



Razi University



Cereal Biotechnology and Biochemistry

The Role of Bioinformatics in Plant Breeding for Abiotic Stresses

Maryam Kholghi¹, Parviz Radmanesh², Reza Darvishzadeh³, Ghasem Karizmadeh⁴, Hadi Alipour⁵, Somaieh Soufimaliky⁶, Hamid Hatami Maleki⁷ & Danial Kahrizi⁸

¹ Post-Doctoral Researcher, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

² PhD student of Genetics and Plant Breeding, Department of Plant Genetics and Breeding, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.

³ Professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

⁴ Professor, Department of Plant Genetics and Breeding, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.

⁵ Associate professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran.

⁶ MSc Graduate, Institut des Sciences du Cerveau de Toulouse, France.

⁷ Associate professor, Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, University of Maragheh, Maragheh, Iran.

⁸ Professor, Department of Agricultural Biotechnology, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.

✉ Corresponding author. E-mail: r.darvishzadeh@urmi.ac.ir

ABSTRACT

Introduction: Abiotic stresses are recognized as the primary limiting factors for productivity in agriculture. In the current era of continuous climate changes, understanding the molecular aspects involved in abiotic stress response in plants is a priority. The emergence of -omics approaches provides key strategies to promote effective research in the field, facilitating investigations from reference models to an increasing number of species, and tolerant and sensitive genotypes. Integrated multilevel approaches, based on molecular investigations at genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics levels, are now feasible, expanding the opportunities to clarify key molecular mechanisms involved in responses to abiotic stresses. To this aim, bioinformatics has become fundamental for data production, mining, and integration and is necessary for extracting valuable information and for comparative efforts.

Materials and methods: This article is a review that utilizes content analysis methodology. The research systematically searched reputable scientific databases such as PubMed, Web of Science, Google Scholar, and Scopus.

Results: The focus on the role of omics technologies and bioinformatics in enhancing plant tolerance to abiotic stresses. Initially, it provides an overview of the main technologies for generating large-scale molecular data and public bioinformatics resources. Subsequently, bioinformatics databases related to abiotic stresses were explored. Additionally, it provides a detailed analysis of findings from bioinformatics studies that have identified key genes and metabolic pathways linked to abiotic stress tolerance.

Conclusion: Bioinformatics tools provide researchers with access to genomic, transcriptomic, and proteomic data, allowing them to combine bioinformatics findings with experimental data. These processes facilitate more accurate modeling of the involved mechanisms, and the results of bioinformatics studies can lead to the identification of genes and metabolic pathways that are effective in conferring tolerance to abiotic stresses. Ultimately, these integrated approaches support the development of targeted breeding strategies to produce stress-resistant plants, thereby improving agricultural productivity.

Keywords: Genomics, Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics, Database, Stress.

Article Type: Review Article

Article history: Received: 12 Oct 2024, Revised: 25 Oct 2024, Accepted: 19 Nov 2024, Published online: 27 Dec 2024

Cite this article: Kholghi, M., Radmanesh, P., Darvishzadeh, R., Karizmadeh, G., Alipour, H., Soufimaliky, S., Hatami Maleki, H. & Kahrizi, D. (2024). The Role of Bioinformatics in Plant Breeding for Abiotic Stresses. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 3(4), 609-654. DOI: [10.22126/cbb.2025.11610.1099](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.11610.1099)



© The Author(s).
[10.22126/cbb.2025.11610.1099](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.11610.1099)

Publisher: Razi University



بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات



شاپا الکترونیکی: ۵۱۷۰-۲۷۸۳

بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات

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

نقش بیوانفورماتیک در به‌نژادی گیاهان برای تنش‌های غیرزیستی

مریم خلقی^۱، پرویز رادمنش^۲، رضا درویش زاده^۳✉، قاسم کریم زاده^۴ و هادی علیپور^۵،
سمیه صوفی‌ملکی^۶، حمید حاتمی‌ملکی^۷ و دانیال کهریزی^۸

^۱ محقق پسادکتری، گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

^۲ دانشجوی دکتری ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، پردیس کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.

^۳ استاد، گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

^۴ استاد، گروه ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، پردیس کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.

^۵ دانشیار، گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران.

^۶ دانش آموخته کارشناسی ارشد، انستیتو علوم اعصاب تولوز، فرانسه.

^۷ دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه مراغه، مراغه، ایران.

^۸ استاد، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، پردیس کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.

✉ نویسنده مسئول. رایانامه: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir

چکیده

مقدمه: تنش‌های غیرزیستی به‌عنوان عوامل اصلی محدودکننده بهره‌وری در کشاورزی شناخته می‌شوند. در عصر حاضر، با توجه به تغییرات مداوم اقلیمی، درک جنبه‌های مولکولی مرتبط با پاسخ گیاهان به این تنش‌ها از اهمیت بالایی برخوردار است. ظهور فناوری‌های آمیکس، راهبردهای کلیدی را برای ارتقای تحقیقات مؤثر در این حوزه ارائه می‌دهد و تحقیقات را از مدل‌های مرجع به سمت گونه‌ها و ژنوتیپ‌های متنوع مقاوم و حساس گسترش می‌دهد. با استفاده از رویکردهای چند سطحی یکپارچه، که شامل بررسی‌های ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس می‌شوند، می‌توان به درک بهتری از فرآیندهای مولکولی مرتبط با پاسخ به تنش‌های غیرزیستی دست یافت. در این راستا، بیوانفورماتیک به‌عنوان ابزاری اساسی برای تولید، استخراج و یکپارچه‌سازی داده‌ها عمل کرده و برای استخراج اطلاعات ارزشمند و انجام تحلیل‌های مقایسه‌ای ضروری است.

مواد و روش‌ها: مقاله حاضر به‌عنوان یک مقاله مروری، با استفاده از روش تحلیل محتوا تهیه شده است. این مطالعه بر اساس جستجوی سیستماتیک در پایگاه‌های داده معتبر علمی شامل PubMed، Web of Science، Scopus و Google Scholar انجام گرفته است.

یافته‌ها: در این مطالعه به بررسی نقش فناوری‌های آمیکس و بیوانفورماتیک در بهبود تحمل گیاهان نسبت به تنش‌های غیرزیستی پرداخته شد. در ابتدا، فناوری‌های اصلی تولید داده‌های مولکولی عظیم و منابع عمومی بیوانفورماتیک مرور شده است. سپس، پایگاه‌های داده بیوانفورماتیکی مرتبط با تنش‌های غیرزیستی مورد بررسی قرار گرفته‌اند. همچنین، یافته‌های مطالعات بیوانفورماتیکی که به شناسایی ژن‌های کلیدی و مسیرهای متابولیکی مرتبط با تحمل به تنش‌های غیرزیستی پرداخته‌اند، به دقت تحلیل شده‌اند.

نتیجه‌گیری: منابع بیوانفورماتیکی به محققان این امکان را می‌دهند که به اطلاعات ژنومی، ترنسکریپتومی و پروتئومیکی دسترسی پیدا کنند و یافته‌های بیوانفورماتیکی را با داده‌های تجربی ترکیب نمایند. این فرآیندها زمینه را برای مدل‌سازی دقیق‌تر فرآیندهای دخیل فراهم می‌سازند و نتایج مطالعات بیوانفورماتیکی می‌توانند به شناسایی ژن‌ها و مسیرهای متابولیکی مؤثر در تحمل به تنش‌های غیرزیستی منجر شوند. در نهایت، این رویکردهای یکپارچه می‌توانند به توسعه استراتژی‌های به‌نژادی هدفمند برای ایجاد گیاهان مقاوم به تنش‌های غیرزیستی کمک کنند و بدین ترتیب بهره‌وری کشاورزی را افزایش دهند.

واژه‌های کلیدی: ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس، متابولومیکس، پایگاه داده، تنش.

نوع مقاله: مقاله مروری

نوع مقاله در یافت: ۱۴۰۳/۰۷/۲۱ اصلاح: ۱۴۰۳/۰۸/۰۴ پذیرش: ۱۴۰۳/۰۸/۲۹، انتشار آنلاین: ۱۴۰۳/۱۰/۰۷

استناد: خلقی، م.، رادمنش، پ.، درویش‌زاده، ر.، کریم‌زاده، ق.، علیپور، ه.، صوفی‌ملکی، س.، حاتمی‌ملکی، ح. و کهریزی، د. (۱۴۰۳). نقش بیوانفورماتیک در به‌نژادی

گیاهان برای تنش‌های غیرزیستی. *بیوتکنولوژی و بیوشیمی غلات*، ۳(۴)، ۶۰۹-۶۵۴. DOI: [10.22126/cbb.2025.11610.1099](https://doi.org/10.22126/cbb.2025.11610.1099)



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه رازی

مقدمه

در طبیعت، گیاهان به عنوان موجودات پیچیده و ایستا، به طور مستمر در معرض انواع تنش‌های محیطی قرار دارند که از مرحله رشد تا مرحله پس از تولید مثل ادامه می‌یابد (Parida *et al.*, 2018). این تنش‌ها به طور قابل توجهی بر رشد، توسعه و بهره‌وری گیاهان تأثیر منفی می‌گذارند. به دنبال این تنش‌ها، کاهش قابل توجهی در عملکرد و بهره‌وری گیاهان مشاهده می‌شود که ناشی از عدم تعادل در سطوح سلولی، مولکولی، فیزیولوژیکی و توسعه‌ای است (Xiong *et al.*, 2002; Singh *et al.*, 2018). عوامل تنش‌زا به طور کلی به دو دسته اصلی تنش‌های غیرزیستی و زیستی تقسیم می‌شوند. تنش غیرزیستی به اثرات منفی ناشی از عوامل غیرزیستی در یک محیط خاص بر روی گیاهان اطلاق می‌شود که می‌تواند به طور قابل توجهی بر فرآیندهای رشد و توسعه آن‌ها تأثیر بگذارد. به طور خاص، تنش‌های غیرزنده شامل تنش دمایی شدید، خشکی، غرقابی، شوری، فلزی و تنش تغذیه‌ای هستند و می‌توانند باعث پاسخ‌های مختلفی در گیاهان شوند (Zhang *et al.*, 2020). دماهای شدید، خشکی و خاک‌های شور عوامل اصلی محیطی هستند که بقا و توزیع به هم پیوسته گیاهان در طبیعت را محدود می‌کنند (Zhang *et al.*, 2022). به عنوان مثال، دماهای بالا و خشکی اغلب با هم رخ می‌دهند. واکنش‌های گیاهان به تنش‌های محیطی تحت تأثیر فرآیندهای پیچیده سیگنال‌دهی

مولکولی و بیوشیمیایی قرار دارد که به طور هماهنگ عمل می‌کنند تا میزان تحمل یا حساسیت گیاه در سطح کل را تعیین نمایند. در شرایط مواجهه با تنش‌های غیرزیستی، گیاهان واکنش‌های پیچیده و هماهنگی را نشان می‌دهند تا سیستم‌های دفاعی و مسیرهای متابولیکی خود را تنظیم کنند. این فرآیندها از طریق تغییرات در رونویسی، ترجمه و اصلاحات پس از ترجمه ژن‌ها و پروتئین‌های مرتبط با دفاع انجام می‌شود (Dong *et al.*, 2022). از سوی دیگر، تنش‌های زیستی عمدتاً شامل پاتوژن‌ها و آفات مختلفی نظیر باکتری‌ها، قارچ‌ها، ویروس‌ها، حشرات، نماتدها و جوندگان می‌باشند. در شرایط کنونی، تنش‌های غیرزیستی به عنوان یکی از مهم‌ترین عوامل آسیب‌زا در نظر گرفته می‌شوند که به شدت بر عملکرد و بهره‌وری محصولات زراعی تأثیر می‌گذارند. این موضوع در گزارش‌های هیئت بین‌دولتی تغییرات اقلیمی (IPCC^۱) به وضوح مشهود است (<http://www.ipcc.ch>). بر اساس این گزارش‌ها، پیش‌بینی می‌شود که در آینده نزدیک، تنش‌های غیرزیستی به دلیل عواملی همچون گرمایش جهانی، کاهش منابع آبی، جنگل‌زدایی و فعالیت‌های انسانی، به طور نامطلوب‌تری بر بهره‌وری محصولات کشاورزی تأثیر بگذارند (Singh *et al.*, 2018).

¹ Intergovernmental Panel on Climate Change

قابل توجهی درک عمیق‌تری از ساختار ژنوم گیاهان و پاسخ‌های عملکردی آن‌ها به تغییرات پارامترهای محیطی را ممکن ساخته‌اند (Aranzana *et al.*, 2019; Chang *et al.*, 2018; Peace *et al.*, 2019; Wickett *et al.*, 2014). این فناوری‌ها با ارتقاء انتقال از برجسب‌های توالی بیان‌شده^۳ (ESTs) و تکنیک‌های مبتنی بر ریزآرایه^۴ (Ambrosone *et al.*, 2017; Redman *et al.*, 2004) به رویکردهای پیشرفته‌تری نظیر توالی‌یابی RNA (RNA-seq^۵) (Iovieno *et al.*, 2016; Liu *et al.*, 2014; Wang *et al.*, 2009) و فناوری‌های مرتبط (Delanne *et al.*, 2019; Liu *et al.*, 2017) زمینه را برای تحلیل ترانسکریپتوم، به عنوان سطح اول بیان ژن، فراهم ساخته‌اند.

به موازات این تحولات، پیشرفت‌های قابل توجهی در روش‌های پروتئومیکس با استفاده از ژل‌های دو بعدی (2-DE or 2-D electrophoresis^۶) به همراه طیف‌سنجی جرمی (MS^۷) (Rabilloud *et al.*, 2014) صورت گرفته است. اخیراً، رویکردهای شاتگان با توان عملیاتی بالا^۸ (Kwon *et al.*, 2016) و فناوری‌های متابولومیکس نظیر کروماتوگرافی مایع-طیف‌سنجی جرمی^۹ (LC-MS) (Jorge *et al.*, 2016)

به منظور ارتقاء تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی و افزایش بهره‌وری، تحقیقات علمی به طور فزاینده‌ای بر درک اهداف مولکولی کلیدی، تنظیم‌کننده‌ها و مسیرهای سیگنال‌دهی مرتبط با تعاملات گیاهان با محیط‌های تغییر یافته متمرکز شده است (Singh *et al.*, 2018; Parida *et al.*, 2018). در این زمینه، فناوری آمیکس^۱ (به ویژه ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس) به عنوان ابزارهای قدرتمند برای تجزیه و تحلیل جامع پاسخ گیاهان به تنش‌های غیرزیستی مطرح شده‌اند. این رویکردها امکان بررسی همزمان بیان ژن‌ها، پروتئین‌ها و متابولیت‌ها را فراهم می‌آورند و به پژوهشگران کمک می‌کنند تا شبکه‌های مولکولی پیچیده‌ای که در پاسخ به تنش‌های محیطی فعال می‌شوند را شناسایی کنند. با استفاده از این تکنیک‌ها، می‌توان الگوهای پیچیده‌ای از پاسخ‌های بیولوژیکی را شناسایی کرده و ارتباطات بین مولکول‌ها را بهتر درک کرد (Pandey *et al.*, 2024; Zhang *et al.*, 2024). علاوه بر این، پیشرفت‌های تکنولوژیکی و توسعه روش‌های مقرون به صرفه‌تر، رویکردهای سریع‌تر و در دسترس‌تری را ارائه داده‌اند که تحقیقات مربوط به تعداد فزاینده‌ای از محصولات زراعی را تقویت کرده‌اند (Ercolano *et al.*, 2014; Tranchida-Lombardo *et al.*, 2018). فناوری‌های موسوم به توالی‌یابی نسل جدید (NGS^۲) به عنوان یکی از نمونه‌های بارز، به طور

³ Expressed sequence tags

⁴ Microarray

⁵ RNA-sequencing

⁶ Two-dimensional gel electrophoresis

⁷ Mass spectrometry

⁸ High-throughput Shotgun

⁹ Liquid chromatography/mass spectrometry

¹ Omics approaches

² Next-generation sequencing

علاوه بر این، بیوانفورماتیک منابع گسترده‌ای را برای جامعه علمی فراهم می‌آورد و تحقیقات پیشگامانه‌ای را بر اساس استفاده از فناوری‌های آمیکس (Wong, Keller *et al.*, 2018; 2019) یا دیگر منابع مرتبط با تجزیه و تحلیل‌های خاص، نظیر مقایسه توالی، بررسی خانواده‌های ژنی و مدل‌سازی مولکولی، هدایت می‌کند (Lopez de Maturana *et al.*, 2019). پیاده‌سازی و نگهداری منابع بیوانفورماتیک به عنوان یکی از محرک‌های اصلی موفقیت این حوزه تحقیقاتی و تکامل فناوری‌های آمیکس شناخته می‌شود، زیرا بهره‌برداری از داده‌ها به عنوان یک رویکرد مؤثر برای حمایت از کل جامعه علمی به اثبات رسیده است.

یکی از جنبه‌های کلیدی در این زمینه، قابلیت دسترسی، اعتبار و تناسب داده‌ها برای مقایسه است که چالش‌های جدیدی را در بیوانفورماتیک ایجاد می‌کند (Goh *et al.*, 2018). با این حال، بهره‌برداری از داده‌ها همچنان به آگاهی دانشمندان از فرصت‌ها و محدودیت‌های موجود در منابع داده‌ای مختلف، حساسیت و ویژگی‌های فناوری‌های مختلف و کیفیت نتایج سازماندهی شده وابسته است. علاوه بر این، کاربران غیرمتخصص باید با اصول اولیه این حوزه آشنا باشند تا بتوانند داده‌های موجود در منابع را به طور مؤثر مدیریت، تجزیه و تحلیل و مقایسه کرده و بینش‌های جدیدی در مورد سازمان‌دهی و عملکرد سیستم‌های بیولوژیکی کسب نمایند.

و کروماتوگرافی گازی-طیف‌سنجی جرمی (GC-MS¹) (Tohge *et al.*, 2015) به کار گرفته شده‌اند که قابلیت شناسایی نوسانات متابولیت‌های فرار و غیرفرار را دارا هستند. این پیشرفت‌ها زمینه را برای درک عمیق‌تر اثرات فرآیندهای بیولوژیکی تحت بررسی فراهم می‌آورند (Keller *et al.*, 2018). در این راستا، یکپارچه‌سازی نتایج حاصل از سطوح مختلف اطلاعات مولکولی، دیدگاه‌های جامع‌تری را برای رمزگشایی مؤلفه‌های کلیدی، که در فرآیندهای مولکولی پیچیده مرتبط با پاسخ گیاهان به شرایط محیطی نامطلوب یا در حال تغییر نقش دارند، ارائه می‌دهد (D'Alessandro *et al.*, 2013; Michaletti *et al.*, 2018).

بیوانفورماتیک به عنوان یک ابزار کلیدی در تولید و مدیریت داده‌ها، نقش حیاتی در حمایت از فناوری‌های مختلف آمیکس ایفا می‌کند، که برای سازماندهی و استخراج اطلاعات ضروری هستند. این حوزه به تفسیر حجم وسیع داده‌های تولید شده توسط فناوری‌های با توان عملیاتی بالا کمک می‌کند و امکان فیلتر کردن اطلاعات ارزشمند را برای تحلیل انسانی فراهم می‌آورد. این فرآیند به رویکردهای تحلیلی و یکپارچه‌سازی داده‌ها کمک می‌کند تا دیدگاه‌های جامع‌تری درباره عملکرد سیستم‌های بیولوژیکی ارائه دهد (Kumar *et al.*, 2015; Nakabayashi *et al.*, 2015).

¹ Gas chromatography/mass spectrometry

پایگاه‌های داده معتبر علمی شامل PubMed، Google Scholar و Web of Science، Scopus استفاده گردید. جستجوها در بازه زمانی ۲۰۱۰ تا ۲۰۲۴ انجام شد تا مقالات جدید و معتبر در این حوزه شناسایی شوند. در فرآیند جستجوی مقالات، از کلیدواژه‌های تخصصی نظیر، Plant، Bioinformatics، Omics approaches، Abiotic stress، breeding، Proteomics، Transcriptomics، Genomics و Metabolomics استفاده شد. مقالات انتخاب‌شده بر اساس معیارهایی چون نوع گیاه (گیاهان زراعی یا مدل‌های مرتبط با کشاورزی)، نوع تنش (تنش‌های غیرزیستی از قبیل خشکی، شوری و دما) و نوع فناوری آمیکس (حداقل یکی از فناوری‌های آمیکس شامل ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس) مورد بررسی قرار گرفتند. مقالات غیرمرتبط، تکراری یا با کیفیت پایین از فرآیند انتخاب حذف شدند. پس از جمع‌آوری مقالات، اطلاعات به‌دست‌آمده بر اساس محتوای آن‌ها تحلیل و دسته‌بندی شد. این تحلیل شامل بررسی مکانیسم‌های مولکولی تأثیر تنش‌های غیرزیستی بر گیاهان، ارزیابی روش‌های بیوانفورماتیکی به‌کار رفته در مطالعات مختلف و گردآوری نتایج کلیدی از این تحقیقات بود. روش تحلیل محتوا به شناسایی الگوها و روندهای مشترک کمک کرده و درک بهتری از نقش بیوانفورماتیک در به‌نژادی گیاهان تحت تنش‌های غیرزیستی فراهم آورد.

هدف این مقاله، بررسی و تحلیل نقش فناوری‌های آمیکس و بیوانفورماتیک در درک و ارتقاء تحمل گیاهان به تنش‌های غیرزیستی است. در این راستا، ابتدا به معرفی مختصری از فناوری‌های اصلی تولید داده‌های مولکولی عظیم و منابع عمومی بیوانفورماتیک پرداخته می‌شود. سپس، پایگاه‌های داده بیوانفورماتیکی مرتبط با تنش‌های غیرزیستی و یافته‌های بیوانفورماتیکی مورد بررسی قرار خواهند گرفت. با توجه به تأثیرات منفی تنش‌های محیطی بر رشد و بهره‌وری گیاهان، این مقاله به شناسایی اهداف مولکولی کلیدی، تنظیم‌کننده‌ها و مسیرهای سیگنال‌دهی مرتبط با پاسخ گیاهان به این تنش‌ها می‌پردازد. همچنین، با تأکید بر پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های توالی‌یابی نسل بعد و رویکردهای تحلیلی بیوانفورماتیک، هدف ما ارائه یک چارچوب جامع برای پژوهشگران به منظور استفاده مؤثر از داده‌های مولکولی در تحقیقات گیاهی و بهبود مقاومت به تنش‌های محیطی است. این چارچوب می‌تواند به تسریع فرآیند کشف و توسعه صفات مطلوب در گیاهان کمک کند و در نهایت منجر به ارتقاء عملکرد زراعی در شرایط چالش برانگیز محیطی شود.

۱- روش‌شناسی تحقیق

این مقاله به‌عنوان یک مطالعه مروری با بهره‌گیری از روش تحلیل محتوا طراحی شده است. برای جمع‌آوری اطلاعات مرتبط با نقش بیوانفورماتیک در به‌نژادی گیاهان تحت تنش‌های غیرزیستی و رویکرد آمیکس، از

۲- فناوری های آمیکس

ظهور عصر آمیکس به عنوان یک رویکرد پیشرفته و محاسباتی در علوم زیستی، انقلابی در درک پیچیدگی سیستم های گیاهی ایجاد کرده است. این رویکرد شامل تحلیل داده های کلان از حوزه های مختلف مانند ژنومیک، ترانسکریپتومیک، پروتئومیک و متابولومیک است که به پژوهشگران این امکان را می دهد تا عناصر بیولوژیکی را شناسایی کنند که به تغییرات محیطی پاسخ می دهند. با بهره گیری از ابزارهای آمیکس، پژوهشگران می توانند ویژگی های ژنتیکی و بیوشیمیایی گیاهان را در شرایط تنش های غیرزیستی مانند قلیابیت خاک و سمیت فلزات بررسی کنند و به توسعه ارقام زراعی با کیفیت و عملکرد بالا کمک نمایند. این علم نه تنها به شناسایی الگوهای زیستی کمک می کند، بلکه امکان بهینه سازی واریته های زراعی را برای پاسخگویی به چالش های جهانی نظیر تغییرات اقلیمی و نیاز به افزایش تولید غذا فراهم می آورد. در نتیجه، آمیکس به عنوان ابزاری کلیدی در اصلاح نباتات، نقشی حیاتی در ارتقاء بهره وری و پایداری کشاورزی ایفا می کند (Anjoy et al., 2024).

۲-۱- ژنومیکس^۱

پاسخ مولکولی گیاهان به تنش های محیطی نتیجه تعاملات پیچیده ای میان فرآیندهای ژنتیکی، انتقال سیگنال و متابولیسم است (Sahoo et al., 2020;)

(Haq et al., 2024). پیشرفت های اخیر در فناوری های توالی یابی با توان بالا، امکان تولید داده های ژنتیکی وسیع و با کیفیت را به سرعت و به صرفه فراهم کرده است. رویکردهای ژنومی در مدیریت تنش های غیرزیستی به شناسایی ژن های پاسخ دهنده به تنش (SRGs^۲) و تبیین شبکه های تنظیمی مرتبط پرداخته و نشانگرهای مولکولی برای برنامه های به نژادی توسعه داده اند (Kamali et al., 2023; Naseri et al., 2023). عوامل رونویسی، ساختار کروماتین و عناصر تنظیمی سیس بر پاسخ گیاهان به تنش تأثیرگذارند (Lindemose et al., 2013). پایگاه های داده و ابزارهای محاسباتی نیز در تحلیل های توالی نقش کلیدی دارند و به شناسایی ژن های اورتولوگ، تعیین عملکرد ژن ها و تحلیل های فیلوژنتیک کمک می کنند. این ترکیب از فناوری ها درک عمیق تری از مکانیسم های مولکولی پاسخ گیاهان به تنش فراهم می آورد و می تواند به بهبود استراتژی های مدیریت تنش در کشاورزی کمک کند (Joshi et al., 2021).

۲-۲- ترانسکریپتومیکس^۳

ترانسکریپتوم به مجموعه ای از ژن های فعال در یک مرحله خاص از رشد موجود زنده اشاره دارد و نقش مهمی در ارزیابی عملکرد ژن ها ایفا می کند، زیرا همه ژن ها در هر زمان فعال نیستند. تغییرات ژنتیکی ممکن است با ویژگی های خاصی مرتبط باشند، اما این ارتباط

² Stress-responsive genes

³ Transcriptomics

¹ Genomics

غیرزیستی شناسایی کنند. با استفاده از توالی‌یابی RNA، پژوهشگران می‌توانند الگوهای پیچیده‌ای از بیان ژن را شناسایی کنند که ممکن است تحت تأثیر تنش‌های مختلف قرار گیرند (Meena *et al.*, 2017).

۳-۲- پروتئومیکس^۱

آنزیم‌ها و پروتئین‌ها به‌عنوان مولکول‌های کلیدی در فرآیندهای سلولی، نقش اساسی در پاسخ‌های گیاهان به تنش‌های غیرزیستی ایفا می‌کنند. این پاسخ‌ها به‌طور عمده به واسطه تعاملات پروتئینی و تغییرات پسا ترجمه‌ای در پروتئین‌ها تنظیم می‌شوند که به نوبه خود بر ویژگی‌های فنوتیپی و انعطاف‌پذیری سلول‌ها تأثیر می‌گذارد (Bludau *et al.*, 2020). در این راستا، پروتئومیک به‌عنوان یک ابزار پیشرفته برای بررسی تغییرات پروتئینی، تعاملات پروتئین-پروتئین و اثرات مولکولی ناشی از اختلالات متابولیکی در گیاهان شناخته می‌شود (Meena *et al.*, 2017). مطالعات پروتئومیک به محققین این امکان را می‌دهد که با شناسایی پروتئین‌هایی که تحت تأثیر تنش‌های غیرزیستی قرار می‌گیرند، درک عمیق‌تری از قابلیت‌های عملیاتی سلول‌های گیاهی را به‌دست آورند (Silva-*et al.*, 2015). این امر نه تنها به شناسایی اثرکننده‌های پروتئینی^۲ کمک می‌کند، بلکه تنوع و اهداف موجود در شبکه‌های تعاملی را نیز روشن می‌سازد (Zhang *et al.*, 2020).

تحت شرایط خاصی بروز می‌کند. مطالعه ترنسکریپتوم می‌تواند تغییرات در بیان ژن‌ها را شناسایی کرده و آن‌ها را به فرآیندهای مرتبط مانند رونویسی و ترجمه مرتبط سازد، که تحت تأثیر عوامل تنظیمی مختلفی قرار دارند. (Chaturvedi *et al.*, 2024). مقایسه داده‌های ترنسکریپتوم برای درک عملکرد ژن و مکانیزم‌های بیان در بافت‌های مختلف و تحت تنش‌های غیرزیستی مانند خشکی، شوری و سرما بسیار مهم است. این تنش‌ها تأثیرات قابل توجهی بر رشد و عملکرد گیاهان دارند و درک الگوهای بیان ژن و مکانیزم‌های تنظیمی مرتبط برای اصلاح و بهبود گیاهان ضروری است (Mykles *et al.*, 2016).

فرآیندهای مربوط به واکنش‌های گیاهان به تنش‌های غیرزیستی به‌طور گسترده‌ای در سطح ترنسکریپتوم از طریق تجزیه و تحلیل‌های ریزآرایه و توالی‌یابی RNA مورد بررسی قرار می‌گیرد (Ambrosone *et al.*, 2017; Meena *et al.*, 2017). تکنولوژی ریزآرایه یکی از پرکاربردترین روش‌ها برای کاوش در چشم‌انداز ترنسکریپشن یک نمونه زیستی بوده است (Schena *et al.*, 1995). در کنار ریزآرایه‌ها، توالی‌یابی RNA به‌عنوان یک ابزار پیشرفته‌تر و دقیق‌تر برای مطالعه ترنسکریپتومیک معرفی شده است. این تکنیک امکان شناسایی و کمی‌سازی RNAهای موجود در نمونه‌ها را با دقت بالا فراهم می‌آورد و به پژوهشگران این امکان را می‌دهد که تغییرات در بیان ژن را در پاسخ به تنش‌های

¹ Proteomics

² Protein effectors

در تاریخچه پروتئومیک، روش‌های اولیه عمدتاً بر پایه الکتروفورز ژل دو بعدی (2-D electrophoresis) متمرکز بود (Rabilloud & Lelong, 2011) که قابلیت جداسازی پروتئین‌ها را بر اساس نقطه ایزوالکتریک (بعد اول) و جرم مولکولی (بعد دوم) فراهم می‌آورد. پس از آن، پروتئین‌های جدا شده تحت آنالیز طیف‌سنجی جرمی (MS) قرار می‌گرفتند (Aslam *et al.*, 2017). به تازگی، با پیشرفت تکنولوژی‌های طیف‌سنجی جرمی، رویکردهای جدیدی نظیر پروتئومیک شاتگان ظهور یافته‌اند. در این روش، مخلوط‌های پروتئینی به پپتیدهای کوچکتر هضم می‌شوند و سپس از طریق کروماتوگرافی مایع (LC) و طیف‌سنجی جرمی متوالی (MS^1/MS) جداسازی و شناسایی می‌شوند (Domon & Aebersold, 2010). در نهایت، پپتیدهای توالی‌یابی‌شده با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی مانند IDPicker (Ma *et al.*, 2009) و PAnalyzer (Prieto *et al.*, 2012) برای بازسازی کامل پروتئوم جمع‌آوری می‌شوند. این پیشرفت‌ها امکان تحلیل دقیق‌تر و جامع‌تری از پروتئوم گیاهان تحت تنش‌های غیرزیستی را فراهم کرده است و به درک بهتر مکانیسم‌های مولکولی منجر می‌شود.

۴-۲- متابولومیکس^۲

تنش‌های غیرزیستی به‌طور قابل‌توجهی بر پروفایل‌های متابولیکی گیاهان تأثیر می‌گذارند و این تأثیرات

به‌عنوان بخشی از پاسخ‌های ترنسکریپتوم و پروتئوم قابل بررسی است (Piasecka *et al.*, 2019; Yang *et al.*, 2018). متابولوم یک سیستم بیولوژیکی به‌طور مستقیم با بیان ژن و تجمع پروتئین‌های مرتبط با مسیرهای عملکردی در ارتباط است که پاسخ‌های ارگانیزم را به تغییرات محیطی، از جمله تنش‌های غیرزیستی، منعکس می‌کند (Meena *et al.*, 2017). تغییرات متابولیکی در گیاهان به‌عنوان جنبه‌ای از پاسخ به تنش، معمولاً از نظر اثرات فنوتیپی جالب توجه محسوب می‌شوند (Muscolo *et al.*, 2015). در واقع، سلول‌های گیاهی به شرایط نامساعد با بازسازی متابولیسم خود، واکنش نشان می‌دهند و به‌دقت حضور یا عدم حضور متابولیت‌های خاص را تنظیم می‌کنند که می‌تواند به‌عنوان نشانگرهای بیوشیمیایی برای شناسایی تنش‌های خاص عمل کند. متابولومیک به‌عنوان یک رویکرد تحلیلی، امکان شناسایی و تجزیه و تحلیل همزمان تعداد زیادی از متابولیت‌های اولیه و ثانویه را فراهم می‌آورد و می‌تواند تغییرات الگوهای متابولیکی و تغییرات مرتبط در ژن‌ها و پروتئین‌ها را که تحت تأثیر تنش قرار گرفته‌اند، استنتاج کند (Meena *et al.*, 2017; Wang *et al.*, 2018; He *et al.*, 2020). در حال حاضر، متابولومیک به‌طور گسترده‌ای برای بررسی پاسخ‌های گیاهان به تنش‌های غیرزیستی مورد استفاده قرار می‌گیرد و پیشرفت‌های تکنیکی در این زمینه،

¹ Tandem mass spectrometry

² Metabolomics

انفورماتیک و الگوریتم‌های مختلف هستند و داده‌های پیچیده بیولوژیکی را با استفاده از ابزارهای کامپیوتری پردازش می‌کنند. این فرآیند در پایگاه‌های داده اختصاصی، نظیر پایگاه‌های داده اسید نوکلئیک، پایگاه‌های داده پروتئین و پایگاه‌های داده عملکردی سفارشی^۱ به طور گسترده‌ای مورد استفاده قرار می‌گیرد (Chen *et al.*, 2017). اجرای ابزارهای بیوانفورماتیک نه تنها هزینه‌های تحلیل‌های پیچیده را کاهش می‌دهد، بلکه به تقویت تحقیقات در زمینه‌هایی چون کشاورزی پایدار نیز کمک شایانی می‌کند (Matysk & Jacobi, 2018).

۱-۳- اهداف بیوانفورماتیک

هدف اول در ساده‌ترین شکل این است که، بیوانفورماتیک داده‌ها را به گونه‌ای سازماندهی نموده و به محققان اجازه دسترسی به اطلاعات موجود و ارسال داده‌های جدید حاصل از تحقیقات را می‌دهد. به‌عنوان مثال می‌توان به بانک داده‌های پروتئین برای ساختارهای ماکرومولکولی اشاره کرد (Berman *et al.*, 2000). در حالی که پردازش داده‌ها یک کار ضروری است، اطلاعات ذخیره شده در این پایگاه‌های داده تا زمانی که تجزیه و تحلیل نشود اساساً بی‌فایده است. بنابراین هدف بیوانفورماتیک بسیار فراتر از کنترل حجم است. هدف دوم توسعه ابزارها و منابعی است که به تجزیه و تحلیل داده‌ها کمک می‌کند. به‌عنوان مثال،

تعداد مطالعات متابولومیک را افزایش داده است (Jia *et al.*, 2016; Jorge *et al.*, 2016).

۳- بیوانفورماتیک

در حال حاضر، بیوانفورماتیک به عنوان یک دانش بین‌رشته‌ای، در مرکز بسیاری از حوزه‌های تحقیقاتی قرار دارد و از مدیریت داده‌ها تا توسعه ابزارهای تحلیلی را شامل می‌شود. این رشته به کارگیری تکنیک‌های محاسباتی برای تجزیه و تحلیل اطلاعات مرتبط با مولکول‌های زیستی را مدنظر قرار می‌دهد و دامنه وسیعی از حوزه‌های زیست‌شناسی ساختاری و ژنومیک تا مطالعات بیان ژن را در بر می‌گیرد (Luscombe *et al.*, 2001; Chen *et al.*, 2017). ابزارهای محاسباتی متنوعی وجود دارند که پایه‌گذار برنامه‌های تحقیقاتی در زمینه بهبود محصولات زراعی محسوب می‌شوند و این ابزارها بر اساس حوزه‌های تحقیقاتی خاص به دسته‌های مختلفی از جمله تحلیل ژنومی، ترنسکریپتومی، پروتئومیک، متابولومیک و فیلوژنتیکی تقسیم‌بندی می‌شوند (Anjoy *et al.*, 2024). بیوانفورماتیک با مفهوم‌سازی زیست‌شناسی از منظر مولکول‌ها و به کارگیری تکنیک‌های انفورماتیک، که ریشه در رشته‌هایی مانند ریاضیات کاربردی، علوم کامپیوتر و آمار دارد، به درک و سازمان‌دهی اطلاعات بیولوژیکی در مقیاس بزرگ کمک می‌کند (Tappirich *et al.*, 2021). این ابزارها همچنین شامل مطالعه اشیاء زیستی مانند ژن‌ها و پروتئین‌ها با استفاده از روش‌های

¹ Custom functional databases

تا به تحلیل عمیق‌تری از داده‌ها پرداخته و درک بهتری از الگوهای بیولوژیکی و مکانیسم‌های زیستی مرتبط با فرآیندهای مختلف حاصل کنند. با توجه به این نیاز، منابع مختلف بیوانفورماتیک شامل ابزارها، سرورها و پایگاه‌های بیولوژیکی توسعه یافته‌اند که به بررسی فرآیندها و اجزا از نظر ژن‌ها، پروتئین‌ها و متابولیت‌هایی که در فرآیندها و مسیرهای عملکردی خاص عمل می‌کنند، کمک می‌کنند. این منابع عمومی، نقش حیاتی در تحلیل و تفسیر داده‌های بیولوژیکی دارند و به پژوهشگران در علوم گیاهی این امکان را می‌دهند که به طور مؤثری به اطلاعات مورد نیاز خود دسترسی پیدا کنند و یافته‌های خود را بهبود بخشند.

۱-۲-۳- پایگاه‌های بیولوژیکی

پایگاه‌های بیولوژیکی به عنوان مجموعه‌ای از داده‌های بیولوژیکی گردآوری شده از آزمایشگاه‌های تحقیقاتی مختلف در سطح جهانی تعریف می‌شوند (Attwood *et al.*, 2011). این پایگاه‌ها با توجه به نوع داده‌های بیولوژیکی شامل ژنومیکس، پروتئومیکس، متابولومیکس، ترانسکریپتومیکس و دیگر حوزه‌های مرتبط توسعه یافته‌اند (Altman, 2004). تأسیس مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی (NCBI³; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) در سال ۱۹۸۸ به عنوان یک زیرساخت بیوانفورماتیک برای تسهیل دسترسی عمومی به اطلاعات در زمینه تحقیقات

پس از تعیین توالی یک پروتئین خاص، مقایسه آن با توالی‌های مشخص شده قبلی جالب بوده که برای مقایسه به برنامه‌هایی مانند FASTA^۱ (Pearson & Altschul *et al.*, 1988) و PSI-BLAST (Lipman, 1988) مورد نیاز است که توسعه چنین منابعی مستلزم دانش گسترده تئوری محاسباتی و همچنین درک کامل زیست‌شناسی است. هدف سوم استفاده از این ابزارها برای تجزیه و تحلیل داده‌ها و تفسیر نتایج به معانی بیولوژیکی است. به طور سنتی، مطالعات بیولوژیکی سیستم‌های فردی را با جزئیات بررسی می‌کردند و اغلب آنها را با چند مورد مرتبط مقایسه می‌نمودند ولی در بیوانفورماتیک، محققین می‌توانند با تجزیه و تحلیل‌های سراسری^۲، همه داده‌های موجود را با هدف کشف اصول مشترکی که در بسیاری از سیستم‌ها اعمال می‌شود و ویژگی‌هایی که برای برخی منحصر به فرد هستند را انجام دهند (Luscombe *et al.*, 2001).

۲-۳- منابع عمومی بیوانفورماتیک

تولید حجم بالایی از داده‌ها از طریق روش‌های مختلف، از جمله آمیکس، نیاز فزاینده‌ای به ابزارهای بیوانفورماتیک پیشرفته و پایگاه‌های اطلاعاتی جامع ایجاد کرده است. این ابزارها باید قادر باشند تا دیدگاه‌های یکپارچه و دسترسی آسان به اطلاعات غنی شده‌ای را که این داده‌ها ارائه می‌دهند، فراهم نمایند. به‌کارگیری این فناوری‌ها به پژوهشگران کمک می‌کند

³ National center for biotechnology information

¹ Fast-All

² Global

تاکنون، ابزارها و روش‌های گوناگونی در این حوزه برای حل مسائل مختلف بیولوژیکی، از جمله تنش‌های گیاهی، توسعه یافته است.

بیولوژیکی شناخته شد (Smith, 2013). همچنین، همکاری بین‌المللی پایگاه داده توالی نوکلئوتیدی (INSDC^۱؛ <http://www.insdc.org>) شامل سه پایگاه داده اصلی یعنی GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>)، آزمایشگاه بیولوژی مولکولی اروپا واقع در مؤسسه بیوانفورماتیک اروپا (EMBL-EBI^۲)؛ (<http://www.ebi.ac.uk/embl>)، و بانک داده DNA ژاپن (DDBJ^۳؛ <http://www.ddbj.nig.ac.jp>)، است که به عنوان منابع اولیه برای توالی نوکلئوتیدی عمل کرده و به‌طور روزانه داده‌ها را به اشتراک می‌گذارند (Strasser, 2008; Arita *et al.*, 2021). علاوه بر این، سایر پایگاه‌های اطلاعاتی بیولوژیکی نیز با هدف ذخیره و مدیریت اطلاعات بیولوژیکی ایجاد شده‌اند. جدول یک فهرستی از پایگاه‌های داده بیولوژیکی رایج را ارائه می‌دهد که به‌طور گسترده در مطالعات بیولوژیکی، به ویژه در بررسی تنش‌های گیاهی مورد استفاده قرار می‌گیرند.

۲-۲-۳- ابزارها و تکنیک‌های بیوانفورماتیک

بیوانفورماتیک نقش مهمی در ایجاد ابزارها و تکنیک‌هایی ایفا می‌کند که به تحلیل روابط ساختاری و عملکردی ماکرومولکول‌های بیولوژیکی کمک می‌کنند.

¹ International nucleotide sequence database collaboration

² Molecular biology laboratory's European bioinformatics institute

³ DNA data bank of Japan

جدول ۱. فهرست پایگاه‌های داده بیولوژیکی پرکاربرد

Table 1. List of commonly used biological databases

شماره No.	پایگاه داده Database	شرح Description	آدرس سایت Uniform Resource Locator (URL)	مرجع Reference
۱	GenBank	شامل مجموعه ای از تمام توالی‌های DNA در دسترس عموم است It contains collection of all publicly available DNA sequences	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/	Benson <i>et al.</i> , (2000)
۲	EMBL-EBI	یک کتابخانه داده توالی نوکلئوتیدی A nucleotide sequence data library	http://www.ebi.ac.uk/embl/	Amid <i>et al.</i> , (2011).
۳	DDBJ	این پایگاه، داده‌های توالی نوکلئوتیدی را برای پشتیبانی از فعالیت‌های تحقیقاتی در زمینه بیولوژیکی فراهم می‌کند It provides freely available nucleotide sequence data to support research activities in biological research	http://www.ddbj.nig.ac.jp/	Kaminuma <i>et al.</i> , (2010)
۴	UniProtKB/Swiss-Prot	این پایگاه داده، توالی‌های پروتئینی را با کیفیت بالا و به‌صورت رایگان، همراه با اطلاعات عملکردی آنها ارائه می‌دهد It provides high-quality and freely accessible protein sequences along with their functional information	http://www.uniprot.org/uniprot/	Boutet <i>et al.</i> , (2016)
۵	PIR	منبع اطلاعات پروتئینی حاوی داده‌های توالی پروتئینی با تفسیر کاربردی است Protein Information Resource contains functionally annotated protein sequences data	http://pir.georgetown.edu/	Barker <i>et al.</i> , (1998)
۶	Entrez protein database	این پایگاه، مجموعه‌ای از توالی‌های پروتئینی از منابع مختلف است It is a collection of protein sequences from several sources	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/	Wheeler <i>et al.</i> , (2007)
۷	PDB	بانک اطلاعات پروتئین، ساختارهای سه بعدی پروتئین-ها، اسیدهای نوکلئیک و مجموعه‌های پیچیده را که به صورت تجربی تعیین شده‌اند، ارائه می‌دهد Protein Data Bank provides three-dimensional structures of proteins, nucleic acids, and complex assemblies determined experimentally	http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do/	Berman <i>et al.</i> , (2002)
۸	MMDB	پایگاه داده مدل‌سازی مولکولی، شامل ساختارهای بیومولکولی سه‌بعدی است که به صورت تجربی تعیین شده‌اند The Molecular Modeling Database contains experimentally determined three-dimensional biomolecular structures	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml/	Chen <i>et al.</i> , (2003).
۹	KEGG	دایره المعارف ژن‌ها و ژنوم‌های کیوتو، اطلاعاتی در مورد مسیرهای بیولوژیکی، ژنوم‌ها، مواد شیمیایی، بیماری‌ها و داروها ارائه می‌دهد The Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes provides information about biological pathways, genomes, chemical substances, diseases, and drugs	https://www.genome.jp/kegg/	Kanehisa & Goto (2000)
۱۰	Ensembl Plants	یک پورتال ژنوم محور برای گونه‌های گیاهی با اهمیت علمی است Ensembl Plants is a genome-centric portal for plant species of scientific interest	http://plants.ensembl.org/index.html/	Bolser <i>et al.</i> , (2016)

۱-۲-۳- هم‌ترازی توالی^۱

هم‌ترازی توالی یکی از تکنیک‌های اساسی در بیوانفورماتیک است که برای مقایسه دو یا چند توالی بیولوژیکی به منظور شناسایی شباهت‌های توالی مورد استفاده قرار می‌گیرد. این فرآیند به پیش‌بینی روابط تکاملی بین توالی‌ها از نظر عملکرد و ساختار کمک می‌کند (Mount, 2004; Sharma *et al.*, 2016).

هم‌ترازی توالی به‌طور کلی به تراز سرتاسری و محلی^۲ گروه‌بندی می‌شود. الگوریتم‌های محاسباتی متنوعی، از جمله برنامه‌نویسی پویا، برای انجام هم‌ترازی توالی توسعه یافته‌اند (Needleman & Wunsch, 1970; Smith & Waterman, 1981).

هم‌ترازی سرتاسری به منظور بهینه‌سازی تراز کلی دو یا چند توالی از ابتدا تا انتها به کار می‌روند. با این حال، این نوع هم‌ترازی ممکن است شامل شکاف‌های بیشتری باشد که منجر به کاهش شباهت بین توالی‌ها می‌شود. در مقابل، الگوریتم‌های هم‌ترازی محلی، بخش‌های نسبتاً حفظ‌شده را بین توالی‌ها تراز می‌کنند و بر روی مناطق خاصی تمرکز دارند. علاوه بر این، الگوریتم‌های اکتشافی کارآمدی مانند FASTA (Pearson, 1990) و BLAST^۳ (Altschul *et al.*, 1990) برای جستجو در پایگاه‌های داده بزرگ طراحی و توسعه یافته‌اند. هم‌ترازی بین دو توالی معمولاً برای شناسایی بهترین

مناطق مطابق با روش‌های هم‌ترازی توالی زوجی^۴ انجام می‌شود. روش‌های هم‌ترازی توالی چندگانه^۵ نیز شامل بیش از دو توالی هستند و به شناسایی بقای توالی‌هایی که تصور می‌شود از نظر تکاملی مرتبط هستند، کمک می‌کنند (Mount, 2004). در تحقیقات مختلف، ابزارهای هم‌ترازی توالی برای درک پاسخ گیاهان به شرایط تنش مورد استفاده قرار گرفته‌اند. به عنوان مثال، نقش آنزیم Omega-3 fatty acid desaturase در پاسخ به تنش در گیاهان نخل و جوجوبا (*Simmondsia chinensis*) با استفاده از هم‌ترازی توالی مشخص گردیده است (Sham & Aly, 2012). ابزارهای هم‌ترازی توالی که معمولاً در تحقیقات مختلف بیولوژیکی از جمله تنش گیاهی استفاده می‌شود در جدول ۲ ارائه شده شده است.

¹ Sequence alignment² Global and local³ Basic local alignment search tool; BLAST⁴ Pairwise sequence alignment methods⁵ Multiple sequence alignment

جدول ۲. ابزارهای مختلف برای هم‌ترازی توالی‌ها

Table 2. Various sequence alignment tools

شماره No.	پایگاه داده Database	شرح Description	آدرس سایت Uniform Resource Locator (URL)	مرجع Reference
۱	BLAST	برای یافتن شباهت توالی نوکلئوتید یا پروتئین استفاده می‌شود Used to find out nucleotide or protein sequence similarity	http://ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/	Altschul <i>et al.</i> , (1990).
۲	FASTA	ابزاری برای هم‌ترازی توالی‌های جفتی که برای تراز کردن DNA و پروتئین استفاده می‌شود A pairwise sequence alignment tool used to align DNA and protein sequences	https://www.ebi.ac.uk/Tools/sss/fasta/	Pearson (1990)
۳	ClustalW	برنامه هم‌ترازی توالی چندگانه، برای تراز کردن بیش از دو توالی DNA یا پروتئین استفاده می‌شود A multiple sequence alignment program, used to align more than two DNA or protein sequences	http://ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/	Thompson <i>et al.</i> , (1994)
۴	T-COFFEE	مجموعه‌ای از ابزارها برای انجام هم‌ترازی توالی چندگانه است It is a collection of tools to perform MSA	http://tcoffee.org.cat/	Notredame <i>et al.</i> , (2000)
۵	MUSCLE	مقایسه توالی چندگانه توسط Log-Expectation باعث تولید هم‌ترازی توالی چندگانه می‌شود Multiple Sequence Comparison by Log-Expectation generates MSA	http://ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/	Edgar (2004)
۶	MAFFT	یک برنامه هم‌ترازی چند توالی مبتنی بر الگوریتم تبدیل سریع A multiple sequence alignment program based on fast Fourier transform algorithm	http://mafft.cbrc.jp/alignment/software/	Katoh <i>et al.</i> , (2005)
۷	DIALIGN2	از رویکرد بخش به بخش هم‌ترازی توالی چندگانه استفاده می‌کند Uses segment-to-segment approach of MSA	http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/dialign/	Morgenstern (1999)
۸	EMBOSS Needle	ابزاری برای هم‌ترازی سراسری بهینه دوتوالی بر اساس الگوریتم Needleman-Wunsch A tool for optimal global alignment of two sequences based on Needleman-Wunsch algorithm	https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/	Rice <i>et al.</i> , (2000)
۹	EMBOSS Water	ابزاری برای محاسبه هم‌ترازی قسمتی از دو اساس الگوریتم Smith-Waterman توالی بر اساس الگوریتم Smith-Waterman A tool to calculate local alignment of two sequences based on Smith-Waterman algorithm	https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_water/	Rice <i>et al.</i> , (2000)

۲-۲-۳- پیش‌بینی ساختار پروتئین

آنهاست و هرگونه تغییر، حتی جزئی، در این ساختار می‌تواند منجر به تغییرات قابل توجهی در عملکرد پروتئین‌ها شود. تنش‌های زیستی و غیرزیستی به عنوان عوامل مؤثر بر ساختار و عملکرد پروتئین‌ها شناخته می‌شوند (Rodziewicz *et al.*, 2014; Zhu, 2016). به عنوان مثال، در فرآیند سازگاری گیاهان به تنش‌های

پروتئین‌ها به عنوان مولکول‌های بیولوژیکی کلیدی، نقش اساسی در تنظیم و کنترل فرآیندهای مولکولی متعددی در موجودات زنده ایفا می‌کنند. عملکرد پروتئین‌ها به شدت وابسته به ساختار سه‌بعدی خاص

پروتئین مورد نظر، با وجود عدم شباهت توالی قابل توجه با پروتئین‌های دارای ساختار شناخته‌شده، دارای فولد پروتئینی مشابه با آن‌هاست (Schwede *et al.*, 2003). پیش‌بینی ساختار پروتئین به‌روش *de novo* که روشی مبتنی بر هم‌ترازی است، می‌تواند در شرایطی که ساختار مناسبی شناسایی نشده باشد، برای ساخت ساختار پروتئینی مورد استفاده قرار گیرد. اخیراً، ساختار پروتئینی فسفوسرین فسفاتاز (PSP) مرتبط با پاسخ به تنش شوری در گیاه *Brassica juncea* با استفاده از مدل‌سازی همسانی مبتنی بر الگو^۶ پیش‌بینی شده است (Purty *et al.*, 2017). در مطالعه‌ای دیگر، تحمل تنش غیرزیستی ژن سوربن رقم سوسن هیبرید شرقی (LhSorP5CS) با کمک پیش‌بینی ساختار سه بعدی مبتنی بر مدل‌سازی همسانی مورد بررسی قرار گرفته است (Wang *et al.*, 2017). این مطالعات نشان‌دهنده اهمیت تکنیک پیش‌بینی ساختار پروتئین در تحقیقات مرتبط با تنش‌های گیاهی هستند. ابزارها و سرورهای متداول پیش‌بینی ساختار پروتئین در جدول ۳ فهرست شده‌اند.

غیرزیستی، گونه‌های اکسیژن فعال^۱ (ROS) به عنوان سیگنال‌های مولکولی عمل کرده و توسط سلول‌ها، رمزگشایی می‌شوند. این فرآیند معمولاً از طریق واکنش‌های ردوکس مختلف صورت می‌گیرد. در این واکنش‌ها، ROSها، نظیر پراکسید هیدروژن (H_2O_2)، می‌توانند باقیمانده‌های حاوی گوگرد در پروتئین‌ها را اکسید کرده و در نتیجه باعث تغییر در ساختار و عملکرد آن‌ها شوند (Choudhury *et al.*, 2017). تعیین ساختار پروتئین در مطالعات مختلف مربوط به پاسخ‌های گیاهان به تنش‌های زیستی و غیرزیستی با موفقیت انجام شده است (Wang *et al.*, 2017; Moraes-Filho *et al.*, 2017). برای پیش‌بینی ساختار سه‌بعدی پروتئین‌ها، روش‌های مختلفی از جمله همسانی یا مدل‌سازی مقایسه‌ای، تشخیص چین‌خوردگی^۲ و پیش‌بینی ساختار پروتئین توسعه یافته‌اند. مدل‌سازی همسانی^۳ به فرایند ساخت ساختار سه‌بعدی پروتئین با استفاده از یک ساختار تجربی شناخته‌شده از یک پروتئین همولوگ اشاره دارد. کیفیت هم‌ترازی توالی و ساختار الگو تأثیر مستقیمی بر دقت مدل پیش‌بینی شده دارد. روش نخ پروتئینی^۴ (یک روش محاسباتی برای پیش‌بینی ساختار سه بعدی پروتئین‌ها) که به عنوان روش تشخیص چین^۵ نیز شناخته می‌شود، قادر است پیش‌بینی کند که آیا

¹ Reactive oxygen species

² Fold

³ Homology modeling

⁴ Protein threading

⁵ Fold recognition method

⁶ Template based homology modeling

جدول ۳. وب سرورها و ابزارها برای پیش‌بینی ساختار پروتئین

Table 3. Web servers and tools for protein structure prediction

شماره S. no.	پایگاه داده Database	شرح Description	آدرس سایت Uniform Resource Locator (URL)	مرجع Reference
۱	SWISS MODEL	یک سرور مدل‌سازی همولوژی خودکار برای پیش‌بینی ساختارهای سه بعدی پروتئین An automated homology modeling server to predict 3D structures of protein	http://swissmodel.expasy.org/	Guex & Peitsch (1997)
۲	MODELLER	این یک برنامه مدل‌سازی همسانی است که برای پیش‌بینی ساختارهای سه بعدی پروتئین استفاده می‌شود. It is a homology modeling program used to predict 3D structures of protein	http://www.sailab.org/modeller/	Webb & Sali (2014)
۳	ESyPred3D	این یک برنامه مدل‌سازی همولوژی خودکار است و از MODELLER برای ساخت ساختار سه بعدی استفاده می‌کند. It is an automated homology modeling program and uses MODELLER to build the 3D structure	http://www.unamur.be/sciences/biologie/urbm/bioinfo/esypred/	Lambert et al., (2002)
۴	CPHmodels	یک وب سرور برای پیش‌بینی ساختار سه بعدی پروتئین از طریق مدل‌سازی همسانی تک الگو A web server to predict 3D structure of protein through single template homology modeling	http://www.cbs.dtu.dk/services/CPHmodels/	Nielsen et al., (2010)
۵	LOMETS	Local Meta-Threading-Server یک وب سرور آنلاین برای ساخت مدل‌های سه بعدی پروتئین است. با استفاده از تکنیک رشته‌ای، ترازهای هدف به الگو را با امتیاز بالا ایجاد می‌کند Local Meta-Threading-Server is an online web server to build 3D models of protein. It generates high-scoring target-to-template alignments using threading approach	http://zhanglab.ccmb.med.umich.edu/LOMETS/	Wu & Zhang (2007)
۶	RaptorX	این یک وب سرور برای پیش‌بینی ساختار پروتئین همراه با عملکرد است. همچنین ساختار ثانویه، ساختار ثالثی مبتنی بر الگو و نمونه‌برداری تراز احتمالی پروتئین را پیش‌بینی می‌کند. It is a web server to predict protein structure along with function. It also predicts secondary structure, template-based tertiary structure, and probabilistic alignment sampling of protein	http://raptorx.uchicago.edu/	Källberg et al., (2014)
۷	I-TASSER	از رویکرد سلسله مراتبی برای پیش‌بینی ساختار و عملکرد پروتئین استفاده می‌کند Iterative Threading ASSEMBlyRefinement uses hierarchical approach to predict protein structure and function	http://zhanglab.ccmb.med.umich.edu/ITASSER/	Yang et al., (2015)
۸	ROBETTA	این یک وب سرور است که ابزارهای خودکار مبتنی بر مدل‌سازی مقایسه‌ای یا روش‌های پیش‌بینی ساختار de novo را برای پیش‌بینی ساختار و تجزیه و تحلیل پروتئین‌ها ارائه می‌دهد. It is a web server which provides automated tools based on either comparative modeling or de novo structure prediction methods for structure prediction and analysis of proteins	http://rosetta.bakerlab.org/	Kim et al., (2004)
۹	BhageerathH	این یک وب سرور ترکیبی از روش‌های همسانی و ab initio برای پیش‌بینی ساختار سوم پروتئین است. It is a hybrid web server of homology and ab initio methods for protein tertiary structure prediction	http://www.scfbioiitd.res.in/bhageerath/bhageerath_h.jsp/	Jayaram et al., (2014)
۱۰	CABS-fold	این یک وب سرور است که شامل ابزارهایی برای پیش‌بینی ساختار پروتئین است.	http://biocomp.chem.uw.edu.pl/CABSfold/	Blaszczyk et al., (2013)

۱۱	PEP-FOLD	<p>It is a web server which includes tools to predict protein structure</p> <p>این یک سرویس آنلاین است که از توالی اسیدهای آمینه برای پیش‌بینی ساختارهای پپتیدی از طریق رویکرد de novo استفاده می‌کند.</p> <p>It is an online service which uses amino acid sequences to predict peptide structures through de novo approach</p>	http://bioserv.rpbs.univ-paris-diderot.fr/services/PEP-FOLD/	<p>Shen <i>et al.</i>, (2014)</p>
----	----------	--	---	-----------------------------------

پاسخ‌دهنده به کم آبی^۳ (DRE/CRT)، با استفاده از مدل‌سازی همسانی و رویکرد اتصال مولکولی مورد بررسی قرار گرفته است (Nawaz *et al.*, 2014). این نوع تحقیقات می‌تواند به درک عمیق‌تری از مکانیسم‌های مولکولی دخیل در پاسخ به تنش‌های محیطی در گیاهان منجر شود.

۳-۲-۲-۳- داکینگ مولکولی و شبیه‌سازی

دینامیک مولکولی^۱

داکینگ مولکولی به عنوان یک روش معتبر و قابل اعتماد برای تعیین تعاملات بین دو مولکول و شناسایی موقعیت‌های ترجیحی آن‌ها شناخته می‌شود. این روش به پیش‌بینی تمایل ترکیبی مولکول‌های کوچک (لیگاندها) به اهداف پروتئینی کمک می‌کند. در زمینه زیست‌شناسی مولکولی، به ویژه در مطالعه برهمکنش‌های مولکولی مرتبط با تنش‌های گیاهی، ابزارهای محاسباتی متعددی در دسترس است. علاوه بر این، شبیه‌سازی دینامیک مولکولی نیز به عنوان یک تکنیک مهم در تحقیقات مربوط به تنش‌های گیاهی به کار می‌رود، که امکان مطالعه رفتار مولکولی و اصلاح ساختارهای پیش‌بینی‌شده را فراهم می‌آورد. جدول ۴ فهرستی از ابزارهای موجود برای اتصال مولکولی و شبیه‌سازی دینامیک مولکولی را ارائه می‌دهد. در مطالعات گذشته، اتصال پروتئین‌های متصل‌شونده به عنصر پاسخ‌دهنده به کم‌آبی^۲ (DREB) با عنصر

^۱ Molecular docking and molecular dynamics simulation

^۲ Dehydration-responsive element binding

^۳ Dehydration-responsive element/C repeat

جدول ۴. ابزارهای داکینگ مولکولی و شبیه‌سازی دینامیک مولکول

Table 4. Molecular docking and molecular dynamics simulation tools

شماره No.	پایگاه داده Database	شرح Description	آدرس سایت Uniform Resource Locator (URL)	مرجع Reference
۱	AutoDock	این یک مجموعه از ابزارهای داکینگ خودکار است که برای پیش‌بینی تعاملات بین مولکول‌های کوچک و گیرنده با ساختار سه‌بعدی شناخته‌شده پروتئین استفاده می‌شود It is a suite of automated docking tools used to predict interactions between small molecules and receptor of known 3D structure of protein	http://autodock.scripps.edu/	Morris <i>et al.</i> , (2009)
۲	AutoDock Vina	این سریع‌تر از AutoDock است و به بهبود قابل توجهی در پیش‌بینی میانگین حالت اتصال دست می‌یابد It is faster than AutoDock and accomplishes significant perfections in average prediction of the binding mode	http://vina.scripps.edu/	Trott & Olson (2010)
۳	SANJEEVINI	این نرم‌افزار به عنوان نرم‌افزار طراحی داروهای کامل شناخته می‌شود و به کشف مولکول‌های پیشرو کمک می‌کند It is known as complete drug designing software and helps in lead molecule discovery	http://www.scfbioitd.res.in/sanjeevini/sanjeevini.jsp/	Jayaram <i>et al.</i> , (2012)
۴	Glide	این یک برنامه جامع مبتنی بر جستجو برای اتصال لیگاند-گیرنده است It is an exhaustive search-based program for ligand-receptor docking	http://www.schrodinger.com/glide/	Friesner <i>et al.</i> , (2004)
۵	GEMDOCK	روش تکاملی عمومی برای نرم‌افزار داکینگ مولکولی، شکل و جهت لیگاند را به سایت فعال گیرنده محاسبه می‌کند Generic Evolutionary Method for molecular DOCKing software computes conformation and orientation of ligand to the active site of receptor	http://gemdock.life.nctu.edu.tw/dock/	Yang & Chen (2004)
۶	AMBER	مدل‌سازی و پالایش انرژی کمکی، مجموعه‌ای از برنامه‌ها برای شبیه‌سازی دینامیک مولکولی اسیدهای نوکلئیک و پروتئین‌ها است Assisted Model Building and Energy Refinement is a collection of programs for molecular dynamics simulations of nucleic acids and proteins	http://ambermd.org/	Pearlman <i>et al.</i> , (1995)
۷	CHARMM	یک برنامه شبیه‌سازی مولکولی است Is a molecular simulation program.	https://www.charmm.org/	Brooks <i>et al.</i> , (1983)
۸	GROMACS	یک بسته نرم‌افزاری منبع باز و با کارایی بسیار بالا برای شبیه‌سازی دینامیک مولکولی است. GROningen MAchine for Chemical Simulations is an open-source and extremely high-performance package for molecular dynamics simulation	http://www.gromacs.org/	Hess <i>et al.</i> , (2008)

۴- پایگاه‌های داده بیوانفورماتیکی برای تنش

گیاهی

چندین پایگاه داده تخصصی به منظور ذخیره‌سازی داده‌های مرتبط با تنش‌های گیاهی، از جمله توالی‌های ژنی، اعتبارسنجی عملکردی و تجربی پروتئین‌های تحت تنش، توسعه یافته‌اند. این منابع به محققان امکان دسترسی مستقیم به داده‌ها و اطلاعات مربوط به انواع مختلف تنش‌ها در گیاهان را فراهم می‌آورند. در این مقاله، مهم‌ترین منابع مرتبط با تنش‌های گیاهی بررسی می‌شود که به تسهیل بازیابی اطلاعات مورد نیاز پژوهشگران کمک می‌کند.

۴-۱- پایگاه داده ترنسکرپت تنش محیطی گیاهی

پایگاه داده ترنسکرپت تنش محیطی گیاهی

)

<http://intranet.icrisat.org/gt1/tog/homepage.htm>

([m](#)) شامل رونوشت‌های حاصل از گیاهان تحت تأثیر تنش‌های غیرزیستی است و اطلاعات توالی‌های ارتولوگ آزمایشی از ۱۶ گونه گیاهی مختلف را ارائه می‌دهد. این گونه‌ها شامل شش محصول غلات (گندم، برنج، ذرت، جو، چاودار و سورگوم) و ده گیاه دولپه‌ای (آرابیدوپسیس تالینا، یونجه، سویا، نخود، سیب‌زمینی، گوجه فرنگی، پنیستوم، لوبیا، بادام زمینی، و لوبیا چشم بلبلی) هستند. پایگاه داده مذکور همچنین شامل توالی‌های بیان شده از کتابخانه‌های cDNA^{۴۰} گیاهان تحت تنش می‌باشد. این پایگاه امکان جستجو در زمینه‌های مختلف

⁴⁰ Complementary DNA

مانند رونوشت‌های بیان شده در شرایط تنش، ریزماواره-های حاوی رونوشت^{۴۱}، ژن‌های فرضی حفظ شده و هم‌ترازی توالی مجموعه‌های ارتولوگ را فراهم می‌کند (Balaji *et al.*, 2006).

۴-۲- پایگاه داده عوامل رونویسی مرتبط با تنش

پایگاه داده STIFDB^{۴۲}

(<http://caps.ncbs.res.in/stifdb>) شامل اطلاعات

مربوط به ژن‌های فاکتورهای رونویسی پاسخگو به تنش و محل پیش‌بینی شده برای اتصال این فاکتورها در گیاه آرابیدوپسیس است. STIFDB به عنوان یک منبع ارزشمند برای دانشمندان در جهت درک تنش‌های غیرزیستی مختلف در سیستم گیاهی شناخته می‌شود (Shameer *et al.*, 2009). نسخه دیگری از این پایگاه

به نام STIFDB V2.0

(<http://caps.ncbs.res.in/stifdb2/>) نیز با اطلاعات

اضافی مربوط به ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش‌های زیستی و غیرزیستی در ذرت و آرابیدوپسیس موجود است. STIFDB2 حاوی اطلاعات ۵۹۸۴ ژن پاسخگو به تنش از آرابیدوپسیس و برنج بوده و بعلاوه این پایگاه، داده‌های مربوط به ۳۱ عامل رونویسی و ۱۵ سیگنال تنش را ارائه می‌دهد (Naika *et al.*, 2013).

۴-۳- پایگاه داده ژن‌های دخیل در تنش‌های

گیاهی

⁴¹ Microsatellites containing transcripts

⁴² Stress-responsive transcription factor database; SRTFDB

استخراج شده از برنج، به ویژه در *O. sativa ssp japonica cv. Nipponbare* در این پایگاه موجود است (Smita et al., 2011).

۴-۵ - PASmiR⁴⁵

پایگاه داده PASmiR یک پایگاه داده شامل توصیفی از تنظیم مولکولی microRNA (miRNA) در تنش های مختلف غیرزیستی در گیاه است. این پایگاه داده حاوی اطلاعاتی از حدود ۲۰۰ مطالعه تحقیقاتی منتشر شده در ۳۳ گونه گیاهی است و ۱۰۳۸ رابطه تنظیمی بین ۶۸۲ miRNA و ۳۵ تنش غیر زنده را نشان می دهد. همچنین، این پایگاه امکان جستجوی کلیدواژه ای را برای بازیابی ورودی های مرتبط با miRNA های تنظیم کننده تنش، بر اساس شناسه miRNA، نوع تنش و گونه های گیاهی فراهم می آورد (Zhang et al., 2013).

۴-۶ - منبع اطلاعاتی آرآبیدوپسیس^{۴۶} (TAIR)

پایگاه داده TAIR (<http://arabidopsis.org>) به ارائه داده های بیولوژی مولکولی و ژنتیکی مربوط به آرآبیدوپسیس می پردازد. این پایگاه دسترسی متمرکزی به اطلاعات بیش از ۳۰,۰۰۰ ژن این گیاه فراهم کرده و ابزارهایی را برای تجزیه و تحلیل داده ها ارائه می دهد (Berardini et al., 2015).

پایگاه داده ژن های تنش گیاهی)

<http://ccb.jnu.ac.in/stressgenes/frontpage.htm>

۱) به عنوان یک منبع جامع، شامل ۲۵۹ ژن از ۱۱ گونه گیاهی است که در پاسخ به شرایط تنش محیطی نقش ایفا می کنند. کاربران می توانند از طریق وبسایت این پایگاه، اطلاعات مورد نیاز را با استفاده از نام گونه، شناسه ژن یا عملکرد آن ها جستجو نمایند. همچنین، این پایگاه امکان دسترسی به اطلاعات مربوط به ژن های پارالوگ و اورتوگ را در بین گونه های موجود فراهم می آورد (Prabha et al., 2011).

۴-۴ - QlicRice پایگاه داده و موتور جستجوی^{۴۳}

پایگاه داده و موتور جستجوی

QlicRice (<http://nabg.iasri.res.in:8080/qlic-rice>)

به منظور تجمیع اطلاعات مربوط به مکان های ژنی کنترل کننده صفات کمی برنج (QTL^{۴۴}) در مواجهه با تنش های غیرزیستی و ژن های متناظر آن ها (TIGR/MSU) توسعه یافته است. این پایگاه شامل ۹۷۴ QTL مرتبط با تنش های غیرزنده می باشد که با ۴۶۰ جایگاه TIGR/MSU همپوشانی دارند. برای توصیف عملکردی QTL ها، از اصطلاحات هستی شناسی ژن (Gene ontology) و ارتولوژی (KEGG (KO)) بهره برداری شده است. همچنین، داده های ژنومی

⁴⁵ A Database for miRNA molecular regulation in plant abiotic stress; PAMsiR

⁴⁶ The Arabidopsis information resource; TAIR

⁴³ A Web interface for abiotic stress-responsive qtl and loci interaction channel in rice; QlicRice

⁴⁴ Quantitative trait locus

شناسه ژن، ارگانیسم، عملکرد، فنوتیپ، شماره مرجع PubMed، گروه‌های ارتولوگ و اطلاعات توالی می‌باشد. علاوه بر این، این پایگاه یک مرورگر مسیر تعاملی را ارائه می‌دهد که رابط تعاملی ساده‌ای را با مسیرهای سازگاری مولکولی و فیزیولوژیکی تسهیل می‌کند (Alter *et al.*, 2015).

۴-۹- پایگاه داده پروتئین‌های دخیل در تنش‌های

گیاهی^{۴۹} (PSPDB)

پایگاه داده PSPDB (<http://bioclues.org/pspdb>) به‌صورت دستی و با هدف تجمیع و تفسیر اطلاعات مربوط به پروتئین‌های مرتبط با تنش‌های زیستی و غیرزیستی ایجاد شده است. این پایگاه شامل ۲۰۶۴ پروتئین است که از ۱۳۴ گونه گیاهی در شرایط مختلف تنش شناسایی شده‌اند. هر پپتید در این پایگاه یک شماره دسترسی منحصر به فرد دریافت می‌کند که امکان شناسایی دقیق و پیوند متقابل آن با دیگر پایگاه‌های داده را فراهم می‌سازد. انتخاب پروتئین‌ها برای گنجاندن در این پایگاه به‌طور انحصاری بر اساس داده‌های تجربی و اطلاعات عملکردی مرتبط با پاسخ به تنش‌های زیستی و غیرزیستی صورت می‌گیرد (Kumar *et al.*, 2014).

۴-۱۰- پاسخ پروتئوم گیاهی به تنش

(PlantPreS)^{۵۰}

۴-۷- پایگاه داده فاکتورهای رونویسی پاسخگو به

تنش برنج^{۴۷} (Rice SRTFDB)

پایگاه داده RiceSRTFDB به‌عنوان یک منبع ارزشمند برای پژوهشگران فعال در زمینه تنش آب و گیاه برنج، به ارائه اطلاعاتی جامع در خصوص فاکتورهای رونویسی این گیاه می‌پردازد. این پایگاه، شامل الگوهای بیان ژن، عناصر تنظیمی سیس و اطلاعات مرتبط با جهش‌زایی است که به تحلیل عملکرد ژن‌ها در شرایط تنش‌های محیطی نظیر خشکی و شوری کمک می‌کند. داده‌های موجود در این پایگاه به‌طور عمده از آزمایش‌های میکروآرایه استخراج شده‌اند. وبسایت این پایگاه داده امکاناتی را برای کاربران فراهم می‌آورد که به‌وسیله آن می‌توانند بیان تفاضلی ژن‌های منتخب را در شرایط تنش شوری یا خشکی مورد بررسی قرار دهند. (Priya & Jain, 2013).

۴-۸- پایگاه داده ژن‌های دخیل در تنش

خشکی^{۴۸} (DroughtDB)

پایگاه داده DoughtDB (<http://pgsb.helmholtz-muenchen.de/droughtdb>) به ارائه اطلاعات مربوط به ژن‌های مرتبط با مکانیسم‌های تنش خشکی، از جمله اجتناب از خشکی و تحمل به خشکی، می‌پردازد. این پایگاه شامل اطلاعات مربوط به ژن‌های ارتولوگ شناسایی شده در ۹ گونه گیاهی زراعی و مدل، از جمله جو و ذرت، است. این پایگاه، حاوی اطلاعات مهمی نظیر

⁴⁹ Plant stress protein database; PSPD

⁵⁰ Plant proteome response to stress; PlantPreS

⁴⁷ Rice stress-responsive transcription factor database; Rice SRTFDB

⁴⁸ Drought stress gene database; DroughtDB

پایگاه PlantPreS (<http://www.proteome.ir>) یک پایگاه داده پروتئومی حاوی بیش از ۳۵۰۸۶ ورودی از پروتئین‌های پاسخگو به تنش، جمع‌آوری شده از ۵۷۷ پروژۀ تحقیقاتی، می‌باشد. این ورودی‌ها شامل بیش از ۱۰۶۰۰ پروتئین منحصر به فرد هستند که به‌طور خاص در پاسخ به انواع مختلف تنش‌ها شناسایی شده‌اند. اطلاعات ارائه‌شده در این پایگاه شامل نوع گیاه، شماره دسترسی، نام پروتئین، نوع تنش، بافت و مرحله رشد مرتبط با هر پروتئین پاسخ‌دهنده به تنش است. علاوه بر این، پایگاه داده PlantPreS نسخه‌ای سفارشی از ابزار BLAST را برای جستجوی توالی‌ها با جد مشترک ارائه می‌دهد. این پایگاه همچنین امکان انجام چندین تجزیه و تحلیل را از طریق یک حالت فیلتراسیون فراهم می‌آورد که نتایج می‌توانند به‌صورت متنی یا در قالب گرافیکی نمایش داده شوند (Mousavi *et al.*, 2016).

۵- چالش‌های بیوانفورماتیک در مطالعات گیاهی

با وجود پتانسیل بالای بیوانفورماتیک در عرصه بیوتکنولوژی گیاهی، چالش‌ها و محدودیت‌های متعددی وجود دارد که لازم است به آنها پرداخته شود تا از ظرفیت‌های این حوزه به‌طور کامل بهره‌برداری گردد. با توجه به رشد سریع در استخراج داده‌های ژنومی گیاهی و توسعه پایگاه‌های داده مرتبط، چندین چالش اساسی برای بیوانفورماتیک‌دانان و پژوهشگران وجود دارد که می‌توان آن‌ها را به چندین حوزه کلیدی تقسیم‌بندی نمود (Tan *et al.*, 2022).

۱-۵- مدیریت و سازماندهی داده‌های

بیوانفورماتیک و به‌روزرسانی همزمان منابع

از زمان معرفی فناوری توالی‌یابی نسل بعدی (NGS) که در سال ۲۰۰۴ به‌طور تجاری در دسترس قرار گرفت، حجم قابل توجهی از داده‌ها در زمینه تحقیقات ژنوم گیاهی تولید شده است. به‌طور ماهانه، هزاران گیگابایت توالی‌های گیاهی در پایگاه‌های داده عمومی مختلف ذخیره می‌شود (Schatz *et al.*, 2012; Ong *et al.*, 2018; Gomez-Casati *et al.*, 2016). همچنین، فرایند توالی‌یابی مداوم و دوباره توالی‌یابی ژنوم‌های گیاهی منجر به ایجاد مجموعه‌های جدیدی از توالی‌ها در تمام پایگاه‌های داده عمومی شده است. افزایش تعداد ژنوم‌های گیاهی توالی‌یابی شده، که ناشی از پیشرفت‌های فناوری است، به بروز چالش‌هایی در زمینه ذخیره‌سازی و به‌روزرسانی حجم عظیم داده‌ها منجر گردیده است (Ong *et al.*, 2012; Claros *et al.*, 2016). برای حل این مشکلات، فرآیند به‌روزرسانی باید به‌طور همزمان در تمامی پایگاه‌های داده مقایسه‌ای انجام شود (Ong *et al.*, 2016). این رویکرد می‌تواند منجر به ایجاد یک جامعه پایگاه داده قوی، به‌روز و قابل اعتماد گردد که پژوهشگران در حوزه ژنومیک گیاهی بتوانند به آن تکیه کنند (Ong *et al.*, 2016).

۲-۵- پیچیدگی محتوای ژنتیکی گیاهان

پیچیدگی محتوای ژنتیکی گیاهان به‌عنوان یک چالش عمده در حوزه تحقیقات گیاهی شناخته می‌شود، که

به‌ویژه در زمینه توالی‌یابی ژنوم‌ها مشهود است. با وجود پیشرفت‌های قابل توجه در NGS که امکان توالی‌یابی سریع DNA را برای گونه‌های گیاهی غیرمدل فراهم کرده است، سرعت توالی‌یابی در مورد گیاهان به‌طور قابل توجهی کمتر از آنچه برای جانوران و میکروارگانیسم‌ها مشاهده می‌شود، باقی مانده است (Claros *et al.*, 2012). یکی از دلایل اصلی این وضعیت، اندازه بزرگ و پیچیده ژنوم‌های گیاهی است که ممکن است تا حدود صد برابر بزرگ‌تر از ژنوم‌های توالی‌یابی شده جانوران و میکروارگانیسم‌ها باشد (Schatz *et al.*, 2012). همچنین، بسیاری از ژنوم‌های گیاهی به‌صورت پلی‌پلوئید وجود دارند که به معنی تکرار کامل ژنوم است و برآورد می‌شود که این پدیده در حدود ۸۰ درصد از گونه‌های گیاهی مشاهده می‌شود (Schatz *et al.*, 2012; Kyriakidou *et al.*, 2018). بنابراین، بسیاری از ژنوم‌های گیاهی توالی‌یابی شده توسط NGS تنها قادر به ارائه کاتالوگ‌های ژنی، تفسیر محتوای تکراری، بررسی مکانیسم‌های تکاملی و انجام مطالعات مقایسه‌ای ژنومیک در مراحل ابتدایی هستند (Claros *et al.*, 2012).

۳-۵- دسترسی به پایگاه‌های داده

تاکنون، تقریباً ۳۷۴,۰۰۰ گونه گیاهی در سطح جهانی شناسایی شده است (Fazan *et al.*, 2020). نخستین توالی‌یابی کامل ژنوم گیاهی در سال ۲۰۰۰ بر روی آرابیدوپسیس با استفاده از روش‌های توالی‌یابی سنگر انجام گردید (Arabidopsis Genome Initiative, 2000). اگرچه پیشرفت‌های زیست‌شناسی مولکولی در

دهه‌های اخیر ممکن است فرآیند شناسایی گونه‌ها را تسهیل کرده باشد، اما دستیابی به داده‌های جامع ژنومی گیاهان به دلیل پیچیدگی ساختار ژنوم همچنان چالش برانگیز باقی مانده است. توسعه سکوه‌های (پلتفرم‌های) NGS می‌تواند به تسریع فرآیند توالی‌یابی ژنوم گیاهان کمک کند، با این حال، مجموعه داده‌های توالی‌یابی شده در حال حاضر محدود بوده و تنها در پایگاه‌های داده خاصی ذخیره شده‌اند. تا به امروز، تنها ۲۹ پایگاه داده ژنوم گیاهی از طریق مرورگر ژنوم PlantGDB قابل دسترسی است که این امکان را برای محققان فراهم می‌آورد تا اطلاعات مربوط به ساختار ژن، پروتئین‌های مشابه، ترازهای برش خورده EST و سایر داده‌های مرتبط را بازیابی کنند. علاوه بر این، پایگاه داده PlaD (<http://systbio.cau.edu.cn/plad/index.php>) که توسط دانشگاه کشاورزی چین توسعه یافته، بر داده‌های ریزآرایه‌ای گیاهان تمرکز دارد و شامل پایگاه داده‌ای برای ترنسکریپتوم گیاهان در زمینه دفاع در برابر بیمارگرها است. با این حال، دامنه این پایگاه داده محدود به گونه‌های خاصی از جمله *Arabidopsis*، برنج، ذرت و گندم می‌باشد (Qi *et al.*, 2018). مرکز داده‌های آمیکس

گیاهی

(<http://plantomics.mind.meiji.ac.jp/podc/>) نیز یکی دیگر از پایگاه‌های داده وب‌محور عمومی است که داده‌های آمیکس را برای پروفایل هم‌بیان، شبکه‌های تنظیمی و اطلاعات آنولوژی گیاهی ارائه می‌دهد (Ohyanagi *et al.*, 2015). اگرچه مجموعه‌های داده

امیکس گردآوری شده از PODC قابل بازیابی هستند، اما اطلاعات موجود محدود به برخی از گیاهان و محصولات خاص نظیر آرابیدوپسیس، تنباکو، خزه^{۵۱}، یونجه یکساله^{۵۲}، سویا، سیبزمینی، برنج، گوجه‌فرنگی، انگور، ذرت و سورگوم می‌باشد. علاوه بر این، تمامی این پایگاه‌های داده عمومی نیازمند بروزرسانی مداوم با داده‌های جدید منتشر شده یا داده‌های دوباره توالی‌یابی شده هستند تا محققان بتوانند به جدیدترین نسخه مجموعه‌های داده ژنومی برای تحقیقات خود دسترسی پیدا کنند.

۶- یافته‌های بیوانفورماتیک و کاربرد آن در به‌نژادی

گیاهان

به‌نژادی به‌عنوان فرآیند تغییر و بهبود صفات در گیاهان، به‌منظور تولید ارقام جدید و بهبود یافته محصولات کشاورزی برای تأمین نیازهای بشر تعریف می‌شود. با توجه به پیشرفت‌های چشم‌گیر در علوم زیستی، به‌ویژه در زمینه زیست‌شناسی مولکولی و ژنومیک، فناوری‌های نوین بیوانفورماتیک نقش اساسی در این فرآیند ایفا می‌کنند. مزایای گیاهان مهندسی ژنتیک شده (تراریخته)، از جمله بهبود کیفیت، افزایش ارزش غذایی و حداکثر کردن عملکرد، به‌طور مؤکد مورد تأکید قرار گرفته است (Caligari *et al.*, 2017). تکنیک‌های تراریخته به تغییرات ژنتیکی در گیاهان اشاره دارند که از طریق تغییر یا معرفی ژن‌های خارجی انجام می‌شود. این فرآیند با

استفاده از داده‌های بیولوژیکی و اطلاعات حاصل از تحقیقات ژنومیک ممکن شده است. دسترسی به توالی‌های کامل ژنوم از طریق پایگاه‌های داده‌ای، امکان ارتباط آزاد بین ژنوم‌ها را فراهم می‌آورد و به پژوهشگران این امکان را می‌دهد که بر اساس توالی ژن، عملکرد احتمالی یا موقعیت نقشه ژنتیکی، فرضیات پیش‌بینی‌کننده‌ای را ایجاد کنند. این امر موجب می‌شود که فنوتیپ‌های مطلوب به‌طور مؤثری از ترکیب پیچیده‌ای به گیاهان منتقل شوند و نشانگرهای ژنتیکی با دقت بیشتری در فرآیند به‌نژادی ارائه گردند (Platten *et al.*, 2019). علاوه بر اطلاعات توالی ژنوم، پایگاه‌های داده حاوی اطلاعات متابولیت‌ها نیز نقش مهمی در مطالعه تعاملات میان پروتئومیک و ژنومیک ایفا می‌کنند. این تعاملات می‌توانند تغییرات در فنوتیپ و عملکرد خاص یک موجود زنده را منعکس نمایند و در نهایت به بهبود کارایی و کیفیت محصولات کشاورزی کمک کنند (Gomez-Casati *et al.*, 2018). در سال‌های اخیر، توسعه غلات مقاوم به خشکی به‌عنوان یکی از مؤثرترین امیدوارکننده‌ترین استراتژی‌ها برای تأمین امنیت غذایی در برابر چالش‌های ناشی از خشکی و کمبود آب مطرح شده است. علاوه بر این، شواهد نشان می‌دهند که بیش بیان برخی از ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش و فاکتورهای رونویسی که تنظیم‌کننده پروتئین‌های مرتبط با تنش هستند، می‌تواند منجر به افزایش تحمل به خشکی و همچنین بهبود مقاومت در برابر تنش‌های شوری و انجماد گردد (Tang *et al.*, 2019). مدیریت نادرست منابع آب

⁵¹ *Physcomitrella patens*

⁵² *Medicago truncatula*

مقاوم‌تر و با کیفیت‌تر فراهم می‌آورد (Xiao *et al.*, 2009).

خانواده پروتئین اکسپانسین^{۵۳} به عنوان یکی از اجزای کلیدی دیواره سلولی، مسئول شکستن پیوندهای غیرکووالانسی میان پلی ساکاریدهای موجود در دیواره سلولی است و این عمل موجب افزایش فشار سلولی می‌شود. در یک مطالعه جامع، بیوانفورماتیک مقایسه‌ای و تحلیل ویژگی‌های مولکولی این خانواده پروتئینی در دو گونه گیاهی هندوانه (*Citrullus lanatus*) و خربزه (*Cucumis melo*) صورت گرفت. در این تحقیق، سطح بیان ژن‌های اعضای خانواده اکسپانسین در بافت‌های برگ و ریشه این دو گیاه تحت شرایط تنش‌های مختلف از جمله خشکی، گرما، سرما و شوری با استفاده از آنالیز کمی real-time PCR مورد بررسی قرار گرفت. نتایج حاصل از جستجوهای جامع نشان داد که ۴۰ پروتئین اکسپانسین (22ClaEXPA, 14 ClaEXPLA, & 4 ClaEXPB) در هندوانه و ۴۳ پروتئین اکسپانسین (19CmEXPA, 15 CmEXPLA, 3 CmEXPB, & 6 CmEXPLB) در خربزه شناسایی شدند. علاوه بر این، بزرگ‌ترین ژن‌های ارتولوگ با ژن‌های اکسپانسین سویا برای هر دو گیاه شناسایی شد. همچنین، زمان واگرایی اخیر بین ژن‌های ارتولوگ با ژن‌های اکسپانسین درخت صنوبر برای ژن‌های اکسپانسین هندوانه و خربزه تعیین گردید. به طور خاص، ژن‌های ClaEXPA-04، ClaEXPA-09، ClaEXPB-01، ClaEXPB-03 و

کشاورزی، تخریب خاک و فشارهای اجتماعی از جمله عوامل تنش‌زای عمده‌ای هستند که تأثیر قابل توجهی بر چشم‌اندازهای کشاورزی در سطح جهانی دارند. تحقیقات ژنتیکی گسترده نشان می‌دهد که تنوع قابل توجهی در تحمل به عوامل تنش‌زای محیطی در گیاهان وجود دارد. با این حال، به دلیل دانش محدود در زمینه مبانی مولکولی گیاهان زراعی مقاوم به تنش، دستیابی به اهداف بهینه در این حوزه با چالش‌هایی مواجه است. در این راستا، آمیکس کاربردی و بیوانفورماتیک با ارائه ابزارهای متنوع برای تحلیل پاسخ به عوامل محیطی در غلات، به ویژه برنج، جو و گندم، نقش کلیدی ایفا می‌کنند. این رویکردها از طریق شناسایی و بررسی ژن‌های مرتبط با بهبود مقاومت به تنش‌های غیر زیستی، می‌توانند به توسعه استراتژی‌های مؤثر در افزایش تاب‌آوری گیاهان زراعی کمک نمایند.

یک مطالعه موردی به ارزیابی هفت ژن کاندید پرداخته است که به‌منظور بررسی اثرات آنها در بهبود مقاومت به خشکی در برنج تراریخته تحت شرایط مزرعه طراحی شده بود. در این تحقیق، هفت ژن (SOS2, CBF3, NHX1, ZAT10, LOS5, NPK1, NCED2) در به‌نژادی گیاهان مقاوم به خشکی انتخاب شده و به رقم برنج Zhonghua 11 منتقل گردید. برنج تراریخته توسعه‌یافته مقاوم به خشکی در شرایط طبیعی مزرعه بود. بدین ترتیب، ادغام یافته‌های آمیکس و بیوانفورماتیک در اصلاح گیاهان افق‌های جدیدی را برای توسعه ارقام

⁵³ Expansin protein

پروتئین‌ها نشان‌دهنده حفظ آن‌ها در میان حبوبات بود. نتایج به‌دست‌آمده حاکی از آن است که پروتئین‌های MET30 و WD40/YVTN در حبوبات ممکن است نقش مستقیمی در پاسخ به تنش‌های دمای بالا و شوری ناشی از NaCl ایفا کنند. بر اساس شباهت‌های توالی و پروفایل بیان، نتیجه‌گیری می‌شود که این پروتئین‌ها ممکن است در تشکیل کمپلکس Cdc34/SCF نقش داشته باشند. همچنین، با توجه به واکنش آن‌ها به تنش‌های غیرزیستی، نتایج نشان می‌دهد که این پروتئین‌ها نقش فعالی در پاسخ به شرایط تنش‌زا مانند NaCl و دمای بالا دارند (Çelik et al., 2023).

در راستای مطالعه سازگاری گیاهان با تنش‌های محیطی، ژن‌های پاسخ‌دهنده ریشه آراییدوپسیس به هشت نوع تنش غیرزیستی شامل تنش‌های شوری، سرما، خشکی، اسمزی، تابش UV، زخم، گرما و فلزات سنگین از پایگاه داده GEO^{۵۴} استخراج گردید. پس از نرمال‌سازی داده‌های ریزآرایه^{۵۵}، از یک الگوریتم تجمع رتبه قوی^{۵۶} برای شناسایی ژن‌های با بیان متفاوت^{۵۷} استفاده شد. نتایج نشان داد که از میان بیش از ۲۰,۰۰۰ ژن، تعداد ۲۱۳ ژن با بیان متفاوت شناسایی شدند که شامل ۱۳۹ ژن با تنظیم بالا^{۵۸} و ۷۴ ژن با تنظیم پایین^{۵۹} بود. این ژن‌ها با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی و پایگاه‌های داده DAVID، PANTHER، PUBMED و

ClaEXPLA-13 در هندوانه و ژن‌های CmEXPA-12، CmEXPA-10، و CmEXPLA-01 در خربزه ممکن است در فرایند رشد بافتی و پاسخ به استرس‌های غیرزیستی نقش مهمی ایفا کنند. این مطالعه با ادغام روش‌های بیوانفورماتیک و تحلیل تجربی، توصیف دقیقی از ابرخانواده اکسپانسیون که در رشد و واکنش به تنش‌های گیاهی تأثیرگذار است، ارائه می‌دهد. یافته‌های این تحقیق می‌تواند مبنای داده‌ای ارزشمند برای مطالعات آینده باشد که به بررسی عملکرد ژن‌ها و نقش آنها در رشد گیاه و پاسخ به شرایط تنش می‌پردازند (İncili et al., 2023).

مطالعه‌ای به منظور تجزیه و تحلیل توالی پروتئین‌های F-box/WD40 در حبوبات با استفاده از روش‌های بیوانفورماتیک و ارزیابی پروفایل بیان ژن آنها تحت شرایط تنش ناشی از NaCl و دمای بالا انجام شد. این تحقیق به بررسی پاسخ‌های مولکولی به عوامل تنش‌زا برای ژن‌های کدکننده زیر واحدهای کمپلکس Skp، Cullin، F-box (SCF) در گونه‌های لوبیا، نخود و یونجه پرداخت. تنش‌های دما و شوری بالا به‌طور کنترل شده بر روی گیاهان حبوبات رشد یافته در شرایط آزمایشگاهی اعمال گردید. در این مطالعه، دو پروتئین F-box/WD40 که در هر یک از ژنوم‌ها حفظ شده بودند، شناسایی و به ترتیب MET30 و WD40/YVTN نامگذاری شدند. پروفایل‌های بیان ژن تحت شرایط تنش NaCl و دمای بالا مورد بررسی قرار گرفت تا پاسخ‌ها و عملکردهای بالقوه این پروتئین‌ها در مواجهه با تنش‌های غیرزیستی تعیین شود. پیش‌بینی‌های محاسباتی ساختارهای سه‌بعدی این

⁵⁴ Gene expression omnibus; GEO

⁵⁵ Microarray

⁵⁶ Robust rank aggregation; RRA

⁵⁷ Differentially expressed genes; DEG

⁵⁸ Up-regulated

⁵⁹ Down-regulated

جستجوی همسانی^{۶۲} شناسایی گردید. به علاوه، الگوهای بیوانفورماتیک و تجزیه و تحلیل رونویسی در پاسخ به شرایط مختلف تنش برای تشریح مکانیسم‌های تنظیمی بالقوه این ژن‌ها در گندم مورد بررسی قرار گرفت. تجزیه و تحلیل تکثیر ژن نشان داد که ۱۸ جفت ژن پارالوگ ELP از فرآیند تکثیر سگمنتال^{۶۳} نشأت گرفته‌اند و با استفاده از تجزیه و تحلیل فیلوژنتیک و خوشه‌ای پروتئین، به شش کلاس تقسیم‌بندی شدند. تجزیه و تحلیل ارتولوگ ژن‌های TaELP گندم نشان داد که ژن‌های TaELP ممکن است از ژن‌های ارتولوگ سایر گونه‌های گیاهی یا گیاهان نزدیک به هم تکامل یافته باشند. علاوه بر این، انواع عناصر تنظیم کننده (CAREs)^{۶۴} مرتبط با رشد و نمو، پاسخ هورمونی و تنش‌های زیستی و غیرزیستی در نواحی پروموتور^{۶۵} TaELP شناسایی شدند. تجزیه و تحلیل qRT-PCR نشان داد که رونویسی TaELPs تحت تنش هورمونی، نمکی و خشکی و در طول پیری برگ القا می‌شود. به علاوه، خاموشی ژن TaELP2 با استفاده از BSMV-VIGS^{۶۶} انجام و تأثیر آن بر تنظیم پیری برگ گندم به‌طور مقدماتی تأیید گردید. به طور کلی، می‌توان نتیجه‌گیری کرد که ژن‌های TaELP ممکن است تحت تأثیر مسیرهای سیگنال‌دهی هورمونی و پاسخ به تنش‌های غیرزیستی و پیری برگ قرار گیرند، و این ژن‌ها می‌توانند به عنوان کاندیدهای

STRING مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. یافته‌ها حاکی از آن است که، DEGs با تنظیم بالا در پاسخ به تنش اکسیداتیو، تنظیم رونویسی و سازماندهی ساختار نقش مهمی ایفا می‌کنند. همچنین مشخص گردید که ژن‌های با بیان بالا دارای تعاملات پروتئین-پروتئین^{۶۰} پیچیده‌تری نسبت به ژن‌های با بیان پایین هستند. به علاوه، برای اعتبارسنجی نتایج تجزیه و تحلیل بیوانفورماتیک یکپارچه، آزمایش‌های qRT-PCR و ارزیابی فعالیت آنزیمی انجام گردید. این تحقیقات به تسهیل درک مکانیسم‌های مولکولی مشترکی که به تنش‌های غیرزیستی مختلف پاسخ می‌دهند کمک می‌کند و ژن‌های با بیان متفاوت شناسایی شده ممکن است به عنوان نشانگرهای زیستی بالقوه در مطالعات آینده در زمینه مقاومت به تنش‌های غیرزیستی مورد استفاده قرار گیرند (Guo *et al.*, 2020).

ELPها^{۶۱} به عنوان کمپلکس‌های پروتئینی شناخته می‌شوند که رونویسی را از طریق استیل‌اسیون هیستون در سلول‌های یوکاریوتی افزایش می‌دهند و با RNA پلیمراز ۲ (RNAP II) برهمکنش دارند. نقش ELPها در رشد و نمو گیاه، انتقال سیگنال و پاسخ به تنش‌های زیستی و غیرزیستی در گیاهان مدل تأیید شده است. عملکرد ژن‌های ELP گندم به خوبی مستندسازی نشده است. در مطالعه‌ای که روی گندم انجام گرفت (Guo *et al.*, 2023)، ۱۸ عضو ELPها از ژنوم گندم طریق

⁶² Homology Search

⁶³ Segmental duplication

⁶⁴ Cis-acting regulatory elements

⁶⁵ Promoter

⁶⁶ Barley mtripe mosaic virus -virus induced gene silencing

⁶⁰ Protein-protein interaction

⁶¹ Elongator complexes

و تحت شرایط تنش غیرزیستی، از روش RT-PCR استفاده گردید. در این تحقیق، ۱۵ فاکتور رونویسی MdDREB2 در ژنوم سیب شناسایی شد که همگی حاوی موتیف NLS و دامنه AP2 بودند. تحلیل‌های فیلوژنتیکی نشان داد که این فاکتورها به سه زیرگروه تقسیم‌بندی می‌شوند: زیرگروه ۱ شامل MdDREB2A، B، D، O و L؛ زیرگروه ۲ شامل MdDREB2N و M؛ و زیرگروه ۳ شامل M، G، MdDREB2F، H، J، K و I هستند. نتایج حاصل از RT-PCR کمی نشان داد که فاکتورهای رونویسی MdDREB2 دارای الگوهای بیانی مشابهی بوده و سطوح بیان بالاتری در بافت‌های ریشه و برگ نسبت به سایر بافت‌ها دارند. همچنین، میزان بیان این فاکتورها تحت شرایط تنش خشکی و شوری به‌طور قابل توجهی افزایش یافت. به‌طور خلاصه، فاکتورهای رونویسی MdDREB2 دارای ساختار پروتئینی بسیار حفاظت شده‌ای هستند و به‌عنوان پاسخ‌دهنده به تنش‌های غیرزیستی عمل می‌کنند، که نشان‌دهنده نقش مهم آنها در مواجهه با شرایط محیطی متغیر است (Li et al., 2017).

یکی از زیرخانواده‌های ژنی مربوط به حسگرهای کلسیم، پروتئین‌های شبه کالسی‌نئورین (CBLs) B هستند که به‌عنوان مولکول‌های پیام‌رسان ثانویه در بسیاری از فرآیندهای بیولوژیکی و عملکردهای مولکولی در سلول‌های گیاهی نقش مهمی ایفا می‌کنند. در یک مطالعه، دامنه ژنومی زیرخانواده ژنی CBL در گیاه کنجد مورد بررسی قرار گرفت و تعداد نه ژن SiCBL در ژنوم

بالقوه برای مطالعه بیشتر در زمینه تحمل تنش غیرزیستی و بهبود عملکرد گندم مورد بررسی قرار گیرند. سوپراکسید دیسموتاز^{۶۷} (SOD) به عنوان یک آنزیم کلیدی در سیستم‌های دفاعی گیاهی، قادر است به‌طور مؤثری تجمع گونه‌های فعال اکسیژن^{۶۸} (ROS) را در طول مراحل رشد سریع اندام‌های گیاهی که تحت تأثیر تنش‌های زیستی و غیرزیستی قرار دارند، کاهش دهد (Saed-Moucheshi et al., 2021). این عمل به حفظ یک وضعیت متابولیسم فیزیولوژیکی پایدار کمک می‌کند. در یک مطالعه بیوانفورماتیکی، ۱۳ ژن کدکننده SOD شامل دو نوع سوپراکسید دیسموتاز آهنی^{۶۹} FeSOD، چهار نوع سوپراکسید دیسموتاز منگنز^{۷۰} MnSOD و هفت نوع سوپراکسید دیسموتاز مس/روی^{۷۱} Cu/ZnSOD در ژنوم گیاه آکویا^{۷۲} شناسایی شدند (Saed-Moucheshi et al., 2021).

عوامل رونویسی DREB نقش کلیدی در تنظیم بیان مجموعه‌ای از ژن‌های مرتبط با پاسخ به تنش‌های غیرزیستی ایفا می‌کنند و بهبود تحمل گیاهان به این نوع تنش‌ها را تسهیل می‌نمایند. در یک مطالعه، فاکتورهای رونویسی MdDREB2 در گیاه سیب با استفاده از رویکردهای بیوانفورماتیکی شناسایی شدند. به‌منظور بررسی الگوهای بیان MdDREB2 در بافت‌های مختلف

⁶⁷ Superoxide Dismutase; SOD

⁶⁸ Reactive Oxygen Species; ROS

⁶⁹ Iron Superoxide dismutase; FeSOD

⁷⁰ Manganese superoxide dismutase; MnSOD

⁷¹ Copper Zinc Superoxide Dismutase;

Cu/ZnSOD

⁷² Akebia trifoliata

ثبت‌شده برای گیاه جو جستجو گردید. نتایج به‌دست‌آمده نشان داد که ۱۰ عضو شامل HvSnRK2.1 تا HvSnRK2.10 شناسایی شدند که از این تعداد، ۸ عضو تاکنون گزارش نشده بودند. اعضای خانواده SnRK2 در گیاه جو با اعضای مشابه این خانواده در آرابیدوپسیس و برنج هم‌ردیف بودند. همچنین، تعیین جایگاه کروموزومی، آنالیز پروموتور و تعریف ساختار ژن‌ها انجام شد و الگوی بیان هر ژن در اندام‌ها، تیمارها و ارقام مختلف بر اساس داده‌های ریزآرایه مورد بررسی قرار گرفت. یافته‌ها نشان داد که نیمی از اعضای این خانواده بر روی کروموزوم ۲ و سایر اعضا بر روی کروموزوم‌های ۱، ۴، ۵ و ۶ قرار دارند. تعداد اینترون‌ها در اعضای این خانواده از صفر تا ۸ متغیر بود. همچنین، ۱۹ نوع عامل سیس شامل عوامل مؤثر در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی بر روی پروموتور اعضای خانواده ژنی HvSnRK2 شناسایی شد. بیان ژن HvSnRK6.2 تحت تأثیر تنش‌های خشکی، شوری و سرما القا شده و به نظر می‌رسد که این ژن در انتقال پیام‌های مربوط به این تنش‌ها و ایجاد تحمل به آن‌ها نقش مهمی ایفا کند (Panahi Fekur *et al.*, 2014).

در یک مطالعه بر روی گیاه روغنی کلزا، که به شدت تحت تأثیر تنش سرما قرار می‌گیرد، از عناصر سیس شناخته‌شده به عنوان تنظیم‌کننده‌های پاسخ مولکولی گیاه به تنش سرما برای شناسایی ژن‌های مرتبط با تحمل سرما استفاده شد. از مجموع ۶۲۳۸۴ یونیزن موجود در پایگاه داده Genome Brassica Gateway، تعداد ۵۶ ژن مسئول در تحمل سرما شناسایی گردیدند. به منظور

کنجد شناسایی شد. بر اساس روابط اورتولوگی با ژن‌های گیاه مدل آرابیدوپسیس، این ژن‌ها به شش گروه پروتئینی شامل SiCBL1، SiCBL2، SiCBL3، SiCBL4، SiCBL8 و SiCBL10 طبقه‌بندی شدند. پیش‌بینی تغییرات پس از ترجمه در توالی پروتئینی CBL نشان داد که موتیف پالمیتوئیل‌سازی در تمامی پروتئین‌های CBL گیاه کنجد وجود دارد، در حالی که اکثر آنها فاقد موتیف میریستویلاسیون بودند. بررسی ساختار ژنی نشان داد که ۱۱ درصد از ژن‌های SiCBL دارای نه اگزون، ۱۱ درصد دارای هشت اگزون و ۷۷ درصد دارای هفت اگزون هستند. تجزیه و تحلیل الگوی بیان RNA-Seq زیرخانواده SiCBL تحت تیمار پلی اتیلن گلیکول نشان داد که اگرچه اعضای این خانواده در دو رقم حساس و مقاوم الگوی بیانی نسبتاً مشابهی داشتند، اما هر یک از اعضای این خانواده ژنی به دلیل انشقاق عملکردی، از الگوی بیان منحصربه‌فردی برخوردار بودند (Arab *et al.*, 2012).

پروتئین کینازهای SnRK2 به عنوان تنظیم‌کننده‌های کلیدی در پاسخ گیاهان به تنش‌های غیرزیستی شناخته می‌شوند. با توجه به اهمیت اقتصادی و سطح زیر کشت گیاه جو و همچنین تحمل این گیاه به تنش‌های غیرزیستی، در این تحقیق به شناسایی و بررسی اعضای خانواده SnRK2 در گیاه جو پرداخته شد. به منظور این تحقیق، توالی‌های حفظ‌شده خانواده SnRK2 در پایگاه‌های اطلاعاتی مختلف از جمله NCBI و پروژه ژنوم جو با استفاده از ابزار tBLASTn در میان توالی‌های

سورگوم، به همراه ۱۱ توالی پروتئینی شناخته شده از سایر گیاهان، با استفاده از روش نزدیک‌ترین همسایه‌ها ترسیم شد. این تحلیل نشان داد که خانواده NAC به ۱۵ زیرخانواده تقسیم‌بندی می‌شود. از این میان، ۱۳ عضو از خانواده پروتئینی NAC سورگوم به زیرخانواده SNAC های سایر گیاهان پیوستند که احتمالاً در تحمل به تنش‌های غیرزیستی نقش دارند. علاوه بر این، ۱۴ نوع عنصر تنظیمی پاسخ‌دهنده به تنش‌ها و هورمون‌ها در راه‌انداز ژن‌های زیرگروه SNAC پیش‌بینی گردید (Senjari et al., 2017).

miRNAها مولکول‌های کوچک غیرکدکننده و تنظیمی هستند که نقش اساسی در تنظیمات پس از بیان ژن در پاسخ به تنش‌های زیستی و غیرزیستی دارند. در یک مطالعه بر روی گیاه کلزا (*Brassica napus*)، که به عنوان یک منبع مهم دانه روغنی در سطح جهانی شناخته می‌شود، اطلاعات محدودی درباره مکانیسم‌های تنظیمی ژن‌های هدف miRNAهای مرتبط با پاسخ به خشکی موجود است (Sohrabi & Saed-Moucheshi, 2023). در این تحقیق، ژن‌های هدف miRNAهای پاسخ‌دهنده به خشکی شامل، bna-miR860، bna-miR156b، bna-miR156g، bna-miR171a، bna-miR156c، bna-miR395d، bna-miR399b، bna-miR396a، bna-miR395a، bna-miR171e، bna-miR172d، bna-miR399a، bna-miR171d، bna-miR395e و ban-miR395f در کلزا توسط روش‌های بیوانفورماتیکی شناسایی شدند. سپس عملکرد مولکولی، فرآیند بیولوژیکی، اجزای سلولی،

اعتبارسنجی ژن‌های شناسایی شده، آنالیز پروموتور، هستی‌شناسی، هم‌بیانی، برهم‌کنش پروتئین-پروتئین و آنالیز بیان ژن به صورت پیش‌بینی محاسباتی انجام شد. نتایج نشان‌دهنده حضور عناصر سیس معمول پاسخ به سرما در ناحیه پروموتور تمامی ژن‌های شناسایی شده بودند که در مسیرهای بیولوژیکی مختلفی همچون چرخه کالوین، تنفس سلولی و مسیرهای انتقال پیام در بخش‌های مختلف سلول قرار داشتند. بررسی پروموتور، شبکه برهم‌کنش پروتئین-پروتئین و تحلیل فاکتورهای رونویسی دخیل در تنظیم رونویسی ۵۶ ژن شناسایی شده و ۹۸ ژن هم‌بیان آنها، حاکی از وجود سازوکارهای مولکولی و مسیرهای مشابه و مشترک در پاسخ به تنش سرما در گیاه کلزا می‌باشد (Idrisi-Marian et al., 2017).

سورگوم به عنوان یک گیاه مقاوم به خشکی شناخته می‌شود، اما مواجهه با تنش خشکی در دوران قبل و بعد از گلدهی می‌تواند منجر به کاهش عملکرد دانه شود. عوامل رونویسی خانواده NAC نقش کلیدی در سازگاری سورگوم به شرایط خشکی ایفا می‌کنند. در یک مطالعه، اطلاعات مربوط به خانواده پروتئینی NAC از پایگاه‌های داده بیوانفورماتیک جمع‌آوری شد. سپس مدل مخفی مارکوف برای شناسایی دمین (02365PF) NAC در پروتئین‌های سورگوم مورد استفاده قرار گرفت. در مجموع، ۱۸۳ توالی پروتئینی کدشونده که توسط ۱۳۱ مکان ژنی شناسایی شده بودند، استخراج گردید. درخت فیلوژنی بر اساس دمین NAC خانواده ژنی NAC

که در تنظیم بیان پس از رونویسی ۱۳ ژن CaCAs از طریق برش mRNA یا ممانعت از ترجمه دخالت دارند. علاوه بر این، چندین عنصر تنظیمی سیس که به پاسخ به تنش‌ها و هورمون‌ها مربوط می‌شوند، در پیش‌بینی این ژن‌ها شناسایی گردید. بیان متغیر اکثر ژن‌های ZmCaCA در مراحل مختلف رشد و نمو، نقش مشخص آنها در نمو ذرت را نشان می‌دهد. همچنین القاء بیان این ژن‌ها در پاسخ به تنش‌های غیر زیستی (سرما، شوری، خشکی) کارکرد دفاعی ژن‌های ZmCaCA را مشخص نمود. بیشترین افزایش و کاهش بیان ژن مربوط به ژن-های CAX بود (Karami-Lake et al., 2019).

لیپواکسیژنازها^{۷۳} (LOXs) دی‌اکسیژنازهای غیرهم حاوی آهن^{۷۴} هستند که در بسیاری از فرآیندهای رشدی و پاسخ‌دهنده به تنش در گیاهان نقش دارند. در مطالعه‌ای، در تریچه که اطلاعات کمی در مورد اعضای خانواده ژن LOX و عملکرد آنها در پاسخ به تنش‌های زنده و غیر زنده در این گیاه وجود دارد؛ ژن LOX تحت شرایط تنش غیرزیستی و زیستی مورد تجزیه و تحلیل در گسترده ژنوم^{۷۵} قرار گرفت و همچنین پروفایل بیان ژن‌های RsLOX بررسی شد. نتایج این مطالعه نشان داد که ۱۱ ژن RsLOX شناسایی شدند که کدگذاری برای دامنه‌های حفاظت‌شده را انجام می‌دهند. این ژن‌ها بر اساس روابط فیلوژنتیکی به دو دسته ۹-LOX و ۱۳-LOX تقسیم‌بندی شدند. همچنین ویژگی‌های ساختاری

برهم‌کنش پروتئین‌ها و ارتباط مسیرهای عملکردی آنها مورد بررسی قرار گرفت. در مجموع، ۲۲۵ ژن هدف برای miRNAها شناسایی شد. بررسی بیوانفورماتیکی نشان داد که ژن‌های مرتبط با ریبوزوم‌ها، پروتئازوم‌ها و چاپرون‌ها نظیر، HSF4، HSF1، HSF1E، RPN11، RPT1A، RPT2a، RPT4A، RPL9D، RPL36AA، RPS11، RPP1C و HSF2B تحت تاثیر miRNAهای پاسخ‌دهنده به خشکی قرار می‌گیرند و در شرایط تنش خشکی ریبوزوم، پروتئازوم و انواع چاپرون‌ها توسط miRNAها در جهت تنظیم پروتئین‌ها و تحمل تنش تنظیم می‌شوند (Pasandideh –Arjamand et al., 2023).

پروتئین‌های خانواده آنتی‌پورتر یون کلسیم/کاتیون (CaCA) نقش حیاتی در هموستازی یون کلسیم دارند که یک رویداد مهم در طول نمو و پاسخ دفاعی گیاه است. در مطالعه‌ای روی گیاه زراعی ذرت (*Zea mays* L.) با استفاده از داده‌های بانک‌های اطلاعاتی مرتبط، ۱۴ ژن CaCAs در ژنوم ذرت شناسایی و براساس سازماندهی ساختاری و ارتباط تکاملی آنها با پروتئین‌های شناسایی شده به سه گروه CAX، CCX و MHX طبقه‌بندی شدند. بیشتر پروتئین‌های ZmCaCA دارای دو دامین Ca-Na-ex بودند. تمامی ژن‌های شناسایی شده دارای حداقل یک موتیف کارکردی بوده و ساختار ژنی هر زیر گروه CaCA بسیار حفاظت شده است. در پیش‌بینی مولکول‌های miRNA واکنش‌گر نسبت به ژن‌های CaCA در ذرت، ۳۳ نوع miRNA متفاوت شناسایی شد

⁷³ Lipoxygenases (LOXs)

⁷⁴ Non-heme iron-containing dioxygenases involved

⁷⁵ Genome-wide analysis

ارزیابی قرار گرفت. نتایج نشان داد که این ژن در کروموزوم 2 برنج واقع شده است. علاوه بر این، عناصر فعال سیس، از جمله MBS (محل اتصال MYB درگیر در القای خشکی^{۷۷})، ARE (القای بی‌هوازی^{۷۸})، و ABRE (اسید آبسزیک)، در ناحیه پروموتور OsDHN2 شناسایی شدند. تجزیه و تحلیل الگوی بیان نشان داد که بیان OsDHN2 در ریشه‌ها و اندام‌های هوایی تحت تنش کادمیوم افزایش می‌یابد. افزایش بیان OsDHN2 منجر به بهبود تحمل به کادمیوم و کاهش غلظت کادمیوم در مخمرهای تراریخته شد. همچنین، افزایش سطح بیان ژن‌های SOD1، CTA1، GSH1 و CTT1 در مخمرهای تراریخته تحت تنش کادمیوم مشاهده گردید که نشان‌دهنده افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی است (Saed-Moucheshi & Safari, 2022a, b). این نتایج حاکی از آن است که OsDHN2 به‌عنوان یک ژن پاسخگو به کادمیوم، پتانسیل قابل توجهی برای بهبود مقاومت به کادمیوم در برنج دارد (Jiang et al., 2023).

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به چالش‌های روزافزون ناشی از تغییرات اقلیمی و تنش‌های غیرزیستی نظیر خشکی، شوری و دما، پژوهش در زمینه پاسخ گیاهان به این تنش‌ها از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. این تنش‌ها می‌توانند تأثیرات عمیقی بر رشد و توسعه گیاهان داشته باشند و در نتیجه، بر تولید محصولات کشاورزی و امنیت غذایی تأثیرگذار باشند. در

ژن‌های LOX-۹ و LOX-۱۳، شامل حوزه‌های پروتئینی رمزگذاری شده و فرآیند تکامل آنها نیز مورد بررسی قرار گرفت. تحلیل‌های qRT-PCR برای ارزیابی سطح بیان ژن‌های RsLOX در ریشه‌ها تحت شرایط مختلف تنش‌های محیطی، از جمله خشکی، شوری، گرما و سرما، انجام شد. همچنین، پاسخ این ژن‌ها به عفونت ناشی از *Plasmodiophora brassicae* نیز مورد مطالعه قرار گرفت. نتایج نشان داد که سه ژن RsLOX به صورت خوشه‌ای و پشت سر هم در ژنوم قرار دارند و در پاسخ به تنش‌های محیطی مختلف، از طریق مسیر سیگنال‌دهی اسید جاسمونیک فعالیت می‌کنند. یافته‌های این تحقیق حاکی از آن است که تکامل و نقش‌های بیولوژیکی خانواده ژنی RsLOX در سازگاری تریپله به شرایط تنش مؤثر است (Wang et al., 2019).

کادمیوم (Cd) به‌عنوان یک فلز سنگین سمی، یکی از آلاینده‌های اصلی محسوب می‌شود که تأثیرات منفی بر بهره‌وری برنج و امنیت غذایی دارد. با وجود مطالعات متعدد، مکانیسم‌های بنیادی پاسخ گیاهان به کادمیوم هنوز به‌طور کامل مشخص نشده است. پروتئین‌های دهیدرین، که بخشی از خانواده پروتئین‌های فراوان جنین‌زای تاخیری^{۷۶} (LEA) هستند، نقش مهمی در حفاظت گیاهان در برابر تنش‌های غیرزیستی ایفا می‌کنند. در یک مطالعه بیوانفورماتیکی روی گیاه زراعی برنج (*Oryza sativa*)، ژن LEA مرتبط با پاسخ به کادمیوم، به نام OsDHN2، شناسایی و عملکرد آن مورد

⁷⁷ MYB binding site involved in drought-inducibility

⁷⁸ Anaerobic induction

⁷⁶ Late embryogenesis abundant; LEA

و مکانیسم‌های مقابله‌ای کمک کند. نحوه به‌کارگیری نتایج حاصل از این تحقیقات برای بهبود ژنتیکی در برنامه‌های به‌نژادی ضروری است. استفاده از داده‌های ژنومی و متابولیکی برای شناسایی و انتخاب ژن‌های کلیدی مرتبط با تنش‌های غیرزیستی می‌تواند فرآیند اصلاح نژادی را تسریع کند. همچنین، با افزایش جمعیت جهان و نیاز روزافزون به غذا، ضرورت توسعه روش‌های نوین کشاورزی که بتوانند با شرایط متغیر اقلیمی سازگار شوند، بیش از پیش احساس می‌شود. در نهایت، امید است که با ایجاد زیرساخت‌های مناسب و پایگاه‌های داده تخصصی‌تر، نقش بیوانفورماتیک در تحقیقات مربوط به تحمل گیاهان به تنش‌های غیرزیستی بیشتر گردد. تنها در این صورت است که می‌توان از ظرفیت کامل این فناوری‌ها بهره‌برداری کرد و به توسعه پایدار در کشاورزی و امنیت غذایی دست یافت. همچنین، ارائه راهکارهای عملی برای کشاورزان و اصلاح‌گران گیاهی از اهمیت بالایی برخوردار است. برگزاری کارگاه‌ها و دوره‌های آموزشی برای افزایش آگاهی فعالین در بخش کشاورزی از تکنیک‌های نوین اصلاح نژادی نیز می‌تواند به مدیریت مؤثر تنش‌های غیرزیستی کمک کند. با توجه به اهمیت روزافزون این علم، لازم است که محققان و به‌نژادگران با ابزارها و پایگاه‌های داده بیوانفورماتیکی آشنا شوند تا بتوانند به بهترین نحو از آن‌ها در پروژه‌های تحقیقاتی و به‌نژادی خود استفاده کنند.

این راستا، استفاده از فناوری‌های آمیکس و ابزارهای بیوانفورماتیک به عنوان رویکردهای نوین، درک عمیق‌تری از مکانیسم‌های مولکولی و بیولوژیکی مرتبط با تحمل به تنش را فراهم می‌آورد. این فناوری‌ها شامل ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس هستند که به محققان این امکان را می‌دهند تا به بررسی دقیق‌تر تغییرات ژنتیکی و بیوشیمیایی در گیاهان تحت تنش بپردازند. این علم نه تنها به شناسایی ژن‌ها و مسیرهای متابولیکی مؤثر در مقاومت گیاهان کمک می‌کند، بلکه به توسعه گیاهان زراعی با کیفیت و بهره‌وری بالاتر نیز منجر می‌شود. با بهره‌گیری از داده‌های حاصل از این فناوری‌ها، محققان قادر خواهند بود تا گونه‌های گیاهی جدیدی را که تحمل بیشتری به تنش‌های محیطی دارند، شناسایی و پرورش دهند. همچنین، این اطلاعات می‌تواند به بهینه‌سازی روش‌های کشت و مدیریت منابع آب و خاک کمک کند. با این حال، هنوز در مراحل ابتدایی سازماندهی و تحلیل داده‌های حاصل از فناوری‌های آمیکس هستیم. نیاز به هماهنگی و یکپارچگی در ارائه و نگهداری داده‌ها احساس می‌شود. عدم وجود پایگاه‌های داده مناسب و جامع که شامل اطلاعات مربوط به تنش‌های غیرزیستی و پاسخ‌های گیاهی باشد، می‌تواند مانع از پیشرفت تحقیقات در این حوزه شود. ایجاد پایگاه‌های داده تخصصی که شامل اطلاعات جامعی درباره ژن‌ها، پروتئین‌ها و متابولیت‌ها باشد، می‌تواند به تسهیل دسترسی به اطلاعات و ابزارهای لازم برای شناسایی ژن‌ها

References

- Alter, S., Bader, K. C., Spannagl, M., Wang, Y., Bauer, E., Schön, C. C., & Mayer, K. F. 2015. DroughtDB: an expert-curated compilation of plant drought stress genes and their homologs in nine species. *Database*, 15, bav046. <https://doi.org/10.1093/database/bav046>
- Altman, R. B. 2004. Building successful biological databases. *Briefings in Bioinformatics*, 5(1), 4-5. <https://doi.org/10.1093/bib/5.1.4>
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3), 403-410. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., & Lipman, D. J. 1997. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 25 (17), 3389-3402. <https://doi.org/10.1093/nar/25.17.3389>
- Ambrosone, A., Batelli, G., Bostan, H., D'Agostino, N., Chiusano, M.L., Perrotta, G., Leone, A., Grillo, S., & Costa, A. 2017. Distinct gene networks drive differential response to abrupt or gradual water deficit in potato. *Gene*, 597, 30-39. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2016.10.024>
- Amid, C., Birney, E., Bower, L., Cerdeño-Tárraga, A., Cheng, Y., Cleland, I., Faruque, N., Gibson, R., Goodgame, N., Hunter, C., & Jang, M. 2011. Major submissions tool developments at the European nucleotide archive. *Nucleic Acids Research*, 40, D43-D47. <http://dx.doi.org/10.1093/nar/gkr946>
- Anjoy, P., Kumar, K., Chandra, G., & Gaikwad, K. 2024. *Genomics Data Analysis for Crop Improvement*, Springer Protocols Handbooks. P: 1-374. <https://link.springer.com/book/9789819969128>
- Arab, M., Kazemi-Tabar, S.K., Hashemi-Petroudi, & S.H.R. 1400. Bioinformatics analysis of CBL gene family members in *Sesamum indicum* under drought stress. *Crop Biotechnology*, 11(36), 17-31 (In Persian). <https://doi.org/10.30473/cb.2022.62549.1867>
- Arabidopsis Genome Initiative. 2000. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*, 408(6814), 796-815. <https://doi.org/10.1038/35048692>
- Aranzana, M.J., Decroocq, V., Dirlewanger, E., Eduardo, I., Gao, Z.S., Gasic, K., Iezzoni, A., Jung, S., Peace, C., Prieto, H., Tao, R., Verde, I., Abbott A.G., & Arús P. 2019. *Prunus* genetics and applications after *de novo* genome sequencing: Achievements and prospects. *Horticultural Research*, 6, 58. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0140-8>
- Arita, M., Karsch-Mizrachi, I., Cochrane, G. 2021. The international nucleotide sequence database collaboration. *Nucleic Acids Res.*, 49(D1): D121-D124. doi: 10.1093/nar/gkaa967.
- Aslam, B., Basit, M., Nisar, M.A., Khurshid, M., & Rasool, M.H. 2017. Proteomics: Technologies and Their Applications. *Journal of Chromatographic Science*, 55, 182-196. <https://doi.org/10.1093/chromsci/bmw167>
- Attwood, T.K., Gisel, A., Eriksson, N.E., & Bongcam-Rudloff, E. 2011. Concepts, Historical Milestones and the Central Place of Bioinformatics in Modern Biology: a European Perspective. *Bioinformatics-Trends and Methodologies*, 1. DOI: 10.5772/23535
- Balaji, J., Crouch, J.H., Petite, P.V., & Hoisington, D.A. 2006. A database of annotated tentative orthologs from crop abiotic stress transcripts. *Bioinformatics*, 1, 225-227. <http://intranet.icrisat.org/gt1/tog/homepage>

- Barker, W.C., Garavelli J.S., Haft, D.H., Hunt, L.T., Marzec, C.R., Orcutt, B.C., Srinivasarao, G.Y., Yeh, L.S., Ledley, R.S., Mewes, H.W., & Pfeiffer, F. 1998. The PIR-international protein sequence database. *Nucleic Acids Research*, 26: 27-32. doi.org/10.1093/nar/26.1.27
- Benson, D.A., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D.J., Ostell, J., Rapp, B.A., & Wheeler, DL. 2000. GenBank. *Nucleic Acids Research*, 28(1), 15-18. doi.org/10.1093/nar/28.1.15
- Berardini, T.Z., Reiser, L., Li, D., Mezheritsky, Y., Muller, R., Strait, E., & Huala, E. 2015. The Arabidopsis information resource: making and mining the “gold standard” annotated reference plant genome. *Genesis*, 53(8), 474-485. <https://doi.org/10.1002/dvg.22877>
- Berman, H.M., Battistuz, T., Bhat, T.N., Bluhm, W.F., Bourne, P.E., Burkhardt, K., Feng, Z., Gilliland, G.L., Iype, L., Jain, S., & Fagan, P. 2002. The protein data bank. *Acta Crystallogr D Biol Crystallogr*, 58(1), 899-907. doi: 10.1107/s0907444902003451
- Berman, HM., Westbrook, J., Feng, Z., Gilliland, G., Bhat, T.N., Weissig, H., Shindyalov, I.N., & Bourne PE. 2000. The Protein Data Bank. *Nucleic Acids Research*, 28(1): 235-42. doi.org/10.1093/nar/28.1.235
- Blaszczyk, M., Jamroz, M., Kmiecik, S., & Kolinski, A. 2013. CABS-fold: server for the de novo and consensus-based prediction of protein structure. *Nucleic Acids Research*, 41(1), 406-411. doi.org/10.1093/nar/gkt462
- Bludau, I., & Aebersold, R. 2020. Proteomic and interactomic insights into the molecular basis of cell functional diversity. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 21, 327–340. <https://doi.org/10.1038/s41580-020-0231-2>
- Bolser, D., Staines D.M., Pritchard, E., & Kersey, P. 2016. Ensembl Plants: Integrating Tools for Visualizing, Mining, and Analyzing Plant Genomics Data. *Methods Mol Biol.*, 2016;1374:115-40. doi: 10.1007/978-1-4939-3167-5_6.
- Boutet E, Lieberherr D, Tognolli M, Schneider M, Bansal P, Bridge AJ, Poux S, Bougueleret L, Xenarios I. 2016. UniProtKB/Swiss-Prot, the Manually Annotated Section of the UniProt KnowledgeBase: How to Use the Entry View. *Methods Mol Biol.*, 1374, 23-54. doi: 10.1007/978-1-4939-3167-5_2.
- Caligari PDS, Brown J (2017) Plant Breeding, Practice. In: Thomas B, Murray BG, Murphy DJ (eds) *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*, 2nd edn. Academic Press, London. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-394807-6.00195-7>
- Çelik, H., Aravena, A., & Turgut Kara, N. 2023. Bioinformatics and gene expression analysis of the legume F box/WD40 proteins in NaCl and high temperature stress. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(8), 2637–2655. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01592-x>
- Chang, Y., Liu, H., Liu, M., Liao, X., Sahu, S.K., Fu, Y., Song, B., Cheng, S., Kariba, R., & Muthemba, S. 2018. The draft genomes of five agriculturally important African orphan crops. *GigaScience*, 8, Article 10.1093/gigascience/giy152. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giy152>
- Chaturvedi, P., Pierides, I., Zhang, S., Schwarzerova, J., Ghatak, A., & Weckwerth, W. 2024. Multiomics for Crop Improvement. In: *Frontier Technologies for Crop Improvement Sustainability Sciences in Asia and Africa*. Springer Nature Singapore, pp. 107-141. https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-981-99-4673-0_6
- Chen, C., Huang, H., & Wu, C.H. 2017. Protein bioinformatics databases and resources. In: *Protein bioinformatics*. Humana Press, New York, NY. pp: 3-39. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6783-4_1

- Chen, J., Anderson, J.B., DeWeese-Scott, C., Fedorova, N.D., Geer, L.Y., He, S., Hurwitz, D.I., Jackson, J.D., Jacobs, A.R., Lanczycki, C.J., & Liebert, C.A. 2003. MMDB: Entrez's 3D-structure database. *Nucleic Acids Research*, 31(1) 474-477. doi.org/10.1093/nar/30.1.249
- Choudhury, F.K., Rivero, R.M., Eduardo, B., & Mittler, R. 2017. Reactive oxygen species, abiotic stress and stress combination. *The Plant Journal*, 90(5), 856-867. doi: 10.1111/tpj.13299.
- Claros, M. G., Bautista, R., Guerrero-Fernández, D., Benzerki, H., Seoane, P., & Fernández-Pozo, N. 2012. Why assembling plant genome sequences is so challenging. *Biology (Basel)*, 1(2), 439-459. <https://doi.org/10.3390/biology1020439>
- D'Alessandro, A., Taamalli, M., Gevi, F., Timperio, A.M., Zolla, L., Ghnaya, T., 2013. Cadmium stress responses in *Brassica juncea*: Hints from proteomics and metabolomics. *Journal of Proteome Research*, 12, 4979-4997. <https://doi.org/10.1021/pr400793e>
- Delanne, J., Nambot, S., Chassagne, A., Putois, O., Pelissier, A., Peyron, C., Gautier, E., Thevenon, J., Cretin, E., Bruel, A.L. & Goussot, V. 2019. Secondary findings from whole-exome/genome sequencing evaluating stakeholder perspectives. A review of the literature. *European Journal of Medical Genetics*, 62(6), p.103529. <https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2018.08.010>
- Domon, B., & Aebersold, R. 2010. Options and considerations when selecting a quantitative proteomics strategy. *Nature Biotechnology*, 28, 710-721. <https://doi.org/10.1038/nbt.1661>
- Dong, Q., Wallrad, L., Almutairi, B.O., & Kudla, J. 2022. Ca²⁺ signaling in plant responses to abiotic stresses. *Journal of Integrative Plant Biology*, 64, 287-300. <https://doi.org/10.1111/jipb.13228>
- Edgar, R.C. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32, 1792-1797. doi.org/10.1093/nar/gkh340
- Ercolano, M.R., Sacco, A., Ferriello, F., D'Alessandro, R., Tononi, P., Traini, A., Barone, A., Zago, E., Chiusano, M.L., & Buson, G., et al. 2014. Patchwork sequencing of tomato San Marzano and Vesuviano varieties highlights genome-wide variations. *BMC Genomics*, 15, Article 138. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-138>
- Fazan, L., Song, Y. G., & Kozlowski, G. 2020. The woody planet: from past triumph to manmade decline. *Plants (Basel)*, 9(11), 1593. <https://doi.org/10.3390/plants9111593>
- Friesner, R.A., Banks, J.L., Murphy, R.B., Halgren, T.A, Klicic, J.J, Mainz, D.T., Repasky, M.P., Knoll, E.H., Shelley, M., Perry, J.K., & Shaw, D.E. 2004. Glide: a new approach for rapid, accurate docking and scoring. 1. Method and assessment of docking accuracy. *Journal of Medicinal Chemistry*, 47, 1739-1749. <https://doi.org/10.1021/jm0306430>
- Goh, H.H., 2018. Integrative Multi-Omics Through Bioinformatics. *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 1102, 69-80. https://doi.org/10.1007/978-3-319-98758-3_5
- Gomez-Casati, D. F., Busi, M. V., Barchiesi, J., Peralta, D. A., Hedin, N., & Bhadauria, V. 2018. Applications of bioinformatics to plant biotechnology. *Current Issues in Molecular Biology*, 27, 89-104. <https://doi.org/10.21775/cimb.027.089>
- Guex, N., & Peitsch, M.C. 1997. SWISS-MODEL and the Swiss-Pdb viewer: an environment for comparative protein modeling. *Electrophoresis*, 18, 2714-2723. doi: 10.1002/elps.1150181505
- Guo, F., Islam, M.A., Lv, C., Jin, X., Sun, L., Zhao, K., & Sun, D. 2023. Insights into the bioinformatics and transcriptional analysis of the Elongator complexes (ELPs) Gene

- Family of wheat: TaELPs contribute to wheat abiotic stress tolerance and leaf senescence. *Plants*, 12(4), 952. doi: 10.3390/plants12040952
- Guo, M., Liu, X., Wang, J., Li, L., Jiang, Y., Yu, X., & Meng, T. 2020. In-depth investigation on abiotic stress-responsive differentially expressed genes in *Arabidopsis* roots through GEO database. *Journal of Plant Interactions*, 15(1), 294-302. <https://doi.org/10.1080/17429145.2020.1812742>
- Guo, P., Zhang, H., Wang, Y., & Zhang, Z. 2009. Differentially expressed genes between drought-tolerant and drought-sensitive barley genotypes in response to drought stress during the reproductive stage. *Journal of Experimental Botany*, 60, 3531–3544. <https://doi.org/10.1093/jxb/erp194>
- Haq, S. A. U., Bashir, T., Roberts, T. H., & Husaini, A. M. 2024. Ameliorating the effects of multiple stresses on agronomic traits in crops: Modern biotechnological and omics approaches. *Molecular Biology Reports*, 51, 41. <https://doi.org/10.1007/s11033-023-09042-8>
- He, L., Xu, X.Q., Wang, Y., Chen, W.K., Sun, R.Z., Cheng, G., Liu, B., Chen, W., Duan, C.Q., & Wang, J., et al. 2020. Modulation of volatile compound metabolome and transcriptome in grape berries exposed to sunlight under dry-hot climate. *BMC Plant Biology*, 20, Article 59. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-2268-y>
- Hess, B., Kutzner, C., Van Der Spoel, D., & Lindahl, E. 2008. GROMACS 4: algorithms for highly efficient, load-balanced, and scalable molecular simulation. *Journal of Chemical Theory and Computation*, 4, 435-447. doi: 10.1021/ct700301q
- Idrisi-Merian, K.h., Samizadeh Lahijani, H., Hosni, S.H, & Farrokhi, N. 2017. In silico prediction of cold responsive genes in canola by comparative genomics using *Arabidopsis thaliana*. *Crop Biotechnology*, 8(24), 29-46 (In Persian). <https://doi.org/10.30473/cb.2019.40313.1735>
- İncili, Ç.Y., Arslan, B., Çelik, E.N.Y., Ulu, F., Horu, E., Baloglu, M.C., Çağlıyan, E., Burcu, G., Bayarslan, A.U., & Altunoglu, Y.C. 2023. Comparative bioinformatics analysis and abiotic stress responses of expansin proteins in Cucurbitaceae members: watermelon and melon. *Protoplasma*, 260, 509-527. <https://doi.org/10.1007/s00709-022-01793-8>
- Iovieno, P., Punzo, P., Guida, G., Mistretta, C., Van Oosten, M.J., Nurcato, R., Bostan, H., Colantuono, C., Costa, A., & Bagnaresi, P., et al. 2016. Transcriptomic changes drive physiological responses to progressive drought stress and rehydration in tomato. *Frontiers in Plant Science*, 7, 371. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00371>
- Jayaram, B., Dhingra, P., Mishra, A., Kaushik, R., Mukherjee, G., Singh, A., & Shekhar, S. 2014. BhageerathH: a homology/ab initio hybrid server for predicting tertiary structures of monomeric soluble proteins. *BMC Bioinformatics*, 15, 1-12. doi: 10.1186/1471-2105-15-S16-S7
- Jayaram, B., Singh, T., Mukherjee, G., Mathur, A., Shekhar, S., & Shekhar, V. 2012. Sanjeevini: a freely accessible web-server for target directed lead molecule discovery. *BMC Bioinformatics*, 13, 1-13. doi: 10.1186/1471-2105-13-S17-S7
- Jia, X., Sun, C., Zuo, Y., Li, G., Li, G., Ren, L., & Chen, G. 2016. Integrating transcriptomics and metabolomics to characterise the response of *Astragalus membranaceus* Bge. var. *mongolicus* (Bge.) to progressive drought stress. *BMC Genomics*, 17, Article 188. <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-016-2554-0>
- Jiang, W.J., Wang, M.T., Du, Z.Y., Li, J.H, Shi, Y., Wang, X., Wu, L.Y., Chen, J., Zhong, M., Yong, J., Hu, B.H., & Huang, J. 2023. Bioinformatic and functional analysis of

- OsDHN2 under cadmium stress. *Functional and Integrative Genomics*, 23(2), 1-11. <https://doi.org/10.1007/s10142-023-01101-4>
- Jorge, T.F., Rodrigues, J.A., Caldana, C., Schmidt, R., van Dongen, J.T., Thomas-Oates, J., & Antonio, C. 2016. Mass spectrometry-based plant metabolomics: Metabolite responses to abiotic stress. *Mass Spectrometry Reviews*, 35, 620-649. <https://doi.org/10.1002/mas.21449>
- Joshi, S., Kaur, K., Khare, T., Srivastava, A. K., Suprasanna, P., & Kumar, V. 2021. Genome-wide identification, characterization and transcriptional profiling of NHX-type (Na⁺/H⁺) antiporters under salinity stress in soybean. *3 Biotech*, 11, 1-17. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-02555-0>
- Källberg, M., Margaryan, G., Wang, S., Ma, J., Xu, J. 2014. RaptorX server: a resource for template-based protein structure modeling. *Methods Mol Biol.*, 2014;1137:17-27. doi: 10.1007/978-1-4939-0366-5_2. PMID: 24573471.
- Kamali, S., & Singh, A. 2023. Genomic and transcriptomic approaches to developing abiotic stress-resilient crops. *Agronomy*, 13, 2903. <http://dx.doi.org/10.3390/agronomy13122903>
- Kaminuma, E., Kosuge, T., Kodama, Y., Aono, H., Mashima, J., Gojobori, T., Sugawara, H., Ogasawara, O., Takagi, T., Okubo, K., & Nakamura, Y. 2010. DDBJ progress report. *Nucleic Acids Res.*, 39 (Database issue): D22-7. doi: 10.1093/nar/gkq1041.
- Kanehisa, M., & Goto, S. 2000. KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes. *Nucleic Acids Res.*, 28(1):27-30. doi: 10.1093/nar/28.1.27.
- Karami-Lake, B., Sohani, M.M., & Abedi, A. 2019. Bioinformatical study of Calcium/cation (CaCA) antiporters gene family in maize (*Zea mays* L.). *Crop Biotechnology*, 9(29), 21-37 (In Persian). doi: 10.3389/fpls.2016.01775. eCollection 2016
- Katoh, K., Kuma, K.I., Toh, H., Miyata, T. 2005. MAFFT version 5: improvement in accuracy of multiple sequence alignment. *Nucleic Acids Research*, 33, 511-518. doi: [10.1093/nar/gki198](https://doi.org/10.1093/nar/gki198)
- Keller, M., Consortium, S., & Simm, S. 2018. The coupling of transcriptome and proteome adaptation during development and heat stress response of tomato pollen. *BMC Genomics*, 19, 447. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4824-5>
- Kim, D.E., Chivian, D., & Baker, D. 2004. Protein structure prediction and analysis using the Robetta server. *Nucleic Acids Research*, 32, W526-W531. doi.org/10.1093/nar/gkh468
- Kyriakidou, M., Tai, H. H., Anglin, N. L., Ellis, D., & Strömvik, M. V. 2018. Current strategies of polyploid plant genome sequence assembly. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1660. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01660>
- Kumar, A., Pathak, R.K., Gupta, S.M., Gaur, V.S., & Pandey, D. 2015. Systems biology for smart crops and agricultural innovation: Filling the gaps between genotype and phenotype for complex traits linked with robust agricultural productivity and sustainability. *OMICS: A Journal of Integrative Biology*, 19, 581-601. <https://doi.org/10.1089/omi.2015.0106>
- Kumar, S.A., Kumari, P.H., Sundararajan, V.S., Suravajhala, P., Kanagasabai, R., & Kishor, P.K. 2014. PSPDB: plant stress protein database. *Plant Molecular Biology Reporter*, 32(4), 940-942. doi: 10.1007/s11105-014-0698-0
- Kwon, S.-W., Kim, M., Kim, H., & Lee, J. 2016. Shotgun quantitative proteomic analysis of proteins responding to drought stress in *Brassica rapa* L. (Inbred Line "Chiifu"). *International Journal of Genomics*, 2016, 9. <https://doi.org/10.1155/2016/4235808>
- Lambert, C., Leonard, N., De Bolle, X., & Depiereux, E. 2002. ESyPred3D: prediction of proteins 3D structures. *Bioinformatics*, 18, 1250-1256. doi: 10.1093/bioinformatics/18.9.1250

- Le, D.T., Kim, H., Nguyen, K.T., et al. 2012. Differential gene expression in soybean leaf tissues at late developmental stages under drought stress revealed by genome-wide transcriptome analysis. *PLoS One*, 7, 49522. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049522>
- Levitt, J. 1980. Responses of Plants to Environmental Stress. In *Water, Radiation, Salt and other Stress*. New York: Academic Press, 1, 345-447. <https://doi.org/10.1126/science.177.4051.786.a>
- Li, H., Zhao, Q., Sun, X., Jia, H., & Ran, K. 2017. Bioinformatic identification and expression analysis of the *Malus domestica* DREB2 transcription factors in different tissues and abiotic stress. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 26, 436-443. <https://doi.org/10.1007/s13562-017-0405-y>
- Lindemose, S., O'Shea, C., Jensen, M. K., & Skriver, K. 2013. Structure, function and networks of transcription factors involved in abiotic stress responses. *International Journal of Molecular Sciences*, 14, 5842-5878. <https://doi.org/10.3390/ijms14035842>
- Liu, M., Yu, H., Zhao, G., Huang, Q., Lu, Y., Ouyang, B. 2017. Profiling of drought-responsive microRNA and mRNA in tomato using high-throughput sequencing. *BMC Genomics*, 18, 481. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3869-1>
- Liu, Y., Zhou, J., & White, K.P. 2014. RNA-seq differential expression studies: More sequence or more replication? *Bioinformatics*, 30(3), 301-304. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt688>
- Lopez de Maturana, E., Alonso, L., Alarcon, P., Martin-Antoniano, I.A., Pineda, S., Piorno, L., Calle, M.L., & Malats, N. 2019. Challenges in the Integration of Omics and Non-Omics Data. *Genes*, 10, 238. <https://doi.org/10.3390/genes10030238>
- Luscombe, N.M., Greenbaum, D., & Gerstein, M. 2001. What is bioinformatics? An introduction and overview. *Yearbook of Medical Informatics*, 10(01), 83-100. <http://dx.doi.org/10.1055/s-0038-1638103>
- Meena, K.K., Sorty, A.M., Bitla, U.M., Choudhary, K., Gupta, P., Pareek, A., ... & Minhas, P.S. 2017. Abiotic Stress Responses and Microbe-Mediated Mitigation in Plants: The Omics Strategies. *Frontiers in Plant Science*, 8, 172. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.0017>
- Michaletti, A., Naghavi, M.R., Toorchi, M., Zolla, L., & Rinalducci, S. 2018. Metabolomics and proteomics reveal drought-stress responses of leaf tissues from spring-wheat. *Scientific Reports*, 8, 5710. <https://www.nature.com/articles/s41598-018-24012-y>
- Moraes Filho, R.M., Menezes, A.F., & Martins, L.S. 2017. *In silico* modeling and characterization of phytoparasitic nematodes translationally-controlled tumor proteins. *Genetics and Molecular Research*, 16(3), 1-11. doi: 10.4238/gmr16039800.
- Morgenstern, B. 1999. DIALIGN 2: improvement of the segment-to-segment approach to multiple sequence alignment. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 15(3), 211-218. doi: 10.1093/bioinformatics/15.3.211
- Morris, G.M., Huey, R., Lindstrom, W., Sanner, M.F., Belew, R.K., Goodsell, D.S., & Olson, A.J. 2009. AutoDock4 and AutoDockTools4: automated docking with selective receptor flexibility. *Journal of Computational Chemistry*, 30, 2785-2791. doi: 10.1002/jcc.21256.
- Mount, D.M. 2004. *Bioinformatics: sequence and genome analysis* (2nd Ed.). Cold Spring Harbor, NY : Cold Spring Harbor Laboratory Press, 652p. <http://www.bioinformaticsonline.org/>
- Mousavi, S.A., Pouya, F.M., Ghaffari, M.R., Mirzaei, M., Ghaffari, A., Alikhani, M., Ghareyazie, M., Komatsu, S., Haynes, P.A., & Salekdeh, G.H. 2016. PlantPReS: a

- database for plant proteome response to stress. *Journal of Proteome Research*, 143, 69-72. doi: 10.1016/j.jprot.2016.03.009
- Muscolo, A., Junker, A., Klukas, C., Weigelt-Fischer, K., Riewe, D., & Altmann, T. 2015. Phenotypic and metabolic responses to drought and salinity of four contrasting lentil accessions. *Journal of Experimental Botany*, 66, 5467-5480. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv208>
- Mykles, D.L., Burnett, K.G., Durica, D.S., Joyce, B.L., McCarthy, F.M., Schmidt, C.J., & Stillman, J.H. 2016. Resources and recommendations for using transcriptomics to address grand challenges in comparative biology. *Integrative and Comparative Biology*, 56, 1183-1191. <https://doi.org/10.1093/icb/icw083>
- Naika, M., Shameer, K., Mathew, O.K., Gowda, R., & Sowdhamini, R. 2013. STIFDB2: an updated version of plant stress-responsive transcription factor database with additional stress signals, stress-responsive transcription factor binding sites and stress-responsive genes in *Arabidopsis* and rice. *Plant and Cell Physiology*, 54(2), 1-15. doi: 10.1093/pcp/pcs185
- Nakabayashi, R., & Saito, K. 2015. Integrated metabolomics for abiotic stress responses in plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 24, 10-16. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2015.01.003>
- Naseri, R., Cheghamirza, K., Mohammadi, R., Zarei, L. & Beheshti Aleagha, A. 2023. Localization of QTLs controlling flagleaf and peduncle related traits in durum wheat. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 2 (1), 42-63. (In Persian) doi:10.22126/cbb.2023.8638.1030
- Nawaz, M., Iqbal, N., Idrees, S., & Ullah, I. 2014. DREB1A from *Oryza sativa* var. IR6: homology modelling and molecular docking. *Turkish Journal of Botany*, 38, 1095-1102. doi: 10.3906/bot-1403-45
- Needleman, S.B., & Wunsch, C.D. (1970) A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *J Mol Biol* 48:443-453
- Nielsen, M., Lundegaard, C., Lund, O., & Petersen, T.N. 2010. CPHmodels-3.0-remote homology modeling using structure-guided sequence profiles. *Nucleic Acids Research*, 38, W576-W581. doi: 10.1093/nar/gkq535.
- Notredame, C., Higgins, D.G., & Heringa, J. 2000. T-coffee: a novel method for fast and accurate multiple sequence alignment. *Journal of Molecular Biology*, 302, 205-217. doi: 10.1006/jmbi.2000.4042.
- Ohyanagi, H., Takano, T., Terashima, S., Kobayashi, M., Kanno, M., Morimoto, K., et al. 2015. Plant Omics Data Center: an integrated web repository for interspecies gene expression networks with NLP-based curation. *Plant Cell Physiology*, 56(1), e9. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcu188>
- Ong, Q., Nguyen, P., Thao, N. P., & Le, L. 2016. Bioinformatics approach in plant genomic research. *Current Genomics*, 17(4), 368-378. (In Persian) <https://doi.org/10.2174/1389202917666160331202956>
- Panahi-Fakour, Y., Shabar, Z., Pourabed, A., Qane Golmohammadi, F., & Razavi, S.M. 2014. In silico characterization and expression analysis of SnRK2 family in barley. *Crop Biotechnology*, 4(12), 25-38 (In Persian) <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.22520783.1394.5.12.3.6>

- Pandey, M.K., Bentley, A., Desmae, H., Roorkiwal, M., & Varshney, R.K. 2024. *Frontier Technologies for Crop Improvement*. Springer, p: 276. https://doi.org/10.1007/978-981-99-4673-0_1
- Parida, A.K., Panda, A., & Rangani, J. 2018. Metabolomics-guided elucidation of abiotic stress tolerance mechanisms in plants. In: *Plant Metabolites and Regulation under Environmental Stress*. Academic Press, San Diego, CA, pp: 89-131. <https://doi.org/10.3390/metabo11070445>
- Pasandideh-Arjamand, M., Samizadeh Lahiji, H., Bigloui, M.H., & Mohsenzadeh Golfzani, M. 2023. In silico identification of drought responsive miRNAs target genes in Canola (*Brassica napus*). *Plant Research Journal (Iranian Biology Journal) (Scientific)*, 36(2), 110-126 (In Persian). <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.23832592.1402.36.2.1.4>
- Peace, C.P., Bianco, L., Troggo, M., van de Weg, E., Howard, N.P., Cornille, A., Durel, C.-E., Myles, S., Migicovsky, Z., Schaffer, R.J., et al. 2019. Apple whole genome sequences: Recent advances and new prospects. *Horticulture Research*, 6, Article 59. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0141-7>
- Pearlman, D.A., Case, D.A., Caldwell, J.W., Ross, W.S., Cheatham, T.E., DeBolt, S., Ferguson, D., Seibel, G., & Kollman, P. 1995. AMBER, a package of computer programs for applying molecular mechanics, normal mode analysis, molecular dynamics and free energy calculations to simulate the structural and energetic properties of molecules. *Computer Physics Communications*, 91, 1-41. [https://doi.org/10.1016/0010-4655\(95\)00041-D](https://doi.org/10.1016/0010-4655(95)00041-D)
- pearson, W.R. 1990. Rapid and sensitive sequence comparison with FASTP and FASTA. *Methods in Enzymology*, 183, 63-98. doi: 10.1016/0076-6879(90)83007-v
- Pearson, W.R., & Lipman, D.J. 1988. Improved tools for biological sequence comparison. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 85(8), 2444-2448. doi: 10.1073/pnas.85.8.2444.
- Piasecka, A., Kachlicki, P., & Stobiecki, M. 2019. Analytical methods for detection of plant metabolomes changes in response to biotic and abiotic stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, 20, 379. <https://doi.org/10.3390/ijms20020379>
- Platten JD, Cobb JN, Zantua RE (2019) Criteria for evaluating molecular markers: Comprehensive quality metrics to improve marker-assisted selection. *PLoS One* 14(1):e0210529. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0210529>
- Prabha, R., Ghosh, I., & Singh, D.P. 2011. Plant stress gene database: a collection of plant genes responding to stress condition. *ARNP Journal of Science and Technology*, 1, 28-31
- Prieto, G., Aloria, K., Osinalde, N., Fullaondo, A., Arizmendi, J.M., & Matthiesen, R. 2012. PAnalyzer: A software tool for protein inference in shotgun proteomics. *BMC Bioinformatics*, 13, Article 288. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-288>
- Priya, P., & Jain, M. 2013. RiceSRTFDB: A database of rice transcription factors containing comprehensive expression, cis-regulatory element and mutant information to facilitate gene function analysis. *Database*, bat027. doi: 10.1093/database/bat027. Print 2013.
- Purty, R.S., Sachar, M., & Chatterjee, S. 2017. Structural and expression analysis of salinity stress responsive phosphoserine phosphatase from *Brassica juncea* (L.). *Journal of Proteomics Bioinformatics*, 10, 119-127. doi: [10.4172/jpb.1000432](https://doi.org/10.4172/jpb.1000432)
- Rabilloud, T. 2014. How to use 2D gel electrophoresis in plant proteomics. *Methods in Molecular Biology*, 1072, 43-50. https://doi.org/10.1007/978-1-62703-631-3_4
- Rabilloud, T., & Lelong, C. 2011. Two-dimensional gel electrophoresis in proteomics: A tutorial. *Journal of Proteomics*, 74, 1829-1841. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2011.05.040>

- Redman, J.C., Haas, B.J., Tanimoto, G., & Town, C.D. 2004. Development and evaluation of an Arabidopsis whole genome Affymetrix probe array. *Plant Journal*, 38, 545561. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2004.02061.x>
- Rice, P., Longden, I., & Bleasby, A. 2000. EMBOSS: the European molecular biology open software suite. *Trends in Genetics*, 16: 276-277. doi: 10.1016/s0168-9525(00)02024-2.
- Rodziewicz, P., Swarcewicz, B., Chmielewska, K., Wojakowska, A., & Stobiecki, M. 2014. Influence of abiotic stresses on plant proteome and metabolome changes. *Acta Physiologiae Plantarum*, 36, 1-9. <https://doi.org/10.1007/s11738-013-1402-y>
- Saed-Moucheshi, A., & Safari, H. 2022. Superoxide Dismutase Enzyme Expression in Root and Shoot of Triticale Seedlings under Drought Stress Conditions. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 1(4), 481-495. (In Persian) doi: 10.22126/cbb.2023.8680.1033
- Saed-Moucheshi, A., & Safari, H. 2022. Investigation of regulatory elements related to superoxide dismutase enzyme genes in wheat. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 2(1), 64-73. (In Persian) doi: 10.22126/cbb.2023.8692.1034
- Saed-Moucheshi, A., Sohrabi, F., Fasihfar, E., Baniasadi, F., Riasat, M., & Mozafari, A. A. 2021. Superoxide dismutase (SOD) as a selection criterion for triticale grain yield under drought stress: a comprehensive study on genomics and expression profiling, bioinformatics, heritability, and phenotypic variability. *BMC Plant Biol.*, 21, 148. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02919-5>
- Sahoo, J. P., Sahoo, J., Behera, L., Sharma, S. S., Praveena, J., Nayak, S. K., & Samal, K. C. 2020. Omics studies and systems biology perspective towards abiotic stress response in plants. *American Journal of Plant Sciences*, 11, 2172-2194. <https://doi.org/10.4236/ajps.2020.1112152>
- Schatz, M. C., Witkowski, J., & McCombie, W. R. 2012. Current challenges in de novo plant genome sequencing and assembly. *Genome Biology*, 13(4), 243. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-4-243>
- Schena, M., Shalon, D., Davis, R.W., & Brown, P.O. 1995. Quantitative Monitoring of Gene Expression Patterns with a Complementary DNA Microarray. *Science*, 270, 467-470. <https://doi.org/10.1126/science.270.5235>
- Schwede, T., Kopp, J., Guex, N., & Peitsch, M.C. 2003. SWISS-MODEL: An Automated Protein Homology-Modeling Server. *Nucleic Acids Research*, 31, 3381-3385. doi: 10.1093/nar/gkg520.
- Senjari, S., Shirzadian Khorramabad, R., Shabar, Z., & Shahbazi, M. 2017. Phylogenetic Analysis of NAC Gene Family in Grain Sorghum and Investigation of the Expression Pattern of the Involved Members in Response to Drought Stress. *Crop Biotechnology*, 7(21), 1-15 (In Persian). <https://dor.isc.ac/dor/20.1001.1.22520783.1397.8.21.1.3>
- Sham, A., & Aly, M.A. 2012. Bioinformatics based comparative analysis of Omega-3 fatty acids in desert plants and their role in stress resistance and tolerance. *International Journal of Plant Sciences*, 2, 80-89. doi: [10.5923/j.plant.20120203.06](https://doi.org/10.5923/j.plant.20120203.06)
- Shameer, K., Ambika, S., Varghese, S.M., Karaba, N., Udayakumar, M., & Sowdhamini, R. 2009. STIFDB: Arabidopsis Stress Responsive Transcription Factor Database. *International Journal of Plant Genomics*, 2009(1), 583429. doi: 10.1155/2009/583429.
- Sharma, V., Munjal, A., & Shanker, A. 2016. *A Textbook of Bioinformatics* (2nd ed.). Rastogi Publications: Meerut.
- Shen, Y., Maupetit, J., Derreumaux, P., & Tufféry, P. 2014. Improved PEP-FOLD Approach for Peptide and Mini-protein Structure Prediction. *Journal of Chemical Theory and Computation*, 10, 4745-4758. doi: 10.1021/ct500592m

- Silva-Sanchez, C., Li, H., & Chen, S. 2015. Recent Advances and Challenges in Plant Phospho-Proteomics. *Proteomics*, 15, 1127–1141. <https://doi.org/10.1002/pmic.201400410>
- Singh, B., Mehta, S., Tiwari, M., & Bhatia, S. 2018. Legume Breeding for Fungal Resistance: A Lesson to Learn in Molecular Approaches for Plant Improvement. Kalpaz Publication, New Delhi. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-011-0367-4>
- Smita, S., Lenka, S.K., Katiyar, A., Jaiswal, P., Preece, J., & Bansal, K.C. 2011. QlicRice: A Web Interface for Abiotic Stress Responsive QTL and Loci Interaction Channels in Rice. Database, 2011: bar037. doi: 10.1093/database/bar037.
- Smith, K. 2013. A Brief History of NCBI's Formation and Growth. *The NCBI Handbook*, 4p.
- Smith, T.F. 1990. The History of the Genetic Sequence Databases. *Genomics*, 6(4), 701-707.
- Smith, T.F., & Waterman, M.S. 1981. Identification of Common Molecular Subsequences. *Journal of Molecular Biology*, 147, 195-197. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(81\)90087-5](https://doi.org/10.1016/0022-2836(81)90087-5)
- Sohrabi, F., & Saed-Moucheshi, A. 2023. A review on biological roles of long non-coding RNAs (LncRNAs) in plants: A focus on cereal crops. *Cereal Biotechnology and Biochemistry*, 2(4), 481-501. (In Persian) doi: 10.22126/cbb.2024.9699.1055
- Strasser, B.J. 2008. GenBank—Natural History in the 21st Century? *Science*, 322(5901), 537-538. DOI: [10.1126/science.1163399](https://doi.org/10.1126/science.1163399)
- Tan, Y. C., Kumar, A. U., Wong, Y. P., & Ling, A. P. K. 2022. Bioinformatics approaches and applications in plant biotechnology. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 20(1), 106. <https://doi.org/10.1186/s43141-022-00394-5>
- Tang G, Qin J, Dolnikowski GG, Russell RM, Grusak MA (2009) Golden Rice is an effective source of vitamin A. *Am J Clin Nutr* 89(6):1776–1783. <https://doi.org/10.3945/ajcn.2008.27119>
- Tapprich, W.E., Reichart, L., Simon, D.M., Duncan, G., McClung, W., Grandgenett, N., & Pauley, M.A. 2021. An Instructional Definition and Assessment Rubric for Bioinformatics Instruction. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 49(1), 38-45. doi: 10.1002/bmb.21361
- Thompson, J.D., Higgins, D.G., & Gibson, T.J. 1994. CLUSTAL W: Improving the Sensitivity of Progressive Multiple Sequence Alignment Through Sequence Weighting, Position-Specific Gap Penalties and Weight Matrix Choice. *Nucleic Acids Research*, 22, 4673-4680. doi: 10.1093/nar/22.22.4673.
- Tohge, T., & Fernie, A.R. 2015. Metabolomics-Inspired Insight into Developmental, Environmental and Genetic Aspects of Tomato Fruit Chemical Composition and Quality. *Plant Cell Physiology*, 56, 1681-1696. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcv093>
- Tranchida-Lombardo, V., Aiese Cigliano, R., Anzar, I., Landi, S., Palombieri, S., Colantuono, C., Bostan, H., Termolino, P., Aversano, R., Batelli, G., et al. 2018. Whole-Genome Re-Sequencing of Two Italian Tomato Landraces Reveals Sequence Variations in Genes Associated with Stress Tolerance, Fruit Quality and Long Shelf-Life Traits. *DNA Research*, 25, 149-160. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsx045>
- Trott, O., & Olson, A.J. 2010. AutoDock Vina: Improving the Speed and Accuracy of Docking with a New Scoring Function, Efficient Optimization, and Multithreading. *Journal of Computational Chemistry*, 31, 455-461. doi: [10.1002/jcc.21334](https://doi.org/10.1002/jcc.21334)
- Wang, J., Hu, T., Wang, W., Hu, H., Wei, Q., Wei, X., & Bao, C. 2019. Bioinformatics Analysis of the Lipxygenase Gene Family in Radish (*Raphanus sativus*) and Functional

- Characterization in Response to Abiotic and Biotic Stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(23), 6095. doi: 10.3390/ijms20236095
- Wang, L., Guo, Z., Zhang, Y., Wang, Y., Yang, G., Yang, L., Wang, R., & Xie, Z. 2017. Characterization of LhSorP5CS, a Gene Catalyzing Proline Synthesis in Oriental Hybrid Lily Sorbonne: Molecular Modelling and Expression Analysis. *Botanical Studies*, 58, 1-8. <https://doi.org/10.1186/s40529-017-0163-0>
- Wang, W.W., Zheng, C., Hao, W.J., Ma, C.L., Ma, J.Q., Ni, D.J., & Chen, L. 2018. Transcriptome and Metabolome Analysis Reveal Candidate Genes and Biochemicals Involved in Tea Geometrid Defense in *Camellia sinensis*. *PLoS ONE*, 13, e0201670. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201670>
- Wang, Y., Hu, Z., Shang, D., Xue, Y., Islam, A.T., & Chen, S. 2020. Effects of Warming and Elevated O₃ Concentrations on N₂O Emission and Soil Nitrification and Denitrification Rates in a Wheat-Soybean Rotation Cropland. *Environmental Pollution*, 257, 113556. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2019.113556>
- Wang, Z., Gerstein, M., & Snyder, M. 2009. RNA-Seq: A Revolutionary Tool for Transcriptomics. *Nature Reviews Genetics*, 10, 57-63. <https://doi.org/10.1038/nrg2484>
- Webb, B., & Sali, A. 2014. Protein Structure Modeling with MODELLER. *Protein Structure Prediction 2014*: 1-15. doi: 10.1007/978-1-4939-0366-5_1.
- Wheeler, D.L., Barrett, T., Benson, D.A., Bryant, S.H., Canese, K., Chetvernin, V., Church, D.M., DiCuccio, M., Edgar, R., Federhen, S., & Feolo, M. 2007. Database Resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Research*, 36, D13-D21. doi: 10.1093/nar/gkaa892.
- Wickett, N.J., Mirarab, S., Nguyen, N., Warnow, T., Carpenter, E., Matasci, N., Ayyampalayam, S., Barker, M.S., Burleigh, J.G., Gitzendanner, M.A., et al. 2014. Phylotranscriptomic Analysis of the Origin and Early Diversification of Land Plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 111, E4859-E4868. <https://doi.org/10.1073/pnas.1323926111>
- Wong, D.C.J. 2019. Harnessing Integrated Omics Approaches for Plant Specialized Metabolism Research: New Insights into Shikonin Biosynthesis. *Plant Cell Physiology*, 60, 4-6. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcy230>
- Wu, S., & Zhang, Y. 2007. LOMETS: A Local Meta-Threading-Server for Protein Structure Prediction. *Nucleic Acids Research*, 35, 3375-3382. doi: 10.1093/nar/gkm251
- Xiao, B.Z., Chen, X., Xiang, C.B., Tang, N., Zhang, Q.F., Xiong, L.Z. 2009. Evaluation of seven function known candidate genes for their effects on improving drought resistance of transgenic rice under field conditions. *Mol Plant*. 2(1), 73-83. <https://doi.org/10.1093/mp/ssn068>
- Xiong, L., & Zhu, J.K. 2002. Molecular and Genetic Aspects of Plant Responses to Osmotic Stress. *Plant Cell and Environment*, 25, 131-139. doi: 10.1046/j.1365-3040.2002.00782.x
- Xiong, L., Schumaker, K.S., & Zhu, J.K. 2002. Cell Signaling during Cold, Drought, and Salt Stress. *Plant Cell*, 14, S165. <https://doi.org/10.1105/tpc.000596>
- Yang, H., Zhang, Q., Zhong, S., Yang, H., Ren, T., Chen, C., Luo, P. 2023. Genome-Wide Identification of Superoxide Dismutase and Expression in Response to Fruit Development and Biological Stress in *Akebia trifoliata*: A Bioinformatics Study. *Antioxidants*, 12(3), 726. <https://doi.org/10.3390/antiox12030726>
- Yang, J., Yan, R., Roy, A., Xu, D., Poisson, J., & Zhang, Y. 2015. The I-TASSER Suite: Protein Structure and Function Prediction. *Nature Methods*, 12, 7-8. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3213>

- Yang, J.M., Chen, C.C. 2004. GEMDOCK: A Generic Evolutionary Method for Molecular Docking. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, 55, 288-304. doi: 10.1002/prot.20035.
- Yang, Y., & Guo, Y. 2018. Elucidating the Molecular Mechanisms Mediating Plant Salt-Stress Responses. *New Phytologist*, 217, 523–539. <https://doi.org/10.1111/nph.14920>
- Zhang, F., Ge, W., Ruan, G., Cai, X., & Guo, T. 2020. Data-Independent Acquisition Mass Spectrometry-Based Proteomics and Software Tools: A Glimpse in 2020. *Proteomics*, 1900276. doi: 10.1002/pmic.201900276.
- Zhang, H., Zhao, Y., & Zhu, J.-K. 2020. Thriving under stress: How plants balance growth and the stress response. *Developmental Cell*, 55, 529–543. <https://doi.org/10.1016/j.devcel.2020.10.012>
- Zhang, H., Zhu, J., Gong, Z., & Zhu, J.-K. 2022. Abiotic stress responses in plants. *Nature Reviews Genetics*, 23, 104–119. <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00413-0>
- Zhang, S., Yue, Y., Sheng, L., Wu, Y., Fan, G., Li, A., Hu, X., Shang Guan, M., & Wei, C. 2013. PASmiR: A Literature Curated Database for miRNA Molecular Regulation in Plant Response to Abiotic Stress. *BMC Plant Biology*, 13, 1-8. doi: 10.1186/1471-2229-13-33.
- Zhang, X., Ibrahim, Z., Khaskheli, M.B., Raza, H., Zhou, F., & Shamsi, I.H. 2024. Integrative Approaches to Abiotic Stress Management in Crops: Combining Bioinformatics Educational Tools and Artificial Intelligence Applications. *Sustainability*, 16(17), 7651. <https://doi.org/10.3390/su16177651>
- Zhu, J.K. 2016. Abiotic Stress Signaling and Responses in Plants. *Cell*, 167(2), 313-324. doi: 10.1016/j.cell.2016.08.029