

پاسخ پروتئومیکی گندم نان و دوروم به بیماری سوختگی فوزاریومی
خوشه گندم

Bread and Durum Wheat Proteome Response to Wheat Fusarium
Head Blight.

طیبه شیخ حسابی^۱، سدابہ جهانبخش^{۲*}، مهدی داوری^۳

Tayebeh Sheikhhesabi¹, Soodabeh Jahanbakhsh Godehkahriz^{2*}, Mahdi Davari³

۱ و ۲- گروه زراعت و اصلاح نباتات، ۳- بخش بیماری شناسی گیاهی گروه گیاه پزشکی، دانشکده کشاورزی،
دانشگاه محقق اردبیلی، ایران

1,2- Department of Agronomy and Plant Breeding, 3- Department of Plant
Protection, Agriculture Faculty, University of Mohaghegh Ardabili, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: jahanbakhsh@uma.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۷/۱۱/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۹۸/۴/۴)

چکیده

واژه‌های کلیدی

مقاومت،
پروتئومیک،
پروتئین

بیماری سوختگی فوزاریومی سنبله (FHB) گندم و جو با عامل قارچی *Fusarium graminearum*، به دلیل آلودگی به زهرابه‌های قارچی گوناگون، آسیب قابل توجهی به عملکرد محصول گندم و کیفیت آن وارد می‌کند و تهدیدی جدی برای تندرستی انسان و جانوران به شمار می‌رود. از این رو، ارزیابی و بررسی سازوکار مولکولی مقاومت به بیماری در ارقام گوناگون گندم می‌تواند از اهمیت ویژه‌ای در دستیابی به روش‌های کنترل غیرشیمیایی این بیماری برخوردار باشد. در این پژوهش، برای بررسی تأثیر بیماری FHB بر الگوی پروتئوم خوشه، شش رقم گندم نان و دوروم در گلخانه با جدایه *F. graminearum* تلقیح و علاوه بر اندازه‌گیری تغییرات صفات مورفولوژیک، ۱۴ روز پس از تلقیح، تغییرات الگوی پروتئوم آن‌ها بررسی شد. جهت بررسی پاسخ بافت سنبله گندم به فوزاریوم، از تکنیک الکتروفورز دو بعدی استفاده شد. استخراج پروتئین به روش TCA- استون انجام و الکتروفورز دو بعدی در بعد اول به روش ژل-های نواری و در بعد دوم با استفاده از ژل پلی‌اکریل آمید دودسیل سولفات انجام شد. نتایج حاصل از بررسی ژل‌ها نشان داد که از میان ۵۷ لکه پروتئینی دارای تکرارپذیری، تعداد ۱۳ لکه پروتئینی دارای تفاوت معنی‌دار در بین تیمارها بودند که از میان آن‌ها ۱۱ لکه پروتئینی، افزایش بیان و دو لکه پروتئینی کاهش بیان نشان دادند. پروتئین‌های دارای تغییرات بیان بر اساس عملکرد زیستی در گروه‌های مختلفی دسته‌بندی شدند که پروتئین‌های دخیل در مسیرهای متابولیکی و درگیر در مقابله با بیماری (پروتئین Hypothetical و PR پروتئین‌ها) بیشترین سهم را در میان پروتئین‌های دارای تغییرات معنی‌دار به خود اختصاص دادند. نتایج این پژوهش می‌تواند در برنامه‌های به نژادی گندم استفاده شود.

مقدمه

تنش‌های زیستی ناشی از بیمارگرها (قارچ‌ها، باکتری‌ها، ویروس‌ها) و جانوران (حشرات، گیاهخواران) تأثیر به‌سزایی بر روی رشد و متابولیسم گیاه دارند. یکی از این تنش‌های زیستی، بیماری بلایت فوزاریومی خوشه گندم یا FHB (Fusarium Head Blight) است که عموماً اسکب یا بادزدگی نامیده می‌شود که یکی از بیماری‌های مخرب گندم در مناطق گرم و مرطوب جهان می‌باشد (Bai and Shaner, 1995). بیمارگر قارچی *Fusarium graminearum* (با فرم جنسی *Gibberella zeae*) عامل سوختگی خوشه گندم و جو می‌باشد و باعث خسارات قابل توجهی در عملکرد محصول به ویژه کیفیت آن از طریق آلودگی به زهرابه‌های قارچی گوناگون می‌شود که تهدید جدی برای تندرستی انسان و دام می‌باشد. این بیماری از سال‌ها پیش به طور پراکنده در ایران وجود داشته و یکی از بیماری‌های مهم گندم در استان‌های مازندران، گلستان، زنجان، فارس و اردبیل به حساب می‌آید (Davari et al, 2012; Bernusi et al, 2002).

برای کنترل سوختگی فوزاریومی خوشه گندم، همه روش‌های زراعی، مکانیکی، شیمیایی و زیست‌شناختی مؤثر هستند، اما به علت گستردگی دامنه میزبانی، تأثیر شرایط گوناگون آب و هوایی، همه‌جایی بودن بیمارگر، تولید زهرابه قارچی و وجود دشواری‌های فراوان در استفاده از سموم شیمیایی برای مقابله با این بیماری، استفاده از ارقام مقاوم همراه با تلفیقی از روش‌های گوناگون مدیریت درست بیماری به عنوان بهترین روش پیشنهاد می‌شود (Bai and Shaner, 1995). درک بهتر ارتباط بین ویژگی‌های ریخت‌شناختی گیاه و مقاومت به بادزدگی فوزاریومی خوشه می‌تواند در اجرای یک برنامه‌ی اصلاحی موفق، مؤثر باشد (Choo et al, 2004). Mesterhazy در سال ۱۹۹۵ پنج راهکار گوناگون را به عنوان راهکارهای مقاومت فعال در مقابل بادزدگی فوزاریومی خوشه معرفی کرد. این راهکارها شامل تیپ یک مقاومت یا مقاومت در برابر آلودگی اولیه، تیپ دو مقاومت یا مقاومت در برابر گسترش آلودگی درون خوشه، تیپ سوم یا مقاومت در برابر آلوده شدن دانه‌ها در خوشه‌چه‌های آلوده، تیپ چهارم مقاومت یا مقاومت در برابر کاهش عملکرد و تیپ پنجم

مقاومت یا مقاومت در برابر تجمع زهرابه‌ها در دانه‌های آلوده می‌باشند. اثرات فیزیولوژیک عوامل بیماری‌زای گیاهی به صورت سه دسته پاسخ‌های فتوسنتزی، تنفسی و دفاعی در گیاهان ظاهر می‌شوند. در زمان آلودگی بافت با بیمارگر، فتوسنتز کاهش می‌یابد و همزمان، یاخته‌های گیاهی به دلیل فعالیت‌های دفاعی به مقدار انرژی بیشتری نیاز پیدا می‌کنند که این امر باعث آغاز انتقال انرژی از منبع به بافت آلوده می‌شود (Kocal et al, 2008).

شرایط تنش باعث شکل‌گیری رادیکال سوپر اکسید (O_2^-)، پراکسید هیدروژن (H_2O_2) و رادیکال هیدروکسیل (OH^-) می‌گردد. فعالیت این گونه‌های واکنش‌گر اکسیژن (ROS) باعث بروز صدماتی مثل اکسید شدن چربی‌ها و تغییر ساختار غشاء و از هم پاشیدگی یکپارچگی آن و تغییر ساختار پروتئین‌ها و غیر فعال شدن آنزیم‌ها و بی‌رنگ شدن یا از بین رفتن رنگدانه‌هایی مانند کلروفیل و حمله به مولکول‌های آلی مانند DNA و اختلال در آن‌ها می‌گردد. گیاه می‌تواند با انباشتن پرولین، افزایش انباشت کربوهیدرات‌ها و پروتئین‌سازی می‌تواند در برابر تنش ایجاد شده مقاومت کند (Hong et al, 2000).

گیاهان دارای سازوکارهای ضد اکسیداسیونی برای کاستن اثر رادیکال‌های آزاد می‌باشند. این سازوکارها شامل بروز تغییراتی در میزان آنزیم‌های دفاعی گیاه مانند پراکسیدازها، کاتالازها و نیز ترکیبات دیگر همچون فنل‌ها می‌باشند (Staskawicz et al, 1995). کاتالازها نقش مهمی در برابر تنش اکسایشی در واکنش‌های سازش‌یابی یاخته‌ها بازی می‌کنند. یافته‌های بیوشیمیایی نشان داده‌اند که کاتالازها در یاخته‌های گیاهی تنها در پراکسی‌زوم و گلی‌اکسیزوم جای دارند. شاید کاتالازهای این دو اندامک، تخریب H_2O_2 تولید شده از فعالیت اکسیدازهای فلاوین را کاتالیز می‌کنند و آنزیم‌هایی هستند که از یون‌های فلزی به عنوان کوفاکتور استفاده می‌نمایند (Saei, 2004).

از آنجایی‌که پروتئین‌ها برخلاف رونوشت‌ها از عوامل مستقیم پاسخ به تنش به شمار می‌روند، بررسی تغییرات پروتئوم گیاه زیر تنش از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. پروتئین‌ها نه تنها شامل آنزیم‌ها بلکه در برگیرنده اجزای سازوکار رونویسی و ترجمه نیز هستند. این ترکیبات نقش مستقیمی در سازگاری به تنش داشته و

به تغییر در غشای پلاسمایی، سیتوپلاسم، ترکیبات داخل سلولی و اسکلت سلولی می‌انجامد. تغییر در انباشت پروتئین‌ها در شرایط تنش با پاسخ فنوتیپی گیاه و تحمل آن به تنش در پیوند نزدیک است (Bradford, 1976).

جهت بررسی پاسخ‌های تنشی و مقاومت درونی گیاه، پروتئومیک ابزار قدرتمندی برای جداسازی و شناسایی پروتئین‌های پاسخ-دهنده به تنش می‌باشد. به طور کلی، مطالعه پروتئین‌ها برای بررسی فعالیت آن‌ها در بافت‌های ویژه یا در پاسخ به شرایط محیطی خاص از اهمیت بالقوه‌ای برخوردار است. همچنین این روش، بینش بایسته درباره چندوچون فرآورده‌های نهایی ژن‌ها را در دسترس پژوهشگر می‌گذارد (Zivy and vienne, 2003).

بررسی مقایسه‌ای ریشه‌های مایه‌زنی شده گیاه پنبه آلوده به قارچ خاکزاد *Verticillium dahliae* و گیاه پنبه شاهد، به شناسایی ۵۱ پروتئین با افزایش بیان و ۱۷ پروتئین دارای کاهش بیان انجامید که در دفاع و پاسخ به تنش، متابولیسم‌های اولیه و ثانویه و انتقال چربی‌ها بسیار کارور بودند (Wang et al, 2011). همچنین این پژوهشگران در سال ۲۰۰۵ به منظور شناسایی تغییرات پروتئین-های برانگیخته شده در گیاه گندم به دنبال مایه‌زنی با قارچ *F. graminearum* در رقم مقاوم به این بیماری، سی لکه‌ی پروتئینی با تغییر فراوانی سه برابر در زمان را به دست آوردند و مقایسه‌ی نمونه‌های مایه‌زنی شده یا نشده، انجام شد و پروتئین‌های با تغییرات فراوانی به چهار دسته طبقه‌بندی شدند: (۱) پس از مایه-زنی اولیه، مقدار پروتئین به سرعت کاهش یافت و سپس در زمان‌های ۱۲ یا ۲۴ ساعت افزایش یافت، (۲) به‌طور قابل توجهی پس از مایه‌زنی، پروتئین کاهش یافت و در سطح پایین باقی ماند، (۳) در آغاز مایه‌زنی، افزایش و پس از آن در زمان‌های ۱۲ یا ۲۴ ساعت کاهش یافت و (۴) پس از مایه‌زنی افزایش ثابتی نشان داد و در سطح بالا باقی ماند. بسیاری از پروتئین‌های شناسایی شده در دو گروه نخست با سوخت و ساز کربن و فتوسنتز در پیوند بودند. در حالی که بسیاری از پروتئین‌های شناسایی شده در دو دسته پسین با دفاع گیاهان در برابر تنش در پیوند بودند. نتایج نشان داد که پروتئین‌های در پیوند با واکنش‌های دفاعی در زمان کوتاهی پس از مایه‌زنی فعال و یا ترجمه می‌شوند. در سال ۲۰۰۶، شماری از بررسی‌های پروتئومیکی برای پی بردن به راهکار

مولکولی برهمکنش قارچ *F. graminearum* و گندم انجام شد که در این بررسی‌ها، نزدیک به ۱۳۸۰ لکه پروتئینی مشخص شد و در مجموع، ۴۱ پروتئین ناهمگون در نمونه‌های آلوده به *F. graminearum* بازشناخته شدند (Zhou et al, 2006). با توجه به لزوم تأمین مواد غذایی جمعیت جهان و اهمیت گیاهان زراعی از جمله گندم در این فرآیند، توسعه‌ی تولید گیاهان مقاوم به تنش-های زیستی از جمله بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه ضروری به نظر می‌رسد که هر ساله بخش قابل توجهی از محصول گندم جهان را از بین می‌برد. هدف از این پژوهش، تعیین الگوی پروتئوم و شناخت پروتئین‌های درگیر در مقابله با بیماری FHB می‌باشد، بدین منظور در این بررسی سعی شد تأثیر بیماری بر پروتئین‌های درون یاخته‌ای چند رقم گندم با روش الکتروفورز ۲ بعدی انجام شود.

مواد و روش‌ها

تهیه مواد گیاهی

در این پژوهش، سه رقم گندم نان (*Triticum aestivum*) با نام-های ۱- N-80-19 و ۲- مروارید و ۳- گنبد و سه رقم گندم دوروم (*Triticum durum*) با نام‌های ۴- دهدشت، ۵- سیمره، ۶- URDY T-90 به عنوان ماده گیاهی مورد استفاده قرار گرفت. بذور پس از جوانه‌زنی اولیه روی کاغذ صافی در شرایط گلخانه-ای با رطوبت نسبی ۶۵ درصد و دمای ۲۵-۱۵ درجه سانتیگراد در گلخانه گیاهپزشکی دانشگاه محقق اردبیلی کشت شد. ترکیب خاک مورد استفاده برای کشت شامل کود، خاک و ماسه بود و تا رسیدن گیاهچه‌ها به مرحله سه برگه و خوشه‌دهی آبیاری شدند.

تهیه زادمایه و هاگ‌پاشی گیاهان

در این تحقیق، جدایه‌ای از قارچ *F. graminearum* با کد بین-المللی CBS130951 و با کد دسترسی JX118867 در بانک ژن که از سنبه‌های گندم آلوده به FHB در منطقه مغان جداسازی و با روش‌های ریخت‌شناختی و مولکولی مورد شناسایی قرار گرفته بود، از کلکسیون قارچ‌شناسی گروه گیاهپزشکی انتخاب و در محیط PDA کشت و درون انکوباتور ۲۵ درجه سانتیگراد قرار

وزن مولکولی بر روی ژل با روش لاملی و همکاران (Lamelli et al, 1970) از هم تفکیک شدند.

برای استخراج پروتئین، بافت تر در بافر تریس-HCL ۰/۵٪ مولار و pH=۷/۵ خوب ساییده شد و نمونه همگن به دست آمده سانتریفیوژ گردید (Sudhakar et al, 2001). در پایان مرحله سانتریفیوژ، فرماند (محلول روئی، دربردارنده عصاره پروتئینی) جهت بررسی فعالیت کاتالازی به کار گرفته شد. پس از آماده-سازی عصاره پروتئینی، سیتیک آنزیم کاتالاز با استفاده از روش چنس و مهلی (Chance and Maehly, 1995) همراه با تغییراتی سنجیده شد. منحنی تغییرات جذب در طول موج ۲۴۰ نانومتر با دستگاه اسپکتروفتومتر خوانده شد. فعالیت آنزیمی بر حسب تغییرات واحد جذب در دقیقه به ازای هر میلی گرم پروتئین محاسبه گردید.

بررسی داده‌ها با نرم افزار SAS انجام شد، برای شناسایی پروتئین-های دارای تغییرات بیان در اثر بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم در مقایسه با نمونه‌ی شاهد، نقشه‌ی پروتئوم (2D-PAGE) رقم مورد بررسی مقایسه و لکه‌های دارای تغییرات بیان با نرم افزار Total lab و PDQuest بر پایه بار الکتریکی (نقطه ایزوالکتریک یا PI) و اندازه (جرم مولکولی نسبی یا μr) ارزیابی شدند. با استفاده از اطلاعات به دست آمده در خصوص هر لکه توسط الکتروفورز دو بعدی و با مراجعه به پایگاه‌های اطلاعاتی اینترنتی در خصوص پروتئین‌ها، از جمله Expasy و Swiss-2DPAGE جستجو براساس pI و وزن مولکولی انجام گرفت. از طریق مقایسه این دو شاخص، شناسایی پروتئین‌های تفکیک شده انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج حاصل از بررسی تجزیه واریانس (جدول ۳) نشان داد که اثر متقابل رقم در بیماری بر تغییرات قندهای محلول معنی‌دار است (جدول ۱). بیشترین تغییرات کربوهیدرات در گندم درووم سیمره آلوده به *F. graminearum* مشاهده شد و کمترین تغییرات کربوهیدرات در گندم نان N-80-19 آلوده به فوزاریوم مشاهده شد.

داده شد، پس از نزدیک به یک هفته، قارچ همه رویه محیط کشت را پوشاند. به منظور تهیه مایه تلقیح، ۲/۵ گرم پودر کاه گندم همراه با ۲/۵ گرم پودر کاه جو درون ارلن‌مایره‌های ۲۵ میلی‌لیتری ریخته شد و ۱۲۵ میلی‌لیتر آب به هر ارلن مایر افزوده شد. پس از اتوکلاو کردن (فشار یک اتمسفر و دمای ۱۲۵ درجه سانتیگراد)، ارلن‌ها زیر هود لامینارفلو جای داده شدند. محیط کشت حاوی قارچ درون تشتک پتری با استفاده از تیغ جراحی سترون خرد و بخشی به اندازه یک سانتی متر مربع از محیط کشت درون هر یک از ارلن‌مایرها افزوده شد، ارلن‌مایرها ۹۶ ساعت روی انکوباتور شیکردار با دمای ۲۵ درجه سانتیگراد و سرعت ۱۲۰ rpm جای داده شدند. پس از آن، محیط کشت مایع درون ارلن مایرها زیر هود لامینارفلو با کاربرد پارچه ململ سترون پالاییده گردیدند. از محیط پالاییده شده نمونه‌گیری شد که به صورت یک سوسپانسیون به رنگ قهوه‌ای تیره بود. سپس شمار ماکروکنیدی‌ها به وسیله لام همی‌سیتومتر شمارش و به میزان 1×10^7 تنظیم و سوسپانسیون حاصل با استفاده از یک اتومایزر دستی روی خوشه‌ها محلول‌پاشی شد. پس از ۱۵ روز، نمونه‌هایی از گیاهانی که نشانه‌های بیماری را روی خوشه‌ها نشان می‌دادند، به آزمایشگاه برده شده و در یخچال ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند.

برای استخراج قندها، آنزیم کاتالاز و پروتئین، از برگ‌ها در سه تکرار، ۱۵ روز پس از مایه‌زنی نمونه‌برداری شد. برای استخراج قندها از روش اوموکولو و همکاران (Omokolo et al, 1996) و برای استخراج پروتئین کل از روش گو و همکاران (Go et al, 1992) استفاده شد. با توجه به نتایج ریخت‌شناسی این پژوهش، رقم مقاوم را شناسایی کردیم و برای بررسی تفاوت پروتئین‌های موجود در گندم تحت تیمار بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم، پروتئین رقم مقاوم گندم (مروارید) در حالت مایه‌زنی با بیمارگر و شاهد با روش TCA-استون استخراج شد و غلظت پروتئین هر یک از نمونه‌ها با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتری مورد اندازه‌گیری قرار گرفت. پروتئین‌های استخراجی در بعد نخست الکتروفورز با استفاده از دستگاه Bio Rad IEF CELL بر اساس بار الکتریکی و در گام دوم با شیوه SDS PAGE بر پایه

جدول ۱- اثر برهمکنش رقم × تیمار بر کربوهیدراتات carbohydrate Table 1- The interactive effect of variety × treatment on carbohydrate

رقم × تیمار Treatment × Cultivar	میانگین کربوهیدرات محلول برگ (در مرحله ۴ برگه) (میلی گرم در گرم وزن تر) Mean leaf soluble carbohydrates (mg g ⁻¹ FW)
رقم ۴ × شاهد (Control × Cultivar4)	۰/۹۸۹ A
رقم ۵ × بیمار (Treatment × Cultivar5)	۰/۹۵۴ AB
رقم ۱ × شاهد (Control × Cultivar1)	۰/۹۴۹ AB
رقم ۴ × بیمار (Treatment × Cultivar4)	۰/۹۱۸ AB
رقم ۶ × شاهد (Control × Cultivar6)	۰/۸۷۸ B
رقم ۳ × شاهد (Control × Cultivar3)	۰/۸۳۳ C
رقم ۶ × بیمار (Treatment × Cultivar6)	۰/۶۸۶ CD
رقم ۲ × بیمار (Treatment × Cultivar2)	۰/۶۲۴ DE
رقم ۳ × بیمار (Treatment × Cultivar3)	۰/۵۴۵ EF
رقم ۱ × بیمار (Treatment × Cultivar1)	۰/۴۹۳ F
رقم ۵ × شاهد (Control × Cultivar5)	۰/۴۵۸ F
رقم ۲ × شاهد (Control × Cultivar2)	۰/۳۳۹ G

جدول ۲- اثر برهمکنش رقم × بیماری بر میزان فعالیت کاتالاز catalase activity Table 2- The interactive effect of variety × treatment on catalase activity

رقم × تیمار Treatment × Cultivar	میانگین فعالیت کاتالاز (تغییرات در جذب در میلی گرم پروتئین در دقیقه) Mean catalase activity ($\Delta OD \text{ min}^{-1}/\text{mg Protein}$)
رقم ۴ × شاهد (Control × Cultivar4)	۳۰/۷۱ A
رقم ۳ × شاهد (Control × Cultivar3)	۵/۴۱ B
رقم ۶ × بیمار (Treatment × Cultivar6)	۲/۴۹ C
رقم ۱ × شاهد (Control × Cultivar1)	۲/۴۲ C
رقم ۴ × بیمار (Treatment × Cultivar4)	۲/۲۲۸ D
رقم ۵ × شاهد (Control × Cultivar5)	۱/۹۵ DCE
رقم ۳ × بیمار (Treatment × Cultivar3)	۱/۳۹ DFE
رقم ۱ × بیمار (Treatment × Cultivar1)	۱/۱۲ EF
رقم ۲ × شاهد (Control × Cultivar2)	۰/۸۳ F
رقم ۶ × شاهد (Control × Cultivar6)	۰/۶۳ F
رقم ۲ × بیمار (Treatment × Cultivar2)	۰/۴۹ F
رقم ۵ × بیمار (Treatment × Cultivar5)	۰/۴۶ F

Y virus افزایش مقدار کربوهیدرات را پس از مایه زنی با بیمارگر نشان داد (Herbers *et al*, 2000). افزایش کربوهیدرات ها در شرایط تنش به عنوان یک پیام متابولیکی عمل کرده و موجب افزایش بیان ژن های مربوط به دفاع و کاهش فتوستز می شود. به عنوان مثال، قند هگزوز در خاموش کردن ژن های فتوستز (Kocal *et al*, 2008) و هگزوکینازها در تنظیم مرگ برنامه ریزی شده سلول در گیاهان نقش دارند (Bolton *et al*, 2009).

در نتیجه، کمترین تغییرات قندهای محلول در رقم حساس N-80-19 یافته شد. متابولیسم کربوهیدرات موجود در گیاه با پاسخ دفاعی گیاه رابطه مستقیم دارد، و پس از بیمار شدن گیاه، فعالیت اینورتاز دیواره سلولی نیز افزایش می یابد (Bolton, 2009). تولید متابولیت های سازگاری و مقاومت نیاز به اسکلت های کربنی دارد و تولید آن ها از طریق دسترسی به کربوهیدرات ها امکان پذیر است. بررسی های روی توتون و تنباکوی آلوده به ویروس *Potato*

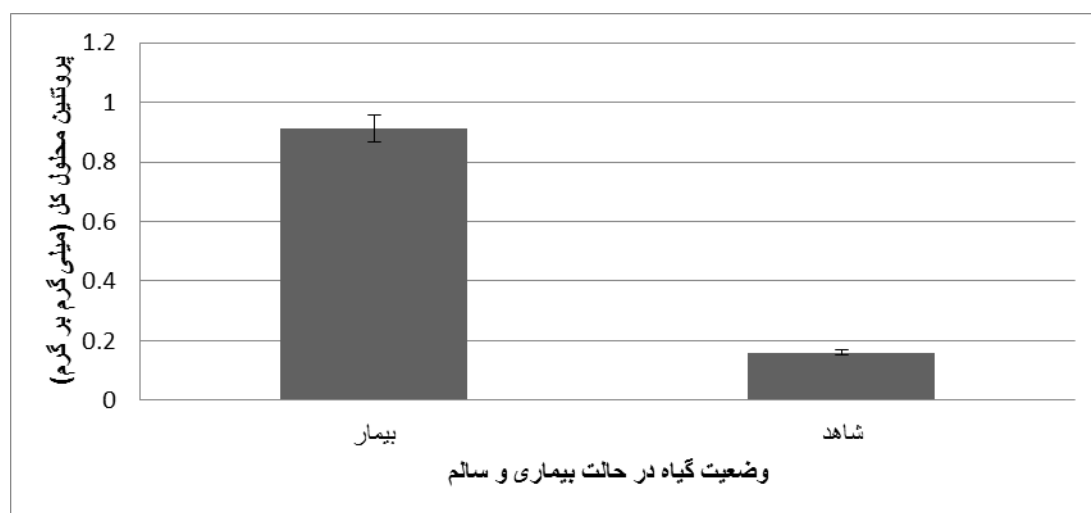
بررسی تغییرات فعالیت آنزیم کاتالاز: نتایج حاصل از تجزیه واریانس (جدول ۳) نشان داد که اثر متقابل رقم در بیماری در بررسی تغییرات فعالیت آنزیم کاتالاز معنی دار بوده است. آنزیم کاتالاز دارای ساختار پروتئینی پورفیرینی چهار تایی با آهن می- باشد که وظیفه شکستن ترکیبات رادیکال‌های آزاد اکسیژن به ویژه پراکسید هیدروژن را دارد (Yang and Poovaiah, 2002; Du et al, 2007). ابدل - مونايم و همکاران (Abdel- Monaim et al, 2012) بیان کردند که پراکسید هیدروژن در انگیزش مقاومت به بیماری پوسیدگی زغالی در بسیاری از گونه‌های گیاهان کاروری

دارد. فعالیت آنزیم کاتالاز در گیاهان بیمار رقم ۶ و رقم ۴ نسبت به شاهد افزایش یافت (شکل ۱). از آنجایی که کاتالاز به پاسداری از هموستازی اکسیژن واکنشگر در زمان تنش‌های زنده و غیر زنده یاری می‌دهد، فعالیت آن در گیاه به هنگام تنش بیشتر می‌شود (Magbanua et al, 2007). بیشتر بودن میزان فعالیت آنزیم کاتالاز در گیاه آلوده نسبت به شاهد شاید پیامد پاسخ گیاه به انباشتگی پراکسید هیدروژن در پاخته‌هایی است که بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه به آن رخنه کرده و به فعال شدن فعالیت‌های دفاعی گیاه در برابر تنش انجامیده است.

جدول ۳- تجزیه واریانس کربوهیدرات و پروتئین محلول کل در اثر سوختگی فوزاریومی خوشه گندم

Tabel 3- Analysis of variance of carbohydrate and total soluble protein under the effect of Fusarium Head Blight.

Mean square میانگین مربعات				
منابع تغییرات Source of variation	درجه آزادی df	کربوهیدرات carbohydrate	توتال پروتئین Total protein	کاتالاز Catalase
بیماری (Timar)	۱	۰/۰۰۴ ^{ns}	۲/۰۶**	۲۸۴/۹۰**
رقم (Cultivar)	۵	۰/۱۴۶**	۰/۰۵۷ ^{ns}	۲۲۲/۴۳**
رقم × بیماری (Timar× Cultivar)	۵	۰/۱۸۲**	۰/۰۹۵ ^{ns}	۱۹۳/۶۳**
خطا (Error)	۲۴	۰/۰۴۱	۰/۰۳۱	۰/۳۵۹
ضریب تغییرات (CV(%))	-	۵/۷۹	۲۷/۱۷	۱۴/۳۵



شکل ۱- اثر بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم بر میزان پروتئین محلول در برگ‌ها

Figure 1- Effect of fusarium head blight disease on soluble protein content of leaves

کاتالاز در این آزمایش در رقم مقاوم شناخته شده افزایش نشان نداد به نظری می‌رسد که از بین بردن گونه‌های فعال اکسیژن در این گیاه تحت تنش بیماری توسط مواد یا آنزیم‌های آنتی اکسیدان

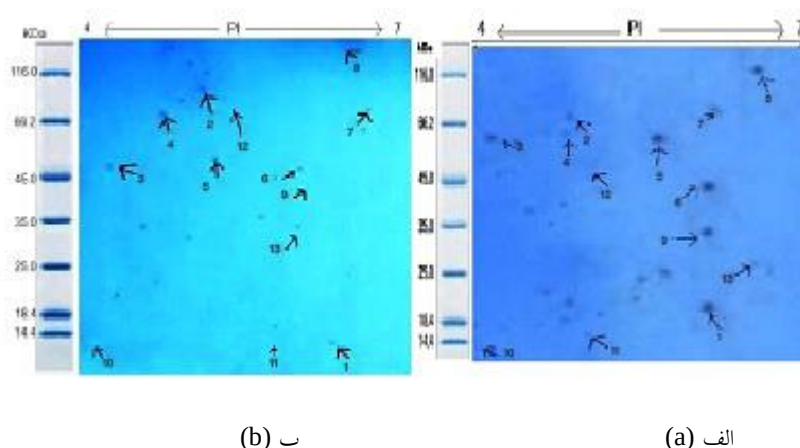
فعالیت آنزیم کاتالاز در برگ‌های آلوده شده گیاهان مقاوم کتان به دنبال حمله‌ی بیمارگر سفیدک پودری نسبت به ارقام حساس بیشتر است (Naglaa et al, 2011). با توجه به اینکه فعالیت آنزیم

بررسی پروتئوم

در این پژوهش، تغییرات بیان پروتئین‌های خوشه گندم در رقم مروارید (مقاوم) آلوده به بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم در دو حالت شاهد و تنش، با رهیافت پروتئومیک و تکنیک الکتروفورز دو بعدی بررسی شد. الکتروفورز دوبعدی در بعد نخست به روش ژل‌های نواری و در بعد دوم به روش SDS-PAGE انجام شد. ژل‌های اکریل آمید با کوماسی بریلانت بلو رنگ‌آمیزی و پس از دو مرحله رنگبری با نرم افزار PDQuest واکاوی شدند. مقایسه ژل‌های الکتروفورز دو بعدی نمونه شاهد و تنش بیماری در رقم مقاوم گندم (مروارید) به پدیدار شدن ۵۷ لکه‌ی پروتئینی تکرارپذیر انجامید (شکل ۲). آزمون t برای شناسایی لکه‌های پروتئینی با بیان معنی‌دار استفاده گردید. همچنین، برای شناسایی لکه‌های دارای کاهش و یا افزایش بیان معنی‌دار از شاخص IF (کُناگ انگیزش، Induction Factor) که از نسبت درصد حجمی لکه پروتئینی در حالت تنش به حالت شاهد به دست می‌آید، استفاده گردید. از میان ۵۷ لکه‌ی پروتئینی تکرارپذیر، ۱۳ لکه‌ی پروتئینی از نظر آماری و کُناگ انگیزش معنی‌دار بودند (جدول ۴).

دیگر صورت می‌گیرد. این نتیجه مغایر نتایج برخی از محققین است.

مطالعه تغییرات کمی غلظت پروتئین: اثر بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه بر میزان تغییرات کل محتوای پروتئینی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد (جدول ۳)، و رخداد بیماری به افزایش پروتئین کل انجامید (شکل ۱). گیاه با انباشتن پرولین، پلی آمین، ترهالوز، افزایش فعالیت آنزیمی نیترات ردوکتاز، افزایش انباشت کربوهیدرات‌ها و پروتئین‌سازی می‌تواند در برابر تنش ایجاد شده مقاومت کند (Hong, 2000). شاید افزایش پروتئین با توسعه و رشد گیاه در پیوند باشد. با پیشرفت رشد، گیاه در طی مراحل رویشی، پروتئین‌های بیشتری در جهت تأمین نیازها و مقابله با شرایط محیطی و انجام راهکارهای متداول خود تولید می‌کند. به نظر می‌رسد گیاه در راستای مقابله با بیمارگر ساخت پروتئین‌های دفاعی را آغاز می‌کند که به افزایش غلظت کل پروتئین‌ها می‌انجامد. هر گونه آسیب‌دیدگی ساختار DNA یاخته از گونه‌های واکنشگر اکسیژن، به نساختن پروتئین‌های شایسته برای عملکرد گیاه می‌انجامد (Mundree et al, 2002). افزایش سرعت تجزیه پروتئین‌ها ممکن است از نتایج بروز تنش باشد (Bolen and Baskakov, 2001).



شکل ۲- نقشه پروتئوم گندم (رقم مروارید) (الف) تحت تأثیر بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه؛ و در (ب) شاهد

Figure 2- Proteome map of wheat (cv. Morvarid) as (a) affected with fusarium head blight disease; and in (b) control.

این پروتئین‌های متفاوت بیان شده ممکن است در فرآیندهای متعددی دخیل باشند که درک رویدادهای مولکولی مرتبط با بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم مشکل می‌باشد (Zhang et al, 2013 & Chetouhi et al, 2015). برگار و همکاران (Bregar et al, 2012) با بررسی‌هایی که روی سیب آلوده به قارچ *Monilia* انجام دادند، توانستند ۵۰ پروتئین با بیان ناهمگون

این پروتئین‌های متفاوت بیان شده ممکن است در فرآیندهای متعددی دخیل باشند که درک رویدادهای مولکولی مرتبط با بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه گندم مشکل می‌باشد (Zhang et al, 2013 & Chetouhi et al, 2015). برگار و همکاران (Bregar et al, 2012) با بررسی‌هایی که روی سیب آلوده به قارچ *Monilia* انجام دادند، توانستند ۵۰ پروتئین با بیان ناهمگون

گروه‌بندی عملکردی پروتئین‌های شناسایی شده

پروتئین‌های شناسایی شده، بر پایه کارکرد زیست شناختی آن‌ها در سه گروه پروتئین‌های درگیر در سوخت و ساز کربوهیدرات-ها، پروتئین‌های درگیر در مقابله با بیماری و پروتئین‌های در پیوند با مسیر انرژی دسته‌بندی شدند (جدول ۴).

را در گیاه تیمار و شاهد شناسایی نمایند که از آن میان، ۴۱ پروتئین دارای افزایش بیان بودند و با پروتئین‌های درگیر در سوخت و ساز اسیدهای آمینه و پروتئین‌ها، تولید انرژی، سوخت و ساز کربوهیدرات‌ها، پاسخ به تنش و سوخت و ساز اسیدهای چرب در پیوند بودند.

جدول ۴- پروتئین‌های شناسایی شده در گندم در برابر بیماری سوختگی فوزاریومی خوشه

Table 4- Protein identified in Wheat against Fusarium head blight.

Change the expression	Spot ^a	Protein ID ^b	Theo pI/ Mw kd ^c	Exp pI/ Mw kd ^c	Predict ID ^e
کاهش (decrease)	۱	HSP18(heat shock protein)	۵/۳۵, ۱۸/۳۳	۶/۲, ۱۸/۴۸	Q05832
افزایش (increase)	۲	Hypothetical proteine	۵/۳۱, ۶۶/۳۶	۵/۲۴, ۶۶/۴	Q75L89
افزایش (increase)	۳	Unknown	-	۴/۲, ۶۱/۲	
افزایش (increase)	۴	Hsp70 stromal (70-KDa theat shock- related protein)	۴/۹, ۶۴/۹	۵, ۶۵/۶	Q08080
افزایش (increase)	۵	70 KDa heat shock protein (<i>Triticum aestivum</i>)	۴/۵۳, ۶۰	۵/۹, ۶۱/۵	gi 254211611
افزایش (increase)	۶	Hcf136 (stability/ assembly factor PSII)	۶/۸, ۴۴/۱۱	۶/۶, ۴۴/۸	32672156
کاهش (decrease)	۷	Unknown	-	۶/۴۷, ۷۶/۲	
افزایش (increase)	۸	Alpha- mannosidase	۶, ۱۱۶/۹	۶/۸, ۱۱۷	Q9FFX7
افزایش (increase)	۹	Triosephosphate isomerase, chloroplastic	۶, ۳۱/۹۵	۶/۶, ۳۴	gi 1174745
افزایش (increase)	۱۰	PR10 protein	۴/۵, ۶/۱۶	۴/۳, ۷/۱	gi 1616609
افزایش (increase)	۱۱	Ribulose- 1,5-bisphosphate carboxylase / oxygenase Small subunit	۵/۸, ۱۳/۳	۵, ۱۵	gi 132107
افزایش (increase)	۱۲	ATP syntase beta subunit	۵, ۵۳/۷	۵/۳, ۴۸	gi 21684925
افزایش (increase)	۱۳	Glutathione_ s transferase	۶/۳۵, ۲۵/۰۹	۶/۷۴, ۲۷	gi 20067415

a- لکه‌های پروتئینی شماره‌گذاری شده بر روی ژل‌های دو بعدی

b- نام پروتئین شناسایی شده

c- وزن مولکولی پروتئین پیش‌بینی شده

d- نقطه ایزوالکتریک پروتئین پیش‌بینی شده

e- شماره پروتئین در پایگاه‌های اطلاعاتی

کاتالیز می‌کند. دو نوع ایزوفرم از این آنزیم وجود دارد: سیتوسولی و کلروپلاستی که ایزوفرم پلاستییدی در چرخه‌ی کالوین کاروری دارد (Gao et al, 2011). در مقایسه‌ی نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش‌دیده لکه‌ی شماره ۸ در گیاهان تنش‌دیده افزایش آماری معنی‌داری داشته است. با توجه به نتایج به دست آمده این پروتئین می‌تواند آلفامانوزیداز باشد که آلفا مانوزیدازها از جمله گلوکیدازهایی هستند که در کاتابولیسم و دگرگونی زنجیره‌های قندی سرشاز از مانوز از الیگوساکاریدهای موجود در گلیکوپروتئین‌ها نقش بسیار مهمی را ایفا می‌کنند (Ashraf Modares et al, 2011). در سال ۲۰۱۳ در پژوهشی که روی مواد مترشحه عامل پوسیدگی ریشه و زوال بوته‌های خربزه

مقایسه‌ی نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش‌دیده، نشان داد که بیان پروتئین لکه‌ی شماره ۹ در گیاهان تنش‌دیده افزایش آماری معنی‌داری داشته است. با توجه به نتایج به دست آمده در خصوص واکاوی هر لکه توسط الکتروفورز دوبعدی و مراجعه به پایگاه‌های اطلاعاتی اینترنتی (ExPasy و Swiss-2DPAGE)، این پروتئین آنزیم تریوزفسفات ایزومراز می‌باشد که در سوخت و ساز کربوهیدرات‌ها کاروری دارد. افزایش بیان این آنزیم در برگ گندم نان (Gao et al, 2011; Wang et al, 2008) و در گندم دوروم (Caruso et al, 2008) دستخوش تنش شوری گزارش شده است. تریوز فسفات ایزومراز واکنش تبدیل دوسویه دی-هیدروکسی استون فسفات و دی گلیسرآلدئید تری فسفات را

Monosporascus cannonballus انجام دادند باند ۵۷ کیلودالتونی به عنوان آنزیم آلفا- مانوزیداز شناسایی شد تاکنون چگونگی مکانیسم بیماریزایی این آنزیم شناخته نشده است (Hoseini et al, 2013).

مانوزیداز در گلیکوپروتئین‌ها و گلیکولیپیدها به علت جدانمودن اتصال مانوز به پروتئین و لیپید دارای اهمیت فراوان می‌باشد، چرا که گلیکوپروتئین‌ها و گلیکولیپیدها جزو ترکیبات به کار رفته در دیواره سلولی می‌باشند (Hase et al, 1987).

لکه‌ی شماره ۴، در مقایسه‌ی شاهد و تنش از نظر آماری افزایش بیان معنی‌داری به هنگام تنش بیماری نشان داد. این لکه‌ی پروتئینی می‌تواند Hsp 70 (پروتئین تنش گرمایی) باشد که از پروتئین‌های دفاعی در رویارویی با بیماری به شمار می‌آید. پروتئین‌های تنش گرمایی به عنوان پروتئین‌های با ساختمان ناپایدار شناخته شده‌اند که فعالیت‌های فیزیولوژیکی مهمی را انجام می‌دهند و فعالیت آن‌ها با مقاومت به گرما و دیگر تنش‌ها در پیوند است. در همه جانداران، انگیزش پروتئین‌های تنش گرمایی در روند تنش بسیار تند و سخت می‌باشد. غلظت برخی از این پروتئین‌ها ممکن است به ۱٪ کل پروتئین‌های یاخته‌های بافت برگ و ریشه برسد. گمان می‌رود که خانواده پروتئینی Hsp 70 به علت پیوند به زنجیره‌های پلی‌پپتیدی سایر پروتئین‌ها در تاخوردگی درست پروتئین‌ها و همچنین پاسداری از آن‌ها در برابر تخریب شدن و یا انباشته شدن کارور هستند. همچنین، گزارش شده است که پروتئین‌های Hsp 70 در جابجایی پروتئین‌ها از میان غشاهای اندامک‌های یاخته کارور هستند (Ndimba et al, 2005). افزایش بیان این پروتئین‌ها در چندین آزمایش گزارش شده است (Wang et al, 2008). این پروتئین در گیاه موجب مقاومت گیاه در برابر بیمارگر می‌شود. افزایش بیان این پروتئین در گندم آلوده به قارچ بیمارگر زنگ زرد گزارش شده است (Rampitsch et al, 2006). پروتئین‌های تنش گرمایی در مقاومت به تنش‌ها بسیار ارزشمند هستند و به سازگاری با پیرامون می‌انجامند.

در مقایسه‌ی نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش دیده لکه‌ی شماره ۲ در حالت شاهد از نظر آماری افزایش بیان معنی‌دار نشان داد، این پروتئین می‌تواند پروتئین فرضی (Hypothetical) باشد که از

پروتئین‌های کارور در رویارویی با بیماری می‌باشد. با توجه به این موضوع که این پروتئین‌ها در ایجاد پاسخ‌های ایمنی گوناگون در میزبان، چه ضد میکروبی و چه خودایمنی موثر هستند، انواعی از آن‌ها با فعالیت آنتی‌ژنیک، به عنوان اهدافی برای پاسخ‌های ایمنی یاخته‌ها به شمار می‌روند. تنش در بیشتر جانداران، چه یوکاریوتی و چه پروکاریوتی، ژن‌های شوک گرمایی را فعال می‌کند و به ساخت پروتئین شوک گرمایی می‌انجامد (Steen et al, 2002). این پروتئین‌ها علاوه بر نقش چاپرونی، سلول را در مقابل آسیب‌های ناشی از تنش‌های محیطی محافظت می‌کنند (Milan et al, ۲۰۰۴).

در مقایسه‌ی نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش دیده لکه‌ی شماره ۱۰، در حالت تنش نسبت به شاهد از نظر آماری افزایش بیان معنی‌داری نشان داد که این لکه می‌تواند مربوط به پروتئین‌های وابسته به بیماری‌زایی (PR proteins) باشد. این پروتئین‌ها دارای وزن مولکولی کم بوده و به مقادیر قابل توجهی در بافت‌های گیاهی انباشته می‌شوند. گروه‌های اصلی پروتئین‌های وابسته به بیماری‌زایی عبارتند از: PR-1، PR-2 (بتاگلوکاناز)، PR-3 (کیتینازها)، PR-4 (Heveine-مانند) و PR-5 (اسموتین و توماتین-مانند، Thaumatin, Osmotin) در توتون. آن‌ها پروتئین‌های ویژه میزبان هستند که در بیشتر گونه‌های گیاهی در برابر آفند بیمارگرها و شرایط همانند برانگیخته می‌شوند (Dong et al, 2000). در مقایسه با سرشت میان یاخته‌ای بیشتر پروتئین‌های وابسته به بیماری‌زایی برای نخستین بار در سلول‌های تیمار شده جعفری توصیف شد (Van Loon et al, 2006). در این بررسی، این پروتئین پس از تیمار آلودگی، افزایش بیان داشت که به گمان می‌رسد با پاسخ پدافندی گیاه در برابر بیمارگر مهاجم در پیوند است. هم‌اکنون ۱۷ خانواده از این پروتئین‌ها شناسایی شده‌اند (Van Loon et al, 1999). نوع، میزان و جایگاه یاخته‌ای پروتئین‌های وابسته به بیماری‌زایی ساخته شده به نوع تنش و گونه گیاهی زیر بررسی بستگی دارند (Krishnaveni et al, 1999).

در مقایسه نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش دیده لکه‌ی شماره ۱۳، در گیاهان تنش دیده افزایش بیان معنی‌داری نشان داد. این لکه شاید همان پروتئین گلوکاتایون S ترانسفراز باشد. این آنزیم‌ها در

از Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase / oxygenase آنزیم‌های کلیدی چرخه کلون است و واکنش تبدیل دی-ریبولوز ۱۵۰ بیس فسفات و دی‌اکسید کربن به دو مولکول ۳-فسفودی گلیسرال را کاتالیز می‌کند. تنش‌های پیرامونی می‌توانند موجب غیر فعال شدن قابل برگشت یا غیر قابل برگشت روبیسکو شوند. روبیسکو غیر فعال شده غیر قابل برگشت به وسیله نسخه-های جدید ساخته شده جایگزین می‌شود. به گمان می‌رسد که به-واسطه ناپایدار بودن زیرواحدهای روبیسکو بیان آن‌ها در گیاه دستخوش تنش افزایش یافته است. در سازگاری با گزارش پیشین (Srivall et al, 2004)، می‌توان نتیجه گرفت که بنیان‌های واکنشگر اکسیژن پروتئین‌های استرومای کلروپلاست به ویژه آنزیم روبیسکو را به شیوه غیر آنزیمی در شرایط تنش اکسیداتیو تخریب می‌کنند.

نتایج حاصل از بررسی غلظت اسیدهای آمینه و کربوهیدرات محلول نشان داد که گیاهان مقاوم برای رویارویی با گسترش بیماری در شرایط تنش، بیشتر انرژی خود را صرف سنتز عوامل کارور در راهکارهای پدافندی می‌کنند. داده‌های به دست آمده از بررسی فعالیت آنزیم آنتی‌اکسیدانی کاتالاز نشان دادند که مقدار بیان آن‌ها در هر دو رقم به دنبال بیماری افزایش یافت. الکتروفورز دو بعدی خوشه گندم در رقم مورد مطالعه براساس کناگ انگیزش (IF) به شناسایی ۱۳ لکه‌ی پروتئینی با تغییرات معنی‌دار بیان انجامید که به طور کلی پروتئین‌های درگیر در رویارویی با بیماری و پروتئین‌های کارور در مسیرهای سوخت و ساز، بیشترین سهم را در میان پروتئین‌های دارای تغییرات معنی-دار بیان به خود اختصاص دادند.

سوخت و سازهای درونی شامل تنش اکسیداتیو، پیوستن فلاونوئیدها و تنظیم آپوپتوزیز کاروری دارند (Kilili et al, 2004). افزون بر فعالیت آنزیم گفته شده در تنش‌های گوناگون، این آنزیم‌ها در رشد و نمو یاخته نیز کارور می‌باشند و در دریافت و پاسخ گیاه به تنش‌های محیطی به خوبی کار می‌کنند. گروهی از آنزیم‌های دایمری چند عملکردی می‌باشند که در سم‌زدایی آنزیمی ترکیبات زنوبیوتیک و آندوبیوتیک کاروری دارند (Moons, 2005). گلوکاتینون S ترانسفرازها از گروه آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان هستند که این دسته از آنزیم‌ها یاخته را در برابر گونه‌های واکنشگر اکسیژن نگه می‌دارند. در گیاه فرفیون، رونویسی و فعالیت این آنزیم به گستردگی در بافت‌های دستخوش تنش‌های پیرامونی افزایش می‌یابد (Anderson and Davis, 2003). این پروتئین در راهکارهای پدافندی گیاه نقش به-سزایی دارد (Asher and Kerr, 1996).

در مقایسه نقشه پروتئوم گیاهان شاهد و تنش دیده، لکه‌های شماره ۱۱ و ۱۲ در گیاهان تنش دیده افزایش بیان معنی‌داری را نشان دادند. این لکه‌ها می‌توانند به ترتیب با پروتئین‌های ATP-synthase و Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase / oxygenase در پیوند باشند که هر دو از پروتئین‌های کارور در مسیر انرژی می‌باشند. گیاهان مقادیر بسیاری ATP برای رشد و نمو و رویارویی با تنش نیاز دارند (gyang et al, 2008) که پروتئین ATP-synthase انرژی بسیاری را برای فرآیندهای زیستی فراهم می‌کند (McLean et al, 2003). در این پژوهش، بیان پروتئین ATP-synthase در گیاه بیمار افزایش یافت که نمایانگر افزایش تولید انرژی برای رویارویی با بیماری است.

منابع

- Anderson J, Davis D. 2003. Abiotic stress alters transcript profiles and activity of glutathion S-transferase, glutathione peroxidase, and glutathione reductase in *Euphorbia esula*. Plant Biology 32: 430-441.
- Arzani A. 2008. Breeding field crops, fifth edition, Translation, Esfahan: Esfahan University of Technology publishing center, fourth edition, 606. (In Persian with English Abstract).

Asher M, Kerr S. 1996. Rhizomania: progress with resistant varieties, British Sugar Beet Review 64: 19-22.

Ashraf Modares K, Abromand M, Ebrahimi M. 2011. Separate purification of alpha mannosidase from soybean and inhibitory effect NaN₃ and KCN, and ions of phytocarbonate, nickel, copper and zinc on its activity in vitro. Thesis of Payame Noor University of Karaj. Abstract. (In Persian with English Abstract).

Bai GH, Shaner G. 1994. Scab of wheat: prospects for control. Plant Disease 78: 760-765.

- Ballhorn DJ, Kautz S, Heil M, Hegeman AD. 2009.** Cyanogenesis of wild lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is an efficient direct defence in nature. *Plant Signaling and Behavior* 48: 735-745.
- Behnia MR. 1994.** Cold Cereals, Tehran University, Tehran, Iran. (In Persian with English Abstract).
- Bernusi I, Ghanadha MR, Omid M, Samadi BY, Hosseinzadeh A. 2002.** Inheritance of resistance to *Fusarium* within a spike of wheat. *Pajouhesh Sazandegi* 63: 57-62.
- Bolen DW, Baskakov IV. 2001.** The osmophobic effect: Natural selection of a thermodynamic force in protein folding. *Journal of Molecular Biology* 310: 955-963.
- Bolton MD. 2009.** Primary Metabolism and Plant Defense-Fuel for the Fire. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 22: 487-497.
- Bradford MM. 1976.** Rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein- dye binding. *Analytical Biochemistry* 72: 248-254.
- Bregar O, Mandelc S, Celar F, Javornik B. 2012.** Proteome Analysis of the Plant Pathogenic Fungus *Monilinia laxa* Showing Host Specificity. *Food Technology and Biotechnology* 50: 326-333.
- Caruso G, Cavaliere C, Guarino C, Gubbiotti R, Foglia P, Lagana A. 2008.** Identification of changes in *Triticum durum* L. leaf proteome in response to salt stress by two-dimensional electrophoresis and MALDI-TOF mass spectrometry. *Analytical and Bioanalytical Chemistry* 391: 381-390.
- Chetouhi C, Bonhomme L, Lecomte P, Cambon F, Biron DG. 2015.** A proteomics survey on wheat susceptibility to *Fusarium* head blight during grain development. *European Journal of Plant Pathology* 141: 407-418.
- Choo TM, Vigier B, Shen QQ, Martin RA, Ho KM, Savard M. 2004.** Barley traits associated with resistance to *Fusarium* head blight and deoxynivalenol accumulation. *Phytopathology* 94: 1145-50.
- Davari M, Wei SH, Babai-Ahari A, Arzanlou M, Waalwijk C, van der Lee TAJ, Zare R, Gerrits van den Ende AHG, de Hoog SG, van Diepeningen AD. 2013.** Geographic differences in trichothecene chemotypes of *Fusarium graminearum* in the Northwest and North of Iran. *World Mycotoxin Journal* 6: 137-150.
- Dong H, Beer SV. 2000.** Riboflavin induces disease resistance in plants by activating a novel signal transduction pathway. *Phytopathology* 90:801-811.
- Gao L, Yan X, Li X, Guo G, Hua Y, Ma W, Yan Y. 2011.** Proteome analysis of wheat leaf under salt stress by two-dimensional difference gel electrophoresis (2D-DIGE). *Phytochemistry* 72: 1180-91.
- Hase S, Natsuka S, Oku H, Ikenaka T. 1987.** Identification method for twelve oligomannose-type sugar chains thought to be processing intermediates of glycoproteins. *Analytical Biochemistry* 167: 321-6.
- Herbers K, Takahata Y, Melzer M, Mock HP, Hajirezaei M, Sonnewald U. 2000.** Regulation of carbohydrate partitioning during the interaction of *Potato Virus Y* with tobacco. *Molecular Plant Pathology* 1: 51-59.
- Hong Z, Lakkineni K, Zhang Z, Verma DS. 2000.** Removal of feedback inhibition of 1- pyrrolin -5-carboxylate synthetase results in increased prolin accumulation and production of plant from osmotic stress. *Plant Physiology* 122: 1129-1136 .
- Hoseini B, Farokhi N, Sarpeleh A, Garanji Sh, Member abadi M. 2013.** Investigation of the role embossing materials *Monosporascus cannonballus* fungi in the disease of the root rot and the decay of melon bushes. Thesis of industrial University of Shahrud. Abstract. (In Persian with English Abstract).
- Kessmann H, Staub T, Hofmann C, Maetzke T, Herzog J, Ward E, Uknes S, Ryals J. 1994.** Induction of systemic acquired resistance in plants by chemicals. *Annual Review of Phytopathology* 32: 439-459.
- Kilili KG, Atanassova N, Vardanyan A, Clatot N, Al-Sabarna K, Kanellopoulos PN, Makris AM, Kampranis SC. 2004.** Differential roles of tau class glutathione S-transferases in oxidative stress. *Journal of Biological Chemistry*. 279: 24540-24551.
- Kingsnorth CS, Asher MJC, Keane GJP, Chwarszczynska DM, Luterbacher MC, Mutasa-Gottgens ES. 2003.** Development of a recombinant antibody ELISA test for the detection of *Polymyxa betae* and its use in resistance screening. *Plant Pathology*. 52: 673-680.
- Kocal N, Sonnewald U, Sonnewald s. 2008.** Cell wall-bound invertase limits sucrose export and is involved in symptom development and inhibition of photosynthesis during compatible interaction between tomato and *Xanthomonas campestris* pv. *Vesicatoria*. *Plant Physiology*. 148: 1523-1536.
- Krishnaveni S, Muthukrishnan S, Liang GH, Wilde G, Manickan A. 1999.** Induction of chitinases and b-1,3-glucanases in resistant and susceptible cultivars of sorghum in response to insect attack, fungal infection and wounding. *Plant Science*. 144: 9-16.
- Leslie JF, Summerell BA. 2006.** The *Fusarium* Laboratory Manual. Blackwell Publishing, NewYork, USA. 369 pp.
- McLean MD, Yevtushenko DP, Deschene A, Cauwenberghe ORV, Makhmoudova A, Potter JW, Bown AW, Shelp BJ. 2003.** Overexpression of glutamate decarboxylase in transgenic tobacco plants confers resistance to the northern root- knot nematode. *Molecular Breeding* 11: 277-285.
- Mesterhazy A. 1995.** Types and components of resistance to *Fusarium* head blight of wheat. *Plant Breeding* 114: 377-472.
- Milan R, Alois R, Josef C, Jana B, Even W. 2004.** Recombinant protein and DNA vaccines derived from hsp60 *Trichophyton mentagrophytosis* control the clinical course of trichophytosis in bovine species and guinea- pigs. *Mycoses* 47: 407-17.
- Moons A. 2005.** Regulatory and functional interactions of plant growth regulators and plant glutathione S-transferases (GSTs). *Vitamins & Hormones* 72: 155-202.
- Mundree SG, Baker B, Mowla S, Peters S, Marais S, Willigen CV, Govender K, Maredza A, Muyanga S, FarrantJM, Thomson JA. 2002.** Physiological and molecular insights

- into drought tolerance. *African Journal of Biotechnol* 1: 2838.
- Ndimba BK, Chivasa S, Simon WJ, Slabas AR. 2005.** Identification of *Arabidopsis* salt and osmotic stress responsive proteins using two-dimensional difference gel electrophoresis and mass spectrometry. *Proteomics* 5: 4185-4196.
- Nelson PE, Toussoun TA, Marasas WO. 1983.** *Fusarium* Species, An Illustrated Manual for Identification Pennsylvania State Univ. Press, University Park, 193 pp.
- Omokolo ND, Tsala NG, Djocgoue PF. 1996.** Changes in carbohydrate, amino acid and phenol content in cocoa pods from three clones after infection with *Phytophthora megakarya* Bra. and Grif. *Annals of Botany* 77: 153-158.
- Rampitsch C, Bykova NV, McCallum B, Beimcik E, Ens W. 2006.** Analysis of the wheat and *Puccinia triticina* (leaf rust) proteomes during a compatible host-pathogen interaction. *Proteomics* 6: 1897-1907.
- Shaner GE. 2003.** Epidemiology of *Fusarium* head blight of small grain cereals in North America. In Leonard, K.J., Bushnell, W.R., (eds.), *Fusarium Head Blight of Wheat and Barley*. St Paul, MN: APS Press. Pp. 84-119.
- Srivall B, Khanna-Chopra R. 2004.** The developing reproductive sink induces oxidative stress to mediate nitrogen mobilization during momocarpic senescence in wheat. *Biochemical and Biophysical Research Communications* 325: 198-202.
- Steen BR, Lian T, Zuyderduyn S, MacDonald WK, Marr aM, Jones SJ. 2002.** Temperature- regulated transcription in the pathogenic fungus *Cryptococcus neoformans*. *Genome Research* 12: 1386-400.
- Van Loon LC, Rep M, Pieterse CMJ. 2006.** Significance of Inducible Defense-related Proteins in Infected Plants. *Annual Reviews of Phytopathology* 44: 135-62.
- Wang FX, Ma YP, Yang CL, Zhao PM, Yao Y, Jian GL, Luo YM, Xia GX. 2011.** Proteomic analysis of the sea-island cotton roots infected by wilt pathogen *Verticillium dahliae*. *Proteomics* 11: 4296-4309.
- Wang MC, Peng ZY, Li CL, Li F, Liu C, Xia GM. 2008.** Proteomics analysis on a high salt tolerance introgression strain of *Triticum aestivum*/*Thinopyrum ponticum*. *Proteomics* 8: 1470-1489.
- Wang Y, Yang L, Xu H, Li Q, Ma Z, Chu C. 2005.** Differential proteomic analysis of proteins in wheat spikes induced by *Fusarium graminearum*. *Protemics* 5: 4496-450.
- Zhang X, Fu J, Hiromasa Y, Pan H, Bai G. 2013.** Differentially expressed proteins associated with *Fusarium* head blight resistance in wheat. *PloS One* 8: 82079.
- Zhou W, Eudes F, Laroche A. 2006.** Identification of differentially regulated proteins in response to a compatible interaction between the pathogen *Fusarium graminearum* and its host *Triticum aestivum*. *Proteomics* 6: 4599-4609.
- Zivy M, De Vienne D. 2000.** Proteomics: a link between genomics, genetics and physiology. *Plant Molecular Biology* 44: 575-580.

**Bread and Durum Wheat Proteome Response to Wheat
Fusarium Head Blight**Tayebeh Sheikhhesabi¹, Soodabeh Jahanbakhsh Godehkahriz^{*2}, Mahdi Davari³

1,2- Department of Agronomy and Plant Breeding, 3- Department of Plant Protection, University of Mohaghegh Ardabili, Iran *Corresponding Author Email: jahanbakhsh@uma.ac.ir

ABSTRACT

Fusarium Head blight (FHB), caused by *Fusarium graminearum* known as a destructive disease of wheat has a significant impact not only on global wheat production, but also on food safety because of grain contamination with mycotoxins during infection, a serious threat to the human and animals' health. To achieve to non-chemical control of FHB, the study of molecular mechanism of resistance to FHB in wheat varieties is important. In this research, in order to investigate the effect of FHB on spike proteome pattern, six bread and durum wheat cultivars were inoculated in a greenhouse with *F. graminearum*. In addition to measuring the morphological traits, 14 days after inoculation, changes in their proteome pattern were investigated. Two-dimensional electrophoresis technique was used to study the response of wheat spike to Fusarium. Protein extraction was performed by TCA-acetone method and two-dimensional electrophoresis was performed in the first dimension by strip gel method and in the second dimension was performed by using sodium dodecyl sulfate polyacrylamide gel. The results of gel analyses showed that out of 57 repeatedly found protein spots, 13 protein spots had a significant difference between treatments, among which 11 protein spots, showed increased expression and two protein spots showed reduced expression. Proteins with changes in expression based on biological function were categorized in different groups that proteins involved in the metabolic pathways which involved in infected plants (Hypothetical protein and PR proteins) had the highest contribution to proteins with significant changes. The results of this study can be used in wheat breeding programs.

Keywords: Resistance, Proteomics, Protein