Sari Agriculture Sciences and Natural Resourc University

Journal of Crop Breeding Vol. 17, Issue 2, 2025 p: 56-81 OPEN ACCESS

Research Paper

Challenges of Salinity and Remedial Strategies in Sugarcane: Investigating the Impact of Salinity and Innovative Methods for Adaptation

Bahareh Fatahi[1] and Mehdi Soltani Howyzeh[2]

1- Department of Genetics and Plant Breeding, Ahvaz Branch, Islamic Azad University, Ahvaz, Iran
2- Department of Genetics and Plant Breeding, Ahvaz Branch, Islamic Azad University, Ahvaz, Iran,
(Corresponding author: mehdisoltani@iau.ac.ir)

Received: 29 September, 2024 Revised: 5 November, 2024 Accepted: 28 January, 2025

Extended Abstract

Background: Sugarcane (*Saccharum officinarum* L., from the family Poaceae) is one of the most economically important crops globally, widely cultivated in tropical and subtropical regions due to its production of sugar, ethanol, bioenergy, and bagasse. Given its key role in providing renewable energy and derived products, sugarcane is a major focus of agricultural and industrial research. However, salinity stress is one of the most significant challenges impacting sugarcane production, especially in saline areas. Soil salinity is one of the most critical environmental stresses, leading to reduced plant growth and yield, posing a serious global threat to agricultural production. Salinity stress negatively affects sugarcane growth and development in several ways, including reduced water uptake, disruption of metabolism, and accumulation of sodium in plant tissues. As a result, the severe decline in yield and product quality in saline areas has become a major concern for both farmers and researchers. This review aims to examine the challenges posed by salinity in sugarcane and to present innovative remedial strategies for enhancing the crop's resistance to salinity.

Methods: This review study was conducted using a systematic search in reputable scientific databases, such as PubMed, Scopus, and Web of Science. Initially, over 100 articles related to salinity and sugarcane were reviewed in this overview. The criteria for selecting the articles included publication in peer-reviewed journals, relevance to the topic of salinity, and a focus on innovative remedial methods. Articles specifically addressing novel approaches for improving sugarcane resistance to salinity were selected and analyzed after an initial review. The extracted data were qualitatively analyzed and categorized to identify key challenges and trends.

Results: The results of this study show that salinity has widespread negative effects on sugarcane's physiological and biochemical processes. In the early stages of salinity stress, the plant experiences osmotic stress due to reduced water uptake and stomatal closure, which leads to a decrease in photosynthesis and, ultimately, a reduction in plant growth. Sodium accumulation in cells causes ionic stress, resulting in cell membrane damage and decreased enzymatic activity. These processes lead to premature leaf senescence and a significant reduction in sucrose concentration in sugarcane stalks, directly affecting the quality of the final product. Various methods have been employed globally to address these challenges. One of the primary approaches is the genetic improvement of sugarcane through traditional methods, such as selecting salinity-tolerant parents and performing hybridization. These methods enable the development of varieties that show greater tolerance to saline conditions. However, due to the complexity of the sugarcane genome, which includes multiple chromosome sets, this process is highly time-consuming, often requiring 7 to 12 years to produce a salinity-tolerant variety. Additionally, this genetic complexity makes each hybridization event unique and unpredictable, complicating the breeding process. In addition to traditional methods, modern molecular approaches have emerged as critical strategies for improving sugarcane's resistance to salinity. Molecular tools, such as PCR-based markers and genome-editing technologies (e.g. CRISPR), can target key salinity-tolerance genes and eliminate or modify sensitive genes, aiding in the development of salinity-resistant sugarcane varieties. These methods not only shorten the time required for resistance improvement but also provide a more precise and reliable way of genetic modification. Beyond genetic modification, the use of plant growth-promoting microorganisms (PGPBs) has been introduced as an effective approach for mitigating the effects of salinity. These microorganisms enhance salinity tolerance by producing plant hormones, such as indole-3-acetic acid (IAA) and cytokinins, improving nutrient exchange, and regulating osmoprotectant compounds, such as total soluble sugar (TSS) and proline. Additionally, these microbes protect plants against diseases and environmental stressors by producing antibiotics, hydrogen cyanide, and other pathogen-inhibiting compounds. Research

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Copyright ©2025 Fatahi and Soltani Howyzeh. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 Unported License which allows users to read, copy, distribute and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

has shown that the use of these microorganisms can significantly reduce the negative effects of salinity and improve sugarcane performance under saline conditions. Omics technologies, such as transcriptomics, proteomics, metabolomics, and ionomics, have also proven to be effective tools in identifying genes and molecular pathways associated with salinity tolerance. These techniques allow researchers to identify gene expression patterns under saline conditions and propose new strategies for improving sugarcane's salinity resistance. Specifically, next-generation sequencing (NGS) technology has played a vital role in accelerating transcriptomic studies of sugarcane tissues under salinity stress.

Conclusions: In conclusion, this review demonstrates that salinity is one of the major challenges in sugarcane production, having extensive negative effects on the growth and yield of the crop. However, employing innovative remedial methods, such as traditional and molecular genetic improvement, the use of plant growth-promoting microorganisms, and omics technologies, can significantly enhance sugarcane's resistance to salinity. Given the critical importance of sugarcane in the global industry, future research should focus on optimizing these methods and developing new strategies to simultaneously increase the efficiency and sustainability of sugarcane production in saline areas and improve the quality of the final product.

Keywords: Breeding, Morphological response, Novel technology, Omics technology, Osmotic stress,

How to Cite This Article: Fatahi, B., & Soltani Howyzeh, H. (2025). Challenges of Salinity and Remedial Strategies in Sugarcane: Investigating the Impact of Salinity and Innovative Methods for Adaptation. *J Crop Breed,* 17(2), 56-81. DOI: 10.61882/jcb.2024.1537

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

مقاله پژوهشی

چالش‌های شوری و راهکارهای اصلاحی در گیاه نیشکر: بررسی تأثیر شوری و روش‌های نوآورانه برای سازگاری

بهاره فتاحی[۱] و مهدی سلطانی حویزه[۲]

۱- گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران
۲- گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، واحد اهواز، دانشگاه آزاد اسلامی، اهواز، ایران، (نویسنده مسوول: mehdisoltani@iau.ac.ir)

تاریخ دریافت: ۱۴۰۳/۰۷/۰۸ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۳/۰۸/۱۵ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۳/۱۱/۰۹
صفحه: ۵۶ تا ۸۱

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: نیشکر (*Saccharum officinarum* L.) از خانواده *Poaceae* یکی از مهم‌ترین محصولات اقتصادی جهان است که به‌دلیل تولید شکر، اتانول، بیوانرژی، و باگاس به‌صورت گسترده در مناطق گرمسیری و نیمه‌گرمسیری کشت می‌شود. با توجه به نقش کلیدی نیشکر در تأمین انرژی‌های تجدیدپذیر و محصولات مشتق‌شده از آن، این گیاه در کانون توجه بسیاری از تحقیقات کشاورزی و صنعتی قرار دارد. اما یکی از مهم‌ترین چالش‌هایی که تولید نیشکر را به‌ویژه در مناطق شور تحت تأثیر قرار می‌دهد، تنش شوری است. شوری خاک به‌عنوان یکی از مهم‌ترین تنش‌های محیطی، موجب کاهش رشد و عملکرد گیاه می‌شود و در سطح جهانی تهدیدی جدی برای تولید محصولات کشاورزی ایجاد می‌کند. تنش شوری تأثیرات منفی بسیاری بر رشد و توسعه نیشکر دارد؛ از جمله کاهش جذب آب، اختلال در متابولیسم و تجمع سدیم در بافت‌های گیاهی. در نتیجه، کاهش شدید عملکرد و کیفیت محصول در مناطقی که با شوری مواجه هستند، به یکی از مهم‌ترین دغدغه‌های کشاورزان و محققان تبدیل شده است. این مقاله مروری با هدف بررسی چالش‌های ناشی از شوری در نیشکر و ارائه راهکارهای نوین اصلاحی برای افزایش مقاومت این گیاه در برابر شوری تدوین شده‌است.

مواد و روش‌ها: این مطالعه مروری با استفاده از جستجوی سیستماتیک در پایگاه‌های داده علمی معتبر مانند PubMed، Scopus و Web of Science انجام شده‌است. ابتدا، بیش از ۱۰۰ مقاله که به موضوع شوری و نیشکر مرتبط بودند، مورد بررسی قرار گرفتند. معیارهای انتخاب مقالات شامل انتشار در مجلات معتبر با داوری همتا، مرتبط بودن با موضوع شوری و تمرکز بر روش‌های نوین اصلاحی بودند. پس از بررسی اولیه، مقالاتی که به‌طور خاص به راهکارهای نوین برای اصلاح نیشکر در برابر شوری پرداخته بودند، انتخاب و تحلیل شدند. اطلاعات استخراج‌شده از مقالات به‌صورت کیفی تحلیل و دسته‌بندی شدند تا چالش‌ها و روندهای اصلی شناسایی شوند.

یافته‌ها: نتایج این مطالعه نشان می‌دهند که شوری تأثیرات منفی گسترده‌ای بر فرآیندهای فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی نیشکر دارد. در مراحل اولیه تنش شوری، گیاه به‌دلیل کمبود آب و ایجاد تنش اسمزی با کاهش جذب آب و بسته‌شدن روزنه‌ها مواجه می‌شود که منجر به کاهش فتوسنتز و در نهایت کاهش رشد گیاه می‌شود. تجمع سدیم در سلول‌ها باعث ایجاد تنش یونی می‌شود که با تخریب غشاهای سلولی و کاهش فعالیت‌های آنزیمی همراه است. این فرایندها موجب پیری زودرس برگ‌ها و کاهش شدید غلظت ساکارز در ساقه‌های نیشکر می‌شوند، که تأثیر مستقیمی بر کیفیت محصول نهایی دارد. برای مقابله با این چالش‌ها، روش‌های مختلفی در سطح جهانی به‌کار گرفته شده‌اند. یکی از اصلی‌ترین روش‌ها، اصلاح ژنتیکی نیشکر از طریق روش‌های سنتی مانند انتخاب والدین مقاوم به شوری و انجام هیبریداسیون است. این روش‌ها امکان تولید ارقامی را فراهم می‌کنند که در شرایط شور مقاومت بیشتری از خود نشان می‌دهند. با این حال، به‌دلیل پیچیدگی‌های ژنوم نیشکر که شامل چندین مجموعه کروموزومی است، این فرآیند بسیار زمان‌بر است و گاهی ۷ تا ۱۲ سال برای تولید یک رقم مقاوم به شوری زمان نیاز دارد. همچنین، این پیچیدگی ژنتیکی باعث می‌شود که هر تلاقی هیبرید به‌صورت رویدادی منحصر به‌فرد و غیر قابل پیش‌بینی باشد، که این موضوع روند به‌نژادی را پیچیده‌تر می‌کند. در کنار روش‌های سنتی، رویکردهای نوین مولکولی به‌عنوان یکی از راهکارهای مهم اصلاح نیشکر در برابر شوری مطرح شده‌اند. ابزارهای مولکولی نظیر نشانگرهای مبتنی بر PCR و فناوری‌های ویرایش ژنومی مانند CRISPR می‌توانند با هدف قرار دادن ژن‌های کلیدی مقاومت به شوری و حذف یا تغییر ژن‌های حساس، به تولید ارقام نیشکر مقاوم به شوری کمک کنند. این روش‌ها نه‌تنها زمان لازم برای بهبود مقاومت را کاهش می‌دهند، بلکه امکان اصلاح دقیق‌تر و مطمئن‌تر را فراهم می‌کنند. علاوه بر اصلاح ژنتیکی، استفاده از میکروارگانیسم‌های محرک رشد گیاه (PGPBs) نیز به‌عنوان یک رویکرد مؤثر در کاهش اثرات شوری مطرح شده است. این میکروارگانیسم‌ها از طریق تولید هورمون‌های گیاهی مانند ایندول-۳-استیک اسید (IAA) و سیتوکینین‌ها، بهبود تبادل مواد مغذی، و تنظیم ترکیبات محافظ اسمزی نظیر قند کل محلول (TSS) و پرولین، به افزایش مقاومت نیشکر در برابر شوری کمک می‌کنند. همچنین، این میکروب‌ها با تولید آنتی‌بیوتیک‌ها، سیانید هیدروژن، و سایر ترکیبات ضدپاتوژن، از گیاه در برابر بیماری‌ها و عوامل محیطی محافظت می‌کنند. تحقیقات نشان داده‌اند که استفاده از این میکروارگانیسم‌ها می‌تواند اثرات منفی شوری را به‌طور قابل‌توجهی کاهش دهد و عملکرد نیشکر را در شرایط شور بهبود بخشد. روش‌های omics مانند ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس، متابولومیکس و یونومیکس به‌عنوان ابزارهای مؤثر در شناسایی ژن‌ها و مسیرهای مولکولی مرتبط با تحمل به شوری شناخته شده‌اند. این تکنیک‌ها به محققان امکان می‌دهند تا الگوهای بیان ژنی تحت شرایط شوری را شناسایی کنند و راهکارهای جدیدی را برای بهبود مقاومت نیشکر به شوری ارائه دهند. به‌ویژه، فناوری توالی‌یابی نسل جدید (NGS) نقش مهمی را در این زمینه ایفا کرده است و مطالعات ترنسکریپتوم بافت‌های مختلف نیشکر تحت شرایط تنش شوری را تسریع بخشیده است.

نتیجه‌گیری: در مجموع، نتایج این بررسی نشان می‌دهند که شوری به‌عنوان یکی از چالش‌های اصلی در تولید نیشکر، اثرات منفی گسترده‌ای بر رشد و عملکرد این گیاه دارد. با این حال، استفاده از روش‌های نوین اصلاحی، نظیر اصلاح ژنتیکی سنتی و مولکولی، استفاده از میکروارگانیسم‌های محرک رشد گیاه و بهره‌گیری از تکنیک‌های omics می‌تواند به‌طور قابل‌توجهی مقاومت نیشکر به شوری را بهبود بخشد. با توجه به اهمیت بالای نیشکر در صنعت جهانی، تحقیقات آینده باید بر بهینه‌سازی این روش‌ها و توسعه راهکارهای جدید متمرکز شوند تا از یک‌سو بهره‌وری و پایداری تولید نیشکر در مناطق شور افزایش یابد و از سوی دیگر بهبود کیفیت محصول نهایی تضمین شود.

واژه‌های کلیدی: اصلاح، پاسخ مرفولوژیک، تنش اسمزی، تکنولوژی امیکس، تکنولوژی نوین

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

مقدمه

شوری خاک یکی از نامطلوب‌ترین عوامل تنش‌زای محیطی است که رشد و نمو گیاهان را به شدت محدود کرده است و تولیدات کشاورزی را در سراسر جهان تهدید می‌کند (Iman talab *et al*., 2024). علاوه بر شورشدن طبیعی خاک، این وضعیت حتی با مصرف زیاد کودهای شیمیایی و ترمیم کننده‌های خاک، شیوه‌های آبیاری نامناسب و قرار داشتن در معرض آب شور تشدید می‌شود (Reyhanpour *et al.,* 2019). تخمین زده می‌شود که تولید محصولات زراعی در حداقل ۲۰ درصد از زمین‌های آبی جهان دچار اختلال شده است. حدود ۲ میلیون هکتار (۰.۱۳٪) از زمین‌های کشاورزی جهان هر ساله تحت شورشدن سریع قرار می‌گیرد (Nezhad *et al.*, 2018). خاکی شور در نظر گرفته می‌شود که فشار اسمزی حدود ۰/۲ مگاپاسکال و رسانایی الکتریکی (EC) محلول خاک به ۴ دسی زیمنس بر متر (معادل ۴۰ میلی مولار NaCl) ایجاد کند، که به‌طور قابل‌توجهی عملکرد اکثر محصولات را کاهش می‌دهد (Munns & Tester, 2008). اثر مضر شوری می‌تواند بسته به شرایط آب و هوایی، شدت نور، گونه‌های گیاهی یا شرایط خاک متفاوت باشد (Tang *et al.,* 2015). تنش شوری باعث مهار رشد گیاه، رشد غیر طبیعی و اختلال متابولیک می‌شود (Van Zelm *et al.,* 2020). اثرات مضر افزایش شوری روی گیاهان شامل تنش اسمزی و تجمع سدیم در خاک (تنش یونی) است (Ludwiczak *et al.*, 2021). تنش اسمزی ناشی از محلول هایپراسموتیک خاک، تورگر سلولی (فشار اسمزی) گیاه را مختل می‌کند. در مقابل، تنش یونی با اختلال در تعادل سدیم (Na^+)/پتاسیم (K^+) در داخل سلول مشخص می‌شود و فرآیندهای متابولیک و فیزیولوژیکی مختلف را مختل می‌کند (Zhang *et al.,* 2018). گزارش شده است که این دو فرآیند از نظر زمانی و مکانی در گیاهان در طول پاسخ به تنش شوری از هم جدا شده‌اند (Van Zelm *et al.,* 2020). با این‌حال، همپوشانی قابل توجهی بین تنش اسمزی و یونی در سیگنال دهی اولیه و با تاخیر وجود دارد (Van Zelm *et al.,* 2020). علاوه بر این، محتوای بالای گونه‌های اکسیژن فعال (ROS) در گیاهان نیز با قرار گرفتن در معرض نمک مشاهده می‌شود (Sadegh Ghol Moghadam *et al.,* 2024). الکترون‌های نشت‌شده از زنجیره انتقال الکترون (ETC) می‌توانند در طی متابولیسم هوازی با O2 واکنش نشان دهند و ROS تولید کنند (Xiao & Zhou, 2023). سطح سمی ROS به طور جدی متابولیسم سلولی طبیعی را از طریق اکسیداسیون ماکرومولکول‌هایی مانند لیپیدها، پروتئین‌ها و اسیدهای نوکلئیک مختل می‌کند و منجر به آسیب اکسیداتیو شدید می‌شود (Xiao & Zhou, 2023). به طور کلی، دو نوع گیاه از نظر تحمل متمایز به نمک وجود دارند. برخی از گیاهان، که هالوفیت نامیده می‌شوند، به طور طبیعی در محیط شور با بیش از ۲۰۰ میلی مولار NaCl رشد می‌کنند یا حتی با آن سازگار می‌شوند (Duarte *et al.*, 2014). در مقابل، اکثر گونه‌های گیاهی دیگر گلیکوفیت‌های حساس به نمک هستند و رشد و نمو آن‌ها به‌طور نامطلوبی توسط شوری خاک مهار می‌شود (Assaha *et al.*, 2017). نیشکر (*Saccharum officinarum* L.)، از خانواده: Poaceae) یک محصول اقتصادی صنعتی مهم است که در سطح جهان برای تولید شکر، اتانول، باگاس یا لیگنوسلولز کشت می‌شود و تحت تحقیقات چندبعدی گسترده قرار گرفته است (Figueroa-Rodríguez *et al*., 2019; Soltani Huwyzeh *et al*., 2008).

مواد و روش‌ها

در این مطالعه مروری، به‌منظور بررسی چالش‌های شوری و راهکارهای اصلاحی در گیاه نیشکر، مقالات علمی منتشر شده در پایگاه‌های معتبر بررسی شدند. جستجو در پایگاه‌های اطلاعاتی PubMed، Scopus، Web of Science، و Google Scholar انجام شد. کلیدواژه‌هایی نظیر "نیشکر"، "تنش شوری"، "اصلاح ژنتیکی"، "سازگاری گیاهی"، و "تکنولوژی‌های نوین" برای بازیابی مقالات مرتبط استفاده شدند.

معیارهای انتخاب شامل مقالات منتشرشده در مجلات علمی معتبر با فرآیند داوری همتا، مطالعات متمرکز بر تأثیر شوری بر نیشکر و روش‌های نوآورانه اصلاحی بودند. مقالاتی که معیارهای انتخاب را نداشتند، از تحلیل حذف شدند.

پس از انتخاب مقالات، داده‌های مرتبط با اثرات شوری بر نیشکر و روش‌های اصلاحی مورد استفاده در مطالعات استخراج و به‌صورت کیفی تحلیل گردیدند. برای اطمینان از صحت و جامعیت، کیفیت مقالات با استفاده از معیارهای ارزیابی استاندارد بررسی شد. همچنین، به‌منظور کاهش تعصب در انتخاب و تحلیل، جستجو و ارزیابی مقالات توسط نویسندگان به صورت مستقل انجام گرفت تا از جامعیت و اعتبار نتایج اطمینان حاصل شود.

پاسخ مورفولوژیک نیشکر نسبت به شوری

آبیاری با آب شور با توجه به اثرات و مکانیسم‌های مختلف در گیاهان گلیکوفیت در مقابل هالوفیت و همچنین بین گونه‌های مختلف از یک خانواده و جنس و حتی بین ارقام، اثرات متفاوتی بر رشد گیاه دارد؛ همچنین، سطوح مختلف نمک در آب آبیاری و مدت زمان قرار گرفتن در معرض تنش شوری تاثیرات متفاوتی را بر جای می‌گذارند. در پژوهشی مشخص شد که نمک‌های جذب شده توسط گیاهان مستقیماً رشد را کنترل نمی‌کنند، اما بر فشار اسمزی، فتوسنتز و/یا فعالیت آنزیم‌های خاص تأثیر می‌گذارند (Silva *et al.,* 2022). شوری رشد گیاه را از طریق اثرات اسمزی و سمی کاهش می‌دهد و مقادیر بالای نسبت جذب سدیم باعث سمیتی می‌شود که باعث افزایش مقاومت خاک، کاهش رشد ریشه و کاهش حرکت آب از طریق ریشه با کاهش هدایت هیدرولیکی می‌شود (Zhao *et al.,* 2020). همچنین، کاهش در ناحیه تاج‌پوشش ممکن است به‌عنوان یک مکانیسم اجتنابی در نظر گرفته شود که از دست دادن آب توسط تعرق در هنگام بسته‌شدن روزنه‌ها را به حداقل می‌رساند (Sengar, 2020). این اثر می‌تواند به حفظ یون‌های سمی در ریشه کمک کند و تجمع این یون‌ها را در قسمت هوایی گیاه محدود کند (Sengar, 2020). در شرایط شوری، خواص دیواره سلولی تغییر می‌کند و فشار اسمزی برگ و نرخ فتوسنتز (PN) کاهش می‌یابد که منجر به کاهش سطح کل برگ می‌شود (Zeeshan *et al*., 2020). علاوه بر این، رشد

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

ساقه (جزئی از قسمت هوایی) نیز به طور معمول با غلظت بالای نمک کاهش می‌یابد. افزایش نسبت ریشه به اندام هوایی یا کاهش نسبت اندام هوایی به ریشه یک پاسخ رایج به تنش شوری است که به عوامل مرتبط با تنش آبی (اثر اسمزی) به جای اثر خاص نمک مربوط می‌شود (Kibria & Hoque, 2019). نسبت ریشه بیشتر تحت تنش شوری می‌تواند به حفظ یون‌های سمی در این اندام کمک کند و انتقال آن‌ها به اندام‌های هوایی را کنترل کند. این پاسخ می‌تواند یک مکانیسم معمولی مقاومت/بقای گیاه در شرایط شوری را تشکیل دهد (Cassaniti *et al.,* 2012). غلظت بالای نمک در آب آبیاری منجر به کاهش رشد گیاه (Munns & Tester, 2008)، محدودکردن انبساط برگ (Cramer, 2002) و تغییر رابطه بین قسمت‌های هوایی و ریشه می‌شود (Tattini *et al.,* 1995). در شرایط شوری بالا، گونه‌های مختلف گیاهی توده ریشه خشک بیشتری نسبت به توده خشک اندام هوایی نشان داده‌اند که در نتیجه نسبت ریشه به اندام هوایی افزایش می‌یابد (Kumar *et al.,* 2023). در پژوهشی، آثار سطوح مختلف شوری بر ویژگی‌های مورفولوژیک هشت رقم نیشکر بررسی شد که نتایج، کاهش رشد و مقادیر صفات مورفولوژیک مانند وزن خشک، ارتفاع، تعداد پنجه، سطح و تعداد برگ را نشان دادند، و روند کاهش در ارقام متحمل کندتر بود (Soltani Huwyzeh *et al*., 2006, 2009).

جدول ۱- آثار مورفولوژیک تنش شوری در ارقام و واریته‌های مختلف گیاه نیشکر بر اساس مرور منابع
Table 1. Morphological effects of salinity stress in different cultivars and varieties of sugarcane based on a review of sources

مرجع Refference	اثرات مورفولوژیک Morhological effects	محیط اعمال تنش Stress environment	شدت تنش Intensity of tension	کشور Country	ارقام یا واریته Cultivars
Anitha *et al.,* 2015	کاهش طول ساقه، ریشه و سطح برگ Reductions in stem length, root length, and leaf area.	کشت هیدروپونیک با محیط هوگلند Hydroponic cultivation using the Hoagland solution.	0, 150, 200 میلی مولار NaCl 0, 150, 200 millimolar NaCl.	هندوستان India	CoC 671 CoC 24
Singh & Sengar, 2020	کاهش سطح برگ، تعداد پنجه و وزن خشک Reductions in leaf area, number of tillers, and dry weight	کشت گلدانی Pot experiment	0, 10, 20 دسی‌زیمنس بر متر 0, 10, 20 decisiemens per meter NaCl, Na2SO4, CaCl2.2H2O(3:2:1)	هندوستان India	۱۰ رقم مختلف 10 different genotypes
Rao et al., 2021	کاهش در مقادیر ارتفاع بوته، سطح برگ، تعداد پنجه Reductions in plant height, leaf area, and number of tillers.	طرح گلدانی Pot experiment	8 دسی زیمنس بر متر نمک‌های NaCl، Na2SO4 و CaCl2.2H2O (1:2:1) 8 decisiemens per meter of NaCl, Na2SO4, and CaCl2·2H2O salts (1:2:1)	هندوستان India	۳۸ رقم مختلف 38 different genotypes
Silva et al., 2022	کاهش وزن خشک، ارتفاع، تعداد پنجه، سطح و تعداد برگ Reductions in dry weight, height, number of tillers, leaf area, and number of leaves.	طرح گلدانی Pot experiment	0, 2, 7 دسی‌زیمنس بر متر NaCl 0, 2, 7 decisiemens per meter of NaCl	برزیل Brazil	۱۰ رقم مختلف 10 different genotypes
Simões et al., 2023	کاهش میزان ارتفاع، تعداد برگ، شاخص سطح برگ و قطر ساقه Reductions in plant height, number of leaves, leaf area index, and stem diameter	طرح گلدانی Pot experiment	-	برزیل Brazil	۳۲ ژنوتیپ مختلف 32 different genotypes
Dong et al., 2014	کاهش قطر ساقه، تعداد برگ و کاهش ارتفاع میانگره Reductions in stem diameter, number of leaves, and internode length.	طرح گلدانی Pot experiment	8000 ،6000 ،4000 ، 2000 و PPM 0 NaCl	اندونزی Indonesia	PS881PSJK922 BL

فیزیولوژیکی نیشکر تحت تنش شوری

ارتباط حسی و پاسخ اولیه گیاهان نسبت به شوری به‌دلیل القای تنش اسمزی که باعث کاهش رشد روزنه و کمبود تغذیه‌ای (مانند K^+ و Ca^{2+}) می‌شود، تقریباً یکسان است. با این حال، علاوه‌بر کم‌آبی، گیاهان در طول مواجهه طولانی‌مدت با نمک، تنش یونی را تجربه می‌کنند که باعث پیری برگ و اختلال در فتوسنتز می‌شود که منجر به تأثیر منفی بیشتر بر رشد می‌شود (Vasantha *et al.*, 2010). برای مثال، در آزمایشی که توسط سلطانی حویزه و همکاران صورت گرفت، آثار شوری بر جذب، انتقال و تجمع یون‌های Na^+، K^+، Cl^- و Ca^{2+} در برگ و ریشه ارقام مختلف نیشکر در محیط کشت هیدروپونیک، تحت غلظت‌های مختلف نمک بررسی شد. نتایج نشان دادند که با افزایش سطوح شوری، محتوای کلر در برگ و ریشه افزایش داشت. اندازه‌گیری میزان سدیم و پتاسیم نشان داد که تجمع سدیم در شرایط شوری بسیار بیشتر از پتاسیم بود و همچنین با افزایش شوری انتقال سدیم به اندام‌های هوایی بیشتر شد که منجر به کاهش رشد و عملکرد وزن خشک می‌شود (Soltani Huwyzeh *et al.*, 2008).

ازدیاد طول ریشه در طول مواجهه طولانی‌مدت با شوری به‌دلیل دسترسی به آب‌های زیرزمینی اتفاق می‌افتد (Brunner *et al.*, 2015). با این حال، قرار گرفتن طولانی‌مدت در معرض تنش شوری منجر به ایجاد ریشه‌های سنگین‌تر می‌شود که کلرید بیشتری را انباشته می‌کنند. تجمع غلظت‌های عظیم یون‌ها، به‌ویژه Na^{2+}، تأثیرات منفی بر ماشین‌های فتوسنتزی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

دارد و در نتیجه باعث کاهش فعالیت آنزیم‌ها و همچنین سنتز رنگدانه می‌شود. این حالت‌های تنش‌زا سرعت جذب کربن را کاهش می‌دهند، در حالی که ناتوانی گیاهان در جذب نور اضافی منجر به تجمع بیشتر گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) می‌شود که در نتیجه منجر به تنش اکسیداتیو می‌شود. اکثر گونه‌های گیاهی مکانیسمی برای دفع نمک دارند که می‌تواند با کاهش غلظت در سیتوپلاسم از طریق جداسازی در واکوئل، با ورود نمک به سلول گیاهی مقابله کند (Khan *et al.*, 2019). اثرات منفی بر فتوسنتز و سایر فعالیت‌های فیزیولوژیکی را می‌توان با اصلاح فرآیندهای فیزیولوژیکی آن‌ها کاهش داد. فتوسنتز یک فرآیند فیزیولوژیکی اصلی است که می‌تواند هدف اصلی عدم تعادل ناشی از خشک‌سالی و شوری باشد (Safdar *et al.*, 2019). اگرچه گیاهان دارای مکانیسم‌های پیچیده‌ای برای سازگاری تحت تنش‌های اسمزی و یونی ناشی از نمک زیاد از طریق تنظیم اسمزی با کمک سطوح بالای تجمع املاح سازگار هستند، به‌دلیل ماهیت بسیار حساس نیشکر، تأخیر شدید رشد در مراحل مختلف اثبات شده است (Kumar *et al.*, 2023). کاهش بازده فتوسنتزی تحت شرایط تنش شوری، بهره‌وری و کیفیت را تضعیف می‌کند و در نتیجه غلظت ساکارز ساقه کاهش می‌یابد (Cruz *et al.*, 2018). کاهش سرعت فتوسنتزی در نیشکر تحت تنش شوری احتمالاً پاسخی در برابر تنش است که در آن از کاهش رطوبت از طریق بسته‌شدن نسبی روزنه‌ها و به دنبال آن کاهش هدایت روزنه‌ای، کاهش سرعت تعرق و متعاقباً محدودیت در غلظت CO_2 داخلی روزنه، جلوگیری می‌شود (Sharma *et al.*, 2021). با این حال، عوامل غیر روزنه‌ای، مانند تخریب کلروفیل و کاهش فعالیت آنزیم فتوسنتزی، نیز می‌توانند نقش عمده‌ای داشته باشند (Pan *et al.*, 2021). علاوه بر این، تنش شوری بر سایر اجزای ماشین‌های فتوسنتزی، مانند کلروفیل و سایر رنگدانه‌های جانبی، آنزیم‌های بیوسنتزی و تثبیت کربن RuBisCo، تأثیر می‌گذارد (Pan *et al.*, 2021). مهار فتوسنتز ناشی از شوری تا حدودی با کمپلکس PSII مرتبط است. کاهش فعالیت PSII و کاهش بازده کوانتومی انتقال الکترون، مجموعه رنگدانه پروتئین فتوسنتز را تغییر می‌دهد (Demetriou *et al.*, 2007). کاهش حداکثر بازده کوانتومی PSII (Fv/Fm) در نیشکر تحت تنش شوری به‌دلیل جذب کمتر آب، پتانسیل الکتروشیمیایی ATP سنتاز و همچنین photo-system-I را کاهش می‌دهد که می‌تواند از طریق تداخل مانع از تولید ATP و NADPH در دستگاه فتوسنتزی شود (de Almeida Silva *et al.*, 2018). تنوع در پارامترهای کمپلکس فتوسنتزی به مدت و شدت تنش بستگی دارد. محتوای کلروفیل برگ گیاه نقش بسزایی در ظرفیت فتوسنتزی آن دارد. کاهش محتوای کلروفیل کل در ارقام متحمل و حساس نیشکر در معرض شوری مشاهده شد و میزان کاهش در ارقام متحمل کمتر دیده شد. علاوه بر این، سنتز فنلی و آنتوسیانین افزایش یافت (Wahid & Ghazanfar, 2006). واریته‌های تجاری، که محتوای کلروفیل بیشتری در طول تنش شوری دارند، فعالیت بالاتری از آمینولولینیک اسید سنتاز (ALA synthase) یا کلروفیلاز پایین‌تر را نشان می‌دهند. وقفه در پتانسیل فتوسنتزی ناشی از رنگدانه های فتوسنتزی پایین، راندمان تولید اولیه محصول نیشکر را کاهش می‌دهد (Dhansu *et al.*, 2022).



شکل ۱- پیامدهای شوری بر عملکرد فتوسنتزی. کاهش فعالیت آنزیمی و همچنین زنجیره انتقال الکترون (ETC) که منجر به پارگی غشاء، کاهش در دسترس بودن CO_2 و پیری برگ می‌شود، هم‌چنین، سمیت یونی، اختلال در غشاء، کاهش رسانایی روزنه‌ای، بازده کوانتومی PSII کمتر و سرعت انتقال الکترون کندتر می‌شود که به نوبه خود باعث کاهش فعالیت آنزیم فتوسنتزی می‌شود (Kumar *et al*., 2023).

Figure 1- Effects of salinity on photosynthetic production. Enzyme activities and the electron transport chain (ETC) lead to membrane rupture, a reduction in CO_2 acquisition, and leaf senescence, also, ion toxicity, membrane inhibition, reduced stomatal conductance, lower PSII quantum efficiency, and a slower electron transport rate, which in turn reduces the activity of the photosynthetic enzyme (Kumar *et al*., 2023).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

جدول ۲- پاسخ‌های فیزیولوژیک تنش شوری در ارقام و واریته‌های مختلف گیاه نیشکر
Table 2. Physiological responses to salinity stress in different cultivars and varieties of sugarcane

مرجع Reference	پاسخ فیزیولوژیک Physiological response	محیط اعمال تنش Stress environment	شدت تنش Intensity of tension	کشور Country	ارقام یا واریته Cultivars
Dhansu *et al.*, 2022	کاهش رشد، محتوای نسبی آب و صفات تبادل گاز، محتوای کلروفیل، نرخ فتوسنتزی و هدایت روزنه‌ای افزایش Na^+ و K^+ در عصاره Reductions in growth, relative water content, and gas exchange traits, chlorophyll content, photosynthetic rate, and stomatal conductance. Increases in Na+ and K+ in the extract.	طرح گلدانی Pot experiment	12، 8 و 4دسی زیمنس NaCl 12, 8, and 4 dS/m NaCl.	هندوستان India	9 ژنوتیپ مختلف 9 different genotypes
Rao *et al.*, 2021	کاهش فتوسنتز خالص، کاهش رسانایی روزنه و کاهش نرخ فتوسنتز کاهش سطح برگ، غلظت قند و سرعت جذب CO_2 Reductions in net photosynthesis, stomatal conductance, and photosynthetic rate. Reduction in leaf area, sugar concentration, and the CO_2 uptake rate	طرح گلدانی Pot experiment	8دسی زیمنس بر متر نمک‌های NaCl، Na_2SO_4 و $CaCl_2 2H_2O$ (۱:۲:۱) 8 dS/m of salts including NaCl, Na_2SO_4, and $CaCl_2 \cdot 2H_2O$ in a 1:2:1 ratio.	هندوستان India	38 رقم مختلف 38 different genotypes
Simoes *et al.*, 2020	کاهش رسانایی روزنه و کاهش نرخ فتوسنتز Reductions in stomatal conductance and the photosynthetic rate.	طرح گلدانی Pot experiment	0,1,2,4,6,8 دسی‌زیمنس بر متر 0, 1, 2, 4, 6, 8 decisiemens per meter	برزیل Brazil	VAT90212 RB72454 RB867515 Q124 RB961003 RB957508 SP791011 RB835089 RB92579 SP943206
Watanabe *et al.*, 2020	کاهش سطح برگ، غلظت قند و سرعت جذب CO_2 Reductions in the leaf area, sugar concentration, and CO_2 uptake rate.	طرح گلدانی Pot experiment	0,200, 500, 1000, 2000 , 3000 میلی‌گرم NaCl در لیتر 0, 200, 500, 1000, 2000, 3000 mg/L NaCl	ژاپن Japan	NiF8
Zhao *et al.*, 2020	کاهش نرخ فتوسنتز خالص برگ، هدایت روزنه‌ای، غلظت CO_2 بین سلولی، غلظت قند محلول در آب و انتقال فتوآسیمیلات به سایر بافت‌های گیاهی Reductions in the net leaf photosynthesis rate, stomatal conductance, intercellular CO2 concentration, soluble sugar content, and the transfer of photoassimilates to other plant tissues.	طرح گلدانی Pot experiment	0, 38, 75, 150, 300میلی‌مولار NaCl 0, 38, 75, 150, 300 millimolar NaCl	فلوریدا Florida	CP96-1252 CP00-1101
Cruz *et al.*, 2018	کاهش میزان نسبت سدیم به پتاسیم کاهش هدایت روزنه‌ای و محتوای نسبی آب کاهش رشد و افزایش نشت الکترولیت با آسیب به دستگاه فتوشیمیایی فتوسنتز A reduction in the sodium-to-potassium ratio. Reductions in stomatal conductance and relative water content. Decreased growth and increased electrolyte leakage due to damage to the photosynthetic photochemical apparatus.	طرح گلدانی Pot experiment	800 میلی‌گرم سدیم در یک کیلوگرم خاک 800 mg/kg of sodium in soil	برزیل Brazil	IAC91-1099
Anitha *et al.*, 2015	کاهش محتوای کلروفیل کل، پایداری غشای سلولی، محتوای نسبی آب، کاهش رشد و افزایش میزان پرولین و همچنین آنزیم آنتی‌اکسیدانی کاتالاز Reductions in total chlorophyll content, cell membrane stability, and relative water content, along with decreased growth and increased levels of proline and the antioxidant enzyme catalase.	کشت هیدروپونیک با محیط هوگلند Hydroponic cultivation using the Hoagland solution.	200، 150 و 0 میلی‌مولار NaCl 200, 150, and 0 millimolar NaCl	هندوستان India	CoC 671 CoC 24
Murad *et al.*, 2014	کاهش فتوسنتز خالص، پتانسیل آب و توده خشک ریشه و اندام هوایی Reductions in net photosynthesis, water potential, and dry matter of roots and aerial parts.	طرح گلدانی Pot experiment	100 و 0 میلی‌مولارNaCl 200 and 0 millimolar NaCl	برزیل Brazil	Rb867515 RB855536
Gomathi *et al.*, 2010	کاهش پتانسیل اسمزی، پتانسیل آب برگ، محتوای نسبی آب، فلورسانس کلروفیل افزایش تجمع پرولین و پلی‌ال‌ها Reductions in osmotic potential, leaf water potential, relative water content, and chlorophyll fluorescence. Increased accumulation of proline and polyols.	طرح گلدانی Pot experiment	7 , 0 دسی‌زیمنس بر متر 0 and 7 decisiemens per meter		C92038 Co85004 C85036Si94050
Naidoo *et al.*, 2004	کاهش رشد، پتانسیل آب برگ و زیست توده کاهش ساکارز Reductions in growth, leaf water potential, and biomass. A reduction in sucrose content.	طرح گلدانی Pot experiment	محلول‌هایی با شدت شوری 180- 120 MS/M $MgSO_4$ و $CaCl_2$ Solutions with salinity levels of 180-120 mS/m of $CaCl_2$ and $MgSO_4$	آفریقای جنوبی South Africa	N22، N17، NCo376

سازگاری و سیگنالینگ تنش شوری

شرایط شوری بالا با تأثیر بر جذب طبیعی آب توسط سلول‌های ریشه و افزایش سطح سمیت یون‌های خاص، رشد و نمو گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Dresselhaus & Hückelhoven, 2018). به‌طور کلی، تغییرات در سرعت رشد و فعالیت فتوسنتزی، پارامترهای اصلی هستند که باید برای آشکار کردن اثرات تنش شوری و سطح تحمل گیاهان ارزیابی شوند (Dias & Blanco, 2010). علاوه بر این، سرعت رشد گیاه و فعالیت فتوسنتزی به‌دلیل دسترسی کم به دی‌اکسید کربن در طول تنش شوری تحت تأثیر نامطلوب قرار می‌گیرند (Simões *et al.*, 2018). کلروفیل انرژی نور را در طول فرآیند فتوسنتز جذب می‌کند، بنا بر این، سطوح بالای کلروفیل باعث افزایش تبادل گازی و سازگاری با تنش شوری می‌شوند (Taiz *et al.*, 2017). کاهش محتوای کلروفیل هنگام قرار

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

گرفتن در معرض تنش شوری بر روی واریته نیشکر RB867515 گزارش شد (Willadino *et al.,* 2011). در این مکانیسم دفاعی که عموماً تحت تنش مشاهده می‌شود، کاهش جذب انرژی نور و محتوای کلروفیل، تغییر در شار الکترون در زنجیره انتقال الکترون، کاهش تثبیت CO_2 و تشکیل رادیکال‌های آزاد اکسیژن اغلب در سلول‌های گیاهی مشاهده می‌شود (Simões *et al.,* 2019). تنش شوری، با کاهش سرعت فتوسنتزی، متابولیسم کربوهیدرات و حرکت روزنه در نیشکر را تغییر می‌دهد، افزایش سطح شوری باعث بسته شدن روزنه‌ها به عنوان یک مکانیسم حفاظتی برای جلوگیری از اتلاف آب به وسیله تعرق می‌شود (Simões *et al.,* 2019).

در گیاهان، اسید آبسیزیک (ABA) نیز نقش مهمی را به‌عنوان ادراک سیگنال تنش‌های محیطی و اجرای پاسخ مناسب سلول نسبت به تنش‌ها ایفا می‌کند. ABA به‌عنوان یک واسطه کلیدی در تنظیم پاسخ سیگنالینگ به تنش با کاهش هدایت روزنه‌ای و سرعت تعرق برای جلوگیری از اتلاف آب از طریق برگ‌ها خدمت می‌کند (An *et al.,* 2016; Li *et al.*, 2016). علاوه بر این، گزارش‌های مختلف اهمیت SA را در مبارزه با تنش شوری و دفاع از گیاه در برابر این تنش‌ها خاطرنشان می‌کند (Fahad & Bano, 2012) . آلمیدا و همکاران (۲۰۱۳) بیان متفاوت ساکارز فسفات و ترهالوز-۶-فسفات را تحت تنش شوری در نیشکر به دنبال محلول‌پاشی SA گزارش کردند (Almeida *et al.,* 2013). در گیاهان، اسید آبسیزیک (ABA) نیز نقش مهمی را به‌عنوان ادراک سیگنال تنش محیطی و اجرای پاسخ مناسب سلول نسبت به تنش‌ها ایفا می‌کند. ABA به عنوان یک واسطه کلیدی در تنظیم پاسخ سیگنالینگ به تنش با کاهش هدایت روزنه‌ای و سرعت تعرق برای جلوگیری از اتلاف آب از طریق برگ‌ها به کار می‌رود. ABA از فعالیت PP2C (پروتئین فسفاتازهای نوع C۲) جلوگیری می‌کند (Himmelbach *et al*., 2003).

تنظیم هورمونی گیاهی

تشخیص رویداد تنش، آبشارهای انتقال سیگنال را آغاز می‌کند. تعامل بیشتر با فیتوهورمون‌های انتقال سیگنال از طریق مسیر صورت می‌گیرد (Mohinani *et al.*, 2021). بیوسنتز، تجمع و توزیع گروه متنوعی از فیتوهورمون‌ها مانند ABA، سیتوکینین‌ها (CK)، SA، ایندول-۳-استیک اسید (IAA)، اسید جاسمونیک (JA) و جیبرلین‌ها (GA) تحت تأثیر شرایط تنش خشکی و شوری قرار می‌گیرند (Gujjar & Supaibulwatana, 2019). رودریگز و همکاران بیان متفاوت ژن‌های مرتبط با متابولیسم هورمون، پاسخ تنش، انتقال سیگنال و فتوسنتز را تحت سطوح مختلف خشکی در نیشکر گزارش کردند (Rodrigues *et al.*, 2011). تحت تنش ناشی از خشکی و شوری، درک سیگنال باعث سنتز فیتوهورمون اسید آبسیزیک می‌شود که نقش مهمی را در پاسخ به تنش ایفا می‌کند. تنش درک‌شده توسط گیاهان باعث سنتز ABA عمدتاً در ریشه می‌شود. علاوه بر این، سنتز ABA می‌تواند در سلول‌های برگ انجام و در سراسر گیاه جابه‌جا شود و همچنین فعالیت‌های فیزیولوژیکی مانند دیافراگم روزنه، فعالیت کانال‌ها و افزایش بیان ژن‌های مرتبط با پاسخ ABA را تنظیم کند (Ullah *et al.*, 2018).

تعامل منبع/مخزن

در طول مراحل رشد گیاه، ارتباط بین اندام‌های منبع و مخزن بر جذب کربوهیدرات‌ها و تقسیم و یا تخصیص آن‌ها تأثیر می‌گذارد، که هر دو ارتباط نزدیکی با فتوسنتز دارند. کاهش فعالیت فتوسنتزی تحت شرایط تنش خشکی و شوری، تأثیر بر جریان کربن در اندام‌های مخزن را تشدید می‌کند (Ma *et al.*, 2020). کاهش فتوسنتز منجر به تغییر در کربوهیدرات ها در منبع و ناسازگاری در الگوی جابجایی بین سطح منبع و مخزن در شرایط خشکی و شوری، به ویژه در گیاهان جابجاکننده ساکارز می‌شود (Rodrigues *et al.*, 2019).

پاسخ بیوشیمیایی نیشکر تحت تنش‌های شوری

تولید ROS در شرایط تنش به غشاها و مولکول‌های زیستی گیاهی آسیب می‌زند که بر فرآیندهای فیزیولوژیکی تأثیر می‌گذارند. سیستم دفاعی آنتی‌اکسیدانی، ROS تولیدشده در سلول‌های گیاهی را از بین می‌برد که در توسعه بهتر محصول، سیگنال‌دهی کاهش (Reduction) گیاهی و ارتباط متقابل میکروب-گیاه شرکت می‌کند (Hasanuzzaman *et al.,* 2020). گیاهان از مکانیسم‌های دفاعی آنتی‌اکسیدانی آنزیمی و غیر آنزیمی برای کاهش تخریب ناشی از تولید ROS استفاده می‌کنند که از جمله آنتی‌اکسیدان آنزیمی می‌توان به کاتالاز (CAT)، سوپراکسید دیسموتاز (SOD)، پراکسیداز (POX)، آسکوربات پراکسیداز (APX)، پراکسیداز لیپیدی (LPX)، گلوتاتیون پراکسیداز (GPX) و گلوتاتیون ردوکتاز (GR) و آنتی‌اکسیدان‌های غیر آنزیمی به توکوفرول‌ها، استیلبن‌ها، فنل‌ها، آسکوربات، گلوتاتیون، فلاونوئیدها و کاروتنوئیدها اشاره کرد. در دهه‌های اخیر، فلاونوئیدها به عنوان یک آنتی‌اکسیدان قوی در سیستم‌های گیاهی در نظر گرفته شده‌اند. این سیستم‌های آنتی‌اکسیدانی آنزیمی و غیر آنزیمی و اسمولیت‌ها، ROS تولیدشده در طول تنش‌های خشکی و شوری را خاموش می‌کنند، در نتیجه از سلول‌ها در برابر تنش اکسیداتیو محافظت می‌کنند (Kumar *et al.*, 2021).مکانیسم دفاعی آنتی‌اکسیدانی نقش مهمی در جلوگیری از تنش شوری و هم‌چنین رشد محصول دارد (Gupta *et al.,* 2022). در طول متابولیسم هوازی، تقریباً ۱ تا ۲ درصد از اکسیژن جذب‌شده توسط گیاهان به عنوان یک محصول جانبی در اندامک‌های سلولی مانند میتوکندری، کلروپلاست و پراکسی‌زوم‌ها به ROS تبدیل می‌شود. اکسیژن تک، رادیکال هیدروکسیل، رادیکال سوپراکسید، پراکسید هیدروژن، رادیکال‌های آلکوکسی و رادیکال‌های پراکسی به‌عنوان گونه‌های اکسیژن فعال طبقه‌بندی می‌شوند (Farnese *et al.*, 2016; Miller *et al.,* 2010). واکنش‌های زنجیره‌ای فتوشیمیایی و انتقال الکترون عمدتاً به تولید ROS در سلول‌های گیاهی کمک می‌کنند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

شرایط تنش غیر زیستی، به‌ویژه خشکی و شوری، منجربه افزایش تصاعدی در تولید ROS می‌شوند و سیستم‌های دفاعی آنتی‌اکسیدانی قادر به حذف ROS تولیدشده نیستند و منجربه انفجار اکسیداتیو می‌شود که به بیومولکول‌ها، تعادل اسمزی و هموستازی سلولی آسیب می‌رساند (Segal & Wilson, 2018).

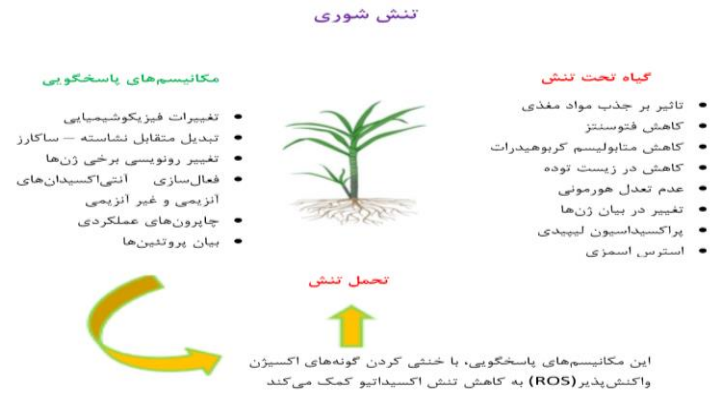
سیستم‌های آنتی‌اکسیدانی

فعال شدن سیستم دفاعی آنتی‌اکسیدانی یک فرآیند شیمیایی مهم برای تنش اکسیداتیو با توجه به سازگاری گیاه است (Akter *et al.,* 2021). بنا بر این، افزایش بیان در سطوح رونویسی و پس از رونویسی سیستم دفاع آنتی‌اکسیدانی به عنوان یک نشانگر مهم برای تنش‌هایی مانند خشکی و شوری عمل می‌کند (Zuo *et al.,* 2023). حذف‌کننده‌های مهم ROS در گیاهان APX، CAT و GPX هستند. در مقایسه با افزایش بیان CAT و GPX، افزایش بیان APX به شدت در سطح پس از رونویسی رخ می‌دهد. APX یک آنزیم نشانگر برای سیتوزول، کلروپلاست و پراکسی‌زوم‌ها است و در همه گونه‌های گیاهی یافت می‌شود (Kesawat *et al.,* 2023). در آرابیدوپسیس، موتانت alx8 (تغییر بیان APX2) تحمل نسبت به تنش خشکی را افزایش داد (Estavillo *et al.,* 2011). تنباکوی تراریخته با فوق بیان APX (پراکسی زومی/سیتوزولی) از صنوبر عملکرد گیاه را در طول خشک‌سالی افزایش داد (Rodrigues *et al.,* 2009). رودریگز و همکاران افزایش بیان یک ژن پراکسیداز را در یک رقم نیشکر مقاوم به خشکی مشاهده کردند و کاهش فعالیت پراکسیداز به‌عنوان یک محدودکننده برای غیر فعال کردن ROS نیشکر در نظر گرفته شد (Rodrigues *et al.,* 2009).

CAT یک آنزیم تترامریک حاوی هم است. در پراکسی‌زوم‌ها، واکنش کاتالاز شامل تغییر شکل H_2O_2 به H_2O و O^{2-} است. شکل ایزومری کاتالاز (CAT2) در طول تنش شدید خشکی مهم است. فعال‌سازی CAT در سطح پس از رونویسی رخ می‌دهد. تنظیم پیچیده فعالیت CAT شامل بیان ژن، ترجمه و گردش پروتئین زمانی است که گیاهان در معرض خشکی شدید قرار می‌گیرند (Sofo *et al.,* 2015). فعالیت‌های APX و CAT سطوح اکسیداسیون و کاهش را در سلول‌ها کنترل می‌کنند و ممکن است به افزایش ظرفیت برخی از ارقام نیشکر برای تجزیه H_2O_2 در شرایط خشکی کمک کنند (Jain *et al.,* 2015; Sales *et al.,* 2015).

SOD یک کلاس متالوآنزیم است و تغییر مولکول O_2 را به اکسیژن مولکولی و H_2O_2 کاتالیز می‌کند. فعالیت بالاتر ایزوفرم‌های SOD (Mn-SOD، Fe-SOD، Cu، و Zn-SOD) تجمع O^{2-} را در اندامک‌های سلولی مختلف در طول تنش خشکی خنثی می‌کند. گیاهان تراریخته که به خشکی مقاوم‌تر هستند، فعالیت بیشتری از Cu-Zn SOD نشان دادند (Wu *et al.,* 2016). فعالیت SOD در نیشکر توسط شرایط کمبود آب تنظیم می‌شود (Jain *et al.,* 2015). علاوه بر این، ارقام نیشکر مقاوم به خشکی حداکثر فعالیت SOD را در شرایط کمبود آب از خود نشان می‌دهند (Jangpromma *et al.,* 2012). ایزوفرم‌های مختلف SOD در ارقام نیشکر با الگوهای بیانی متفاوت تأثیر عمده‌ای بر پاسخ آنتی‌اکسیدانی در شرایط تنش دارند (Jain *et al.,* 2015).

با این حال، ترکیبات با وزن مولکولی کم، مانند گلوتاتیون–S– ترانسفراز (GST)، تیول‌پراکسیدازها و GPX، در یک سیستم دفاعی آنتی‌اکسیدانی دخالت دارند. خشکی فعالیت تیول پراکسیدازها، مانند NADPH–تیوردوکسین ردوکتاز (NTR)، TRX ردوکتاز وابسته به فرودوکسین (FTR) و سیستم های GSH/GRX، را افزایش می‌دهد. برای غلبه بر فعالیت تنش خشکی، رونوشت‌های MDHAR، DHAR، GST و GR نیز بیان شدند (Vaseghi *et al.,* 2018). PRX نقش عمده‌ای را در طول سیگنال‌های کاهش و انتقال اطلاعات در سلول بازی می‌کند، که ممکن است عملکرد غالب آن‌ها تحت تنش خشکی باشد (Thalmann & Santelia, 2017). برای محافظت از سلول‌های گیاهی در برابر آسیب اکسیداتیو، مولکول‌های آنتی‌اکسیدانی غیر آنزیمی می‌توانند همراه با سیستم مهار آنزیمی ROS کار کنند. در نیشکر، تجمع اسمولیت‌ها در شرایط خشکسالی از آسیب‌های مرتبط با تولید ROS جلوگیری می‌کند (Guimarães *et al.,* 2008). پرولین یک حذف‌کننده کارآمد ROS است. علاوه بر این، پرولین می‌تواند به‌عنوان یک اسمولیت سازگار و چپرون مولکولی عمل کند. در طول شرایط کمبود آب، پرولین عمدتاً به‌دلیل افزایش سنتز و کاهش تخریب در گیاهان انباشته می‌شود (Das & Roychoudhury, 2014).



شکل ۲– تاثیرات تنش شوری بر گیاه نیشکر و مکانیسم‌های پاسخگویی برای مقابله با این پیامدها (Kumar *et al.,* 2023).

Figure 2. Effects of salinity stress on the sugarcane plant and response mechanisms to deal with these consequences (Kumar *et al.,* 2023)

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

اصلاح برای تحمل به شوری در نیشکر

در میان روش‌های مختلف اصلاح نیشکر، دو رویکرد، یعنی روش‌های اصلاح سنتی (شامل انتخاب والدین، هیبریداسیون و انتخاب نتاج) و روش‌های اصلاح مولکولی که مکمل رویکردهای سنتی با استفاده از ابزار مولکولی هستند، رویکردهای اصلی هستند.

اصلاح متعارف

در جریان تغییرات اقلیمی کنونی، وقوع مکرر تنش‌های غیر زیستی، مانند تنش شوری در مناطق مختلف، محدودیت‌های اصلی برای سیستم تولید نیشکر است که منجر به کاهش تناژ می‌شود. علیرغم پیشرفت اخیر در اصلاح متعارف و همچنین تکنیک تبدیل و اصلاح، نیشکر مقاوم به شوری هنوز یک چالش بزرگ است. این محدودیت‌ها به دلیل ژنوم پیچیده نیشکر، واکنش‌های پیچیده گیاه به شرایط شوری و مشکل در شناسایی صفات مورفوفیزیولوژیکی است که می‌توانند در طول فرآیندهای انتخاب برای تولید تجاری محصولات مقاوم مورد استفاده قرار گیرند. انواع انتخاب والدین از دیدگاه توسعه ارقام تجاری بسیار مهم است و به عملکرد نتاج بستگی دارد (Kumar *et al.,* 2023; Moradi *et al.,* 2016). پاسخ کلون‌ها به تنش‌های مختلف زیستی و غیر زیستی، علاوه بر عملکرد نیشکر و محتوای ساکارز، باید معیار اصلی برای انتخاب لاین‌های خوب والدین در شرایط متغیر آب و هوایی باشد. دو نوع رویکرد انتخاب، یعنی انتخاب فردی و خانوادگی، در برنامه‌های اصلاح نیشکر مورد استفاده قرار می‌گیرند. رویکرد انتخاب فردی زمانی استفاده می‌شود که شخصیت‌ها (کاراکتر-ها) وراثت‌پذیری بالایی داشته باشند، و انتخاب خانواده زمانی استفاده می‌شود که وراثت‌پذیری میانگین خانواده بیشتر از یک گیاه منفرد باشد (Meena *et al.,* 2020).

تکنیک‌های هیبریداسیون شامل تلاقی دووالدینی و چندوالدین به‌ترتیب شامل دو و بیش از دو والدین است (Sandhu *et al.*, 2021). تکنیک‌های هیبریداسیون و انتخاب عمدتاً در برنامه‌های اصلاح نیشکر برای تولید کلون‌های نوترکیب جدید با عملکرد بالا، محتوای قند و مقاومت در برابر تنش‌ها استفاده می‌شوند. به طور کلی، والدین برای اصلاح برای مناطق شبه جزیره و منطقه دشت شمال هند باید بر اساس رژیم‌های آبی، الگوهای بارندگی و امکانات آبیاری انتخاب شوند. تا آن‌جا که به عملکرد و ساکارز مربوط می‌شود، مطالعات نشان می‌دهند که در اصلاح نیشکر، باید به انتخاب لاین‌های ماده نسبت به لاین‌های نر اهمیت بیشتری داده شود (Misra *et al.,* 2020). در طول اصلاح نژاد نیشکر برای تحمل به خشکی، انتخاب صفاتی مانند تعداد ساقه، ارتفاع، قطر و وزن بسیار مهم است. ادغام صفات فیزیولوژیکی مناسب در برنامه انتخاب در بهبود ژنوتیپ ها در برابر تنش‌های خشکی و شوری ارزشمند خواهد بود. در گذشته، روش‌های سنتی اصلاحی در توسعه ارقام مقاوم به خشکی مانند Co-87 و Co-263 مثمر ثمر بوده‌اند (Govindaraj & Mahadevaswamy, 2021). در بررسی شاخص‌های انتخاب مناسب برای اصلاح عملکرد در نیشکر، راندمان شاخص‌های اسمیت - هیزل ۱ و ۲ برای بهبود همزمان صفات قطر ساقه، ارتفاع ساقه و درصد خلوص شکر در مقایسه با شاخص پسک بیکر پیشنهاد شد (Moradi & Soltani Hoveize, 2021).

اصلاح متعارف در درجه اول برای افزایش تنوع ژنتیکی در نیشکر به منظور بهبود تنوع استفاده شده است. در طول مرحله رشد، تشکیل و ازدیاد طول به طور فعال رخ می‌دهد (Jaiphong *et al*., 2016) و تنش آبی باعث از دست دادن تولید محصول تا ۶۰٪ می‌شود (Basnayake *et al.,* 2012). در مقابل، تنش متوسط بر عملکرد ساکارز در مرحله بلوغ اثر مثبت دارد. اعمال تنش در مراحل خاص محصول روشی موثر برای غربال‌گری تنش غیر زیستی و ثبت مشاهدات بر روی پارامترهای فیزیوبیوشیمیایی در فواصل زمانی مختلف محصول است. خشکی بیشترین تأثیر را بر صفات پیچیده، مانند پارامترهای اندام هوایی، برگ و ریشه دارد. با این حال، کنترل ژنتیکی آنها بین ژنوتیپ‌ها متفاوت است. تحت تنش آبی، تنوع ژنتیکی بسیار قابل بهره‌برداری برای عملکرد نیشکر و شکر مشاهده شد (Meena *et al.,* 2020).

غربالگری ارقام متحمل که وراثت‌پذیری پایین و برهمکنش زیاد بین ژنوتیپ و محیط (G × E) را نشان می‌دهند به‌دلیل پیچیدگی صفات و ژن‌ها دشوار است (dos Santos *et al.,* 2022). لاین‌های مقاوم به خشکی برخی از محصولات منتخب از طریق اصلاح نباتات معمولی تولید شدند، اما این روش زمان‌بر، پرزحمت و پرهزینه است (Bhat *et al.,* 2020). فیزیولوژی محصول، اصلاح به کمک نشانگر، مطالعات گسترده ارتباطی ژنومی (GWAS)، ویرایش ژن و omics (ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس، و متابولومیکس) همگی برای ارائه دانش و ابزار برای بهبود گیاه استفاده می‌شوند (Oladosu *et al.,* 2019). علی‌رغم اهمیت جایگاه‌های کمّی صفت (QTL) و GWAS در شناسایی مناطق ژنومی مرتبط با صفات شوری، گونه‌های ژنتیکی مرتبط با صفات مرتبط با شوری تا حد زیادی ناشناخته هستند (Liu & Qin, 2021). با توجه به این موضوع، نیاز مبرمی به ادغام تکنیک‌های اصلاحی مدرن با پلتفرم‌های چند omics و فنوتیپ‌سازی با توان بالا وجود دارد تا درک ما از پاسخ به تنش شوی در نیشکر را به میزان قابل توجهی بهبود بخشد.

استفاده از خزانه ژنی

گونه‌های والد نیشکر دارای ژنوم پیچیده‌ای هستند که از یک خزانه بزرگ تولید مثلی از پنج جنس نزدیک به هم‌تکامل یافته است (Scortecci *et al.,* 2012). چند گونه *Saccharum* sp. و جنس‌های مرتبط، از جمله *Erianthus* spp.، *Saccharum barberi*، *Saccharum sinense* و *S. robustum*، منابع خوبی برای القای تحمل به شوری در ارقام تجاری هستند (Oliveira *et al*., 2022). سطح پلوئیدی گونه *Saccharum* از ۵X تا ۱۶X متغیر است (Manners *et al.,* 2004). ارقام مدرن نیشکر با هیبریداسیون بین گونه‌ای بین *S. officinarum* و *S. spontaneum* تولید می‌شوند. نیشکر استوایی، که *S. officinarum* است، دارای ساقه ضخیم‌تر، محتوای قند بالاتر و کروموزوم پایه X = 10 است. *S. spontaneum* گونه‌ای وحشی با کروموزوم پایه X = 8 است که به تنش‌های زیستی و غیر زیستی متحمل است (Sica, 2021).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

گونه‌های متنوع این جنس‌ها را می‌توان براساس توانایی تلاقی آن‌ها با نیشکر کشت‌شده به خزانه‌های ژنی مختلف طبقه‌بندی کرد. خزانه ژن اولیه (GP-I): شامل گونه‌هایی است که دارای ژنوم سازگار و بسیار مشابه با نیشکر هستند. در این گروه، کل ژنوم والد اولیه ممکن است در والد دوم حضور داشته باشد یا بخش بزرگی از آن با والد دیگر همپوشانی دارد. این امر باعث می‌شود تا تلاقی به راحتی انجام شود و هیبریدهای حاصل باروری بالایی داشته باشند. خزانه ژن ثانویه (GP-II): شامل گونه‌هایی است که با نیشکر کشت‌شده مشکلاتی در تلاقی دارند و هیبریدهای حاصل اغلب عقیم یا دارای باروری پایین هستند. *S. spontaneum*، *S. barberi*، *S. sinense* و *S. robustum* را می‌توان به‌عنوان یک مخزن ژن ثانویه در نظر گرفت. اما تعداد نسل‌های اصلاحی مورد نیاز برای انتقال صفات در اصلاح رقم بیشتر خواهد بود. خزانه ژن سوم (GP-III): شامل گونه‌هایی است که تلاقی با نیشکر کشت‌شده در آن‌ها بسیار دشوار است و نیاز به استفاده از تکنیک‌های پیشرفته مانند نجات جنین و کشت بافت دارد. در مخزن ژن سوم، *Narenga*، *Miscanthus*، *Erianthus*، *Sclerostachya*، *Sorghum* و *Zea* در این گروه جای می‌گیرند. هیبریدهای تولیدشده در این گروه معمولاً ضعیف، کشنده یا کاملاً عقیم هستند (Sica, 2021).

QTL/ تحمل مبتنی بر ژن کاندید

روش‌های مولکولی برای ایجاد ارقام متحمل به یک یا چند صفت به‌طور همزمان مناسب هستند. در نیشکر، انتقال ژن پیرو فسفاتاز (AVP-1) آرابیدوپسیس با واسطه *Agrobacterium* برای دستیابی تحمل در برابر تنش‌های خشکی و شوری انجام شد (Kumar *et al.,* 2014). روش‌های اصلاحی و ژنومی جدید در دهه‌های اخیر برای بهبود عملکرد ژنوتیپی در شرایط تنش‌های غیر زیستی مورد استفاده قرار گرفته‌اند. ورود ژن‌های گونه‌های وحشی و جنس‌های مرتبط برای صفات تحمل تنش غیر زیستی در نیشکر در توسعه چندین گونه مقاوم به تنش به کار رفته است. کار نقشه‌برداری QTL برای صفات مقاومت به بیماری و افزایش عملکرد انجام شده است (Balsalobre *et al*., 2017). با این‌حال، تا به امروز هیچ گزارشی در مورد نقشه‌برداری QTL(های) مربوط به خشکی و شوری وجود ندارد. استفاده از گونه‌های وحشی و مرتبط در برنامه اصلاحی به دلیل پیچیدگی ژنوم و پلی‌پلوئیدی دشوارتر شده است. یک تلاقی موفق برای تولید یک هیبرید بین جنسی بین *Erianthus arundinaceus* و *S. spontaneum* ساخته شد (Lekshmi *et al.,* 2017). برخی از هیبریدها دارای حجم ریشه و مولفه پلی‌فنل بالاتری هستند که در نتیجه بر میزان تحمل به خشکی تأثیر می‌گذارد (Fukuhara *et al.,* 2013). تجزیه و تحلیل رونویسی ژنوتیپ‌های حساس و متحمل به خشکی منجر به شناسایی چندین ژن با بیان متفاوت (DEGs) شد و اشاره شد که ژن‌هایی مانند MYB، E3 ubiquitin ligase، پروتئین اصلاح‌کننده کوچک مربوط به یوبیکوئیتین (SUMO-protein)، SIZ2 و aquaporin ژن‌های پاسخگو به خشکی و فاکتورهای رونویسی هستند (Belesini *et al.*, 2017). هنگامی که تنش شوری وارد می‌شود، مکانیسم تنظیم اسمزی شروع به حفظ کدورت سلولی (turbidity) می‌کند و در نتیجه رشد آهسته در گیاهان تحت تنش ایجاد می‌شود. تغییرات در مورفولوژی، آناتومی، روابط آب، فتوسنتز، هورمون‌ها، توزیع یون و سازگاری بیوشیمیایی ممکن است بسته به ژنوتیپ، مرحله رشد، شدت و مدت زمان تنش رخ دهند (Liang *et al.,* 2018). شناسایی QTLهای مرتبط با تحمل به شوری گام مهمی در جهت بهبود واریته‌های مقاوم به شوری و افزایش تولید محصول در خاک‌های شور است (Nakhla *et al.,* 2021). QTLهای مختلف مرتبط با تحمل به شوری در محصولات زراعی مانند سویا (Cho *et al.*, 2021)، ذرت (Luo *et al*., 2019) و برنج (Singh *et al.,* 2021) شناسایی شده‌اند، اما گزارش‌هایی در مورد QTL(های) شناسایی‌شده در نیشکر هنوز وجود ندارند. باید بر درک میزان تأثیر شوری بر رشد و عملکرد محصول نیشکر، و همچنین ترسیم QTL تنش شوری تمرکز شود.

استفاده از کشت بافت در اصلاح نیشکر

در آزمایش کشت بافت، انتخاب کشت کالوس نیشکر (*Saccharum* sp.) متحمل به NaCl (۶۸ میلی مولار) انجام شد (Gandonou *et al.,* 2006). در یک آزمایش، پس از کشت بافت به بررسی تنوع سوماکلونال و تنوع آیزوزایم‌ها در رقم NCO310 پرداخته شد (Sadat *et al.,* 2013). در مطالعه‌ای دیگر، جهش ژنتیکی با استفاده از اتیل‌متان سولفونات (EMS) القا شد و توسط مارکرهای ژنتیکی ریزماهواره، تنوع ایجادشده بررسی گردید، بر این اساس، کشت بافت و موتاژن‌های شیمیایی به عنوان روشی کارآمد برای ایجاد تنوع ژنتیکی عنوان شدند (Niazian *et al.,* 2021; Sadat & Soltani Howyzeh, 2012). پس از کشت در آزمایش دیگری روی نیشکر، کالوس‌های جنین‌زای CP48-103 بر روی یک محیط انتخابی با غلظت‌های مختلف NaCl در محدوده ۰ تا 0.8 درصد NaCl برای غربالگری انواع مقاوم به نمک رشد داده شدند. با افزایش غلظت NaCl، هیچ اثر معنی‌داری بر روی عوامل فیزیولوژیکی نیشکر، مانند رشد ریشه، محتوای کلروفیل و ماده خشک، مشاهده نشد. علاوه بر این، غلظت کلر کمتری از والد نشان داده شد. این نشان می‌دهد که نیشکر دارای پتانسیل ژنتیکی برای مقابله با شوری با اجتناب از جذب یون‌های مضر است (Shomeili *et al.,* 2011). آزمایش‌های مختلف کشت آزمایشگاهی برای غربال جهش‌یافته‌های نیشکر متحمل به شوری با استفاده از پارامترهای بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی مختلف، مانند سطح آلدئیدها، کلروفیل، کاروتنوئیدها و فنول‌ها، جابه‌جایی قند، سرعت تکثیر ریزنمونه، رشد اندام‌های هوایی، رشد ریشه و حرکت روزنه‌ها، گزارش شدند (Gómez *et al.,* 2017; Zhao *et al.*, 2020).

مداخله مولکولی در اصلاح نیشکر

اصلاح نیشکر مستلزم تلاقی ارقام برتر و انتخاب ترکیبات آللی مطلوب در بین افراد F1 است، که تولید یک رقم تجاری می‌تواند ۷ تا ۱۲ سال طول بکشد. پیچیدگی کروموزومی هیبرید نیشکر، هر تلاقی را به یک رویداد منحصربه فرد و غیر قابل پیش‌بینی تبدیل می‌کند، و انبوه آلل‌ها در هر مکان، روند

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

پرورش را طولانی و پیچیده می‌کند (Arruda, 2012). برای غلبه بر این مشکل، نشانگرهای مولکولی مبتنی بر PCR ایجاد شده‌اند که در شناسایی نیشکر هیبرید واقعی در مراحل اولیه غربال‌گری، دقیق‌تر و راحت‌تر هستند. نشانگرهای ریزماهواره و 5S rDNA برای غربالگری کلون‌های F1 از هیبریدهای *S. officinarum* * *E. arundinaceus* استفاده شدند (Arruda, 2012). این نشانگرها نتاج BC1 معتبر کاملاً متمایز از خود والدین F1 را نشان دادند. هیبریدهای بین جنسی از تلاقی بین هیبرید نیشکر (*S. officinarum*، *S. spontaneum*) و *E. rockii* با استفاده از نشانگرهای AFLP بررسی شدند (Dhansu *et al.*, 2018). انتخاب به کمک نشانگر (MAS) برای نقشه‌برداری جمعیت، زمان انتخاب را کوتاه‌تر می‌کند. اصلاح مولکولی به پرورش‌دهندگان گیاهان کمک کرده است تا گونه‌های بهبودیافته، مانند انواع نیشکر با عملکرد بالا، محتوای ساکارز افزایش‌یافته و گونه‌های مقاوم به تنش، را توسعه دهند (Dhansu *et al.*, 2018).

ریزماهواره یا تکرارهای توالی ساده (SSRs/ISSR) نشانگرهای مولکولی بسیار قابل اعتمادی هستند که عموماً ۱–۶ بازی هستند، و با تعداد بالا و به طور مساوی بین ژنوم نیشکر توزیع شده‌اند. SSRها را می‌توان در والدین و فرزندان با تنوع ژنتیکی خاص در برنامه‌های پرورش نیشکر استفاده کرد. نشانگرهای ISSR برای مشخص کردن ژنوتیپ‌های متحمل و حساس به نمک (F1s) نیشکر توسط استفاده شده‌اند (Markad *et al.*, 2014). نشانگرهای RAPD و ریزماهواره، تنوع ژنتیکی زیادی را در بین *S. officinarum* و گونه‌های وحشی نزدیک به هم مانند *S. giganteum*، *S. spontaneum* نشان دادند و بنا بر این، برای تمایز بین هیبریدهای بین گونه یا بین کلون‌ها مناسب هستند (Pan *et al.*, 2004). اولین گزارش استفاده از RAPD و ریزماهواره برای غربالگری و تأیید هیبریدهای بین گونه‌ای برای حضور آل‌های والدین پدری در کلون‌ها (*S. officinarum* × *S. spontaneum*) توسط Pan و همکاران شرح داده شد (Pan *et al.*, 2004). استفاده از نشانگرهای RAPD و ISSR بر روی ۵۵ رقم نیشکر، تکرارپذیری و پلی‌مورفیسم‌های آللی متمایز را نشان داد که می‌توان از آنها برای تمایز ژنتیکی در انتخاب به کمک نشانگر استفاده کرد (Forough *et al.*, 2017). تنوع به‌دست‌آمده از پرایمرهای RAPD برای طراحی نشانگرهای نواحی تکثیرشده با توالی مشخص (SCAR) که برای غربال کردن ژنوتیپ‌های مقاوم به خشکی که ژن ناشناخته تحمل به خشکی را شناسایی می‌کنند، توسعه داده شد (Srivastava *et al.*, 2012). استفاده از نشانگرهای مولکولی در انتخاب صفت مورد نظر در جمعیت اصلاحی بسیار کارآمد عمل می‌کند و زمان غربالگری لاین‌ها/ارقام نیشکر مقاوم به شوری را کاهش می‌دهد.

رویکردهای ویرایش ژنوم

در محصولاتی با ژنوم‌های پیچیده مانند نیشکر، معرفی یک ویژگی مطلوب به گونه‌های تجاری با اصلاح سنتی بسیار پرزحمت و زمان‌بر است. ۱۲ تا ۱۵ سال طول می‌کشد تا یک روش اصلاحی معمولی یک رقم بهبودیافته را تولید کند (Chen *et al.*, 2017). همچنین، معرفی چندین ویژگی در یک زمان یا تغییر مسیرهای متابولیک تقریباً غیر ممکن است. اما با ورود فناوری تراریخته، این امر تا حدودی امکان‌پذیر شد. با ظهور رویکردهای ویرایش ژنوم (GE)، اکنون ممکن است با موفقیت و دقت قابل توجهی انجام شود. ویرایش ژنوم یک تکنیک انقلابی است که در آن نوکلئازها شکاف‌های دو رشته‌ای خاص توالی (DSB) را برای وارد کردن، حذف یا جایگزینی DNA در مکان‌های مشخص‌شده در ژنوم هر موجود زنده ایجاد می‌کنند. اتصال انتهایی غیر همولوگ (NHEJ) یا نوترکیبی همولوگ (HR) برای ترمیم این شکستگی‌ها استفاده می‌شود که منجربه جهش‌های خاص می‌شود. تحمل به خشکی را می‌توان از طریق ویرایش ژنوم برای هدف قرار دادن ژن‌های حساس به خشکی، شوری و هم‌چنین سایر ژن‌های منفی ایجاد کرد. در نیشکر، تنظیم‌کننده مکانیسم‌های تحمل به خشکی، ژن ScNsLTP هدف قرار گرفت تا پاسخ یک پروتئین انتقال غیر اختصاصی لیپیدی جدید را اصلاح کند و در نتیجه پاسخ فسفولیپید را در برابر تنش غیر زیستی کاتالیز کند (Chen *et al.*, 2017).

اساساً چهار خانواده مختلف از ابزارها یا نوکلئازهای ویرایش ژنوم، شامل مگا نوکلئازها، نوکلئازهای انگشت روی (ZFNs)، نوکلئازهای مؤثر فعال‌کننده رونویسی (TALEN) و تکرارهای کوتاه پالیندرومی با فاصله منظم خوشه‌ای (CRISPR/Cas9) وجود دارند. بر خلاف رویکردهای انگشت روی (ZFN) و TALEN که کاملاً بر تشخیص مبتنی بر پروتئین متکی هستند، سیستم CRISPR/Cas از هیبریدهای اساسی RNA/DNA برای ارزیابی ویژگی توالی استفاده می‌کند. موتیف مجاور پروتوسپیسر (PAM) ویژگی را در توالی ۲۰ نوکلئوتیدی RNAهای راهنما (gRNAs) ایجاد می‌کند و آنزیم Cas9 آن را می‌شکافد. توانایی تغییر چندین ژن به‌طور همزمان یا مالتی‌پلکس شدن به طور معمول دومین مزیت قابل توجه این رویکرد است که زمان را به میزان قابل توجهی کاهش می‌دهد. در نهایت، هر دو ZFN و TALENها دایمر هستند، و ایجاد ناقل و انتقال به گیاه فرآیندهای دشواری هستند، در حالی که CRISPR ساده و کارآمد است.

فناوری CRISPR/Cas9 به دلیل اثربخشی و توانایی آن در غلبه بر مشکل خاموشی تراریخته، به‌عنوان ابزار جدیدی برای ویرایش ژنوم نیشکر پدیدار شده است. این روش می‌تواند به راحتی چندین ژن مفید را برای بسیاری از صفات مهم زراعی، حتی در چندین مکان، تغییر دهد (Kannan *et al.*, 2018). از آنجایی که گیاه نیشکر گلیکوفیت است، تنش‌های خشکی و شوری تأثیر بسزایی بر رشد و محتوای ساکارز آن دارند. ویرایش ژنوم نیشکر با استفاده از ژن پیروفسفاتاز واکولار آرابیدوپسیس (AVP1) می‌تواند با توسعه یک سیستم ریشه‌ای فراوان، تحمل به خشکی و شوری را به نیشکر منتقل کند. توالی ژنوم مشروح‌شده یکی از مهمترین معیارها برای ویرایش ژنوم است زیرا به دانشمندان اجازه می‌دهد gRNAهای خاصی را به‌صورت این‌سیلیکو بسازند که می‌توانند ژن‌های خاص با عملکردهای شناخته‌شده یا ناشناخته را هدف قرار دهند (Mohan, 2016).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

طراحی gRNA نیشکر به‌دلیل پلی‌پلوئیدی ژنوم و فقدان یک توالی ژنوم کامل برای انواع تجاری پیچیده است (Augustine *et al.,* 2015). برای حل این مشکل، الگوهای بیان ژن به‌دست‌آمده از داده‌های RNA-Seq می‌توانند برای ارزیابی تغییرات توالی که بین اشکال مختلف آللی وجود دارند استفاده شوند. این درک از شکل آللی تنوع توالی را می‌توان برای طراحی gRNAهای دقیقی که تمام اشکال آللی ژن مورد نظر را هدف قرار می‌دهند استفاده کرد. نوکلئار Fok I هدایت‌شده با RNA دایمر (RFNs) همچنین می‌تواند برای افزایش فرکانس ویرایش ژنوم و در عین حال به حداقل رساندن اثرات خارج از هدف استفاده شود (Bortesi & Fischer, 2015).

با این‌حال، به‌دلیل ژنوم پیچیده، اندازه وسیع ژنوم، و ماهیت بسیار پلی‌پلوئید و آنیوپلوئید، هنوز موانع زیادی وجود دارند که قبل از استفاده کامل از این تکنیک باید بر آنها غلبه کرد. با اندازه ژنوم تقریباً ۱۰ گیگا جفت‌باز و ۸ تا ۱۲ نسخه ژن همولوگ، نیشکر یک نمونه کلاسیک از یک محصول پیچیده پلی‌پلوئید است که چالش‌های مختلفی را در ویرایش ژنوم ایجاد می‌کند (Shan *et al.,* 2013). خاموشی ترانس‌ژن در هر دو سطح رونویسی و پس از رونویسی یک گلوگاه اصلی در برنامه‌های بهبود مولکولی نیشکر است (Birch *et al.,* 2010). برای مقابله با مشکلات برش خارج از هدف، می‌توان از انواع سفارشی Cas9 برای افزایش کارایی ویرایش ژنوم استفاده کرد. به طور کلی، علیرغم این واقعیت که موانع قابل توجهی باقی مانده‌اند، استفاده از انواع مختلف Cas9 و سایر نوکلئازهای مرتبط با CRISPR به زودی می‌تواند ابزاری قوی برای فعال کردن موفقیت‌آمیز ویرایش ژنوم در نیشکر و سایر محصولات پلی‌پلوئید باشد. ویرایش ژنوم به طور اجتناب‌ناپذیری کنجکاوی محققین را در تولید اصلاحات جدید و مطلوب صفت در محصولات کشاورزی در آینده افزایش می‌دهد.

رویکرد اصلاحی مرسوم برای بهبود نیشکر به‌دلیل پیچیدگی ژنوم، ژرم‌پلاسم محدود و حساسیت به تنش‌های غیرزیستی مختلف با محدودیت‌های متعددی مواجه است. اصلاح واریته‌های نیشکر مقاوم به شوری به دلیل پیشرفت در درک مکانیسم تنظیم نمک در گیاهان و به دلیل نوآوری‌های تکنولوژیکی مبتنی بر omics در شناسایی و انتقال ژن‌های مربوطه که تحمل به نمک را اعطا می‌کنند، امکان‌پذیر است. تعداد زیادی از ژن‌های مرتبط با شوری و ماشین‌های تنظیمی آن‌ها در شرایط شوری به‌خوبی تثبیت شده‌اند و عملکرد تطبیقی دارند (Zhao *et al.,* 2020). تنظیم غشای پلاسمایی، ساختار دیواره سلولی، هماهنگی اسمزی، ژن‌های عملکردی، فاکتورهای رونویسی و فعال شدن مسیرهای سیگنالینگ سلولی مختلف، تحمل شوری را ایجاد می‌کند (Almeida *et al.,* 2017). در حضور غلظت نمک بالا، گیاه یک سیگنال را درک می‌کند و یک پیام‌رسان ثانویه به نام‌های Ca^{2+}، فسفاتیدیلینوزیتول و گونه‌های اکسیژن فعال (ROS) تولید می‌کند که باعث افزایش یون‌های کلسیم داخل سلولی و به‌دنبال آن فعال شدن سیگنال می‌شود. پروتئین‌های فسفریله یا مستقیماً از سلول محافظت می‌کنند یا مجموعه‌ای از عوامل رونویسی مانند MYC/MYB، ABF، CBF/DREB، bZIP و غیره را برای ایجاد تحمل در برابر تنش‌های غیر زنده تنظیم می‌کنند (Almeida *et al.*, 2017). رویکردهای اخیر مبتنی بر omics به‌ویژه ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس منجر به درک مکانیسم تنظیم ژنی چندوجهی، پروتئین‌ها و مسیرهای متابولیک شده‌اند و می‌توانند برای تولید انواع نیشکر با صفات مورد نظر مورد استفاده قرارگیرند (Mustafa *et al.*, 2018). این واقعیت شناخته شده است که درک ژن‌های تنظیم‌شده در سطوح مختلف یعنی رونویسی، ترجمه، پس از رونویسی و پس از ترجمه، پیش‌نیاز توسعه یک رویکرد جامع است. اصلاح ژنتیکی نیشکر برای چندین صفت مورد نظر با استفاده از رویکرد تراریخته انجام شده است، هر چند که ماهیت ناسازگاری و پلی‌پلوئیدی آن مانعی برای تحول ژنتیکی ایجاد می‌کند. به عنوان مثال، نیشکر تراریخت با ژن واکولار پیروفسفاتاز (AVP1) در برابر خشکی و شوری بسیار متحمل است (Kumar *et al.,* 2014). تاکنون بهبود ژنتیکی نیشکر برای صفاتی مانند مقاومت در برابر بیماری‌ها، آفات و مقاومت به علف‌کش و تحمل به تنش‌های زیستی و غیر زیستی گزارش شده است (Nerkar *et al.,* 2018). رائو و همکاران (۲۰۲۱) تنوع قابل توجهی را در ژنوتیپ‌های نیشکر در صفات مختلف تحت شرایط تنش شوری گزارش کردند (Rao *et al.,* 2021).

ترنسفورماسیون ژنتیکی

بیان تراژن‌ها در نیشکر با استفاده از رویکرد بیولوژیکی بر روی تعداد زیادی از ژنوتیپ‌های نیشکر اعمال شده است (Altpeter & Oraby, 2010) در حالی که انتقال ژن با واسطه *Agrobacterium tumefaciens* برای درج‌های تک‌نسخه ترجیح داده شده‌است (Dong *et al.,* 2014) . بهبود قابل توجهی در دسترسی به‌روش‌های ایجاد سلول مستعد حاصل شده است که منجر به انتقال چندین ژن مورد علاقه برای صفات مهم زراعی به محصولات نیشکر شده است. در سال ۲۰۱۶، اندونزی کشت تجاری نیشکر تراریخته را تایید کرد (Parisi *et al.,* 2016).

ژن‌های مختلفی که پروتئین‌های مربوط به فعال‌سازی و تنظیم کانال‌های یونی، فاکتورهای رشد مرتبط با مورفولوژی ریشه و انتقال سیگنال را کد می‌کنند، پتانسیل بسیار زیادی برای اصلاح انواع گیاهان متحمل به نمک دارند (He *et al.,* 2018). فوق بیان ژن‌های Scdr1 و Scdr2 در گیاهان تنباکوی تراریخته افزایش‌تحمل را نسبت به چندین تنش غیر زیستی مختلف مانند خشکی، شوری و تنش اکسیداتیو نشان داد و از این رو می‌توان برای ایجاد گونه‌های مقاوم به نیشکر استفاده کرد (Begcy *et al.,* 2019). نیشکر تراریخته برای تحمل به خشکی با انتقال ژن ترهالوز سنتاز (TSase) با واسطه *Agrobacterium* گزارش شده است (Wang *et al.,* 2005). به‌طور مشابه، تحمل به شوری و خشکی در نیشکر رقم CP-77-400 با فوق بیان ژن AVP1 (Arabidopsis vacuolar pyrophosphatase) به دلیل توسعه بیشتر سیستم ریشه نشان داده شد (Kumar *et al*., 2014). نیشکر با تراژن Vigna aconitifolia P5CS تا ۲۵ درصد تجمع بیشتری از پرولین را

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

نشان داد که نشان‌دهنده تحمل به شوری است (Guerzoni *et al.,* 2014). همچنین، تلاش‌هایی برای استفاده از فاکتور جدید پاسخ‌دهنده به اتیلن نیشکر SodERF3 برای تولید نیشکر تراریخته مقاوم به خشکی و شوری انجام شده‌اند (Ali *et al.,* 2020). گزارشات اخیر نشان داده‌اند که افزایش ژن LpNAC17 از Lilium pumilum در تنباکوی ترانسژنیک، منجر به افزایش نرخ فتوسنتز خالص و محتوای کلروفیل شد و هم‌چنین کاهش راندمان گشایش گلوم، نرخ تعرق، و غلظت CO_2 بین سلولی در شرایط تنش شوری را در پی داشت (Wang *et al.,* 2022). یک مطالعه دیگر در *Lilium pumilum* نشان داد که ژن‌های کلیدی مانند NF-YB3، پروتئین نوع ۲ متالوتیونئین، پروتئین ذخیره‌سازی دانه نظیر vicilin و حمل‌کننده شکر دوطرفه SWEET14 مرتبط با تحمل به تنش شوری بودند (So *et al.,* 2022). به طور مشابه، مطالعه دیگری نشان داد که ۱۴۳ ژن NPF در تنباکو گزارش و در هشت زیرخانواده دسته‌بندی شده‌اند. این یافته‌ها نشان می‌دهند که NtNPF6.13 ممکن است نقشی در جذب کلرید در تنباکو ایفا کند (Zhang *et al.,* 2022).

تلاش‌های توالی‌یابی ژنوم نیشکر و مطالعات Omics تحت تنش شوری

روش‌های omics مختلف برای غربال‌گری ژن‌های مختلف و توالی‌های تنظیمی آن‌ها در رابطه با تحمل به شوری در نیشکر گزارش شده‌اند. ژنوم نیشکر بسیار بزرگ و پیچیده است و به‌دلیل سطوح پلوئیدی متغیر، تعیین توالی یک کار چالش‌برانگیز بوده است (Thirugnanasambandam *et al.,* 2018). اندازه ژنوم یک رقم هیبریدی R570 با سطح پلوئیدی ۱۲X حدود ۱۰ گیگا جفت‌باز تخمین زده شد (Zhang *et al.,* 2012). پروژه Sugarne EST (SUCEST) بیش از ۲۳۸۰۰۰ EST را از ۲۶ کتابخانه cDNA نشان داد که اندام‌ها و بافت‌های مختلف را در مراحل مختلف رشد نشان می‌دهد، که می‌تواند برای رمزگشایی ویژگی‌های مرتبط با تنش‌های غیر زنده استفاده شود (Simpson & Perez, 1998). هم‌چنین، تلاش شد تا ژنوم کلروپلاست نیشکر با استفاده از روش‌های NGS توالی‌یابی شود که کمبود هتروپلاسمی کلروپلاست را نشان داد (Hoang *et al.*, 2015). تعیین توالی ژنوم کلروپلاست دو جد نیشکر *S. officinarum* و *S. spontaneum* به‌ترتیب ۱۴۱۱۸۷ و ۱۴۱۱۹۴ جفت‌باز را نشان داد. تنوع توالی در ژنوم کلروپلاست ممکن است به افزایش توانایی فتوسنتزی و تحمل سرما در *S. spontaneum* منجر شده باشد (Xu *et al.*, 2019).

در مطالعات گسترده ژنوم *S. spontaneum*، ۲۱ ژن Argonaute (AGO)، ۴ ژن شبه Dicer (DCL) و ۱۱ ژن RNA پلیمراز وابسته به RNA (RDR) شناسایی شدند که از اجزاء مهم خاموش کردن RNA هستند. آزمایش‌های مبتنی بر qRT-PCR نقش احتمالی آن را در پاسخ به تنش‌های زیستی و غیر زیستی در نیشکر نشان دادند (Cui *et al.*, 2020). استخراج ژنوم *S. spontaneum* مجموعاً ۲۱۸ فاکتور رونویسی AP2/ERF (TFs) را نشان داد که بسیاری از آن‌ها نقش مهمی در کم‌آبی و پاسخ به تنش شوری دارند (A. Li *et al.,* 2020). به‌طور مشابه، مطالعات گسترده ژنوم *S. spontaneum* در مجموع ۱۱۰ ژن SsDREB را نشان دادند. نتایج RNA-Seq بیشتر نشان دادند که ۴۵ و ۳۵ SsDREB به ترتیب تحت تنش سرما و خشکی تنظیم شده‌اند (Hoang *et al.,* 2015). در مجموع، ۱۵۴ SsWRKY TF در مطالعات این‌سیلیکو از ژنوم *S. spontaneum* شناسایی و با ۹۶ SbWRKY موجود در *S. bicolor* مقایسه شده‌اند. پروفایل بیان مبتنی بر RNA نقش بالقوه خود را در فرآیند توسعه، متابولیسم قند و فتوسنتز نشان داده است (P. Li *et al.*, 2020; Z. Li *et al.,* 2020). فاکتور رونویسی ScWRKY5 که از واریته نیشکر ROC22 شناسایی شده است، افزایش بیان را تحت تنش‌های غیر زیستی مانند SA، ABA، PEG و NaCl همراه با برخی تنش‌های زیستی نشان داد (Wang *et al.*, 2020).

مداخله ژنومیک برای تحمل به تنش شوری

عصر ژنومیک و پساژنومیک حاضر شاهد چندین نوآوری برای رسیدگی به مشکل تنش‌های غیر زیستی، به ویژه تنش شوری است. رویکرد ژنومیک عملکردی توسعه نیشکر را برای تحمل به شوری به‌طور قابل توجهی افزایش داده است (Zhao & Li, 2015). با این حال، مطالعات در نیشکر محدود به مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و ژن‌های بسیار کمی در پاسخ به شوری هستند (Pagariya *et al.*, 2011; Patade & Suprasanna, 2009). در آزمایشی بیان ژن مبتنی بر RAPD روی cDNA در گونه Co62175 نیشکر مقاوم به نمک گزارش شد (Pagariya *et al*., 2011). در مجموع، ۳۳۵ قطعه مشتق‌شده از رونوشت (TDFs) در شرایط شوری به‌طور متفاوت بیان می‌شوند که ۲۰ درصد از رونوشت‌های TDFs در تحمل به تنش و دفاع گیاه دخیل بودند. علاوه بر این، ۱۷ درصد cDNA ژن‌های جدیدی هستند که می‌توانند با مکانیسم‌های سازگاری نیشکر با تنش شوری مرتبط باشند. تجزیه و تحلیل محتوای یون‌های بافت نیز تجمع افتراقی Na^+ و K^+ را نشان داد (Pagariya *et al.*, 2011).

نقش ژن‌های مسیر گلیوکسالاز Gly I، Gly II و Gly III در *Erianthus arundinaceus* و رقم هیبرید نیشکر Co 86032 تحت دو غلظت مختلف NaCl یعنی ۱۰۰ و ۲۰۰ میلی‌مولار مورد مطالعه قرار گرفت. الگوی بیان ژن‌های مسیر گلیوکسیلات، ژن‌های Gly I، Gly II و Gly III در نیشکر وحشی و هم‌چنین کشت‌شده در شرایط تنش شوری و خشکی مشابه بود، اما سطح بیان ژن‌های مسیر گلیوکسالاز در نیشکر وحشی بالاتر بود. در مقایسه با هیبرید تجاری، ظرفیت تحمل نمک بالاتری در نیشکر وحشی نشان داده شد (Manoj *et al.,* 2019). قرار گرفتن در معرض دو رقم نیشکر مقاوم به نمک، یعنی RB92579 و RB872552، تا ۱۰۰ میلی‌مولار NaCl باعث بیان ژن و همچنین فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی mitMnSOD، cyt-APX2 و CAT3 در هر دو رقم شد (Medeiros *et al.,* 2014). پروتئین کیناز–شگی نیشکر (SuSk) شناسایی‌شده توسط غربال‌گری کتابخانه SSH از بافت تیمارشده با PEG و نمک نشان داد که بیان آن توسط شوری کوتاه‌مدت یا تنش کم‌آبی القا می‌شود (Rai *et al.*, 2011).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

سطح رونوشت یک ژن ScG6PDH نیشکر که آنزیم گلوکز-۶-فسفات دهیدروژناز را کد می‌کند توسط چندین تنش مانند شوری، خشکی، سرما و فلز سنگین القا شد.

این امر احتمال تولید گیاهان مقاوم به تنش غیر زنده را نشان می‌دهد (Yang *et al.,* 2014). سطح بالاتری از ژن P5CS و PDH (Patade *et al.,* 2012) و همچنین پرولین (Pagariya *et al.*, 2011; Patade, Bhargava *et al.*, 2011) در طول مواجهه طولانی با نمک یا PEG مشاهده شد. ژن‌های پاسخ‌دهنده به خشکی نیشکر، Scdr1 و Scdr2، پروتئین کوچکی را رمزگذاری می‌کنند که در پاسخ به تنش‌های خشکی و شوری نقش دارد. فوق بیان Scdr1 و Scdr2 در تنباکو تحمل به تنش شوری و خشکی را ایجاد می‌کند (Begcy *et al.*, 2019).

همچنین، در پژوهشی گزارش شد که چندین فاکتور رونویسی مانند WRKY، NAC، MYB و AP2/ERF با پاسخ به تنش‌های غیر زیستی مرتبط هستند و پتانسیل زیادی برای ایجاد انواع نیشکر مقاوم به نمک دارند (Prabu & Theertha Prasad, 2012). به طور مشابه، SoMYB18 شناسایی‌شده از کتابخانه‌های SSH خشکی و شوری بیان‌شده در گیاهان تنباکوی تراریخته، افزایش تحمل نسبت به تنش شوری و خشکی را نشان دادند. مطالعات بیشتر نشان دادند که گیاهان تراریخته SoMYB18 سطوح نسبتاً بالاتری از آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی SOD، CAT، پرولین و محتوای کلروفیل را در مقایسه با گیاهان وحشی تحت تنش شوری انباشته کردند (Shingote *et al.,* 2015) . گیاهان تنباکوی تراریخته که ژن SsMYB18 را بیان می‌کنند، تحمل به شوری، سرمای بالا و تحمل خشکی متوسط را در مقایسه با شاهد نشان دادند (Shingote *et al.*, 2017). در نیشکر، ABA، تنش شوری و زخم بیان ژن SodERF3 را افزایش می‌دهند و همچنین فوق بیان آن در گیاهان توتون تراریخته باعث بهبود تحمل شوری در طول جوانه‌زنی بذر، رشد گیاهچه، ازدیاد طول ریشه و رشد رویشی در ۳۵۰ میلی‌مولار NaCl شد (Trujillo *et al.,* 2008). ژن‌های ScWRKY3 و ScWRKY5 توسط تنش‌های غیر زیستی مانند کم‌آبی و شوری افزایش بیان، اما در برابر پاتوژن قارچی *Fusarium solani* کاهش بیان نشان دادند (Wang *et al.*, 2020). ژن‌های SsDof5، SsDof18 و SsDof23 که در پاسخ به تیمار شوری در بازه‌های زمانی مختلف (۰ تا ۲۴ ساعت) افزایش بیان می‌یابند، می‌توانند ژن‌های کاندید مهم برای ایجاد نیشکر مقاوم به شوری باشند (Cai *et al.*, 2020). یکی دیگر از ژن‌های فاکتور رونویسی NAC که SoNAP نامیده می‌شود، با شوری بالا در برگ‌های نیشکر پس از ۲۴ ساعت تنش القا شد. فوق بیان ژن SoNAP در کالوس تنباکو باعث پیری در کالوس‌های تراریخته می‌شود که نشان‌دهنده نقش احتمالی آن در تحمل تنش‌های غیر زیستی و انجام یک عملکرد مرتبط با پیری است (Carrillo-Bermejo *et al.*, 2020). عملکرد مرتبط با پیری که منجر به مرگ سلولی در نیشکر با واسطه SoNAP می شود را می‌توان با فناوری ویرایش ژنوم CRISPR/Cas9 اصلاح کرد.

ترانسکریپتومیکس

در دو دهه گذشته، چندین مطالعه گسترده مبتنی بر ریزآرایه و تجزیه و تحلیل RNA seq از بیان ژن‌ها در گیاه نیشکر گزارش شده‌اند (Sicilia *et al.,* 2019). فناوری توالی‌یابی نسل جدید، مطالعات ترانسکریپتوم انواع بافت‌ها تحت شرایط مختلف تنشی در گیاه نیشکر را شتاب داده است. ترانسکریپتوم مولکول‌های RNA کوچک تحت تنش شوری نشان داده است که توسط میکروRNAها تنظیم می‌شوند (Carnavale Bottino *et al.*, 2013). توالی‌یابی ارقام تحت شوری چهار کتابخانه RNA کوچک تولیدشده از ارقام نیشکر کشت‌شده در محلول هیدروپونیک حاوی ۱۷۰ میلی مولار NaCl برای دوره های ۱، ۶ و ۲۴ ساعت نشان داد که ۹۸ miRNA حفاظت‌شده و ۳۳ miRNA با بیان افتراقی مشاهده شدند (Negi *et al.*, 2020).

پروتئومیکس

در سال‌های اخیر، تلاش‌هایی نیز برای مطالعات پروتئومیکس جهت آشکارسازی تأثیر تنش شوری بر رشد و توسعه نیشکر مقاوم به نمک انجام شده‌اند. تحلیل افتراقی پروتئوم ریشه تحت تأثیر تنش شوری در نیشکر نشان داد که پس از ۲ ساعت تیمار نمک، در نوع مقاوم به نمک، حضور پروتئین‌های اصلی مرتبط با متابولیسم کربوهیدرات، گونه‌های فعال اکسیژن، دفاع در برابر تنش شوری و استحکام غشاء مشاهده شد، درحالی‌که در انواع حساس به نمک پس از ۷۲ ساعت این پروتئین‌ها بیان شدند (Pacheco *et al.*, 2013). به همین ترتیب، پس از ۴۸ ساعت تیمار شوری، پروتئین‌های فروکتوز ۱،۶-بیس‌فسفات آلدولاز، گلیسرآلدئید ۳-فسفات دهیدروژناز و پروتئین شوک حرارتی ۷۰، در متابولیسم انرژی و پاسخ‌های مرتبط با دفاع، به صورت افتراقی بیان می‌شوند (Murad *et al.*, 2014). به طور کلی، ارقام مقاوم به نمک نسبت به ارقام حساس تجمع بزرگی از پروتئین‌های درگیر در فرآیندهای متابولیک مختلف تحت تأثیر تنش نمک مانند واکنش آنتی‌اکسیدانی غیر آنزیمی، انتقال یون، و فتوسنتز نشان می‌دهند (Passamani *et al.*, 2017). در پژوهشی با استفاده از الکتروفورز ژل دوبعدی (2-DE) یک ژن القا کننده خشکی SoDip22 را در یک رقم نیشکر تحت تنش خشکی جدا و شناسایی کردند و گزارش کردند که SoDip22 در سازگاری با تنش خشکی در سلول‌های غلاف آوندی عمل کرد که در آن مسیر سیگنالینگ با واسطه ABA القا می‌شود (Sugiharto *et al.,* 2002). در مطالعه‌ای دیگر، با استفاده از روش 2-DE یک پروتئین ۱۸ کیلو دالتونی استخراج و خالص شد و برای شناسایی پروتئین موجود در برگ‌های نیشکر تحت شرایط خشکی استفاده شد (Jangpromma *et al.,* 2007).

پروتئین‌های مختلف مفید در فرآیند فتوسنتز و آنزیم‌های مرتبط با آسیب‌های ضد اکسیداتیو جدا و با 2-DE و هم‌چنین کروماتوگرافی مایع-طیف‌سنجی جرمی پشت سر هم (LC-MS/MS) مشخص شدند (Ngamhui *et al.,* 2012). فوق بیان ژن EaDREB2 که از *E. arundinaceus* منتقل شد، در ترکیب با ژن هلیکاز نخود PDH45، تحمل به خشکی و شوری را در نیشکر تراریخته افزایش داد (Augustine *et al.,* 2015).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

برای درک تأثیر خشکی بر پروفایل پروتئین، دو رقم متفاوت نیشکر، RB 72910 (مقاوم) و RB 943365 (حساس) در شرایط تنش آبی به مدت ۳۰ روز رشد کردند. پروتئین‌های مرتبط با کمبود آب با استفاده از 2-DE و طیف‌سنجی جرمی شناسایی شدند. چندین نوع پروتئین مربوط به فتوسنتز، مسیرهای سیگنالینگ و فرآیندهای تنظیمی در RB 72910 افزایش یا کاهش بیان یافتند؛ هم‌چنین، این پروتئین‌ها در RB 943365 کاهش بیان داشتند (Kumar *et al.,* 2023).

در پژوهشی، از 2-DE همراه با LC-MS/MS برای توصیف انواع مختلف پروتئین‌هایی که به خشکی در دو رقم مختلف K86-161 (مقاوم) و B34-164 (حساس)، پاسخ می‌دادند استفاده شد. یافته‌های آن‌ها نشان داد که بیان ژن فروکتوز بیس‌فسفات آلدولاز، پروتئین‌های افزایش‌دهنده آزادسازی O_2 و SOD به میزان بیشتری در بخش‌های مختلف K86-161 افزایش یافت. هم‌چنین، این پروتئین‌ها در مقادیر کمتر در B34-164 تحت شرایط خشکی یافت شدند (Khueychai *et al*., 2015). علاوه بر این، شوری موجود در خاک یک مشکل مهم است که روند رشد و نمو نیشکر را تحت تاثیر قرار می‌دهد. پاچکو و همکاران (۲۰۱۳) از 2-DE و LC-MS برای تجزیه و تحلیل پروتئوم بیان‌شده متفاوت در ریشه نیشکر در برابر تنش شوری در ارقام مختلف استفاده کردند و به این نتیجه رسیدند که بیشتر پروتئین‌های انباشته‌شده در پاسخ به تنش در فرآیند رشد، متابولیسم کربوهیدرات، مسیر ROS، و حفاظت از پروتئین‌ها درگیر هستند و پایداری غشا در رقم مقاوم پس از ۲ ساعت ظهور شوری رخ داد، در حالی که وجود آن‌ها در یک رقم حساس پس از ۷۲ ساعت تنش شوری مشاهده شد (Pacheco *et al.*, 2013).

متابولومیکس

متابولومیکس دارای ظرفیت بسیار زیادی در بهبود محصولات کشاورزی است و می‌تواند در کشف نشانگرها و افزایش بهره‌وری و کیفیت محصولات کمک کند. رویکرد متابولومیکس برای تنش‌های زیستی و غیر زیستی به همراه متابولیسم ساکارز در گیاه نیشکر مورد مطالعه قرار گرفته است. یک مطالعه اولیه متابولومیکس مبتنی بر GC–MS تقریباً ۳۰ متابولیت را شناسایی کرد تا مکانیسم تجمع ساکارز در گیاه نیشکر را درک کند (Bosch *et al.*, 2003).

پاسخ گیاه نیشکر به همسانه‌سازی *Sporisorium scitamineum* در طول پیشروی بیماری با استفاده از رویکرد متابولومیکس تجزیه و تحلیل شده است. با استفاده از GC-TOF-MS و LC–ESI–MS/MS، چندین متابولیت مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفته‌اند. پیش‌سازهای دیواره سلولی، اسیدهای آمینه، انرژی و مسیرهای فنیل‌پروپانوئید نشان‌دهنده تغییرات قابل توجهی در طول پیشروی بیماری بودند (Schaker *et al.*, 2017). تخمیر ملاس نیشکر توسط *Aureobasidium pullulans* برای تولید پلی‌مالیک اسید و مالیک اسید، ۸۱ متابولیت داخل سلولی را نشان داد (Feng *et al.,* 2018). با استفاده از رویکرد متابولومیکس، تلاش شده است تا علت تلخی نیشکر درک شود. در مجموع ۲۴۷ متابولیت موجود در نیشکر تلخ و شیرین با هم مقایسه شدند و ۲۲ متابولیت متمایز مرتبط با بیوسنتز فلاونوئید مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. مشخص شد که میکروبیوم گیاهی تأثیر مستقیمی بر متابولوم گیاه داشت (Huang *et al.,* 2021).

در گزارش‌های اخیر، واریته‌های نیشکر مقاوم و حساس به شوری برای شناسایی متابولیت‌های ثانویه مختلف درگیر در تحمل به شوری رشد کردند. تجمع مقدار زیادی پرولین و سدیم کمتر در برگ‌های گونه‌های مقاوم به نمک مشاهده شد (Chiconato *et al.,* 2019). به طور مشابه، افزایش سطح اسید فنولیک، محتوای آنتوسیانین و محتوای فلاون در ایجاد مقاومت به خشکی و شرایط شوری در گیاهان نیشکر قابل توجه بود (Ali *et al.,* 2019).

علاوه بر این، به‌منظور بررسی تغییرات فیزیولوژیکی و رشدی در جوانه‌های در حال رشد نیشکر که تحت تنش شوری قرار گرفتند، آزمایشی طراحی شد که بر اساس آن شوری تولید پراکسید هیدروژن و Cl^- و Na^+ را افزایش، نسبت‌های K^+ و $Ca2^+$ و Ca^{2+}:Na^+ و K^+:Na^+ را کاهش، و سنتز اسمولیت را در جوانه‌های نیشکر در حال رشد افزایش داد (Rasheed *et al.,* 2016). همچنین در یک مطالعه متابولومیک، تنش‌های خشکی و شوری منجر به کاهش محتوای ساکارز و افزایش قندهای احیاکننده مانند گلوکز و فروکتوز در ارقام مختلف نیشکر شدند. واریته‌های نیشکر مانند RB867515 محتوای گلوکز قابل توجهی را در شرایط تنش خشکی نشان دادند. قندهای زایلوز و اینوزیتول نیز در طی تنش‌های خشکی و شوری افزایش یافتند. هم‌چنین، سطح اسیدهای آلی در مقایسه با سطوح پیروات و ایزوسیترات افزایش یافت که در شرایط خشکی به شدت کاهش یافت. همچنین، چندین اسید آمینه شامل تریپتوفان، فنیل آلانین، تیروزین، لوسین، والین، پرولین، گلوتامین، لیزین، ایزولوسین، آسپاراژین و گلیسین در ارقام مختلف نیشکر مانند RB867515 و RB855536 انباشته شده‌اند (Vital *et al.*, 2017).

برخی مطالعات متابولومیک منحصراً برای درک میزان شوری در نیشکر گزارش شده‌اند. برای مثال، در مطالعه‌ای که با انواع نیشکر مقاوم و حساس به شوری انجام شد، مشاهده شد که متابولیت‌های ثانویه، مانند فنول محلول، آنتوسیانین‌ها و فلاون‌ها، باعث افزایش تحمل به شوری شدند (Wahid & Ghazanfar, 2006). پژوهشی دیگر نشان داد که پیش‌تیمار جوانه‌های نیشکر با پرولین و گلیسین‌بتائین با کاهش اثر مخرب تنش اکسیداتیو ناشی از شوری، توانایی تحمل شوری را افزایش داد (Waqas *et al.,* 2019). یک مطالعه مقایسه‌ای بر روی گونه‌های مختلف گیاه نیشکر به نام‌های SP81-3250 و IAC 87-3396 تحت غلظت‌های مختلف NaCl نشان داد که SP81-3250 به علت نرخ افزایشی بیشتر تولید بیوماس، فتوسنتز و مساحت برگ به مقایسه با IAC 87-3396، به طور نسبی تحمل بیشتری به شوری داشت. افزایش تجمع پرولین و کاهش پراکسیداسیون لیپید موجب متحمل‌تر شدن به شوری می‌شود (Chiconato *et al.,* 2019). علاوه بر این، چندین نشانگر زیستی فرضی با تجزیه و تحلیل اثر انگشت متابولیت‌های گیاهچه‌های نیشکر و ذرت در معرض باکتری‌های محرک رشد گیاه در اسیدهای هیومیک شناسایی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

شدند (Canellas *et al.,* 2020). در طی یک مطالعه روی قرار گرفتن نیشکر در معرض حشرات کرم‌خوار نیشکر، تاکید شد که کاهش متابولیسم اولیه و فعال شدن مسیرهای فنیل پروپانوئید و به دنبال آن تجمع کلروژنیک اسید وجود داشت (Sabino *et al.,* 2019).

RNAهای کوچک (miRNA) در نیشکر

در ژنوتیپ‌های نیشکر، miRNAهایی با اندازه ۲۴ نوکلئوتید گزارش شده‌اند که در مراحل اولیه تنش شوری و خشکی بیان می‌شوند. تجزیه و تحلیل محاسباتی کتابخانه‌های RNA کوچک گیاهان نیشکر که در معرض تنش خشکی و شوری قرار گرفته‌اند، برخی miRNAها را شناسایی کرد که در زمان تنش‌های غیر زیستی مداخله می‌کنند. افزایش رونویسی ژن‌های مرتبط با MYB با کاهش همزمان miRNA تحت تنش شوری کوتاه‌مدت مشاهده شد (Patade & Suprasanna, 2010). غربالگری کتابخانه‌های RNA کوچک از گیاهان نیشکر که در معرض تنش شوری قرار داشتند، منجر به شناسایی miRNAهایی مانند sof-miR-Seq09 و sof-miRSeq19 شد و MADS2 را به‌عنوان ژن هدف آنها پیش‌بینی کرد (Thiebaut *et al.,* 2012). ارقام نیشکر که تحت تنش شوری کم و زیاد رشد کردند، ۱۱ miRNA را با بیان نسبتاً بالاتر در شرایط تنش شوری بالا نسبت به شرایط کنترل کم‌نمک نشان دادند (Carnavale Bottino *et al.,* 2013).

به‌دلیل فقدان توالی ژنوم کامل و ماهیت بسیار ناپایدار پیش‌سازهای miRNA، مطالعات اساسی مربوط به شناسایی و تعیین خصوصیات miRNA ژنوم نیشکر تاکنون انجام نشده‌اند. برخی از miRNAها مانند 166III، II۱۶۸، II۳۹۶، II۳۹۸، V ۱۵۶، III۱۶۹، و XVI۱۵۹ در ریشه‌ها و شاخه‌های تحت غلظت نمک زیاد بیان می‌شوند (*Carnavale Bottino* et al., 2013).

بیان ۹ miRNA در پاسخ به نمک (miR160، miR164، miR172، miR390، miR393، miR408، miR529، miR827، miR1432) در ارقام نیشکر CP-48- (حساس به نمک)، CP-69 torelative CP-57 (متحمل به نمک) شناسایی و توسط RT-qPCR اعتبارسنجی شدند. miRNAهای کاندید و ژن‌های مورد نظر آن‌ها در میان ارقام نیشکر مورد مطالعه می‌توانند به توسعه نیشکر مقاوم به نمک کمک کنند (Mazalmazraei *et al.,* 2023).

یونومیکس

یونومیکس مطالعه عناصر کمیاب و مواد مغذی معدنی در سیستم‌های گیاهی است. در طول تنش شوری، غلظت‌های یون‌ها در سلول‌های مختلف تغییر می‌کنند، اما گیاهان می‌توانند از طریق تنظیم اسمزی خود را با خشکی و شوری سازگار کنند. رویکردهای مختلفی در پاسخ به شرایط بسیار شور و خشکی در گیاهان زراعی شناسایی شده‌اند. تغییرات فیزیکوشیمیایی در جوانه‌های نیشکر در معرض تنش شوری گزارش شدند. شوری باعث تولید بیش از حد پراکسید هیدروژن، مقدار زیاد کلر و سدیم در بافت گیاه نیشکر و کاهش مقدار K^+ و Ca^{2+} و همچنین تغییر در نسبت‌های Ca^{2+}:Na و K^+:Na^+ می‌شود و در تولید اسمولیت‌های مختلف در سلول‌های گیاهی نیشکر مفید است (Rasheed *et al.*, 2016).

فعل و انفعالات و پاسخ‌های خاک گیاه‌میکروب

خشکی و شوری باعث کاهش فعالیت میکروبی خاک و رشد ضعیف گیاه می‌شوند. میکروب‌های خاک در طول تجزیه مواد آلی خاک از طریق اکسیداسیون، آمونیفیکاسیون و نیتریفیکاسیون نقش مهمی در خاک دارند. مطالعات مختلف نشان داده‌اند که برخی از میکروب‌های مفید، مانند باکتری‌های محرک رشد گیاه (PGPBs)، از طریق یک سری سازوکارها از جمله تولید اگزوپلی‌ساکارید (ESP)، تولید هورمون‌های گیاهی (مانند ایندول-۳-اسید استیک، سیتوکینین، اسید آبسیزیک، جیبرلین‌ها و اتیلن)، تنظیم تبادل مواد غذایی و تأثیر بر فرآیند بیوسنتز ترکیبات محافظ اسمزی (مانند قند کل محلول (TSS)، بتائین، ترهالوز، یا پرولین) را بر عهده دارند Gupta e*t al.,* 2021). راه غیر مستقیم تقویت رشد گیاه توسط PGPBها تولید آنتی‌بیوتیک‌ها، سیانید هیدروژن، سیدروفورها، مولکول‌های آلی فرار و آمونیاک است که پاتوژن‌های گیاهی را سرکوب می‌کنند. PGPBها با فعال کردن چندین ژن پاسخگو به شوری و خشکی هم‌چنین با تعدیل مسیرهای مولکولی نقش مهمی را ایفا می‌کنند، بنابراین تولید مولکول‌های مختلف مانند پروتئین‌های فراوان در اواخر جنین‌زایی (LEA)، لیپوکیتوالیگوساکاریدها (LCOs)، فاکتورهای گره‌سازی (NFs) و تنظیم الگوهای مولکولی مرتبط با میکروب (MAMP) را القا می‌کنند. گیاهانی که تحمل سیستمیک القایی دارند ممکن است تحت تأثیر ژن‌های پاسخگو به تنش با واسطه PGPR قرار گیرند. در نیشکر مشاهده شده است که *Gluconacetobacter diazotrophicus* ژن‌های مرتبط با سیگنال‌دهی وابسته به ABA را فعال می‌کند (Vargas *et al*., 2014).

باکتری‌های محرک رشد گیاه (PGPB)

تولید اسمولیت‌های مختلف توسط میکروب‌ها گیاه را از تنش محافظت می‌کند. افزایش زیست‌توده ریشه ساقه از طریق تولید IAA با واسطه PGPB ممکن است به‌طور قابل توجهی به مقابله با تنش شوری توسط گیاه کمک کند. تولید آمینو سیکلوپروپان-۱-کربوکسیلات دآمیناز (ACCD) توسط باکتری‌های ریزوسفری، مسیر سیگنال‌دهی اتیلن را برای تنظیم منفی خشک شدن ریشه در شرایط تنش آبی سرکوب می‌کند. هم‌چنین، گزارشی از افزایش محتوای پرولین در برگ و ریشه گیاه پس از تزریق باکتری‌های مقاوم به خشکی و در نتیجه دستیابی به رشد بهتر گیاه وجود دارد (Yuwono *et al.,* 2005). هم‌چنین، PGPBها در دسترس بودن برخی از مواد شیمیایی را افزایش می‌دهند که در تقویت رشد نقش دارند و ریز مغذی‌ها را برای گیاه میزبان فراهم می‌کنند. تولید ESP نقش مهمی در محافظت در برابر خشک شدن ایفا می‌کند (Vanhaverbeke *et al.*, 2003). ترشح SA توسط میکروب‌ها به‌عنوان یک مولکول سیگنال‌دهنده تحت تنش خشکی عمل می‌کند، که باعث تحریک ژن‌هایی می‌شود که به‌عنوان پروتئین‌های شوک حرارتی (HSP)، آنتی‌اکسیدان‌ها و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

چاپرون عمل می‌کنند و هم‌چنین ژن‌های سنتز متابولیت‌های ثانویه را فعال می‌کنند (Abd El-Daim *et al.,* 2019). گزارش شده است که میکروب‌ها متابولیت‌هایی مانند اسید پیرورویک (PA)، تیامین پیروفسفات، یوریدین دی فسفات، اسید سوکسینیک و دی هیدروکسی استون را افزایش می‌دهند که به مبارزه با خشکی کمک می‌کند (Abd El-Daim *et al.*, 2019).

PGPBها می‌توانند اثرات تنش شوری را از طریق سازوکارهای مستقیم و غیر مستقیم کاهش دهند (Gupta, Bano, Rai, Kumar, *et al.,* 2021) و گزارش شده است که PGPBs با القای آنزیم‌های مختلف مرتبط با دفاع مانند POX، کیتیناز، 1-3،b–گلوکاناز (GLU) و فنیل‌آلانین آمونیاک لیاز (PAL) بر علیه پاتوژن‌های گیاهی مختلف عمل می‌کنند. همچنین، مواد پلیمری خارج سلولی (EPS) تولیدشده توسط PGPBs با یون‌های دارای بار مثبت مانند Na^+ متصل می‌شوند و دسترسی به یون‌های سمی را کاهش می‌دهند (Upadhyay *et al.*, 2011).

EPS در اطراف ریشه‌ها پتانسیل آب را افزایش می‌دهد، یک مانع فیزیکی برای یون‌های سمی ایجاد می‌کند و جذب مواد مغذی توسط گیاهان را بهبود می‌بخشد (Zulfiqar *et al.*, 2020). در غلظت‌های بالاتر نمک، هجوم بیشتر Na^+، Cl^-، Ca^{2+}، Mg^{2+}، SO_3^{2-} یا CO_3^{2-} منجر به سمیت یونی می‌شود. PGPBها نسبت بالای یونK/Na را حفظ می‌کنند و هموستازی یون سمی را تنظیم می‌کنند. تجمع یون‌هایی مانند Na^+ و Cl^- را در برگ‌ها کاهش می‌دهند، حذف یون توسط سیستم ریشه را افزایش می‌دهند یا بیان ناقل یون را تعدیل می‌کنند (Ha-Tran *et al.,* 2021).

نتیجه‌گیری کلی

نیشکر یک محصول مهم اقتصادی است که به‌عنوان منبع تغذیه و انرژی عمل می‌کند. تغییرات آب و هوایی بر عملکرد و بهره‌وری محصول نیشکر تأثیر می‌گذارند. شوری یک محدودیت عمده تولید نیشکر است و بر صفات مورفولوژیکی، خواص فیزیولوژیکی و فعالیت آنزیمی تأثیر می‌گذارد و در نهایت باعث کاهش بهره‌وری محصول می‌شود. اولین علائم قابل مشاهده این تنش غیر زیستی تغییرات مورفولوژیکی مانند پیچیدگی برگ، کاهش اندازه و تعداد برگ، تغییر رشد ریشه و توقف رشد هستند. برای رویارویی با شرایط تنش، گیاهان سازوکارهای مختلفی مانند فرار، اجتناب، تحمل یا ترکیبی از اینها را تکامل داده‌اند. مخزن‌های ژنی متنوع و چندین خویشاوند وحشی نیشکر به عنوان اهداکنندگان QTLهای مقاوم در برابر خشکی و شوری عمل کرده‌اند که می‌توانند در مسیر اصلاح ارقام جدید معرفی شوند. تکنیک‌های جدید، مانند ویرایش ژنوم و فناوری‌های امیکس، راه‌های جدیدی را برای تحقیقات برای درک سازوکار تحمل به تنش خشکی و شوری باز می‌کنند. نقش اندوفیت‌ها و برهمکنش خاک‌گیاه میکروب نیز در مدیریت محصول نیشکر در برابر خشکی و شوری بسیار مهم است.

References

Abd El-Daim, I. A., Bejai, S., & Meijer, J. (2019). Bacillus velezensis 5113 induced metabolic and molecular reprogramming during abiotic stress tolerance in wheat. *Scientific Reports*, *9*(1), 16282.

Akter, S., Khan, M. S., Smith, E. N., & Flashman, E. (2021). Measuring ROS and redox markers in plant cells. *RSC Chem Biol*, *2*(5), 1384-1401. https://doi.org/10.1039/d1cb00071c

Ali, A., Khan, M., Sharif, R., Mujtaba, M., & Gao, S.-J. (2019). Sugarcane Omics: An update on the current status of research and crop improvement. *Plants*, *8*(9), 344.

Ali, M., Rafique, F., Ali, Q., & Malik, A. (2020). Genetic modification for salt and drought tolerance in plants through SODERF3. *Biological and Clinical Sciences Research Journal*, *2020*(1).

Almeida, C. M., Donato, V., Amaral, D. O., Lima, G., Brito, G., Lima, M. d. A., . . . Silva, M. (2013). Differential gene expression in sugarcane induced by salicylic acid and under water deficit conditions. *Agricultural Science Research Journals*, *3*(1), 38-44.

Almeida, D. M., Oliveira, M. M., & Saibo, N. J. (2017). Regulation of Na+ and K+ homeostasis in plants: towards improved salt stress tolerance in crop plants. *Genetics and Molecular Biology*, *40*, 326-345.

Altpeter, F., & Oraby, H. (2010). Sugarcane. In genetic modification of plants. In genetic modification of plants. *Biotechnology in Agriculture and Forestry*, 453-472.

An, Y., Liu, L., Chen, L., & Wang, L. (2016). ALA inhibits ABA-induced stomatal closure via reducing H2O2 and Ca2+ levels in guard cells. *Frontiers in Plant Science*, *7*, 482.

Anitha, R., Mary, P. C. N., Savery, M., Sritharan, N., & Purushothaman, R. (2015). Differential responses of sugarcane (Saccharum officinarum L.) genotypes under salt stress condition. *Plant Archives*, *15*(2), 1055-1060.

Arruda, P. (2012). Genetically modified sugarcane for bioenergy generation. *Current Opinion in Biotechnology*, *23*(3), 315-322.

Assaha, D. V., Ueda, A., Saneoka, H., Al-Yahyai, R., & Yaish, M. W. (2017). The role of Na+ and K+ transporters in salt stress adaptation in glycophytes. *Frontiers in Physiology*, *8*, 509.

Augustine, S. M., Ashwin Narayan, J., Syamaladevi, D. P., Appunu, C., Chakravarthi, M., Ravichandran, V., . . . & Subramonian, N. (2015). Overexpression of EaDREB2 and pyramiding of EaDREB2 with the pea DNA helicase gene (PDH45) enhance drought and salinity tolerance in sugarcane (*Saccharum* spp. hybrid). *Plant Cell Reports*, *34*, 247-263.

Balsalobre, T. W. A., da Silva Pereira, G., Margarido, G. R. A., Gazaffi, R., Barreto, F. Z., Anoni, C. O., . . . & Hoffmann, H. P. (2017). GBS-based single dosage markers for linkage and QTL mapping allow gene mining for yield-related traits in sugarcane. *BMC Genomics*, *18*(1), 1-19.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Basnayake, J., Jackson, P., Inman-Bamber, N., & Lakshmanan, P. (2012). Sugarcane for water-limited environments. Genetic variation in cane yield and sugar content in response to water stress. *Journal of Experimental Botany*, *63*(16), 6023-6033.

Begcy, K., Mariano, E. D., Lembke, C. G., Zingaretti, S. M., Souza, G. M., Araújo, P., & Menossi, M. (2019). Overexpression of an evolutionarily conserved drought-responsive sugarcane gene enhances salinity and drought resilience. *Annals of Botany*, *124*(4), 691-700.

Belesini, A., Carvalho, F., Telles, B., De Castro, G., Giachetto, P., Vantini, J., . . . & Ferro, M. (2017). De novo transcriptome assembly of sugarcane leaves submitted to prolonged water-deficit stress. *Genetics and Molecular Research*, *16*(2), 10.4238.

Bhat, J. A., Deshmukh, R., Zhao, T., Patil, G., Deokar, A., Shinde, S., & Chaudhary, J. (2020). Harnessing High-throughput Phenotyping and Genotyping for Enhanced Drought Tolerance in Crop Plants. *Journal of Biotechnology*, *324*, 248-260. https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2020.11.010

Birch, R. G., Bower, R. S., & Elliott, A. R. (2010). Highly efficient, 5′-sequence-specific transgene silencing in a complex polyploid. *Tropical Plant Biology*, *3*, 88-97.

Bortesi, L., & Fischer, R. (2015). The CRISPR/Cas9 system for plant genome editing and beyond. *Biotechnology Advances*, *33*(1), 41-52.

Bosch, S., Rohwer, J. M., & Botha, F. C. (2003, August). The sugarcane metabolome. In Proc S Afr Sug Technol Ass. *Mount Edgecombe: South African Sugar Technologists Association*, 7, 129-133.

Brunner, I., Herzog, C., Dawes, M. A., Arend, M., & Sperisen, C. (2015). How tree roots respond to drought. *Frontiers in Plant Science*, *6*, 547.

Cai, M., Lin, J., Li, Z., Lin, Z., Ma, Y., Wang, Y., & Ming, R. (2020). Allele specific expression of Dof genes responding to hormones and abiotic stresses in sugarcane. *PloS One*, *15*(1), e0227716.

Canellas, L. P., Canellas, N. O., da S. Irineu, L. E. S., Olivares, F. L., & Piccolo, A. (2020). Plant chemical priming by humic acids. *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*, *7*, 1-17.

Carnavale Bottino, M., Rosario, S., Grativol, C., Thiebaut, F., Rojas, C. A., Farrineli, L., . . . & Ferreira, P. C. G. (2013). High-throughput sequencing of small RNA transcriptome reveals salt stress regulated microRNAs in sugarcane. *PloS One*, *8*(3), e59423.

Carrillo-Bermejo, E. A., Gamboa-Tuz, S. D., Pereira-Santana, A., Keb-Llanes, M. A., Castaño, E., Figueroa-Yañez, L. J., & Rodriguez-Zapata, L. C. (2020). The SoNAP gene from sugarcane (Saccharum officinarum) encodes a senescence-associated NAC transcription factor involved in response to osmotic and salt stress. *Journal of Plant Research*, *133*, 897-909.

Cassaniti, C., Romano, D., & Flowers, T. J. (2012). The response of ornamental plants to saline irrigation water. *Irrigation-Water Management, Pollution and Alternative Strategies*, *131*, 158.

Chen, Y., Ma, J., Zhang, X., Yang, Y., Zhou, D., Yu, Q., . . . & Guo, J. (2017). A novel non-specific lipid transfer protein gene from sugarcane (NsLTPs), obviously responded to abiotic stresses and signaling molecules of SA and MeJA. *Sugar Tech*, *19*, 17-25.

Chiconato, D. A., Junior, G., dos Santos, D. M., & Munns, R. (2019). Adaptation of sugarcane plants to saline soil. *Environmental and Experimental Botany*, *162*, 201-211.

Cho, K.-H., Kim, M. Y., Kwon, H., Yang, X., & Lee, S.-H. (2021). Novel QTL identification and candidate gene analysis for enhancing salt tolerance in soybean (*Glycine max* L. Merr.). *Plant Science*, *313*, 111085.

Cramer, G. R. (2002). Sodium-calcium interactions under salinity stress. In *Salinity: Environment-Plants-Molecules* (pp. 205-227). Springer.

Cruz, F. J. R., da Costa Ferreira Junior, D., & dos Santos, D. M. M. (2018). Low salt stress affects physiological parameters and sugarcane plant growth. *Australian Journal of Crop Science*, *12*(8), 1272-1279.

Cui, D.-L., Meng, J.-Y., Ren, X.-Y., Yue, J.-J., Fu, H.-Y., Huang, M.-T., . . . & Gao, S.-J. (2020). Genome-wide identification and characterization of DCL, AGO and RDR gene families in Saccharum spontaneum. *Scientific Reports*, *10*(1), 13202.

Das, K., & Roychoudhury, A. (2014). Reactive oxygen species (ROS) and response of antioxidants as ROS-scavengers during environmental stress in plants. *Frontiers in Environmental Science*, *2*, 53.

de Almeida Silva, M., Pincelli, R. P., & de Moraes Barbosa, A. (2018). Efeitos do estresse hídrico na fluorescência e conteúdo de clorofila em cultivares de cana-de-açúcar com tolerância contrastante. *Bioscience Journal*, *34*(1), 75-87.

Demetriou, G., Neonaki, C., Navakoudis, E., & Kotzabasis, K. (2007). Salt stress impact on the molecular structure and function of the photosynthetic apparatus—the protective role of polyamines. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, *1767*(4), 272-280.

Dhansu, P., Kumar, A., Mann, A., Kumar, R., Meena, B., Sheoran, P., . . . & Kulshreshtha, N. (2018). Insights into biotechnological interventions for sugarcane improvement. *Biotechnology to Enhance Sugarcane Productivity and Stress Tolerance*, 115-136.

Dhansu, P., Kumar, R., Kumar, A., Vengavasi, K., Raja, A. K., Vasantha, S., . . . & Pandey, S. K. (2022). Differential Physiological Traits, Ion Homeostasis and Cane Yield of Sub-Tropical Sugarcane Varieties in Response to Long-Term Salinity Stress. *Sustainability*, *14*(20), 13246.

Dias, N. d. S., & Blanco, F. F. (2010). Efeitos dos sais no solo e na planta.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Dong, S., Delucca, P., Geijskes, R. J., Ke, J., Mayo, K., Mai, P., . . . & Yarnall, M. (2014). Advances in Agrobacterium-mediated sugarcane transformation and stable transgene expression. *Sugar Tech*, *16*(4), 366-371.

Dos Santos, T. B., Ribas, A. F., de Souza, S. G. H., Budzinski, I. G. F., & Domingues, D. S. (2022). Physiological responses to drought, salinity, and heat stress in plants: a review. *Stresses*, *2*(1), 113-135.

Dresselhaus, T., & Hückelhoven, R. (2018). Biotic and abiotic stress responses in crop plants. In (Vol. 8, pp. 267): MDPI.

Duarte, B., Sleimi, N., & Caçador, I. (2014). Biophysical and biochemical constraints imposed by salt stress: learning from halophytes. *Frontiers in Plant Science*, *5*, 746.

Estavillo, G. M., Crisp, P. A., Pornsiriwong, W., Wirtz, M., Collinge, D., Carrie, C., . . . & Javot, H. (2011). Evidence for a SAL1-PAP chloroplast retrograde pathway that functions in drought and high light signaling in Arabidopsis. *The Plant Cell*, *23*(11), 3992-4012.

Fahad, S., & Bano, A. (2012). Effect of salicylic acid on physiological and biochemical characterization of maize grown in saline area. *Pakistan Journal of Botany*, *44*(4), 1433-1438.

Farnese, F. S., Menezes-Silva, P. E., Gusman, G. S., & Oliveira, J. A. (2016). When bad guys become good ones: the key role of reactive oxygen species and nitric oxide in the plant responses to abiotic stress. *Frontiers in Plant Science*, *7*, 471.

Feng, J., Yang, J., Yang, W., Chen, J., Jiang, M., & Zou, X. (2018). Metabolome-and genome-scale model analyses for engineering of Aureobasidium pullulans to enhance polymalic acid and malic acid production from sugarcane molasses. *Biotechnology for Biofuels*, *11*, 1-13.

Figueroa-Rodríguez, K. A., Hernández-Rosas, F., Figueroa-Sandoval, B., Velasco-Velasco, J., & Aguilar Rivera, N. (2019). What has been the focus of sugarcane research? A bibliometric overview. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, *16*(18), 3326.

Forough, J. F., Avinash, T., & Rachayya, D. (2017). Analysis of Molecular Assortment in Sugarcane Varieties using RAPD and ISSR markers. *Research Journal of Biotechnology*, *1*(12), 12.

Fukuhara, S., Terajima, Y., Irei, S., Sakaigaichi, T., Ujihara, K., Sugimoto, A., & Matsuoka, M. (2013). Identification and characterization of intergeneric hybrid of commercial sugarcane (Saccharum spp. hybrid) and Erianthus arundinaceus (Retz.) Jeswiet. *Euphytica*, *189*(3), 321-327.

Gomathi, R., Vasantha, S., & Thandapani, V. (2010). Mechanism of osmo regulation in response to salinity stress in sugarcane. *Sugar Tech*, *12*, 305-311.

Govindaraj, P., & Mahadevaswamy, H. (2021). Collection, characterization and diversity analysis of new wild sugarcane germplasm collected from Western Ghats: A rich biodiversity spot in India. *Sugar Tech*, *23*(3), 484-498.

Guerzoni, J. T. S., Belintani, N. G., Moreira, R. M. P., Hoshino, A. A., Domingues, D. S., Filho, J. C. B., & Vieira, L. G. E. (2014). Stress-induced Δ1-pyrroline-5-carboxylate synthetase (P5CS) gene confers tolerance to salt stress in transgenic sugarcane. *Acta Physiologiae Plantarum*, *36*, 2309-2319.

Guimarães, E. R., Mutton, M. A., Mutton, M. J. R., Ferro, M. I. T., Ravaneli, G. C., & Silva, J. A. d. (2008). Free proline accumulation in sugarcane under water restriction and spittlebug infestation. *Scientia Agricola*, *65*, 628-633.

Gujjar, R. S., & Supaibulwatana, K. (2019). The mode of cytokinin functions assisting plant adaptations to osmotic stresses. *Plants*, *8*(12), 542.

Gupta, A., Bano, A., Rai, S., Dubey, P., Khan, F., Pathak, N., & Sharma, S. (2021). Plant Growth Promoting Rhizobacteria (PGPR): A sustainable agriculture to rescue the vegetation from the effect of biotic stress: A Review. *Lett. Appl. NanoBiosci*, *10*, 2459-2465.

Gupta, A., Bano, A., Rai, S., Kumar, M., Ali, J., Sharma, S., & Pathak, N. (2021). ACC deaminase producing plant growth promoting rhizobacteria enhance salinity stress tolerance in Pisum sativum. *3 Biotech*, *11*(12), 514.

Gupta, A., Mishra, R., Rai, S., Bano, A., Pathak, N., Fujita, M., Hasanuzzaman, M. (2022). Mechanistic insights of plant growth promoting bacteria mediated drought and salt stress tolerance in plants for sustainable agriculture. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(7), 3741.

Ha-Tran, D. M., Nguyen, T. T. M., Hung, S.-H., Huang, E., & Huang, C.-C. (2021). Roles of plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) in stimulating salinity stress defense in plants: A review. *International Journal of Molecular Sciences*, *22*(6), 3154.

Hasanuzzaman, M., Bhuyan, M. B., Zulfiqar, F., Raza, A., Mohsin, S. M., Mahmud, J. A., . . . & Fotopoulos, V. (2020). Reactive oxygen species and antioxidant defense in plants under abiotic stress: Revisiting the crucial role of a universal defense regulator. *Antioxidants*, *9*(8), 681.

He, A.-L., Niu, S.-Q., Zhao, Q., Li, Y.-S., Gou, J.-Y., Gao, H.-J., . . . & Zhang, J.-L. (2018). Induced salt tolerance of perennial ryegrass by a novel bacterium strain from the rhizosphere of a desert shrub Haloxylon ammodendron. *International Journal of Molecular Sciences*, *19*(2), 469.

Himmelbach, A., Yang, Y., & Grill, E. (2003). Relay and control of abscisic acid signaling. *Current Opinion in Plant Biology*, *6*(5), 470-479.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Hoang, N. V., Furtado, A., McQualter, R. B., & Henry, R. J. (2015). Next generation sequencing of total DNA from sugarcane provides no evidence for chloroplast heteroplasmy. *New Negatives in Plant Science*, *1*, 33-45.

Huang, W., Sun, D., Chen, L., & An, Y. (2021). Integrative analysis of the microbiome and metabolome in understanding the causes of sugarcane bitterness. *Scientific Reports*, *11*(1), 6024.

Iman talab, A. R., Hazrati, S., & Pasban eslam, B. (2024). Evaluation of Morphological, Physiological, and Agronomical Traits Related to the Productivity of Some Promising Rapeseed Genotypes in Saline Areas [Applicable]. *Journal of Crop Breeding*, *16*(2), 118-135. https://doi.org/10.61186/jcb.16.2.118. [In Persian]

Jain, R., Chandra, A., Venugopalan, V. K., & Solomon, S. (2015). Physiological changes and expression of SOD and P5CS genes in response to water deficit in sugarcane. *Sugar Tech*, *17*, 276-282.

Jaiphong, T., Tominaga, J., Watanabe, K., Nakabaru, M., Takaragawa, H., Suwa, R., . . . & Kawamitsu, Y. (2016). Effects of duration and combination of drought and flood conditions on leaf photosynthesis, growth and sugar content in sugarcane. *Plant Production Science*, *19*(3), 427-437.

Jangpromma, N., Kitthaisong, S., Daduang, S., Jaisil, P., & Thammasirirak, S. (2007). 18 kDa protein accumulation in sugarcane leaves under drought stress conditions. *Current Applied Science and Technology*, *7*(1-1), 44-54.

Jangpromma, N., Thammasirirak, S., Jaisil, P., & Songsri, P. (2012). Effects of drought and recovery from drought stress on above ground and root growth, and water use efficiency in sugarcane ('*Saccharum officinarum*'L.). *Australian Journal of Crop Science*, *6*(8), 1298-1304.

Kannan, B., Jung, J. H., Moxley, G. W., Lee, S. M., & Altpeter, F. (2018). TALEN-mediated targeted mutagenesis of more than 100 COMT copies/alleles in highly polyploid sugarcane improves saccharification efficiency without compromising biomass yield. *Plant Biotechnology Journal*, *16*(4), 856-866.

Kesawat, M. S., Satheesh, N., Kherawat, B. S., Kumar, A., Kim, H. U., Chung, S. M., & Kumar, M. (2023). Regulation of Reactive Oxygen Species during Salt Stress in Plants and Their Crosstalk with Other Signaling Molecules-Current Perspectives and Future Directions. *Plants (Basel)*, *12*(4). https://doi.org/10.3390/plants12040864

Khan, A., Khan, A. L., Muneer, S., Kim, Y.-H., Al-Rawahi, A., & Al-Harrasi, A. (2019). Silicon and salinity: Crosstalk in crop-mediated stress tolerance mechanisms. *Frontiers in Plant Science*, *10*, 1429.

Khueychai, S., Jangpromma, N., Daduang, S., Jaisil, P., Lomthaisong, K., Dhiravisit, A., & Klaynongsruang, S. (2015). Comparative proteomic analysis of leaves, leaf sheaths, and roots of drought-contrasting sugarcane cultivars in response to drought stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, *37*, 1-16.

Kibria, M. G., & Hoque, M. A. (2019). A review on plant responses to soil salinity and amelioration strategies. *Open Journal of Soil Science*, *9*(11), 219.

Kumar, M., Giri, V. P., Pandey, S., Gupta, A., Patel, M. K., Bajpai, A. B., . . . & Siddique, K. H. (2021). Plant-Growth-Promoting Rhizobacteria emerging as an effective bioinoculant to improve the growth, production, and stress tolerance of vegetable crops. *International Journal of Molecular Sciences*, *22*(22), 12245.

Kumar, R., Sagar, V., Verma, V. C., Kumari, M., Gujjar, R. S., Goswami, S. K., . . . & Srivastava, S. (2023). Drought and Salinity Stress Induced Physio-Biochemical Changes in Sugarcane: An Overview of Tolerance Mechanism and Mitigating Approaches. *Frontiers in Plant Science*, *14*, 1225234.

Kumar, T., Uzma, Khan, M. R., Abbas, Z., & Ali, G. M. (2014). Genetic improvement of sugarcane for drought and salinity stress tolerance using Arabidopsis vacuolar pyrophosphatase (AVP1) gene. *Molecular Biotechnology*, *56*, 199-209.

Lekshmi, M., Pazhany, A. S., Sobhakumari, V., & Premachandran, M. N. (2017). Nuclear and cytoplasmic contributions from Erianthus arundinaceus (Retz.) Jeswiet in a sugarcane hybrid clone confirmed through genomic in situ hybridization and cytoplasmic DNA polymorphism. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *64*, 1553-1560.

Li, A., Lakshmanan, P., He, W., Tan, H., Liu, L., Liu, H., . . . & Chen, Z. (2020). Transcriptome profiling provides molecular insights into auxin-induced adventitious root formation in sugarcane (*Saccharum* spp. interspecific hybrids) Microshoots. *Plants*, *9*(8), 931.

Li, C., Nong, Q., Solanki, M. K., Liang, Q., Xie, J., Liu, X., . . . & Li, Y. (2016). Differential expression profiles and pathways of genes in sugarcane leaf at elongation stage in response to drought stress. *Scientific Reports*, *6*(1), 25698.

Li, P., Chai, Z., Lin, P., Huang, C., Huang, G., Xu, L., . . . & Zhao, X. (2020). Genome-wide identification and expression analysis of AP2/ERF transcription factors in sugarcane (Saccharum spontaneum L.). *BMC genomics*, *21*(1), 1-17.

Li, Z., Hua, X., Zhong, W., Yuan, Y., Wang, Y., Wang, Z., . . . & Zhang, J. (2020). Genome-wide identification and expression profile analysis of WRKY family genes in the autopolyploid Saccharum spontaneum. *Plant and Cell Physiology*, *61*(3), 616-630.

Liang, W., Ma, X., Wan, P., & Liu, L. (2018). Plant salt-tolerance mechanism: A review. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *495*(1), 286-291.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Liu, S., & Qin, F. (2021). Genetic dissection of maize drought tolerance for trait improvement. *Molecular Breeding*, *41*, 1-13.
Ludwiczak, A., Osiak, M., Cárdenas-Pérez, S., Lubińska-Mielińska, S., & Piernik, A. (2021). Osmotic stress or ionic composition: which affects the early growth of crop species more? *Agronomy*, *11*(3), 435.
Luo, M., Zhang, Y., Chen, K., Kong, M., Song, W., Lu, B., . . . & Zhao, J. (2019). Mapping of quantitative trait loci for seedling salt tolerance in maize. *Molecular Breeding*, *39*, 1-12.
Ma, Y., Dias, M. C., & Freitas, H. (2020). Drought and Salinity Stress Responses and Microbe-Induced Tolerance in Plants. *Frontiers in Plant Science*, *11*, 591911. https://doi.org/10.3389/fpls.2020.591911
Manners, J., McIntyre, L., Casu, R., Cordeiro, G., Jackson, M., Aitken, K., . . . & Henry, R. (2004). Can genomics revolutionize genetics and breeding in sugarcane. Proceedings of the 4th International Crop Science Congress,
Manoj, V. M., Anunanthini, P., Swathik, P. C., Dharshini, S., Ashwin Narayan, J., Manickavasagam, M., . . . & Ram, B. (2019). Comparative analysis of glyoxalase pathway genes in Erianthus arundinaceus and commercial sugarcane hybrid under salinity and drought conditions. *BMC Genomics*, *19*, 1-16.
Markad, N., Kale, A., Pawar, B., Jadhav, A., & Patil, S. (2014). Molecular characterization of sugarcane (Saccharum officinarum L.) genotypes in relation to salt tolerance. *Bioscan*, *9*(4), 1785-1788.
Mazalmazraei, T., Nejadsadeghi, L., Mehdi Khanlou, K., & Ahmadi, D. N. (2023). Comparative analysis of differentially expressed miRNAs in leaves of three sugarcanes (*Saacharum officinarum* L.) cultivars during salinity stress. *Molecular Biology Reports*, *50*(1), 485-492.
Medeiros, C. D., Ferreira Neto, J. R., Oliveira, M. T., Rivas, R., Pandolfi, V., Kido, E. A., . . . & Santos, M. G. (2014). Photosynthesis, antioxidant activities and transcriptional responses in two sugarcane (Saccharum officinarum L.) cultivars under salt stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, *36*, 447-459.
Meena, M. R., Kumar, R., Chinnaswamy, A., Karuppaiyan, R., Kulshreshtha, N., & Ram, B. (2020). Current breeding and genomic approaches to enhance the cane and sugar productivity under abiotic stress conditions. *3 Biotech*, *10*(10), 440. https://doi.org/10.1007/s13205-020-02416-w
Miller, G., Suzuki, N., Ciftci-Yilmaz, S., & Mittler, R. (2010). Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. *Plant, Cell & Environment*, *33*(4), 453-467.
Misra, V., Solomon, S., Mall, A., Prajapati, C., Hashem, A., Abd_Allah, E. F., & Ansari, M. I. (2020). Morphological assessment of water stressed sugarcane: A comparison of waterlogged and drought affected crop. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *27*(5), 1228-1236.
Mohan, C. (2016). Genome editing in sugarcane: challenges ahead. *Frontiers in Plant Science*, *7*, 1542.
Mohinani, P., Mohinani, T., Bhooshan, B., & Kumar, D. (2021). Plants Responses and the Role of phytohormones against salinity stress. *Plant Archives (09725210)*, *21*(1).
Moradi, M., & Soltani Hoveize, M. (2021). Evaluation of Selection Indices for Improving Gane yield in Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *Journal of Crop Breeding*, *13*(40), 91-100. [In Persian]
Moradi, M., Soltani Howyzeh, M., & Ebrahimi, A. (2016). Detection of traits affecting canola yield under drought stress by multivariate analysis. *International Journal of Biology, Pharmacy and Allied Sciences (IJBPAS)*, *5*, 582-587.
Munns, R., & Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology*, *59*(1), 651-681. https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.59.032607.092911
Murad, A. M., Molinari, H. B. C., Magalhaes, B. S., Franco, A. C., Takahashi, F. S. C., de Oliveira-, N. G., . . . & Quirino, B. F. (2014). Physiological and proteomic analyses of Saccharum spp. grown under salt stress. *PloS One*, *9*(6), e98463.
Mustafa, G., Joyia, F. A., Anwar, S., Parvaiz, A., & Khan, M. S. (2018). Biotechnological interventions for the improvement of sugarcane crop and sugar production. *Sugarcane-Technology and Research; IntechOpen: London, UK*, 113-138.
Naidoo, S., Antwerpen, R., & Pammenter, N. (2004). Quantifying the effect of soil salinity on the physiology of three South African sugarcane varieties. *Proceedings of the South African Sugar Technologists Association*, *78*.
Nakhla, W. R., Sun, W., Fan, K., Yang, K., Zhang, C., & Yu, S. (2021). Identification of QTLs for salt tolerance at the germination and seedling stages in rice. *Plants*, *10*(3), 428.
Negi, P., Pandey, M., Dorn, K. M., Nikam, A. A., Devarumath, R. M., Srivastava, A. K., & Suprasanna, P. (2020). Transcriptional reprogramming and enhanced photosynthesis drive inducible salt tolerance in sugarcane mutant line M4209. *Journal of Experimental Botany*, *71*(19), 6159-6173.
Nerkar, G., Thorat, A., Sheelavantmath, S., Kassa, H. B., & Devarumath, R. (2018). Genetic transformation of sugarcane and field performance of transgenic sugarcane. *Biotechnologies of Crop Improvement, Volume 2: Transgenic Approaches*, 207-226.
Nezhad, S., Khodarahmpour, Z., & Howyzeh, M. S. (2018). Grouping of wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties on the morpho-physiologic characteristics under salinity stress condition. *Iranian Journal of Seed Science and Research*, *4*(4).

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]
[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Ngamhui, N.-o., Akkasaeng, C., Zhu, Y. J., Tantisuwichwong, N., Roytrakul, S., & Sansayawichai, T. (2012). Differentially expressed proteins in sugarcane leaves in response to water deficit stress. *Plant Omics*, *5*(4), 365-371.

Niazian, M., Howyzeh, M. S., & Sadat-Noori, S. A. (2021). Integrative effects of stress-and stress tolerance-inducing elicitors on in vitro bioactive compounds of ajowan [T*rachyspermum ammi* (L.) Sprague] medicinal plant. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, *146*(3), 589-604.

Oladosu, Y., Rafii, M. Y., Samuel, C., Fatai, A., Magaji, U., Kareem, I., . . . & Kolapo, K. (2019). Drought resistance in rice from conventional to molecular breeding: a review. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(14), 3519.

Oliveira, G. K., Soares, N. R., Costa, Z. P., Almeida, C. B., Machado, R. M., Mesquita, A. T., . . . & Vieira, M. L. C. (2022). Meiotic abnormalities in sugarcane (*Saccharum* spp.): Evidence for peri-and paracentric inversions.

Pacheco, C. M., Pestana-Calsa, M. C., Gozzo, F. C., Mansur Custodio Nogueira, R. J., Menossi, M., & Calsa Junior, T. (2013). Differentially delayed root proteome responses to salt stress in sugar cane varieties. *Journal of Proteome Research*, *12*(12), 5681-5695.

Pagariya, M. C., Harikrishnan, M., Kulkarni, P. A., Devarumath, R. M., & Kawar, P. G. (2011). Physio-biochemical analysis and transcript profiling of Saccharum officinarum L. submitted to salt stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, *33*, 1411-1424.

Pan, T., Liu, M., Kreslavski, V. D., Zharmukhamedov, S. K., Nie, C., Yu, M., . . . & Shabala, S. (2021). Non-stomatal limitation of photosynthesis by soil salinity. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, *51*(8), 791-825.

Pan, Y.-B., Wei, Q., Cordeiro, G., Legendre, B., & Henry, R. (2004). New Saccharum hybrids in S. spontaneum cytoplasm developed through a combination of conventional and molecular breeding approaches.

Parisi, C., Tillie, P., & Rodriguez, C. E. (2016). The Global Pipeline of GM crops: an outlook for 2020. *Nature Biotechnology*, 34(1), 31-6.

Passamani, L. Z., Barbosa, R. R., Reis, R. S., Heringer, A. S., Rangel, P. L., Santa-Catarina, C., . . . & Silveira, V. (2017). Salt stress induces changes in the proteomic profile of micropropagated sugarcane shoots. *PloS One*, *12*(4), e0176076.

Patade, V. Y., Bhargava, S., & Suprasanna, P. (2011). Salt and drought tolerance of sugarcane under iso-osmotic salt and water stress: growth, osmolytes accumulation, and antioxidant defense. *Journal of Plant Interactions*, *6*(4), 275-282.

Patade, V. Y., Bhargava, S., & Suprasanna, P. (2012). Transcript expression profiling of stress responsive genes in response to short-term salt or PEG stress in sugarcane leaves. *Molecular Biology Reports*, *39*, 3311-3318.

Patade, V. Y., Rai, A. N., & Suprasanna, P. (2011). Expression analysis of sugarcane shaggy-like kinase (SuSK) gene identified through cDNA subtractive hybridization in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *Protoplasma*, *248*, 613-621.

Patade, V. Y., & Suprasanna, P. (2009). An in vitro radiation induced mutagenesis-selection system for salinity tolerance in sugarcane. *Sugar Tech*, *11*, 246-251.

Patade, V. Y., & Suprasanna, P. (2010). Short-term salt and PEG stresses regulate expression of MicroRNA, miR159 in sugarcane leaves. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, *13*, 177-182.

Prabu, G., & Theertha Prasad, D. (2012). Functional characterization of sugarcane MYB transcription factor gene promoter (PScMYBAS1) in response to abiotic stresses and hormones. *Plant Cell Reports*, *31*, 661-669.

Rao, V. P., Sengar, R., & Singh, R. (2021). Identification of salt tolerant sugarcane cultivars through phenotypic, physiological and biochemical studies under abiotic stress. *Plant Physiology Reports*, *26*, 256-283.

Rasheed, R., Wahid, A., Hussain, I., Mahmood, S., & Parveen, A. (2016). Partial repair of salinity-induced damage to sprouting sugarcane buds by proline and glycinebetaine pretreatment. *Protoplasma*, *253*, 803-813.

Reyhanpour, S., Khodarahmpour, Z., & Hoveizeh, M. (2019). Study of barley varieties under salinity stress condition in early seedling growth stages via multivariate analysis. *Iranian Journal of Seed Science and Research*, *6*(4).

Rodrigues, F., Da Graça, J., De Laia, M., Nhani-Jr, A., Galbiati, J., Ferro, M., . . . & Zingaretti, S. (2011). Sugarcane genes differentially expressed during water deficit. *Biologia Plantarum*, *55*, 43-53.

Rodrigues, F. A., de Laia, M. L., & Zingaretti, S. M. (2009). Analysis of gene expression profiles under water stress in tolerant and sensitive sugarcane plants. *Plant Science*, *176*(2), 286-302.

Rodrigues, J., Inzé, D., Nelissen, H., & Saibo, N. J. M. (2019). Source–Sink Regulation in Crops under Water Deficit. *Trends in Plant Science*, *24*(7), 652-663. https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.tplants.2019.04.005

Sabino, A. R., Tavares, S. S., Riffel, A., Li, J. V., Oliveira, D. J., Feres, C. I., . . . & Sabino, A. R. (2019). 1H NMR metabolomic approach reveals chlorogenic acid as a response of sugarcane induced by exposure to Diatraea saccharalis. *Industrial Crops and Products*, *140*, 111651.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Sadat, S., & Soltani Howyzeh, M. (2012). Mutation induction using ethyl methanesulfonate (EMS) in regenerated plantlets of two varieties of sugarcane CP48-103 and CP57-614. *African Journal of Agricultural Research*, *7*, 1282-1288. https://doi.org/10.5897/AJAR11.1345.

Sadegh Ghol Moghadam, R., Saba, J., Shekari, F., Rousraii, M., & moradi, S. (2024). Evaluation of Relationships between Stomatal Dimensions and Density with the Root System in Bread Wheat Cultivars and Lines under Rainfed Conditions [Research]. *Journal of Crop Breeding*, *16*(2), 1-13. https://doi.org/10.61186/jcb.16.2.1 [In Persian]

Safdar, H., Amin, A., Shafiq, Y., Ali, A., Yasin, R., Shoukat, A., . . . & Sarwar, M. I. (2019). A review: Impact of salinity on plant growth. *Natural Sciences*, *17*(1), 34-40.

Sales, C. R., Marchiori, P. E. R., Machado, R. S., Fontenele, A. V., Machado, E. C., Silveira, J. A. G., & Ribeiro, R. V. (2015). Photosynthetic and antioxidant responses to drought during sugarcane ripening. *Photosynthetica*, *53*(4), 547-554.

Sandhu, N., Yadav, S., Catolos, M., Cruz, M. T. S., & Kumar, A. (2021). Developing Climate-Resilient, Direct-Seeded, Adapted Multiple-Stress-Tolerant Rice Applying Genomics-Assisted Breeding. *Frontiers in Plant Science*, *12*, 637488. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.637488

Schaker, P. D., Peters, L. P., Cataldi, T. R., Labate, C. A., Caldana, C., & Monteiro-Vitorello, C. B. (2017). Metabolome dynamics of smutted sugarcane reveals mechanisms involved in disease progression and whip emission. *Frontiers in Plant Science*, *8*, 882.

Segal, L. M., & Wilson, R. A. (2018). Reactive oxygen species metabolism and plant-fungal interactions. *Fungal Genetics and Biology*, *110*, 1-9.

Sengar, R. S. R. (2020). Effect of salinity stress on morphological and yield attributes of sugarcane (*Saccharum of ficinarum* L.) genotypes. *International Journal of Children's Spirituality*, *8*(5), 2312-2316.

Shan, Q., Wang, Y., Li, J., Zhang, Y., Chen, K., Liang, Z., . . . Qiu, J.-L. (2013). Targeted genome modification of crop plants using a CRISPR-Cas system. *Nature Biotechnology*, *31*(8), 686-688.

Sharma, A., Singh, R. K., Singh, P., Vaishnav, A., Guo, D.-J., Verma, K. K., . . . & Khan, N. (2021). Insights into the bacterial and nitric oxide-induced salt tolerance in sugarcane and their growth-promoting abilities. *Microorganisms*, *9*(11), 2203.

Shingote, P. R., Kawar, P. G., Pagariya, M. C., Kuhikar, R. S., Thorat, A. S., & Babu, K. (2015). SoMYB18, a sugarcane MYB transcription factor improves salt and dehydration tolerance in tobacco. *Acta Physiologiae Plantarum*, *37*, 1-12.

Shingote, P. R., Kawar, P. G., Pagariya, M. C., Rathod, P. R., & Kharte, S. B. (2017). Ectopic expression of SsMYB18, a novel MYB transcription factor from Saccharum spontaneum augments salt and cold tolerance in tobacco. *Sugar Tech*, *19*, 270-282.

Sica, P. (2021). *Sugarcane breeding for enhanced fiber and its impacts on industrial processes*. IntechOpen London, UK.

Sicilia, A., Testa, G., Santoro, D. F., Cosentino, S. L., & Lo Piero, A. R. (2019). RNASeq analysis of giant cane reveals the leaf transcriptome dynamics under long-term salt stress. *BMC Plant Biology*, *19*(1), 1-24.

Silva, A. A. d., Rubio, Z. C. C., Linhares, P. C. A., Pimentel, G. V., & Marchiori, P. E. R. (2022). Genotypic variation of sugarcane for salinity tolerance: Morphological and physiological responses. *Ciência e Agrotecnologia*, *46*.

Simões, W. L., Calgaro, M., Guimarães, M. J. M., de Oliveira, A. R., & Pinheiro, M. P. M. A. (2018). Cultivo da cana-de-açúcar com deficit hídrico controlado no submédio do vale são francisco. *Revista Caatinga*, *31*(4), 963-971.

Simões, W. L., Coelho, D. S., Mesquita, A. C., Calgaro, M., & da Silva, J. S. (2019). Aspectos fisiológicos e bioquímicos em variedades de cana-de-açúcar submetidas a estresse salino. *Revista Caatinga*, *32*(4), 1069-1076.

Simoes, W. L., Coelho, D. S., Mesquita, A. C., Calgaro, M., & Silva, J. S. D. (2020). Physiological and biochemical responses of sugarcane varieties to salt stress. *Revista Caatinga*, *32*, 1069-1076.

Simões, W. L., de Oliveira, A. R., Tardin, F. D., de Oliveira, C. P. M., de Morais, L. K., Teodoro, L. P. R., & Teodoro, P. E. (2023). Saline stress affects the growth of Saccharum complex genotypes. *Journal of Agronomy and Crop Science*, *209*(5), 613-618.

Simpson, A. J., & Perez, J. F. (1998). Latin America: ONSA, the São Paulo Virtual Genomics Institute. *Nature Biotechnology*, *16*(9), 795-796.

Singh, R., & Sengar, R. (2020). Effect of salinity stress on morphological and yield attributes of sugarcane (*Saccharum of ficinarum* L.) genotypes. *International Journal of Chemical Studies*, *8*, 2312-2316. https://doi.org/10.22271/chemi.2020.v8.i5af.10648

Singh, R. K., Kota, S., & Flowers, T. J. (2021). Salt tolerance in rice: seedling and reproductive stage QTL mapping come of age. *Theoretical and Applied Genetics*, *134*, 3495-3533.

So, K., Pak, U., Sun, S., Wang, Y., Yan, H., & Zhang, Y. (2022). Transcriptome profiling revealed salt stress-responsive genes in Lilium pumilum bulbs. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 1054064.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Sofo, A., Scopa, A., Nuzzaci, M., & Vitti, A. (2015). Ascorbate peroxidase and catalase activities and their genetic regulation in plants subjected to drought and salinity stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, *16*(6), 13561-13578.

Soltani Huwyzeh, M., Arzani, A., & Mirmohammady Maibody, S. A. (2008). Evaluation of Salt Tolerance in Commercial and Promising Sugarcane Cultivars at the Beginning of Growth Using Different Stress Tolerance Indices. *Seed and Plant Journal*, *24*(1), 145-159. https://doi.org/10.22092/spij.2017.110784

Soltani Huwyzeh, M., Mirmohammady Maibody, S. A., & Arzani, A. (2006). Effects of salinity on growth of eight commercial and promising sugarcane cultivars. *Journal of Agricultural Sciences and Natural Resources*, *13*(3), 59-68.

Soltani Huwyzeh, M., Mirmohammady Maibody, S. A., & Arzani, A. (2009). Study of correlation between morphophysiological traits and dry weight yield of commercial and promising sugarcane cultivars at formative stage under salinity stress condition. *Crop Physiology Journal*, *1*(2), 26-33.

Soltani Huwyzeh, M., Mirmohammady Maibody, S. A. M., & Arzani, A. (2008). Evaluation of Salt Tolerance of Sugarcane (Saccharum officinarum L.) Genotypes Based on the Ability to Regulate Ion Uptake and Transport at Early Stage of Growth [Research]. *Journal of Crop Production and Processing*, *11*(42), 56-66. http://jcpp.iut.ac.ir/article-1-768-en.html

Srivastava, M. K., Li, C.-N., & Li, Y.-R. (2012). Development of sequence characterized amplified region (SCAR) marker for identifying drought tolerant sugarcane genotypes. *Australian Journal of Crop Science*, *6*(4), 763-767.

Sugiharto, B., Ermawati, N., Mori, H., Aoki, K., Yonekura-Sakakibara, K., Yamaya, T., . . . & Sakakibara, H. (2002). Identification and characterization of a gene encoding drought-inducible protein localizing in the bundle sheath cell of sugarcane. *Plant and Cell Physiology*, *43*(3), 350-354.

Taiz, L., Zeiger, E., Møller, I. M., & Murphy, A. (2017). *Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal*, Artmed Editora.

Tang, X., Mu, X., Shao, H., Wang, H., & Brestic, M. (2015). Global plant-responding mechanisms to salt stress: physiological and molecular levels and implications in biotechnology. *Crit Rev Biotechnol*, *35*(4), 425-437. https://doi.org/10.3109/07388551.2014.889080

Tattini, M., Gucci, R., Coradeschi, M. A., Ponzio, C., & Everard, J. D. (1995). Growth, gas exchange and ion content in Olea europaea plants during salinity stress and subsequent relief. *Physiologia Plantarum*, *95*(2), 203-210.

Thalmann, M., & Santelia, D. (2017). Starch as a determinant of plant fitness under abiotic stress. *New Phytologist*, *214*(3), 943-951.

Thiebaut, F., Grativol, C., Carnavale-Bottino, M., Rojas, C. A., Tanurdzic, M., Farinelli, L., . . . & Ferreira, P. C. G. (2012). Computational identification and analysis of novel sugarcane microRNAs. *BMC Genomics*, *13*, 1-14.

Thirugnanasambandam, P. P., Hoang, N. V., & Henry, R. J. (2018). The challenge of analyzing the sugarcane genome. *Frontiers in Plant Science*, *9*, 616.

Trujillo, L., Sotolongo, M., Menendez, C., Ochogavia, M., Coll, Y., Hernandez, I., . . . & Hernandez, L. (2008). SodERF3, a novel sugarcane ethylene responsive factor (ERF), enhances salt and drought tolerance when overexpressed in tobacco plants. *Plant and Cell Physiology*, *49*(4), 512-525.

Ullah, A., Manghwar, H., Shaban, M., Khan, A. H., Akbar, A., Ali, U., . . . & Fahad, S. (2018). Phytohormones enhanced drought tolerance in plants: a coping strategy. *Environmental Science and Pollution Research*, *25*, 33103-33118.

Upadhyay, S., Singh, J., & Singh, D. (2011). Exopolysaccharide-producing plant growth-promoting rhizobacteria under salinity condition. *Pedosphere*, *21*(2), 214-222.

Van Zelm, E., Zhang, Y., & Testerink, C. (2020). Salt tolerance mechanisms of plants. *Annual Review of Plant Biology*, *71*, 403-433.

Vanhaverbeke, C., Heyraud, A., & Mazeau, K. (2003). Conformational analysis of the exopolysaccharide from Burkholderia caribensis strain MWAP71: impact on the interaction with soils. *Biopolymers: Original Research on Biomolecules*, *69*(4), 480-497.

Vargas, L., Santa Brigida, A. B., Mota Filho, J. P., de Carvalho, T. G., Rojas, C. A., Vaneechoutte, D., . . . & Vandepoele, K. (2014). Drought tolerance conferred to sugarcane by association with Gluconacetobacter diazotrophicus: a transcriptomic view of hormone pathways. *PloS One*, *9*(12), e114744.

Vasantha, S., Venkataramana, S., Gururaja Rao, P., & Gomathi, R. (2010). Long term salinity effect on growth, photosynthesis and osmotic characteristics in sugarcane. *Sugar Tech*, *12*, 5-8.

Vaseghi, M.-J., Chibani, K., Telman, W., Liebthal, M. F., Gerken, M., Schnitzer, H., . . . & Dietz, K.-J. (2018). The chloroplast 2-cysteine peroxiredoxin functions as thioredoxin oxidase in redox regulation of chloroplast metabolism. *Elife*, *7*, e38194.

Vital, C. E., Giordano, A., de Almeida Soares, E., Rhys Williams, T. C., Mesquita, R. O., Vidigal, P. M. P., . . . & de Oliveira Ramos, H. J. (2017). An integrative overview of the molecular and physiological responses of sugarcane under drought conditions. *Plant Molecular Biology*, *94*, 577-594.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]

Wahid, A., & Ghazanfar, A. (2006). Possible involvement of some secondary metabolites in salt tolerance of sugarcane. *Journal of Plant Physiology*, *163*(7), 723-730.
Wang, D., Wang, L., Su, W., Ren, Y., You, C., Zhang, C., . . . & Su, Y. (2020). A class III WRKY transcription factor in sugarcane was involved in biotic and abiotic stress responses. *Scientific Reports*, *10*(1), 20964.
Wang, Y., Cui, Y., Liu, B., Wang, Y., Sun, S., Wang, J., . . . Zhang, Y. (2022). Lilium pumilum stress-responsive NAC transcription factor LpNAC17 enhances salt stress tolerance in tobacco. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 993841.
Wang, Z.-Z., Zhang, S.-Z., Yang, B.-P., & Li, Y.-R. (2005). Trehalose synthase gene transfer mediated by Agrobacterium tumefaciens enhances resistance to osmotic stress in sugarcane. *Sugar Tech*, *7*, 49-54.
Waqas, M. A., Kaya, C., Riaz, A., Farooq, M., Nawaz, I., Wilkes, A., & Li, Y. (2019). Potential mechanisms of abiotic stress tolerance in crop plants induced by thiourea. *Frontiers in Plant Science*, *10*, 1336.
Watanabe, K., Takaragawa, H., Ueno, M., & Kawamitsu, Y. (2020). Changes in agronomic and physiological traits of sugarcane grown with saline irrigation water. *Agronomy*, *10*(5), 722.
Willadino, L., Oliveira Filho, R. A. d., Silva Junior, E. A. d., Gouveia Neto, A., & Camara, T. R. (2011). Estresse salino em duas variedades de cana-de-açúcar: enzimas do sistema antioxidativo e fluorescência da clorofila. *Revista Ciência Agronômica*, *42*, 417-422.
Wu, J., Zhang, J., Li, X., Xu, J., & Wang, L. (2016). Identification and characterization of a PutCu/Zn-SOD gene from Puccinellia tenuiflora (Turcz.) Scribn. et Merr. *Plant Growth Regulation*, *79*, 55-64.
Xiao, F., & Zhou, H. (2023). Plant salt response: Perception, signaling, and tolerance. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 1053699.
Xu, F., He, L., Gao, S., Su, Y., Li, F., & Xu, L. (2019). Comparative analysis of two sugarcane ancestors Saccharum officinarum and S. spontaneum based on complete chloroplast genome sequences and photosynthetic ability in cold stress. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(15), 3828.
Yang, Y., Fu, Z., Su, Y., Zhang, X., Li, G., Guo, J., . . . Xu, L. (2014). A cytosolic glucose-6-phosphate dehydrogenase gene, ScG6PDH, plays a positive role in response to various abiotic stresses in sugarcane. *Scientific Reports*, *4*(1), 7090.
Yuwono, T., Handayani, D., & Soedarsono, J. (2005). The role of osmotolerant rhizobacteria in rice growth under different drought conditions. *Australian Journal of Agricultural Research*, *56*(7), 715-721.
Zeeshan, M., Lu, M., Sehar, S., Holford, P., & Wu, F. (2020). Comparison of biochemical, anatomical, morphological, and physiological responses to salinity stress in wheat and barley genotypes deferring in salinity tolerance. *Agronomy*, *10*(1), 127.
Zhang, H., Li, Z., Xu, G., Bai, G., Zhang, P., Zhai, N., . . . & Jin, L. (2022). Genome-wide identification and characterization of NPF family reveals NtNPF6. 13 involving in salt stress in Nicotiana tabacum. *Frontiers in Plant Science*, *13*, 999403.
Zhang, J., Nagai, C., Yu, Q., Pan, Y.-B., Ayala-Silva, T., Schnell, R. J., . . . & Ming, R. (2012). Genome size variation in three Saccharum species. *Euphytica*, *185*, 511-519.
Zhang, Y., Lv, Y., Jahan, N., Chen, G., Ren, D., & Guo, L. (2018). Sensing of abiotic stress and ionic stress responses in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, *19*(11), 3298.
Zhao, D., & Li, Y.-R. (2015). Climate change and sugarcane production: potential impact and mitigation strategies. *International Journal of Agronomy*, *2015*, 1-10.
Zhao, D., Zhu, K., Momotaz, A., & Gao, X. (2020). Sugarcane plant growth and physiological responses to soil salinity during tillering and stalk elongation. *Agriculture*, *10*(12), 608.
Zulfiqar, F., Akram, N. A., & Ashraf, M. (2020). Osmoprotection in plants under abiotic stresses: New insights into a classical phenomenon. *Planta*, *251*, 1-17.
Zuo, D.-D., Ahammed, G. J., & Guo, D.-L. (2023). Plant transcriptional memory and associated mechanism of abiotic stress tolerance. *Plant Physiology and Biochemistry*, *201*, 107917. https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2023.107917

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-11]

[DOI: 10.61882/jcb.2024.1537]