



بررسی لکه‌های پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش شوری در گندم دیپلوبید (*Triticum boeoticum*)

محمود ملکی^۱, امین باقی‌زاده^۲, علی ریاحی مدواو^۳ و احسان نصیری فر^۴

۱- استادیار اصلاح نباتات، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفت، کرمان، ایران، ایمیل: Maleki.li@gmail.com

۲- دانشیار اصلاح نباتات، گروه بیوتکنولوژی، پژوهشکده علوم محیطی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفت و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفت، کرمان، ایران

۳- دانشیار بیوشیمی، گروه سلولی و مولکولی، دانشگاه کوثر بجنورد، بجنورد، ایران

۴- فارغ التحصیل دکتری، گروه علوم دامی، دانشگاه آزاد واحد علوم تحقیقات تهران، ایران

تاریخ دریافت: ۹۷/۱۲/۰۷

تاریخ پذیرش: ۹۸/۰۶/۰۲

صفحه: ۲۶ تا ۳۵

چکیده

تنش شوری یکی از مهمترین تنش‌های غیرزنده‌ای است که می‌تواند عملکرد گندم‌های زراعی را تحت تاثیر قرار دهد. بررسی مکانیسم‌های تحمل به تنش شوری در گیاهان زراعی و نیز اجداد وحشی آنها حائز اهمیت است. هدف از این پژوهه بررسی لکه‌های پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش شوری در جمعیت متحمل بود. در این پژوهه پنج جمعیت گندم دیپلوبید بیوتکنوم (A10, A1, B3, B4 و C5) از مناطق مختلف در مقابل طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار کشت شدند. شوری در مرحله سه‌برگچه‌ای در دو سطح صفر و ۱۵۰ میلی‌مولار اعمال گردید. سپس صفات ارتفاع قسمت هوایی و ریشه، وزن تر و خشک قسمت هوایی، میزان کلروفیل a, b، کل و نیز کاروتینوئیدها و مقدار پروتئین کل اندازه‌گیری شدند. پروتئین کل با استفاده از روش TCA/استون استخراج شد. پروتئین‌ها در بعد اول بر اساس نقطه ایزووالکتریک و با استفاده از نوارهای IPG با pH 4-7 و سپس در بعد دوم بر اساس وزن مولکولی و با استفاده از SDS-PAGE جداسازی گردیدند. نتایج تجزیه داده‌های فیزیولوژیک نشان داد که برای ۳ صفت وزن تر و خشک اندام هوایی و میزان پروتئین کل برهمنکش جمعیت در شوری معنی‌دار گردید که برای دو صفت وزن تر و پروتئین کل جمعیت B4 به ترتیب در شرایط نرمال و تنش شوری بالاترین میانگین را به خود اختصاص داد. آنالیز ژلهای حاصل از الکتروفورز دو بعدی باعث شناسایی ۲۰۵ لکه تکرارپذیر گردید. از این تعداد، ۷ لکه نسبت به شاهد افزایش بیان و ۷ لکه نسبت به شاهد کاهش بیان نشان دادند. پروتئین‌های شناسایی شده جزو پروتئین‌های دخیل در دیواره سلولی، فتوستتر، متابولیسم انرژی، پروتئین‌های مرتبط با کروماتین، چربون‌ها، پروتولیتیک‌ها، پروتئین‌های دخیل در ذلف گونه‌های فعل اکسیژن، دخیل در تعییر پروتئین‌های آسیب‌دیده و دخیل در انتقال پیام می‌باشند. از نتایج حاصل از این تحقیق می‌توان در جهت بهبود اصلاح ارقام زراعی گندم بهره برد.

واژه‌های کلیدی: پروتئومیکس، تنش غیرزنده، گندم وحشی

مقدمه

تنش شوری یکی از مهمترین تنش‌های محیطی است که باعث کاهش زیاد در عملکرد گیاهان زراعی می‌شود. برآورد شده است که در سراسر جهان حدود ۲۰ درصد از زمین‌های کشت شده است و تا ۵۰ درصد از کل زمین‌های آبی، بهشت تحت تأثیر اثرات شوری بالا قرار دارند. اکثر این زمین‌های آسیب‌دیده از نمک حاصل از انباشت نمک‌ها در طول دوره‌های طولانی در مناطق خشک و نیمه‌خشک بوجود آمدند (۲۳). زمانی که گیاه تحت تنش شوری قرار می‌گیرد، در ابتدا بهدلیل ایجاد تنش اسمزی رشد گیاه متوقف می‌شود و زمانی که در طی زمان یون‌های سدیم و کلر وارد سلول‌های گیاه شوند و در داخل سیتوپلاسم به غلظت سمی برستند فتوستتری رشد گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهند (۱۵).

به طور کلی زمانی که گیاهان تحت تأثیر تنش شوری قرار می‌گیرند، سعی می‌کنند با تعییرات بیوشیمیایی، فیزیولوژیکی و مورفوژیکی به تنش واکنش نشان دهند. این تعییرات مرتبط با تعییر در بیان ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش شوری هستند که پروتئین‌های ویژه‌ای را کد می‌کنند (۱۸). به عبارت دیگر تحمل به تنش شوری با تعییرات صورت گرفته در سطوح پروتئین‌های ویژه مرتبط است (۱۸). شناسایی دقیق

و تجزیه و تحلیل تغییرات در سطح پروتئین، به نظر می‌رسد یک رویکرد منطقی برای درک مکانیزم مولکولی پاسخ به نمک است (۲۴). برای مثال، جیانگ و همکاران (۲۸) بررسی پروتئوم ریشه گیاهچه دو رقم متحمل و حساس گندم نان تحت تنش شوری با تکنیک پروتومیکس، گزارش کردند که پروتئین‌های پاسخ‌دهنده به تنش شوری جزو پروتئین‌های مرتبط با یوبیکوئینه شدن، فاکتورهای رونویسی، پروتئین‌های مرتبط با پاتوژن، ناقلین غشایی و آنزیم‌های آنتی‌اسیدان طبقه‌بندی کردند. الی و همکاران (۲۹) بررسی برگ‌های گیاهچه‌های گندم دیپلوبید Triticum monococcum و با شناسایی لکه‌های پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش شوری با استفاده از طیف‌سنج جرمی، پروتئین‌های شناسایی شده را جزو پروتئین‌های دفاعی در برابر تنش، پروتئین‌های دخیل در تاخویرگی پروتئین، فتوستتر، متабولیسم کربوهیدرات، انتقال و تولید انرژی و متابولیسم پروتئین طبقه‌بندی کردند.

خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی اگرچه از نظر عملکرد اهمیتی ندارند اما بهدلیل دارا بودن ژن‌های مفید، مورد توجه اصلاحگران زیادی قرار می‌گیرند. گندم زراعی (Triticum aestivum; (AABBDD)) بودن دارای خویشاوندان وحشی متنوع‌تری است. گندم

میزان غلظت پروتئین‌های نمونه در این آزمایش از روش برادفورد استفاده شد (۷).

الکتروفورز

بعد اول

الکتروفورز دوبعدی براساس روش گورگ و همکاران (۱۱) انجام گرفت که در ذیل به طور خلاصه توضیح داده خواهد شد. ابتدا پروتئین‌ها در استوک بازجذب حل شدند. نوارهای IPG در دمای اتاق و به مدت ۱۲ تا ۱۶ ساعت در ۳۲۰ میکرولیتر از محلول بازجذب (۰.۰۰۲٪ CHAPS، ۸٪ IPG Buffer، ۲٪ IPG DTT، ۰.۰۱۸M MUREA، ۰.۰۱۸M Bromophenol Blue، است بازجذب شدند. پس از تکمیل مرحله ریهايدریشن، الکتروفورز بعد اول با استفاده از دستگاه IPGphore III ساخت شرکت GE Healthcare انجام گرفت.

بعد دوم

برای انجام بعد دوم از دستگاه ProteinII Xi Cell ساخت شرکت بیورد استفاده شد. در بعد دوم از ژل SDS-PAGE ۱۲/۵ درصد استفاده گردید. پس از آماده شدن ژل بعد دوم، نوار ژل بعد اول به مدت ۱۵ دقیقه در محلول ۵۰mM Tris- ph8.8، 6M Urea، 2٪، (۰.۰۰۲٪ Bromophenol Blue HCl، Glycerol، ۱٪، ۰.۰۰۲٪)، (۳۰٪ DTT، ۳۰٪)، شناور گردید. سپس بعد از انجام بعد دوم، مراحل رنگ‌آمیزی طبق پروتکل بلوم و همکاران (۶) انجام گرفت.

تصویربرداری و آنالیز ژل‌ها

پس از رنگ‌آمیزی، ژل‌ها با استفاده از دنسیتومتر GS 800 ساخت شرکت بیورد اسکن شده و در نهایت بوسیله نرم‌افزار PDQuest به فرمت تیف درآورده شدند. برای بررسی کمی و کیفی لکه‌ها در تیمارهای مختلف از نرم‌افزار Switzerland Melanie 7 GeneBio (Geneva) استفاده شد. بدین‌ترتیب که ابتدا لکه‌ها شناسایی شدند و سپس ژل‌های مختلف را با هم جفت نموده و مورد آنالیز آماری قرار داده شدند. بدین‌ترتیب که پس از شناسایی نمودن لکه‌ها بر روی ژل‌ها و سپس ویرایش دستی نقاط بوسیله نرم‌افزار لکه‌ها به طور اتوماتیک در ژل‌های مختلف با هم جفت شدند. پس از جفت نمودن لکه‌ها، به طور دستی لکه‌ها بررسی شدند تا از صحت عمل نرم‌افزار در جفت نمودن لکه‌ها اطمینان حاصل شود. لکه‌هایی که درصد حجمی آن‌ها بین دو تیمار اختلاف معنی‌دار داشتند به عنوان لکه‌های کاندیدا شناخته شدند (۱۸). در نهایت برای شناسایی لکه‌های پاسخ‌دهنده به تنش شوری از نرم‌افزار ExPASy-Tagident tool استفاده گردید (۳).

نتایج و بحث

نتایج حاصل از تجزیه واریانس نشان داد که اثر جمعیت در تمامی صفات به استثنای کاروتونوئید کل معنی‌دار گردید. همچنین اثر تنش شوری در تمامی صفات به استثنای کلروفیل آ معنی‌دار گردید. برهمکنش جمعیت در شوری نیز تنها برای صفات وزن تر و خشک قسمت هوایی و پروتئین کل معنی‌دار گردید (جدول ۱). بررش‌دهی اثر متقابل برای سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری برای سه صفت

دیپلوئید Triticum boeoticum دارای ژنومی بسیار مشابه با ژنوم AA گندم زراعی است که زیستگاه طبیعی آن در بخش‌های شمال و نیز شرق هلال حاصلخیز از جمله مناطق جنوب‌غرب، غرب و شمال‌غرب ایران قرار گرفته‌اند (۱۹). بدلیل تنوع ژنتیکی بالای گونه T. boeoticum در ایران (۱۸، ۲۰) و مطالعات اندک صورت‌گرفته در مورد تحمل به تنش در این گونه، مطالعه تحمل به تنش شوری می‌تواند اطلاعات مفیدی را در مورد این گونه در اختیار محققین قرار دهد. به همین‌دلیل در این مطالعه لکه‌های پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش شوری در گندم دیپلوئید T. boeoticum مورد بررسی قرار می‌گیرند.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش، تعداد پنج جمعیت گندم وحشی A10 (لرستان-لرستان)، A1 (لرستان-دورود)، A4 (کرمانشاه-پاوه) و C5 (کردستان-کردستان) به صورت کشت گلدانی ارزیابی شدند. این مطالعه به صورت آزمایش فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در گلخانه تحقیقاتی پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفت و علوم محیطی اجرا شد، فاکتورها شامل ژنوتیپ (پنج ژنوتیپ) و شوری (در دو سطح صفر و ۱۵۰ میلی‌مولار) بودند. هفت عدد بذر در داخل گلدان پلاستیکی کشت شدند، دو هفته پس از رشد در آغاز مرحله سه‌برگی، با استفاده از کلرید سدیم خالص NaCl با غلظت ۱۵۰ میلی‌مولار تنش اعمال شد. گیاهچه‌ها دو هفته بعد از اعمال تنش شوری برداشت و صفات طول اندام هوایی و ریشه، وزن تر و خشک اندام هوایی، پروتئین کل و محتوای کلروفیل و کاروتونوئید (از بافت برگی) اندازه‌گیری شدند.

طول اندام هوایی و ریشه، با استفاده از خط کش برحسب سانتی‌متر اندازه‌گیری شد. وزن تر اندام هوایی، با ترازوی دیجیتال اندازه‌گیری شد. وزن خشک اندام هوایی نیز پس از خشک شدن نمونه‌ها در آون (دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۸ ساعت)، با ترازوی دیجیتال اندازه‌گیری و داده‌ها بر حسب گرم ثبت و بررسی شدند. برای اندازه‌گیری رنگیزه‌های فتوسترنی از روش آرونون (۴) استفاده شد. برای اندازه‌گیری محتوای پروتئین کل، از روش برادفورد (۷) استفاده شد. برای این منظور محتوای پروتئین کل از طریق محصول رنگی واکنش پروتئین با محلول بیوره به دست آمد. میزان جذب در طول موج ۵۹۵ نانومتر قرائت شد و محتوای پروتئین کل به کمک منحنی استاندارد محاسبه و بر حسب میلی‌گرم بر گرم وزن تر بیان شد. برای آنالیز داده‌های مورفولوژیک و فیزیولوژیک از نرم‌افزارهای Excel و SAS استفاده شد. مقایسه میانگین به روش آزمون چند دامنه‌ای دانکن انجام گرفت و در مورد صفاتی که اثر متقابل آنها معنی‌دار گردید، عمل بررش‌دهی نیز صورت گرفت. سپس متحمل ترین جمعیت برای انجام پروتئومیکس انتخاب شد.

استخراج پروتئین‌ها

استخراج پروتئین از بافت برگی بر اساس روش دامروال و همکاران (۹) با اندکی تغییرات انجام گرفت. برای اندازه‌گیری

صفت مورد مطالعه در داخل جمعیت‌های مورد استفاده در هر سطح شوری است (جدول ۱).

وزن تر و خشک قسمت هوایی و پروتئین کل نشان داد که تفاوت معنی‌داری در سطح یک درصد بین جمعیت‌ها در هر سطح شوری وجود دارد که بیانگر وجود تنوع از نظر هر سه

جدول ۱- نتایج تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در جمعیت‌های تریتیکوم بوئتیکوم

Table 1. Results of variance analysis for the studied traits in *Triticum boeoticum* populations

میانگین مرتعات										منابع تغییرات
کاروتونئید	کلروفیل کل	کلروفیل a	کلروفیل b	پروتئین کل (mg/gr)	وزن خشک قسمت هوایی	وزن تر قسمت هوایی	طول ریشه	طول قسمت هوایی	درجه آزادی	
۳۶۱/۹ ^{NS}	۲/۱۵۹ ^{**}	۵/۲۷ [*]	۱۳۷/۴ ^{**}	۵۷۲۱۸/۴ ^{**}	۰/۰۰۱۲ ^{**}	۰/۰۲۰۰ ^{**}	۴/۱۶ ^{**}	۴۵/۱۲ ^{**}	۴	جمعیت
۳۴۹/۰ ^{+/−}	۱/۱۱۸ ^{**}	۵۴/۴ ^{**}	۱۷/۰ ^{۳^{NS}}	۱۴۸۳۰/۷ ^{**}	۰/۰۱۹ ^{**}	۰/۲۱ ^{**}	۱۵/۹۵ ^{**}	۱۵۱/۳۳ ^{**}	۱	شوری
۴۴۲/۹ ^{NS}	۱۸/۹ ^{NS}	۰/۷۸ ^{NS}	۴/۹۷ ^{NS}	۴۸۳۱/۹ ^{**}	۰/۰۰۴۳ ^{**}	۰/۰۱۱ ^{**}	۰/۷۳ ^{NS}	۳/۳۹ ^{NS}	۴	جمعیت × شوری
۲۶۰/۸	۷۹/۸	۱/۵۲	۶/۹۷	۲۲۷/۱	۰/۰۰۰۲۹	۰/۰۰۰۷۶	۱/۰۳	۲/۶۱	۲۰	خطا
۲۲/۹۶	۸۱/۱۰	۱۸/۳۳	۱۲/۷۶	۸/۶۸	۵/۵۱	۴/۵۹	۶/۹۹	۴/۹	ضریب تغییرات (درصد)	
برش‌دهی اثر متقابل: سطوح فاکتور جمعیت در هر سطح شوری										
-	-	-	-	پروتئین کل (mg/gr)	وزن خشک	وزن تر	طول ریشه	طول قسمت هوایی	درجه آزادی	سطوح مختلف فاکتور شوری
-	-	-	-	۱۶۵۴ ^{**}	۰/۰۰۴۵ ^{**}	۰/۰۱۲۵ ^{**}	-	-	۴	شاهد (صفر میلی مولار)
-	-	-	-	۴۵۵۰.۹ ^{**}	۰/۰۰۰۹۷ ^{**}	۰/۰۲۲۳ ^{**}	-	-	۴	۱۵۰ میلی مولار

متعلق به B3، C5، B3 و A10 بود (جدول ۲). کاهش در محتوای رنگدانه‌های فتوستترزی در شرایط تنش شوری طولانی‌مدت برای گیاهان حساس به تنش شوری متعددی گزارش شده‌اند (۱). با این حال در این مطالعه برهمکنش جمعیت در شوری برای صفات کلروفیل آ، ب و کاروتونئید کل معنی‌دار نگردید.

نتایج حاصل از مقایسه میانگین اثر جوامع نشان داد که در تمامی صفات به‌جز ارتفاع اندام هوایی، جمعیت B4 بیشترین مقدار را به‌خود اختصاص داده است (جدول ۲). در صفت ارتفاع اندام هوایی جمعیت A1 و پس از آن B4 بیشترین مقدار را به‌خود اختصاص داد. کمترین مقدار هم برای صفات طول قسمت هوایی، طول ریشه، کلروفیل آ و ب به‌ترتیب

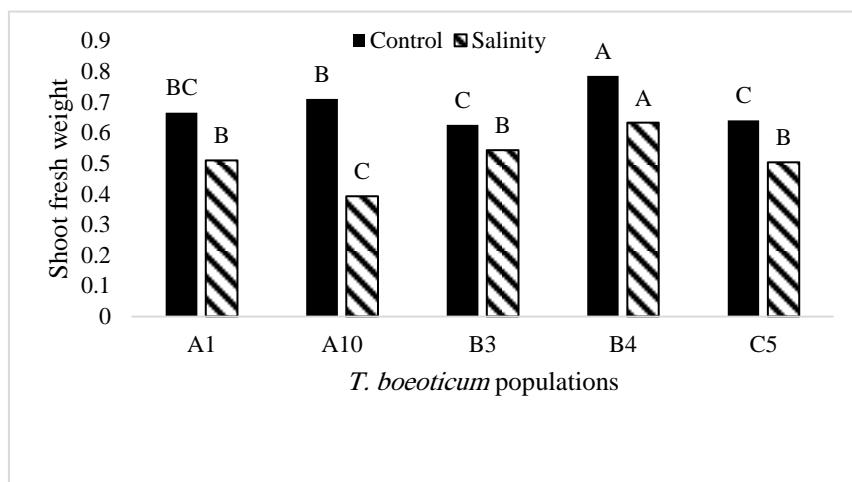
جدول ۲- مقایسه میانگین اثر جوامع گندم برای صفات طول قسمت هوایی و ریشه، کلروفیل آ، ب و کل

Table 2. Mean comparison of population effects for shoot and root length, chlorophyll a, b and total chlorophyll

جمعیت‌های گندم بوئتیکوم					
کلروفیل کل (mg/g FW)	کلروفیل ب (mg/g FW)	کلروفیل آ (mg/g FW)	ارتفاع قسمت هوایی (cm)	ارتفاع قسمت ریشه (cm)	ارتفاع قسمت هوایی (cm)
۲۷/۹۸ ^{bc}	۶/۴۹ ^{ab}	۲۱/۴۹ ^b	۱۵/۱۵ ^{ab}	۴۳/۰ ^a	A1
۳۲/۰ ^a	۷/۱۳ ^a	۲۴/۹۵ ^a	۱۵/۷ ^a	۳۹/۳۷ ^b	B4
۳۱/۳۴ ^{ab}	۷/۹۸ ^a	۲۳/۳۵ ^{ab}	۱۳/۷ ^c	۳۸/۱۵ ^{bc}	C5
۲۶/۴۸ ^c	۵/۴۲ ^b	۲۱/۰ ^b	۱۳/۹ ^{bc}	۳۷/۲۷ ^{bc}	A10
۱۹/۱۸ ^d	۶/۵۹ ^{ab}	۱۲/۵۹ ^c	۱۴/۲ ^{bc}	۳۵/۸۱ ^c	B3

برش‌دهی برای صفت وزن خشک تا حدودی روند متفاوت‌تری را نشان داد. بهترین جمعیت از نظر این صفت، B4 در شرایط نرمال بود. پس از آن جمعیت‌های A10 و A1 در شرایط نرمال بود. قرار گرفتند. اما جمعیت‌های C5 و B4 در شرایط تنش شوری به‌ترتیب با اختصاص ۰/۰۹۷ و ۰/۰۸۳ گرم از نظر این صفت نسبت به سایر جمعیت‌ها تحت تنش شوری مقادار بالاتری را به‌خود اختصاص دادند (شکل ۲).

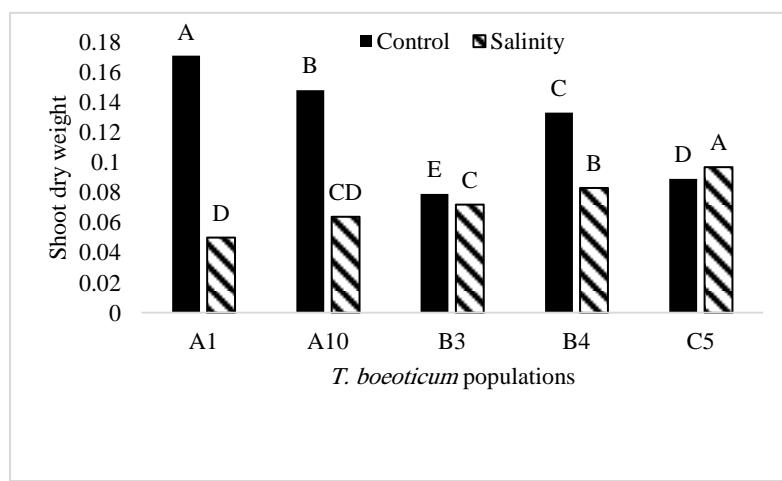
مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در سطح نرمال با روش برش‌دهی برای صفت وزن تر نشان داد که جمعیت B4 در شرایط نرمال بیشترین مقدار را به‌خود اختصاص داده است. از طرفی جمعیت B4 در شرایط شوری با اختصاص میانگین ۰/۶۳ گرم از نظر این صفت نسبت به سایر جمعیت‌ها در شرایط تنش شوری، بهتر عمل کرده است (شکل ۱). مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری با روش



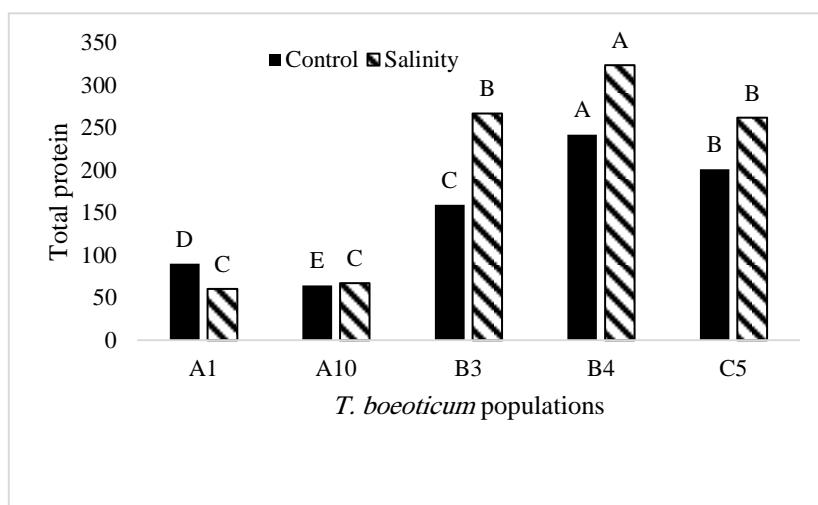
شکل ۱- مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری برای صفت وزن تر اندام هوایی
Figure 1. Mean comparison of different levels of population at each levels of salinity for shoot fresh weight

تحت شرایط تنفس شوری تجمع پیدا می‌کند و برخی نیز به طور کلی به واسطه تنفس‌ها که علاوه‌بر تنفس شوری در شرایط تنفس خشکی، گرما، سرما کمبود و یا میزان زیاد مواد غذایی تجمع پیدا می‌کند و بعد از اتمام تنفس این پروتئین‌ها به عنوان منبع نیتروژن برای گیاه دوباره مورد استفاده قرار می‌گیرند (۵). از طرفی می‌توانند نقشی در تنظیم اسمزی پیدا کنند (۵). محتوای بالای پروتئین‌های محلول در ارقام متتحمل نسبت به ارقام حساس در گیاهان زراعی مشاهده شده است.

مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری با روش برش‌دهی برای صفت پروتئین کل نیز نشان داد که جمعیت‌های B4 و A1 در شرایط تنفس شوری به ترتیب بیشترین و کمترین مقدار را به خود اختصاص دادند (شکل ۳). این امر نشان می‌دهد جمعیت B4 با تغییر در بیان پروتئین‌ها به تنفس شوری پاسخ می‌دهد تا بتواند این شرایط را تحمل کند. پروتئین‌های گیاهی مختلفی تحت شرایط تنفس شوری در گیاهان مختلف شناسایی شده‌اند که به صورت ۲ گروه کاملاً مجزا طبقه‌بندی شده‌اند (۱۲). برخی پروتئین‌ها فقط



شکل ۲- مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری برای صفت وزن خشک اندام هوایی
Figure 2. Mean Comparison of different levels of population at each levels of salinity for shoot dry weight

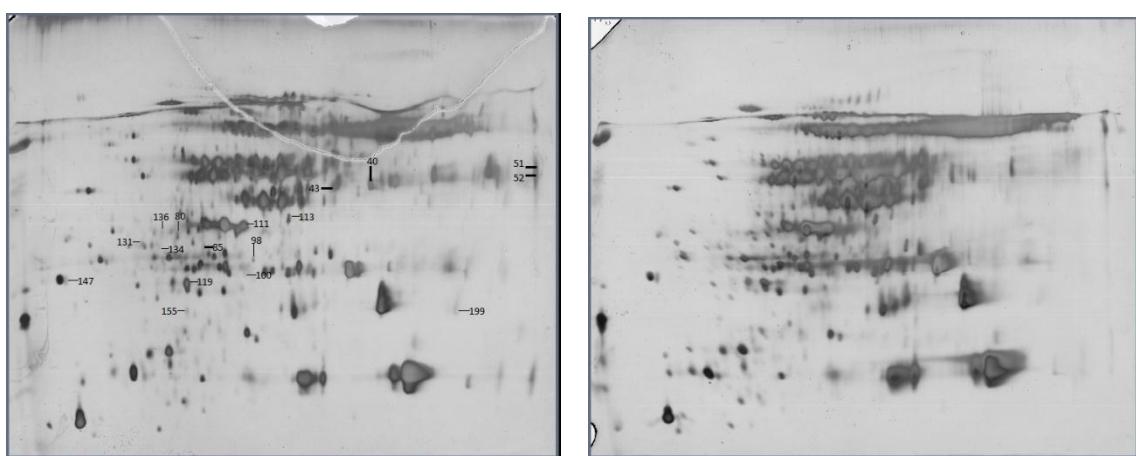


شکل ۳- مقایسه میانگین سطوح مختلف جمعیت در هر سطح شوری برای صفت پروتئین کل
Figure 3. Mean Comparison of different levels of population at each levels of salinity for the total protein

با نقطه ایزوالکتریک و وزن مولکولی آزمایشی ۴/۹۲ و ۱۶ کیلو دالتون بیشترین افزایش بیان را از خود نشان داد (شکل ۵، جدول ۳). این لکه در شرایط تنش شوری ۱۵۰ میلی‌مولاری ۴/۵ برابر بیش از شرایط نرمال افزایش بیان داشت (شکل ۵). کمترین افزایش بیان نیز متعلق به لکه شماره ۷ با نقطه ایزوالکتریک و وزن مولکولی آزمایش ۴/۸۴ و ۳۲ کیلو دالتون بود (شکل ۵، جدول ۳). این لکه در شرایط تنش شوری به میزان ۱/۵ برابر نسبت به شاهد افزایش بیان داشت (شکل ۵).

نتایج حاصل از پروتئومیکس

با استفاده از نرم‌افزار حدود ۲۵۰ لکه پروتئینی قابل تشخیص بود که از بین آنها ۲۰۵ لکه به صورت تکرارپذیر در بین تکرارهای بیولوژیکی وجود داشتند که با استفاده از مقدار درصد حجمی هر لکه به عنوان یک مقدار نرمالیزه شده مورد آنالیز آماری قرار گرفتند. از بین ۲۰۵ لکه تکرارپذیر ۱۴ لکه پاسخ‌دهنده به تنش شوری شناسایی شدند که از بین آنها ۷ لکه (درصد) افزایش بیان و ۷ لکه کاهش بیان از خود نشان دادند (جدول ۳). در بین لکه‌هایی که در شرایط تنش شوری نسبت به شاهد افزایش بیان نشان دادند، لکه شماره ۱



شکل ۴- ژلهای دوبعدی رنگ‌آمیزی شده با نیترات نقره. ژل سمت چپ مربوط به تیمار ۱۵۰ میلی‌مولار و ژل سمت راست مربوط به تیمار شاهد

Figure 4. Two-dimensional gels stained with silver nitrate. The left gel is related to 150 mM treatment and the right gel is related to the control

به میزان ۵/۶۴ برابر شاهد کاهش بیان نشان داد (شکل ۵). لکه شماره ۷ نیز با نقطه ایزوالکتریک و وزن مولکولی ۵/۱۸ و ۲۳ کیلو دالتون کمترین میزان بیان را به خود اختصاص داد (شکل ۵، جدول ۳). میزان کاهش بیان این لکه نسبت به شاهد را به خود اختصاص داد (شکل ۵، جدول ۳).

لکه‌ها در PI بین ۳-۶ تمرکز پیدا کرده اند و تعداد بسیار کمی از لکه‌ها در PI بین ۳ الی ۴ و نیز ۷ الی ۱۰ مشاهده گردید. در این مطالعه هم که از نوارهای IPG با pH ۷-۴ استفاده گردید، بیش از ۸۹ درصد لکه‌ها در مطالعات بعدی گردید. به همین دلیل پیشنهاد می‌شود که در مطالعات بعدی از نوارهای IPG با pH بین ۴ الی ۶ استفاده گردد تا با افزایش بزرگنمایی و به تبع آن تفکیک پذیری لکه‌ها، نتایج بهتری حاصل گردد. در این مطالعه لکه‌های شناسایی شده در گروه‌های زیر قرار گرفتند:

در این مطالعه مشخص شد که از بین ۱۴ لکه پاسخ‌دهنده به تش شوری ۷ لکه کاهش بیان از خود نشان دادند. از بین این لکه‌ها، لکه شماره ۱ با نقطه ایزوالکتریک و وزن مولکولی ۵/۶۷ و ۲۵ کیلو دالتون بیشترین میزان کاهش بیان نسبت به شاهد را به خود اختصاص داد (شکل ۵، جدول ۳). این لکه همانطور که در قسمت مواد و روش‌ها ذکر شده است در این مطالعه از نوارهای IPG با pH ۷-۴ استفاده گردید. نتایج حاصل از الکتروفورز دو بعدی نشان داد که از بین ۲۰۵ لکه تکرار پذیر، تعداد ۷۹ لکه (۳۸/۵۳ درصد) در بین ۴ الی ۵ تعداد ۱۰۵ لکه (۵۱/۲۱ درصد) در بین ۵ الی ۶ و تعداد ۲۱ لکه (۱۰/۲۴ درصد) در بین ۶ الی ۷ مشاهده گردیدند. بیش از ۵۰ درصد لکه‌ها در ۵ الی ۶ مشاهده گردیدند. در مطالعه علوفی و همکاران (۲)، که از نوارهای IPG با pH ۱۰-۳ استفاده کرده بودند، مشاهده شد که بیشترین تعداد

جدول ۳- مشخصات لکه‌های پاسخ‌دهنده به تش شوری

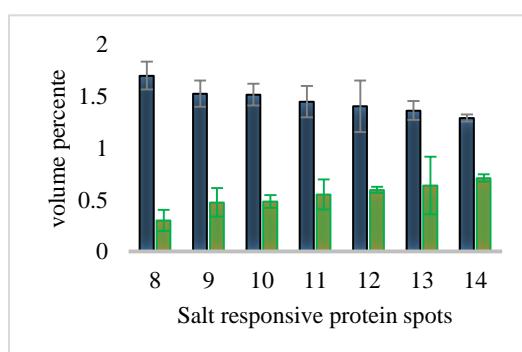
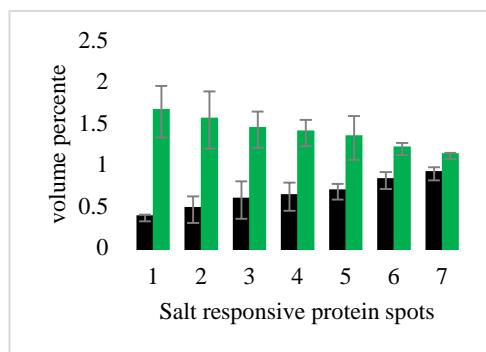
Table 3. Specifications of the responsive spots to the salt stress

ردیف.	شماره لکه	تطابق یافته	وضعیت بیان	وزن مولکولی بدست آمده	نقطه ایزوالکتریک بدست آمده	ردیف.	شماره لکه	تطابق یافته	وضعیت بیان	وزن مولکولی بدست آمده	نقطه ایزوالکتریک بدست آمده
۱	۱۵۵	-	+	۴/۹۲	۵/۲۹	۲	۵۱	-	+	۵/۲۹	۵/۰۶
۳	۵۲	-	+	۵/۵	۵/۰۹	۴	۱۹۴	-	+	۶/۴۶	۴/۹۳
۴	۱۳۴	-	+	۴/۷۷	۵/۲۱	۵	۱۳۶	-	+	۴/۳۱	۵/۲۱
۶	۱۳۶	-	+	۴/۳۱	۵/۰۵	۷	۱۳۱	-	+	۴/۸۴	۵/۱۸
۷	۱۳۱	-	+	۴/۸۴	۵/۱۸	۱۰	۹۸	-	۱۰۰	۱۶	۵/۶۷
۱۰	۱۱	-	۸	۴۰	۵/۰۶	۱۱	۱۱	-	۸	۳۸	۵/۰۹
۱۲	۱۲	-	۹	۲۱	۴/۹۳	۱۳	۱۳	-	۹	۲۱	۵/۲۱
۱۴	۱۴	-	۱۱	۳۲	۵/۲۱	۱۵	۱۱	-	۱۱	۳۰	۵/۰۵
۱۵	۱۵	-	۱۲	۳۰	۵/۰۵	۱۶	۱۱	-	۱۱	۳۲	۴/۷۷
۱۷	۱۷	-	۱۳	۳۲	۴/۷۷	۱۸	۱۳	-	۱۳	۳۰	۴/۳۱
۱۹	۱۹	-	۱۴	۳۲	۴/۸۴	۲۰	۱۴	-	۱۴	۳۲	۴/۸۴

سلول‌های گیاهی به سیگنال‌های داخلی و خارجی دخیل است (۲۲). افزایش بیان پروتئین در *Sueda idayptiaca* گزارش شده است (۲۲) و اعتقاد بر این است که رفتار سلول را نسبت به مقادیر قابل توجهی از نمک و نیز به حداقل رساندن سمیت آن در سلول‌های گیاهی تنظیم می‌کند.

پروتئین مرتبه با دیواره سلولی

لکه شماره یک به عنوان پروفیلین شناسایی شد که در این مطالعه در شرایط تش شوری نسبت به شاهد افزایش بیان نشان داد. پروفیلین یک پروتئینی است که به آکتین متصل می‌شود و بر ساختار سیتواسکلتون با پلیمریزاسیون یا دپلیمریزاسیون سازی فیبرهای آکتین تاثیر می‌گذارد و در پاسخ



شکل ۵- لکه‌های پروتئینی پاسخ‌دهنده به تش شوری افزایش بیان یافته (سمت چپ) و کاهش بیان یافته (سمت راست)
Figure 5. Upregulated (left) and downregulated (right) responsive protein spots to the salt stress

شده است که پروتئین D1 متصل به مرکز واکنش، به تش محيطی خیلی حساس است و در بین زیرواحدات پروتئینی کمپلکس فتوسیستم II این پروتئین هدف اصلی تش شوری است (۲۱). به نظر می‌رسد گیاه مورد مطالعه با افزایش بیان این دو

پروتئین‌های دخیل در فرآیند فتوسنتز

در این مطالعه لکه‌های شماره ۲ و ۳ که به ترتیب به عنوان پروتئین D2 و D1 فتوسیستم II شناسایی شدند در شرایط تش شوری نسبت به شاهد افزایش بیان نشان دادند. ثابت

(NRP) باعث نقص در فرآیند ریشه‌زایی پس از جوانه‌زنی در گیاه آرابیدوپسیس می‌شود. در واقع خاموش کردن همزمان ژن‌های NRP1 و NRP2 باعث توقف پیشرفت چرخه سلولی، در مرحله G2 و میتوز می‌شود. بنابراین افزایش بیان این پروتئین به احتمال زیاد هم به حفظ یکپارچگی ژنوم کمک می‌کند و هم باعث عدم توقف رشد ریشه در شرایط تنفس شوری می‌شود، تا این‌جا شرایط تنش را بهتر بتواند تحمل کند.

پروتئین‌های پروتئولیتیک

(۱) لکه شماره ۸ به عنوان Ubiquitin-conjugating enzyme E2 enzyme شناسایی گردید که تحت تاثیر تنش شوری کاهش بیان از خود نشان داد. Ubiquitin-conjugating ubiquitin-proteasome enzyme E2 در مسیر مولکولی system دخیل هستند که مسؤول حذف پیتیدهای غیر طبیعی هستند. نشان داده شده است که سیستم ubiquitin-proteasome ubiqutinyltation بسیاری از فرآیندهای بیولوژیکی مهم را تنظیم می‌کند (۱۳). جانگ هوگ و همکاران (۱۳) در سلول‌های انسانی نشان دادند که در سلول‌های تحت تنش اکسیداتیو نسبت گلوتاتیون اکسیدشده (GSSG) به گلوتاتیون (GSH) احیا شده افزایش پیدا می‌کند که با کاهش هماهنگ فعالیت مسیر ubiquitinylation همراه است. بدلیل اینکه تنش اکسیداتیو تحت تاثیر تنش شوری نیز به وجود می‌آید به احتمال زیاد کاهش بیان این پروتئین تحت تاثیر تنش شوری مرتبط است با ایجاد تنش اکسیداتیو.

(۲) در این مطالعه پروتئین Serine carboxypeptidase (لکه شماره ۹) کاهش بیان از خود نشان داد.

پروتئین‌های Serine carboxypeptidase نقش‌های مختلفی در گیاه ایفا می‌کنند. از جمله انتقال بیام BRI1 در آرابیدوپسیس را کنترل می‌کند (۱۶). در برخی مطالعات نقش این آنزیم در برخی تنش‌ها نشان داده شده است. بررسی تاثیر تنش، گرما بر روی پروتئوم دانه گندم نشان داد که میزان، بیان Serine carboxypeptidase III precursor تنش کاهش یافته است (۱۷).

پروتئین دخیل در فرآیند حذف گونه‌های فعل اکسیژن
در این مطالعه لکه شماره ۱۰ به عنوان Phosphomannomutase شناسایی گردید. بیان این پروتئین تحت شرایط تنش شوری نسبت به شاهد کاهش بیان نشان داد. این امر نشان می‌دهد به احتمال زیاد این گیاه برای مقابله با رادیکال‌های آزاد از مکانیسم‌های دیگری استفاده می‌کند. فسفامانوموتاز (PMM) تبدیل مانوز-۶-فسفات به مانوز-۱-فسفات را کاتالیز می‌کند. زو و همکاران (۲۵) زمانی که دادند با افزایش بیان این پروتئین (که جزو آنتی‌اکسیدانت‌ها طبقه‌بندی شده بود)، مواجه شدند.

پروتئین دخیل در تعمیر پروتئین‌های آسیب‌دیده
پروتئین ایزوآسپارتیل متیل ترانسفراز پیشنهاد شده است که در انجام تعمیرات پروتئین‌های آسیب‌دیده خودبه‌خودی با تسهیل در فرآیند تبدیل باقیمانده‌های غیرطبیعی ایزوآسپارتیل به باقیمانده‌های طبیعی آسپارتیل نقش ایفا می‌کند. براساس فراوانی این آنزیم در بذرهای مختلف گیاهان و

پروتئین سعی در حفظ کارکرد فتوسیستم‌های I و II دارد. لکه‌های شماره ۱۲ و ۱۴ نیز در این مطالعه در شرایط تنش نسبت به شاهد کاهش بیان از خود نشان دادند. این لکه‌ها هر دو متعلق به Chlorophyll a-b binding protein کلروپلاستی بودند. در واکنش‌های نوری فتوستتر، نور توسط مجموعه‌ای از کمپلکس‌های برداشت نور (LHCs) که انرژی نور را به مراکز واکنش‌های فتوشیمیایی (فتوسیستم I و II) هدایت می‌کنند برداشت می‌شود. زیر مجموعه‌های ویژه‌ای از مولکول‌های کلروفیل در این فتوسیستم‌ها با جذب انرژی نور برانگیخته می‌شوند و سپس الکترون‌ها از طریق زنجیره انتقال الکترون (ETC) منتقل می‌شوند (۸). اکثر کلروفیل‌ها توسط پروتئین‌های کدشده پلاستیدی قرار گرفته در مراکز فتوسیستم II (PsaA/B/C/D) و فتوسیستم I (PsbA/B/C/D). به پروتئین‌های D1، CP43 و D2 معروفند و نیز بوسیله پروتئین‌های هسته‌ای، متصل می‌شوند و کمپلکس‌های برداشت نور را تشکیل می‌دهند (۸).

پروتئین کروماتینی

در این مطالعه بیان لکه پروتئینی شماره ۴ افزایش پیدا کرد. این لکه به عنوان HMG1/2-like protein HMG گردید. HMG پروتئین‌های غیرهیستون کروموزومی متصل شونده به DNA است که برای سازمان دهی کروماتین ضروری نیست اما با عوامل رونویسی در کنترل رونویسی نقش ایفا می‌کند (۱۴). آنها احتمالاً از عوامل موثر در سرهنگ کردن برخی از کمپلکس‌های nucleoprotein خاص هستند (۱۴). احتمالاً افزایش بیان این پروتئین باعث سازماندهی بهتر کروماتین در شرایط تنش شوری کمک خواهد کرد.

متabolیسم انرژی

در این مطالعه بیان سیتوکروم c اکسیداز (لکه شماره ۵) توسط تنش، شوری القا شده است، که این امر نشان دهنده دخالت آن در تحمل به تنش شوری است. احتمالاً این آنزیم تولید انرژی را از طریق زنجیره تنفسی تحت شرایط تنش را تسهیل کند. در ریشه‌های گیاه برنج که به مدت ۷۲، ۴۸، ۲۴ ساعت تحت تنش شوری قرار گرفته بود، بر اساس آنالیز پروتئوم سیتوکروم c اکسیداز به شدت توسط تنش شوری بیان شده است (۲۵). سیتوکروم c اکسیداز آنزیم نهایی، زنجیره تنفسی میتوکندری است. سیتوکروم c اکسیداز (COX)، (آنزیم نهایی زنجیره تنفسی)، باعث اکسیدشدن سیتوکروم c و انتقال الکترون به اکسیژن مولکولی می‌شود تا آب مولکولی تشکیل شود (۲۵).

چیرون

در این مطالعه لکه شماره ۶ به عنوان NAP1-related protein 1 شناسایی شد. بیان این پروتئین به میزان زیادی تحت تنش شوری افزایش پیدا کرد. نوترکیبی همولوگ (HR) برای حفظ یکپارچگی و تغییرپذیری ژنوم ضروری است. تخریب ژن NRP موجب کاهش HR در گیاهان تحت شرایط رشد طبیعی و همچنین در طیف گسترده‌ای از تنش‌های غیرزنده می‌شود (۱۰). زو و همکاران (۲۷)، نشان دادند که خاموش کردن ژن‌های NAP1-related proteins

مطالعه پروتئوم‌های پاسخ‌دهنده به تنش شوری بهویژه در گیاهان وحشی اجداد گندم‌های زراعی می‌تواند مکانیزم تحمل به تنش را برای محققین آشکار سازد. گندم دیپلولئید بوتیکوم هم که در مناطق غرب و شمال غرب ایران به صورت خودرو رشد می‌کنند به‌دلیل اینکه در معرض انواع تنش‌های محیطی قرار گرفته‌اند به احتمال زیاد حاوی ژن‌های اعطاکننده تحمل به تنش‌ها هستند. لذا مطالعه آنها حاوی اطلاعات مفیدی خواهد بود. به‌همین دلیل پروتئوم‌های شناخته‌شده در این تحقیق می‌تواند مورد توجه اصلاحگران گیاهان زراعی قرار گیرد. از طرفی در این مطالعه از بین ۱۴ لکه پاسخ‌دهنده به تنش شوری ۵۰ درصد افزایش بیان نشان دادند. از طرفی مطالعات قبلی نشان دادند که هر چه لکه‌های پاسخ‌دهنده بیشتری افزایش بیان نشان دهند آن گیاه متاحمل‌تر خواهد بود (۱۸). این امر نشان می‌دهد که گیاه انتخابی از تحمل نسبی پرخوردار است و با غربال گسترده‌تر گندم‌های دیپلولئید می‌توان به جمعیت‌های متاحمل‌تری دست پیدا کرد.

تشکر و قدردانی

بدین‌وسیله نویسنده‌گان مراتب قدردانی خود را از تامین هزینه مالی این تحقیق از محل طرح پژوهشی (با شماره ۱/۱۵۱۶) توسط پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفت و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفت کرمان اعلام می‌دارند.

اختصاصی‌بودن سوبسٹرای آن، فرض شده است که برای جلوگیری از انبیاشت باقیمانده‌های Aspartyl پروتئین‌های دانه‌های سالم که می‌تواند زنده‌مانی جین و شناس جوانه‌زنی بذر را محدود کند، نقش ایفا می‌کند (۲۰). فعالیت متیل‌ترانسفراز در گیاهچه گندم، از جمله برگ و بافت ریشه، بسیار پایین یا غیرقابل کشف است. با این حال نشان داده شده است که L-isoaspartyl methyltransferase می‌تواند در بافت‌های رویشی در پاسخ به تیمار هورمون و تنش محیطی القا شود. از دستدادن آب بدن و تنش شور نیز موجب رونویسی و فعالیت آنزیمی در گیاهچه می‌شود. توانایی یک گیاه برای تنظیم فعالیت متیل‌ترانسفراز در بذر و بافت‌های رویشی در پاسخ به تنش خشکی، پیری و استرس زیست‌محیطی به گیاه اجازه می‌دهد تا به طور موثر آسیب‌های پروتئینی مرتبط با این تغییرات فیزیولوژیکی را تعمیر کند. با این حال بیان این پروتئین (لکه شماره ۱۱) در این مطالعه کاهش پیدا کرده است.

پروتئین دخیل در انتقال پیام

(APT1) Adenine phosphoribosyltransferase نقش کلیدی در تبدیل سیتوکینین‌ها از باهای آزاد (فرم فعال) به نوکلئوتیدها (شکل غیرفعال) در گیاهان دارد. از دستدادن فعالیت APT1 در گیاهان منجر به انبیاشت بیش از حد بازهای سیتوکینین می‌شود، بنابراین منجر به پاسخ‌گیری چندگانه سیتوکینین می‌شود. درنتیجه موجب بی‌نظمی در پاسخگویی القای توسط سیتوکینین می‌شود (۲۶). در این مطالعه بیان این پروتئین (لکه شماره ۱۳) کاهش یافته است.

منابع

1. Abedini, M. 2016. Physiological responses of wheat plant to salinity under different concentrations of Zn. *Acta Biologica Szegediensis*, 60(1): 9-16.
2. Alavi, N.S., M. Maleki, S. Pourseiedi, M. Rahimi, A. Baghizadeh, A. Riahi Medvar and A.R. Rasoulnia. 2016. Investigation of Salinity effect on leaf proteome pattern of *Triticum boeoticum*. *Agricultural biotechnology*, 7(1): 61-69.
3. Alipoor Ghorbani, S., A. Bandehhagh, M. Toorchian and R. Shokri Gharelo. 2018. Proteomic profiling analysis of rapeseed under salinity stress. *Journal of plant research*, 31(2): 422-433.
4. Arnon, A.N. 1967. Method of extraction of chlorophyll in the plants. *Agronomy Journal*, 23: 112- 121.
5. Ashraf, M.P.J.C. and P.J.C. Harris. 2004. Potential biochemical indicators of salinity tolerance in plants. *Plant science*, 166(1): 3-16.
6. Bloom, H., H. Beier, H.S. Gross. 1987. Improved silver staining of plant proteins, RNA and DNA in polyacrylamide gels. *Electrophoresis*, 8: 93-99.
7. Bradford, M.M. 1976. A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Analytical biochemistry*, 72(1-2): 248-254.
8. Cruz, J.A., T.J. Avenson, A. Kanazawa, K. Takizawa, G.E. Edwards and D.M. Kramer. 2004. Plasticity in light reactions of photosynthesis for energy production and photoprotection. *Journal of Experimental Botany*, 56(411): 395-406.
9. Damerval, C., D. De Vienne, M. Zivy and H. Thiellement. 1986. Technical improvements in two-dimensional electrophoresis increase the level of genetic variation detected in wheat-seedling proteins. *Electrophoresis*, 7(1): 52-54.
10. Gao, J., Y. Zhu, W. Zhou, J. Molinier, A. Dong and W.H. Shen. 2012. NAP1 family histone chaperones are required for somatic homologous recombination in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 24(4): 1437-1447.
11. Görg, A., W. Postel, A. Domscheit and S. Günther. 1988. Two- dimensional electrophoresis with immobilized pH gradients of leaf proteins from barley (*Hordeum vulgare*): Method, reproducibility and genetic aspects. *Electrophoresis*, 9(11): 681-692.
12. Hurkman, W.J., C.S. Fornari and C.K. Tanaka. 1989. A comparison of the effect of salt on polypeptide and translatable mRNA in roots of a salt tolerant and salt sensitive cultivar of barley. *Plant Physiology*, 90: 1444-1456.

- ۳۴
13. Jahngen-Hodge, J., M.S. Obin, X. Gong, F. Shang, T.R. Nowell, J. Gong, H. Abasi, J. Blumberg and A. Taylor. 1997. Regulation of ubiquitin-conjugating enzymes by glutathione following oxidative stress. *Journal of Biological Chemistry*, 272(45): 28218-28226.
 14. Jerzmanowski, A., M. Przewłoka and K.D. Grasser. 2000. Linker Histones and HMG1 proteins of higher plants. *Plant Biology*, 2: 586-597.
 15. Kamali, N., S. Navabpour, H. Soltanloo and M. Kalate. 2015. Changes in Metallothionein Gene Expression, Chlorophyll Content and Some Agronomic Traits in Response to Salt Stress in Wheat. *Journal of Crop Breeding*, 7(15): 57-67 (In Persian).
 16. Li, J., K.A. Lease, F.E. Tax and J.C. Walker. 2001. BRS1, a serine carboxypeptidase, regulates BRI1 signaling in *Arabidopsis thaliana*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(10): 5916-5921.
 17. Majoul, T., E. Bancel, E. Triboï, J. Ben Hamida and G. Branlard. 2004. Proteomic analysis of the effect of heat stress on hexaploid wheat grain: characterization of heat-responsive proteins from non-prolamins fraction. *Proteomics*, 4(2): 505-513.
 18. Maleki, M., M.R. Naghavi, H. Alizadeh, K. Poostini and C.A. Mishani. 2014. Comparison of protein changes in the leaves of two bread wheat cultivars with different sensitivity under salt stress. *Annual Research and Review in Biology*, 4(11): 1784.
 19. Malaki, M., M.R. Naghavi, H. Alizadeh, P. Potki, M. Kazemi, S.M. Pirseyedi, M. Mardi and S.M. Fakhre-Tabatabaei. 2006. Study of genetic variation in wild diploid wheat (*Triticum boeoticum*) from Iran using AFLP markers. *Iranian Journal of Biotechnology*, 4(4): 269-274.
 20. Mudgett, M.B. and S. Clarke. 1994. Hormonal and environmental responsiveness of a developmentally regulated protein repair L-isoaspartyl methyltransferase in wheat. *Journal of Biological Chemistry*, 269(41): 25605-25612.
 21. Ohad, I., D.J. Kyle and C.J. Arntzen. 1984. Membrane protein damage and repair: removal and replacement of inactivated 32-kilodalton polypeptides in chloroplast membranes. *The Journal of Cell Biology*, 99(2): 481.
 22. Shavrukov, Y., N. Gupta, J. Miyazaki, M. Bahlo, K. Chalmers, M. Tester, P. Langridge and N. Collins. 2010. HvNax3-a locus controlling shoot sodium exclusion derived from wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*). *Functional and Integrative Genomics*, 10: 277-291.
 23. Shokrpour, M. and E. Esfandiari. 2014. Grouping Different Wheat Varieties for Salt Tolerance using Some Biochemical and Physiological Indices. *Journal of Crop Breeding*, 6(14): 54-66 (In Persian).
 24. Singh, R.P., A. Runthala, S. Khan and P.N. Jha. 2017. Quantitative proteomics analysis reveals the tolerance of wheat to salt stress in response to Enterobacter cloacae SBP-8. *PloS one*, 12(9).
 25. Xu, Y., C. Chen, D. Ji, N. Hang and C. Xie. 2014. Proteomic profile analysis of *Pyropia haitanensis* in response to high-temperature stress. *Journal of applied phycology*, 26(1): 607-618.
 26. Zhang, X., Y. Chen, X. Lin, X. Hong, Y. Zhu, W. Li, W. He, F. An and H. Guo. 2013. Adenine phosphoribosyl transferase 1 is a key enzyme catalyzing cytokinin conversion from nucleobases to nucleotides in *Arabidopsis*. *Molecular plant*, 6(5): 1661-1672.
 27. Zhu, Y., A. Dong, D. Meyer, O. Pichon, J.P. Renou, K. Cao and W.H. Shen. 2006. *Arabidopsis* NRP1 and NRP2 encode histone chaperones and are required for maintaining postembryonic root growth. *The Plant Cell*, 18(11): 2879-2892.
 28. Jiang, Q., X. Li, F. Niu, X. Sun, Z. Hu and H. Zhang. 2017. iTRAQ-based quantitative proteomic analysis of wheat roots in response to salt stress. *Proteomics*, 17(8): 1600265.
 29. Lv, D.W., G.R. Zhu, D. Zhu, Y.W. Bian, X.N. Liang, Z.W. Cheng, X. Deng and Y.M. Yan. 2016. Proteomic and phosphoproteomic analysis reveals the response and defense mechanism in leaves of diploid wheat *T. monococcum* under salt stress and recovery. *Journal of proteomics*, 143: 93-105.

Study of Protein Spots Responsive to Salinity Stress in Diploid Wheat (*Triticum boeoticum*)

Mahmood Maleki¹, Amin Baghizadeh², Ali Riahi Madvar³ and Ehsan Nasirifar⁴

- 1- Assistant Professor of Plant Breeding, Department of Biotechnology, Institute Science and High Technology and Environmental Science, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran, Maleki.li@gmail.com
2- Associate Professor of Plant Breeding, Department of Biotechnology, Institute Science and High Technology and Environmental Science, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran
3- Associate Professor of Biochemistry, Department of Molecular and Cell Biology, Faculty of Basic Sciences, Kowsar University of Bojnord, Bojnord, Iran
4- Graduated Ph.D., Department of Animal Science, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

Received: February 26, 2019

Accepted: August 24, 2019

Abstract

Salinity is one of the most important abiotic stresses that can affect the yield of wheat. It is important to study the mechanisms of tolerance to salinity in crops and their ancestors. The purpose of this project was to investigate the responsive protein spots to salt stress in tolerant population. In this research, five diploid wheat population of *T. boeoticum* (A1, A10, B3, B4, C5) were grown in greenhouse as factorial experiment in a completely randomized design with three replications. Salinity was applied at two levels of zero and 150 mM. Then, the traits of shoot and root height, fresh and dry shoot weights, chlorophyll a, b, total carotenoids and total protein content were measured. Total protein was extracted using TCA / acetone method. The proteins were separated in the first dimension by isoelectric point using IPGs pH 4-7 followed by SDS-PAGE as the second dimension using molecular weight. The results of physiological data analysis showed that for fresh and dry shoot weights and total protein content, the interaction effect of the population*salinity was significant. For the two traits of fresh weight and total protein, the population of B4 had the highest average. Two-dimensional electrophoresis gel analysis revealed 205 repetitive spots. Out of these, 7 spots showed upregulation and 7 spots downregulation. Identified proteins include proteins involved in the cell wall, photosynthesis, energy metabolism, chromatin-related proteins, chaperones, proteolytic, in the removal of reactive oxygen species, in repairing damaged proteins and in the transmission of the message. These results can be used to improve wheat cultivars.

Keywords: Abiotic Stress, Proteomics, Wild Wheat