DOI: 10.22092/irn.2024.131635

دیدگاه

اهمیت زیست خاک و نحوه مطالعه جوامع میکروبی آن

محمد بیرانوند[1]* و محمد متینی‌زاده[2]

مقدمه

بیولوژی خاک، علم بررسی موجودات زنده خاک، نقش و کارکرد آنها، همچنین تعامل و ارتباط این موجودات در خاک است. بیولوژی خاک، یکی از ویژگی‌های اصلی خاک و شاخصی برای سلامت، حفظ کیفیت و بهره‌وری خاک است که برای تعادل اکولوژیکی، حیاتی است (Klad-ivko & Clapperton, 2011).

میکروارگانیسم‌ها اعم از باکتری‌ها، قارچ‌ها، جلبک‌ها، پروتوزوآ، ویروس‌ها و فون خاک، درمجموع، زیست خاک را تشکیل می‌دهند (Bardgett, 2005).

باکتری‌ها و قارچ‌ها به‌عنوان پرتعدادترین، تأثیرگذارترین و مهم‌ترین موجودات زنده خاک، باید در خاک حضور داشته باشند تا مواد آلی باارزش را تجزیه کنند و آنها را به شکلی تبدیل کنند که گیاهان بتوانند آن را از طریق ریشه جذب کنند (Paul, 2024).

فرایند تبدیل بقایای گیاهی به هوموس، توسط آنزیم‌هایی تسهیل می‌شود. آنزیم‌ها، یا در موجودات موجود در خاک وجود دارند، یا توسط ارگانیسم‌های زنده یا مرده ترشح می‌شوند (Xing *et al.*, 2024). به‌عنوان‌مثال، برخی از رایج‌ترین آنزیم‌های موجود در خاک نظیر سلولاز (تبدیل سلولز به زیرواحدهای گلوکز)، پروتئاز (تبدیل پروتئین به اسیدهای آمینه)، لیگناز (تجزیه زنجیره لیگنین)، اوره آز (تبدیل اوره به آمونیاک و دی‌اکسیدکربن) و گلوکوزیداز (تبدیل نشاسته به گلوکز) را می‌توان نام برد (Šnajdr *et al.*, 2013؛ Bayranvand *et al.*, 2021).

تنوع در بیولوژی خاک، باعث مقاومت و انعطاف‌پذیری گیاهان می‌شود. درنهایت، موادآلی تا حدی پردازش خواهند شد که به‌عنوان مواد هیومیک (اسیدهای هیومیک و فولویک) نسبتاً پایدار درآیند (Liang *et al.*, 2024).

فرایندهایی که توسط بیولوژی خاک انجام می‌شود، با اصلاح محیط فیزیکی، شیمیایی و بیولوژیکی خاک ادامه می‌یابند و بر سیستم‌های تولید گیاهی تأثیر می‌گذارند (Burgers, 2012).

سه مؤلفه زیستی، برای مدیریت خاک وجود دارد (Wołejko *et al.*, 2020) که باید در نظر گرفته شود:

الف) خودفرایندهای طبیعی (مهندسی خاک، تبدیل بستر و مشارکت شبکه مواد غذایی خرد)،

ب) تأثیر مدیریت بر این فرایندها

و ج) اثر ترکیبی دو مورد ذکرشده بر عملکرد گیاه.

کشور ایران با قرار گرفتن در محدوده خشک و نیمه‌خشک جهان و نیز با توجه به شرایط زمین‌شناسی و توپوگرافی، محدودیت‌های متنوع و گسترده‌ای در منابع خاک در زیست‌بوم‌های جنگلی و مرتعی دارد. این محدودیت‌ها، با بهره‌برداری‌های غیراصولی و فشرده طی چند دهه گذشته، موجب ایجاد چالش‌های فراوانی برای این منابع پایه و درنتیجه به خطر افتادن امنیت غذایی و سلامت جامعه شده است. ازاین‌رو، با مدیریت چرخه عناصر غذایی و چرخه‌های مهم حیات مانند چرخه کربن و نیتروژن، به‌واسطه مدیریت درست منابع و شناخت اکولوژی دقیق میکروارگانیسم‌های خاک، می‌توان بر خیلی از این چالش‌ها فائق آمد.

ضرورت و جنبه نوآوری

ریزموجودات خاک به روش‌های مختلف کشت و مولکولی با رویکردهای متفاوت علمی و کاربردی در زیست‌بوم‌های زمینی ارزیابی شده‌اند. هدف این مقاله معرفی فناوری متاژنومیکس به‌عنوان رویکردی جدید برای شناسایی میکروبیوم خاک است. میکروبیوم خاک از دیدگاه‌های بوم‌شناختی، تغییر کاربری‌ها، تولید محصول، سلامت زیست‌بوم‌ها، کیفیت خاک و نیز از دیدگاه گرمایش جهانی همواره مورد توجه بوده است. ازآنجایی‌که در بوم‌نظام جنگلی و مرتعی تولید و پوشش درختان بر خلاف کاربری‌های کشاورزی، مدت‌زمان طولانی‌تری مشخصه‌های خاک و اجتماعات میکروبی را تحت تأثیر قرار می‌دهند، مطالعه دقیق آنها به‌عنوان عوامل تجزیه با استفاده از ابزارهای مولکولی، تحت تأثیر عوامل

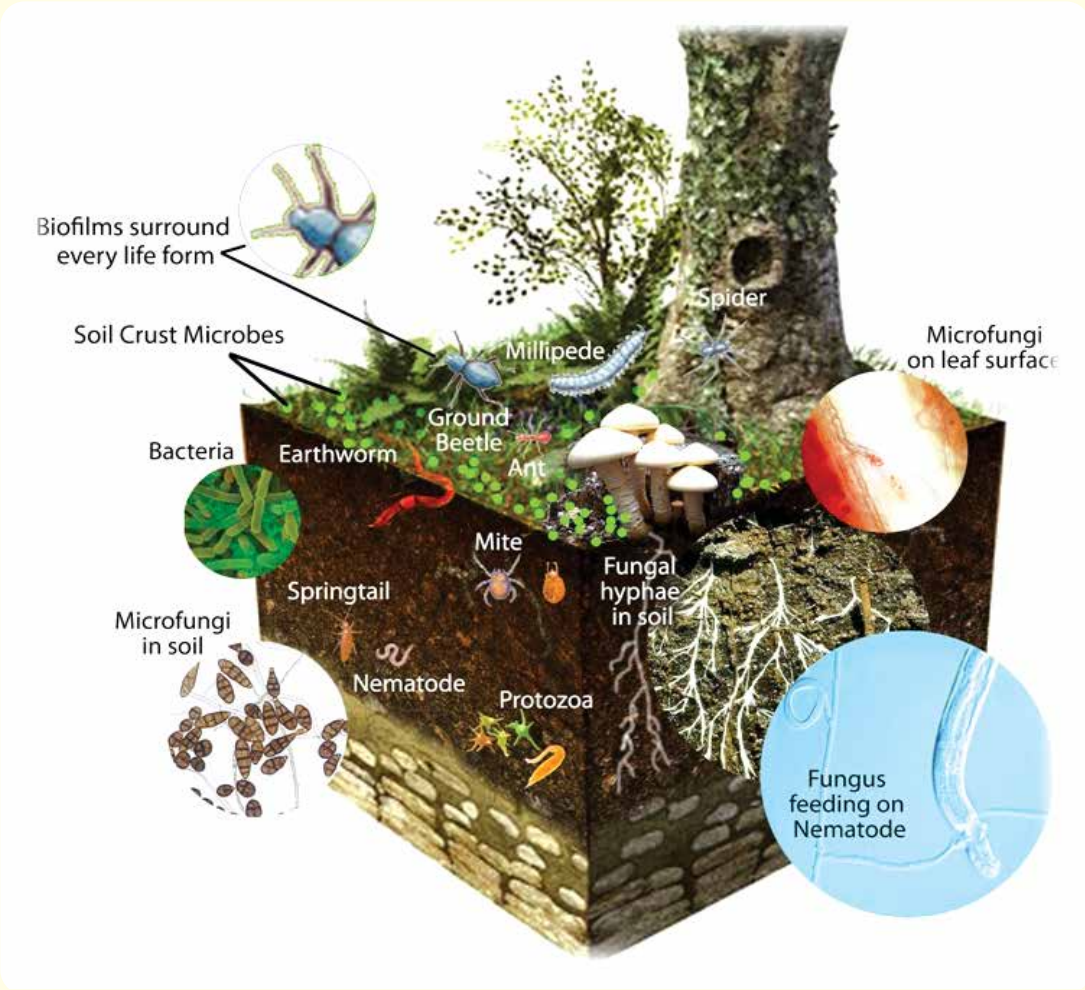
۱*- نویسنده مسئول، پسداک اکولوژی جنگل، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. پست الکترونیک: m.bayranvand@gmail.com
۲- دانشیار پژوهش، بخش تحقیقات جنگل، مؤسسه تحقیقات جنگلها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران

مؤثر بر آنها بسیار ضروری و الزامی به نظر می‌رسد. پاسخ جوامع میکروبی خاک و رابطه آنها با دیگر عوامل بوم‌شناختی در رابطه با پوشش متفاوت گیاهی و درختی به‌خوبی شناخته نشده است. بنابراین، این مقاله به‌دنبال معرفی روش‌های عملکردی نوین برای بررسی فلور باکتریایی و قارچی در زیست‌بوم‌های خاکی با استفاده از روش متاژنومیکس برای به دست آوردن رمزورازهای اکولوژی میکروب‌ها است.

زیست‌بوم‌های خاکی و اکولوژی میکروبی آنها

پژوهشگران مختلفی در اقصی نقاط دنیا، میکروبیوم خاک را از دیدگاه‌های اکولوژیکی، تغییر کاربری‌ها، تولیدات کشاورزی، سلامت زیست‌بوم‌ها، بهره‌وری خاک و گرمایش جهانی، ارزیابی کرده‌اند.

ازآنجایی‌که در محیط‌های طبیعی مانند اکوسیستم‌های جنگلی و مرتعی برخلاف اکوسیستم‌های زراعی، مدت‌زمان طولانی‌تری خصوصیات خاک و اجتماعات میکروبی تحت تأثیر قرار می‌گیرند، درک درست از فعالیت‌های میکروبیوم خاک که به‌عنوان عوامل تجزیه مواد آلی به‌حساب می‌آیند، بسیار ضروری و کارآمد است. تنوع میکروبیوم زیست‌بوم‌های خاکی، تحت تأثیر متغیرهای محیطی و تعاملات بیولوژیکی است (Miyauchi *et al*., 2020؛ Xing *et al*., 2024). در این بین، زیست‌بوم‌های جنگلی و مرتعی، در بسیاری از نقاط زمین یافت می‌شوند و پناه‌بخش بزرگی از تنوع جهانی هستند (Wu *et al*., 2018). فرایندهای موجود در این بیوم‌ها، اهمیت جهانی دارند و شناسایی ترکیب و عملکرد میکروبیوم آنها بسیار ضروری است (Lladó *et al*., 2017؛ Tedersoo *et al*., 2020). پوشش گیاهی و درختی، به‌طور وسیعی به ناهمگونی زیست‌بوم‌های خاکی ازجمله نفوذ در خاک توسط ریشه‌ها، زادآوری و تولید چوب پوسیده و لاش‌برگ، به تحول و تغییرات بوم‌شناسی زیست‌بوم‌ها، کمک می‌کنند، به‌طوری‌که همه این عوامل به‌نوبه خود، می‌توانند بر فعالیت‌های ریزموجودهای خاک تأثیرگذار باشند (Hiiesa-lu *et al*., 2017؛ Bayranvand *et al*., 2021). به‌عنوان‌مثال، کاهش مواد آلی به‌واسطه پایین بودن کمیت و کیفیت لاش‌برگی، موجب کاهش زی‌توده میکروبی و فعالیت آنزیم‌های خارج سلولی می‌شود که می‌تواند نشان‌دهنده تأثیر اکولوژیکی پوشش گیاهی بر



شکل ۱- تصویر شماتیک برای درک بهتر زیست خاک و ریزموجودات داخل آن

میکروبیوم زیست‌بوم‌های خاکی باشد (Lladó *et al*., 2017؛ Li-ang *et al*., 2024).

پژوهش‌ها در خصوص فرایندهای زیست‌بوم‌های جنگلی و پاسخ آنها به تغییرات جهانی در رابطه با تنوع باکتری‌های خاک (Lladó *et al*., 2017)، دلالت بر تأثیر فراوان باکتری‌ها در چرخه عناصر غذایی دارد. میزان دقیق مشارکت باکتری‌ها در فرایندهای زیست‌بوم جنگل، زمانی که فعالیت‌های تمام اعضای جامعه میکروبی خاک به‌طور هم‌زمان بررسی شود، می‌تواند به‌خوبی شناخته شود.

با بررسی تأثیر خصوصیات خاک در طول گرادیان ارتفاعی بر تنوع باکتری‌های خاک در جنگل‌های آتلانتیک جنوبی برزیل (Faoro *et al*., 2010) گزارش شد، باکتری‌های از خانواده اسیدوباکتریا با ۶۳درصد و پروتئوباکتریا با ۲۵درصد، بیشترین تنوع و فراوانی باکتریایی را شامل می‌شوند. در این ارتباط، ارزیابی تنوع قارچ‌های همزیست (اکتومیکوریز/ Ectomycorrhizal) با ریشه گیاهان و ساختار و توزیع جوامع میکروبی خاک در طول گرادیان ارتفاعی در رویشگاه‌های جنگلی شمال ایران (Bahram *et al*., 2012) نشان داد، کاهش میزان غنای قارچی اکتومیکوریزا با افزایش ارتفاع، مطابق با الگوی غنای کلی ماکروارگانیسم‌ها با افزایش ارتفاع از سطح دریا است. همچنین با مطالعه میکروبیوم خاک جنگل‌های هیرکانی مرکزی (Bayranvand *et al*., 2021)، گزارش می‌شود که مهم‌ترین عوامل تأثیرگذار بر پراکنش، ترکیب و تنوع باکتری‌ها و قارچ‌های خاک، عناصر شیمیایی خاک و نوع ریشه درختان جنگلی است.

دسته‌بندی کلی ریزموجودات خاک

ریزموجودهای خاک، معمولاً کمتر از یک درصد از حجم خاک را به خود اختصاص می‌دهند، درحالی‌که تعداد و تأثیرگذاری آنها در خاک بسیار زیاد است (Tedersoo et al., 2014).

ریزموجودات خاک، به‌طورکلی در دو سلسله پروکاریوت‌ها و یوکاریوت‌ها جا گرفته‌اند. ازجمله موجودات خاک در سلسله یوکاریوت‌ها (موجودات که دارای هسته حقیقی)، می‌توان جلبک‌ها، قارچ‌ها و پروتوزوها را نام برد و از ریزموجودات پروکاریوت (موجودات فاقد هسته حقیقی)، می‌توان آرکی‌باکتری‌ها و باکتری‌ها را نام برد (Miyauchi *et al*., 2020؛ Szoboszlay *et al*., 2017).

در زیست‌بوم‌های خاکی، ریزموجودات خاک می‌توانند نقش مؤثری در چرخه بیوژئوشیمیایی خاک ایفا کنند (Saitta *et al*., 2017؛ Anslan *et al*., 2018). به‌عنوان‌مثال، ریزموجودات، باعث ایجاد خاک در اثر تجزیه صخره‌ها، استحکام خاک و حفظ تعادل اکولوژیک خاک در زیست‌بوم‌های خاک‌زی می‌شوند (Tedersoo *et al*., 2020). به‌طورکلی، زی‌توده و فراوانی قارچ‌ها و باکتری‌ها و الگوی پراکنش و تنوع آنها می‌توانند با عواملی مانند اقلیم، توپوگرافی، عناصر خاک، تغییر کاربری و پوشش گیاهی، منعکس شود (Tedersoo *et al*., 2014؛ Chen *et al*., 2018) و جوامع فلور میکروبی خاک، سهم مهمی در سلامت و افزایش بهره‌وری خاک دارند (Cobo-Díaz *et al*., 2017؛ Anslan *et al*., ۲۰۱۸).

روش‌های مطالعه میکروارگانیسم‌های خاک

در دنیای امروز، تقاضای مداوم بیوتکنولوژی برای دستیابی به ژن‌های جدید، به‌خوبی شناخته شده است. به‌طوری‌که مطالعه ژنتیکی، تاکنون بهترین منبع برای شناسایی‌های جدید بوده است (Lombard *et al*., 2011).

پیش‌ازاین، مطالعات تنوع و ساختار جوامع باکتریایی و قارچی، به محیط‌های کشت و شناسایی مرفولوژیکی، محدود شده بود، درحالی‌که در سال‌های اخیر، روش‌های توالی‌یابی جدید متاژنومیکس (Metagenomics)، دیدگاه جدیدی برای مطالعه و طبقه‌بندی دقیق ریزموجودات فراهم آورده است (Szoboszlay *et al*., 2017؛ Hiiesalu *et al*., 2017).

متاژنومیکس، دانشی است که به مطالعه مجموعه ژنوم‌های متعلق به اجتماعات مختلفی از میکروارگانیسم‌ها از دیدگاه ژنتیکی می‌پردازد (Schmeisser *et al*., 2007). رویکرد جدید متاژنومیکس، یک راه‌حل مهم و کاربردی برای به‌دست‌آوردن اطلاعات درمورد جوامع میکروبی موجود در محیط‌های پیچیده مانند خاک است (Lombard *et al*., 2011؛ Szoboszlay *et al*., 2017). در بررسی‌های متاژنومیکی، امکان دسترسی به دستگاه‌ها و روش‌های دقیق و جدید برای توالی‌یابی نوکلئوتیدی مولکول‌های DNA و RNA بسیار ضروری است (Szobosz-lay *et al*., 2017؛ Hiiesalu *et al*., 2017).

مراحل متاژنومیکس به‌ترتیب شامل:

– نمونه‌برداری از محیط،

– استخراج ژنوم و اسیدنوکلئیک (که با کیت‌های اختصاصی انجام می‌شود)،

– ساخت کتابخانه ژنومی

و – تجزیه‌وتحلیل کتابخانه ژنومی است.

متاژنومیکس، همچنین امکان پاسخ به سؤالات کلیدی زیست‌محیطی را فراهم می‌سازد تا دانشمندان بتوانند توابع بالقوه را به میکروارگانیسم‌های خاص در میان جوامع چندگانه خاک، مرتبط سازند (Schmeisser *et al*., 2007؛ Lom-bard *et al*., 2011).

پژوهش‌های اخیر در زمینه تنوع میکروارگانیسم‌ها به روش‌های مختلف (کشت و ژنوم) در نقاط مختلف جهان با اهداف متفاوت در زیست‌بوم‌های مختلف انجام شده است. ازجمله مطالعات جامع انجام‌شده در زمینه تنوع میکروبیوم خاک، می‌توان به پژوهش Szoboszlay و همکاران (۲۰۱۷) اشاره کرد. در این مطالعه، تأثیر تغییرات کاربری زمین ازجمله جنگل، کشاورزی و مرتع و کربن آلی خاک، روی تنوع میکروبی خاک به روش متاژنومیکس از ۱۹ منطقه در سراسر اروپا بررسی شد. گزارش‌های مرتبط، بیان می‌کند که فراوانی باکتری‌ها و قارچ‌ها با تغییر کاربری‌ها، واکنش نشان می‌دهند

و بیشترین فراوانی و تنوع میکروبی، در کاربری جنگل مشاهده می‌شود. همچنین، تغییرات تاکسونومیکی و عملکردی میکروبیوم ریزوسفری گونه درختی راش با استفاده از تکثیر و توالی ژن 16 S rRNA (Colin *et al*., 2017) نشان داد، صرف‌نظر از شرایط خاکی، گونه‌های درختی دارای غنای مختلفی از جوامع باکتریایی برای حفظ عملکرد لازم جهت چرخش عناصر غذایی در زیست‌بوم خود هستند.

ازاین‌رو، در ادامه، به نحوه مطالعه متاژنومیکی میکروارگانیسم‌ها، جهت شناسایی، یافتن ترکیب و تنوع میکروبیوم زیست‌بوم‌های خاکی پرداخته شده است.

برای این منظور، ابتدا باید از خاک نمونه‌برداری شود. نمونه خاک در مطالعات محیطی، می‌تواند از خاک بالک یا ریزوسفر برداشته شود (Bayranvand *et al*., 2021). نمونه‌برداری از خاک با استفاده از آگر با قطر ۵ سانتی‌متری ترجیحاً در لوله‌های پلی‌وینیل‌کلراید (PVC با قطر ۵ سانتی‌متر) خواهد بود و در شرایط سرد نگهداری می‌شود (Teder-soo *et al*., 2014). نمونه خاک در جعبه‌های حاوی یخ به آزمایشگاه منتقل می‌شوند و برای آنالیزهای میکروبی خاک در فریزر با دمای ۸۰- درجه سلسیوس نگهداری خواهند شد (Chen *et al*., 2018).

پس از برداشت نمونه‌های خاک، فلور میکروبی آنها باید اندازه‌گیری شود. به‌این‌منظور، استخراج DNA متاژنوم از نمونه‌ها، می‌تواند با استفاده از روش‌های آزمایشگاهی و کیت‌های تجاری انجام شود. کیفیت DNA متازنومی استخراجی، با استفاده از دستگاه نانودراپ و ژل الکتروفورز آگارز بررسی می‌شود. برای تکثیر و شناسایی مولکولی، قطعه‌ای ژن 16SrDNA (جهت شناسایی فلور باکتریایی) و ITS (جهت شناسایی فلور قارچی) که طولی مناسب برای توالی‌یابی داشته باشد، در نظر گرفته می‌شود و با استفاده از سیستم Miseq بررسی می‌شود. جهت آنالیز متاژنوم نمونه‌ها، از سیستم Miseq کمپانی ایلومینا استفاده می‌شود (www.illumina.com).

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) با استفاده از پرایمرهای فوروارد در ترکیب با پرایمر ریورس انجام می‌شود. محصول PCR از روی ژل، جداسازی و به کمک کیت‌های تجاری (Qiaquick gel ex-traction kit (Qiagen))، خالص‌سازی و با استفاده از روش Qu-bit Fluorometer کمپانی Invitrogen، کمیت‌سنجی می‌شود.

مقدار ۳۰ میکرولیتر از محصولات PCR تخلیص‌شده از ژل در قالب یک flowcell کامل Miseq به شرکت ماکروژن کره جنوبی یا انستیتو BGI چین برای توالی‌یابی ارسال می‌شود.

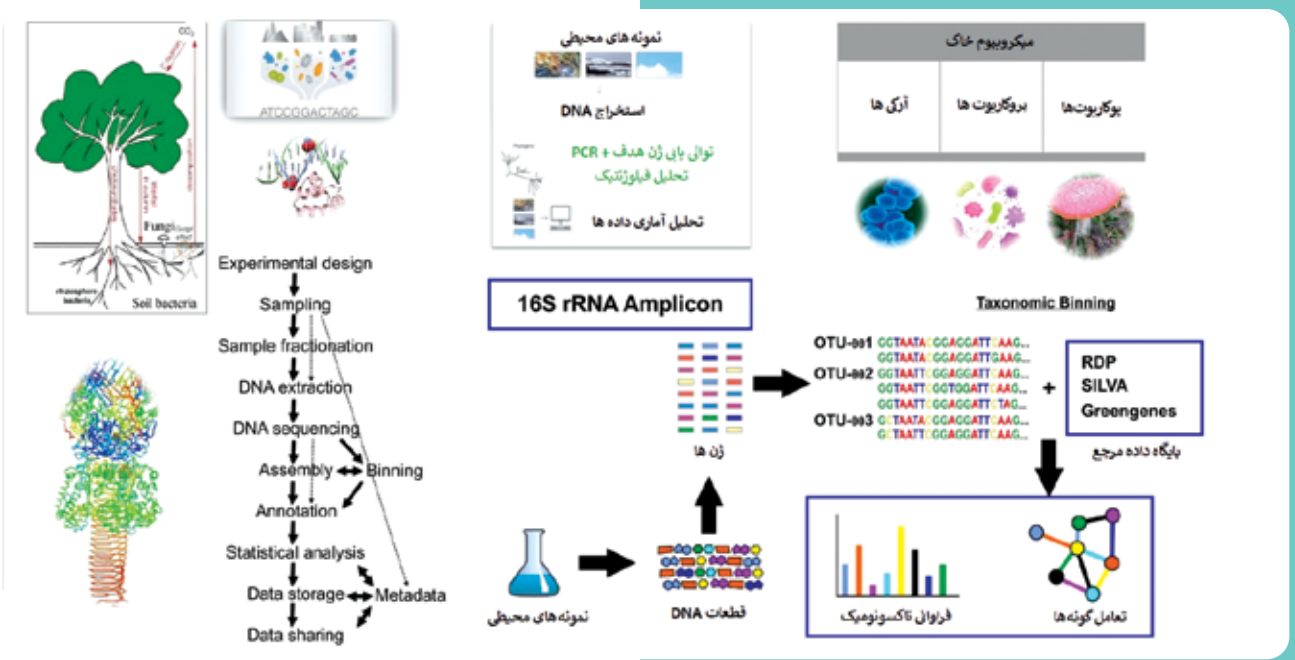
شکل ۲- نحوه نمونه‌برداری، عوامل تأثیرگذار و روند کلی مطالعه میکروبیوم خاک

برای آنالیز توالی‌های به‌دست‌آمده، از نرم‌افزارهای تحت پایتون با نام QIIME و MOTHUR استفاده می‌شود (Caporaso *et al.*, 2010).

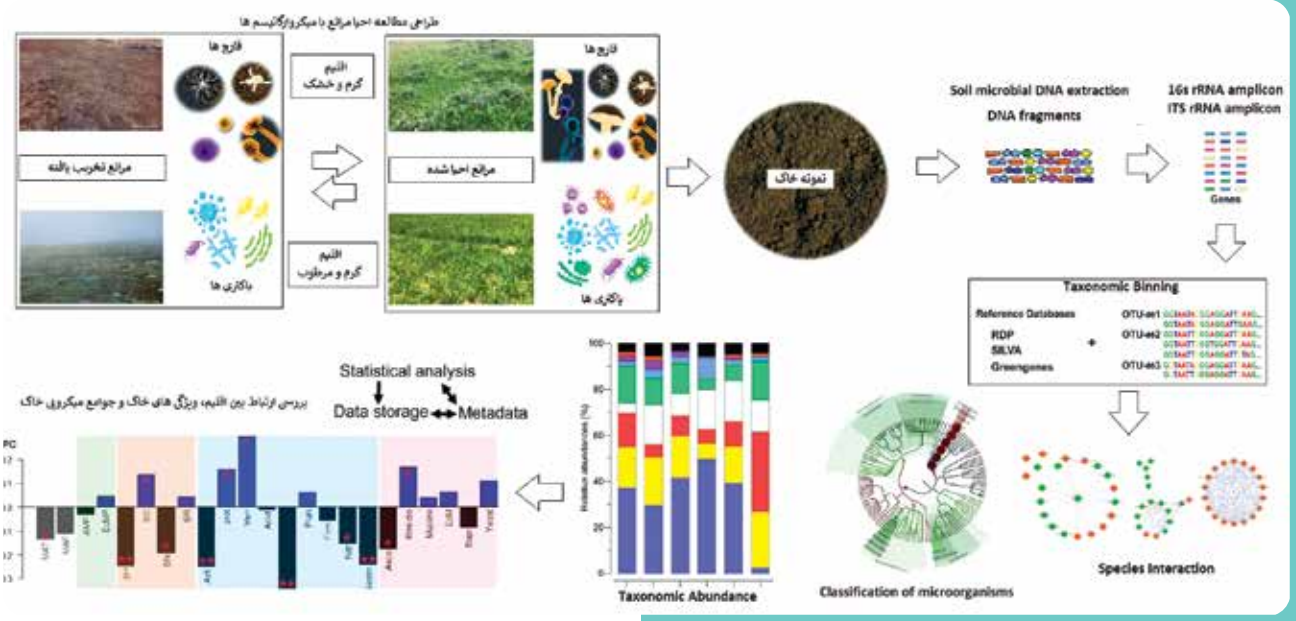
در مرحله بعد، توالی‌های OTU (Operational Taxonomic Units) با شباهت بیش از ۹۷درصد بر پایه روش de novo و با نرم‌افزار QIIME دسته‌بندی و شناسایی می‌شوند. توالی‌هایی که ۹۷درصد یا بیشتر شباهت داشته باشند در یک گروه، قرار گرفته و نشان‌دهنده سویه‌های یک گونه هستند. درحقیقت، در این مرحله، هر توالی OTU، به یک باکتری یا قارچ نسبت داده می‌شود. برای این منظور، می‌توان از اطلاعات توالی‌های موجود در بانک اطلاعات Greengenes با استفاده از الگوریتم RDP classifier استفاده کرد.

درنهایت، جدول OTU که نشان‌دهنده فراوانی هر OTU در هرنمونه است، تهیه می‌شود. این جدول، علاوه‌بر اینکه نشان‌دهنده فراوانی هر OTU است، اطلاعات تاکسونومی آنها را نیز نشان می‌دهد. درآخر، توالی‌های خام در بایگانی NCBI ثبت می‌شوند.

در این ارتباط، برای مثال، نمونه‌ای از نتایج حاصل از جدول OUT حاصل از مطالعه میکروبیوم خاک به روش متاژنومیکس



شکل ۳- نحوه و نمای کلی مطالعه میکروبیوم خاک در ریزوسفر گونه‌های درختی و زیست‌بوم‌های جنگلی (تهیه‌شده توسط نویسنده)



شکل ۴- نحوه و نمای کلی یک نمونه مطالعه میکروبیوم خاک در زیست‌بوم‌های مرتعی (تهیه‌شده توسط نویسنده)

در جنگل‌های هیرکانی، در شکل ۵ ارائه شده است. بر مبنای مطالعات، فراوان‌ترین فیلوم باکتریایی در سطح شیب ارتفاعی جنگل‌های هیرکانی مرکزی، به‌ترتیب اکتینوباکترها (Actino-bacteria) و پروتئوباکترها (Proteobacteria) (۲۹/۹ و ۲۵/۲ درصد) و پس از آن وروکومیکروب‌ها (Verrucomi-crobia)، اسیدوباکترها (Acidobacteria)، کلروفلکسی‌ها (Chloroflexi) و پلانکتومیست‌ها (Planctomycetes) (به‌ترتیب ۳/۴۴، ۱۲/۳، ۶/۲ و ۵/۵ درصد) و فیرمیکوت‌ها (Firmicutes)، نیترواسپنس‌ها (Nitrospirae) و گماتیمونادتس‌ها (Gemma-timonadetes) بین ۵ تا ۱ درصد فراوانی کل باکتریایی خاک جنگل را به‌خود اختصاص داده بودند. همچنین، فیلوم باکتری‌های باکتریودست‌ها (Bacteroidetes) و سیانوباکتری‌ها (Cyanobac-tria) فراوانی کمتر از یک درصد را نشان داده‌اند. فراوان‌ترین فیلوم قارچی مربوط به آسکومیکوتاها (*Ascomycota*) (۶۰/۸درصد)، پساز آنباسیدومیکوتاها (*Basidiomycota*) (۳۷/۳درصد) و موکورومیکوتاها (*Mucoromycota*) (۲/۱درصد) بود (Bayran-vand *et al*., 2021).

نتیجه‌گیری کلی

تغییرات میکروبیوم خاک در زیست‌بوم‌های خاکی، با مشخصه‌های خاک و ریشه درختان همزیست مرتبط هستند و می‌توانند از عوامل اصلی تغییر در ترکیب جامعه میکروبی باشند. ریزموجودات خاک ازجمله باکتری‌ها و قارچ‌ها، نقش کلیدی در تولید آنزیم‌های خاک و تجزیه موادآلی ایفا می‌کنند. ازاین‌رو، شناسایی آنها با روش‌های نوین و دقیق مولکولی مانند روش‌های مبتنی بر متاژنومیکس، می‌تواند درک ما را از مطالعه بوم‌شناسی خاک رویشگاه‌های جنگلی و مرتعی بالا ببرد. با استفاده از روش‌های جدید مولکولی، می‌توان به ترکیب مناسب ریزموجودات خاک‌زی پی برد و رابطه آنها را با چرخه‌های عناصر غذایی، پوشش گیاهی، عوامل اقلیمی و توپوگرافی، به‌طور دقیق بررسی کرد. درنهایت، با شناخت روابط دقیق میکروبی زیست‌بوم‌های جنگلی و مرتعی که از عوامل اصلی تولید آنزیم و تجزیه مواد هستند، الگوی مناسبی را از کیفیت خاک ارائه داد. این امر، همچنین می‌تواند به تولیدکنندگان کودهای زیستی و میکروبی، این امکان را بدهد که بهترین ترکیب باکتری‌ها و قارچ‌های هر منطقه را همگام با الگو گرفتن از طبیعت شناسایی کنند و به ساخت کودهای زیستی با کیفیت اهتمام ورزند.

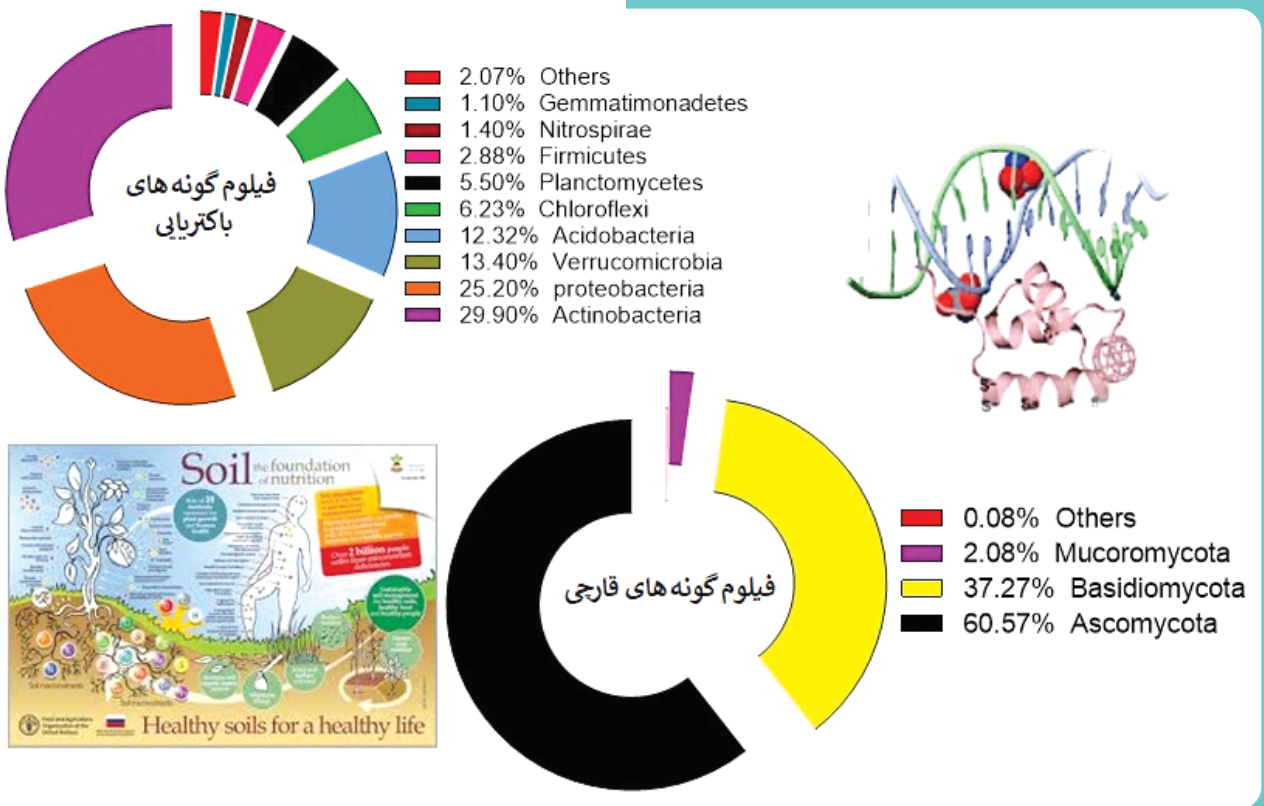
برهمین‌اساس

– شناسایی سویه‌های قارچی و باکتریایی مفید در رابطه با چرخه‌های مواد غذایی جهت بالا بردن کیفیت خاک،

– مطالعه قارچی و باکتریایی ریزوسفر گونه‌های درختی بومی به‌منظور شناخت همزیستی میکروبی آنها،

– بررسی فعالیت میکروبیوم نواحی چندگانه رویشی جهت درک روابط اکولوژی میکروب‌ها

و – مطالعه تنوع و ترکیب میکروبیوم کاربری‌های مختلف خاک‌زی و



شکل ۵– نتایج حاصل از جدول OTU به‌دست‌آمده مربوط به فراوانی نسبی باکتری‌ها و قارچ‌های خاک در سطح فیلوم در جنگل‌های هیرکانی مرکزی (Bayranvand *et al*., 2021)

شناسایی سویه‌های غالب برای هر کاربری،
باید در دستور کار بخش‌های تحقیقاتی و آموزشی قرار گیرد.

منابع

Anslan, S., Bahram, M. and Tedersoo, L., 2018. Seasonal and annual variation in fungal communities associated with epigeic springtails (Collembola spp.) in boreal forests. Soil Biology and Biochemistry, 116:245-252.

Bahram, M., Põlme, S., Kõljalg, U., Zarre, S., Tedersoo, L., 2012. Regional and local patterns of ectomycorrhizal fungal diversity and community structure along an altitudinal gradient in the Hyrcanian forests of northern Iran. New Phytologist, 193 (2): 465-473.

Bardgett, R., 2005. The biology of soil: a community and ecosystem approach. Oxford university press.

Bayranvand, M., Akbarinia, M., Salehi Jouzani, G., Gharechahi, J., Kooch, Y. and Baldrian, P., 2021. Composition of soil bacterial and fungal communities in relation to vegetation composition and soil characteristics along an altitudinal gradient. FEMS microbiology ecology, 97(1): p. fiaa201.

Bayranvand, M., Akbarinia, M., Salehi Jouzani, G., Gharechahi, J., Baldrian, P., (2021). Distribution of soil extracellular enzymatic, microbial, and biological functions in the C and N-cycle pathways along a forest altitudinal gradient, Frontiers in Microbiology, 12: p.660603.

p.660603.https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.660603.Burgers, A. ed., 2012. Soil biology. Elsevier.

Caporaso, J.G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F.D., Costello, E.K., Fierer, N., Pena, A.G., Goodrich, J.K., Gordon, J.I. and Huttley, G.A., 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature methods, 7(5): 335-336.

Chen, W., Xu, R., Wu, Y., Chen, J., Zhang, Y., Hu, T., Yuan, X., Zhou, L., Tan, T. and Fan, J., 2018. Plant diversity is coupled with beta not alpha diversity of soil fungal communities following N enrichment in a semi-arid grassland. Soil Biology and Biochemistry, 116: 388-398.

Cobo-Díaz, J.F., Fernández-González, A.J., Villadas, P.J., Toro, N., Tringe, S.G. and Fernández-López, M., 2017. Taxonomic and functional diversity of a Quercus pyrenaica willd. rhizospheric microbiome in the Mediterranean mountains. Forests, 8(10): p.390.

Colin, Y., Nicolitch, O., Nostrand, J.D., Zhou, J.Z., Turpault, M.P. and Uroz, S., 2017. Taxonomic and functional shifts in the beech rhizosphere microbiome across a natural soil toposequence. Scientific reports, 7(1): 9604.

D Kladivko, E.J. and Clapperton, M.J., 2011. Soil biology. Soil management: Building a stable base for agriculture, 145-160.

Faoro, H., Alves, A.C., Souza, E.M., Rigo, L.U., Cruz, L.M., Al-Janabi, S.M., Monteiro, R.A., Baura, V.A. and Pedrosa, F.O., 2010. Influence of soil characteristics on the diversity of bacteria in the Southern Brazilian Atlantic Forest. Applied and environmental microbiology, 76(14): 4744-4749.

Hiiesalu, I., Bahram, M. and Tedersoo, L., 2017. Plant species richness and productivity determine the diversity of soil fungal guilds in temperate coniferous forest and bog habitats. Molecular ecology, 26(18): 4846-4858.

Hiiesalu, I., Bahram, M. and Tedersoo, L., 2017. Plant species richness and productivity determine the diversity of soil fungal guilds in temperate coniferous forest and bog habitats. Molecular ecology, 26(18): 4846-4858.

Liang, Z., Ruixue, Y., Huiyan, W., Xinbao, L., Wei, X., He, Y., Yixin, S., Jianlong, L. and Zhengguo, S., 2024. Effects of exogenous organic acids and biological substrates on the structural characteristics of soil bacterial communities in coastal mudflat soils of salt-tolerant forage growth field.

Lladó, S., López-Mondéjar, R. and Baldrian, P., 2017. Forest soil bacteria: diversity, involvement in ecosystem processes, and response to global change. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 81(2): e00063-16.

Lombard, N., Prestat, E., van Elsas, J.D. and Simonet, P., 2011. Soil-specific limitations for access and analysis of soil microbial communities by metagenomics. FEMS microbiology ecology, 78: 31-49.

Miyauchi, S., Kiss, E., Kuo, A., Drula, E., Kohler, A., Sánchez -García, M., Morin, E., Andreopoulos, B., Barry, K.W., Bonito, G. and Buée, M., 2020. Large-scale genome sequencing of mycorrhizal fungi provides insights into the early evolution of symbiotic traits. Nature communications, 11(1): p.5125.

Paul, E.A., 2024. Continuing our excellence in soil microbiology, ecology, and biochemistry and using it to achieve a sustainable future. In Soil Microbiology, Ecology and Biochemistry, (1-12).

Saitta, A., Anslan, S., Bahram, M., Brocca, L. and Tedersoo, L., 2017. Tree species identity and diversity drive fungal richness and community composition along an elevational gradient in a Mediterranean ecosystem. Mycorrhiza, 28:39-47.

Schmeisser, C., Steele, H. and Streit, W.R., 2007. Metagenomics, biotechnology with non-culturable microbes. Applied microbiology and biotechnology, 75: 955-962.

Šnajdr, J., Dobiášová, P., Urbanová, M., Petránková, M., Cajthaml, T., Frouz, J. and Baldrian, P., 2013. Dominant trees affect microbial community composition and activity in post-mining afforested soils. Soil Biology and Biochemistry, 56:105-115.

Szoboszlay, M., Dohrmann, A.B., Poeplau, C., Don, A. and Tebbe, C.C., 2017. Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe. FEMS microbiology ecology, 93: fix146.

Tedersoo, L., Bahram, M. and Zobel, M., 2020. How mycorrhizal associations drive plant population and community biology. Science, 367(6480): p. eaba1223.

Tedersoo, L., Bahram, M., Põlme, S., Kõljalg, U., Yorou, N.S., Wijesundera, R., Ruiz, L.V., Vasco-Palacios, A.M., Thu, P.Q., Suija, A. and Smith, M.E., 2014. Global diversity and geography of soil fungi. Science, 346 (6213),: p.1256688.

Wołejko, E., Jabłońska-Trypuć, A., Wydro, U., Butarewicz, A. and Łozowicka, B., 2020. Soil biological activity as an indicator of soil pollution with pesticides–a review. Applied Soil Ecology, 147: p.103356.

Wu, S.H., Huang, B.H., Huang, C.L., Li, G. and Liao, P.C., 2018. The Aboveground vegetation type and underground soil property mediate the divergence of soil microbiomes and the biological interactions. Microbial ecology, 75(2): 434-446.

Xing, W., Hu, N., Li, Z., Feng, L., Zhang, W., Du Preez, G., Zhang, H., Li, D., Lu, S., Chang, S.X. and Zhang, Q., 2024. Soil enzyme profile analysis for indicating decomposer micro-food web. iMeta, p.e161.