مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

بررسی اثر تنش کم آبی و هم زیستی میکوریزا (*Glomus mosseae*) در بیان ژن های چرخه سلولی در ریشه گیاه گندم (*Triticum aestivum* L.) به روش RNA-Seq

فهیمه عرب بافرانی[۱]، علیرضا ایرانبخش[۱*]، ایرج مهرگان[۱]، مصطفی عبادی[۲]، زهرا اوراقی اردبیلی [۳].

۱. گروه زیست شناسی گیاهی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲. گروه زیست شناسی گیاهی، واحد دامغان، دانشگاه آزاد اسلامی، دامغان، ایران

۳. گروه زیست شناسی گیاهی، واحد گرمسار، دانشگاه آزاد اسلامی، گرمسار، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۲/۲۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۵/۲۶

چکیده

مقدمه: تنش کم‌آبی یکی از مهم‌ترین عوامل محدودکننده رشد و عملکرد گیاه گندم است که از طریق تغییر در فرآیندهای سلولی و مولکولی، به‌ویژه تنظیم چرخه سلولی و حفظ پایداری ژنومی، رشد گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهد. همزیستی با قارچ‌های میکوریزی آربوسکولار می‌تواند با بهبود جذب آب و عناصر غذایی و تعدیل پاسخ‌های مولکولی، تحمل گیاه به شرایط نامساعد محیطی را افزایش دهد. هدف از این مطالعه، شناسایی ژن‌ها و مسیرهای مولکولی مرتبط با تنظیم چرخه سلولی در ریشه گندم تحت تنش کم‌آبی و همزیستی با *Glomus mosseae* با استفاده از تحلیل داده‌های RNA-Seq بود.

مواد و روش‌ها: گیاه گندم (*Triticum aestivum* L.) رقم چمران تحت شرایط کنترل، تنش کم‌آبی، همزیستی با *G. mosseae* و ترکیب تنش کم‌آبی و میکوریزا کشت شد. RNA استخراج‌شده از ریشه گیاهان برای توالی‌یابی ترنسکریپتوم مورد استفاده قرار گرفت. داده‌های RNA-Seq پس از کنترل کیفیت، هم‌ترازی با ژنوم مرجع گندم و شناسایی ژن‌های با بیان متفاوت، تحت تحلیل‌های غنی‌سازی Gene Ontology، شبکه‌های برهم‌کنش پروتئینی و تحلیل مسیرهای زیستی قرار گرفتند.

یافته‌ها: نتایج نشان داد که تنش کم‌آبی و همزیستی میکوریزی موجب تغییر در بیان ژن‌های مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA، ترمیم DNA، فسفریلاسیون پروتئین‌ها و پاسخ به تنش‌های محیطی می‌شود. تحلیل شبکه‌ای، ژن‌های *TraesCS1A02G090100*، *TraesCS1A02G085000*، *TraesCS1A02G032700* و *TraesCS1A02G151400* را به‌عنوان ژن‌های کاندید مرتبط با تنظیم چرخه سلولی و حفظ پایداری ژنومی شناسایی کرد. همچنین مسیرهای مرتبط با تکثیر DNA، تنظیم انتقال مراحل چرخه سلولی و فعالیت پروتئین کینازها به‌عنوان محورهای مهم پاسخ ریشه گندم به شرایط کم‌آبی و میکوریزا مشخص شدند.

نتیجه‌گیری: یافته‌های این مطالعه نشان می‌دهد که پاسخ گندم به تنش کم‌آبی شامل بازتنظیم شبکه‌ای از ژن‌ها و مسیرهای مرتبط با رشد سلولی، حفظ یکپارچگی ژنوم و انتقال پیام‌های سلولی است و همزیستی با *G.mosseae* می‌تواند در تعدیل این پاسخ‌ها نقش داشته باشد. ژن‌های شناسایی‌شده به عنوان اهداف بالقوه برای مطالعات عملکردی آینده و اصلاح مولکولی گندم پیشنهاد می‌شوند. با توجه به ماهیت ترنسکریپتومی این پژوهش، اعتبارسنجی بیان ژن‌های منتخب با روش‌هایی مانند qRT-PCR در مطالعات آینده ضروری خواهد بود.

واژگان کلیدی: گندم (*Triticum aestivum* L.)، تنش کم‌آبی، قارچ میکوریزای آربوسکولار (*Glomus mosseae*)، چرخه سلولی، بیان ژن.

*نویسنده مسئول، پست الکترونیکی: iranbakhsh@iau.ac.ir

DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351
مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲

مقدمه

گندم(*Triticum aestivum* L.) یکی از مهم‌ترین محصولات زراعی جهان است که نقش حیاتی در تأمین امنیت غذایی و تغذیه جمعیت رو به رشد دارد. با افزایش جمعیت جهانی، تغییرات اقلیمی و محدودیت منابع آب، تولید پایدار گندم با چالش‌های جدی مواجه شده است. در میان عوامل محیطی، تنش کم‌آبی به عنوان یکی از مهم‌ترین تنش‌های غیرزیستی، اثر قابل‌توجهی بر رشد، عملکرد و بهره‌وری گیاهان دارد و سالانه موجب کاهش چشمگیر تولید محصولات کشاورزی در مناطق مختلف جهان می‌شود (۱،۲). کمبود آب علاوه بر محدود کردن رشد رویشی و زایشی، فرآیندهای فیزیولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی گیاه گندم را نیز تحت تأثیر قرار می‌دهد. ازاین‌رو، شناخت سازوکارهای مولکولی دخیل در تحمل محدودیت آبی، یکی از اهداف مهم در زیست شناسی گیاهی و اصلاح نباتات نوین محسوب می‌شود (۲،۳).

پاسخ گیاهان به تنش کم‌آبی شامل مجموعه‌ای از تغییرات هماهنگ در سطوح مختلف سلولی و مولکولی است. کاهش پتانسیل آب سلولی در مراحل اولیه تنش موجب اختلال در تعادل اسمزی، کاهش جذب آب و عناصر غذایی و محدود شدن تبادلات گازی از طریق کاهش هدایت روزنه‌ای می‌شود. ادامه شرایط تنش سبب کاهش فتوسنتز، اختلال در تولید انرژی و افزایش تجمع گونه‌های فعال اکسیژن (Reactive Oxygen Species; ROS) می‌گردد. تجمع بیش از حد ROS می‌تواند موجب آسیب اکسیداتیو به غشاهای سلولی، پروتئین‌ها، لیپیدها و اسیدهای نوکلئیک شود (۱،۳). برای مقابله با این آسیب‌ها، گیاهان مجموعه‌ای از پاسخ‌های دفاعی شامل: فعال‌سازی سامانه‌های آنتی‌اکسیدانی، تنظیم متابولیسم، تجمع اسمولیت‌ها، تغییر مسیرهای انتقال پیام و تعدیل بیان ژن‌ها را فعال می‌کنند تا تعادل سلولی حفظ شده و توانایی بقاء در شرایط محدودیت آب افزایش یابد (۲،۳).

یکی از فرآیندهای اساسی که تحت تأثیر تنش کم‌آبی قرار می‌گیرد، چرخه سلولی است. رشد و توسعه گیاهان وابسته به هماهنگی دقیق میان تقسیم سلولی، تمایز و گسترش سلول‌ها است و هرگونه اختلال در این فرآیند می‌تواند رشد اندام‌های گیاهی را محدود کند. پیشرفت چرخه سلولی در گیاهان توسط شبکه پیچیده‌ای از تنظیم‌کننده‌ها شامل سیکلین‌ها، کینازهای وابسته به سیکلین (Cyclin-dependent kinases;CDKs)، مهارکننده‌های CDK و پروتئین‌های کنترل‌کننده نقاط وارسی تنظیم می‌شود که انتقال منظم سلول‌ها از مراحل G1، S، G2 و M را کنترل می‌کنند (۴،۵). مطالعات نشان داده‌اند که تنش‌های غیرزیستی، به‌ویژه کم آبی، با تغییر بیان این تنظیم‌کننده‌ها می‌توانند موجب کاهش سرعت تقسیم سلولی یا توقف موقت چرخه سلولی شوند. اگرچه این پاسخ باعث کاهش رشد گیاه می‌شود، اما به‌عنوان یک راهبرد سازشی موجب کاهش مصرف انرژی و تخصیص منابع متابولیکی به فرآیندهای ضروری برای مقابله با تنش می‌گردد (۴،۶). بنابراین، بررسی ژن‌های مرتبط با چرخه سلولی می‌تواند اطلاعات ارزشمندی درباره سازوکارهای مولکولی تحمل تنش آبی و تنظیم رشد گیاه در شرایط نامساعد را فراهم کند.

در سال‌های اخیر، استفاده از عوامل زیستی برای افزایش مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی مورد توجه قرار گرفته است. در این میان، قارچ‌های میکوریزای آربوسکولار (Arbuscular Mycorrhizal Fungi; AMF) به دلیل ایجاد رابطه همزیستی با ریشه بسیاری از گیاهان، نقش مهمی در بهبود رشد و افزایش تحمل به تنش‌های محیطی ایفاء می‌کنند. این همزیستی که در بیش از ۸۰ درصد گیاهان خشکی‌زی مشاهده شده است، با ایجاد شبکه گسترده هیفی در خاک، سطح جذب آب و عناصر معدنی به‌ویژه فسفر، نیتروژن و ریزمغذی‌ها را افزایش می‌دهد. در مقابل، گیاه بخشی از ترکیبات کربنی حاصل از فتوسنتز را در اختیار قارچ قرار می‌دهد و یک رابطه متقابل سودمند میان دو موجود زنده شکل می‌گیرد (۱۱).

علاوه بر نقش میکوریزا در بهبود تغذیه گیاه، مطالعات نشان داده‌اند که این همزیستی بر فرآیندهای فیزیولوژیکی و مولکولی گیاه نیز تأثیر گسترده‌ای دارد. قارچ‌های میکوریزا می‌توانند با بهبود وضعیت آبی گیاه، افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، تنظیم هورمون‌های گیاهی و تعدیل مسیرهای انتقال پیام، شدت آسیب‌های ناشی از تنش کم آبی را کاهش دهند. همچنین گزارش شده است که این قارچ‌ها با تغییر بیان ژن‌های مرتبط با پاسخ به تنش، متابولیسم، انتقال مواد،

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

تقسیم سلولی و تنظیم چرخه سلولی، سازگاری گیاه با شرایط محدودیت آب را افزایش می‌دهند (۱۱). در گندم نیز تلقیح با گونه *Glomus mosseae* موجب بهبود رشد ریشه، افزایش کارایی مصرف آب، حفظ فعالیت فتوسنتزی و کاهش اثرات منفی کم آبی شده است. با این حال، تأثیر دقیق این همزیستی بر شبکه‌های ژنی تنظیم‌کننده چرخه سلولی همچنان به‌طور کامل شناخته نشده است.

پیشرفت فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید (Next-Generation Sequencing; NGS)، به‌ویژه RNA sequencing (RNA-Seq)، امکان بررسی جامع تغییرات بیان ژن‌ها را در شرایط مختلف فیزیولوژیک فراهم کرده و به یکی از ابزارهای مهم برای مطالعه پاسخ گیاهان به تنش‌های محیطی تبدیل شده است. برخلاف روش‌های سنتی که تنها تعداد محدودی از ژن‌ها را بررسی می‌کنند، RNA-Seq امکان شناسایی هم‌زمان هزاران ژن با بیان تغییر یافته و بررسی مسیرهای مولکولی دخیل در پاسخ به تنش را فراهم می‌سازد (۳،۷). با این حال، تحلیل و تفسیر حجم گسترده داده‌های حاصل از RNA-Seq نیازمند استفاده از روش‌های بیوانفورماتیکی پیشرفته است. در این راستا، شناسایی ژن‌های با بیان افتراقی (Differentially Expressed Genes; DEGs)، تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology (GO)، بررسی مسیرهای زیستی و تحلیل شبکه‌های برهم‌کنش پروتئین ـ پروتئین (Protein–Protein Interaction; PPI) از مهم‌ترین رویکردها برای شناسایی ژن‌های کلیدی و تعیین روابط عملکردی میان آن‌ها محسوب می‌شوند (۷–۱۰). این تحلیل‌ها علاوه بر شناسایی مسیرهای فعال یا مهار شده در پاسخ به تنش، امکان تعیین ژن‌های محوری (Hub genes) را فراهم می‌کنند که ممکن است در کنترل فرآیندهای حیاتی مانند رشد، تقسیم سلولی و سازگاری گیاه با شرایط محیطی نقش مهمی داشته باشند (۹،۱۰).

مطالعات ترنسکریپتومی نشان داده‌اند که تنش کم‌آبی می‌تواند بیان مجموعه‌ای از ژن‌های دخیل در همانندسازی DNA، تنظیم نقاط وارسی چرخه سلولی و کنترل تقسیم سلولی را تغییر دهد. از آنجا که حفظ تعادل میان رشد سلولی و فعال‌سازی پاسخ‌های دفاعی برای بقای گیاه در شرایط تنش ضروری است، ژن‌های مرتبط با چرخه سلولی می‌توانند به‌عنوان شاخص‌های مهمی برای بررسی سازوکارهای سازگاری گیاه به محدودیت آب مورد توجه قرار گیرند. در این مطالعه، پس از تحلیل داده‌های RNA-Seq، شناسایی ژن‌های با بیان افتراقی، تحلیل غنی‌سازی عملکردی و بررسی شبکه‌های پروتئینی، مجموعه‌ای از ژن‌های مرتبط با تنظیم چرخه سلولی شناسایی شدند. بر اساس اهمیت عملکردی، ارتباط با فرآیندهای سلولی کلیدی و نقش احتمالی در پاسخ به خشکی، چهار ژن کاندید شامل *TraesCS1A02G090100*، *TraesCS1A02G085000*، *TraesCS1A02G032700* و *TraesCS1A02G151400* برای بررسی بیشتر انتخاب شدند.

ژن TraesCS1A02G090100 یکی از ژن‌های مرتبط با تنظیم فرآیندهای چرخه سلولی است که احتمالاً در هماهنگی میان رشد، تقسیم سلولی و پاسخ سلول به شرایط محیطی نقش دارد. تغییرات بیان این ژن در پاسخ به کم‌آبی می‌تواند نشان‌دهنده تنظیم سرعت تکثیر سلولی و ایجاد تعادل میان رشد و بقاء در شرایط محدودیت منابع باشد. با توجه به اینکه کم آبی معمولاً موجب کاهش فعالیت تقسیم سلولی می‌شود، بررسی الگوی بیان این ژن می‌تواند اطلاعات ارزشمندی درباره تنظیم رشد ریشه و سازگاری سلولی گیاه فراهم کند.

ژن‌های *TraesCS1A02G085000* و *TraesCS1A02G032700* با فرآیند همانندسازی DNA و عملکرد مجموعه‌های مرتبط با تکثیر ژنوم ارتباط دارند. همانندسازی دقیق DNA یکی از مراحل اساسی چرخه سلولی است و اختلال در این فرآیند می‌تواند بر تقسیم سلولی و توسعه بافتی اثر منفی داشته باشد. در شرایط تنش کم‌آبی، گیاه با تنظیم فعالیت ژن‌های مرتبط با همانندسازی DNA تلاش می‌کند از ایجاد آسیب‌های ژنتیکی جلوگیری کرده و فعالیت‌های حیاتی سلولی را حفظ کند. بنابراین، تغییر بیان این ژن‌ها می‌تواند بازتابی از پاسخ‌های محافظتی سلول در برابر فشارهای محیطی باشد.

همچنین ژن TraesCS1A02G151400 با عملکرد مرتبط با مهارکننده‌های کینازهای وابسته به سیکلین (Cyclin-dependent kinase inhibitors; CDK inhibitors) در کنترل پیشرفت چرخه سلولی نقش دارد. مهارکننده‌های CDK با تنظیم فعالیت کمپلکس‌های سیکلین/CDK، نقاط وارسی چرخه سلولی را کنترل کرده و از تقسیم سلولی غیرضروری در شرایط نامساعد جلوگیری می‌کنند. تغییر بیان این ژن در پاسخ به تنش کم‌آبی می‌تواند

DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351
مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲

نشان‌دهنده یک مکانیسم حفاظتی برای کاهش رشد سلولی، حفظ انرژی و افزایش تحمل سلول‌ها در شرایط تنش باشد.

با وجود پیشرفت‌های قابل توجه در شناخت پاسخ گیاهان به تنش آبی، بسیاری از جنبه‌های مولکولی مرتبط با تنظیم رشد و چرخه سلولی در شرایط محدودیت آب همچنان ناشناخته باقی مانده است. بیشتر مطالعات گذشته بر تغییرات فیزیولوژیکی، تجمع اسمولیت‌ها، فعالیت سامانه‌های آنتی‌اکسیدانی و ژن‌های عمومی پاسخ به تنش تمرکز داشته‌اند، در حالی که نقش شبکه‌های تنظیم‌کننده چرخه سلولی در سازگاری گیاه با کم آبی کمتر بررسی شده است. از سوی دیگر، اگرچه اثرات مثبت قارچ‌های میکوریزای آربوسکولار در افزایش تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی به‌خوبی گزارش شده است، اما مکانیسم‌های مولکولی که از طریق آن‌ها این همزیستی بر فرآیندهای بنیادی مانند تقسیم سلولی، همانندسازی DNA و رشد ریشه اثر می‌گذارد، هنوز نیازمند مطالعات دقیق‌تر است.

گندم به‌عنوان یکی از محصولات راهبردی جهان، به دلیل حساسیت نسبی به کمبود آب، نیازمند شناسایی سازوکارهای مولکولی جدید برای افزایش تحمل به تنش آبی است. در این زمینه، ترکیب داده‌های گسترده ترنسکریپتومی با تحلیل‌های عملکردی و شبکه‌ای می‌تواند امکان شناسایی ژن‌های کلیدی و مسیرهای تنظیمی مؤثر در پاسخ گیاه به تنش را فراهم کند. همچنین بررسی نقش عوامل زیستی مانند میکوریزا می‌تواند دیدگاه‌های جدیدی درباره تنظیم مولکولی تحمل گیاه به کم آبی ارائه دهد.

بر این اساس، پژوهش حاضر با هدف بررسی اثر تنش کم‌آبی و همزیستی با *Glomus mosseae* بر بیان ژن‌های چرخه سلولی در ریشه گیاه گندم (*Triticum aestivum* L.)؛ با استفاده از داده‌های RNA-Seq و تحلیل‌های بیوانفورماتیکی انجام شد. در این مطالعه، ژن‌های با بیان افتراقی، مسیرهای عملکردی و ژن‌های کاندید مرتبط با تنظیم چرخه سلولی شناسایی شدند تا نقش احتمالی میکوریزا در تعدیل پاسخ گیاه به کم آبی بررسی شود. نتایج این پژوهش می‌تواند به شناخت بهتر سازوکارهای مولکولی تحمل تنش آبی و شناسایی اهداف ژنی برای بهبود مقاومت گندم کمک کند.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی، شرایط رشد و طراحی آزمایش

بذرهای گندم (*Triticum aestivum* L.) رقم چمران از مؤسسه تحقیقات ثبت و گواهی بذر و نهال کرج تهیه شدند. پس از ضدعفونی سطحی و جوانه‌زنی در شرایط استریل (۲۵ درجه سانتی‌گراد، ۳ روز)، گیاهچه‌ها به گلدان‌های یک لیتری حاوی خاک استریل منتقل شدند. خاک پیش از کشت با سه دوره اتوکلاو در دمای ۱۲۱ درجه سانتی‌گراد استریل و pH آن بر روی حدود ۶ تنظیم شد.

آزمایش به‌صورت فاکتوریل بر پایه دو عامل شامل تلقیح با قارچ میکوریزای آربوسکولار و شرایط آبیاری طراحی شد. قارچ *Glomus mosseae* به‌عنوان تیمار میکوریزایی با غلظت ۱۰ اسپور به ازای هر گرم خاک پیش از کشت به محیط اضافه شد، در حالی‌که گیاهان بدون تلقیح به‌عنوان شاهد در نظر گرفته شدند. گیاهان به مدت هشت هفته در شرایط گلخانه‌ای کنترل‌شده (دمای ۲۵±۲ درجه سانتی‌گراد، رطوبت نسبی ۷۰ درصد، دوره نوری ۸/۱۶ ساعت) رشد داده شدند.

پس از استقرار گیاهان، تنش کم‌آبی با کاهش رطوبت خاک به ۵۰ درصد ظرفیت زراعی و آبیاری هفتگی اعمال شد، در حالی‌که گروه شاهد با ظرفیت زراعی ۱۰۰ درصد و با آبیاری منظم نگهداری شدند. در پایان تیمار، نمونه‌های ریشه جمع‌آوری، در نیتروژن مایع منجمد و برای استخراج RNA و تحلیل‌های ترنسکریپتومی ذخیره شدند.

استخراج RNA و آماده‌سازی کتابخانه RNA-Seq

RNA کل از نمونه‌های ریشه با استفاده از روش CTAB استخراج شد. کیفیت و کمیت RNA با استفاده از دستگاه NanoDrop و الکتروفورز ژل آگارز ۰.۸ درصد ارزیابی شد. نمونه‌های دارای کیفیت مناسب برای ساخت کتابخانه RNA-Seq انتخاب شدند.

کتابخانه‌های RNA-Seq با استفاده از پروتکل استاندارد Illumina تهیه و پس از قطعه‌قطعه شدن RNA، اتصال آداپتور و تکثیر PCR آماده‌سازی شدند. توالی‌یابی با استفاده از پلتفرم Illumina NextSeq 500 به‌صورت خوانش‌های جفت‌انتها (paired-end) انجام شد و داده‌های خام برای تحلیل‌های بیوانفورماتیکی مورد استفاده قرار گرفتند.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

پردازش داده‌های RNA-Seq و شناسایی ژن‌های با بیان افتراقی

داده‌های خام RNA-Seq ابتدا از نظر کیفیت بررسی و پس از حذف خوانش‌های کم‌کیفیت و توالی‌های آداپتور پالایش شدند. خوانش‌های با کیفیت بالا به ژنوم مرجع گندم (*Triticum aestivum* L.) هم‌تراز شده و سطح بیان ژن‌ها محاسبه گردید.

ژن‌های با تغییر معنی‌دار در بیان بین گروه‌های آزمایشی شامل مقایسه تنش کم‌آبی، تلقیح میکوریزایی و اثر متقابل این دو عامل، به‌عنوان ژن‌های با بیان افتراقی (Differentially Expressed Genes; DEGs) شناسایی شدند. معیارهای آماری شامل log2 fold change و adjusted p-value/FDR برای تعیین ژن‌های معنی‌دار مورد استفاده قرار گرفت.

به‌منظور بررسی عملکرد زیستی DEGs، تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology (GO) در سه دسته فرآیندهای زیستی، عملکرد مولکولی و اجزای سلولی انجام شد. همچنین، ژن‌های مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA و تنظیم تقسیم سلولی برای تحلیل‌های شبکه‌ای و شناسایی ژن‌های کاندید انتخاب شدند.

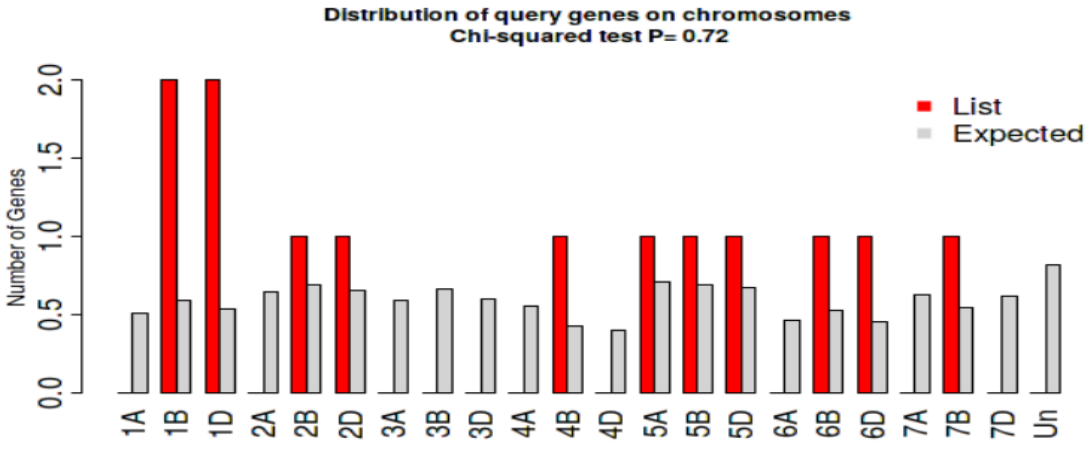
تحلیل شبکه‌های عملکردی و شناسایی ژن‌های کاندید مرتبط با چرخه سلولی

شبکه برهم‌کنش پروتئین–پروتئین (PPI) ژن‌های با بیان افتراقی با استفاده از پایگاه STRING ایجاد و در نرم‌افزار Cytoscape تحلیل شد. ژن‌های محوری (Hub genes) بر اساس ویژگی‌های توپولوژیکی شبکه و ارتباط عملکردی با مسیرهای چرخه سلولی، همانندسازی DNA و تقسیم سلولی شناسایی شدند. پس از بررسی حاشیه‌نویسی عملکردی با استفاده از پایگاه Ensembl Plants، چهار ژن کاندید شامل TraesCS1A02G090100، TraesCS1A02G085000، TraesCS1A02G032700 و TraesCS1A02G151400 برای بررسی بیشتر انتخاب شدند. این تحلیل ترکیبی RNA-Seq، GO و PPI امکان شناسایی ژن‌های کلیدی مرتبط با تنظیم چرخه سلولی و پاسخ به تنش کم‌آبی و همزیستی *Glomus mosseae* را فراهم کرد.

نتایج

توزیع کروموزومی ژن‌های با بیان افتراقی

به‌منظور بررسی پراکنش ژن‌های با بیان افتراقی (DEGs)، موقعیت آن‌ها بر روی کروموزوم‌های گندم تحلیل و فراوانی مشاهده‌شده با توزیع مورد انتظار تصادفی با استفاده از آزمون کای‌دو مقایسه شد. نتایج نشان داد که تعداد DEGs در کروموزوم‌های مختلف متفاوت بود؛ به‌طوری‌که بیشترین فراوانی در کروموزوم B۱ و کمترین میزان در کروموزوم‌های B۲ و B۷ مشاهده شد. با این حال، اختلاف معنی‌داری بین توزیع مشاهده‌شده و مورد انتظار وجود نداشت ($p = 0.72$)، که نشان‌دهنده توزیع تصادفی DEGs در سطح کروموزوم‌ها است (شکل- ۱).



مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

شکل- ۱: توزیع تعداد ژن‌های مورد بررسی روی کروموزوم‌های گیاه گندم تحت شرایط تنش کم آبی و همزیستی با میکوریزا. توزیع واقعی ژن‌ها با توزیع مورد انتظاربراساس حالت تصادفی مقایسه شده است .(آزمون Chi-squared) مقدار p-value = 0.72 نشان‌دهنده عدم وجود تفاوت معنادار آماری در توزیع ژن‌ها بین کروموزوم‌ها می‌باشد.

تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology در پاسخ به تنش کم‌آبی و میکوریزا

به‌منظور شناسایی مسیرهای زیستی تحت تأثیر تنش کم‌آبی و همزیستی با *Glomus mosseae*، تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology (GO) بر روی DEGs انجام شد. نتایج نشان داد که ژن‌های شناسایی‌شده در فرآیندهای مرتبط با تنظیم چرخه سلولی، همانندسازی DNA، اتصال پروتئین‌کیناز و فعالیت کینازهای وابسته به سیکلین غنی شده‌اند. همچنین، برخی عملکردهای مولکولی مرتبط با فعالیت‌های کاتالیتیکی نیز مشاهده شد. جزئیات اصطلاحات GO، شناسه‌ها، تعداد ژن‌ها و مقادیر آماری در جدول ۱ ارائه شده است.

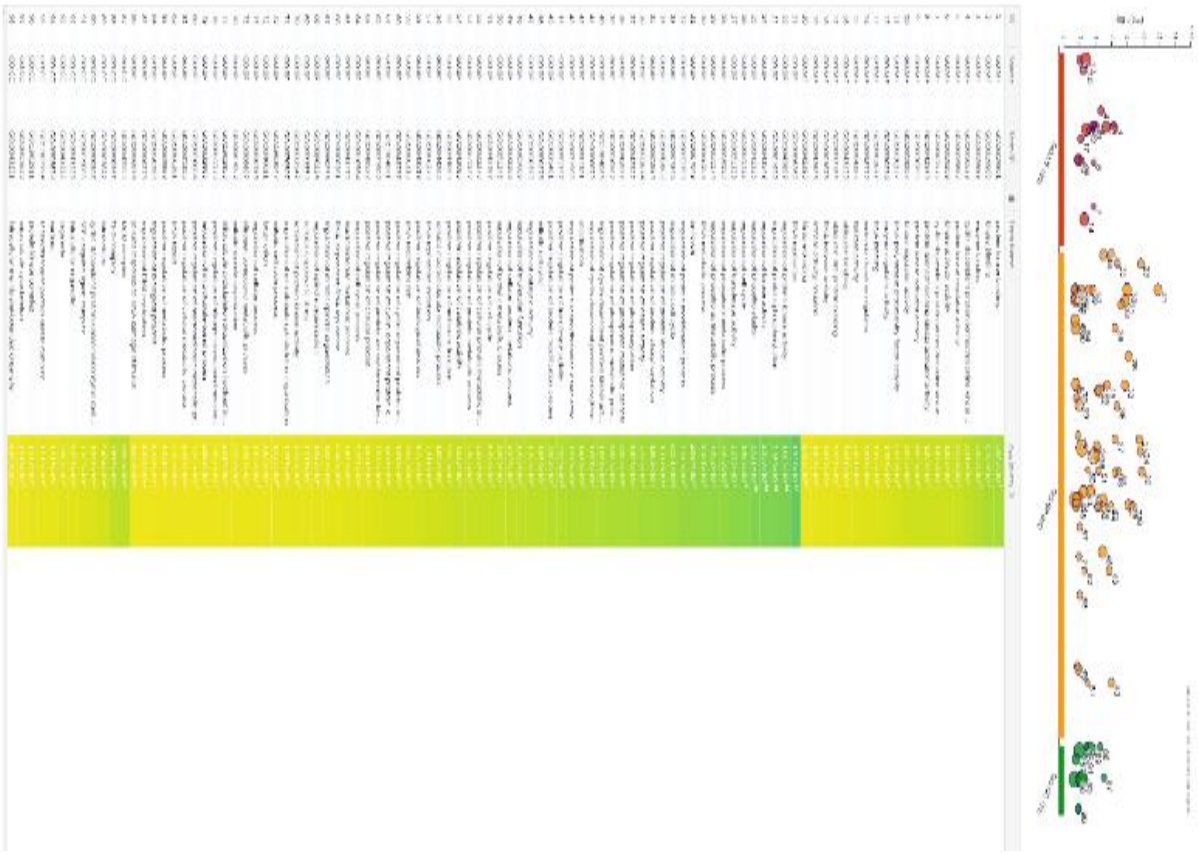
جدول-۱: مسیرهای بیولوژیکی تاثیرگذار تحت تنش کم آبی و همزیستی با میکوریزا

GO ID	Description	Genes	FDR	p.Value
GO:0019901	Protein kinase binding	TRAESCS6A02G241800, TRAESCS6D02G223800	0.000001	0.000001
GO:0019900	Kinase binding	TRAESCS6A02G241800, TRAESCS6D02G223800	0.000001	0.000001
GO:0019899	Enzyme binding	TRAESCS6A02G241800, TRAESCS6D02G223800	0.000005	0.000005
GO:0016538	Cyclin-dependent protein kinase regulator activity	TRAESCS4D02G308900, TRAESCS5A02G282200	0.000023	0.000023
GO:0042626	Nucleotide binding	TRAESCS7A02G183900, TRAESCS3B02G452200	0.000008	0.000008
GO:0005509	Calcium ion binding	TRAESCS4A02G371600, TRAESCS5D02G203100	0.000014	0.000014
GO:0003824	Catalytic activity	TRAESCS6B02G311900, TRAESCS6D02G191400	0.000022	0.000022
GO:0006511	Ubiquitin-dependent protein catabolic process	TRAESCS4D02G180500, TRAESCS5A02G115600	0.000030	0.000030
GO:0046872	Metal ion binding	TRAESCS4A02G219400, TRAESCS7D02G114500	0.000045	0.000045
GO:0005737	Cytoplasm	TRAESCS6B02G327800, TRAESCS3C02G451100	0.000053	0.000053

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology

نتایج تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology در شکل ۲- ارائه شده است. محور افقی مقدار $-\log10(p\text{-value})$ و شدت رنگ نقاط میزان غنی‌شدگی فرآیندهای زیستی را نشان می‌دهد. مهم‌ترین فرآیندهای غنی‌شده شامل چرخه سلولی، همانندسازی DNA، فعالیت پروتئین‌کیناز و پاسخ به تنش بودند.

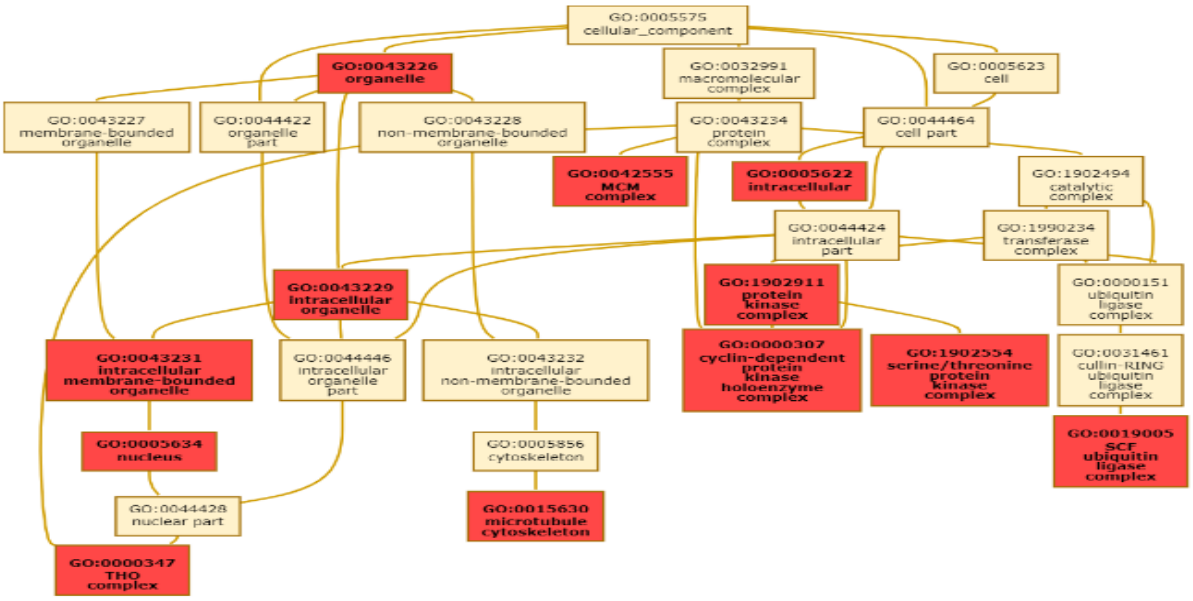


شکل-۲: تحلیل غنی‌سازی فرآیندهای زیستی (Gene Ontology) ژن‌های با بیان افتراقی در پاسخ به تنش کم‌آبی و همزیستی میکوریزا در گندم. محور افقی مقدار $-\log10(p\text{-value})$ و رنگ نقاط نشان‌دهنده میزان غنی‌شدگی فرآیندها است. نتایج، غنی‌شدن مسیرهای مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA و پاسخ به تنش را نشان می‌دهد.

تحلیل شبکه برهم‌کنش فرآیندهای زیستی و پروتئین‌ها

شبکه برهم‌کنش پروتئین–پروتئین (PPI) بر اساس ژن‌های با بیان افتراقی ترسیم شد (شکل- ۳). نتایج نشان‌دهنده وجود چندین خوشه عملکردی مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی و ترمیم DNA بود. همچنین، پروتئین‌های مرتبط با کمپلکس‌های MCM، Replication Protein A و SCF ubiquitin ligase به‌عنوان گره‌های مرکزی شبکه شناسایی شدند.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351



شکل-۳: شبکه تعاملات فرآیندهای بیولوژیکی و مجتمع‌های پروتئینی تحت تنش کم‌آبی و همزیستی با میکوریزا. نقاط قرمز نشان‌دهنده مسیرهای با بیشترین معناداری آماری در تنظیم چرخه سلولی و ترمیم DNA هستند. خطوط رابط، تعاملات عملکردی بین مجتمع‌های کلیدی مانند MCM، SCF ubiquitin ligase و پروتئین کینازها را نشان می‌دهند که در پاسخ هماهنگ سلول به تنش کم‌آبی و میکوریزا دخیل هستند.

فرآیندهای زیستی مرتبط با همانندسازی DNA

تحلیل اختصاصی فرآیندهای مرتبط با همانندسازی DNA نشان داد که اصطلاحاتی مانند DNA replication و double-strand break repair via break-induced replication از مسیرهای اصلی غنی‌شده بودند (جدول-۲). ژن‌های *TRAESCS1B02G411000* و *TRAESCS1D02G392400* نیز با این فرآیندها ارتباط عملکردی نشان دادند.

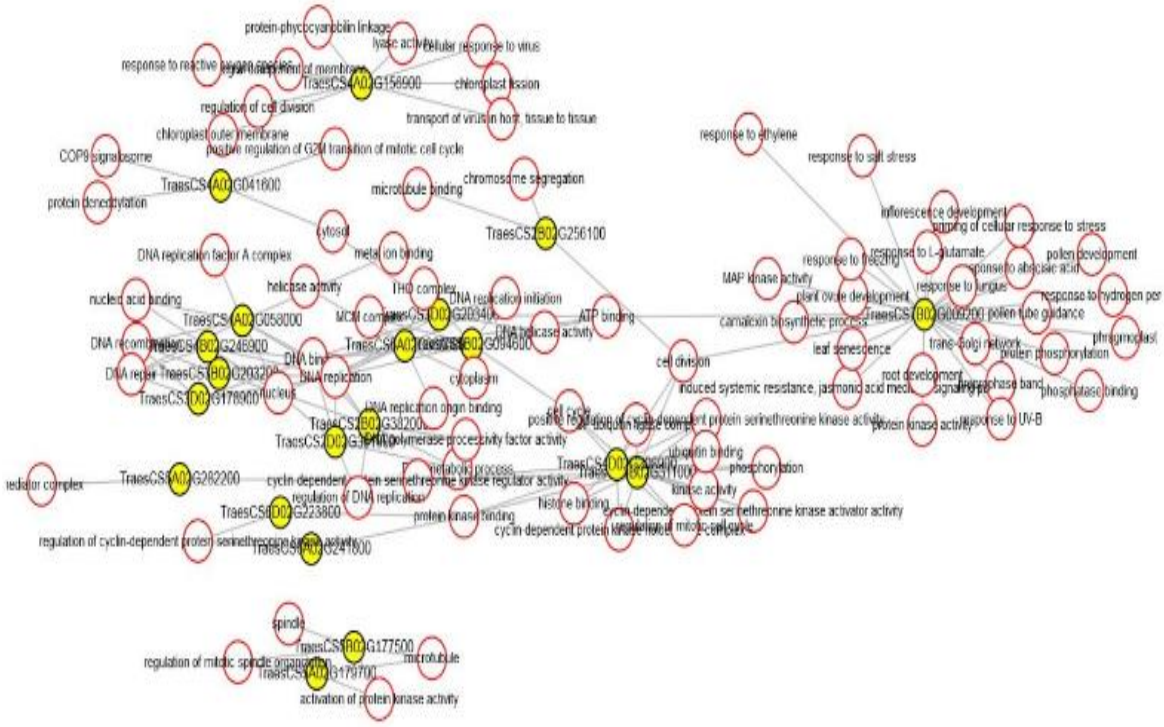
جدول-۲: مسیرهای بیولوژیکی تاثیرگذار بر تکثیر DNAتحت تنش آبی و همزیستی با میکوریزا

GO شناسه	توضیحات	ژن‌ها	FDR	p.Value
GO:0000811	ترمیم شکست دو رشته‌ای DNA از طریق تکثیر القا شده توسط شکست	TRAESCS1B02G411000, TRAESCS1D02G392400	0.000001	0.000001
GO:0005634	هسته سلولی	TRAESCS4A02G382200, TRAESCS3B02G450100	0.000023	0.000023
GO:0006260	تکثیر DNA	TRAESCS5A02G295900, TRAESCS6B02G118700	0.000014	0.000014
GO:0000727	ترمیم DNA از طریق همجوشی انتهای شکسته	TRAESCS6A02G313600, TRAESCS7B02G291000	0.000005	0.000005

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

تحلیل شبکه ژن‌ها و فرآیندهای زیستی با استفاده از Cytoscape

شبکه ژن_فرآیند بر اساس ژن‌های با بیان افتراقی و اصطلاحات غنی‌شده Gene Ontology با استفاده از Cytoscape ترسیم شد (شکل-۴). نتایج نشان داد که برخی ژن‌ها با چندین فرآیند زیستی ارتباط داشته و به‌عنوان گره‌های کلیدی شبکه شناسایی شدند. فرآیندهای مرتبط با همانندسازی DNA، گذار G2/M چرخه سلولی، جدایش کروموزوم‌ها، فعالیت کیناز و فسفریلاسیون پروتئین بیشترین ارتباط را با ژن‌های شناسایی‌شده نشان دادند. همچنین، برخی ژن‌ها با پاسخ‌های تنشی از جمله تنش شوری و مسیر وابسته به اسید آبسزیک مرتبط بودند.

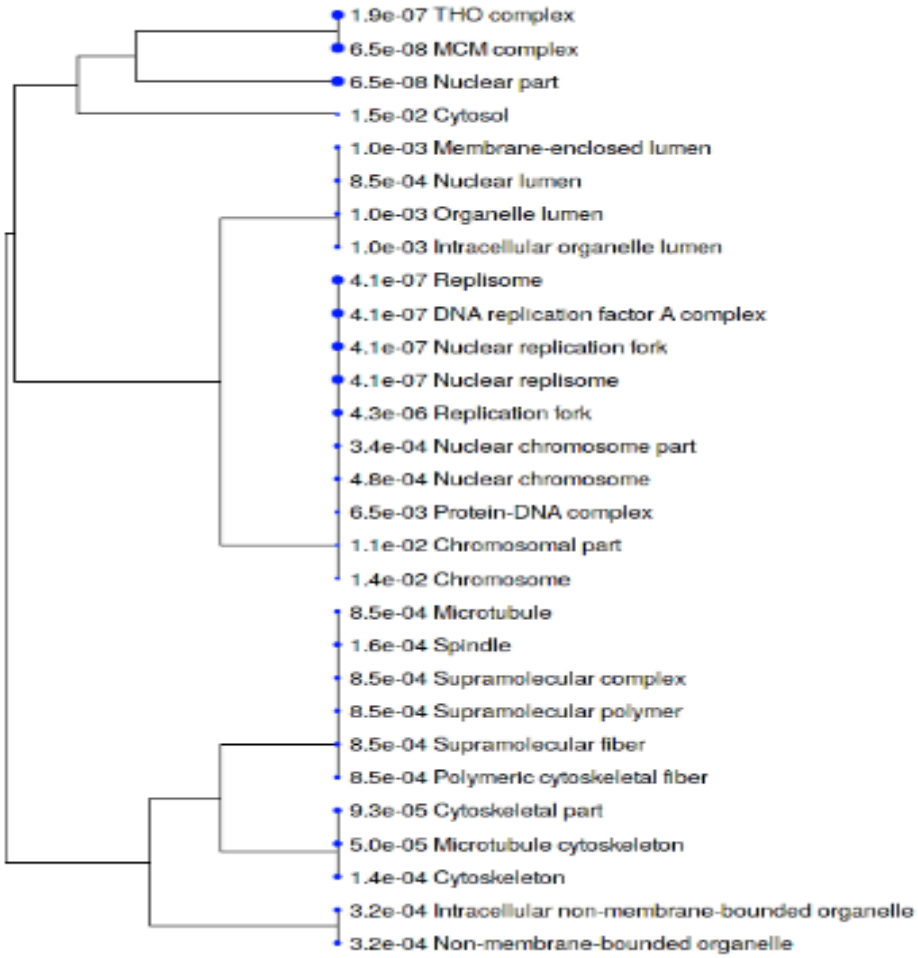


شکل -۴: شبکه تعامل ژن‌ها و فرآیندهای زیستی مرتبط با پاسخ به تنش کم‌آبی و همزیستی با میکوریزا که با استفاده از Cytoscape ترسیم شده است. گره‌ها نشان‌دهنده ژن‌ها و اصطلاحات GO و یال‌ها بیانگر ارتباطات عملکردی میان آن‌ها هستند. مسیرهای مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA، فسفریلاسیون پروتئین و پاسخ به تنش‌های محیطی از جمله تنش شوری و ABA در این شبکه برجسته شده‌اند که نقش آن‌ها را در تنظیم فرآیندهای سلولی و سازگاری گیاه به تنش کم‌آبی نشان می‌دهد.

تحلیل اجزای سلولی مرتبط با چرخه سلولی

تحلیل شاخه Cellular Component در Gene Ontology نشان داد که ژن‌های با بیان افتراقی عمدتاً در اجزای مرتبط با هسته، کروماتین، کمپلکس همانندسازی DNA، چنگال همانندسازی، کمپلکس MCM، اسکلت سلولی و دوک میتوزی غنی شده‌اند (شکل-۵). این نتایج نشان‌دهنده نقش احتمالی این ژن‌ها در تنظیم فرآیندهای همانندسازی DNA و تقسیم سلولی است.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

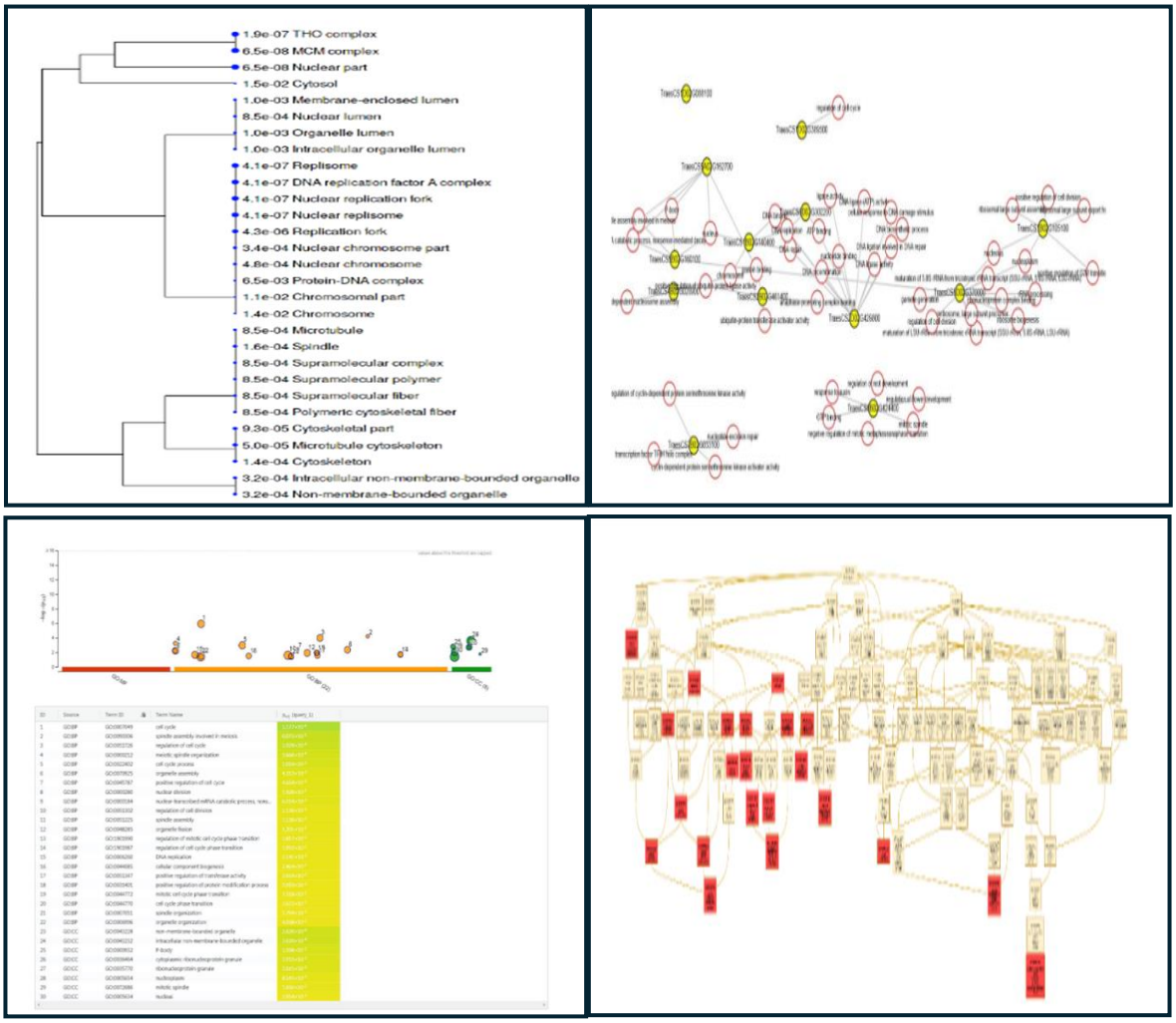


شکل- ۴: نمودار درختی فرآیندهای زیستی (GO) مرتبط با چرخه سلولی که تحت تأثیر تنش کم‌آبی و همزیستی با میکوریزا قرار گرفته‌اند. این نمودار ارتباطات سلسله‌مراتبی میان کمپلکس‌ها و ساختارهای سلولی مرتبط با همانندسازی DNA، سازمان‌دهی کروموزومی و تقسیم سلولی را نشان می‌دهد و بیانگر نقش این تغییرات در تنظیم پایداری ژنومی و پیشرفت چرخه سلولی در شرایط تنش است.

تحلیل عملکرد مولکولی و شبکه‌های ژنی مرتبط با چرخه سلولی

به‌منظور بررسی نقش ژن‌های با بیان افتراقی، تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology در بخش عملکرد مولکولی و شبکه‌های برهم‌کنش ژنی انجام شد. نتایج نشان داد که این ژن‌ها عمدتاً در فعالیت‌های کاتالیتیکی، اتصال پروتئین، اتصال ATP، فعالیت پروتئین‌کیناز و تنظیم فعالیت‌های آنزیمی نقش دارند. تحلیل یکپارچه شبکه‌های ژنی و فرآیندهای زیستی نیز مشارکت این ژن‌ها را در مسیرهای کلیدی شامل چرخه سلولی، همانندسازی و ترمیم DNA، جدایش کروموزوم‌ها، تقسیم سلولی و فسفریلاسیون پروتئین‌ها نشان داد. بر اساس ترکیب نتایج بیان ژن، غنی‌سازی عملکردی و تحلیل شبکه‌ای، چهار ژن *TraesCS1A02G090100*، *TraesCS1A02G085000*، *TraesCS1A02G032700* و *TraesCS1A02G151400* به‌عنوان ژن‌های کاندید مرتبط با تنظیم چرخه سلولی شناسایی شدند. جزئیات شبکه‌ها و ارتباطات عملکردی در شکل‌های -۵ ارائه شده است.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351



شکل ۵: تحلیل شبکه‌های ژنی و فرآیندهای زیستی مرتبط با چرخه سلولی، ترمیم DNA و پاسخ به تنش کم‌آبی در شرایط همزیستی با میکوریزا. الف- شبکه تعاملات ژنی مرتبط با مسیرهای چرخه سلولی، همانندسازی DNA، ترمیم DNA، جدایش کروموزوم‌ها و تشکیل دوک تقسیم که ارتباطات عملکردی میان ژن‌های دخیل در حفظ پایداری ژنومی را نشان می‌دهد.ب- شبکه تعاملات ژنی مرتبط با تنظیم گذار چرخه سلولی، فعالیت پروتئین‌کینازها و فرآیندهای مرتبط با تقسیم سلولی در پاسخ به تنش کم‌آبی.ج-تحلیل غنی‌سازی Gene Ontology نشان‌دهنده فرآیندهای زیستی معنی‌دار شامل چرخه سلولی، همانندسازی DNA، تقسیم هسته‌ای، مونتاژ دوک تقسیم و ترمیم DNA.د-شبکه ارتباطی فرآیندهای زیستی استخراج‌شده از تحلیل GO که تعامل میان مسیرهای چرخه سلولی، تقسیم سلولی، ترمیم DNA، فسفریلاسیون پروتئین و پاسخ به تنش اکسیداتیو را نشان می‌دهد.

بحث

در این پژوهش، با استفاده از داده‌های RNA-Seq، تحلیل Gene Ontology و شبکه‌های تعامل ژنی، اثر تنش کم‌آبی و همزیستی با قارچ میکوریزی *Glomus mosseae* بر مسیرهای مولکولی مرتبط با چرخه سلولی در ریشه گندم (*Triticum aestivum* L.) بررسی شد. نتایج نشان داد که تنش کم‌آبی موجب تغییر بیان ژن‌های مرتبط با تنظیم چرخه سلولی، همانندسازی DNA، ترمیم ژنومی و انتقال پیام سلولی شده است. همچنین حضور میکوریزا الگوی بیان این ژن‌ها را تعدیل کرده و نشان‌دهنده نقش این همزیستی در تنظیم پاسخ مولکولی گیاه به تنش بود.

چرخه سلولی یکی از فرآیندهای اساسی رشد گیاه است که تحت شرایط نامساعد محیطی به‌طور دقیق تنظیم می‌شود. کاهش دسترسی به آب معمولاً موجب کاهش تقسیم سلولی و تغییر الگوی رشد بافتی می‌شود و گیاه با تعدیل فعالیت تنظیم‌کننده‌های چرخه سلولی، منابع محدود خود را به سمت

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

حفظ بقاء و مقابله با تنش هدایت می‌کند. غنی‌شدن مسیرهای مرتبط با تنظیم چرخه سلولی در مطالعه حاضر نشان می‌دهد که کم آبی موجب بازتنظیم فرآیندهای تقسیم سلولی در ریشه گندم می‌شود. این یافته با گزارش Skirycz و Inzé (۲۰۱۰) که نقش تغییر بیان سیکلین‌ها، CDKها و تنظیم‌کننده‌های چرخه سلولی را در پاسخ به تنش‌های غیرزیستی نشان دادند، مطابقت دارد (۱۶). توقف موقت چرخه سلولی در شرایط محدودیت آبی می‌تواند یک سازوکار سازشی برای کاهش مصرف انرژی و فراهم‌کردن فرصت لازم جهت ترمیم آسیب‌های سلولی باشد.

در این مطالعه، ژن *TraesCS1A02G151400* به‌عنوان یکی از ژن‌های مرتبط با تنظیم چرخه سلولی و مهارکننده کیناز وابسته به سیکلین (CDK inhibitor) شناسایی شد. تنظیم فعالیت CDKها در شرایط کم‌آبی می‌تواند موجب کنترل پیشرفت چرخه سلولی و جلوگیری از تقسیم سلولی در شرایط نامناسب شود؛ فرآیندی که به حفظ پایداری سلولی و افزایش تحمل گیاه کمک می‌کند.

علاوه بر تنظیم چرخه سلولی، نتایج نشان داد که مسیرهای مرتبط با همانندسازی DNA و ترمیم آسیب‌های ژنتیکی نیز تحت تأثیر تنش کم‌آبی و همزیستی میکوریزی قرار گرفته‌اند. کم آبی با افزایش تولید گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) می‌تواند موجب آسیب DNA، اختلال در همانندسازی و کاهش پایداری ژنومی شود. بنابراین، فعال شدن مسیرهای DNA replication و DNA repair را می‌توان بخشی از پاسخ حفاظتی گیاه برای حفظ یکپارچگی ژنتیکی در شرایط تنش دانست. مطالعات ترنسکریپتومی در گندم نیز نشان داده‌اند که ژن‌های مرتبط با کنترل چرخه سلولی، نگهداری ژنوم و ترمیم DNA از گروه‌های مهم پاسخ‌دهنده به تنش آبی هستند (۱۵،۱۷).

ژن‌های *TraesCS1A02G085000* و *TraesCS1A02G032700* که در این مطالعه به‌عنوان ژن‌های کاندید مرتبط با همانندسازی DNA شناسایی شدند، احتمالاً در تنظیم تکثیر ژنوم و جلوگیری از ایجاد خطاهای همانندسازی تحت شرایط تنش نقش دارند. این تنظیم به‌ویژه در ریشه، که نخستین اندام دریافت‌کننده تنش کم‌آبی است، برای حفظ ظرفیت رشد و بازسازی سلولی اهمیت دارد. مشابهت نتایج حاضر با مطالعات Li و همکاران (۲۰۲۱) و Wang و همکاران (۲۰۲۲) نشان می‌دهد که حفظ پایداری ژنوم و کنترل دقیق تقسیم سلولی از سازوکارهای عمومی تحمل خشکی در گیاهان زراعی محسوب می‌شود (۱۵،۱۷).

یکی از جنبه‌های مهم این پژوهش، بررسی هم‌زمان اثر کم‌آبی و حضور *Glomus mosseae* بود. اگرچه کم آبی به‌تنهایی موجب تغییر مسیرهای مرتبط با چرخه سلولی و DNA می‌شود، میکوریزا می‌تواند شدت این تغییرات را از طریق بهبود جذب آب و عناصر غذایی، کاهش تنش اکسیداتیو و تنظیم مسیرهای دفاعی تعدیل کند. افزایش جذب فسفر توسط شبکه هیفی قارچ می‌تواند فرآیندهای انرژی‌بر مانند سنتز پروتئین، همانندسازی DNA و فعالیت آنزیم‌های سلولی را حفظ کند. همچنین کاهش تجمع ROS در گیاهان میکوریزی، شرایط مناسب‌تری برای فعالیت مسیرهای ترمیم DNA و حفظ رشد سلولی فراهم می‌سازد.

تحلیل‌های عملکردی و شبکه‌ای همچنین نقش مسیرهای پیام‌رسانی پروتئینی، شامل protein kinase activity و protein phosphorylation، را در پاسخ به تنش نشان دادند. پروتئین‌کینازها از تنظیم‌کننده‌های اصلی پاسخ گیاه به تنش‌های غیرزیستی هستند و از طریق انتقال سیگنال‌های محیطی، بیان ژن‌های مرتبط با دفاع، تنظیم اسمزی، چرخه سلولی و پاسخ هورمونی را کنترل می‌کنند. غنی‌شدن این مسیرها در مطالعه حاضر نشان‌دهنده فعال شدن شبکه‌های تنظیمی وابسته به فسفریلاسیون در ریشه گندم است. این یافته با گزارش Zhang و همکاران (۲۰۲۳) مبنی بر نقش مسیرهای MAPK و سایر شبکه‌های فسفریلاسیون در پاسخ کم آبی گندم مطابقت دارد (۱۸).

همزیستی میکوریزی علاوه بر اثرات فیزیولوژیک، می‌تواند به‌عنوان یک تنظیم‌کننده مولکولی عمل کند. این قارچ‌ها با

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

بهبود وضعیت آبی گیاه، افزایش جذب فسفر، تقویت سیستم آنتی‌اکسیدانی و تنظیم سیگنال‌های هورمونی مانند ABA، پاسخ گیاه به خشکی را از یک واکنش شدید به یک پاسخ سازگارانه هدایت می‌کنند. بنابراین، تغییرات مشاهده‌شده در مسیرهای چرخه سلولی، ترمیم DNA و فسفریلاسیون پروتئین احتمالاً حاصل تعامل میان سیگنال‌های ناشی از کم‌آبی و اثر تعدیل‌کننده همزیستی میکوریزی است.

بر اساس نتایج تحلیل بیان ژن، غنی‌سازی عملکردی و شبکه‌های تعامل، چهار ژن *TraesCS1A02G090100*، *TraesCS1A02G085000*، *TraesCS1A02G032700* و *TraesCS1A02G151400* به‌عنوان ژن‌های کاندید مرتبط با تنظیم پاسخ گیاه گندم به تنش شناسایی شدند. حضور این ژن‌ها در مسیرهای مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA و کنترل تقسیم سلولی نشان می‌دهد که تحمل کم آبی احتمالاً حاصل عملکرد یک ژن منفرد نیست، بلکه نتیجه هماهنگی شبکه‌ای از تنظیم‌کننده‌های سلولی و مولکولی است.

با وجود اهمیت این یافته‌ها، باید توجه داشت که داده‌های RNA-Seq تنها تغییرات سطح RNA را نشان می‌دهند و برای تأیید نقش عملکردی ژن‌های منتخب، مطالعات تکمیلی شامل qRT-PCR، بررسی سطح پروتئین، آزمون‌های عملکردی ژن و تحلیل‌های چندأمیکی مورد نیاز است. همچنین ترکیب داده‌های ترنسکریپتومی با اطلاعات متابولومی، پروتئومی و شاخص‌های فیزیولوژیک می‌تواند درک جامع‌تری از نقش *Glomus mosseae* در افزایش تحمل به کم آبی فراهم کند.

نتیجه گیری

در مجموع، نتایج این مطالعه نشان می‌دهد که تنش کم‌آبی موجب بازتنظیم شبکه‌های مولکولی مرتبط با چرخه سلولی، همانندسازی DNA، ترمیم ژنوم و انتقال پیام در ریشه گندم می‌شود، در حالی‌که همزیستی با *Glomus mosseae* با تعدیل این مسیرها، به حفظ تعادل سلولی و افزایش ظرفیت سازگاری گیاه کمک می‌کند. ژن‌های شناسایی‌شده می‌توانند به‌عنوان اهداف بالقوه در مطالعات آینده اصلاح مولکولی و توسعه ارقام متحمل به محدودیت آبی مورد استفاده قرار گیرند.

تضاد منافع: نویسندگان اعلام می کنند که هیچ تضاد منافعی ندارند.

سپاسگزاری

بدین وسیله مراتب سپاس و قدردانی خود را از تمامی افرادی که به هر نحو در فرایند شکل گیری، تدوین و انجام این پژوهش نقش داشته اند و با همراهی، حمایت و دیدگاه های ارزشمند علمی خود در پیشبرد و به ثمر رسیدن آن موثر بوده اند، اعلام می داریم.

تأمین منابع مالی

این پژوهش به صورت مستقل و با هزینه شخصی پژوهشگر انجام شده و فاقد هر گونه حمایت مالی خارجی بوده است.

فهرست منابع:

1. Rico-Medina A, Lozano-Elena F, Marqués-Bueno M, Fontanet-Manzaneque JB, Gupta A, Caño-Delgado AI. The brassinosteroid receptor BRL3 triggers acclimation to elevated temperature from phloem companion cells in Arabidopsis. Plant Physiology. 2026 Feb;200(2):kiaf548.
2. Hussain HA, Men S, Hussain S, Chen Y, Ali S, Zhang S, Zhang K, Li Y, Xu Q, Liao C, Wang L. Interactive effects of drought and heat stresses on morpho-physiological attributes, yield, nutrient uptake and oxidative status in maize hybrids. Scientific reports. 2019 Mar 7;9(1):3890.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

3. Chen S, Zhang Y, Yang Y, Ni X, Zhang K, Xu S, Li Q, Sun Y, Yang X, Yue L. CiWRKY50 Enhances Cadmium Tolerance in Chrysanthemum indicum, Correlating with Enhanced ABA-Mediated Signaling and Redox Homeostasis. Horticulturae. 2026 Feb 24;12(3):260.
4. Ahmad HM, Wang X, Ijaz M, Oranab S, Ali MA, Fiaz S. Molecular aspects of microRNAs and phytohormonal signaling in response to drought stress: A review. Current Issues in Molecular Biology. 2022 Aug 16;44(8):3695-710.
5. Afjeh SS, Ahmadi A, Mostafaie P. Effects of drought stress on sink capacity and grain-filling process in wheat: Focus on endosperm cell division characteristics. Iranian Journal of Field Crop Science. 2025 Dec 22;56(4):17-31.
6. Gotardo EV, de Oliveira EA, Passamani LZ, Dos Santos IS, de Amaral Gravina G, Santa-Catarina C, Silveira V, Oliveira AE, Cruz MA. Chemical Genetics with SP600125 Reveals That Mps1 Protein Kinase Works as a Regulatory Element in Post-embryonic Development of the Arabidopsis thaliana Root System An Insight into Plant Cell Cycle Control. ACS omega. 2025 Oct 27;10(43):51900.
7. Tan YC, Kumar AU, Wong YP, Ling AP. Bioinformatics approaches and applications in plant biotechnology. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology. 2022 Jul 15;20(1):106.
8. Ebeed HT, Ceasar SA. Genomics and bioinformatics applications in crop stress: unraveling molecular mechanisms for sustainable agriculture. South African Journal of Botany. 2024 Jul 1;170:38-47.
9. Valverde S, Vidiella B, Martínez-Redondo GI, Duran-Nebreda S, Fernández R, Bombarely A, Rojas AM, Bentley RA. Structural Changes in Gene Ontology Reveal Modular and Complex Representations of Biological Function. Molecular Biology and Evolution. 2025 Jun;42(6):msaf148.
10. Mecocci S, Capomaccio S, Porcellato I, Dell'Anno F, Ratto R, Mechelli L, De Paolis L, Fruscione F, Passeri B, Gialletti R, Pepe M. Deciphering the transcription regulation of bovine papillomavirus (BPV)-associated equine sarcoids through OMIC integrated approach.
11. Wahab A, Muhammad M, Munir A, Abdi G, Zaman W, Ayaz A, Khizar C, Reddy SP. Role of arbuscular mycorrhizal fungi in regulating growth, enhancing productivity, and potentially influencing ecosystems under abiotic and biotic stresses. Plants. 2023 Aug 29;12(17):3102.
12. Michalak A, Małas K, Dąbrowska K, Półrolniczak K, Bronowska L, Misiewicz A, Maj A, Stabrowska M, Wnuk I, Kabała K. Molecular mechanisms and experimental strategies for understanding plant drought response. Plants. 2026 Jan 4;15(1):149.
13. Etaware PM, Usama CJ, Egara OW, Ekun VS. Economic importance of wheat (L. Triticum aestivum) and current advances in wheat genome biotechnology.
14. Eurmsirilerd E, Resendiz M, Lana G, Li Q, Nawmi F, Chang R, Zhang W, Wu TX, Sun Z, Wang L, Lonardi S.

DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351 مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲

Transcription factor ZmNAC20 improves drought resistance by promoting stomatal closure and activating expression of stress-responsive genes in maize. International journal of molecular sciences. 2023 Mar 1;24(5):4712.

19. Hosseini SS, Rejali F, Keshavarz P. Comparing the Effects of Bacterial and Fungal Biofertilizers on Wheat Yield and Water Use Efficiency under Drought Stress: The Role of ACC-deaminase and Various Fungal Formulations. 2025.
20. Rani B, Jatttan M, Dhansu P, Madan S, Kumari N, Sharma KD, Parshad J, Kumar A. Mycorrhizal symbiosis improved drought resistance in wheat using physiological traits. Cereal Research Communications. 2023 Mar;51(1):115-24.

Genome Assembly of the Green Revolution Wheat Cultivar Pavon 76 Establishes a Reference for CIMMYT-Derived Wheat. bioRxiv. 2026 Jun 5:2026-06.

15. Lv L, Chen X, Li H, Huang J, Liu Y, Zhao A. Different adaptive patterns of wheat with different drought tolerance under drought stresses and rehydration revealed by integrated metabolomic and transcriptomic analysis. Frontiers in plant science. 2022 Oct 13;13:1008624.
16. Guo X, Lv L, Zhao A, Zhao W, Liu Y, Li Z, Li H, Chen X. Integrated transcriptome and metabolome analysis revealed differential drought stress response mechanisms of wheat seedlings with varying drought tolerance. BMC plant biology. 2025 May 1;25(1):571.
17. He M, Li H, Sun Z, Li X, Li Q, Cai J, Zhou Q, Zhong Y, Wang X, Jiang D. Drought priming enhances young spike development in wheat under drought stress during stem elongation. Journal of Integrative Agriculture. 2025 Feb 19. transcriptomic approaches. Frontiers in Plant Science.
18. Liu H, Song S, Liu M, Mu Y, Li Y, Xuan Y, Niu L, Zhang H, Wang W.

مقاله پژوهشی، صفحات ۱۴۷-۱۶۲
DOI :10.22034/cmr.2026.8795.3351

Investigation of the Effect of water deficit Stress and Mycorrhizal Symbiosis (*Glomus mosseae*) on the Expression of Cell Cycle Genes in the Wheat Root (*Triticum aestivum* L.) Using RNA-Seq

Fahimeh Arab Baferani[1], Alireza Iranbakhsh[1]*, Iraj Mehregan[1], Mostafa Ebadi[2], Zahra Oraghi Ardebili[3]

[1.] Department of Plant Biology, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran
[2.] Department of Plant Biology, Damghan Branch, Islamic Azad University, Damghan, Iran
[3.] Department of Plant Biology, Garmsar Branch, Islamic Azad University, Garmsar, Iran

*Corresponding Author, Alireza Iranbakhsh: iranbakhsh@iau.ac.ir

Water deficit stress is one of the most important limiting factors affecting agricultural crop production in arid and semi-arid regions worldwide. Understanding the molecular mechanisms underlying plant responses to water deficit stress can facilitate the identification of genes and biological pathways involved in stress tolerance. In the present study, RNA-Seq based transcriptomic data were used to investigate the molecular responses of wheat plants to water deficit stress and mycorrhizal symbiosis and deferentially expressed genes (DEGs) were identified and analyzed. Gene Ontology (GO) enrichment analysis revealed that several key biological processes, including the cell cycle, DNA replication and DNA damage repair, were significantly enriched under water deficit stress. These finding suggest that plants attempt to mitigate the adverse effects of stress by regulating cell division processes and activation mechanisms that maintain genome stability under stress conditions and during symbiosis.
In addition, molecular function categories such as protein binding, catalytic activity and ATP binding were significantly enriched, highlighting the important role of enzymatic regulation and protein signaling in the response to water deficit stress.Overall, the results demonstrate that the response of wheat to water deficit stress involves the coordinated regulation of pathways associated with the cell cycle, DNA replication, DNA repair and protein signaling. Identification of these genes and biological pathways provides deeper insight into the mechanisms underlying drought tolerance in wheat and offers valuable information for plant breeding programs aimed at developing stress-tolerant cultivars.

Key words: wheat (*Triticum aestivum* L.), Water deficit stress, Arbuscular mycorrhizal fungi (*Glomus mosseae*), cell cycle, Gene Expression.