

DOR: 20.1001.1.23223243.2021.19.1.29.0

سازوکارهای فیزیولوژیکی و مولکولی تحمل تنش اکسیداتیو در ژنوتیپ‌های جهش یافته برنج رقم
هاشمی (*Oryza sativa* L. cv. Hashemi) در شرایط تنش شوری

Physiological and molecular mechanisms of oxidative stress tolerance in mutant
genotypes of rice (*Oryza sativa* L. cv. Hashemi) under salt stress conditions

لیلا خزائی^۱ و رضا شیرزادیان خرم‌آباد^۲

چکیده

خزائی، ل. و ر. شیرزادیان خرم‌آباد. ۱۴۰۲. سازوکارهای فیزیولوژیکی و مولکولی تحمل تنش اکسیداتیو در ژنوتیپ‌های جهش یافته برنج رقم هاشمی (*Oryza sativa* L. cv. Hashemi) در شرایط تنش شوری. نشریه علوم زراعی ایران. ۲۵ (۲): ۲۰۶-۱۹۰.

شوری خاک از جمله عوامل تنش‌زای محیطی است که باعث تجمع گونه‌های فعال اکسیژن و ایجاد تنش اکسیداتیو و در نتیجه کاهش رشد و تولید گیاهان زراعی می‌شود. در این تحقیق که در سال ۱۳۹۸ در محلول غذایی در آزمایشگاه کشت بافت مؤسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) اجرا شد، فعالیت آنزیمی و بیان ژن‌های موثر در دفاع آنتی‌اکسیدانی دو ژنوتیپ برنج جهش یافته منتخب متحمل به تنش شوری (*em4hs290* و *em4hs84*) همراه با رقم هاشمی (والد غیر جهش یافته)، رقم FL478 (متحمل) و رقم IR28 (حساس) مورد ارزیابی قرار گرفتند. نتایج نشان داد که فعالیت آنزیمی پراکسیداز (POX) در ارقام هاشمی و IR28 و آسکوربات پراکسیداز (APX) در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل و رقم متحمل FL478 به‌طور معنی‌داری افزایش یافتند. نتایج بیان ژن‌های مرتبط با تنش شوری نیز نشان داد که علیرغم رفتار متفاوت ژن‌ها در ژنوتیپ‌های برنج مورد ارزیابی، میزان کل بیان ژن‌های *OSGRI*، *OsAPX2*، *DREB2B* و *POX1* در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل بیشتر از رقم حساس بود. فراوانی رونوشت ژن‌های *OsAPX2* در ژنوتیپ‌های متحمل در شرایط تنش شوری کوتاه‌مدت به‌طور معنی‌داری بیشتر بود و با حذف پراکسید هیدروژن و افزایش فعالیت آنزیم اسکوربات پراکسیداز همبستگی داشت. عدم شباهت در الگوی بیان ژن‌های مورد مطالعه بین دو ژنوتیپ جهش یافته متحمل و والد آنها (رقم هاشمی) نشان داد که القای جهش می‌تواند از طریق بهبود فعالیت آنتی‌اکسیدانی باعث افزایش توانایی ژنوتیپ‌های برنج برای تحمل تنش شوری در مقایسه با ارقام والد حساس آنها شود. به‌نظر می‌رسد که ژنوتیپ‌های جهش یافته برنج رشد مناسبی را در شرایط تنش شوری خاک نیز داشته باشند.

واژه‌های کلیدی: آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، برنج، بیان ژن، تحمل، تنش شوری و موتاسیون

تاریخ دریافت: ۱۴۰۲/۰۳/۰۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۶/۲۶
این مقاله مستخرج از رساله دکتری نگارنده اول با شماره ۱۲۸۷۹ در معاونت پژوهشی دانشگاه گیلان است
۱- دانش‌آموخته دکتری دانشگاه گیلان و محقق مؤسسه تحقیقات برنج کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران
۲- دانشیار دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ایران (مکاتبه‌کننده) (پست الکترونیک: r.shirzadian@guilan.ac.ir)

Physiological and molecular mechanisms of oxidative stress tolerance in mutant genotypes of rice (*Oryza sativa* L. cv. Hashemi) under salt stress conditions

Khazaie, L.¹ and R. Shirzadian-Khoramabad²

ABSTRACT

Khazaie, L. and R. Shirzadian-Khoramabad. 2023. Physiological and molecular mechanisms of oxidative stress tolerance in mutant genotypes of rice (*Oryza sativa* L. cv. Hashemi) under salt stress conditions. **Iranian Journal of Crop Sciences. 25(1): 190-206. (In Persian).**

Introduction: Soil salinity is one of the environmental stresses that causes the accumulation of reactive oxygen species (ROS), and oxidative stress, and consequently, reduces crop growth and production. Antioxidative mechanisms are critical to protect cells from the adverse effects of ROS.

Material and Methods: This study was conducted in nutrient solution in Rice Research Institute of Iran, Rasht, Iran in 2019. The enzymatic activity and expression of effective genes on antioxidant defense were examined in two selected mutant genotypes (*em3hs290* and *em3hs84*) tolerant to salinity stress, with Hashemi local cultivar, FL478 (tolerant) and IR28 (sensitive) genotypes. Biochemical traits including the activity of antioxidant enzymes, peroxidase, catalase, and ascorbate peroxidase, and the relative expression of genes encoding transcription factors (*SNAC1*, *DREB2B*, and *DREB2A*) and genes associated with oxidative stress (*OsAOX1C*, *POX1*, *OsGR1*, *OsAPX2* and *OsGPX1*) were also measured and detected using real-time PCR technique.

Results: The results showed that enzymatic activity of peroxidase (POX) in control cultivars (cv. Hashemi and IR28 cultivars) and ascorbate peroxidase (APX) in tolerant mutant genotypes and FL478 cultivar increased significantly. The genes expression associated with salinity stress tolerance also indicated that despite the variable behavior of the genes in the studied mutant genotypes, the expression of *OSGR1*, *DREB2B*, *OsAOX1C* and *POX1* genes in studied tolerant mutants was more than susceptible cultivar. Transcript abundance of the *OsAPX2* gene was significantly higher in salt-tolerant genotypes under short-term salinity stress and correlated with peroxide hydrogen removal and increased activity of ascorbate peroxidase enzyme.

Conclusion: The lack of similarity in the expression pattern of studied genes between the two salt-tolerant mutant genotypes (*em4hs290* and *em4hs84*) and cv. Hashemi showed that the mutation could trigger the salt-tolerance mechanisms in mutant genotypes, in comparison of cv. Hashemi, through enhancement of antioxidant enzymes activity in response to salt stress. It seems that the mutant genotypes may have suitable growth in soil salinity conditions.

Key words: Antioxidant enzymes, Gene expression, Mutation, Rice, Salinity stress and Tolerance

Received: May, 2023 Accepted: September, 2023

1. PhD graduate, University of Guilan, Rasht, Iran. Researcher, Rice Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Rasht, Iran

2. Associate Prof., University of Guilan, Rasht, Iran. (Corresponding author) (Email: r.shirzadian@guilan.ac.ir)

مقدمه

برنج (*Oryza sativa* L.) منبع غذایی اصلی بیش از 3/5 میلیارد نفر در سراسر دنیا، به ویژه قاره آسیا است. در میان تنش‌های غیرزیستی، شوری خاک یکی از عوامل اصلی محدودیت رشد، نمو و عملکرد این گیاه راهبردی محسوب می‌شود. برآورد شده است که بیش از ۱۰۰۰ میلیون هکتار از اراضی دنیا شور یا سدیمی هستند و ۲۵ تا ۳۰ درصد از اراضی فاریاب دنیا (حدود ۷۰ میلیون هکتار) تحت تأثیر شوری خاک قرار داشته و از نظر تجاری فاقد بازدهی محسوب می‌شوند (Shahid *et al.*, 2018). در میان غلات، برنج حساس‌ترین غله نسبت به شوری خاک در مراحل گیاهچه‌ای و مرحله گلدهی است که در غلظت ۳۰ میلی‌مول در لیتر کلرید سدیم (هدایت الکتریکی حدود ۳ دسی‌زیمنس بر متر)، رشد و عملکرد گیاه برنج به شدت کاهش می‌یابد (Lutts *et al.*, 1995). گیاهان به تنش شوری از طریق درک و انتقال پیام‌های اسمزی و یونی به داخل سلول و به دنبال آن تغییر در ویژگی‌های سلولی، پاسخ می‌دهند (Nongpiur *et al.*, 2020). درک سازوکارهای مولکولی تحمل تنش مبنایی می‌تواند به بهبود تنوع تحمل به تنش شوری در گیاه برنج کمک کند. علیرغم مطالعات گسترده در مورد بررسی سازوکار تحمل به شوری، پیشرفت‌های محدودی در به‌نژادی برای افزایش تحمل شوری بدست آمده است. پاسخ‌های گیاهان به تنش‌های غیرزیستی با بیان چندین ژن و مسیرهای مولکولی و بیوشیمیایی همراه است. بسیاری از این ژن‌ها به صورت مشترک در انواع تنش‌های محیطی بیان می‌شوند و ژن‌هایی که بیان آنها در پاسخ به تنش شوری افزایش می‌یابد در سه گروه ژن‌های کنترل‌کننده جذب و انتقال سدیم و سایر نمک‌ها، ژن‌های فعال در مسیرهای دفاعی و تنظیم اسمزی و ژن‌های دخیل در تنظیم رشد گیاه در خاک‌های شور دسته‌بندی می‌شوند (Hanin *et al.*, 2016). گزارش شده است که صدها ژن

کدکننده عوامل رونویسی در تنظیم پاسخ گیاه به تنش‌های زیستی درگیر هستند. این عوامل مسئول بیان ژن‌های فعال در تنش و مرتبط با تحمل و سازگاری گیاه هستند. خانواده عوامل رونویسی از قبیل MYB/MYC, AP2/ERF, bZIP, NAC, HD-ZIP (NF-Y)، در اثر تنش شوری القاء شده و تغییر در بیان برخی از این ژن‌ها بر تحمل گیاه به تنش شوری اثر دارد (Zhu *et al.*, 2010). عوامل رونویسی نوع NAC شامل *OsNAC10* و *OsNAC5*, *SNAC1*, *OsNAC6* تنظیم‌کننده‌های واکنش به تنش‌های غیرزیستی در برنج هستند. تعدادی از ژن‌های NAC که توسط تنش‌های خشکی، شوری بالا و سرما القاء می‌شوند، در برنج گزارش شده‌اند. *SNAC1* به عنوان یک جزء کلیدی در پاسخ به تنش در گیاه برنج شناسایی شده است. عوامل رونویسی DREB (The Dehydration Responsive Element Binding Protein) به دو نوع DREB1 و DREB2 تقسیم می‌شوند که این دو گروه نیز داری تعدادی زیر خانواده هستند که در گیاهان مختلف متفاوت هستند. برنج دارای حداقل چهار هم‌ساختار DREB2 است که از میان آنها *OsDREB2A* و *OsDREB2B* توسط تنش‌های خشکی، شوری بالا و گرما القاء می‌شوند (Matsukura *et al.*, 2010).

تغییرات مورفولوژیک و فیزیولوژیک در گیاه از جمله وزن بوته، طول برگ و ریشه و تغییرات بیوشیمیایی و مولکولی در اثر تنش شوری معمولاً با تجمع گونه‌های فعال اکسیژن (Reactive Oxygen Species; ROS) همراه است (Lee *et al.*, 2001). گونه‌های فعال اکسیژن که به دلیل اثرات شوری بالا (هایپراسموتیک) و سمیت یونی به وجود می‌آیند، باعث آسیب به غشای سلول و فرآیندهای غشایی و مرگ سلول می‌شوند. کاهش سرعت فتوسنتز ناشی از شوری بالا باعث تسریع در تشکیل گونه‌های فعال اکسیژن در کلروپلاست می‌شود. گیاهان سازوکارهایی را برای جلوگیری از اثرات سمی گونه‌های فعال اکسیژن دارند

متحمل به شوری در برنج را بهبود دهد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی مورد استفاده در آزمایش شامل دو ژنوتیپ منتخب جهش یافته از والد هاشمی متحمل به شوری (*em4hs290* و *em4hs84*) (Khazaie *et al.*, 2023) بودند که همراه با والد غیر جهش یافته هاشمی و ارقام FL478 (متحمل) و IR28 (حساس) به شوری در سال ۱۳۹۸ در آزمایشگاه کشت بافت مؤسسه تحقیقات برنج کشور (رشت) مورد ارزیابی قرار گرفتند.

بذرهای ژنوتیپ‌های برنج پس از ضد عفونی سطحی با محلول هیپوکلریت سدیم پنج درصد به مدت ۱۰ دقیقه، جهت جوانه‌دار کردن به ژرمیناتور با دمای ۲۷ درجه سلسیوس منتقل شدند. بذرهای جوانه‌زده به صفحات یونولیت با ابعاد ۲×۳۰×۳۴ سانتی‌متر که سوراخ‌هایی با قطر یک سانتی‌متر در آن ایجاد شده بود منتقل و در هر سوراخ دو بذر جوانه‌زده قرار داده شدند. صفحه‌های یونولیت روی ظروف ۱۰ لیتری حاوی محلول یوشیدا (Yoshida *et al.*, 1976) به حالت شناور قرار داده شدند. محلول هر هشت روز یکبار تعویض شد. هر ظرف حاوی پنج ژنوتیپ و از هر ژنوتیپ ۲۰ گیاهچه بود. pH محلول روی ۵/۵ تنظیم و هفته‌ای سه بار کنترل شد. پس از گذشت دو هفته، تنش شوری (۱۰ دسی‌زیمنس بر متر از منبع کلرید سدیم) براساس نتایج آزمایش تعیین غلظت مناسب شوری برای رقم والد هاشمی (Khazaie *et al.*, 2023) اعمال شد. تیمارهای تنش شوری در دو سطح بدون تنش (صفر) و تنش شوری (۱۰ دسی‌زیمنس بر متر) بر گیاهچه‌های سه برگی اعمال و میزان هدایت الکتریکی محلول یوشیدا به‌طور روزانه اندازه‌گیری شد. اثر تنش شوری شامل سفید شدن و نکروز برگ‌های پایین، کاهش سطح برگ‌ها، خشکیدگی نوک برگ‌ها، لوله‌شدن برگ‌ها و مرگ گیاهچه براساس استاندارد مؤسسه تحقیقات بین‌المللی برنج (Standard Evaluation of Genotypes

که به سازوکارهایی آنزیمی (با استفاده از آنزیم‌های سوپراکسید دیسموتاز، کاتالاز، گلوکاتایون ردوکتاز، آسکوربات پراکسیداز و پراکسیداز) و غیر آنزیمی (تولید مولکول‌های آنتی‌اکسیدان مانند توکوفرول‌ها، آسکوربیک اسید و گلوکاتایون) تقسیم می‌شوند. آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی و ژن‌های آنها در چند گونه گیاهی مورد مطالعه قرار گرفته است (Bian and Jiang 2009; Scandalios, 2005). نتایج پژوهش کردرستمی و همکاران (Kordrostami *et al.*, 2017) روی تعدادی از ارقام برنج ایرانی در شرایط تنش شوری در محیط آبکشت نشان داد که فعالیت آنزیم سوپراکسید دیسموتاز در ارقام متحمل به شوری به‌طور معنی‌داری بیشتر بود. رونویسی ژن‌هایی که در متابولیسم آنتی‌اکسیدانی نقش دارند، سازوکارهای تحمل به تنش را تنظیم می‌کند. این تنظیمات برای تعریف سازوکارهای مربوط به تحمل شوری در برنج مورد نیاز هستند. گزارش شده است که در ارقام برنج با افزایش میزان شوری، شاخص‌های تنش اکسیداتیو از جمله رادیکال سوپراکسید و پراکسید هیدروژن افزایش می‌یابند. این افزایش معمولاً در ارقام حساس به شوری بارزتر و به‌طور معنی‌داری بیشتر از ارقام متحمل است (Chawla *et al.*, 2013).

شناسایی سازوکارهای تحمل تنش شوری با هدف بهبود و اصلاح عملکرد ارقام در اراضی شور اهمیت بالایی دارد، بنابراین هدف از این تحقیق بررسی اثرات تنش شوری بر فعالیت آنزیم‌ها و متابولیت‌های آنتی‌اکسیدانی و پاسخ‌های بیوشیمیایی گیاه و تغییرات ایجاد شده حاصل از آنها و همچنین الگوی بیان ژن‌های اسمزی و تنش اکسیداتیو در ژنوتیپ‌های موتانت منتخب نسل چهارم (M₄) (متحمل به شوری)، همراه با ارقام والد، متحمل و حساس به تنش شوری (شاهد) در شرایط گلخانه‌ای بوده است. شناسایی متابولیت‌های کلیدی و پاسخ‌ها و رونوشت‌های آنتی‌اکسیدانی مرتبط با تنش شوری می‌تواند انتخاب فنوتیپ‌های مطلوب

در نظر گرفته شد که باعث احیای یک میکرومول پراکسید هیدروژن در دقیقه می‌شود. فعالیت آنزیم آسکوربات پراکسیداز (APX, EC 1.11.1.1) براساس روش ناکانو و آسادا (Nakano and Asada, 1981) با کمی تغییر اندازه گیری شد. ۲۰۰ میکرولیتر عصاره آنزیمی به ۱/۸ میلی‌لیتر محلول واکنش اضافه شد. کاهش جذب در اثر فعالیت آنزیم با استفاده از اسپکتروفتومتر در طول موج ۲۹۰ نانومتر به مدت دو دقیقه اندازه گیری شد. هر واحد از فعالیت آنزیم آسکوربات پراکسیداز به‌عنوان مقداری از آنزیم در نظر گرفته شد که باعث اکسید شدن یک میکرومول آسکوربات در دقیقه می‌شود. آزمایش با سه تکرار مستقل به صورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی اجرا شد. تیمارهای آزمایشی شامل ژنوتیپ‌های برنج، تنش شوری و زمان (در چهار سطح) بودند. داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS9.2 (SAS Institute, Cary NC) تجزیه و میانگین‌ها با استفاده از آزمون توکی مقایسه شدند. برای رسم نمودارها و مقایسه میانگین‌ها از نرم‌افزار Excel 2013 استفاده شد.

برای اندازه‌گیری بیان نسبی ژن‌ها استخراج RNA با استفاده از کیت RNX-plus™ از نمونه‌های برگ انجام شد. سنجش کیفیت RNA استخراج شده با استفاده از عکس‌برداری ژل آگارز هشت درصد در دستگاه ژل‌داک (Bio-Rad Geldoc 2000, UK) در معرض نور ماورای بنفش با طول موج ۳۱۲ نانومتر و سنجش کمیت آن با استفاده از نانودراپ (Thermo Scientific NanoDrop, USA) انجام شد. سنتز cDNA با استفاده از آنزیم RevertAid Reverse Transcriptase و کیت سنتز cDNA شرکت Fermentas انجام شد. قبل از سنتز cDNA، برای حذف DNA ژنومی از نمونه‌های RNA از تیمار DNase I (براساس دستورالعمل شرکت سازنده) استفاده شد. کنترل سنتز cDNA با استفاده از آغازگر ژن اکتین (*Ubiquitin10*) برای *UBQ10* برای کلیه نمونه‌ها انجام شد. به‌منظور بررسی وجود آلودگی در cDNA سنتز شده از واکنش کنترل

(for Salinity Tolerance) ثبت شد. نمونه‌برداری جهت آزمایش‌های بیوشیمیایی در سه مرحله ۶، ۲۴، ۴۸ و ۷۲ ساعت پس از اعمال تنش شوری انجام شد. برای ارزیابی بیان نسبی ژن‌های عوامل رونویسی و تنش اکسیداتیو، نمونه‌برداری از اندام‌های هوایی سالم گیاهچه‌های جهش یافته (*em4hs290* و *em4hs84*) و ارقام شاهد پس از ۶، ۴۸ و ۷۲ ساعت از تنش شوری و همچنین گیاهچه‌های رشد یافته در شرایط بدون تنش انجام شد و سپس نمونه‌ها در نیتروژن مایع منجمد و در دمای ۸۰- درجه سلسیوس نگهداری شدند.

برای ارزیابی فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، از بافت برگ‌های ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش شوری و بدون تنش عصاره آنزیمی تهیه شد. برای این منظور، ۰/۱ گرم بافت برگ در یک میلی‌لیتر بافر فسفات سدیم (pH=7) عصاره‌گیری شد. عصاره در ۱۲۰۰۰ دور در دقیقه به مدت ۱۵ دقیقه در دمای چهار درجه سلسیوس سانتریفیوژ و از مایع رویی برای اندازه‌گیری آنزیم‌ها استفاده شد. فعالیت آنزیم پراکسیداز (POD, EC 1.11.1.7) به روش چنس و ماهلی (Chance and Maehly, 1995) براساس میزان اکسید شدن گایاکول اندازه‌گیری شد. برای این کار ۳۳ میکرولیتر از عصاره استخراج با یک میلی‌لیتر محلول پراکسیداز شامل گایاکول ۱۳ میلی‌مولار، پراکسید هیدروژن پنج میلی‌مولار و بافر فسفات ۵۰ میلی‌مولار (pH=7) مخلوط و جذب آن در طول موج ۴۷۰ نانومتر در دستگاه اسپکتروفتومتر (Libra S22, Biochrom, China) قرائت شد. فعالیت آنزیم کاتالاز (CAT, EC 1.11.1.6) با استفاده از روش کالیورن (Claiborne, 1985) اندازه‌گیری شد. برای این کار ۱۴۰ میکرولیتر عصاره آنزیمی و ۲۰ میکرولیتر محلول ۳ درصد پراکسید هیدروژن به ۱/۸۴ میلی‌لیتر محلول واکنش اضافه شد. تغییرات جذب نمونه در طول موج ۲۴۰ نانومتر به مدت دو دقیقه با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر ثبت شد. هر واحد از فعالیت آنزیم کاتالاز به‌عنوان مقداری از آنزیم

نرم افزار آنالین Primer3Web, ver4 انجام شد. ژن های کد کننده عوامل رونویسی (SNAC1, DREB2B, DREB2A) و ژن های مرتبط با تنش اکسیداتیو (OsGPX1, OsAPX2, OsGRI, POX1, OsAOX1C) با بررسی عملکرد و نقش آنها در شرایط تنش شوری به عنوان ژن های هدف انتخاب شدند. از ژن (UBQ10) به عنوان کنترل استفاده شد (Huang et al., 2012).

منفی که شامل کلیه مواد مورد نیاز واکنش زنجیره ای پلیمرز (به غیر از cDNA) بود، استفاده شد. برای ارزیابی میزان بیان ژن ها، آغازگرهای مورد نیاز با استفاده از منابع مختلف انتخاب و پس از بررسی با نرم افزار آنالین Primer-BLAST، آغازگرهای اختصاصی انتخاب شدند. برای طراحی آغازگرها با استفاده از شماره دسترسی ژن های مربوطه در سایت NCBI، توالی های مربوطه بدست آمدند. طراحی آغازگرها در سایت NCBI بر مبنای

جدول ۱- مشخصات آغازگرهای ارزیابی بیان نسبی ژن های مورد مطالعه در ژنوتیپ های برنج

Table 1. Specifications of primers for gene expression of the studied genes in rice genotypes

نام ژن Gene name	توالی آغازگر (۵'→۳') Primer sequence (5'→3')	Length (bp)	طول محصول PCR Product length		دمای اتصال Tm (°C)	NCBI accession No.
			دمای ذوب Melting temp. (°C)	Product length (bp)		
Ubiquitin10	F-TGGTCACTAATCAGCCAGTTTGG	23	81	60.6	59	XM_015769228.1
	R-CACCACAAATACTTGACCAACAG	24		61.0		
SNAC1	F-CATGGTCCCGTTCTGAGGTG	20	316	61.4	60	KM265360.1
	R-CACACGTTGCAGCATCGATC	20		59.3		
DREB2A	F-AGATTGCTCCGTGCAAGTG	19	109	56.6	56	MN436788.1
	R-CTGGAGCTTCTGGTTTGGCT	20		57.3		
DREB2B	F-GCTTGTGCTTATGACGAGGC	20	97	59.6	58	XM_015784169.2
	R-GCTGCTAGTGCAACCTGAACG	21		62.1		
OsGPX1	F-AGCAACCTGCACTTATGCACT	21	159	57.8	58	XM_015780454.1
	R-CAGCAAGGAAATTTATTGACATGA	24		55.8		
OsAOX1C	F-GAGTCTCCAGCTCGACCTCC	20	160	63.4	56	XM_015768323.1
	R-CTCCCGGTGTTCTCCTTGG	19		60.8		
OsAPX2	F-CTCTCCTACGCCGACTTCTAC	21	136	61.7	60	XM_015791070.1
	R-AGGTGGTCAGAACCCTTGTGT	20		57.3		
OsGRI	F-ATTGGTGGGTTCTCACATGTTA	22	110	56.5	60	XM_015833867.1
	R-ACCATTATTGGTCCGTTCTTGT	22		56.5		
POX1	F-CATCCAGCTCCCAACAA	18	112	55.9	60	XM_015765904.1
	R-AGACATGCCAATGGTGTGG	19		56.6		

مرجع تعیین می کند (Pfaffl, 2002).

$$ratio = \frac{(E_{target})^{\Delta C_{P_{target}}(control-sample)}}{(E_{ref})^{\Delta C_{P_{ref}}(control-sample)}} \quad (\text{رابطه ۱})$$

E_{target} کارایی تکثیر ژن هدف، E_{ref} کارایی تکثیر ژن مرجع و $\Delta C_{P_{target}}$ و $\Delta C_{P_{ref}}$ از طریق تفاضل C_t نمونه شاهد از C_t نمونه در شرایط تنش بدست می آیند. محاسبه کارایی تکثیر با استفاده از رابطه ۲ انجام شد.

$$E = 10^{(-1/slope)} \quad (\text{رابطه ۲})$$

slope با استفاده از منحنی های استاندارد به دست

آمد.

جهت بررسی بیان نسبی ژن های مورد مطالعه در فرایند Real time-QPCR از دستگاه (IQ5, Bio Bio Rad, USA) و مستر (Master Mix Thermo Scientific) استفاده شد. تجزیه داده ها براساس مدل فافل با استفاده از نرم افزار تعیین بیان نسبی (Relative expression software REST) انجام شد (Pfaffl et al., 2002). کارایی تکثیر با استفاده از منحنی های استاندارد برای هر یک از ژن ها به صورت جداگانه و براساس رابطه ۱ محاسبه شد. الگوی ریاضی فافل کمیت نسبی ژن هدف را در مقایسه با ژن

نتایج و بحث

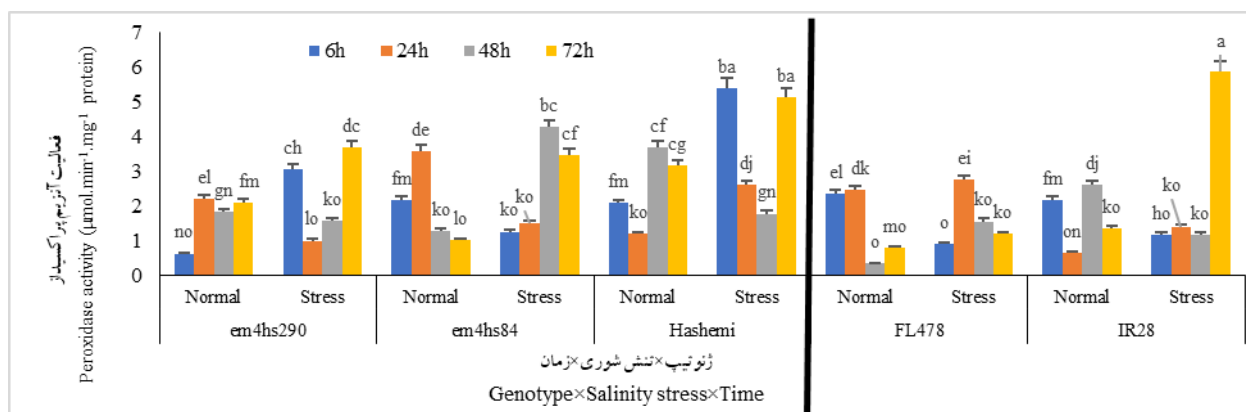
اثرات تنش شوری به صورت سفید شدن و نکروز برگ‌های پایین، کاهش سطح برگ‌ها، خشکیدگی نوک برگ‌ها، لوله‌ای شدن برگ‌ها و مرگ گیاهچه‌های حساس مشاهده شد. در روز چهاردهم پس از اعمال تنش شوری، گیاهچه‌های ژنوتیپ‌های متحمل، علائم جزئی مانند قهوه‌ای شدن نوک برگ‌ها را داشتند. گیاهچه‌های نسبتاً متحمل اثرات بیشتری روی برگ‌ها داشتند، یعنی برگ‌های مسن تر مرده و در برگ‌های جوان تر فقط قسمت‌های پایین آنها سبز باقی مانده بود. پس از دو هفته از اعمال تنش شوری، تنها دو ژنوتیپ جهش یافته و رقم FL478 موفق به تولید هر دو بخش ریشه‌چه و ساقه‌چه شدند و سایر ژنوتیپ‌ها از بین رفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که اثر ژنوتیپ، تنش شوری و زمان و برهمکنش آنها بر فعالیت آنزیم‌های پراکسیداز، کاتالاز و اسکوربات پراکسیداز در سطح احتمال یک درصد معنی دار بود. این موضوع نشان می‌دهد که کلیه صفات گیاهی اندازه‌گیری شده تحت تاثیر اثرات تیمارهای اعمال شده قرار گرفتند. معنی دار شدن برهمکنش تیمارها نشان‌دهنده تفاوت در فعالیت آنزیمی ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش شوری و بدون تنش بود. تنش شوری با تجمع پراکسید هیدروژن در برگ‌های برنج، باعث آسیب دیدن یکپارچگی غشای سلولی و افزایش حساسیت آن به تنش اکسیداتیو می‌شود (He et al., 2014). آنزیم پراکسیداز با استفاده از مواد فنولیک به عنوان دهنده الکترون، باعث تجزیه پراکسید هیدروژن می‌شود (Apel and Hirt, 2004). نتایج آزمایش نشان داد که فعالیت آنزیم پراکسیداز در ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه اعم از ژنوتیپ‌های جهش یافته انتخابی، والد هاشمی، رقم FL478 و رقم IR28 در شرایط تنش شوری نسبت به شرایط بدون تنش، بیشتر بود. گزارش شده است که فعالیت آنزیم پراکسیداز در شرایط تنش شوری در هر دو رقم متحمل و حساس گندم (Mandhanian et al. 2006)

و در ذرت و شلغم (Kumar et al. 2007) و برنج (Chawla et al., 2013) در ارقام متحمل بیشتر بود. نتایج برهمکنش ژنوتیپ و تنش شوری نشان داد که والد هاشمی در شرایط تنش شوری بیشترین (۳/۷۲) میکرومول در دقیقه بر میلی گرم پروتئین) و رقم FL478 در شرایط بدون تنش کمترین میزان فعالیت پراکسیداز (۱/۴۵) میکرومول در دقیقه بر میلی گرم پروتئین) را داشتند. نتایج مقایسه میانگین‌ها نشان داد که رقم والد هاشمی و رقم حساس IR28 بیشترین واکنش را به تنش شوری داشته و ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل کمترین واکنش را داشتند. افزایش فعالیت آنزیم پراکسیداز در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل *emahs84* و *emahs290* نسبت به شرایط بدون تنش معنی دار بود. میزان فعالیت آنزیم پراکسیداز در کلیه ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش شوری در زمان‌های نمونه برداری متفاوت بود، اما بیشترین مقدار آن در رقم IR28 (۵/۸۸) میکرومول در دقیقه بر میلی گرم پروتئین)، ۷۲ ساعت پس از تنش شوری مشاهده شد (شکل ۱).

تنش شوری باعث افزایش تدریجی پراکسید هیدروژن در سلول‌ها می‌شود که برای فعالیت‌های متابولیک سلول سمی است. آنزیم کاتالاز نقش مهمی در سم‌زدایی پراکسید هیدروژن طی فرآیند تنفس نوری دارد (Celik et al., 2019). نتایج نشان داد که بین ژنوتیپ‌های برنج در شرایط تنش شوری و بدون تنش به جزء در رقم متحمل FL478، تفاوت معنی‌داری وجود داشت. شوری باعث کاهش معنی‌دار فعالیت آنزیم کاتالاز در گیاهچه‌های ژنوتیپ‌های حساس به شوری، رقم IR28 و رقم والد هاشمی شد. کلیک و همکاران (Celik et al., 2019) نیز با بررسی تنش اکسیداتیو روی دو رقم برنج (Osmancik-97 و Mevlutbey) نشان دادند که فعالیت آنزیم‌های گلوتاتیون پراکسیداز و اسکوربات پراکسیداز به‌طور قابل توجهی بیشتر بود، در حالی که فعالیت کاتالاز در هر دو رقم در کلیه سطوح شوری

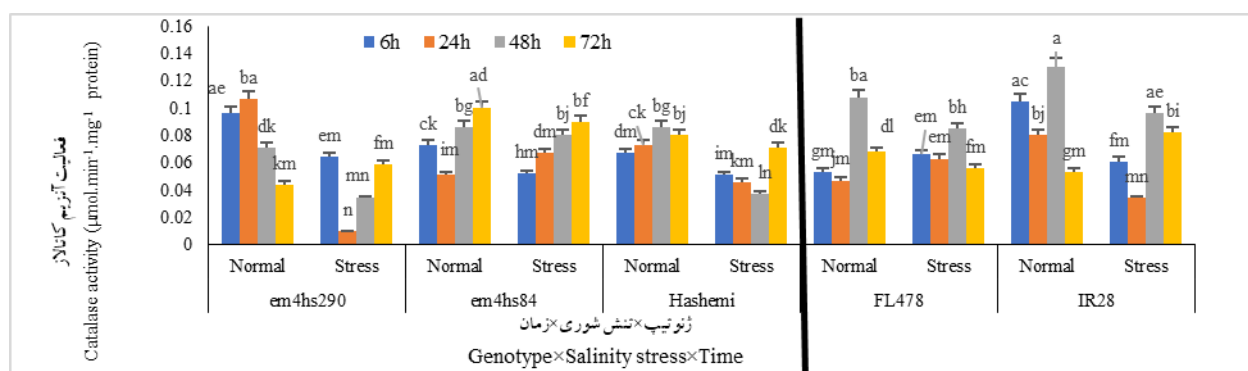
ساعت و ۴۸ ساعت بعد از اعمال تنش شوری با فعالیت بیشتر در ژنوتیپ‌های *em4hs290*، *IR28* و *FL478* همراه بود (شکل ۲). گزارش شده است که در مطالعه روی برگ‌های گیاه برنج، تنش شوری در برنج محتوای پراکسید هیدروژن و فعالیت آنزیم‌های سوپراکسید دیسموتاز (SOD)، آسکوربات پراکسیداز (APX) را افزایش داده و باعث کاهش فعالیت کاتالاز (CAT) شد. از سوی دیگر، تنش شوری تأثیر کمی بر فعالیت

کمتر بود. برهمکنش شوری و رقم نشان داد که رقم *IR28* در شرایط بدون تنش بیشترین (۰/۰۹۱) و ژنوتیپ جهش یافته *em4hs290* در سطح شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر کمترین (۰/۰۴۱) میکرومول در دقیقه بر میلی‌گرم پروتئین) فعالیت کاتالاز را داشتند. همچنین اختلاف معنی‌دار در فعالیت آنزیم کاتالاز در ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه در زمان‌های مختلف تنش شوری به‌طور معنی‌داری بیشتر بود، اما تفاوت بین ژنوتیپ‌ها در ۶



شکل ۱- مقایسه میانگین فعالیت آنزیم پراکسیداز در ژنوتیپ‌های جهش یافته انتخابی و ارقام شاهد برنج در برهمکنش تیمارهای ژنوتیپ و تنش شوری و زمان پس از اعمال شوری

Fig. 1. Mean comparison of peroxidase enzyme activity in selected mutant genotypes and control cultivars of rice in interaction of genotype × salinity × time after salinity application



شکل ۲- مقایسه میانگین فعالیت آنزیم کاتالاز در ژنوتیپ‌های جهش یافته انتخابی و ارقام شاهد برنج در برهمکنش تیمارهای ژنوتیپ و تنش شوری و زمان پس از اعمال شوری

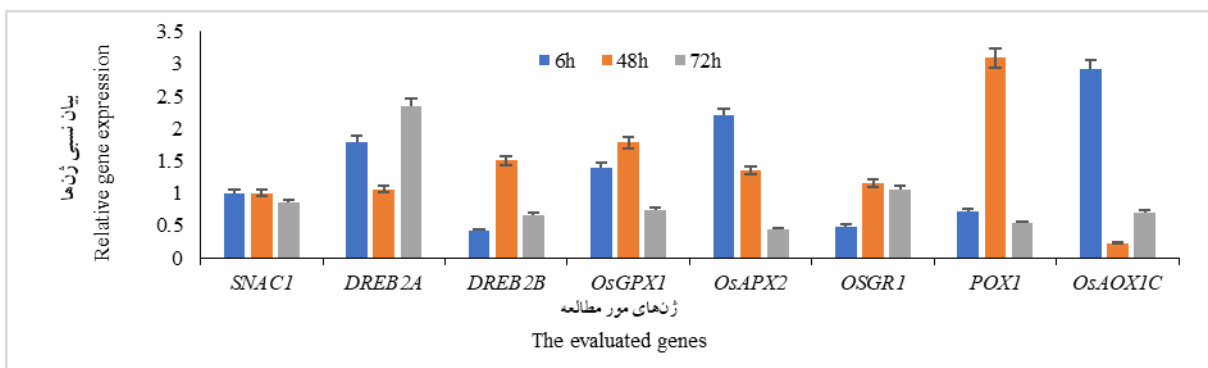
Fig. 2. Mean comparison of catalase enzyme activity in selected mutant genotypes and control cultivars of rice in interaction of genotype × salinity × time after salinity application

آزمایش نشان داد که واکنش ژنوتیپ‌های برنج در تحمل تنش شوری یکسان نبود که این موضوع نشان‌دهنده سطح متفاوت تولید گونه‌های فعال اکسیژن و فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی پس از اعمال تنش شوری است. ویژگی تحمل به شوری در گیاهچه‌های برنج با سطح بالای آنتی‌اکسیدانی و فعالیت بیشتر آنزیم‌های آسکوربات پراکسیداز و کاتالاز مرتبط است. فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی مانند پراکسیداز (POX) و آسکوربات پراکسیداز (APX) در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل و رقم متحمل به طور قابل توجهی بالاتر از ارقام شاهد بود که این موضوع به کاهش تنش اکسیداتیو و افزایش تحمل آنها به تنش شوری کمک می‌کند (Sahoo *et al.*, 2022). به نظر می‌رسد که فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، سازوکار دفاعی بسیار مهمی محسوب شده و افزایش فعالیت آنها در هنگام وقوع تنش شوری می‌تواند باعث کاهش خسارت ناشی از تنش اکسیداتیو شده و یا از وقوع آن جلوگیری کند.

در این تحقیق بیان نسبی ژن‌های مؤثر در دفاع آنتی‌اکسیدانی شامل عوامل رونویسی مرتبط با تنش اسمزی (*DREB2A*, *DREB2B* و *SNAC1*) و ژن‌های کلیدی تنش اکسیداتیو (*OsGPR1*, *OsGRI*)

شامل رقم والد محلی هاشمی، رقم حساس IR28، رقم متحمل FL478، ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل به تنش شوری *em4hs290* و *em4hs84* با استفاده از qRT-PCR ارزیابی شد. نتایج حاصله نشان‌دهنده تنوع در بیان ژن‌های یاد شده در شرایط تنش شوری بود (شکل ۴). نتایج نشان داد که در شرایط تنش شوری ژن‌های *OsGRI*, *DREB2B*, *OsAOX1C* و *POX1* به ترتیب بیشترین واکنش را داشته و سایر ژن‌ها حداقل تغییرات در بیان را نشان دادند. برای ژن‌های *DREB2B* و *POX1* میزان بیان مشاهده شده نسبت به تیمار بدون تنش به جز زمان ۴۸ ساعت، کمتر بود که این موضوع نشان‌دهنده کمترین اثر این ژن‌ها در پاسخ به تنش شوری در ژنوتیپ‌های متحمل است. بیان ژن‌های *OsGRI*, *OsGPR1* و *POX1* در زمان‌های ۶ و ۴۸ ساعت پس از تنش در مقایسه با تیمار بدون تنش افزایش داشت، اما در زمان ۷۲ ساعت، کاهش یافت. بیشترین میزان بیان ژن‌های گروه تنش اکسیداتیو مربوط به ژن *POX* در زمان ۴۸ ساعت پس از تنش شوری بود و بالاترین میزان بیان ژن‌های گروه تنش اسمزی در ژن *DREB2A* در ۷۲ ساعت پس از تنش شوری مشاهده شد (شکل ۴).

شکل ۴- تغییر در بیان نسبی ژن‌های مرتبط با تنش‌های اکسیداتیو و اسمزی در زمان‌های پس از اعمال تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج



شکل ۴- تغییر در بیان نسبی ژن‌های مرتبط با تنش‌های اکسیداتیو و اسمزی در زمان‌های پس از اعمال تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج

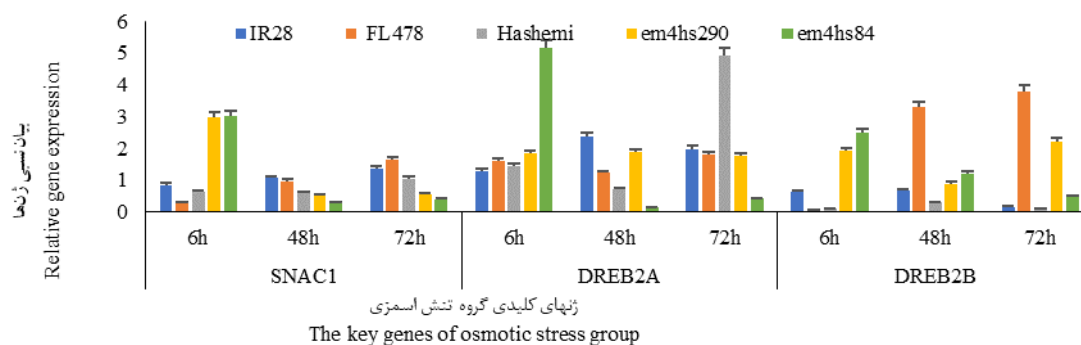
Fig. 4. Changes in relative expression of the oxidative stress related genes in different time points in response to salt stress in rice genotypes

افزایش بیان داشت، بنابراین به نظر می‌رسد که پاسخ به تنش شوری در مراحل اولیه در ژنوتیپ متحمل بروز می‌کند، اما در شوری طولانی مدت ژنوتیپ حساس به تنش پاسخ بیشتری دارند، زیرا الگوی بیان بعد از ۶ ساعت تنش شوری نسبت به زمان‌های طولانی‌تر متفاوت بود.

تجزیه و تحلیل بیان ژن‌های کد کننده گروه تنش اکسیداتیو (*OsAPOX1*، *OsAOX1C*، *OsGRI*، *OsGPX1*) و *OsAPX2*) نشان داد که بیان این ژن‌ها با توجه به ژنوتیپ و زمان اعمال تنش شوری متفاوت هستند. بیان ژن‌های این گروه در زمان ۶ ساعت پس از تنش در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل به طور معنی‌داری بالاتر از ژنوتیپ حساس بود، اما بعد از طولانی شدن زمان تنش کاهش معنی‌داری در این ژنوتیپ‌ها مشاهده شد، گرچه کاهش سطح بیان در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs84* شدیدتر بود (شکل ۶). این موضوع نشان‌دهنده سرعت واکنش ژنوتیپ متحمل برای حفظ هموستازی یونی در مقایسه با ژنوتیپ حساس است. میزان بیان ژن‌های مورد مطالعه در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل *em4hs290* و *em4hs84* در زمان‌های پس از اعمال تنش متفاوت بود.

در تنش شوری، بیان نسبی ژن‌های گروه تنش اسمزی (*SNAC1* و *DREB2A*، *DREB2B*) در زمان ۶ ساعت پس از اعمال تنش در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل *em4hs290* و *em4hs84* بالاتر از ژنوتیپ حساس بود، اما بعد از طولانی شدن زمان تنش، بیان نسبی ژن‌ها در این ژنوتیپ‌ها کاهش معنی‌داری نشان داد، اگرچه کاهش سطح بیان در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs84* بیشتر بود (شکل ۵). این موضوع نشان‌دهنده حفظ هموستازی کندتر ژنوتیپ حساس در مقایسه با ژنوتیپ متحمل است. نتایج سایر تحقیقات روی ژن *SNAC1* نشان داده است که این ژن یک جزء کلیدی در پاسخ به تنش در برنج است (Hu et al., 2006).

بیان ژن *SNAC1* در اثر خشکی، شوری، سرما و تیمار با اسید آبسزیک القاء می‌شود. بیان بالای این ژن باعث افزایش تحمل به شوری شده و هیچگونه اثر منفی روی رشد و تولید محصول در گیاه برنج ندارد (Li et al., 2019). ژن‌های *DREB2A* و *DREB2B* نیز میزان بیان بالاتری را در ژنوتیپ حساس در زمان ۴۸ ساعت پس از تنش نشان داد، اما این ژن‌ها در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل در مراحل اولیه تنش



شکل ۵- تغییر در بیان نسبی ژن‌های گروه تنش اسمزی در زمان‌های پس از اعمال تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج
 Fig. 5. Changes in relative expression of the osmotic stress related genes in different time points in response to salt stress in rice genotypes

در ساعات اولیه تنش نشان داد. بالاترین میزان بیان ژن‌های *POX1* و *OsAPX2* در زمان ۶ ساعت پس از

ژن *OsAOX1C* میزان بیان ژن بالای را در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل *em4hs290* و *em4hs84*

نمونه‌های تحت تنش (۶ ساعت)، افزایش معنی‌دار بیان ژن *POX1* و کاهش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsGR1* و *OsGPX1* در رقم هاشمی در نمونه‌های تحت تنش (۴۸ ساعت) و افزایش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsAOX1C*، *SNAC1* و *DREB2A* و کاهش معنی‌دار بیان ژن *POX1* در رقم هاشمی در نمونه‌های تحت تنش (۷۲ ساعت) در مقایسه با شاهد است.

در ژنوتیپ متحمل FL478 بالاترین میزان بیان ژن برای *POX1* و *OsGR1* در ۷۲ ساعت پس از تنش شوری مشاهده شد. به طور مشابه ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs84* بالاترین میزان بیان برای ژن *OsAPX2* و *OsAOX1C* در ۶ ساعت پس از تنش و ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs290* بالاترین میزان بیان برای ژن *OsAOX1C* در ۶ ساعت پس از تنش و *OsGR1* در ۷۲ ساعت پس از تنش را نشان داد. در ژنوتیپ حساس افزایش در بیان همه ژن‌ها به جز ژن‌های *OsGR1* و *OsGPX1* برای زمان ۴۸ ساعت پس از تنش مشاهده شد، در صورتیکه بیان این ژن‌ها در زمان ۷۲ ساعت به جز ژن *OsGR1* و *SNAC1* پس از تنش در مقایسه با تیمار شاهد کاهش یافت. در رقم حساس IR28 افزایش بیان ژن‌های *OsAOX1C* و *POX1* در تیمارهای تنش ۶ و ۴۸ مشاهده شد و بالاترین میزان آن بعد از ۴۸ ساعت ثبت شد، در حالی که بیان ژن‌های *OsGR1* و *OsGPX1*، ۴۸ ساعت پس از تنش شوری کاهش یافت که این موضوع نشان‌دهنده پاسخ متفاوت دو ژن در این ژنوتیپ است (شکل ۶). ژن‌های *SNAC1*، *DREB2A*، *DREB2B*، *POX1*، *OsAOX1C* و *OsAPX2* در رقم حساس IR28 در زمان ۴۸ ساعت بالاترین میزان بیان را داشتند، اما با طولانی شدن دوره تنش کاهش یافت. ژنوتیپ حساس در مقایسه با ژنوتیپ متحمل به طور قابل توجهی سطح بالاتر بیان ژن‌های مورد مطالعه را حتی در شرایط بدون تنش داشت، در نتیجه بیان این ژن‌ها پس از تنش شوری در ژنوتیپ متحمل کاهش یافت، اما در ژنوتیپ‌های متحمل در مراحل اولیه تنش القاء می‌شود.

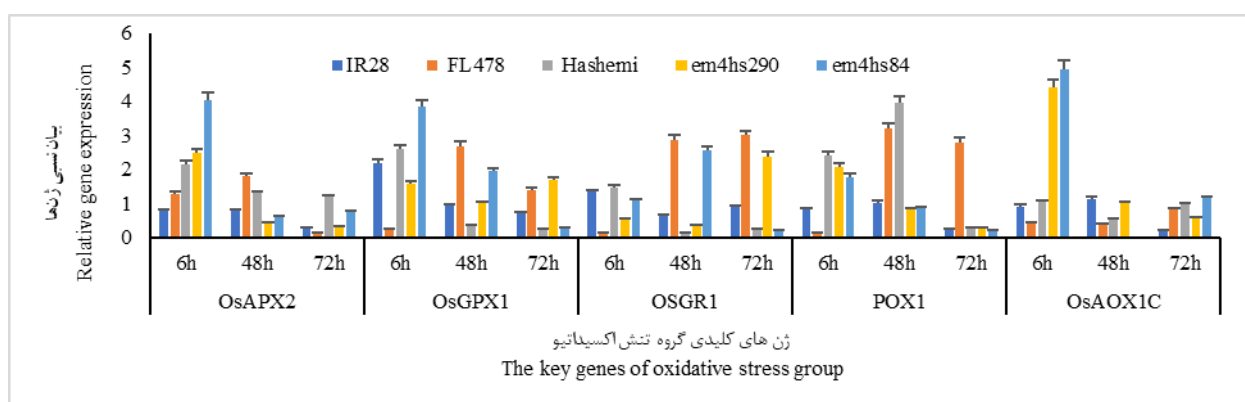
اعمال تنش شوری بود که در زمان‌های بعدی تنش کاهش نشان دادند. میزان بیان رونوشت‌های ژن *OsAPX2* در زمان‌های پس از اعمال تنش شوری به طور معنی‌داری تغییر یافت. آنزیم APX نقش مهمی در پاکسازی پراکسید هیدروژن درون سلول‌ها دارد. نتایج تحقیقات قبلی نشان داده است که تغییر در فعالیت آنزیم APX با میزان رونوشت‌های ژن *OsAPX2* همبستگی دارد (Jin et al., 2006). به نظر می‌رسد که سیستم دفاعی اکسیداتیو بوسیله میزان رونویسی ژن‌های آنتی‌اکسیدانی تنظیم می‌شود. مقایسه میزان بیان نسبی ژن *POX1* در رقم IR28 نسبت به ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل مورد مطالعه و رقم هاشمی نیز نشان داد که میزان بیان آن در ژنوتیپ‌های جهش یافته و رقم هاشمی در ساعات اولیه پس از اعمال تنش از رقم شاهد بیشتر بود.

ارزیابی بیان ژن گلوکاتین پراکسیداز (*OsGPX1*) نشان داد که بیشترین میزان بیان این ژن در ژنوتیپ جهش یافته *em4hs84* در ۶ ساعت پس از اعمال تنش شوری مشاهده شد و سپس در زمان‌های ۴۸ و ۷۲ ساعت پس از تنش، میزان بیان این ژن به طور قابل ملاحظه و معنی‌داری کاهش یافت (شکل ۶). بیان ژن *OsGPX1* در رقم حساس IR28 نیز با افزایش زمان تنش کاهش یافت به این ترتیب که در زمان ۶ ساعت پس از اعمال تنش به بالاترین میزان خود رسید و پس از آن مجدداً کاهش یافته و در زمان ۷۲ ساعت پس از تنش به حداقل مقدار رسید. مقایسه میزان بیان این ژن در دو رقم شاهد متحمل و حساس نشان داد که هر چند این ژن در رقم حساس در ساعات اولیه تنش بیان داشت، اما میزان بیان آن در رقم متحمل FL478 و ژنوتیپ‌های جهش یافته *em4hs290* و *em4hs84* در زمان‌های بعدی بسیار بیشتر از رقم حساس بوده و تفاوت آنها معنی‌دار بود.

نتایج حاصل نشان‌دهنده افزایش معنی‌دار بیان ژن‌های *POX1*، *OsGR1*، *OsGPX1* و *OsAPX2* و کاهش معنی‌دار بیان ژن *DREB2B* در رقم هاشمی در

در *OsAPX2* در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs290* در نمونه‌های تحت تنش (۴۸ ساعت) و افزایش معنی‌دار بیان ژن *OsGR1* و کاهش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsAOX1C*، *OsAPX2* و *POX1* در ژنوتیپ جهش یافته *em4hs290* در نمونه‌های تحت تنش (۷۲ ساعت) در مقایسه با شاهد باعث افزایش تحمل گیاه به تنش شوری شد. در ژنوتیپ جهش یافته *em4hs290* در سطح بیان ژن *DREB2A* در نمونه‌های تحت تنش در مقایسه با شاهد تفاوت معنی‌داری نداشت.

میزان بیان ژن‌های مورد مطالعه در رقم حساس IR28 در ۷۲ ساعت پس از تنش در ژن‌های *SNAC1* و *OsGR1* افزایش می‌یابد که نشان‌دهنده پاسخ متفاوت دو ژن در این رقم است. افزایش معنی‌دار بیان ژن‌های *DREB2B*، *SNAC1*، *OsAOX1C*، *OsAPX2* و *POX1* و کاهش معنی‌دار بیان ژن *OsGR1* در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs290* در نمونه‌های تحت تنش (۶ ساعت)، کاهش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsGPX1*، *OsAOX1C*، *SNAC1* و



شکل ۶- تغییر در بیان نسبی ژن‌های تنش اکسیداتیو در زمان‌های پس از اعمال تنش شوری در ژنوتیپ‌های برنج

Fig. 6. Changes in relative expression of the oxidative stress related genes in different time points in response to salt stress in rice genotypes

رونویسی در شرایط شوری یک روش رایج سازگاری در گیاه است که اثرات نامطلوب غلظت بالای نمک را با هموستازی سلول و تعادل اسمزی کاهش می‌دهد (Mallikarjuna et al., 2011). ارزیابی فراوانی رونویسی در پاسخ به تنش شوری، برآورد قابل اعتمادی از فعال شدن ژن یا کاهش رونویسی است (Liao et al., 2016).

نتیجه‌گیری

نتایج این تحقیق نشان داد که تنش شوری در مرحله گیاهچه‌ای در گیاه برنج خسارت‌زا است، با این وجود تنوع ژنتیکی قابل توجهی در تحمل به شوری در

نتایج حاصل نشان‌دهنده افزایش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsGPX1*، *DREB2A*، *SNAC1* و *OsAOX1C* و *OsAPX2* و کاهش معنی‌دار بیان ژن *OsGR1* در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs84* در نمونه‌های تحت تنش (۶ ساعت)، افزایش معنی‌دار بیان ژن *OSGR1* و کاهش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsAOX1C*، *DREB2A*، *SNAC1*، *OsAPX2* و *OsGPX1* در ژنوتیپ جهش یافته متحمل *em4hs84* در نمونه‌های تحت تنش (۴۸ ساعت) و افزایش معنی‌دار بیان ژن *AOX* و کاهش معنی‌دار بیان ژن‌های *OsGPX1*، *DREB2B*، *OsGR1* و *POX1* در ژنوتیپ جهش یافته *em4hs84* در نمونه‌های تحت تنش (۷۲ ساعت) در مقایسه با شاهد بود. تنظیم

بود. این موضوع نشان می‌دهد که تجمع گونه‌های فعال اکسیژن در ژنوتیپ‌های حساس بیشتر است و به همین علت میزان بیشتری از آنزیم برای حفظ هموستازی در شرایط تنش مورد نیاز است. مقدار گونه‌های فعال اکسیژن و ژن‌های *OsAOX1C*، *OsGPX1* و *OsAPX2* با تحمل شوری در برنج ارتباط مثبت دارند. تجزیه و تحلیل بیان ژن‌های گروه اکسیداتیو نشان داد که ژن *OsAPX2* بارزترین ژن واکنش دهنده به تنش شوری در هردو ژنوتیپ جهش یافته بود. با توجه به اینکه افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی نشان دهنده افزایش حذف گونه‌های فعال اکسیژن است، اغلب از این ویژگی به‌عنوان یک شاخص قابل اعتماد جهت ارزیابی تحمل شوری استفاده می‌شود. این عوامل به‌عنوان بهترین شاخص تفکیکی برای گزینش و اصلاح برنج برای تحمل به شوری محسوب می‌شوند. علاوه بر این می‌توان از نشانگرهای خاص برای این ژن‌ها و غربالگری ژرم پلاسما برنج برای تحمل به شوری که نشان‌دهنده افزایش بیان ژن‌های مورد مطالعه و تولید ارقام جدید متحمل به تنش شوری است، استفاده کرد.

سپاسگزاری

از موسسه تحقیقات برنج کشور، پژوهشکده بیوتکنولوژی جانوری شمال کشور و دانشگاه گیلان برای حمایت‌های آزمایشگاهی و مزرعه‌ای این تحقیق سپاسگزاری می‌شود.

ژنوتیپ‌های جهش یافته و ارقام شاهد متحمل و حساس وجود داشت. علیرغم رفتار متفاوت فعالیت آنزیمی در مقابله با تنش اکسیداتیو در ژنوتیپ‌های برنج مورد مطالعه، به نظر می‌رسد که افزایش فعالیت آنزیمی و افزایش تولید متابولیت‌ها در ارقام متحمل باعث کاهش تنش اکسیداتیو و تحمل آنها به شوری شد. این نتایج نشان می‌دهد که پاسخ متفاوت ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش شوری به دلیل ایجاد تغییر در مسیرهای متابولیکی بوده است. نتایج نشان داد که تنش شوری در ارقام حساس، باعث القای تولید گونه‌های اکسیژن فعال و وقوع تنش اکسیداتیو و ایجاد خسارت در غشاهای سلولی می‌شود، در صورتیکه در ارقام متحمل به شوری تولید گونه‌های اکسیژن فعال یا تنش اکسیداتیو کمتر بوده و یا باعث خسارت کمتری به غشاهای سلولی می‌شود. الگوی بیان ژن‌های *DREB2A* و *DREB2B* در ژنوتیپ‌های جهش یافته متحمل و ارقام شاهد در شرایط تنش شوری نشان داد که این ژن‌ها در ژنوتیپ‌های متحمل میزان بالاتری در مراحل اولیه تنش شوری داشتند. این ژن‌ها در دوره‌های طولانی مدت تنش نیز القاء شدند، ولی میزان بیان آنها در هر دو ژنوتیپ یکسان بود. تجمع بالای یون سدیم در بافت‌های ژنوتیپ حساس باعث تنش اکسیداتیو می‌شود که می‌تواند با بیان ژن‌های *OsAOX1C*، *OsGPX1* و *OsAPX2* منعکس شود. میزان بیان ژن‌های *OsGRI* در ژنوتیپ‌های حساس نسبت به ژنوتیپ‌های متحمل بالاتر

منابع مورد استفاده

References

- Apel, K. and Hirt, H. 2004. Reactive oxygen species: metabolism, oxidative stress, and signal transduction. *Annual Review of Plant Biology*, 55, pp.373-399. <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.55.031903.141701>
- Bian, S. and Jiang, Y. 2009. Reactive oxygen species, antioxidant enzyme activities and gene expression patterns in leaves and roots of Kentucky bluegrass in response to drought stress and recovery. *Scientia Horticulturae*, 120(2), pp.264-270. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.10.014>
- Celik, O., Cakır, B. C. and Atak, C. 2019. Identification of the antioxidant defense genes which may provide enhanced salt tolerance in *Oryza sativa* L. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 25, pp.85-99.

<https://doi.org/10.1007/s12298-018-0618-0>

- Chance, B. and Maehly, A.C. 1995.** An assay of catalase and peroxidase. pp. 764–791. *In: Colowick, S.P. and Kaplan, N.D. (Eds.) Method in Enzymology, Academic Press, New York. USA.*
[https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(55\)02300-8](https://doi.org/10.1016/S0076-6879(55)02300-8)
- Chawla, S., Jain, S. and Jain, V. 2013.** Salinity induced oxidative stress and antioxidant system in salt-tolerant and salt-sensitive cultivars of rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 22, pp.27-34. <https://doi.org/10.1007/s13562-012-0107-4>
- Claiborne, A. 1985.** Catalase activity. pp. 83-284. *In: Greenwald, R.A. (Ed.) Handbook of Methods for Oxygen Radical Research. Boca Raton, FL. USA.* <https://doi.org/10.1201/9781351072922>
- Demiral, T. and Turkan, I. 2005.** Comparative lipid peroxidation, antioxidant defense systems and proline content in roots of two rice cultivars differing in salt tolerance. *Environmental and Experimental Botany*, 53, pp.247-57. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2004.03.017>
- Gill, S. S., Tuteja, N. 2010.** Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, 48, pp.909-930. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2010.08.016>
- Kordrostami, M., Rabiei, B. and Hasani-Kumleh, H. 2017.** Different physiobiochemical and transcriptomic reactions of rice (*Oryza sativa* L.) cultivars differing in terms of salt sensitivity under salinity stress. *Environmental Science and Pollution Research*, 24(8), pp.7184-7196. <https://doi.org/10.1007/s11356-017-8411-0>
- Hanin, M., Ebel, C., Ngom, M., Laplaze, L. and Masmoudi, K. 2016.** New insights on plant salt tolerance mechanisms and their potential use for breeding. *Frontiers in Plant Science*, 29(7), 99.1787. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01787>
- He, J., Ren, Y., Chen, X. and Chen, H. 2014.** Protective roles of nitric oxide on seed germination and seedling growth of rice (*Oryza sativa* L.) under cadmium stress. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 108, pp.114-119. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.05.021>
- Hu, H., Dai, M., Yao, J., Xiao, B., Li, X., Zhang, Q. and Xiong, L. 2006.** Overexpressing a NAM, ATAF, and CUC (NAC) transcription factor enhances drought resistance and salt tolerance in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(35), pp.12987-12992. <https://doi.org/10.1073/pnas.0604882103>
- Huang, S., Gao, Y., Liu, J., Peng, X., Niu, X., Fei, Z., Cao, S. and Liu, Y. 2012.** Genome-wide analysis of WRKY transcription factors in *Solanum lycopersicum*. *Molecular Genetics and Genomics*, 287(6), pp.495-513. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.05.021>
- Jin, J., Shan, N., Ma, N., Bai, J. and Gao, J. 2006.** Regulation of ascorbate peroxidase at the transcript level is involved in tolerance to postharvest water deficit stress in the cut rose (*Rosa hybrida* L. cv. Samantha). *Postharvest Biology and Technology*, 40, pp.236-243. <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2006.01.014>
- Khazaie, L., Shirzadian-Khorramabad, R., Ebadi, A. A. and Moumeni, A. 2023.** Assessing salinity tolerance in

- rice (*Oryza sativa* L.) mutant genotypes (M₃) with emphasis on stress tolerance indices in seedling stage. *Journal of Crop Breeding*, 15 (43), pp.3-23. [In Persian]. <https://jcb.sanru.ac.ir/article-1-1359-en.html>
- Kumar, V., Shiram, V., Jawali, N. and Shitole, M.G. 2007.** Differential response of indica rice genotypes to NaCl stress in relation to physiological and biochemical parameters. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 48, pp.339-344. <https://doi.org/10.1080/03650340701576800>
- Lee, D. H., Kim, Y. S. and Lee, C. B. 2001.** The inductive responses of the antioxidant enzymes by salt stress in the rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Plant Physiology*, 158(6), pp.737-745. <https://doi.org/10.1078/0176-1617-00174>
- Li, X., Chang, Y., Ma, S., Shen, J., Hu, H. and Xiong, L. 2019.** Genome-wide identification of *SNAC1*-targeted genes involved in drought response in rice. *Frontiers in Plant Science*, 10, pp.982. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00982>
- Liao, Y. D. Lin, K.H., Chen, C. C. and Chang, C. M. 2016.** *Oryza sativa* protein phosphatase 1a (OsPP1a) involved in salt stress tolerance in transgenic rice. *Molecular Breeding*, 36, pp.1-19. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0446-2>
- Lutts, S., Kinet, M. J. and Bouharmont, J. 1995.** Changes in plant response to NaCl during development of rice (*Oryza sativa* L.) varieties differing in salinity resistance. *Journal of Experimental Botany*, 46(12), pp.1843-1852. <https://doi.org/10.1093/jxb/46.12.1843>
- Mallikarjuna, G., Mallikarjuna, K., Reddy, M. K. and Kaul, T. 2011.** Expression of OsDREB2A transcription factor confers enhanced dehydration and salt stress tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). *Biotechnology Letters*, 33, pp.1689-1697. <https://doi.org/10.1007/s10529-011-0620-x>
- Mandhania, S., Madan, S. and Sawhney, V. 2006.** Antioxidant defense mechanism under salt stress in wheat seedlings. *Plant Biology*, 50, pp.227-231. <https://doi.org/10.1007/s10535-006-0011-7>
- Matsukura, S., Mizoi, J., Yoshida, T., Todaka, D., Ito, Y., Maruyama, K., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2010.** Comprehensive analysis of rice DREB2-type genes that encode transcription factors involved in the expression of abiotic stress-responsive genes. *Molecular Genetics and Genomics*, 283, pp.185-196. <https://doi.org/10.1007/s00438-009-0506-y>
- Moradi, F. and Ismail, A. M. 2007.** Responses of photosynthesis, chlorophyll fluorescence and ROS-scavenging systems to salt stress during seedling and reproductive stages in rice. *Annals of Botany*, 99, pp.1161-1173. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm052>
- Nakano, Y. and Asada, K. 1981.** Hydrogen peroxide is scavenged by ascorbate peroxidase in spinach chloroplasts. *Plant Cell Physiology*, 22, pp.867-880. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.pcp.a076232>
- Nongpiur, R. C., Singla-Pareek, S. L. and Pareek, A. 2020.** The quest for osmosensors in plants. *Journal of Experimental Botany*, 71(2), pp.595-607. <https://doi.org/10.1093/jxb/erz263>
- Pfaffl, M. W., Horgan, G. W. and Dempfle, L. 2002.** Relative expression software tool (REST©) for group-wise

comparison and statistical analysis of relative expression results in real-time PCR. Oxford University Press. 30, pp.1-10. <https://doi.org/10.1093/nar/30.9.e36>

- Sahoo, R. K., Tuteja, R., Gill, R., Jiménez Bremont, J. F., Gill, S. S. and Tuteja, N. 2022.** Marker-free rice (*Oryza sativa* L. cv. IR 64) overexpressing *PDH45* gene confers salinity tolerance by maintaining photosynthesis and antioxidant Machinery. *Antioxidants*, 11(4), pp.770. <https://doi.org/10.3390/antiox11040770>
- Scandalios, J. 2005.** Oxidative stress: molecular perception and transduction of signals triggering antioxidant gene defenses. *Brazilian Journal of Medical and Biological Research*, 38(7), pp.995-1014. <https://doi.org/10.1590/S0100-879X2005000700003>
- Shahid, S. A., Zaman, M. and Heng, L. 2018.** Soil salinity: historical perspectives and a world overview of the problem. *In: Zaman, M., Shahid, S.A., Heng, L. (Eds.) Guideline for Salinity Assessment, Mitigation and Adaptation Using Nuclear and Related Techniques*, Springer International Publishing, Switzerland. p. 43-53 . https://doi.org/10.1007/978-3-319-96190-3_2
- Yoshida, S., Forno, D. A., Cock, J. H. and Gomez, K. A. 1976.** Laboratory Manual for Physiological Studies of Rice (3rd Ed). IRRI, Los Baños, Philippines. <https://doi.org/10.4236/as.2023.141005>
- Zhu, Q., Zhang, J., Gao, X., Tong, J., Xiao, L., Li, W. and Zhang, H. 2010.** The Arabidopsis AP2/ERF transcription factor RAP2.6 participates in ABA, salt and osmotic stress responses. *Gene*, 457, pp.1-12. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2010.02.011>