

تأثیر هورمون اسید آبسزیک و سیتوکینین بر بیان ژن فلاونول سنتاز (*FLS*) در گیاه علف مورچه (*Cressa cretica*)

Influence of abscisic acid and cytokinin hormones on flavonol synthase (*FLS*) gene expression in alkali weed (*Cressa cretica*)

داود نادری^{۱*}، محمود سلوکی^۱، پراتعلی فاخری^۱

۱- به ترتیب دانشجوی کارشناسی ارشد و دانشیاران، دانشگاه زابل، ایران

Naderi D^{*1}, Solouki M¹, Fakheri B¹

1- MSc Student, Associate Professors, University of Zabol, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: naderi.davoud02@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۹۳/۵/۱۲ - تاریخ پذیرش: ۹۴/۲/۱۵)

چکیده

در این مطالعه، بیان ژن فلاونول سنتاز (*FLS*) در نمونه‌های تیمار شده با کاربرد خارجی هورمون اسید آبسزیک با غلظت ۳۰۰ ppm در مرحله رویشی و پس از گذشت ۴ ماه از رشد گیاه اسپری در دو زمان به فاصله ۸ روز و غلظت ۵۰۰ ppm ABA و BAP با استفاده از روش Real Time PCR، بررسی شد. هدف از بررسی اثر هورمون اسید آبسزیک در دو زمان، بررسی اثر غلظت و مدت زمان ماندگاری هورمون اسید آبسزیک در گیاه علف مورچه بر روی بیان ژن *FLS* بود. تجزیه داده‌ها با روش «پافل و REST» انجام شد. ارزیابی داده‌ها با استفاده از نرم افزار SAS و از طریق آزمون دانکن نشان داد که میانگین تغییرات بیان ژن فلاونول سنتاز برای تیمارها در مقایسه با شاهد ۲/۴ - ۱/۴ برابر شد. تیمار دوم که به کارگیری مرحله دوم هورمون اسید آبسزیک با غلظت ۳۰۰ ppm است، بیش‌ترین تأثیر را در بیان ژن فلاونول سنتاز داشت و در سطح یک درصد معنی‌دار شد ($p < 0.01$). مرحله اول به کارگیری هورمون اسید آبسزیک در بیان ژن فلاونول سنتاز نیز تأثیر داشت اما میزان بیان ژن ناچیز بود. تحلیل نتایج و مقایسه میزان بیان ژن *FLS* در دو زمان نشان داد که هر چه هورمون اسید آبسزیک در گیاه بیشتر باقی بماند میزان بیان ژن فلاونول سنتاز بیشتر خواهد بود. بیان ژن *FLS* طی به کارگیری ۵۰۰ ppm هورمون سیتوکینین افزایش می‌یابد. طی مقایسه دو روش پافل و نرم افزار REST، روش پافل به‌منظور تجزیه داده‌ها پیشنهاد می‌شود.

واژه‌های کلیدی

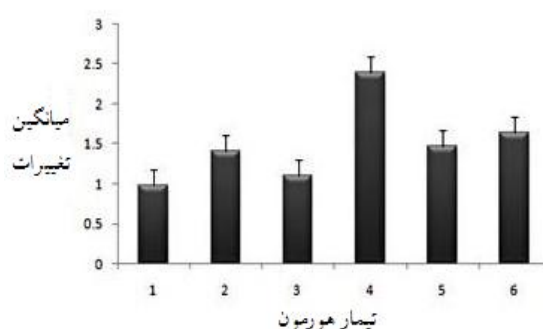
روش پافل
طب سنتی *Cressa cretica*
علف مورچه
REST

میزان ماده کوثرستین و مایریستین (Myricetin) تنها در مرحله اول به کارگیری هورمون افزایش یافت.

این تحقیق در پژوهشکده زیست فناوری (بیوسنتر) دانشگاه زابل انجام شد. بذور گیاه علف مورچه (*Cressa cretica*) از طریق جمع‌آوری از محیط طبیعی آماده و در تعدادی گلدان کشت داده شد. پژوهش حاضر به صورت یک طرح کامل تصادفی با چهار تیمار و سه تکرار انجام گرفت. تیمارها شامل اسپری هورمون اسید آبزیک در دو زمان و هر زمان با فاصله ۸ روز با غلظت ۳۰۰ ppm (Amandeep et al. 2011) و همچنین غلظت ۵۰۰ ppm از هورمون اسید آبزیک و سیتوکینین به صورت تک مرحله‌ای انجام شد (Waterland et al. 2010). استخراج RNA کل از برگ‌های تازه و فعال در مرحله رویشی و پس از گذشت ۴ ماه از رشد گیاه انجام شد. این عمل به تعداد ۳ تکرار برای هریک از نمونه‌های شاهد و تیمار بر اساس دستورالعمل کیت Cinna Pure RNA Kit (سیناژن) صورت گرفت. درصد خلوص و میزان RNA استخراجی از طریق دستگاه بیوفتومتر تعیین و نسبت جذب نوری در طول موج‌های ۲۶۰ و ۲۸۰ نانومتر تعیین شد. نمونه‌هایی که دارای OD ۲۶۰/۲۸۰ در محدوده ۱/۷ تا ۲/۱ بودند، جهت سنتز cDNA به کار گرفته شد. به منظور اثبات عدم آلودگی نمونه‌ها به DNA ژنومی، از نمونه کنترل منفی استفاده شد. به منظور انجام واکنش رونویسی معکوس (سنتز cDNA)، از Total RNA و غلظت ۱۰ µg بر اساس دستورالعمل کیت سنتز cDNA 2- Step استفاده شد. این عمل با استفاده از کیت دو مرحله‌ای RT-PCR kit (Vivantis) و آغازگر Random Hexamer انجام گرفت. واکنش رونویسی معکوس در حضور MuLV Reverse transcriptase در دمای ۴۲°C به مدت ۶۰ دقیقه انجام شد. طراحی آغازگر برای تکثیر اختصاصی ژن فلاونول سنتاز از طریق PCR، از مناطق حفاظت شده (Conserved region annotated) در پایگاه‌های بانک ژن صورت گرفت. توالی آغازگر ژن فلاونول سنتاز و کنترل داخلی در جدول ۱ نشان داده شده‌است. به منظور بررسی سطح رونویسی ژن فلاونول سنتاز در گیاه علف مورچه، واکنش PCR برای ژن کنترل و ژن فلاونول سنتاز به تعداد ۳۵ چرخه به صورت ۹۴ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه، ۵۶ درجه سانتی‌گراد به مدت ۴۵ ثانیه، ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۳۰ ثانیه

علف مورچه (*Cressa cretica*)، گیاهی از خانواده پیچک با چرخه زندگی دائمی و همیشگی است و در فرهنگ عربی به نام "نوادا Nevada" (Tackholm 1974) و در گویش محلی زابل به عنوان "سوجگ Svajg" شناخته می‌شود. علف مورچه گیاه متحمل به شوری قابل توجهی است که در سخت‌ترین شرایط تابستان و خاک‌های شور با غلظت‌های بالای نمک به زندگی خود ادامه می‌دهد و شرایط طبیعی رشد و نمو را انجام می‌دهد (Satakopan and Karandiker 1961). تحقیقات انجام شده بر روی این گیاه نشان می‌دهد که بخش‌های هوایی آن دارای تعدادی ترکیب فلاونوئیدی می‌باشد (Abdelaaty et al. 2005) که از آن جمله می‌توان به کوثرستین (Tackholm 1974)، کائیمپفول و روتین (Purushothaman and Kalyani 1974) اشاره کرد. کوثرستین (پنتا هیدروکسی فلاون) به رده بزرگ ترکیبات فلاونوئیدی پلی فنل تعلق دارد و یکی از آنتی اکسیدان‌های طبیعی مهم است. ویژگی ضد سرطان بودن آن، از طریق آزمایش‌های *In vitro* و *In vivo* ثابت شده‌است (Baghel et al. 2012). ترکیب کوثرستین طی یک مسیر بیوسنتزی، از دی‌هیدروکسی کوثرستین توسط آنزیم فلاونول سنتاز به دست می‌آید (Abdelaaty 2005). آنزیم فلاونول سنتاز که واکنش تشکیل دی‌هیدروفلاونول را به فلاونول کاتالیز می‌کند، یکی از کلیدی‌ترین آنزیم‌های موثر در بیوسنتز فلاونوئیدها می‌باشد. فلاونول سنتاز به خانواده ۲-اگزوگلوکوتارات دی اکسیژناز تعلق دارد. ژن کدکننده این آنزیم، فلاونول سنتاز (*FLS*) می‌باشد (Forkmann 1991). (2004) Shahat et al. پنج نوع فلاونوئید از قسمت‌های هوایی گیاه *C. cretica* شناسایی کردند که یکی از آن‌ها کوثرستین می‌باشد. (Amandeep et al. 2011)، اثر کاربرد خارجی هورمون اسید-آبزیک را از طریق دو بار اعمال در اولین مرحله رسیدگی و ۱۳ روز پس از مرحله اول، بر روی میزان و ظرفیت تولید محتویات فنولی در گونه‌ای از انگور به نام *Muscadonia grape* بررسی کردند. طبق این آزمایش مشخص شد که محتویات فنولی و ظرفیت تولید ترکیبات آنتی اکسیدانی گونه مورد نظر در اثر به کار بردن هورمون اسید آبزیک افزایش یافت (یادآوری می‌شود که کوثرستین نوعی ترکیب فنولی است). همچنین مشخص شد که

واریانس و مشاهده این که بین تیمارها از نظر آماری اختلاف معنی دار وجود دارد، مقایسه میانگین برای هر یک از نمونه ها انجام شد و مشاهده شد که میانگین تغییرات بیان ژن فلاونول سنتاز برای هر یک از تیمارها به ترتیب برای تیمار ۱، ۲، ۳ و ۴، به میزان ۱/۴۱، ۲/۳۹۷، ۱/۴۷۲ و ۱/۶۳۵ واحد به دست آمد (شکل ۱).



شکل ۱- تجزیه اثر تنظیم کننده های رشد گیاهی بر بیان ژن فلاونول سنتاز با فرمول پافل. محور افقی مربوط به تیمارهای مختلف و محور عمودی میانگین تغییرات می باشد. (۱) نمونه شاهد برای زمان اول؛ (۲) نمونه تیمار آبسیک اسید با غلظت ۳۰۰ ppm (در زمان اول؛ (۳) نمونه شاهد برای زمان دوم؛ (۴) نمونه تیمار با هورمون آبسیک اسید در زمان دوم؛ (۵) تیمار ABA با غلظت ۵۰۰ ppm؛ (۶) تیمار سیتوکینین با غلظت ۵۰۰ ppm.

نتایج نشان داد که تیمار دوم که به کارگیری مرحله دوم هورمون اسیدآبسیک با غلظت ۳۰۰ ppm است، بیشترین تاثیر را در بیان ژن فلاونول سنتاز داشته و در سطح یک درصد، معنی دار شده است ($p < 0.01$). مرحله اول بکارگیری هورمون اسیدآبسیک در بیان ژن فلاونول سنتاز نیز تاثیر داشته اما میزان بیان ناچیز است و با توجه به مشاهده افزایش بیان ژن فلاونول سنتاز در اثر تیمار با هورمون آبسیک اسید با غلظت ۳۰۰ ppm در زمان دوم و به مدت ۸ روز، استنباط می شود که هر چه هورمون اسیدآبسیک درون بافت گیاهی بیش تر بماند، بیان ژن فلاونول سنتاز بیش تر می شود. همچنین با بررسی نتایج برای تیمار نمونه ها با هورمون سیتوکینین (تیمار شماره ۴)، مشاهده شد که این تیمار در بیان ژن فلاونول سنتاز تاثیر داشته و در سطح پنج درصد ($p < 0.05$)، معنی دار شده است. در روش پافل ($Pfaffl = \text{Ratio}$) سرعت تکثیر بیان نسبی بر اساس کارایی و بازده ژن هدف برای نمونه تیمار و کنترل در مقایسه با یک ژن استاندارد محاسبه می شود.

و با حجم ۲۵ میکرولیتر و دو میکرولیتر نمونه cDNA با غلظت ۱۲g بر اساس دستورالعمل انجام شد.

به منظور بررسی کمی بیان ژن، از طریق به کارگیری دستگاه Real Time PCR (شرکت Corbett research – RG 3000)، تمام cDNAهای سنتز شده از طریق Real Time PCR مورد مطالعه قرار گرفت. در این آزمایش از Hot Taq Eva Green qPCR Mix (شرکت سیناژن) استفاده شد. جهت تجزیه و تحلیل، نسبت بیان ژن هدف (ژن فلاونول سنتاز FLS) در مقایسه با ژن کنترل 18S rRNA برای تمام تیمارها از روش Pfaffl و REST استفاده شد. برای رسم منحنی استاندارد، یکی از cDNAهای تیمار با غلظت مناسب، انتخاب شد و متعاقب آن رقت های سریالی ۱۰ برابری (10-fold dilution) از cDNA مورد نظر تهیه شد. برای هر یک از رقت ها، چرخه آستانه (Ct) از طریق قرارگیری هریک از سریال ها در دستگاه Real Time PCR به دست آمد و در نهایت دستگاه منحنی استاندارد را بر اساس لگاریتم غلظت cDNA و چرخه آستانه ترسیم کرد. میزان بازده PCR برای هر ژن به دلیل اینکه از روش پافل ($Pfaffl = \text{Ratio} = E^{(-1/\text{slope})}$) جهت تجزیه داده ها استفاده شد، از فرمول $E = 10^{(-1/\text{slope})}$ به دست آمد.

جهت مشخص نمودن ضریب همبستگی و تعیین بازدهی سیستم (Efficiency) از cDNA نمونه مناسب، رقت سریالی تهیه و استفاده شد. همچنین جهت بررسی و تایید عدم وجود آلودگی ژنومی از نمونه کنترل منفی (No RT Control) نیز استفاده شد. پس از تهیه رقت های سریالی و بررسی میزان تکثیر از طریق Real Time PCR، تجزیه توسط نرم افزار دستگاه (Corbett) RG-3000 محاسبه شد و پس از به دست آوردن بازده، ضریب همبستگی، چرخه آستانه و میزان دقیق غلظت، نتایج توسط نرم افزار اکسل به صورت زیر مورد تجزیه قرار گرفت و نشان داد که میزان پراکندگی بین نمونه ها ناچیز است. نتایج تجزیه واریانس و تاثیر هورمون اسید آبسیک و سیتوکینین در غلظت های مختلف بر بیان ژن فلاونول سنتاز در گیاه علف مورچه، مشخص کرد که تفاوت معنی داری از لحاظ میزان بیان ژن FLS بین تیمارهای به کار گرفته شده وجود دارد. تجزیه داده ها از طریق روش پافل با استفاده از نرم افزار SAS مورد محاسبه قرار گرفت. پس از بررسی تجزیه

جدول ۱- توالی آغازگرهای ژن فلاونول سنتاز و کنترل

Gene name	Forward (5'-3')	Reverse (5'-3')
<i>FLS</i>	GAAATGATGGAGGCAGCAGG	ATTGGCCCAACTTCATGCTC
18S rRNA	GGACAGGATTGACAGATTGATAG	CTCGTTCGTTATCGGAATTAAC

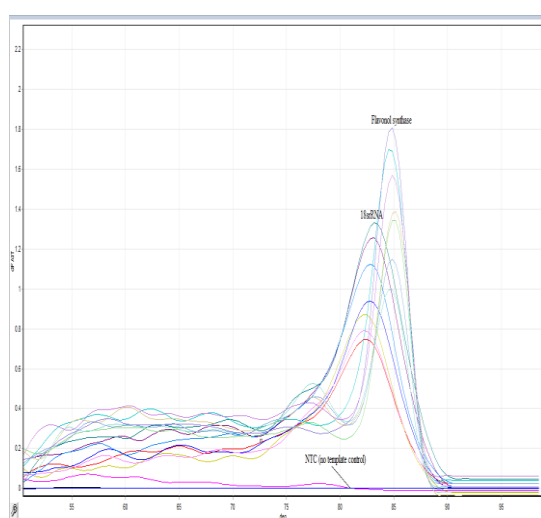
در نرم افزار REST ابتدا میزان چرخه آستانه برای هر یک از نمونه ها و میزان بازده PCR به برنامه وارد و پردازش داده ها بر اساس نمودار BOX Plot نمایش داده شد. همانند تجزیه با روش پافل، در این روش هم تیمار ۲ بیشترین میزان را داشته و در سطح پنج درصد معنی دار بود (جدول ۲). جهت تعیین این که کدام تیمار در مرحله اول بیشترین تاثیر را در بیان ژن فلاونول سنتاز دارد، تیمارهای ۱، ۳ و ۴ در کنار هم قرار گرفتند. یافته ها نشان داد که غلظت ۵۰۰ ppm هورمون سیتوکینین نسبت به دو تیمار دیگر که ۳۰۰ و ۵۰۰ ppm هورمون آبسیک اسید هستند، تاثیر چشمگیری بر بیان ژن داشت ($p < 0.05$).

پس از بررسی مستقل دو روش تجزیه آماری و به منظور دستیابی به بهترین روش جهت تجزیه آماری، مقایسه همزمان روش ها صورت گرفت. همان طور که مشاهده می شود هر دو روش الگوی مشابهی را برای بیان ژن نشان می دهند، هر چند از نظر نمودار بیان ژن دارای تغییراتی هستند (شکل ۲). در هر دو روش در مرحله دوم به کارگیری غلظت ۳۰۰ ppm هورمون اسیدآبسیک، ژن فلاونول سنتاز بیشترین بیان را از خود نشان می دهد که با توجه به تولید بیش تر ماده کوثرستین (پروتئین سازنده این آنزیم)

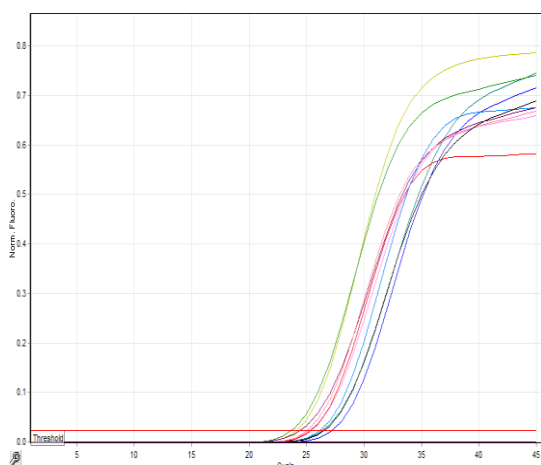
و تایید آن از طریق بررسی با روش کروماتوگرافی مایع با کارایی بالا (HPLC)، بیان بالای ژن *FLS* تحت تاثیر این تیمار، دور از انتظار نیست. به منظور تایید نتایج حاصل از RT-PCR و qPCR، اطمینان از بازده واکنش (Efficiency) امری ضروری است. روش موثر جهت اطمینان از انجام واکنش دقیق qPCR، تهیه رقت سریالی است. ابتدا رقت سریالی برای دو ژن *FLS* و 18S rRNA تهیه و پس از رسم منحنی استاندارد، بازده واکنش تعیین شد. نتایج صحت آزمایشات و بازده واکنش برای هر دو ژن *FLS* و 18S rRNA، در حد استاندارد قرار داشت. پس از رسم منحنی استاندارد برای هر یک از دو ژن هدف و استاندارد مشاهده شد که شیب خط هر یک از رقت های سریالی، مناسب بود. در نتیجه تکثیر نسخه ها توسط PCR درست صورت گرفته است. اطلاعات حاصل از بررسی بیان ژن فلاونول سنتاز نشان داد که تیمار دوم بیشترین تاثیر را بر بیان ژن فلاونول سنتاز داشته است. پیشرفت های تکنولوژیکی از قبیل توسعه سیستم حساس Real Time PCR، اندازه گیری کمی سریع و دقیق مقادیرهای اندکی از mRNA را فراهم می کند (Lu et al. 2011).

جدول ۲- مطالعه اثر تیمارهای هورمونی بر بیان ژن *FLS* از طریق به کارگیری نرم افزار REST جهت تجزیه داده ها

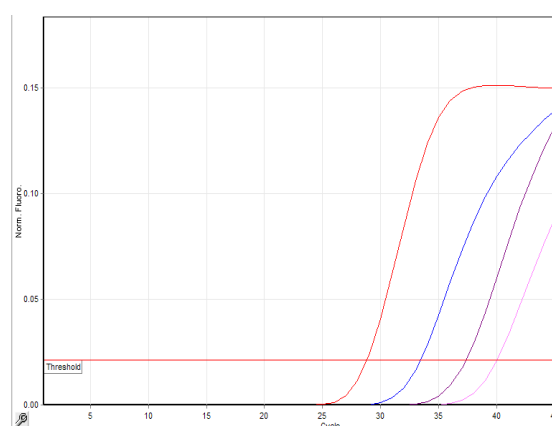
ژن	نوع	بازده واکنش	بیان ژن	خطای استاندارد	95% C.I	P (H1)	نتیجه
فلاونول سنتاز، تیمار ۱	هدف	۰/۹۹	۱/۹۵۹	۱/۰۹۹ - ۲/۸۱۹	۰/۹۸۱ - ۲/۸۱۹	۰/۱۲۵	
18S rRNA، تیمار ۱	استاندارد	۰/۹۸	۰/۸۷۱				
فلاونول سنتاز، تیمار ۱	هدف	۰/۹۹	۳/۳۱۳	۱/۴۳۷ - ۳/۶۵۸	۱/۲۸۲ - ۴/۹۱۱	۰/۰۲۹	بالا
18S rRNA، تیمار ۱	استاندارد	۰/۹۸	۰/۹۵۱				
فلاونول سنتاز، تیمار ۱	هدف	۰/۹۹	۲/۰۶۵	۱/۳۲۳ - ۳/۳۳۱	۱/۱۸۱ - ۳/۸۷۵	۰/۰۱۲	بالا
18S rRNA، تیمار ۱	استاندارد	۰/۹۸	۱/۰۰۳				
فلاونول سنتاز، تیمار ۱	هدف	۰/۹۹	۲/۵۱۶	۲/۰۱۹ - ۳/۱۵۲	۱/۸۴۷ - ۳/۶۶۸	۰/۰۱۲	بالا
18S rRNA، تیمار ۱	استاندارد	۰/۹۸	۱/۲۹۲				



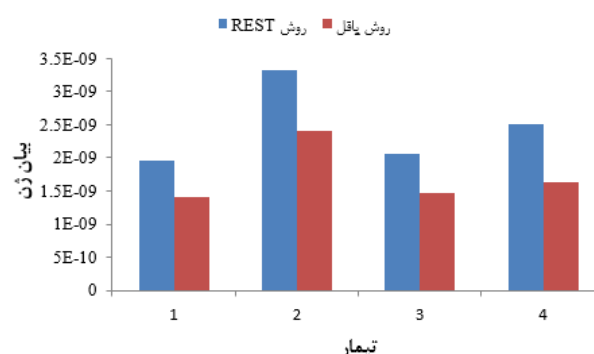
شکل ۳- منحنی ذوب ژن فلاونول سنتاز و ژن استاندارد 18S rRNA



شکل ۴- تکثیر تیمارها و نمونه شاهد از طریق Real Time PCR با ژن فلاونول سنتاز



شکل ۵- تکثیر رقت‌های سریالی برای ژن فلاونول سنتاز



شکل ۲- مقایسه دو روش REST و Pfaffl جهت بررسی میزان بیان ژن فلاونول سنتاز در گیاه *Cressa cretica*.

کاربرد خارجی هورمون آبسیک اسید، نقش مهمی در رشد گیاه ایفا می کند. به عنوان مثال آبسیک اسید باعث آغاز رسیدن سریع بذر و میوه می شود و سبب پیام رسانی و ایجاد پیام به بخش های مختلف گیاه در زمانی که در معرض تنش هایی از قبیل شوری، خشکی، سرما و آلودگی های میکروبی قرار می گیرد، می شود (Leung et al. 1998; Deytieu 2007; wheeler et al. 2009). بیان نسبی ژن بر اساس نسبت تکثیر ژن هدف به ژن استاندارد و رسیدگی به تغییرات فیزیولوژیکی در سطوح بیان ژن پایه ریزی شده است. برخی از مدل های آماری مطالعه بیان ژن جهت محاسبه نسبت بیان نسبی نمونه های منفرد با بررسی کارایی یا بدون آن گسترش یافته است (soong et al. 2000; Pfaffl 2001). ثابت شده که تفاوت های جزئی در تنظیم بیان برخی ژن ها از طریق راه کارهای تحمل به تنش، سبب ایجاد تنوع در رفتار به سازگاری به این شرایط از تحمل بالا تا کاملاً حساس شده است. از این رو بروز چنین تفاوت هایی در میزان بیان ژن ها منشا ایجاد واریته های متحمل و حساس می شود (Huang et al. 2008). به نظر می رسد.

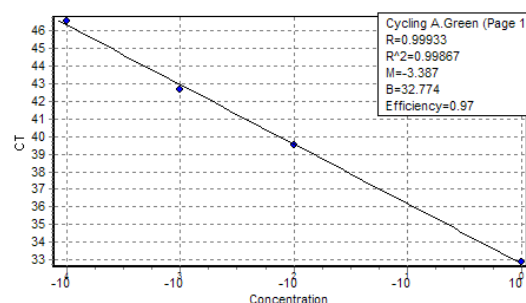
باقی ماندن بیشتر هورمون اسیدآبسیزیک در سطح سبب افزایش فعالیت مکانیسم تنظیم بیان ژن باشد. متعاقب آن هورمون زمان کافی را جهت ایجاد و صدور پیام های فیزیولوژیکی در گیاه داشته و سیگنال های ایجاد شده باعث تغییرات در میزان بیان ژن- های مختلف از جمله فلاونول سنتاز شده است.

سپاسگزاری

بدین وسیله از رئیس محترم پژوهشکده زیست فناوری دانشگاه زابل و کارکنان محترم این واحد به دلیل پشتیبانی تجهیزاتی این تحقیق و همچنین همه دوستانی که در انجام این پژوهش همکاری داشتند، سپاسگزاری می شود.

منابع

- Abdelaaty A, Naglaa MN, Luc P, Arnold JV (2005) Flavonoids from *Cressa cretica*. Pharmaceutical Biology. Information Healthcare 25: 72- 77.
- Amandeep K.S, Dennis J, Jiang Lu (2011) Effects of exogenous abscisic acid on antioxidant capacities, anthocyanins, and flavonol contents of muscadine grape (*Vitis rotundifolia*) skins. Journal of Food Chemistry 126: 982- 988.
- Baghel1 SS, Shrivastava N, Baghel RS, Agrawal P, Rajput S (2012) A Review of quercetin: Antioxidant and anticancer properties. World Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Science 1: 146- 160.
- Deytieux-Belleau C, Gagne S, L'Hyvernay A, Doneche B, Geny L (2007) Possible roles of both abscisic acid and indoleacetic acid in controlling grapeberry ripening process. Journal International des Sciences de la Vigne et du Vin 41:141-148.
- Forkmann G (1991) Flavonoids as flower pigments: the formation of the natural spectrum and its extension by genetic engineering. Plant Breed 106: 1- 26.
- Huang B, Yi B, Duan Y, Sun L, Yu X, Guo J, et al. (2008) Characterization and expression profiling of tyrosine aminotransferase gene from *Salvia miltiorrhiza* (Dan-shen) in rosmarinic acid biosynthesis pathway. Molecular Biology Reports 35: 601-612.
- Leung J, Giraudat J (1998) Absciscic acid signal transduction. Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology 49: 199-222.
- Lu X, Straaten T, Tiller M, Li X (2011) Evidence for Qualified Quantitative mRNA Analysis in Formalin-Fixed and Paraffin-Embedded Colorectal Carcinoma



شکل ۶- منحنی استاندارد حاصل از رقت های سریالی برای ژن فلاونول سنتاز

در هر دو ژنوتیپ متحمل و حساس بیان ژن های دخیل در تحمل به تنش بیان می شوند ولی از نظر زمان و میزان بیان این ژن ها تفاوت وجود دارد (Rodrigues et al. 2009). ما در این تحقیق ثابت کردیم که مدت زمان قرارگیری گیاه در شرایط تنش با غلظت معین سبب تغییر و افزایش در بیان ژن شد. به نظر می رسد

- Cells and Tissue. Clinical Laboratory Analysis 25: 166-173.
- Pfaffl MW (2001) A new mathematical model for relative quantification in real-time RT- PCR. Nucleic Acids Res 29: 2002- 2007.
- Purushothaman K, Kalyani K (1974) The flavonoids of Rudanti (*Cressa cretica* Linn). Indian Journal of Medical Research 9: 109-110.
- Rodrigues FA, de Laia ML, Zingaretti SM (2009) Analysis of gene expression profiles under water stress in tolerant and sensitive sugarcane plants. Plant Science 176: 286-302
- Satakopan S, Karandikar G K (1961) Rudanti: A pharmacognostic study *Cressa cretica* linn. Journal of Scientific and Industrial Research 20: 156-160.
- Shahat AA, Abdel-Azim NS, Pieters L, Vlietinck AJ (2004) Flavonoids from *Cressa cretica*. Pharmaceutical Biology 42:349-52.
- Soong R, Ruschoff J, Tabiti K (2000) Detection of colorectal micrometastasis by quantitative RT-PCR of cytokeratin 20 mRNA. Roche Molecular Biochemicals Internal Publication 41: 391. XP002149389
- Waterland NL, Campbell CA, Finer JJ, Jones ML (2010) Absciscic Acid Application Enhances Drought Stress Tolerance in Bedding Plants. Journal of HortScience 45: 409- 413.
- Wheeler S, Loveys B, Ford C, Davies C (2009) The relationship between the expression of abscisic acid biosynthesis genes, accumulation of abscisic acid and the promotion of *Vitis vinifera* L. berry ripening by abscisic acid. Australian Journal of Grape and Wine Research 15: 195-204.