synthetase; protein id: At2g47240Nada1	-1,02054547	0,492929945	0,005904571
A020014_01	At2g45470 * fasciclin-like arabinogalactan-protein (FLA8); protein id: At2g45470Nada1	-1,019958689	0,493130473	0,006557388
A006959_01	At2g22870 * putative nucleotide-binding protein; protein id: At2g22870Nada1	-1,019732351	0,493207844	0,006508497
A012578_01	At3g25920 * chloroplast precursor; protein id: At3g25920.1 *	-1,019670904	0,493228851	0,014187597
A000416_01	At1g04040 * expressed protein; protein id: At1g04040Nada1	-1,019029643	0,493448134	0,030609414
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	-1,019013918	0,493453513	0,035901669
A001184_01	At1g22700 * expressed protein; protein id: At1g22700Nada2	-1,018911251	0,493488629	0,00997962
A008630_01	At2g33180 * unknown protein; protein id: At2g33180Nada1	-1,018181361	0,493738359	0,012742352
A009147_01	At3g18130 * putative; protein id: At3g18130.1	-1,017993803	0,493802552	0,060070273
A019748_01	At1g70370 * putative; protein id: At1g70370.1	-1,017838233	0,493855803	0,006456996
A015971_01	At5g22340 * unknown protein; protein id: At5g22340Nada1	-1,017689964	0,49390656	0,006128443
A007659_01	At2g41680 * putative thioredoxin reductase; protein id: At2g41680Nada1	-1,016819741	0,494204571	0,026700903
A016234_01	At5g08770 * unknown protein; protein id: At5g08770Nada1	-1,01590762	0,494517123	0,088502697
A019462_01	150138-150159 downstream of At4g00340 *	-1,015079723	0,494800985	0,241802096
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	-1,014542522	0,494985263	0,019578937
A018150_01	At5g25190 * ethylene-responsive element - like protein; protein id: At5g25190Nada1	-1,013110128	0,495476958	0,006603553
A008682_01	At2g39670 * expressed protein; protein id: At2g39670Nada1	-1,012674375	0,495626635	0,01341248
A011907_01	At3g47450 * putative protein; protein id: At3g47450Nada1	-1,012084663	0,495829267	0,006660788
A019539_01	At4g33800 * expressed protein; protein id: At4g33800Nada1	-1,011453023	0,496046399	0,279747778
A017053_01	At5g57120 * putative protein; protein id: At5g57120Nada1	-1,011428777	0,496054735	0,011943427

**Tabla Sup2**  
Genes reprimidos en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio -Pi/+Pi	Ratio -Pi/+Pi	Valor FDR
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	-1,007715929	0,497333001	0,034929129
A024291_01	At1g14320 * putative; protein id: At1g14320.1 *	-1,007508994	0,497404342	0,126736068
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	-1,006190202	0,497859235	0,03950597
A017554_01	At5g14260 * putative protein; protein id: At5g14260Nada1	-1,005624413	0,498054522	0,006289027
A010790_01	At3g10520 * class 2 non-symbiotic hemoglobin; protein id: At3g10520Nada1	-1,002234428	0,499226206	0,010527873

Tabla Sup 3  
Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A018009_01	At5g42800 * dihydroflavonol 4-reductase; protein id: At5g42800Nada1	-2,49E+00	1,78E-01	0,06200
A024060_01	<b>At3g03530 * expressed protein; protein id: At3g03530Nada1</b>	<b>-2,15</b>	<b>2,25E-01</b>	<b>0,04010</b>
A002639_01	<b>At1g73220 * putative transporter; protein id: At1g73220Nada1</b>	<b>-1,53</b>	<b>3,46E-01</b>	<b>0,03050</b>
A011658_01	At3g17790 * acid phosphatase type 5; protein id: At3g17790Nada1	-8,60E-01	5,51E-01	0,05440
A019417_01	At5g03540 * putative protein	-7,01E-01	6,15E-01	0,10880
A023966_01	At3g12450 * hypothetical protein; protein id: At3g12450Nada1	-1,94E+00	2,61E-01	0,05500
A008640_01	<b>At2g45130 * hypothetical protein; protein id: At2g45130Nada1</b>	<b>-1,62</b>	<b>3,25E-01</b>	<b>0,02590</b>
A005912_01	At5g53490 * chloroplast	-1,18E+00	4,41E-01	0,08030
A003747_01	At1g08170 * putative protein	-1,29E+00	4,09E-01	0,07740
A006456_01	At2g30540 * putative glutaredoxin; protein id: At2g30540Nada1	-1,03E+00	4,90E-01	0,18750
A000171_01	At1g23140 * unknown protein; protein id: At1g23140Nada1	-1,16E+00	4,48E-01	0,10890
A023964_01	At3g66656 * MADS-box protein; protein id: At3g66656Nada1	-1,79E+00	2,89E-01	0,07250
A023968_01	At3g12220 * putative protein	-1,66E+00	3,16E-01	0,05440
A006386_01	<b>At2g43920 * unknown protein; protein id: At2g43920Nada1</b>	<b>-1,61</b>	<b>3,28E-01</b>	<b>0,04460</b>
A020242_01	<b>At4g36850 * putative protein; protein id: At4g36850Nada1</b>	<b>-1,74</b>	<b>2,99E-01</b>	<b>0,02590</b>
A020524_01	At3g02040 * expressed protein; protein id: At3g02040Nada1	-7,60E-01	5,90E-01	0,12540
A008788_01	<b>At2g11810 * putative monogalactosyldiacylglycerol synthase; protein id: At2g11810Nada1</b>	<b>-1,25</b>	<b>4,20E-01</b>	<b>0,02590</b>
A024783_01	<b>At5g01220 * putative protein; protein id: At5g01220Nada1</b>	<b>-1,35</b>	<b>3,92E-01</b>	<b>0,04460</b>
A023967_01	At3g12410 * hypothetical protein; protein id: At3g12410Nada1	-1,47E+00	3,61E-01	0,05440
A001059_01	<b>At1g32900 * putative protein</b>	<b>-1,45</b>	<b>3,66E-01</b>	<b>0,04080</b>
A003092_01	<b>At1g17710 * hypothetical protein; protein id: At1g17710Nada1</b>	<b>-1,45</b>	<b>3,66E-01</b>	<b>0,04010</b>
A008562_01	<b>At2g02990 * RNS1</b>	<b>-2,28</b>	<b>2,06E-01</b>	<b>0,04010</b>
A025807_01	<b>At5g01220 * putative protein; protein id: At5g01220Nada1</b>	<b>-1,18</b>	<b>4,41E-01</b>	<b>0,04460</b>
A005918_01	At1g71340 * unknown protein	-9,12E-01	5,31E-01	0,10900
A019800_01	<b>At1g73010 * expressed protein; protein id: At1g73010Nada1</b>	<b>-1,20</b>	<b>4,35E-01</b>	<b>0,04080</b>
A014962_01	At4g22880 * putative leucoanthocyanidin dioxygenase (LDOX); protein id: At4g22880Nada1	-1,87E+00	2,74E-01	0,05440
A013519_01	At4g08870 * putative arginase; protein id: At4g08870Nada1	-2,34E+00	1,98E-01	0,05680
A010999_01	At3g44510 * putative protein; protein id: At3g44510Nada1	-9,28E-01	5,26E-01	0,10670
A016393_01	<b>At5g59310 * nonspecific lipid-transfer protein precursor - like; protein id: At5g59310Nada1</b>	<b>-1,48</b>	<b>3,58E-01</b>	<b>0,02590</b>
A007181_01	<b>At2g18130 * putative purple acid phosphatase precursor; protein id: At2g18130Nada1</b>	<b>-1,77</b>	<b>2,93E-01</b>	<b>0,04010</b>
A016152_01	<b>At5g39720 * AIG2 - like protein; protein id: At5g39720Nada1</b>	<b>-1,54</b>	<b>3,44E-01</b>	<b>0,04080</b>
A021561_01	At1g18970 * putative protein	-1,41E+00	3,76E-01	0,06370
A018350_01	<b>At5g67080 * protein kinase-like protein; protein id: At5g67080Nada1</b>	<b>-1,45</b>	<b>3,66E-01</b>	<b>0,04080</b>
A011942_01	<b>At3g56040 * putative protein; protein id: At3g56040Nada1</b>	<b>-1,30</b>	<b>4,06E-01</b>	<b>0,04460</b>
A005906_01	At5g20150 * ids4-like protein; protein id: At5g20150	-5,75E-01	6,71E-01	0,16340
A018299_01	<b>At5g08030 * glycerophosphodiester phosphodiesterase - like protein; protein id: At5g08030Nada1</b>	<b>-1,73</b>	<b>3,01E-01</b>	<b>0,02590</b>
A010898_01	At3g53620 * inorganic pyrophosphatase -like protein; protein id: At3g53620Nada1	-1,47E+00	3,61E-01	0,05440
A008811_01	At2g46880 * hypothetical protein; protein id: At2g46880Nada1	-1,74E+00	2,99E-01	0,06370
A021852_01	At1g56650 * putative protein	-1,20E+00	4,35E-01	0,09730
A000656_01	At1g08310 * unknown protein; protein id: At1g08310Nada1	-9,51E-01	5,17E-01	0,05440
A017247_01	At5g20410 * monogalactosyldiacylglycerol synthase; protein id: At5g20410Nada1	-9,79E-01	5,07E-01	0,08160
A004261_01	<b>At1g64590 * putative protein</b>	<b>-1,32</b>	<b>4,01E-01</b>	<b>0,03580</b>
A018006_01	At5g24780 * vegetative storage protein Vsp1; protein id: At5g24780Nada1	-1,51E+00	3,51E-01	0,07370
A025683_01	At1g68740 * putative receptor protein; protein id: At1g68740Nada1	-5,70E-01	6,74E-01	0,16610

Tabla Sup 3  
Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A013755_01	At4g33030 * sulfolipid biosynthesis protein SQD1; protein id: At4g33030Nada1	-8,52E-01	5,54E-01	0,05930
A006046_01	At2g43510 * putative trypsin inhibitor; protein id: At2g43510Nada1	-9,35E-01	5,23E-01	0,13590
A011497_01	At3g05630 * phospholipase D family; protein id: At3g05630Nada1	-9,49E-01	5,18E-01	0,05810
A011663_01	At3g03790 * unknown protein; protein id: At3g03790Nada1	-1,24E+00	4,23E-01	0,07800
A019543_01	<b>At4g23600 * tyrosine transaminase like protein; protein id: At4g23600Nada1</b>	<b>-2,06</b>	<b>2,40E-01</b>	<b>0,04190</b>
A020798_01	At1g58280 * unknown protein; protein id: At1g58280Nada1	-7,37E-01	6,00E-01	0,05420
A021053_01	<b>At5g24770 * vegetative storage protein Vsp2; protein id: At5g24770Nada1</b>	<b>-1,65</b>	<b>3,19E-01</b>	<b>0,04190</b>
A013770_01	At4g01480 * putative inorganic phosphatase; protein id: At4g01480Nada1	-1,00E+00	5,00E-01	0,05440
A013475_01	At4g03960 * putative protein; protein id: At4g03960Nada1	-7,01E-01	6,15E-01	0,06040
A005385_01	At1g65840 * putative protein	-1,26E+00	4,18E-01	0,08940
A017393_01	<b>At5g43300 * putative protein; protein id: At5g43300Nada1</b>	<b>-1,10</b>	<b>4,67E-01</b>	<b>0,04190</b>
A008866_01	At2g35380 * peroxidase family; protein id: At2g35380Nada1	-7,61E-01	5,90E-01	0,12590
A009811_01	At3g03310 * expressed protein; protein id: At3g03310Nada1	-8,72E-01	5,46E-01	0,07350
A001005_01	At1g30500 * putative protein	-9,09E-01	5,33E-01	0,15870
A021637_01	At2g04460 * putative retroelement pol polyprotein; protein id: At2g04460Nada1	-6,17E-01	6,52E-01	0,08060
A006621_01	At2g18660 * hypothetical protein; protein id: At2g18660Nada1	-1,32E+00	4,01E-01	0,06040
A016785_01	At5g09480 * expressed protein; protein id: At5g09480Nada1	-8,61E-01	5,51E-01	0,07700
A014871_01	<b>At4g24890 * putative protein; protein id: At4g24890Nada1</b>	<b>-1,40</b>	<b>3,79E-01</b>	<b>0,02590</b>
A023182_01	<b>At1g08900 * ERD6</b>	<b>-1,44</b>	<b>3,69E-01</b>	<b>0,04460</b>
A002684_01	At1g73325 * similar to Dr4(protease inhibitor); protein id: At1g73325Nada1	-1,02E+00	4,93E-01	0,05840
A012163_01	At3g10150 * hypothetical protein; protein id: At3g10150Nada1	-1,21E+00	4,32E-01	0,10360
A021934_01	At5g15970 * cold-regulated protein COR6Nada6 (KIN2); protein id: At5g15970Nada1	-1,15E+00	4,51E-01	0,09080
A013264_01	At4g25160 * putative Ser Thr protein kinase; protein id: At4g25160Nada1	-9,52E-01	5,17E-01	0,07800
A011256_01	<b>At3g43110 * putative protein; protein id: At3g43110Nada1</b>	<b>-0,93</b>	<b>5,24E-01</b>	<b>0,04260</b>
A020530_01	At1g29240 * unknown protein; protein id: At1g29240Nada1	-6,35E-01	6,44E-01	0,13220
A019920_01	<b>At1g62540 * similar to flavin-binding monooxygenase-like protein (Z71258); similar to ESTs</b>	<b>-1,77</b>	<b>2,93E-01</b>	<b>0,04460</b>
A006717_01	At2g39030 * expressed protein; protein id: At2g39030Nada1	-1,54E+00	3,44E-01	0,06370
A006213_01	At2g47200 * hypothetical protein; protein id: At2g47200Nada1	-1,09E+00	4,70E-01	0,11950
A006282_01	At2g38740 * expressed protein; protein id: At2g38740Nada1	-1,09E+00	4,70E-01	0,07800
A020071_01	At1g22990 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At1g22990Nada1	-1,20E+00	4,35E-01	0,12590
A000804_01	At1g72070 * putative protein	-9,28E-01	5,26E-01	0,08350
A009791_01	At3g58550 * putative protein; protein id: At3g58550Nada1	-6,74E-01	6,27E-01	0,05810
A025346_01	At1g68740 * putative receptor protein; protein id: At1g68740Nada1	-6,11E-01	6,55E-01	0,18590
A012143_01	<b>At3g25760 * hypothetical protein; protein id: At3g25760Nada1</b>	<b>-1,78</b>	<b>2,91E-01</b>	<b>0,02590</b>
A008919_01	At3g48240 * putative protein; protein id: At3g48240Nada1	-1,37E+00	3,87E-01	0,10060
A001242_01	At1g52400 * beta-glucosidase (BG1)	-1,70E+00	3,08E-01	0,10360
A000441_01	At1g13750 * unknown protein; protein id: At1g13750Nada1	-7,31E-01	6,02E-01	0,05440
A021221_01	<b>At2g42530 * cold-regulated protein cor15b precursor; protein id: At2g42530Nada1</b>	<b>-0,95</b>	<b>5,18E-01</b>	<b>0,04500</b>
A019074_01	At5g09570 * putative protein; protein id: At5g09570Nada1	-6,69E-01	6,29E-01	0,12440
A001971_01	At1g14220 * ribonuclease; protein id: At1g14220Nada1	-9,16E-01	5,30E-01	0,07980
A000820_01	At1g62710 * beta-VPE; protein id: At1g62710Nada1	-1,16E+00	4,48E-01	0,08820
A024061_01	At3g03500 * unknown protein; protein id: At3g03500Nada1	-9,08E-01	5,33E-01	0,08590
A025942_01	<b>At3g52180 * putative protein; protein id: At3g52180Nada1</b>	<b>-1,49</b>	<b>3,56E-01</b>	<b>0,03660</b>
A015342_01	At4g12090 * putative protein; protein id: At4g12090Nada1	-6,06E-01	6,57E-01	0,08610



Tabla Sup 3  
Genes con expresión disminuida en el mutante phr1 e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A024213_01	At3g27100 * hypothetical protein; protein id: At3g27100Nada1	-7,93E-01	5,77E-01	0,06590
A007816_01	At2g43530 * putative trypsin inhibitor; protein id: At2g43530Nada1	-1,60E+00	3,30E-01	0,08030
A020081_01	At1g23120 * major latex protein (MLP)-related; protein id: At1g23120Nada1	-7,49E-01	5,95E-01	0,13340
A013417_01	At4g32480 * putative protein; protein id: At4g32480Nada1	-6,12E-01	6,54E-01	0,12830
A023816_01	<b>At1g22170 * expressed protein; protein id: At1g22170Nada1</b>	<b>-1,05</b>	<b>4,83E-01</b>	<b>0,03580</b>
A017284_01	At5g40690 * putative protein; protein id: At5g40690Nada1	-8,74E-01	5,46E-01	0,05440
A005468_01	At1g16710 * unknown protein; protein id: At1g16710Nada1	-1,11E+00	4,63E-01	0,05230
A005939_01	At4g11600 * putative protein	-6,24E-01	6,49E-01	0,12620
A020603_01	At5g06530 * ABC transporter family protein; protein id: At5g06530Nada1	-9,59E-01	5,14E-01	0,13260
A015941_01	At5g65280 * G protein-coupled receptor-like protein; protein id: At5g65280Nada1	-9,10E-01	5,32E-01	0,08590
A001135_01	<b>At1g35720 * Ca<sup>2+</sup>-dependent membrane-binding protein annexin; protein id: At1g35720Nada1</b>	<b>-1,58</b>	<b>3,34E-01</b>	<b>0,04010</b>
A018981_01	At5g47740 * unknown protein; protein id: At5g47740Nada1	-3,63E-01	7,78E-01	0,15980
A024062_01	At3g03370 * unknown protein; protein id: At3g03370Nada1	-9,57E-01	5,15E-01	0,06520
A014076_01	At4g16590 * cellulose synthase like protein; protein id: At4g16590Nada1	-1,02E+00	4,93E-01	0,05340
A003591_01	At1g52800 * putative oxidoreductase; protein id: At1g52800Nada1	-9,08E-01	5,33E-01	0,05440
A025250_01	At3g44870 * methyltransferase-related; protein id: At3g44870Nada1	-1,55E+00	3,42E-01	0,06370
A016337_01	At5g59320 * nonspecific lipid-transfer protein precursor - like; protein id: At5g59320Nada1	-9,17E-01	5,30E-01	0,06370
A009836_01	At3g01970 * WRKY family transcription factor; protein id: At3g01970Nada1	-7,55E-01	5,93E-01	0,12970
A008742_01	At2g33380 * RD20 protein; protein id: At2g33380Nada1	-1,14E+00	4,54E-01	0,06590
A019874_01	At2g01890 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01890Nada1	-6,80E-01	6,24E-01	0,07320
A021901_01	At5g15960 * cold and ABA inducible protein kin1; protein id: At5g15960Nada1	-1,09E+00	4,70E-01	0,10360
A019079_01	<b>At5g43150 * unknown protein; protein id: At5g43150Nada1</b>	<b>-1,05</b>	<b>4,83E-01</b>	<b>0,03580</b>
A009981_01	At3g02980 * putative N-acetyltransferase; protein id: At3g02980Nada1	-7,96E-01	5,76E-01	0,06370
A007342_01	<b>At2g17280 * unknown protein; protein id: At2g17280Nada1</b>	<b>-1,15</b>	<b>4,51E-01</b>	<b>0,02590</b>
A015313_01	At4g31240 * similar to putative receptor kinase; protein id: At4g31240Nada1	-6,55E-01	6,35E-01	0,19010
A025795_01	<b>At3g52180 * putative protein; protein id: At3g52180Nada1</b>	<b>-1,41</b>	<b>3,76E-01</b>	<b>0,04010</b>
A023704_01	At1g53610 * hypothetical protein; protein id: At1g53610Nada1	-5,96E-01	6,62E-01	0,08490
A022434_01	<b>At4g27690 * putative protein; protein id: At4g27690Nada1</b>	<b>-2,94</b>	<b>1,30E-01</b>	<b>0,04460</b>
A004000_01	At1g70900 * expressed protein; protein id: At1g70900Nada1	-4,82E-01	7,16E-01	0,08590
A004326_01	At1g74460 * putative lipase/acylhydrolase; protein id: At1g74460Nada1	-6,54E-01	6,36E-01	0,06540
A016821_01	At5g07990 * flavonoid 3 -hydroxylase (F3 H); protein id: At5g07990Nada1	-8,06E-01	5,72E-01	0,13640
A010551_01	At3g25240 * hypothetical protein; protein id: At3g25240Nada1	-6,42E-01	6,41E-01	0,16010
A014705_01	At4g35750 * putative protein; protein id: At4g35750Nada1	-3,73E-01	7,72E-01	0,14080
A001949_01	<b>At1g18870 * putative protein</b>	<b>-0,91</b>	<b>5,31E-01</b>	<b>0,04460</b>
A006925_01	<b>At2g34210 * putative transcription elongation factor; protein id: At2g34210Nada1</b>	<b>-1,21</b>	<b>4,32E-01</b>	<b>0,02590</b>
A005727_01	At3g47340 * glutamine-dependent asparagine synthetase; protein id: At3g47340Nada1	-1,39E+00	3,82E-01	0,08390
A008281_01	At2g42690 * putative lipase; protein id: At2g42690Nada1	-5,30E-01	6,93E-01	0,15820
A007911_01	At2g24390 * similar to avrRpt2-induced protein 2; protein id: At2g24390Nada1	-7,74E-01	5,85E-01	0,16010
A013585_01	<b>At4g17030 * allergen like protein; protein id: At4g17030Nada1</b>	<b>-1,30</b>	<b>4,06E-01</b>	<b>0,03580</b>
A010546_01	At3g44520 * putative protein; protein id: At3g44520Nada1	-5,08E-01	7,03E-01	0,12840
A004588_01	At1g67920 * expressed protein; protein id: At1g67920Nada1	-9,74E-01	5,09E-01	0,06540
A008849_01	<b>At2g44260 * expressed protein; protein id: At2g44260Nada1</b>	<b>-0,86</b>	<b>5,52E-01</b>	<b>0,04310</b>
A002780_01	At1g74210 * putative glycerophosphodiester phosphodiesterase; protein id: At1g74210Nada1	-9,62E-01	5,13E-01	0,06590
A012053_01	At3g14940 * phosphoenolpyruvate carboxylase (PPC); protein id: At3g14940Nada1	-9,56E-01	5,15E-01	0,16250

Tabla Sup 3  
Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A003441_01	At1g22220 * hypothetical protein; protein id: At1g22220Nada1	-8,17E-01	5,68E-01	0,15520
A014485_01	<b>At4g14630 * germin precursor oxalate oxidase; protein id: At4g14630Nada1</b>	<b>-1,09</b>	<b>4,70E-01</b>	<b>0,04260</b>
A023610_01	At2g01880 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01880Nada1	-7,02E-01	6,15E-01	0,07800
A007556_01	At2g17660 * unknown protein; protein id: At2g17660Nada1	-9,18E-01	5,29E-01	0,09100
A022761_01	<b>At3g27050 * expressed protein; protein id: At3g27050Nada1</b>	<b>-0,97</b>	<b>5,11E-01</b>	<b>0,04010</b>
A014275_01	At4g12890 * putative protein; protein id: At4g12890Nada1	-8,73E-01	5,46E-01	0,05950
A024639_01	<b>At5g17220 * putative protein</b>	<b>-1,32</b>	<b>4,01E-01</b>	<b>0,03050</b>
A024398_01	At1g53310 * putative protein	-4,76E-01	7,19E-01	0,13830
A007285_01	At2g23120 * expressed protein; protein id: At2g23120Nada1	-8,01E-01	5,74E-01	0,19700
A024298_01	At4g30270 * xyloglucan endotransglycosylase (meri5B); protein id: At4g30270Nada1	-1,81E+00	2,85E-01	0,06250
A014392_01	At4g31240 * similar to putative receptor kinase; protein id: At4g31240Nada1	-4,40E-01	7,37E-01	0,10190
A007359_01	At2g43670 * glycosyl hydrolase family 17; protein id: At2g43670Nada1	-6,68E-01	6,29E-01	0,14970
A009756_01	At3g23870 * unknown protein; protein id: At3g23870Nada1	-7,65E-01	5,88E-01	0,05440
A003767_01	At1g31480 * shoot gravitropism 2; protein id: At1g31480Nada1	-5,50E-01	6,83E-01	0,19080
A010569_01	At3g25790 * expressed protein; protein id: At3g25790Nada1	-6,12E-01	6,54E-01	0,07540
A024831_01	At4g35010 * glycosyl hydrolase family 35 (beta-galactosidase); protein id: At4g35010Nada1	-8,35E-01	5,61E-01	0,06200
A014115_01	At4g28040 * Medicago nodulin N21-like protein; protein id: At4g28040Nada1	-7,37E-01	6,00E-01	0,05440
A019722_01	At5g23190 * cytochrome P450-like protein; protein id: At5g23190Nada1	-5,18E-01	6,98E-01	0,11860
A021719_01	At2g01890 * putative purple acid phosphatase; protein id: At2g01890Nada1	-6,27E-01	6,48E-01	0,08310
A021698_01	At1g01380 * myb family transcription factor; protein id: At1g01380Nada1	-7,21E-01	6,07E-01	0,18860
A025249_01	<b>At3g44860 * methyltransferase-related; protein id: At3g44860Nada1</b>	<b>-1,63</b>	<b>3,23E-01</b>	<b>0,02590</b>
A010557_01	At3g02870 * putative myo-inositol monophosphatase; protein id: At3g02870Nada1	-5,31E-01	6,92E-01	0,13260
A021419_01	At5g24660 * putative protein; protein id: At5g24660Nada1	-1,03E+00	4,90E-01	0,07060
A009906_01	At3g06420 * expressed protein; protein id: At3g06420Nada1	-8,79E-01	5,44E-01	0,10570
A014795_01	At4g24790 * DNA polymerase III like protein; protein id: At4g24790Nada1	-6,02E-01	6,59E-01	0,07450
A007145_01	At2g36970 * putative glucosyltransferase; protein id: At2g36970Nada1	-1,16E+00	4,48E-01	0,06200
A026087_01	At1g02850 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At1g02850Nada1	-1,24E+00	4,23E-01	0,07250
A019122_01	At5g14340 * myb DNA-binding protein (MYB40); protein id: At5g14340Nada1	-9,40E-01	5,21E-01	0,12810
A015387_01	At4g13580 * disease resistance response protein-related; protein id: At4g13580Nada1	-8,70E-01	5,47E-01	0,18610
A001352_01	At1g74710 * isochorismate synthase 1 (isochorismate mutase) (ICS1); protein id: At1g74710Nada1	-9,86E-01	5,05E-01	0,14110
A005729_01	At2g25625 * auxin-regulated protein; protein id: At2g25625Nada1	-9,99E-01	5,00E-01	0,14970
A005968_01	not annotated * between At2g14870 and At2g14880 Chr2 W/6340719-6340788	-5,26E-01	6,94E-01	0,14520
A015575_01	At5g08380 * glycosyl hydrolase family 27 (alpha-galactosidase/melibiose); protein id: At5g08380Nada1	-7,17E-01	6,08E-01	0,05930
A004909_01	At1g10060 * expressed protein; protein id: At1g10060Nada1	-1,14E+00	4,54E-01	0,07800
A007565_01	At2g26660 * unknown protein; protein id: At2g26660Nada1	-5,66E-01	6,75E-01	0,15610
A022009_01	At3g23390 * putative ribosomal protein; protein id: At3g23390Nada1	-8,76E-01	5,45E-01	0,10470
A015361_01	At4g17790 * expressed protein; protein id: At4g17790Nada1	-6,11E-01	6,55E-01	0,15300
A022088_01	At2g11540 * En/Spm-like transposon protein; protein id: At2g11540Nada1	-4,73E-01	7,20E-01	0,14830
A021149_01	At2g26560 * putative protein	-1,80E+00	2,87E-01	0,10060
A022648_01	At5g01660 * putative protein; protein id: At5g01660Nada1	-5,02E-01	7,06E-01	0,14150
A021230_01	At3g49580 * putative protein; protein id: At3g49580Nada1	-9,16E-01	5,30E-01	0,12460
A003844_01	At1g52040 * putative protein	-1,30E+00	4,06E-01	0,13190
A001620_01	At1g56320 * hypothetical protein; protein id: At1g56320Nada1	-7,40E-01	5,99E-01	0,09120
A018308_01	At5g16360 * putative protein; protein id: At5g16360Nada1	-6,69E-01	6,29E-01	0,06040



Tabla Sup 3  
 Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A023298_01	At1g73130 * hypothetical protein; protein id: At1g73130Nada1	-6,52E-01	6,36E-01	0,06200
A002437_01	At1g75390 * putative protein	-8,18E-01	5,67E-01	0,10200
A008450_01	At2g23540 * putative GDSL-motif lipase/hydrolase; protein id: At2g23540Nada1	-5,89E-01	6,65E-01	0,08060
A016319_01	At5g44610 * expressed protein	-7,13E-01	6,10E-01	0,06370
A019423_01	At5g52360 * actin depolymerizing factor-like; protein id: At5g52360Nada1	-4,27E-01	7,44E-01	0,15810
A006705_01	At2g23960 * unknown protein; protein id: At2g23960Nada1	-7,84E-01	5,81E-01	0,06370
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,50E-01	7,32E-01	0,09100
A009456_01	At3g12500 * glycosyl hydrolase family 19 (basic endochitinase); protein id: At3g12500Nada1	-7,41E-01	5,98E-01	0,05440
A001934_01	At1g17745 * Genomic sequence for BAC F22G5 from chromosome 1	-4,63E-01	7,25E-01	0,11480
A013956_01	At4g21470 * putative protein; protein id: At4g21470Nada1	-5,59E-01	6,79E-01	0,08730
A014813_01	putative protein - supported by cDNA: 17944.	-5,59E-01	6,79E-01	0,08060
A011240_01	At3g27150 * unknown protein; protein id: At3g27150Nada1	-7,41E-01	5,98E-01	0,05600
A014189_01	At4g39210 * glucose-1-phosphate adenyltransferase (APL3); protein id: At4g39210Nada1	-1,04E+00	4,86E-01	0,05440
A009029_01	At3g44540 * acyl CoA reductase - protein; protein id: At3g44540Nada1	-3,84E-01	7,66E-01	0,17560
A013570_01	At4g16400 * hypothetical protein; protein id: At4g16400Nada1	-6,67E-01	6,30E-01	0,09080
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,27E-01	7,44E-01	0,14360
A014072_01	At4g16520 * symbiosis-related like protein; protein id: At4g16520Nada1	-7,39E-01	5,99E-01	0,07290
A006166_01	At2g46650 * putative cytochrome b5; protein id: At2g46650Nada1	-6,84E-01	6,22E-01	0,11480
A025801_01	At3g09880 * B regulatory subunit of PP2A (AtB beta); protein id: At3g09880Nada1	-7,05E-01	6,13E-01	0,08060
A001139_01	At1g17830 * expressed protein; protein id: At1g17830Nada1	-4,06E-01	7,55E-01	0,11480
A007902_01	At2g32260 * putative phospholipid cytidyltransferase; protein id: At2g32260Nada1	-5,45E-01	6,85E-01	0,14460
A004033_01	At1g02310 * glycosyl hydrolase family 5/cellulase ((1-4)-beta-mannan endohydrolase)	-5,64E-01	6,76E-01	0,16100
A025357_01	At1g6589 * putative protein	-1,13E+00	4,57E-01	0,10750
A015143_01	At4g14090 * UDP-glycosyltransferase family; protein id: At4g14090Nada1	-5,78E-01	6,70E-01	0,11410
A011496_01	At3g05640 * putative protein	-8,26E-01	5,64E-01	0,08210
A019863_01	At2g48150 * putative protein	-7,94E-01	5,77E-01	0,10000
A020560_01	At3g47340 * glutamine-dependent asparagine synthetase; protein id: At3g47340Nada1	-1,08E+00	4,73E-01	0,08390
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,36E-01	7,39E-01	0,10590
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,56E-01	7,29E-01	0,10470
A002952_01	At1g34640 * expressed protein; protein id: At1g34640Nada1	-7,33E-01	6,02E-01	0,11510
A019388_01	At5g02420 * putative protein; protein id: At5g02420Nada1	-5,59E-01	6,79E-01	0,08350
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,64E-01	7,25E-01	0,11640
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,21E-01	7,47E-01	0,10470
A008246_01	BAC F20F1 *	-9,01E-01	5,36E-01	0,06590
A020499_01	At1g16850.1 * expressed protein; protein id: At1g16850Nada1	-5,99E-01	6,60E-01	0,08920
A015228_01	At4g24140 * putative protein; protein id: At4g24140Nada1	-5,55E-01	6,81E-01	0,07650
A008807_01	At2g46860 * putative inorganic pyrophosphatase; protein id: At2g46860Nada1	-7,08E-01	6,12E-01	0,06200
A017693_01	At5g64960 * Cyclin-dependent kinase C;2; protein id: At5g64960Nada1	-1,08E+00	4,73E-01	0,07800
A012773_01	At3g18080.1 * glycosyl hydrolase family 1; protein id: At3g18080Nada1	-1,07E+00	4,76E-01	0,05440
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,75E-01	7,19E-01	0,11710
A024807_01	At2g23980 * cyclic nucleotide-regulated ion channel (CNGC6); protein id: At2g23980Nada1	-5,20E-01	6,97E-01	0,10040
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,41E-01	7,37E-01	0,10470
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,93E-01	7,11E-01	0,09990
A023673_01	At2g10930 * unknown protein; protein id: At2g10930Nada1	-6,81E-01	6,24E-01	0,12510

Tabla Sup 3  
 Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A004469_01	At1g08230 * hypothetical protein; protein id: At1g08230Nada1	-4,62E-01	7,26E-01	0,14180
A023591_01	At2g16430 * putative purple acid phosphatase precursor; protein id: At2g16430Nada1	-6,15E-01	6,53E-01	0,07660
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,90E-01	7,12E-01	0,10060
A007951_01	At2g21130 * cyclophilin (CYP2); protein id: At2g21130Nada1	-6,18E-01	6,52E-01	0,08030
A022459_01	At4g11700 * hypothetical protein; protein id: At4g11700Nada1	-8,85E-01	5,41E-01	0,08960
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,78E-01	7,18E-01	0,09100
A021873_01	At5g18630 * triacylglycerol lipase-like protein; protein id: At5g18630Nada1	-6,62E-01	6,32E-01	0,05930
A009505_01	At3g21620 * unknown protein; protein id: At3g21620Nada1	-5,77E-01	6,70E-01	0,07660
A024446_01	At4g04610 * 5-adenylylsulfate reductase; protein id: At4g04610Nada1	-6,56E-01	6,35E-01	0,06820
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,84E-01	7,15E-01	0,13780
A020035_01	At5g06870 * putative polygalacturonase inhibiting protein	-1,17E+00	4,44E-01	0,08030
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,70E-01	7,22E-01	0,12090
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,85E-01	7,14E-01	0,09600
A002794_01	At1g54095 * unknown protein; protein id: At1g54095Nada1	-3,49E-01	7,85E-01	0,17250
A007309_01	At4g37680 * expressed protein; protein id: At4g37680Nada1	-6,35E-01	6,44E-01	0,08060
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,65E-01	7,24E-01	0,10900
A021917_01	At4g27560 * UDP rhamnose-anthocyanidin-3-glucoside rhamnosyltransferase - like protein	-6,97E-01	6,17E-01	0,07650
A019633_01	At3g22850 * unknown protein; protein id: At3g22850Nada1	-5,48E-01	6,84E-01	0,11480
A001934_01	At1g17745 * expressed protein; protein id: At1g17745Nada1	-4,27E-01	7,44E-01	0,11510
A015280_01	At4g13700 * putative protein; protein id: At4g13700Nada1	-5,60E-01	6,78E-01	0,14830
A012953_01	At4g19970 * hypothetical protein common family; protein id: At4g19970Nada1	-3,81E-01	7,68E-01	0,12340
A010497_01	At3g04530 * putative protein	-3,14E-01	8,04E-01	0,19260
A005195_01	At3g55440 * cytosolic triosephosphatase; protein id: At3g55440Nada1	-6,27E-01	6,48E-01	0,07250
A015506_01	At5g11110 * sucrose-phosphate synthase -like protein; protein id: At5g11110Nada1	-3,14E-01	8,04E-01	0,16250
A013996_01	At4g35190 * putative protein; protein id: At4g35190Nada1	-6,70E-01	6,29E-01	0,07370
A018734_01	At5g48280 * unknown protein; protein id: At5g48280Nada1	-5,38E-01	6,89E-01	0,10880
A024473_01	At1g59700 * putative protein	-1,10E+00	4,67E-01	0,16410
A019032_01	At5g66530 * apospory-associated protein C-like; protein id: At5g66530Nada1	-5,85E-01	6,67E-01	0,10980
A020617_01	At1g54100 * putative protein	-7,68E-01	5,87E-01	0,08030
A008873_01	At3g04070 * NAM-like protein (no apical meristem); protein id: At3g04070Nada1	-7,63E-01	5,89E-01	0,05440
A018935_01	At5g50800 * MtN3-like protein; protein id: At5g50800Nada1	-6,69E-01	6,29E-01	0,15970
A017824_01	At5g35320 * putative protein; protein id: At5g35320Nada1	-3,97E-01	7,59E-01	0,10870
A000424_01	At1g03940 * hypothetical protein; protein id: At1g03940Nada1	-5,77E-01	6,70E-01	0,14110
A011590_01	At3g05690 * putative transcription factor; protein id: At3g05690Nada1	-6,81E-01	6,24E-01	0,08350
A005008_01	At1g60680 * putative protein	-4,63E-01	7,25E-01	0,13650
A021943_01	At3g29250 * putative protein	-8,76E-01	5,45E-01	0,05500
A011364_01	At3g11230 * expressed protein; protein id: At3g11230Nada1	-6,96E-01	6,17E-01	0,10190
A012047_01	At3g22740 * putative selenocysteine methyltransferase; protein id: At3g22740Nada1	-5,16E-01	6,99E-01	0,07800
A022416_01	At4g26830 * glycosyl hydrolase family 17; protein id: At4g26830Nada1	-1,26E+00	4,18E-01	0,05440
A005955_01	At3g16190 * putative hydrolase; protein id: At3g16190Nada1	-4,95E-01	7,10E-01	0,16100
A022103_01	At2g37020 * translin-like protein; protein id: At2g37020Nada1	-6,57E-01	6,34E-01	0,08510
A011227_01	At3g60420 * putative protein; protein id: At3g60420Nada1	-1,16E+00	4,48E-01	0,07800
A007839_01	At2g43270 * putative myb-related transcription factor; protein id: At2g43270Nada1	-7,85E-01	5,80E-01	0,14420
A016885_01	At5g13900 * putative protein; protein id: At5g13900Nada1	-5,75E-01	6,71E-01	0,15230

Tabla Sup 3  
 Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A012000_01	At3g04370 * hypothetical protein; protein id: At3g04370Nada1	-5,39E-01	6,88E-01	0,17370
A015337_01	At4g05100 * myb DNA-binding protein; protein id: At4g05100Nada1	-3,70E-01	7,74E-01	0,15350
A006013_01	At3g01190 * putative protein	-1,16E+00	4,48E-01	0,10710
A022630_01	At4g30320 * PR-1-like protein; protein id: At4g30320Nada1	-4,64E-01	7,25E-01	0,19890
A020889_01	At4g11600 * putative protein	-9,60E-01	5,14E-01	0,06370
A019440_01	At5g64000 * 5-bisphosphate nucleotidase (embjCAB05889.1)	-1,31E+00	4,03E-01	0,06560
A019919_01	At1g27030 * expressed protein; protein id: At1g27030Nada1	-4,24E-01	7,45E-01	0,13530
A018950_01	At5g39730 * avirulence induced gene (AIG) - like protein; protein id: At5g39730Nada1	-7,60E-01	5,90E-01	0,06370
A016402_01	At5g10180 * sulfate transporter; protein id: At5g10180Nada1	-5,84E-01	6,67E-01	0,15130
A010961_01	At3g59140 * ABC transporter family protein; protein id: At3g59140Nada1	-6,19E-01	6,51E-01	0,09100
A007828_01	At2g28120 * nodulin-like protein; protein id: At2g28120Nada1	-6,79E-01	6,25E-01	0,15130
A013990_01	At4g39700 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At4g39700Nada1	-5,83E-01	6,68E-01	0,18360
A018960_01	At5g36940 * cationic amino acid transporter -like protein; protein id: At5g36940Nada1	-4,71E-01	7,21E-01	0,11480
A022230_01	At3g50380 * putative protein; protein id: At3g50380Nada1	-6,34E-01	6,44E-01	0,08610
A022506_01	At4g39600 * putative protein; protein id: At4g39600Nada1	-6,56E-01	6,35E-01	0,07320
A020212_01	At1g21360 * unknown protein; protein id: At1g21360Nada1	-4,27E-01	7,44E-01	0,14080
A004728_01	At1g44100 * putative protein	-4,28E-01	7,43E-01	0,15300
A012345_01	At3g12350 * F-box protein family; protein id: At3g12350Nada1	-3,90E-01	7,63E-01	0,17470
A012335_01	At3g57540 * putative protein; protein id: At3g57540Nada1	-4,02E-01	7,57E-01	0,12480
A016239_01	At5g37130 * putative protein; sen1-like protein	-7,81E-01	5,82E-01	0,09990
A018322_01	At5g67430 * N-acetyltransferase hookless1-like protein; protein id: At5g67430Nada1	-3,61E-01	7,79E-01	0,13580
A010611_01	At3g09560 * unknown protein; protein id: At3g09560Nada1	-4,94E-01	7,10E-01	0,14500
A021111_01	At1g67360 * putative protein	-4,94E-01	7,10E-01	0,13480
A013102_01	At4g13000 * putative protein; protein id: At4g13000Nada1	-3,70E-01	7,74E-01	0,12600
A008254_01	At2g34810 * FAD-linked oxidoreductase family; protein id: At2g34810Nada1	-5,25E-01	6,95E-01	0,19560
A013525_01	At4g09360 * putative protein	-7,51E-01	5,94E-01	0,09870
A018377_01	At5g61510 * quinone oxidoreductase - like protein; protein id: At5g61510Nada1	-7,31E-01	6,02E-01	0,06820
A011788_01	At3g21360 * unknown protein; protein id: At3g21360Nada1	-5,25E-01	6,95E-01	0,08590
A016833_01	At5g37700 * putative protein; protein id: At5g37700Nada1	-7,96E-01	5,76E-01	0,07250
A009654_01	At3g13110 * serine acetyltransferase (Sat-1); protein id: At3g13110Nada1	-3,89E-01	7,64E-01	0,17610
A017465_01	At5g49600 * putative protein; protein id: At5g49600Nada1	-5,00E-01	7,07E-01	0,08090
A015890_01	At5g05760 * syntaxin SYP31; protein id: At5g05760Nada1	-4,84E-01	7,15E-01	0,08970
A014219_01	At4g26220 * putative protein	-3,55E-01	7,82E-01	0,14060
A015008_01	At4g24740 * protein kinase (AFC2); protein id: At4g24740Nada1	-4,32E-01	7,41E-01	0,19310
A021220_01	At5g37780 * calmodulin 1 (CAM1); protein id: At5g37780Nada1	-5,67E-01	6,75E-01	0,08170
A008772_01	At2g24850 * putative tyrosine aminotransferase; protein id: At2g24850Nada1	-1,27E+00	4,15E-01	0,18810
A021925_01	At5g57240 * oxysterol-binding protein-like; protein id: At5g57240Nada1	-5,43E-01	6,86E-01	0,10470
A013986_01	At4g08570 * copper chaperone (CCH)-related; protein id: At4g08570Nada1	-3,69E-01	7,74E-01	0,19310
A014131_01	<b>At4g14040 * selenium-binding protein like; protein id: At4g14040Nada1</b>	<b>-0,96</b>	<b>5,13E-01</b>	<b>0,04190</b>
A008880_01	At3g59300 * putative protein; protein id: At3g59300Nada1	-3,33E-01	7,94E-01	0,17920
A012437_01	At3g46140 * protein kinase - like; protein id: At3g46140Nada1	-4,14E-01	7,51E-01	0,10890
A007455_01	At2g29460 * putative protein	-6,04E-01	6,58E-01	0,14050
A018715_01	At5g10750 * putative protein; protein id: At5g10750Nada1	-6,12E-01	6,54E-01	0,08060
A022561_01	At4g03630 * putative nodulin; protein id: At4g03630Nada1	-5,78E-01	6,70E-01	0,08540

Tabla Sup 3  
Genes con expresión disminuida en el mutante *phr1* e inducida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A024506_01	At2g36390 * starch branching enzyme II; protein id: At2g36390Nada1	-4,70E-01	7,22E-01	0,13800
A022489_01	At4g11200 * putative protein; protein id: At4g11200Nada1	-8,94E-01	5,38E-01	0,07250
A007291_01	At2g22470 * arabinogalactan-protein (AGP2); protein id: At2g22470Nada1	-4,88E-01	7,13E-01	0,08210
A012159_01	At3g09950 * hypothetical protein; protein id: At3g09950Nada1	-4,75E-01	7,19E-01	0,19560
A020017_01	At5g09530 * surface protein PspC-related; protein id: At5g09530Nada1	-5,62E-01	6,77E-01	0,07800
A012902_01	At4g00550 * similar to digalactosyldiacylglycerol; protein id: At4g00550Nada1	-4,01E-01	7,57E-01	0,12570
A011878_01	At3g61680 * putative protein; protein id: At3g61680Nada1	-3,89E-01	7,64E-01	0,16150
A009862_01	At3g61410 * putative protein; protein id: At3g61410Nada1	-7,78E-01	5,83E-01	0,06590
A020980_01	At5g40370 * glutaredoxin -like protein; protein id: At5g40370Nada1	-3,71E-01	7,73E-01	0,15460
A013444_01	At4g02090 * hypothetical protein; protein id: At4g02090Nada1	-4,20E-01	7,47E-01	0,19140
A006707_01	At2g24000 * putative serine carboxypeptidase II; protein id: At2g24000Nada1	-5,31E-01	6,92E-01	0,10060
A024038_01	putative protein - supported by cDNA: 11944. *	-7,17E-01	6,08E-01	0,06370
A018349_01	At5g24030 * putative protein; protein id: At5g24030Nada1	-8,39E-01	5,59E-01	0,06200
A009087_01	<b>At3g45140 * lipoxygenase AtLOX2; protein id: At3g45140Nada1</b>	<b>-1,71</b>	<b>3,06E-01</b>	<b>0,02590</b>
A013595_01	At4g17480 * putative protein; protein id: At4g17480Nada1	-6,39E-01	6,42E-01	0,08390
A009741_01	At3g07400 * hypothetical protein; protein id: At3g07400Nada1	-4,78E-01	7,18E-01	0,19880
A017188_01	At5g01900 * WRKY family transcription factor; protein id: At5g01900Nada1	-7,43E-01	5,97E-01	0,18810
A012034_01	At3g21510 * putative protein	-4,71E-01	7,21E-01	0,10470
A007668_01	At2g26560 * putative protein	-1,31E+00	4,03E-01	0,15810
A021452_01	At5g58780 * putative protein	-5,17E-01	6,99E-01	0,09770
A012467_01	At3g21230 * putative 4-coumarate:CoA ligase 2; protein id: At3g21230Nada1	-6,75E-01	6,26E-01	0,10660
A009795_01	At3g18880 * putative protein	-3,15E-01	8,04E-01	0,16010
A024437_01	At5g15070 * putative protein; protein id: At5g15070Nada1	-5,18E-01	6,98E-01	0,08590
A006975_01	At2g46680 * homeodomain transcription factor (ATHB-7); protein id: At2g46680Nada1	-4,53E-01	7,31E-01	0,17250
A007969_01	At2g39270 * similar to putative adenylate kinase; protein id: At2g39270Nada1	-4,13E-01	7,51E-01	0,16360
A025961_01	At4g34180 * putative protein; protein id: At4g34180Nada1	-5,44E-01	6,86E-01	0,08060
A003528_01	At1g76520 * expressed protein; protein id: At1g76520Nada1	-8,28E-01	5,63E-01	0,06200
A019574_01	At4g23980 * auxin response transcription factor (ARF9); protein id: At4g23980Nada1	-3,06E-01	8,09E-01	0,19480
A020413_01	At3g08510 * phosphoinositide specific phospholipase C(AtPLC2); protein id: At3g08510Nada1	-7,00E-01	6,16E-01	0,11560

Tabla Sup 4  
Genes con expresión aumentada en el mutante *phr1* y reprimida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A009127_01	At3g12930 * expressed protein; protein id: At3g12930Nada1	9,35E-01	1,91E+00	0,08050
A002045_01	<b>At1g74670 * GAST1-like protein; protein id: At1g74670Nada1</b>	<b>1,58</b>	<b>2,99E+00</b>	<b>0,02590</b>
A018297_01	At5g47190 * putative protein; protein id: At5g47190Nada1	7,08E-01	1,63E+00	0,12510
A021253_01	At5g15200 * 40S ribosomal protein - like; protein id: At5g15200Nada1	5,92E-01	1,51E+00	0,09520
A009498_01	At3g43600 * aldehyde oxidase; protein id: At3g43600Nada1	5,01E-01	1,42E+00	0,19760
A024599_01	At2g25080 * putative protein	7,09E-01	1,63E+00	0,08030
A013699_01	At4g17560 * putative protein; protein id: At4g17560Nada1	5,70E-01	1,48E+00	0,14780
A017207_01	At5g55220 * trigger factor-like protein; protein id: At5g55220Nada1	7,10E-01	1,64E+00	0,07250
A004597_01	At1g23390 * Kelch repeat containing F-box protein family; protein id: At1g23390Nada1	1,47E+00	2,77E+00	0,05810
A003800_01	At1g07320 * expressed protein; protein id: At1g07320Nada1	5,02E-01	1,42E+00	0,12990
A016148_01	<b>At5g49360 * xylosidase glycosyl hydrolase family 3; protein id: At5g49360Nada1</b>	<b>1,46</b>	<b>2,75E+00</b>	<b>0,02590</b>
A020659_01	At3g03630 * O-acetylserine (thiol) lyase; protein id: At3g03630Nada1	6,86E-01	1,61E+00	0,09730
A018019_01	At5g14740 * CARBONIC ANHYDRASE 2; protein id: At5g14740Nada1	1,60E+00	3,03E+00	0,07800
A008445_01	At2g43030 * 50S ribosomal protein L3; protein id: At2g43030Nada1	6,51E-01	1,57E+00	0,08590
A012115_01	At3g18680 * putative protein	7,73E-01	1,71E+00	0,12810
A011002_01	At3g26710 * expressed protein; protein id: At3g26710Nada1	1,17E+00	2,25E+00	0,05440
A008651_01	At2g40490 * putative uroporphyrinogen decarboxylase; protein id: At2g40490Nada1	3,74E-01	1,30E+00	0,13580
A012754_01	At3g13750 * glycosyl hydrolase family 35 (beta-galactosidase); protein id: At3g13750Nada1	1,12E+00	2,17E+00	0,05500
A018069_01	At5g65220 * 50S ribosomal protein L29; protein id: At5g65220Nada1	5,83E-01	1,50E+00	0,17050
A011533_01	At3g06980 * putative protein	8,07E-01	1,75E+00	0,09100
A020835_01	At1g29070 * putative protein	7,90E-01	1,73E+00	0,13720
A005783_01	At1g02280 * putative GTP-binding protein; protein id: At1g02280Nada1	7,53E-01	1,69E+00	0,08030
A007714_01	At2g44920 * thylakoid lumen pentapeptide repeat family protein; protein id: At2g44920Nada2	7,19E-01	1,65E+00	0,05880
A011396_01	At3g08740 * putative elongation factor P (EF-P); protein id: At3g08740Nada1	9,66E-01	1,95E+00	0,08030
A012203_01	At3g14930 * putative protein	5,54E-01	1,47E+00	0,17170
A020863_01	At2g39730 * auxin-regulated protein; protein id: At2g39730Nada1	6,85E-01	1,61E+00	0,19080
A018662_01	At5g35540 * putative protein; protein id: At5g35540Nada1	7,68E-01	1,70E+00	0,12810
A008605_01	At2g22990 * putative serine carboxypeptidase I; protein id: At2g22990Nada1	8,42E-01	1,79E+00	0,08030
A009495_01	At3g21640 * putative protein	5,79E-01	1,49E+00	0,17170
A003512_01	At1g12800 * putative protein	5,67E-01	1,48E+00	0,13220
A001141_01	At1g06950 * putative protein	7,66E-01	1,70E+00	0,10470
A016046_01	At5g45680 * FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; protein id: At5g45680Nada1	6,85E-01	1,61E+00	0,05460
A020197_01	At4g01310 * putative L5 ribosomal protein; protein id: At4g01310Nada1	8,07E-01	1,75E+00	0,14970
A013832_01	At4g29060 * unknown protein; protein id: At4g29060	6,88E-01	1,61E+00	0,08780
A016303_01	At5g29771 * ribosomal protein S1; protein id: At5g29771Nada1	6,44E-01	1,56E+00	0,09100
A008268_01	At2g46200 * hypothetical protein; protein id: At2g46200Nada1	1,11E+00	2,16E+00	0,07950
A013835_01	At4g26370 * putative protein; protein id: At4g26370Nada1	8,07E-01	1,75E+00	0,10690
A019291_01	At5g46580 * putative protein; protein id: At5g46580Nada1	6,04E-01	1,52E+00	0,09100
A003373_01	At1g76010 * expressed protein; protein id: At1g76010Nada1	6,86E-01	1,61E+00	0,07800
A010758_01	At3g27160 * expressed protein; protein id: At3g27160Nada1	3,75E-01	1,30E+00	0,12060
A005023_01	At5g26742 * partial protein - protein id At5g26742.1	1,08E+00	2,11E+00	0,06040
A012752_01	<b>At3g54090 * fructokinase - like protein; protein id: At3g54090Nada1</b>	<b>1,08</b>	<b>2,11E+00</b>	<b>0,04860</b>
A015075_01	At4g01050 * expressed protein; protein id: At4g01050Nada1	8,09E-01	1,75E+00	0,11050
A020621_01	At4g09650 * H+-transporting ATP synthase-like protein; protein id: At4g09650Nada1	3,60E-01	1,28E+00	0,12980



Tabla Sup 4  
 Genes con expresión aumentada en el mutante *phr1* y reprimida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A008017_01	At2g33800 * 30S ribosomal protein S5; protein id: At2g33800Nada1	8,00E-01	1,74E+00	0,09080
A008909_01	At3g26900 * putative shikimate kinase; protein id: At3g26900Nada1	1,04E+00	2,06E+00	0,06040
A020001_01	<b>At1g55490 * Rubisco subunit binding-protein beta subunit; protein id: At1g55490Nada1</b>	<b>1,03</b>	<b>2,04E+00</b>	<b>0,04460</b>
A020516_01	At5g20720 * chloroplast Cpn21 protein; protein id: At5g20720Nada1	1,19E+00	2,28E+00	0,07350
A021289_01	At4g13170 * ribosomal protein L13a like protein; protein id: At4g13170Nada1	4,88E-01	1,40E+00	0,13140
A001369_01	At1g10522 * Expressed protein; protein id: At1g10522Nada1	7,62E-01	1,70E+00	0,08040
A008030_01	At2g35500 * expressed protein; protein id: At2g35500Nada1	5,45E-01	1,46E+00	0,10980
A000945_01	At1g56050 * putative protein	6,12E-01	1,53E+00	0,08780
A020550_01	At3g07110 * putative 60S ribosomal protein L13A; protein id: At3g07110Nada1	6,32E-01	1,55E+00	0,10020
A005439_01	At3g51870 * putative carrier protein; protein id: At3g51870Nada1	7,36E-01	1,67E+00	0,13220
A004276_01	At1g03660 * unknown; protein id: At1g03660Nada1	6,13E-01	1,53E+00	0,13650
A017657_01	At5g45930 * magnesium chelatase subunit of protochlorophyllide reductase	5,23E-01	1,44E+00	0,12480
A006400_01	At2g32650 * expressed protein; protein id: At2g32650Nada1	7,97E-01	1,74E+00	0,13260
A017933_01	At5g66470 * GTP-binding protein-like; protein id: At5g66470Nada1	5,10E-01	1,42E+00	0,10200
A000988_01	At1g15980 * expressed protein; protein id: At1g15980Nada1	7,19E-01	1,65E+00	0,09080
A006034_01	At2g43560 * FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; protein id: At2g43560Nada1	3,86E-01	1,31E+00	0,15770
A014728_01	At4g16390 * salt-inducible protein homolog; protein id: At4g16390Nada1	5,99E-01	1,51E+00	0,07250
A011784_01	At3g04790 * putative ribose 5-phosphate isomerase; protein id: At3g04790Nada1	6,69E-01	1,59E+00	0,13800
A013775_01	At4g02790 * hypothetical protein; protein id: At4g02790Nada1	6,91E-01	1,61E+00	0,07540
A001289_01	At1g35680 * 50S ribosomal protein L21 chloroplast precursor (CL21); protein id: At1g35680Nada1	6,46E-01	1,56E+00	0,11020
A018046_01	At5g08650 * putative protein	8,13E-01	1,76E+00	0,08090
A020324_01	At5g53490 * chloroplast precursor; protein id: At5g53490.1 *	4,08E-01	1,33E+00	0,13180
A003769_01	At1g31660 * putative; protein id: At1g31660.1 *	4,42E-01	1,36E+00	0,16650
A012328_01	At3g15850 * putative delta 9 desaturase; protein id: At3g15850Nada1	7,00E-01	1,62E+00	0,12570
A020981_01	At5g20160 * ribosomal protein L7Ae-like; protein id: At5g20160Nada1	9,28E-01	1,90E+00	0,12040
A011634_01	At3g54210 * ribosomal protein L17 -like protein; protein id: At3g54210Nada1	6,39E-01	1,56E+00	0,11680
A020188_01	At4g24770 * RNA-binding protein RNP-T precursor	5,61E-01	1,48E+00	0,07320
A013018_01	At4g27600 * carbohydrate kinase - like protein; protein id: At4g27600Nada1	7,00E-01	1,62E+00	0,05440
A020731_01	At2g40000 * putative nematode-resistance protein; protein id: At2g40000Nada1	1,00E+00	2,00E+00	0,10570
A002722_01	At1g66230 * myb family transcription factor(MYB20); protein id: At1g66230Nada1	6,96E-01	1,62E+00	0,07990
A024336_01	At3g48360 * putative protein; protein id: At3g48360Nada1	7,70E-01	1,71E+00	0,09960
A019683_01	At5g52960 * putative protein; protein id: At5g52960Nada1	7,77E-01	1,71E+00	0,06590
A013522_01	At4g09040 * RRM-containing protein; protein id: At4g09040Nada1	5,91E-01	1,51E+00	0,06370
A006095_01	At2g35040 * putative phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase; protein id: At2g35040Nada1	7,11E-01	1,64E+00	0,09410
A010739_01	At3g01500 * chloroplast precursor; protein id: At3g01500.1 *	9,11E-01	1,88E+00	0,15300
A012353_01	At3g21530 * unknown protein; protein id: At3g21530Nada1	7,43E-01	1,67E+00	0,05440
A013765_01	At4g35250 * putative protein; protein id: At4g35250Nada1	7,91E-01	1,73E+00	0,06820
A011978_01	At3g63190 * putative protein; protein id: At3g63190Nada1	7,49E-01	1,68E+00	0,08350
A005726_01	At3g62030 * peptidylprolyl isomerase ROC4; protein id: At3g62030Nada1	6,00E-01	1,52E+00	0,19410
A009514_01	At3g13460 * unknown protein; protein id: At3g13460Nada1	9,14E-01	1,88E+00	0,11710
A019209_01	At5g51110 * unknown protein	3,94E-01	1,31E+00	0,13000
A005746_01	At3g49010 * BBC1 protein; protein id: At3g49010.2 *	4,77E-01	1,39E+00	0,15430
A007219_01	At2g04030 * putative heat shock protein; protein id: At2g04030Nada1	8,16E-01	1,76E+00	0,07540
A001090_01	At1g71720 * putative; protein id: At1g71720.1 *	4,41E-01	1,36E+00	0,14840

Tabla Sup 4  
 Genes con expresión aumentada en el mutante *phr1* y reprimida en el fondo silvestre en -Pi

ID Operon	Número Identificativo TAIR y función proteica	log ratio <i>phr1</i> /Silv.	Ratio <i>phr1</i> /Silv.	Valor FDR
A017015_01	At5g17870 * plastid-specific ribosomal protein 6 precursor (Psrp-6) - like	5,38E-01	1,45E+00	0,13550
A015908_01	At5g63780 * putative protein; protein id: At5g63780Nada1	8,46E-01	1,80E+00	0,09100
A016750_01	At5g11450 * oxygen-evolving complex related protein; protein id: At5g11450Nada1	7,79E-01	1,72E+00	0,08090
A019626_01	At3g51820 * chlorophyll synthetase; protein id: At3g51820Nada1	5,56E-01	1,47E+00	0,10460
A006254_01	At2g20890 * expressed protein; protein id: At2g20890Nada1	4,36E-01	1,35E+00	0,16530
A020346_01	At5g54600 * chloroplast precursor; protein id: At5g54600.1 *	5,13E-01	1,43E+00	0,08970
A003544_01	At1g16720 * unknown protein; protein id: At1g16720Nada1	1,07E+00	2,10E+00	0,07360
A020838_01	At3g25480 * rhodanese-like domain protein; protein id: At3g25480Nada1	4,22E-01	1,34E+00	0,09990
A001760_01	At1g52930 * expressed protein; protein id: At1g52930Nada1	4,44E-01	1,36E+00	0,13840
A004236_01	At1g71500 * expressed protein; protein id: At1g71500Nada1	6,96E-01	1,62E+00	0,09960
A001153_01	At1g80380 * auxin-regulated protein; protein id: At1g80380Nada2	5,50E-01	1,46E+00	0,07540
A004680_01	At1g68590 * expressed protein; protein id: At1g68590Nada1	3,88E-01	1,31E+00	0,13630
A016886_01	At5g24490 * putative protein; protein id: At5g24490Nada1	4,01E-01	1,32E+00	0,15870
A025719_01	At4g34090 * expressed protein; protein id: At4g34090Nada1	9,05E-01	1,87E+00	0,11190
A004058_01	At1g16880 * expressed protein; protein id: At1g16880Nada1	5,82E-01	1,50E+00	0,12920
A010310_01	At3g47650 * putative protein; protein id: At3g47650Nada1	5,41E-01	1,45E+00	0,13630
A007555_01	At2g44640 * expressed protein; protein id: At2g44640Nada1	7,83E-01	1,72E+00	0,08060
A005379_01	At5g28770 * bZIP family transcription factor; protein id: At5g28770Nada1	5,62E-01	1,48E+00	0,17650
A003006_01	At1g79850 * chloroplast precursor (CS17); protein id: At1g79850.1 *	5,64E-01	1,48E+00	0,17250
A020596_01	At4g38160 * putative protein; protein id: At4g38160Nada1	3,72E-01	1,29E+00	0,18590
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	8,73E-01	1,83E+00	0,07800
A022862_01	At5g55915 * nucleolar protein-like; protein id: At5g55915Nada1	3,70E-01	1,29E+00	0,12630
A017194_01	At5g02710 * putative protein; protein id: At5g02710Nada1	7,34E-01	1,66E+00	0,09080
A009792_01	At3g19810 * expressed protein; protein id: At3g19810Nada1	3,86E-01	1,31E+00	0,14530
A012789_01	At3g62910 * translation releasing factor RF-1 -like protein; protein id: At3g62910Nada1	3,78E-01	1,30E+00	0,16010
A024681_01	At2g23350 * putative; protein id: At2g23350.1 *	4,71E-01	1,39E+00	0,09520
A012818_01	At3g63140 * mRNA binding protein precursor - like; protein id: At3g63140Nada1	4,65E-01	1,38E+00	0,16490
A015324_01	At4g00620 * putative tetrahydrofolate synthase; protein id: At4g00620Nada1	4,63E-01	1,38E+00	0,10360
A016585_01	At5g03940 * signal recognition particle 54CP protein precursor; protein id: At5g03940Nada1	5,39E-01	1,45E+00	0,16490
A003690_01	At1g59990 * putative putative; protein id: At1g59990.1	5,34E-01	1,45E+00	0,10000
A012578_01	At3g25920 * chloroplast precursor; protein id: At3g25920.1	7,67E-01	1,70E+00	0,15130
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	7,32E-01	1,66E+00	0,12380
A008630_01	At2g33180 * unknown protein; protein id: At2g33180Nada1	7,55E-01	1,69E+00	0,09800
A019748_01	At1g70370 * putative; protein id: At1g70370.1	4,61E-01	1,38E+00	0,17100
A015971_01	At5g22340 * unknown protein; protein id: At5g22340Nada1	6,32E-01	1,55E+00	0,14080
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	7,02E-01	1,63E+00	0,09310
A008682_01	At2g39670 * expressed protein; protein id: At2g39670Nada1	7,78E-01	1,71E+00	0,08350
A017053_01	At5g57120 * putative protein; protein id: At5g57120Nada1	3,87E-01	1,31E+00	0,14780
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	7,34E-01	1,66E+00	0,12590
A024291_01	At1g14320 * putative; protein id: At1g14320.1	4,57E-01	1,37E+00	0,15810
A005203_01	At5g49910 * heat shock protein 70 (gb AAF27639Nada1); protein id: At5g49910Nada1	7,70E-01	1,71E+00	0,12300





Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	9	10	11	12	13	14
Inducidos estrés	Biotic: <i>P. syringae</i> (+)	Chemical: 2,4,6 T (+)	Chemical: 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (+)	Chemical: 4-thiazolidinone/acetic acid (+)	Chemical: 6-benzyl adenine (+)	Chemical: AgNO3 (+)
Totales	995	991	2100	869	1661	1694
<b>Inducidos -Pi</b>						
Coincidentes Ind -Pi 2x	67	33	68	24	33	64
1-Binomial	1,9873E-14	0,005396531	0,000265899	0,086789954	0,635159947	4,30451E-06
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	32	4	19			20
1-binomial motivos P1BS	0,041049873	0,999015832	0,947375962			0,841299177
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	41	13	37	12	24	32
1-Binomial respecto a -Pi	0,427830938	0,938634569	0,723246536	0,695838629	0,148014043	0,856922239
Binomial respecto a -Pi	0,572169062	0,061365431	0,276753464	0,304161371	0,851985957	0,143077761
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS						
1-binomial motivos P1BS						
<b>Reprimidos -Pi</b>						
Coincidentes Rep -Pi 2x	1	3	7	3	26	12
1-Binomial	0,999923877	0,997629046	0,999987493	0,992603852	0,060340954	0,967782515
Nr. Genes que poseen motivos P1BS						
1-binomial motivos P1BS						
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	0	0	2	1	12	2
1-Binomial respecto a -P	0,33402585	0,705801567	0,542518744	0,344082181	0,256577001	0,869112884
Binomial respecto a -Pi	0,66597415	0,294198433	0,457481256	0,655917819	0,743422999	0,130887116
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS						
1-binomial motivos P1BS						
<b>Reprimidos estrés</b>						
Totales	752	1047	2953	970	3644	2729
<b>Inducidos -Pi</b>						
Coincidentes Ind -Pi 2x	8	26	45	45	165	72
1-Binomial	0,980966936	0,187895193	0,993737615	6,20844E-07	1,4766E-14	0,027924594
Nr. Genes que poseen motivos P1BS				19	49	27
1-binomial motivos P1BS	0,021553867	3,83669E-06	4,22746E-10	0,233251482	0,985018563	0,489561787
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	3	12	33	24	84	39
1-Binomial respecto a -Pi	0,713812761	0,794755705	0,107327921	0,700193954	0,967841344	0,741526854
Binomial respecto a -Pi	0,286187239	0,205244295	0,892672079	0,299806046	0,032158656	0,258473146
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS					23	
1-binomial motivos P1BS					0,026111693	
<b>Reprimidos -Pi</b>						
Coincidentes Rep -Pi 2x	45	3	15	6	30	21
1-Binomial	1,08802E-14	0,998615666	0,999951956	0,943784279	0,985891073	0,983442388
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	7					
1-binomial motivos P1BS	0,534462586					
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	20	2	4	2	12	6
1-Binomial respecto a -Pi	0,278737055	0,123492654	0,73327405	0,440534423	0,445031975	0,755659425
Binomial respecto a -Pi	0,721262945	0,876507346	0,26672595	0,559465577	0,554968025	0,244340575
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS						
1-binomial motivos P1BS						

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.

Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	15	16	17	18	19	20	21	22
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Chemical: AVG (+)</b>	<b>Chemical: brz220 (+)</b>	<b>Chemical: brz91 (+)</b>	<b>Chemical: chitin (+)</b>	<b>Chemical: CO2 high</b>	<b>Chemical: cycloheximide (+)</b>	<b>Chemical: daminozide (+)</b>	<b>Chemical: furyl acrylate ester (+)</b>
Totales	483	548	712	1503	1032	3127	611	860
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	16	10	19	26	20	122	11	39
1-Binomial	0,033913623	0,628153309	0,136261272	0,852606889	0,627074012	9,97447E-12	0,659658026	5,45968E-06
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	4					54		22
1-binomial motivos P1BS	0,79181914					0,068482519		0,006569493
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	9	5	13	13	9	81	5	14
1-Binomial respecto a -Pi	0,502782024	0,563877286	0,263868223	0,708616586	0,771107056	0,155685358	0,655438918	0,979710455
Binomial respecto a -Pi	0,497217976	0,436122714	0,736131777	0,291383414	0,228892944	0,844314642	0,344561082	0,020289545
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								4
1-binomial motivos P1BS								0,669428622
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	2	3	6	6	26	11	2	3
1-Binomial	0,926914876	0,891075354	0,742101937	0,999121581	0,000116953	0,999999887	0,976752798	0,991972893
Nr. Genes que poseen motivos P1BS					5			
1-binomial motivos P1BS					0,292423345			
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	1	0	1	2	4	2	0	1
1-Binomial respecto a -P	0,195192319	0,705801567	0,702122909	0,440534423	0,983243619	0,827474221	0,557066276	0,344082181
Binomial respecto a -Pi	0,804807681	0,294198433	0,297877091	0,559465577	0,016756381	0,172525779	0,442933724	0,655917819
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS					0			
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Chemical: AVG (+)</b>	<b>Chemical: brz220 (+)</b>	<b>Chemical: brz91 (+)</b>	<b>Chemical: chitin (+)</b>	<b>Chemical: CO2 high</b>	<b>Chemical: cycloheximide (+)</b>	<b>Chemical: daminozide (+)</b>	<b>Chemical: furyl acrylate ester (+)</b>
Totales	1778	1572	1229	515	1906	4130	1620	654
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	24	18	20	13	82	116	27	18
1-Binomial	0,992317425	0,998285728	0,882216145	0,22023063	5,69426E-10	0,000701385	0,901979777	0,115083159
Nr. Genes que poseen motivos P1BS					24	38		
1-binomial motivos P1BS					0,939218083	0,862293442		
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	18	12	13	7	44	54	24	14
1-Binomial respecto a -Pi	0,143454338	0,297381947	0,327343128	0,529541802	0,782027568	0,984409072	0,024433108	0,134490251
Binomial respecto a -Pi	0,856545662	0,702618053	0,672656872	0,470458198	0,217972432	0,015590928	0,975566892	0,865509749
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS						12		
1-binomial motivos P1BS						0,009911525		
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	1	1	1	0	15	87	1	6
1-Binomial	0,999999993	0,999999916	0,999994964	0,997929682	0,947048386	7,08143E-09	0,999999953	0,659312321
Nr. Genes que poseen motivos P1BS						12		
1-binomial motivos P1BS						0,232075595		
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	0	1	0	0	2	37	0	2
1-Binomial respecto a -Pi	0,33402585	0,062863737	0,33402585	-	0,946015705	0,327488704	0,33402585	0,440534423
Binomial respecto a -Pi	0,66597415	0,937136263	0,66597415	-	0,053984295	0,672511296	0,66597415	0,559465577
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.

Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	23	24	25	26	27	28	29
Inducidos estrés	Chemical: hydrogen peroxide (+)	Chemical: ibuprofen (+)	Chemical: isoxaben (+)	Chemical: MG13 (+)	Chemical: norflurazon (+)	Chemical: NPA (+)	Chemical: ozone_1
Totales	1335	994	2970	631	1434	484	1893
<b>Inducidos -Pi</b>							
Coincidentes Ind -Pi 2x	37	30	29	15	28	7	96
1-Binomial	0,049502524	0,02555687	0,999999784	0,282662109	0,659796085	0,81471979	1,35447E-14
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	10	7					36
1-binomial motivos P1BS	0,889922737	0,066509445					0,496975422
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	19	15	15	7	13	3	52
1-Binomial respecto a -Pi	0,729725558	0,731746905	0,682099611	0,688126009	0,801971689	0,612511832	0,788044353
Binomial respecto a -Pi	0,270274442	0,268253095	0,317900389	0,311873991	0,198028311	0,387488168	0,211955647
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
<b>Reprimidos -Pi</b>							
Coincidentes Rep -Pi 2x	10	9	145	9	12	1	7
1-Binomial	0,924797885	0,744500295	1,19904E-14	0,219075183	0,876117891	0,979283579	0,999912995
Nr. Genes que poseen motivos P1BS			29				
1-binomial motivos P1BS			0,826117063				
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	3	1	65	2	7	0	2
1-Binomial respecto a -P	0,581230069	0,883077584	0,116691471	0,710691056	0,115950744	0,33402585	0,542518744
Binomial respecto a -Pi	0,418769931	0,116922416	0,883308529	0,289308944	0,884049256	0,66597415	0,457481256
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
<b>Reprimidos estrés</b>							
Totales	829	1183	2816	1610	2689	1929	1736
<b>Inducidos -Pi</b>							
Coincidentes Ind -Pi 2x	30	26	173	32	82	25	29
1-Binomial	0,00238501	0,396874091	1,9762E-14	0,630704433	0,000477139	0,99690096	0,909620373
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	9		83		29		
1-binomial motivos P1BS	0,763391665		0,003242143		0,651028027		
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	17	13	113	17	56	16	16
1-Binomial respecto a -Pi	0,548376077	0,708616586	0,149395156	0,657999518	0,145170495	0,346011292	0,587684112
Binomial respecto a -Pi	0,451623923	0,291383414	0,850604844	0,342000482	0,854829505	0,653988708	0,412315888
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
<b>Reprimidos -Pi</b>							
Coincidentes Rep -Pi 2x	6	5	8	2	49	0	44
1-Binomial	0,865688575	0,995428141	0,999999961	0,999999943	0,000910058	1	6,20332E-07
Nr. Genes que poseen motivos P1BS					14		6
1-binomial motivos P1BS					0,983333559		0,335963233
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	1	3	1	0	20	0	20
1-Binomial respecto a -Pi	0,702122909	0,146723133	0,838512328	0,557066276	0,429676532	-	0,244440935
Binomial respecto a -Pi	0,297877091	0,853276867	0,161487672	0,442933724	0,570323468	-	0,755559065
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.

Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	30	31	32	33	34	35	36
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Chemical: paclobutrazole (+)</b>	<b>Chemical: PCIB (+)</b>	<b>Chemical: PNO8 (+)</b>	<b>Chemical: prohexadione (+)</b>	<b>Chemical: propiconazole (+)</b>	<b>Chemical: syringolin (+)</b>	<b>Chemical: TIBA (+)</b>
Totales	475	1374	881	917	580	3335	1369
<b>Inducidos -Pi</b>							
Coincidentes Ind -Pi 2x	14	38	35	25	15	67	65
1-Binomial	0,090971314	0,046971862	0,000211897	0,092923121	0,185839423	0,692006853	8,90221E-10
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		7	8				17
1-binomial motivos P1BS		0,007644951	0,042800617				0,029474665
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	7	15	17	19	8	30	32
1-Binomial respecto a -Pi	0,612998647	0,953535066	0,792499205	0,126762408	0,556161012	0,957788127	0,878424942
Binomial respecto a -Pi	0,387001353	0,046464934	0,207500795	0,873237592	0,443838988	0,042211873	0,121575058
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		4					14
1-binomial motivos P1BS		0,264202352				0,875070036	
<b>Reprimidos -Pi</b>							
Coincidentes Rep -Pi 2x	3	3	7	3	6	10	5
1-Binomial	0,815969417	0,999949078	0,822921166	0,995244138	0,533740985	0,999999997	0,999099821
Nr. Genes que poseen motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	1	0	0	1	1	3	1
1-Binomial respecto a -P	0,344082181	0,705801567	0,943509894	0,344082181	0,702122909	0,581230069	0,604091936
Binomial respecto a -Pi	0,655917819	0,294198433	0,056490106	0,655917819	0,297877091	0,418769931	0,395908064
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Chemical: paclobutrazole (+)</b>	<b>Chemical: PCIB (+)</b>	<b>Chemical: PNO8 (+)</b>	<b>Chemical: prohexadione (+)</b>	<b>Chemical: propiconazole (+)</b>	<b>Chemical: syringolin (+)</b>	<b>Chemical: TIBA (+)</b>
Totales	1752	1407	1269	1027	1455	4267	1992
<b>Inducidos -Pi</b>							
Coincidentes Ind -Pi 2x	25	25	23	12	19	134	55
1-Binomial	0,983920376	0,808289596	0,763615282	0,986706578	0,988940277	8,79569E-07	0,023149772
Nr. Genes que poseen motivos P1BS						41	16
1-binomial motivos P1BS						0,043120878	0,106699601
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	17	18	12	6	8	91	26
1-Binomial respecto a -Pi	0,258120214	0,184694084	0,637226408	0,590279712	0,813720651	0,093234604	0,894865588
Binomial respecto a -Pi	0,741879786	0,815305916	0,362773592	0,409720288	0,186279349	0,906765396	0,105134412
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							
<b>Reprimidos -Pi</b>							
Coincidentes Rep -Pi 2x	1	2	2	2	3	90	7
1-Binomial	0,999999991	0,999994257	0,999973317	0,999636017	0,99997832	3,17999E-09	0,999965186
Nr. Genes que poseen motivos P1BS						14	
1-binomial motivos P1BS						0,384124585	
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	0	1	1	1	2	35	3
1-Binomial respecto a -Pi	0,33402585	0,195192319	0,195192319	0,195192319	0,123492654	0,574752781	0,316755842
Binomial respecto a -Pi	0,66597415	0,804807681	0,804807681	0,804807681	0,876507346	0,425247219	0,683244158
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS							
1-binomial motivos P1BS							

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.

Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	37	38	39	40	41	42	43	44	45
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Chemical: uniconazole (+)</b>	<b>Chemical: zearalenone (+)</b>	<b>Hormone: ABA (+)</b>	<b>Hormone: ACC (+)</b>	<b>Hormone: BL (+)</b>	<b>Hormone: BL / H3BO3 (+)</b>	<b>Hormone: ethylene (+)</b>	<b>Hormone: GA3 (+)</b>	<b>Hormone: IAA_1</b>
Totales	510	764	1326	799	936	3680	755	629	726
<b>Inducidos -Pi</b>									
Coincidentes Ind -Pi 2x	9	18	98	17	39	80	20	11	18
1-Binomial	0,654646827	0,291392191	7,32747E-15	0,448513098	3,65073E-05	0,415996373	0,138476221	0,69741096	0,219204275
Nr. Genes que poseen motivos P1BS			34		23				
1-binomial motivos P1BS			0,279420083		0,997455785				
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	5	13	57	10	30	41	10	7	10
1-Binomial respecto a -Pi	0,462296623	0,205501192	0,59555956	0,453171929	0,074418541	0,858937337	0,667191153	0,349557493	0,528740235
Binomial respecto a -Pi	0,537703377	0,794498808	0,40444044	0,546828071	0,925581459	0,141062663	0,332808847	0,650442507	0,471259765
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS									
1-binomial motivos P1BS									
<b>Reprimidos -Pi</b>									
Coincidentes Rep -Pi 2x	3	0	5	2	5	48	6	1	5
1-Binomial	0,856128317	0,9999038	0,998676819	0,996206753	0,967399398	0,208088793	0,793704308	0,995515832	0,862786461
Nr. Genes que poseen motivos P1BS									
1-binomial motivos P1BS									
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	0	0	2	0	0	20	1	0	1
1-Binomial respecto a -P	0,705801567	-	0,331291252	0,557066276	0,870732604	0,390596311	0,702122909	0,33402585	0,604091936
Binomial respecto a -Pi	0,294198433	-	0,668708748	0,442933724	0,129267396	0,609403689	0,297877091	0,66597415	0,395908064
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS									
1-binomial motivos P1BS									
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Chemical: uniconazole (+)</b>	<b>Chemical: zearalenone (+)</b>	<b>Hormone: ABA (+)</b>	<b>Hormone: ACC (+)</b>	<b>Hormone: BL (+)</b>	<b>Hormone: BL / H3BO3 (+)</b>	<b>Hormone: ethylene (+)</b>	<b>Hormone: GA3 (+)</b>	<b>Hormone: IAA_1</b>
Totales	1670	751	789	403	419	2315	840	330	659
<b>Inducidos -Pi</b>									
Coincidentes Ind -Pi 2x	19	15	11	4	3	161	32	2	11
1-Binomial	0,998879423	0,549656762	0,916136035	0,933319444	0,979363942	1,57652E-14	0,000752021	0,972782763	0,754427994
Nr. Genes que poseen motivos P1BS						76	14		
1-binomial motivos P1BS						0,992550251	0,800650868		
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	11	6	4	3	2	108	18	2	7
1-Binomial respecto a -Pi	0,480684575	0,803722013	0,795960642	0,225049514	0,273285772	0,092301941	0,56666453	0,122389709	0,349557493
Binomial respecto a -Pi	0,519315425	0,196277987	0,204039358	0,774950486	0,726714228	0,907698059	0,43333547	0,877610291	0,650442507
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS									
1-binomial motivos P1BS									
<b>Reprimidos -Pi</b>									
Coincidentes Rep -Pi 2x	2	1	4	0	1	18	6	0	0
1-Binomial	0,99999715	0,998842707	0,958586478	0,991961287	0,95981339	0,969912724	0,872310217	0,980611793	0,999641892
Nr. Genes que poseen motivos P1BS									
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	1	0	0	0	1	4	1	0	0
1-Binomial respecto a -Pi	0,195192319	0,33402585	0,804854569	-	0,062863737	0,860918924	0,702122909	-	-
Binomial respecto a -Pi	0,804807681	0,66597415	0,195145431	-	0,937136263	0,139081076	0,297877091	-	-
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS									
1-binomial motivos P1BS									

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.





Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	55	56	57	58	59	60	61	62
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Light quality: UV-A</b>	<b>Light quality: UV-AB</b>	<b>Light quality: white</b>	<b>Light: UV_filtered_WG295</b>	<b>Light: UV_filtered_WG305</b>	<b>Light: UV_filtered_WG327</b>	<b>Nutrient: Caesium-137 (+)</b>	<b>Nutrient: Cs (+)</b>
Totales	396	641	558	872	1434	1375	381	334
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	12	34	19	33	41	51	14	28
1-Binomial	0,088326306	6,91259E-07	0,01928284	0,000713574	0,026333802	6,18167E-05	0,019365979	4,59149E-10
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		11	8	10	15	22	7	11
1-binomial motivos P1BS		0,307863615	0,727856492	0,230981905	0,48965261	0,812522953	0,882264715	0,631896113
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	7	12	11	27	31	36	9	20
1-Binomial respecto a -Pi	0,440430686	0,973576537	0,480684575	0,046332248	0,084920961	0,143726476	0,342295834	0,184992195
Binomial respecto a -Pi	0,559569314	0,026423483	0,519315425	0,953667752	0,915079039	0,856273524	0,657704166	0,815007805
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		5		10				
1-binomial motivos P1BS		0,71421598		0,539825032				
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	10	16	26	2	13	12	0	0
1-Binomial	0,006346028	0,001894419	1,02389E-09	0,998182291	0,808355982	0,834794643	0,989515397	0,981739759
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	1	3	4					
1-binomial motivos P1BS	0,459279518	0,701046099	0,518158717					
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	3	8	12	0	1	1	0	0
1-Binomial respecto a -P	0,581230069	0,202808007	0,256577001	0,557066276	0,970324937	0,957768263	-	-
Binomial respecto a -Pi	0,418769931	0,797191993	0,743422999	0,442933724	0,029675063	0,042231737	-	-
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS					0	0		
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Light quality: UV-A</b>	<b>Light quality: UV-AB</b>	<b>Light quality: white</b>	<b>Light: UV_filtered_WG295</b>	<b>Light: UV_filtered_WG305</b>	<b>Light: UV_filtered_WG327</b>	<b>Nutrient: Caesium-137 (+)</b>	<b>Nutrient: Cs (+)</b>
Totales	226	317	352	976	1269	1505	245	337
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	3	6	3	17	27	36	7	7
1-Binomial	0,713918727	0,520272809	0,943989031	0,773827555	0,465053236	0,216545952	0,159853501	0,438069466
Nr. Genes que poseen motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	2	4	2	12	16	15	7	4
1-Binomial respecto a -Pi	0,273285772	0,298951215	0,273285772	0,233562359	0,468123888	0,923419216	0,065158734	0,417295478
Binomial respecto a -Pi	0,726714228	0,701048785	0,726714228	0,766437641	0,531876112	0,076580784	0,934841266	0,582704522
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	1	3	0	5	9	9	0	0
1-Binomial	0,749293535	0,519269091	0,985125418	0,97586024	0,937295953	0,985946873	0,946158678	0,982389594
Nr. Genes que poseen motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	0	2	0	1	3	3	0	0
1-Binomial respecto a -Pi	0,33402585	0,123492654	-	0,604091936	0,497946478	0,497946478	-	-
Binomial respecto a -Pi	0,66597415	0,876507346	-	0,395908064	0,502053522	0,502053522	-	-
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.

Tabla Sup5 de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR	63	64	65	66	67	68	69	70
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Nutrient: glucose_2-4-6h</b>	<b>Nutrient: K (-)</b>	<b>Nutrient: lowN_glucose</b>	<b>Nutrient: mannitol_2-4-6h</b>	<b>Nutrient: Nitrate_low</b>	<b>Nutrient: S deprivation</b>	<b>Nutrient: sucrose (+)</b>	<b>PCD: senescence</b>
Totales	2455	855	1351	1565	2932	122	1848	2929
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	133	57	70	60	153	6	81	76
1-Binomial	2.29816E-14	2.27596E-14	4.65861E-12	5.4623E-08	7.77156E-15	0.017355985	3.07463E-10	0.034181237
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	37	15	20	15	49	1	25	27
1-binomial motivos P1BS	0.008346809	0.042482358	0.062437133	0.022887613	0.07042825	0.263997237	0.108955886	0.368727483
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x	78	35	42	33	94	6	46	44
1-Binomial respecto a -Pi	0.595222024	0.418734721	0.482101341	0.682450524	0.403520309	0.074708243	0.644933275	0.585831409
Binomial respecto a -Pi	0.404777976	0.581265279	0.517898659	0.317549476	0.596479691	0.925291757	0.355066725	0.414168591
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	25	3	2	2	2	0	12	49
1-Binomial	0.757363813	0.991788936	0.999989713	0.999999045	1	0.765615054	0.98736284	0.005003103
Nr. Genes que poseen motivos P1BS								5
1-binomial motivos P1BS								0.123472215
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x	6	1	0	0	0	0	4	13
1-Binomial respecto a -P	0.889027026	0.344082181	0.557066276	0.557066276	0.557066276	-	0.539545092	0.946397368
Binomial respecto a -Pi	0.110972974	0.655917819	0.442933724	0.442933724	0.442933724	-	0.460454908	0.053602632
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Nutrient: glucose_2-4-6h</b>	<b>Nutrient: K (-)</b>	<b>Nutrient: lowN_glucose</b>	<b>Nutrient: mannitol_2-4-6h</b>	<b>Nutrient: Nitrate_low</b>	<b>Nutrient: S deprivation</b>	<b>Nutrient: sucrose (+)</b>	<b>PCD: senescence</b>
Totales	1768	1003	2390	748	1757	475	1209	4228
<b>Inducidos -Pi</b>								
Coincidentes Ind -Pi 2x	39	16	49	19	32	10	20	129
1-Binomial	0.384804762	0.870237655	0.602765859	0.186537228	0.808471329	0.440018813	0.864926528	6.85043E-06
Nr. Genes que poseen motivos P1BS								56
1-binomial motivos P1BS								0.907912503
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x	22	8	30	9	25	4	10	87
1-Binomial respecto a -Pi	0.58107135	0.633008591	0.424717271	0.715027816	0.079738502	0.724059765	0.667191153	0.112111554
Binomial respecto a -Pi	0.41892865	0.366991409	0.575282729	0.284972184	0.920261498	0.275940235	0.332808847	0.887888446
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS								
1-binomial motivos P1BS								
<b>Reprimidos -Pi</b>								
Coincidentes Rep -Pi 2x	38	48	67	15	184	3	16	61
1-Binomial	0.000156274	1.28786E-14	6.27798E-12	0.01775361	1.14353E-14	0.815969417	0.269582464	0.039650165
Nr. Genes que poseen motivos P1BS	4	12	12	2	33			11
1-binomial motivos P1BS	0.185148502	0.937234761	0.61927604	0.501336124	0.620888378			0.630205784
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x	18	24	34	2	92	1	9	23
1-Binomial respecto a -Pi	0.198213402	0.110162229	0.059608853	0.946015705	0.000426382	0.344082181	0.116298048	0.602865028
Binomial respecto a -Pi	0.801786598	0.889837771	0.940391147	0.053984295	0.999573618	0.655917819	0.883701952	0.397134972
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS					12			
1-binomial motivos P1BS					0.167624826			

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.



**Tabla Sup5** de comparación entre los genes modulados por el ayuno de fosfato y por PHR1, con los genes modulados por distintos estreses y estímulos.

Nr. Tratamiento GENEVESTIGATOR		82
<b>Inducidos estrés</b>	<b>Stress: wounding</b>	
Totales		288
<b>Inducidos -Pi</b>		
Coincidentes Ind -Pi 2x		20
1-Binomial		1,79054E-06
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		7
1-binomial motivos P1BS		0,485499796
Coincidentes phr1<Wt y Ind -P 2x		19
1-Binomial respecto a -Pi		0,020844717
Binomial respecto a -Pi		0,979155283
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		6
1-binomial motivos P1BS		0,370477936
<b>Reprimidos -Pi</b>		
Coincidentes Rep -Pi 2x		3
1-Binomial		0,445578386
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		
1-binomial motivos P1BS		
Coincidentes phr1> Wt y Rep -P 2x		0
1-Binomial respecto a -P		0,705801567
Binomial respecto a -Pi		0,294198433
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		
1-binomial motivos P1BS		
<b>Reprimidos estrés</b>	<b>Stress: wounding</b>	
Totales		68
<b>Inducidos -Pi</b>		
Coincidentes Ind -Pi 2x		2
1-Binomial		0,180402754
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		
1-binomial motivos P1BS		
Coincidentes phr1 < Wt y Ind -P 2x		1
1-Binomial respecto a -Pi		0,34113955
Binomial respecto a -Pi		0,65886045
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		
1-binomial motivos P1BS		
<b>Reprimidos -Pi</b>		
Coincidentes Rep -Pi 2x		0
1-Binomial		0,554090156
Nr. Genes que poseen motivos P1BS		
Coincidentes phr1 > Wt 1x y Rep -Pi 2x		0
1-Binomial respecto a - Pi		-
Binomial respecto a -Pi		-
Nr. Genes coincidentes c/ motivos P1BS		
1-binomial motivos P1BS		

Celdas en verde indican correlaciones cuya coincidencia es mayor que lo esperado por azar entre -Pi y el corresp.trat. Celdas en rojo y azul indican sobre- e infra-representaciones, respectivamente, entre los controlados por PHR1 y el corresp. trat.