

کاربرد ژنتیک معکوس در مطالعه کارکرد ژن شبه استریکتوسیدین سینتاز - ۶ آراییدوپسیس تالیانا 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: msohani@guilan.ac.ir mhdsohani@gmail.com

(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 پرپوش (*Catharanthus roseus*) آنزیم‌های کلیدی مسیر بیوسنتز ایندول آلکالوئیدهای مونوترپنوئیدی هستند. ژن *SSL6* آراییدوپسیس، از اعضای خانواده ژنی *SSL*، در پاسخ به انواع تنش‌ها و مولکول‌های پیام‌رسان 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 (*ssl6* و *Col-0*) 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 *ssl6* در مقایسه با *Col-0* معنی‌دار است. 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

بیان ژن،

تنظیم کننده منفی،

ژن فاقد عملکرد،

لاین T-DNA

مقدمه

در میان آکالوئیدهای گیاهی، مونوترپنئید اندول آکالوئیدها به دلیل داشتن خواص درمانی ضد مالاریا کونین (Quinine)، ضد سرطان وینبلاستین (Vinblastine) و وین کریستین (Vincristine) یا ضد بیماری قلبی عروقی و همچنین روان گردان رسرپین (Reserpine) توجهات زیادی را به خود جلب کرده است. این امر منجر به شناسایی آنزیم های کلیدی مسیر بیوسنتز ایندول آکالوئیدها شد. تریپتوفان دکربوکسیلاز و استرکتوسیدین سینتاز (STR) (Strictocidine synthase)، دو آنزیم کلیدی در تولید این ترکیبات هستند (Kutchan, 1989). آنزیم استرکتوسیدین سینتاز اولین بار از گیاهان دارویی پرپوش (Catharanthus roseus) و راثوالفا سرپنتینا (Rauvolfia serpentina) جداسازی شده است (Kutchan, 1989). آراییدوپسیس توانایی تولید ترکیبات پیچیده آکالوئیدی را ندارد، اما حاوی ژن هایی است که همولوژی بالایی با ژن STR پرپوش داشته و بنابراین همولوگ ژن های فوق در آراییدوپسیس شبه استرکتوسیدین سینتاز (SSL) نامیده شدند (Fabbri et al. 2000). تاکنون بر اساس مطالعات انجام گرفته ۱۵ ژن دارای دومین استرکتوسیدین سینتاز در آراییدوپسیس شناسایی شده است که نقش و نوع فعالیت بسیاری از آنها در پاسخ به تنش ها و نیز در مراحل نمو مشخص نشده است (Fabbri et al. 2000). پروتئین های حاوی دمن استرکتوسیدین سینتاز در جانوران و حشرات نیز یافت شده است. مطالعه پروتئین های حاوی دمن SSL در انسان نشان دهنده بیان بالای این ژن در مغز است. در اندام های انسانی انواع ایندول آکالوئیدها نظیر رزپین به محض تداخل با سیناپس انتقالی واسطه با دوپامین عمل می کنند (Fabbri et al. 2000). پروتئین همومیوسین یک پذیرنده لکتن 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 پروتئین های 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

ژن ها دارای رابطه تکاملی با پروتئین همومیوسین مگس سرکه می باشند، بنابراین یک کلاس خاص از ژن های SSL شبه همومیوسین (HML) نامیده شدند که شامل ژن های AtSSL4-AtSSL7 می باشند (Sohani et al. 2009).

مطالعاتی که بر روی القاء بیان ژن های AtSSL4-AtSSL7 آراییدوپسیس صورت گرفت مشخص کرد که ژن های شبه همومیوسین در اثر زخم، تیمار با ویروس CMV و قارچ *Alternaria brassicicola* و نیز تیمار با ترکیبات فعال کننده پیام دفاعی نظیر سالیسیک اسید، جاسمونات و اتیلن به صورت معنی دار افزایش می یابد که بیانگر نقش احتمالی این ژن ها در واکنش دفاعی القائی در گیاه است (Sohani et al. 2009). همچنین میزان بیان این ژن ها در پاسخ به تنش های شوری، نور ماوراءبنفش و سالیسیک اسید چند برابر شرایط شاهد است. القاء بیان ژن SSL6 در پاسخ به محرک های زیستی و غیر زیستی، احتمال ایفاء نقش این ژن در شرایط تنش از جمله تنش شوری را افزایش می دهد (Kibble et al. 2009).

شوری خاک از عوامل مهم محدود کننده عملکرد گیاهان است (Hanin et al. 2016). در سطح جهانی، تخمین زده می شود که حدود ۹۰۰ میلیون هکتار از زمین ها 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 فتوسنتز، هدر رفت انرژی و تجمع گونه های فعال اکسیژن (ROS) می شود (Deinlein et al. 2014; Golldack et al. 2014; Julkowska and Testerink, 2015; Zhu, 2002).

بخش گسترده ای از تحمل به شوری در نتیجه عملکرد ژن هایی است که سرعت جذب نمک از خاک و انتقال آن به سراسر گیاه را محدود می کند و تعادل اسمزی و یونی را در ریشه ها و اندام های هوایی برقرار می کند (Greenway and Munns, 1980). مطالعات نشان داده است که افزایش در سطح بیان برخی ژن های دخیل در شوری منجر به بهبود عملکرد گیاه در تنش شوری شده است (Chinnusamy et al. 2006). افزایش در سطح بیان ژن های

طی آن تأثیر سرکوب ژن *SSL6* بر برخی از خصوصیات بیوشیمیایی نظیر محتوای آنتوسیانین 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) آرابیدوپسیس اکوتیپ کلمبیا (*Col-0*) و لاین جهش‌یافته T-DNA ژن *SSL6* (*ssl6*) با شماره دسترسی (SALK-046142) استفاده شد که از مرکز منابع زیستی آرابیدوپسیس (Arabidopsis Biological Resource Center,) (ABRC) تهیه شده بود. در لاین جهش‌یافته، T-DNA در ناحیه پروموتری و در نزدیک 5' UTR درج شده است.

برای کشت گیاهان در شرایط درون شیشه‌ای (*In vitro*) از محیط کشت MS ½ 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 120 mol/m²sec بود. پس از گذشت دو هفته گیاهچه‌های WT و *ssl6* به محیط حاوی MS ½ با غلظت‌های 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 آنتوسیانین

اندازه‌گیری آنتوسیانین به روش (Lange et al. 1971) انجام گرفت. مقدار ۰/۰۲ گرم بافت گیاه در ازت مایع خرد و سپس ۴ میلی‌لیتر محلول ۱ درصد اسید کلریدریک در متانول 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 داده-های بیوانفورماتیک، 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 فیلوژنتیکی 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، ترانسکرپتومی، 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 لاین-های جهش یافته 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 از T-DNA برای سرکوب ژن هدف استفاده می‌شود (Kuromori et al. 2009).

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

نور در فاز رویی با استفاده از روش اسپکتروفتومتری در طول موج‌های ۵۳۰ و ۷۵۷ نانومتر خوانده شد و با استفاده از فرمول $A = A_{550} - (0.25 A_{657})$ میزان نسبی آنتوسیانین تعیین شد که در آن A میزان نسبی آنتوسیانین و A550 و A657 به ترتیب جذب نور نمونه در طول موج‌های ۵۳۰ و ۶۵۷ نانومتر است.

پراکسیداسیون لیپیدها

برای سنجش مقدار پراکسیداسیون لیپیدهای غشاء، غلظت مالون-دی‌آلدئید حاصل از این واکنش اندازه‌گیری شد. اندازه‌گیری غلظت مالون دی‌آلدئید به روش (Heath and Packer, 1968) انجام گرفت. طبق این روش ۰/۲ گرم از بافت تازه برگ‌ها با استفاده از ازت مایع خرد شده در هاون چینی خرد شده و سپس ۵ میلی‌لیتر اسید تری کلرواستیک (TCA) ۰/۱٪ 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. مخلوط حاصل به مدت ۱۰ دقیقه با ۴۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شد. شدت جذب این محلول با استفاده از اسپکتروفتومتر 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 پرولین

گیاهچه‌ها برای تخمین محتوای پرولین طبق روش بیتس مورد استفاده قرار گرفتند (Bates et al. 1973). برای تهیه معرف ناین هیدرین، ۱/۲۵ گرم ناین هیدرین به ۳۰ میلی‌لیتر گلاشیال استیک اسید اضافه و در حرارت ملایم حل شد. سپس ۲۰ میلی‌لیتر اسید فسفریک ۶ مولار به آن اضافه و کاملاً به هم زده شد. این محلول در دمای ۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۴ ساعت پایدار است. برای سنجش محتوای پرولین ۰/۵ 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

درجه سانتی‌گراد) قرار گرفت. پس از آن با قرار دادن لوله‌های آزمایش در حمام یخ واکنش مذکور متوقف شد. سپس ۴ میلی‌لیتر تولوئن به محتویات هر لوله اضافه و به مدت ۱۵-۲۰ ثانیه به شدت به هم زده شد. فاز رویی که شامل تولوئن و پرولین بود از فاز آبی جدا و جذب آن به وسیله دستگاه اسپکتروفتومتر در طول موج ۵۲۰ نانومتر تعیین شد. در این سنجش از تولوئن به عنوان شاهد بوده و غلظت پرولین 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 شوری SOS در تیمار شوری، بذره‌های دو ژنوتیپ WT و *ssl6* در شرایط درون شیشه کشت و به مدت دو هفته رشد داده شدند. برای اعمال تیمار تنش شوری، کاغذهای واتمن در محیط MS ۱/۲ حاوی یک درصد ساکارز و ۱۵۰ میلی‌مولار NaCl اشباع شده و به پتری منتقل شدند. گیاهچه‌ها با احتیاط از محیط کشت جدا و به محیط تیمار انتقال یافتند. 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 نانودراپ (Thermo scientific, USA) بررسی شد. جهت حذف آلودگی DNA ژنومی احتمالی، RNA استخراج شده با DNaseI (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* و *Act-2* با استفاده از نرم‌افزار Primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) طراحی شدند (جدول

پس از انجام واکنش اختصاصی بودن تکثیر بر اساس منحنی و پیک ذوب مشخص شد. ژن *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 $2^{-\Delta\Delta CT}$ محاسبه شد (Livak and Schmittgen, 2001).

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

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

ژن	شماره دسترسی	پرایمر رفت	پرایمر برگشت	طول قطعه (bp)	دمای اتصال (°C)
<i>SOS1</i>	At2g01980	ACACCACCACGTAGCTCAAG	TGCCGAAAATGCTGAGTTGC	۱۶۶	۵۷/۲
<i>SOS2</i>	At5g35410	ACCGTGACCTAAAGCCAGAA	TGCTGAACCATCGTAACCCCT	۱۷۶	۵۷/۲
<i>SOS3</i>	At5g24270	AGGTGTCTTCCATCCAAGCG	GCACGAAAGCCTTATCCACC	۱۸۸	۵۷/۲
<i>Act2</i>	At3g18780	CTTGTTCAGCCCTCGTTTG	CGATACCTGAGAACATAGTGG	۱۴۹	۵۷/۲

۰/۱۷ و ۰/۲۴۱ بوده و بین دو ژنوتیپ اختلاف معنی‌دار وجود داشته و با افزایش شدت تنش میزان آنتوسیانین افزایش نشان می‌دهد (جدول ۳).

نتایج و بحث

تنش شوری مهم‌ترین عامل محدود کننده میزان تولید گیاهان زراعی بشمار می‌رود (Amirjani, 2011). کاربرد روش‌های مهندسی ژنتیک و بیوتکنولوژی به منظور 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 تنش به گیاهان زراعی هست (Hasegawa et al. 2000). لازمه این کار شناسایی و مطالعه کارکردی ژن‌های دخیل در پاسخ گیاه به تنش شوری با استفاده از روش‌های ژنتیک پیشرو و معکوس است. در این مطالعه به منظور بررسی نقش کارکردی ژن *SSL6* در پاسخ آراییدوپسیس به تنش شوری از لاین سرکوب شده T-DNA این ژن استفاده شد.

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

جدول ۲- تجزیه واریانس برخی از صفات بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی در

تیپ وحشی *Col-0* و لاین جهش یافته *ssl6* در پاسخ به تنش 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 **	**۶/۷۵	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, * 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 متقابل ژنوتیپ و تیمار در سطح یک درصد معنی‌دار است. داده‌های مقایسه میانگین نشان داد که اگرچه افزایش شدت تنش 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.

جدول ۳- مقایسه میانگین اثرات متقابل تنش شوری بر روی محتوای MDA و آنتوسیانین 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)	ژنوتیپ	سطوح شوری
۱/۴۶۶ ^e	۰/۱۶ ^c	Col-0	صفر
۱/۸۶۰ ^{de}	۰/۱۱ ^d	<i>ssl6</i>	
۴/۸۳ ^b	۰/۱۷ ^c	Col-0	۱۰۰ میلی-مولار
۲/۳۳ ^{cd}	۰/۲۴ ^b	<i>ssl6</i>	
۵/۷۰ ^a	۰/۲۴ ^b	Col-0	۲۰۰ میلی-مولار
۲/۷۳ ^c	۰/۳۱ ^a	<i>ssl6</i>	

میانگین‌های دارای حرف مشترک در هر ستون، بر اساس آزمون LSD اختلاف معنی-داری 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

پرولین (μmol/gFW)	سطوح	منابع تغییر
۲/۲۶۶ ^b	Col-0	ژنوتیپ
۳/۴۹۱ ^a	<i>ssl6</i>	
۱/۴۶۸۹ ^b	صفر	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 معنی-داری ندارند.

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

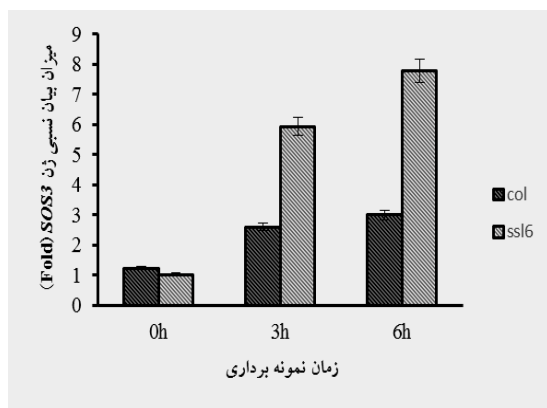
مالون دی‌آلدئید به عنوان یک معرف برای بررسی میزان صدمات غشاء در شرایط تنش مورد استفاده قرار می‌گیرد (Jaleel et al. 2005; Katsuhara et al. 2007). هنگامی که گیاهان در معرض تنش شوری قرار می‌گیرند، تولید ترکیبات اکسیژن فعال موجب تغییر ساختار لیپیدهای غشا و آسیب دیدگی آن‌ها از طریق تولید رادیکال سوپراکسید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

همچنین میزان مالون دی‌آلدئید در سطح ۱۰۰ میلی‌مولار برای Col-0 و *ssl6* به ترتیب ۴/۸۳ و ۲/۳۳ بوده و تفاوت معنی‌دار دارند. میزان مالون دی‌آلدئید در سطح ۲۰۰ میلی‌مولار 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 ۲) و مقایسه میانگین اثرات ساده نشان داد که محتوای پرولین در ژنوتیپ *ssl6* بیشتر از ژنوتیپ Col-0 بوده و تفاوت معنی‌دار است. در بین سطوح مختلف تنش شوری اختلاف معنی-داری بین سطوح ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار با سطح صفر وجود دارد. در واقع، افزایش شدت تنش باعث افزایش میزان پرولین شده است (جدول ۴).

محافظت کننده‌های اسمزی مولکول‌های کوچک، خنثی و غیر سمی هستند که پروتئین‌های غشاء را در برابر تأثیرات 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 پلی‌آل‌ها 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 ژنوتیپ *ssl6* افزایش معنی‌داری داشته و بنابراین در مقاومت بیشتر 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 ۲/۲۸ و ۲/۶۰ برابر بیشتر است (شکل ۱).



شکل ۱- الگوی بیان نسبی ژن *SOS3* در پاسخ به تنش شوری با استفاده از qRT-PCR. RNA تام از گیاهچه‌های دو هفته‌ای Col-0 و *ssl6* تیمار شده با ۱۵۰ 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 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 constitutive *Act-2* gene was used as the control.

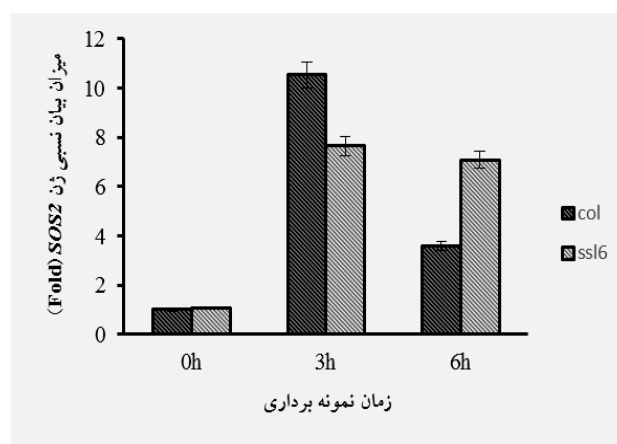
بیان ژن *SOS2*، ۳ ساعت پس از تیمار شوری این افزایش در لاین جهش یافته و گیاه مادری به ترتیب ۷/۶ و ۱۰/۵۸ برابر بوده و ۶ ساعت پس از تیمار شوری برای لاین جهش یافته ۷/۰۸ و برای گیاه مادری ۳/۶۰ برابر است (شکل ۲). بیان این ژن اگرچه افزایشی هست با این حال، الگوی آن در لاین جهش یافته و گیاه مادری متفاوت است. 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 ۳ برابر سرکوب شده است.

همان گونه که مشاهده می شود شدت القا ژن *SOS1* در لاین جهش یافته بیشتر بوده، اما در گیاه مادری ژن مذکور ابتدا القا 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 ۱/۴ و ۵/۳۳ 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 تنش شوری است.

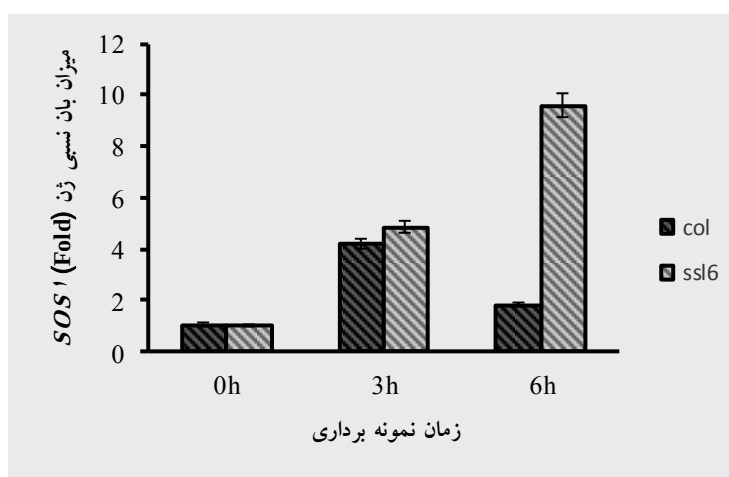
آنتوسیانین ها در پاسخ به تنش های غیر زیستی نظیر خشکی، شوری، سرما و شدت نور بالا در گیاهان تجمع یافته و کارکردهای متفاوتی نظیر مولکول های پیام رسان، حفاظت در برابر شدت نور بالا و جمع آوری کننده ROS بر عهده دارند (Kovinich et al. 2015). تجمع آنتوسیانین در طی تنش شوری در بسیاری از گیاهان نظیر گوجه فرنگی،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

با بررسی بیان ژن های *SOS*، میزان حساسیت Col-0 و *ssl6* نسبت به شوری مورد ارزیابی قرار گرفت. بیان ژن *SOS3*، ۳ ساعت پس از تیمار شوری در جهش یافته *ssl6* ۵/۹۲ و برای گیاه مادری ۲/۵۹ می باشد. ۶ ساعت پس از تیمار شوری بیان این ژن در هر دو ژنوتیپ افزایش یافته است. این افزایش در جهش یافته و گیاه مادری به ترتیب ۷/۷۸ و ۲/۹۹ برابر زمان صفر است. همان گونه که مشاهده می شود شدت القا ژن *SOS3* در لاین جهش یافته بیشتر بوده، اما در گیاه مادری ژن مذکور ابتدا القا



شکل ۲- الگوی بیان نسبی ژن SOS2 در پاسخ به تنش شوری با استفاده از qRT-PCR. RNA تام از گیاهچه‌های دو هفته‌ای Col-0 و ssl6 تیمار شده با ۱۵۰ میلی مولار NaCl به مدت صفر، ۳ و ۶ ساعت استخراج شد. از ژن Act-2 بعنوان 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 هفته‌ای Col-0 و ssl6 تیمار شده با ۱۵۰ میلی مولار NaCl به مدت صفر، ۳ و ۶ ساعت استخراج شد. از ژن Act-2 بعنوان 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 expression of the Act-2 gene was used as the control.

همچنین توسط میانکنش ROS ها با SOS1 رخ می‌دهد، که یک جز در استرس اکسیداتیو سیگنالینگ است (Chung et al. 2008; Katiyar-Agarwal et al. 2006). فرایان ژن SOS1 تحمل به تنش شوری در تراریخته‌های آرابیدوپسیس (Shi et al. 2003) و توتون (Yue et al. 2012) افزایش داده است. گیاهچه‌های آرابیدوپسیس تراریخته در مقایسه با گیاهچه‌های کنترل رشد زودرس گیاهچه و افزایش رشد ریشه تحت تنش را داشته‌اند (Shi et al. 2003). در توتون، تراریخته‌های 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) و فرایان 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). SOS1 mRNA در شرایط رشد طبیعی ناپایدار است، اما توسط نمک و کم آبی تثبیت می‌شود (Chung et al. 2008; Shi et al. 2003). تثبیت SOS1 mRNA

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 می‌کند. همانگونه که مشاهده شد سرکوب ژن *SSL6* آرابیدوپسیس موجب افزایش بیان ژن‌های *SOS* و همچنین افزایش محتوای پرولین و آنتوسیانین و کاهش پراکسیداسیون لیپیدها در لاین جهش یافته شده است. بنابراین می‌توان گفت ژن *SSL6* نقش کنترلی منفی در پاسخ آرابیدوپسیس 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. اندازه‌گیری آنتوسیانین، 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*، *SOS2* و *SOS3* 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* آرابیدوپسیس 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 بیوشیمیایی 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*، نظیر تأثیر این ژن بر روی فعالیت هورمون ABA و سیستم آنتی اکسیداتی می‌تواند مفید باشد.

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

SOS2 ممکن است در مسیر ROS شرکت کند (Verslues et al. 2007). در مطالعه‌ای که در گیاه صنوبر بر ژن *PtSOS2TD* انجام شد، در حضور H_2O_2 میزان کلروفیل در گیاهان فرایان نسب به وحشی کاهش معنی‌داری داشته است. میزان MDA نیز در نمونه وحشی افزایش داشته است که نشان دهنده تأثیر 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 ko* و *atmyb73 eko* 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 غشایی است که سدیم را به خارج از ریشه جریان می‌دهد و یون‌های سدیم را در زایلیم هدایت می‌کند (Munns, 2003; Shi et al. 2003; Olías et al. 2009; Zhu, 2003). دومین پروتئین جز سرین/ترئونین پروتئین کیناز *SOS2* است و سومین پروتئین اتصال دهنده کلسیم *SOS3* است. مسیر *SOS* به وسیله *SOS3* 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 و فعال‌سازی رونویسی *SOS1* و تثبیت سطح سلولی mRNA *SOS1* می‌شود (Ji et al. 2013; Zhu, 2003). بیان *SOS1*، *SOS2*

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 *Rauwolfia 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, Garcíadeblas 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, Dóczi 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