



Genes and inducible regulatory elements in response to heat and cold stresses in barley plants (*Hordeum vulgare* L.)

Danial Kahrizi ¹✉

¹✉ Agricultural Biotechnology Department, Faculty of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran. E-mail: dkahrizi@gmail.com

ABSTRACT

Introduction: Barley (*Hordeum vulgare*), a member of the Poaceae family, is an important cereal that is grown in temperate climates around the world. It was one of the first cultivated grains, especially in Eurasia 10,000 years ago. Globally, 70% of barley production is used for animal feed. This plant is reasonably tolerant of abiotic stresses. Environmental or abiotic stresses such as heat and cold can significantly affect crop production. Plants respond to these abiotic stresses by altering the expression of many genes involved in different biological and physiological processes.

Materials and methods: In order to identify responsive genes to cold and heat stresses in barley (*Hordeum vulgare* L.), the microarray data of two conducted experiments were analyzed. This research was analyzed and investigated using the raw data available in the ArrayExpress database, which is related to two separate experiments in heat and cold stress in 2 and 3 replications, respectively, in the barley plant. The desired analysis was performed using FlexArray software and the differential genes present in the stresses were identified. The examined genes were normalized using the Robust Multiarray Average (RMA) method, and the genes with a P-value equal to and less than 5% were selected, and the fold change of genes above 2 was also selected. Ontology analysis of genes was done using AgriGo website and their functional groups were categorized into three parts: biological processes, cellular components and molecular function. The sequence of 1500 nucleotides upstream of the effective genes in response to heat and cold stress was extracted from the Ensembl Plants site. Regulatory elements of effective functional genes in response to heat and cold stresses were identified and presented using the PlantCare site.

Results: The results demonstrated that 338 and 291 genes were differentially expressed in response to cold and heat stresses, respectively. The gene ontology analysis revealed that differential expressed genes (DEG) were mainly involved in cellular compounds as well as biological processes and different molecular functions. Transcription regulator activity has a critical role in the regulation of genes against stresses. Moreover, 1500 bp upstream of the DEGs were identified to find the most represented regulatory elements.

Conclusion: Consequently, it seems light and hormonal-related cis-regulatory elements especially those related to methyl jasmonate play an important role in controlling the gene expression against the studied abiotic stresses. The results of this high-throughput comparative analysis provided insight into genes and cis-regulatory elements involved in response to heat and cold stresses in barley.

Keywords: Promoter, Environmental stresses, Differential expression, Barley, Regulatory elements.

Article Type: Research Article

Article history: Received: 31/10/2022, Revised: 24/11/2022, Accepted: 14/12/2022, Published online: 26/12/2022

Cite this article: Kahrizi, D. (2022). Genes and inducible regulatory elements in response to heat and cold stresses in barley plants (*Hordeum vulgare* L.). *Cereal Biotechnology and Biochemistry*. 1 (4). 510-521. DOI: [10.22126/cbb.2023.8631.1029](https://doi.org/10.22126/cbb.2023.8631.1029)





بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳



بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

Homepage: <https://cbb.razi.ac.ir>

شناسایی ژن‌ها و عناصر تنظیمی القاء شونده در پاسخ به تنش‌های گرما و سرما در جو زراعی (*Hordeum vulgare L.*)

دانیال کهربیزی^۱

^۱ گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران. رایانامه: dkahrizi@gmail.com

چکیده

مقدمه: جو (*Hordeum vulgare*)، به‌عنوان عضوی از خانواده گرامینه و از غلات مهمی است که در آب و هوای معتدل در سطح جهان رشد می‌کند. این گیاه یکی از اولین غلات کشت شده، به ویژه در اوراسیا در ۱۰۰۰۰ سال پیش بود. در سطح جهان ۷۰ درصد تولید جو به عنوان علوفه دام استفاده می‌شود. این گیاه در مواجهه با تنش‌های غیر زنده نسبتاً متحمل است. تنش‌های محیطی یا غیرزیستی مانند گرما و سرما اثرات معنی‌داری بر روی تولیدات گیاهان زراعی و باغی دارند. گیاهان با استفاده از تغییر در بیان بسیاری از ژن‌های موثر در فرایندهای فیزیولوژیک و زیستی به تنش‌های محیطی عکس العمل نشان می‌دهند.

مواد و روش‌ها: به‌منظور شناسایی ژن‌های القاء شونده در پاسخ به تنش‌های سرما و گرما در گیاه جو (*Hordeum vulgare L.*)، داده‌های ریزآرایه از دو آزمایش مورد بررسی قرار گرفتند. این تحقیق با استفاده از داده‌های خام موجود در پایگاه اطلاعاتی ArrayExpress که مربوط به دو آزمایش جداگانه در تنش سرما و سرما به ترتیب در ۲ و ۳ تکرار در گیاه جو بود، مورد آنالیز و بررسی قرار گرفت. تجزیه مورد نظر با استفاده از نرم‌افزار FlexArray انجام شد و ژن‌های افتراقی موجود در هر دو تنش مشخص شدند. ژن‌های مورد بررسی با استفاده از روش Robust Multiarray Average (RMA) نرمال شدند و ژن‌هایی که دارای P-value مساوی و کمتر از ۵ درصد بودند، انتخاب شده و همین‌طور میزان تغییر (Fold change) ژن‌هایی که بالای ۲ بودند انتخاب شدند. آنالیز هستی‌شناسی ژن‌ها با استفاده از سایت AgriGo انجام شد و گروه‌های کارکردی آن‌ها در سه قسمت فرایندهای بیولوژیک، اجزای سلولی و عملکرد مولکولی دسته‌بندی شدند. توالی ۱۵۰۰ نوکلئوتید بالادست ژن‌های موثر در پاسخ به تنش سرما و سرما از سایت Ensembl Plants استخراج شد. عناصر تنظیمی ژن‌های کارکردی موثر در پاسخ به تنش‌های سرما و سرما با استفاده از سایت PlantCare شناسایی و ارائه شدند.

یافته‌ها: نتایج نشان دادند که ۳۶۲ و ۳۱۶ ژن به‌ترتیب در تنش‌های سرما و گرما به‌صورت افتراقی بیان شدند. آنالیز هستی‌شناسی ژن نشان داد که ژن‌های افتراقی بیشتر در ترکیبات سلولی، همچون فرایندهای زیستی و عملکردهای مولکولی مختلف دخالت دارند. عناصر تنظیم‌کننده فعالیت رونویسی دارای نقش اساسی در تنظیم بیان ژن در برابر تنش‌ها می‌باشند. همچنین ۱۵۰۰ نوکلئوتید بالادست ژن‌های افتراقی برای پیدا کردن عناصر تنظیمی مورد شناسایی قرار گرفتند.

نتیجه‌گیری: بنابراین بر اساس تحلیل‌های انجام شده، به‌نظر می‌رسد که عوامل تنظیمی پاسخ‌دهنده به نور و هورمون‌ها به‌خصوص متیل جاسمونات نقش مهمی در کنترل بیان ژن‌ها در برابر تنش‌های غیر زیستی مورد مطالعه دارند. نتایج این مطالعه مقایسه‌ای و گسترده می‌تواند رویکرد جدیدی را در ژن‌ها و عناصر تنظیمی موثر در پاسخ به تنش‌های سرما و گرما در گیاه جو در اختیار قرار دهد.

واژه‌های کلیدی: پروموتور، تنش‌های محیطی، بیان افتراقی، جو، عناصر تنظیمی.

نوع مقاله: مقاله پژوهشی

نوع مقاله: دریافت: ۱۴۰۱/۰۸/۰۹ اصلاح: ۱۴۰۱/۰۹/۰۳ پذیرش: ۱۴۰۱/۰۹/۲۳. انتشار آنلاین: ۱۴۰۱/۱۰/۰۵

استناد: کهربیزی، د. (۱۴۰۱). شناسایی ژن‌ها و عناصر تنظیمی القاء شونده در پاسخ به تنش‌های گرما و سرما در جو زراعی (*Hordeum vulgare L.*).

DOI: [10.22126/cbb.2023.8631.1029](https://doi.org/10.22126/cbb.2023.8631.1029)، ۵۱۰-۵۲۱، (۴). ۱



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

مقدمه

گیاه جو (*Hordeum vulgare* L) به‌عنوان یکی از مهم‌ترین غلات در جهان است و به‌عنوان یک گیاه مدل برای مطالعات ژنتیکی به‌کاربرده می‌شود. این گیاه در آب و هوای معتدل در سطح جهان رشد می‌کند. این یکی از اولین غلات کشت شده، به ویژه در اوراسیا در اوایل ۱۰۰۰۰ سال پیش بود. در سطح جهان ۷۰ درصد از تولید جو به‌عنوان علوفه حیوانات استفاده می‌شود، در حالی که ۳۰ درصد به‌عنوان منبع مواد قابل تخمیر برای آب‌جو و برخی نوشیدنی‌ها و به‌عنوان جزئی از غذاهای مختلف استفاده می‌شود. از آن در سوپ‌ها و خورش‌ها و در نان جو فدر رهنگ‌های مختلف استفاده می‌شود. دانه‌های جو معمولاً به روش سنتی و قدیمی برای تهیه مالت استفاده می‌شوند. در سال ۲۰۱۷، جو پس از ذرت، برنج و گندم رتبه چهارم را در بین غلات از نظر مقدار تولید (۱۴۹ میلیون تن یا ۳۳۰ میلیارد پوند) کسب کرد (She et al., 2022).

تنش‌های غیر زیستی، به‌عنوان بخشی طبیعی از هر اکوسیستم، به طرق مختلف بر موجودات زنده تأثیر می‌گذارد. اگرچه این اثرات ممکن است مفید یا مضر باشند، مکان یا منطقه در تعیین میزان تأثیر تنش غیرزیستی بسیار مهم است. به طوری که هر چه عرض جغرافیایی منطقه تحت تأثیر بیشتر باشد، تأثیر تنش غیر زیستی بر آن منطقه بیشتر خواهد بود (Verslues et al., 2023).

تنش‌های غیر زیستی به‌خصوص سرما و گرما باعث تغییر در میزان بیان ژن‌ها شده و به این طریق میزان پاسخ گیاه به تنش‌های موردنظر را افزایش می‌دهند (Derbyshire et al., 2022). تنش‌های غیر زیستی اثرات بسیار مخربی بر روی رشد، تولید و بسیاری از فرایندهای متابولیکی گیاه دارند که گیاهان با استفاده از مکانیسم‌های مختلف فیزیولوژیکی و همچنین تغییرات بیولوژیکی همچون تغییر در سطح ترانسکریپتوم به تنش‌های مختلف پاسخ می‌دهند (Saharan et al., 2022). همچنین تنش‌های سرما و گرما باعث حساسیت گیاهان به تنش‌های زیستی می‌شوند و مطالعات مختلف نشان داده‌اند تنش سرما باعث کاهش مقاومت گیاه در برابر تنش‌های زیستی به‌خصوص ویروس‌ها می‌شوند (Ren et al., 2022).

بیوانفورماتیک یک رشته بین رشته‌ای است که روش‌ها و ابزارهای نرم‌افزاری را برای درک داده‌های بیولوژیکی توسعه می‌دهد، به‌ویژه زمانی که مجموعه داده‌ها بزرگ و پیچیده هستند. بیوانفورماتیک به‌عنوان یک رشته علمی میان رشته‌ای، زیست‌شناسی، شیمی، فیزیک، علوم کامپیوتر، مهندسی اطلاعات، ریاضیات و آمار را برای تجزیه و تحلیل و تفسیر داده‌های بیولوژیکی ترکیب می‌کند. بیوانفورماتیک برای تجزیه و تحلیل سیلیکونی پرس و جوهای بیولوژیکی با استفاده از تکنیک‌های محاسباتی و آماری استفاده شده است (Shen et al., 2022).

یکپارچه‌تر، به تجزیه و تحلیل و فهرست نویسی مسیرها و شبکه‌های زیستی که بخش مهمی از زیست‌شناسی سیستم‌ها هستند، کمک می‌کند (Ceylan, 2022). مطالعه ژن‌های بیان‌شده در برابر تنش‌ها با استفاده از آنالیز ریزآرایه برای گیاهان مختلفی از جمله جو انجام شده است که این آنالیز قادر به مشخص کردن بیان هزاران ژن‌ها در سطح ترنسکرپتوم می‌باشد (Deng et al., 2022). عناصر تنظیمی موجود در پروموتور که در بالادست ژن‌ها قرار دارند، یکی از عوامل موثر در بیان و تنظیم ژن‌ها در فرایند‌های مختلف بیولوژیکی به خصوص در پاسخ به تنش‌های مختلف فیزیولوژیکی هستند که یک جایگاه مشخص برای پروتئین‌های موثر در عوامل رونویسی هستند (Tariq et al., 2022). هدف از انجام این پژوهش شناسایی ژن‌های افتراقی و عناصر تنظیم‌کننده بیان ژن‌ها در پاسخ به تنش‌های گرما و سرما در گیاه جو بوده است.

مواد و روش‌ها

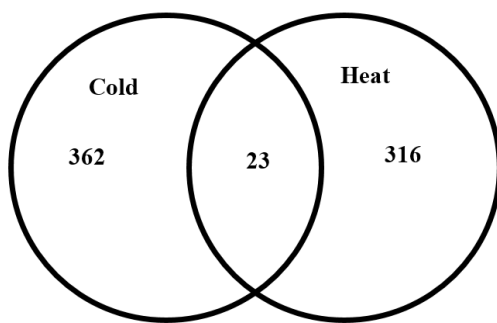
در این مطالعه داده‌های خام موجود در پایگاه اطلاعاتی ArrayExpress¹ که مربوط به دو آزمایش مجزا در تنش گرما و سرما به ترتیب با ۲ و ۳ تکرار در گیاه جو، مورد آنالیز و بررسی قرار گرفت. آنالیز مورد نظر با استفاده از نرم‌افزار FlexArray انجام شد و ژن‌های افتراقی موجود در تنش‌ها مشخص شدند. ژن‌های مورد بررسی با استفاده از روش

بیوانفورماتیک شامل مطالعات زیستی است که از برنامه‌نویسان رایانه‌ای به‌عنوان بخشی از روش‌شناسی خود استفاده می‌کنند، و همچنین به‌عنوان ابزاری جهت تجزیه و تحلیل خاص که به‌طور مکرر به‌ویژه در زمینه ژنومیک و ترانسکرپتومیک استفاده می‌شوند. کاربردهای رایج بیوانفورماتیک شامل شناسایی ژن‌های نامزد و پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) می‌باشد. اغلب، چنین شناسایی با هدف درک بهتر اساس ژنتیکی بیماری، سازگاری‌های منحصر به فرد، خواص مطلوب (به‌ویژه در گونه‌های کشاورزی)، یا تفاوت بین جمعیت‌ها انجام می‌شود. به روشی کمتر رسمی، بیوانفورماتیک همچنین سعی می‌کند اصول سازمانی درون توالی‌های اسید نوکلئیک و پروتئین را که پروتئومیکس نامیده می‌شوند، درک کند (Shen et al., 2022).

پردازش تصویر و سیگنال امکان استخراج نتایج مفید از مقادیر زیادی داده خام را فراهم می‌کند. در زمینه ژنتیک، به تعیین توالی و حاشیه نویسی ژنوم‌ها و جهش‌های مشاهده شده آنها کمک می‌کند. این نقش در متن کاوی ادبیات زیستی و توسعه هستی‌شناسی‌های زیستی و ژنی برای سازماندهی و جستجوی داده‌ها ایفا می‌کند. همچنین در تجزیه و تحلیل بیان و تنظیم ژن و پروتئین نقش دارد. ابزارهای بیوانفورماتیک به مقایسه، تجزیه و تحلیل و تفسیر داده‌های ژنتیکی و ژنومی و به‌طور کلی در درک جنبه‌های تکاملی زیست‌شناسی مولکولی کمک می‌کنند. در سطح

¹ <https://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/>

بیولوژیکی اکثریت ژن‌ها در دو گروه فرایندهای متابولیکی و پاسخ به تنش فعالیت دارند. در دسته اجزای سلولی بیشتر ژن‌های افتراقی در فرایندهای سلولی نقش بازی می‌کنند. در فرایندهای مولکولی، ژن‌ها در فرایندهای کاتالیتیکی، پروتئین‌های متصل شونده به RNA و DNA، فعالیت‌های انتقالی و عوامل تنظیمی در رونویسی نقش دارند. پروتئین‌های متصل شونده به‌طور کلی در شکل‌دهی پروتئین‌ها و هموستازی سلول‌ها نقش دارند و باعث مقاومت سلول‌ها در برابر تنش‌های غیر زیستی از جمله گرما می‌شوند (۱۵). عوامل تنظیم‌کننده رونویسی از جمله فاکتورهای رونویسی^۷ یکی از مهم‌ترین عوامل تنظیم‌کننده بیان ژن‌ها در برابر تنش‌های غیر زیستی هستند که باعث افزایش و یا کاهش بیان ژن‌های درگیر در مسیر فعالیت‌های مختلف سلولی از جمله در پاسخ به تنش‌های غیر زیستی به اثبات رسیده است (Alshareef *et al.*, 2022).



شکل ۱- نمودار ژن‌های افتراقی در سطوح تنش گرما و سرما

Figure 1- Diagram of differential genes in heat and cold stress levels

RMA² نرمال شدند و ژنهایی که دارای P-value مساوی و کمتر از ۵ درصد بودند، انتخاب‌شده و همین‌طور میزان Fold change ژن‌هایی که بالای ۲ بودند انتخاب شدند. آنالیز هستی‌شناسی^۳ ژن‌ها با استفاده از سایت AgriGo^۴ انجام شد و گروه‌های کارکردی آن‌ها در سه قسمت فرایندهای زیستی، اجزای سلولی و عملکرد مولکولی دسته‌بندی شدند. توالی ۱۵۰۰ نوکلئوتید بالادست ژن‌های موثر در پاسخ به تنش گرما و سرما از سایت Ensembl Plants^۵ استخراج شد. عناصر تنظیمی ژن‌های کارکردی موثر در پاسخ به تنش‌های گرما و سرما با استفاده از سایت PlantCare^۶ شناسایی و ارائه شدند.

نتایج

مطالعه بر روی داده‌های ژن‌های افتراقی در دو آزمایش مورد بررسی در گیاه جو نشان داد که به ترتیب ۳۶۲ و ۳۱۶ ژن در تنش سرما و گرما دارای بیان افتراقی بودند که در این دو آزمایش مورد بررسی، فقط ۲۳ ژن به صورت مشترک در دو تنش نقش داشتند (شکل ۱). آنالیز هستی‌شناسی ژن نشان داد که کارکرد ژن‌های موردنظر به سه دسته تقسیم می‌شوند که شامل فرایندهای بیولوژیکی، اجزای سلولی و عملکرد مولکولی هستند (شکل ۲). در دسته فرایندهای

² Robust Multiarray Average

³ Gene Ontology

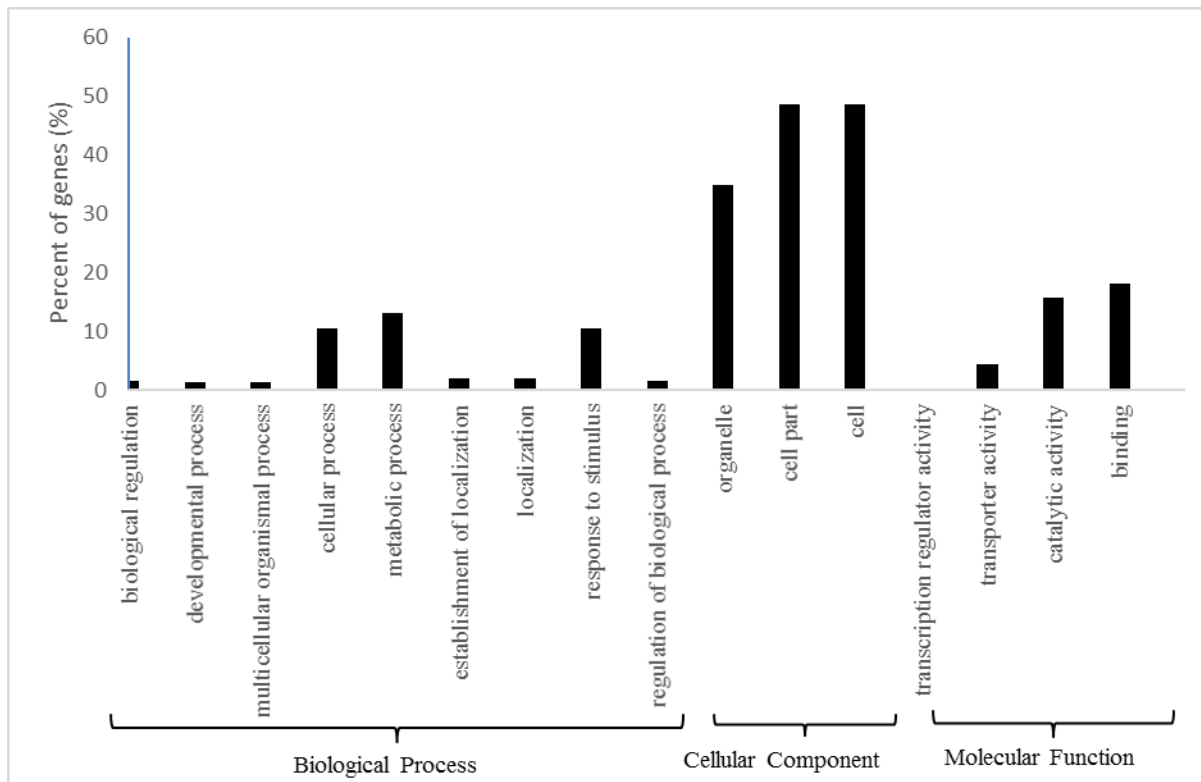
⁴ <http://bioinfo.cau.edu.cn/agriGO/>

⁵ <http://plants.ensembl.org/index.html>

⁶

<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>

⁷ Transcription Factors



شکل ۲- نمودار هستی‌شناسی ژن‌های افتراقی در تنش‌های سرما و گرما در گیاه جو زراعی
Figure 2- Ontology diagram of differential genes in cold and heat stress in barley plant

جاسمونات در بسیاری از فرایندهای فیزیولوژیک پاسخ به تنش‌های زیستی به اثبات رسیده است، اما مطالعات اخیر نشان داده‌اند که این عناصر تنظیمی در پاسخ به بسیاری از تنش‌های غیر زیستی نقش بسیار مهمی دارند و باعث پاسخ مناسب گیاه به تنش‌های غیر زیستی شده است (Jin *et al.*, 2022). اخیراً نقش متیل جاسمونات در تنش‌های غیر زیستی در گیاهان دیگر از جمله برنج به اثبات رسیده است (Ghorbani *et al.*, 2022). همچنین نقش متیل جاسمونات در بسیاری دیگر از فرایندهای حیاتی گیاه مانند جوانه‌زنی، رشد ریشه و همچنین باعث رسیدن میوه‌ها شده است

در این مطالعه، عناصر تنظیمی مختلف در پاسخ به تنش‌های سرما و گرما با استفاده از سایت PlantCare به دست آمدند. عناصر تنظیمی مختلفی بر روی پروموتور ژن‌های مورد مطالعه وجود داشتند، از جمله این عناصر تنظیمی می‌توان به عناصر پاسخ‌دهنده به نور مانند AE-box, Box4, box, G-Box, Sp1 و TCT-motif و همچنین ژن‌های پاسخ‌دهنده به هورمون‌ها مانند CGTCA-motif و TGACG-motif در پاسخ به متیل جاسمونات و ABRE در پاسخ به آبسزیک اسید در ژن‌های مورد مطالعه حضور داشتند. اگرچه حضور عناصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به متیل

(Feng et al., 2022). نقش عنصر تنظیمی ABRE به عنوان یکی از عوامل تنظیم‌کننده در تنش‌های غیر زیستی و مرتبط با هورمون آبسزیک اسید در گیاه گندم و اجداد آن به اثبات رسیده است (Qiu et al., 2022). مطالعه ما حضور این عناصر تنظیمی به‌خصوص متیل جاسمونات را در تنش‌های سرما و گرما را در گیاه جو پیش‌بینی کرده است.

جدول ۱- عناصر تنظیمی موجود در ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش سرما و گرما

Table 1- Regulatory elements in genes responding to cold and heat stress

عناصر تنظیمی سیس	عملکرد
<i>cis</i> -regulatory elements	Function
ABRE	عنصر عامل سیس که در پاسخگویی به اسید آبسزیک نقش دارد <i>cis</i> -acting element involved in the abscisic acid responsiveness
AE-box	بخشی از یک ماژول برای پاسخ به نور Part of a module for light response
ARE	عنصر تنظیم‌کننده با اثر سیس ضروری برای القای بی هوازی <i>cis</i> -acting regulatory element essential for the anaerobic induction
Box 4	حفاظت شده درگیر در پاسخگویی به نور DNA بخشی از یک ماژول Part of a conserved DNA module involved in light responsiveness
CGTCA-motif	عنصر تنظیمی سیس که در واکنش به MeJA نقش دارد <i>cis</i> -acting regulatory element involved in the MeJA-responsiveness
circadian	عنصر تنظیمی با عمل سیس که در کنترل زمان نقش دارد <i>cis</i> -acting regulatory element involved in circadian control
G-Box	عنصر تنظیمی با عمل سیس که در پاسخ به نور نقش دارد <i>cis</i> -acting regulatory element involved in light responsiveness
HSE	عنصر تنظیمی با عمل سیس که در پاسخ به تنش گرمایی نقش دارد <i>cis</i> -acting element involved in heat stress responsiveness
Skn-1-motif	عنصر تنظیمی با اثر سیس برای بیان آندوسپرم مورد نیاز است <i>cis</i> -acting regulatory element required for endosperm expression
Sp1	عنصر پاسخگو به نور Light responsive element
TCT-motif	بخشی از یک عنصر پاسخگو به نور Part of a light responsive element
TGACG-motif	عنصر تنظیمی سیس که در واکنش به MeJA نقش دارد <i>cis</i> -acting regulatory element involved in the MeJA-responsiveness

باین‌حال ژن‌هایی که در دو تنش سرما و گرما پاسخ می‌دهند بسیار کم و در حدود ۲٪ ژن‌ها به هر دو تنش پاسخ می‌دهند. همچنین حضور عناصر تنظیمی مختلف همچون عناصر پاسخ‌دهنده به شرایط نوری و متیل جاسمونات که از عوامل مهم در پاسخ به تنش‌های غیر زیستی و حتی زیستی هستند. این مطالعه به ما کمک می‌کند که عناصر تنظیمی موثر در تنظیم بیان ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش‌های غیر زیستی و شبکه‌های تنظیمی موثر آن را شناسایی کنیم که ما را در کنترل کردن فرایندهای سلولی و پاسخ‌دهنده به تنش‌ها کمک می‌کند.

عناصر پاسخ‌دهنده به نور یکی از عوامل تأثیرگذار در تنظیم بیان ژن به‌خصوص در تنش‌های غیر زیستی هستند (Ebeed, 2022). نقش G-Box به‌عنوان یک تنظیم‌کننده در پاسخ به تنش‌های غیر زیستی در گیاه آرابیدوپسیس و ارقام گندم به اثبات رسیده است (Almutairi, 2023). حضور عناصر circadian در ژن‌های مورد مطالعه باعث مناسب پاسخ گیاه به تنش‌های زیستی و غیر زیستی همچون فرایندهای فیزیولوژیک مانند رشد و تولیدمثل در گیاهان می‌شوند (Soliman et al., 2022). حضور عنصر تنظیمی HSE به‌عنوان یکی از عوامل تأثیرگذار در پاسخ ژن‌ها به تنش گرمایی است، این عنصر از طریق ارتباط با پروتئین‌های شوک گرمایی^۸ باعث مقاومت گیاه و حفظ ساختار پروتئین‌ها در برابر تنش گرمایی می‌شوند (Qi et al., 2022). همچنین عناصر تنظیمی دیگر همچون ARE و skn-1-motif که کارکردهای عمومی دارند در تنظیم بیان ژن‌های مورد مطالعه ما نقش دارند.

نتیجه گیری

در مطالعه حاضر و با جستجوی کارکرد ژن‌ها، مشخص گردید که بیشتر ژن‌های مورد بررسی در فرایندهای دفاعی در برابر تنش‌های غیر زیستی نقش دارند که از طریق تنظیم بیان ژن‌ها و یا پروتئین‌های متصل شونده به RNA یا DNA باعث پاسخ مناسب گیاه به تنش‌های غیر زیستی شده است.

⁸ Heat Shock Protein (HSP)

References

- Almutairi, Z. M. 2023. Expression profiling and characterization of a G-Box binding protein, B12Dg, from pearl millet. *Journal of King Saud University-Science*, 35(1):102448.
- Alshareef, N. O., Otterbach, S. L., Allu, A. D., Woo, Y. H., de Werk, T., Kamranfar, I., Mueller-Roeber, B., Tester, M., Balazadeh, S., & Schmöckel, S. M. 2022. NAC transcription factors ATAF1 and ANAC055 affect the heat stress response in *Arabidopsis*. *Scientific Reports*, 12(1):1-15.
- Ceylan, H. 2022. Integrated bioinformatics analysis to identify alternative therapeutic targets for alzheimer's disease: insights from a synaptic machinery perspective. *Journal of Molecular Neuroscience*.Feb;72(2):273-86.
- Deng, P., Yan, T., Ji, W., Zhang, G., Wu, L., & Wu, D. 2022. Population-level transcriptomes reveal gene expression and splicing underlying cadmium accumulation in barley. *The Plant Journal*, 112(3):847-859.
- Derbyshire, M. C., Batley, J., & Edwards, D. 2022. Use of multiple 'omics techniques to accelerate the breeding of abiotic stress tolerant crops. *Current Plant Biology*, 100262.
- Ebeed, H. T. 2022. Genome-wide analysis of polyamine biosynthesis genes in wheat reveals gene expression specificity and involvement of STRE and MYB-elements in regulating polyamines under drought. *BMC genomics*, 23(1):1-21.
- Feng, L., Wei, L., Liu, Y., Hu, D., Gong, W., Liao, W.. 2023. Hydrogen peroxide is involved in methyl jasmonate-induced adventitious rooting in cucumber under cadmium stress. *Scientia Horticulturae*, 309:111666.
- Ghorbani, A., Pishkar, L., Roodbari, N., Tavakoli, S. A., Jahromi, E. M., & Wu, C. 2022. Nitrate reductase is needed for methyl jasmonate-mediated arsenic toxicity tolerance of rice by modulating the antioxidant defense system, glyoxalase system and arsenic sequestration mechanism. *Journal of Plant Growth Regulation*,1-13.
- Jin, Y., Ding, X., Li, J., & Guo, Z. 2022. Isolation and characterization of wheat ice recrystallisation inhibition gene promoter involved in low temperature and methyl jasmonate responses. *Physiology and Molecular Biology of Plants*,1-11.
- Qi, X., Di, Z., Li, Y., Zhang, Z., Guo, M., Tong, B., Lu, Y., Zhang, Y., & Zheng, J. 2022. Genome-wide identification and expression profiling of heat shock protein 20 gene family in sorbus *pohuashanensis* (Hance) Hedl under abiotic stress. *Genes*, 13(12):2241.
- Qiu, X., Zhao, H., Abubakar, A.S., Shao, D., Chen, J., Chen:, Yu, C., Wang, X., Chen, K., & Zhu, A. 2022. Genome-wide analysis of AP2/ERF gene superfamily in ramie (*Boehmeria nivea* L.) revealed

- their synergistic roles in regulating abiotic stress resistance and ramet development. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(23):15117.
- Ren, C., Kuang, Y., Lin, Y., Guo, Y., Li, H., Fan, Li, S., & Liang, Z. 2022. Overexpression of grape ABA receptor gene VaPYL4 enhances tolerance to multiple abiotic stresses in *Arabidopsis*. *BMC Plant Biology*, 22(1):1-14.
- Saharan, B. S., Brar, B., Duhan, J. S., Kumar, R., Marwaha, S., Rajput, V. D., & Minkina, T. 2022. Molecular and physiological mechanisms to mitigate abiotic stress conditions in plants. *Life*, 12(10):1634.
- She, K., Pan, W., Yan, Y., Shi, T., Chu, Y., Cheng, Y., Ma, B., & Song, W. 2022. Genome-wide identification, evolution and expression analysis of OSCA gene family in barley (*Hordeum vulgare* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, 23(21):13027.
- Shen, W., Song, Z., Zhong, X., Huang, M., Shen, D., Gao, P., Qian, X., Wang, M., He, X., Wang, T., & Li, S. 2022. Sangerbox: A comprehensive, interaction-friendly clinical bioinformatics analysis platform. *Imeta*, 1(3):e36.
- Soliman, S., Wang, Y., Han, Z., Pervaiz, T. and El-Kereamy, A. 2022. Strigolactones in plants and their interaction with the ecological microbiome in response to abiotic stress. *Plants*, 11(24): 3499.
- Tariq, R., Hussain, A., Tariq, A., Khalid, M. H. B., Khan, I., Basim, H., & Ingvarsson, K. 2022. Genome-wide analyses of the mung bean NAC gene family reveals orthologs, co-expression networking and expression profiling under abiotic and biotic stresses. *BMC Plant Biology*, 22(1):1-18.
- Verslues, P. E., Bailey-Serres, J., Brodersen, C., Buckley, T. N., Conti, L., Christmann, A., Dinneny, J. R., Grill, E., Hayes, S., Heckman, R. W., & Hsu, P. K. 2023. Burning questions for a warming and changing world: 15 unknowns in plant abiotic stress. *The Plant Cell*. 35(1):67-108.