

Investigation of the Expression of Genes Encoding UGP, 60s L23a and SAUR23 Proteins under Zn Deficiency Conditions in Zn-efficient and Zn-inefficient Bread Wheat cultivars

Soraya Pirmohammadi Balanji  | Babak Abdollahi Mandoulakani* 

Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, Urmia, Iran

*Corresponding author ✉: b.abdollahi@urmia.ac.ir

Article Info

Article type:
Research Article

Article history:

Received: November 8, 2025;
Received in revised form: March 28, 2026;
Accepted: April 4, 2026;
Available online: June 30, 2026

Keywords:

UTP-glucose-1-phosphate
uridylyltransferase,
Zn efficiency,
Zn deficiency,
Bread wheat,
Real time PCR

ABSTRACT

To evaluate the impact of zinc (Zn) deficiency stress on the expression of genes encoding UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase (UGP), the auxin-responsive protein SAUR23 (SAUR23), and the ribosomal protein 60sL23a (60sL23a) in Zn-efficient and -inefficient cultivars of bread wheat, a factorial experiment was conducted in a completely randomized design with three replications under greenhouse conditions. Two cultivars, Niknejad (Zn-efficient) and Farin (Zn-inefficient), were grown under Zn-deficient and Zn-sufficient conditions (0 and 5 mg Zn kg⁻¹ soil, respectively). Gene expression levels were quantified in flag leaves and roots at two growth stages (30% heading and grain filling) using real-time PCR technique. The results indicated that the greatest increase in *UGP* expression (1.2-fold relative to the control) under Zn deficiency occurred in the flag leaf of the Farin cultivar at the 30% heading stage. This upregulation is likely associated with modulation of the sucrose biosynthesis pathway and enhanced allocation of photosynthates to developing grains. Moreover, *SAUR23* expression in the flag leaf of the Niknejad cultivar increased approximately 3.5-fold compared with the control at the grain filling stage, suggesting a potential role in regulating polar auxin transport under Zn-deficient conditions. Expression of *60sL23a* was also upregulated in the roots of both cultivars under Zn deficiency at the grain filling stage; however, the magnitude of induction was significantly greater in Niknejad than in Farin. This differential expression may be linked to enhanced translational regulation and energy-related signaling pathways. Overall, the elevated expression of *SAUR23* and *60sL23a* in the Zn-efficient cultivar Niknejad suggests that Zn-efficient bread wheat genotypes may mitigate Zn deficiency stress through targeted transcriptional regulation of genes involved in hormone signaling and protein synthesis.



Cite this article: Pirmohammadi Balangi, S. and Abdollahi Mandoulakani, B. (2026). Investigation of the expression of genes encoding UGP, 60s L23a and SAUR23 proteins under Zn deficiency conditions in Zn-efficient and Zn-inefficient bread wheat cultivars. *Plant Genetic Research*, 13(1): 1–14 (In Persian).

DOI: <https://doi.org/10.22034/pgr.2026.2077113.1023>

Introduction

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important staple crops worldwide, providing nearly 20% of the total caloric and protein intake of the global population. Zinc (Zn) deficiency is a widespread micronutrient constraint in wheat production that markedly reduces plant growth, grain yield, and quality. Zinc functions as an essential structural and catalytic cofactor for numerous enzymes and plays a critical role in various biochemical and physiological processes in plants. Globally, Zn deficiency not only limits crop productivity but also adversely affects grain development and seed viability. Furthermore, inadequate consumption of Zn-deficient foods, particularly in developing countries, represents a major cause of human Zn deficiency and associated health disorders. Given the crucial roles of UTP–glucose-1-phosphate uridylyltransferase (UGP), auxin-responsive protein SAUR23 (SAUR23), and ribosomal protein 60sL23a (60sL23a) in plant growth regulation and stress responses, investigating their expression patterns in Zn-efficient and Zn-inefficient wheat cultivars may contribute to improving Zn efficiency in wheat breeding programs. Therefore, the present study aimed to evaluate the expression levels of *UGP*, *60sL23a*, and *SAUR23* genes in roots and flag leaves of two bread wheat cultivars, Niknejad (Zn-efficient) and Farin (Zn-inefficient), at two growth stages (30% heading and grain filling) under zinc deficiency conditions.

Materials and Methods

The experiment was conducted in a greenhouse at the Faculty of Agriculture, Urmia University, using a factorial arrangement based on a completely randomized design with three replications. Two bread wheat cultivars, Niknejad (Zn-efficient) and Farin (Zn-inefficient), were grown under two soil Zn levels (0 and 5 mg Zn kg⁻¹ soil). Root and flag leaf samples were collected at two growth stages: 30% heading and grain filling. Total RNA was extracted, and gene expression analysis of *UGP*, *60sL23a*, and *SAUR23* was performed using quantitative Real time PCR (qRT-PCR). Relative expression levels were determined in both organs under zinc deficiency conditions.

Results and Discussion

Analysis of variance (ANOVA) revealed that the three-way interaction effect of cultivar × organ × sampling stage was significant for *SAUR23* and *60sL23a* gene expression. In contrast, for the *UGP* gene, the two-way interactions of cultivar × sampling stage and cultivar × organ were significant at the 1% probability level. Mean comparisons showed that under zinc deficiency conditions, *SAUR23* expression in the flag leaf of the Zn-efficient cultivar (Niknejad) at the grain filling stage was significantly higher than that in the Zn-inefficient cultivar (Farin) at the same stage. However, no significant difference was observed between the roots of the two cultivars at the 30% heading stage. The highest increase in *UGP* expression under Zn deficiency was detected in the flag leaf of the Zn-inefficient cultivar (Farin) at the 30% heading stage. Regarding *60sL23a*, its expression under zinc deficiency was significantly higher in the roots of the Zn-efficient cultivar (Niknejad) at the grain filling stage and in the flag leaf of the same cultivar at the 30% heading stage compared with the Zn-inefficient cultivar. Conversely, at the grain filling stage, *60sL23a* expression in the flag leaf of the Zn-inefficient cultivar (Farin) exceeded that of the Zn-efficient cultivar.

Conclusion

The findings demonstrated that under zinc deficiency conditions, *SAUR23* and *UGP* genes were upregulated in the flag leaf of the Zn-efficient cultivar. Moreover, the relative expression of *60sL23a* was significantly higher in the roots of the Zn-efficient cultivar at the grain filling stage and in the flag leaf at the 30% heading stage compared with the Zn-inefficient cultivar. These results suggest that differential regulation of these genes may contribute to Zn efficiency

in wheat and could serve as potential molecular indicators in breeding programs aimed at improving Zn-deficiency tolerance.

Author Contributions

S. Pirmohammadi Balanji conducted the experiment, collected the samples, analyzed the data, and drafted the manuscript. B. Abdollahi Mandoulakani designed the experiment, supervised the research, and critically revised and edited the manuscript. Both authors read and approved the final version of the manuscript.

Data Availability Statement

The datasets generated and analyzed during the current study are available from the corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgements

The authors gratefully acknowledge the Department of Plant Production and Genetics, Faculty of Agriculture, Urmia University, for providing the facilities and resources necessary to conduct this research.

Ethical Considerations

This study did not involve human participants or experimental animals. All plant materials used in this study were obtained in accordance with relevant institutional guidelines and regulation.

Funding

This research received no specific funding from any public, commercial, or not-for-profit funding agency.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.



ارزیابی بیان ژن‌های کدکننده پروتئین‌های UGP، 60sL23a و SAUR23 تحت شرایط کمبود روی در

ارقام روی-کارا و روی-ناکارا گندم نان

ثریا پیرمحمدی بالانجی^{ID} | بابک عبدالحی مندولکانی^{ID} *

گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

اطلاعات مقاله

چکیده

نوع مقاله:

مقاله پژوهشی

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۸/۱۷

تاریخ بازنگری: ۱۴۰۵/۰۱/۰۸

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۵/۰۱/۱۵

تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۴/۰۹

واژگان کلیدی:

آنزیم UTP گلوکز-۱-

فسفات یوریدیل ترانسفراز،

روی-کارایی،

کمبود روی،

گندم نان،

Real time PCR

به منظور مطالعه اثر تنش کمبود روی بر بیان ژن‌های کدکننده آنزیم UTP گلوکز-۱- فسفات یوریدیل ترانسفراز (UGP)، پروتئین پاسخ‌دهنده به اکسین SAUR23 و پروتئین ریپوزومی 60sL23a در ارقام روی-کارا و روی-ناکارا گندم نان، آزمایشی به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار در گلخانه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه اجرا شد. ارقام نیک‌نژاد (روی-کارا) و فرین (روی-ناکارا) در شرایط کمبود و کفایت روی (به ترتیب ۰ و ۵ میلی گرم روی در کیلوگرم خاک) کشت و بیان ژن‌ها در برگ پرچم و ریشه ارقام در دو مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی و پر شدن دانه با روش Real time PCR اندازه‌گیری شد. نتایج نشان داد بیشترین افزایش بیان ژن UGP (۱/۲ برابر کنترل) در شرایط کمبود روی در برگ پرچم رقم فرین در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی مشاهده شد که احتمالاً با تنظیم مسیر سنتز ساکارز و تامین مواد فتوسنتزی برای دانه مرتبط است. همچنین بیان ژن SAUR23 در برگ پرچم رقم نیک‌نژاد در مرحله پر شدن دانه حدود ۳/۵ برابر کنترل افزایش یافت. افزایش بیان این ژن احتمالاً در تنظیم انتقال قطبی اکسین نقش دارد. بیان ژن 60sL23a در شرایط کمبود روی در ریشه هر دو رقم نیک‌نژاد و فرین در مرحله پر شدن دانه افزایش یافت، ولی این افزایش بیان در رقم نیک‌نژاد به طور معنی‌داری بیشتر از رقم فرین بود که احتمالاً با تنظیم ترجمه و مسیرهای پیام‌رسانی انرژی مرتبط است. به طور کلی، افزایش بیان ژن‌های SAUR23 و 60sL23a در رقم روی‌کارای نیک‌نژاد نشان می‌دهد که ژنوتیپ‌های روی‌کارای گندم نان احتمالاً از طریق تنظیم هماهنگ رونویسی ژن‌های مرتبط با پیام‌رسانی هورمونی و دستگاه ترجمه، با تنش کمبود روی سازگار می‌شوند.



مقدمه

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از سه غله اصلی، در بیش از ۲۴۰ میلیون هکتار از اراضی جهان کشت و کار می‌شود (Jasemi *et al.*, 2019) و ۲۵ درصد کالری رژیم غذایی انسان در سرتاسر جهان و ۶۰ درصد در کشورهای آسیای مرکزی و غربی را تامین می‌کند (Roy *et al.*, 2022). با این حال، تولید پایدار گندم به شدت تحت تأثیر تنش‌های محیطی قرار دارد و در کنار افزایش قیمت جهانی غلات، امنیت غذایی را در کشورهای که وارد کننده‌ی گندم هستند، در معرض خطر قرار می‌دهد (González-Esteban, 2018). بیشتر محصولات کشت شده در شرایط مزرعه‌ای، در معرض تنش‌های محیطی مختلفی از جمله تنش کمبود عناصر کم‌مصرف قرار دارند که از تأثیرگذارترین و مهم‌ترین عوامل کاهش‌دهنده و محدودکننده رشد، عملکرد و کیفیت محصولات کشاورزی در کل جهان می‌باشند (Ranhbar *et al.*, 2023; Nakabayashi and Saito, 2015).

عنصر روی از جمله عناصر ضروری کم‌مصرف با ارزش تغذیه‌ای بسیار بالا می‌باشد که برای رشد گیاهان و انسان ضروری است (Salehi *et al.*, 2021). در گیاهان، روی نقش کلیدی در متابولیسم گیاه دارد به طوری که، فعالیت آنزیم‌های مختلفی را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Maret, 2013). علاوه بر این، عنصر روی سبب تنظیم بیان ژن‌ها، بهبود متابولیسم نیتروژن، سنتز کلروفیل، سنتز پروتئین‌ها و افزایش تحمل به تنش در گیاه می‌شود و از این طریق رشد گیاه را در شرایط تنش بهبود می‌بخشد (Hassan *et al.*, 2021). در مقابل، کمبود این عنصر باعث کاهش تنفس سلولی، بیوستز هورمون‌های گیاهی و مسیرهای پیام‌رسانی سلولی می‌شود که منجر به مهار شدید رشد و در نهایت کاهش محصول می‌گردد. همچنین، کمبود این عنصر تشکیل دانه و قدرت حیات گیاهان را نیز کاهش می‌دهد (Krishna *et al.*, 2017). علاوه بر این در انسان، روی بر جنبه‌های مختلف سیستم ایمنی تأثیر می‌گذارد و برای عملکرد صحیح و بهینه سلول‌هایی که ایمنی ذاتی دارند، ضروری است (Hassan *et al.*, 2021).

راهکارهای متعددی برای کاهش اثرات کمبود عنصر روی در خاک پیشنهاد شده است. از جمله این راهکارها می‌توان به کاربرد خاکی و محلول‌پاشی کود روی، بازیافت بقایای گیاهی

و کودهای آلی طبیعی اشاره کرد (Hafeez *et al.*, 2013). با این وجود، این راهکارها در بسیاری از موارد کارایی محدودی دارند، به خصوص در خاک‌هایی که میزان عنصر روی آنها کمتر از ۰/۵ میلی گرم در کیلوگرم باشد (Broadley *et al.*, 2007). در این شرایط، استفاده از ارقامی که کارایی بالایی در جذب و مصرف عنصر روی دارند (ارقام روی-کارا)، به عنوان یک راهکار مطلوب و پایدار مطرح شده است، زیرا این نوع گیاهان قادرند حتی در شرایط کمبود روی، رشد و عملکرد بالایی نشان دهند؛ بنابراین، شناسایی، توسعه و کشت ارقام روی-کارا می‌تواند راهکاری برای مدیریت تنش کمبود روی در خاک‌های دارای کمبود روی باشد تا از کاهش عملکرد و کیفیت محصولات جلوگیری کند (Krishna *et al.*, 2017).

گیاهان برای سازگاری با تنش‌های محیطی، راهبردهای گوناگونی را توسعه داده‌اند که اساس آن‌ها بر پایه تنظیم دقیق بیان ژن‌ها و در نهایت تغییر در سطح پروتئین‌ها استوار است (Fakih *et al.*, 2023). با توجه به اینکه کمبود روی می‌تواند بر فعالیت بسیاری از پروتئین‌ها و آنزیم‌های درگیر در فرآیندهای سلولی تأثیر بگذارد، مطالعه و بررسی تغییرات بیان ژن‌های مرتبط با مسیرهای بیوستزی (*UGP*)، پاسخ دهنده به اکسین (*SAUR23*) و ترجمه پروتئین (*60sL23a*) در شرایط کمبود روی اهمیت بسیار زیادی دارد. در این راستا، ژن *UGP* در فرآیندهای سلولی متعددی همچون متابولیسم کربوهیدرات‌ها، بیوستز دیواره سلولی و گلیکوزیلاسیون پروتئین‌ها شرکت می‌کند. در پژوهشی که توسط شکوری و همکاران (Shakouri *et al.*, 2022) در شرایط کمبود روی در ارقام روی-کارا و روی-ناکارا انجام گرفت، بیان ژن کدکننده *UGP* در هر دو رقم روی-کارا و روی-ناکارا به شدت افزایش یافت. ژن‌های *SAUR* بزرگترین خانواده از ژن‌های پاسخ‌دهنده زود هنگام به اکسین هستند که توسط مسیرهای هورمونی مختلف و عوامل رونویسی تنظیم می‌شوند (Stortenbeker and Bemer, 2019). تحقیقات نشان داده‌اند که تنش‌های خارجی می‌تواند با تأثیر بر بیان ژن‌های انتقال‌دهنده اکسین بر توزیع اکسین تأثیر بگذارند (Yu *et al.*, 2015). علاوه بر این، نتایج تحقیقات چنگ و همکاران (Cheng *et al.*, 2019) در مطالعه‌ی پروتئوم گیاه سیب‌زمینی در شرایط کمبود روی نشان داد که بیان پروتئین‌های وابسته به مسیر بیوستز اکسین در سیب‌زمینی

۵ میلی گرم در کیلوگرم خاک اضافه شد. به منظور کشت ارقام درون لوله‌های پلی اتیلن به ارتفاع ۳۴ سانتی متر و قطر ۱۱ سانتی متر، ۴ کیلوگرم خاک ریخته شد. درون هر گلدان ده عدد بذر پس از ضدعفونی با الکل ۷۰ درصد و آب اکسیژنه یک درصد کشت شد. در طول فصل رشد، آبیاری با استفاده از آب دوبار تقطیر در حد ظرفیت زراعی انجام شد. همچنین، جهت تأمین نیتروژن مورد نیاز گیاهان، محلول نیترات آمونیوم به همراه آب آبیاری هر دو هفته یکبار به محیط کشت گیاهان افزوده شد. جهت مطالعه بیان ژن، نمونه برداری در دو مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی و مرحله پر شدن دانه از ریشه و برگ پرچم گیاهان انجام شد و نمونه‌ها بلافاصله در ازلت مایع فریز و سپس به یخچال با دمای ۸۰- درجه سانتی گراد منتقل شدند.

استخراج RNA و سنتز cDNA: استخراج RNA از ریشه و برگ نمونه‌های گیاهی با استفاده از محلول استخراج RNX-plus (سیناکلون، ایران) مطابق با شیوه‌نامه شرکت سازنده، با کمی تغییرات انجام شد. برای تعیین کیفیت و کمیت RNA استخراجی از روش الکتروفورز ژل آگارز یک درصد و دستگاه نانودراپ (Thermo Fisher scientific، آمریکا) استفاده شد. جهت سنتز cDNA از کیت First Strand cDNA Synthesis (سیناکلون، ایران) مطابق شیوه‌نامه پیشنهادی شرکت سازنده استفاده شد. همچنین، قبل از سنتز cDNA، تیمار DNase (براساس شیوه‌نامه شرکت سازنده کیت سنتز cDNA) به منظور حذف آلودگی DNA ژنومی انجام گرفت. جهت اطمینان از عدم وجود آلودگی DNA ژنومی و اجزای واکنش و صحت سنتز cDNA، از واکنش‌های کنترل RT (عدم استفاده از آنزیم Reverse transcriptase) و NTC (عدم استفاده از RNA) و همچنین از واکنش کنترل مثبت مطابق شیوه‌نامه کیت سنتز cDNA استفاده شد.

طراحی آغازگر و واکنش Real time PCR: به منظور بررسی میزان بیان ژن‌های *UGP*، *60sL23a* و *SAUR23*، توالی ناحیه کدکننده آن‌ها از بانک اطلاعاتی GenBank استخراج و آغازگرهای اختصاصی (جدول ۳) با استفاده از نرم‌افزارهای Fast PCR و Gene Runner طراحی شدند.

افزایش یافت. پروتئین ریپوزومی *60sL23a* همانند سایر پروتئین‌های ریپوزومی، در ترجمه و پردازش دخیل است (An *et al.*, 2018). مطالعاتی که با استفاده از روش RT-PCR توسط مک‌اینتاش و بونهام اسمیت (McIntosh and Bonham, 2005) در گیاه *آرابیدوپسیس تالیانا* انجام یافت، نشان داد که پروتئین ریپوزومی *60sL23a* در بافت‌های دارای فعالیت میتوزی بالا همانند ریشه‌ها، جوانه‌ها، گل‌ها و ساقه‌ها بیشترین بیان را دارد و در برگ‌های بالغ و براکت‌ها کمترین بیان را نشان می‌دهد. بنابراین، باتوجه به نقش این ژن‌ها در شرایط تنش و اینکه تاکنون بیان ژن‌های *UGP*، *SAUR23* و *60sL23a* در گندم نان تحت شرایط کمبود روی مطالعه نشده‌اند، پژوهش حاضر با هدف بررسی بیان این ژن‌ها در ریشه و برگ پرچم ارقام روی-کارا و روی-ناکارا گندم نان در مراحل ۳۰ درصد سنبله‌دهی و پر شدن دانه، در شرایط کمبود روی انجام گرفت.

مواد و روش‌ها

کشت گیاهان و اعمال تنش: این پژوهش در پاییز و زمستان ۱۴۰۳ در گلخانه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با سه تکرار اجرا شد. ارقام نیک‌نژاد (روی-کارا) و فرین (روی-ناکارا) در دو سطح کمبود و کفایت روی خاک (صفر و پنج میلی گرم روی در کیلوگرم خاک) کشت و نمونه برداری از ریشه و برگ پرچم در دو مرحله (۳۰ درصد سنبله‌دهی و پر شدن دانه) انجام شد. خاک مورد استفاده برای کشت گیاهان، از منطقه انزل ارومیه (قالقاجی) با مقدار روی بسیار کم، بعد از غربال با الک دو میلی متری، ۸ بار با آب معمولی شسته شده و سپس سه بار با آب دوبار تقطیر شده آبکشی گردید تا غلظت عناصر غذایی به خصوص میزان روی خاک به حداقل خود برسد، شرایط یکنواخت سازی شود و صرفاً یک بستر کشت تأمین شود تا مواد غذایی مورد نیاز به صورت کنترل شده و هدفمند اضافه گردد. قبل از کشت، آزمون تجزیه خاک جهت اطمینان از فقر روی انجام گرفت (جدول ۱). سپس مواد غذایی مورد نیاز به صورت محلول تهیه شده و با خاک مورد استفاده کاملاً مخلوط شد (جدول ۲). علاوه بر مواد غذایی اضافه شده، به نصف گلدان‌ها عنصر روی به صورت $ZnSO_4 \cdot 7H_2O$ به میزان

جدول ۱- مشخصات فیزیکی و شیمیایی بستر شنی مورد استفاده در تحقیق

Table 1. Physiochemical properties of the soil used in this study

شوری	آهک	ماده آلی	نیتروژن	روی	فسفر	سیلیت	پتاسیم	رس	شن
Ec	T.n.v	OC	N	Zn	P	Silt	K	Clay	Sand
0.9	1.5	0.45	0.04	0.062	n.d	2	n.d	4	94

n.d شناسایی نشده است

nd: Not Detected

جدول ۲- ترکیب محلول غذایی مورد استفاده در تحقیق

Table 2. Composition of the nutrient solution used in the study

مقدار محلول غذایی	غلظت محلول غذایی	مواد مورد استفاده
Amount (ml. kg ⁻¹)	Concentration (gr. L ⁻¹)	Ingredients
2	7.5 / 0.083 / 1.05 / 0.333	MnSO ₄ .H ₂ O / Na ₂ MoO ₄ .2H ₂ O / CuSO ₄ .5H ₂ O / H ₃ BO ₃
1	147.016 / 20.5 / 93	CaCl ₂ .2H ₂ O / MgSO ₄ .7H ₂ O / NH ₄ NO ₃
3	48.407 / 30.242	K ₂ SO ₄ / KH ₂ PO ₄
2	41.66	Fe – EDTA
1.67	13.14	ZnSO ₄ .7H ₂ O

جدول ۳- خصوصیات آغازگرهای طراحی شده برای واکنش‌های Real Time PCR

Table 3. Characteristics of the primers used in real time PCR reactions

ژن	شماره دسترسی	توالی آغازگر (5'-3')	دمای اتصال (سانتی گراد)	طول محصول (جفت‌باز)
Gene	Accession number	Primer sequence (5'-3')	Annealing temperature (°C)	Amplicon length (bp)
<i>Actin3</i>	TC234027	F:GACGCACAACAGGTATCGTGTTG R:CAGCGAGGTCAAGACGAAGGATG	60	107
<i>SAUR23</i>	XM_044545646	F: ATGATTGTTGGCCGTCGTAA R:CGATAGTAGGAGGATGCAAGCC	64	103
<i>UGP</i>	XM_044526620	F: AGATCTCGACGCCATGAAGG R:CCATTGCGAACTTCAATGACGGA	64	117
<i>60sL23a</i>	XM_044477356	F: ATAAAGGCCTGGCTCGCGTG R: GGGAGCCATTGAGCTTCTCAG	64	114

ژن (جدول ۳) به مدت ۳۰ ثانیه و مرحله بسط در دمای ۷۲ درجه سانتی گراد به مدت ۴۰ ثانیه انجام گرفت. بعد از اتمام واکنش، منحنی ذوب برای هر کدام از ژن‌ها رسم و صحت تکثیر محصول مربوط به هر ژن با استفاده از منحنی ذوب همان ژن تأیید شد. بعد از محاسبه حد آستانه با استفاده از نرم‌افزار Rotor- Gene Q، مقدار بیان نسبی ژن‌های موردنظر در گیاهان تیمار شده نسبت به کنترل با استفاده از روش ۲^{-ΔΔCT} (Livak and Schittgen, 2001) محاسبه گردید. به منظور بررسی نرمال بودن داده‌ها و اشتباهات آزمایشی از روش کلموگراف-اسمیرنوف در نرم‌افزار MINITAB (نسخه ۱۹) استفاده شد. برای انجام تجزیه واریانس و مقایسه میانگین‌ها به روش دانکن در سطح احتمال ۰/۰۱ از نرم‌افزار SAS (نسخه ۹/۴) استفاده شد.

واکنش‌های Real time PCR با در نظر گرفتن سه تکرار زیستی و سه تکرار تکنیکی در حجم ۱۲/۵ میکرولیتر طبق شیوه‌نامه کیت SinaSYBR Green qPCR MasterMix (2x) (سیناکلون، ایران) در دستگاه Rotor gene Q-Pure Detection-Qiagen مدل ۶۰۰۰ (کیاژن، آمریکا) انجام گرفت. در این فرآیند از ژن اکتین به عنوان ژن مرجع در واکنش‌های Real time PCR استفاده شد (Asadzadeh and Abdollahi Mandoulakani, 2024). الگوی دمایی واکنش‌ها بر اساس اندازه محصول و دمای اتصال آغازگرها به صورت فعال‌سازی ابتدایی آنزیم در دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۵ دقیقه (یک چرخه) و سپس ۴۰ چرخه شامل ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۵ ثانیه جهت واسرشته‌سازی cDNA، اتصال آغازگرها در دمای ویژه هر

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس (جدول ۴) بیان ژن‌های کدکننده UGP، SAUR23 و 60sL23a تحت شرایط کمبود روی در گندم نان نشان داد که اثر متقابل سه‌گانه رقم × اندام × مرحله نمونه‌برداری برای ژن‌های SAUR23 و 60sL23a و اثر متقابل دوگانه رقم × مرحله نمونه‌برداری و رقم × اندام برای ژن UGP در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار شد.

بیان ژن UGP: مقایسه میانگین اثر متقابل رقم × مرحله نمونه‌برداری بر بیان ژن UGP نشان داد که بیشترین افزایش بیان این ژن در شرایط کمبود روی، در رقم روی-ناکارا فرین و در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی مشاهده شد (۱/۲ برابر کنترل). همچنین، در مرحله پر شدن دانه میزان بیان این ژن در هر دو رقم کاهش یافت (شکل ۱). علاوه بر این، نتایج مربوط به اثر متقابل رقم × اندام نشان داد که بیشترین افزایش بیان ژن UGP در شرایط کمبود روی در رقم روی-ناکارا فرین در

برگ‌پرچم مشاهده شد. در مقابل، میزان بیان این ژن در ریشه در هر دو رقم روی-کارا و روی-ناکارا کاهش یافت (شکل‌های ۱ و ۲).

نقش ژن UGP در پاسخ گیاهان به تنش‌های محیطی توسط گوارینو و همکاران (Guarino et al., 2014) گزارش شده است. در مطالعه‌ای که توسط شکوری و همکاران (Shakouri et al., 2022) در شرایط کمبود روی در ارقام روی-کارا و روی-ناکارا انجام شد، بیان ژن UGP در هر دو رقم به‌طور معنی‌داری افزایش یافت. در مطالعه‌ای دیگر که توسط چیرسکو و همکاران (Ciereszko et al., 2001) در آرابیدوپسیس *تالیانا* در شرایط کمبود فسفر صورت گرفت، بیان نسبی ژن UGP در ریشه و برگ افزایش یافت ولی در ساقه و گل تغییری نکرد. در مطالعه حاضر، در شرایط کمبود روی در برگ‌پرچم رقم روی-ناکارا فرین در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی، میزان بیان این ژن افزایش یافت.

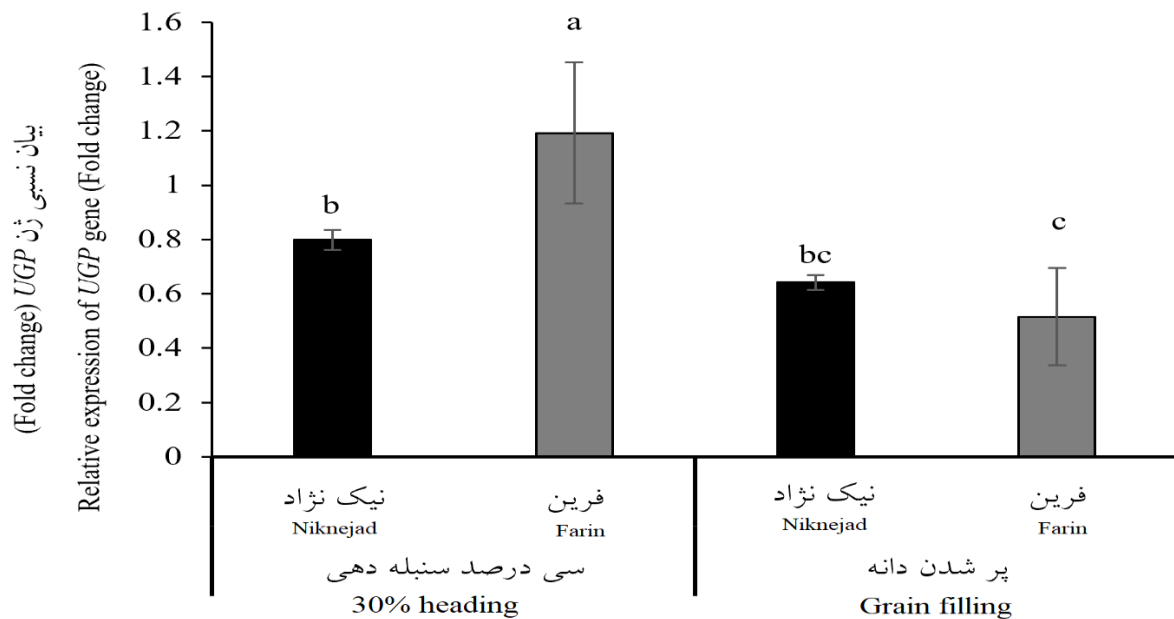
جدول ۴- تجزیه واریانس بیان نسبی ژن‌های UGP، SAUR23 و 60sL23a تحت شرایط تنش کمبود روی در ارقام روی-کارا و روی-ناکارا گندم نان

Table 4. Analysis of Variance (ANOVA) for the Relative Expression of SAUR23, UGP, and 60sL23a Genes under Zinc Deficiency in Zn-Efficient and Zn-Inefficient Bread Wheat Cultivars

منابع تغییرات Source of variations	درجه آزادی Degree of freedom	میانگین مربعات Mean squares		
		SAUR23	UGP	60sL23a
رقم Cultivar	1	2.2184**	0.0708*	0.0021 ^{ns}
اندام Organ	1	2.0625**	0.5500**	1.9034**
مرحله نمونه‌برداری Sampling stage	1	0.4005*	0.6924**	7.6704**
رقم × اندام Cultivar × Organ	1	0.8533**	0.5605**	0.9199*
رقم × مرحله نمونه‌برداری Cultivar × Sampling stage	1	4.8703**	0.2706**	0.1125 ^{ns}
اندام × مرحله نمونه‌برداری Organ × sampling stage	1	1.1949**	0.0088 ^{ns}	0.6310**
رقم × اندام × مرحله نمونه‌برداری Cultivar × organ × sampling stage	1	2.6976**	0.0235 ^{ns}	4.2925**
خطا Error	16	0.0398	0.0099	0.1269
ضریب تغییرات (درصد) Coefficient of variation (%)		21.37	12.69	23

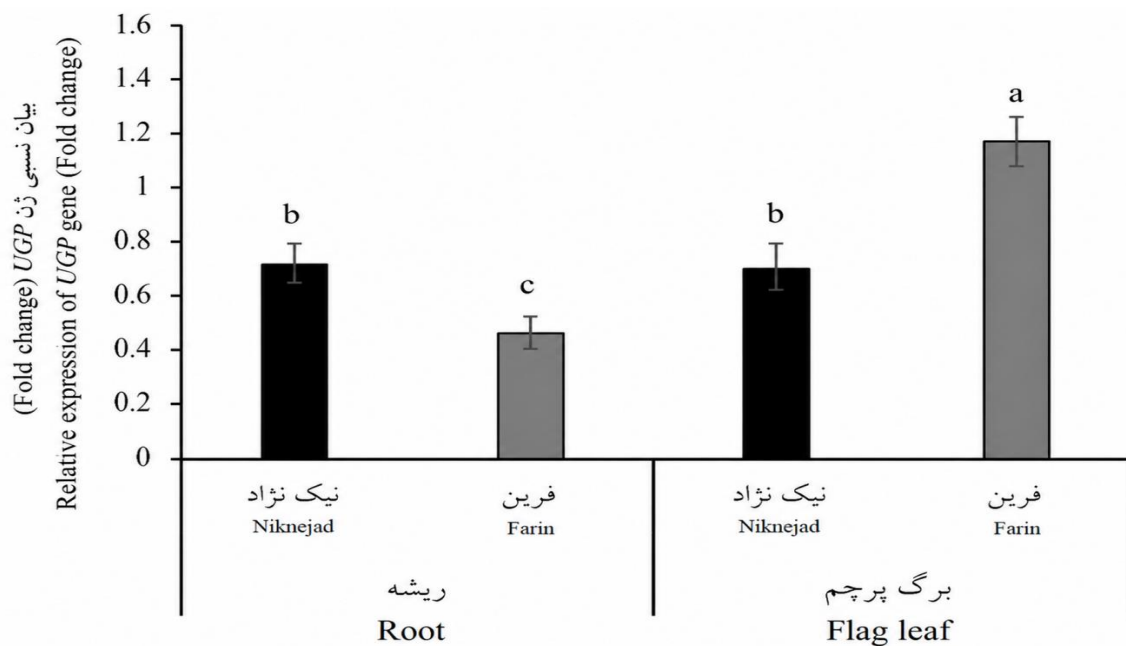
*, * و ^{ns}: به ترتیب معنی‌دار در سطح احتمال یک درصد و پنج درصد و غیرمعنی‌دار از نظر آماری را نشان می‌دهند.

**, * and ^{ns}: Indicate significant at 0.01 and 0.05 probability levels and nonsignificant, respectively.



شکل ۱- مقایسه میانگین اثر متقابل رقم × مرحله نمونه‌برداری بر بیان ژن *UGP* در ارقام روی-کارا (نیک‌نژاد) و روی-ناکارا (فرین) گندم نان. ستون‌هایی که دارای حروف مشترک هستند بر اساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد ندارند (میله‌ها نشان دهنده خطای استاندارد هستند)

Figure 1. Mean comparison of the interaction effect of cultivar × sampling stage on the expression of *UGP* gene in Zn-efficient (Niknejad) and Zn-inefficient (Farin) bread wheat cultivars. Means follow with the same letter are not significantly different at the 1% probability level, according to Duncan's multiple range test. Error bars represent the standard error of the mean.



شکل ۲- مقایسه میانگین اثر متقابل رقم × اندام بر بیان ژن *UGP* در ارقام روی-کارا (نیک‌نژاد) و روی-ناکارا (فرین) گندم نان. ستون‌هایی که دارای حروف مشترک هستند بر اساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد ندارند (میله‌ها نشان دهنده خطای استاندارد هستند)

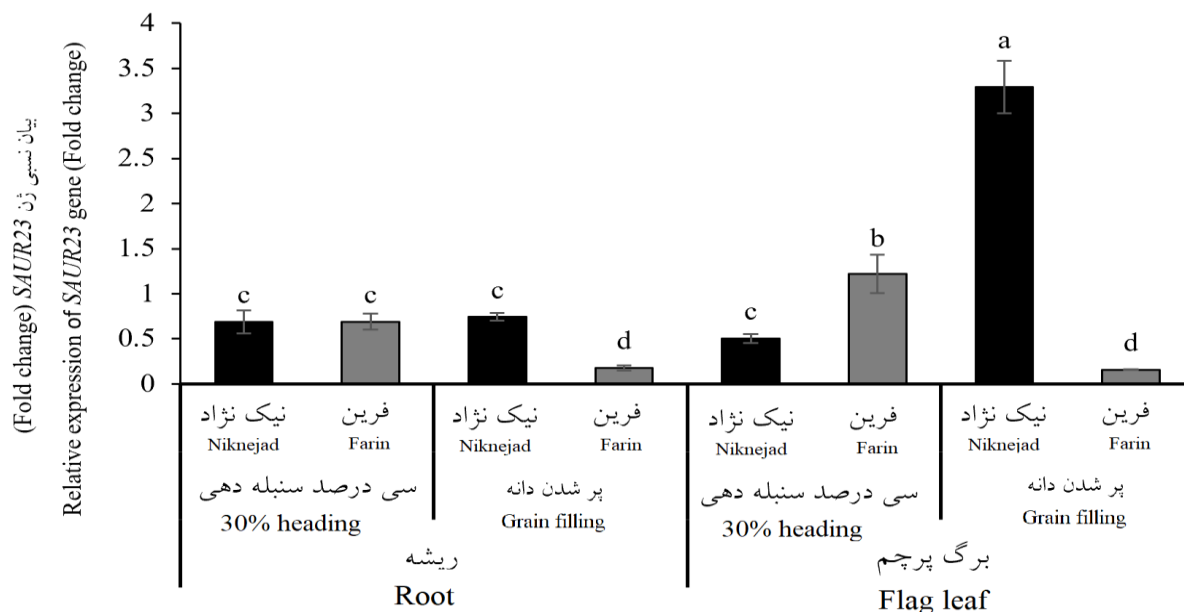
Figure 2. Mean comparison of the interaction effect of cultivar × organ on the expression of *UGP* gene in Zn-efficient (Niknejad) and Zn-inefficient (Farin) bread wheat cultivars. Means follow with the same letter are not significantly different at the 1% probability level, according to Duncan's multiple range test. Error bars represent the standard error of the mean.

برگ‌پرچم در گندم مهم‌ترین منبع فتوسنتزی بوده و بیش از ۵۰ درصد کربوهیدرات مورد نیاز دانه را تأمین می‌کند (Yang et al., 2016). در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی، گیاه شروع به انتقال شدید کربوهیدرات از برگ‌پرچم به دانه می‌کند، از این رو، افزایش بیان ژن *UGP* در این مرحله احتمالاً با تنظیم مسیر بیوسنتز ساکارز و متابولیسم کربوهیدرات سبب تغذیه کافی دانه می‌شود. افزایش بیان این ژن در رقم روی-ناکارا ممکن است به دلیل آن باشد که گیاه برای آن که خود را با شرایط تنشی که در معرض آن قرار دارد سازگار کند. گیاه با افزایش بیان بیش از حد *UGP* و رسوب بیشتر کالوز و سنتز پلی‌ساکاریدهای دیواره سعی می‌کند جریان قند را تنظیم کند که پاسخ جبرانی اما ناکارآمد است. چون گیاه نمی‌تواند منابع را به شکل هدفمندی به مسیرهای کارآمد انتقال دهد. این موضوع نه تنها کمبود روی را جبران نمی‌کند بلکه ممکن است حتی انتقال قند و رشد دانه را نیز محدود کند. همچنین در این مطالعه در مرحله پر شدن دانه میزان بیان ژن *UGP* در ریشه هر دو رقم کاهش یافت، اما در رقم فرین این کاهش بیشتر بود. با توجه به اهمیت انتقال قندها از آندوسپرم به سلول‌های ذخیره‌کننده در مرحله پر شدن دانه، کاهش کمتر بیان نسبی این ژن در رقم روی-کارا، نشان‌دهنده نقش کلیدی آن در تنظیم انتقال قند به دانه است.

بیان ژن SAUR23: نتایج نشان داد که میزان بیان نسبی ژن *SAUR23* در رقم روی-کارا (نیک‌نژاد) در مرحله پر شدن دانه در برگ پرچم ۳/۵ برابر نمونه کنترل بود. همچنین، در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی، میزان بیان این ژن در برگ‌پرچم رقم فرین نسبت به رقم نیک‌نژاد افزایش جزئی نشان داد (حدوداً ۱/۲ برابر کنترل). علاوه بر این، بیان ژن *SAUR23* در ارقام روی-کارا و روی-ناکارا در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی در ریشه تفاوت معنی‌داری نشان نداد (شکل ۳). ژن *SAUR23* متعلق به خانواده ژن‌های *SAUR* (RNAهای کوچک افزایش یافته پاسخ‌دهنده زود هنگام به اکسین) است که در تنظیم و توسعه اندام‌های گیاهی نقش دارد. مطالعات پیشین نقش مسیر اکسین را در پاسخ به

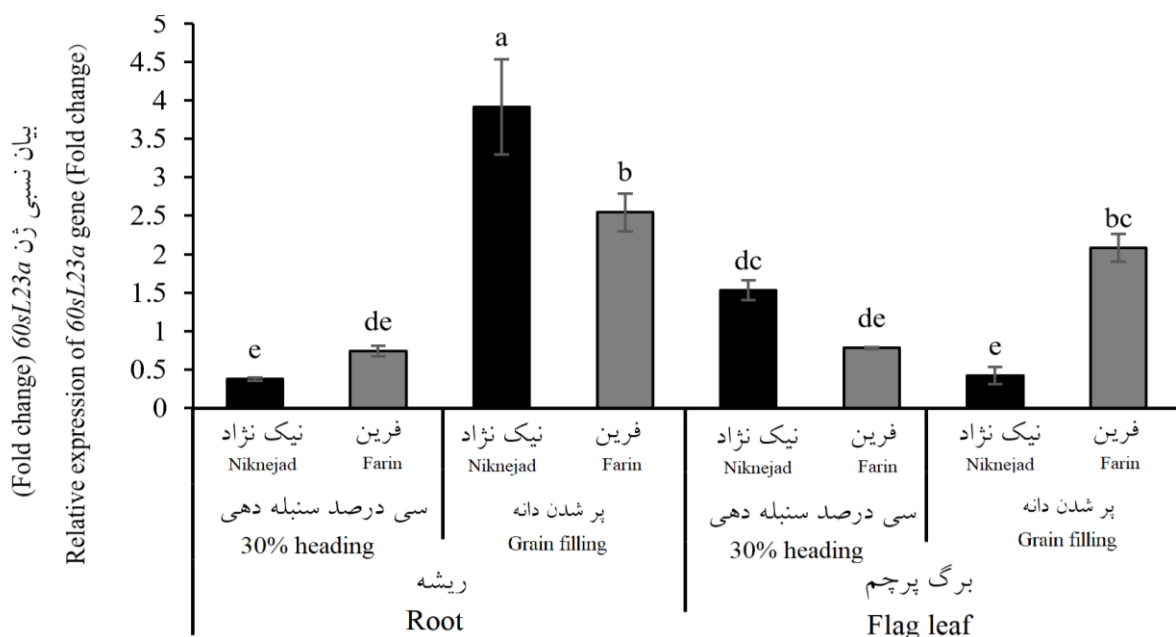
کمبود روی تأیید کرده‌اند، به‌طوری که، در مطالعه ژنگ و همکاران (Zeng et al., 2019) که به بررسی ترنسکریپتوم ریشه و برگ گیاه سویا پرداخته بود نشان داد که ژن‌های وابسته به مسیر اکسین در شرایط کمبود روی افزایش بیان نشان دادند. طبق مطالعه‌ی دیگری که در شرایط تنش شوری توسط ژوو و همکاران (Zhu et al., 2024) انجام یافت، نتایج نشان دهنده دخالت قوی این ژن‌ها در سازگاری گیاه با تنش بود و میزان بیان این ژن‌ها در برگ‌های *Santalum album* به‌طور قابل‌توجهی بالاتر از سایر بخش‌های گیاه بود. در پژوهش حاضر، افزایش بیان ژن *SAUR23* در برگ‌پرچم رقم نیک‌نژاد طی مرحله پر شدن دانه مشاهده گردید، این یافته با نقش گزارش‌شده اکسین‌ها در تحریک رشد و نمو اندام‌های رویشی هم‌راستا است (Emenecker and Strader, 2020). از دیدگاه فیزیولوژیک، اکسین‌ها از طریق تنظیم طویل شدن سلولی و توسعه سیستم ریشه‌ای و برگ‌ی، می‌تواند کارایی جذب عناصر غذایی از جمله روی را بهبود بخشند؛ بنابراین، افزایش بیان ژن‌های وابسته به مسیر اکسین در شرایط کمبود روی ممکن است به تنظیم انتقال قطبی اکسین و بازآرایی رشد ریشه منجر شود. به‌طور کلی نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که ژن *SAUR23* به‌عنوان یکی از ژن‌های کلیدی مسیر اکسین، می‌تواند در پاسخ به تنش کمبود روی به‌ویژه در ارقام روی-کارا نقش مهمی ایفا کند.

بیان ژن 60sL23a: میزان بیان نسبی ژن *60sL23a* در شرایط کمبود روی در ریشه رقم روی-کارا نیک‌نژاد در مرحله پر شدن دانه ۴ برابر نمونه کنترل افزایش یافت. همچنین بیان این ژن در مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی در برگ‌پرچم همین رقم تقریباً ۱/۵ برابر بیان در نمونه کنترل افزایش یافت، اما در مرحله پر شدن دانه در برگ پرچم، میزان بیان این ژن در رقم روی-ناکارا فرین نسبت به رقم روی-کارا نیک‌نژاد بیشتر افزایش یافته است (شکل ۴). مطالعات پیشین نیز نقش پروتئین‌های ریبوزومی را در پاسخ به تنش‌های محیطی تأیید کرده‌اند.



شکل ۳- مقایسه میانگین اثر متقابل رقم × اندام × مرحله نمونه‌برداری بر بیان ژن *SAUR23* در ارقام روی-کارا (نیک‌نژاد) و روی-ناکارا (فرین) گندم نان. ستون‌هایی که دارای حروف مشترک هستند بر اساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد ندارند (میله‌ها نشان دهنده خطای استاندارد هستند)

Figure 3. Mean comparison of the interaction effect of cultivar × organ × sampling stage on the expression of *SAUR23* gene in Zn-efficient (Niknejad) and Zn-inefficient (Farin) bread wheat cultivars. Means follow with the same letter are not significantly different at the 1% probability level, according to Duncan's multiple range test. Error bars represent the standard error of the mean.



شکل ۴- مقایسه میانگین اثر متقابل رقم × اندام × مرحله نمونه‌برداری بر بیان ژن *60sL23a* در ارقام روی-کارا (نیک‌نژاد) و روی-ناکارا (فرین) گندم نان. ستون‌هایی که دارای حروف مشترک هستند بر اساس آزمون چند دامنه‌ای دانکن اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال یک درصد ندارند (میله‌ها نشان دهنده خطای استاندارد هستند)

Figure 4. Mean comparison of the interaction effect of cultivar × organ × sampling stage on the expression of *60sL23a* gene in Zn-efficient (Niknejad) and Zn-inefficient (Farin) bread wheat cultivars. Means follow with the same letters are not significantly different at the 1% probability level, according to Duncan's multiple range test. Error bars represent the standard error of the mean.

طبق نتایج مطالعه دو و همکاران (Du et al., 2008) مشخص شد که بیان پروتئین‌های ریبوزومی در ریشه‌ها و ساقه‌های برنج در شرایط تنش به نسبت افزایش یافته می‌یابد. به عبارتی دیگر، این نتایج نشان دادند که پروتئین‌های ریبوزومی می‌توانند با مقاومت گیاهان به تنش مرتبط باشند. در مطالعه‌ای که توسط لوسینی و برناردو (Lucini and Bernardo, 2015) در شرایط تنش کمبود روی در گیاه کاهو انجام شد، تغییر در بیان پروتئین‌های ریبوزومی مشاهده شد. در این گیاه پروتئین‌های ریبوزومی در شرایط تنش در برگ تجمع بیشتری نشان دادند. در پژوهش حاضر نیز، میزان بیان ژن 60sL23a در شرایط کمبود روی در رقم روی-کارا نیک‌نژاد در مرحله پر شدن دانه و مرحله ۳۰ درصد سنبله‌دهی در برگ پرچم با افزایش معنی‌داری نسبت به رقم روی-ناکارا همراه بود. شناسایی ژن‌های UGP, SAUR23 و 60sL23a که در مسیرهای بیوسنتزی مختلف مرتبط با پاسخ به کمبود روی فعال هستند، امکان بهره‌گیری از آن‌ها را به عنوان شاخص‌های مولکولی در برنامه‌های به‌نژادی هدفمند و توسعه ارقام متحمل را فراهم می‌کند. بنابراین، یافته‌های این پژوهش می‌تواند به ارتقاء درک سازوکارهای مولکولی تحمل و پاسخ به تنش کمبود روی در ارقام مختلف گندم نان کمک کند. افزون بر این، داده‌های بیان ژن قابلیت استفاده در تحلیل شبکه‌های ژنی و مدل‌سازی مسیرهای متابولیکی را دارند که از طریق آن می‌توان مسیرهای کلیدی و برهم‌کنش‌های ژنی مؤثر را شناسایی کرد؛ امری که زیربنای اصلاح ژنتیکی برای تولید ارقام گندم متحمل به تنش کمبود روی خاک محسوب می‌شود.

سپاسگزاری

از گروه مهندسی تولید و ژنتیک گیاهی دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، به سبب فراهم نمودن امکانات لازم جهت انجام این پژوهش تشکر و قدردانی می‌گردد.

References

- An, X., Jin, G., Zhang, J., Luo, X., Chen, C., Li, W. and Zhu, G. (2018). Protein responses in kenaf plants exposed to drought conditions determined using iTRAQ technology. *FEBS Open Bio*, 8(10): 1572-1583.
<https://doi.org/10.1002/2211-5463.12507>
- Asadzadeh, F. and Abdollahi Mandoulakani, B. (2024). The Effect of iron deficiency on the expression of genes encoding transcription factors bzip4, bzip79, and bzip97 in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Genetic Research*, 11(1): 1-14 (In Persian).
<http://dx.doi.org/10.22034/PGR.11.1.1>

- Broadley, M. R., White, P.J., Hammond, J.P., Zelko, I. and Lux, A. (2007). Zinc in plants. *New Phytologist*, 173(4): 677-702.
<https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2007.01996.x>
- Cheng, L., Zhang, S., Yang, L., Wang, Y., Yu, B. and Zhang, F. (2019). Comparative proteomics illustrates the complexity of Fe, Mn and Zn deficiency-responsive mechanisms of potato (*Solanum tuberosum* L.) plants in vitro. *Planta*, 250(1): 199-217.
<https://doi.org/10.1007/s00425-019-03163-w>
- Ciereszko, I., Johansson, H., Hurry, V. and Kleczkowski, L.A. (2001). Phosphate status affects the gene expression, protein content and enzymatic activity of UDP-glucose pyrophosphorylase in wild-type and pho mutants of *Arabidopsis*. *Planta*, 212(4): 598-605.
<https://doi.org/10.1007/s004250000424>
- Du, Z.R., Xi, J., Wan, J., Jiang, B., Xu, Y.J., Zhang, Q. and Xu, Z.J. (2008). Cloning and expression analysis of a ribosomal protein from rice (OsRPL14). *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 24(4): 130-134.
- Emenecker, R.J. and Strader, L.C. (2020). Auxin-abscisic acid interactions in plant growth and development. *Biomolecules*, 10(2): 281.
<https://doi.org/10.3390/biom10020281>
- Fakih, Z., Plourde, M.B. and Germain, H. (2023). Differential participation of plant ribosomal proteins from the small ribosomal subunit in protein translation under stress. *Biomolecules*, 13(7): 1160.
<https://doi.org/10.3390/biom13071160>
- González-Esteban, Á.L. (2018). Patterns of world wheat trade, 1945-2010: The long hangover from the second food regime. *Journal of Agrarian Change*, 18(1): 87-111.
<https://doi.org/10.1111/joac.12219>
- Guarino, C., Conte, B., Spada, V., Arena, S., Sciarrillo, R. and Scaloni, A. (2014). Proteomic analysis of eucalyptus leaves unveils putative mechanisms involved in the plant response to a real condition of soil contamination by multiple heavy metals in the presence or absence of mycorrhizal/rhizobacterial additives. *Environmental Science Technology*, 48(19): 11487-11496.
<https://doi.org/10.1021/es502070m>
- Hafeez, B.M.K.Y., Khanif, Y.M. and Saleem, M. (2013). Role of zinc in plant nutrition-a review. *American Journal of Experimental Agriculture*, 3(2): 374-391.
<https://doi.org/10.9734/AJEA/2013/2746>
- Hassan, M.U., Aamer, M., Nawaz, M., Rehman, A., Aslam, T., Afzal, U. and Guoqin, H. (2021). Agronomic bio-fortification of wheat to combat zinc deficiency in developing countries. *Pakistan Journal of Agricultural Research*, 34(1): 201.
<https://doi.org/10.17582/journal.pjar/2021/34.1.201.217>
- Jasemi, S.S., Naghipour, F., Sanjani, S., Esfandiaripour, A., Khorsandi, H., Goodarz, N. (2017). Evaluation of grain quality characteristics of four bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) in wheat-producing provinces of the country. *Journal of Iranian Agricultural Sciences*, 19(2): 102-115 (In Persian).
- Krishna, T.A., Ceasar, S.A., Maharajan, T., Ramakrishnan, M., Duraipandiyar, V., Al-Dhabi, N. A. and Ignacimuthu, S. (2017). Improving the zinc-use efficiency in plants: a review. *Journal of Breeding Genetics*, 49(3): 211-230.
- Livak, K.J., and Schmittgen, T.D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2- $\Delta\Delta CT$ method. *Methods*, 25(4): 402-408.
<https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
- Lucini, L. and Bernardo, L. (2015). Comparison of proteome response to saline and zinc stress in lettuce. *Frontiers in Plant Science*, 6: 240.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00240>
- Maret, W. (2013). Zinc biochemistry: from a single zinc enzyme to a key element of life. *Advances in Nutrition*, 4(1): 82-91.
<https://doi.org/10.3945/an.112.003038>
- McIntosh, K.B. and Bonham-Smith, P.C. (2005). The two ribosomal protein L23A genes are differentially transcribed in *Arabidopsis thaliana*. *Genome*, 48(3): 443-454.
<https://doi.org/10.1139/g05-007>

- Nakabayashi, R. and Saito, K. (2015). Integrated metabolomics for abiotic stress responses in plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 24: 10-16.
<https://doi.org/10.1016/j.pbi.2015.01.003>
- Ranhbhar, F., Abdollahi Mandoulakani, B. and Ghasemzadeh, R. (2023). The effect of iron deficiency on the relative expression of genes encoding catalase, ascorbate peroxidase and polyphenol oxidase enzymes in bread wheat. *Plant Genetic Research*, 10(1): 145-156 (In Persian).
<http://dx.doi.org/10.22034/pgr.10.1.9>
- Roy, C., Kumar, S., Ranjan, R.D., Kumhar, S.R. and Govindan, V. (2022). Genomic approaches for improving grain zinc and iron content in wheat. *Frontiers in Genetics*, 13: 1045955.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1045955>
- Salehi, S., Abdollahi Mandoulakani, B., Alipour, H. and Moradi Gangachin, K. (2021). Expression pattern of genes encoding carbonic anhydrase, peroxidase and glutathione S-transferase enzymes in bread wheat under zinc deficiency conditions. *Cereal Research*, 11(3): 193-204 (In Persian).
- Shakouri, M. (2022). proteome analysis of bread wheat root under soil zinc deficiency condition. Ph.D. Thesis, Urmia University, Urmia, Iran.
- Stortenbeker, N. and Bemer, M. (2019). The SAUR gene family: the plant's toolbox for adaptation of growth and development. *Journal of Experimental Botany*, 70(1): 17-27.
<https://doi.org/10.1093/jxb/ery332>
- Yang, D., Liu, Y., Cheng, H., Chang, L., Chen, J., Chai, S., and Li, M. (2016). Genetic dissection of flag leaf morphology in wheat (*Triticum aestivum* L.) under diverse water regimes. *BMC Genetics*, 17(1): 94.
<https://doi.org/10.1186/s12863-016-0399-9>
- Yu, C., Sun, C., Shen, C., Wang, S., Liu, F., Liu, Y. and Qi, Y. (2015). The auxin transporter, Os AUX1, is involved in primary root and root hair elongation and in Cd stress responses in rice (*Oryza sativa* L.). *The Plant Journal*, 83(5): 818-830.
<https://doi.org/10.1111/tpj.12929>
- Zeng, H., Zhang, X., Ding, M., Zhang, X. and Zhu, Y. (2019). Transcriptome profiles of soybean leaves and roots in response to zinc deficiency. *Physiologia Plantarum*, 167(3): 330-351.
<https://doi.org/10.1111/ppl.12894>
- Zhu, Q., Zheng, H., Hu, X., Liu, Y., Zheng, X., Li, L. and Tang, M. (2024). Genome-Wide analysis of the SAUR gene family and its expression profiles in response to salt stress in *Santalum album*. *Plants*, 13(10): 1286.
<https://doi.org/10.3390/plants13101286>