

## بررسی نقش کارکردی ژن شبه استریکتوسیدین سینتاز-۶ در گیاه *Arabidopsis thaliana* در شرایط تنش شوری

امین عابدی، رضا شیرزادیان خرم آباد\* و محمد مهدی سوهانی

گروه بیوتکنولوژی کشاورزی دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ایران.

(تاریخ دریافت: ۱۳۹۵/۰۱/۰۹، تاریخ پذیرش نهایی: ۱۳۹۵/۰۵/۰۲)

### چکیده:

در آراییدوپسیس ژن‌هایی شناسایی شده که دارای همولوژی بالایی با ژن استریکتوسیدین سینتاز گیاه پرپوش (*Catharanthus roseus*) می‌باشند. آنزیم استریکتوسیدین سینتاز در بیوستنز مونوایندول الکلونیدها نقش دارد. یکی از ژن‌هایی که بیان آن تغییر معنی‌داری را در پاسخ به تنش‌های محیطی داشته ژن شبه استریکتوسیدین سینتاز شماره ۶ (*SSL6*) می‌باشد. به منظور بررسی نقش ژن *SSL6* در واکنش به تنش شوری، از لاین موتانت حاصل از درج T-DNA در ژن *SSL6* (*ssl6*) در آراییدوپسیس استفاده شد. برخی ویژگی‌های مرفولوژی، فیزیولوژیکی و ملکولی شامل درصد جوانه‌زنی، طول ریشه، فعالیت آنزیم‌های کاتالاز (CAT)، پراکسیداز (POD) و سوپراکسید دیسموتاز (SOD) و بیان نسبی ژن‌های واکنش‌گر به تنش شامل *NCED3*، *RD29A*، *AAO3* و *P5CS1* در واکنش به شوری در لاین‌های جهش یافته اندازه‌گیری و با گیاهان شاهد مقایسه شد. داده‌های آزمایشی بر مبنای آزمایش فاکتوریل و در قالب طرح کامل تصادفی آنالیز شدند. فاکتورها شامل ژنوتیپ تیپ وحشی (Col-0) و جهش یافته (*ssl6*) و سطوح مختلف شوری شامل صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار بود. نتایج آزمایش نشان داد که درصد جوانه‌زنی، طول ریشه و فعالیت آنزیم‌های SOD و POD در سطح یک درصد و آنزیم CAT در سطح پنج درصد در گیاه جهش یافته نسبت به گیاه تیپ وحشی دارای تفاوت معنی‌دار است. ژن‌های مورد بررسی در گیاه جهش یافته در زمان‌های ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار شوری بیان بالاتری نسبت به گیاه تیپ وحشی نشان دادند. نتایج این تحقیق برای اولین بار نقش خاموشی ژن *SSL6* بر افزایش تحمل آراییدوپسیس به تنش شوری را گزارش می‌کند. در واقع نقش کارکردی این ژن بر تنش شوری در آراییدوپسیس احتمالاً منفی است.

واژگان کلیدی: آراییدوپسیس، تنش شوری، *SSL6*، T-DNA

### مقدمه:

زمین‌های زراعی تحت آبیاری جهان را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Qadir et al., 2008). پیشرفت تنش شوری عمدتاً طی فرآیند سه مرحله‌ای انجام می‌شود. ابتدا غلظت شوری بالا پتانسیل اسمزی خاک را کاهش داده و موجب تنش آبی در گیاه می‌شود. در مرحله دوم، موجب سمیت یونی می‌شود که علت آن عدم تجمع سدیم در واکنش نظیر هالوفیت‌ها می‌باشد.

گیاهان موجودات ثابت و بی‌حرکتی هستند که با بسیاری از تنش‌های محیطی مواجه شده، اما توانایی فرار ندارند. لذا تنش‌هایی نظیر خشکی و سرما میزان رشد و تولید گیاهان را تحت تأثیر قرار می‌دهند (Msanne et al., 2011). تنش شوری از جمله تنش‌های محیطی است که حداقل ۲۰ درصد

\*نویسنده مسؤول، نشانی پست الکترونیکی: r.shirzadian@guilan.ac.ir

می‌کند (Koorneef and Meinke 2010). ژنتیک پیش‌رو (Forward genetics) روش شناسایی نقش ژن بر مبنای فنوتیپ ایجاد شده است. ژنتیک معکوس (Reverse genetics) با تولید ژن جهش یافته و به دنبال آن بررسی تأثیر جهش بر فنوتیپ گیاه انجام می‌گیرد. از جمله روش‌های ژنتیک معکوس برچسب زنی ژن (Gene tagging) می‌باشد. این روش شامل درج تصادفی DNA با توالی شناخته شده نظیر T-DNA در ژنوم می‌باشد. اگر این درج همراه با تغییر فنوتیپ گیاه باشد قطعاً رابطه‌ی معینی بین فعالیت ژن مسئول فنوتیپ وجود دارد (Walden, 2002). درج T-DNA اغلب موجب خاموشی بیان ژن و ایجاد یک آل صفت مغلوب می‌شود.

آنزیم استریکتوسیدین سینتاز (EC 4.3.3.2) (Str) اولین بار از گیاه پریوش (*Catharanthus roseus*) جداسازی و مطالعات بعدی نشان داده که بیان این آنزیم توسط بسیاری از محرک‌های زیستی و غیر زیستی و نیز تنظیم کننده‌های رشد القاء و در نتیجه مقدار متابولیت‌های ثانوی افزایش می‌یابد. در مطالعه تأثیر سرما، شوری و نیتریک اکسید بر بیان این آنزیم مشاهده شد که بیان آن بوسیله آبشار کینازی و با میانجیگری کلسیم تنظیم می‌گردد (Dutta et al., 2013; Stöckigt et al., 2008).

گیاه *Arabidopsis thaliana* علی‌رغم اینکه توانایی تولید ترکیبات پیچیده الکلوئیدی را ندارد، اما حاوی ژن‌هایی است که همولوژی بالایی با ژن STR پریوش داشته و لذا همولوگ ژن‌های فوق در آرآبیدوپسیس شبه استریکتوسیدین سینتاز (Strictosidine Synthase Like, SSL) نامیده شدند (Fabbri et al., 2000). تاکنون بر اساس مطالعات انجام گرفته ۱۵ ژن دارای دومین استریکتوسیدین سینتاز در آرآبیدوپسیس شناسایی شده است که نقش و نوع فعالیت بسیاری از آن‌ها در پاسخ به تنش‌ها و نیز در مراحل نمو مشخص نشده است (Fabbri et al., 2000). در آزمایشی که برای شناسایی ژن‌های مارکر در پیری آرآبیدوپسیس با استفاده از لکه گذاری RNA انجام گرفت، پروتئینی به نام YLS2 (Yellow-Leaf-Specific Gene 2) از خانواده ژنی SSL شناسایی شد که که بوسیله اتیلن و ABA القا شده و دارای بیان اختصاصی در مراحل پیری گیاه

باشد. در مرحله سوم، تبادل نمک با مواد غذایی موجب کمبود و عدم تعادل در عناصر غذایی میکرو و ماکرو می‌شود. نتیجه این فرآیند سه مرحله‌ای مرگ گیاه می‌شود. (Munns, 2002). از مهمترین اثرات تنش شوری تولید بیش از حد گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) در گیاهان می‌باشد که فعالیت زیاد و سمی آن منجر به تخریب پروتئین‌ها، چربی‌ها، کربوهیدرات‌ها و DNA و در نهایت منجر به مرگ سلولی می‌شود که نتیجه آن تنش اکسیداتیو است (Gill and Tuteja, 2010). مکانیسم‌های مولکولی مقاومت و تحمل به شوری نظیر فعالیت اسمولیت‌ها، اسموپراکتانت‌ها، آنزیم‌ها و ترکیبات ضد اکسیداتیو، پروتئین‌های مسیر پیام‌رسانی نظیر کینازها و نیز مسیر SOS در سال‌های اخیر شناسایی شده‌اند (Park et al., 2016). از اسمولیت‌های مهم می‌توان به سوربیتول، مانیتول، فروکتان، بتائین، پرولین و گلایسین بتائین اشاره کرد (Cheong and Yun, 2007). ترکیبات ضد اکسیداتیو آنزیمی نظیر کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز و غیر آنزیمی توکوفرول، اسکوربیک اسید و گلوتاتیون را نام برد (Gill and Tuteja, 2010). مسیر SOS مهم‌ترین مسیر شناخته شده در پاسخ به تنش شوری و حفظ هموستازی داخل سلول می‌باشد. این مسر شامل پروتئین SOS<sub>1</sub> بعنوان آنتی‌پورتر انتقال دهنده Na<sup>+</sup>، SOS<sub>2</sub> پروتئین کیناز سرین/ترئونین و پروتئین متصل شونده به کلسیم SOS<sub>3</sub> می‌باشد. همکاری پروتئین‌های SOS<sub>2</sub> و SOS<sub>3</sub> در نهایت موجب فعال شدن SOS<sub>1</sub> در شرایط تنش می‌گردد (Ji et al., 2013).

با وجود شناسایی بسیاری از ژن‌های درگیر در پاسخ گیاهان به تنش‌های زیستی و غیرزیستی، یکی از موضوعات مهم در تحقیقات بیولوژی مولکولی بررسی و شناسایی نقش دقیق سایر ژن‌ها می‌باشد. کامل شدن و در دسترس قرار گرفتن اطلاعات ژنومی گیاهان، تمرکز از ژنومیکس ساختاری را به سمت ژنومیکس کارکردی تغییر داد (Radhamony et al., 2005). گیاه آرآبیدوپسیس به دلیل ویژگی‌های بیولوژیکی خاص نظیر طول دوره کوتاه زندگی، تولید بذر فراوان و راحتی ترانسفورماسیون در شناسایی عملکرد ژن‌ها نقش اساسی ایفا

DNA در ژن *SSL6* (*ssl6*) به شماره دسترسی (SALK\_046142) استفاده شد که از مرکز منابع زیستی آرآیدوپسیس (Arabidopsis Biological Resource Center) تهیه گردیده بود. در لاین جهش یافته، T-DNA در ناحیه پروموتوری و در نزدیک 5'UTR در ژن *SSL6* درج شده است. داده‌های مربوط به ساختار ژن شامل اندازه UTR، اگزون و انترون و تعداد آن‌ها و نیز محل درج T-DNA از طریق سایت اختصاصی ژنوم آرآیدوپسیس (TAIR (Arabidopsos.org)) بدست آمد (شکل ۱).

برای کشت گیاهان در شرایط درون شیشه‌ای (*In vitro*) از محیط کشت MS ½ حاوی ۱٪ ساکارز استفاده گردید. ضد عفونی بذر با بوسيله هیپوکلرید سدیم ۱٪ به مدت ۱۰ دقیقه و ۳ بار آبکشی با آب دو بار استریل شده انجام گرفت. برای ورنالیزاسیون، بذر با مدت ۳ روز در تاریکی و در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. برای کشت گیاهان در گلدان از نسبت مساوی ترکیب پرلیت، پیت‌ماس، ورمی‌کولیت و ورمی کمپوست استفاده شد. آبیاری گیاهان هر ۴ روز یکبار و از کف گلدان‌ها انجام گرفت. شرایط محیطی رشد گیاهان در کشت درون شیشه و گلدان شامل دمای ۲۲ درجه سانتی‌گراد و دوره روشنایی/تاریکی ۸/۱۶ با شدت نوری ۱۲۰ mol/m<sup>2</sup>sec بود.

#### بررسی تأثیر تنش شوری بر درصد جوانه زنی و طول

ریشه: برای ارزیابی درصد جوانه زنی، بذرهای ژنوتیپ تیپ وحشی و ژنوتیپ *ssl6* در شرایط درون شیشه که محیط حاوی غلظت‌های صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار NaCl کشت و بعد از ورنالیزاسیون به اتاقت رشد انتقال یافت. برآورد درصد جوانه زنی ۲۴ ساعت بعد از انتقال بذر با اتاقت رشد شروع و به مدت ۷ روز ادامه داشت. بذوری جوانه زده در نظر گرفته شدند که ریشه-چه پوسته بذر را شکافته و بیرون آمده باشد (Yan et al., 2014).

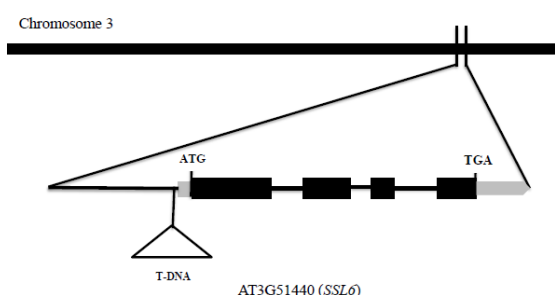
در آزمون بررسی طول ریشه بذرهای گیاه تیپ وحشی و موتانت در شرایط درون شیشه کشت شده و پس از شکسته شدن خواب بذر، به اتاقت رشد انتقال داده شدند. ۴ روز بعد از جوانه زنی، گیاهچه‌ها به محیط MS ½ حاوی ۱٪ ساکارز داری غلظت‌های صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار NaCl انتقال

در گل بوده و در ریشه و ساقه قابل شناسایی نیست (Yoshida et al., 2001). همچنین ژن LAP3 (Less Adherent Pollen) که از همین خانواده می‌باشد نقش مهمی در نمو دانه گرده داشته و خاموشی این ژن باعث نر عقیمی می‌گردد، زیرا دانه گرده تولید شده فاقد آگزین می‌باشد (Dobritsa et al., 2009). مطالعاتی که بر روی القاء بیان ژن‌های *AtSSL4-AtSSL7* آرآیدوپسیس انجام گرفت، مشخص شد که ژن‌های شبه همومیوسین در اثر زخم، تیمار با ویروس CMV و قارچ *Alternaria brassicicola* و نیز تیمار با ترکیبات فعال کننده پیام دفاعی نظیر سالسیلیک اسید، جاسمونات و اتیلن به صورت معنی‌داری افزایش می‌یابد که نشان دهنده نقش احتمالی این ژن‌ها در مکانیسم دفاعی القائی در گیاه می‌باشد (Sohani et al., 2008). همچنین میزان بیان این ژن‌ها در پاسخ به تنش‌های شوری، نور ماوراء بنفش و سالسیلیک اسید چند برابر شرایط شاهد می‌باشد. این افزایش بیان ژن *SSL6* در پاسخ به محرک‌های زیستی و غیر زیستی، احتمال ایفاء نقش این ژن در شرایط تنش را افزایش می‌دهد (Kibble et al., 2009).

در این تحقیق، به منظور بررسی نقش ژن *SSL6* در پاسخ گیاه آرآیدوپسیس به تنش شوری از لاین جهش یافته T-DNA که در آن ژن *SSL6* سرکوب شده است استفاده شد. درصد جوانه زنی، رشد ریشه و فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانتی بر اثر این جهش در گیاه موتانت افزایش یافته و ژن‌های پاسخ به تنش‌های غیر زیستی در گیاه موتانت نسبت به گیاه تیپ وحشی بیان بیشتری را نشان می‌دهند. تاکنون هیچ مطالعه‌ای بر روی ارتباط ژن *SSL6* و تنش شوری گزارش نشده است، لذا برای اولین بار نقش خاموشی ژن *SSL6* بر بر افزایش تحمل آرآیدوپسیس به تنش شوری را گزارش می‌کند. در واقع نقش کارکردی این ژن بر تنش شوری در آرآیدوپسیس احتمالاً منفی است.

#### مواد و روش‌ها:

مواد گیاهی و شرایط رشد: در این تحقیق از ژنوتیپ‌های تیپ وحشی آرآیدوپسیس (Col-0) و لاین جهش یافته حاوی T-



شکل ۱- نمایش شماتیک از محل درج T-DNA در ژن *SSL6* بر اساس داده‌های دریافتی از پایگاه داده TAIR. T-DNA در بالا دست 5' UTR درج شده است. بخش‌های سیاه رنگ مربوط به نواحی اگزون و خطوط مربوط به انترون و بخش‌های خاکستری مربوط به نواحی UTR می‌باشد.

میکرولیتر گیاکول ۲۸ میلی‌مولار و ۱۹۰۰ میکرولیتر از بافر فسفات پتاسیم ۵۰ میلی‌مولار بود. برای اندازه‌گیری فعالیت آنزیم کاتالاز تجزیه  $H_2O_2$  در طول موج ۲۴۰ نانومتر به مدت یک دقیقه ثبت شد. محلول واکنش شامل ۲/۶ میلی لیتر بافر فسفات پتاسیم ۵۰ میلی مولار، ۴۰۰ میکرولیتر از  $H_2O_2$  ۱۵ میلی مولار و ۴۰ میکرولیتر هز عصاره آنزیمی بود (Sizer and Beers, 1952). فعالیت آنزیم‌ها به صورت U/gFWmin بیان شد. فعالیت آنزیم SOD با اندازه‌گیری توانایی آنزیم در جلوگیری از کاهش فتوشیمیایی نیتروبلو-تترازولیوم (NBT) تعیین شد. در این اندازه‌گیری بافر شماره یک شامل بافر فسفات ۵۰ میلی‌مولار، حاوی EDTA (۱.۵ میلی‌مولار)، متیونین (۲۰۰ میلی‌مولار) و NBT (۱/۱۲ میکرو مولار) با pH=۷ و بافر دو شامل بافر ریوفلاوین (۷۵ میلی‌مولار) می‌باشد. پس از آماده‌سازی نمونه‌ها به منظور اندازه‌گیری فعالیت آنزیمی، نمونه بلانک به مدت ۱۵ دقیقه در تاریکی قرار داده شد و نمونه‌های کنترل (شاهد) و عصاره آنزیمی، به مدت ۱۵ دقیقه، در شیکر با دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد و دارای دو عدد لامپ فلورسنت ۴۰ وات با سرعت ۱۰۰ دور در دقیقه قرار گرفتند. سپس میزان جذب در طول موج ۵۶۰ نانومتر با استفاده از دستگاه اسپکتروفوتومتر خوانده شد. یک واحد SOD به مقدار آنزیمی گفته می‌شود که سبب مهار ۵۰ درصد NBT به فورمازان شود. تفاوت بین جذب هر عصاره در مدت زمان روشنایی ۱۵ دقیقه و جذب عصاره آنزیمی در همان مدت زمان روشنایی در واقع نشان دهنده بازداشتن

یافته و طول ریشه‌ها ۵ روز پس از تیمار اندازه‌گیری شد (Li et al., 2010). برای اندازه‌گیری طول ریشه‌ها از نرم افزار ImageJ استفاده شد.

**اندازه‌گیری فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت:** برای اندازه‌گیری فعالیت آنزیم‌های پراکسیداز (POD, Peroxidase)، سوپراکسید دیسموتاز (SOD, Superoxide dismutase) و کاتالاز (CAT, Catalase) در پاسخ به تنش شوری، بذرها و ورنالیزه شده دو ژنوتیپ Col-0 و *ssl6* در گلدان کشت شدند. بعد از چهار هفته غلظت‌های صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار جهت اعمال تنش شوری همراه آب آبیاری به گیاهان داده شد. نمونه‌گیری از برگ‌ها ۴ روز بعد از اعمال تیمار انجام و نمونه‌ها پس از انجماد در ازت مایع به فریز ۷۰- انتقال یافتند. برای اندازه‌گیری فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت و استخراج عصاره آنزیمی برگ گیاهان در ازت مایع خرد شده و سپس به هر نمونه ۱ میلی لیتر بافر فسفات ۵۰ میلی‌مولار اضافه گردید. بافت هموژن شده به مدت ۱۵ دقیقه در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد با سرعت ۱۵۰۰۰ g سانتریفیوژ شد و محلول رویی برای اندازه‌گیری فعالیت آنزیم‌ها استفاده شد.

فعالیت POD در برگ‌ها بر اساس اکسیداسیون گیاکول در حضور  $H_2O_2$  اندازه‌گیری شد. افزایش جذب در طول موج ۴۷۰ نانومتر به مدت یک دقیقه ثبت شد (Chance and Maehly, 1955). محلول واکنش شامل ۱۰۰ میکرولیتر عصاره استخراج شده، ۵۰۰ میکرولیتر از  $H_2O_2$  ۵ میلی‌مولار، ۵۰۰

کشت و به مدت ۲ هفته رشد کردند. به منظور اعمال تیمار، ابتدا کاغذهای واتمن در محیط MS حاوی یک درصد ساکارز و غلظت ۱۵۰ میلی مولار NaCl خیسانده شده و به پتری منتقل شدند. گیاهچه‌های رشد کرده با احتیاط از محیط کشت جدا شده و به محیط تیمار انتقال یافتند. نمونه برداری در زمان‌های صفر، ۳ و ۶ ساعت بعد از تیمار انجام گرفت. نمونه‌ها برای انجام آنالیزهای بعدی در فریزر ۷۰- قرار گرفتند (Dong and Liu, 2010).

جهت استخراج RNA از کیت RNXPlus شرکت سیناکلون استفاده شد. کیفیت و کمیت RNA استخراج شده بوسیله الکتروفورز و اسپکتروفتومتر بررسی گردید. به منظور جلوگیری از تکثیر احتمالی مربوط به DNA ژنومی که در همراه RNA استخراج می‌شود، نمونه‌های استخراج شده با DNaseI (Thermo Fisher) تیمار شدند. ساخت cDNA با استفاده از Oligo dT و کیت سنتز cDNA (Thermo Fisher) انجام گرفت. طراحی پرایمر ژن‌های *ACT-2*، *AAO3*، *RD29A*، *NCED3* و *P5CS1* با استفاده از نرم‌افزار Primer3 (<http://primer3.ut.ee>) انجام شد (جدول ۱).

هر واکنش Real Time-PCR شامل ۱ میکرولیتر cDNA رقیق شده (نسبت ۱ به ۱۰)، ۰/۳ میکرولیتر از هر پرایمر با غلظت ۰/۳ میکرومولار، ۶/۲۵ میکرولیتر Master Mix شرکت Thermo Fisher و ۴/۶۵ میکرولیتر آب بود. ژن اکتین-۲ جهت نرمال سازی داده‌های واکنش استفاده شد. برای انجام واکنش Real Time-PCR از دستگاه (Bio-Rad CFX96) استفاده شد. از فرمول  $2^{-\Delta\Delta CT}$  برای آنالیز داده‌ها استفاده شد (Livak and Schmittgen, 2001).

### نتایج و بحث:

به منظور بررسی تأثیر ژن *SSL6* در پاسخ گیاه *A. thaliana* به تنش شوری، از لاین سرکوب شده حاصل از درج T-DNA در این ژن استفاده گردید. بررسی صفات درصد جوانه‌زنی، طول ریشه، فعالیت آنزیم‌های کاتالاز، پراکسیداز و سوپر اکسیداز و همچنین بررسی میزان بیان نسبی ژن‌های

واکنش خودبخودی و تشکیل فورمازان توسط SOD است. فعالیت آنزیم در نهایت بر حسب  $\mu\text{Mol/g FW}$  محاسبه شد (Beauchamp and Fridovich, 1971).

**طرح آزمایشی و آنالیزهای آماری:** آزمایش‌ها به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی آزمایشگاه بیوتکنولوژی دانشگاه گیلان انجام گرفت. فاکتورهای آزمایشی شامل ژنوتیپ تیپ وحشی آرابیدوپسیس (*Col-0*) و لاین جهش یافته *ssl6* و سطوح تیمار شوری بود. برای اندازه‌گیری درصد جوانه زنی و رشد ریشه، آزمایش در سه سطح تیماری و هر سطح تیمار در سه تکرار در داخل پتری انجام گرفت. برای اندازه‌گیری درصد جوانه زنی هر تکرار شامل یک پتری دیش بود که در نصف آن ۵۰ عدد بذر *Col-0* و در نصف دیگر آن ۵۰ عدد بذر *ssl6* کشت شده بود. در مورد صفت طول ریشه نیز هر تکرار شامل یک پتری دیش حاوی ۵ گیاهچه *Col-0* و پنج گیاهچه *ssl6* بود.

در بخش مربوط به اندازه‌گیری میزان فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانتی، آزمایش در سه سطح تیماری و هر سطح تیمار در سه تکرار و در داخل گلدان انجام گرفت. از هر لاین ۴۰ گلدان (در هر گلدان ۴ عدد بذر) کشت شد. بعد از چهار هفته از میان گیاهانی که از نظر رشد و نمو بهتر انتخاب شدند. برای انجام آزمایش برای هر تکرار از هر لاین ۳ گلدان انتخاب و به ظرف بزرگتر انتقال یافت. در حالت کلی هر سطح تیمار دارای ۳ ظرف بزرگ بعنوان تکرار و در هر تکرار از هر لاین ۳ گلدان وجود داشت. برای اعمال تیمار غلظت-های مختلف NaCl در آب حل شده و به ظروف حاوی گلدان‌ها اضافه شد. پس از چهار روز نمونه برداری انجام گرفت. برای نمونه‌گیری در هر تکرار از هر سه گلدان نمونه‌برداری انجام گرفته و نمونه‌ها با هم Pool شدند. آنالیز داده‌ها و رسم نمودارها به ترتیب با نرم‌افزارهای SAS و Excel و مقایسه میانگین به روش دانکن انجام گرفت.

### بررسی الگوی بیان نسبی برخی از ژن‌های پاسخ به تنش

**شوری:** برای بررسی بیان نسبی ژن‌های پاسخ به تنش شوری، بذره‌های دو ژنوتیپ *Col-0* و *ssl6* در شرایط درون شیشه

جدول ۱- نام و اطلاعات پرایمرهای مورد استفاده در واکنش Real Time PCR

طول قطعه	پرایمر معکوس	پرایمر رفتی	شماره دسترسی*	نماد ژن
178	CGACTGGACCACGAGCAT	GCACACACAGACTGCATTGT	AT2G39800	P5CS1
163	AATGTGGCGATTCTGGCTTC	ACGACGACAAAGGAAGTGGA	AT5G52310	RD29A
185	CCGCAAAGAGACTTCACCAC	GTTCTCTCCTCCAAAGCGTC	AT2G27150	AAO3
168	GCTCCGATGAATGTACCGTG	CGGAGAAGGAGGAGAGGAAG	AT3G14440	NCED3
149	CGATACCTGAGAACATAGTGG	CTTGTTCCAGCCCTCGTTTG	AT3G18780	ACT2

\* Accession number

جدول ۲- تجزیه واریانس اثر شوری بر روی صفات مورفولوژیکی و بیوشیمیایی ژنوتیپ‌های Col-0 و ssl6.

منابع تغییر	درجه آزادی	درصد جوانه زنی	طول ریشه (Cm)	SOD(μMol/g FW)	POD (U/gFWmin)	CAT(U/gFWmin)
ژنوتیپ	۱	۵۶/۰۵**	۰/۳۵۶**	۰/۰۰۱**	۰/۱۳**	۰/۰۰۱*
تیمار	۲	۳۵۵۷/۲۸**	۸/۸۴۷**	۰/۰۰۳۵**	۰/۲۴**	۰/۰۰۰۱ <sup>ns</sup>
ژنوتیپ*تیمار	۲	۳۱/۲**	۰/۱۶۹ <sup>ns</sup>	۰/۰۰۰۰۵ <sup>ns</sup>	۰/۰۳۷*	۰/۰۳۷ <sup>ns</sup>
خطا	۱۲	۱۴/۱۹	۰/۴۵۶	۰/۰۰۰۷۴	۰/۰۹۹	۰/۰۰۱۵

ns, Ns, \* و \*\* به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح ۵ درصد و ۱ درصد.

جدول ۳- مقایسه میانگین اثرات اصلی تنش شوری بر روی برخی از صفات مورفولوژیکی و بیوشیمیایی ژنوتیپ‌های Col-0 و ssl6

منابع تغییر	سطوح	درصد جوانه زنی	طول ریشه (Cm)	SOD(μMol/g FW)	POD (U/gFWmin)	CAT(U/gFWmin)
ژنوتیپ	Col-0	۳۰/۷۸ <sup>b</sup>	۱/۴۴۴ <sup>b</sup>	۰/۰۳۷ <sup>b</sup>	۰/۲۶۳ <sup>b</sup>	۰/۰۰۸ <sup>b</sup>
	ssl6	۳۴/۳ <sup>a</sup>	۱/۷۲۵ <sup>a</sup>	۰/۰۵۲ <sup>a</sup>	۰/۴۳۲ <sup>a</sup>	۰/۰۲۳ <sup>a</sup>
تیمار شوری	صفر	۴۹/۱۶ <sup>a</sup>	۲/۲۸۴ <sup>a</sup>	۰/۰۱۶ <sup>b</sup>	۰/۱۶ <sup>c</sup>	۰/۰۲۳ <sup>a</sup>
	۱۰۰ میلی‌مولار	۴۳/۸۸ <sup>b</sup>	۱/۸۴۳ <sup>b</sup>	۰/۰۵۶ <sup>a</sup>	۰/۳۱ <sup>b</sup>	۰/۰۱۵ <sup>a</sup>
	۲۰۰ میلی‌مولار	۴/۶ <sup>c</sup>	۰/۶۲۶ <sup>c</sup>	۰/۰۶ <sup>a</sup>	۰/۵۶ <sup>a</sup>	۰/۰۱۱ <sup>a</sup>

میانگین‌های دارای حرف مشترک در هر ستون، بر اساس آزمون دانکن اختلاف معنی‌داری ندارند.

واکنش‌گر در گیاهان وحشی و موتانت در شرایط تنش شوری نشان دهنده تأثیر منفی فعالیت SSL6 بر پاسخ گیاه به تنش شوری می‌باشد.

اندازه‌گیری درصد جوانه زنی و طول ریشه: در این تحقیق برای ارزیابی میزان حساسیت موتانت ssl6 در پاسخ به تنش شوری طی جوانه‌زنی بذر، مقادیر مختلف NaCl به محیط کشت اضافه گردید. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین ژنوتیپ‌ها، سطوح مختلف تنش شوری و اثر متقابل ژنوتیپ و تیمار اختلاف معنی‌دار در سطح یک درصد وجود دارد (جدول ۲).

بر اساس مقایسه میانگین اثرات اصلی، تفاوت درصد جوانه زنی در ژنوتیپ ssl6 نسبت به ژنوتیپ Col-0 معنی‌دار بوده، همچنین با افزایش غلظت NaCl درصد جوانه‌زنی در هر دو

ژنوتیپ به صورت معنی‌داری کاهش پیدا کرده است (جدول ۳). بر اساس مقایسه میانگین اثرات متقابل در سطح صفر تیمار، تفاوت معنی‌داری بین دو ژنوتیپ دیده نمی‌شود ولی در سطوح ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار میانگین درصد جوانه‌زنی در ژنوتیپ ssl6 به ترتیب ۴۵/۶ و ۹ درصد بوده که این مقدار برای ژنوتیپ مادری ۴۲/۱۵ و ۰/۵۲ درصد می‌باشد و لذا در این دو سطح تفاوت بین دو ژنوتیپ معنی‌دار می‌باشد (جدول ۴).

بیشترین تفاوت در درصد جوانه‌زنی مربوط به غلظت ۲۰۰ میلی‌مولار بود که در ژنوتیپ تیپ وحشی حداکثر ۴٪ جوانه زنی مشاهده شد در حالی که در ژنوتیپ موتانت این مقدار تا ۴۶٪ افزایش یافت. نتایج فوق نشان داد که موتانت ssl6 عملکرد بهتری نسبت به تیپ وحشی در خصوص جوانه‌زنی دارد.

جدول ۴- مقایسه میانگین اثرات متقابل برخی از صفات مورفولوژیکی و بیوشیمیایی ژنوتیپ‌های Col-0 و atssl6

سطوح شوری	ژنوتیپ	درصد جوانه زنی	POD(U/gFWmin)
صفر	Col-0	۴۹/۶۶ <sup>a</sup>	۰/۱۶۹ <sup>a</sup>
	ssl6	۴۸/۶۶ <sup>a</sup>	۰/۱۵ <sup>a</sup>
۱۰۰ میلی‌مولار	Col-0	۴۲/۱۵ <sup>b</sup>	۰/۱۹۵ <sup>b</sup>
	ssl6	۴۵/۶ <sup>a</sup>	۰/۴۳ <sup>a</sup>
۲۰۰ میلی‌مولار	Col-0	۰/۵۳ <sup>b</sup>	۰/۴۳ <sup>b</sup>
	ssl6	۹ <sup>a</sup>	۰/۷۰ <sup>a</sup>

میانگین‌هایی که دارای حروف مشترک می‌باشند بر اساس آزمون توکی تفاوت معنی‌داری باهم ندارند.

داشته و لذا رشد طولی ریشه در گیاهان موتانت با کاهش کمتری مواجه بوده است.

**فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت:** به منظور ارزیابی تأثیر خاموشی ژن *SSL6* بر روی فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت، در این تحقیق فعالیت آنزیم‌های کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسیداز بررسی گردید. بر اساس داده‌های حاصل از تجزیه واریانس فعالیت آنزیم SOD بین ژنوتیپ‌ها و نیز سطوح تنش در سطح ۱ درصد معنی‌دار، اما اثر متقابل ژنوتیپ و تیمار معنی‌دار نبوده است (جدول ۲). مقایسه میانگین نشان داد که بین دو ژنوتیپ تفاوت وجود داشته و فعالیت این آنزیم در ژنوتیپ *ssl6* برابر با  $0.051 \mu\text{Mol/g FW}$  و بیشتر از  $0.037 \mu\text{Mol/g FW}$  در ژنوتیپ Col-0 می‌باشد. در بین سطوح مختلف تنش شوری اختلاف معنی‌داری بین سطوح ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار با سطح صفر وجود دارد به عبارتی؛ افزایش شدت تنش باعث افزایش فعالیت آنزیم SOD گردیده است (جدول ۳).

بر اساس نتایج حاصله از تجزیه واریانس داده‌های حاصل از فعالیت آنزیم POD در مورد ژنوتیپ و تیمار در سطح ۱ درصد و در مورد اثر متقابل ژنوتیپ و تیمار در سطح ۵ درصد معنی‌دار می‌باشد (جدول ۲). مقایسه اثرات ساده در مورد ژنوتیپ‌ها نشان می‌دهد که میزان فعالیت آنزیم POD در ژنوتیپ *ssl6* به مقدار  $0.432 \text{ U/gFWmin}$  و در ژنوتیپ Col-0  $0.626 \text{ U/gFWmin}$  بوده و تفاوت بین آنها معنی‌دار می‌باشد. همچنین در مورد سطوح تیمار شوری با افزایش غلظت NaCl فعالیت آنزیم POD افزایش یافته و بین هر سه

نتایج حاصل از مقایسه طول ریشه در دو ژنوتیپ مورد بررسی قرر گرفت. تجزیه واریانس داده‌ها نشان داد که اختلاف بین ژنوتیپ‌ها و سطوح تیمار شوری در سطح ۱٪ معنی‌دار می‌باشد، در حالیکه اثر متقابل معنی‌دار نیست (جدول ۲). مقایسه میانگین ساده نشان داد طول ریشه در گیاه موتانت *ssl6* بیشتر بوده و نیز با افزایش سطح تیمار شوری از رشد ریشه در هر دو ژنوتیپ به صورت معنی‌داری کاسته شده است (جدول ۳). بنابراین ژنوتیپ موتانت نسبت به ژنوتیپ وحشی پاسخ مناسب‌تری در زمینه تحمل به تنش شوری داشته است. لذا طول ریشه‌های ژنوتیپ موتانت از کاهش کمتری در مقایسه با تیپ وحشی برخوردار بوده است. از جمله تأثیرات تنش شوری کاهش رشد و نمو گیاه است. وقتی گیاه در معرض تنش شوری قرار می‌گیرد، د ساختمان ریشه آن (Root System Architecture RSA) تغییر کرده و طی آن از رشد ریشه اولیه جلوگیری و بر رشد ریشه‌های جانبی افزوده می‌شود (Galvan- Ampudia and Testerink, 2011). گیاه آراییدوپسیس زمانی که در معرض تنش شوری قرار می‌گیرد، نرخ رشد ریشه آن با افزایش غلظت NaCl کاهش می‌یابد. مطالعات نشان داده است که این کاهش رشد به علت کاهش تقسیم سلولی و نیز کوچکتر بودن سلول‌های تولید شده در مریستم نوک ریشه می‌باشد. به عبارتی تنش شوری از طول شدن سلول‌ها نیز جلوگیری بعمل می‌آورد (West et al., 2004). با توجه به نتایج اندازه‌گیری طول ریشه، بنظر می‌رسد گیاه موتانت *ssl6* نسبت به گیاه مادری توانایی بیشتری در مقابله با تنش شوری

CAT، APX و GR در رقم مقاوم بیشتر از ارقام حساس بوده و لذا گیاهچه های فوق رشد بیشتری در شرایط تنش دارد (El-Bastawisy, 2010).

افزایش شوری تأثیر منفی بر روی فیزیولوژی گیاه داشته باعث آسیب‌هایی نظیر آسیب اکسیداتیو می‌شود. نتیجه این تأثیرات می‌تواند باعث آسیب به غشاء سلولی، جلوگیری از فتوسنتز، تولید متابولیت‌های سمی، کاهش جذب مواد غذایی و در نهایت مرگ گیاه می‌شود (Tavakkoli et al., 2011). فعالیت آنزیم‌های جمع‌آوری کننده ROS همبستگی بالایی با دفاع آنتی‌اکسیداتی و مقاومت به تنش شوری دارد. با این حال این میزان فعالیت در ارقام مختلف در شدت و مدت تنش متفاوت است. تولید ROS و افزایش فعالیت بسیاری از آنزیم‌های آنتی‌اکسیداتی در طول تنش شوری در مورد بسیاری از گیاهان گزارش شده است و بسیاری نشان داده‌اند که فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیداتی در ژنوتیپ‌های مقاوم در پاسخ به شوری افزایش یافته در حالی که در گونه‌های حساس تغییر مشاهده نمی‌شود (Ghosh et al., 2011). از جمله دلایل مقاومت برنج رقم Pokkali به شوری افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیداتی و نیز فعال شدن سریع این آنزیم‌ها ذکر شده (Vaidyanathan et al., 2003). سرکوب ژن *SSL6* در گیاهان موتانت *ssl6* موجب فعال شدن سیستم پاسخ آنتی‌اکسیداتی و تحمل بیشتر در گیاهان موتانت در پاسخ به تنش شوری شده است. بنابراین خاموشی ژن *SSL6* در لاین جهش یافته *ssl6* موجب افزایش فعالیت سیستم آنتی‌اکسیداتی در گیاه و احتمالاً بدنبال آن افزایش تحمل گیاهان موتانت در مقایسه با گیاهان وحشی شود.

#### بررسی بیان نسبی ژن‌های واکنش‌گر به تنش شوری:

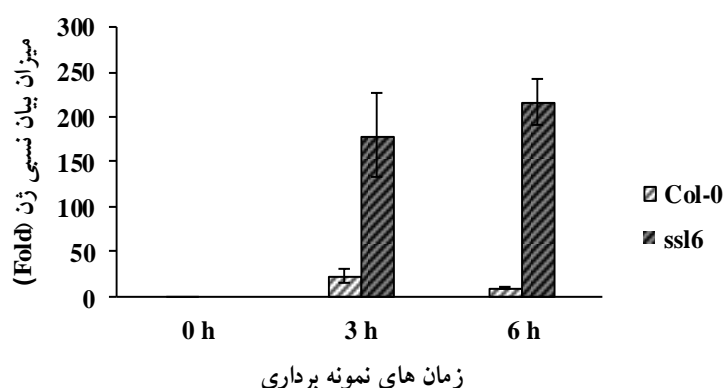
اندازه گیری میزان بیان ژن‌های مؤثر بر پاسخ گیاه به تنش و ایجاد تحمل بیشتر به تنش شوری از جمله روش‌های ارزیابی تحمل یا حساسیت گیاهان در واکنش به تنش شوری می‌باشد. این ژن‌ها عموماً کد کننده پروتئین‌هایی هستند که عمدتاً در تولید متابولیت‌های مؤثر در پاسخ گیاهان به تنش شوری نظیر هورمون ABA یا اسید آمینه پرولین نقش دارند. در شرایط

سطح تیمار اختلاف معنی‌دار وجود دارد (جدول ۳). در مورد اثر متقابل ژنوتیپ و تیمار داده‌های مقایسه میانگین نشان می‌دهد که در سطح صفر اختلاف معنی‌داری در فعالیت آنزیم POD بین ژنوتیپ‌ها وجود ندارد، ولی در غلظت‌های ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار فعالیت آنزیم POD در ژنوتیپ *ssl6* به ترتیب به مقدار  $0.70 \text{ U/gFWmin}$  و  $0.43 \text{ U/gFWmin}$  در ژنوتیپ Col-0 به ترتیب به مقدار  $0.195 \text{ U/gFWmin}$  و  $0.42 \text{ U/gFWmin}$  بوده و بین دو ژنوتیپ اختلاف معنی‌دار وجود دارد (جدول ۴).

نتایج تجزیه واریانس داده‌های فعالیت آنزیم کاتالاز نشان می‌دهد که در دو ژنوتیپ در سطح ۵ درصد دارای اختلاف معنی‌دار بوده (جدول ۲) و مقایسه میانگین اثرات ساده نشان داد که فعالیت آنزیم کاتالاز در ژنوتیپ *ssl6* بیشتر از ژنوتیپ Col-0 بوده و تفاوت معنی‌دار می‌باشد (جدول ۳). فعالیت این آنزیم در مورد تیمار شوری و اثر متقابل ژنوتیپ و تیمار معنی‌دار نیست (جدول ۲).

در حالت کلی اندازه گیری فعالیت آنزیم‌های کاتالاز، پراکسیداز و سوپراکسید دیسموتاز در دو ژنوتیپ موتانت و تیپ وحشی حاکی از تأثیر مثبت سرکوب ژن *SSL6* در افزایش فعالیت آنزیم‌های جمع‌آوری کننده ROS های حاصل از تنش شوری در آرابیدوپسیس می‌باشد. انواع تنش‌های غیر زیستی موجب تولید بیش از حد گونه‌های فعال اکسیژن می‌شوند که بسیار سمی و فعال بوده و باعث آسیب به پروتئین‌ها، چربی‌ها، کربوهیدرات‌ها و DNA و نهایتاً باعث تنش اکسیداتیو می‌شوند. سیستم آنتی‌اکسیداتی در مقابل تنش اکسیداتیو از گیاه حفاظت می‌کند. این سیستم در گیاهان شامل آنزیم‌هایی مانند کاتالاز، پراکسیداز، سوپراکسیداز و نیز ترکیبات آنتی‌اکسیداتی غیر آنزیمی نظیر آسکوربیک اسید و گلوکاتیون می‌باشد که سلول‌های گیاهی را از آسیب‌های اکسیداتیو از طریق جمع آوری ROS ها حفاظت می‌کند. (Gill and Tuteja, 2010). پاسخ گیاهان به تنش شوری بر اساس ژنوتیپ، مرحله نموی و نیز شدت و مدت تنش متفاوت است. در تحقیقی که به منظور تأثیر تنش شوری بر روی رشد گیاهچه‌های گندم صورت گرفت، گزارش شد که فعالیت بیشتر آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت SOD،





شکل ۲- الگوی بیان نسبی ژن RD29A در پاسخ به تنش شوری در زمان های صفر، ۳ و ۶ ساعت (h) پس از تیمار (داده ها به صورت میانگین  $\pm$  خطای استاندارد ارائه شده اند).

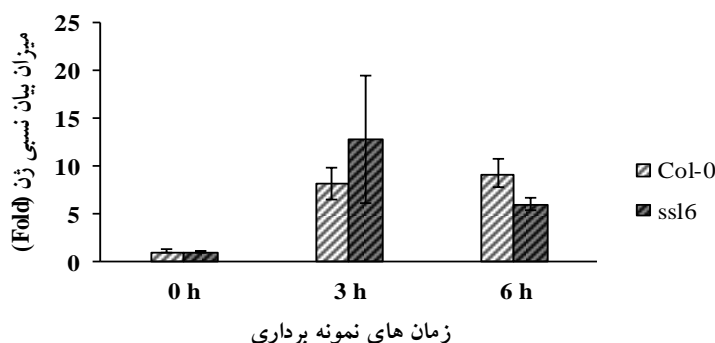
مشخص کرد که از نظر مورفولوژیکی و بیوشیمیایی گیاهان جهش یافته به تنش شوری حساس بودند که نشان از نقش این ژن در پاسخ به تنش ها دارد (Msanne et al., 2011). ناحیه پروموتری این ژن حاوی عناصر تنظیم کننده DRE/CRT و ABRE واکنش به تنش های غیر زیستی بوده و باعث القاء بیان این ژن از طریق میانکنش با فاکتور رونویسی DREB می گردد (Kant et al., 2007). بیان ژن  $\Delta$ - پرولین - ۵- کربوکسیلات سینتاز (*P5CSI*) ۳ ساعت پس از تیمار شوری در هر دو ژنوتیپ افزایش نشان می دهد که این افزایش در گیاه موتانت بیشتر و ۱/۷۵ برابر گیاه تیپ وحشی می باشد. در زمان ۶ ساعت پس از تیمار شوری بیان ژن *P5CSI* در گیاه موتانت کاهش یافته است در حالی که میزان بیان نسبی این ژن در گیاه تیپ وحشی اندکی افزایش نشان می دهد (شکل ۳).

$\Delta$ - پرولین - ۵- کربوکسیلات سینتاز (*P5CSI*) آنزیم کلیدی بیوستز پرولین می باشد. میزان رونویسی این ژن در شرایط تنش شوری، خشکی و نیز تیمار با ABA تغییر کرده و به صورت معنی داری افزایش می یابد. آنالیز بیوشیمیایی و مولکولی گیاهان موتانت که در آن *P5CSI* خاموش شده اند در پاسخ به تنش شوری نشان دهنده کاهش میزان پرولین و حساسیت شدید به تنش شوری بوده و میزان گونه های فعال اکسیژن افزایش می یابد. تجمع پرولین یک پاسخ عمومی در گیاهان عالی به تنش شوری و خشکی می باشد

تنش، میزان بیان نسبی ژن های پاسخ به تنش نظیر *RD29A* (Responsive to Desiccation 29A) ( $\Delta$ -pyrroline-) *P5CSI*، (5-carboxylate synthase 1 abscisic-aldehyde) *AAO3*، (*NCED3* (9-cis-epoxycarotenoid oxidase) و *dioxygenase3*) افزایش می یابد و افزایش تحمل به تنش شوری و سایر تنش های غیر زیستی را در گیاهان به دنبال دارد (Li et al., 2015; Liu et al., 2015; Shi et al., 2012).

بیان نسبی ژن *RD29A* در گیاهان موتانت *ssl6* در زمان های ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار شوری به ترتیب ۸ و ۲۴ برابر در مقایسه با ژنوتیپ Col-0 بوده است که تفاوت معنی داری با بیان این ژن در ژنوتیپ Col-0 دارد (شکل ۲).

ژن *RD29A* به تنش های غیر زیستی حساس و بیان آن در واکنش به این تنش ها افزایش می یابد. لذا در گروه ژن های دسته بندی می شود که در مقاومت به تنش های غیر زیستی نقش دارد (Msanne et al., 2011). پروتئین کد شده بوسیله این ژن از نظر کارکرد شناخته شده نبوده و مکانیسم مقاومت حاصل از آن مشخص نمی باشد. با این حال آن ها را پروتئین های شبه LEA (like late embryogenesis abundant) می نامند (Kaur and Gupta, 2005). از ژن های کد کننده LEA که فعالیت چاپرونی دارند برای تولید گیاهان مقاوم به تنش های غیر زیستی استفاده می شود (Shinozaki and Yamaguchi, 2007). مطالعه لاین های T-DNA ژن *RD29A*



شکل ۳- الگوی بیان نسبی ژن P5CS1 در پاسخ به تنش شوری در زمان‌های صفر، ۳ و ۶ ساعت (h) پس از تیمار (داده‌ها به صورت میانگین  $\pm$  خطای استاندارد ارائه شده‌اند).

می‌دهد (شکل ۵).

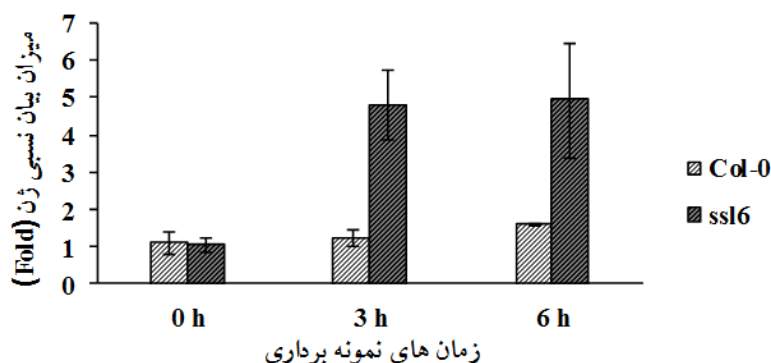
آنزیم‌های AAO3 و NCED3 از جمله آنزیم‌های کلیدی در بیوستز ABA می‌باشد. آخرین مرحله بیوستز ABA بوسیله آنزیم آبسزیک آلدئید اکسیداز (AAO3) کاتالیز می‌شود. گیاه آرابیدوپسیس دارای ۴ ژن کد کننده آنزیم AAO می‌باشد که از ۱ تا ۴ نام گذاری شده‌اند. آنزیم AAO3 نقش اصلی را در بیوستز ABA در بین این آنزیم‌ها دارد. از سویی دیگر آنزیم NCED3 آنزیم کلیدی بیوستز و نیز کنترل سطح ABA در گیاه آرابیدوپسیس می‌باشد (Seo et al., 2000). تنش‌های غیر زیستی نظیر شوری باعث افزایش ABA در گیاه می‌شوند. مطالعات نشان داده است که تجمع ABA فاکتور اصلی در کنترل پاسخ‌های گیاه برای مقاومت و تحمل به تنش می‌باشد. این پاسخ‌ها شامل تغییرات هدایت روزنه‌ای، رشد، تجمع اسمولیت‌ها و تغییر بیان ژن‌ها می‌باشد (Verslues and Zhu, 2005).

بررسی بیان نسبی چهار ژن واکنش گر به تنش‌های غیر زیستی نشان داد که بیان این ژن‌ها در گیاه موتانت *ssl6* افزایشی بوده و در زمان‌های ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار افزایش یافته است. در گیاه تیپ وحشی نیز بجز ژن *AAO3* که بیان آن در ساعات پس از اعمال تیمار افزایش محسوسی ندارد، بیان سایر ژن‌ها افزایش داشته است. نتایج بررسی بیان نسبی این ژن‌ها نشان دهنده تأثیر مثبت سرکوب ژن *SSL6* بر بیان ژن‌های پاسخ به تنش شوری است. ژن‌های *RD29A*

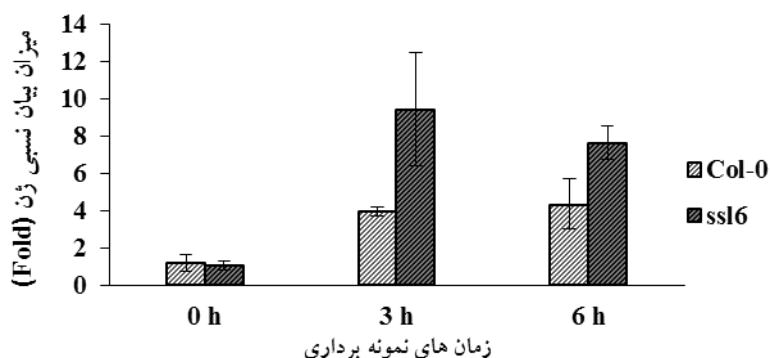
(Szekley et al., 2008). پرولین بعنوان یک اسمولیت بسیار مهم با فعالیت چاپرونی از ساختار پروتئین‌ها حفاظت کرده و نیز با فعالیت آنتی اکسیدانتی سطوح رادیکال‌های آزاد را کنترل می‌کند (Hong et al., 2000). اسید آمینه پرولین در پاسخ به تنش‌های محیطی در گیاهان تجمع می‌یابد. علاوه بر نقش پرولین در تنظیم اسمز سلولی، پرولین در حفاظت ساختار غشاء سلولی و پروتئین، جمع‌آوری رادیکال‌های آزاد نقش داشته و نیز باعث القاء ژن‌های پاسخ به شوری دارای عناصر تنظیمی پاسخ به پرولین در ناحیه پروموتری می‌باشند می‌گردد (Ashraf and Foolad, 2007).

بیان نسبی ژن آبسزیک آلدئید اکسیداز (*AAO3*) در گیاه *Col-0* تغییر معنی‌داری در ساعات‌های پس از اعمال تیمار نداشته و القاء نشده است. در گیاه موتانت *ssl6* بیان ژن در ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار افزایش حدود ۴ برابری را نسبت به زمان صفر نشان می‌دهد (شکل ۴).

الگوی بیان نسبی ژن ۹-سیس-اپوکسی کاروتنوئید دی اکسیژناز (*NCED3*) افزایشی می‌باشد، ولی بیان آن ۶ ساعت پس از اعمال تیمار شوری کاهش یافته است. ژن *NCED3* در گیاه تیپ وحشی نیز افزایش یافته و نسبت به زمان صفر تقریباً ۴ برابر افزایش یافته است، با این حال میزان این افزایش نسبت به گیاه جهش یافته کمتر است. افزایش بیان ژن *NCED3* در گیاه موتانت *ssl6* نسبت به گیاه تیپ وحشی در زمان ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار به ترتیب  $1/5$  و  $2/4$  برابر افزایش نشان



شکل ۴- الگوی بیان نسبی ژن Zm1g1 در پاسخ به تنش شوری در زمان‌های صفر، ۳ و ۶ ساعت (h) پس از تیمار (داده‌ها به صورت میانگین ± خطای استاندارد ارائه شده‌اند).



شکل ۵- الگوی بیان نسبی ژن NCED3 در پاسخ به تنش شوری در زمان‌های صفر، ۳ و ۶ ساعت (h) پس از تیمار (داده‌ها به صورت میانگین ± خطای استاندارد ارائه شده‌اند).

DNA در ژن SSL6 به بررسی نقش احتمالی این ژن در پاسخ به تنش شوری پرداخته شد. اندازه‌گیری درصد جوانه‌زنی و نیز رشد ریشه در شرایط تنش نشان دهنده پاسخ بهتر گیاه جهش یافته نسبت به گیاه مادری می‌باشد. بر اساس نتایج حاصل از بررسی میزان فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانت و نیز ژن‌های واکنش‌گر به تنش شوری می‌توان نتیجه گرفت که در گیاهان موتانت بخشی از سیستم دفاعی گیاه فعال شده است که می‌تواند موجب ایجاد تحمل بیشتر در گیاه موتانت نسبت به گیاه تیپ وحشی گردد. مطالعات انجام گرفته بر روی میزان آنزیم‌های POD، SOD و CAT نشان می‌دهد که افزایش فعالیت این آنزیم‌ها در گیاه موتانت نسبت به گیاه مادری ارتباط مستقیمی با میزان تحمل گیاهان تنش شوری می‌تواند داشته باشد. با توجه به نقش ژن‌های *AAO3*، *RD29A*، *NCED3* و *P5CS1* در تولید ترکیباتی نظیر پرولین و ABA و افزایش بیان این ژن‌ها در

*AAO3* و *NCED3* ژن‌هایی هستند که از دو طریق وابسته به هورمون ABA و نیز مستقل از آن القا شده و نقش کارکردی خود را ایفا می‌کنند. وجود عناصر تنظیمی پاسخ به ABA و همچنین تنش‌های غیر زیستی می‌تواند باعث بیان ژن‌های درگیر در تنش گردد ( Yamaguchi-Shinozaki and Shinozaki, 2006; Singh and Laxim, 2015; Barrero et al., 2006). احتمالاً ژن *SSL6* یک ممانعت کننده مسیره‌های پاسخ به تنش‌های غیر زیستی از طریق تأثیر بر روی عوامل انتقال پیام نظیر فاکتورهای رونویسی و یا مسیر ABA می‌باشد. بنابراین سرکوب ژن *SSL6* از طریق درج T-DNA اثر مهارکنندگی آن را از بین برده و موجب القاء بیان ژن‌های مقاومت به تنش شوری شده است.

#### نتیجه‌گیری کلی:

در این تحقیق با استفاده از لاین جهش یافته حاصل از درج T-

*SSL6* می‌باشد. با این حال جهت درک بهتر و کامل‌تر نقش ژن *SSL6* در پاسخ گیاه به تنش شوری فرابیان آن و همچنین اندازه‌گیری محتوای پرولین و *ABA* و نیز بررسی مسیر پیام‌رسانی *SOS* در گیاهان موتانت و تیپ وحشی در پاسخ به تنش شوری می‌تواند این مطالعه را کامل‌تر نماید.

گیاهان موتانت، می‌توان گفت که احتمالاً میزان تولید پرولین و *ABA* در گیاه موتانت *ss/6* تغییر یافته و لذا باعث ایجاد تحمل بیشتر در این گیاهان در شرایط تنش شوری شده است. این تحقیق اولین گزارش در مورد تأثیر منفی ژن *SSL6* در پاسخ گیاه آرابیدوپسیس به تنش شوری و افزایش تحمل گیاه آرابیدوپسیس نسبت به این تنش در صورت سرکوب بیان ژن

#### منابع:

- Ashraf, M. and Foolad, M. (2007) Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance. *Environmental and Experimental Botany* 59: 206-216.
- Barrero, J., Rodriguez, P. L., Quesada, V., Piqueras, P., Ponce, M. R., & Micol, J. L. (2006) Both abscisic acid (ABA) dependent and ABA independent pathways govern the induction of *NCED3*, *AAO3* and *ABA1* in response to salt stress. *Plant, cell and environment* 29: 2000-2008.
- Beauchamp, C. and Fridovich, I. (1971) Superoxide dismutase: Improved assays and an assay applicable to acrylamide gels. *Analytical Biochemistry* 44: 276-87.
- Beers, R. F. and Sizer, I. W. (1952) A spectrophotometric method for measuring the breakdown of hydrogen peroxide by catalase. *The Journal of Biological Chemistry* 195: 133-140.
- Chance, B. and Maehly, A. C. (1955) Assay of catalase and peroxidase. *Methods Enzymology* 2: 764-775.
- Cheong, M. S. and Yun, D. J. (2007) Salt-stress signaling. *Journal of Plant Biology* 50: 148-155.
- Dobritsa, A. A., Nishikawa, S. I., Preuss, D., Wochniak, E. U., Summer, L. W., Hammond, A., Carson, A. L. and Swanson, R. J. (2009) *LAP3*, a novel plant protein required for pollen development, is essential for proper exine formation. *Sexual Plant Reproduction* 22: 167-177.
- Dong, C. J. and Liu, J. Y. (2010) The Arabidopsis EAR-motif-containing protein *RAP2.1* functions as an active transcriptional repressor to keep stress responses under tight control. *BMC plant biology* 10: 47.
- Dutta, A., Sen, J. and Deswal, R. (2013). New evidences about strictosidine synthase (*Str*) regulation by salinity, cold stress and nitric oxide in *Catharanthus roseus*. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology* 22: 124-131.
- El-Bastawisy, Z. M. (2010) Variation in antioxidants among three wheat cultivars varying in tolerance to NaCl. *Gen Appl Plant Physiol* 36: 189-203.
- Fabbri, M., Delp, G., Schmidt, O. and Theopold, U. (2000) Animal and plant members of a gene family with similarity to alkaloid-synthesizing enzymes. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 271: 191-196.
- Galvan-Ampudia, C. S. and Testerink, C. (2011) Salt stress signals shape the plant root. *Current opinion in plant biology* 14: 296-302.
- Ghosh, N., Adak, M. K., Ghosh, P. D., Gupta, S., Sen Gupta, D. N. and Mandal, C. (2011) Differential responses of two rice varieties to salt stress. *Plant Biotechnology Reports* 5: 89-103.
- Gill, S. S. and Tuteja, N. (2010) Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants. *Plant Physiology Biochemistry* 48: 909-930.
- Hong, Z., Lakkineni, K., Zhang, Z. and Verma, D. P. S. (2000) Removal of feedback inhibition of D(1)-pyrroline-5-carboxylate synthetase results in increased proline accumulation and protection of plants from osmotic stress. *Plant Physiology* 122: 1129-1136.
- Ji, H., Pardo, J. M., Batelli, G., Van Oosten, M. J., Bressan, R. A. and Li, X. (2013) The Salt Overly Sensitive (*SOS*) pathway: established and emerging roles. *Molecular Plant* 6: 275-286.
- Kant, P., Kant, S., Gordon, M., Shaked, R and Barak, S. (2007). *STRESS RESPONSE SUPPRESSOR1* and *STRESS RESPONSE SUPPRESSOR2*, two DEAD-box RNA helicases that attenuate Arabidopsis responses to multiple abiotic stresses. *Plant physiology* 145: 814-830.
- Kaur N. and Gupta A. K. (2005) Signal transduction pathways under abiotic stresses in plants. *Current Science* 88: 1771-1780.
- Kibble, N. A., Sohani, M. M., Shirely, N., Byrt, C., Roessner, U., Bacic, A., Schmidt, O. and Schultz, C. J. (2009) Phylogenetic analysis and functional characterization of strictosidine synthase-like genes in *Arabidopsis thaliana*. *Functional Plant Biology* 36: 1098-1109.
- Koornneef, M. and Meinke, D. (2010) The development of Arabidopsis as a model plant. *The Plant Journal* 61: 909-921.
- Li, F., Guo, S., Zhao, Y., Chen, D., Chong, K. and Xu, Y. (2010). Overexpression of a homeopeptide repeat-containing bHLH protein gene (*OrbHLH001*) from Dongxiang Wild Rice confers freezing and salt tolerance in transgenic Arabidopsis. *Plant cell reports* 29: 977-986.

- Li, J., Ban, L., Wen, H., Wang, Z., Dzyubenko, N., Chapurin, V. and Wang, X. (2015) An aquaporin protein is associated with drought stress tolerance. *Biochemical and biophysical research communications* 459: 208-213.
- Liu, R., Liu, Y., Ye, N., Zhu, G., Chen, M., Jia, L. and Zhang, J. (2015) AtDsPTP1 acts as a negative regulator in osmotic stress signalling during Arabidopsis seed germination and seedling establishment. *Journal of experimental botany* 66: 1339-1353.
- Livak, K. J. and Schmittgen, T. D. (2001) Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the  $2^{-\Delta\Delta CT}$  Method. *Methods* 25: 402-408.
- Msanne, J., Lin, J., Stone, J. M. and Awada, T. (2011) Characterization of abiotic stress-responsive Arabidopsis thaliana RD29A and RD29B genes and evaluation of transgenes. *Planta* 234: 97-107.
- Munns, R. (2002). Comparative physiology of salt and water stress. *Plant, cell & environment* 25: 239-250.
- Park, H. J., Kim, W. Y. and Yun, D. J. (2016) A New Insight of Salt Stress Signaling in Plant. *Molecules and cells*.
- Qadir, M., Tubeileh, A., Akhtar, J., Larbi, A., Minhas, P. S. and Khan, M. A. (2008). Productivity enhancement of salt-affected environments through crop diversification. *Land Degradation and Development* 19: 429-453.
- Radhamony, R. N., Mohan Prasad, A. and Srinivasan, R. (2005) T-DNA insertional mutagenesis in Arabidopsis: a tool for functional genomics. *Electronic Journal of Biotechnology* 8: 82-106.
- Seo, M., Peeters, A. J. M., Koiwai, H., Oritani, T., Marion-Poll, A., Zeevaert J. A. D., Koornneef, M., Kamiya, Y. and Koshiba, T. (2000) The Arabidopsis aldehyde oxidase 3 (AAO3) gene product catalyzes the final step in abscisic acid biosynthesis in leaves. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 97: 12908-12913.
- Shi, H. T., Li, R. J., Cai, W., Liu, W., Wang C. L. and Lu, Y. T. (2012) Increasing Nitric Oxide Content in Arabidopsis thaliana by Expressing Rat Neuronal Nitric Oxide Synthase Resulted in Enhanced Stress Tolerance. *Plant and Cell Physiology* 53: 344-357.
- Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki K. (2007) Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of Experimental Botany* 58: 221-227.
- Singh, D. and Laxmi, A. (2015) Transcriptional regulation of drought response: a tortuous network of transcriptional factors. *Frontiers in plant science* 6.
- Sohani, M. M., Schenk, P. M., Schultz, C. J. and Schmidt, O. (2009) Phylogenetic and transcriptional analysis of a strictosidine synthase-like gene family in Arabidopsis thaliana reveals involvement in plant defence responses. *Plant Biology* 11: 105-117.
- Stockigt, J., Barleben, L., Panjikar, S. and Loris, E. A. (2008) 3D-structure and function of strictosidine synthase the key enzyme of monoterpene indole alkaloid biosynthesis. *Plant Physiology Biochemistry* 46:340-355.
- Szekley, G., Abraham, E., Cseplo, A., Rigo, G., Zsigmond, L., Csiszar, J., Ayaydin, F., Strizhov, N., Jasik, J., Schmelzer, E., Koncz, C. and Szabados, L. (2008) Duplicated P5CS genes of *Arabidopsis* play distinct roles in stress regulation and developmental control of proline biosynthesis. *The Plant Journal* 53: 11-28.
- Tavakkoli, E., Fatehi, F., Coventry, S., Rengasamy, P. and McDonald, G. K. (2011) Additive effects of Na<sup>+</sup> and Cl<sup>-</sup> ions on barley growth under salinity stress. *Journal of Experimental Botany* 62: 2189-2203.
- Vaidyanathan, H., Sivakumar, P., Chakrabarty, R and Thomas, G. (2003) Scavenging of reactive oxygen species in NaCl-stressed rice (*Oryza sativa* L.)—differential response in salt-tolerant and sensitive varieties. *Plant Science* 165: 1411-1418.
- Verlues, P. E. and Zhu, J. K. (2005) Before and beyond ABA: upstream sensing and internal signals that determine ABA accumulation and response under abiotic stress. *Biochemical Society Transactions* 33: 375-379.
- Walden, R. (2002) T-DNA tagging in a genomics era. *Critical reviews in plant sciences* 21: 143-165.
- West, G., Inze, D. and Beemster, G. T. (2004) Cell cycle modulation in the response of the primary root of Arabidopsis to salt stress. *Plant physiology* 135: 1050-1058.
- Yan, A., Wu, M., Yan, L., Hu, R., Ali, I. and Gan, Y. (2014) AtEXP2 is involved in seed germination and abiotic stress response in Arabidopsis. *PloS one* 9: e85208.
- Yamaguchi-Shinozaki, K. and Shinozaki, K. (2006) Transcriptional regulatory networks in cellular responses and tolerance to dehydration and cold stresses. *Annu. Rev. Plant Biol* 57: 781-803.
- Yoshida, S., Ito, M., Nishida, I. and Watanabe, A. (2001) Isolation and RNA Gel Blot Analysis of Genes that Could Serve as Potential Molecular Markers for Leaf Senescence in Arabidopsis thaliana. *Plant Cell Physiology* 42: 170-178.

