

ارزیابی انتقال چند ژنی یک پروتئین کیناز سرین / ترئونین به همراه ژنی از خانواده سیتوکینین اکسیداز / دهیدروژناز و فاکتور رونویسی القا شونده در شرایط تنش از خانواده NAM-ATAF-CUC به برنج

لیلا پورهنک^۱، زهرا قربانزاده^۲، مهربانو کاظمی الموتی^۳، سید محمد موسوی پاکزاد^۴، الهه معتمد^۵، مونا ماپارا^۶، علی اکبر عبادی^۷، کتایون زمانی اسدآبادی^۸، محمدرضا غفاری^۹، قاسم حسینی سالکده^{۱۰}، بهزاد قره یاضی^{۱۱}، مطهره محسن پور^{۱۲*}

- ۱- دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۲- دانشجوی دکتری، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۳- دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۴- دانش آموخته کارشناسی، کارشناس گروه پژوهشی مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۵- دانش آموخته کارشناسی ارشد، گروه پژوهشی مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۶- پژوهشگر پساکتری، گروه پژوهشی مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۷- استادیار، بخش تحقیقات اصلاح و تهیه بذر، موسسه تحقیقات برنج کشور (RRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران.
- ۸- استادیار، گروه پژوهشی مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۹- استادیار، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۱۰- استاد، پژوهشگاه، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
- ۱۱- استاد، گروه پژوهشی زیست شناسی سامانه ها، بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

۱۲- استادیار، گروه پژوهشی مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII)، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.

*صندوق پستی ۳۱۳۵۹-۳۳۱۵۱، کرج، ایران
mthrh@yaho.com

پذیرش: ۱۴۰۱/۰۸/۱۴

دریافت: ۱۴۰۱/۰۲/۱۹

چکیده

تولید گیاهان متحمل به خشکی به دلیل بحران کم آبی حائز اهمیت خواهد بود. اصلاح ساختار ریشه می‌تواند با بهبود استقرار در خاک و جذب بهتر آب و مواد غذایی موجب مقاومت به ورس و تحمل به خشکی شده و در نهایت منجر به افزایش عملکرد دانه و کیفیت مطلوب بذر شود. در این پژوهش سه ژن تاثیر گذار در بهبود ساختار ریشه، مقاومت به خشکی و افزایش جذب فسفر با ساخت سازه‌های ترکیبی دو و سه ژنی برای انتقال به گیاه برنج استفاده شدند. یک پروتئین کیناز سرین/ترئونین موثر در افزایش جذب عناصر غذایی به‌ویژه فسفر (*PSTOL1*)، ژنی از خانواده سیتوکینین اکسیداز/دهیدروژناز (*OsCKX4*) و یکی از ژن‌های کدکننده فاکتور رونویسی القا شونده در شرایط تنش از خانواده NAM-ATAF-CUC (*OsNAC5*) برگرفته از ارقام وحشی برنج تحت نواحی تنظیمی جداگانه در ناحیه T-DNA ناقل دوگانه اگروباکتریومی قرار داده شدند. ژن *OsNAC5* تحت پیشبر مختص ریشه *RCC3* و ژن *PSTOL1* تحت پیشبر یوبیکوئیتین هم‌سانه سازی شدند. همچنین ژن *OsCKX4* یک بار تحت پیشبر یوبی کوئیتین و یک بار تحت پیشبر *RCC3* هم‌سانه سازی شد. دو سازه چند ژنی حاصل مو سوم به *pUhrN5CkPstol* و *pUhrCkPstol* برای انتقال ژن به برنج رقم هاشمی مورد استفاده قرار گرفتند. انتقال ژن به کالوس حاصل از بذر رسیده برنج انجام شد. گیاهان تراریخته احتمالی توسط واکنش زنجیره‌ای پلیمرز تایید شدند. از تعداد ۱۰۷ گیاه باززاشده‌ای که حضور تراژن‌ها در آنها به اثبات رسید، در نهایت تعداد ۱۴ رخداد تراریخته ایجاد شد. مقایسه فنوتیپ ریشه‌ی گیاهان تراریخته در نسل T0 با گیاه شاهد تفاوت ظاهری قابل ملاحظه‌ای در ساختار ریشه نشان داد که نیاز به آنالیزهای تکمیلی دارد. تاکنون خالص‌سازی یکی از رخدادهای حاوی دو ژن *CKX4* و *PSTOL1* در نسل T2 انجام و به تایید نهایی رسیده است. امید است تولید برنج با بهبود ساختار ریشه منجر به تحمل خشکی، کاهش مصرف آب و عملکرد بهتر در شرایط تنش شود.

کلید واژگان: پروتئین کیناز سرین/ترئونین، سیتوکینین اکسیداز/دهیدروژناز، سازه چند ژنی، فاکتور رونویسی القا شونده، مهندسی ژنتیک برنج

۱-مقدمه

یکی از تاثیر گذارترین عوامل محدود کننده تولید برنج به ویژه در کشورهای در حال توسعه همچون ایران، هندوستان، پاکستان و بنگلادش، تنش های غیر زیستی و مهمترین آنها کمبود منابع آبی و وجود تنش خشکی است. تحمل نسبت به تنش خشکی به عنوان یک صفت پیچیده شامل مجموعه ای از تغییرات فیزیولوژیکی، مورفولوژیکی و بیوشیمیایی در سطح گیاه است [۱]. ریشه برنج سطحی و افشان بوده و حداکثر در عمق ۲۰ تا ۲۵ سانتی متری خاک نفوذ می کند که به همین دلیل مستعد متاثر شدن از تنش خشکی است. به طور کلی، یک سیستم عمیق تر، ضخیم تر، بلندتر و منشعب تر ریشه می تواند تحمل برنج را به تنش کم آبی افزایش دهد [۲]. یکی از مهمترین راهکارهای مقابله با بحران کمبود آب استفاده هرچه مفیدتر و کارآمدتر از آب است که تغییر ساختار ریشه با استفاده از مهندسی ژنتیک با افزایش طول، عمق، تعداد و ضخامت ریشه می تواند تحمل به کم آبی را در پی داشته باشد. کشت نشایی و غرقابی برنج که نیروی انسانی و آب بسیار زیادی را طلب می کند، دلیل اصلی بالا بودن هزینه تولید و افزایش واردات برنج در سال های اخیر بوده است. با توجه به بالا بودن سطح زیر کشت برنج، تحمل به خشکی در صورتی که موجب تغییر نوع کشت برنج از حالت غرقابی به خشکه کاری شود می تواند باعث کاهش مصرف آب شود. در صورتی که نشاکاری، کرت بندی و مصرف بالای آب در کشت برنج حذف شود، منجر به کاهش قابل توجهی در هزینه های تولید خواهد شد. برای افزایش تحمل به خشکی در گیاه برنج، شناسایی ژن هایی که سبب بهبود ساختار ریشه می شوند اهمیت زیادی خواهد داشت. ژن های خانواده NAM-ATAF- CUC یا NAC یکی از بزرگترین خانواده های فاکتورهای رونویسی هستند که تا به امروز تنها در گیاهان یافت شده

و تحت تنش شوری و خشکی بیان شده و باعث سازگاری به تنش می شوند [۳]. در برنج ۱۴۰ ژن NAC شناسایی شده و تحقیقات نشان داده اند که ۱۸ مورد آنها در شرایط استرس القاء می شوند که ژن OsNAC5 یکی از این ژن ها است. ژن OsNAC5 یک فاکتور رونویسی وابسته به ABA است و عملکرد آن می تواند مربوط به انتقال Zn، Fe و اسیدهای آمینه از بافت های سبز به دانه باشد [۴]. Wu و همکاران (۲۰۱۴) گزارش دادند که بیان در سطح زیاد OsNAC5 قطر ریشه برنج را افزایش داده و منجر به تحمل خشکی و افزایش عملکرد دانه در مزرعه می شود [۵]. نتیجه پژوهش های Redillas و همکاران (۲۰۱۲) و Jeong و همکاران (۲۰۱۳) نشان داد که بیان بالای دو ژن OsNAC9 و OsNAC5 قطر بافت آثرانشیم و استل ریشه در رقم Nipponbare را افزایش داده و ریشه های سبک و قطورتری تولید می کند. میزان محصول نهایی در این گیاهان در شرایط تنش خشکی بین ۷۰-۲۰ درصد در مقایسه با شاهد افزایش نشان داده است [۶ و ۷]. افزایش بیان ژن OsNAC5 علاوه بر خشکی، تحمل به شوری و دمای پایین در گیاهان تراریخته را نیز افزایش می دهد [۸]. بیان بالای OsNAC5 تحت کنترل پیشبرهای مختص ریشه در گیاه برنج، تحمل به خشکی و شوری را در طول مرحله رشد رویشی بهبود می دهد و مهم تر اینکه بیان بالای این ژن در ریشه به طور معنی داری تحمل به خشکی را در مرحله باردهی با افزایش عملکرد دانه نشان می دهد. افزایش بیان OsNAC5 در برنج منجر به انباشت پرولین و قندهای محلول و همچنین مقدار کمتر مالون دی آلدئید^۱ MDA و H₂O₂ می شود. این تغییرات متابولیکی گیاهان را از کاهش آب و آسیب اکسیداتیو در شرایط تنش محافظت می کنند. بنابراین، OsNAC5 تحمل به تنش در برنج را بدون ایجاد نقایص در رشد بهبود می بخشد [۹ و ۸].

^۱ Malondialdehyde

سیتوکینین^۱ مسئول رشد و تمایز سلول‌ها و اندام‌های گیاهی است و همچنین در جذب عناصر غذایی، پیری و پاسخ به استرس نیز موثر است. سیتوکینین پس از انجام عملکرد خود، توسط آنزیم‌های خاصی مانند سیتوکینین اکسیداز/دهیدروژنازها (CKXs) تجزیه و غیرفعال می‌شود که این یک فرایند برگشت‌ناپذیر است. ژن‌های CKX برای حفظ هموستاز سیتوکینین در طول رشد و نمو گیاه ضروری هستند. بنابراین، تحقیقات گسترده‌ای در مورد CKX‌ها انجام شده و همچنان ادامه دارد. در برنج، تاکنون ۱۱ ژن *OsCKX* شناسایی شده است. اگرچه مشخص شده است که این ژن‌ها نقش مهمی در رشد و نمو برنج به‌ویژه ریشه‌های گرهی دارند که اکثریت سیستم ریشه‌ای برنج را شامل می‌شوند، با این حال، بیشتر عملکردهای آنها ناشناخته مانده است. مکانیسم مولکولی تشکیل ریشه‌های گرهی ناشناخته است. بررسی یک موتانت غالب برنج (*root enhancer1, ren1-D*) افزایش سیستم ریشه، افزایش تعداد ریشه‌های گرهی و کاهش ارتفاع گیاه را نشان داده است. Gao و همکاران (۲۰۱۴) با انجام تجزیه تحلیل‌های ژنتیکی و مولکولی ثابت کردند که فنوتیپ مذکور در اثر فعال کردن ژنی از خانواده سیتوکینین اکسیداز/دهیدروژناز به نام *OsCKX4* ایجاد شده است [۱۰]. مطالعات انجام شده نشان می‌دهد که *OsCKX4* در سیگنالینگ سیتوکینین نقش دارد و اکسین و سیتوکینین بیان *OsCKX4* را در ریشه تنظیم می‌کنند. برای کشف عملکرد *OsCKX4* در رشد ریشه‌های گرهی، از فناوری RNAi برای مهار کردن بیان *OsCKX4* در گیاهان نوع وحشی استفاده شد و گیاهان تراریخته‌ی RNAi، به‌طور قابل توجهی ریشه تاجی کمتری داشتند و رشد اولیه ریشه نیز در آنها مهار شد. بررسی‌های بیشتر نشان دادند این ژن نقش مهمی در تشکیل ریشه‌های گرهی بازی می‌کند. بیان بالای این ژن با پخشبراخته‌سازی در ریشه باعث افزایش طول، تعداد و

وزن خشک ریشه‌های نودال در رقم Zhonghua 11 شد [۱۰].

فسفر به‌عنوان یک ماکرومولکول ضروری برای سلول‌های زنده، در تولید محصولات کشاورزی نقش مهمی دارد. خاک‌های ایران از نظر فسفر فقیر هستند. بررسی وضعیت حاصلخیزی خاک‌های کشاورزی در ۳۰ استان کشور نشان می‌دهد که میزان فسفر ۷۱/۸ درصد خاک‌های کشور کمتر از حد بحرانی است [۱۱]. پیشرفت‌های اخیر در زیست‌شناسی مولکولی، فرصتی را برای مهندسی گیاهان برای به حداکثر رساندن مکانیسم جذب فسفر در گیاه و به حداقل رساندن عوارض جانبی فسفر بر روی محیط زیست مانند تراوش فسفر از زمین‌های کشاورزی به دریاچه‌ها و رودخانه‌ها فراهم آورده است [۱۲]. گروهی از برنج‌های منطقه‌ای در هند با خاک‌های مشکل‌دار و فقیر به‌عنوان یک منبع با ارزش ژن‌های مقاوم به کمبود عناصر غذایی شناسایی شدند. واریته *Kasalath* متحمل به کمبود فسفر است و راندمان جذب فسفر بالاتری را نسبت به سایر انواع برنج‌ها از خاک‌های فقیر نشان می‌دهد. این واریته می‌تواند به‌عنوان منبع با ارزشی از ژن‌های افزایش جذب فسفر استفاده شود [۱۳]. Wissuwa و همکاران (۲۰۰۲) جایگاه ژنی صفت کمی تحمل به کمبود فسفر به نام *Pup1 (Phosphorus uptake 1)* را در واریته *Kasalath* شناسایی کردند و از طریق تلاقی به برنج جاپونیکا واریته *Nipponbare* منتقل کردند [۱۳]. لاین‌های ایزوژنیک حامل این QTL، عملکرد بیشتر و معنی‌داری را نسبت به گیاه والدینی حساس نشان دادند [۱۴]. توالی‌یابی این مکان در *Kasalath* یک توالی پیچیده شامل ۹۰ کیلو باز غنی از ترانسپوزون حذف و اضافه (INDEL) را نشان داد که در ژنوم گیاه حساس وجود نداشت [۱۵]. پس از آن Gamuyao و همکاران (۲۰۱۲) *PSTOL1* را در این مکان به‌عنوان ژن اصلی که منجر به افزایش جذب فسفر

^۱ Cytokinin

می‌شود، شناسایی کردند [۱۶]. *PSTOL1* یک پروتئین کیناز سرین/ترئونین است و به‌طور مستقیم نمی‌تواند تنظیم بیان ژن را انجام دهد و از طریق فسفریله کردن فاکتورهای رونویسی به‌طور غیرمستقیم این کار را انجام می‌دهد. برای دستیابی به داده و اطلاعاتی نسبت به پاسخ‌های پایین دست *PSTOL1*، تجزیه و تحلیل Affymetrix gene-array بر روی گیاهان تراریخته IR64 حاوی *PSTOL1* و گیاه کنترل انجام شد. نتایج نشان داد ۲۳ ژن مرتبط با رشد ریشه و پاسخ به تنش، بیان متفاوتی داشتند و ۲۱ ژن از ۲۳ ژن با QTL های مرتبط با رشد ریشه و خشکی همپوشانی داشتند که نشان‌دهنده نقش مهم *PSTOL1* در توسعه ریشه و تحمل به تنش‌ها است؛ زیرا باعث افزایش جذب مواد مغذی از خاک می‌شود [۱۶]. به عبارت دیگر *PSTOL1* یک تنظیم‌کننده رشد ریشه در برنج است. همچنین، بیان بالای *PSTOL1* در گیاهان تراریخته عملکرد دانه را بیش از ۶۰ درصد در گیاهان تحت تنش فسفر پایین، افزایش داد. طی تحقیقات انجام شده مشخص شد که برای ایجاد گیاهان متحمل به کمبود فسفر، بیان *PSTOL1* بالاتر از یک آستانه‌ی خاص مورد نیاز است. همچنین، آنالیز جایگاه *PUP1*، حفاظت‌شدگی بالای *PSTOL1* را در ارقام متحمل به خشکی نشان دادند [۱۷ و ۱۸].

این پژوهش با هدف انتقال همزمان ژن‌های سه خانواده مختلف شامل *OsNAC5*، *OsCKX4* و *PSTOL1* به برنج برای تغییر ساختار ریشه، بهبود جذب عناصر غذایی، بهبود عملکرد و تحمل به خشکی انجام شده است.

۲-مواد و روش‌ها

۱-۲ ساخت سازه چند ژنی حاوی ژن‌های *OsNAC5*، *CKX4* و *PSTOL1*

طراحی سازه‌های ژنی با استفاده از نرم‌افزار Vector NTI (Invitrogen) انجام شد. واکنش اتصال ابتدا در حامل‌های همسانه سازی تحت پیشبر مختص ریشه RCc3 در مورد

ژن *OsNAC5* و همچنین تحت پیشبر یوبی کوئیتین در مورد ژن *PSTOL1* انجام شد و ژن *OsCKX4* یک بار تحت پیشبر یوبی کوئیتین و یک بار تحت پیشبر RCc3 همسانه سازی شد. سپس، در حامل دوگانه مختص انتقال ژن با واسطه اگروباکتریوم^۱ حاوی ژن نشانگر انتخابی مقاومت به هیگرومایسین^۲ به‌صورت دوزنی (*CKX4*) و *PSTOL1* و سه ژنی (*OsNAC5*، *CKX4* و *PSTOL1*) قرار داده شدند. مخلوط اتصال به سلول‌های مستعد تهیه شده از *E. coli* سویه XLI-Blue منتقل شد و روی محیط انتخابی LB حاوی ۵۰ میلی گرم بر لیتر اسپکتینومایسین^۳ و ۱۰۰ میلی گرم بر لیتر استرپتومایسین رشد داده شد. اثبات تراریختی پس از استخراج پلاسمید از کلونی‌های حاصل، با استفاده از هضم آنزیمی و واکنش زنجیره‌ای پلیمراز انجام شد. کلیه مراحل همسانه‌سازی و آنالیزهای مولکولی با استفاده از دستورالعمل‌های Sambrook و همکاران (۱۹۸۹) انجام شد [۱۹]. پلاسمید نو ترکیب حاصل پس از تایید، به روش An و همکاران (۱۹۸۶) به اگروباکتریوم سویه EHA105 منتقل شد [۲۰]. جزئیات مراحل ساخت سازه مشابه گزارش‌های قبلی [۲۱-۲۳] انجام شده است.

۲-۲ انتقال ژن القای کالوس و تکثیر آن

بذر برنج رقم هاشمی تهیه شده از موسسه تحقیقات برنج (رشت) به دقت و بدون آسیب رساندن به پریکارپ پوست کنده شد. سپس، بذرها با الکل ۷۰ درصد به مدت یک دقیقه و سپس هیپوکلریت سدیم ۱۰ درصد حاوی یک قطره توین ۲۰ به مدت حدود ۳۰ تا ۴۵ دقیقه و با شیک کردن آرام ضد عفونی شدند. پس از حذف هیپوکلریت سدیم سه بار با آب استریل آب شویی شده و بذرها روی کاغذ صافی استریل قرار داده شدند. در این مرحله بذرها به محیط جامد R-N6D [۲۴] منتقل و در دمای ۳۰ درجه و ۱۶ ساعت نور ۸ ساعت تاریکی قرار داده شدند. در مواردی هنگام ایجاد بافت‌های تمایز زدایی

³ Spectinomycin

¹ Agrobacterium

² Hygromycin

شده کوچکی از اسکوتلوم بذر، این بذرها به محیط R-DKND [۲۴] منتقل می‌شدند یا مستقیماً بذرها در محیط R-DKND قرار داده می‌شدند. پس از حدود سه هفته تا یک و نیم ماه کالوس‌های تردی که در حال تکثیر سریع بودند برای انتقال ژن استفاده شدند (شکل ۱).

۲-۳ تلقیح با اگروباکتریوم و هم‌کشتی

اگروباکتریوم حاوی پلاسمیدهای نو ترکیب pUhrCkPstol و pUhrN5CkPstol، پس از رشد روی محیط حاوی آنتی بیوتیک‌های استرپتومایسین و اسپکتینومایسین (به ترتیب ۱۰۰ و ۵۰ میلی گرم در لیتر) و تایید با واکنش زنجیره‌ای پلیمرز برای انتقال ژن استفاده شد. این باکتری از استوک گلیسرول حدود سه روز پیش از تلقیح، در دمای ۲۸ درجه سانتی‌گراد در تاریکی رشد داده شد. برای تلقیح، مقداری از باکتری با لوپ از محیط کشت برداشته شد و در محیط مایع R-N6AS یا R-DKNAS در فالكون ۵۰ میلی‌لیتری سوسپانسیون شد و OD600nm حدود ۰/۳ تنظیم شد. برای تلقیح با اگروباکتریوم، کالوس‌ها به‌طور مستقیم در کشت سوسپانسیون اگروباکتریوم به مدت ۲ دقیقه غوطه‌ور

شدند. پس از تلقیح، کالوس‌ها بین دو کاغذ فیلتر قرار داده شدند و در پتری‌دیش حاوی محیط مایع R-N6AS یا R-DKNAS قرار گرفتند و به مدت سه روز در ۲۵ درجه و تاریکی انکوبه شدند.

پس از ۳ روز هم‌کشتی، برای حذف اگروباکتریوم، کالوس‌ها یک بار در آب استریل حاوی سفوتاکسیم شستشو شدند و روی کاغذ صافی قرار گرفتند. سپس، کالوس‌ها به محیط R-N6Sel یا R-DKNSel حاوی ۵۰ میلی‌گرم در لیتر هیگرومایسین در دمای ۳۰ درجه سانتی‌گراد و فتوپرید ۱۶ ساعت روشنایی منتقل شدند و هر ده روز واکشت انجام شد. پس از دو دوره انتخاب به تدریج کالوس‌های مقاوم به هیگرومایسین در حال رشد و قابل تشخیص بود. در حالی که، کالوس‌های شاهد و تلقیح نشده و کالوس‌هایی که ژن را دریافت نکرده بودند روی محیط انتخابی از بین رفتند. سپس، کالوس‌های مقاوم به محیط باززایی حاوی آنتی‌بیوتیک منتقل شده و در نهایت پس از ریشه‌زایی به محیط یوشیدا^۱ و خاک منتقل شد (شکل ۱).

جدول ۱ توالی آغازگرهای مورد استفاده در تایید مولکولی گیاهان تراریخته حاصل از انتقال سازه نو ترکیب pUhrCkPstol و pUhrN5CKPstol و اندازه قطعه تکثیری مورد انتظار.

نوع آغازگر	نام آغازگر	توالی آغازگر از 5' به 3'	اندازه قطعه تکثیری (جفت باز)
مختص سازه	P1: Hyg-F P2: NOS-F	AGCTGCGCCGATGGTTTCTACAA ATCGTTCAAACATTGGC	1403
مختص سازه و ژن	P3: Pstol-F P4: NOS-R	GACCAGTTTTGTTGCCCCAC GACCGCAACAGGATTCAATC	262
مختص ژن	P5: Ck-F P6: Ck-R	GCAGTCCCTCCTCGCCATC AGGGTGGAGGAGTTCTGCGGG	729
مختص ژن	P7: N5-F P8: N5-R	AACGGCTTCTGGAGGTAG CGACTACGGCTTCTACGA	357
داخلی ژنوم برنج	RG100-F RG100-R	GCTGGACGTGCCAAAGAGAG CGAACCACAGCCACAGCATG	952

^۱ Yoshida

۲-۴ آنالیزهای مولکولی

گیاهانی که در کلیه مراحل باززایی در محیط انتخابی حاوی هیگرومایسین زنده مانده و رشد کردند، پس از استخراج DNA ژنومی با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز و با استفاده از آغازگر اختصاصی مختص ژن و مختص سازه آنالیز شدند. توالی آغازگرهای مورد استفاده و اندازه قطعه مورد انتظار تکثیر در جدول ۱ نشان داده شده است.

تفکیک رخدادهای و تعیین محل الحاق تراژن در ژنوم برنج با استفاده از روش واکنش زنجیره‌ای پلیمرز معکوس بهینه شده در پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (در دست چاپ) انجام شد.

۳- نتایج

ساخت سازه چند ژنی دارای ژنهای کاندید تغییردهنده ساختار ریشه، بهبود جذب عناصر غذایی و تحمل به خشکی

در این گزارش، ساخت دو سازه‌ی چند ژنی، یکی با دو ژن کاندید و دیگری با سه ژن کاندید ارایه شد. سازه‌ی چند ژنی موسوم به pUhrCkPstol دارای دو ژن *OsCKX4* و *PSTOL1* است که به ترتیب تحت پیشبر *RCC3* (مختص بیان در ریشه) و یوبی کوئیتین قرار گرفته‌اند و سازه‌ی pUhrN5CkPstol علاوه بر دو ژن *OsCKX4* و *PSTOL1*، دارای ژن *OsNAC5* (بهینه‌سازی کدونی شده بر اساس نتایج قبلی [۲۵]) نیز می‌باشد (شکل ۱-ا). در این سازه برای ژنهای *PSTOL1* و *CKC4* از پیشبر یوبی کوئیتین، و برای ژن *OsNAC5* از پیشبر *RCC3* استفاده شد. دو پایانبر NOS و Tahsp17 در ساخت این سازه‌ها استفاده شد. قرار گرفتن کاست ژنی *OsCKX4* در کنار کاست ژنی *PSTOL1* و نیز قرار دادن این دو کاست ژنی در کنار کاست ژنی *OsNAC5* با همضم آنزیمی و واکنش زنجیره‌ای پلیمرز تایید شد. این کاست‌های ژنی در خلاف جهت کاست ژنی مقاومت به هیگرومایسین در ناحیه T-DNA

سازه‌ی اگروباکتریومی قرار دارند (شکل ۱). دو سازه چند ژنی حاصل می‌توانند با استفاده از اگروباکتریوم برای تغییر ساختار ریشه، بهبود جذب عناصر غذایی و تحمل به خشکی در گیاهان به‌ویژه در تک لپه‌ای‌ها استفاده شوند.

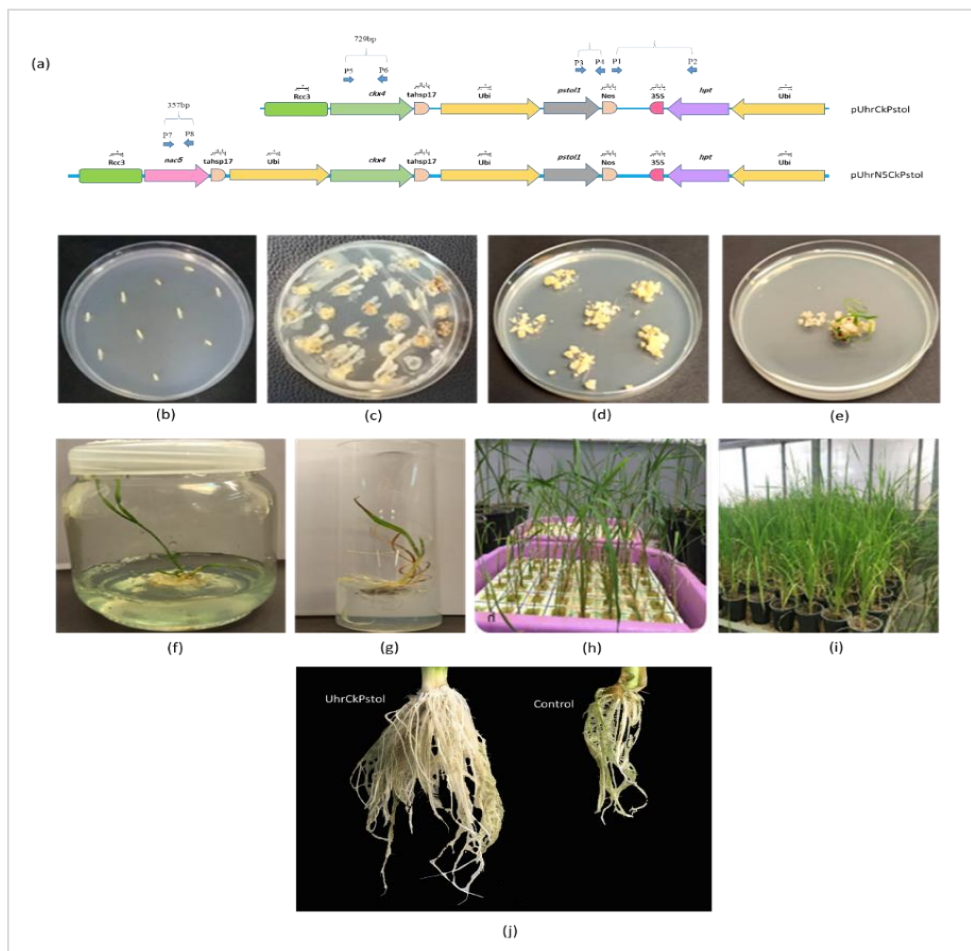
۳-۱ تولید گیاهچه‌های تراریخته‌ی برنج رقم هاشمی

پس از تلقیح با اگروباکتریوم، کالوس‌هایی که به احتمال تراژن‌ها را دریافت کرده بودند در محیط انتخابی حاوی ۵۰ میلی‌گرم در لیتر هیگرومایسین دوام آورده و شروع به رشد کردند. همچنین، کالوس‌های قرار گرفته به‌عنوان شاهد غیرتراریخته در کنار کالوس‌های تراریخته احتمالی از بین رفتند. به تدریج روند سبز شدن و باززایی کالوس‌های جنین‌زا آغاز و تولید گیاهچه کردند و سپس گیاهچه‌های مستقل در محیط ریشه‌زایی، ریشه‌دار شدند (شکل ۱). آنتی‌بیوتیک هیگرومایسین در تمامی مراحل تا پیش از انتقال گیاهان به یوشیدا استفاده شد. انتقال گیاهچه‌های کامل به محلول یوشیدا انجام شد. پس از استقرار گیاهچه‌های باززا شده در محلول یوشیدا به مدت یک ماه، این گیاهان آمادگی انتقال به خاک را پیدا کردند و تحت شرایط کنترل شده در گلخانه تراریخته پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی تا مرحله بذرگیری و انجام آنالیزهای تکمیلی نگهداری شدند. تفاوت حجم ریشه گیاهان تراریخته احتمالی حاصل از سازه pUhrCkPstol در کنار گیاه شاهد غیر تراریخته هم سن و حاصل از مراحل کشت بافت، پیش از انتقال به گلدان قابل مشاهده بود (شکل ۱-ج) که نیاز به آنالیزهای دقیق‌تر در تحقیقات آینده دارد.

۳-۲ تایید تراریختگی گیاهچه‌ها با استفاده از واکنش

زنجیره‌ای پلیمرز چندگانه مختص ژن

تراریختگی گیاهان حاصل از انتقال هر دو سازه نو ترکیب در مرحله اول، مستقل از نوع ژن کاندید منتقل شده و با استفاده از آغازگرهای طراحی شده به‌صورت مختص سازه تایید شد.

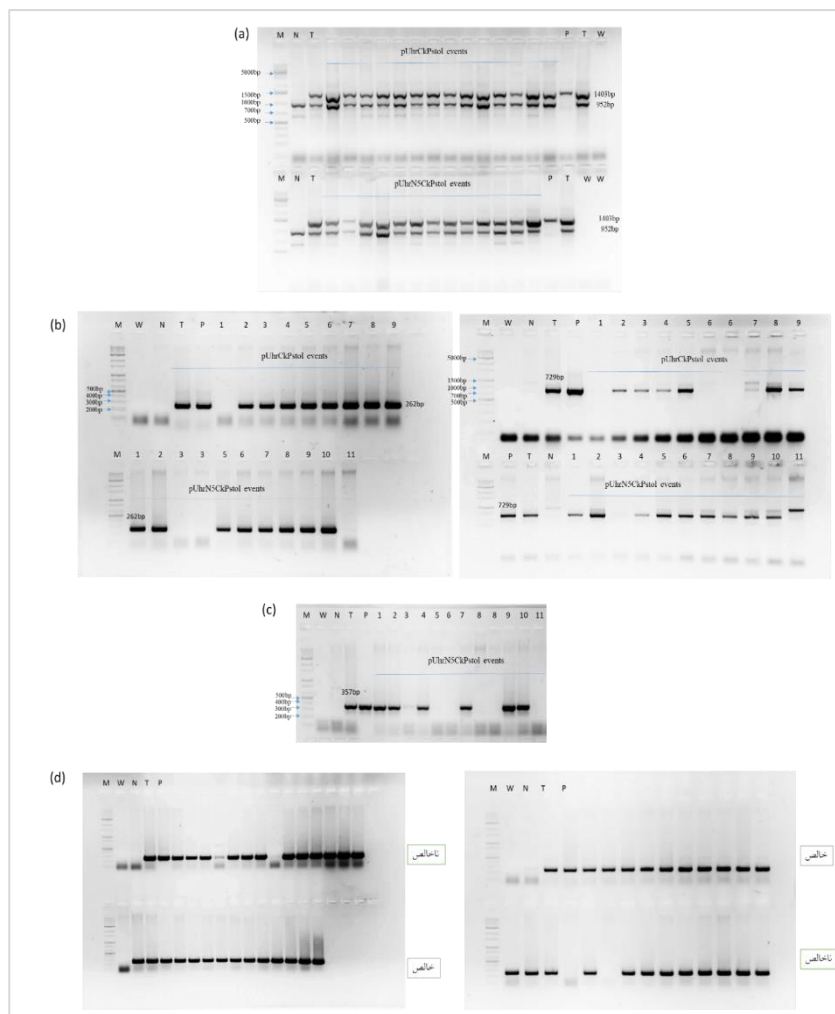


شکل ۱ نمای شماتیک ناحیه T-DNAی دو سازه نو ترکیب pUhrN5CKPstol و pUhrCKPstol (a) و مراحل انتقال ژن به برنج تا انتقال به گلدان. بذر برنج روی محیط کشت پیش از تلقیح با باکتری (b)؛ تلقیح با اگروباکتریوم حاوی سازه نو ترکیب (c)؛ کالوس زایی روی محیط انتخابی (d)؛ باززایی گیاهان تراریخته احتمالی (e)؛ انتقال به محیط ریشه زایی (f)؛ استقرار گیاه در محیط MS (g)؛ انتقال گیاه به محلول یوشیدایا (h)؛ انتقال گیاه به گلدان (i)، فنوتیپ ظاهری یکی از رخدادهای سازه نو ترکیب pUhrCKPstol پیش از انتقال به گلدان در کنار شاهد (j).

افزایش دقت و کاهش هزینه های ردیابی خواهد شد [۲۶]. سپس، حضور ژن های اصلی در رخدادهای حاصل با استفاده از واکنش زنجیره ای پلیمرز اختصاصی ژن ها تایید شد (شکل ۲).

نتایج با ظهور باند ۲۶۲bp حضور ژن *PSTOL1* رادر رخدادهای تراریخته حاصل از هر دو سازه ژنی اثبات کرد. از آغازگرها به صورت مختص سازه برای این ردیابی استفاده شد (شکل ۲-آغازگرهای P3 و P4).

برای این کار آغازگرهای مختص سازه به گونه ای طراحی شدند که قسمتی از ژن نشانگر انتخابی مقاومت به هیگرومایسین و خاتمه دهنده نوپالین سینتاز ژن مجاور را تکثیر کنند (شکل ۲-آغازگرهای P1 و P2). جزئیات طراحی قبلا گزارش شده است [۲۳]. این واکنش به صورت مولتی پلکس با ژن مرجع داخلی ژنوم برنج (RG100) انجام شد و گیاهان تراریخته احتمالی در غربال اولیه حضور دو باند مورد انتظار را نشان دادند (شکل ۳). استفاده از ردیابی چندگانه در تشخیص تراریختی سبب



شکل ۲ آنالیز مولکولی گیاهان حاصل از انتقال دو سازه نو ترکیب pUhrN5CkPstol و pUhrCkPstol. واکنش زنجیره‌ای پلیمرزای چندگانه با استفاده از آغازگرهای مختص سازه (hyg/nos) باند مورد انتظار 1403bp را در تعدادی از نمونه‌های برنج تراریخته احتمالی نسل T0 نشان دادند. نمونه‌ها باند حدود 950bp مربوط به قطعه ژنوم برنج (RG100) را نیز نشان دادند (a)؛ واکنش زنجیره‌ای پلیمرزای برای بررسی حضور ژن‌های *PSTOL1* (سمت چپ) و *OsCKX4* (سمت راست) در گیاهان تراریخته احتمالی حاصل از انتقال دو سازه نو ترکیب pUhrCkPstol و pUhrN5CkPstol و بررسی حضور ژن *OsNAC5* در گیاهان تراریخته احتمالی حاصل از انتقال سازه نو ترکیب pUhrN5CkPstol (c). شماره‌های ۲، ۳، ۴، ۵، ۸ و ۹ از رخدادهای حاصل از انتقال سازه نو ترکیب pUhrCkPstol که حضور هر دو ژن *PSTOL1* و *OsCKX4* را نشان دادند به عنوان ۶ رخداد مثبت در نظر گرفته شدند و با کد Q1 تا Q6 نامگذاری شدند. همچنین شماره‌های ۱، ۲، ۳، ۴، ۵، ۶، ۷، ۸ و ۱۰ به عنوان ۸ رخداد حاصل از انتقال سازه نو ترکیب pUhrN5CkPstol با کد V1 تا V8 نامگذاری شدند. ژن *OsNAC5* در شماره‌های ۵، ۶ و ۸ ردیابی نشد و بقیه هر سه ژن را نشان دادند. واکنش زنجیره‌ای پلیمرزای با آغازگرهای مختص سازه و تراژن *PSTOL1* برای آنالیز نسل در حال تفکیک T2 و تعیین رخدادهای خالص احتمالی (d).

M, Molecular weight marker (1Kb Plus- Thermo Scientific company); P, plasmid pUhrCkDro & pUhrN5CkPstol; T, Transgenic plant (positive control); N, non-transgenic plant; W, water control (no DNA); Others: rice event samples.

همچنین، حضور ژن *OsCKX4* با آغازگرهای مختص ژن و مشاهده باند ۷۲۹bp در رخدادهای حاصل تایید شد. به این ترتیب حضور هر دو ژن در شش رخداد حاصل از گیاهان تراریخته منتج از سازه pUrhCkPstol تایید شد. شکل ۲ نشان می‌دهد نمونه‌های شماره ۲، ۳، ۴، ۵، ۸ و ۹ از رخدادهای حاصل از انتقال سازه نوترکیب pUrhCkPstol حضور هر دو ژن *PSTOL1* و *OsCKX4* را نشان دادند. این شش رخداد به ترتیب با کد Q1 تا Q6 نامگذاری شدند (جدول ۲).

رخدادهای حاصل از سازه نوترکیب pUhrN5CkPstol علاوه بر ژن‌های *PSTOL1* و *OsCKX4* حضور ژن *OsNAC5* را نیز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی و مشاهده باند مورد انتظار ۳۵۷bp نشان دادند. در شکل ۲

نمونه‌های شماره ۱، ۲، ۵، ۶، ۷، ۸، ۹ و ۱۰ به‌عنوان ۸ رخداد حاصل از انتقال سازه نوترکیب pUhrN5CkPstol در نظر گرفته شده‌اند. این رخدادهای با کد V1 تا V8 نامگذاری شدند (جدول ۲). ژن *OsNAC5* در نمونه‌های شماره ۱، ۲، ۷، ۹ و ۱۰ ردیابی شد و بنابراین این پنج رخدادهای حضور هر سه ژن را نشان دادند. شماره‌های ۵، ۶ و ۸ به‌عنوان رخدادهای دو ژنی و فاقد ژن *OsNAC5* در نظر گرفته شدند. همانطور که در جدول ۲ نشان داده شده است برخی از رخدادهای دارای تکرار در مراحل کشت بافتی بودند. تکرارهای کشت بافتی که از یک قسمت کالوس با چندین گیاه باززاشده ایجاد شده بودند پس از آنالیز مولکولی همگی به‌عنوان یک رخداد واحد دسته‌بندی شدند.

جدول ۲ رخدادهای احتمالی حاصل از سازه نوترکیب pUhrCkPstol و pUhrN5CkPstol. تراریخته بودن ۶ رخداد برای سازه‌ی pUhrCkPstol (Q1-Q6) و ۸ رخداد برای سازه‌ی pUhrN5CkPstol (V1-V8) تایید شد. خالص‌سازی یکی از رخدادهای (Q6) در نسل T2 انجام شد. تعداد باززاشده نشان‌دهنده تکرارهای کشت بافتی است که از یک قسمت کالوس چندین گیاه باززاشده است، پس از آنالیز مولکولی این تکرارها، همگی به‌عنوان یک رخداد واحد دسته‌بندی شدند.

خلوص احتمالی	نسل	تعداد باززاشده	کد اولیه	رخداد احتمالی	سازه
ناخالص	بذر T2	32	Q-1	رخداد ۱	PUhrCKPstol
ناخالص	بذر T2	3	Q-2	رخداد ۲	
ناخالص	بذر T2	3	Q-3	رخداد ۳	
ناخالص	بذر T2	1	Q-4	رخداد ۴	
-	بذر T1	4	Q-5	رخداد ۵	
خالص	بذر T2	3	Q-6	رخداد ۶	
-	بذر T1	4	V-1	رخداد ۱	PUhrN5CKPstol
-	بذر T1	15	V-2	رخداد ۲	
-	بذر T1	25	V-3	رخداد ۳	
-	گیاه T0	6	V-4	رخداد ۴	
-	گیاه T0	3	V-5	رخداد ۵	
-	گیاه T0	3	V-6	رخداد ۶	
-	گیاه T0	2	V-7	رخداد ۷	
-	گیاه T0	3	V-8	رخداد ۸	

۴- بحث و نتیجه‌گیری

در پژوهش حاضر، یک پروتئین کیناز سرین/ترئونین موثر در افزایش جذب عناصر غذایی به‌ویژه فسفر (*PSOL1*)، در کنار ژنی از خانواده سیتوکینین اکسیداز/دهیدروژناز (*OsCKX4*) به برنج رقم هاشمی منتقل شده است. تاکنون انتقال همزمان این دو ژن به برنج و یا سایر گیاهان گزارش نشده است. بر اساس گزارشات قبلی، در شرایط کمبود فسفر ژن *PSOL1* نقش به‌سزایی در توسعه ریشه‌های برنج و در نتیجه افزایش جذب فسفر داشته است [۱۶]. همچنین، اهمیت ژن *OsCKX4* در تشکیل ریشه‌های گرهی و افزایش طول، تعداد و وزن خشک ریشه‌ها توسط Gao و همکاران (۲۰۱۴) اثبات شده بود. بیان این ژن در پژوهش حاضر تحت پیشبر مختص ریشه در سازه *pUhrCkPSOL* برای جلوگیری از اثرات ناخواسته بیان دائمی ژن *OsCKX4* بر محصول، مطلوب خواهد بود. با توجه به اینکه گیاهان حاصل از سازه *pUhrN5CkPstol* که ژن *OsCKX4* را تحت پیشبر دائمی در بر داشتند در بذردهی با تاخیر مواجه شدند، بنابراین استفاده از این ژن تحت پیشبر مختص بافت پیشنهاد می‌شود. همچنین، انتظار می‌رود حضور تراژن *OsNAC5* تحت پیشبر ریشه در رخدادهای مذکور، در شرایط نرمال و به‌ویژه تحت تنش خشکی سبب افزایش محصول نسبت به شاهد شود. این ژن که یک تنظیم‌کننده رونویسی است ریشه‌های طولی‌تر و افزایش در اندازه استل و کورتکس ریشه را به همراه خواهد داشت. علاوه بر این، بیان یکی از ژن‌های کدکننده فاکتور رونویسی القا شونده در شرایط تنش از خانواده NAM-ATAF-CUC (*OsNAC5*)، با افزایش قطر ریشه برنج، می‌تواند سبب افزایش مقاومت به خشکی و افزایش بازده محصول در مزرعه شود [۲۷]. بهینه‌سازی کدونی این ژن نیز بر اساس نتایج قبلی می‌تواند در بهبود عملکرد این ژن در شرایط استرس موثر باشد [۲۵ و ۲۸]. تاکنون انتقال همزمان این سه ژن که برگرفته از ارقام وحشی برنج

آنالیز نسل‌های در حال تفکیک T1 و T2 رخدادهای تراریخته حاصل با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلیمرز و با استفاده از ردیابی ژن مشترک *PSOL1* انجام و نتایج تعدادی از آنها در جدول ۲ خلاصه شده است. خالص‌سازی رخدادهای حاصل در حال انجام است. از هر رخداد، ۱۰ الی ۱۵ گیاه در نسل T1 آنالیز شدند. گیاهان منفی حذف و بذریکری از مثبت‌ها انجام شد. از هر گیاه مثبت تایید شده در نسل T1، حدود ۲۰ گیاه در نسل T2 آنالیز شدند. در صورتی که همه‌ی گیاهان آنالیز شده در نسل T2 مثبت باشند، آن رخداد به‌عنوان خالص اولیه معرفی می‌شود. در صورت مشاهده ترکیبی از گیاهان مثبت و منفی در این نسل، آن گیاه ناخالص بوده و برای رسیدن به خلوص در این نسل (T2) نیاز به کشت بذور سایر گیاهان مثبت نسل T1 و آنالیز آنها در نسل T2 خواهد بود. روند خالص‌سازی برای رخدادهایی که به خلوص نرسیده‌اند ادامه خواهد داشت. تایید بیشتر خلوص نیز به آنالیز با تعداد بیشتر در نسل T3 نیاز خواهد داشت.

در این پژوهش ۱۴ رخداد احتمالی برنج تراریخته از انتقال دو سازه نو ترکیب حاصل شد. حدود ۹۳ درصد رخدادهای بیش از یک تکرار کشت بافتی داشتند، به‌طوری که مجموع گیاهانی که شش رخداد حاصل از انتقال سازه نو ترکیب *pUhrCKPstol* را دربرداشتند، ۴۶ گیاه و گیاهانی که هشت رخداد حاصل از انتقال سازه *pUhrN5CKPstol* را تشکیل می‌دادند ۶۱ گیاه تعیین شدند. این گیاهان در آنالیزهای مولکولی، حضور ژن‌های منتقل شده را با PCRهای مختلف چندگانه، مختص سازه و مختص ژن نشان دادند. در این پژوهش به تغییر ظاهری فنوتیپ ریشه اکتفا شد ولی بررسی‌های دقیق‌تر فیزیولوژی، مولکولی و بیوشیمیایی گیاهان حاصل و به‌ویژه بررسی علمی ویژگی‌های ریشه و تغییرات آن نسبت به گیاهان شاهد در تحقیقات آینده مورد نیاز خواهد بود.

هستند، به برنج زراعی یا گیاهان دیگر گزارش نشده است. انتقال ژن های مفید از گونه های قابل تلاقی از طریق مهندسی ژنتیک به گیاه هدف که به سیس ژنسیس و اینتراژنسیس معروف است در برخی کشورها با قوانین کمتر سختگیرانه ای نسبت به گیاهان تراریخته مواجه هستند [۲۹]. تایید میزان تاثیر انتقال این ژن ها بر بهبود ساختار ریشه نیاز به آزمایشات مزرعه ای و بررسی دقیق فنوتیپ ریشه در مقایسه با شاهد در آزمایشات تکمیلی و به ویژه بررسی تحمل به خشکی خواهد داشت.

تولید و استفاده از سازه های چندژنی برای ایجاد گیاهان تراریخته در مراحل آزمایشگاهی در گیاهانی چون برنج، توتون، پنبه، گوجه فرنگی، گندم، سویا و جلبک در ایران انجام شده است [۳۵-۳۰]. ایرانیان در تولید برنج تراریخته پیشتاز بوده اند [۳۷ و ۳۶]. همچنین، انتقال ژن *DRO1* در کنار ژن های *OsNAC5* و *OsEXPA8* [۲۳] و نیز انتقال ژن *PSTOL1* و *OsDRO1* [۲۲] برای بهبود ساختار ریشه، تحمل به خشکی و بهبود جذب عناصر غذایی گیاه برنج و نیز انتقال دو ژن *OsDRO1* و *OsCKX4* [۳۸] در کشور تا مرحله گلخانه ای انجام شده است. در پژوهش حاضر چندین لاین تراریخته با انتقال همزمان ژن *PSTOL1* و ژن *OsCKX4* و نیز ژن *OsNAC5* به دست آمد که این ژن ها در تغییر ساختار ریشه نقش دارند. برای بهبود صفات مختلف در گیاهان انتقال همزمان چندین ژن دارای اهمیت است و روش موثری است که می تواند اصلاح صفات مورد نظر را تسهیل کرده و زمان رسیدن به هدف مورد نظر برای بهبود صفات گیاهان و اصلاح آنها را کاهش دهد. در گزارش Ye و همکاران (۲۰۰۰)، انتقال همزمان سه ژن دخیل در سنتز ویتامین آ به برنج منجر به افزایش ارزش غذایی آن و تولید این ویتامین در آندوسپرم برنج شد [۳۹]. همچنین، انتقال همزمان دو ژن دخیل در بهبود فرایند بیوسنتز لیگنین در درختان جنگلی موجب افزایش کارایی این سیستم در درختان شد [۴۰]. استفاده از روش

های اصلاح سنتی در محصولات زراعی، به دلیل انتقال تعداد زیادی از ژن های نامطلوب به همراه ژن مورد نظر، ممکن است منجر به کاهش کیفیت محصول شود. علاوه بر این، این روش ها زمان بر و پرهزینه هستند. در پی انتقال سه ژن تغییر دهنده ی ساختار ریشه به رقم تجاری برنج ها شمی که مرغوبیت بالایی از نظر عطر و طعم دارد، انتظار بر این است که گیاهان تراریخته حاصل از نظر بازاریابی، مانند همتای غیرتراریخته خود باشند. برای تایید این مساله، آزمایش های اینهمانی و بررسی صفات کیفی پس از خالص سازی انجام خواهد شد. بررسی های ایمنی زیستی تضمین بهره برداری از فواید قطعی بیوتکنولوژی مدرن و مدیریت آثار جانبی احتمالی کاربرد این فناوری را در پی داشته و استفاده از مزایای مهندسی ژنتیک در جهت امنیت غذایی را در پی دارد [۴۱].

سازه چند ژنی نو ترکیب ساخته شده در این پژوهش را می توان با هدف تغییر ساختار ریشه و تحمل به خشکی برای انتقال ژن به سایر گیاهان نیز مورد استفاده قرار داد. امید است با تولید برنج مهندسی شده با تغییر ساختار ریشه بتوان سبب بهبود تحمل به خشکی و افزایش عملکرد در این محصول مهم زراعی شده و در نهایت هزینه های کشت رایج برنج به صورت غرقابی را با صرفه جویی مصرف آب کاهش داد و گام اولیه ای برای توسعه کشت این محصول فراهم آورد.

سپاسگزاری

از ریاست محترم پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی (ABRII) برای فراهم کردن هزینه و امکانات این پژوهش سپاسگزاری می شود.

۵- منابع

- [1] Zhang, Q. Strategies for developing green super rice. (2007) *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 16402–16409
- [2] Gowda, V. R. P., Henry, A., Yamauchi, A., Shashidhar, H. E. & Serraj, R. (2011) Root biology and genetic improvement for drought avoidance in rice. *F. Crop. Res.* 122, 1–13
- [3] Tran, L.-S. P., Nishiyama, R., Yamaguchi-

1216

- [18] Chin, J. H. *et al.* (2010) Development and application of gene-based markers for the major rice QTL Phosphorus uptake 1. *Theor. Appl. Genet.* 120, 1073–1086
- [19] Sambrook, J., Fritsch, E. F. & Maniatis, T. (1989) *Molecular cloning: a laboratory manual*. (Cold spring harbor laboratory press)
- [20] An, G., Watson, B. D. & Chiang, C. C. (1986) Transformation of tobacco, tomato, potato, and *Arabidopsis thaliana* using a binary Ti vector system. *Plant Physiol.* 81, 301–305
- [21] Chamani, M. F. *et al.* (2017) Isolation and functional analysis of PSTOL1 from wild species of rice. *Gene Eng Biosafety J* 6 (1), 1-10
- [22] Kazemi, M. *et al.* (2022) Rice genetic engineering using transformation of Deeper Rooting1 and Phosphorus-Starvation Tolerance1 genes. *Agric. Biotechnol. J.* 14, 1–20
- [23] Zandi, M., Hosseini, R., Mohsenpour, M., Hosseini, S. G. & Ghareyazie, B. (2019) Transformation of DRO1, OsNAC5, OsEXPA8 genes in order to improve rice root architecture modification and improved drought tolerance in rice. *Gene Eng Biosafety J* 8 (1), 77-89
- [24] Ozawa, K. (2012) A high-efficiency *Agrobacterium*-mediated transformation system of rice (*Oryza sativa* L.). in *Transgenic Plants* 51–57
- [25] Chamani Mohasses, F., Solouki, M., Ghareyazie, B., Fahmideh, L. & Mohsenpour, M. (2020) Correlation between gene expression levels under drought stress and synonymous codon usage in rice plant by in-silico study. *PLoS One* 15, e0237334
- [26] Kahak, S. *et al.* (2021) Providing a Fast and Multiple Method for Detection and Identification of Transgenic Maize Events. *MJ* 16, 341–348
- [27] Jeong, J. S. *et al.* (2013) OsNAC5 overexpression enlarges root diameter in rice plants leading to enhanced drought tolerance and increased grain yield in the field. *Plant Biotechnol. J.* 11, 101–114
- [28] Mohsenpour, M., Noormohammadi, Z., Irani, S. & Amirmozafari, N. (2019) Expression of an Environmentally Friendly Enzyme, Engineered Carbonic Anhydrase, in *Escherichia coli*. *Int. J. Environ. Res.* 13, 295–301
- [29] Kahak, S., Ghareyazie, B., Samizadeh Lahiji, H. & Mohsenpour, M. (2021) Evaluation of Biosafety Aspects of Cisgenesis and Intragenesis in Comparison with Transgenesis. *gebsj* 10, 157–170
- [30] Mohammadzadeh, N., Tohidfar, M. & Mohsenpour, M. (2010) *Agrobacterium*-Mediated Transformation of Wheat (*Triticum Aestivum*) Using Chitinase and Glucanase Genes. *Agric Biotechnol J* 2 (1), 81-98
- [31] Raufi, A., Tohidfar, M., Soluki, M. & Shinozaki, K. & Shinozaki, K. (2010) Potential utilization of NAC transcription factors to enhance abiotic stress tolerance in plants by biotechnological approach. *GM Crops* 1, 32–39
- [4] Sperotto, R. A. *et al.* (2009) Identification of up-regulated genes in flag leaves during rice grain filling and characterization of OsNAC5, a new ABA-dependent transcription factor. *Planta* 230, 985–1002
- [5] Wu, W. & Cheng, S. (2014) Root genetic research, an opportunity and challenge to rice improvement. *F. Crop. Res.* 165, 111–124
- [6] Jeong, J. S. *et al.* (2013) OsNAC5 overexpression enlarges root diameter in rice plants leading to enhanced drought tolerance and increased grain yield in the field. 10, 101–114
- [7] Redillas, M. C. F. R. *et al.* (2012) The overexpression of OsNAC9 alters the root architecture of rice plants enhancing drought resistance and grain yield under field conditions. *Plant Biotechnol. J.* 10, 792–805
- [8] Takasaki, H. *et al.* (2010) The abiotic stress-responsive NAC-type transcription factor OsNAC5 regulates stress-inducible genes and stress tolerance in rice. *Mol. Genet. Genomics* 284, 173–183
- [9] Song, S.-Y., Chen, Y., Chen, J., Dai, X.-Y. & Zhang, W.-H. (2011) Physiological mechanisms underlying OsNAC5-dependent tolerance of rice plants to abiotic stress. *Planta* 234, 331–345
- [10] Gao, S. *et al.* (2014) Cytokinin Oxidase/Dehydrogenase4 integrates cytokinin and auxin signaling to control rice crown root formation. *Plant Physiol.* 165, 1035–1046
- [11] Shahbazi, K. & Besharati, H. (2013) Overview of agricultural soil fertility status of Iran. *L. Manag. J.* 1, 1–15
- [12] Miyasaka, S. C. & Habte, M. (2007) Plant mechanisms and mycorrhizal symbioses to increase phosphorus uptake efficiency. *Commun. Soil Sci. Plant Anal.* 32, 1101–1147
- [13] Wissuwa, M., Wegner, J., Ae, N. & Yano, M. (2002) Substitution mapping of Pup1 : a major QTL increasing phosphorus uptake of rice from a phosphorus-deficient soil. 890–897
- [14] Wissuwa, M. (2005) Combining a modelling with a genetic approach in establishing associations between genetic and physiological effects in relation to phosphorus uptake. *Plant Soil* 269, 57–68
- [15] Heuer, S. *et al.* (2009) Comparative sequence analyses of the major quantitative trait locus phosphorus uptake 1 (Pup1) reveal a complex genetic structure. *Plant Biotechnol. J.* 7, 456–471
- [16] Gamuyao, R. *et al.* (2012) confers tolerance of phosphorus deficiency. *Nature* 488, 535–539
- [17] Chin, J. H. *et al.* (2011) Developing rice with high yield under phosphorus deficiency: Pup1 sequence to application. *Plant Physiol.* 156, 1202–

- herbicide. *Crop Biotechnol.* 9, 69–77
- [36] Ghareyazie, B. *et al.* (1997) Enhanced resistance to two stem borers in an aromatic rice containing a synthetic cryIA(b) gene. *Mol. Breed.* 3, 401–414
- [37] Bennett, J., Cohen, M. B., Katiyar, S. K., Ghareyazie, B. & Khush, G. S. (1997) Enhancing insect resistance in rice through biotechnology. *Adv. insect Control role transgenic plants* 75–93
- [38] Ghorbanzadeh, Z. *et al.* (2022) Identification and investigation of DRO1 gene in rice cultivar Hashemi and its simultaneous transfer with OsCKX4 gene to improve root structure. *Crop Biotechnol.* 11, 49–62
- [39] Ye, X. *et al.* (2000) Engineering the provitamin A (β -carotene) biosynthetic pathway into (carotenoid-free) rice endosperm. *Science (80-.).* 287, 303–305
- [40] Li, L. *et al.* (2003) Combinatorial modification of multiple lignin traits in trees through multigene cotransformation. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 100, 4939–4944
- [41] Mohsenpour, M., Kahak, S. & Ghareyazie, B. (2018) Genetic Engineering and Food Security. *Strateg. Res. J. Agric. Sci. Nat. Resour.* 3, 195–208
- Mohsenpour, M. (2012) Isolation and Cloning of Two Genes from PR1 Family and Construction of Treble Plasmids Containing 3 Groups of Genes for Producing Transformed Plants Resistant to Fungal Diseases. *J. Agric. Biotechnol.* 3, 27–46
- [32] Mohsenpour, M., Tohidfar, M., Jelodar, N. B. & Jouzani, G. S. (2015) Designing a new marker-free and tissue-specific platform for molecular farming applications. *J. Plant Biochem. Biotechnol.* 24, doi: 10.1007/s13562-014-0294-2
- [33] Mohkami, A., Marashi, H., Shahriary Ahmadi, F., Tohidfar, M. & Mohsenpour, M. (2015) Evaluation of Agrobacterium-mediated Transformation of *Chlamydomonas reinhardtii* using a Synthetic amorpho-4, 11-diene Synthase Gene. *J. Cell Mol. Res.* 7, 53–58
- [34] Mohsenpour, M. & Tohidfar, M. (2011) Genetic Engineering of Plant Nuclear Genome for Specific gene Expression in Chloroplast Using Design and Transformation of Hybrid Sigma Factor. *Crop Biotechnol.* 1, 35–48
- [35] Saboori-Robat, E., Solouki, M., Habashi, A. A., Moshenpour, M. & Emamjomeh, A. (2019) Design and construction of two-genes construct consists of 11 kDa delta zein and EPSPS genes in order to transform soybean to improve the methionine content and induce resistance to glyphosate

Multi-gene transformation evaluation of a serine/threonine protein kinase with a gene from the cytokinin oxidase/dehydrogenase family and a transcription factor induced under stress from the NAM-ATAF-CUC family to rice

Leila Pourhang¹, Zahra Ghorbanzadeh², Mehrbano Kazemi alamouti³, Seyyed Mohammad Mousavi pakzad⁴, Elahe Moatamed⁵, Mona Mapar⁶, Aliakbar Ebadi⁷, Katayoun Zamani Asadabadi⁸, Mohammad Reza Ghaffari⁹, Ghasem Hosseini Salekdeh¹⁰, Behzad Ghareyazie^{11*}, Motahharez Mohsenpour^{12*}

1. M.Sc, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
2. PhD Student, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
3. M.Sc, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
4. B.Sc, Department of Genetic Engineering and Biosafety, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
5. Department of Genetic Engineering and Biosafety, M.Sc, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
6. Postdoctoral Researcher, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Karaj, Iran.
7. Assistant Professor, Rice Research Institute of Iran (RRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO) Rasht, Iran.
8. Assistant Professor, Department of Genetic Engineering and Biosafety, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran. -
9. Assistant Professor, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
10. Professor, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
11. Professor, Department of Genetic Engineering and Biosafety, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
12. Assistant Professor, Department of Genetic Engineering and Biosafety, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran (ABRII), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.

mtthrm@yahoo.com

Receipt: 2022/05/09

Accepted: 2022/11/05

Abstract

Production of drought tolerant crop is an important strategy for avoiding water scarce crisis. Improvement of the root structure helps better establishment in the soil, more access to the nutrition and efficient water absorption. This results in lodging and drought resistance, leading to the higher yield and seed quality. In this study, three genes affecting root structure, drought tolerance and phosphorous absorbance are used in producing hybrid constructs used for the rice transformation. Three genes: a serine/threonine protein kinase (*PSTOL1*), a gene from the cytokinin oxidase/dehydrogenase family (*OsCKX4*) and a transcription factor induced under stress from the NAM-ATAF-CUC family (*OsNAC5*) isolated from the rice wild cultivars are cloned under separate regulatory elements in the T-DNA region of the *Agrobacterium* binary vector. *OsNAC5* gene was cloned under RCc3 root specific promoter and *PSTOL1* gene under ubiquitin promoter. Also, *OsCKX4* gene was cloned once under ubiquitin promoter and once under RCc3 promoter. Two hybrid multi-gene constructs named pUhrN5CkPstol and pUhrCkPstol harboring multiple genes are synthesized and used for the gene transformation into the Hashemi cultivar. Gene transfer was done to callus obtained from mature rice seeds. Transgenic plants were confirmed using PCR analysis. From the number of 107 regenerated plants in which the presence of transgenes was proved, 14 transgenic events were finally obtained. Root structure of the T0 plants showed drastic phenotypic difference in comparison to the non-transgenic ones. By now, one transgenic event harboring *CKX4* and *PSTOL1* is confirmed to have a homozygous line in T2 generation. It is hoped that genetic engineering of rice for enhanced root structure lead to drought tolerance, reduce water consumption and improve yield under stress conditions.

Keywords: Cytokinin oxidase/dehydrogenase, Multi-gene transformation, Rice genetic engineering, serine/threonine protein kinase, transcription factor induced under stress.