۱۳۸۷/۱۶/۲۷

۴۶۲۵۰

بسم الله الرحمن الرحیم

دانشکده کشاورزی
گروه زراعت و اصلاح نباتات

پایان نامه برای دریافت درجه کارشناسی ارشد در رشته بیوتکنولوژی در کشاورزی

عنوان:
همسانه سازی ژن کامل رمز کننده سوکسینات دهیدروژناز از گندم ماهوتي و بررسی الگوی بیان آن

۱۳۸۷ /۶/ ۲۷

اساتید راهنما :
دکتر خدیجه رضوی
دکتر علی حق نظری

استاد مشاور:
دکتر محمد علی ملبوبی

تحقیق و پژوهش:
الهه روشنی یساقی

مهر ۸۶

۴۷۲۵۰

تشکر و قدردانی

خداوندا! تو را سپاس می گویم به خاطر آنکه فرصت درک بزرگی و بخشندگیت را به من عطا کردی که هر چه بیشتر می خوانم و بیشتر جستجو می کنم، چیزی جز به یقینم اضافه نمی شود.

تو را سپاس به خاطر آنچه در گذشته نمی دانستم و اکنون به فضل تو آموختم و سپاس به خاطر آنکه به من فهماندی که هر چه بدانم در مقابل علم لایزال تو هیچ است و هر که این هیچ خود را بیش بداند در جهل مرکب است.

خداوندا! تو را سپاس می گویم به خاطر خانواده صبور و مهربانم که مفهوم واژه هایی چون حق، دوستی، عدالت، صداقت، پاکی و نجابت را در کنار آنها درک کردم.

خداوندا تو را سپاس می گویم به خاطر همراهی اساتید علیم و شکیبا یم که نه تنها علم بلکه راه علم آموزی را به من آموختند.

خداوندا! تو را سپاس می گویم به خاطر داشتن دوستانی که نه تنها دوست بلکه همراه،راهنما و دستگیرم بودند.

از اساتید گرانقدرم سرکار خانم دکتر خدیجه رضوی، جناب آقای دکتر محمد علی ملبوبی و جناب آقای دکتر علی حق نظری **قدردانی نمایم. بی شک انجام این خدمت خرد بدون عنایت و اهتمام ایشان صورت تحقق نمی پذیرفت. خدای را شاکرم که اجازه داد در جمع شاگردان ایشان از حسن مدیریت، قدرت تفکر و دانش سرشارشان بهرهمند گردم.**

از خانم ها رادکیش، مشیری، شجاعی ،علیزاده، شریعتی، ستاری، کاشانی نیا، زمانی، زارع، لهراسبی، هدایتی ، ایمانی خواه و آقایان سمائیان، شکوهی فر، گماریان، ساریخان، ثابت، رستمی، پورجان، شاهوردی، جعفرزادگان، حلبیان، صاریخانی به خاطر صبر، دوستی، محبت و راهنمایی های بی دریغشان تشکرمی کنم.

فهرست

فهرست مطالب

عنوان صفحه

فهرست جداول	د
فهرست تصاویر	ء
چکیده	۱
فصل اول : مقدمه	۳
فصل دوم : بررسی منابع	۷
۲-۱- تعریف شوری و طبقه بندی خاک های شور	۷
۲-۲- شوری در ایران و جهان	۸
۲-۳- اثر شوری بر اقتصاد کشاورزی	۹
۲-۴- اثر یون ها بر رشد گیاهان	۱۰
۲-۵- سازوکارهای تحمل به شوری در گیاهان	۱۳
۲-۶- تغییر الگوی بیان ژن ها در مقیاس ژنومیک	۱۴
۲-۷- تحمل به شوری در گرامینه ها	۱۵
۲-۸- اثر شوری بر تنفس	۱۷
۲-۹- میتوکندری	۱۷
۲-۱۰- پدیده انتقال ژن در زیر واحدهای کمپلکس II زنجیره انتقال الکترون	۱۸
۲-۱۱- میتوکندری و سازگاری به تنش شوری	۲۰
۲-۱۲- چرا RT-PCR کمی	۲۲
۲-۱۲-۱- کمی کردن محصول PCR	۲۳
۲-۱۲-۲- PCRکمی بدون استفاده از استانداردهای درونی	۲۴
۲-۱۲-۳- PCR کمی با استفاده از استانداردهای درونی	۲۴
۲-۱۲-۳-۱-تکثیر توالی درونزاد به عنوان استاندارد داخلی	۲۵
۲-۱۲-۳-۲- تکثیر توالی برونزاد به عنوان استاندارد داخلی	۲۶

فهرست مطالب

عنوان صفحه

۲-۱۳- چند شکلی تک نوکلئوتیدی	۲۶
۲-۱۳-۱- شناسایی SNP ها: استراتژی‌های اصلی	۲۸
-۱۳-۲- مکانیسم های شناسایی SNP	۲۹
۲-۱۳-۳- روش های شناسایی و تعیین ژنوتیپ SNP	۳۰
فصل سوم: مواد و روش ها	۳۷
۳-۱- مواد گیاهی	۳۷
۳-۲- آماده سازی بذرها	۳۷
۳-۳- کشت هیدروپونیک	۳۷
۳-۴- استخراج mRNA	۳۸
۳-۵- استخراج RNA کل از بافت گیاهی	۴۰
۳-۶- ساخت cDNA تک رشته ای	۴۱
۳-۷- طراحی آغازگرها	۴۲
۳-۸- واکنش زنجیره ای PCR	۴۳
۳-۹- تخلیص باند مورد نظر از روی ژل	۴۴
۳-۱۰- انجام واکنش اتصال	۴۵
۳-۱۱- تهیه سلول های مستعد	۴۶
۳-۱۲- تراریختی باکتری	۴۷
۳-۱۳- تایید کلونی	۴۸
۳-۱۴- استخراج پلاسمید به روش Miniprep	۴۹
۳-۱۵- هضم آنزیمی جهت تایید کلونی ها	۵۰
۳-۱۶- طراحی آغازگر های PCR نیمه کمی	۵۱
۳-۱۷- بهینه سازی شرایط PCR نیمه کمی	۵۲

عنوان صفحه

۳-۱۸-هم رقت سازی cDNAها	۵۴
۳-۱۹- PCR نیمه کمی بهینه سازی شده	۵۵
۳-۲۰- کمی کردن شدت باندها	۵۶
فصل چهارم: نتایج و بحث	۵۷
۴-۱- اهمیت ژن رمز کننده زیر واحد دوم سوکسینات دهیدروژناز	۵۷
۴-۲- همسانه سازی کامل ژن رمز کننده زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز در گندم ماهوتی	۶۰
۴-۳- بررسی تفاوت های آللی توالی رمز کننده زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز	۶۵
۴-۴- اثرات تفاوت های تک نوکلئوتیدی بر الگوی بیان ژن	۷۳
۴-۵- بررسی تغییر بیان ژن *sdh2* در ارقام گندم تحت تنش شوری	۷۴
نتیجه گیری	۸۲
پیشنهادات	۸۳
منابع	۸۴
پیوست	۹۲

فهرست جداول

عنوان جدول	
۳-۱- مواد و مقادیر لازم جهت تهیه بافر های شستشو	۳۹
۳-۲- محلول واکنش RT	۴۲
۳-۳- آغازگر های اختصاصی طراحی شده با برنامه Oligo بر اساس ژنوم گندم برای دو ژن *sdh2* و *tubß*	۴۲
۳-۴- مقدار ومواد مورد نیاز برای PCR	۴۳
۳-۵- برنامه دمایی جهت PCR با آنزیم*Taq* Polymerese	۴۳
۳-۶- مقادیر و غلظت نهایی مواد لازم جهت تهیه مخلوط PCR	۴۴
۳-۷- برنامه دمایی PCR	۴۴
۳-۸- مخلوط واکنش Legation	۴۵
۳-۹- محتوای محلول TFBI	۴۷
۳-۱۰- محتوای محلول TFBII	۴۷
۳-۱۱- محتوای محیط کشت LB	۴۷
۳-۱۲- محلول TELT	۴۹
۳-۱۳- مخلوط واکنش هضم دوگانه آنزیمی	۵۱
۳-۱۴- آغازگر های مورد استفاده در PCR نیمه کمی	۵۲
۳-۱۵- نحوه تهیه مخلوط PCR کمی در بررسی نیاز به محلول Q	۵۲
۳-۱۶- برنامه دمایی جهتPCR کمی در بررسی نیاز به محلول Q	۵۳
۳-۱۷- نحوه تهیه مخلوط PCR نیمه کمی در بررسی غلظت محلول Q و دما	۵۳
۳-۱۸- برنامه دمایی جهت PCR نیمه کمی در بررسی غلظت محلول Q و دما	۵۳
۳-۱۹- نحوه تهیه مخلوطPCR برای هم رقت سازی CDNA نمونه های گیاهی	۵۴

فهرست جداول

عنوان جدول

۳-۲۰- برنامه دمایی PCR نیمه کمی جهت هم رقت سازی CDNA نمونه های گیاهی ۵۵

۳-۲۱- نحوه تهیه مخلوط PCR نیمه کمی بهینه سازی شده ۵۵

۳-۲۲- برنامه دمایی جهتPCR نیمه کمی بهینه سازی شده ۵۵

۴-۱- تفاوت های تک نوکلئوتیدی محدوده 5'UTR واقع شده اند ۶۶

۴-۲- تفاوت های تک نوکلئوتیدی محدوده در ناحیه چهارچوب باز خواندنی که منجر به تغییر رمز اسید آمینه نمی شوند. ۶۷

۴-۳- تفاوت های تک نوکلئوتیدی محدوده 3'UTR واقع شده اند ۶۸

۴-۴- تفاوت های تک نوکلئوتیدی که منجر به تغییر رمز اسید آمینه می شوند. ۶۹

عنوان اشکال

۴-۱- توالی mRNA ژن *sdh2* چارچوب باز خواندنی و جایگاه اتصال آغازگرهاجهت همسانه سازی طول کامل این ژن. ب- توالی اسید آمینه ای ژن *sdh2* . ۶۱

۴-۲- نمونه ای از RNA استخراج شده از بافت گندم با استفاده از کیت RNax plus. ۶۱

۴-۳- الکتروفورز محصول PCR انجام شده با آغازگر های ژن خانگی *tubβ*. ۶۲

۴-۴- بررسی شیب دمای اتصال. ۶۲

۴-۵- PCR ژن *sdh2* با آنزیم Expand High Fidelity plus برای غلظت های مختلف $MgCl_2$. ۶۳

۴-۶- نمونه ای ازالکتروفرز محصول واکنش Clony PCR ۶۴

۴-۷- نمونه ای از محصول هضم آنزیمی با دو آنزیم *Hind*III و*Eco*RI ۶۴

۴-۸-الف- سوکسینات دهیدروژناز تنها آنزیم مشترک در زنجیره انتقال الکترون و چرخه کربس می باشد. ب- نمایش زیر واحدهای کمپلکس سوکسینات دهیدروژناز و موقعیت آنها در میتوکندری. ۷۰

۴-۹- ساختار کریستالی کمپلکس آنزیمی سوکسینات دهیدروژناز و موقعیت کلاستر های آهن-سولفور در آن ۷۱

۴-۱۰- نمایی از جستجوی موتیف که در آن اطلاعات سه بانک Pfam, SF و PROSIT آمده است. ۷۲

۴-۱۱- نمایی از جستجوی محدوده فعال زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز در بانک PROSIT ۷۲

۴-۱۲- الکتروفورز محصول PCR نیمه کمی ژن *sdh2* بر ژل آگاروز ۱/۵ درصد. ۷۵

۴-۱۳- اثر غلظت های ۰/۵x و ۱x محلول Q و دما های ۶۳- ۶۵ درجه سانتی گراد بر محصولات PCR نیمه کمی ژن *sdh2* . ۷۵

۴-۱۴- اثر تعداد چرخه های PCR بر محصولات PCR نیمه کمی ژن *sdh2* ۷۶

فهرست اشکال

عنوان اشکال

۴-۱۵-الف- تایید کمی بودن شرایط با استفاده از رقت های ۰/۰۵ و۰/۰۱. از cDNA نمونه ماهوتی.ب- تایید کمی بودن شرایط با استفاده از رقت های همسان از سه رقم مورد آزمایش. ۷۷

۴-۱۶- نمونه ای ازالکتروفورز محصولات واکنش PCR نیمه کمی بر ژل ۱/۲ درصد آگاروز. ۷۷

۴-۱۷- الگوی بیان ژن رمزکننده زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز در گندم ماهوتی ۷۸

۴-۱۸- الگوی بیان ژن رمزکننده زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز در گندم کارچیا ۷۹

۴-۱۹- الگوی بیان ژن رمزکننده زیر واحد دوم آنزیم سوکسینات دهیدروژناز در گندم چینی بهاره ۷۹

چکیده

چکیده

در این طرح به مطالعه یکی از ژن های القا شونده تحت تنش شوری (NaCl) به نام سوکسینات دهیدروژناز پرداخته شده است. برای این آزمایش، ارقام ماهوتی (متحمل)، کارچیا (شاهد متحمل) و چینی بهاره (شاهد حساس) از گندم نان انتخاب و تحت تنش های شوری ۲۵۰ میلی مولار از NaCl و بدون آن به صورت هیدروپونیک کشت گردید. cDNA ژن کامل رمز کننده سوکسینات دهیدروژناز با طول ۱۱۲۴ نوکلئوتید از نمونه‌های گیاهی حاصل جداسازی و همانندسازی شد و جهت تحلیل علت واکنش‌های متفاوت ارقام گندم به تنش شوری مورد مطالعه قرار گرفت. بدین ترتیب ارزیابی این ژن از نظر تفاوت‌های آللی و بررسی الگوی بیان در بازه های زمانی ۲ روزه از روز اول تا دوازدهمین روز پس از اعمال تنش شوری انجام شد. نتایج آنالیز تعیین توالی، وجود ۱۹ تفاوت تک نوکلئوتیدی (SNP[1]) که منجر به تغییر اسید آمینه می شوند را در توالی ژنی تأیید کرد. ۹ تفاوت تک نوکلئوتیدی در محدوده فعال این آنزیم قرار دارد. نتایج بررسی الگوی بیان این ژن در هر سه رقم انتخابی به این ترتیب است که در رقم ماهوتی پس از اعمال تنش شوری در روز دوم بیان ژن *sdh2* به شدت بالا می رود، سطح بیان ژن *sdh2* در روز چهارم نسبت به روز دوم کاهش می یابد ولی نسبت به گیاه شاهد در این روز همچنان بالاتر است. در بازه زمانی روزهای ششم تا دوازدهم، سطح بیان ژن *sdh2* در گیاهان تیمار و شاهد با یکدیگر تفاوت معنی داری ندارد. پس از اعمال تیمار بر رقم کارچیا، سطح بیان ژن *sdh2* در طول ۱۲ روز تفاوت معنی داری نسبت به شاهد ندارد. سطح بیان ژن *sdh2* رقم چینی بهاره در روز دوم و در پاسخ به تنش شوری اعمال شده نسبت به گیاه شاهد افزایش می یابد. گیاهان چینی بهاره شاهد و تیمار از نظر میزان بیان ژن *sdh2* در بازه های زمانی روزهای چهارم، ششم و هشتم نسبت به یکدیگر تفاوت معنی داری ندارند، ولی در روز دهم سطح بیان ژن *sdh2* گیاه تحت تنش به پایین تر از گیاه شاهد می رسد. دلیل کاهش قابلیت زنده مانی رقم چینی بهاره در شرایط تنش امکان بررسی سطح بیان ژن *sdh2* در روز دوازدهم گیاهی از این رقم وجود ندارد. می‌توان چنین استنباط کرد که نتایج حاصل تایید کننده فرضیه‌ای است مبنی بر اینکه « تفاوت واکنش‌های ارقام مختلف یک گیاه به شرایط تنش، ناشی از وجود

1- Single Nucleotide Polymorphism

چکیده

تفاوت‌های آللی در توالی ژن و تغییر نیم‌رخ الگوی بیان ژن در آن ارقام است نه به دلیل وجود بیان ژنی جدید که در ارقام حساس وجود ندارد ».

مقدمه

جمعیت جهان و نیاز به غذا به طور روزافزون در حال افزایش است به طوری که تخمین زده می‌شود تا پایان سال ۲۰۵۰ جمعیت جهان به عددی حدود شش میلیون برسد (Mahajan and Tuteja, 2005)، و این در حالی است که مساحت زمین‌های قابل کشت در دنیا به صورت تصاعدی به واسطه محدودیت منابع خاک و آب، پیش روی شوری، فرسایش خاک و ... در حال کاهش است. عدم تعادل این دو مسئله باعث شده است که برنامه‌های مدیریت کشاورزی، کشاورزی پایدار و ... نیز نتواند پاسخگوی نیازها باشند. یکی از عوامل عمده موثر بر کاهش سطح زیر کشت، شوری خاک و آب آبیاری است. امروزه تخمین زده می‌شود که بیش از ۸۰۰ میلیون هکتار از زمین‌های دنیا چه از طریق شوری (۳۹۷ میلیون هکتار) یا از طریق شرایط مربوط به سدیمی شدن (۴۳۴ میلیون هکتار)، تحت تاثیر شوری هستند (http://www.fao.org/). این آمار مربوط به ۶٪ از کل زمین‌های دنیا است. بیشتر شوری‌ها و تمام سدیمی شدن‌ها طبیعی هستند اما اخیراً، نسبت قابل توجهی از زمین‌های زراعی آبی به دلیل آبیاری تحت تاثیر شوری هستند. از ۱۵۰۰ میلیون هکتار زمین زراعی که به صورت دیم کشت می‌شوند ۳۲ میلیون هکتار (۲٪) تحت تاثیر شوری ثانویه هستند. از ۲۳۰ میلیون هکتار زمین تحت کشت فاریاب ۴۵ میلیون هکتار (۲۰٪) تحت تاثیر شوری هستند. زمین‌های آبیاری فقط ۱۵٪ کل زمین‌های مزروعی را تشکیل می‌دهند اما این زمین‌های فاریاب حداقل ۲ برابر زمین‌های دیم محصول داشته و یک سوم غذای دنیا را تامین می‌کنند (Munns, 2005). شوری چنان در حال گسترش است که برآورد شده است تا سال ۲۰۵۰ تقریباً ۵۰٪ زمین‌های مزروعی دنیا شور هستند (Rodriguz et. al., 2005).

در ایران مجموع خاک‌های شور و سدیمی در حدود ۲۷ میلیون هکتار تخمین زده می‌شود. که این آمار بیش از نیمی از زمین‌های قابل کشت در ایران است (قوامی و همکاران،۱۳۸۲). در سال ۱۹۷۶ نیمن و شانن شوری را وجود غلظت‌های بالای املاح در محلول خاک تعریف کردند. واحد اندازه‌گیری شوری، هدایت الکتریکی است که با واحد دسی زیمنس بر متر در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد بیان می‌شود و اندازه‌گیری آن در خاک کاملاً اشباع از آب صورت می‌گیرد (Munns, 2005).

یکی از مهم‌ترین تنش‌های محیطی محدود کننده عملکرد گیاهان تنش شوری است. این تنش علاوه بر اینکه همچون دیگر تنش‌های غیر زنده مانع از نمایش تمام پتانسیل ژنتیکی گیاهان می‌شود، باعث بروز تغییرات فیزیولوژیکی، مورفولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی در آن ها شده که نهایتاً تاثیر بدی بر رشد و عملکرد خواهد داشت (Rudriguz et. al., 2005). در سال ۱۹۷۶ اپشتین متذکر شده است که میان زندگی گیاه و شرایط شوری ناسازگاری بیولوژیکی وجود ندارد. گیاهان در آب های شوری که حیات از آن منشاء گرفته است به نحو مطلوبی رشد

می‌کنند. مشکل در ارتباط با گیاهان زراعی است که برای اهدافی غیر از اهداف مربوط به تحمل شوری گزینش شده‌اند. تقریباً همه واریته‌های زراعی بدون استثناء حتی غلظت‌های کمتر از ۱۵ درصد شوری آب دریا را نمی‌توانند تحمل کنند به این گروه از گیاهان گلیکوفیت اطلاق می‌شود که در مقابل آن ها دسته‌ای دیگر از گیاهان به نام هالوفیت‌ها قرار دارند. هالوفیت ها گیاهانی هستند که به راحتی قادر به رشد در شوری معادل آب دریا هستند (Sairam and Tyogi, 2004; http://www.fao.org).

هر موجودی برای حفظ حیات باید یکی از مکانیسم‌های تحمل، مقاومت یا فرار را در خود فعال کند. مقاومت شامل فعال شدن اقدامات متقابل است. فرار، اجتناب از برخورد با شرایط تنش‌زا است در حالی که تحمل به موجود این امکان را می‌دهدکه با حداقل صدمات در مقابل تنش مقاومت کند. برای متحمل شدن باید سه اقدام در گیاه صورت گیرد (Sairam and Tyogi, 2004).

۱- جلوگیری از بروز صدمات و ترمیم صدمات بوجود آمده.

۲- برقراری دوباره وضعیت تعادلی با توجه به شرایط تنش موجود

۳- برقراری رشد گیاه در یک سرعت پایین تر

گیاهان به تنش‌های محیطی از جمله تنش شوری در سه سطح مولکولی، سلولی و فیزیولوژیکی پاسخ می‌دهند (Rodriguz et. al., 2005). پاسخ گیاهان به تنش شوری به مرحله رشدی گونه، رقم و واریته گیاه، عوامل مختلف محیطی، حاصلخیزی خاک، غلظت نمک و نوع یون ها و ... وابسته است (http://www.fao.org/). این پاسخ‌ها مسیرهای خطی مستقیم مولکولی، بیوشیمیایی و ژنتیکی نیستند بلکه مسیرهای پیچیده ایی را شامل می‌شوند که به یکدیگر مرتبطند. نیو[1] و همکاران (۱۹۹۵) اعلام کرد پیچیدگی پاسخ گیاهان به تنش شوری به این حقیقت مربوط می‌شود که شوری علاوه بر تاثیر اسمزی تاثیر سمیّتی نیز دارد.

در مراحل اولیه تنش شوری شدید و یا تحت تنش‌های شوری کم یا ملایم در گیاه مکانیسم های فعال شده که نشان دهنده حدوث تنش اسمزی است و باعث آبگیری بافت های گیاهی می‌گردد (به همین دلیل آن را خشکی فیزیولوژیک گویند). با ادامه تنش شوری، مسمومیّت یونی در اثر تجمع یون‌های خاص نظیر سدیم و کلر و ایجاد اختلال در واکنش های متابولیک سیتوپلاسم، آپوپلاست و یا اندامک ها ایجاد می‌گردد (Munns et. al., 2006). گیاهانی که قادرند در زیستگاه‌های شور زندگی کنند متعلق به خانواده های متنوعی از گیاهان هستند و این نکته حاکی از آن است که مقاومت به شوری خاک بدون توجه به تاکسونومی گیاهان در تمام آن‌ها دچار تکامل شده

1-Niu

است. با این منطق که تفاوت به نمک در میان خانواده‌های گلدار نیز وجود دارد و با این امید که می‌توان این فرایندها را دوباره تقلید کرد. تاکنون تلاش‌های بسیاری برای تولید گیاهان مقاوم به شوری در گیاهان اصلی انجام گرفته است. ولی از آنجایی که تحمل به شوری یک فرایند فیزیولوژیک پیچیده و یک صفت کمی است روش‌های سنتی اصلاح نباتات که براساس به کارگیری تنوع ژنتیکی موجود در ژرم پلاست، تلاقی بین گونه‌ای و بین جنسی، ایجاد موتاسیون و تنوع سوماکلونال است، سعی بر ایجاد ارقام متحمل به شوری چندان موفق نبوده است. با این وجود در طی دو دهه گذشته امکاناتی فراهم شده است که کاربرد زیست شناسی مولکولی را برای حل مشکلات پیچیده فیزیولوژیک ممکن ساخته است. بر همین اساس امروزه اطلاعات زیادی درباره اساس مولکولی تحمل به شوری در دسترس است و روش‌های جداسازی، تجزیه و تحلیل ساختمان و عملکرد ژن‌های گیاهی راه‌اندازی گردیده است (قوامی و همکاران، ۱۳۸۲). نتیجه این مطالعات نشان می‌دهد هر چند صفت تحمل به شوری صفتی کمی بوده و توسط چندین ژن پراکنده در کل ژنوم کنترل می‌گردد ولی از آنجایی که برخی ژن ها نقش کلیدی در پاسخ به چنین تنش‌هایی را دارند. محققین علوم ژنتیک مولکولی و بیوتکنولوژی توانسته‌اند برخی از این ژن‌ها را شناسائی و جداسازی کرده و با انتقال آن‌ها به گیاهان باعث بهبود تحمل به شوری آن‌ها شوند.

با وجود پیشرفت های اخیر، مکانیسم‌های مولکولی و بیوشیمیایی درگیر در تحمل شوری به خصوص در تنش‌های طولانی مدت هنوز عمدتاً ناشناخته است و بدیهی است قبل از مهندسی گیاهان برای تحمل به شوری بایستی اطلاعاتی کاملی در زمینه اساس مولکولی و ژنتیکی مقاومت به تنش‌ها بدست آورد. این اطلاعات کمک خواهند کرد تا استراتژی‌های مناسب‌تری را جهت دست‌ورزی گیاهان و به نژادی آن‌ها با استفاده از روش‌های مولکولی و اصلاح نباتات کلاسیک در پیش گیریم (Razavi et. al., 2005).

گندم به صورت دیم و فاریاب کشت می‌گردد و هر دو نوع این زراعت‌ها در معرض شوری است. داده‌های CIMMYT،حاکی از آن است که ۱۰-۸٪ سطح زیر کشت گندم در پاکستان ، هندوستان، ایران، مصر، لیبی و مکزیک تحت تنش شوری است (Colmer et. al., 2006).

اهمیت گندم به عنوان یک محصول استراتژیک و گسترش روزافزون شوری در کشور بر کسی پوشیده نیست. با توجه به اینکه شوری در کشور ایران معظلی بزرگ است ضرورت بررسی ارقام گندم به لحاظ تحمل به شوری امری بسیار محسوس است. با توجه به اقلیم گرم و خشک و شور ایران، این کشور در طول سالیان طولانی تکامل و سازگاری، بستر مناسبی برای گیاهان بومی متحمل به این شرایط است می‌توان چنین ادعا کرد که گیاهان و از

جمله گندم های بومی ایران گزینه‌های مناسبی جهت بررسی مکانیسم‌های مولکولی و ژنتیکی تحمل به شوری هستند.

بررسی منابع