

کاربرد ژنتیک معکوس در مطالعه کارکرد ژن شبه استریکتوسیدین سینتاز - ۶ آراییدوپسیس قالیانا در پاسخ به تنش شوری

Reverse Genetic Application in functional study of *Arabidopsis thaliana* strictosidine synthase Like-6 gene under salt stress

محدثه پورکریمی دریا کناری^۱، محمد مهدی سوهانی^{۲*} و امین عابدی^۳

Mohadece Pourkarimi Daryakenari¹, Mohammad Mehdi Sohani^{2*} and Amin

Abedi³

۱- فارغ التحصیل کارشناسی ارشد، ۲- دانشیار ۳- فارغ التحصیل دکتری گروه بیوتکنولوژی کشاورزی
دانشکده علوم کشاورزی دانشگاه گیلان، رشت، ایران

1- M.Sc. graduate student, 2-Associate Professor, 3- PhD graduate student,
Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences,
.University of Guilan, Rasht, Iran

* نویسنده مسئول، پست الکترونیکی: mhdsohani@gmail.com msohani@guilan.ac.ir

(تاریخ دریافت ۹۷/۲/۳- تاریخ پذیرش: ۹۷/۵/۳۰)

چکیده

ژن‌های شبه استریکتوسیدین سینتاز (SSL) از خانواده‌های ژنی موجود در ژنوم آراییدوپسیس هستند. اورتولوگ‌های این خانواده در سایر گیاهان نظیر پریوش (*Catharanthus roseus*) آنزیم‌های کلیدی مسیر بیوستزر ایندول آکالوئیدهای مونوتربنؤیدی هستند. ژن SSL6 آراییدوپسیس، از اعضاء خانواده ژنی SSL، در پاسخ به انواع تنش‌ها و مولکول‌های پیام رسان به صورت معنی‌داری القاء می‌شود. در این مطالعه، از روش‌های ژنتیک معکوس (درج T-DNA) برای تعیین نقش کارکردی ژن SSL6 در پاسخ به تنش شوری استفاده شد. آزمایش به صورت فاکتوریل در قالب طرح کامل تصادفی با دو فاکتور و در سه تکرار انجام شد. فاکتورها شامل دو ژنوتیپ (Col-0 و ssl6) و سه سطح تیمار NaCl (0 mM, 100 mM, 200 mM) بود. در مقایسه با گیاه تیپ وحشی، افزایش تجمع پرولین و محتوای آنتوسیانین و کاهش محتوای مالون دی-آلدئید (MDA) در پاسخ به تنش شوری معنی‌دار بود. بررسی Real Time-PCR مشخص کرد که افزایش بیان ژن‌های SOS در پاسخ به تیمار شوری ۱۵۰ میلی مولار NaCl در زمان‌های ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار در گیاه Col-0 متفاوت با 0 میلی مولار NaCl نبود. در مجموع این نتایج نشان داد که احتمالاً ژن SSL6 نقش کنترل کننده منفی در پاسخ به تنش شوری در گیاه آراییدوپسیس بر عهده دارد.

واژه‌های کلیدی

بيان ژن،

تنظيم کننده منفی،

ژن قادر عملکرد،

T-DNA لاین

مقدمه

ژن‌ها دارای رابطه تکاملی با پروتئین همومیوسین مگس سرکه می‌باشند، بنابراین یک کلاس خاص از ژن‌های SSL شبه AtSSL4- همومیوسین (HML) نامیده شدند که شامل ژن‌های AtSSL7 می‌باشد (Sohani et al. 2009).

مطالعاتی که بر روی القاء بیان ژن‌های AtSSL4-AtSSL7 آراییدوپسیس صورت گرفت مشخص کرد که ژن‌های شبه همومیوسین در اثر زخم، تیمار با ویروس CMV و قارچ Alternaria brassicicola و نیز تیمار با ترکیبات فعال‌کننده پیام دفاعی نظیر سالسیلیک اسید، جاسمونات و اتیلن به صورت معنی‌دار افزایش می‌یابد که بیانگر نقش احتمالی این ژن‌ها در واکنش دفاعی القائی در گیاه است (Sohani et al. 2009)، همچنین میزان بیان این ژن‌ها در پاسخ به تنش‌های شوری، نور ماوراء‌بنفس و سالسیلیک اسید چند برابر شرایط شاهد است. القاء بیان ژن SSL6 در پاسخ به محرك‌های زیستی و غیر زیستی، احتمال ایفاء نقش این ژن در شرایط تنش از جمله تنش شوری را افزایش می‌دهد (Kibble et al. 2009).

شوری خاک از عوامل مهم محدود کننده عملکرد گیاهان است (Hanin et al. 2016). در سطح جهانی، تخمین زده می‌شود که حدود ۹۰۰ میلیون هکتار از زمین‌ها شور بوده و بیش از ۳۰ درصد از محصولات آبیاری شده تحت تأثیر نمک هستند (Schroeder et al. 2013). غلظت بالای NaCl مانع از جذب آب به وسیله گیاه شده و همچنین با تجمع Na^+ و Cl^- در سیتوسول منجر به سمیت یونی و در نتیجه باعث کاهش میزان فتوسترات، هدر رفت انژی و تجمع گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) می‌شود (Deinlein et al. 2014; Golldack et al. 2014; Julkowska and Testerink, 2015; Zhu, 2002).

بخش گستردگی از تحمل به شوری در نتیجه عملکرد ژن‌های است که سرعت جذب نمک از خاک و انتقال آن به سراسر گیاه را محدود می‌کند و تعادل اسمزی و یونی را در ریشه‌ها و اندام‌های هوایی برقرار می‌کند (Greenway and Munns, 1980). مطالعات نشان داده است که افزایش در سطح بیان برخی ژن‌های دخیل در شوری منجر به بهبود عملکرد گیاه در تنش شوری شده است (Chinnusamy et al. 2006). افزایش در سطح بیان ژن‌های

در میان آلکالوئیدهای گیاهی، مونوتربوئید اندول آلکالوئیدها به دلیل داشتن خواص درمانی ضد مalaria کوینین (Quinine)، ضد سرطان وین‌بلاستین (Vinblastine) و وین‌کریستین (Vincristine) یا ضد بیماری قلبی عروقی و همچنین روان‌گردان رسپین (Reserpine) توجهات زیادی را به خود جلب کرده است. این امر منجر به شناسایی آنزیم‌های کلیدی مسیر بیوسترات ایندول آلکالوئیدها شد. تریپتوфан دکربوکسیلاز و استرکتوسیدین سیتاز (STR) (Strictocidine synthase)، دو آنزیم کلیدی در تولید این ترکیبات هستند (Kutchan, 1989). آنزیم استریکتوسیدین سیتاز اولین بار از گیاهان دارویی پریوش Rauvolfia (Catharanthus roseus) و رائولوفا سرپتینا (serpentina) (Kutchan, 1989) جداسازی شده است (Fabbri et al. 2000). آراییدوپسیس توانایی تولید ترکیبات پیچیده آلکالوئیدی را ندارد، اما حاوی ژن‌هایی است که همولوژی بالایی با ژن SSL پریوش داشته و بنابراین همولوگ ژن‌های فوق در آراییدوپسیس شبه استرکتوسیدین سیتاز (SSL) نامیده شدند (Takounon et al. 2000). تاکونون بر اساس مطالعات انجام گرفته ۱۵ ژن دارای دومین استریکتوسیدین سیتاز در آراییدوپسیس شناسایی شده است که نقش و نوع فعالیت بسیاری از آن‌ها در پاسخ به تنش‌ها و نیز در مراحل نموی مشخص نشده است (Fabbri et al. 2000). پروتئین‌های حاوی دمین استریکتوسیدین سیتاز در جانوران و حشرات نیز یافت شده است. مطالعه پروتئین‌های حاوی دمین SSL در انسان نشان دهنده بیان بالای این ژن در مغز است. در اندام‌های انسانی انواع ایندول آلکالوئیدها نظیر رزپین به محض تداخل با سیناپس انتقالی واسطه با دوپامین عمل می‌کنند (Fabbri et al. 2000). پروتئین همومیوسین یک پذیرنده لکتین بوده و در سیستم ایمنی مگس سرکه نقش دارد. همسانه سازی ژن همومیوسین و بررسی مولکولی آن مشخص کرد که این پروتئین یک گلیکوپروتئین متصل به غشاء بوده و دارای یک ناحیه کوتاه درون سلولی و دو ناحیه خارج سلولی است که شامل یک ناحیه مشابه با پروتئین‌های SSL گیاهی و یک ناحیه مشابه به میوسین در انسان است (Fabbri et al. 2000). بررسی روابط فیلوژنتیکی برخی از اعضاء خانواده ژنی SSL آراییدوپسیس نشان داد که این

طی آن تأثیر سرکوب ژن *SSL6* بر برحی از خصوصیات بیوشیمیایی نظیر محتوای آنتوسبیانین و پرولین، پراکسیداسیون لیپیدها و همچنین الگوی بیان ژن‌های مسیر فوق حساس به شوری (Salt Overly Sensitive, SOS) در پاسخ به تنش شوری بررسی شد.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش از گیاه مادری (WT) آراییدوپسیس اکوتیپ کلمبیا (Col-0) و لاین جهش‌یافته T-DNA ژن *ssl6* (*ssl6*) با شماره دسترسی (SALK-046142) استفاده شد که از مرکز منابع زیستی Arabidopsis Biological Resource Center, آراییدوپسیس (ABRC) تهیه شده بود. در لاین جهش‌یافته، T-DNA در ناحیه پروموتوری و در نزدیک ۵' UTR درج شده است.

برای کشت گیاهان در شرایط درون شیشه‌ای (*In vitro*) از محیط کشت MS ۱/۲ حاوی ۱٪ ساکارز استفاده شد. ضد عفونی بذرها با هیپوکلرید سدیم ۱٪ به مدت ۱۰ دقیقه و ۳ بار آبکشی با آب دو بار استریل شده صورت گرفت. بذرها به مدت ۳ روز در تاریکی و در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند تا ورنالیزاسیون بذرها انجام شود. شرایط محیطی رشد گیاهان در کشت درون شیشه، دمای ۲۲ درجه سانتی‌گراد و دوره روشنایی/تاریکی ۸/۱۶، شدت نوری ۱۲۰ mol/m²sec و محیط حاوی MS ۱/۲ با غلاظت‌های صفر و ۱۰۰ و WT و *ssl6* به محیط حاوی MS ۱/۲ با غلاظت‌های صفر و ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار NaCl انتقال داده شدند، پس از چهار روز نمونه‌برداری برای مطالعات بعدی انجام شد (Yadav *et al.* 2016).

میزان آنتوسبیانین

اندازه‌گیری آنتوسبیانین به روش (Lange *et al.* 1971) انجام گرفت. مقدار ۰۰۲ گرم بافت گیاه در ازت مایع خرد و سپس ۴ میلی لیتر محلول ۱ درصد اسید کلریدریک در متابولیزاسیون به آن افزوده و به مدت ۲۴ ساعت در یخچال قرار داده شد. محلول حاصل به مدت ۱۰ دقیقه در ۱۳۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شد. جذب

تنظیمی مانند فاکتورهای رونویسی و پروتئین کینازها در مسیرهای پیامرسانی سلولی تحمل گیاه را نسبت به شوری افزایش داده است (Kasuga *et al.* 1999; Teige *et al.* 2004). شناسایی ژن‌های دخیل در مقاومت گیاهان به تنش شوری می‌تواند نوید دهنده تولید گیاهان مقاوم به (Kovinich *et al.* 2015) این تنش از طریق انتقال ژن و مهندسی ژنتیک باشد.

برای مطالعه نقش کارکردی ژن هدف، از سه روش کلی استفاده از پایگاه‌های داده ژنومی و مطالعات بیوانفورماتیک، ژنتیک رو به جلو (Forward Genetics) و در نهایت ژنتیک معکوس (Reverse Genetics) استفاده می‌شود. از طریق پایگاه‌های داده‌های بیوانفورماتیکی، می‌توان توالی نوکلئوتیدی یا آمینو اسیدی ژن هدف را با توالی‌های موجود در پایگاه‌های داده مقایسه و بر اساس میزان شباهت بین توالی و رسم درخت فیلوزنوتیکی ارتباط دو توالی را مقایسه و در نهایت با توجه به عملکرد توالی موجود در پایگاه داده به عملکرد احتمالی توالی هدف دست یافت. در روش‌های ژنتیک رو به جلو هدف ایجاد جهش‌یافته‌هایی با فنوتیپ مطلوب بوده و پس از رسیدن به فنوتیپ مطلوب با بررسی‌های ژنومی، ترانسکریپتومی، پروتئومی و متابولیکی در نهایت می‌توان ژن مربوط به فنوتیپ مورد نظر و عملکرد آن را تعیین کرد. در روش‌های ژنتیک معکوس با فرایان (Overexpression) یا سرکوب کردن (Knockout) و تولید لاین‌های جهش‌یافته فاقد عملکرد (Loss-of-Function) و افزایش عملکرد (Gain-of-Function) و سپس به فنوتیپ و نقش متناظر با ژن هدف دست یافت. این رویه هدفمندتر از ژنتیک رو به جلو بوده و نیازی به ایجاد جهش فراگیر ندارد. ژنتیک معکوس برای بررسی خانواده‌های ژنی که عملکرد یک ژن منفرد ممکن است در ارتباط با اعضای دیگر خانواده‌اش باشد، مفید خواهد بود (Østergaard and Yanofsky, 2004). در روش‌های فاقد عملکرد Kuromori *et al.* 2009 از T-DNA برای سرکوب ژن هدف استفاده می‌شود (Kuromori *et al.* 2009).

هدف پژوهش حاضر مطالعه نقش ژن شبه استریکتوسیدین سینتاز-۶ (*SSL6*) آراییدوپسیس در پاسخ این گیاه نسبت به تنش شوری با استفاده از لاین جهش‌یافته T-DNA آن (*ssl6*) است که

درجه سانتی گراد) قرار گرفت. پس از آن با قرار دادن لوله‌های آزمایش در حمام بین واکنش مذکور متوقف شد. سپس ۴ میلی‌لیتر تولوئن به محتويات هر لوله اضافه و به مدت ۱۵-۲۰ ثانية به شدت به هم زده شد. فاز رویی که شامل تولوئن و پرولين بود از فاز آبی جدا و جذب آن به وسیله دستگاه اسپکتروفوتومتر در طول موج ۵۲۰ نانومتر تعیین شد. در این سنجش از تولوئن به عنوان شاهد بوده و غلظت پرولين در هر نمونه بر اساس جذب و غلظت‌های معین موجود در منحنی استاندارد بر اساس میلی‌گرم در گرم وزن تر محاسبه شد.

تجزیه و تحلیل آماری

آزمایش‌های شرح داده شده با سه تکرار و در سه سطح تیماری صفر، ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار NaCl در قالب طرح کامل تصادفی انجام گرفت. مقایسه میانگین به روش LSD و تجزیه و تحلیل داده‌ها و رسم با نرم‌افزار SAS و Excel انجام شد.

بررسی الگوی بیان ژن‌های SOS در تیمار NaCl

برای بررسی بیان نسبی ژن‌های مارکر سوری SOS در تیمار سوری، بذرهای دو ژنوتیپ WT و *ssl6* در شرایط درون شیشه کشت و به مدت دو هفته رشد داده شدند. برای اعمال تیمار تنفس شوری، کاغذهای واتمن در محیط MS ½ حاوی یک درصد ساکارز و ۱۵۰ میلی مولار NaCl اشباع شده و به پتربال متنقل شدند. گیاهچه‌ها با احتیاط از محیط کشت جدا و به محیط تیمار انتقال یافتنند. نمونه‌برداری در زمان‌های صفر، ۳ و ۶ ساعت بعد از تیمار انجام گرفت. نمونه‌ها برای انجام مطالعات بعدی در فریزر -۷۰- قرار گرفتند (Dong and Liu, 2010).

استخراج RNA تام با کیت RNXPlus شرکت سینا کلون انجام و کیفیت و کمیت RNA استخراجی با الکتروفورز و نانودرایپ (Thermo scientific, USA) بررسی شد. جهت حذف آلودگی DNaseI DNA ژنومی احتمالی، RNA استخراج شده با استفاده (Thermo scientific) تیمار و سپس برای سنتز cDNA با استفاده از Oligo dT و کیت سنتز cDNA (Thermo scientific) استفاده شدند. آغازگر ژن‌های *SOS1*, *SOS2*, *SOS3*, *Act-2* با استفاده از نرم‌افزار Primer3 (http://primer3.ut.ee/) طراحی شدند (جدول

نور در فاز رویی با استفاده از روش اسپکتروفوتومتری در طول موج‌های ۵۳۰ و ۷۵۷ نانومتر خوانده شد و با استفاده از فرمول (A=A550/A657) در آن A میزان نسبی آنتوسيانین تعیین شد که در آن A550 میزان نسبی آنتوسيانین و A657 به ترتیب جذب نور نمونه در طول موج‌های ۵۳۰ و ۷۵۷ نانومتر است.

پراکسیداسیون لیپیدها

برای سنجش مقدار پراکسیداسیون لیپیدهای غشاء، غلظت مالون-دی‌آلدئید حاصل از این واکنش اندازه‌گیری شد. اندازه‌گیری (Heath and Packer, 1968) غلظت مالون دی‌آلدئید به روش انجام گرفت. طبق این روش ۰/۲ گرم از بافت تازه برگی با استفاده از ازت مایع خرد شده در هاون چینی خرد شده و سپس ۵ میلی‌لیتر اسید تری کلرواستیک (TCA) (۱٪/۰) به آن اضافه و به مدت ۵ دقیقه سانتریفیوژ شد. ۴/۵ میلی‌لیتر محلول TCA ۲۰٪ (دارای ۵ گرم اسید تیوباربیتریک (TBA) در ۱۰۰ گرم) به یک میلی‌لیتر از محلول رویی حاصل از سانتریفیوژ اضافه شد. محلول حاصل به مدت ۱۰ دقیقه با ۴۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شد. شدت جذب این محلول با استفاده از اسپکتروفوتومتر در طول موج ۵۳۲ نانومتر خوانده شد. ماده مورد نظر برای جذب در این طول موج کمپلکس قرمز MDA-TBA است. جذب بقیه رنگیزه‌های غیراختصاصی در ۶۰۰ نانومتر تعیین و از این مقدار کسر شد.

محتوای پرولين

گیاهچه‌ها برای تخمین محتوای پرولين طبق روش بیتس مورد استفاده قرار گرفتند (Bates et al. 1973). برای تهیه معرف ناین هیدرین، ۲۵/۱ گرم ناین هیدرین به ۳۰ میلی‌لیتر گلاشیال استیک اسید اضافه و در حرارت ملایم حل شد. سپس ۲۰ میلی‌لیتر اسید فسفوک ۶ مولار به آن اضافه و کاملاً به هم زده شد. این محلول در دمای ۴ درجه سانتی گراد به مدت ۲۴ ساعت پایدار است. برای سنجش محتوای پرولين ۵/۰ گرم بافت تر گیاه در ۱۰ میلی‌لیتر اسید سولفوسالیسیلیک ۳٪ در هاون چینی همگن شد تا کاملاً یکنواخت شود. عصاره حاصل با کاغذ واتمن شماره ۲ صاف و حجم آن یادداشت شد. ۲ میلی‌لیتر از عصاره صاف شده با ۲ میلی‌لیتر محلول ناین هیدرین و ۲ میلی‌لیتر گلاشیال استیک اسید مخلوط شده و به مدت یک ساعت در حمام آب گرم (۱۰۰

پس از انجام واکنش اختصاصی بودن تکثیر بر اساس منحنی و پیک ذوب مشخص شد. ژن ۲ *Act-2* جهت نرمال سازی داده‌های واکنش استفاده شد. مقدار نرمال شده Ct شاهد (تیمار نشده) از مقدار نرمال شده Ct نمونه هدف کسر و تفاوت نسبی نمونه هدف در برابر نمونه تیمار نشده با معادله $\Delta\Delta CT = 2 \log_{10} \frac{M}{C}$ محاسبه شد (Livak and Schmittgen, 2001).

۱). واکنش qRT-PCR با استفاده از کیت Maxima SYBR Green/ROX qPCR Master Mix شرکت Thermo fisher انجام شد. مخلوط واکنش شامل ۱ میکرولیتر از cDNA رقیق شده (۱۰ μl) به همراه ۶/۲۵ مستر میکس (Master Mix qPCR)، ۰/۳ میکرولیتر از هر آغازگر اختصاصی و ۴/۶۵ میکرولیتر آب عاری از نوکلئاز و حجم نهایی ۱۲/۵ میکرولیتر بود.

جدول ۱- لیست آغازگرهای مورد استفاده در واکنش Real Time PCR

Table 1. List of primers used in the Real Time PCR

دماه اتصال (°C)	طول قطعه (bp)	پرایمر برگشت	پرایمر رفت	شماره دسترسی	ژن
۵۷/۲	۱۶۶	TGCCGAAAATGCTGAGTTGC	ACACCACACGTAGCTCAAG	At2g01980	<i>SOS1</i>
۵۷/۲	۱۷۶	TGCTGAACCATCGTAACCCT	ACCGTGACCTAAAGCCAGAA	At5g35410	<i>SOS2</i>
۵۷/۲	۱۸۸	GCACGAAAGCCTTATCCACC	AGGTGTCTCCATCCAAGCG	At5g24270	<i>SOS3</i>
۵۷/۲	۱۴۹	CGATACTGAGAACATAGTGG	CTTGTCCAGCCCTCGTTG	At3g18780	<i>Act2</i>

۰/۲۴۱ و ۰/۲۴۰ بوده و بین دو ژنوتیپ اختلاف معنی‌دار وجود داشته و با افزایش شدت تنفس میزان آنتوسيانین افزایش نشان می‌دهد (جدول ۲).

نتایج و بحث

جدول ۲- تجزیه واریانس برخی از صفات بیوشیمیابی و فیزیولوژیکی در تیپ وحشی Col-0 و لاین جهش یافته *ssl6* در پاسخ به تنفس شوری

Table 2. Analysis of variance of biochemical and physiological traits in wild-type Col-0 and *ssl6* mutant line under salt stress.

MDA	Proline	Anthocyanin	درجه آزادی	منابع تغییر
۱۶/۸۲ **	** ۹/۷۵	ns ۰/۰۰۴	۱	ژنوتیپ
۱۰/۸۷ **	ns ۸/۹۷	** ۰/۰۲۷	۲	تیمار
۲/۹۶ **	ns ۱/۶۷	** ۰/۰۰۷	۲	ژنوتیپ*تیمار
۰/۰۹	۰/۲۷	۰/۰۰۰۲	۱۲	خطا

ns, * و ** به ترتیب غیر معنی‌دار و معنی‌دار در سطح ۵ درصد و ۱ درصد ns, * and ** indicating non-significant and significant at 5 and 1% levels of probability, respectively

بر اساس داده‌های حاصل از تجزیه واریانس (جدول ۲)، میزان مالون دی‌آلدئید در مورد ژنوتیپ، تیمار و اثر مقابله ژنوتیپ و تیمار در سطح یک درصد معنی‌دار است. داده‌های مقایسه میانگین نشان داد که اگرچه افزایش شدت تنفس موجب افزایش میزان مالون دی‌آلدئید می‌شود اما شدت افزایش در لاین جهش یافته *ssl6* کمتر است. بنابراین در محیط فاقد نمک، میزان مالون دی‌آلدئید در گیاه مادری و لاین *ssl6* تفاوت معنی‌دار وجود ندارد.

تنفس شوری مهم‌ترین عامل محدود کننده میزان تولید گیاهان زراعی بشمار می‌رود (Amirjani, 2011). کاربرد روش‌های مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی بهمنظور تولید گیاهان مقاوم به شوری برای فراهم کردن نیاز غذایی جمعیت در حال افزایش جهان از اهمیت بالایی برخوردار است. یک رویکرد مهم برای تولید گیاهان زراعی مقاوم به شوری انتقال ژن‌های عامل تحمل به این تنفس به گیاهان زراعی هست (Hasegawa et al. 2000). لازمه این کار شناسایی و مطالعه کارکردی ژن‌های دخیل در پاسخ گیاه به تنفس شوری با استفاده از روش‌های ژنتیک پیشرو و معکوس است. در این مطالعه بهمنظور بررسی نقش کارکردی ژن *SSL6* در پاسخ آراییدوپسیس به تنفس شوری از لاین سرکوب شده T-DNA این ژن استفاده شد.

بر اساس نتایج تجزیه واریانس، میزان آنتوسيانین در مورد تیمار شوری و اثر مقابله در سطح ۱ درصد معنی‌دار است (جدول ۲). مقایسه میانگین نشان داد که در سطح صفر اختلاف معنی‌دار در میزان آنتوسيانین بین ژنوتیپ‌ها وجود دارد، در غلاظت‌های ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار میزان آنتوسيانین در ژنوتیپ *ssl6* به ترتیب به مقدار ۰/۲۴۹ و ۰/۳۱ و در ژنوتیپ ۰ Col-0 به ترتیب به مقدار

جدول ۳- مقایسه میانگین اثرات متقابل تنش شوری بر روی محتوای MDA و آنتوسبانین در تیپ وحشی Col-0 و لاین جهش یافته *ssl6*

Table 3. Mean comparison of interaction effect of salt stress in MDA and anthocyanin content in wild-type Col-0 and *ssl6* mutant line

MDA (nmol/g.FW)	Anthocyanin (μmol/g.FW)	زنوتیپ	سطوح شوری
۱/۴۶ ^e	^c /۰/۱۶	Col-0	صفرا
۱/۸۶ ^{de}	^d /۰/۱۱		میلی-
۴/۸۳ ^b	^c /۰/۱۷	Col-0	۱۰۰ میلی-
۲/۳۳ ^{cd}	^b /۰/۲۴		مولار
۵/۷۰ ^a	^b /۰/۲۴	Col-0	۲۰۰ میلی-
۲/۷۳ ^c	^a /۰/۳۱	<i>ssl6</i>	مولار

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

Means with similar letters in each column are not significantly different using LSD test.

جدول ۴- مقایسه میانگین اثرات اصلی تنش شوری بر روی محتوای پرولین در تیپ وحشی Col-0 و لاین جهش یافته *ssl6*

Table 4. Mean comparison of simple effect of salt stress in proline content in wild-type Col-0 and *ssl6* mutant line

مانع تغییر (μmol/gFW)	پرولین	سطوح	مانع تغییر
۲/۲۶۹۰ ^b	Col-0	زنوتیپ	صفرا
۳/۴۹۱۰ ^a			میلی-
۱/۴۶۸۹ ^b	Col-0	زنوتیپ	تیمار شوری
۳/۵۰۷ ^a			۱۰۰ میلی مولار
۳/۶۶۰ ^a			۲۰۰ میلی مولار

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

Means with similar letters in each column are not significantly different using LSD test.

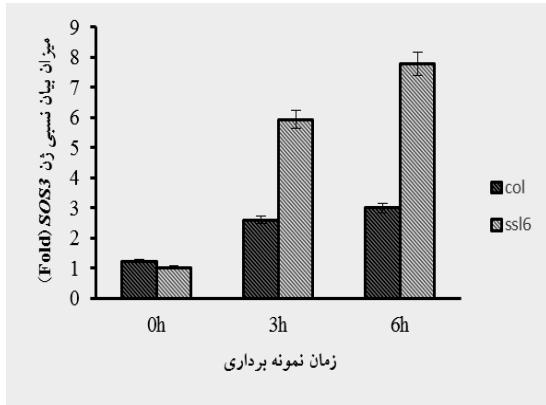
مالون دی‌آلدئید به عنوان یک معرف برای بررسی میزان صدمات غشاء در شرایط تنش مورد استفاده قرار می‌گیرد (Jaleel *et al.* 2007; Katsuhara *et al.* 2005). هنگامی که گیاهان در معرض تنش شوری قرار می‌گیرند، تولید ترکیبات اکسیژن فعل موجب تغییر ساختار لیپیدهای غشا و آسیب دیدگی آنها از طریق تولید رادیکال سوپراکسید می‌شود (Mittler *et al.* 2004). پراکسیداسیون القاء شده در غشاهای لیپیدی توسط تنش شوری

همچنین میزان مالون دی‌آلدئید در سطح ۱۰۰ میلی مولار برای *Col-0* و *ssl6* به ترتیب ۴/۸۳ و ۲/۳۳ بوده و تفاوت معنی‌دار دارد. میزان مالون دی‌آلدئید در سطح ۲۰۰ میلی مولار نیز در لاین جهش یافته *ssl6* کمتر بوده و تفاوت بین این لاین با گیاه مادری معنی‌دار است (جدول ۳).

نتایج تجزیه واریانس داده‌های محتوای پرولین نشان می‌دهد که در مورد تیمار شوری در سطح ۱ درصد اختلاف معنی‌دار بوده (جدول ۴) و مقایسه میانگین اثرات ساده نشان داد که محتوای پرولین در زنوتیپ *ssl6* پیشتر از زنوتیپ Col-0 بوده و تفاوت معنی‌دار است. در بین سطوح مختلف تنش شوری اختلاف معنی‌داری بین سطوح ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی مولار با سطح صفر وجود دارد. در واقع، افزایش شدت تنش باعث افزایش میزان پرولین شده است (جدول ۴).

محافظت کننده‌های اسمزی مولکول‌های کوچک، خشی و غیر سیمی هستند که پروتئین‌های غشاء را در برابر تاثیرات مخرب محلول نمک در غلظت بالا و سایر محلول‌های زیان‌آور پایدار می‌کنند (Munns, 2002). در گیاهان مهم‌ترین محلول حمایت کننده اسمزی سازگار گلیسین بتائین، پرولین و پلی آل‌ها هستند (Rontein *et al.* 2002). به طور معمول سطح حمایت کننده‌های اسمزی در شرایط تنش اسمزی بالاست (Bohnert *et al.* 1995). تجمع پرولین رابطه مثبت و مستقیم با افزایش مقاومت به کم آبی در تنش‌های کم آبی و شوری ایجاد شده در گیاه دارد (Saneoka *et al.* 2004). تجمع پرولین در سیتوپلاسم مانند یک اسموتیکوم در حفاظت ساختمان ماکرومولکول‌ها در محیطی که تعادل یونی آن بهم خورده است عمل می‌کند (Nayyar, 2003). افزایش پرولین منجر به حفظ تورم و کاهش خسارت غشاء در گیاهان می‌شود. بدین ترتیب با تنظیم اسمزی، سازگاری به تنش کم آبی و شوری افزایش می‌یابد (Pandey and Agarwal, 1998). پرولین همچنین بعنوان یک چاپرون ساختار پروتئین‌ها را حفظ کرده و نیز بعنوان یک جمع آوری کننده ROS‌ها مطرح است (Liu *et al.* 2014). طبق نتایج به دست آمده میزان پرولین در شرایط تنش در زنوتیپ *ssl6* افزایش معنی‌داری داشته و بنابراین در مقاومت پیشتر این لاین نسبت به تنش شوری می‌تواند نقش مهمی داشته باشد.

شده و سپس افزایش معنی داری نداشته است. بنابراین بیان ژن *SOS3* در لاین جهش یافته نسبت به گیاه مادری در هر دو زمان ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار به ترتیب $2/28$ و $2/60$ برابر بیشتر است (شکل ۱).



شکل ۱- الگوی بیان نسبی ژن *SOS3* در پاسخ به تنفس شوری با استفاده از qRT-PCR. RNA تام از گیاهچه های دو هفتاهی Col-0 و *ssl6* تیمار شده با 150 میلی مولار NaCl به مدت صفر، ۳ و ۶ ساعت استخراج شد. از ژن *Act-2* بعنوان کنترل استفاده شد.

Figure 1. The expression level of *SOS3* gene in response to salt stress was analysed by qRT-PCR. Total RNA was isolated from two week old Col0, and *ssl6* seedlings treated with 150 mM NaCl for 0 h, 3 h, and 6 h. In all experiments, the expression of the constitutive *Act-2* gene was used as the control.

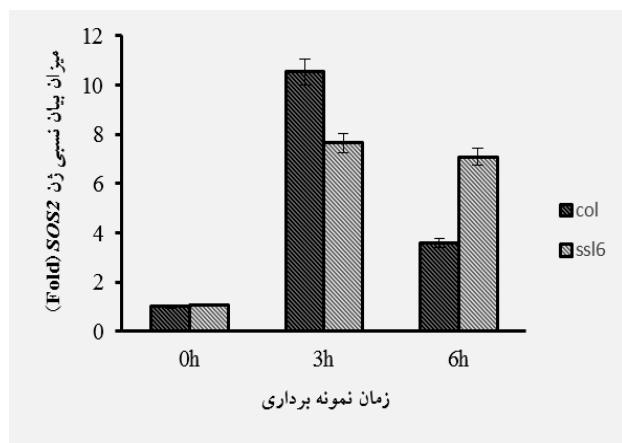
بیان ژن *SOS2* ۳ ساعت پس از تیمار شوری این افزایش در لاین جهش یافته و گیاه مادری به ترتیب $7/6$ و $10/58$ برابر بوده و ۶ ساعت پس از تیمار شوری برای لاین جهش یافته و برای گیاه مادری $3/60$ برابر است (شکل ۲). بیان این ژن اگرچه افزایشی هست با این حال، الگوی آن در لاین جهش یافته و گیاه مادری متفاوت است. در زمان ۳ ساعت پس از تیمار در هر دو گیاه مادری و لاین جهش یافته بیان القاء شده است. اما در لاین جهش یافته و ۶ ساعت پس از تیمار کاهش غیر معنی داری مشاهده می شود. در گیاه مادری این الگو متفاوت بوده و در زمان ۶ ساعت پس از تیمار نزدیک به 3 برابر سرکوب شده است.

همان گونه که مشاهده می شود شدت القاء ژن *SOS1* در لاین جهش یافته بیشتر بوده، اما در گیاه مادری ژن مذکور ابتدا القاء شده و سپس کاهش نشان می دهد. بیان ژن *SOS1* در لاین جهش یافته نسبت به گیاه مادری در هر دو زمان ۳ و ۶ ساعت پس از تیمار شوری به ترتیب $1/4$ و $5/33$ برابر بیشتر است (شکل ۳).

نشان دهنده آسیب در سطح سلولی بوده و سطح مالون دی آلدئید تولید شده در طی این فرآیند به عنوان یک شاخص از آسیب اکسیداتیو در نظر گرفته شده است (Fadzilla *et al.* 1997). در این آزمایش تفاوت معنی داری در مقدار مالون دی آلدئید در گیاه مادری و لاین جهش یافته مشاهده شد. میزان افزایش MDA در گیاه مادری بیشتر است که نشان دهنده آسیب بیشتر سلول های آن در مقایسه با لاین جهش یافته در پاسخ به تنفس شوری است.

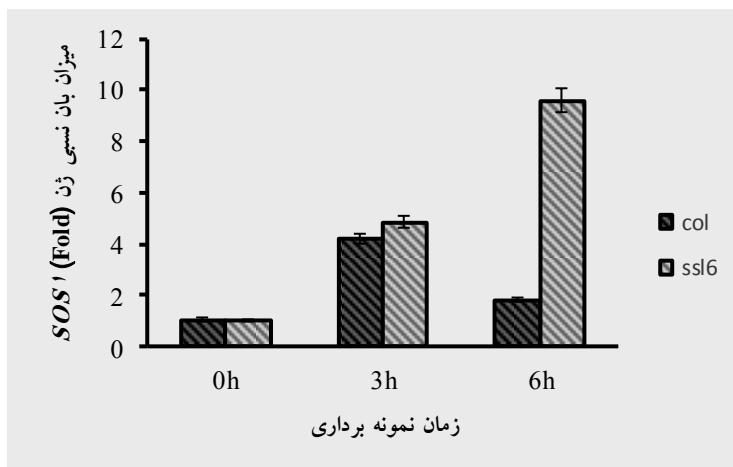
آنتوسیانین ها در پاسخ به تنفس های غیر زیستی نظیر خشکی، شوری، سرما و شدت نور بالا در گیاهان تجمع یافته و کارکرده ای متغیر نظیر مولکول های پیام رسان، حفاظت در برابر شدت نور بالا و جمع آوری کننده ROS بر عهده دارند (Kovinich *et al.* 2015). تجمع آنتوسبیانین در طی تنفس شوری در بسیاری از گیاهان نظیر گوجه فرنگی، ذرت، نیشکر و آرایید و پسیس گزارش شده است. در تمامی این مطالعات مشخص شده است که تجمع آنتوسبیانین با میزان تحمل گیاه علیه تنفس رابطه مستقیم دارد (Lotkowska *et al.* 2015). در مطالعه حاضر سرکوب ژن *SSL6* موجب تجمع معنی دار آنتوسبیانین در لاین جهش یافته نسبت به گیاه مادری شده است. بنابراین به نظر می رسد بین این ژن و مسیر بیوستز آنتوسبیانین یک رابطه منفی وجود داشته باشد. باید توجه کرد از جمله نقش های مهم پروتئین و آنتوسبیانین جمع آوری ROS ها در شرایط تنفس بوده و همچنین میزان MDA بعنوان یک شاخص در افزایش فعالیت ROS در نظر گرفته می شود. بنابراین به نظر می رسد سرکوب ژن *SSL6* می تواند از طریق کاهش تولید یا القاء مسیر های جمع آوری ROS ها موجب افزایش مقاومت گیاه به تنفس شوری شود.

با بررسی بیان ژن های *SOS* ، میزان حساسیت Col-0 و *ssl6* نسبت به شوری مورد ارزیابی قرار گرفت. بیان ژن ژن *SOS3* ۳ ساعت پس از تیمار شوری در جهش یافته *ssl6* و برای گیاه مادری $2/59$ می باشد. ۶ ساعت پس از تیمار شوری بیان این ژن در هر دو ژن تیپ افزایش یافته است. این افزایش در جهش یافته و گیاه مادری به ترتیب $7/78$ و $2/99$ برابر زمان صفر است. همان گونه که مشاهده می شود شدت القاء ژن *SOS3* در لاین جهش یافته بیشتر بوده، اما در گیاه مادری ژن مذکور ابتدا القاء



شکل ۲- الگوی بیان نسبی ژن *SOS2* در پاسخ به تنش شوری با استفاده از qRT-PCR. RNA تام از گیاهچه‌های دو هفتاهی Col-0 و *ssl6* تیمار شده با ۱۵۰ میلر مولار NaCl به مدت صفر، ۳ و ۶ ساعت استخراج شد. از ژن *Act-2* عنوان کنترل استفاده شد.

Figure 2. The expression level of *SOS2* gene in response to salt stress was analysed by qRT-PCR. Total RNA was isolated from tow week old Col0, and *ssl6* seedlings treated with 150 mM NaCl for 0 h, 3 h, and 6 h. In all experiments, the expression of the *Act-2* gene was used as the control.



شکل ۳- الگوی بیان نسبی ژن *SOS1* در پاسخ به تنش شوری با استفاده از qRT-PCR. RNA تام از گیاهچه‌های دو هفتاهی Col-0 و *ssl6* تیمار شده با ۱۵۰ میلر NaCl به مدت صفر، ۳ و ۶ ساعت استخراج شد. از ژن *Act-2* عنوان کنترل استفاده شد.

Figure 3. The expression level of *SOS1* gene in response to salt stress was analysed by qRT-PCR. Total RNA was isolated from tow week old Col0, and *ssl6* seedlings treated with 150 mM NaCl for 0 h, 3 h, and 6 h. In all experiments, the *Act-2* gene was used as the control.

همچنین توسط میانکش ROS ها با *SOS1* رخ می‌دهد، که یک جز در استرس اکسیداتیو سیگنانینگ است (Chung *et al.* 2008; Katiyar-Agarwal *et al.* 2006). فرایان ژن *SOS1* تحمل به تنش شوری در تاریخته‌های آرابیدوپسیس (Shi *et al.* 2003) و توتون (Yue *et al.* 2012) افزایش داده است. گیاهچه‌های آرابیدوپسیس تاریخته در مقایسه با گیاهچه‌های کنترل رشد زودرس گیاهچه و افزایش رشد ریشه تحت تنش را داشته‌اند (Shi *et al.* 2003). در توتون، تاریخته‌های فرایان *SOS1* در تست جوانه‌زنی نسب به

ژن‌های مسیر *SOS* در بسیاری از گونه‌های گیاهی حفاظت شده می‌باشند (Martínez-Atienza *et al.* 2007; Olias *et al.* 2009; Tang *et al.* 2003; Wu *et al.* 2007; Xu *et al.* 2011 آنها در آرابیدوپسیس و سایر گونه‌ها موجب افزایش تحمل به تنش شوری شده است (Shi *et al.* 2003; Yang *et al.* 2009; Zhang and Blumwald, 2001 در شرایط رشد طبیعی ناپایدار است، اما توسط نمک و کم آبی تثبیت می‌شود *SOS1* mRNA (Chung *et al.* 2008; Shi *et al.* 2003). تثبیت *SOS1* mRNA (Chung *et al.* 2008; Shi *et al.* 2003)

و *SOS3* در ژنوتیپ *ssl6* بیشتر از *Col-0* بود و بنابراین می‌توان گفت نقش مثبتی در مقاومت لاین جهش یافته به تنش شوری ایفا می‌کنند. همانگونه که مشاهده شد سرکوب ژن *SSL6* آراییدوپسیس موجب افزایش بیان ژن‌های *SOS* و همچنین افزایش محتوای پرولین و آنتوسبیانین و کاهش پراکسیداسیون لیپیدها در لاین جهش یافته شده است. بنابراین می‌توان گفت ژن *SSL6* نقش کنترلی منفی در پاسخ آراییدوپسیس به تنش شوری دارد.

نتیجه گیری نهایی

در این مطالعه نقش احتمالی ژن *SSL6* در پاسخ به تنش شوری با استفاده از لاین جهش یافته آن بررسی شد. اندازه گیری آنتوسبیانین، مالون دی آلدئید و پرولین در شرایط تنش، بیانگر واکنش بهتر جهش یافته نسبت به گیاه مادری بود. در واقع سرکوب این ژن با فعال کردن بخش‌های دفاعی گیاه بویژه سیستم‌ها و ترکیبات جمع آوری کننده ROS‌ها پاسخ بهتری نسبت به تنش شوری داشته است. میزان بیان ژن‌های *SOS1* و *SOS2* در ژنوتیپ جهش یافته بیشتر از گیاه مادری هستند. این سه ژن نقش مهمی در پاسخ گیاه به تنش شوری داشته و افزایش بیان آن‌ها موجب افزایش مقاومت گیاه جهش یافته در تنش شوری شده است. با نتایج حاصل از این پژوهش می‌توان اینگونه استنباط کرد که ژن *SSL6* آراییدوپسیس در پاسخ این گیاه نسبت به تنش شوری، تأثیر منفی دارد. به نظر می‌رسد که ژن *SSL6* در بالادست مسیر پاسخ به تنش شوری و در رقابت با آن باشد که سرکوب آن موجب بهبود پاسخ بیوشیمیابی و مولکولی گیاه جهش یافته در پاسخ به تنش شوری شده است. برای درک کامل نقش این ژن، فرایان ژن *SSL6* و بررسی سایر مسیرهای پاسخ به تنش شوری در لاین‌های جهش یافته ژن *SSL6*، نظری تأثیر این ژن بر روی فعالیت هورمون ABA و سیستم آنتی‌اکسیدانتی می‌تواند مفید باشد.

گیاهچه‌های کنترل افزایش جوانه زنی و همچنین افزایش در میزان کلروفیل در گیاهچه‌های تاریخته نسبت به کنترل داشتند، نسبت سدیم به پتانسیم نیز در گیاهچه‌های فرایان بیشتر از کنترل بود. (Yue et al. 2012)

Verslues et al. (2007) ممکن است در مسیر ROS شرکت کند. در مطالعه‌ای که در گیاه صنوبر بر ژن *PtSOS2TD* انجام شد، در حضور H_2O_2 میزان کلروفیل در گیاهان فرایان نسبت به وحشی کاهش معنی‌داری داشته است. میزان MDA نیز در نمونه وحشی افزایش داشته است که نشان دهنده تاثیر مثبت فرایان ژن *SOS2* بر مقاومت صنوبر در مقابل تنش شوری است (Yang et al. 2015).

ژن‌های *SOS1* و *SOS3* و ژن‌های مارکر شوری در ژنوتیپ‌های *atmyb73 eko* و *atmyb73 ko* افزایش بیان داشته است. *AtMyb73* یک ژن اختصاصی در شرایط تنش شوری است. پس از شش ساعت تیمار NaCl دو ژنوتیپ موتانت فوق در مقایسه به گیاه مادری افزایش سطح بیان در ژن‌های *SOS1* و *SOS3* داشتند و بیانگر نقش منفی ژن *AtMyb73* در تنش شوری است (Kim et al. 2013).

مسیر سیگنالینگ SOS که نقش تنظیم هموستازی یونی را بر عهده دارد، توجه زیادی رو به خود جلب کرده است. *SOS1* یک آنتی پورتر Na/H غشاء‌ای است که سدیم را به خارج از ریشه جریان می‌دهد و یون‌های سدیم را در زایلم هدایت می‌کند (Munns, 2005; Olias et al. 2009; Shi et al. 2003; Zhu, 2003) پروتئین جز سرین/ترئونین پروتئین کیناز SOS2 است و سومین پروتئین اتصال دهنده کلسیم SOS3 است. مسیر SOS به وسیله درک می‌شود و کمپلکس SOS3-SOS2 که با فعالیت ترانسپورتری SOS1 فسفوریلیه و فعال می‌شود. فعال شدن کمپلکس SOS3-SOS2 همچنین باعث القاء سایر ژن‌های درگیر mRNA و فعال‌سازی رونویسی SOS1 و تثبیت سطح سلولی SOS2 می‌شود (Ji et al. 2013; Zhu, 2003). بیان *SOS1*

منابع

- Amirjani M R.** 2011. Effect of salinity stress on growth, sugar content, pigments and enzyme activity of rice. International Journal of Botany 7: 73-81.
- Bates L, Waldren R, Teare I.** 1973. Rapid determination of free proline for water-stress studies. Plant and soil 39, 205-207.
- Bohnert HJ, Nelson DE, Jensen RG.** 1995. Adaptations to environmental stresses. The plant cell 7:1099.
- Chinnusamy V, Zhu J, Zhu JK.** 2006. Salt stress signaling and mechanisms of plant salt tolerance. In: Setlow JK (Ed.) Genetic engineering Principles and Methods, Springer, Boston, 141-177.
- Chung JS, Zhu JK, Bressan RA, Hasegawa PM, Shi H.** 2008. Reactive oxygen species mediate Na⁺-induced SOS1 mRNA stability in Arabidopsis. The Plant Journal 53: 554-565.
- Deinlein U, Stephan AB, Horie T, Luo W, Xu G, Schroeder JI.** 2014. Plant salt-tolerance mechanisms. Trends in plant science 19: 371-379.
- Dong CJ, Liu JY.** 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.
- Fabbri M, Delp G, Schmidt O, 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.
- Fadzilla NAM, Finch RP, Burdon RH.** 1997. Salinity, oxidative stress and antioxidant responses in shoot cultures of rice. Journal of Experimental Botany 48: 325-331.
- Golldack D, Li C, Mohan H, Probst N.** 2014. Tolerance to drought and salt stress in plants: unraveling the signaling networks. Frontiers in Plant Science 5.
- Greenway H, Munns R.** 1980. Mechanisms of salt tolerance in nonhalophytes. Annual review of plant physiology 31: 149-190.
- Hanin M, Ebel C, Ngom M, Laplaze L, Masmoudi K.** 2016. New insights on plant salt tolerance mechanisms and their potential use for breeding. Frontiers in plant science 7.
- Hasegawa PM, Bressan RA, Zhu JK, Bohnert HJ.** 2000. Plant cellular and molecular responses to high salinity. Annual review of plant biology 51: 463-499.
- Heath RL, Packer L.** 1968. Photoperoxidation in isolated chloroplasts: I. Kinetics and stoichiometry of fatty acid peroxidation. Archives of biochemistry and biophysics 125: 189-198.
- Jaleel CA, GopiR, Sankar B, Manivannan P, Kishorekumar A, Sridharan R, Panneerselvam R.** 2007. Studies on germination, seedling vigour, lipid peroxidation and proline metabolism in Catharanthus roseus seedlings under salt stress. South African Journal of Botany 73: 190-195.
- Ji H, Pardo JM, Batelli G, Van Oosten MJ, Bressan RA, Li X.** 2013. The Salt Overly Sensitive (SOS) pathway: established and emerging roles. Molecular plant 6: 275-286.
- Julkowska, M. M., and Testerink, C.** 2015. Tuning plant signaling and growth to survive salt. Trends in Plant Science 20: 586-594.
- Kasuga M, Liu Q, Miura S, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K.** 1999. Improving plant drought, salt, and freezing tolerance by gene transfer of a single stress-inducible transcription factor. Nature biotechnology 17: 287-291.
- Katiyar-Agarwal S, Zhu J, Kim K, Agarwal M, Fu X, Huang A, Zhu JK.** 2006. The plasma membrane Na⁺/H⁺ antiporter SOS1 interacts with RCD1 and functions in oxidative stress tolerance in Arabidopsis. Proceedings of the National Academy of Sciences 103: 18816-18821.
- Katsuhara M, Otsuka T, Ezaki B.** 2005. Salt stress-induced lipid peroxidation is reduced by glutathione S-transferase, but this reduction of lipid peroxides is not enough for a recovery of root growth in Arabidopsis. Plant Science 169: 369-373.
- Kibble NA, Sohani MM, ShirleyN, Byrt C, Roessner U, Bacic A, Schmidt O, Schultz CJ.** 2009. Phylogenetic analysis and functional characterisation of strictosidine synthase-like genes in Arabidopsis thaliana. Functional Plant Biology 36: 1098-1109.
- Kim JH, Nguyen NH, Jeong CY, Nguyen NT, Hong SW, Lee H.** 2013. Loss of the R2R3 MYB, AtMyb73, causes hyper-induction of the SOS1 and SOS3 genes in response to high salinity in Arabidopsis. Journal of plant physiology 170: 1461-1465.
- Kovinich N, Kayanja G, Chanoca A, Otegui MS, Grotewold E.** 2015. Abiotic stresses induce different localizations of anthocyanins in Arabidopsis. Plant signaling & behavior 10: e1027850.
- Kuromori T, Takahashi S, Kondou Y, Shinozaki K, Matsui M.** 2009. Phenome analysis in plant species using loss-of-function and gain-of-function mutants. Plant and cell physiology 50: 1215-1231.
- Kutchan T.** 1989. The cDNA Clone for Strictosidine Synthase from Rauwolfa serpentina: Nucleotide Sequence Determination and Expression in Escherichia coli. Planta Medica 55: 593-594.

- Lange H, Shropshire W, Mohr H.** 1971. An analysis of phytochrome-mediated anthocyanin synthesis. *Plant Physiology* 47, 649-655.
- 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.
- Liu R, Liu Y, Ye N, Zhu G, Chen M, Jia L, Xia Y, Shi L, Jia W, Zhang J.** 2014. AtDsPTP1 acts as a negative regulator in osmotic stress signalling during *Arabidopsis* seed germination and seedling establishment. *Journal of experimental botany* 66: 1339-1353.
- Lotkowska ME, Tohge T, Fernie AR, Xue GP, Balazadeh S, Mueller-Roeber B.** 2015. The *Arabidopsis* transcription factor MYB112 promotes anthocyanin formation during salinity and under high light stress. *Plant physiology*, 169: 1862-1880.
- Martínez-Atienza J, Jiang X, Garciadeblas B, Mendoza I, Zhu JK, Pardo JM, Quintero F J.** 2007. Conservation of the salt overly sensitive pathway in rice. *Plant physiology* 143: 1001-1012.
- Mittler R.** 2002. Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in plant science* 7: 405-410.
- Mittler R, Vanderauwera S, Gollery M, Van Breusegem F.** 2004. Reactive oxygen gene network of plants. *Trends in plant science* 9: 490-498.
- Munns R.** 2002. Comparative physiology of salt and water stress. *Plant, cell & environment* 25: 239-250.
- Munns R.** 2005. Genes and salt tolerance: bringing them together. *New phytologist* 167: 645-663.
- Nayyar H.** 2003. Accumulation of osmolytes and osmotic adjustment in water-stressed wheat (*Triticum aestivum*) and maize (*Zea mays*) as affected by calcium and its antagonists. *Environmental and experimental botany* 50: 253-264.
- Olias R, Eljakaoui Z, Li J, DE MORALES PA, MARÍN-MANZANO MC, Pardo JM, Belver A.** 2009. The plasma membrane Na^+/H^+ antiporter SOS1 is essential for salt tolerance in tomato and affects the partitioning of Na^+ between plant organs. *Plant, Cell & Environment* 32: 904-916.
- Østergaard L, Yanofsky MF.** 2004. Establishing gene function by mutagenesis in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal* 39: 682-696.
- Pandey R, Agarwal R.** 1998. Water stress-induced changes in proline contents and nitrate reductase activity in rice under light and dark conditions. *Physiology and Molecular Biology of Plants* 4: 53-57.
- Rontein D, Basset G, Hanson AD.** 2002. Metabolic engineering of osmoprotectant accumulation in plants. *Metabolic engineering* 4: 49-56.
- Saneoka H, Moghaieb RE, Premachandra GS, Fujita K.** 2004. Nitrogen nutrition and water stress effects on cell membrane stability and leaf water relations in *Agrostis palustris* Huds. *Environmental and Experimental Botany* 52: 131-138.
- Schroeder JI, Delhaize E, Frommer WB, Guerinot ML, Harrison MJ, Herrera-Estrella L, Horie T, Kochian LV, Munns R, Nishizawa NK.** 2013. Using membrane transporters to improve crops for sustainable food production. *Nature* 497: 60-66.
- Shi H, Kim Y, Guo Y, Stevenson B, Zhu JK.** 2003. The *Arabidopsis* SOS5 locus encodes a putative cell surface adhesion protein and is required for normal cell expansion. *The Plant Cell* 15: 19-32.
- Sohani M, Schenk P, Schultz CJ, 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.
- Tang J, Scarth R, Fristensky B.** 2003. Effects of genomic position and copy number of Acyl-ACP thioesterase transgenes on the level of the target fatty acids in *Brassica napus* L. *Molecular Breeding* 12: 71-81.
- Teige M, Scheikl E, Eulgem T, Dózzi R, Ichimura K, Shinozaki K, Dangl JL, Hirt H.** 2004. The MKK2 pathway mediates cold and salt stress signaling in *Arabidopsis*. *Molecular cell* 15: 141-152.
- Verslues PE, Batelli G, Grillo S, Agius F, Kim YS, Zhu J, Agarwal M, Katiyar-Agarwal S, Zhu JK.** 2007. Interaction of SOS2 with nucleoside diphosphate kinase 2 and catalases reveals a point of connection between salt stress and H_2O_2 signaling in *Arabidopsis thaliana*. *Molecular and Cellular Biology* 27: 7771-7780.
- Wu Y, Ding N, Zhao X, Zhao M, Chang Z, Liu J, Zhang L.** 2007. Molecular characterization of PeSOS1: the putative Na^+/H^+ antiporter of *Populus euphratica*. *Plant molecular biology* 65: 1.
- Xu GY, Rocha PS, Wang ML, Xu ML, Cui YC, Li LY, Zhu YX, Xia X.** 2011. A novel rice calmodulin-like gene, OsMSR2, enhances drought and salt tolerance and increases ABA sensitivity in *Arabidopsis*. *Planta* 234: 47-59.
- Yadav D, Ahmed I, Shukla P, Boyidi P, Kirti PB.** 2016. Overexpression of *Arabidopsis* AnnAt8 alleviates abiotic stress in transgenic *Arabidopsis* and tobacco. *Plants* 5: 18.
- Yang Q, Chen ZZ, Zhou XF, Yin HB, Li X, Xin XF, Hong XH, Zhu JK, Gong Z.** 2009. Overexpression of SOS (Salt Overly Sensitive) genes increases salt tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *Molecular Plant* 2: 22-31.

- Yang Y, Tang RJ, Jiang CM, Li B, Kang T, Liu H, Zhao N, Ma XJ., Yang L, Chen SL.** 2015. Overexpression of the PtSOS2 gene improves tolerance to salt stress in transgenic poplar plants. *Plant biotechnology journal* 13: 962-973.
- Yue Y, Zhang M, Zhang J, Duan L, Li Z.** 2012. SOS1 gene overexpression increased salt tolerance in transgenic tobacco by maintaining a higher K⁺/Na⁺ ratio. *Journal of plant physiology* 169: 255-261.

Zhang HX, Blumwald E. 2001. Transgenic salt-tolerant tomato plants accumulate salt in foliage but not in fruit. *Nature biotechnology* 19: 765-768.

Zhu JK. 2002. Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual review of plant biology* 53: 247-273.

Zhu JK. 2003. Regulation of ion homeostasis under salt stress. *Current opinion in plant biology* 6: 441-445.

Genetic Engineering and Biosafety Journal

Volume 7, Number 1

Reverse Genetic Application in functional study of *Arabidopsis thaliana* strictosidine synthase Like-6 gene under salt stress

Mohadece Pourkarimi Daryakenari¹, Mohammad Mehdi Sohani^{2*} and Amin Abedi³

1- M.Sc. graduate student, 2-Associate Professor, 3- PhD graduate student, Department of Agricultural Biotechnology, Faculty of Agricultural Sciences, University of Guilan, Rasht, Iran.

*Corresponding Author: msohani@guilan.ac.ir mhdsohani@gmail.com

Abstract

Strictosidine synthase-like (SSL) is a group of gene family in the *Arabidopsis thaliana* genome, which their orthologous in other plants, such as *Catharanthus roseus*, are key enzymes in the monoterpenoid indole alkaloid biosynthesis pathway. *Arabidopsis SSL6* gene, a member of *SSL* family, has been induced significantly by various stresses and signaling molecules. In this study, the reverse genetics approaches (T-DNA insertion) are used to determine the function of the *SSL6* gene in response to the salt stress. The experiment was conducted using a factorial experiment based on the completely randomized design with two factors and three replications. These factors were included two genotypes (Col-0 and *ssl6*) and three NaCl treatments (0 mM, 100mM and 200 mM). Compared with the wild-type, the *ssl6* mutant shows significantly increased proline accumulation, anthocyanin content and reduced malondialdehyde (MDA) content in response to the salt stress. Real-Time PCR analysis revealed that the expression levels of SOS genes were upregulated significantly in *ssl7* compared with the expression in Col-0 in response to 150 mM NaCl at 3 h and 6 h after the treatment. Totally, these results suggest that *SSL6* might have a negative regulatory role in response to salt stress in *Arabidopsis*.

Key words: Gene Expression, Negatively Regulator, Loss of Function Gene, T-DNA Line