

بررسی تاثیر قارچکش ایپرودیون-کاربندازیم (رورال تی اس) بر ساختار جمعیت باکتری های ریزوسفر خیار به روش Illumina MiSeq sequencing

Evaluation of the effects of fungicide Iprodione-Carbendazim (Rovral TS) on cucumber rhizosphere bacterial structure by Illumina MiSeq sequencing

رباب اعزازی^۱، مسعود احمدزاده^{۱*}، محمد جوان نیکخواه^۱، رضا صالحی محمدی^۲،
کلادئو دوناتی^۳

Ezazi Robab¹, Ahmadzadeh Masoud^{1*}, Javan Nikkhah Mohammad¹,
Salehi Mohammadi Reza² and Donati Claudio³

۱- به ترتیب دانشجوی دکتری، استاد و استاد گروه گیاهپزشکی، ۲- استادیار گروه علوم
باغبانی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه تهران

۳- استاد زیست شناسی محاسباتی، موسسه ادموند ماخ، سان میکل، ترنتو، ایتالیا

1- Ph.D. Student, Professor and Professor of Plant Pathology, Respectively, 2-
Assistant Professor of Horticultural Sciences, College of Agriculture and Natural
Resources, University of Tehran

3 Computational Biology Unit, Fondazione Edmund Mach, San Michele all' Adige, Trento,
Italy

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: ahmadz@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۶/۱۱/۱۶ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۲/۲۹)

چکیده

مطالعه تاثیرات قارچکش ها بر جوامع میکروبی ریزوسفر و خاک به دلیل نقش مهم و برجسته میکروارگانیسم ها در سلامت گیاه و خاک، بسیار حائز اهمیت است. در این پژوهش، تاثیر قارچکش رورال تی اس بر دینامیک و ساختار جمعیت باکتری های ریزوسفر خیار به روش توالی یابی نسل بعدی مبتنی بر ژن 16S rRNA (ناحیه V4) با استفاده از روش Illumina MiSeq sequencing در سه مرحله رشدی گیاه مورد بررسی قرار گرفت. نتایج نشان داد که از بین ۲۶ شاخه و ۳۵۲ جنس باکتریایی شناسایی شده برای ۱۸ نمونه، در مجموع شاخه Proteobacteria و جنس Pseudomonas بیشترین فراوانی را داشتند. کاربرد قارچکش رورال تی اس سبب تغییر در ساختار و دینامیک جمعیت باکتریایی شد؛ کاهش فراوانی نسبی جنس Pseudomonas در مرحله اواسط گلدهی در تیمار قارچکش و مرحله آخر گلدهی در نمونه های شاهد مشاهده شد. علاوه بر این، فراوانی نسبی جنس های Sphingopyxis، Sphingobacterium و Chryseobacterium در گیاهان تیمار شده با قارچکش در هر سه مرحله، بیشتر از گیاهان شاهد بود. تجزیه و تحلیل شاخص های تنوع نشان داد که در مجموع خاک ریزوسفری گیاهان شاهد از تنوع بیشتری نسبت به خاک ریزوسفری گیاهان تیمار شده با رورال تی اس برخوردار بودند (شانون=۵/۳۳)، ولی از نظر غنای گونه سهم خاک مربوط به تیمار رورال تی اس بیشتر بود (Chao1=۲۴۳۴/۱۷). علاوه بر این، مرحله رشدی گیاه بر تعداد OTU، شاخص تنوع و غنای گونه ای (صرف نظر از نوع تیمار)، معنی دار بوده و خاک ریزوسفری گیاهان در مرحله قبل از گلدهی از بیشترین تعداد OTU، تنوع و غنا برخوردار می باشد.

واژه های کلیدی

باکتری،
خیار،
قارچکش،
متاژنومیکس،

مقدمه

در کشاورزی مدرن، قارچکش‌ها به صورت گسترده به منظور کنترل بیماری‌های قارچی گیاهان استفاده می‌شوند. قارچکش‌ها براساس سرکوب کردن سوخت‌وسازهای بیوشیمیایی و فیزیولوژیکی قارچ‌های بیمارگر طراحی شده‌اند، بنابراین تاثیر آنها بر میکروارگانیسم‌های غیرهدف ساکن خاک نیز دور از انتظار نیست (Yu et al. 2009). ایپرودیون-کاربندازیم با نام تجاری رورال تی اس (Rovral TS) طیف اثر گسترده‌ای علیه اکثر قارچ‌های واقعی داشته و یکی از پرمصرف‌ترین قارچکش‌ها جهت کنترل طیف وسیعی از بیماری‌های قارچی در مزارع و گلخانه‌های ایران محسوب می‌شود. رورال تی اس ترکیبی از دو قارچکش ایپرودیون (۳۷٪) و کاربندازیم (۱۷/۵٪) می‌باشد (Jafari et al. 2017)؛ ایپرودیون قارچکشی تماسی از گروه دی‌کربوکسیمید بوده که از سنتز گلیسرول و رشد هیف از طریق اختلال در انتقال سیگنال ممانعت می‌کند. کاربندازیم قارچکشی سیستمیک از گروه بنزیمیدازول بوده و از طریق جلوگیری از سنتز بتاتوبولین و در نتیجه ممانعت از تقسیم میتوز، مانع از رشد قارچ می‌شود (Yang et al. 2011).

جوامع میکروبی خاک، به واسطه دخالت در چرخه عناصر غذایی و بیوشیمیایی، پایداری دراز مدت خاک و مقاومت در برابر فرسایش نقش مهمی در بهبود کیفیت خاک ایفا می‌کنند (Topp et al. 2003; Prashar et al. 2014). در محیط ریزوسفر، میکروارگانیسم‌ها از طریق معدنی‌کردن عناصر، سرکوب بیمارگرها، افزایش تحمل به استرس گیاه و تولید تنظیم‌کننده‌های رشد گیاهی، تاثیرات مثبتی بر سلامت گیاه می‌گذارند (Figueiredo et al. 2011; Berendsen et al. 2012). در سیستم‌های کشاورزی این تاثیرات مثبت بر سلامت گیاه منجر به افزایش عملکرد می‌شود.

نتایج پژوهش‌ها نشان می‌دهد که مصرف کاربندازیم سبب کاهش فعالیت آنزیم‌های نیتروژناز (Chalam et al. 1996)، دهیدروژناز و فسفاتاز (Sousa et al. 2004) خاک می‌شود. مطالعه شاخص تنوع باکتری‌ها در خاک تیمار شده با کاربندازیم با استفاده از تکنیک‌های DGGE و TGGE نشان داد که مصرف مداوم

کاربندازیم سبب کاهش تنوع جامعه میکروبی خاک می‌شود (Wang et al. 2009a; 2012). ایپرودیون یک قارچکش پرمصرف بوده و بقایای آن در آب (Sauret et al. 2006)، خاک (Leistra & Angioni et al. 2004) و محصولات زراعی و باغی (Matser 2004) گزارش شده است. طبق گزارش سازمان کشاورزی آمریکا در سال ۲۰۱۴ (U.S. Department of Agriculture, 2014) ایپرودیون به عنوان فراوان‌ترین ماده شیمیایی در میوه‌های وارداتی آمریکا ردیابی شد. تحقیقات انجام گرفته در رابطه با تاثیر ایپرودیون روی جمعیت میکروبی بیانگر تغییر ساختار جمعیت میکروبی به واسطه کاربرد ایپرودیون می‌باشد؛ Wang و همکاران (2004) تغییر تنوع جمعیت میکروبی با استفاده از تکنیک DGGE را گزارش کردند. آنالیز فلورسین دی اسانت (FDA fluorescein diacetate) کاهش فعالیت میکروبی و آنالیز فسفولپید اسید چرب (PLFAs) کاهش تنوع میکروبی را با کاربرد ایپرودیون که به منظور کنترل بیماری پوسیدگی اسکروتینیایی سیر استفاده شده بود، را نشان داد (Minambres et al. 2010). در تحقیقی جامع، Zhang و همکاران (2017) گزارش کردند که کاربرد مکرر ایپرودیون سبب کاهش فعالیت آنزیم‌های خاک شامل بتاگلوکوسیداز (β -glucosidase)، اوره‌از (urease)، اسید فسفاتاز (acid phosphatase)، آلکالین فسفاتاز (alkaline phosphatase) و آریل سولفاتاز (arylsulphatase) شده است؛ همچنین نتایج پی‌سی‌آر کمی با استفاده از ژن 16S rRNA، بیانگر کاهش فراوانی جمعیت باکتری‌ها خاک در مقایسه با نمونه شاهد بود. بررسی‌های بیشتر با استفاده از روش Illumina MiSeq نشان داد که کاربرد ایپرودیون سبب افزایش گروه پروتوباکتريا (Proteobacteria) و کاهش اسیدوباکتريا (Acidobacteria) و کلروفلکسی (Chloroflexi) شده است.

روش‌های بررسی تنوع میکروبی بسیار متنوع می‌باشد؛ ساده‌ترین و ابتدایی‌ترین روش، استفاده از محیط کشت انتخابی و شمارش مستقیم سلول‌های زنده می‌باشد (Tabacchioni et al. 2000). اما با این روش منحصراً جمعیت هتروتروف باکتری‌ها که فقط نزدیک به یک درصد از جمعیت باکتری‌های خاک را تشکیل می‌دهند، مورد ارزیابی قرار می‌گیرند (Schloss & Handelsman

(2005). امروزه با توسعه تکنیک‌های توالی‌یابی با توان بالا یا توالی‌یابی نسل بعدی (Next-Generation Sequencing: NGS)، امکان مطالعه تنوع و ترکیب جوامع باکتری‌هایی با استفاده از مواد ژنتیکی آنها بدون استفاده از روش‌های کشت آزمایشگاهی میسر شده است (Will et al. 2010). ژن 16S rRNA به عنوان یک ژن کلیدی و مارکر، در مطالعه تنوع فیلوژنتیکی و ساختار تاکسونومیک پروکاریوت‌ها (باکتری‌ها و آرکی‌باکتری‌ها) به کار می‌رود (Langille et al. 2013)؛ علاوه بر این، توالی‌یابی نسل بعدی مبتنی بر ژن 16S rRNA، در مطالعات اکولوژی میکروبی با استفاده از دانش متاژنومیکس به فراوانی مورد استفاده قرار می‌گیرد (Oulas et al. 2015).

براساس بررسی‌های انجام شده، تاکنون نقش قارچکش ایپرودیون-کاربندازیم بر جمعیت میکروبی خاک و ریزوسفر صورت نگرفته است. این قارچکش، با نام تجاری رورال تی اس، به دلیل طیف تاثیر گسترده، یکی از پرمصرف‌ترین قارچکش‌ها در گلخانه‌های خیار در ایران محسوب می‌شود. در گلخانه‌های خیار منطقه ورامین، از این قارچکش به منظور مبارزه با بیماری‌های خاکزاد، برای ضدعفونی کردن خاک (قبل و بعد از انتقال نشا) استفاده می‌شود. در این تحقیق، تاثیر قارچکش ایپرودیون-کاربندازیم بر دینامیک و ساختار جمعیت باکتری‌های ریزوسفر خیار به روش توالی‌یابی نسل بعدی مبتنی بر ژن 16S rRNA در سه مرحله رشدی گیاه مورد بررسی قرار گرفته است.

مواد و روش‌ها

آماده‌سازی گلخانه، اعمال تیمار و پرورش گیاهان در شرایط گلخانه

در این تحقیق، از خاک مزرعه با سابقه کشت خیار (مزرعه دانشکده کشاورزی دانشگاه تهران، واقع در محمدشهر کرج) برای کشت گیاهان خیار استفاده شد. ابتدا خاک از عمق ۰-۳۰ سانتیمتری مزرعه جمع‌آوری و به گلخانه تحقیقاتی منتقل شد. قبل از کشت گیاهان، نمونه خاک جهت تعیین ویژگی‌های فیزیکی و شیمیایی به آزمایشگاه خاکشناسی جهاد دانشگاهی ارسال شد. گلدان‌های پلاستیکی ۱۰ لیتری (با قطر ۲۵ و ارتفاع ۳۰ سانتیمتر)

با خاک پر شده و یک عدد بذر خیار، رقم storm، برای هر گلدان در نظر گرفته شد. در این تحقیق از قارچکش ایپرودیون-کاربندازیم با نام تجاری رورال تی اس تهیه شده از شرکت آریا شیمی استفاده شد؛ بدین منظور، چند روز قبل از کاشت بذر، گلدان پر شده با خاک با محلول یک در هزار قارچکش رورال تی اس (مقدار توصیه شده و مورد استفاده در گلخانه) آبیاری شده و سپس اقدام به کشت مستقیم بذر خیار گردید. آبیاری با محلول قارچکش ۲۰ روز بعد از کاشت بذر تکرار شد. در تیمار شاهد آبیاری با آب معمولی انجام شد. نگهداری از گیاهان در شرایط گلخانه (دمای $25 \pm 3^{\circ}\text{C}$) انجام شد و آبیاری و کوددهی (با استفاده از کود کامل NPK) و سمپاشی علیه آفات (با استفاده از سم ایمیداکلوپراید (کنفیدور) برای کنترل مگس سفید) برای رشد مطلوب انجام گرفت. این آزمایش در قالب طرح بلوک کاملاً تصادفی شامل دو تیمار و در سه تکرار که هر تکرار سه مشاهده‌ای (شامل سه گلدان) بود، انجام شد.

نمونه‌برداری از خاک ریزوسفر

نمونه‌برداری در سه مرحله (قبل از گلدهی، اواسط گلدهی و پایان برداشت) انجام شد. به منظور به دست آوردن خاک ریزوسفری در هر مرحله، ریشه گیاه از گلدان خارج گردیده و با تکان دادن خاک‌های غیرریزوسفری حذف شدند (به دلیل برداشت کامل سیستم ریشه گیاه، نمونه‌برداری در هر مرحله از گلدان‌های متفاوت انجام شد). سپس ریشه به همراه خاک چسبیده به آن که خاک ریزوسفری می‌باشد، در لوله‌های فالتون ۵۰ میلی‌لیتری حاوی بافر فسفات استریل قرار داده شده و با استفاده از دستگاه ورنکس تکان داده شدند، سپس بقایای ریشه برداشته شده و محلول گل‌آلود با دور ۸۰۰۰rpm سانتریفیوژ شده و رسوب به‌دست آمده به عنوان خاک ریزوسفری به فریزر -80°C منتقل شده و تا زمان استخراج DNA در آنجا نگهداری شد (Li et al. 2014). در مجموع ۱۸ نمونه خاک ریزوسفری حاصل شد که نه عدد مربوط به گیاهان شاهد و نه عدد مربوط به گیاهان تیمار شده با رورال تی اس بودند (هر نمونه خاک ریزوسفری، مجموع خاک ریزوسفری سه گیاه بود).

استخراج DNA، تکثیر ناحیه V4 ژن 16S rRNA و توالی‌یابی Illumina MiSeq

استخراج DNA کل، از ۲۵۰ میلی‌گرم خاک ریزوسفری با استفاده از کیت استخراج DNA از خاک (Power soil DNA extraction (MO BIO, USA)، مطابق دستور شرکت سازنده انجام شد. سپس کیفیت و غلظت آن با استفاده از دستگاه نانودراپ (مدل ND-8000 8-Sample Spectrophotometer) تعیین شد. DNA استخراج شده در دمای °C ۲۰- نگهداری شد. به منظور بررسی ساختار جمعیت باکتری‌های ریزوسفری، ناحیه V4، ژن 16S rRNA با استفاده از آغازگر مستقیم 515F modified (GTGYCAGCMGCCGCGGTAA) و آغازگر معکوس 806R (GGACTACNVGGGTWTCTAAT) modified (Walters et al. 2015) در دستگاه ترموسیکلر مطابق دستورالعمل ارائه شده شرکت Illumina تکثیر شد؛ برنامه حرارتی تکثیر شامل واسرشت‌سازی اولیه در دمای °C ۹۵ به مدت ۳ دقیقه و سپس ۲۵ چرخه با برنامه ۳۰ ثانیه در °C ۹۵، ۳۰ ثانیه در °C ۵۵ و ۳۰ ثانیه در °C ۷۲ بود و در پایان نگهداری به مدت ۵ دقیقه در °C ۷۲ به منظور بسط نهایی انجام گرفت؛ واکنش زنجیره‌ای پلیمرز در حجم ۲۵ µl شامل ۵ µl از هر آغازگر (۱ ng/µl)، ۱۲/۵ µl از محلول آماده 2x KAPA HiFi HotStart ReadyMix، ۲/۵ µl از DNA (۵ ng/µl) انجام شد.

پس از اطمینان از تکثیر قطعه مورد نظر، لازم است قطعات اضافی پرایمر و همچنین قطعات پرایمر-دایمر از محصول PCR حذف شوند، بدین منظور مرحله پاکسازی (1 PCR Clean- Up) با استفاده از کیت AMPure XP beads (Beckman Coulter, Brea, USA) مطابق پروتوکل ارائه شده توسط شرکت سازنده، حذف شده و قطعه تکثیر شده V4 خالص‌سازی می‌شود. در مرحله بعد، توالی‌های الحاقی (آداپتور) و شاخص‌ها (indices) با استفاده از کیت Nextera XT Index Kit طی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز به انتهای قطعات تکثیر شده و خالص‌شده V4 متصل می‌شوند. بدین ترتیب که ابتدا ۵ µl از محصول PCR خالص‌سازی شده به عنوان DNA الگو برداشته و سپس ۵ µl از آغازگرهای ایندکس ۱ و ۲، ساخت شرکت ایلومینا با توالی و کد مشخص، به همراه ۲۵ µl از محلول آماده PCR "2x KAPA HiFi HotStart ReadyMix" و

۱۰ µl آب مقطر استریل اضافه شد؛ اسامی نمونه‌ها و کد آغازگرهای ایندکس در جدول ۱ آورده شده است (لازم به یادآوری است که توالی آغازگرهای ایندکس ۱ و ۲ برای هر نمونه اختصاصی هستند و به عنوان بارکد اختصاصی برای تفکیک و شناسایی نمونه‌ها استفاده می‌شود). برنامه حرارتی واکنش زنجیره‌ای پلیمرز مشابه برنامه مورد استفاده در مرحله اول بود، با این تفاوت که تعداد چرخه‌ها به ۸ چرخه کاهش یافته بود. سپس مرحله PCR Clean- Up 2 به منظور عاری‌سازی قطعه تکثیر شده V4 که توالی‌های آداپتور به آن در مرحله قبلی متصل شده‌اند، انجام شد. پس از انجام هر PCR و عمل PCR Clean-Up، کیفیت و اندازه قطعه تکثیر شده با استفاده از دستگاه TapeStation System 2000 اندازه‌گیری شد. بدین ترتیب که یک میکرولیتر از محصول PCR با سه میکرولیتر از بافر مخصوص با نام D1000 Sample Buffer مخلوط و به مدت یک دقیقه با استفاده از دستگاه ورتکس تکان داده شدند، سپس میکروتیوب حاوی DNA و بافر در دستگاه TapeStation System 2000 قرار داده می‌شود. اندازه، غلظت و کیفیت نمونه بارگذاری شده به صورت جدول و گراف‌هایی به‌واسطه نرم‌افزار نصب شده (TapeStation Analysis Software) قابل رویت می‌باشد.

نتایج

همسانه‌سازی و توالی‌یابی ژن SQS1

نتایج حاصل از الکتروفورز ژل آگارز استخراج RNA نشان داد که RNA کیفیت خوبی دارد. در PCR با استفاده از cDNA بیان کننده ژن، تنها یک باند به‌طول تقریبی ۱۲۴۲ bp تشکیل شد که مطابق با طول قطعه مورد انتظار (شکل ۱، الف) و نشان‌دهنده اختصاصی بودن آغازگرها بود. آزمون غربالگری سریع از بین همسانه‌های رشد کرده در محیط حاوی آمپی‌سیلین انجام شد. همسانه‌هایی که نتیجه غربالگری سریع آن‌ها مثبت بوده و بالاتر از ناقل خالی قرار داشتند، با استفاده از Colony PCR برای ورود ژن SQS1 نیز تأیید شدند. برش آنزیمی دوگانه DNA پلاسمیدی با دو آنزیم *Bam*HI و *Xba*I نیز باند ۱۲۴۲ bp را نشان داد (شکل ۱، ب).

نتایج توالی‌یابی قطعه همسانه‌سازی شده نشان داد، cDNA بیان کننده ژن *SQS1* به‌طور کامل جداسازی شده است. توالی با کدون ATG آغاز شده و با کدون TAG خاتمه یافته و یک پروتئین ۴۱۳ اسیدآمینه‌ای را بیان می‌کند. یافته‌های کامل این توالی در بانک داده NCBI ثبت و با شماره دسترسی KT987235.1 در دسترس است. این ژن ۹۹ درصد تشابه نوکلئوتیدی و آمینواسیدی به سکوالن سیستاناز گونه *glabra* ثبت‌شده در NCBI به شماره دسترسی BAA13083.1 و D86409.1 دارد. نتایج هم‌ردیف‌سازی چندگانه توالی اسیدآمینه‌ای و ترسیم درخت فیلوژنتیکی با *SQS* سایر گیاهان با استفاده از نرم‌افزار MEGA5 با روش neighbor joining انجام شد و نتایج درخت فیلوژنتیکی نشان داد که بیشترین تشابه را با *SQS1* جنس *Glycyrrhiza* دارد (شکل ۲).

بررسی بیوانفورماتیکی پروتئین *SQS1*

نتایج تجزیه با نرم‌افزار ProtParam نشان داد فرمول مولکولی توالی پروتئینی *SQS1*، $C_{2117}H_{3359}N_{567}O_{602}S_{27}$ است. وزن مولکولی محاسبه‌شده و نقطه ایزوالکتریک پیش‌بینی‌شده این توالی به ترتیب ۴۷/۳ کیلودالتون و ۸/۱۸ است. شاخص ناپایداری پروتئین ۴۳/۲۰ محاسبه شد که جزء پروتئین‌های ناپایدار است (شاخص پروتئین‌هایی پایدار کمتر از ۴۰ است) و ممکن است

پروتئین برای پایداری نیاز به پردازش بعد از ترجمه داشته باشد. شاخص آلفاتیکی، به‌عنوان یک عامل مهم در ارزیابی مقاومت پروتئین در برابر حرارت، ۹۷/۷۷ محاسبه شد. متوسط میزان آبدوستی-آب‌گریزی ۰/۰۶۷- است. از مجموع کل اسیدهای آمینه، ۴۸ اسیدآمینه بار منفی (Asp + Glu) و ۵۱ اسیدآمینه بار مثبت (Arg + Lys) دارند. الگوی آب‌گریزی-آبدوستی با نرم‌افزار ProtScale به روش (Kyte and Doolittle, 1982) نشان داد که کمترین امتیاز ۲/۴۷۸- در موقعیت ۳۵۱ (پرولین) و بیشترین امتیاز ۳/۹۱۱ در موقعیت ۳۹۵ (لوسین) زنجیره پلی‌پتیدی است. دمین‌های آب‌گریز در بالا و دمین‌های آبدوست در زیر خط صفر قرار دارند (شکل ۳، الف). الگوی آب‌گریزی-آبدوستی نقش مهمی در پیش‌بینی ساختار دوم و تقسیم نواحی عملکردی پروتئین دارد. بررسی ساختار دوم پروتئین با نرم‌افزار SOPMA نشان داد که این پروتئین دارای ۲۸۲ مارپیچ α (۶۸/۲۸ درصد)، ۳۱ رشته قابل‌تعمیم (۷/۵۱ درصد)، ۱۹ پیچ β (۴/۶۰ درصد) و ۸۱ پیچ تصادفی (۱۹/۶۱ درصد) است. بررسی جایگاه درون-سلولی با نرم‌افزار Softberry، نشان داد که محل فعالیت پروتئین در ارتباط با شبکه آندوپلاسمی است. برنامه SignalP نسخه چهار وجود سیگنال پپتیدی در پروتئین را مشخص نکرد.

جدول ۱- لیست نمونه‌های DNA و آغازگرهای مورد استفاده در Index-PCR

Table1- List of DNA samples and primers used in Index-PCR

DNA sample	Index Primers	DNA sample	Index Primers	DNA sample	Index Primers
CB1*	N719_S505	CE1	N720_S502	FM1	N716_S506
CB2	N719_S506	CE2	N720_S503	FM2	N716_S507
CB3	N719_S507	CE3	N720_S505	FM3	N716_S508
CM1	N719_S508	FB1	N716_S502	FE1	N716_S510
CM2	N719_S510	FB2	N716_S503	FE2	N716_S511
CM3	N719_S511	FB3	N716_S505	FE3	N718_S502

*: C: نمونه‌های شاهد، F: نمونه‌های رورال تی اس، B: نمونه‌های قبل از گلدهی، M: نمونه‌های اواسط دوره گلدهی، E: نمونه‌های آخر دوره گلدهی

*: C: Control samples, F: Rovral TS samples, B: Before flowering samples, M: Middle of flowering samples, E: End of flowering samples

ویژگی های فیزیکوشیمیایی خاک مورد استفاده

با توجه به نتایج به دست آمده از آنالیزهای شیمیایی و فیزیکی نمونه های خاک مورد آزمایش، بافت خاک رسی-لومی، pH خاک ۷/۵، هدایت الکتریکی ۱/۳ دسی زیمنس بر سانتیمتر، درصد کربن آلی و مواد آلی به ترتیب ۲/۳ و ۹/۳٪، نیتروژن کل ۰/۲، فسفر و پتاسیم قابل جذب به ترتیب ۶۸/۳ و ۲۴۵/۶ میلی گرم بر کیلوگرم خاک بود.

نتایج

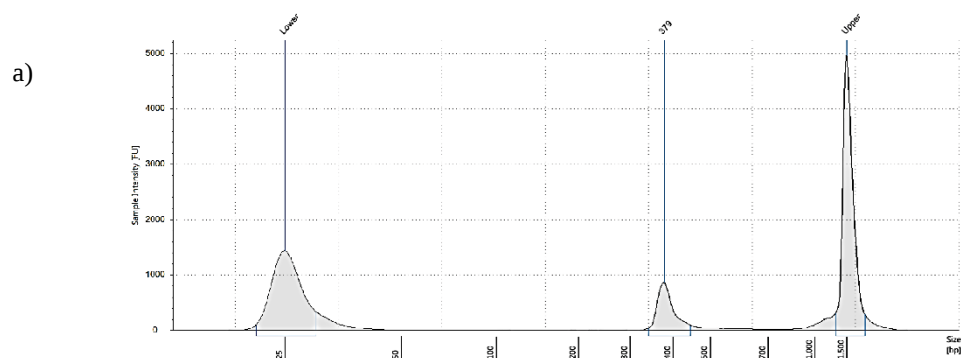
نتایج حاصل از واکنش های زنجیره ای پلیمرز

استفاده از دستگاه TapeStation System 2000 به منظور اندازه گیری کیفیت و اندازه قطعه تکثیر شده در مقایسه با الکتروفورز روش بسیار سریع و دقیقی می باشد. گراف به دست آمده از اولین واکنش زنجیره ای پلیمرز، تکثیر قطعه ای به طول ۳۷۹bp و غلظت ۱/۷۳ ng/μl که مربوط به ناحیه V4 ژن 16S rRNA می باشد، را نشان می دهد (شکل ۱a)؛ شکل ۱b، مربوط به Index-PCR است که وجود قطعه ای به طول ۴۳۴ bp را نشان می دهد، افزایش طول قطعه به دلیل اضافه شدن قطعات الحاقی در این مرحله می باشد. گراف حاصل از Real Time PCR در واقع میانگین طول ناحیه V4 همراه با توالی های الحاقی، در کتابخانه تهیه شده را نشان می دهد (شکل ۱c).

در ادامه DNA بارکددار خالص شده به نسبت ۱:۱۰۰۰ با استفاده از TE 1X و ماده فلورومتريک پیکوگرین رقیق شده و قرائت غلظت و کیفیت آن با استفاده از دستگاه BioTek Synergy 2 در طول موج ۴۸۵ nm اندازه گیری و با استفاده از نرم افزار Gen5 به صورت جدول دریافت گردید. در مرحله بعد به منظور تهیه کتابخانه NGS، غلظت تمامی نمونه های DNA با استفاده از TE 1X تا غلظت ۲۵ ng/ml رقیق و دوباره غلظت با استفاده از دستگاه BioTek Synergy 2 بررسی شد؛ سپس ۵ μl از هر نمونه برداشته و در یک ویال با بقیه نمونه ها مخلوط و کیفیت و میانگین اندازه قطعه DNA کتابخانه تهیه شده با استفاده از دستگاه TapeStation System 2000 اندازه گیری شد. قبل از ارسال کتابخانه تهیه شده برای توالی یابی، تعیین کیفیت و غلظت DNA آن با تکنیک Real-Time PCR و با استفاده از کیت KAPA Library Quantification انجام شد (Anonymous, 2013). توالی یابی کتابخانه DNA، با روش paired-end sequencing با استفاده از تکنولوژی ایلومینا (Illumina Miseq) در مرکز زیست شناسی دانشگاه ترنتو (CIBIO, University of Trento-Italy) انجام شد.

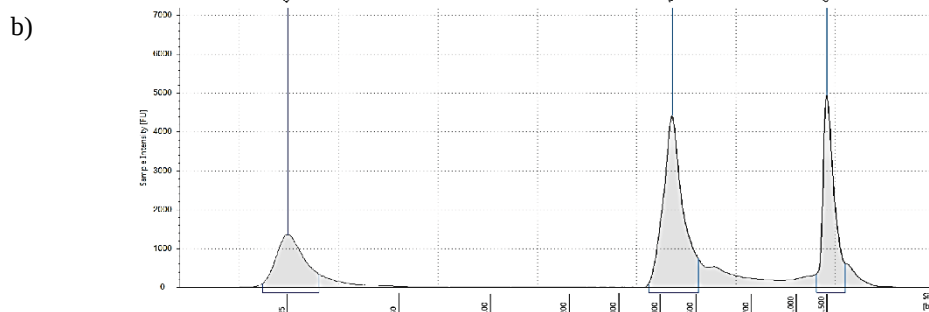
تجزیه و تحلیل داده ها

پس از دریافت نتایج توالی یابی، پردازش داده های خام با استفاده از نرم افزار MICCA (Version 1.6.0) انجام شد (Albanese et al., 2015). ابتدا حذف توالی آغازگرهای مستقیم و معکوس، غربالگری کیفی و حذف خوانش های کوتاه، کلاستر بندی با روش *denovo_greedy* انجام شد و واحدهای تاکسونومیکی کاربردی (OTUs: operational taxonomic units) با آستانه همسانی ۹۷٪ مشخص شد؛ شناسایی توالی های مربوط به هر OTU با استفاده از RDP (Ribosomal Database Project) و به روش همردیف سازی چندگانه (MSA) انجام شد. همچنین شاخص های تنوع آلفا و بتا با استفاده از نرم افزار آماری R، بسته های *ggplot2*، *phyloseq* و *vegan* (McMurdie & Holmes 2013) محاسبه و نمودارهای مربوط رسم گردید.



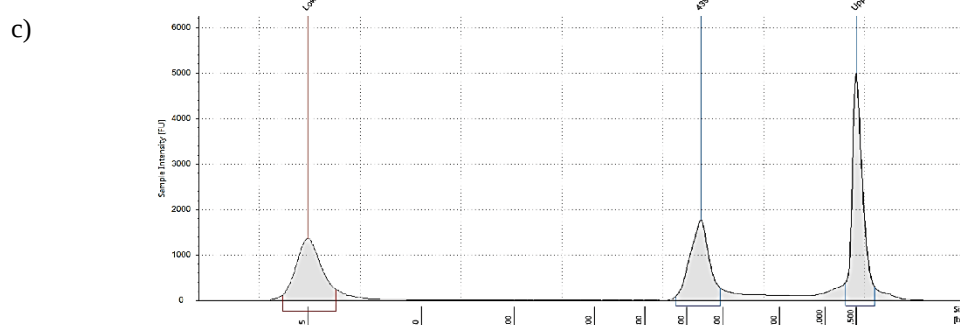
Sample Table

Well	Conc. [ng/μl]	Sample Description	Alert	Observations
A1	1.73	Robab per pur A1 V4		Caution! Expired ScreenTape



Sample Table

Well	Conc. [ng/μl]	Sample Description	Alert	Observations
A1	10.0	Lib Robab index pur V4 A1		Caution! Expired ScreenTape



Sample Table

Well	Conc. [ng/μl]	Sample Description	Alert	Observations
A1	4.23	Pool Robab V4		Caution! Expired ScreenTape

شکل ۱- گراف به دست آمده از دستگاه TapeStation System 2000؛ قطعه تکثیر شده به طول ۳۷۹ bp مربوط به ناحیه V4 ژن 16s rRNA (a)؛ قطعه تکثیر

شده به طول ۴۳۴ bp مربوط به Index-PCR (b)؛ قطعه‌ای به طول ۴۳۹ bp مربوط به میانگین کتابخانه تهیه شده (c)

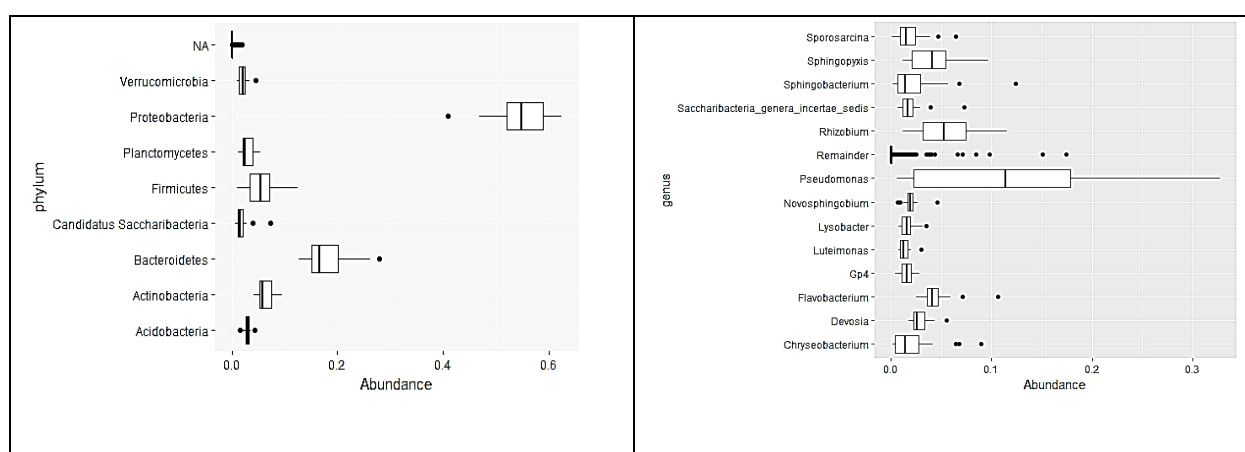
Fig. 1- Graph derived from TapeStation System 2000; an amplicon with 379 bp refer to V4 region of 16s rRNA gene (a); an amplicon with 434 bp refer to Index-PCR (b); an amplicon with 439 bp refer to mean of prepared library (c)

ترکیب جمعیت باکتری‌های ریزوسفر خیار در تیمار رورال‌تی‌اس و شاهد

مجموعاً ۷۱۸۰۶۳ خوانش (Read) از ناحیه V4 ژن 16S rRNA (میانگین ۳۹۸۹۲ خوانش به ازای هر نمونه) از توالی‌یابی نمونه‌های خاک ریزوسفری با استفاده از سیستم توالی‌یابی Illumina Miseq حاصل شد. تجزیه و تحلیل توالی‌های به دست آمده نشان می‌دهد برای ۱۸ نمونه، مجموعاً ۴۵۸۰ واحد

تاکسونومیکى کاربردى (OTU) حاصل شد که متعلق به ۲۶ شاخه و ۳۵۲ جنس باکتریایی می‌باشند. اعضای شاخه Proteobacteria بیشترین فراوانی را داشته و در میان جنس‌های باکتریایی، جنس *Pseudomonas* غالب بود (شکل ۲).

ساختار و فراوانی جمعیت باکتری‌های ریزوسفر گیاهان شاهد و تیمار شده با قارچکش رورال تی اس در سطح رده و جنس، در شکل ۳ نشان داده شده است.



شکل ۲- مقایسه فراوانی نسبی مهم‌ترین شاخه‌های باکتریایی (سمت چپ) و جنس‌های باکتریایی (سمت راست). نمودار براساس فراوانی نسبی OTU های به دست آمده با استفاده از نرم‌افزار R، رسم شده است.

Fig. 2. Comparing relative abundance of the most important bacterial phylum (left side) and bacterial genus (right side). The graphs was created based on relative abundance of OUTs using R software.

Saccharibacteria با فراوانی بیشتر در نمونه‌های تیمار شده با رورال تی اس در مرحله اواسط گلدهی در مقایسه با گیاهان شاهد می‌باشد.

بررسی نمودار فراوانی جنس‌های باکتریایی (شکل ۳b) نشان می‌دهد در مرحله قبل از گلدهی در هر دو تیمار (CB و FB) فراوانی جنس *Pseudomonas* بسیار پایین می‌باشد، در مرحله اواسط گلدهی، به طور محسوس فراوانی جمعیت این جنس افزایش پیدا کرده، اما ملاحظه می‌شود افزایش فراوانی جنس *Pseudomonas* در تیمار قارچکش، کمتر از تیمار شاهد می‌باشد. در مرحله آخر گلدهی، فراوانی جمعیت *Pseudomonas* کلنیزه کننده ریزوسفر در گیاهان تیمار شده با قارچکش بیشتر از گیاهان شاهد می‌باشد. جنس مهم دیگر از گروه آلفا پروتئوباکتیریا، جنس *Rhizobium* می‌باشد که همانند جنس سودوموناس در مرحله قبل

توابع رده‌ها و جنس‌های باکتریایی و تفاوت در فراوانی آنها در گیاهان شاهد و تیمار و هم از نظر دوره‌های نمونه‌برداری، در تصویر کاملاً مشهود است. شکل ۳a، فراوانی نسبی دوازده رده مهم را نشان می‌دهد، ملاحظه می‌شود نمونه‌های شاهد در مرحله اواسط گلدهی و اواخر گلدهی به ترتیب از بیشترین و کمترین فراوانی نسبی اعضای شاخه Proteobacteria برخوردار هستند. رده Alphaproteobacteria و سپس Gammaproteobacteria بیشترین فراوانی را در بین اعضای شاخه Proteobacteria داشته و رده Betaproteobacteria با فراوانی کمتری ردیابی شدند. فراوانی نسبی باکتری‌های رده Bacilli در نمونه‌های تیمار رورال تی اس کمتر از نمونه‌های شاهد بوده و بیشترین فراوانی آن مربوط به نمونه‌های شاهد در مرحله آخر گلدهی می‌باشد. نکته قابل توجه دیگر، حضور باکتری‌های متعلق به شاخه Candidatus

گلدهی بسیار ناچیز می‌باشد. در تیمار قارچکش نیز چنین نتیجه‌ای صادق می‌باشد با این تفاوت که فراوانی جمعیت آن در گیاهان تیمار شده با قارچکش به نسبت بیشتر از مرحله مشابه در گیاهان شاهد می‌باشد.

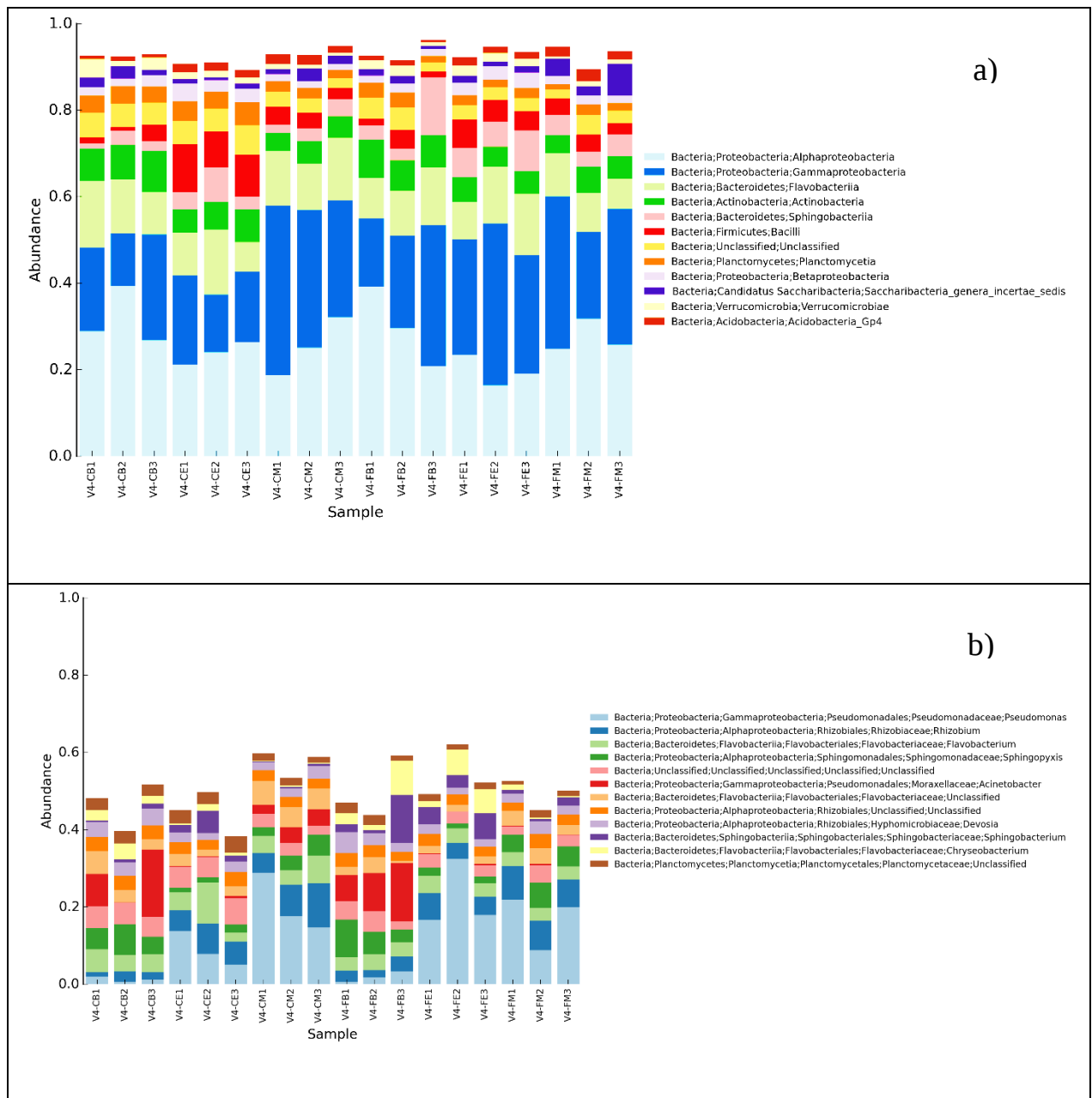
جنس *Chrysobacterium* (از شاخه Bacteroidetes) در تیمار شاهد در مرحله قبل از گلدهی با فراوانی بیشتری در ریزوسفر ردیابی شد ولی در مرحله اواسط گلدهی، جمعیت آن به شدت کاهش پیدا کرد. در مرحله آخر گلدهی، افزایش کمی در جمعیت آن مشاهده می‌شود. در تیمار قارچکش جمعیت این جنس با فراوانی بیشتری در مرحله قبل و آخر گلدهی در ریزوسفر گیاهان تیمار شده با قارچکش ردیابی شد ولی همانند گیاهان شاهد در مرحله اواسط گلدهی جمعیت آن خیلی پایین است.

تنوع و غنای گونه در خاک ریزوسفر گیاهان شاهد و تیمار شده با رورالتی‌اس

به منظور بررسی تنوع درون جمعیت (alpha diversity) شاخص‌های shanon، Chao1 و تعداد OTU مشاهده شده محاسبه شد (Lemos et al. 2011)؛ مقادیر این شاخص‌ها برای نمونه‌های مورد بررسی در جدول ۲ آورده شده است؛ گیاهان شاهد در مرحله قبل از گلدهی (CB) بیشترین میانگین شاخص تنوع ($shanon=5/62$) و غنای گونه ($Chao1=2652/8$) را داشته و گیاهان شاهد در مرحله اواسط گلدهی (CM) کمترین این مقادیر را دارا می‌باشد. در مجموع خاک ریزوسفری گیاهان شاهد از تنوع بیشتری نسبت به خاک ریزوسفری گیاهان تیمار شده با رورال تی‌اس برخوردار بودند ($shanon=5/33$)، ولی از نظر غنای گونه سهم خاک مربوط به تیمار رورال تی‌اس بیشتر بود ($Chao1=2434/17$). همچنین ملاحظه می‌شود تاثیر زمان نمونه‌برداری بر تعداد OTU، شاخص تنوع و غنای گونه‌ای (اعم از نوع تیمار)، معنی‌دار بوده و خاک ریزوسفری گیاهان در مرحله قبل از گلدهی از بیشترین تعداد OTU، تنوع و غنا برخوردار می‌باشد؛ مقادیر این شاخص‌ها در مرحله اواسط گلدهی بسیار کاهش پیدا کرده و حتی نسبت به مرحله آخر گلدهی نیز کمتر می‌باشد (جدول ۲).

از گلدهی با جمعیت کمتری در ناحیه ریزوسفر حضور داشته اما با گذشت زمان، در هر دو تیمار جمعیت این جنس افزایش پیدا می‌کند به طوری که بیشترین فراوانی نسبی در مرحله اواسط گلدهی دیده می‌شود. جمعیت این جنس در مرحله آخر گلدهی کاهش پیدا کرده و در تیمار شاهد بیشتر از تیمار قارچکش می‌باشد. نمودار نشان می‌دهد که فراوانی جنس *Flavobacterium* در هر سه مرحله رشدی در هر دو تیمار تغییری پیدا نکرده است ولی فراوانی نسبی آن در تیمار قارچکش در هر سه مرحله کمتر از گیاهان شاهد می‌باشد. جنس مهم دیگر از گروه پروتئوباکتیریا، خانواده Sphingomonadaceae، جنس *Sphingopyxis* می‌باشد که ملاحظه می‌شود در هر دو تیمار با گذشت زمان فراوانی آن کاهش پیدا کرده است و بیشترین فراوانی در مرحله قبل از گلدهی مشاهده می‌شود؛ در مرحله اواسط گلدهی، فراوانی این جنس در تیمار قارچکش بیشتر از تیمار شاهد می‌باشد. در مرحله آخر جمعیت این جنس در تیمار قارچکش و شاهد تفاوت مشهودی نشان نمی‌دهد. جنس *Acinetobacter* از رده گاما پروتئوباکتری در اوایل دوره رشدی با جمعیت خوبی در ریزوسفر گیاهان، اعم از شاهد و تیمار شده با قارچکش حضور داشته اما با گذشت زمان جمعیت آن به شدت کاهش پیدا کرده است؛ طوری که فراوانی نسبی در مرحله اواسط گلدهی در تیمار قارچکش بسیار ناچیز بوده، اما در تیمار شاهد، فراوانی این جنس بسیار بیشتر از تیمار قارچکش می‌باشد.

اعضای یک جنس طبقه بندی نشده متعلق به خانواده Flavobacteriaceae، بیشترین فراوانی را در مرحله اواسط گلدهی داشته و در مرحله آخر گلدهی جمعیت آن کاهش پیدا کرده است، این روند در هر دو تیمار برقرار بوده ولی در مجموع فراوانی این گروه در تیمار شاهد بیشتر از گیاهان تیمار شده با رورال تی‌اس بود. در مورد راسته Rhizobiales ملاحظه می‌شود جنس *Devosia* و یک جنس طبقه‌بندی نشده (unclassified) در مرحله قبل از گلدهی ریزوسفر گیاهان شاهد و گیاهان تیمار شده با رورال تی‌اس را با جمعیت خوبی کلنیزه کرده، اما با گذشت زمان جمعیت آنها در ریزوسفر کاهش پیدا کرده است. جنس *Sphingobacterium* در گیاهان شاهد در مرحله آخر گلدهی، بیشترین فراوانی را دارد و جمعیت آن در مراحل قبل و اواسط



شکل ۳- فراوانی نسبی رده‌های باکتریایی (a) و جنس‌های باکتریایی (b) غالب درون و بین تیمارهای مختلف

*: C: نمونه‌های شاهد، F: نمونه‌های رورال تی اس، B: نمونه‌های قبل از گلدهی، M: نمونه‌های اواسط دوره گلدهی، E: نمونه‌های آخر دوره گلدهی

Fig. 3. Relative abundance of dominant bacterial class (a) and bacterial genus (b) within and between different treatments
*: C: Control samples, F: Rovral TS samples, B: Before flowering samples, M: Middle of flowering samples, E: End of flowering samples

مختلف رشدی گیاه (قبل از گلدهی، اواسط و آخر گلدهی) به خوبی از هم تفکیک شده‌اند. علاوه براین، تفکیک نمونه‌های تیمار شاهد از تیمار قارچکش در مرحله آخر گلدهی واضح می‌باشد.

همچنین تنوع بین جمعیت‌ها (beta diversity) با استفاده از روش Bray-Curtis (Gower and Blasius, 2005) بررسی شد. شکل ۴ نمودار تجزیه مولفه اصلی (PCA) به روش فوق را نشان می‌دهد. ملاحظه می‌شود جمعیت‌های باکتریایی براساس زمان‌های

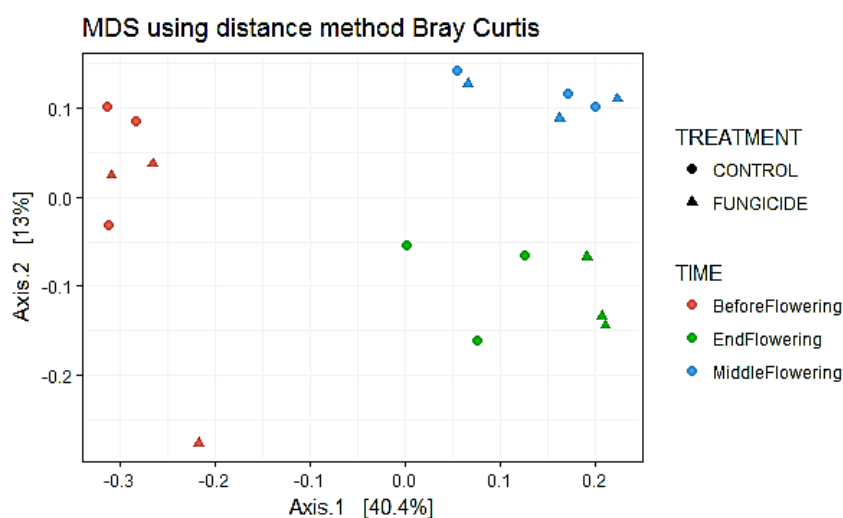
جدول ۲- شاخص‌های مربوط به تنوع (alpha diversity) در نمونه‌های مختلف

Table 2- diversity indices (alpha diversity) in different samples

treatment	observed OTU	Chao1	Shannon
CB*	2147	2652.8	5.62
CM	1525	2090.61	4.81
CE	1906	2423.69	5.57
FB	2184	2633	5.26
FM	1796	2304.1	4.94
FE	1760	2365.36	4.82
Total C	1859.33	2389	5.33
Total F	1913.33	2434.17	5.01
Total BF	2165.5	2642.92	5.44
Total MF	1660.5	2197.36	4.87
Total EF	1833	2394.52	5.19

*: C: نمونه‌های شاهد، F: نمونه‌های رورال‌تی‌اس، B: نمونه‌های قبل از گلدهی، M: نمونه‌های اواسط دوره گلدهی، E: نمونه‌های آخر دوره گلدهی اعداد به صورت میانگین گزارش شده‌اند.

*: C: Control samples, F: Rovral TS samples, B: Before flowering samples, M: Middle of flowering samples, E: End of flowering samples



شکل ۴- نمودار تحلیل مولفه اصلی (PCA) براساس ماتریس فاصله Bray-Curtis

Fig. 4. Principal components analysis (PCA) based on Bray-Curtis distance matrix

حاصلخیزی خاک را تحت تاثیر قرار می‌دهند (Rutigliano *et al.* 2004)؛ از طرفی بسیاری از فعالیت‌های انسانی از قبیل شیوه‌های مدیریت زمین‌های کشاورزی روی فراوانی، ساختار، فعالیت و تنوع جوامع باکتریایی خاک تاثیر می‌گذارند (Zhang *et al.* 2004). ریزوسفر یکی از محیط‌های بسیار پیچیده زیستی می‌باشد و به دلیل غنی بودن از مواد غذایی، تراکم میکروبی در آن بسیار

بحث

جوامع میکروبی خاک از اجزاء مهم اکوسیستم‌های خاکی بوده و نقش مهمی در تجزیه مواد آلی و چرخه عناصر غذایی ایفا می‌کنند و در نتیجه محتوای عناصر خاک و به دنبال آن،

بالا است. باکتری‌ها فراوان‌ترین میکروارگانیسم‌های ریزوسفر می‌باشند و با جمعیت بیش از 10^8 CFU به ازای هر گرم خاک ریشه در آن حضور دارند (Egamberdieva et al, 2008). امروزه توالی‌یابی نسل بعدی با استفاده از ژن 16S rRNA برای مطالعه و مقایسه جوامع میکروبی بسیار مورد استفاده قرار می‌گیرد، توالی‌یابی با استفاده از فن‌آوری Illumine MiSeq و به روش Paired-end sequencing به دلیل در اختیار قرار دادن داده‌های زیاد با هزینه نسبی کم و کیفیت بالا یکی از رایج‌ترین و بهترین روش‌های مورد استفاده می‌باشد (Tremblay et al, 2015).

نتایج این تحقیق بیانگر تغییر در فراوانی جنس‌ها و رده‌های باکتری‌های ریزوسفر خیار با کاربرد رورال تی اس می‌باشد؛ در مجموع، اعضای شاخه‌های Proteobacteria و Bacteridetes بیشترین فراوانی را در ریزوسفر خیار داشتند (شکل ۳). برخی از اعضای این دو شاخه از نظر اکولوژیکی در گروه copiotrophic قرار دارند و فراوانی اعضای این دو شاخه به غنی بودن محیط ریزوسفر از کربن آلی که ماده غذایی مطلوب برای این گروه می‌باشد، مربوط می‌شود (Li et al, 2014). کاهش فراوانی نسبی جمعیت باکتری‌های جنس مهم *Pseudomonas* در مرحله واسط گلدی در نمونه‌های تیمار شده با رورال تی اس یکی از مهم‌ترین تغییرهای مشاهده شده می‌باشد. در مورد تاثیر رورال تی اس (کاربندازیم+ایپرودیون) و همچنین ایپرودیون روی جنس *Pseudomonas* طبق بررسی‌های انجام شده، گزارشی در دسترس نیست اما Fang و همکاران (2016) گزارش کردند که مصرف مکرر کاربندازیم سبب کاهش فراوانی نسبی بعضی جنس‌های باکتریایی از جمله *Pseudomonas* شده است. از طرف دیگر، جنس‌های *Sphingopyxis* و *Sphingobacterium* و جنس‌های متعلق به رده Candidatus Saccharibacteria با فراوانی بیشتر در مرحله واسط گلدی در تیمار رورال تی اس در مقایسه با شاهد یافت شدند که می‌توان این پدیده را به کاهش جمعیت سودوموناس مرتبط دانست که در شرایط کاهش جمعیت شرایط برای *Pseudomonas* توانسته‌اند جمعیت خود را افزایش دهند. از سویی دیگر، قارچکش‌های با طیف اثر وسیع مانند رورال تی اس با ممانعت از تکثیر قارچ‌ها، تاثیر غیرمستقیم بر ساختار جوامع باکتریایی دارند (Muñoz-Leoz et al, 2011; Verdenelli

et al, 2012)، به دلیل برهمکنش‌های پیچیده بین جوامع میکروبی ریزوسفر، تعیین دقیق دلیل کاهش فراوانی *Pseudomonas* و سهم هر عامل بر اساس داده‌های موجود میسر نیست و نیاز به بررسی‌های بیشتر دارد. در مجموع، کاربرد رورال تی اس سبب افزایش فراوانی نسبی جمعیت جنس‌های *Sphingobacterium* و *Chryseobacterim* که متعلق به رده Bacterioidetes می‌باشند، در هر سه مرحله شده است (شکل ۲).

سنجش تنوع و پیچیدگی درون جوامع میکروبی با استفاده از شاخص‌هایی که در تئوری‌های اکولوژیکی توسعه یافته‌اند، میسر می‌باشد؛ تعداد OTU های مشاهده شده، شاخص Chao1 (نشان دادن غنای گونه) و شاخص شانون (برای نشان دادن تنوع گونه‌ای) از مهم‌ترین این شاخص‌ها می‌باشند (Barelli et al, 2015). در این تحقیق مشخص شد که مصرف رورال تی اس به منظور ضدعفونی خاک قبل از کاشت، تنوع جامعه باکتریایی را تا حدودی کاهش داده (شانون= $5/01$) و از طرفی منجر به افزایش ناچیزی در غنای گونه‌ها ($Chao1 = 2434/17$) و تعداد OTU شده است (جدول ۲). Wang و همکاران (2004) گزارش کردند که مصرف ایپرودیون در مقادیر و دفعات مجاز، تاثیر منفی بر جوامع باکتریایی خاک نداشته، اما استفاده مکرر آن سبب بروز تغییرات چشمگیری بر ساختار جوامع میکروبی خاک می‌شود. در تحقیق انجام گرفته توسط Zhang و همکاران (2017) نیز این موضوع اثبات شده و حتی گزارش شده که کاربرد مکرر و بیش از اندازه ایپرودیون سبب کاهش جمعیت باکتری‌های متعلق به شاخه‌های *Chloroflexi* و *Acidobacteria* می‌شود که به ترتیب در چرخه نیتروژن و تجزیه مواد آلی خاک نقش دارند. چنین یافته‌هایی در مورد مصرف کاربندازیم نیز صدق می‌کند. تغییر عمده در ساختار میکروبی خاک تیمار شده با کاربندازیم به روش TGGE (که به وجود یک جنس از زیرشاخه گاماپروتوباکتريا در خاک‌های تیمار شده مربوط می‌باشد) گزارش شد (Wang et al, 2012). کاهش جمعیت جنس‌های *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Arthrobacter*, *Mycobacterium* و *Streptococcus* و *Burkholderia* و *Corynebacterium* به واسطه مصرف بیش از حد توصیه شده کاربندازیم، منجر به تغییر در تنوع و فراوانی جمعیت باکتری‌های خاک شده است (Fang et al, 2016).

توصیه شده) می باشد، اما تغییر ایجاد شده خیلی زیاد نبوده و نکته مهم گذرا بودن و عدم ثبات این تغییرات می باشد. در تایید این موضوع، نتایج تحقیق انجام شده به وسیله Wang و همکاران (2009b) نشان داد که مصرف کاربندازیم در مقدار توصیه شده ساختار جمعیت میکروبی را به طور موقتی تغییر داده و ۱۲۶ روز بعد از مصرف کاربندازیم، ساختار جمعیت میکروبی به حالت اولیه خود برگشته است. با توجه به نتایج این تحقیق و سایر پژوهش های انجام شده، بایستی در مصرف قارچکش ها که جز لاینفک کشاورزی امروزه هستند، احتیاط شده و به منظور جلوگیری از خطرات جانبی و عدم تاثیر روی موجودات غیرهدف، در مقادیر مجاز استفاده شوند.

بررسی شاخص های تنوع درون و بین جمعیت با استفاده از شاخص های تنوع آلفا و بتا، نشان داد مرحله رشدی گیاه تاثیر معنی داری بر تنوع و فراوانی جمعیت باکتریایی ریزوسفر صرف نظر از نوع تیمار دارد (شکل ۴). ۲۱٪-۵٪ از کربن تثبیت شده طی فرایند فتوسنتز در گیاهان شامل مواد قندی محلول، آمینواسیدها و یا متابولیت های ثانویه از طریق ترشحات ریشه وارد ریزوسفر شده که سبب ایجاد رقابت شدیدی بین جمعیت میکروبی به منظور استفاده از آنها می شود (Chaparro et al. 2013). مرحله رشدی گیاه یکی از عوامل تاثیرگذار بر کیفیت و کمیت مواد مترشحه و متعاقبا بر ساختار جمعیت میکروبی ریزوسفر می باشد (Li et al. 2014; Xu et al. 2009).

نتایج این تحقیق بیانگر تغییر در ساختار جمعیت باکتری های ریزوسفر خیار با کاربرد رورال تی اس (به مقدار

منابع

- Anonymous, 2013. 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation. Illumina company, Available at: https://support.illumina.com/downloads/16s_metagenomic_sequencing_library_preparation.htm.
- Albanese D, Fontana P, De Filippo C, Cavalieri D, Donati C. 2015. MICCA: a complete and accurate software for taxonomic profiling of metagenomic data. Scientific Reports 5:9743.
- Angioni A, Porcu L, Dedola F. 2012. Determination of famoxadone, fenamidone, fenhexamid and iprodione residues in greenhouse tomatoes. Pest Management Science 68:543-547.
- Barelli C, Albanese D, Donati C, Pindo M, Dallago C, Rovero F, Cavalieri D, Tuohy KM, Hauffe HC, De Filippo C. 2015. Habitat fragmentation is associated to gut microbiota diversity of an endangered primate: implications for conservation. Scientific Reports 5:14862.
- Berendsen RL, Pieterse CM, Bakker PA. 2012. The rhizosphere microbiome and plant health. Trends in Plant Science 17:478-486.
- Chalam AV, Sasikala C, Ramana CV, Rao PR. 1996. Effect of pesticides on hydrogen metabolism of *Rhodobacter sphaeroides* and *Rhodospseudomonas palustris*. FEMS Microbiology Ecology 19(1):1-4.
- Chaparro JM, Badri DV, Bakker MG, Sugiyama A, Manter DK, Vivanco JM. 2013. Root exudation of phytochemicals in Arabidopsis follows specific patterns that are developmentally programmed and correlate with soil microbial functions. PloS ONE 8(2): e55731.
- Egamberdieva D, Kamilova F, Validov S, Gafurova L, Kucharova Z, Lugtenberg B. 2008. High incidence of plant growth-stimulating bacteria associated with the rhizosphere of wheat grown on salinated soil in Uzbekistan. Environmental Microbiology 10(1): 1-9.
- Fang H, Han L, Cui Y, Xue Y, Cai L, Yu Y. 2016. Changes in soil microbial community structure and function associated with degradation and resistance of carbendazim and chlortetracycline during repeated treatments. Science of the Total Environment 572:1203-1212.
- Figueiredo MDVB, Seldin L, de Araujo FF, Mariano RLR. 2011. Plant growth promoting rhizobacteria: fundamentals and applications in: Maheshwari, D.K. (Ed.), Plant Growth and Health Promoting Bacteria, Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, pp. 21-42.
- Gower J, Blasius J. 2005. Multivariate prediction with nonlinear principal components analysis: Theory. Quality and Quantity 39: 359-372.
- Jafari M, Minaei S, Safaie N. 2017. Detection of pre-symptomatic rose powdery-mildew and gray-mold diseases based on thermal vision. Infrared Physics & Technology 85:170-183.
- Langille MGI, Zaneveld J, Caporaso JG, McDonald D, Knights D, Reyes J, Clemente JC, Burkpile DE, Vega Thurber RL, Knight R, Beiko RG, Huttenhower C. 2013. Predictive functional

- profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nature Biotechnology* 1-10: 8.
- Leistra M, Matser AM. 2004.** Adsorption, transformation, and bioavailability of the fungicides carbendazim and iprodione in soil, alone and in combination. *Journal of Environmental Science and Health* 39: 1-17.
- Lemos LN, Fulthorpe RR, Triplett EW, Roesch LFW. 2011.** Rethinking microbial diversity analysis in the high throughput sequencing era. *Journal of Microbiological Methods* 86: 42-51.
- Li XZ, Rui JP, Mao YJ, Yannarell A, Mackie R. 2014.** Dynamics of the bacterial community structure in the rhizosphere of a maize cultivar. *Soil Biology and Biochemistry* 68: 392-401.
- McMurdie PJ, Holmes S. 2013.** Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS ONE* 8(4): 61217.
- Minambres GG, Conles MY, Lucini EI, Verdenelli RA, Meriles JM, Zygodlo JA. 2010.** Application of thymol and iprodione to control garlic white rot (*Sclerotium cepivorum*) and its effect on soil microbial communities. *World Journal of Microbiology and Biotechnology* 26(1) 161-170.
- Oulas A, Pavloundi C, Polymenakou P, Pavlopoulos GA, Papanikolaou N, Kotoulas G, Arvanitidis C, Iliopoulos I. 2015.** Metagenomics: Tools and insights for analyzing next-generation sequencing data derived from biodiversity studies. *Bioinformatics and Biology Insights* 9: 75-88.
- Prashar P, Kapoor N, Sachdeva S. 2014.** Rhizosphere: its structure, bacterial diversity and significance. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology* 13: 63-77.
- Rutigliano FA, Ascoli RD, De Santo AV. 2004.** Soil microbial metabolism and nutrient status in a Mediterranean area as affected by plant cover. *Soil Biology & Biochemistry* 36: 1719-1729.
- Sauret N, Mirabel P, Wortham H. 2006.** Development of an SPME-GC-MS/MS method for the determination of pesticides in rainwater: laboratory and field experiments. *Environmental Pollution* 139: 133-142.
- Schloss PD, Handelsman J. 2005.** Status of the microbial census. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 68: 686-691.
- Sousa PJ, Rodrigues JML, Loureiro S, Soares AMVM, Jones SE, Forster B. et al. 2004.** Ring-testing and field-validation of a terrestrial model ecosystem (TME) – an instrument for testing potentially harmful substances: Effects of carbendazim on soil microbial parameters. *Ecotoxicology* 13(1): 43-60.
- Tabacchioni S, Chiarini L, Bevivino A, Cantale C, Dalmastrì C. 2000.** Bias caused by using different isolation media for assessing the genetic diversity of a natural microbial population. *Microbial Ecology*. 40: 169-176.
- Topp E. 2003.** Bacteria in agricultural soils: Diversity, role and future perspectives. *Canadian Journal of Soil Science*. 83: 303-309.
- Tremblay J, Singh K, Fern A, Kirton ES, He S, Woyke T, Lee J, Chen F, Dangl JL, Tringe SG. 2015.** Primer and platform effects on 16S rRNA tag sequencing. *Evolutionary and Genomic Microbiology* 6: 1-15.
- U.S. Department of Agriculture, Agricultural Marketing Service, 2014.** Science & Technology. Pesticide Data Program. Available at: <https://www.ams.usda.gov/sites/default/files/media/2013%20PDP%20Annual%20Summary.pdf> (verified on 4 December 2016).
- Walters W, Hyde ER, Berg-Lyons D, Ackermann G, Humphrey G, Parada A, Gilbert JA, Jansson JK, Caporaso JG, Fuhrman JA, Apprill A, Knight B. 2015.** Improved bacterial 16S rRNA gene (V4 and V4-5) and fungal internal transcribed spacer marker gene primers for microbial community surveys. *mSystems* 1(1):1-10.
- Wang X, Song M, Wang Y, Gao C, Zhang Q, Chu X, Fang H, Yu Y. 2012.** Response of soil bacterial community to repeated applications of carbendazim. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 75:33-39.
- Wang XG, Song M, Gao CM, Dong B, Zhang Q, Fang H, Yu YL. 2009a.** Carbendazim induces a temporary change in soil bacterial community structure. *Journal of Environmental Sciences* 21:1679-1683.
- Wang YS, Huang YJ, Chen WC, Yen JH. 2009b.** Effect of carbendazim and pencycuron on soil bacterial community. *Journal of Hazardous Materials* 172: 84-91.
- Wang YS, Wen CY, Chiu TC, Yen JH. 2004.** Effect of fungicide iprodione on soil bacterial community. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 59:127-132
- Will C, Thürmer A, Wollherr A, Nacke H, Herold N, Schrupf M, Gutknecht J, Wubet T, Buscot F, Daniel R. 2010.** Horizon-specific bacterial community composition of German grassland soils as revealed by pyrosequencing-based analysis of 16S rRNA genes. *Applied and Environmental Microbiology* 76: 6751-6759.

Xu Y, Wang G, Jin J, Liu J, Zhang Q, Liu X. 2009. Bacterial communities in soybean rhizosphere in response to soil type, soybean genotype, and their growth stage. *Soil Biology and Biochemistry* 41(5): 919–925.

Yang C, Hamel C, Vujanovic V, Gan Y. 2011. Fungicide: Modes of Action and Possible Impact on Nontarget Microorganisms. *ISRN Ecology* 1–8.

Yu YL, Chu XQ, Pang GH, Xiang YQ, Fang H. 2009. Effects of repeated applications of fungicide carbendazim on its persistence and microbial

community in soil. *Journal of Environmental Sciences-China* 21: 179–185.

Zhang M, Wang W, Zhang Y, Teng Y, Xum Z. 2017. Effects of fungicide iprodione and nitrification inhibitor 3,4-dimethylpyrazole phosphate on soil enzyme and bacterial properties. *Science of the Total Environment* 599–600: 254–263.

Zhang WJ, Rui WY, Tu C, Diab HG, Louws FJ, Mueller JP, Creamer N, Bell M, Waggoner MG, Hu S. 2004. Responses of soil microbial community structure and diversity to agricultural deintensification. *Pedosphere*. 15(4): 440–447.

Genetic Engineering and Biosafety Journal Volume 6, Number 2

Evaluation the effects of fungicide Iprodione-Carbendazim (Rovral TS) on cucumber rhizosphere bacterial structure by Illumina MiSeq sequencing

Ezazi Robab¹, Ahmadzadeh Masoud ^{1*}, Javan Nikkhah Mohammad ¹, Salehi Mohammadi Reza² and Donati Claudio³

1- Ph.D. Student, Professor and Professor of Plant Pathology, Respectively, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran

2- Assistant Professor of Horticultural Sciences, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran

3- Computational Biology Unit, Fondazione Edmund Mach, San Michele all Adige, Trento, Italy

* Corresponding author: ahmadz@ut.ac.ir

Abstract

Studying the effects of fungicides on rhizosphere and soil microbial communities is very important due to the critical role of microorganisms in soil and plant health. In this study, the effects of fungicide Rovral TS on dynamic and structure of cucumber rhizospheric bacteria was investigated by Next-Generation Sequencing based on 16S rRNA gene (V4 region) by means of Illumina MiSeq sequencing in three plant growth periods. Results showed that among 26 identified phyla and 352 identified bacterial genera for 18 samples, Proteobacteria and Pseudomonas were most dominate phylum and genus, respectively. Application of Rovral TS was resulted the changes in bacterial structure and dynamic. Decrease of relative abundance of Pseudomonas in middle stage of flowering in fungicide treatment and in the last stage of control treatment was observed. Moreover, the relative abundance of Sphingopyxis, Sphingobacterium and Chryseobacterium in fungicide-treated plants were more than control plant in all three stages. Analysis of diversity indices revealed that diversity in the rhizospheric soil of control plant was more than fungicide-treated plants (shanon=5.33), while species richness in control soil was greater than fungicide treated (Chao1=2324.17). In addition, the effect of plant developing stages on OUT number, diversity and richness indices (regardless type of treatment) was significant and rhizospheric soil belongs to before flowering stages benefit more diversity and richness.

Keywords: microbe, cucumber, fungicide, metagenomics