بسم الله الرحمن الرحيم

وزارت علوم، تحقیقات و فناوری
دانشگاه تربت حیدریه

میکروبیوم گیاهی برای بهره‌وری گیاه و کشاورزی پایدار

Plant Microbiome for Plant Productivity and Sustainable Agriculture

ساگار چابرا، رام پراساد، ناگا راجو مادلا و نارندرا توتجا

محبوبه ناصری
احمد الفت

۱۴۰۵

عنوان و نام پدیدآور	:	میکروبیوم گیاهی برای بهره‌وری گیاه و کشاورزی پایدار/ [ویراستاران] ساگار چابرا... [و دیگران]؛ [مترجم] محبوبه ناصری، احمد الفت.
مشخصات نشر	:	تربت حیدریه: دانشگاه تربت حیدریه، انتشارات، ۱۴۰۴.
مشخصات ظاهری	:	۷۱۰ص.:مصور، جدول.
شابک	:	978-600-8335-49-8
وضعیت فهرست نویسی	:	فیپا
یادداشت	:	[ویراستاران] ساگار چابرا، رام پراساد، ناگاراجومادلا، نارندرا توتجا.
یادداشت	:	عنوان اصلی: Plant Microbiome for Plant Productivity and Sustainable Agriculture
موضوع	:	گیاهان – همبستگی های میکربی Plant-microbe relationships کشاورزی پایدار Sustainable agriculture فراورده های زراعی -- بازدهی Crop yields
شناسه افزوده	:	چابرا، ساگار، ویراستار
شناسه افزوده	:	Chhabra, Sagar
شناسه افزوده	:	ناصری، محبوبه، ۱۳۵۹–، مترجم
شناسه افزوده	:	الفت، احمد، ۱۳۵۳–، مترجم
شناسه افزوده	:	دانشگاه تربت حیدریه، انتشارات
رده بندی کنگره	:	QR ۳۵۱
رده بندی دیویی	:	۵۷۹/۱۷۸
شماره کتابشناسی ملی	:	۱۰۲۱۴۸۹۱

این اثر مشمول قانون حمایت از مؤلفان و مصنفان و هنرمندان است. هرکس تمام یا قسمتی از این اثر را بدون اجازه ناشر، نشر، پخش یا عرضه کند مورد پیگرد قانونی قرار خواهد گرفت.

عنوان کتاب: میکروبیوم گیاهی برای بهره‌وری گیاه و کشاورزی پایدار

نویسنده: ساگار چابرا، رام پراساد، ناگا راجو مادلا و نارندرا توتجا

مترجم/مترجمان: محبوبه ناصری، احمد الفت

چاپ اول

سال

شابک: ۸-۴۹-۸۳۳۵-۶۰۰-۹۷۸

بها:

نشانی ناشر: تربت حیدریه، کیلومتر هفت جاده مشهد، دانشگاه دولتی تربت حیدریه

مسئولیت کلیه مطالب این کتاب به عهده نگارنده می‌باشد. دانشگاه تربت حیدریه هیچگونه مسئولیتی در قبال صحت و سقم مطالب ندارد.

فهرست مطالب

مقدمه مترجمان xv

فصل اول: میکروبیوم‌های قارچی: پتانسیل مؤثر برای ارتقای رشد گیاه و فرصت‌هایی برای کشاورزی ۱

خلاصه ۱

۱-۱ مقدمه ۲

۱-۲ میکروبیوم قارچی (مایکوبیوم‌ها) ۴

۱-۲-۱ نشانگرهای مولکولی و متاژنومیکس قارچی در کشاورزی ۴

۱-۲-۲ مایکوبیوم‌های واقعی و بهداشت گیاهی ۷

۱-۳ مایکوبیوم و کشاورزی پایدار ۹

۱-۳-۱ مایکوبیوم‌ها رشد گیاه را تقویت می‌کنند ۹

۱-۳-۲ میکروبیوم‌های قارچی محرک رشد گیاه در مدیریت بیماری ۱۰

۱-۴ اگرواکولوژی، کشاورزی پایدار و میکروبیوم‌های قارچی ۱۲

۱-۵ فرصت‌هایی برای کاربردهای جدید جوامع قارچی مفید جهت بهبود خاک، رشد و سلامت گیاهان ۱۵

۱-۵-۱ مدیریت خاک و کوددهی ۱۶

۱-۵-۲ تنوع محصول در مقیاس محلی ۱۸

۱-۵-۳ سه‌گانه تاریک زراعی: علف‌های هرز، آفات و بیماری‌ها ۱۹

۱-۶ نتیجه‌گیری ۲۲

منابع ۲۳

فصل دوم: کشف رویدادها و مفاهیم مدرن میکروبیوم ریزوسفر در رابطه با بهره‌وری گیاه ۳۱

خلاصه ۳۱

اختصارات ۳۲

۲-۱ مقدمه ۳۳

۲-۲ ترکیب، فراوانی و تنوع میکروبیوم ریزوسفر ۳۴

۲-۳ انواع تعاملات بین میکروب‌ها و گیاهان ۳۴

۲-۳-۱ فعل‌وانفعالات منفی در ریزوسفر ۳۶

۲-۳-۲ فعل‌وانفعالات مثبت در ریزوسفر ۳۷

۲-۴ تکامل برهمکنش گیاه و میکروب ۳۷
۲-۵ اجتماع میکروبیوم ریزوسفر ۳۹
۲-۵-۱ عوامل مؤثر بر تجمع جامعه میکروبی در ریزوسفر ۴۱
۲-۵-۱-۱ رشد گیاه، متابولیت ریشه و اجتماع میکروبیوم، ریزوسفر را تغییر می‌دهد ۴۲
۲-۵-۱-۲ تنش‌های غیرزنده و زنده تراوش ریشه را تعدیل و میکروبیوم ریزوسفر را جذب می‌کند ۴۳
۲-۶ تأثیر جوامع ریزوسفر بر رشد گیاه و مقاومت در برابر بیماری‌ها ۴۵
۲-۶-۱ مهندسی ریزوسفر ۴۷
۲-۶-۲ مهندسی با واسطه گیاه ۴۸
۲-۶-۳ مهندسی با واسطه میکروبیوم ۴۹
۲-۶-۴ مهندسی اثرات متقابل بین گیاهان و میکروب‌ها ۵۲
۲-۷ تکنیک‌های مرتبط با میکروبیوم ریزوسفر در رابطه با بهره‌وری گیاه ۵۵
۲-۷-۱ ژنومیکس ۵۶
۲-۷-۱-۱ واکنش زنجیره‌ای پلیمراز ۵۷
۲-۷-۲ چند شکلی طول قطعه محدود ۵۷
۲-۷-۳ تعیین توالی DNA ۵۸
۲-۷-۴ خصوصیات میکروبیوم ریزوسفر با توالی‌یابی نسل بعدی ۵۸
۲-۷-۵ شبیه‌سازی DNA ۵۹
۲-۷-۶ استراتژی‌های ترکیبی ۵۹
۲-۸ متاژنومیکس ۶۰
۲-۸-۱ روش‌های متاژنومیکس یکپارچه ۶۱
۲-۹ ابزار بیوانفورماتیک ۶۲
۲-۹-۱ نرم افزار تجزیه‌وتحلیل متاژنوم ۶۲
۲-۹-۲ رونویسی ۶۳
۲-۹-۳ روش‌های پروتئومیکس ۶۵
۲-۹-۴ روش‌های متاپروتئومیکس ۶۷
۲-۹-۵ متابولومیک ۶۸
۲-۹-۶ فنومیک ۷۰
۲-۱۰ نقش CRISPR برای توسعه گیاهان ۷۱
۲-۱۱ مبانی تعاملات گیاه و میکروب با واسطه CRISPR در کشاورزی ۷۳

۱۲-۲ نتیجه‌گیری ۷۵
منابع ۷۵

فصل سوم: نقش میکروبیوم ریشه در استفاده از صفات عملکردی برای افزایش بهره‌وری گیاه ۹۱
خلاصه ۹۱
۳-۱ مقدمه ۹۲
۳-۲ مروری بر میکروبیوم ریشه ۹۶
۳-۳ ویژگی‌های عملکردی برای افزایش بهره‌وری گیاه ۹۹
۳-۳-۱ کودهای زیستی موثر بر دسترسی و جذب عناصر غذایی معدنی از طریق ریشه ۹۹
۳-۳-۱-۱ تثبیت نیتروژن ۹۹
۳-۳-۱-۲ فراهمی زیستی فسفر و جذب آن ۱۰۲
۳-۳-۱-۳ افزایش فراهمی زیستی آهن خاک از طریق سیدروفورهای باکتریایی ۱۰۵
۳-۳-۲ تحمل به خشکی ۱۰۸
۳-۳-۳ کنترل زیستی بیماری‌های گیاهی ۱۱۰
۳-۳-۴ باکتری‌های تولیدکننده هورمون گیاهی ۱۱۳
۳-۳-۴-۱ ایندول-۳-اسید استیک (IAA) ۱۱۴
۳-۳-۴-۲ سیتوکینین ۱۱۶
۳-۳-۴-۳ فعالیت دآمیناز ACC و اتیلن ۱۱۶
۳-۴ نتیجه گیری ۱۱۸
۳-۴-۱ بررسی‌های سطح ژنوم میکروبیوم ریشه و Holo-Omics برای بهره‌برداری کامل از ویژگی‌های عملکردی میکروبیوم ۱۱۸
منابع ۱۲۱

فصل چهارم: میکروبیوم زراعی برای کشاورزی پایدار با منابع ویژه نانوبیولوژی ۱۳۵
خلاصه ۱۳۵
۴-۱ مقدمه ۱۳۶
۴-۲ نانوتکنولوژی در کشاورزی پایدار ۱۳۸
۴-۲-۱ نانومواد شیمیایی کشاورزی ۱۳۹
۴-۳ نانوذرات و میکروبیوم‌های گیاهی ۱۴۲
۴-۳-۱ تأثیر مثبت ۱۴۳
۴-۳-۲ تأثیر منفی ۱۴۵

۳-۳-۴ نقش نانومواد در تنش غیرزیستی محصول ۱۴۶
۴-۴ رویدادها و چالش‌های آینده ۱۴۷
۵-۴ نتیجه‌گیری ۱۴۷
منابع ۱۴۸

فصل پنجم: تغییرات در میکروبیوم گیاهی در پاسخ به تنش غیرزنده ۱۶۳
خلاصه ۱۶۳
۱-۵ مقدمه ۱۶۴
۲-۵ تنش‌های غیرزنده و گیاهان ۱۶۷
۱-۲-۵ پیامدهای خشکی ۱۶۷
۲-۲-۵ عواقب سیل ۱۶۹
۳-۲-۵ عواقب شوری ۱۷۰
۴-۲-۵ عواقب گرمای زیاد ۱۷۲
۵-۲-۵ پیامدهای فلزات سنگین ۱۷۳
۶-۲-۵ پیامدهای کمبود تغذیه ۱۷۵
۳-۵ میکروبیوم ۱۷۶
۱-۳-۵ نقش میکروبیوم در مبارزه با خشکی ۱۷۷
۲-۳-۵ نقش میکروبیوم در کاهش سیل ۱۸۰
۳-۳-۵ نقش میکروبیوم در کاهش شوری ۱۸۱
۴-۳-۵ نقش میکروبیوم در کاهش دماهای شدید ۱۸۳
۵-۳-۵ نقش میکروبیوم به‌عنوان بهبود دهنده اثرات فلزات سنگین ۱۸۴
۶-۳-۵ نقش میکروبیوم در رفع کمبود عناصر غذایی ۱۸۵
۴-۵ بینش کنونی و چشم انداز پژوهشی آینده ۱۸۷
۵-۵ نتیجه‌گیری ۱۸۷
منابع ۱۸۸

فصل ششم: پتانسیل عملکردی میکروبیوم گیاهی برای کشاورزی پایدار در شرایط تنش‌های غیرزنده ۱۹۷
خلاصه ۱۹۷
۱-۶ مقدمه ۱۹۸
۲-۶ نقش میکروبیوم گیاهی در تحمل تنش فلزی ۱۹۹

۶-۳ نقش میکروبیوم گیاهی در تحمل به تنش خشکی ۲۰۰
۶-۴ نقش میکروبیوم گیاهی در تحمل به تنش شوری ۲۰۱
۶-۵ کشاورزی پایدار در سناریوهای آینده ۲۰۲
منابع ۲۱۰

فصل هفتم: اجتماع مفید میکروب‌های گیاهی برای کشاورزی پایدار ۲۲۱
خلاصه ۲۲۱
۷-۱ مقدمه ۲۲۲
۷-۲ برهمکنش‌های میکروبی مفید در گیاهان ۲۲۵
۷-۳ برهمکنش میکروبیوم ریزوسفر ۲۲۶
۷-۳-۱ گره‌سازی ریزوبیوم: یک تعامل مفید میکروب - گیاه ۲۲۸
۷-۳-۲ ازتوباکتر ۲۳۳
۷-۳-۳ آزوسپیریلوم ۲۳۷
۷-۳-۴ اثر متقابل Actinorhizal (فرانکیا-گیاهان). ۲۴۰
۷-۳-۵ فعل و انفعال میکوریزی ۲۴۴
۷-۳-۵-۱ قارچ‌های برون‌ریشه ۲۴۵
۷-۳-۵-۲ قارچ‌های درون‌ریشه ۲۴۶
۷-۳-۵-۳ اندوفیت‌های قارچی ۲۴۸
۷-۳-۶ مزایای فعل و انفعالات قارچ-گیاه ۲۴۹
۷-۳-۶-۱ سلامت خاک ۲۴۹
۷-۳-۶-۲ جذب نیتروژن ۲۵۱
۷-۳-۶-۳ انتقال فسفات ۲۵۲
۷-۳-۶-۴ انتقال سایر عناصر غذایی خاک ۲۵۲
۷-۳-۶-۵ تبادل متقابل مواد معدنی ۲۵۴
۷-۳-۶-۶ مقاومت به خشکی ۲۵۵
۷-۳-۶-۷ تحمل تنش شوری ۲۵۶
۷-۳-۶-۸ تحمل فلزات سنگین ۲۵۹
۷-۳-۶-۹ سازگاری در دمای بالا و پایین ۲۶۱
۷-۴ تجمع میکروبی مفید در فیلوسفر ۲۶۲
۷-۴-۱ میکروبیوم فیلوسفر ۲۶۴

۷-۴-۱-۱ باکتری فیلوسفر ۲۶۴
۷-۴-۱-۲ قارچ‌های فیلوسفر ۲۶۶
۷-۴-۱-۳ اکتینومیست‌های فیلوسفر ۲۶۸
۷-۴-۲ کارکردهای میکروارگانیسم فیلوسفر برای کشاورزی پایدار ۲۶۸
۷-۴-۲-۱ جذب موادی غذایی برای رشد گیاه ۲۶۸
۷-۴-۲-۲ کنترل بیولوژیکی ۲۷۰
۷-۴-۲-۳ فعالیت ضد حشرات ۲۷۳
۷-۴-۲-۴ تحمل تنش میزبان ۲۷۴
۷-۵ PGBs فرمولاسیون تلقیح زیستی برای کشاورزی پایدار ۲۷۶
۷-۵-۱ اجتماع میکروبی به‌عنوان Bioinoculum ۲۷۸
۷-۶ مهندسی میکروبیوم میزبان برای کشاورزی پایدار ۲۸۱
۷-۶-۱ مهندسی میکروبیوم ریزوسفر ۲۸۲
۷-۷ نتیجه‌گیری ۲۸۵
منابع ۲۸۷

فصل هشتم: میکروبیوم گیاهان: تنوع، توزیع و عملکرد آن‌ها برای کشاورزی پایدار ۳۴۵
خلاصه ۳۴۵
۸-۱ مقدمه ۳۴۶
۸-۲ میکروبیوم گیاهی:تنوع، ترکیب و توزیع ۳۴۶
۸-۳ رویکردهای مطالعه تنوع میکروبیوم گیاهی ۳۴۸
۸-۴ عوامل مؤثر بر تنوع میکروبیوم گیاهی ۳۵۳
۸-۴-۱ تأثیر سازمان ژنومی ۳۵۳
۸-۴-۲ تأثیر فعالیت‌های کشاورزی ۳۵۵
۸-۴-۳ تأثیر تلقیح زیستی ۳۵۵
۸-۴-۴ تأثیر عوامل بیماریزا ۳۵۶
۸-۴-۵ اثرات عوامل غیرزنده ۳۵۷
۸-۵ نقش میکروبیوم گیاهی در کشاورزی پایدار ۳۵۸
۸-۶ روندهای فعلی و چشم‌اندازهای آینده ۳۶۰
منابع ۳۶۱

فصل نهم: رمزگشایی ارتباط میکروب‌های مفید گیاهی با آخرین تکنیکها برای کشاورزی پایدار ۳۷۱
خلاصه ۳۷۱
۹-۱ مقدمه ۳۷۲
۹-۱-۱ میکروبیوم‌ها و پتانسیل‌ها ۳۷۳
۹-۲ تحمل تنش غیرزنده و زنده ۳۷۵
۹-۲-۱ تنش غیرزنده و پتانسیل میکروبی ۳۷۵
۹-۲-۲ تنش نمک و تنش فلزات سنگین ۳۷۵
۹-۲-۳ تنش حرارتی و تشعشعی ۳۷۶
۹-۲-۴ تنش خشکی ۳۷۷
۹-۳ تنش بیوتیک و پتانسیل میکروبی ۳۷۷
۹-۴ رویکردهای مدرن برای کشاورزی پایدار ۳۷۹
۹-۴-۱ تکرارهای کوتاه پالیندرومیک با فاصله منظم (CRISPR)/سیستم Cas ۳۸۰
۹-۴-۲ ویرایش ژن ۳۸۱
۹-۴-۳ رونویسی فعال مانند افکتور در نوکلئاز (TALEN) ۳۸۲
۹-۵ ابزارها و تکنیک‌های تحلیلی ۳۸۳
۹-۵-۱ کروماتوگرافی گازی - طیف‌سنجی جرمی (GC-MS) ۳۸۴
۹-۵-۲ الکتروفورز مویرگی - طیف‌سنجی جرمی ۳۸۵
۹-۵-۳ طیف‌سنجی جرمی رزونانس یون سیکلوترون تبدیل فوریه (FTICR-MS) ۳۸۵
۹-۵-۴ دفع/یونیزاسیون لیزر به کمک ماتریکس (MALDI) ۳۸۶
۹-۵-۵ تشدید مغناطیسی هسته‌ای (NMR) ۳۸۶
۹-۶ رویکردهای اومیکس ۳۸۷
۹-۶-۱ ژنومیک ۳۸۷
۹-۶-۲ رونویسی ۳۸۸
۹-۶-۳ پروتئومیکس ۳۸۹
۹-۶-۴ متابولومیک ۳۸۹
۹-۷ نتیجه‌گیری ۳۹۰
منابع ۳۹۱

فصل دهم: میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات: کاربردهای متنوع ۴۰۱
خلاصه ۴۰۱
۱۰-۱ مقدمه ۴۰۲

۱۰-۲ فسفر در خاک ۴۰۳
۱۰-۳ میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات ۴۰۴
۱۰-۴ ضرورت وجود میکروارگانیسم حل‌کننده فسفات ۴۰۵
۱۰-۵ مکانیسم‌های حل‌شدن فسفات ۴۰۶
۱۰-۵-۱ حل‌شدن فسفات معدنی ۴۰۷
۱۰-۵-۲ حل‌شدن فسفات آلی ۴۰۹
۱۰-۵-۳ فسفاتاز ۴۰۹
۱۰-۵-۴ فیتاز ۴۱۰
۱۰-۵-۵ فسفوناتازها ۴۱۲
۱۰-۶ کاربرد میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات ۴۱۲
۱۰-۶-۱ میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات به‌عنوان محرک رشد گیاه ۴۱۲
۱۰-۶-۲ میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات در بازسازی اکولوژیکی و چرخه فسفر ۴۱۴
۱۰-۶-۳ میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات در کشاورزی پایدار ۴۱۵
۱۰-۶-۱ میکروارگانیسم‌های حل‌کننده فسفات در تثبیت فلزات سنگین ۴۱۶
۱۰-۷ نتیجه‌گیری ۴۱۹
منابع ۴۲۰

فصل یازدهم: باکتری‌های Bacillus و Streptomyces جهت مدیریت تنش‌های زیستی در گیاهان برای کشاورزی پایدار ٤٣١
خلاصه ۴۳۱
۱۱-۱ مقدمه ۴۳۲
۱۱-۱-۱ کلیات ۴۳۲
۱۱-۲ تنش زیستی ۴۳۳
۱۱-۳ Bacillus و Streptomyces ۴۳۵
۱۱-۴ آنتی‌بیوتیک‌های Bacillus و Streptomyces ۴۳۷
۱۱-۵ ترکیبات آلی فرار (VOCs) ۴۳۹
۱۱-۶ صفات محرک رشد گیاه (PGP) ۴۴۳
۱۱-۶-۱ ایندول استیک اسید (IAA) ۴۴۷
۱۱-۶-۲ فعالیت ۱-آمینوسیکلوپروپان-۱-کربوکسیلیک اسید دآمیناز (ACCd) ۴۴۸
۱۱-۶-۳ تولید سیدروفور ۴۴۹
۱۱-۶-۴ مقاومت سیستماتیک القایی (ISR) ۴۴۹

۱۱-۷ جهش ۴۵۰
۱۱-۸ فرمولاسیون ۴۵۲
۱۱-۹ چشم انداز و نتیجه گیری ۴۵۴
منابع ۴۵۶

فصل دوازدهم: روش اومیکس برای استفاده از اندوفیت‌ها و پتانسیل عملکردی آن‌ها در بهبود رشد گیاه ٤٧٣
خلاصه ۴۷۳
۱۲-۱ مقدمه ۴۷۴
۱۲-۲ نقش اندوفیت‌ها در مبارزه با تنش غیرزنده ۴۷۶
۱۲-۳ تولید هورمونهای گیاهی توسط اندوفیت‌ها ۴۷۹
۱۲-۳-۱ اکسین ۴۷۹
۱۲-۳-۲ جیبرلین ۴۸۳
۱۲-۳-۳ سیتوکینین ۴۸۶
۱۲-۳-۴ تولید دآمیناز ACC اندوفیت ۴۸۸
۱۲-۴ بهبود رشد گیاه و مدیریت تنش توسط اندوفیت‌ها ۴۹۳
۱۲-۵ رویکرد "Ome" ارتباطات گیاهی- اندوفیت تحت تنش غیر زنده ۴۹۵
۱۲-۵-۱ متاپروتئوژنومیک ۴۹۶
۱۲-۵-۲ تکنیک‌های مبتنی بر ریزآرایه ۴۹۷
۱۲-۶ نتیجه‌گیری و چشماندازهای آینده ۴۹۸
سپاسگزاری‌ها ۵۰۰
منابع ۵۰۱

فصل سیزدهم: تولید سیدروفور در جذب آهن و تقویت زیستی گیاهی ۵۱۱
خلاصه ۵۱۱
۱۳-۱ مقدمه ۵۱۲
۱۳-۲ نیاز به تقویت زیستی ۵۱۳
۱۳-۳ استراتژی برای تقویت زیستی ۵۱۴
۱۳-۳-۱ مداخلات زراعی ۵۱۵
۱۳-۳-۲ رویکردهای ژنتیکی ۵۱۶
۱۳-۳-۳ میکروارگانیسم‌ها و استراتژی‌های گیاهی ۵۱۷

۱۳-۴ تولید سیدروفور و سایر مواد کلات‌کننده ۵۲۰
۱۳-۴-۱ سیدروفورهای ترشح شده توسط قارچ میکوریز ۵۲۰
۱۳-۴-۲ سیدروفورهای تولید شده توسط قارچ‌های Dark Septate و قارچ‌های اندوفیت ریشه ۵۲۲
۱۳-۴-۳ سیدروفورهای تولید شده از PGPR ۵۲۳
۱۳-۵ اثرات سیدروفورهای ترشح شده توسط میکروارگانیسم‌های مفید بر ساختارهای سلولی و توزیع آهن در گیاهان میزبان ۵۲۴
۱۳-۶ نتیجه‌گیری ۵۲۵
منابع ۵۲۶

فصل چهاردهم: تنوع میکروبیوم گیاهی و پتانسیل آن‌ها برای محصولات زراعی و کشاورزی پایدار ۵۳۷
خلاصه ۵۳۷
۱۴-۱ مقدمه ۵۳۸
۱۴-۲ تنوع میکروبیوم گیاهی ۵۳۹
۱۴-۲-۱ میکروبیوم ریزوسفر ۵۴۱
۱۴-۲-۲ میکروبیوم فیلوسفر ۵۴۲
۱۴-۲-۳ میکروبیوم اندوسفر ۵۴۳
۱۴-۳ برهمکنش میکروبیوم گیاه و خاک ۵۴۵
۱۴-۴ میکروبیوم‌ها و متابولیت‌های ترشح شده در ارتقای رشد گیاه ۵۴۹
۱۴-۴-۱ انحلال و تحرک فسفات ۵۵۰
۱۴-۴-۲ تثبیت نیتروژن ۵۵۳
۱۴-۴-۳ انحلال و تحرک پتاسیم ۵۵۵
۱۴-۴-۳ آنزیم میکروبی ACC دآمیناز ۵۵۶
۱۴-۴-۵ سیدروفورها ۵۵۷
۱۴-۴-۶ فیتوهورمون‌ها ۵۶۰
۱۴-۴-۷ ترکیبات فرار ۵۶۱
۱۴-۴-۸ سایر متابولیت‌های ثانویه ۵۶۲
۱۴-۵ کمک اندوفیت‌ها به سازگاری با تنش در گیاه ۵۶۵
۱۴-۵-۱ سازگاری با زیستگاه‌های شور ۵۶۵
۱۴-۵-۲ کاهش تنش دما ۵۶۷
۱۴-۵-۳ کاهش تنش خشکی ۵۶۸

۱۴-۶ کاربردهای مهندسی میکروبیوم ۵۶۹
۱۴-۷ کاربرد اندوفیت‌ها به‌عنوان کود زیستی بالقوه و کنترل زیستی ۵۷۲
۱۴-۸ نتیجه‌گیری و چشم‌انداز آینده ۵۷۶
منابع ۵۷۷

فصل پانزدهم: تولید فیتوهورمون اندوفیت و استفاده از صفات عملکردی در ارتقای رشد گیاه ۵۹۷
خلاصه ۵۹۷
اختصارات ۵۹۸
۱۵-۱ مقدمه ۵۹۹
۱۵-۲ فیتوهورمون‌های اندوفیت ۶۰۱
۱۵-۲-۱ اکسین ۶۰۱
۱۵-۲-۲ اسید جیبرلیک ۶۰۴
۱۵-۲-۳ سیتوکینین ۶۰۶
۱۵-۲-۴ اتیلن ۶۰۹
۱۵-۲-۵ اسید آبسیزیک ۶۱۲
۱۵-۲-۶ اسید سالیسیلیک ۶۱۳
۱۵-۲-۷ اسید جاسمونیک ۶۱۵
۱۵-۳ قارچ‌های اندوفیت ۶۱۶
۱۵-۴ نتیجه‌گیری ۶۱۷
منابع ۶۱۹

فصل شانزدهم: نقش میکروارگانیسم‌های اندوفیت در حلکردن فسفات و گیاه پالایی خاک‌های تخریب شده ۶۳۱
خلاصه ۶۳۱
۱۶-۱ مقدمه ۶۳۲
۱۶-۲ نقش اندوفیت‌ها برای احیای مواد معدنی ۶۳۴
۱۶-۲-۱ تحریک گیاهی و چرخه عناصر غذایی ۶۳۴
۱۶-۲-۲ تولید آنزیم، فعالیت ضد میکروبی و منبع زیست فعالی ۶۳۴
۱۶-۲-۳ زیست پالایی ۶۳۵
۱۶-۳ نقش اندوفیت‌ها برای حل‌کردن فسفات ۶۳۶
۱۶-۴ نقش اندوفیت‌ها برای گیاه پالایی ۶۳۷

۱۶-۵ مطالعات موردی ۶۳۸
۱۶-۵-۱ اندوفیت‌های ریشه قارچی در خاک‌های آلوده به فلز ۶۳۸
۱۶-۵-۲ ریشه کلونیزه اندوفیت‌ها برای جانشینی در یک زمین تخریب‌شده با مواد زائد..... ۶۳۹
۱۶-۶ نتیجه‌گیری ۶۴۲
منابع ۶۴۳

فصل هفدهم: تکنیک‌هایی برای مطالعه برهمکنش‌های گیاه و میکروب و کارآمدی کشاورزی پایدار ٦٥١
خلاصه ۶۵۱
۱۷-۱ مقدمه ۶۵۲
۱۷-۲ اکوسیستم‌های کشاورزی و اهمیت گیاهان و میکروارگانیسم‌ها و تعاملات آن‌ها ۶۵۴
۱۷-۳ روش‌های مطالعه برهم‌کنش گیاه و میکروب ۶۵۵
۱۷-۳-۱ تکنیک‌های مرسوم ۶۵۸
۱۷-۳-۱-۱ بررسی با میکروسکوپ ۶۵۸
۱۷-۳-۲ تکنیک‌های بیوشیمیایی ۶۶۰
۱۷-۳-۲-۱ ارزیابی ایمنی (ایمونواسی) ۶۶۰
ارزیابی ایمنی نشاندار ۶۶۰
ارزیابی ایمنی مستقیم ۶۶۲
۱۷-۳-۳ تکنیک‌های مولکولی برای تشخیص برهمکنش گیاه و میکروب ۶۶۳
۱۷-۳-۳-۱ تکنیک واکنش زنجیره‌ای پلیمراز (PCR) ۶۶۴
۱۷-۳-۳-۲ توالی‌یابی ژن S rRNA16 برای شناسایی باکتری ۶۶۵
۱۷-۳-۳-۳ توالی‌یابی نسل بعدی (NGS) ۶۶۷
۱۷-۳-۳-۴ ویرایش ژن کریسپر ۶۶۸
۱۷-۳-۳-۵ سایر رویکردها برای مطالعه روابط گیاه – میکروب ۶۷۱
۱۷-۴ نتیجه‌گیری ۶۷۶
۱۷-۵ چشم انداز آینده ۶۷۷
منابع ۶۷۷

فصل هجدهم: میکروبیوم گیاهی در اکوسیستم‌های کشاورزی برای کشت پایدار و حفاظت از محیط‌زیست ٦٨٥
خلاصه ۶۸۵
۱۸-۱ مقدمه ۶۸۶

۱۸-۲ میکروبیوم‌ها و مفاهیم پایداری ۶۸۷
۱۸-۳ بهره‌وری کشاورزی و اجزای تشکیل‌دهنده میکروبیوم خاک ۶۸۹
۱۸-۳-۱ تخصصی شدن میکروب‌ها در حاصل‌خیزی خاک و بهبود بهره‌وری کشاورزی ۶۹۰
۱۸-۳-۲ نقش میکروب‌ها در کاهش گازهای گلخانه‌ای ۶۹۲
۱۸-۳-۳ تأثیر میکروب‌ها در کاهش تنش زیستی و تنش غیر زنده در گیاه ۶۹۳
۱۸-۴ اجتماع میکروبی گیاهی برای بهره‌وری اکوسیستم‌های کشاورزی پایدار ۶۹۴
۱۸-۴-۱ میکروبیوم‌های بذر ۶۹۵
۱۸-۴-۲ میکروبیوم‌های ریزوسفر ۶۹۷
۱۸-۴-۳ میکروبیوم‌های فیلوسفر ۶۹۸
۱۸-۵ رویکردهای فعلی و چشم‌انداز آینده میکروبیوم‌ها ۶۹۹
منابع ۷۰۱

مقدمه مترجمان

گیاهان نیز مانند انسان‌ها و دیگر حیوانات، میکروبیوم، باکتری، قارچ و دیگر میکروارگانیسم‌های خاص خود را دارند که روی سطح یا درون آن‌ها زندگی می‌کنند. این میکروب‌ها می‌توانند نقش مؤثری در بهبود محصولات کشاورزی و همچنین حفظ گونه‌های در معرض خطر داشته باشند.

میکروبیوم گیاهی مجموعه‌ای از میکروارگانیسم‌ها است که با هم در یک گیاه و در نزدیکی آن زندگی می‌کنند و برای تشکیل یک اکوسیستم میکروبی برهم‌کنش می‌کنند. انواع میکروبیوم‌ها با بخش‌های زنده و غیرزنده محیط خود تعامل نزدیک دارند. در گیاهان، میکروبیوم می‌تواند با ارائه خدمات مهم به گیاه، ادامه زندگی گیاه را ممکن نماید و البته این کار را با تعامل با خاک، هوا، آب و ریشه گیاهان انجام می‌دهد. این نوع کارکرد شبیه به میکروبیوم انسان است – تریلیون‌ها میکروب در بدن ما که می‌توانند همه چیز از افزایش وزن گرفته تا بیماری را تحت‌تأثیر قرار دهند. میکروبیوم گیاهی می‌تواند حاوی هزاران نوع مختلف میکروارگانیسم، به‌ویژه قارچ‌ها و باکتری‌ها باشد. برخی از این میکروارگانیسم‌ها نمی‌توانند بدون میزبان گیاه و فضا، اکسیژن، آب، پروتئین‌ها و کربوهیدرات‌هایی که گیاه فراهم می‌کند زنده بمانند. میکروارگانیسم‌های خاص مرتبط با میکروبیوم گیاه نیز اغلب به گونه‌های گیاهی خاص یا سن، سلامت، ژن‌ها و محیط خاک اطراف آن بستگی دارد. دو گیاه از یک‌گونه گاهی اوقات می‌توانند میکروبیوم‌های بسیار متفاوتی داشته باشند. میکروبیوم گیاهی دارای سه حوزه متمایز است – فیلوسفر، اندوسفر و ریزوسفر. فیلوسفر روی سطح هوایی (به‌ویژه برگ‌ها و ساقه) قرار دارد. آندوسفر در داخل بافت‌های گیاه است – به‌عبارت‌دیگر، در داخل یا بین سلول‌های آن و ریزوسفر در خاک اطراف سیستم ریشه گیاه یافت می‌شود. در ریزوسفر، میکروبیوم گیاه می‌تواند بر نوع، میزان و مقدار مواد مغذی که

گیاهان می‌توانند از خاک به دست آورند و اینکه گیاهان چگونه می‌توانند از این مواد مغذی استفاده نمایند تأثیر بگذارد. همچنین می‌تواند به گیاهان در مقاومت در برابر تنش‌هایی مانند خشکی یا بیماری‌ها کمک کند. این بدان معنی است که تناسب‌اندام گیاه – توانایی رشد، رسیدن به بلوغ، رشد و تولیدمثل – نتیجه خود گیاه و تعامل آن با میکروبیوم است.

دانشمندان به دلایل زیادی میکروبیوم‌های گیاهی را مطالعه می‌کنند، به‌عنوان‌مثال، میکروبیوم بر سلامت گیاه تأثیر می‌گذارد، گاهی از گیاه محافظت و گاهی گیاه را بیمار می‌کند. میکروبیوم‌ها همچنین بر عملکرد غذا، سوخت‌های زیستی و سایر محصولات گیاهی تأثیر می‌گذارند. میکروبیوم یک گیاه می‌تواند بر نحوه جذب دی‌اکسیدکربن از اتمسفر توسط گیاهان یا نحوه ذخیره کربن در خاک زمانی که مواد آلی گیاهی در خاک تجزیه می‌شود تأثیر بگذارد. این حالت باعث می‌شود که میکروبیوم گیاه بخشی ضروری از چرخه کربن و سیستم آب‌وهوای زمین باشد.

امید است که میکروب‌ها انقلاب عظیمی در کشاورزی به‌ویژه کشاورزی کشور عزیزمان ایران، ایجاد نمایند؛ انقلابی که به شدت ضروری است. با توجه به پیش‌بینی رشد جمعیت تا سال ۲۰۵۰ که نزدیک به ۱۰ میلیارد نفر خواهد رسید، نیاز به غذاهای تهیه شده از گیاهان، فیبر و تغذیهٔ حیوانات نیز، دو برابر خواهد شد.

فصل اول
میکروبیوم‌های قارچی: پتانسیل مؤثر برای ارتقای رشد گیاه و فرصت‌هایی برای کشاورزی

آنجلا تی. آلین و لورن پنت

خلاصه

جوامع میکروبی قارچی در میزبان‌های گیاه یا مایکوبیوم برای عملکردهای کلیدی کشاورزی جهت افزایش رشد گیاه و بهبود مدیریت بیماری، حیاتی هستند. در این فصل، استفاده از میکروبیوم قارچی به‌عنوان ابزاری در تشخیص بیماری، آگرواکولوژی و مدیریت بیماری در کشاورزی مدرن بررسی می‌شود. نشانگرهای مولکولی و به طور خاص مناطق رونویسی داخلی[1] (ITS) در استفاده از آن‌ها به‌عنوان متمایزکننده اعضای جوامع مایکوبیوم مورد بررسی قرار می‌گیرند. در شرایطی که مناطق رونویسی داخلی به طور گسترده‌ای استفاده می‌شود، گاهی اوقات قادر به حل پیچیدگی‌های طبقه‌بندی نیست؛ بنابراین، تجزیه‌وتحلیل مایکوبیوم ممکن است به استفاده از چندین رمزینه ژن اضافی در قارچ‌ها نیاز داشته باشد. علاوه بر این، تأثیر تنش‌های غیرزیستی و زیستی مورد بررسی قرار گرفته و در مورد کاربرد تیمار میکروبیوم یا استفاده از جوامع میکروبی به‌عنوان ابزاری در مبارزه با بیماری‌های گیاهی و همچنین بهبود سلامت خاک بحث می‌گردد.

کلیدواژه‌ها: مایکوبیوم، قارچ، ITS، آگرواکولوژی

1. Internal Transcribed Regions

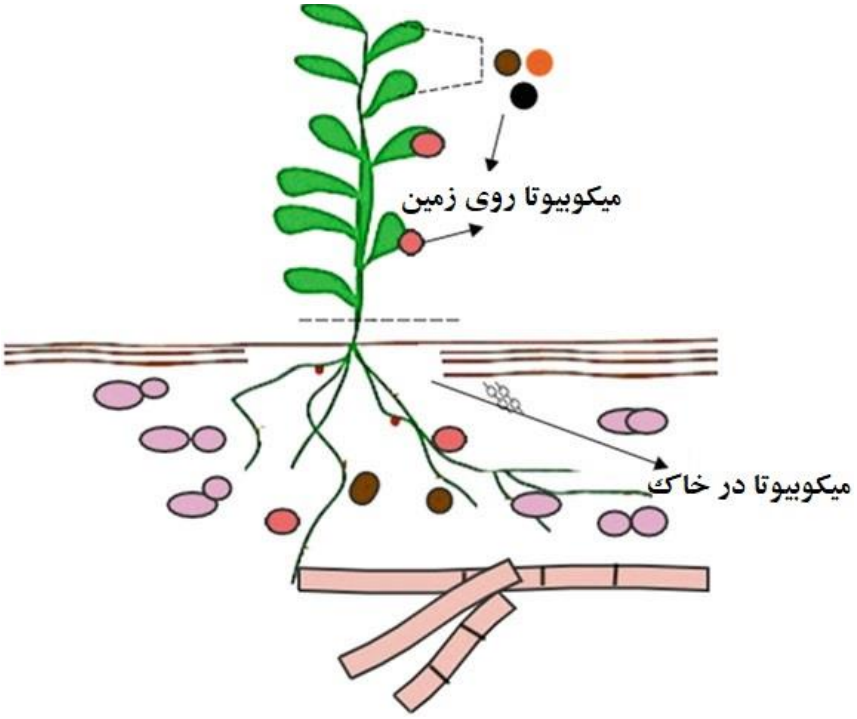
۱-۱ مقدمه

موجودات زنده در حال حاضر به روشی جامع به‌عنوان هولوبیونت‌ها[۱] و هولوژنوم‌ها[۲] در رابطه با میکروبیوم‌هایشان مورد بررسی مجدد قرار می‌گیرند (بوردنشتاین و تیس، ۲۰۱۵؛ برگ و همکاران، ۲۰۲۰)؛ بنابراین، جوامع میکروبی یا متاژنوم‌ها به‌عنوان ژنوم دوم یوکاریوت‌های چندسلولی و بخشی از فنوتیپ گسترده آن‌ها شناخته شده‌اند. در واقع، آن‌ها ممکن است اثراتی فراتر از ارگانیسم داشته باشند که بر سازگاری آن‌ها تأثیر می‌گذارد. در گیاهان، متاژنوم‌ها نقش مفیدی در رشد و نمو گیاه و پاسخ به تنش در میزبان خود به عهده دارند (آندرئوت و همکاران، ۲۰۱۴؛ پاتل و همکاران، ۲۰۱۵؛ ژانگ و همکاران، ۲۰۲۱؛ پراساد و ژانگ، ۲۰۲۲). قارچ‌ها چندین عملکرد حیاتی را در میزبان‌های گیاهی خود در نقش‌های درون هم‌زیستی از جمله فعالیت‌های بیوتروفیک[۳]، نکروتروفیک[۴] یا ساپروفیت[۵] انجام می‌دهند (بونفانته و همکاران، ۲۰۱۹). در نتیجه، میکروبیوم قارچی که به‌عنوان مایکوبیوم نیز شناخته می‌شود (شکل ۱-۱) و ژنوم جوامع قارچی اندوفیت به درک ما از رشته‌های اصلی در کشاورزی مانند آگرواکولوژی و آسیب‌شناسی گیاهی کمک می‌کنند (گائو و همکاران، ۲۰۲۱؛ مونیر و بایر، ۲۰۲۱).

یکی از کاربردهای اصلی متاژنومیکس در تشخیص بیماری است که در این شیوه محققان می‌توانند عوامل ایجادکننده بیماری را که با روش‌های سنتی قابل‌تشخیص نیستند شناسایی نمایند (راجا و همکاران، ۲۰۱۷). متابارکدینگ[۶] (بارکدنیگ پیشرفته) همچنین نشان داده است که بیماری‌های گیاهی از نظر بیولوژیکی پیچیده‌تر از آن چیزی هستند که در ابتدا تصور می‌شد و علائم بیماری می‌توانند توسط مجموعه‌ای از میکروب‌ها ایجاد گردند (راجا و همکاران، ۲۰۱۷؛ نیلسون و همکاران، ۲۰۱۹).

۱- هولوبیونت‌ها مجموعه‌ای از میزبان و بسیاری از گونه‌های دیگر است که در درون یا پیرامون آن زندگی می‌کنند و با هم از طریق همزیستی یک واحد بوم‌شناختی مجزا را تشکیل می‌دهند.

2. Hologenomes
3. Biotrophic
4. Necrotrophic
5. Saprophytic
6. Metabarcoding



شکل ۱-۱ مایکوبیوم: تعاملات پویای جامعه قارچی در فیلوسفر و ریزوسفر با میزبان گیاهی خود

به‌این‌ترتیب، استفاده از قارچ‌کش‌ها و سایر عوامل کنترل‌کننده آفات می‌توانند به طور جبران‌ناپذیری به ارگانیسم‌های مفید موجود در میکروبیوم آسیب رسانده و آنها را از بین ببرند. این عوارض جانبی را علاوه بر درک تأثیر میکروبیوم قارچی یا میکروبیوم در خاک (دوبی و همکاران، ۲۰۱۹؛ چن و همکاران، ۲۰۲۱؛ گائو و همکاران، ۲۰۲۱)، می‌توان با درک بیشتر میکروبیوم‌های گیاهی، به‌ویژه در میوه‌ها، سبزی‌ها و غلات اصلی مانند گندم، برنج، ذرت، سیب‌زمینی و کاساوا (کلی و شاردل، ۲۰۰۲؛ ادواردز و همکاران، ۲۰۱۵؛ فردیانسیاه، ۲۰۲۱)، کاهش داد؛ بنابراین استفاده از این منبع اصلی با استفاده از بیوتکنولوژی و مهندسی زیستی برای تولید متابولیت‌ها، بهبود عملکرد محصول، افزایش دقت تشخیص بیماری‌ها و ارائه جایگزین‌هایی برای استفاده از آفت‌کش‌ها در محصولات مهم است (کمپنت و همکاران، ۲۰۱۹؛ نومان و

همکاران، ۲۰۲۱). در این فصل، تأثیر مایکوبیوم را در بیماری‌های گیاهی و رویکردهای آگرواکولوژیک برای مدیریت بیماری با برنامه‌های کاربردی برای کشاورزی پایدار بررسی می‌نماییم.

۱-۲ میکروبیوم قارچی (مایکوبیوم‌ها)

مایکوبیوم گیاهی نشان‌دهنده یک شبکه پویا از جوامع قارچی است که در سرتاسر هولوبیونت گیاه یافت می‌شوند (شکل ۱-۱). اهمیت آن از سیستم ریشه و سلامت خاک گرفته تا فیلوسفر یا سیستم برگ و ایمنی گیاه در نظر گرفته می‌شود. درحالی‌که ساختار و ترکیب مایکوبیوم به دلیل جنبه عملکردی آن در تحریک رشد گیاه مهم است، فراخوانی و سازماندهی سیستم گیاهی هولوبیونتیک نیز از ویژگی‌های مهمی هستند که باید به طور کامل مورد بررسی قرار گیرند.

اکثریت قریب به‌اتفاق قارچ‌های گیاهی موجود در هولوبیونت گیاهی میکروارگانیسم‌های مفیدی هستند (پاگانو و همکاران، ۲۰۱۷). سرعت باورنکردنی و مدت‌زمان دریافت نتیجه توسط فناوری‌های مدرن NGS ابزارهای مفیدی در کاوش مایکوبیوم گیاه هستند و در زمینه تشخیص و درعین‌حال به اقدامات زراعی کمک می‌کنند (هارتمن و همکاران، ۲۰۱۸). علاوه بر این، تعامل گیاهان وحشی با گونه‌های کشت‌شده از نظر ویژگی‌های میکروبیومی و پتانسیل آن‌ها برای کمک به اکولوژی میکروبی محلی دوباره مورد بررسی قرار می‌گیرد. به‌این‌ترتیب، جوامع قارچی در میان گیاهان وحشی نسبت به گیاهان کشت شده زراعی فراوان‌تر است (ما و همکاران، ۲۰۲۱). استفاده از میکروبیوتای درون هم‌زیستی[1] برای مزایای آن‌ها به‌عنوان یک برنامه کاربردی در کاربردهای کشاورزی هوشمند در این بخش موردتوجه قرار گرفته است (هارتمن و همکاران، ۲۰۱۸).

۱-۲-۱ نشانگرهای مولکولی و متاژنومیکس قارچی در کشاورزی

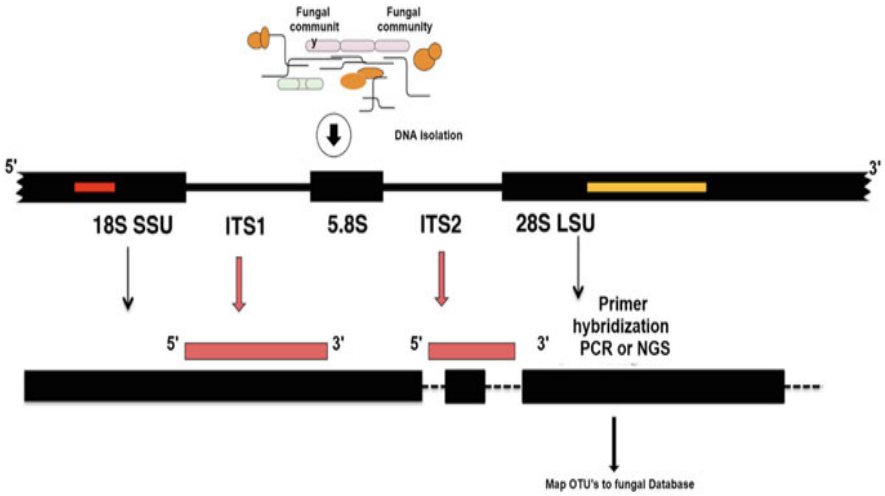
متاژنومیکس مبتنی بر توالی، اطلاعاتی را در مورد ترکیب گونه‌ها با توالی‌یابی، حاشیه‌نویسی و

1. Endosymbiotic

جمع‌آوری تمام مواد ژنتیکی به‌دست‌آمده از نمونه‌های مخلوط یا با توالی‌یابی مناطق ژنی هدف در قارچ‌ها فراهم می‌کند (احمد، ۲۰۱۶؛ نعمان و همکاران، ۲۰۲۱). به‌طورکلی، هنگامی که در تشخیص بیماری استفاده می‌شوند، نشانگرهای مولکولی بر اساس طیف وسیعی از تکنیک‌های هیبریداسیون مختلف هستند که مختص ژنوم‌اند، گاهی اوقات دقیق‌تر از مشاهدات مستقیم، علائم هستند که نسبت به کشت سلولی میکروبی، زمان بر و محدودترند (شوچ و همکاران، ۲۰۱۲؛ راجا و همکاران، ۲۰۱۷؛ هریهاران و پراسانات، ۲۰۲۱). پرایمرهای واکنش زنجیره‌ای پلیمراز[1] (PCR) و توالی‌یابی نسل بعدی[2] (NGS) که ژن‌های DNA ریبوزومی (rDNA) به‌سرعت در حال تکامل و بسیار تکرارشونده را هدف قرار می‌دهند و rRNA و نواحی رونویسی شده داخلی آن‌ها را رونویسی می‌نمایند (ITS ۱ و ۲) به طور گسترده‌ای برای شناسایی قارچ‌ها در سطح جنس و گونه استفاده می‌شوند (شوچ و همکاران، ۲۰۱۲؛ کروس و همکاران، ۲۰۱۵؛ راجا و همکاران، ۲۰۱۷؛ تدرسو و همکاران، ۲۰۱۸). منطقه ITS کامل تقریباً ۶۰۰-۶۵۰ جفت باز طول دارد و ITS1 و ITS2 توسط ۵.۸ S rRNA از یکدیگر جدا می‌شوند (شوچ و همکاران، ۲۰۱۲؛ ادواردز و همکاران، ۲۰۱۷؛ راجا و همکاران، ۲۰۱۷؛ نارانجو - اورتیز و گابالدون، ۲۰۱۹) (شکل ۱-۲). با وجود این، در برخی موارد، هیبریداسیون با ITS برای حل پیچیدگی‌های طبقه‌بندی در قارچ‌های خاص کافی نیست و بنابراین ژن‌های بارکد ثانویه برای رسیدن به تخصیص یا شناسایی طبقه‌بندی دقیق ضروری هستند. این‌ها شامل ژن‌های کدکننده پروتئین مانند گلیسرآلدئید-۳ فسفات دهیدروژناز[3] (GADPH)، فاکتورهای افزایش طول ترجمه اختصاصی قارچی (*TEF*)، بتا توبولین (*TUB*)، اکتین (*ACT*) و RNA پلیمراز II (RP2) هستند (شوچ و همکاران، ۲۰۱۲؛ استیلو و همکاران، ۲۰۱۵). علاوه بر این، مناطق مرزی ITS که به‌عنوان زیر واحد کوچک[4] (SSU) یا زیر

1. Polymerase Chain Reaction
2. Next-Generation Sequencin
3. Glyceraldehyde-3phos-phatedehydrogenase
4. Small Subunit

واحد بزرگ[1] (LSU) تعیین شده‌اند، همچنین تمایز طبقه‌بندی بیشتر قارچ‌ها را فراهم می‌کنند (ادواردز و همکاران، ۲۰۱۷) (شکل ۱-۲). علاوه بر این، در چندین مطالعه NGS روی میکروبیوم گیاهی، ITS1 و ITS2 تفاوت‌های قابل‌توجهی در تعیین گونه‌ها بر اساس واحدهای طبقه‌بندی عملیاتی[2] (OTUs) به دست نمی‌دهند (بلالید و همکاران، ۲۰۱۳)، اما ITS2 ممکن است شناسایی بهتر قارچ Ascomycota را نسبت به منطقه ITS1 ارائه دهد (سایبتا و همکاران، ۲۰۱۸).



شکل ۱-۲ تکثیر واکنش زنجیره‌ای پلیمراز و تعیین توالی نسل بعدی نواحی رونویسی‌شده داخلی میکروبیوم قارچی

قابل ذکر است، علاوه بر توالی آمپلیکون[3] نشانگرهای مولکولی هدفمند (تکه‌ای از DNA یا RNA که سرچشمه یا فرآورده فرآیندهای طبیعی یا ساختگی همانندسازی است.)، متاژنومیکس تفنگ ساچمه‌ای می‌تواند برای تشخیص گونه‌های قارچی استفاده شوند. اگرچه این حالت گران‌تر از روش NGS مبتنی بر آمپلیکون است، متاژنومیکس توالی‌یابی شاتگانی[4] PCR را حذف و به

1. Large Subunit
2. Operational Taxonomic Units
3. Amplicon Sequencing
4. Shotgun Metagenomics Removes PCR bias

کشف خانواده‌های جدید یا نوظهورکمک می‌کند و درعین‌حال عملکرد کمی را در مطالعات میکروبیوم انجام می‌دهد (تدرسو و همکاران، ۲۰۱۵؛ دونووان و همکاران، ۲۰۱۸؛ نیلسون و همکاران، ۲۰۱۹). این شیوه به‌ویژه در کشت محصولی مهم است که در آن آگاهی از میزان عفونت قارچی معمولاً مورد نیاز است، اما تعیین آن از طریق PCR بلادرنگ[1] (qPCR) یا سایر وسایلی که ممکن است به‌آسانی در مطالعات میدانی در دسترس نباشد، دشوار است. به طور قابل‌توجهی، مطالعات متاژنومی با استفاده از نشانگرهای مولکولی معمولاً تعداد زیادی گونه ناشناس را تولید می‌کنند (کوادروس – اورلانا و همکاران، ۲۰۱۳)، بسیاری از آن‌ها که متعلق به Ascomycota می‌باشند هنوز ناشناخته هستند و در محصولات دائمی و حتی بیشتر از آن در محصولات استوایی کمتر مطالعه شده، اما مهم مانند ریشه و غده‌ها از جمله سیب‌زمینی، کاساوا و سیب‌زمینی شیرین چالش‌برانگیز است (گائو و همکاران، ۲۰۱۳؛ چن و همکاران، ۲۰۲۱؛ شیونگ و همکاران، ۲۰۲۱). در واقع، ژنوم جزئی این محصولات به‌تازگی گزارش شده است (پروشنیک و همکاران، ۲۰۱۲؛ تامیرو و همکاران، ۲۰۱۷؛ ایزوبه و همکاران، ۲۰۱۹). داده‌های ناقص ژنومی برای این محصولات مهم کشاورزی از جمله گندم، برنج، کاساوا، سیب‌زمینی شیرین، منبعی دست‌نخورده برای توسعه آینده در تحقیقات کشاورزی و سلامت گیاهان به‌طورکلی باقی می‌ماند.

۲-۲-۱ مایکوبیوم‌های واقعی و بهداشت گیاهی

سلامت عمومی گیاه به میکروبیوم گیاه نسبت‌داده‌شده است و وضعیت سالم یا بیماری را می‌توان از مشاهده ارگانیسم‌های خاص در ریزوسفر، فیلوسفر یا اندوسفر گیاه به دست آورد (توجو و همکاران، b۲۰۱۸). تنوع در مایکوبیوم‌های گیاه در زمان و بخش‌های جایگاهی مانند فیلوسفر، ریزوسفر، اندوسفر و بذر برای چندین محصول کشاورزی عمده مانند گندم، ذرت و برنج (کلی و شاردل ۲۰۰۲؛ کیم و لی ۲۰۲۰؛ ژنگ و همکاران، ۲۰۲۱) و ریشه‌های گرمسیری

1. Real-Time PCR

مانند کاساوا (فردیانسیاه، ۲۰۲۱؛ ژانگ و همکاران، ۲۰۲۱) توصیف شده است؛ بنابراین، جوامع قارچی از نظر ساختاری بر اساس مرحله رشد گیاه، انواع خاک و همچنین گونه‌های گیاهی مشخص می‌شوند (کربون و همکاران، ۲۰۲۱؛ ژانگ و همکاران، ۲۰۲۱). بااین‌حال، اندوفیت‌های قارچی سیستم‌های گیاهان گرمسیری کمتر از آن‌هایی که در علف‌ها و بوته‌های معتدل وجود دارند شناخته شده هستند و آن‌ها نیز تنوع کمتری دارند، به‌صورت افقی منتقل می‌شوند و نسبت به آنژیوسپرم‌های چوبی کمتر به دفاع میزبان کمک می‌کنند (آرنولد و همکاران، ۲۰۰۳).

از دیدگاه رشدی، همچنین نشان‌داده‌شده است که کلونیزاسیون ریشه توسط میکروارگانیسم‌ها به‌سرعت در سرتاسر گیاه گسترش می‌یابد و ممکن است با نقش‌های عملکردی اختصاص‌داده‌شده به فعل‌وانفعالات گیاه و میکروب‌ها پیش‌بینی شوند (د سوزا و همکاران، ۲۰۱۶؛ توجو و همکاران، ۲۰۱۶، b۲۰۱۸؛ بونفانته و همکاران، ۲۰۱۹؛ وارما و همکاران، a, b۲۰۱۹). به‌طورکلی، مطالعاتی که به بررسی تولید محصولاتی مانند نیشکر و موز می‌پردازند، تأثیرات قابل‌توجهی بر فرایندهایی مانند تولید سوخت زیستی، امنیت غذایی، سلامت انسان و توسعه در کشورهایی که به‌شدت به صادرات کالا وابسته هستند، دارند (یوآن و همکاران، ۲۰۲۱؛ اسلم و همکاران، ۲۰۲۲). در یک بررسی مهم از میکروبیوم قارچی اصلی در نیشکر، نشان داده شد که مخمر و قارچ‌های مخمر مانند بر بخش‌های مختلف گیاهان غالب هستند و در ریزوسفر (د سوزا و همکاران، ۲۰۱۶)، گونه‌هایی مانند *Candida*، *Debaryomyces*، *Hanseniaspora*، *Meyerozyma*، *Wickerhamiella* و *Zygosaccharomyces* تقریباً تا ۱۲٪ از کل تنوع قارچی ساقه نیشکر را تشکیل می‌دهند (د سوزا و همکاران، ۲۰۱۶).

خاک‌های بازدارنده به‌شدت به مطالعات میکروبیوم گیاهی وابسته هستند. سرکوب بیماری در خاک زمانی اتفاق می‌افتد که میکروارگانیسم‌های ساکن با رقابت با میکروارگانیسم‌های جدیدتر، آن‌ها را از اشغال جایگاه‌های خود محروم نمایند، در نتیجه به طور تصادفی ظهور بیماری را در میزبان‌های گیاه کاهش می‌دهند (هارتمن و همکاران، ۲۰۱۸؛ پاسکال و همکاران، ۲۰۲۰). در یک

مطالعه بر روی وضعیت سلامت گیاه، مشخص شد که جمعیت فوزاریوم در طول ضدعفونی تقلیل‌دهنده خاک[1] (RSD) کاهش می‌یابد و زمانی که در هنگام کاشت مجدد در معرض شرایط هوازی قرار می‌گیرد، نسبت به خاک‌های بازدارنده خاصیت سرکوب‌کننده‌تری برای بیماری دارد (هوانگ و همکاران، ۲۰۱۵).

علاوه بر این، مطالعات مایکوبیوم به‌شدت بر روی میکوریزای آربوسکولار[2] (AM) و عملکرد آن‌ها در بهبود سلامت گیاه تکیه کرده‌اند. به‌این‌ترتیب، آرایه وسیعی از قارچ‌های بیماری‌زا و غیر بیماری‌زا که مایکوبیوم‌های هسته گیاهان و خاک‌ها را تشکیل می‌دهند، هنوز مورد بررسی بیشتر قرار دارند.

۳-۱ مایکوبیوم و کشاورزی پایدار

۱-۳-۱ مایکوبیوم‌ها رشد گیاه را تقویت می‌کنند

وابستگی بیش از حد به نهاده‌های کشاورزی مانند کودها و آفت‌کش‌ها برای تنوع زیستی گیاهان و تنوع میکروبی خاک یا سلامت خاک مضر بوده است (هارتمن و همکاران، ۲۰۱۸). شیوه‌های کشاورزی پایدار مانند کشت مخلوط مبتنی بر درخت و استفاده از RSD از جوامع میکروبی برای بهبود سلامت خاک و تشویق رشد بهتر گیاهان استفاده می‌کنند (کامپانت و همکاران، ۲۰۱۹؛ تدرسو و همکاران، ۲۰۲۰). میکوریزا به‌عنوان اتصال‌دهنده‌ای در ریزوسفر به جوامع میکروبی و با ریشه میزبان‌های گیاه خود عمل می‌کنند. نکته مهم این است که شبکه‌های ایجاد شده از قارچ‌های AM انتقال عناصر غذایی بین میزبان و هولوبیونت را واسطه می‌کنند و به‌عنوان شرکای تجاری مهم عناصر غذایی در تعاملات گیاه و گیاه در سیستم‌های کشاورزی عمل می‌کنند (مندس و همکاران، ۲۰۱۳؛ فیتزپاتریک و همکاران، ۲۰۲۰؛ تدرسو و همکاران، ۲۰۲۰؛

1. Reductive Soil Disinfection
2. Arbuscular Mycorrhizae

پوزو و همکاران، ۲۰۲۱؛ وارما و همکاران، ۲۰۱۷ a, b, c). همچنین از طریق تجزیه‌وتحلیل این شبکه‌ها نشان داده شده است که معمولاً گروه کوچکی از ارگانیسم‌ها نقش‌آفرینان اساسی میکروبی در ریزوسفر و فیلوسفر هستند و این شبکه‌های گسترده هم‌زیست – هم‌زیست را کنترل می‌کنند (توجو و همکاران، ۲۰۱۶). سه فرایند توسط این کلنی‌دهنده اولیه و سازمان‌دهندگان شبکه در طول ایجاد شبکه میکروبیوم تعیین می‌شوند: (۱) به‌کارگیری گونه‌های کاربردی (۲) مسدودکردن پاتوژن / آفت و (۳) تقویت هسته (توجو و همکاران، ۲۰۱۸ b،a؛ گائو و همکاران، ۲۰۲۱). بااین‌وجود، مایکوبیوم توسط چندین فاکتور اکولوژیکی نیز نهادینه شده است که ترکیب گونه‌ها از جمله گیاهان میزبان، رانش اکولوژیکی، پراکندگی و تکامل را هدایت می‌کنند (فیتزپاتریک و همکاران، ۲۰۲۰). علاوه بر این، نشان داده شده است که عوامل غیرزیستی مانند تنش‌های خشکی ممکن است بر تغییرات در میکروبیوم ریشه تأثیر بگذارند. به‌این‌ترتیب، فراوانی نسبی بالاتری در ترکیب قارچی اندوسفر ریشه در پاسخ به بیماری بلک فوت [1] (*Dactylonectria* و *Cylindrocarpon*) و عامل کنترل زیستی *Trichoderma* نسبت به سیستم‌های بدون آبیاری مشاهده گردید (دبی و همکاران، ۲۰۱۹؛ کربن و همکاران، ۲۰۲۱).

۲-۳-۱ میکروبیوم‌های قارچی محرک رشد گیاه در مدیریت بیماری

میکروبیوتای گیاهی نه‌تنها اثرات رشدی را روی گیاهان نشان می‌دهد، بلکه باعث مقاومت گیاه و افزایش محافظت در برابر بیماری‌ها می‌شوند. مقاومت گیاه احتمالاً از طریق مسیرهای مختلف افزایش می‌یابد. برخی از این ترکیب‌ها علی‌رغم اینکه بیماری‌زا نیستند و به گیاهان آسیب نمی‌رسانند، واکنش‌های ایمنی طبیعی گیاه را القا می‌کنند؛ بنابراین قبل از ورود پاتوژن‌ها و تهدید سلامت گیاه، پاسخ‌های پایه‌ای را ایجاد می‌کند؛ بنابراین، این افزایش مقاومت غیرفعال است و احتمالاً هزینه دفاعی را برای گیاه به همراه دارد، به‌خصوص اگر نیازی به واکنش مبتنی بر ایمنی

1. Black-Foot Disease

بیشتر نباشد. افزایش ایمنی القا شده زمانی که در نهایت با هیچ عامل بیماری‌زایی آلوده نشد، یک نوع ازدست‌دادن انرژی است (هیل و بوستوک، ۲۰۰۲). در هنگامی که این ضرر فقط شامل خسارت جانبی موضعی با مزایای غیرمنتظره می‌شود (عوامل بیماری‌زا در نهایت وارد می‌شوند)، کل فرایند مذکور همچنان سودمند است. از سوی دیگر، اگر عوامل تقویت‌کننده ایمنی متعدد باشند و بین آن‌ها هم‌زیستی وجود داشته باشند، آنگاه هزینه عمومی برای گیاه ممکن است از سود آن بیشتر باشد، احتمالاً به قیمت انجام تعهد بدون سود در محافظت گیاه که می‌توانست برای رشد یا سایر کارکردها هزینه شود (مارتین، ۲۰۰۱؛ فیتزپاتریک و همکاران، ۲۰۲۰). هنوز اطلاعات کمی وجود دارد که آیا این اثرات به تعادل عمومی سازگاری برای گیاهان تبدیل می‌شوند یا خیر. علاوه بر دفاع طبیعی گیاه از طریق ترشحات آنتی‌بیوتیک، میکروبیوتا می‌تواند حفاظت گیاه را هر زمان که آنتی‌بیوز در نتیجه خود میکروب‌های مشترک باشد، گسترش دهد. این کار به جوامعی که خود انتخاب می‌کنند کمک می‌نماید (بر اساس ژن‌های مقاومت به ترکیبات موضعی). بااین‌حال، ازآنجایی‌که شامل یک طرح رقابتی با امکانات عالی برای اجزای میکروبیوتا است، هر میکروبی ممکن است به بخشی از یک موقعیت مناسب تبدیل گردد، مانند خود پاتوژن‌ها که هر زمان در برابر شرایط محلی آنتی‌بیوز مقاومت ایجاد کنند. بااین‌وجود، جوامع میکروبیوتای پیشرفته که امکان کنترل پاتوژن را از طریق رقابت محلی یا حتی آنتی‌بیوز فراهم می‌کنند، چشم‌انداز امیدوارکننده‌ای در عمل کشاورزی هستند (فیتزپاتریک و همکاران، ۲۰۲۰).

در واقع، استفاده از میکروبیوتای مفید به انتخاب دقیق و توصیف مناسب و مقایسه گونه‌های در حال استفاده، عوارض جانبی و مشکلات احتمالی بستگی دارد. بااین‌حال، گاهی اوقات می‌توان مزایایی را حتی از ارگانیسم‌های نزدیک به هم و در زمانی که هر دو به‌عنوان پاتوژن رفتار می‌کنند، انتظار داشت. در این بخش نمونه‌ای از جنس *Colletotrichum* را نشان خواهیم داد، یک گروه شناخته شده از گونه‌ها- اجتماع‌های قارچی که اغلب در بین بسیاری از محصولات در سراسر جهان به‌شدت بیماری‌زا هستند. مطالعه‌ای روی توانایی میزبانی علف‌های هرز در طول

کشت مخلوط سیب‌زمینی تمایل به دو گونه نزدیک به هم یعنی *C. gloeosporioides* و *C. truncatum* را نشان داد، درحالی‌که در مقیاس محلی روی گونه‌های مختلف علف‌های هرز انتخابی برای تفکیک در میان جوامع فرعی مختلف در پوشش گیاهی مزرعه وجود دارد؛ بنابراین، *C. gloeosporioides* بیشتر روی علف‌های هرز ایستاده یافت می‌شود. درحالی‌که گونه *C. truncatum* بیشتر در گیاهان بالارونده و گونه‌های خزنده وجود داشت (دنتیکا و همکاران، ۲۰۲۱). این نوع جداسازی به رقابت بالقوه برای این دو گونه قارچ اشاره دارد. بااین‌حال، درحالی‌که گونه *C. gloeosporioides* ممکن است به‌شدت در سیب‌زمینی (*Dioscorea alata*) بیماری‌زا باشد، گونه *C. truncatum* به‌عنوان یک تهدید برای این محصول در نظر گرفته نمی‌شود. تجربیات تلقیح هم‌زمان با مقایسه تلقیح مخلوط یا پیشین توسط گونه *C. truncatum* نشان داد که علائم بیماری در مورد اول تشدید می‌شود، اما در مورد دوم به‌شدت کاهش می‌یابد (دنتیکا و همکاران، ۲۰۲۱)؛ بنابراین تلقیح پیشین گونه *C. truncatum* برای گونه‌های بیماری‌زاتر روی سیب‌زمینی مضر بودند. این بدان معناست که رقابت بین گونه‌ها می‌تواند برای کاهش شروع بیماری و به طور بالقوه کاهش اپیدمی در محصولات استفاده گردد. بااین‌حال، کسب یک مزیت کلی به محیط کشاورزی بستگی دارد. در این مورد، گونه *C. truncatum* در سیب‌زمینی بیماری‌زا نیست، اما مجموعه گونه‌ها به‌شدت به سایر محصولات مانند فلفل آسیب می‌زنند (دن و همکاران، ۲۰۰۸؛ ویر و همکاران، ۲۰۱۲)؛ بنابراین، پتانسیل کنترل، استفاده از آن را در جایی که هم سیب‌زمینی و هم فلفل به‌صورت مخلوط کشت می‌شوند، منع می‌کند.

٤-١ اگرواکولوژی، کشاورزی پایدار و میکروبیوم‌های قارچی

میکروبیوتا حداقل به دو عملکرد اصلی مرتبط با کشاورزی کمک می‌کند: کمک به رشد گیاه از طریق تولید هورمون‌ها و ترکیبات مرتبط با جذب عناصر غذایی و مهار ارگانیسم‌های بیماری‌زا،

در نتیجه به گیاهان در دفاع از خود در برابر آنتاگونیست‌ها کمک می‌کنند (آندرئوت و همکاران، ۲۰۱۴؛ بونفانته و همکاران، ۲۰۱۹؛ کمپنت و همکاران، ۲۰۱۹)؛ بنابراین، هر دو میکروبیوتای فیلوپلان [1] (روی اندام‌های گیاهی) و میکروبیوتای ریزوسفر (جمعیت‌های میکروارگانیسم‌های خاک در اطراف ریشه‌ها) می‌توانند به‌محض اینکه بهترین اجزا و ترکیبات را از میکروبیوتای طبیعی به دست آوریم، به میزان قابل‌توجهی در تولید غذا کمک نمایند (عارف و همکاران، ۲۰۲۰). مهندسی جوامع مطلوب ممکن است شامل اجزای متغیر هم باشد، زیرا میکروب‌های فیلوسفر نیز می‌توانند بستر گیاهان را بیشتر تخریب نموده و بنابراین با فرایندهای متناوب در خاک، هوموس خاک را بهبود می‌بخشند (مولر و ساکس، ۲۰۱۵؛ عارف و همکاران، ۲۰۲۰). در نتیجه، پیشرفت‌های اخیر در محصولات مهم با کشت‌های گسترده؛ مانند برنج، گونه‌های میکروبی موردعلاقه را با پتانسیل بالا برای افزایش عملکرد و احتمالاً با پتانسیل مناسب کشت برای استفاده‌های آینده در کشاورزی شناسایی کرده است (چن و همکاران، ۲۰۲۱). برعکس، طراحی ترکیب‌های بهینه میکروبیوتا مستلزم ارزیابی گردش مالی بالقوه آن‌ها در طول کاشت و کاشت مخلوط است، به‌ویژه اگر این عمل با تناوب همراه باشد و محصولات متناوب به جوامع مشابه پاسخ بهینه ندهند، یا اگر گردش مالی سریع‌تر از مدت‌زمان محصول در نظر باشد. این موضوع احتمالاً کمتر مربوط به میکروبیوتای خاک است که پایداری بیشتری را در طول زمان نشان می‌دهند، البته انتظار می‌رود برخی از این دوره‌های کمون و پنهانی در اصلاح ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی میکروبیوتای خاک وجود داشته باشد (یوان و همکاران، ۲۰۲۱). علاوه بر این، میکروبیوتای هوایی گیاهان نسبت به همتایان ریزوسفری خود نسبت به شرایط جوی مانند باران، دما، رطوبت و نوسانات روزانه آن‌ها و همچنین مدیریت محصول (به‌ویژه سم‌پاشی) انعطاف‌پذیری کمتری دارند؛ بنابراین، مقدار کمی گردش مالی انتظار می‌رود، به‌ویژه ازآنجایی‌که پراکندگی از محیط‌های همجوار به دلیل عدم وجود موانع فیزیکی در مسیر جریان و ورود ذرات طبیعی پراکنده

1. Phylloplane Microbiota

موجود در هوا، تسهیل می‌شود. این اشکال در استفاده از میکروبیوتا نیز طبیعتاً به دلیل ماهیت میکروارگانیسم تشدید می‌گردد: قارچ‌ها احتمالاً نسبت به فعالیت باکتری‌های میکروبیوتا، هم در خاک و هم به‌عنوان اندوفیت در فیلوسفر، انعطاف‌پذیرتر هستند و بنابراین ماهیت تسهیل آن‌ها در شبکه‌های میکروبیومی تحت‌تأثیر قرار خواهند گرفت (هارتمن و همکاران، ۲۰۱۸؛کمپنت و همکاران، ۲۰۱۹).

در همین حال، اگرچه میکروبیوتا بدون شک به یک ابزار اصلی در سیستم‌های کشاورزی پایدارتر تبدیل می‌شود، هنوز چندین مشکل باید قبل از گسترش استفاده از آن‌ها در مقیاس وسیع موردتوجه قرار گیرد. اولین و واضح‌ترین چالش، تعیین سهم طبقه‌بندی در خدمات اکوسیستمی توسط جوامع میکروبی است که برای سیستم‌های زراعی مفید است و به‌خصوص تفاوت‌های عملکردی در محیط‌های متنوع، به‌ویژه مناطق معتدل در مقابل مناطق گرمسیری مشخص گردد، اما همچنین عدم تقارن‌های بالقوه برای مناطق معتدل/نیمه‌گرمسیری یا مناطق استوایی مرطوب در مقابل خشک متفاوت است. البته، ترکیب اجزای بهینه به‌عنوان یک دارایی اصلی استفاده از میکروبیوتا عمل خواهد نمود، اما ممکن است برای اندام‌های مختلف گیاه، به‌ویژه اثرات متضاد بین برگ‌ها و ساختارهای گل و حتی غده‌ها یا میوه‌ها، متفاوت باشد (مولر و همکاران، ۲۰۱۵). درحالی‌که علم نوظهور و امیدوارکننده میکروبیوم از نظر مطالعات و اطلاعات علمی به طور تصاعدی درحال‌رشد است و فرصت‌های فراوانی را برای استقرار شیوه‌های کشاورزی پایدار با کاهش بالقوه اتکای بیش از حد به مواد شیمیایی برجسته می‌کند. ما هنوز باید گونه‌های داخلی میکروبی و جوامع مرکزی را در ترکیب با تمام شرایط متفاوتی که با آن‌ها مواجه خواهند شد، قبل از شروع فرایند بهینه‌سازی جوامع، شناسایی نماییم. این کار به دلیل تغییر اقلیمی، تشدید می‌شود و ممکن است در تغییر میکروارگانیسم‌های بالقوه مفید، یا مکان‌های فعلی آن‌ها نقش داشته باشد که این شرایط حتی مهم‌تر نیز است. در واقع، پیشنهاد شده است که ممکن است تغییرات اقلیمی تأثیر قابل‌توجهی بر تغییرات در جوامع میکروبی داشته باشد (دوبی و همکاران، ۲۰۱۹). در همین حال،

دوگانگی دیگری در شکاف بین کشاورزی تک‌محصولی فشرده و سیستم‌های کشاورزی متنوع کشاورزی در مقیاس کوچک وجود دارد و بنابراین چالش‌ها در استفاده از میکروبیوتا بین این دو جنبه از سیستم‌های کشاورزی فعلی متفاوت خواهد بود. این پویایی را با جزئیات بیشتر در بخش بعدی بررسی خواهیم نمود.

۵-۱ فرصت‌هایی برای کاربردهای جدید جوامع قارچی مفید جهت بهبود خاک، رشد و سلامت گیاهان

کشاورزی فشرده، حتی در چارچوب مفهوم فشرده بوم‌شناختی، در مقایسه با سیستم‌های زراعی و جنگل‌داری کشاورزی، اغلب شامل سیستم‌های کشت آسان‌تر شده است و بنابراین زمانی که ابزارهای میکروبیوتا برای استفاده در مقیاس بزرگ در دسترس قرار گیرند، سریع‌تر و بهتر از این شرایط سود خواهیم برد. بااین‌وجود، مسائلی که قبلاً مشخص شده‌اند به طور متناقضی نیز پیچیده‌تر یا آسان‌تر می‌شوند که بتوانند در کشاورزی در مقیاس کوچک با تنوع بسیار زیاد گنجانده شوند و البته در شرایط حاضر در حال استفاده گسترده در سیستم‌های کشاورزی در سراسر جهان نیز هستند. در این بخش چگونگی رویکردهای میکروبیوتای پیشرفته که ممکن است در چنین سیستم‌هایی پیاده شوند و اینکه آیا یک چارچوب مشترک در هر دو مورد اعمال می‌شود و آیا راه‌حل‌های جایگزین باید توسط جوامع علمی به کار گرفته شود را مرور خواهیم نمود. به‌طورکلی سه سطح وجود دارد که هر دو رویکرد کشاورزی آنها آن‌قدر متفاوت هستند که ممکن است برای موفقیت کامل میکروبیوتا به استراتژی‌های متفاوتی وابسته باشند: اولی مربوط به مدیریت خاک و کوددهی است، دومی مربوط به تنوع محصول در مقیاس محلی است و آخرین مورد مربوط به سه‌گانه تیره زراعی – علف‌های هرز، آفات و بیماری‌ها است.

۱-۵-۱ مدیریت خاک و کوددهی

در حال حاضر، کشاورزی فشرده عمدتاً از کشت‌های تک مقیاس وسیع تشکیل شده است و از لحاظ تاریخی توجه اندکی به خاک (و در نتیجه سلامت خاک) داشته است که به‌عنوان یک بستر بی‌اثر و گیرنده ساده برای محصولات در نظر گرفته شده است (فدورف، ۱۹۸۷). علاوه بر این، مفهوم بازگشت عناصر غذایی در کشاورزی تجاری، اغلب به‌عنوان یک فرمول ساده مخصوص گیاه برای متعادل‌کردن صحیح و به‌طورکلی جبران نهاده‌های زراعی و جبران صادرات از محصولات برداشت شده بهینه می‌شود و کمتر چرخه عناصر غذایی از طریق کود یا سایر عوامل زیستی را در نظر می‌گیرد. در نتیجه، بسیاری از خاک‌های کشت شده به‌تدریج آسیب‌دیده و فقیر می‌شوند، از بالا بودن سطح رواناب رنج می‌برند و در نهایت به بسترهای بی‌جان تبدیل شده‌اند که بهره‌وری کارآمد از این شرایط موجود، مستلزم استفاده گسترده از نهاده‌های خارجی است (پانخورست و لینچ، ۱۹۹۵). در همین حال، الگوهای مدرن به سمت تصور خاک به‌عنوان یک جامعه زنده از میکروبیوم، همراه با بستر قدیمی‌تر یا شرایط کاهشی تغییر می‌کند و نیاز ما به ذخیره مجدد کربن ازدست‌رفته از خاک به دلیل محصولات کشت شده، ابزارها یا رویکردهای جدیدی را در اختیار قرار می‌دهد تا تولید عناصر غذایی را هم پایدار و هم دوستدار محیط‌زیست نماییم. ازاین‌رو، باتوجه‌به کاهش منطقه‌ای خاص، در حال حاضر گام‌هایی به سمت مراقبت خاک که شامل جوامع میکروبی خاک احیاکننده است، ایجاد گردیده است (پاگانو و همکاران، ۲۰۱۷؛ کربن و همکاران، ۲۰۲۱). این روش‌ها شامل افزایش چرخه مواد آلی و احتمالاً از طریق چرخه اقتصاد محلی مدیریت می‌شود، زیرا انعطاف‌پذیری خاک شامل مقادیر زیادی از زیست‌توده قارچ است و قارچ‌ها اغلب به سطوح بالایی از مواد آلی نیاز دارند (پریچ و گاربی، ۲۰۱۱). درحالی‌که چنین ترکیب میکروبی مبتنی بر قارچ باید دقیقاً مطالعه شود، محققان باید بر روی گونه‌های قارچی که در تکامل مرحله رویشی مشابه هستند متمرکز شوند و جوامع پیش‌گامی را ایجاد نمایند که خود را به تکامل طبیعی نسبت به جوامع محلی انعطاف‌پذیر نزدیک نموده و به رشد محصولات و

مقاومت در برابر بیماری‌ها کمک نمایند و درعین‌حال سلامت قبلی خاک را نیز بازیابی کنند (کامپنت و همکاران، ۲۰۱۹؛ پوزو و همکاران، ۲۰۲۱). موارد فوق حتی مهم‌تر از حفظ سطوح عناصر غذایی در خاک‌های سالم است که صرفاً بر اساس دریافت و رهاسازی میکروبیوتا است.

برعکس، سیستم‌های اگرواکولوژیکی از قبل بر پایه چرخش زیست‌توده و خاک‌های غنی‌سازی شده، چه در قالب استفاده از کمپوست، کود حیوانی و سبز، مالچ‌پاشی و چه در اشکال شدیدتر بازیافت درختان (روش هیوج کالچر[1]، در این روش عملیات کمپوست‌سازی مواد چوبی حجیم برای ایجاد باغچه‌هایی با بسترهای پشته‌ای انجام می‌شود) هستند. خاک‌های غنی در برابر خشکی و رواناب عناصر غذایی مقاوم‌تر شناخته شده‌اند. در مقایسه با خاک‌های فقیر، چالش تلاش برای بهبود جوامع به طور مستقیم به سمت تعاملات میکروبیوتا/گیاه به طور خاص بهینه‌سازی شده است. درحالی‌که اطلاعات کمی در مورد پایداری مشترک مجموعه‌های میکروبی مصنوعی وجود دارد، حتی در مورد اینکه آیا جایگزینی گونه‌های سازنده ممکن است یا خیر نیز کمتر شناخته شده است. مگر اینکه واردات مکرر افزونه[2] (گونه‌های پایه که منشا گونه‌های جدید است) به یک مکان خاص آورده شود، در حال حاضر مشخص نیست که آیا گونه‌ها می‌توانند به‌سادگی تجمیع شوند و میکروبیوتای بهبودیافته با اثرات مفید بر محصولات تولید نمایند یا خیر، حتی اگر بوم‌شناسی کلاسیک در مورد جابه‌جایی گونه‌ها و جایگزینی رقابتی، اطلاعات زیادی به ما آموخته باشند، ترکیب‌های خاص ممکن است برای مهندسی بسیار پیچیده باشند. بااین‌حال، سیستم‌هایی که به طور طبیعی بسیار متنوع‌اند، اغلب انعطاف‌پذیر و خود پایدار هستند، بنابراین ممکن است موضوع، بهینه‌سازی اجزای فردی در جامعه نباشد، بلکه حفظ یک موجودیت جمعی عملکردی با کارایی سیستماتیک مدنظر باشد. در این مورد، تحقیقات علمی باید بر تأثیر شیوه‌ها و اینکه چگونه می‌توانند فرصت‌هایی را برای بهبود عملکرد، ثبات و سود برای محصولات فراهم کنند، متمرکز می‌شوند. واضح است که اگرچه هنوز از منظر علمی، این رویکرد استناد ضعیفی

1. Hugelkultur
2. Propagule

دارد، اما در چندین روش که گاهی اوقات توسط کشاورزانی که سیستم‌های اگرواکولوژیکی یا کشاورزی پایدار را پذیرفته‌اند، متکی به این ایده بوده است که میکروبیوتا جزء مهمی از سیستم آن‌ها، به‌ویژه روش‌های غنی‌سازی میکروارگانیسم‌های بومی، محسوب می‌گردند. شیوه‌های رایج برای چنین اقداماتی اغلب با جمع‌آوری هوموس از جنگل‌های محلی و استفاده از محلول‌های تخمیر شده در کشت‌های بذری با محلول‌های غنی شده انجام می‌گردد. احتمالاً راه‌های زیادی برای تحقیق در این زمینه وجود دارد، به‌ویژه برای مطالعه اینکه آیا و با چه سرعتی ارگانیسم‌های مفید به زمین‌های کشت منتقل می‌شوند و اینکه آیا دستورالعمل‌ها می‌توانند به طور انحصاری برای جهت‌دهی ترکیبات طبقه‌بندی‌شده برای عملکردهای خاص طراحی شوند. یکی از مزایای این رویکردها این است که راه‌حل‌های بومی با فناوری‌های پایین برای افزایش مقیاس برای کشاورزان کوچک در سراسر جهان که قابل توسعه هستند گنجانده شده است.

۲-۵-۱ تنوع محصول در مقیاس محلی

اگرچه کشاورزی فشرده اغلب با کشت تک محصول مشخص می‌شود، با وجود افزایش فراوانی اخیر در کشت مخلوط چند محصولی، توسعه ابزارهای میکروبیوتا همچنان یک یا تنها چند محصول را هدف قرار می‌دهد؛ بنابراین، نگرانی اصلی میکروبیوتا به‌عنوان یک ابزار بهره‌وری، حول این سؤال ایجاد می‌شود که آیا جوامع ساده‌ای وجود دارند که به‌اندازه کافی عمومیت داشته باشند تا مزایای رشد یا مقاومت را به مجموعه وسیع و متنوعی از محصولات اعطا نمایند؟ یا اینکه آیا میکروبیوتای بهینه، خاص‌تر و وابسته به گونه‌های زراعی کشت شده است یا خیر؟ تمرکز بر اجزای اصلی جوامع میکروبیوتای مفید، احتمالاً ابتدا منجر به پیشرفت‌های سریع و استفاده اولیه می‌شود، تا زمانی که ارگانیسم‌های اختصاصی بیشتری برای استفاده در هر زمان که مزایای آن‌ها بیشتر از مزایای اجزای اصلی باشد، پیشنهاد گردند. یک سؤال جدی در مورد هویت جمعی میکروب‌های مشترک در طبیعت وجود دارد. مطالعات کنونی هم اهمیت فضا و هم تأثیر

محلی اجزای گونه را برجسته می‌کنند؛ بنابراین، میکروبیوتا به طور گسترده بین گیاهانی که درهرجایی رشد می‌کنند، گاهی اوقات حتی در مقیاس یا منطقه بزرگ، مشترک است و تعاملات خاص‌ترگونه‌های میکروبیوتا در رابطه نزدیک با گیاهان ویژه بسیار مهم است؛ بنابراین یک مسئله مهم وجود دارد که باید حل گردد و آن این است آیا اجزای گونه مشترک بین گیاهان محلی می‌توانند به‌طورکلی مزایایی را نشان دهند، یا اینکه آن‌ها به‌صورت ساده‌تر و بدون تعامل قوی به‌عنوان گیاهان معمولی رفتار می‌کنند؛ بنابراین، درک هر دو مؤلفه اصلی میکروبیوتا و اجزای تخصصی ویژه، یک هدف مهم برای علم کشاورزی کاربردی است.

در مقابل، سیستم‌های اگرواکولوژی برای تنوع در هر سطحی از سازمان‌های ساختاری تلاش می‌کنند. تنوع زراعی بوم‌شناختی عموماً شامل هر دو سطح زیرگونه‌ای و بینِ‌گونه‌ای تنوع است. علاوه‌برآن، ساختار فضایی تنوع لزوماً همگن یا کنترل‌شده نیست، اما اغلب با درجات بسیار بالایی از اختلاط، به‌ویژه در بافت‌های کشاورزی سنتی‌تر و در مقیاس کوچک اتفاق می‌افتند. در این مورد، مزایای بالقوه میکروبیوتا به‌شدت به این مورد بستگی دارد که آیا می‌توان جوامع سودمند عمومی را پیشنهاد نمود یا خیر. وقتی صحبت از اجزای خاص می‌شود، تنوع طبیعی مانع از بهینه‌سازی مصنوعی اجزای خاص می‌شود؛ بنابراین، همان‌طور که قبلاً بحث گردید، تمرکز باید به مدیریت یکپارچه میکروبیوتای طبیعی، با امید به تحقق پتانسیل کامل برای بهبود با شیوه‌های هدفمند تأثیرگذار بر تکامل و تعادل میکروبیوتا، تغییر یابد.

۳-۵-۱ سه‌گانه تاریک زراعی: علف‌های هرز، آفات و بیماری‌ها

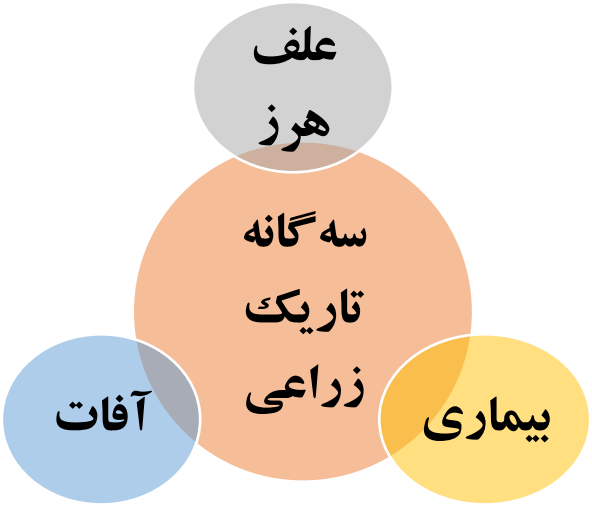
سه‌گانه تاریک زراعی (شکل ۱-۳) بر هر محصولی، مستقل از ماهیت سیستم کشت مورد استفاده، چه تحت مدیریت فشرده یا اگرواکولوژیکی باشند، تأثیر می‌گذارند.

به طور سنتی، سیستم‌های کشت فشرده متکی به یک رویکرد سرکوب‌کننده از طریق کنترل شیمیایی سه‌گانه به‌صورت درمانی یا حتی پیشگیرانه، به قیمت عوارض جانبی گسترش خارج از

اهداف مزرعه و منجر به سطوح بالایی از آسیب‌های محیطی می‌شوند. روش‌های اگرواکولوژی، استراتژی‌های متنوعی برای هر نقطه از این سه‌گانه دارند و هیچ تعمیم واحدی را از سرکوب محلی (مانند کنترل علف‌های هرز از طریق مالچ‌پاشی، کنترل از طریق محرک‌های زیستی) تا آزادانه/بی‌تفاوت یا حتی استفاده از آن تنوع (به‌عنوان‌مثال، علف‌های هرز به‌عنوان ارکان استراتژی‌های فشار - نفوذ استفاده می‌شود) نمی‌توان ترسیم نمود. همچنین، سطوح اختلاط محصول به دلیل اثر بازدارنده آن بر بیماری‌های گیاهی که کنترل طبیعی پاتوژن‌ها تحت مدیریت اگرواکولوژیک است، تسهیل می‌شود.

رویکرد میکروبیوتا در این مورد چگونه تفسیر می‌شود؟ اول، باید توجه داشت که از دیرباز، کنترل میکروبی منفرد خیلی زود در عمل کشاورزی مورداستفاده قرار گرفته بودند. به‌عنوان‌مثال، قارچ *Colletotrichum gloeosporioides* به طور منظم به‌عنوان یک عامل کنترل برای علف‌های هرز (گیاهان مهاجم) پیشنهاد گردید، زیرا یک عامل بیماری‌زا است (کای و همکاران، ۲۰۰۹). بدیهی است که این رویکرد در صورتی مفید است که عامل کنترل فقط به هدف خود حمله نماید، بدون اینکه آسیب جانبی به محصولات وارد شود. این موضوع در مورد باکتری *Bacillus thuringiensis* برای کنترل آفات نیز صدق می‌کرد، تا جایی که پروتئین حشره‌کش آن ژنی بود که در اوایل تاریخ بیوتکنولوژی کشاورزی برای توسعه محصولات تراریخته استفاده می‌گردید. همان‌طور که انتظار می‌رود، راه‌حل‌های منفرد، اما خاص، می‌توانند موثر واقع شوند و مسائل دقیقی را در کشاورزی حل نمایند. بااین‌حال، سؤال در مورد میکروبیوتا، یک‌بار دیگر به عنوان یک سؤال کلی‌تر مطرح می‌شود: آیا جوامعی وجود دارند که بتوان از آن‌ها در مدیریت پیشگیرانه علیه سه‌گانه تاریک زراعی فوق استفاده نمود؟ اگرچه پیش‌بینی با قطعیت دشوار است، اما احتمالاً در مورد کنترل علف‌های هرز نمی‌توان انتظار داشت، زیرا یک رویکرد میکروبیومی متکی بر رفتار گونه‌ها مؤلفه‌ای است که نسبت به علف‌های هرز رفتاری متضاد دارند، بدون اینکه چنین کاری روی محصولات انجام دهد. به طور مشابه، کنترل آفات ممکن است به‌عنوان یک

استراتژی اشتراکی بسیار دشوار باشد و یک رویکرد تک‌گونه ممکن است برای مدیریت کارآمد بسیار آسان‌تر قلمداد شود. این نگرانی برای کشاورزی فشرده بیشتر از سیستم‌های کشاورزی اکولوژیکی مطرح است. به‌عنوان روش‌های جایگزین در کنار میکروبیوتا، از قبل برای مدیریت حشرات آفات، به‌ویژه کنترل طبیعی از طریق آنتاگونیست‌های طبیعی آفات (مانند پارازیتوئیدها) یا استراتژی‌های فشار - نفوذ استفاده می‌شود. برعکس، در سه‌گانه تاریک، ویژگی قابل‌کنترل از طریق میکروبیوتا بیماری‌های محصول هستند. به نظر می‌رسد شواهد کنونی توسعه بیماری را با تغییر شدید و حتی کاهش تنوع قارچی برگ مرتبط می‌دانند. دانشمندان باید فرایندهای اساسی دخیل در تغییرات جوامع قارچی را درک نمایند، به‌خصوص اگر این مشاهدات صرفاً منعکس‌کننده جابه‌جایی رقابتی باشد، از جمله ترشح ترکیبات شیمیایی توسط میکروبیوتا، شکار، رقابت مستقیم برای منابع محلی مانند عناصر غذایی و اینکه آیا فرایندهای دیگر ممکن است دخالت داشته باشند یا خیر.



شکل ۱-۳ طرح کلی از سه تهدید برای کشاورزی پایدار

اطلاعات کمی در مورد سطوح تعامل وجود دارد. این حالت در مورد ترکیب جوامع یا شبکه صادق است و در مورد فرایند آلودگی و بیماری گیاهی، ما باید نه‌تنها مسئله تعاملات متقابل یا مشترک، بلکه تضادها را نیز حل نماییم و اینکه چگونه آن‌ها می‌توانند بر پاتوژن‌های گیاهی تأثیر بگذارند و بیماری را سرکوب نمایند.

براین‌اساس، یک عامل بزرگ در کارایی میکروبیوم‌ها به‌عنوان ابزارهای سرکوب‌کننده بیماری بستگی به این دارد که آیا تعاملات بیولوژیکی منفعل و صرفاً جمعیتی به‌عنوان یک اثر رقابتی هستند یا اینکه می‌توانند بر اساس خاصیت تهاجمی خود در جوامع و شبکه‌های میکروبی فعال باشند.

۱-٦ نتیجه‌گیری

به طور خلاصه، مرحله بعدی کشاورزی هیجان‌انگیز است و فرصتی را برای محققان فراهم می‌کند تا دانش خود را از میکروبیوم در عمل با کشاورزی تطبیق نمایند. ریززیواگان یا میکروبیوتا مطمئناً ابزاری مناسب برای کمک به کشاورزی به‌سوی بهبود پایداری بدون آسیب رساندن به بهره‌وری و حتی احتمالاً منجر به افزایش عملکرد نیز خواهد بود. بااین‌وجود، باتوجه‌به دانش فعلی و زمینه تحقیقاتی مورد نیاز، هنوز چندین مشکل وجود دارد که مانع اجرای کلی آن در مزارع می‌شود. اول شناسایی جنس‌های اصلی با عملکردهای مرتبط برای گیاهان جهت پیشنهاد جوامع مصنوعی کارآمد است. دوم، شناسایی گونه‌های جزء خاص که با ویژگی‌های محلی (منطقه‌ای) یا اندام ویژه برای بهبود جوامع مصنوعی پایه مطابقت دارند و سوم، بررسی پایداری جوامع مصنوعی در چرخه‌های کشت، برای اطمینان از مزایای تولید عناصر غذایی می‌باشند.

در این فصل، ساختار و عملکرد میکروبیوم قارچی، بررسی و توصیه‌های ویژه‌ای برای کشاورزی فشرده و کشاورزی در مقیاس کوچک ارائه گردید. مهندسی میکروبیوتا و کاربرد آن در کشاورزی، به عنوان مرزهای جدیدی در حذف وابستگی ناپایدار به نهاده‌های شیمیایی جهت

افزایش عملکرد و مدیریت بیماری‌ها محسوب می‌گردند. علاوه بر این، اتخاذ استراتژی‌های مدیریت یکپارچه آفات که اجزای کلیدی در اگرواکولوژی هستند، فرصت‌هایی را برای کشاورزی پایدار مستقل از مواد شیمیایی اما مبتنی بر میکروبیوتا برای افزایش رشد گیاه و مقاومت در برابر بیماری‌ها فراهم می‌نمایند.

منابع

Ahmed A (2016) Analysis of metagenomics next generation sequence data for fungal ITS barcoding: do you need advance bioinformatics experience? Front Microbiol 7:1061. https:// doi.org/10.3389/fmicb.2016.01061.

Andreote FD, Gumiere T, Durrer A (2014) Exploring interactions of plant microbiomes. Sci Agric 71:528–539. https://doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0195

Arif I, Batool M, Schenk PM (2020) Plant microbiome engineering: expected benefits for improved crop growth and resilience. Trends Biotechnol 38:1385–1396. https://doi.org/10.1016/j.tibtech. 2020.04.015

Arnold AE, Mejía LC, Kyllo D et al (2003) Fungal endophytes limit pathogen damage in a tropical tree. Proc Natl Acad Sci 100:15649–15654. https://doi.org/10.1073/pnas.2533483100

Aslam MM, Okal EJ, Idris AL et al (2022) Rhizosphere microbiomes can regulate plant drought tolerance. Pedosphere 32:61–74. https://doi.org/10.1016/s1002-0160(21)60061-9

Berg G, Rybakova D, Fischer D et al (2020) Microbiome definition re-visited: old concepts and new challenges. Microbiome 8:103. https://doi.org/10.1186/s40168-020-00875-0

Blaalid R, Kumar S, Nilsson RH et al (2013) ITS1 versus ITS2 as DNA metabarcodes for fungi. Mol Ecol Resour 13:218–224. https://doi.org/10.1111/1755-0998.12065

Bonfante P, Venice F, Lanfranco L (2019) The mycobiota: fungi take their place between plants and bacteria. Curr Opin Microbiol 49:18–25. https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.08.004

Bordenstein SR, Theis KR (2015) Host biology in light of the microbiome: ten principles of Holobionts and Hologenomes. PLoS Biol 13:e1002226. https://doi.org/10.1371/journal.pbio. 1002226

Cai L, Hyde KD, Taylor PWJ et al (2009) A polyphasic approach for studying Colletotrichum. Fungal Divers 39:183–204

Carbone MJ, Alaniz S, Mondino P et al (2021) Drought influences fungal community dynamics in the grapevine rhizosphere and root microbiome. J Fungi 7:686. https://doi.org/10.3390/ jof7090686

Chen Q-L, Hu H-W, He Z-Y et al (2021) Potential of indigenous crop microbiomes for sustainable agriculture. Nat Food 2:233–240. https://doi.org/10.1038/s43016-021-00253-5

Clay K, Schardl C (2002) Evolutionary origins and ecological consequences of endophyte symbiosis with grasses. Am Nat 160:S99–S127. https://doi.org/10.1086/342161

Compant S, Samad A, Faist H, Sessitsch A (2019) A review on the plant microbiome: ecology, functions, and emerging trends in microbial application. J Adv Res 19:29–37. https://doi.org/10. 1016/j.jare.2019.03.004

Crous PW, Hawksworth DL, Wingfield MJ (2015) Identifying and naming plant-pathogenic fungi: past, present, and future. Annu Rev Phytopathol 53:1–21. https://doi.org/10.1146/annurevphyto-080614-120245

Cuadros-Orellana S, Leite LR, Smith A et al (2013) Assessment of fungal diversity in the environment using metagenomics: a decade in review. Fungal Genom Biol 3:1–13. https:// doi.org/10.4172/2165-8056.1000110

de Souza RSC, Okura VK, Armanhi JSL et al (2016) Unlocking the bacterial and fungal communities assemblages of sugarcane microbiome. Sci Rep 6:28774. https://doi.org/10.1038/ srep28774

Dentika P, Ozier-Lafontaine H, Penet L (2021) Weeds as pathogen hosts and disease risk for crops in the wake of a reduced use of herbicides: evidence from yam (Dioscorea alata) fields and Colletotrichum pathogens in the tropics. J Fungi 7:283. https://doi.org/10.3390/jof7040283

Donovan PD, Gonzalez G, Higgins DG et al (2018) Identification of fungi in shotgun metagenomics datasets. PLoS One 13:e0192898. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0192898

Dubey A, Malla MA, Khan F et al (2019) Soil microbiome: a key player

for conservation of soil health under changing climate. Biodivers Conserv 28:2405–2429. https://doi.org/10.1007/ s10531-019-01760-5

Edwards J, Johnson C, Santos-Medellín C et al (2015) Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. Proc Natl Acad Sci 112:E911–E920. https://doi.org/10. 1073/pnas.1414592112

Edwards JE, Forster RJ, Callaghan TM et al (2017) PCR and omics based techniques to study the diversity, ecology and biology of anaerobic fungi: insights, challenges and opportunities. Front Microbiol 8:1657. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01657

Fedoroff N (1987) Scientific basis for soil protection in the European Community. Springer, New York, pp 65–85. https://doi.org/10.1007/978-94-009-3451-1_5

Fitzpatrick CR, Salas-González I, Conway JM et al (2020) The plant microbiome: from ecology to reductionism and beyond. Annu Rev Microbiol 74:1–20. https://doi.org/10.1146/annurevmicro-022620-014327

Frediansyah A (ed) (2021) Cassava: biology, production, and use. IntechOpen, London. https://doi. org/10.5772/intechopen.87488

Gao L, Tu Z, Millett BP, Bradeen JM (2013) Insights into organ-specific pathogen defense responses in plants: RNA-seq analysis of potato tuber-Phytophthora infestans interactions. BMC Genomics 14:340. https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-340

Gao M, Xiong C, Gao C et al (2021) Disease-induced changes in plant microbiome assembly and functional adaptation. Microbiome 9:187. https://doi.org/10.1186/s40168-021-01138-2

Hariharan G, Prasannath K (2021) Recent advances in molecular diagnostics of fungal plant pathogens: a mini review. Front Cell Infect Microbiol 10:600234. https://doi.org/10.3389/ fcimb.2020.600234

Hartman K, van der Heijden MGA, Wittwer RA et al (2018) Cropping practices manipulate abundance patterns of root and soil microbiome members paving the way to smart farming. Microbiome 6:14. https://doi.org/10.1186/s40168-017-0389-9

Heil M, Bostock RM (2002) Induced systemic resistance (ISR) against pathogens in the context of induced plant defences. Ann Bot 89:503–512. https://doi.org/10.1093/aob/mcf076

Huang X, Liu L, Wen T et al (2015) Illumina MiSeq investigations on

the changes of microbial community in the *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense infected soil during and after reductive soil disinfestation. Microbiol Res 181:33–42. https://doi.org/10.1016/j.micres.2015.08.004

Isobe S, Shirasawa K, Hirakawa H (2019) Current status in whole genome sequencing and analysis of ipomoea spp. Plant Cell Rep 38:1365–1371. https://doi.org/10.1007/s00299-019-02464-4

Kim H, Lee Y-H (2020) The rice microbiome: a model platform for crop Holobiome. Phytobiomes J 4:5–18. https://doi.org/10.1094/pbiomes-07-19-0035-rvw

Ma Y, Fort T, Marais A et al (2021) Leaf-associated fungal and viral communities of wild plant populations differ between cultivated and natural ecosystems. Plant Environ Interact 2:87–99. https://doi.org/10.1002/pei3.10043

Martin H (2001) The ecological concept of costs of induced systemic resistance (ISR). Eur J Plant Pathol 107:137–146. https://doi.org/10.1023/A:1008793009517

Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers JM (2013) The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. FEMS Microbiol Rev 37: 634–663. https://doi.org/10.1111/1574-6976.12028

Meunier R, Bayır S (2021) Metagenomics approaches in microbial ecology and research for sustainable agriculture. TATuP 30:24–29. https://doi.org/10.14512/tatup.30.2.24

Mueller UG, Sachs JL (2015) Engineering microbiomes to improve plant and animal health. Trends Microbiol 23:606–617. https://doi.org/10.1016/j.tim.2015.07.009

Müller DB, Vogel C, Bai Y, Vorholt JA (2015) The plant microbiota: systems-level insights and perspectives. Annu Rev Genet 50:211–234. https://doi.org/10.1146/annurev-genet120215-034952

Naranjo-Ortiz MA, Gabaldón T (2019) Fungal evolution: diversity, taxonomy and phylogeny of the fungi. Biol Rev 94:2101–2137. https://doi.org/10.1111/brv.12550

Nilsson RH, Anslan S, Bahram M et al (2019) Mycobiome diversity: high-throughput sequencing and identification of fungi. Nat Rev Microbiol 17:95–109. https://doi.org/10.1038/s41579-018- 0116-y

Noman M, Ahmed T, Ijaz U et al (2021) Plant–microbiome crosstalk:

dawning from composition and assembly of microbial community to improvement of disease resilience in plants. Int J Mol Sci 22:6852. https://doi.org/10.3390/ijms22136852

Pagano MC, Correa EJA, Duarte NF et al (2017) Advances in eco-efficient agriculture: the plantsoil mycobiome. Agriculture 7:14. https://doi.org/10.3390/agriculture7020014

Pankhurst CE, Lynch JM (1995) 12 the role of soil microbiology in sustainable intensive agriculture. Adv Plant Pathol 11:229–247. https://doi.org/10.1016/s0736-4539(06)80014-0

Pascale A, Proietti S, Pantelides IS, Stringlis IA (2020) Modulation of the root microbiome by plant molecules: the basis for targeted disease suppression and plant growth promotion. Front Plant Sci 10:1741. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01741

Patel JS, Singh A, Singh HB, Sarma BK (2015) Plant genotype, microbial recruitment and nutritional security. Front Plant Sci 6:608. https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00608

Pozo MJ, Zabalgogeazcoa I, de Aldana BRV, Martinez-Medina A (2021) Untapping the potential of plant mycobiomes for applications in agriculture. Curr Opin Plant Biol 60:102034. https:// doi.org/10.1016/j.pbi.2021.102034

Prasad R, Zhang S-H (2022) Benefical microorganisms in agriculture. Springer, Singapore. https:// link.springer.com/book/9789811907326

Pritsch K, Garbaye J (2011) Enzyme secretion by ECM fungi and exploitation of mineral nutrients from soil organic matter. Ann Forest Sci 68:25–32. https://doi.org/10.1007/s13595-010-0004-8

Prochnik S, Marri PR, Desany B et al (2012) The cassava genome: current progress, future directions. Trop Plant Biol 5:88–94. https://doi.org/10.1007/s12042-011-9088-z

Raja HA, Miller AN, Pearce CJ, Oberlies NH (2017) Fungal identification using molecular tools: a primer for the natural products research community. J Nat Prod 80:756–770. https://doi.org/10.1021/acs.jnatprod.6b01085

Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S et al (2012) Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. Proc Natl Acad Sci 109:6241–6246. https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109

Scibetta S, Schena L, Abdelfattah A et al (2018) Selection and experimental evaluation of universal primers to study the fungal microbiome of higher plants. Phytobiomes J 2:225–236. https://doi.org/10.1094/pbiomes-02-18-0009-r

Stielow JB, Lévesque CA, Seifert KA et al (2015) One fungus, which genes? Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. Persoonia Mol Phylogeny Evol Fungi 35:242–263. https://doi.org/10.3767/003158515x689135

Tamiru M, Natsume S, Takagi H et al (2017) Genome sequencing of the staple food crop white Guinea yam enables the development of a molecular marker for sex determination. BMC Biol 15:86. https://doi.org/10.1186/s12915-017-0419-x

Tedersoo L, Anslan S, Bahram M et al (2015) Shotgun metagenomes and multiple primer pairbarcode combinations of amplicons reveal biases in metabarcoding analyses of fungi. Mycokeys 10:1–43. https://doi.org/10.3897/mycokeys.10.4852

Tedersoo L, Sánchez-Ramírez S, Kõljalg U et al (2018) High-level classification of the Fungi and a tool for evolutionary ecological analyses. Fungal Divers 90:135–159. https://doi.org/10.1007/ s13225-018-0401-0

Tedersoo L, Bahram M, Zobel M (2020) How mycorrhizal associations drive plant population and community biology. Science 367(6480):eaba1223. https://doi.org/10.1126/science.aba1223

Than PP, Jeewon R, Hyde KD et al (2008) Characterization and pathogenicity of Colletotrichum species associated with anthracnose on chilli (Capsicum spp.) in Thailand. Plant Pathol 57:562– 572. https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2007.01782.x

Toju H, Yamamoto S, Tanabe AS et al (2016) Network modules and hubs in plant-root fungal biomes. J Roy Soc Interface 13:20151097. https://doi.org/10.1098/rsif.2015.1097

Toju H, Kurokawa H, Kenta T (2018a) Factors influencing leaf- and root-associated communities of bacteria and fungi across 33 plant orders in a grassland. Biorxiv. 439646. https://doi.org/10. 1101/439646

Toju H, Peay KG, Yamamichi M et al (2018b) Core microbiomes for sustainable agroecosystems. Nat Plants 4:247–257. https://doi.org/10.1038/s41477-018-0139-4

Varma A, Prasad R, Tuteja N (2017a) Mycorrhiza: function, diversity and state-of-art. Springer International Publishing. ISBN: 978-3-319-53064-2. http://www.springer.com/us/book/978331 9530635

Varma A, Prasad R, Tuteja N (2017b) Mycorrhiza: eco-physiology, secondary metabolites, nanomaterials. Springer International Publishing. ISBN: 978-3-319-57849-1. http://www. springer.com/us/book/9783319578484

Varma A, Prasad R, Tuteja N (2017c) Mycorrhiza: nutrient uptake, biocontrol, ecorestoration. Springer International Publishing. ISBN: 978-3-319-68867-1. http://www.springer.com/us/ book/9783319688664

Varma A, Swati T, Prasad R (2019a) Plant biotic interactions: state of art. Springer International Publishing. ISBN 978-3-030-26657-8. https://www.springer.com/gp/book/9783030266561

Varma A, Swati T, Prasad R (2019b) Plant microbe interface. Springer International Publishing. ISBN 978-3-030-19831-2. https://www.springer.com/gp/book/9783030198305

Weir BS, Johnston PR, Damm U (2012) The Colletotrichum gloeosporioides species complex. Stud Mycol 73:115–180. https://doi.org/10.3114/sim0011

Xiong C, Zhu Y, Wang J et al (2021) Host selection shapes crop microbiome assembly and network complexity. New Phytol 229:1091–1104. https://doi.org/10.1111/nph.16890

Yuan X, Hong S, Xiong W et al (2021) Development of fungal-mediated soil suppressiveness against Fusarium wilt disease via plant residue manipulation. Microbiome 9:200. https://doi.org/ 10.1186/s40168-021-01133-7

Zhang L, Zhang J, Wei Y et al (2021) Microbiome-wide association studies reveal correlations between the structure and metabolism of the rhizosphere microbiome and disease resistance in cassava. Plant Biotechnol J 19:689–701. https://doi.org/10.1111/pbi.13495

Zheng Y, Li X, Cao H et al (2021) The assembly of wheat-associated fungal community differs across growth stages. Appl Microbiol Biot 105:7427–7438 /10.1007/s00253- 021-11550-1