

بررسی گروه‌های عملکردی پروتئینی مشترک و غیر مشترک ارقام متحمل و حساس کلزا تحت تنش شوری و خشکی با استفاده از روش پروتئومیک

Evaluation of functional protein groups of the common and
uncommon of tolerant and sensitive cultivars of rapeseed under
salinity and drought using Proteomics method

معروف خلیلی^{*}، محمدرضا نقوی^۱

۱- استادیاران بخش کشاورزی، دانشگاه پیام نور، ایران

Khalili M^{*1}, Naghavi MR¹

1- Assistant Professors, Department of Agriculture, Payame Noor University, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: makhalily@yahoo.com

(تاریخ دریافت: ۹۵/۸/۱۰ - تاریخ پذیرش: ۹۶/۲/۳۱)

چکیده

برای مطالعه پروتئین‌های مشترک و غیرمشترک پاسخ دهنده به تنش شوری و خشکی در کلزا (*Brassica napus* L.)، ارقام SW5001 و Sarigol به ترتیب به عنوان نماینده‌ای از ارقام متحمل و حساس به صورت فاکتوریل با طرح پایه بلوک کامل تصادفی در چهار تکرار در محیط گلخانه کشت شدند. برای بررسی الگوی پروتئینی با استفاده از تجزیه پروتئوم، نمونه‌های برگ، در دو آزمایش جداگانه دو هفته پس از اعمال تنش شوری و خشکی و در پایان مرحله روزت تهیه شد. استخراج پروتئین از بافت برگ، انجام و الکتروفورز بعد اول به روش نوارهای IPG در گیاهان شاهد و تحت تیمار شوری انجام شد. پروتئین‌ها در بعد دوم با تکنیک SDS-PAGE تفکیک شدند و پس از رنگ آمیزی با آبی کوماسی تصویربرداری از ژل‌ها و تجزیه لکه‌های پروتئینی با نرم افزار PDQuest انجام شد. در نهایت به ترتیب تعداد ۱۷ و ۲۵ لکه پروتئینی معنی دار بین گیاهان شاهد و تحت تنش‌های شوری و خشکی در هر دو رقم، تشخیص داده شدند که از این تعداد به ترتیب تعداد ۱۰ و ۱۵ لکه پروتئینی بین دو رقم مشترک و تعداد چهار و شش لکه پروتئینی به ترتیب منحصر به رقم متحمل و تعداد سه و چهار لکه پروتئینی به ترتیب منحصر به رقم حساس تحت تنش‌های شوری و خشکی بودند. در مجموع از بین تمامی پروتئین‌های پاسخ دهنده تحت تنش شوری و خشکی در دو رقم SW5001 و Sarigol، سه پروتئین مشترک در هر دو رقم و هر دو تنش شامل Ribulose-1,5-bisphosphate، Oxygen-evolving enhancer protein 2-chloroplastic و carboxylase/oxygenase large subunit و ATP synthase CF1 beta subunit از مهم ترین پروتئین‌های پاسخ دهنده به تنش‌های خشکی و شوری شناسایی شدند. این پروتئین‌ها به سه عضو موثر در سلول یعنی کمپلکس فتوسیستم II، رویسکو و ATP سنتاز تعلق دارند که به نظر می رسد از مهم ترین اجزای سلول تحت تنش شوری و خشکی باشند. بنابراین افزایش کارایی این سه مجموعه که با افزایش کارایی سلول همراه است، اثرات تنش شوری و خشکی را کم تر خواهد کرد.

واژه‌های کلیدی

پروتئومیک
پروتئین‌های پاسخ دهنده به تنش
تنش شوری و خشکی
کلزا

مقدمه

مطالعاتی که به منظور درک مکانیسم پاسخ به تنش خشکی و شوری انجام می‌شود در راستای توسعه ارقام متحمل به تنش است. به منظور رهایی از شرایط نامطلوب رشد، حفظ هموستازی، سم‌زدایی عناصر مضر و بازیابی رشد، تغییراتی در سطوح فیزیولوژیکی و مولکولی در گیاهان روی می‌دهد (Rampino et al. 2006). تحمل شوری و خشکی در گیاهان پدیده پیچیده‌ای بوده و با انواع ساز و کارهای فیزیولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی در ارتباط است. در این راستا پروتئومیک یکی از رهیافت‌های مهم برای درک اساس مولکولی تحمل تنش است تا تغییرات القا شده توسط تنش در سطح پروتئین‌ها مورد شناسایی و بررسی قرار گیرد (Thiellement et al. 2002). با استفاده از پروتئومیک می‌توان اثر تنش‌های غیر زیستی از جمله کمبود آب و شوری را بررسی کرد (Zang and Komatsu 2007). در مطالعات متعدد، پروتئین‌های القا پذیر از تنش شوری و خشکی در گیاهان مختلف شناسایی شده‌اند. به عنوان مثال در مطالعه (Munns 1986) and Termtat با بررسی اثر تنش شوری بر روی برنج (به همراه اثر آسزیک اسید و جاسمونیک اسید)، گروه جدیدی از پروتئین‌های غنی از گلايسين و یک سری از پروتئین‌های فراوان در مرحله جنین‌زایی (دی هیدرین‌ها) شناسایی شدند. همچنین فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانت در پاسخ به تنش شوری در مطالعات متعددی مورد بررسی قرار گرفته است. در پنبه تیمارهای شوری منجر به افزایش فعالیت آنزیم‌های پراکسیداز و گلوکاتایون رداکتاز (GR) در بوته‌های متحمل شده‌است. این در حالی است که در ارقام حساس، سطح بیان این دو آنزیم ثابت مانده و یا کاهش داشته است (Gossett et al. 1994). در اعمال تنش شوری ناشی از NaCl بر دو رقم برنج و مطالعه الگوهای پروتئینی، پروتئین اسکوربیت پر اکسیداز افزایش نشان داد. این آنزیم باعث تبدیل H_2O_2 به H_2O و O_2 می‌شود تا سلول‌ها را از اکسیژن فعال محافظت کند. لذا، گیاهان تحت تنش شوری، تحت تنش اکسیداتیو نیز قرار می‌گیرند (Hosseini Salekdeh et al. 2002a). در مطالعه‌ای دیگر یک رقم برنج بعد از قرار گرفتن در معرض تنش شوری تحت تجزیه پروتئوم قرار گرفت. برای این منظور گیاهچه‌های ۳ هفته‌ای برنج با ۱۵۰ میلی‌مولار NaCl تیمار شدند.

در مجموع ۳۴ عدد از لکه‌ها دارای فراوانی بیش‌تر و ۲۰ عدد دارای فراوانی کم‌تر در شرایط تنش بودند. تجزیه از طریق MS و جستجو در بانک اطلاعات ۱۲ لکه که ۱۰ پروتئین متفاوت را نشان می‌دادند، تشخیص داد. سه لکه معرف یک پروتئین بنام انولاز بودند. چهار عدد از آن‌ها قبلاً به عنوان پروتئین‌های پاسخ-دهنده به شوری تعیین شده بودند. شش پروتئین دیگر نیز جدید بودند. این پروتئین‌ها در متابولیسم انرژی، نیتروژن و کربوهیدرات، حذف ROS، ساخت پروتئین‌ها و mRNA و پایداری ساختار سلولی دخیل می‌باشند. این مطالعه نشان داد که تنش شوری با تنظیم تولید و مقدار پروتئین‌های مختلف قابل کنترل است (Yan et al. 2005). از طرف دیگر، (Ali and Komatsu 2006) به منظور ارزیابی تأثیر تنش خشکی در مراحل اولیه رشد برنج بر تغییرات میزان پروتئین‌های غلاف برگ این گیاه آزمایشی انجام دادند. در این بررسی گیاهچه‌های دو هفته‌ای برنج به مدت دو تا شش روز تحت تنش خشکی قرار گرفت و تجزیه پروتئوم توسط الکتروفورز دوبعدی با بعد اول IEF و بعد دوم SDS-PAGE، رنگ‌آمیزی آبی کوماسی و توالی‌یابی کروماتوگرافی مایع انجام شد. نتایج نشان داد که تعداد ۱۰ پروتئین افزایش میزان و ۲ پروتئین کاهش میزان معنی‌داری دارند که با گروه‌بندی این پروتئین‌ها مشخص شد که در فعالیت‌های دفاعی، تأمین انرژی، متابولیسم، ساختار سلولی و ترانس‌سانی پیام نقش دارند. همچنین آن‌ها اظهار داشتند که فاکتور actin depolymerizing یک پروتئین هدف القایی تحت تنش خشکی می‌باشد. (Kausar et al. 2013) در تجزیه پروتئوم ژنوتیپ‌های جو به تنش خشکی اظهار داشتند که در مطالعه ژنوتیپ‌های متحمل و حساس پروتئین‌های دخیل در فتوسنتز همراه با سنتز آمینواسیدها و پروتئین‌های مرتبط با تجزیه پروتئین‌ها میزان متفاوتی داشتند. این نتایج نشان‌دهنده این است که پروتئین‌های مرتبط با متابولیسم کلروپلاستی و تولید انرژی نقش مهمی در سازگاری با شرایط تنش کمبود آب در مرحله گیاهچه‌ای جو دارند. از طرف دیگر، در مطالعه دیگری روی ارقام جو پروتئین آلفا SNAP که در انتقال درون سلولی نقش دارد و نقش حیاتی در بقای سلول در طی تنش بر عهده دارد (Peter et al. 1998) در ارقام متحمل به میزان دو برابر ارقام حساس افزایش یافت که با توجه به نقش این پروتئین، می‌تواند

هدف این پژوهش مقایسه الگوی الکتروفورز دوبعدی ارقام حساس و متحمل کلزا تحت تنش شوری و خشکی و در نهایت شناسایی پروتئین‌های دارای تغییرات میزان تحت هر دو تنش و بررسی نقش این پروتئین‌ها در مسیرهای ترانسانی مولکولی و ایجاد تحمل به تنش شوری و خشکی بود.

مواد و روش‌ها

در این پژوهش دو رقم کلزای بهاره به نام‌های SW5001 به عنوان رقم متحمل و Sarigol به عنوان رقم حساس در مرحله گیاهچه‌ای به روش کشت سیستم آبکشت (هیدروپونیک) با استفاده از محلول هوگلند در سال ۹۵-۱۳۹۴ در گلخانه از نظر پاسخ به تنش شوری اعمال شده با NaCl و خشکی اعمال شده با PEG^۱ مورد ارزیابی قرار گرفتند. مواد گیاهی مورد استفاده در این پژوهش در آزمایشی به صورت فاکتوریل در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با چهار تکرار بررسی شدند. در آزمایش تنش شوری فاکتورهای آزمایش شامل شوری از نوع کلرید سدیم در دو سطح صفر (شاهد) و ۳۰۰ میلی مولار و ارقام کلزا بود. هم-چنین در آزمایش تنش خشکی از مقادیر ۱۰٪ PEG_{۶۰۰۰} (-) و ۲۰٪ PEG_{۶۰۰۰} (-0.52MP) استفاده شد. در مدت آزمایش، دوره روشنائی ۱۴ ساعت در نظر گرفته شد و برای تنظیم نور از روشنائی طبیعی و مصنوعی استفاده شد. دمای روزانه ۲۵±۳ درجه سانتی‌گراد و شبانه ۱۵±۳ درجه سانتی‌گراد برای رشد گیاهچه‌ها فراهم شد. رطوبت نسبی گلخانه در طول مدت انجام آزمایش بین ۶۰-۴۵ درصد در نوسان بود. برای یکنواختی کار و عدم تداخل سرعت جوانه‌زنی بذور بر تیمارهای شوری و خشکی در دو آزمایش جداگانه اقدام به تهیه نشا از ارقام شد. زمان نشا پنج روز پس از خیساندن رقم آخر و شروع تنش سه هفته بعد از نشا گیاهچه‌ها در بستر اصلی بود. تنش شوری به-صورت تدریجی و هر روز به میزان ۵۰ میلی مولار اعمال شد. غلظت نمک کلرور سدیم در تیمار شوری و هم‌چنین هدایت الکتریکی محلول‌ها به‌طور روزانه کنترل شد. هم‌چنین در آزمایش تنش خشکی، اعمال پلی‌اتیلن گلیکول ۲۰ درصد به صورت

در تحمل به تنش مؤثر باشد (Kausar et al. 2013). در آزمایش دیگری روی گندم دوروم که توسط Caruso et al. (2009) انجام شد، تنش خشکی به مدت هفت روز بر گیاهچه‌های هفت روزه اعمال و با گیاهان شاهد مقایسه شد. تجزیه پروتئوم توسط الکتروفورز دوبعدی در بعد اول به صورت IPG و بعد دوم SDS-PAGE، رنگ‌آمیزی توسط کوماسی و طیف سنجی جرمی نشان داد که ۳۶ لکه پروتئینی به صورت تکرارپذیر دارای تغییرات معنی‌دار بین تنش و شاهد بودند. با گروه‌بندی این پروتئین‌ها مشخص شد که سهم نسبی این پروتئین‌ها به صورت دخالت در گلیکولیز، ۱۸ درصد؛ دخیل در حذف گونه‌های فعال اکسیژن (ROS)، ۱۵ درصد؛ دخیل در بیوستز اسیدهای آمینه، ۱۲ درصد؛ در چرخه کالوین، ۹ درصد؛ در مکانیسم‌های دفاعی، ۶ درصد؛ و در تنظیم پس از ترجمه، ۳ درصد بود. در راستای این پژوهش‌ها، در آزمایشی روی کلزا و در شرایط تنش شوری ناشی از کلرور سدیم تجزیه و تحلیل ژل‌های دوبعدی منجر به شناسایی یک پلی‌پپتید ۱۲ کیلودالتونی شد که از افزایش معنی‌داری برخوردار بود (Reviron et al. 1992). این پروتئین که BnD22 نامیده شد، نقش بازدارندگی پروتئازها را دارد و منجر به تعویق پیری برگ‌ها می‌شود. در آزمایش دیگری روی کلزا اجزای زیرواحد مختلف ATP synthase complex شناسایی و تغییر میزان آن‌ها در مطالعه تجزیه پروتئوم مشاهده شد (Albertin et al. 2009). هم‌چنین، Zhu et al. (2010) گزارش کردند که در کلزا در اثر تنش آب‌سیریک اسید پروتئین‌های دخیل در فتوستز مانند PSBO و پروتئین‌های فعال‌کننده RuBisCO افزایش بیان نشان می‌دهند. هم‌چنین این پژوهشگران کاهش میزان پروتئین Cu/Zn superoxide dismutase را در سلول‌های محافظ روزنه تحت تنش مشاهده کردند. از طرف دیگر، در آزمایش تجزیه پروتئوم کلزا تحت تنش خشکی گزارش شده است که گروه‌های پروتئینی مرتبط با متابولیسم سلولی، پروتئین‌های درگیر با تجزیه و پیچش پروتئین‌ها و ترانسانی پیام تحت تنش کاهش میزان نشان دادند در حالی که پروتئین‌های مرتبط با تولید انرژی (فتوستز)، سنتز پروتئین و تولید پروتئین‌های دفاعی در سلول افزایش میزان داشتند (Koh et al. 2015).

¹ Polyethylene Glycol 6000

صورت دو تکه (شامل ژل جداکننده (Separating gel 15%) و ژل نگه دارنده (Stacking gel 5%) تهیه شدند. نوارهای بعد اول بر روی ژل‌های بعد دوم قرار گرفته و با استفاده از آگارز یک درصد به آن‌ها متصل شدند. در نهایت عملیات رانش با جریان ۳۵ میلی‌آمپر برای هر ژل انجام شد. پس از پایان الکتروفورز بعد دوم رنگ‌آمیزی با استفاده از محلول آبی کوماسی انجام شد. سپس ژل‌ها به مدت دو ساعت روی شیکر قرار داده شدند. پس از سپری شدن زمان فوق، محلول رنگ آمیزی دور ریخته شده و محلول رنگ زدا (Destaining) تا پوشاندن کامل ژل‌ها به آن اضافه شد. رنگ‌زدایی به مدت یک شب روی شیکر انجام شد. سپس رنگ‌زدایی به مدت حداکثر ۳۰ دقیقه تکرار و سپس ژل‌ها جهت تصویربرداری مورد استفاده قرار گرفتند.

جهت تصویربرداری ژل‌ها از دستگاه اسکنر GS-800Bio-Rad استفاده شد. تجزیه کمی لکه‌های پروتئینی با نرم‌افزار PDQuest انجام شد. پس از تعیین لکه‌های پروتئینی با تغییرات میزان معنی-دار از دستگاه طیف‌سنجی جرمی دو مرحله‌ای (MS/MS) به همراه کروماتوگرافی مایع و ابزارهای بیوانفورماتیک برای شناسایی لکه‌ها استفاده شد. داده‌های حاصل از اسپکترومتری با نرم‌افزار بیوورکس (ver.3.3.1, Thermo Fisher) (Bioworks software) به فرمت قابل استفاده با موتور جستجوگر مسکات تبدیل شد. در نهایت لکه‌های پروتئینی تکرار دار در دو رقم متحمل و حساس توسط نرم‌افزار PDQuest شناسایی و برچسب زده شد. درصد حجمی این نقاط تکراردار که توسط نرم افزار کمی شده بودند، مورد تجزیه واریانس قرار گرفتند. در تجزیه واریانس برای انتخاب نقاط پروتئینی که نسبت به تنش عکس العمل معنی‌دار نشان داده بودند، سطح احتمال معنی داری پنج درصد مد نظر قرار گرفت. از بین نقاط انتخاب شده معنی‌دار، نقاطی که IF^2 آن‌ها بزرگ‌تر از ۲ و یا کوچک‌تر از ۰/۵ بود، مورد انتخاب نهایی قرار گرفتند. نقطه‌ای دارای IF بزرگتر از واحد است که تحت تنش شوری افزایش میزان نشان داده است. برای کاهش ریسک این مقدار بزرگ‌تر از ۲ گرفته شد. در مقابل، نقاط دارای IF کمتر از واحد دارای کاهش میزان تحت تنش شوری هستند و

تدریجی و از زمان شروع تنش، هر روز مقدار پنج درصد پلی-اتیلن گلیکول به سطح تنش بود، به‌طوری که سطح ۲۰ درصد آن پس از چهار روز فراهم شد. دو هفته پس از اعمال هر دو تنش شوری و خشکی و در پایان مرحله روزت، نمونه‌برداری از برگ-های کلزا برای تجزیه پروتئوم انجام شد. برای استخراج پروتئین، محلول شماره یک شامل ۹ میلی‌لیتر استن، دو میلی‌لیتر TCA ۱۰۰ درصد و ۱۴ میکرولیتر ۲-مرکاپتواتانول تهیه شد. ۰/۵ گرم بافت برگ در ازت مایع خرد شده و سپس در دو میلی‌لیتر از محلول شماره یک یکنواخت شد. در مرحله بعد، عصاره اولیه به مدت یک ساعت در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد قرار داده شد و هر ۱۵ دقیقه به مدت ۳۰ ثانیه (تا یک دقیقه) به‌طور کامل ورتکس شد. سپس سانتریفوژ در دمای چهار درجه سانتی‌گراد، با دور ۹۰۰۰g و به مدت ۲۰ دقیقه انجام شد. با حذف روشناور، یک میلی‌لیتر از محلول شماره دو (متشکل از ۱۰ میلی‌لیتر استون و هفت میکرولیتر ۲-مرکاپتواتانول) روی رسوب ریخته شده و ورتکس شد. پس از این مرحله نمونه به مدت یک ساعت در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد قرار گرفته و هر ۱۵ دقیقه یک بار به مدت ۳۰ ثانیه (تا یک دقیقه) ورتکس شد. سپس سانتریفوژ در دمای چهار درجه سانتی‌گراد با دور ۲۰۰۰۰g و به مدت پنج دقیقه انجام شد که با حذف روشناور، ۱/۵ میلی‌لیتر از محلول شماره دو بر روی رسوب افزوده شده و ورتکس شد. این مرحله، دو بار دیگر نیز تکرار شد. در نهایت با حذف روشناور، رسوب خشک شد و در بافر لیز حل شد (Damerval et al. 1986).

رسوب حاصل از مرحله قبل با ۴۰۰ میکرولیتر بافر لیز (4.8 g Urea، 0.2ml Ampholine (pH=3.5-10)، 0.2ml NP-40، 0.5g Polyvinylpyrrolidone-40) حل شده و یک ساعت در دمای اتاق ورتکس شد. سپس سانتریفوژ در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد با دور ۲۰۰۰۰g و به مدت ۲۰ دقیقه انجام شد. با انتقال روشناور به تیوپ جدید، سانتریفوژ با مشخصات قبل تکرار شده و در نهایت ۱۲۰ میکرولیتر از روشناور جهت بارگذاری در بعد اول به کار رفت (Damerval et al. 1986). الکتروفورز بعد اول به روش نوارهای IPG^1 و الکتروفورز بعد دوم به روش SDS-PAGE انجام شد (Herbert 1999). ژل‌های بعد دوم به-

¹ Immobilized pH Gradient

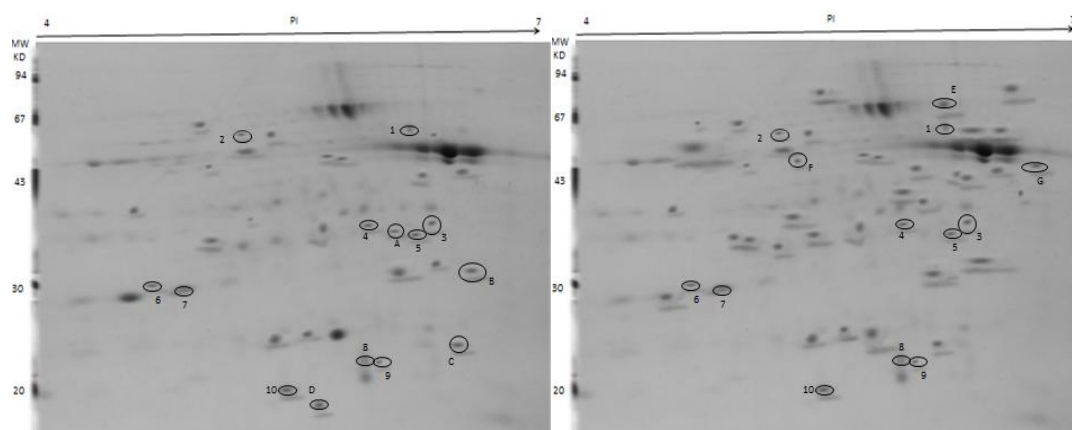
² Induction Factor

در اینجا هم برای کاهش ریسک، مقدار کمتر از ۰/۵ مد نظر قرار گرفت.

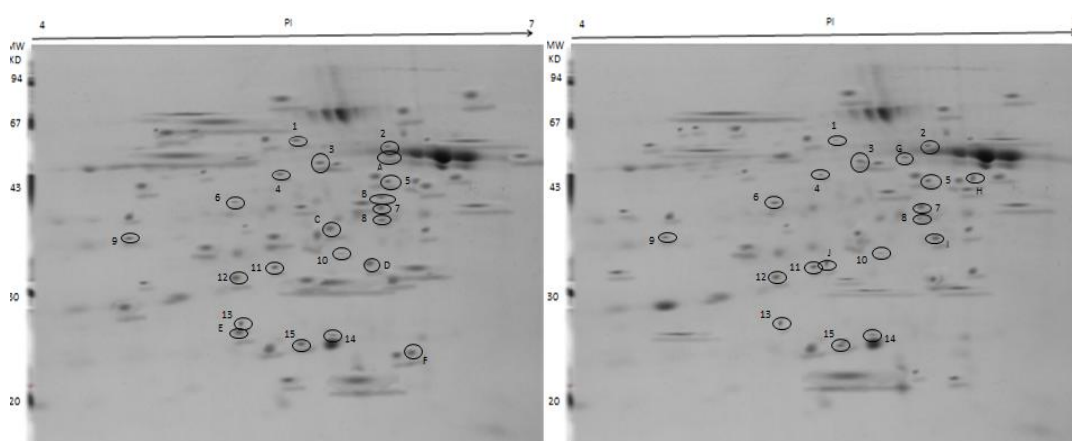
نتایج و بحث

از مجموع لکه‌های شناسایی شده بر روی ژل‌های رنگ‌آمیزی شده تعداد پروتئین‌های پاسخ دهنده به تنش شوری به ترتیب در رقم SW5001 و Sarigol، ۱۴ و ۱۳ و تحت تنش خشکی ۲۱ و ۱۹ بود که از این تعداد در شرایط تنش شوری ۱۰ لکه پروتئینی بین دو رقم مشترک بودند و چهار لکه فقط در رقم SW5001 تغییر

میزان داشت و سه لکه هم تنها در رقم Sarigol تحت تنش تغییر میزان معنی‌دار نشان داد. به عبارت دیگر تحت تنش شوری در مجموع ۱۷ لکه پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش در این آزمایش در هر دو رقم شناسایی شد. در حالی که تحت تنش خشکی ۱۵ لکه پروتئینی بین دو رقم مشترک بودند و شش لکه فقط در رقم SW5001 تغییر میزان داشت و چهار لکه هم تنها در رقم Sarigol تحت تنش تغییر میزان معنی‌دار نشان دادند و در مجموع ۲۵ لکه پروتئینی پاسخ‌دهنده به تنش خشکی در هر دو رقم شناسایی شد. تصویر ژل مرجع مربوط به دو رقم SW5001 و Sarigol تحت هر دو تنش در شکل‌های ۱ و ۲ نشان داده شده‌است.



شکل ۱- ژل مرجع رقم SW5001 (سمت چپ) و رقم Sarigol (سمت راست) که در آن لکه‌های پروتئینی مشترک پاسخ دهنده به تنش شوری با شماره و لکه‌های غیر مشترک با حروف انگلیسی مشخص شده‌است.



شکل ۲- ژل مرجع رقم SW5001 (سمت چپ) و رقم Sarigol (سمت راست) که در آن لکه‌های پروتئینی مشترک پاسخ دهنده به تنش خشکی با شماره و لکه‌های غیر مشترک با حروف انگلیسی مشخص شده‌است.

دیده شدند که بیش‌تر مرتبط با چرخه کالوین بودند که با توجه به کاهش میزان آن‌ها نشان‌دهنده کاهش روند تولید قند تحت تنش در رقم حساس است (جدول ۱).

در دو رقم بیش‌ترین پروتئین‌ها مربوط به واکنش نوری فتوسنتز، چرخه کالوین و پروتئین‌های دخیل در حذف آنتی اکسیدان بودند که این امر نشان‌دهنده اهمیت متابولیسم کربن و هموستازی تحت تنش شوری می‌باشد. واکنش شیمیایی وابسته به نور (Photolysis) در مجموعه درگیر اکسیژن (OEC)^۱ مرکز واکنش فتوسیستم II انجام می‌شود (Heide et al. 2004). زیرواحد فرعی کمپلکس PSII پروتئین‌هایی هستند که در سیستم فتوسنتزی نقش دارند و به‌عنوان پروتئین‌های OEC شناخته می‌شوند و در پایداری کمپلکس PSII نقش دارند (Ifuku et al. 2008). اختلال در این پروتئین‌ها باعث زیان نوری به فتوسیستم II می‌شود (Takahashi and Murata 2008). بنابراین با توجه به کاهش میزان یا عدم بیان این پروتئین‌ها در رقم حساس Sarigol که شامل لکه‌های پروتئینی ۳ و ۴ هستند، باعث اختلال در فعالیت فتوسیستم II شده و در نهایت کارایی واکنش نوری کاهش می‌یابد. در حالی که در رقم متحمل SW5001 این پروتئین‌ها و هم‌چنین لکه پروتئینی C افزایش میزان داشتند. این نتایج نشان می‌دهد که تنش شوری یکی از اجزای مهم ماشین فتوسنتز یعنی، چرخش اکسیژن و کمپلکس فتوسیستم II را به‌شدت تحت تأثیر قرار داده است و از این رو، در پیری برگ‌ها و احتمالاً مرگ تدریجی سلولی مشارکت خواهد داشت. بر اساس گزارش (Komatsu and Tanaka 2004)، در تجزیه پروتئوم غلاف برگ‌های برنج تحت تنش شوری کلرور سدیم، فراوانی این گروه از پروتئین‌ها در پاسخ به تنش شوری افزایش یافته است که بیانگر نقش حفاظتی این پروتئین‌ها در برابر تنش است. از طرف دیگر، پروتئین‌های PSBO-2 که در این تحقیق در دو ایزوفرم مختلف ظاهر شدند (لکه‌های ۶ و ۷)، متعلق به خانواده Oxygen evolving هستند و گروه مگنیز را که سایت اصلی شکسته شدن مولکول آب است، پایدار نگه می‌دارد (Kumara et al. 2003). این پروتئین‌ها در رقم متحمل افزایش میزان و در رقم حساس کاهش میزان داشتند. در این راستا، Zhu et al. (2010) گزارش کردند که در کلزا در اثر تنش

بر اساس نتایج می‌توان اظهار داشت که در رقم متحمل تعداد پروتئین‌های دارای افزایش میزان در شرایط تنش شوری و خشکی نسبت به رقم حساس بیش‌تر بود (جدول ۱ و ۲). بیش‌تر بودن تعداد پروتئین‌های پاسخ‌دهنده به تنش در رقم SW5001 و هم‌چنین افزایش میزان اکثر پروتئین‌های معنی‌دار در این رقم نسبت به رقم حساس بیانگر این است که این رقم با دخالت دادن پروتئین‌های مختلف و افزایش میزان آن‌ها تحت تنش شوری و خشکی عکس‌العمل بهتری نسبت به رقم حساس جهت حفظ رشد خود داشته است. (Hosseini Salekdeh et al. 2002b) در مطالعه پروتئوم ارقام حساس و متحمل برنج نسبت به تنش خشکی، زیاد بودن تعداد پروتئین‌های دارای افزایش میزان در رقم متحمل را گزارش کرده‌اند و این نتایج مشابه نتایج مطالعه حاضر روی دو رقم کلزا می‌باشد.

از بین پروتئین‌های پاسخ‌دهنده به تنش شوری آن‌هایی که بر روی ژل‌های رنگ‌آمیزی شده با آبی کوماسی قابل مشاهده بودند، جدا شده و برای انجام اسپکترومتری جرمی استفاده شدند. ۱۷ پروتئین در تنش شوری و ۲۵ پروتئین در تنش خشکی با استفاده از روش MALDI TOF/TOF MS مورد شناسایی قرار گرفت (جدول ۳). در روش MALDI TOF، شناسایی پروتئین‌ها به‌روش انگشتنگاری جرم پپتید (PMF) صورت می‌گیرد (Twyman 2004). جایگاه پروتئین‌های شناسایی شده در ژل در شکل‌های ۱ و ۲ نشان داده شده‌اند.

در مجموع ۱۰ لکه پروتئینی که مشخصات آن‌ها در جدول ۱ نشان داده شده‌است به‌طور مشترک بین دو رقم متحمل و حساس شناسایی شد که تحت تنش شوری تغییر میزان نشان دادند. همان‌طور که در شکل ۳ نشان داده شده‌است بر اساس عملکرد این پروتئین‌ها در داخل سلول، گروه‌بندی پروتئین‌ها انجام شد و بیش‌ترین درصد پروتئین‌های مشترک به‌ترتیب مربوط به واکنش نوری فتوسنتز (۴ پروتئین)، چرخه کالوین (۲)، حذف آنتی-اکسیدان (۲)، ترانسسانی علامت (۱) و تولید انرژی (۱) بودند. علاوه بر آن چهار لکه پروتئینی تنها در رقم متحمل تظاهر داشتند که بیش‌تر مربوط به واکنش نوری فتوسنتز بودند که با توجه به افزایش آن‌ها در جهت تقویت جذب و استفاده از نور تحت تنش فعالیت داشتند. در حالی که سه لکه پروتئینی تنها در رقم حساس

¹ Oxygen-evolving complex

تنش خشکی در لاین‌های حساس گندم گزارش شده‌است که نشان‌دهنده نقش آن در تحمل تنش خشکی در گندم می‌باشد (Demirevska et al. 2009). (Zhu et al. 2010) گزارش کردند که در کلزا در اثر تنش آبسیزیک اسید در رقم متحمل پروتئین‌های دخیل در فتوستتز مانند PSBO (لکه‌های مشترک شماره ۶ و ۷) افزایش میزان نشان می‌دهند. در این پژوهش هم‌چنین پروتئین‌های فعال‌کننده RuBisCO (لکه پروتئینی G در رقم Sarigol) در رقم متحمل افزایش میزان و در رقم حساس کاهش میزان نشان دادند. حضور پروتئین‌های copper/zinc superoxide dismutase (لکه شماره ۹) و type 2 peroxiredoxin (لکه شماره ۸) دلالت بر القای تنش اکسایشی به‌همراه تنش شوری است. پروتئین‌های گروه superoxide dismutase (SOD) در واقع اولین خط دفاعی در برابر ROS محسوب می‌شوند که سوپر اکسید را به مولکول‌های پراکسید هیدروژن که سمیت کمتری دارند تبدیل می‌کنند. در غیاب دی اکسید کربن کافی به‌عنوان پذیرنده نهایی الکترون، الکترون‌ها از غشا فتوستتزی به سمت مولکول‌های اکسیژن از طریق واکنش Mehler جاری شده و یون‌های سوپر اکسید را بوجود می‌آورند (Cakmak 2005). در پاسخ به تنش شوری، فراوانی Cu-Zn SOD کلروپلاستی (لکه شماره ۹) در رقم حساس (Sarigol) افزایش میزان کمتری داشت اما افزایش میزان در رقم متحمل SW5001 بیشتر از رقم حساس بود. همسو با این نتایج، تجمع SOD در رقم متحمل برنج و کاهش فراوانی آن در رقم حساس در پاسخ به تنش شوری گزارش شده‌است (Komatsu and Tanaka 2004).

کمتر بودن این پروتئین در برگ‌های تحت تنش Sarigol بیانگر سطح بالای تولید رادیکال‌های هیدروکسیل در کلروپلاست‌های این رقم می‌باشد. به‌عبارت دیگر، در شرایط تنش شوری که میزان تولید ROS افزایش می‌یابد، تعادل بین تولید و حذف آن میزان اثر تنش اکسایشی و هم‌چنین میزان حساسیت نسبت به آن را می‌رساند (Sun et al. 2006).

در بررسی الگوی باندی تحت تنش خشکی در مجموع ۱۵ لکه پروتئینی به‌طور مشترک بین دو رقم متحمل و حساس شناسایی شد که تغییر میزان نشان دادند (جدول ۲).

آبسیزیک اسید پروتئین‌های دخیل در فتوستتز مانند PSBO در رقم متحمل افزایش میزان نشان می‌دهند. از طرف دیگر، روبیسکو یک آنزیم کلیدی برای تثبیت دی‌اکسیدکربن در فتوستتز است که از چندین زیر واحد بزرگ کاتالیز کننده^۱ (لکه‌های شماره ۱ و ۱۰) و چند زیر واحد کوچک تنظیم‌کننده^۲ تشکیل شده‌است (Spreitzer and Salvucci 2002). در این آزمایش هر دو لکه شماره ۱ و ۱۰ در رقم SW5001 افزایش میزان بیش‌تری نسبت به رقم Sarigol تحت تنش نشان داد (شکل ۳). (Ye et al. 2013) گزارش کردند که بعد از تنش ۷۲ ساعته پلی‌اتیلن‌گلیکول میزان روبیسکو در برگ‌های گندم افزایش می‌یابد که این افزایش و تغییر، گندم را در طی تنش اسمزی کمک می‌کند تا با افزایش استفاده از دی-اکسیدکربن و کارایی ماده‌سازی فتوستتز بر تنش غلبه کند. (2008) Wan and Liu و (Naghavi et al. 2010) نیز افزایش این آنزیم را به‌ترتیب در برگ گیاهچه‌های برنج و کلزا تحت تنش پراکسید هیدروژن و اسمزی گزارش کردند.

کمبود آب موجب بسته شدن روزنه‌های برگ می‌شود و این امر باعث کاهش جریان دی‌اکسیدکربن به داخل برگ شده و باعث افزایش هیدرولیز نشاسته و تجمع قندها و هم‌چنین کاهش بازدهی محصولات فتوستتزی می‌شود. همه این تغییرات در نتیجه کاهش فتوستتز اتفاق می‌افتد (Yordanov et al. 2003). روبیسکو یک آنزیم کلیدی برای تثبیت دی‌اکسیدکربن در فتوستتز است که از چندین زیر واحد بزرگ کاتالیز کننده (لکه‌های پروتئینی مشترک ۱ و ۱۰) و چند زیر واحد کوچک تنظیم‌کننده تشکیل شده‌است (Spreitzer and Salvucci 2002). در تجزیه پروتئوم غلاف برگ برنج در طی تنش کمبود آب گزارش شده که زیر واحد بزرگ روبیسکو کاهش یافته است (Ali and Komatsu 2006).

Costa et al. (1998) نیز شواهدی مبنی بر تجزیه زیر واحد بزرگ روبیسکو در طی تنش کمبود آب مشاهده کردند. هم‌چنین، در آزمایش Han et al. (2009) نیز در شرایط تنش گرما زیر واحد بزرگ روبیسکو کاهش میزان نشان داد. افزون بر این، در طی تنش آبسیزیک‌اسید این پروتئین‌ها کاهش میزان نشان دادند (Zhu et al. 2010). هم‌چنین کاهش میزان زیر واحد بزرگ روبیسکو در طی

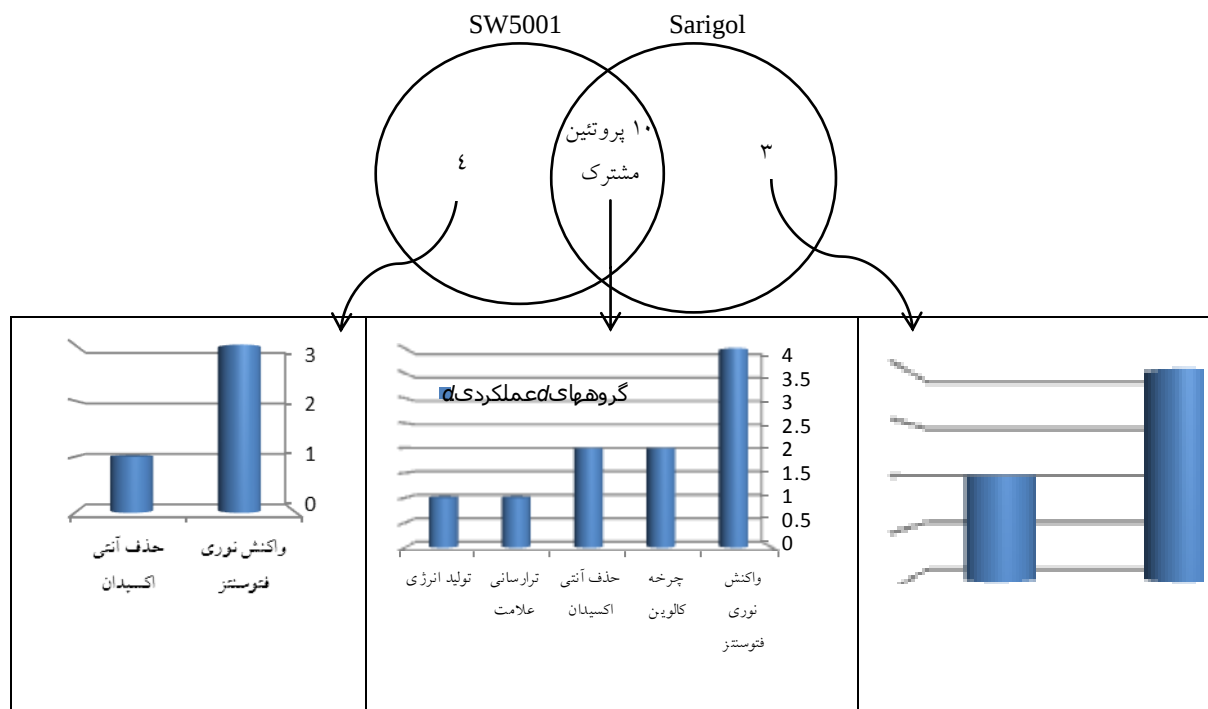
¹ Catalytic large subunits² Regulative small subunits

جدول ۱- مشخصات ۱۰ لکه پروتئینی مشترک شناخته شده از کل لکه‌های معنی‌دار و چهار لکه غیر مشترک در رقم SW5001 و سه لکه غیر مشترک در رقم Sarigol کلزا تحت تنش شوری

گروه عملکردی پروتئین	شماره لکه	تجربی		تنوری		اسم پروتئین	Accession number	روند تغییر	
		pI	MW	pI	MW			میزان در رقم متحمل	رقم حساس Sarigol
چرخه کالوین	1	6.00	64	6.09	52.5	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase-large subunit	gi 52001641	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
ترانسسانی علامت	2	5.10	61.01	5.06	53.88	ATP synthase CF1 beta subunit	gi 14017579	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
واکنش نوری فتوستتر	3	6.20	37.5	6.78	37	Oxygen evolving photosystem II protein	gi 474352688	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
واکنش نوری فتوستتر	4	5.92	37.2	8.84	27.42	Oxygen-evolving enhancer protein 2, (OEE2)	gi 131394	افزایش	کاهش
تولید انرژی	5	6.14	35	7.67	33	Triose-phosphate isomerase	gi 1174749	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
واکنش نوری فتوستتر	6	4.95	31	5.92	35	PSBO-2/PSBO2 (photosystem II subunit o-2) oxygen evolving	gi 15230324	افزایش	کاهش
واکنش نوری فتوستتر	7	5.05	30.1	5.92	35	PSBO-2/PSBO2 (photosystem II subunit o-2) oxygen evolving	gi 15230324	افزایش	کاهش
حذف آنتی اکسیدان	8	5.67	25	5.37	17	Type 2 peroxiredoxin	gi 473787383	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
حذف آنتی اکسیدان	9	5.95	24.5	6.28	22.2	Copper/Zinc superoxide dismutase	gi 3273753	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
چرخه کالوین	10	5.35	20.2	5.43	17.7	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	gi 156143205	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
واکنش نوری فتوستتر	A	6.00	36	8.11	24.44	light-harvesting complex I, partial (chloroplast)	gi 544700	افزایش	-
واکنش نوری فتوستتر	B	6.38	31.62	8.69	29.30	Chlorophyll a-b binding protein 8, chloroplastic	gi 474121685	افزایش	-
واکنش نوری فتوستتر	C	6.30	26	9.71	14	Photosystem II oxygen-evolving complex protein 2	gi 474352688	افزایش	-
حذف آنتی اکسیدان	D	5.45	18.2	6.28	22.2	Copper/Zinc superoxide dismutase	gi 3273753	افزایش	-
پروتئین شوک گرمایی	E	6.10	73.2	6.16	76.36	Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial	gi 473970552	-	کاهش
چرخه کالوین	F	5.20	47.20	5.94	42.21	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic	gi 473848356	-	کاهش
چرخه کالوین	G	6.50	42.5	6.9	51.24	Ribulose bisphosphate carboxylase/oxygenase activase A, chloroplastic	gi 474153435	-	کاهش

گروه‌بندی پروتئین‌ها بر طبق عملکرد این پروتئین‌ها در داخل سلول انجام شد و بیش‌ترین درصد پروتئین‌های مشترک به‌ترتیب مربوط به واکنش نوری فتوستتر (۶ پروتئین)، چرخه کالوین (۴)، حذف آنتی‌اکسیدان (۲)، سنتز یا تجزیه پروتئین، انتقال پروتون و پروتئین شوک گرمایی (هر کدام یک پروتئین) بودند (شکل ۴). علاوه بر آن شش لکه پروتئینی تنها در رقم متحمل تظاهر داشتند که بیش‌تر مربوط به چرخه کالوین و واکنش نوری فتوستتر بودند که با توجه به افزایش آن‌ها در جهت تقویت جذب و استفاده از نور تحت تنش فعالیت داشتند. در حالی‌که چهار لکه پروتئینی تنها در رقم حساس دیده شدند که بیشتر مرتبط با چرخه کالوین بودند که با توجه به کاهش میزان آن‌ها نشان‌دهنده کاهش روند تولید قند تحت تنش در رقم حساس است (جدول ۳ و شکل ۴).

در مجموع در هر دو رقم بیش‌ترین تعداد پروتئین‌های پاسخ‌دهنده به تنش مربوط به واکنش نوری فتوستتر و چرخه کالوین بود. به عبارت دیگر، در مجموع بیش‌ترین تعداد پروتئین‌ها مربوط به پروتئین‌های دخیل در متابولیسم کربوهیدرات بودند. در این گروه عملکردی بسیاری از فرایندهای بیولوژیکی و مسیرهای متابولیکی از قبیل واکنش نوری فتوستتر، چرخه کالوین، بیوستتر قندها، گلیکولیز و سیستم شاتلینگ مالات/اگزوالاستات وجود داشتند. در نتیجه میزان مشارکت بالای پروتئین‌ها در این گروه نشان‌دهنده اهمیت بالای این دسته از پروتئین‌ها در رشد و نمو گیاه و مقابله با تنش خشکی است.



شکل ۳- تعداد و گروه‌بندی پروتئین‌های مشترک و غیر مشترک پاسخ دهنده به تنش شوری در ارقام Sarigol و SW5001

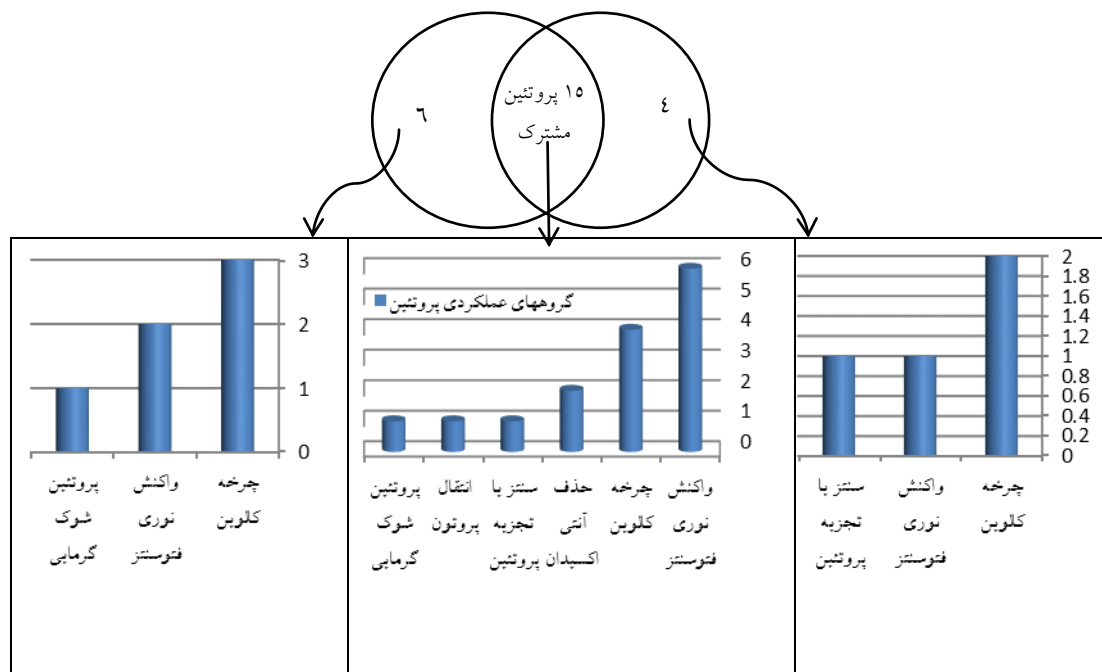
اکسیدکربن طی چرخه کالوین استفاده می‌شود. تحت شرایط تنش کمبود آب، غلظت دی‌اکسیدکربن در برگ‌ها در اثر بسته شدن روزنه‌ها کاهش می‌یابد (Kaiser and Kappen 1997) در نتیجه منجر به کاهش فعالیت آنزیم‌های دخیل در چرخه کالوین می‌شود (Chaves et al. 2002). در گیاهانی که با تنش کمبود آب مواجه می‌شوند انرژی نوری جذب شده از طریق رنگیزه‌های فتوسنتزی بیشتر از نسبت مصرف آن در چرخه کالوین است که علت آن کاهش فعالیت چرخه کالوین و کاهش فعالیت آنزیم‌های دخیل در این چرخه می‌باشد. در نتیجه به دستگاه فتوسنتزی مخصوصاً پروتئین‌های هسته‌ای D_1 و D_2 مرکز واکنش فتوسیستم II زیان نوری وارد می‌شود (Aro et al. 1993). گیاهان برای جلوگیری از زیان نوری به دستگاه فتوسنتزی، چندین مکانیسم شامل تعدیل آنتن‌های جذب کننده نور (که پروتئین‌ها در این آنتن‌ها LHC نامیده می‌شوند) (لکه پروتئینی مشترک شماره ۱) و کاهش اندازه آنتن‌ها برای کاهش جذب نور را انجام می‌دهند (Eberhard et al. 2008). از طرف دیگر، TL29 (لکه پروتئینی مشترک شماره ۱۰) که یک پروتئین ۲۹ کیلودالتونی است و در لومن تیلاکوئید قرار گرفته است (Kieselbach et al. 2000)، بر اساس تشابه بالایی که با اسکوربات پراکسیداز (APX) دارد APX4 نیز گفته می‌شود و

این نتایج مشابه نتایج به دست آمده در مطالعه پروتئوم ذرت (Porubleva et al. 2001)، برنج (Nozu et al. 2006) و گندم (Naghavi et al. 2014) می‌باشد. در مجموع، در دو رقم SW5001 و Sarigol بیش‌ترین پروتئین‌های مشترک در گروه واکنش نوری فتوسنتز مربوط به، پروتئین‌های OEC (شامل لکه-های پروتئینی مشترک ۲، ۵ و ۱۱، لکه پروتئینی C و B در SW5001 و هم‌چنین لکه پروتئینی H در Sarigol) بودند. با توجه به کاهش میزان این پروتئین‌ها در رقم حساس Sarigol، فعالیت فتوسیستم II مختل شده و در نهایت کارایی واکنش نوری کاهش می‌یابد. در حالی‌که در رقم متحمل SW5001 این پروتئین‌ها افزایش میزان داشتند. از طرف دیگر، پروتئین HCF136 (لکه مشترک ۹) که یک پروتئین اساسی برای تعمیر، ساخت و پایداری کمپلکس فتوسیستم II می‌باشد (Plucken et al. 2002) و در تجزیه پروتئوم گندم تحت تنش خشکی کاهش میزان آن گزارش شده‌است (Ford et al. 2011)، در این آزمایش در رقم SW5001 نسبت به رقم Sarigol کاهش میزان کمتری نشان داد.

در طی فتوسنتز، انرژی نوری توسط رنگیزه‌های فتوسنتزی در کلروپلاست جذب شده و از طریق دستگاه فتوسنتزی به انرژی شیمیایی تبدیل می‌شود و این انرژی شیمیایی در تثبیت دی-

مشترک ۶ و هم‌چنین لکه پروتئینی J در Sarigol) در رقم حساس جو کاهش میزان نشان دادند، در حالی که این پروتئین‌ها در رقم متحمل جو تغییر میزان نداشته و یا افزایش میزان نشان دادند (Kausar et al. 2013). از طرف دیگر، مرحله یا فاز سوم چرخه کالوین توسط یکسری واکنش‌های آنزیمی شناخته می‌شود که تریوز فسفات را به RuBP تبدیل می‌کند (Macdonald and Bauchanan 1997). برخی از آنزیم‌های واسطه یا میانجی در این فاز شامل sedoheptulose-1,7-biphosphate و fructose 1,6-biphosphate aldolase (لکه مشترک شماره ۴، لکه پروتئینی E در SW5001 و هم‌چنین لکه پروتئینی G در Sarigol) می‌باشند. این دو آنزیم با همدیگر واکنشی را کاتالیز می‌کنند که نتیجه آن تشکیل ribulose-5-phosphate می‌باشد. سپس ribulose-5-phosphate فسفریله شده و RuBP را تشکیل دهد که این فسفریله شدن توسط فسفوریبولوکیناز انجام می‌شود که در مطالعه حاضر شناسایی شد. بعضی از تریوزفسفات‌های تولید شده در چرخه کالوین برای بیوسنتز قند و نشاسته استفاده می‌شوند (Tamoi et al. 2005). در مجموع با توجه به کاهش میزان پروتئین‌های ذکر شده، رقم Sarigol در مسیر متابولیسمی چرخه کالوین تحت تنش خشکی آسیب بیشتری می‌بیند.

قبلاً تصور بر این بود که در حفاظت سلول‌ها علیه گونه‌های فعال اکسیژن نقش دارد (Panchuk et al. 2005). اخیراً بر اساس آزمایشات Granlund et al. (2009) گزارش شده‌است که این پروتئین‌ها در ارتباط با فتوسیستم II و بازدارندگی زیان نوری به این فتوسیستم نقش دارند. از طرف دیگر، در دو رقم SW5001 و Sarigol بیش‌ترین پروتئین‌ها در گروه چرخه کالوین زیر واحد بزرگ روبیسکو بودند. روبیسکو یک آنزیم کلیدی برای تثبیت دی‌اکسیدکربن در فتوستنز است که از چندین زیر واحد بزرگ کاتالیز کننده (شامل لکه‌های پروتئینی مشترک ۳، ۱۳ و هم‌چنین لکه پروتئینی D در SW5001) و چند زیر واحد کوچک تنظیم‌کننده (شامل لکه پروتئینی A در SW5001) تشکیل شده است (Santos et al. 2004). در تجزیه پروتئوم غلاف برگ برنج در طی تنش کمبود آب توسط گزارش شده‌است که زیر واحد بزرگ و کوچک روبیسکو کاهش یافته است (Ali and Komatsu 2006). هم‌چنین کاهش میزان زیر واحد کوچک روبیسکو در طی تنش خشکی در لاین‌های حساس گندم گزارش شده که نشان‌دهنده نقش آن در تحمل به تنش خشکی در گندم می‌باشد (Demirevska et al. 2009). از طرف دیگر، گزارش شده‌است که پروتئین‌های مرتبط با فتوستنز مانند پروتئین اتصال یافته به روبیسکو، روبیسکو اکتیواز (شامل لکه پروتئینی



شکل ۴- تعداد و گروه‌بندی پروتئین‌های مشترک و غیر مشترک پاسخ دهنده به تنش خشکی در ارقام Sarigol و SW5001

جدول ۲- مشخصات ۱۵ لکه پروتئینی مشترک شناخته شده از کل لکه‌های معنی‌دار در رقم SW5001 و Sarigol کلزا تحت تنش خشکی

گروه عملکردی پروتئین	شماره لکه	تجربی		تنوری		اسم پروتئین	Accession number	روند تغییر میزان در رقم متحمل SW5001	روند تغییر میزان در رقم حساس Sarigol
		pI	MW	pI	MW				
واکنش نوری فتوستتر	1	62	5.53	24.44	8.69	light-harvesting complex I, partial (chloroplast)	gi 544700	کاهش کمتر	کاهش بیشتر
واکنش نوری فتوستتر	2	61	6.10	14	9.71	Photosystem II oxygen-evolving complex protein 2	gi 474352688	افزایش	کاهش
چرخه کالوین	3	53.1	5.72	53.4	6.2	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase Large subunit	gi 61378609	افزایش	کاهش
چرخه کالوین	4	45.5	5.44	42.21	5.94	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic	gi 473848356	افزایش	کاهش
واکنش نوری فتوستتر	5	43.9	6.10	27.42	8.84	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	gi 131394	افزایش	کاهش
چرخه کالوین	6	42.1	5.30	47.34	8.62	ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase activase isoform	gi 167096	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
ستتر یا تجزیه پروتئین	7	40.5	6.25	39.9	6.5	Triticain gamma	gi 111073719	افزایش	کاهش
انتقال پروتون	8	40.2	6.02	53.88	5.06	ATP synthase CF1 beta subunit	gi 14017579	افزایش	کاهش
واکنش نوری فتوستتر	9	39	4.65	37.01	5.4	photosystem II stability/assembly factor HCF136, chloroplastic-like	gi 357117071	کاهش کمتر	کاهش بیشتر
واکنش نوری فتوستتر	10	38.8	5.80	28.6	7.7	Thylakoid lumenal 29.8 kDa protein	gi 195656049	افزایش	کاهش
واکنش نوری فتوستتر	11	35.6	5.50	27.42	8.84	Oxygen-evolving enhancer protein 2, (OEE2) chloroplastic	gi 131394	افزایش	کاهش
حذف آنتی اکسیدان	12	33.5	5.31	23.39	5.4	2-Cys peroxiredoxin BAS1, chloroplastic	gi 2499477	افزایش	کاهش
چرخه کالوین	13	27.5	5.34	17.7	5.43	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	gi 156143205	افزایش بیشتر	افزایش کمتر
حذف آنتی اکسیدان	14	25.2	5.80	20.35	5.3	Cu/Zn superoxide dismutase	gi 1572627	افزایش	کاهش
پروتئین شوک گرمایی	15	25	5.55	73.72	4.9	70kDa heat shock protein	gi 254211611	افزایش	کاهش

جدول ۳- مشخصات شش لکه پروتئینی غیر مشترک در رقم SW5001 و چهار لکه پروتئینی غیر مشترک در رقم Sarigol تحت تنش خشکی

گروه عملکردی پروتئین	شماره لکه	تجربی		تنوری		اسم پروتئین	Accession number	روند تغییر میزان در رقم متحمل SW5001	روند تغییر میزان در رقم حساس Sarigol
		pI	MW	pI	MW				
چرخه کالوین	A	55.6	6.10	18.80	8.83	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase small subunit	gi 4038719	افزایش	-
واکنش نوری فتوستتر	B	43.5	6.03	27.42	8.84	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	gi 131394	افزایش	-
واکنش نوری فتوستتر	C	40.0	5.75	27.42	8.84	Oxygen-evolving enhancer protein 2, (OEE2) chloroplastic	gi 131394	افزایش	-
چرخه کالوین	D	35.8	5.90	52.5	6.09	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase-large subunit	gi 52001641	افزایش	-
چرخه کالوین	E	27.2	5.30	42.21	5.94	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic	gi 473848356	افزایش	-
پروتئین شوک گرمایی	F	24.5	6.15	73.72	4.9	70kDa heat shock protein	gi 254211611	افزایش	-
چرخه کالوین	G	53.7	5.93	42.21	5.9	chloroplast fructose-bisphosphate aldolase	gi 223018643	-	کاهش
واکنش نوری فتوستتر	H	44.5	6.40	27.42	8.84	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	gi 131394	-	کاهش
ستتر یا تجزیه پروتئین	I	39.0	6.12	24.4	10.1	50S ribosomal protein L10	gi 218192573	-	کاهش
چرخه کالوین	J	35.8	5.45	47.34	8.62	ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase activase isoform	gi 167096	-	کاهش

جدول ۴- مشخصات شش لکه پروتئینی مشترک در رقم SW5001 تحت تنش شوری و خشکی

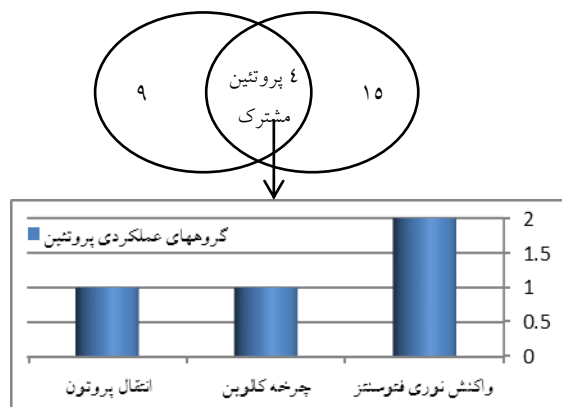
گروه عملکردی پروتئین	شماره لکه در شرایط تنش شوری	شماره لکه در شرایط تنش خشکی	اسم پروتئین	Accession number	روند تغییر میزان در شرایط شوری	روند تغییر میزان در شرایط تنش خشکی
واکنش نوری فتوستز	A	1	light-harvesting complex I, partial (chloroplast)	gi 544700	کاهش کمتر	کاهش بیشتر
واکنش نوری فتوستز	C	2	Photosystem II oxygen-evolving complex protein 2	gi 474352688	افزایش	افزایش
واکنش نوری فتوستز	4	5	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	gi 131394	افزایش	افزایش
انتقال پروتون	2	8	ATP synthase CF1 beta subunit	gi 14017579	افزایش بیشتر	افزایش
چرخه کالوین	10	13	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	gi 156143205	افزایش بیشتر	افزایش بیشتر
چرخه کالوین	1	D	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase-large subunit	gi 52001641	افزایش بیشتر	افزایش



شکل ۵- تعداد و گروه‌بندی پروتئین‌های مشترک و غیر مشترک پاسخ دهنده به تنش شوری و خشکی در رقم SW5001

جدول ۵- مشخصات چهار لکه پروتئینی مشترک در رقم Sarigol تحت تنش شوری و خشکی

گروه عملکردی پروتئین	شماره لکه در شرایط تنش شوری	شماره لکه در شرایط تنش خشکی	اسم پروتئین	Accession number	روند تغییر میزان در شرایط شوری	روند تغییر میزان در شرایط تنش خشکی
واکنش نوری فتوستز	F	4	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic	gi 473848356	کاهش	کاهش
واکنش نوری فتوستز photoreaction of photosynthesis	4	5	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	gi 131394	کاهش	کاهش
انتقال پروتون proton transport	2	8	ATP synthase CF1 beta subunit	gi 14017579	افزایش کمتر	کاهش
چرخه کالوین Calvin cycle	10	13	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	gi 156143205	افزایش کمتر	افزایش کمتر



شکل ۶- تعداد و گروه‌بندی پروتئین‌های مشترک و غیر مشترک پاسخ دهنده به تنش شوری و خشکی در رقم Sarigol

کتر خواهد شد. پروتئین‌های OEC فتوسیستم II در نگهداری و حفظ یون‌های کلسیم و کلرید نقش دارند که این یون‌ها دو کوفاکتور غیرآلی برای واکنش تجزیه آب می‌باشند (Ifuku et al. 2005). پروتئین‌های OEC وظیفه بهینه‌سازی گروه منگنز در طی تجزیه شیمیایی آب و حفاظت از پروتئین‌های مرکز واکنش II در برابر خسارت ناشی از تشکیل رادیکال‌های اکسیژن در اثر نور را بر عهده دارند.

گروه دیگر از پروتئین‌های مشترک از نظر نوع عمل مربوط به پروتئین‌های دخیل در انتقال پروتون هستند. لکه‌های پروتئینی ۲ و ۸ به ترتیب تحت تنش شوری و خشکی در دو رقم مورد مطالعه نشان‌دهنده زیرواحد بتای ATP synthase complex هستند. اجزای زیرواحد مختلف این مجموعه در مطالعه پروتئوم ساقه کلزا (Albertin et al. 2009) و برگ ذرت (Porubleva et al. 2001) شناسایی شده‌اند. از نظر ساختاری ATP سنتاز کلروپلاستی دارای دو جزء اصلی می‌باشد که عبارتند از extrinsic CF0 و CF1 که ATP سنتاز با کمک آن‌ها باعث انتقال پروتون از غشای تیلاکوئید می‌شود. CF1 دارای پنج زیر واحد آلفا، بتا، گاما، دلتا و اپسیلون است در حالی که CF0 دارای سه زیر واحد a، b و c می‌باشد (von Ballmos and Dimtoth 2007). CF1، یک کمپلکس آنزیمی است که از پنج زیرواحد ساخته شده است. یکی از این زیرواحدها زیرواحد β است که یک catalytic and ADP-binding unit می‌باشد و نقش مهمی در متابولیسم انرژی بواسطه تبدیل ADP به ATP در صورت وجود شیب پروتون درون غشای دارد (Ye et al. 2013). وظیفه فیزیولوژیکی اصلی ATP سنتاز

در مجموع شش لکه پروتئینی به‌طور مشترک در رقم متحمل SW5001 شناسایی شد که تحت تنش شوری و خشکی تغییر میزان نشان دادند. بر طبق عملکرد این پروتئین‌ها، بیش‌ترین درصد پروتئین‌های مشترک به ترتیب مربوط به واکنش نوری فتوسنتز (۳ پروتئین)، چرخه کالوین (۲) و انتقال پروتون (۱) بودند (جدول ۴ و شکل ۵). در مجموع چهار لکه پروتئینی به‌طور مشترک در رقم حساس Sarigol تحت تنش شوری و خشکی شناسایی شد که بر طبق عملکرد این پروتئین‌ها، بیش‌ترین درصد پروتئین‌های مشترک به ترتیب مربوط به واکنش نوری فتوسنتز (۲ پروتئین)، چرخه کالوین (۱) و انتقال پروتون (۱) بودند (جدول ۵ و شکل ۶).

در مجموع سه پروتئین به‌طور مشترک در رقم متحمل و حساس تحت تنش شوری و خشکی شناسایی شد که شامل Oxygen-Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (Rubisco) و CF1 beta subunit (جدول ۶ و شکل ۷).

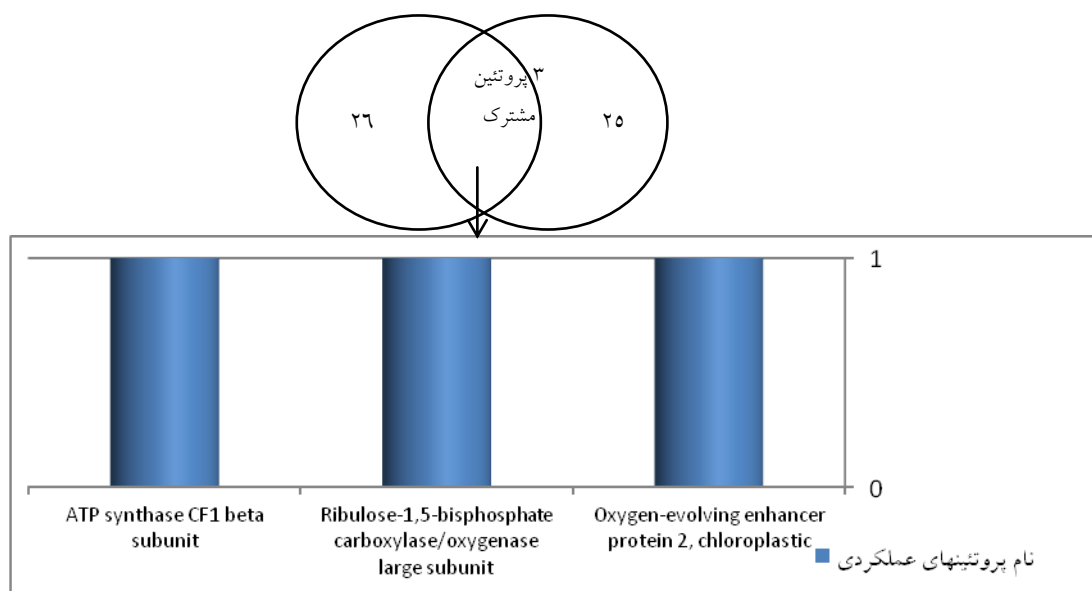
با توجه به نتایج به‌دست آمده سه پروتئین مشترک در هر دو رقم و هر دو تنش به‌عنوان مهم‌ترین پروتئین‌های پاسخ‌دهنده به تنش‌های خشکی و شوری در کلزا شناسایی شدند. همان‌گونه که از نام آن‌ها پیداست این پروتئین‌ها به سه عضو موثر در سلول یعنی کمپلکس فتوسیستم II، رویسکو و ATP سنتاز تعلق دارند که به نظر می‌رسد از مهم‌ترین اجزای سلول تحت تنش شوری و خشکی باشند. بنابراین با افزایش کارایی این سه عضو که با افزایش کارایی سلول همراه است اثرات تنش شوری و خشکی

کاهش میزان پروتئین‌های مرتبط با تولید ATP تحت تنش گزارش شده‌است (Caruso et al. 2009 ; Kausar et al. 2013). از طرف دیگر، افزایش میزان پروتئین‌های مرتبط با سنتز ATP تحت شرایط تنش‌های غیرزیستی شامل خشکی و شوری در چند مطالعه قبلی گزارش شده‌است (Wang et al. 2008; Guo et al. 2012). افزایش سطح میزان چنین پروتئین‌هایی نظیر ATP سنتاز بر نقش غیر مستقیم آن در جهت هموستازی یون تحت تنش (مخصوصاً تنش شوری) دلالت می‌کند، زیرا افزایش سطوح ATP تحریک‌کننده H^+ -ATPases برای ایجاد شیب پروتون می‌باشد و این عمل آنتی‌پورترهای Na^+/H^+ را برای انتقال یون‌های Na^+ و Cl^- به واکوئل و تونوپلاست تحریک می‌کند (Gao et al. 2011).

کلروپلاستی تولید ATP از ADP در حضور شیب پروتون از طریق غشای تیلاکوئید می‌باشد (von Ballmos and Dimtoth 2007). این شیب پروتون در نتیجه واکنش نوری فتوسنتز ایجاد می‌شود. سپس ATP پروسه سلولی مصرف انرژی را مانند چرخه کالوین در طی رشد و نمو سلولی گیاهان فعال می‌کند (von Ballmos and Dimtoth 2007). مطالعات نشان داده است که در طی تنش خشکی میزان ATP synthase کاهش می‌یابد (Tezara et al. 1999) و همچنین کاهش میزان زیرواحد بتای ATP synthase در طی تنش خشکی اعمال شده توسط پلی‌اتیلن-گلیکول گزارش شده‌است و اظهار شده که این امر موجب کاهش تولید ATP و کاهش نسبت فتوسنتزی و کارایی چرخه کالوین می‌شود (Ye et al. 2013). به‌طور کلی در چند پژوهش قبلی

جدول ۶- مشخصات سه لکه پروتئینی مشترک در دو رقم SW5001 و Sarigol تحت تنش شوری و خشکی

Accession number	اسم پروتئین	شماره لکه در شرایط تنش خشکی	شماره لکه در شرایط تنش شوری	گروه عملکردی پروتئین
gi 131394	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	5	4	واکنش نوری فتوسنتز
gi 14017579	ATP synthase CF1 beta subunit	8	2	انتقال پروتون
gi 156143205	Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit	13	10	چرخه کالوین



شکل ۷- اسامی پروتئین‌های مشترک پاسخ دهنده به تنش شوری و خشکی در دو رقم SW5001 و Sarigol

نتیجه‌گیری کلی

در مجموع در شرایط تنش شوری تعداد ۱۷ لکه پروتئینی معنی‌دار بین شرایط شاهد و تیمار تنش شوری، تشخیص داده شدند که از این تعداد ۱۰ لکه پروتئینی بین دو رقم مشترک بودند و تعداد چهار و سه لکه پروتئینی به ترتیب منحصر به رقم متحمل و حساس بودند. در تنش خشکی تعداد ۲۵ لکه پروتئینی معنی‌دار بین گیاهان شاهد و تیمار تنش شوری، تشخیص داده شدند که از این تعداد ۱۵ لکه پروتئینی بین دو رقم مشترک بودند و تعداد شش و چهار لکه پروتئینی به ترتیب منحصر به رقم متحمل و حساس بودند.

هم‌چنین از بین تمامی پروتئین‌های پاسخ‌دهنده تحت تنش شوری و خشکی در دو رقم SW5001 و Sarigol، سه پروتئین مشترک در هر دو رقم و هر دو تنش شامل Oxygen-evolving enhancer protein 2-chloroplastic Ribulose-1,5-bisphosphate، ATP synthase CF1 و carboxylase/oxygenase large subunit

beta subunit از مهم‌ترین پروتئین‌های پاسخ‌دهنده مشترک به تنش‌های خشکی و شوری شناسایی شدند. این پروتئین‌ها به سه عضو موثر در سلول یعنی کمپلکس فتوسیستم II، روبیسکو و ATP سنتاز تعلق دارند که به نظر می‌رسد از مهم‌ترین اجزای سلول تحت تنش شوری و خشکی باشند. هم‌چنین بر طبق نتایج، اهمیت زیرواحد بزرگ روبیسکو، پروتئین‌های تقویت‌کننده فرآوری اکسیژن و زیر واحد بتای ATP سنتاز آشکار می‌شود و در مجموع اهمیت فتوستیز و حفظ کارایی اجزای پروتئینی مؤثر بر آن تحت تنش شوری و خشکی بیش از پیش مشخص می‌شود.

سپاسگزاری

نویسندگان از همکاری دکتر سارا لینالدوچی متخصص بخش پروتئومیک دانشگاه توشای ایتالیا تشکر و قدردانی می‌کنند.

منابع

- Albertin W, Langella O, Joets J, Negroni L, Zivy M, Damerval C, Thielllement H (2009). Comparative proteomics of leaf, stem, and root tissues of synthetic *Brassica napus*. *Proteomics*, 9: 793-799.
- Ali GM, Komatsu S (2006). Proteomic Analysis of Rice Leaf Sheath during Drought Stress. *Journal of Proteome Research* 5: 396-403.
- Aro EM, Virgin I, Andersons B (1993). Photo inhibition of photosystem-II-inactivation, protein damage and turnover. *Biochemistry and Biophysics Acta* 1143: 113-134.
- Cakmak I (2005). The role of potassium in alleviating detrimental effects of abiotic stresses in plants. *Journal of Plant Nutrient and Soil Science* 168: 521-530.
- Caruso G, Cavaliere C, Foglia P, Gubbiotti R, Samperi R, Laganà A (2009). Analysis of drought responsive proteins in wheat (*Triticum durum*) by 2D-PAGE and MALDI-TOF mass spectrometry. *Plant Science*, 177: 570-576.
- Chaves MM, Pereira JS, Maroco J, Rodrigues ML, Ricardo CPP, Osorio ML, Carvalho I, Faria T, Pinheiro C (2002). How plants cope with water stress in the field. *Photosynthesis and Growth Annual Botany* 89: 907-916.
- Costa R, Bahrman N, Frigerio JM, Kremer A, Plomion C (1998). Water deficit-response proteins in maritime pines. *Plant Molecular Biology* 38: 587-596.
- Damerval C, De Vienne D, Zivy M, Thielllement H (1986). Technical improvements in two-dimensional electrophoresis increase the level of genetic variation detected in wheat-seedling roteins. *Electrophoresis* 7: 52-4.

- Demirevska K, Zasheva D, Dimitrov R, Simova-Stoilova L, Stamenova M, Feller U (2009). Drought stress effects on rubisco in wheat: Changes in the rubisco large subunit. *Acta Physiologiae Plantarum* 31: 1129-1138.
- Eberhard S, Finazzi G, Wollman FA (2008). The dynamics of photosynthesis. *Annual Review of Genetics* 42: 463-515.
- Ford KL, Cassin A, Bacic A (2011). Quantitative proteomic analysis of wheat cultivars with differing drought stress tolerance. *Plant Science* 2: 1-11.
- Gao L, Yan X, Li X, Guo G, Hu Y, Ma W, Yan Y (2011). Proteome analysis of wheat leaf under salt stress by two-dimensional difference gel electrophoresis (2D-DIGE). *Phytochemical* 72: 1180-1191.
- Gossett DR, Millhollon EP, Lucas MC (1994). Antioxidant responses to NaCl stress in salt-tolerant and salt-sensitive cultivars of cotton. *Crop Science* 34: 706-714.
- Granlund I, Storm P, Schubert M, Garcia-Cerdi JG, Funk C, Wolfgang PS (2009). The TL29 Protein is Lumen Located, Associated with PSII and Not an Ascorbate Peroxidase. *Plant Cell Physiology* 50(11): 1898-1910.
- Guo G, Ge P, Ma C, Li X, Lv D, Wang S, Ma W, Yan Y (2012). Comparative proteomic analysis of salt response proteins in seedling roots of two wheat varieties. *Journal of Proteomics* 75: 1867-1885.
- Han F, Chen H, Yan MF, Liu GS, Shen SH (2009). A comparative proteomic analysis of rice seedlings under various high-temperature stresses. *Biochimica et Biophysica Acta* 1794: 1625-1634.

- Heide H, Kalisz HM, Follmann H (2004). The oxygen evolving enhancer protein 1 (OEE) of photosystem II in green algae exhibits thioredoxin activity. *Journal of Plant Physiology* 161: 139-149.
- Herbert B (1999). Advances in protein solubilisation for two-dimensional electrophoresis. *Electrophoresis* 20: 660-663.
- Hosseini Salekdeh Gh, Siopongco J, Wade LJ, Ghareyazie B, Bennett J (2002a). A proteomic approach to analyzing drought- and salt- responsiveness in rice. *Field Crops Research* 76: 199-219.
- Hosseini Salekdeh Gh, Siopongco J, Wade LJ, Ghareyazie B, Bennett J (2002b). Proteomics analysis of rice leaves during drought stress and recovery. *Proteomics* 2: 1131-1145.
- Ifuku K, Ishihara S, Shimamoto R, Ido K, Sato F (2008). Structure, function, and evolution of the PsbP protein family in higher plants. *Photosynthesis Research* 98: 427-437.
- Ifuku K, Nakatsu T, Shimamoto R, Yamamoto Y, Ishihara S, Kato H, Sato F (2005). Structure and function of the PsbP protein of photosystem II from higher plants. *Photosynthesis Research* 84: 251-255.
- Kaiser H, Kappen L (1997). In situ observations of stomatal movements in different light- dark regimes: the influence of endogenous rhythmicity and long-term adjustments. *Journal of Experimental Botany* 48: 1583-1589.
- Kausar R, Arshad M, Shahzad A, Komatsu S, (2013). Proteomics analysis of sensitive and tolerant barley genotypes under drought stress. *Amino Acids* 44: 345-359.
- Kieselbach T, Bystedt M, Zentgraf U (2000). A peroxidase homologue and novel plastocyanin located by proteomics to the Arabidopsis chloroplast thylakoid lumen. *Febs Letters* 480: 271-276.
- Koh J, Chen G, Yoo M-J, Zhu N, Dufresne D, Erickson JE, Shao H, Chen S. (2015). Comparative proteomic analysis of *Brassica napus* in response to drought stress. . *Journal of Proteome Research* 14: 3068-3081.
- Komatsu S, Tanaka N (2004). Rice proteome analysis: A step toward functional analysis of the rice genome. *Proteomics* 4: 938-949.
- Kumara SG, Reddy AM, Sudhakar C (2003). NaCl effects on proline metabolism in two high yielding genotypes of mulberry (*Morus alba* L.) with contrasting salt tolerance. *Plant Science* 165: 1245-1251.
- Macdonald FD, Buchanan BB (1997). The reductive pentose phosphate pathway and its regulation. In: Dennis, DT, Turpin DH, Lefebvre DD, Layzell DB (Eds.), *Plant Metabolism*. 2nd edn. Essex: Addison Wesley Longman. 299-313.
- Munns R, Termet A (1986). Whole plant response to salinity. *Journal of Plant Physiology* 13: 143-160.
- Naghavi MR, Moghaddam M, Toorchi M, Shakiba MR (2014). Evaluation of spring wheat cultivars under drought stress and proteome analysis for the most tolerant and sensitive ones. PhD Thesis. Department of Plant Breeding and Biotechnology. Faculty of Agriculture. University of Tabriz. (In Farsi)
- Naghavi MR, Toorchi M, Moghaddam M, Neyshabouri MR, Bandeh hagh A (2010). Response and 2-Dimensional electrophoresis pattern of spring rapeseed genotypes under osmotic stress. M.Sc. Dissertation. Department of Agronomy and Plant Breeding. Faculty of Agriculture, University of Tabriz, Iran. (In Farsi).
- Nozu Y, Tsugita A, Kamijo K (2006). Proteomic analysis of rice leaf, stem and root tissues during growth course. *Proteomics* 6: 3665-3670.
- Panchuk II, Zentgraf U, Volkov RA (2005). Expression of the Apx gene family during leaf senescence of Arabidopsis thaliana. *Planta*, 222: 926-932.
- Peter F, Wong SH, Subramaniam VN, Tang BL, Hong W. (1998). a-SNAP but not c-SNAP is required for ER-Golgi transport after vesicle budding and the Rab1-requiring step but before the EGTA-sensitive step. *Journal of Cell Science* 111: 2625-2633.
- Plucken H, Muller B, Grohmann D, Westhoff P, Eichacker LA, (2002). The HCF136 protein is essential for assembly of the photosystem II reaction center in Arabidopsis thaliana. *FEBS Letters* 532: 85-90.
- Porubleva L, Vander Velden K, Kothari S, Oliver DJ, Chitnis PR (2001). The proteome of maize leaves: use of gene sequences and expressed sequence tag data for identification of proteins with peptide mass fingerprints. *Electrophoresis* 22: 1724-1738.
- Rampino P, Pataleo S, Gerardi C, Mita G, Perrotta C (2006). Drought stress response in wheat: physiological and molecular analysis of resistant and sensitive genotypes. *Plant, Cell and Environment* 29: 2143-2152.
- Reviron MP, Vartanian NM, Sallantin JC, Huet JC, Pernollet J, de Vienne D (1992). Characterization of a novel protein induced by progressive or rapid drought and salinity in *brassica napus* leaves. *Plant Physiology* 100: 1486-1493.
- Santos C, Pereira A, Pereira S, Teixeira J (2004). Regulation of glutamine synthetase expression in sunflower cells exposed to salt and osmotic stress. *Scientia Horticulturae* 103: 101-111.
- Spreitzer RJ, Salvucci ME (2002). Rubisco: structure, regulatory interactions, and possibilities for a better enzyme. *Annual Review of Plant Biology* 53: 449-475.
- Sun Y, Ahokas RA, Bhattacharya SK, Gerling IC, Carbone LD, Weber KT (2006). Oxidative stress in aldosteronism. *Cardiovascular Research* 71: 300-309.
- Takahashi S, Murata N (2008). How do environmental stresses accelerate photo inhibition? *Trends Plant Science* 13: 178-182.
- Tamoi M, Nagaoka M, Yabuta Y, Shigeoka S (2005). Carbon metabolism in the Calvin cycle. *Plant Biotechnology* 22: 355-360.
- Tezara W, Mitchell V, Driscoll S, Lawlor D (1999). Water stress inhibits plant photosynthesis by decreasing coupling factor and ATP. *Nature*, 401: 914-917.
- Thiellement H, Zivy M, Plomion C (2002). Combining proteomic and genetic studies in plants. *Chromatography B* 782: 137-149.
- Toorchi M, Yukawa K, Nouri MZ, Komatsu S (2009). Proteomics approach for identifying osmotic-stress-related proteins in soybeans roots. *Peptides* 30: 2108-2117.

- Twyman RM (2004). Principles of proteomics. BIOS Scientific Publishers.
- von Ballmoos C, Dimroth P (2007). Two distinct proton binding sites in the ATP synthase family. *Biochemistry* 46: 11800-11809.
- Wan XY Liu JY (2008). Comparative proteomics analysis reveals an intimate protein network provoked by hydrogen peroxide stress in rice seedling leaves. *Molecular Cell Proteomics* 7: 1469-1488.
- Wang MC, Peng ZY, Li CL, Li F, Liu C, Xia GM (2008). Proteomic analysis on a high salt tolerance introgression strain of *Triticum aestivum*/Thinopyrum ponticum. *Proteomics* 8: 1470-1489.
- Xue GP, McIntyre CL, Glassop D, Shorter R, (2008). Use of expression analysis to dissect alterations in carbohydrate metabolism in wheat leaves during drought stress. *Plant Molecular Biology* 67: 197-214.
- Yan S, Su Z, Tang W, Sun W (2005). Proteomic analysis of salt stress-responsive proteins in riceroor. *Proteomics* 5: 235-244.
- Ye J, Wang S, Zhang F, Xie D, Yao Y (2013). Proteomic analysis of leaves of different wheat genotypes subjected to PEG6000 stress and rewatering. *Plant Omics Journal* 6: 286-294.
- Yordanov I, Velikova V, Tsoney T (2003). Plant responses to drought and stress tolerance. *Bulgarian Journal of Plant Physiology Special Issue* 187-206.
- Zang X, Komatsu S (2007). A proteomic approach for identifying osmotic-stress-relatedproteins in rice. *Phytochemistry* 68: 426-437.
- Zhu M, Simons B, Zhu N, David G, Oppenheimer M, Chen S (2010). Analysis of abscisic acid responsive proteins in Brassica napus guard cells by multiplexed isobaric tagging. *Journal of Proteomics* 73: 790-805.