ژنتیک نوین
دوره هجدهم، شماره ۲، تابستان ۱۴۰۲
صفحه ۱۸۶ - ۱۷۵

بررسی بیان miR160 و miR393 و ژن‌های هدف آن‌ها در نیشکر تحت تنش غرقابی

Investigating the expression of miR160 and miR393 and their target genes in sugarcane under waterlogging stress

رحیم غزی[۱]، لیلا نژادصادقی*[۲]، خسرو مهدی‌خانلو[۲]، داریوش نباتی احمدی[۲]

۱- دانش‌آموخته کارشناسی ارشد ژنتیک و به‌نژادی گیاهی، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

۲- به‌ترتیب استادیار، استادیار، دانشیار، گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه شهید چمران اهواز، اهواز، ایران

Ghezzi R[1], Nejadsadeghi L[*2], Mehdikhanlou Kh[2], Nabati Ahmadi D[2]

1- MSc Graduate Student of Genetics and Plant Breeding, Plant Production and Genetics Department, Faculty of Agriculture, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran

2- Assistant Professor, Assistant Professor, Associate Professor, Plant Production and Genetics Department, Faculty of Agriculture, Shahid Chamran University of Ahvaz, Ahvaz, Iran (Corresponding author: L.nejadsadeghi@scu.ac.ir)

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: L.nejadsadeghi@scu.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۴/۲۰ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۰/۲۷)

چکیده

غرقابی یکی از تنش‌های غیرزیستی است که رشد و عملکرد نیشکر را کاهش می‌دهد. نیشکر نسبتاً به تنش غرقابی متحمل است با این حال میزان آسیب به گیاه به ژنوتیپ، شرایط محیطی، مرحله‌ی رشد و مدت زمان تنش بستگی دارد. به‌دلیل عدم وجود اطلاعات کافی از نقش تنظیمی miRNAها و ژن‌های هدف آن‌ها در پاسخ گیاه نیشکر به تنش غرقابی، براساس نتایج حاصل از مطالعات در گیاهان مدل و هم خانواده از جمله سورگوم، miR160 و miR393 و ژن‌های هدف آن‌ها یعنی AEF17 و AFB2 انتخاب و بیان آن‌ها با استفاده از روش qRT-PCR در دو واریته تجاری CP48-103 و CP69-1062 تحت تیمار ۷ و ۱۴ روز تنش غرقابی در مقایسه با گیاهان شاهد مورد بررسی قرار گرفت. نتایج مقایسه بیان نسبی نشان داد، miR160 و miR393 در هر دو واریته تحت شرایط تنش افزایش بیان داشتند و نقش مهار منفی آن‌ها در کاهش بیان ژن هدف یعنی ARF17 و AFB2 نمایان گشت. نقش تنظیم منفی miR160 و miR393 بر ژن‌های ARF17 و AFB2 در تنش ۱۴ روز بیش‌تر بود، همچنین در واریته CP69-1062 در مقایسه با واریته CP48-103 این نقش برجسته‌تر بود.

واژه‌های کلیدی

تنظیم منفی
ریز RNA
ریشه‌های هوایی
ژن‌های هدف

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

مقدمه

نیشکر بالاترین عملکرد زیست‌توده در بین گیاهان زراعی را دارد و حدود ۷۰ درصد شکر دنیا را تأمین می‌کند (Wang et al. 2016). عملکرد نیشکر به‌طور قابل توجهی تحت تأثیر تنش‌های غیرزیستی[1] مانند خشکی، شوری و غرقابی قرار می‌گیرد. تنش غرقابی پدیده‌ای با گسترش جهانی است که رشد و بقای گیاه نیشکر را به شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد و می‌تواند منجر به کاهش عملکرد این گیاه بین ۱۵ تا ۴۵ درصد شود (Gomathi and Chandran 2009). درک بهتر شرایط فیزیولوژیکی و مکانیسم مولکولی گیاه نیشکر در پاسخ به شرایط غرقابی می‌تواند به توسعه استراتژی‌هایی برای حفظ محصول در شرایط غرقابی کمک کند. شرایط ماندابی و بالا بودن آب زیرزمینی در مراحل اولیه رشد و شکل‌گیری اجزاء عملکرد می‌تواند با افزایش مرگ و میر پنجه‌ها و کاهش سرعت رشد گیاه منجر به کاهش عملکرد شود (Jain et al. 2017). بخش اعظم خسارت تنش غرقابی مربوط به کاهش اکسیژن در محیط ریشه است که در نتیجه کاهش تبادلات گازی بین محیط هوایی و بخش ریزوسفر اتفاق می‌افتد. علاوه بر این، تنش غرقابی فرآیندهای فیزیولوژیکی از قبیل تنفس، تراوایی سلول‌های ریشه و هم‌چنین جذب آب و عناصر غذایی را تحت تأثیر قرار می‌دهد. تنش غرقابی ممکن است زمانی‌که سطح آب زیرزمینی تا سطح خاک تنها ۱۰ تا ۱۵ سانتی‌متر فاصله داشته باشد نیز اتفاق افتد. برای گیاه نیشکر سطح ایستابی ایدئال ۴۰ تا ۹۵ سانتی‌متر در نوسان است (Omary and Izuno 1995). مرگ سریع نوک ریشه‌ها در واکنش به کمبود اکسیژن به طور معمول با تحریک رشد ریشه‌های هوایی در گونه‌های مقاوم همراه است. گلاز و همکاران (۲۰۰۲) مشاهده کردند در نواحی که سطح آب زیرزمینی به ۱۵ سانتی‌متر برسد، کاهش عملکرد نیشکر مشاهده شد. تشکیل ریشه‌های هوایی یکی از تغییرات مورفوفیزیولوژیکی معمول در گیاهان متحمل در پاسخ به شرایط غرقابی است (Fukao et al. 2019). این ریشه‌های خاص دسترسی به آب و مواد غذایی را در غیاب ریشه‌های اصلی گیاه بر عهده می‌گیرند. در تحقیقی که توسط گیلبرت و همکاران (۲۰۰۷) بر روی چند واریته نیشکر انجام گرفته مشخص شد، تحت تنش غرقابی رشد ریشه‌های هوایی تحریک شده، به‌طوری که گیاهان تحت تنش در مقایسه با گیاهان شاهد حجم قابل توجهی ریشه هوایی تولید نمودند.

تحمل به تنش‌های غیرزیستی پدیده بسیار پیچیده‌ای است و شامل اثر متقابل بین عناصر پاسخ دهنده به تنش و فاکتورهای مولکولی و بیوشیمیایی متعددی است که رشد و نمو گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهند. به‌همراه تغییر در بیان عوامل رونویسی، ژن‌ها و اجزای پیام‌رسان، تغییر در پروفایل ریزRNAها تحت تنش‌های محیطی مختلف گزارش شده است (Zhang 2015). ریز RNAهای گیاهی در واقع RNAهای کوچک تنظیمی به طول ۲۰ تا ۲۴ نوکلئوتید هستند و نتیجه رونویسی ژن‌های MIR توسط RNA پلیمراز II می‌باشند که در دامنه وسیعی از فرایندهای رشد و نمو از جمله پاسخ به تنش‌های زیستی و غیرزیستی نقش دارند (Zhang and Wang 2015). ریزRNAها نقش اصلی را در پاسخ گیاهان به تنش‌های غیرزیستی بازی می‌کنند و پاسخ به تنش‌های غیرزیستی توسط آن‌ها از طریق تعدیل سطح رونوشت خود، رونوشت ژن‌های هدف و یا از طریق تغییر در فعالیت مجموعه ریزRNA–پروتئین صورت می‌گیرد. این امر منجر به تغییر زمان، محل و میزان بیان پروتئین‌ها از ژن‌های کُدکننده و در نتیجه کنار آمدن و سازگار شدن گیاه به شرایط نامساعد محیطی می‌شود (Xu et al. 2019). این سیستم کنترل بیان ژن در سطح پس از رونویسی یک مکانیسم حیاتی برای تحمل تنش توسط گیاهان به‌شمار می‌رود که از طریق برش و یا مهار بیان ژن‌های هدف وارد عمل می‌شود.

تجزیه و تحلیل توالی‌های RNA کوچک به‌دست آمده از گیاه آرابیدوپسیس تحت تنش‌های غیرزیستی مختلف بارویکردهای مقایسه‌ای و محاسباتی منجر به شناسایی تعداد زیادی ریزRNA شد که در پاسخ گیاه به تنش‌های غیرزیستی نقش اصلی را ایفا می‌کنند (Sunkar and Zhu 2004). برای مثال miR395 تحت شرایط بدون تنش در گیاه شناسایی نشد، در حالی‌که این ریز RNA در شرایط کمبود گوگرد افزایش بیان نشان داد. در شرایط عادی سطوح پایین miR160، miR393 و miR167 برای تنظیم دقیق فاکتورهای پاسخ دهنده به اکسین (ARF) و رونویسی از

[1] Abiotic stresses

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

ژن‌های پاسخ دهنده به اکسین مورد نیاز است. اما در شرایط تنش این ریزRNAها افزایش بیان نشان می‌دهند تا سطح رونویسی از ARF کاهش یابد. بنابراین miR160، miR393 و miR167 با سرکوب بیان ژن‌های پاسخ دهنده به اکسین سبب کاهش رشد و نمو گیاهان در شرایط تنش شده و احتمالاً به این شیوه سبب افزایش تحمل گیاه به تنش می‌شوند (Sunkar et al. 2012). miR160 به مکان‌های حفاظت شده موجود در نواحی غیرترجمه شونده ژن‌های سنتز کننده اکسین متصل شده و بیان آن‌ها را تنظیم می‌کند (Rhoades et al. 2012). این ریزRNA عوامل پاسخ دهنده به اکسین را هدف قرار می‌دهد و حضور آن در گیاه نیشکر و بسیاری از گیاهان زراعی در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی مختلف گزارش شده است (Gentile et al. 2013). miR393 یکی دیگر از ریزRNAهای محافظت شده در گیاهان است که در رشد ریشه، توسعه اندام‌های هوایی و در پاسخ گیاهان به تنش‌ها نقش دارد. این ریزRNA بیان ژن‌های هدف خود یعنی خانواده ژن‌های اکسین AFB2 را کنترل می‌کند (Bian et al. 2012).

با توجه به نتایج مطالعات صورت گرفته، miR160 و miR393 و ژن‌های هدف آن یعنی ARF17 و AFB2 به‌منظور بررسی نقش آن‌ها در پاسخ گیاه به تنش غرقابی و شکل‌گیری ریشه‌های هوایی در دو واریته نیشکر در شرایط غرقابی انتخاب و پروفایل بیانی آن‌ها به کمک تکنیک qRT-PCR مورد بررسی قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

این طرح در گلخانه دانشکده کشاورزی دانشگاه شهید چمران اهواز و در فاصله زمانی اسفند ۱۳۹۹ تا اردیبهشت ۱۴۰۰ انجام پذیرفت. گیاهچه‌های حاصل از کشت بافت دو واریته CP48-103 و CP69-1062 که از مؤسسه تحقیقات توسعه نیشکر و صنایع جانبی تهیه شده بودند در گلدان‌های پلاستیکی (حجم ۱۰ کیلوگرم) کشت و به مدت ۷۵ روز در شرایط گلخانه نگه‌داری شدند. این مطالعه بر اساس آزمایش فاکتوریل و در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار انجام شد. این دو واریته از مهم‌ترین واریته‌های موجود در کشت و صنعت‌های نیشکری استان خوزستان هستند و در مجموع بیش از ۷۰ درصد از سطح زیر کشت نیشکر را به خود اختصاص می‌دهند. واریته CP69-1062 میانرس و واریته CP48-103 دیررس می‌باشد. ترکیب خاک گلدان‌ها متشکل از یک‌سوم خاک زراعی، یک‌سوم ماسه و یک‌سوم کود دامی پوسیده می‌باشد. به‌منظور اعمال تنش غرقابی، گلدان‌ها به‌صورت همزمان در تشت‌های پر از آب به‌طوری که ارتفاع آب به دو سانتی‌متر بالای سطح خاک برسد، قرار داده شدند (Jain et al. 2017). شرایط ماندابی ذکر شده بسته به تیمار به مدت ۷ و ۱۴ روز برقرار بود. تیمار شاهد نیز به شیوه معمولی و بسته به نیاز گیاه آبیاری شد. اندازه‌گیری پارامترهای رشد بلافاصله پس از پایان تنش صورت گرفت. برای این منظور گیاهان به‌همراه ریشه از گلدان‌ها خارج شدند و پس از شستشوی ریشه صفات مورفولوژیک مانند وزن تازه اندام‌های هوایی و وزن ریشه‌های هوایی با ترازوی دقیق (دقت ۰/۰۰۱ گرم) اندازه‌گیری شد. برای این منظور ریشه‌ها از محل سطح خاک از اندام‌های هوایی جدا شد و پس از شستشو توزین شدند. پس از آن ریشه‌های هوایی به‌کمک تیغ آزمایشگاه از ریشه‌های اصلی گیاه و ساقه، جدا و توزین شدند.

میزان کلروفیل و کارتنوئید برگ نیز به روش آرنون (۱۹۴۹) به‌دست آمد. برای این منظور برگ‌های تازه نمونه‌ها به قطعات ریزی تبدیل و مقدار ۰/۵ گرم از هر نمونه جدا شد. به این نمونه‌ها ۱۰ میلی لیتر استون ۸۰ درصد اضافه شد و به مدت ۱۰ دقیقه در ۶۰۰۰ دور در دقیقه سانتریفیوژ شدند. عصاره به‌دست آمده به‌ترتیب در طول موج‌های ۶۶۳، ۶۴۵ و ۴۷۰ نانومتر با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر قرائت شد. مقدار کلروفیل a، b و کارتنوئید به‌ترتیب با استفاده از فرمول (۱)، (۲) و (۳) به‌دست آمد:

$$Chl.a:[12.7\ (OD_{663}) - 2.69\ (OD_{645})] \times [V/1000 \times W] \quad (۱)$$

$$Chl.b:[22.9\ (OD_{645}) - 4.68\ (OD_{663})] \times [V/1000 \times W] \quad (۲)$$

$$Car:[(1000 \times OD_{470} - 1.82Chla - 85.02Chlb) / 198] \times (V/1000 \times W) \quad (۳)$$

در روابط بالا، OD جذب نور در طول موج مورد نظر، V حجم محلول سانتریفیوژ شده و W وزن تر نمونه بر حسب گرم است. نمونه‌برداری از گیاهچه‌ها بلافاصله پس از پایان دوره تنش در سه تکرار بیولوژیکی صورت گرفت. نمونه‌ها بلافاصله در ازت مایع

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

قرار داده و تا زمان استفاده در دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگه‌داری شدند. طراحی آغازگر برای miR160 و miR393 با استفاده از نرم‌افزار miRNA Primer Designer و برای ژن‌های هدف ARF17 و AFB2 با استفاده از نرم‌افزار Primer3 صورت گرفت (جدول ۱). طراحی پرایمر ریزRNAها براساس دستورالعمل Varkonyi-Gasic (2007) صورت گرفت. استخراج RNA کل از گیاهان تنش دیده و شاهد با استفاده از بافر ترایزول شرکت Invitrogen و بر اساس دستورالعمل شرکت سازنده انجام گرفت. در این روش ترکیبات فنلی، پلی‌ساکارید و سایر آلودگی-های متابولیتی حذف شد. پس از استخراج RNA کل بلافاصله جهت حذف آلودگی DNA ژنومی از RNAهای استخراج شده، از آنزیم DNase I و مطابق دستورالعمل (Invitrogen) استفاده شد. از این‌رو RNA به‌دست آمده دارای کیفیت و خلوص بالایی بود. کمیت و کیفیت RNA به‌دست آمده به روش نانودراپ و ژل آگارز ۱٪ مورد تایید قرار گرفت. ریزRNAها به‌دلیل کوتاه بودن توالی و هم‌چنین عدم وجود دُم پلیA در انتهای ′۳ نیاز به روش ویژه‌ای برای سنتز cDNA دارند. برای این منظور از دستورالعمل ارائه شده توسط کرامر (۲۰۱۱) استفاده شد. طبق دستورالعمل شرکت سازنده کیت Invitrogen، ۲۰۰ نانوگرم از RNA کل، جهت سنتز cDNA با استفاده از آنزیم (Invitrogen) Reverse transcription III صورت گرفت. سنتز cDNA ژن هدف نیز با استفاده از آغازگر عمومی Oligo dT صورت گرفت. برای اطمینان از طراحی صحیح و عملکرد اختصاصی آغازگرهای طراحی شده و هم‌چنین پیدا کردن بهترین دمای اتصال به cDNA سنتز شده، واکنش PCR بر روی نمونه‌های cDNA سنتز شده با استفاده از آغازگرهای اختصاصی صورت گرفت. در نهایت به‌منظور تایید و مقایسه بیان نسبی ژن‌ها از روش qRT-PCR و کیت SYBR HiFi Mix Plus ساخت شرکت مبنا طب استفاده شد. برای هر نمونه از سه تکرار تکنیکی استفاده شد و نرمال‌سازی نتایج داده با استفاده از rRNA 18s برای ریزRNAها و ژن Actin برای ژن‌های هدف انجام گرفت. مقایسه بیان ژن‌ها با استفاده از روش $2^{-\Delta\Delta ct}$ انجام شد و میزان تغییر بیان ریزRNAها و ژن‌های هدف آن‌ها در دو واریته و سطوح مختلف تیماری با استفاده از آزمون LSD و در سطح معنی‌داری ۱ و ۵ درصد با استفاده از نرم‌افزار R (نسخه ۴،۳،۳) صورت گرفت (Liu et al., 2012). ژن‌های هدف برای miR160 و miR393 با استفاده از نرم‌افزار psRNATarget (http://plantgrn.noble.org/psRNATarget) و با استفاده از پارامترهای تعیین شده و به کمک داده‌های موجود در سایت NCBI برای گیاه نیشکر انجام گرفت (Dai et al. 2018). میان‌کنش و شبکه ارتباطی بین ژن‌های هدف نیز با استفاده از نرم‌افزار آنلاین geneMANIA بررسی و ترسیم شد.

جدول ۱- آغازگرهای طراحی شده به منظور بررسی بیان ریزRNAها و ژن‌های هدف

MIR gene	Primer (5′ → 3′)
miR160-RT	GTC GTA TCC AGT GCA GGG TCC GAG GTA TTC GCA CTG GAT ACG ACT GGC AT
miR160-F	ACTGCCTGGCTCCCTGT
miR393-RT	GTC GTA TCC AGT GCA GGG TCC GAG GTA TTC GCA CTG GAT ACG CGA TCA AT
miR393-F	GAGGATCCTCCAAAGGG
Universal	GTGCAGGGTCCGAGGT
ARF17-F	CGACCGTAGACTTGACCCA
ARF17-R	CTCTTGGGCTGGTGGTTGCA
AFB2-F	CGGTAAAGGGTAGATGCC
AFB2-R	TTCTGGCTTCTTGGTGACT

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

نتایج و بحث

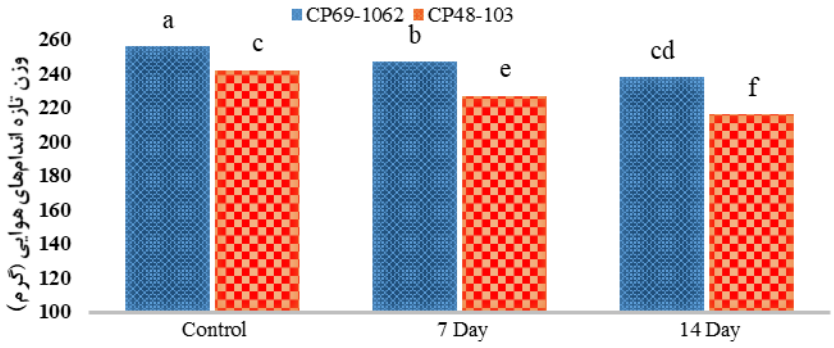
نتایج تجزیه واریانس داده‌های این مطالعه برای صفات مورفوفیزیولوژیک در جدول ۲ نمایش داده شده است. براساس نتایج تجزیه واریانس اثر تنش غرقابی، واریته و اثر متقابل تنش غرقابی و واریته بر صفات بررسی شده معنی‌دار بود. براساس نتایج مقایسه میانگین بیشترین کاهش وزن اندام‌های هوایی مربوط به واریته CP48-103 بود. در این واریته تنش غرقابی ۷ و ۱۴ روز به‌ترتیب سبب کاهش وزن اندام‌های هوایی به میزان ۶/۷ و ۱۱/۵ درصد در مقایسه با شاهد شد. تحت تنش ۷ و ۱۴ روز در واریته CP69-1062 وزن تازه اندام‌های هوایی به‌ترتیب ۴/۶ و ۷/۶ درصد در مقایسه با شاهد کاهش نشان داد (شکل ۱).

اکسیژن به عنوان گیرنده نهایی الکترون در تنفس هوازی عمل می‌کند. از این‌رو در غیاب اکسیژن چرخه کربس و زنجیره انتقال الکترون متوقف می‌شود. در این شرایط گیاهان برای بقا بایستی از یک مسیر جایگزین برای تأمین انرژی استفاده می‌کنند. این مسیر جایگزین، از متابولیسم تخمیری برای تأمین ATP مورد نیاز گیاه بهره می‌برد، اما در این مسیر از هر مولکول گلوکز تنها ۲ مولکول ATP نصیب گیاه می‌شود و این در حالی است که در شرایط هوازی ۳۶ مولکول ATP به ازای هر مولکول گلوکز بدست می‌آید (Taiz and Zeiger, 2010). بنابراین گیاهان در شرایط غرقابی متحمل گرسنگی خواهند شد. گیاهانی که در شرایط تنش غرقابی قرار می‌گیرند کمبود کربوهیدرات و انرژی را به دلیل کاهش فتوسنتز و تنفس هوازی تجربه خواهند کرد، از این‌رو رشد آن‌ها کاهش می‌یابد (Fukao et al., 2019). در این رابطه جاین و همکاران (۲۰۱۵) در بررسی اثر تنش غرقابی بر روی اجزاء عملکرد ۱۴ واریته نیشکر گزارش نمودند که وزن کل اندام‌های هوایی در مقایسه با گیاهان شاهد کاهش نشان داده است.

جدول ۲- تجزیه واریانس اثر تنش غرقابی و واریته بر برخی صفات مورفوفیزیولوژیک نیشکر

		میانگین مربعات (MS)			
منابع تغییرات	درجه آزادی	وزن تازه ریشه‌های هوایی	وزن تازه اندام‌های هوایی	کلروفیل کل	کارتنوئید
تنش غرقابی	۲	۶۴/۳۱**	۹۷۸/۴۶**	۵۴/۸۰**	۱۱/۱۱**
واریته	۱	۲۷/۱۱**	۵۵۴/۷۶**	۲۲/۵۲**	۲/۳۳**
ماندابی × واریته	۲	۰۲/۱*	۳۶/۶۴^{ns}	۳۲/۰^{ns}	۰۴/۰^{ns}
خطا	۱۲	۳/۲۳	۱۲/۸۴	۰/۴۸	۰/۳۴
ضریب تغییرات ٪		۹/۱۱	۱۶/۱۲	۳/۱۷	۷/۶۶

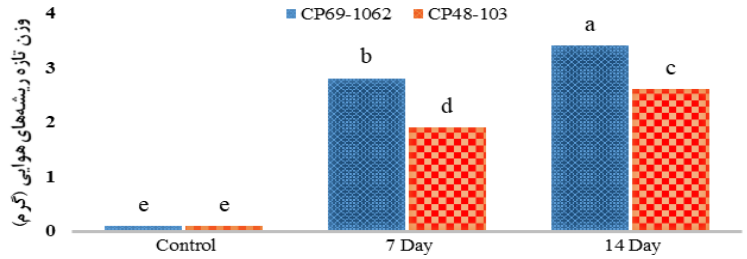
معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد** معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد، * غیر معنی‌داری، n.s



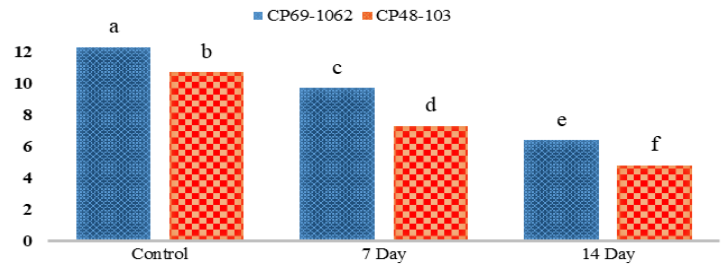
شکل ۱- تغییرات وزن اندام‌های هوایی دو واریته در شرایط تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

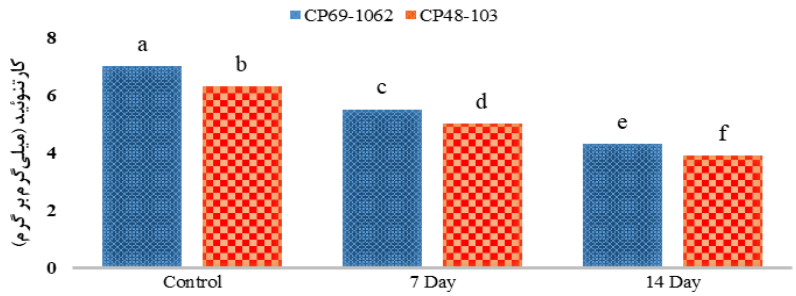
وزن تازه ریشه‌های هوایی نیز شرایط مشابهی با وزن تازه ریشه داشت و در شرایط تنش نسبت به گیاهان شاهد افزایش وزن مشاهده شد. به‌طوری که نتایج مقایسه میانگین نشان از افزایش معنی‌دار وزن تازه ریشه‌های هوایی در سطح احتمال ۵ درصد داشت. وزن تازه ریشه‌های هوایی تحت تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد در واریته CP69-1023 به‌ترتیب ۵/۱ و ۸/۷ درصد و در واریته CP48-103 به‌ترتیب ۳/۴ و ۵/۳ درصد افزایش نشان داد (شکل ۲). در گیاه نیشکر تشکیل ریشه‌های هوایی یکی از رایج‌ترین پاسخ واریته‌های متحمل به تنش غرقابی است. به‌طور مکرر مشاهده شده است که تشکیل این ریشه‌ها در لایه‌های سطحی خاک که غنی از اکسیژن هستند اتفاق می‌افتد. ریشه‌های هوایی دارای منافذ زیادی بوده و به گیاه کمک می‌کنند تا جذب آب و عناصر غذایی را در شرایط غرقابی ادامه دهد و جایگزین سیستم ریشه‌ای قدیمی می‌شوند (Gomathi and Chandran 2009). تشکیل ریشه‌های هوایی که پتانسیل جایگزینی ریشه‌های قدیمی را دارند به‌عنوان یکی از توانایی‌های گیاهان متحمل در پاسخ به تنش غرقابی شناخته می‌شود (Malik et al., 2001). نتایج حاصل از تجزیه واریانس (جدول ۲) نشان داد اختلاف رنگدانه‌های فتوسنتزی در دو واریته و سطوح مختلف تنش معنی‌دار (در سطح ۱٪) بود. مقایسه میانگین این صفات نشان داد بیشترین میزان کلروفیل کل و کارتنوئید در تیمار شاهد و کمترین آن در تیمار ۱۴ روز ثبت شد. بیشترین مقدار کلروفیل کل (مجموع کلروفیل a و b) در واریته CP69-1062 و کمترین مقدار در واریته CP48-103 ثبت شد (شکل ۳). میزان کارتنوئید نیز تحت تنش۷ و ۱۴ روز در واریته CP48-103 بیشترین کاهش را نشان داد (شکل ۴).



شکل ۲- تغییرات وزن تازه ریشه‌های هوایی در دو واریته در شرایط تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد



شکل ۳- تغییرات کلروفیل کل در دو واریته در شرایط تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد



شکل ۴- تغییرات کارتنوئید در دو واریته در شرایط تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

در طول دوره تنش غرقابی کاهش محتوای کلروفیل در بسیاری از گیاهان متحمل و حساس گزارش شده است. این رخداد و تغییر نسبت کلروفیل a/b توسط گوماتی و چاندران (۲۰۰۹) در گیاه نیشکر گزارش شده است. عوامل متعددی از جمله کاهش محتوای نیتروژن در واحد سطح برگ، افزایش سطح گونه‌های اکسیژن فعال و تسریع در پیری برگها به عنوان مسئول کاهش میزان کلروفیل و کارتنوئیدها در شرایط تنش غرقابی ذکر شده‌اند (Malik et al. 2001).

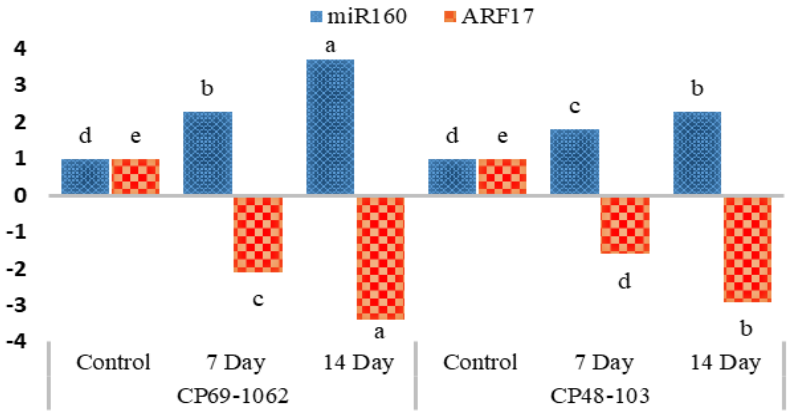
نتایج تجزیه واریانس داده‌های این مطالعه برای ریزRNAهای miR160 و miR393 و ژن‌های هدف آن‌ها یعنی ARF17 و AFB2 در جدول ۳ نمایش داده شده است. براساس نتایج تجزیه واریانس اثر تنش غرقابی و واریته بر بیان این ریزRNAها و ژن‌های هدف آن‌ها معنی‌دار (در سطح احتمال ۱ درصد) بود. بررسی تغییرات بیان miR160 در پاسخ به تنش غرقابی در هر دو واریته مورد مطالعه روند افزایشی نشان داد. افزایش بیان معنی دار (در سطح احتمال ۱ درصد) miR160 در تنش ۷ و ۱۴ روز در مقایسه با شاهد مشاهده شد (به‌ترتیب FC[1]: ۲/۱ و FC: ۳/۷). در واریته CP69-1062 در مقایسه با واریته CP48-103 این افزایش بیان نیز معنی‌دار (در سطح احتمال ۵ درصد) بود (شکل ۵).

[1] Fold change

جدول ۳- تجزیه واریانس اثر تنش غرقابی و واریته اثر متقابل آن‌ها بر بیان ریزRNAها و ژن‌های هدف مورد مطالعه

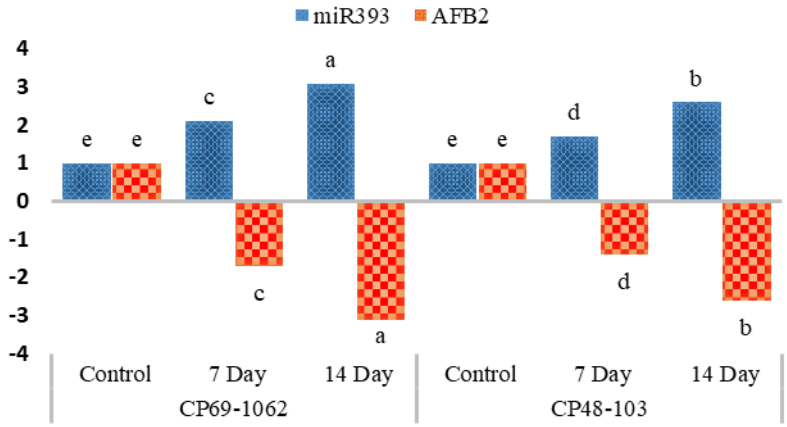
		میانگین مربعات (MS)			
منابع تغییرات	درجه آزادی	miR160	miR393	ARF17	AFB2
تنش ماندابی	۲	۱/۷۶**	۴/۲۸**	۳/۶۶**	۲/۱۸**
واریته	۱	۱۲/۴۲**	۲۵/۲۲**	۱۹/۷۲**	۱۵/۳۹**
ماندابی × واریته	۲	۰/۲۲^{ns}	۱/۴۴^{ns}	۰/۸۷^{ns}	۰/۱۷^{ns}
خطا	۱۲	۰/۳۱	۰/۶۶	۰/۵۸	۰/۴۲
ضریب تغییرات ٪		۸/۴۵	۱۲/۸	۶/۱۸	۹/۶۷

n.s غیر معنی‌داری، * معنی‌داری در سطح احتمال ۵ درصد، ** معنی‌داری در سطح احتمال ۱ درصد



شکل ۵- مقایسه بیان نسبی miR160 و ژن هدف آن ARF17 در دو واریته CP48-103 و CP69-1062 تحت دو سطح تنش در مقایسه با شاهد

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]



شکل ۶- مقایسه بیان نسبی miR393 و ژن هدف آن AFB2 در دو واریته CP48-103 و CP69-1062 تحت دو سطح تنش در مقایسه با شاهد

بررسی بیان ژن ARF17 نشان از کاهش معنی‌دار (در سطح احتمال ۱ درصد) بیان آن با افزایش مدت زمان تنش دارد. به‌طوری که در تنش ۷ روز (FC:-۱/۸) و در تنش ۱۴ روز (FC: -۳/۱) در مقایسه با شاهد کاهش بیان داشت. کاهش بیان نسبی ژن ARF17 در واریته CP69-1062 در مقایسه با واریته CP48-103 نیز معنی‌دار (در سطح احتمال ۵ درصد) بود. این نتایج نقش تنظیم منفی miR160 بر علیه ژن هدف ARF17 را به‌خوبی مشخص نمود. بررسی بیان miR393 در پاسخ به تنش غرقابی در هر دو واریته مورد مطالعه در مقایسه با شاهد نشان از افزایش بیان این ریزRNA داشت. بیان miR393 در تنش ۷ روز (FC:۱/۹) و ۱۴ روز (FC:۲/۹) در مقایسه با شاهد در سطح احتمال ۱ درصد معنی‌دار شد. بیان miR393 در واریته CP69-1062 در هر دو سطح تنش در مقایسه با واریته CP48-103 معنی‌دار (در سطح احتمال ۵ درصد) بود. همچنین بیان AFB2 در هر دو سطح تنش ۷ روز (FC: -۱/۶) و ۱۴ روز (FC: -۲/۸) در مقایسه با شاهد در سطح احتمال ۱ درصد کاهش داشت. کاهش بیان نسبی این ژن در واریته CP60-1062 در مقایسه با واریته CP48-103 در سطح احتمال ۵ درصد مشاهده شد (شکل ۶). با وجودی‌که ظرفیت تشکیل ریشه‌های هوایی در بسیاری از گونه‌های گیاهی یک صفت ژنتیکی است اما تحت شرایط خاصی مانند برخی از تنش‌های محیطی از قبیل غرقابی، کمبود عناصر غذایی، سمیت عناصر سنگین و خمیدگی ساقه بوجود آیند (Steffens and Rasmussen 2016). فرایند تشکیل ریشه‌های هوایی در گیاهان شامل سه مرحله است؛ القاء، شروع و توسعه (De Klerk et al. 1999). رخدادهای مولکولی کلیدی در این فرایند در مراحل القاء و شروع اتفاق می‌افتند. نقش هورمون اکسین به‌عنوان یک تنظیم کننده مرکزی در کنترل رشد ریشه‌های هوایی در گیاهان به‌خوبی شناخته شده است. از سوی دیگر نقش ژن‌های وابسته به پیامرسانی اکسین روز به روز شناخته‌تر می‌شود. در گیاه نیشکر تشکیل ریشه‌های هوایی رایج‌ترین واکنش ارقام متحمل به تنش غرقابی است. معمولاً مشاهده شده است که تشکیل این ریشه‌ها در لایه‌های سطحی خاک که غنی از اکسیژن است، رخ می‌دهد. اکسین یک تنظیم کننده کلیدی است که تقریباً در تمام جنبه‌های رشد و نمو گیاه از جوانه‌زنی تا پیری و مرگ مشارکت دارد. مطالعات نشان داده است که اکسین این فرآیندها را از طریق بیان ژن‌های خانواده فاکتورهای پاسخ دهنده به اکسین (ARF) تنظیم می‌کند. عوامل رونویسی ARF متعلق به خانواده‌ای از پروتئین‌ها است که ژن‌های وابسته به اکسین را از طریق اتصال به عناصر متصل شونده به اکسین (AuxREs) در ناحیه پروموتر کنترل می‌کنند (Salmon et al. 2008). یکی از کلیدی‌ترین عملکردهای این عوامل رونویسی، میانکنش با پروتئین‌های Aux/IAA می‌باشد. بیشتر انواع ARF شناخته شده در کنترل رشد ریشه‌های هوایی نقش دارند. نقش این عوامل رونویسی در تحریک رشد ریشه‌های هوایی با استفاده از تولید لاین‌های موتانت دارای افزایش بیان یا ناکاوت[1] شده برای این ژن‌ها، در گیاه آرابیدوپسیس نمایان شده است (Gutierrez et al. 2009). پیش‌بینی نقش ریزRNAها در هدف قرار دادن ژن‌ها که توسط

[1] Knock out

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

مطالعات مولکولی تأیید شده است، مشخص نمود که ARF6 و ARF8 توسط miR167 و ARF17 توسط miR160 از طریق برش رونوشت هدف، مهار می‌شوند (Khan et al. 2011).

miR160 به مکان‌های حفاظت شده موجود در نواحی غیرترجمه شونده ژن‌های سنتز کننده اکسین متصل شده و بیان آن‌ها را تنظیم می‌کند (Rhoades et al. 2012). این ریزRNA عوامل پاسخ دهنده به اکسین (ARF) را هدف قرار می‌دهد و حضور آن در گیاه نیشکر و بسیاری از گیاهان زراعی در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی مختلف گزارش شده است (Gentile et al. 2013). miR160 و ژن هدف آن (ARFs) نقش مهمی در رشد و نمو گیاهان دارند. پیش از این نیز مهار فعالیت ARF10 و ARF16 توسط miR160 در مرحله جوانه‌زنی گیاه آرابیدوپسیس گزارش شده است (Mallory et al. 2005). علاوه بر این مهار فعالیت ARF10 و ARF16 توسط این ریزRNA سبب افزایش تحمل گیاه گوجه‌فرنگی به پسابیدگی و حفظ تعادل آب در گیاه شده است (Liu et al. 2016). مشارکت این ریزRNA در پاسخ به تنش گرما در گندم (Kumar et al. 2015) و جو (Kruszka et al. 2014) نیز گزارش شده است. افزایش بیان این ریزRNA به‌طور مصنوعی در گیاهان سبب ایجاد گیاهان کوچک با برگ‌های دندانه‌دار و پیچ خورده رو به بالا شده است (Liu et al. 2017).

در گیاه آرابیدوپسیس ARF6، ARF8 و ARF17 با مهار بیان ژن‌های GH3.3، GH3.5 و GH3.6 و افزایش بیان GH3s شکل‌گیری ریشه‌های هوایی را باعث می‌شوند (Gutirrez et al. 2012). ARF17 تشکیل ریشه‌های هوایی را از طریق مهار بیان ژن GH3 به‌طور منفی تنظیم می‌کند، در نتیجه هموستازی اکسین را تغییر می‌دهد. در مقابل ARF6 و ARF8 از طریق افزایش بیان ژن GH3 شکل‌گیری ریشه‌های هوایی را بطور مثبت تنظیم می‌کنند (Lakehal et al. 2019a). در سطح پس از رونویسی miR160 و miR167 بیان ARF17، ARF6 و ARF8 را مهار می‌کنند. از طرفی این عوامل رونویسی پاسخ دهنده به اکسین بیان miR160 و miR167 را به‌طور متقابل تحت تاثیر قرار می‌دهند (Gutirrez et al. 2012). نتایج این مطالعات پیشنهاد می‌کند که تعادل بین مهار ARF17 و افزایش بیان ARF6 و ARF8 شکل‌گیری ریشه‌های هوایی را از طریق یک شبکه پیچیده تنظیمی القاء می‌کند.

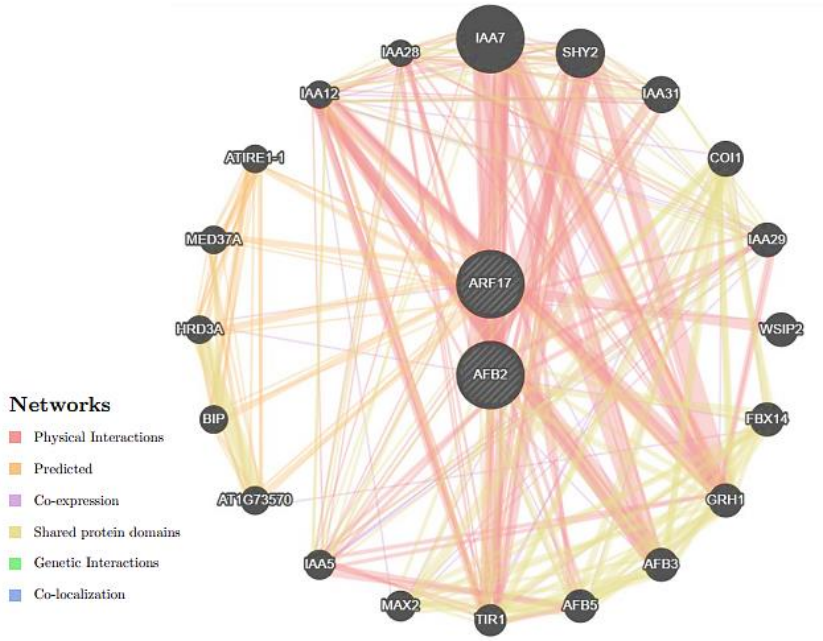
miR393 یکی از ریزRNAهای محافظت شده در گیاهان است که در رشد ریشه، توسعه اندام‌های هوایی و در پاسخ گیاهان به تنش‌ها نقش دارد. این ریزRNA ژن‌های هدف خود یعنی خانواده ژن‌های پیامرسان اکسین *AFB2* (*AUXIN SIGNALING F-BOX PROTEIN2*) را کنترل می‌کند. این ژن‌ها همولوگ ژن‌های خانواده TIR در گیاه آرابیدوپسیس بوده و هشت عضو دارند که اعضای *FBL1* تا *FBL4* توسط miR393 برش می‌خورند (Shu et al. 2015). دریافت و عملکرد پیام‌رسانی هورمون اکسین در گیاهان به ژن‌های *TIR/AFB2* وابسته است. این ژن‌ها به‌عنوان بخشی از یک شبکه تنظیم هورمون اکسین عمل نموده و در نهایت فعالیت ژن‌های پاسخ دهنده به اکسین را مهار می‌کنند. فعالیت گیرنده *TIR/AFB2* توسط miR393 کنترل می‌شود (Navarro et al. 2006). این ریزRNA به‌عنوان مهم‌ترین تنظیم کننده اکسین شناخته می‌شود (Iglesias et al. 2014) و در تنظیم رشد ریشه و برگ‌ها نقش دارد (Bian et al. 2012).

در گیاه برنج افزایش بیان miR393 سبب تغییر در زاویه برگ پرچم، ارتفاع گیاه، طول ریشه‌های اولیه، نمو بذر و حساسیت به اکسین و هم‌چنین سبب افزایش حساسیت گیاه به تنش شوری و خشکی شده است (Xia et al. 2012). افزایش بیان miR393 تحت تیمار هورمون IAA در گیاه آرابیدوپسیس مشاهده شده است (Chen et al. 2011). در این مطالعه تحت تیمار IAA افزایش بیان miR393 منجر به افزایش حساسیت گیاه به اکسین شد و در نتیجه مهار رشد ریشه‌های اولیه، افزایش رشد ریشه‌های جانبی، تغییر در ظاهر برگ‌ها و توقف گلدهی اتفاق افتاده است. Bai و همکاران (۲۰۱۷) گزارش نمودند قرار گرفتن گیاه جو در معرض سمیت Al^{3+} بیان miR393 را در بخش کلاهک ریشه سرکوب نمود، در حالی که افزایش بیان miR393 مهار رشد طولی ریشه توسط Al^{3+} را خنثی نموده و باعث کاهش مرگ برنامه‌ریزی شده سلولی ناشی از گونه‌های اکسیژن فعال شد.

در این مطالعه افزایش بیان miR160 و miR393 و کاهش بیان ژن هدف آنها یعنی ARF17 و AFB2 مشاهده شد. با توجه به نقش این دو ژن و اثر آنتاگونیستی آن‌ها در کنترل فرآیندهای رشد و نمو گیاه، افزایش تولید ریشه‌های هوایی در گیاهان تحت تنش در مقایسه با گیاهان شاهد را می‌توان به تغییرات بیان این ژن‌ها

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

نسبت داد. نقشه ارتباط ژنی برای ژن‌های ARF17 و AFB2 نشان از دخالت ژن‌های کنترل کننده بیان هورمون اکسین و همکاری ژن‌های IAA، FBX، TIR و GRH با ژن‌های هدف مورد مطالعه دارد (شکل ۷). این ژن‌ها بطور عمده در سنتز هورمون اکسین در اندام‌های هوایی و کنترل رشد ریشه از طریق تنظیم تعادل نسبت اکسین با سایتوکنین نقش دارند.



شکل ۷- شبکه ژنی و ارتباط ژن‌های دخیل در بیان هورمون اکسین و ژن‌های ARF17 و AFB2

نتیجه‌گیری کلی

یکی از راه‌های غلبه بر خسارت تنش غرقابی توسعه واریته‌های متحمل از طریق شناسایی و درک صحیح روابط موجود در تنظیم بیان ژن‌ها به‌ویژه در سطح پس از رونویسی است. این مطالعه با بررسی برخی شاخص‌های تحمل به تنش غرقابی در دو واریته CP48-103 و CP69-1062 نشان داد که این دو واریته از نظر سازگاری به تنش غرقابی تفاوت‌هایی دارند که بخشی از این تفاوت‌ها مربوط به پاسخ‌های مورفوفیزیولوژیکی و ژن‌های کنترل کننده آن‌ها است. در این مطالعه نقش تنظیمی miR160 و miR393 به‌همراه ژن‌های هدف آن‌ها یعنی ARF17 و AFB2 مورد بررسی قرار گرفت. نتایج بررسی بیان این ریزRNAها به‌همراه ژن‌های هدف، علاوه بر اثبات نقش کنترل منفی و نقش آن‌ها در تحریک رشد ریشه‌های هوایی در شرایط تنش، تفاوت واریته‌های CP69-1062 و CP48-103 و عملکرد بهتر واریته CP69-1062 در پاسخ به تنش غرقابی را از این نظر نیز نشان داد.

منابع

Wang J, Zhao T, Yang B, Zhang S (2017) Sucrose metabolism and regulation in sugarcane. Journal of Plant Physiology and Pathology 5:2.

Gomathi R, Chandran K (2009) Effect of water logging on growth and yield of sugarcane clones. Sugarcane Breeding Institute (SBI-ICAR). Quarterly News Letter 29:1-2.

Omary M, Izuno FT (1995) Evaluation of sugarcane evapotranspiration from water table data in the everglades agricultural area. Agricultural Water Management 27:309-319.

Glaz B, Edme S J, Miller JD, Milligan SB, Holder DG (2002) Sugarcane cultivar response to high summer water tables in the Everglades. Agronomy Journal 94:624-629.

Malik AI, Colmer TD, Lamber H, Schortemeyer M (2001) Changes in physiological and morphological traits of roots and shoots of wheat in response to different depths of waterlogging. Plant Physiology 28:1121-1131.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

Gilbert RA, Curtis R, Rainbolt D, Morris R, Bennett C (2007) Morphological responses of sugarcane to longterm flooding. Agronomy Journal 99:1622-1628.
Zhang B, Wang Q (2015) MicroRNA-based biotechnology for plant improvement. Journal of cellular physiology 230:1-15.
Xu J, Hou Q M, Khare T, Verma S. K, Kumar V (2019) Exploring miRNAs for developing climate-resilient crops: A perspective review. Science of the Total Environment 91-104.
Sunkar R, Zhu JK (2004) Novel and stress-regulated microRNAs and other small RNAs from Arabidopsis. The Plant Cell 16:2001-2019.
Sunkar R, Li YF, Jagadeeswaran G (2012) Functions of microRNAs in plant stress responses. Trends in plant science 17:196-203.
Rhoades MW (2012) Conservation and divergence in plant microRNAs. Plant molecular biology 80:3-16.
Gentile A, Ferreira TH, Mattos RS, Dias LI, Hoshino AA, Carneiro MS, Menossi M, (2013) Effects of drought on the microtranscriptome of field-grown sugarcane plants. Planta 237:783-798.
Bian H, Xie Y, Guo F, Han N, Ma S, Zeng Z, Zhu M (2012) Distinctive expression patterns and roles of the miRNA393/TIR1 homolog module in regulating flag leaf inclination and primary and crown root growth in rice (Oryza sativa). New Phytologist 196:149-161.
Arnon, D.L (1949) Copper enzymes in isolated chloroplasts PPO in Beta vulgaris. Plant Physiology 1-15.
Varkonyi-Gasic E, Wu R, Wood M, Walton EF, Hellens RP (2007) Protocol: a highly sensitive RT-PCR method for detection and quantification of microRNAs. Plant methods 3:1-12.
Liu N, Landreh M, Cao K, Abe M, Hendriks G. J, Kennerdell J. R, Bonini N. M (2012) The microRNA miR-34 modulates ageing and neurodegeneration in Drosophila. Nature 482:519-523.
Kramer MF (2011) Stem-loop RT-qPCR for miRNAs. Current protocols in molecular biology 95:15-10.
Steffens B, Rasmussen A (2016) The physiology of adventitious roots. Plant physiology 170:603-617.
De Klerk GJ, Van Der Krieken W, de Jong JC (1999) Review the formation of adventitious roots: new concepts, new possibilities. In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant 35:189-199.
Salmon J, Ramos J, Callis J (2008) Degradation of the auxin response factor ARF1. The Plant Journal 54:118-128.
Gutierrez L, Bussell JD, Pacurar DI, Schwambach J, Pacurar M, Bellini C (2009) Phenotypic plasticity of adventitious rooting in Arabidopsis is controlled by complex regulation of AUXIN RESPONSE FACTOR transcripts and microRNA abundance. The Plant Cell 21:3119-3132.
Khan GA, Declerck M, Sorin C, Hartmann C, Crespi M, Lelandais-Brière C (2011) MicroRNAs as regulators of root development and architecture. Plant molecular biology 77:47-58.
Mallory AC, Bartel DP, Bartel B (2005) MicroRNA-directed regulation of Arabidopsis AUXIN RESPONSE FACTOR17 is essential for proper development and modulates expression of early auxin response genes. The Plant Cell 17:1360-1375.
Kumar M, Sahu SK, Kumar R, Subuddhi A, Maji RK, Jana K, Basu J (2015) MicroRNA let-7 modulates the immune response to Mycobacterium tuberculosis infection via control of A20, an inhibitor of the NF-κB pathway. Cell host and microbe 17:345-356.
Kruszka K, Pacak A, Swida-Barteczka A, Nuc P, Alaba S, Wroblewska Z, Szweykowska-Kulinska Z (2014). Transcriptionally and post-transcriptionally regulated microRNAs in heat stress response in barley. Journal of experimental botany 65:6123-6135.
Liu Q, Yan S, Yang T, Zhang S, Chen YQ, Liu B (2017) Small RNAs in regulating temperature stress response in plants. Journal of integrative plant biology 59:774-791.
Lakehal A, Chaabouni S, Cavel E, Le Hir, Ranjan R, Raneshan,Z, Bellini C (2019) A molecular framework for the control of adventitious rooting by TIR1/AFB2-Aux/IAA-dependent auxin signaling in Arabidopsis. Molecular plant 12:1499-1514.
Gutierrez L, Mongelard G, Floková K, Păcurar D. I, Novák O, Staswick P, Bellini C (2012). Auxin controls Arabidopsis adventitious root initiation by regulating jasmonic acid homeostasis. The Plant Cell 24:2515-2527.
Shu W, Liu Y, Guo Y, Zhou H, Zhang J, Zhao S, Lu M (2015) A Populus TIR1 gene family survey reveals differential expression patterns and responses to 1-naphthaleneacetic acid and stress treatments. Frontiers in plant science 719.
Chu L, He X, Shu W, Wang L, Tang F (2021) Knockdown of miR393 promotes the growth and biomass production in poplar. Frontiers in Plant Science 12:11-18.
Navarro L, Dunoyer P, Jay F, Arnold B, Dharmasiri N, Estelle M, Jones JD (2006) A plant miRNA contributes to antibacterial resistance by repressing auxin signaling. Science 312:436-439.
Iglesias MJ, Terrile MC, Windels D, Lombardo MC, Bartoli CG, Vazquez F, Casalongué CA (2014) MiR393 regulation of auxin signaling and redox-related components during acclimation to salinity in Arabidopsis. PLoS One 9:e107678.
Xia K, Wang R, Ou X, Fang Z, Tian C, Duan J, Zhang M (2012) OsTIR1 and OsAFB2 downregulation via OsmiR393 overexpression leads to more tillers, early flowering and less tolerance to salt and drought in rice. PloS one 7:e30039.
Chen ZH, Bao ML, Sun YZ, Yang YJ, Xu XH, Wang JH, Zhu MY (2011) Regulation of auxin response by miR393-targeted transport inhibitor response protein 1 is involved in normal development in Arabidopsis. Plant molecular biology 77:619-629.
Bai B, Bian H, Zeng Z, Hou N, Shi B, Wang J, Han N (2017) miR393-mediated auxin signaling regulation is involved in root elongation inhibition in response to toxic aluminum stress in barley. Plant and Cell Physiology 58:426-439.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]

Jain R, Singh S.P, Singh A, Singh S, Chandra A, Solomon S (2017) Response of foliar application of nitrogen compounds on sugarcane grown under waterlogging stress. Sugar Tech 18:433-436.

Dai X, Zhuang Z, Zhao, PX (2018) psRNATarget: a plant small RNA target analysis server (2017 release). Nucleic acids research 46:49-54.

Fukao T, Barrera-Figueroa B.E, Juntawong P, Peña-Castro J M (2019) Submergence and waterlogging stress in plants: a review highlighting research opportunities and understudied aspects. Frontiers in Plant Science 340.

[Downloaded from mg.genetics.ir on 2026-11-20]