دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری
پژوهشنامه اصلاح گیاهان زراعی

گروه‌بندی و بررسی الگوی بیان ژن‌های خانواده bZIP در ریشه گیاه گوجه فرنگی تحت تنش دمای پایین

پرویز حیدری[۱] و حمید نجفی زرینی[۲]

۱- استادیار، دانشگاه صنعتی شاهرود، (نویسنده مسوول: parvizh63@gmail.com)
۲- استادیار، دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

تاریخ دریافت: ۹۳/۱۰/۱۵ تاریخ پذیرش:۹۳/۱۲/۵

چکیده

bZIP یکی از مهم‌ترین عوامل رونویسی هستند که در اکثر تنش‌ها فعال هستند و باعث بیان و تنظیم تعدادی زیادی ژن در طی تنش‌های محیطی می‌شوند. گیاه گوجه فرنگی دارای ۷۳ ژن bZIP است که تاکنون این ژن‌ها گروه‌بندی نشده‌اند. در این تحقیق با استفاده از مطالعه نواحی فعالیت و اتصال به DNA، این خانواده بزرگ از عوامل رونویسی گروه‌بندی گردید. نتایج گروه‌بندی نشان داد که bZIPs گوجه‌فرنگی طبق عملکرد و میزان همولوژی با ژن‌های bZIP آرابیدوپسیس در یازده گروه قرار می‌گیرند. سه ژن Solyc06g074320، Solyc01g109880 و Solyc10g085210 به ترتیب از گروه‌های D، I و B برای مطالعه بیان ژن تحت تنش دمای پایین انتخاب شدند. دو ژنوتیپ حساس به سرما (Moneymaker) و مقاوم به سرما (LA1777) گیاه گوجه فرنگی در مرحله گیاهچه‌ای تحت شرایط دمای نرمال (۲۳ درجه سانتی‌گراد) و دمای پایین (۱۵ درجه سانتی‌گراد) برای مطالعه بیان ژن در ریشه کشت گردیدند. نتایج نشان داد که ژن Solyc06g074320 کمتر از Solyc01g109880 و Solyc10g085210 تحت تنش دمای پایین در ریشه گیاه گوجه‌فرنگی القاء می‌شود. نتایج این بررسی می‌تواند نقطه شروعی برای مطالعه عملکردی ژن‌های خانواده bZIP در آینده باشد.

واژه‌های کلیدی: تنش دمای پایین، عوامل رونویسی، گوجه‌فرنگی، بیان ژن، کلاس‌بندی ژن‌ها

مقدمه

گیاهان بر خلاف حیوانات، دارای محدودیت برای حرکت و فرار از شرایط نامساعد محیطی می‌باشند لذا برای غلبه بر این محدودیت‌ها گیاهان دارای مکانیسم‌های متعددی برای سازگار شدن رشد با شرایط محیطی را دارند (۱۶). عوامل رونویسی با اتصال به نواحی پروموتوری ژن‌های هدف باعث افزایش و یا کاهش بیان ژن‌های هدف بر حسب نوع تنش می‌شوند (۳). از مهم‌ترین عوامل رونویسی می‌توان به خانواده‌های ژنیMYC، MYB، bZIP، WRKY، NAC و AP2 اشاره کرد (۷).خانواده bZIP یکی از مهم‌ترین خانواده‌های عوامل رونویسی است که در اکثر تنش‌ها درگیر هستند و باعث کنترل تعداد زیادی ژن در طی تنش می‌شوند (۱۰). خانواده bZIP یک عامل پیام‌رسانی وابسته است که به هورمون اسید آبسیزیک در گیاه آرابیدوپسیس شناخته شده است (۱). ژنوم آرابیدوپسیس دارای ۷۵ ژن bZIP است که برحسب نوع عملکرد و تشابه توالی به ده گروه تقسیم شده‌اند (۱۱). ۱۳۶ ژن bZIP در کلزا بر اساس موتیف‌ها و تشابه در توالی پروتئینی به نه گروه تقسیم شدند و نتایج میکروآرایه گروه‌بندی ژن‌ها را تائید نمود (۱۰).

گوجه‌فرنگی یک گیاه مهم اقتصادی می‌باشد که مطالعات زیادی در برای بهبود افزایش عملکرد با تمرکز بر گل و توسعه میوه در آن صورت گرفته است (۱۵،۶). گیاهان مناطق گرمسیر هم‌چون گوجه فرنگی به دماهای پایین حساس هستند. ارقام زراعی گوجه فرنگی (*S .lycopersicum*) در همه مراحل رشد و نمو به دماهای پایین حساس می‌باشند. گونه وحشی *S. habrochaites* مقاوم به سرما است و یکی از منابع مقاومت معرفی شده است (۱۳). دمای پایین یک عامل کلیدی است که در گسترش، رشد و نمو، تولید و زندگی گیاه مؤثر است. ریشه‌ها در گیاه گوجه‌فرنگی که سیستم جذب آب و املاح و لنگرگاه گیاه می‌باشند ولی اطلاعات کمی در مورد بیان ژن‌ها و واکنش ریشه به تنش‌های زیستی در دسترس می‌باشد (۹). گوجه فرنگی دارای بیش از ۲۵۰۰ ژن عامل رونویسی است که در ۸۹ خانواده گروه‌بندی شده‌اند و خانواده bZIPs یکی از بزرگ‌ترین خانواده‌های ژنی در این گیاه می‌باشند که دارای ۷۳ عضو است.

علی‌رغم اهمیت خانواده bZIPs در تنظیم بیان ژن‌ها در گیاهان، تاکنون مطالعه‌ای در برای گروه‌بندی و تعیین عملکرد همه ژن‌های این خانواده در گیاه گوجه‌فرنگی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

صورت نگرفته است.از سوی دیگر با توجه به اطلاعات کم در مورد بیان ژن‌ها در ریشه گوجه فرنگی، در این تحقیق ژن‌های خانواده bZIP طبق مطالعه ساختاری و عملکردی به گروه‌های مختلف تقسیم شدند و برحسب گروه‌بندی انجام گرفته سه ژن bZIP برای مطالعه بیان ژن در ژنوتیپ حساس و مقاوم سرما تحت تنش دمای پایین انتخاب شدند. نتایج این پژوهش می‌تواند باعث افزایش درک رابطه ژن‌های این خانواده ژنی شودو الگوی بیان برخی از ژن‌های این خانواده تحت کاهش دما تعیین شود.

مواد و روش‌ها

جمع‌آوری توالی و آنالیز SlbZIPs

توالی پروتئینی ۷۳ ژن SlbZIP از پایگاه ژنوم گوجه‌فرنگی (http://solgenomics.net) و ۷۵ ژن AtbZIP از پایگاه آرابیدوپسیس (www.arabidopsis.org) استخراج گردید. برای شناسایی نواحی موتیفی و دومین‌های حفاظتی به ترتیب از ابزار Motif scanپایگاه EXPASY و Batch CD-search پایگاه NCBIاستفاده شد. روابط فیلوژنتیکی bZIPs با استفاده از نرم‌افزار MEGA5 مورد آنالیز قرار گرفت.

کشت نمونه‌ها و اجراء آزمایش

بذرهای دو جنس گوجه‌فرنگی، *S. lycopersicum* cv. Moneymaker (حساس به سرما) و *S. habrochaites* LA1777 (مقاوم به سرما) بین دو لایه کاغذ صافی در دمای ۲۳ درجه سانتی‌گراد در اتاقک‌های رشد کشت گردیدند.بعد از هفت روز نصف گیاهچه‌های هر جنس در دمای ۱۵درجه سانتی‌گراد و نصف دیگر در دمای ۲۳ درجه سانتی‌گراد به مدت سه روز قرار گرفتند. بعد از اعمال تیمار دمایی ریشه‌های کامل (شامل ریشه فرعی و ریشه اصلی) از هر دو جنس گوجه‌فرنگی برش و بلافاصله در نیتروژن مایع قرار داده شدند و در منفی۸۰ درجه سانتی‌گراد برای بررسی بیان ژن‌ها نگهداری شدند.

استخراج RNA و طراحی پرایمر

کل RNAها با استفاده از روش ترایزول (Trizol regent- SIGMA) استخراج گردید (۵). کمیت و کیفیت RNA با استفاده از Thermo Nano Drop 2000 و ژل آگارز یکدرصد بررسی شد. برای حذف آلودگی DNA از RNase-free DNase I (Thermo Scientific cat.# EN0521) استفاده شد و cDNA با استفاده از کیت‌های شرکت پرومگا (Promega, USA cat.# A5000) و طبق دستورالعمل آن ساخته شد. مطالعه بیان ژن‌ها با استفاده از دستگاه Applied Biosystems 7300 و کیت SYBR Green master mix (Thermo Scientific) در سه تکرار مستقل انجام گرفت. چرخه دمایی برای تکثیر نمونه‌ها به این ترتیب استفاده شد که ۹۵درجه سانتی‌گراد برای ۱۰ دقیقه و ۴۰ سیکل چرخه، ۹۵ درجه سانتی‌گراد برای ۱۵ ثانیه، ۶۰ درجه سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه و ۷۲ درجه سانتی‌گراد برای ۳۰ ثانیه تکرار شد. برای رسم منحنی ذوب دمای ۹۵ تا ۶۰ درجه سانتی‌گراد انتخاب گردید. طبق نتایج گروه‌بندی، ژن‌های Solyc06g074320، Solyc01g109880 و Solyc10g085210 به ترتیب از گروه‌های D، I و B به همراه ژن EF-1-α (ژن رفرنس) برای مطالعه بیان ژن انتخاب شدند. آغازگرهای مربوط به هر ژن با استفاده از نرم‌افزار پرایمر ۳ و clone mgr suite طراحی شدند (جدول ۱). برای محاسبه میزان بیان نسبی ژن‌ها نیز از فرمول ΔCt و ΔΔCt استفاده شد (۱۴).

جدول ۱- لیست پرایمرهای مورد استفاده در مطالعه بیان ژن

ژن	توالی پرایمر پیشبر (3'-5')	توالی پرایمر برگشتی (3'-5')
EF-1-α	GGAACTTGAGAAGGAGCCTAAG	CAACACCAACAGCAACAGTCT
Solyc01g109880	GGACTTGTCATGGACCACAAT	GCAAGACATCGGCAGTCATA
Solyc06g074320	TACCATTGCCACTGCTTCTC	TCAGCCTGACGAACAAATCC
Solyc10g085210	GACGGATGCTGATAGGTTAAGG	GCTGACCTACAGCACTCAAA

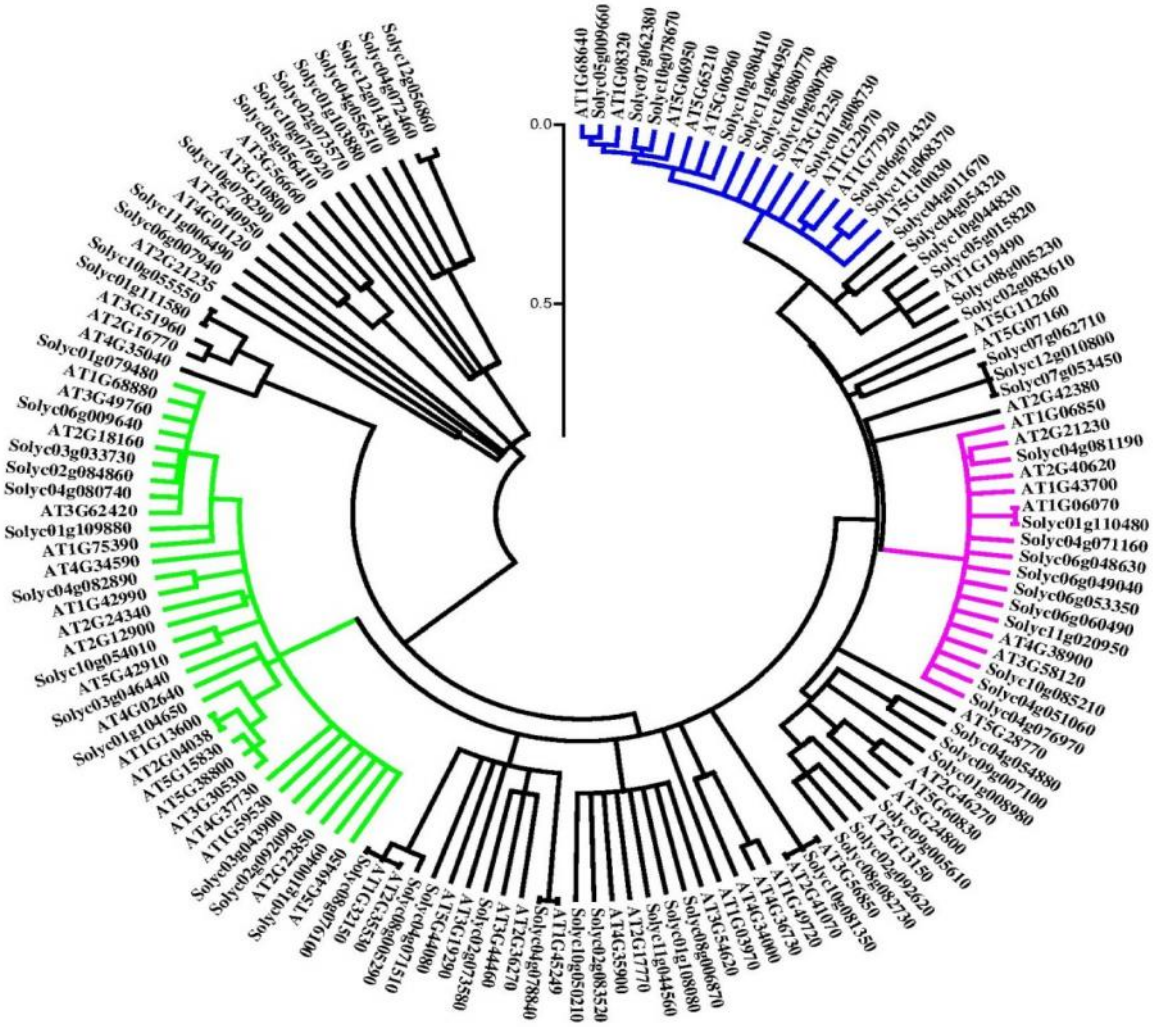
نتایج و بحث

بررسی ژنوم گوجه فرنگی نشان داد (http://solgenomics.net) که ۷۳ ژن slbZIP به‌صورت متفاوت روی کروموزوم‌های گوجه فرنگی توزیع شده‌اند و ۱۰ ژن slbZIP روی کروموزوم یک، هفت ژن در کروموزوم ۲، سه ژن در کروموزوم ۳، ۱۳ ژن در کروموزوم ۴، سه ژن در کروموزوم ۵، هفت ژن در کروموزوم ۶، سه ژن در کروموزوم ۷، پنج ژن در کروموزوم ۸، دو ژن در کروموزوم ۹، ۱۲ ژن در کروموزوم ۱۰، پنج ژن در کروموزوم ۱۱ و سه ژن در کروموزوم ۱۲ قرار گرفته است نتایج فیلوژنی ژن‌های bZIP گوجه فرنگی و آرابیدوپسیس بر اساس توالی اسید آمینه برای برخی از ژن‌ها تنوع نشان داد به‌طوری‌که برای این ژن‌ها همولوگ خاصی در آرابیدوپسیس مشاهد نگردید هر چند بر حسب میزان همولوژی بین SlbZIPs و

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

AtbZIPs پنج گروه از ژن‌ها کلاس‌بندی شدند (شکل ۱). گروه‌بندی سایر ژن‌ها بر اساس نوع و محل دومین، ژن‌ها را در شش گروه دیگر قرار داد. برای ژن‌های Soly10g044830، Soly06g007940، Soly04g056510، Soly04g051060 و Soly01g103880 هیچ دومینی مشاهده نگردید و در گروه مجزا قرار گرفتند (جدول ۲). در کل SlbZIPs در ۱۱ گروه بر حسب میزان همولوژی، نوع و محل دومین، قرار گرفتند (جدول ۲).



شکل ۱- آنالیز روابط فیلوژنی بین SlbZIP و AtbZIP با استفاده از توالی اسید امینه و با نرم‌افزار MEGA 5.0. بر حسب میزان همولوژی بودن تطابق ۵ گروه SlbZIP با AtbZIP تائید گردید. خطوط آبی گروه D، بنفش گروه H و سبز گروه I می‌باشد.

در جدول ۲، گروه یک شامل پنج عضو بود که همگی دارای دومین bZIP در ناحیه مرکزی و یک جایگاه فسفوریلاسیون هستند. این گروه با ژن‌های bZIP آرابیدوپسیس که از سوی جاکوبی و همکاران (۱۱) گروه‌بندی شده بود همولوژی (حدود ۷۰ درصد) نشان داد. این ژن‌ها بیشتر از طریق اسیدآبسیزیک فعال می‌شوند و باعث کنترل بیان ژن‌های هدف تحت شرایط تنش می‌شوند (۱۱). ژن‌های که دارای دومین DOG1 بودند در گروه دو قرار گرفتند. بررسی ژن‌های همولوگ نشان داد که برخی اعضاء این گروه ژنی در مسیر پیام‌رسانی هورمون جیبرلین نقش دارند. ژن‌های Solyc01g108080، Solyc11g044560و Solyc08g006870 بر حسب دارا بودن دومین‌های BTB و NPH3 به همراه ناحیه فسفوریلاسیون در گروه سوم قرار گرفتند (جدول ۲). دومین BTB در

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

تغییرات پس از ترجمه و مسیر یوبیکیوتین‌ها در تنش‌های زیستی درگیر است. تاکنون حدود۸۰ و ۱۳۰ نوع BTB به‌ترتیب در آرابیدوپسیس و برنج شناسایی شده است (۸). یازده ژن SlbZIP تشابه بالایی را با ژن‌های AtbZIP گروه D نشان دادند (خطوط آبی رنگ، شکل ۱). نتایج بررسی دومینی این گروه‌بندی را تأیید کرد و به‌طوری‌که همه اعضاء این گروه دارای دومین‌های bZIP و DOG1 بودند (جدول ۲). ژن‌های این گروه در پاسخ به اسید سالیسیلیک باعث القاء ژن‌های PR در تنش زیستی می‌شوند (۱۹،۱۱). ژن‌های Solyc10g055550 و Solyc01g111580 در گروه E با ژن‌های AT2G16770 و AT3G51960 بیشترین همولوژی را داشتند که اطلاعات عملکردی از این ژن‌ها در دسترس نمی‌باشد. گروه F شامل دو ژن (Solyc08g005290 و Solyc08g076100) بود این گروه دارای توالی MFMR است که عامل اتصال به G-box و واسطه اثر متقابل پروتئین با پروتئین شناخته شده است (۱۷). ژن‌های Solyc04g054880، Solyc02g083610 و Solyc09g007100 که دارای دومین DUF در توالی اسیدآمینه بودند در گروه G قرار گرفتند. دومین DUF یک خانواده بزرگ از دومین‌ها است که برای آن عملکردی مشخص نشده است (۲). هم‌چنین ژن‌های (Solyc08g005230، Soly05g015820 و Solyc08g082730) گروه H دارای دمین DUF1664 بودند و ژن‌های AT1G19490 و AT2G13150 همولوگ ژن‌های این گروه بودند. ۱۱ ژن که دارای دومین‌های bZIP و DUF بودند در گروه I قرار گرفتند که با ژن‌های AtbZIP گروه I (۱۱) در یک کلاستر قرار گرفتند (خطوط سبز رنگ، شکل ۱). بررسی عملکرد اعضاء این گروه در سایر گیاهان نشان می‌دهد که این گروه بیشتر در تنظیم ژن‌های دخیل در فرآیند نمو و ساختار گیاهان مشارکت دارد. در کل ۱۳ ژن bZIP گوجه فرنگی قرابت زیادی با ژن‌های گروه S آرابیدوپسیس نشان دادند و همگی در یک گروه قرار گرفتند (شکل ۱). به‌طوری‌که برای همه اعضاء این گروه دومین bZIP و مکان‌های فسفوریلاسیون در توالی اسید آمینه مشاهده گردید. در حالی‌که بقیه ژن‌های bZIP گوجه فرنگی که فاقد دومین حفاظت شده و همولوژی با ژن‌های bZIP آرابیدوپسیس بودند، به‌صورت جداگانه در گروه مجزای دیگری قرار گرفتند (جدول ۲).

جدول ۲- گروه‌بندی ژن‌های bZIP گوجه‌فرنگی بر اساس تشابه توالی با AtbZIP، نوع و محل دومین با ابزار Motif scan پایگاه EXPASY و Batch CD-search موجود در پایگاه NCBI

گروه	اعضاء گروه	ژن اورتولوگ در آرابیدوپسیس	نوع دومین	طول توالی (aa)
A	Solyc10g081350-Solyc10g054010 Solyc04g078840-Solyc04g071510 Solyc02g083520	AT3G56850, AT2G41070 AT5G42910, AT5G44080 AT2G17770, AT4G35900	bZIP- phosphorylation sites	217-447
B	Solyc10g085210- Solyc10g080780 Solyc09g005610- Solyc07g062380 Solyc05g056410- Solyc04g076970 Solyc02g073570- Solyc02g073580	AT3G58120, - -, AT5G06950 - -, AT3G44460	DOG1	162-279
C	Solyc12g014300-Solyc10g076920 Solyc08g006870-Solyc11g044560 Solyc01g108080	- AT3G54620, - -	BTB, NPH3 and Putative phosphorylation sites.	339-615
D	Solyc06g074320-Solyc11g068370 Solyc01g008730-Solyc11g064950 Solyc10g080410-Solyc05g009660 Solyc10g080770-Solyc10g078670 Solyc04g054320-Solyc04g011670 Solyc04g072460- Solyc12g056860 Solyc04g082890	AT1G22070, AT1G77920 AT3G12250, AT5G65210 AT5G06960, AT1G68640 - AT1G08320, AT5G10030 - AT1G42990	bZIP superfamily and DOG1	324-501
E	Solyc01g111580-Solyc10g055550	AT3G51960, AT2G16770	bZIP	270-304
F	Solyc08g076100-Solyc08g005290	AT1G32150, AT2G35530	MFMR and bZIP-phosphorylation sites	397-409
G	Solyc02g083610 Solyc04g054880 Solyc09g007100	-	DUF630 and DUF632	637-764
H	Solyc05g015820 -Solyc08g005230 Solyc08g082730	- , AT1G19490 AT2G13150	DUF1664	296-359
I	Solyc11g006490-Solyc12g010800 Solyc11g020950-Solyc06g060490 Solyc06g053350-Solyc06g049040 Solyc06g048630-Solyc04g071160 Solyc01g110480-Solyc04g081190 Solyc07g053450-Solyc07g062710	AT2G21235, - - - - -, AT2G21230 -	bZIP, DUF904and DUF 972	227-582
S	Solyc01g079480-Solyc06g009640 Solyc02g084860-Solyc03g033730 Solyc04g080740-Solyc01g109880 Solyc01g104650-Solyc02g092090 Solyc03g043900- Solyc01g100460 Solyc01g008980- Solyc02g092620 Solyc10g078290-Solyc03g046440 Solyc01g103880-Solyc04g051060	AT1G68880, - - , AT2G18160 - , AT1G75390 - - - AT2G40950, AT4G02640 -	bZIP- phosphorylation sites	115-660
+	Solyc04g056510-Solyc06g007940 Solyc10g044830	- , AT2G21235 -	No CD	68-247

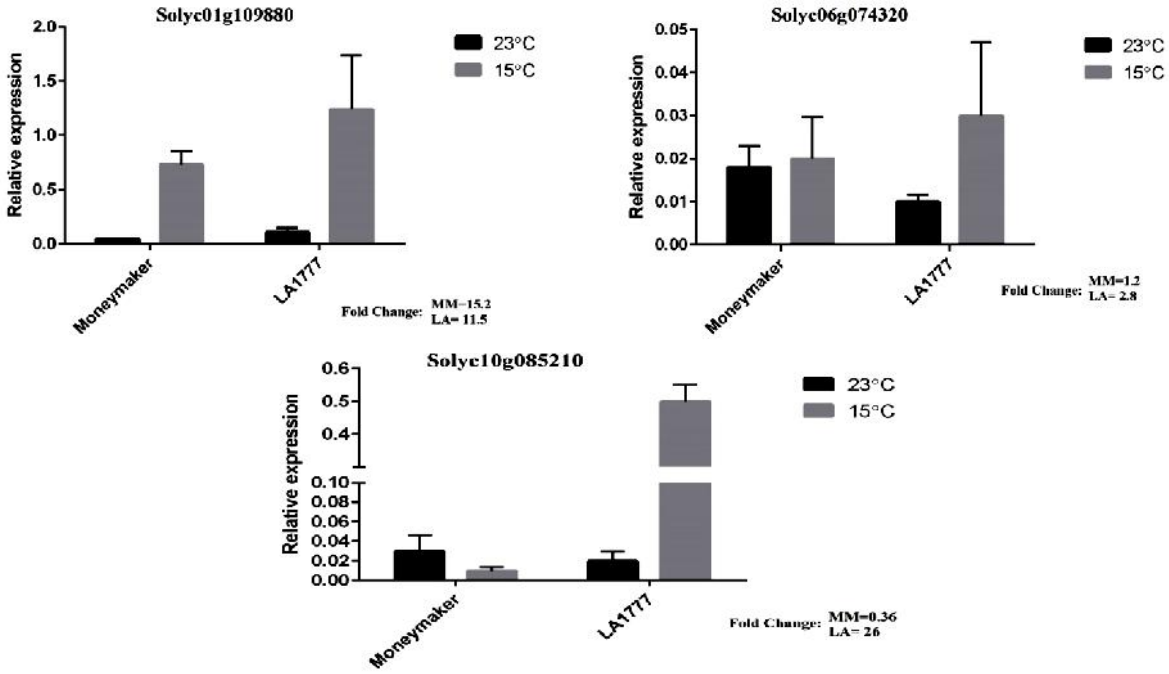
[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

نتایج بیان ژن نشان داد که با کاهش دما میزان بیان ژن Solyc01g109880 در هر دو ژنوتیپ افزایش می‌یابد به‌طوری‌که تحت تنش دمای پایین میزان رونوشت در ژنوتیپ حساس به سرما (Moneymaker) ۱۵ برابر افزایش یافت (شکل ۲). ژن Solyc01g109880 یک پروتئین با ۱۷۳ اسیدآمینه را کد می‌کند که دارای دومین bZIP در قسمت آمین می‌باشد. این ژن از گروه I انتخاب شد و با ژن AT1G75390 همولوژی زیاد دارد.

بررسی الگو بیان برای ژن Solyc06g074320 مشخص نمود که تحت شرایط دمایی پایین تغییر معنی‌داری در بیان این ژندر هیچ‌کدام از ژنوتیپ‌ها صورت نگرفت به‌طوری‌که در ژنوتیپ مقاوم ۲/۸ برابر افزایش بیان تحت شرایط دمای پایین مشاهده گردید (شکل ۲). توالی اسیدآمینه این ژن دارای دومین‌های bZIP و DOG1 است. ژن AT1G22070 که در تنش‌های زیستی القاء می‌شود با این ژن در یک کلاس (نام کلاس D) قرار داشت (شکل ۱).

ژن Solyc10g085210 الگو بیانی کاملاً متفاوت در هر دو ژنوتیپ تحت شرایط کاهش دما نشان داد. به‌طوری‌که با کاهش دما بیان این ژن در ژنوتیپ حساس کاهش و در ژنوتیپ مقاوم افزایش یافت در ژنوتیپ مقاوم ۲۶ برابر افزایش رونوشت و در ژنوتیپ حساس سه برابر کاهش بیان مشاهده شد (شکل ۲).



شکل ۲- میزان بیان نسبی سه ژن (Solyc06g074320، Solyc01g109880 و Solyc10g085210) در ژنوتیپ حساس به سرما (Moneymaker) و مقاوم به سرما (LA1777) در سه تکرار مستقل که از ژن EF-1-α برای نرمال کردن استفاده شد. تغییرات رونوشت‌ها در دمای ۱۵ °C با فرمول ΔΔCt محاسبه شد.

ژن Solyc10g085210 یک پروتئین به طول ۲۴۶ اسیدآمینه را کد می‌کند که دارای توالی حفاظت شده DOG در مرکز می‌باشد. نتایج فیلوژنی نشان داد که Solyc10g085210با AT3G58120 همولوژی بالایی دارد. نتایج بیان ژن مشخص نمود که الگو بیان ژن‌ها bZIPs در ریشه گوجه فرنگی تحت شرایط کاهش دما، متفاوت است. با توجه اهمیت bZIPs در تنظیم بیان ژن‌ها تحت شرایط تنش، مطالعات زیادی روی عملکرد و کلاس‌بندی این خانواده ژنی در گیاهان کلزا و آرابیدوپسیس صورت گرفته است (۱۲،۱۰). در این مطالعه ژن‌های SlbZIP بر اساس عملکرد و تشابه توالی اسیدآمینه‌ای در گروه‌های مجزا قرار گرفتند. گروه‌بندی ژن‌ها می‌تواند درک ما را از عملکرد ژن‌ها افزایش دهد و به تفسیر اثرات متقابل بین ژن‌ها کمک کند (۱۱). بررسی بیان ژن‌ها برای نتایج گروه‌بندی باعث تأیید نتایج و درک بهتر از عملکرد گروه‌های تعیین شده می‌شود (۱۰). مطالعه گسترده

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]
[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

پروفیل بیان ژن در برنج نشان داد که فعالیتERF، bZIP و MYB از اولین پاسخ‌های دفاعی گیاه به تنش سرما می‌باشد که سبب القای تعدادی ژن توسط این عوامل می‌شوند (۱۸). نتایج مطالعات بیان bZIP (Solyc01g07480) تحت شرایط تنش دمای چهار درجه سانتی‌گراد در اندام هوایی گوجه‌فرنگی نشان داد که این ژن سریعاً به کاهش دما واکنش داده و افزایش بیان یافت (۳) و هم‌چنین پیشنهاد شد که bZIP در بالا دست عوامل رونویسی وابسته به Myb قرار دارند (۴).

ژن‌های انتخاب شده از سه گروه با دومین‌های متفاوت نشان داد که گروه D نسبت به گروه‌های B و I کمتر تحت تنش کاهش دما در ریشه‌های گیاه گوجه‌فرنگی القاء می‌شود. ژن‌های گروه D دارای دومین DOG و لوسین زیپ هستند. ژن‌های گروه I دارای دومین لوسین زیپ و مکان‌های فسفوریله شدن است و الگوی بیان ژن مشابه در هر دو ژنوتیپ داشت در حالی‌که گروه B دارای دومین DOG بوده که بیان افتراقی را در هر دو ژنوتیپ نشان داد. نتایج بیان ژن تفاوت بین گروه‌ها را تأیید نمود و با مطالعه گسترده همه ژن‌های bZIP امکان درک کامل مکانیسم این خانواده بزرگ فراهم می‌شود. نتایج فوق می‌تواند در انتخاب ژن‌ها برای مطالعه تکمیلی مورد استفاده قرار گیرد.

منابع

1. Alves, M.S., S.P. Dadalto, A.B. Gonçalves and G.B. De Souza. 2013. Plant bZIP Transcription Factors Responsive to Pathogens. International Journal of Molecular Sciences, 14: 7815-7828.
2. Bateman, A., P. Coggill and R.D. Finn. 2010. DUFs: families in search of function. Acta Crystallographica. Section F, Structural Biology Communications, 66: 1148-1152.
3. Caffagni, A., N. Pecchioni, E. Francia, D. Pagani and J. Milc. 2014. Candidate gene expression profiling in two contrasting tomato cultivars under chilling stress. BiologiaPlantarum, 58: 283-295.
4. Cheng, C., K.Y. Yun, H. Ressom, B. Mohanty, V.B. Bajic, Y. Jia, S.J. Yun and B.G. De los Reyes. 2007. An early response regulatory cluster induced by low temperature and hydrogen peroxide in seedlings of chilling-tolerant japonica rice. BMC Genomics, 8: 175 pp.
5. Chomczynski, P. and N. Sacchi. 1987. Single-step method of RNA isolation by acid guanidinium thiocyanate-phenol-chloroform extraction. Analytical Biochemistry, 162: 156-159.
6. De Freitas, S.T., A.K. Handa, Q. Wu, S. Park and E.J. Mitcham. 2012. Role of pectin methylesterases in cellular calcium distribution and blossomend rot development in tomato fruit. The Plant Journal, 71: 824-835.
7. Feng, H.L., N.N. Ma, X. Meng, S. Zhang, J.R. Wang, S. Chai and Q.W. Meng. 2013. A novel tomato MYC-type ICE1-like transcription factor, SlICE1a, confers cold, osmotic and salt tolerance in transgenic tobacco. Plant Physiology and Biochemistry, 73: 309-320.
8. Gingerich, D.J., K. Hanada, S. Shiu and R.D. Vierstra. 2007. Large-Scale, Lineage-Specific Expansion of a Bric-a-Brac/Tramtrack/Broad Complex Ubiquitin-Ligase Gene Family in Rice. Plant Cell, 19: 2329-2348.
9. Gupta, S., X. Shi, I.E. Lindquist, N. Devitt, J. Mudge and A.M. Rashotte. 2013. Transcriptome profiling of cytokinin and auxin regulation in tomato root. Journal of Experimental Botany, 64: 695-704.
10. Hwang, I., H.J. Jung, J.I. Park, T.J. Yang and I.S. Nou. 2014. Transcriptome analysis of newly classified bZIP transcription factors of Brassica rapa in cold stress response. Genomics, 104: 194-202.
11. Jakoby, M., B. Weisshaar, W. Droge-Laser, J. Vicente-Carbajosa, J. Tiedemann, T. Kroj andF Parcy. 2002. bZIP transcription factors in Arabidopsis, Trends in Plant Science, 7 : 106-111.
12. Kang, S.G., J. Price, P.C. Lin, J.C. Hong and J.C. Jang. 2010. The Arabidopsis bZIP1 transcriptionfactor is involved in sugar signalling, protein networking and DNA binding. Molecular Plant, 3: 361-373.
13. Liu, H., B. Ouyang, J. Zhang, T. Wang, H. Li, Z. Yuyang, Y. Chuying and Y. Zhibiao. 2012. Differential Modulation of Photosynthesis, Signalling and Transcriptional Regulation between Tolerant and Sensitive Tomato Genotypes under Cold Stress. PLoS ONE, 7: e50785.
14. Livak, K.J. and T.D. Schmittgen. 2001. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta ct}$ Method. METHODS, 25: 402-408.
15. Pattison, R.J. and C. Catalá. 2012. Evaluating auxin distribution in tomato (*Solanum lycopersicum*) through an analysis of the PIN and AUX/LAX gene families. The Plant Journal, 70: 585-598.
16. Robert, H.S. and J. Friml. 2009. Auxin and other signals on the move in plants. Nature chemical biology, 5: 325-332.
17. Siberil, Y., P. Doireau and P. Gantet. 2001. Plant bZIP G-box binding factors. Modular structure and activation mechanisms.European Journal Biochemistry, 268: 5655-5666.
18. Yun, K.Y., M.R. Park, B. Mohanty, V. Herath, F. Xu, R. Mauleon, E. Wijaya, V.B. Bajic, R. Bruskiewich and B. De los Reyes. 2010. Transcriptional regulatory network triggered by oxidative signals configures the early response mechanisms of japonica rice to chilling stress. BMC Plant Biology, 10: 16 pp.
19. Zhou, J.M., Y. Trifa, H. Silva, D. Pontier, E. Lam, J. Shah and D.F. Klessig. 2000. NPR1 differentially interacts with members of the TGA/OBF family of transcription factors that bind an element of the *PR-1* gene required for induction by salicylic acid. Molecular Plant–Microbe Interaction, 13: 191-202.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]

Classification and Gene Expression Analysis of bZIP Family in Tomato Root under Sub-Optimal Temperature

Parviz Heidari[1] and Hamid Najafi Zarrini[2]

1- Assistant Professor, Shahrood University of Technology (Corresponding author: parvizh63@gmail.com)
2- Assistant Professor, Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University
Received: January 5, 2015 Accepted: February 24, 2015

Abstract
Transcription factors (TFs) are master regulators that control gene clusters Plant bZIP (basic region/leucine zipper) transcription factors play crucial roles in biological processes. The Tomato genome sequence contains 73 genes of bZIP transcription factors. The bZIPs in tomato have never been classified. In this study, 73 genes of bZIP transcription factors were classified in 11 groups by their DNA-binding domains, conserved motifs and phylogeny results. Some bZIP proteins were not classified into any group. The cold-sensitive tomato cultivar (*S. lycopersicon* cv. Moneymaker) and cold-tolerant of the wild tomato species (*S. habrochaites, LA1777)* were compared for analyzing gene expression of three slbZIP genes (Solyc06g074320, Solyc01g109880 and Solyc10g085210) in root under sub-optimal temperature (15°C) and normal temperature (23°C). Our results show that Solyc06g074320gene was induced less than Solyc01g109880 and Solyc10g085210 genes under sub-optimal temperature in tomato root. The results of this work will be for understanding bZIP relationships and important starting point for functional analysis.

Keywords: Classification, Gene expression, Low temperature, Tomato, Transcription factor

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-10]

[DOI: 10.18869/acadpub.jcb.8.17.23]