مقاله علمی پژوهشی
مجله دوفصل نامه
مهندسی ژنتیک و ایمنی زیستی
ISSN 2588-5073 چاپی
ISSN 2588-5081 الکترونیکی
دوره ۱۰، شماره ۲، پاییز وزمستان ۱۴۰۰
صفحه ۱۸۲-۱۷۱

https://dorl.net/dor/20.1001.1.25885073.1400.10.2.5.7

DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.5.7

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Volume 10, Number 2
2022

http://gebsj.ir/

https://ecc.isc.ac/showJournal/23064

بررسی تاثیر رایزوباکتریهای تولید کننده IAA بومی ایران بر روی گندم نان رقم روشن

The effect of IAA-producing rhizobacteria native of Iran on bread wheat Roshan cultivar

مریم مقصودی[۱]، فواد فاتحی*[۲]، آسا ابراهیمی[۱]، محمود ملکی[۳]

Maryam Maghsoudi[1], Foad Fatehi *[2], Asa Ebrahimi[1], Mahmoud Maleki[3]

۱-گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی، واحد علوم و تحقیقات، دانشگاه آزاد اسلامی، تهران، ایران

۲-گروه کشاورزی، دانشگاه پیام نور، تهران، ایران

۳-گروه بیوتکنولوژی و به‌نژادی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

1. Department of Biotechnology and Plant Breeding, Science and Research Branch, Islamic Azad University, Tehran, Iran

2. Department of Agriculture, Payame Noor University (PNU), Tehran, Iran

3. Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: *Corresponding Author, Email: fatehi.foad@gmail.com

(تاریخ دریافت: ۱۴۰۰/۷/۱۰ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۹/۲۲)

چکیده

در حال حاضر استفاده از باکتری‌های محرک رشد گیاه به‌عنوان جایگزین مناسب برای استفاده از کودهای شیمیایی برای بهبود رشد گندم مورد توجه قرار گرفته‌اند. هدف از این تحقیق شناسایی بهترین و موثرترین رایزوباکتری‌ها بر روی رشد گندم بود. ابتدا باکتریهای باسیلوس از محیط ریشه گندم جداسازی و قابلیت تولید هورمون اکسین آنها سنجیده شد. سپس گندم نان رقم روشن به‌صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی تحت تأثیر ۸ سویه باکتریایی با بیشترین میزان تولید هورمون IAA در سه غلظت مختلف قرار گرفت. با بررسی صفات مورفولوژیک، بهترین تیمار انتخاب و بیان ژن‌های دخیل در مسیر هورمون اکسین به‌وسیله تکنیک RT-qPCR موردمطالعه قرار گرفت. در این مطالعه ۲۰ سویه باسیلوس از محیط رایزوسفری جدا شدند که به ترتیب کمترین و بیشترین میزان تولید IAA صفر و ۹۵/۸۹ میکروگرم بر لیتر بود. نتایج حاصل از صفات مورفولوژیک نشان داد که در همه صفات سویه C6 با OD_{600} برابر با یک تأثیر مثبت بهتری بر روی رقم روشن گذاشته است. درنتیجه این تیمار برای آنالیز بیان ژن انتخاب شد. نتایج حاصل از آنالیز بیان ژنهای *TaTAR2.1* و *TaTAR2.4* نشان داد که این ژنها در بخش هوایی تحت تأثیر این سویه و نسبت به شاهد کاهش بیان از خود نشان دادند.

واژه‌های کلیدی

باکتری‌های محرک رشد گیاه،
بیان ژن،
ژنهای *TaTAR2.1* و *TaTAR2.4* ،
گندم،
هورمون اکسین

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

Genetic Engineering and Biosafety Journal
Volume 10, Number 2, 2022

Abstract

At present, the use of plant growth-promoting bacteria has been considered as a suitable alternative to the use of chemical fertilizers to improve wheat growth. The objectives of this study was to identify the best and most effective rhizobacteria on wheat growth. First, *Bacillus* strains were isolated from wheat rhizosphere and their ability to produce IAA was assayed. Then, *Triticum aestivum* (Roshan) plants were treated in a completely randomized design by eight heighest IAA-producing bacterial strains at three different bacterial concentrations. By examining morphological traits, the best treatment was selected and the expression of genes involved in the auxin pathway was studied by RT-qPCR technique. Here, twenty *Bacillus* strains were isolated. The amount of IAA production varied among the strains (the minimum and maximum IAA production were 0 and 95.89 µg/ml, respectively). Twenty strains were isolated, eight strains with the highest levels of IAA production were selected for applying to the plants. Results of morphological traits demonstrated that strain C6 at concentration 1 (OD=1) had a significantly greater positive effect on Roshan plants. This strain was chosen for genes expression analysis. Analysis of expression of *TaTAR2.1* and *TaTAR2.4* genes showed that these genes have been influenced by strain C6 and they were significantly down-regulated as compared to the control.

Keywords: PGPR, Gene expression, genes *TaTAR2.1* and *TaTAR2.4*, Wheat, Auxin

مقدمه

یک لایه کوچک و نازک خاک در اطراف ریشه که مستقیماً و از نزدیک تحت تأثیر سیستم ریشه گیاه قرار دارد و از نظر متابولیکی بسیار فعال است، ریزوسفر نامیده می شود. این ناحیه به دلیل تجمع انواع ترکیبات آلی که از ریشه ترشح می شوند، در مقایسه با خاکهای غیر ریزوسفر سرشار از مواد مغذی است (Chandra et al. 2018). ترشحات ریشه گیاه باعث تغییرات فیزیکوشیمیایی در خاک های ریزوسفر نسبت به خاکهای غیر ریزوسفر می‌شود. این وضعیت تعداد میکروارگانیسم‌های مفید مانند رایزوباکتریاهای محرک رشد گیاه (PGPR) و تراکم جمعیت در ریزوسفر را افزایش می‌دهد (Van Loon 2007). PGPRs رشد گیاه را به دو روش مستقیم و غیر مستقیم تحریک می‌کند. مکانیسم‌های مستقیم از طریق تولید فیتوهورمون‌ها و مواد فرار باکتریایی، کاهش سطح اتیلن در گیاهان، بهبود وضعیت تغذیه‌ای گیاه (آزادسازی فسفاتها و عناصر غذایی میکرو از منابع نامحلول و تثبیت نیتروژن) و تحریک مکانیسم‌های مقاومت در برابر بیماریها (مقاومت سیستمیک القا شده) می‌باشد. اثرات غیر مستقیم این است که PGPR مانند عوامل کنترل کننده زیستی عمل می‌کند و بیماری ها را کاهش می‌دهد (Lazarovits and Nowak 1997, Maleki et al. 2017).

ریزوباکتری‌های مرتبط با ریزوسفر و تولید کننده اکسین اثرات مفیدی بر روی گیاهان دارند. این هورمون در بسیاری از جنبه‌های کلیدی رشد گیاه و همچنین واکنش‌های دفاعی دخیل است. به طور کلی، اکسین بر تقسیم، توسعه و تمایز سلولهای گیاهی، بر جوانه‌زنی بذرها و غده‌ها، فوتوتروپیسم، ژئوتروپیسم و رشد میوه تأثیر می‌گذارد، ریشه‌های مویین، ریشه‌های جانبی و سرعت رشد آوندها را افزایش می‌دهد و فرایندهای رشد رویشی را کنترل می-کند (Datta and Basu 2000). مطالعات مختلف نشان داده است که علاوه بر گیاهان، باکتری‌ها نیز قادر به تولید هورمون‌های گیاهی مانند اکسین هستند (Galledari et al. 2015, Molina et al. 2018, Defez et al. 2019).

در حقیقت، IAA ریزوباکتریایی به عنوان فرم فعال اکسین، توسط سلولهای ریشه جذب می‌شود و همراه با IAA گیاه یک مسیر انتقال سیگنال اکسین را تحریک می‌کند. در نتیجه، IAA باکتریایی سطح و طول ریشه را افزایش می‌دهد و بنابراین دسترسی بیشتر گیاه به مواد مغذی خاک را فراهم می‌کند. IAA باکتریایی همچنین دیواره سلولی گیاه را شل می کند و در نتیجه ترشحات ریشه را افزایش می‌دهد و مواد مغذی بیشتری را برای حمایت از رشد ریزوباکتری ها فراهم می‌کند (Glick 2012).

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

مطالعات مختلفی در مورد تأثیر باکتری‌های تولید کننده اکسین بر روی گیاهان انجام شده است. بهترین سویه‌های تولید کننده IAA در تحقیقی، منجر به افزایش زیست توده ریشه و اندام هوایی در گندم و ماش شد (Chandra et al. 2018). تاثیر سویه‌های ریزوباکتریایی تولید کننده IAA بر رشد گیاهچه‌های ذرت نشان داد که سویه R1 به طور معنی‌داری وزن تر و خشک بخش هوایی و ارتفاع ساقه را افزایش داد، در حالی که سویه R3 وزن تر و خشک، تعداد ریشه‌های نابجا و طول ریشه را به میزان قابل توجهی افزایش داد و همه تیمارها با سویه‌های باکتریایی رشد گیاه را نسبت به شاهد افزایش دادند (Lwin et al. 2012).

در حقیقت، ریزوباکتری‌ها می‌توانند با تغییر بیان ژن، رشد و عملکرد گیاه را بهبود بخشند. در نتیجه تیمار برنج با ریزوباکتریها، ٤٩٤ ژن در ریشه افزایش بیان و ١٠٤٥ ژن کاهش بیان نشان دادند (Agarwal *et al.*2019). همچنین، مطالعات دیگر تأثیر ریزوباکتری‌ها را بر سایر ژن‌ها نشان داده‌اند (Ambreetha *et al.* 2018; EL-Esawi *et al.*2018; Calvo *et al.*2019; Tiwari *et al.*2021).

به دلیل اهمیتی که گندم در رژیم غذایی بشر ایفا می کند، توجه محققان زیادی را برای بهبود رشد و عملکرد آن جلب کرده است. هدف از این مطالعه بررسی تاثیر سویه‌های تولید کننده IAA بر رشد و بیان برخی از ژن‌های مرتبط با IAA در گندم نان بود.

مواد و روش‌ها

جداسازی اختصاصی باسیلوس‌ها: برای جداسازی باکتریهای باسیلوس، مقداری خاک از مزارع مختلف گندم برداشت شد و برای جداسازی رایزوباکتریها استفاده گردید. ابتدا یک گرم خاک مزرعه را در لوله آزمایش حاوی ۹ میلی لیتر آب مقطر استریل حل نموده و سپس محلول حاصل شش برابر رقیق شد. محلولهای رقیق شده، در دمای ۸۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۰ دقیقه در آون تحت شوک حرارتی قرار گرفتند تا تمامی فرم‌های رویشی باسیل و فرم‌های غیراسپوری باکتریایی از بین بروند. از محلول حرارت دیده، ۱۰۰ میکرو لیتر برداشته و به محیط کشت جامد نوترینت آگار منتقل نموده و با لوپ آن را با دقت پخش کرده و سپس به مدت ٢٤ ساعت در انکوباتور قرار داده شدند تا رشد کنند. پس از ظهور کلونی، کشت‌های مکرر باکتری به‌منظور حصول تک کلونی انجام شد تا سویه‌های مختلف جنس باسیلوس جداسازی شوند.

اندازه گیری میزان تولید اکسین، روش کمی بررسی تولید IAA:

در این روش ابتدا محیط نوترینت براس حاوی و فاقد mg/ml ۰/۵ تریپتوفان به حجم ml ۵ درون فالکونهای ml ۵۰ تهیه شدند، سپس سویه‌ها تلقیح و در دمای ۳۰ درجه سانتیگراد، به مدت ۵ روز بر روی شیکرانکوباتور با دور rpm 150 رشد داده شدند. سپس سوسپانسیون باکتریایی درrpm 5000 به مدت ۵ دقیقه سانتریفیوژ و سپس محلول رویی به ویال جدید و استریل منتقل گردید. به‌منظور اندازه‌گیری میزان تولید اکسین، عصاره صاف‌شده هر باکتری با محلول سالکوفسکی با نسبت ۱ به ٤ ترکیب و پس از ۱۵ دقیقه به‌وسیله اسپکتروفتومتری با طول‌موج ۵۳۱/۸ نانومتر قرائت انجام شد (Sridevi and Mallaiah 2007). با استفاده از نمودار استاندارد مقدار هورمون برحسب µg/ml به دست آمد (Sridevi and Mallaiah 2007). این آزمایش به صورت فاکتوریل و بر پایه طرح کاملا تصادفی با سه تکرار انجام شد و تمام داده ها با استفاده از نرم افزار Excel و SAS مورد تجزیه و تحلیل آماری قرار گرفتند.

شناسایی سویه‌ها به وسیله توالی‌یابی 16S rDNA: ابتدا DNA ژنومی سویه‌های فعال شده بر روی نوترینت براس بوسیله روش جوشاندن استخراج گردید و سپس با الکتروفورز ژل آگارز و اسپکتروفتومتری کیفیت و کمیت آن تعیین گردید. با استفاده از ترکیب پرایمری 16F (AGAGTTTGATCCTGGCTCAG) و 1492R (GGTTACCTTGTTACGACTT)، ژن 16S rDNA با استفاده از PCR به صورت زیر تکثیر گردید (Galledari et al. 2015): مرحله واسرشت‌سازی اولیه در ٩٤ درجه سانتیگراد به مدت ۳ دقیقه، و سپس ٤٠ چرخه (واسرشت‌سازی ٩٤ درجه سانتیگراد ٤٥ ثانیه، مرحله اتصال پرایمر ٤٨ درجه سانتیگراد به مدت ٤٥ ثانیه و مرحله تکثیر ٧٢ درجه به مدت ٩٠ ثانیه) برای تکثیر ژن مذکور.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

محصول PCR بر روی ژل آگارز یک درصد مورد تایید قرار گرفت و سپس محصول PCR برای توالی یابی ارسال شد. نتایج توالی‌یابی نشان داد که باکتری‌ها از جنس باسیلوس و گونه سرئوس بوده و با شماره GI:2025115666 در پایگاه اطلاعاتی مرکز ملی اطلاعات بیوتکنولوژی آمریکا (NCBI) ثبت گردید.

تیمار گلخانه‌ای: در این آزمایش رقم روشن گندم نان تحت تأثیر غلظت‌های مختلف سویه‌های مختلف بومی غربال‌شده (بیشترین تولیدکننده اکسین) و سویه استاندارد (*Bacillus amyloliquefaciens* fzb42) قرار گرفتند. در این آزمایش سویه‌های فعال شده، پس از تکثیر در محیط نوترینت براس به مدت ٤٨ ساعت، سانتریفیوژ شدند و محلول رویی دور ریخته شد و سپس با استفاده از محلول هوگلند پلیت باکتری‌ها به حجمی رسانده شدند تا غلظتهایی از باکتری با OD_{600} مختلف ۰/۵ (غلظت A) ، ۱ (غلظت B) و ۲ (غلظت C) بدست آیند و سپس تیمار باکتریایی اعمال شد. این آزمایش به‌صورت فاکتوریل بر پایه طرح کاملاً تصادفی در سه تکرار اجرا شد که در آن فاکتور اول سویه‌های مختلف رایزوباکتری‌های جداسازی شده (در ۸ سطح) و فاکتور دوم غلظت‌های مختلف سویه‌ها (چهار سطح) بودند.

پس از انجام آزمایش صفات مورفولوژیک طول ریشه و قسمت هوایی، وزن‌تر و خشک‌ریشه و قسمت هوایی و نیز میزان کلروفیل آ، ب، کل و کاروتنوئید اندازه‌گیری شدند و بر اساس آن‌ها بهترین تیمار مؤثر بر رشد انتخاب و برای بررسی بیان ژن‌های دخیل در برهمکنش باکتری-گیاه نمونه‌گیری از آن‌ها استفاده شد.

بررسی بیان ژن‌های دخیل در بیوسنتز اکسین: در این آزمایش یک جفت پرایمر رفت (5’-TGT GTC TGT CGC ATT GAA TGT C-3’) و برگشت (5’-ATG TTG CTG ATC AGG AGA GAT GAC-3’) برای ژن TaTAR2.1 و یک جفت پرایمر رفت (5’-CGG CGT GTC TAG GGA CTC A-3’) و برگشت (5’-GAA GTC AAA GAG CCG CCT TGT-3’) برای ژن TaTAR2.4 بر اساس مطالعات قبلی انتخاب و استفاده گردیدند (Shao et al. 2017).

استخراج RNA و سنتز cDNA: استخراج RNA با استفاده از کیت RNX PLUS شرکت سینا ژن و طبق دستورالعمل شرکت مذکور انجام شد. برای حذف آلودگی DNA، از آنزیم DNaseI (شرکت فرمنتاز) و طبق دستورالعمل شرکت صورت گرفت. سپس RNAهای استخراج‌شده طی یک واکنش با حجم ۲۰ میکرو لیتر با استفاده از دستورالعمل موجود در کیت شرکت فرمنتاز به cDNA تبدیل شدند. به این منظور ابتدا ۱ میکرو لیتر آغازگر ٦ نوکلئوتیدی تصادفی (random hexamer) به ۱۱ میکرو لیتر RNA تیمار شده با DNaseI درون ویال اضافه گردید و به مدت ۵ دقیقه در دمای ٦٥ درجه سانتی‌گراد قرار داده شد. سپس ویالها بلافاصله به مدت ۵ دقیقه روی یخ قرار داده شدند. در مرحله آخر به ترتیب ٤ میکرو لیتر از بافر RT(10X)، 2 میکرو لیتر dNTP، 1 میکرو لیتر آنزیم نسخه‌بردار معکوس (RT) و ۱ میکرو لیتر آب استریل دو بار تقطیر به ویالها اضافه شد. ویالها به مدت ۱۰ دقیقه در دمای ۲۵ درجه سانتی‌گراد، ٦۰ دقیقه در دمای ٤۲ درجه سانتی‌گراد جهت واکنش ساخت cDNA و ۱۰ دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد قرار گرفتند. درنهایت cDNA ساخته‌شده به فریزر ۲۰- درجه سانتی‌گراد منتقل شد.

واکنش RT-qPCR: واکنش Real Time PCR با استفاده از cDNAهای سنتز شده، آغازگرهای اختصاصی و آغازگرهای کنترل داخلی به صورت زیر انجام شد: ۵ میکرولیتر سایبر گرین (2X)، ۰/۲۵ میکرولیتر پرایمر رفت (۱۰ Pmol.µl-1)، ۰/۲۵ میکرولیتر پرایمر برگشت (۱۰ Pmol.µl-1) و ۱ میکرولیتر cDNA که با ۳/۵ میکرولیتر آب مقطر استریل به حجم نهایی ۱۰ میکرولیتر رسانده شد. بدین منظور از دستگاه Rotor Gene 3000 و کیت SYBR Premix Ex TagTM II از شرکت یکتا تجهیز آزما استفاده شد. در واکنش Real Time PCR علاوه بر ژن اصلی و ژن کنترل داخلی، برای اطمینان از آلوده نبودن آغازگرها و یا cDNAهای موردنظر از یک کنترل منفی (شامل تمامی مواد موردنیاز برای واکنش جز cDNA) استفاده شد.

بیان ژن‌های مورد مطالعه به‌صورت کمی محاسبه شد. به این منظور CT ژن با استفاده از رسم خط Threshold روی نمودار Quantitative با استفاده از نرم‌افزار Rotor-Gene Q محاسبه شد.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

اعداد CT به‌دست‌آمده به برنامه Excel وارد شدند و میزان بیان آن‌ها با استفاده از فرمول زیر محاسبه گردید (Livak and Schmittgen 2001): مقدار بیان ژن هدف = $^{-\Delta\Delta CT}$ ۲

که ΔΔ CT برابر است با: (ΔCT ژن موردنظر در شرایط تیمار – ΔCT ژن موردنظر در شرایط شاهد)

تمامی داده‌های حاصل از اندازه‌گیری صفات مورفولوژیک و نیز داده‌های حاصل از ریل تایم qRT-PCR با استفاده از نرم‌افزارهای XLSTAT (Azzawi et al. 2021) و GraphPad (Kleine et al. 2007) آنالیز شدند.

نتایج و بحث

نتایج تولید اکسین توسط رایزوباکتریها:

از بین تعداد زیادی از سویه های باکتریایی که پس از تحمل دمای ۸۰ درجه سانتیگراد به مدت ۲۰ دقیقه بر روی محیط کشت نوترینت آگار ظاهر شدند، ۲۰ سویه انتخاب و برای تولید IAA مورد سنجش قرار گرفتند. مقدار IAA تولید شده توسط ریزوباکتریهای مختلف در حضور ۰/۵ میلی گرم بر میلی لیتر تریپتوفان و نیز عدم حضور تریپتوفان طی ۵ روز با استفاده از داده اسپکتروفتومتری و معادله خطی در سه تکرار بدست آمد. تمام داده‌ها به صورت فاکتوریل و در قالب طرح کاملا تصادفی مورد تجزیه و تحلیل قرار گرفتند. نتایج تجزیه واریانس نشان داد که بین سویه‌ها، حضور یا عدم حضور تریپتوفان و نیز اثر متقابل آنها در سطح ۱ درصد تفاوت معنی‌داری وجود دارد (جدول ۱).

جدول ۱- تجزیه واریانس تولید اکسین سویه های باکتری در حضور یا عدم حضور تریپتوفان

Table 1. Analysis of variance of the auxin production of bacterial strains in the presence or absence of Tryptophan

منابع تغییرات	درجه آزادی	میانگین مربعات
سویه‌ها	۱۹	۱۲۰۱/۳۷**
حضور یا عدم حضور تریپتوفان	۱	٦۰٦۰۳/٤٥**
اثر متقابل	۱۹	۹۱۹/۸۳**
خطا	۸۰	۱۸/٥٦

نتایج مقایسه میانگین اثر متقابل سویه در حضور یا عدم حضور تریپتوفان، نشان داد که همه سویه‌های باسیلوس توانایی تولید هورمون IAA را داشتند و تنوع بسیار بالایی از نظر میزان تولید این هورمون در بین تمام سویه‌های باسیلوس مشاهده شد. توانایی تولید هورمون IAA در سویه‌های باسیلوس بین صفر (در عدم حضور تریپتوفان) تا ۹۵/۸۹ (در حضور تریپتوفان) میکروگرم بر میلی لیتر متغیر بود. سویه‌های D7، K218، B8، K21، C6، K13، K14 و K114 هشت سویه برتر از نظر تولید هورمون IAA در حضور تریپتوفان بودند که به ترتیب ۹۵/۸۹، ۹۳/۷٤، ۸۱/۲٤، ۷۷/۷۹، ۷۳/٤۸، ٦٥/۲۹، ٦٤/٤۳ و ٦۱/۸٤ میکروگرم بر میلی لیتر هورمون IAA را تولید کردند. کمترین میزان تولید هورمون اکسین هم مربوط به سویه‌های K19 و K220 در شرایط عدم حضور تریپتوفان حاصل شد که به ترتیب صفر و ۰/٦۳ میکروگرم بر میلی لیتر هورمون تولید کردند (شکل ۱).

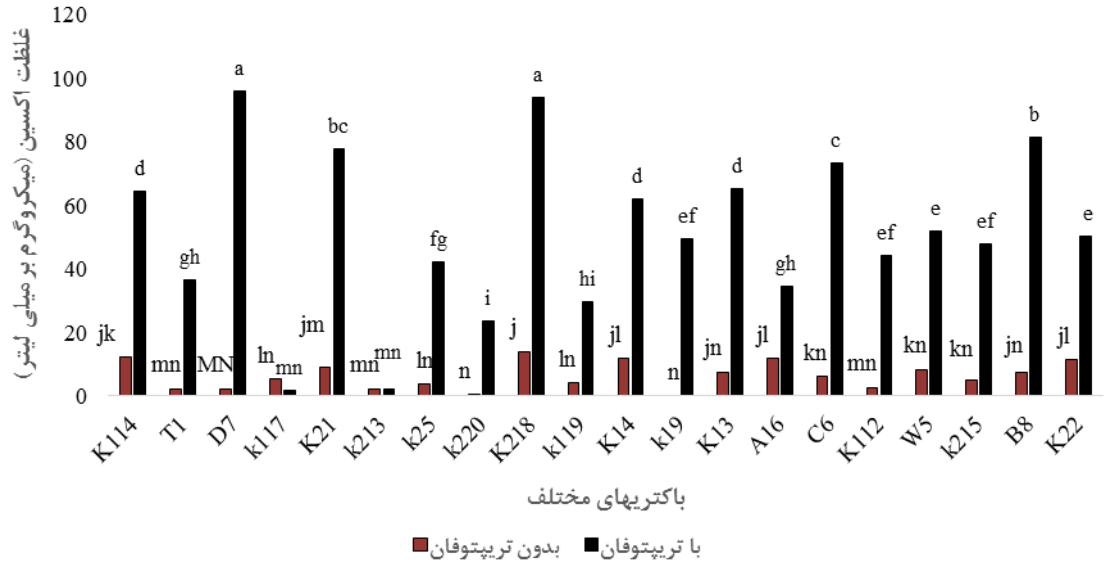
صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک حاصل از اثر رایزوباکتریها

نتایج تجزیه واریانس حاصل از داده‌های اثر رایزوباکتریها در غلظتهای مختلف بر روی گیاهچه‌های گندم نان رقم روشن نشان داد که اثر متقابل رایزوباکتری در غلظت آنها در صفات وزن تر بخش هوایی، وزن تر و خشک ریشه حداقل در سطح ۵ درصد معنی دار گردید (جدول ۲). برای صفات طول ساقه، ریشه و کلروفیل ب اثر غلظت رایزوباکتریها در سطح یک درصد معنی دار گردید (جدول ۲) و در مورد سایر صفات اثر رایزوباکتری، غلظت و اثر متقابل آنها معنی‌دار نشد.

مقایسه میانگین اثر متقابل سویه‌های مختلف باکتری در غلظت‌های متفاوت بر روی رقم روشن

اثر متقابل سویه‌های مختلف باکتری در غلظت‌های متفاوت بر روی رقم روشن اختلاف کاملاً معنی‌داری را در صفات وزن تر بخش هوایی، وزن تر و خشک ریشه نشان داد. نتایج مقایسه میانگین اثر متقابل رایزوباکتری در غلظت برای صفت وزن تر بخش هوایی نشان داد که سویه C6 در غلظت B و سویه استاندارد *B. amyloliquefaciens* fzb42 در غلظت A به ترتیب بیشترین و کمترین مقدار را به خود اختصاص دادند (جدول ۳).

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]



شکل ۱ – مقایسه میانگین اثر متقابل سویه*وجود و عدم وجود تریپتوفان از نظر صفت میزان تولید هورمون IAA.

Fig 1. Mean Comparison of interaction of strain * Presence and absence of Tryptophan for IAA production.

جدول ۲– نتایج تجزیه‌ی واریانس صفات مورفولوژیک و فیزیولوژیک.بررسی شده در رقم روشن گندم

Table 2. Analysis of variance of studied morphological and physiological traits in Roshan cultivar

		میانگین مربعات					
منابع تغییرات	درجه آزادی	طول ساقه	طول ریشه	وزن‌تر بخش هوایی	وزن تر ریشه	وزن خشک‌ریشه	کلروفیل ب
باکتری	۸	٦/۳۰۹ ns	٤/۳۷۸ns	۰/۰۰٦*	۰/۰۰۸**	۰/۰۰۰٤۷ns	۱/۷۸ns
غلظت	۲	۱۰٤/٤٤۸**	۱۳/۰۳۰**	۰/۰۰۱ns	۰/۰۱۸**	۰/۰۰۰٤۹**	۱۷/٤۹**
غلظت*باکتری	۱٦	٦/٤۱۵ns	۳/۱۵۲ns	۰/۰۰۷**	۰/۰۱۵**	۰/۰۰۰۱۵*	۱/۳۳ns
خطا	۵٦	۵/۷۱	۲/٦۹۵	۰/۰۰۲	۰/۰۰۱	۰/۰۰۰۰۷٦	۱/۵۲

ns، * و ** به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال ۵٪ و ۱٪.

درواقع، سویه *B. amyloliquefaciens fzb42* در غلظت A اثر منفی معنی داری نسبت به شاهد بر روی گیاهچه های گندم داشت و در سایر غلظتها تفاوت معنی داری با بهترین تیمار نداشت (جدول ۳).

نتایج مقایسه میانگین چند دامنه‌ای دانکن برای اثر متقابل باکتری در غلظت باکتری در مورد صفت وزن تر ریشه نشان داد که سویه C6 در غلظت B، به همراه سویه‌های K114 و B8 در غلظت A بیشترین تاثیر مثبت بر روی صفت وزن تر داشتند و سویه *Bacillus amyloliquefaciens* fzb42 در غلظت A به همراه تیمار شاهد کمترین مقدار را به خود اختصاص دادند (جدول ۳). سویه *B. amyloliquefaciens* fzb42 استاندارد در غلظت C بیشترین تاثیر را بر روی این صفت نشان داد (جدول ۳).

در مورد صفت وزن خشک ریشه، نتایج مقایسه میانگین اثر متقابل رایزوباکتری در غلظت نشان داد که سویه‌های K117، D7 و K21 در غلظت A و سویه C6 در غلظت B بیشترین تاثیر مثبت را بر روی وزن خشک ریشه داشتند و سویه D7 در غلظت C به همراه تیمار شاهد کمترین تاثیر را بر روی این صفت داشتند (جدول ۳). سویه *B. amyloliquefaciens* fzb42 بیشترین تاثیر مثبت بر روی این صفت را در غلظتهای C و A نشان دادند (جدول ۳).

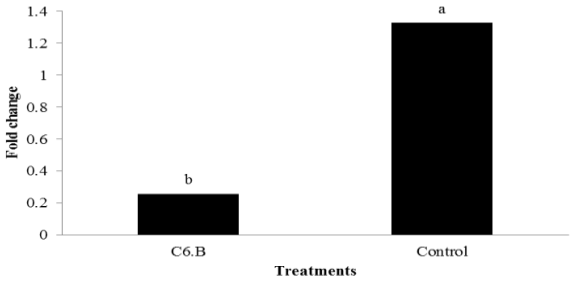
[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

جدول ۳ – مقایسه میانگین اثر متقابل رایزوباکتری در غلظت رایزوباکتری برای صفات وزن تر و خشک ریشه و وزن تر ساقه در رقم روشن با استفاده از آزمون چند دامنه ای دانکن.

Table 3. Mean comparison of interaction of rhizobacteria * concentration of rhizobacteria for fresh and dry weight of root and fresh weight of shoot in Roshan cultivar using Duncan's multiple range test.

تیمارهای مختلف	وزن تر ریشه(g)	وزن خشک ریشه	وزن ترساقه(g)
D7*A	۰/۱۳ cd	۰/۰۶۷ a	۰/۳۱۳ ad
K114*A	۰/۳۴ a	۰/۰۷ a	۰/۳۶ ab
K13*A	۰/۱۶۳ bc	۰/۰۴۸ ce	۰/۳۲۳ ad
K21*A	۰/۱۷۸ bc	۰/۰۶۵ ac	۰/۳۲۷ ad
B8*A	۰/۲۹۳ a	۰/۰۵۸ ae	۰/۳۳۵ ac
K218*A	۰/۱۷۸ b	۰/۰۵۸ ae	۰/۳۴۸ ac
K14*A	۰/۱۲۲ cd	۰/۰۵ be	۰/۲۸۷ ad
C6*A	۰/۱۳۵ cd	۰/۰۶۳ ad	۰/۲۵۷ cd
S*A	۰/۰۷۸ d	۰/۰۶ ae	۰/۱۴۳ e
Control	۰/۱۱۷ cd	۰/۰۲۶ f	۰/۲۳۳ d
D7*B	۰/۱۱۳ cd	۰/۰۵۱ be	۰/۲۶۳ bd
K114*B	۰/۱۷۰ bc	۰/۰۵۱ be	۰/۲۹۷ ad
K13*B	۰/۱۲۵ cd	۰/۰۵۴ ae	۰/۳۰۸ ad
K21*B	۰/۱۷۰ bc	۰/۰۶۲ ad	۰/۳۲۳ ad
B8*B	۰/۱۱۸ cd	۰/۰۵۳ ae	۰/۲۷۳ ad
K218*B	۰/۲۱ b	۰/۰۵۹ ae	۰/۳۳۵ ac
K14*B	۰/۱۴ bd	۰/۰۵۶ ae	۰/۳۱ ad
C6*B	۰/۳۴۳ a	۰/۰۶۵ ac	۰/۳۶۵ a
S*B	۰/۱۴۸ bd	۰/۰۵۲ be	۰/۲۷۸ ad
D7*C	۰/۱۲ cd	۰/۰۴۴ e	۰/۲۹ ad
K114*C	۰/۱۱۲ cd	۰/۰۴۹ be	۰/۲۵۳ cd
K13*C	۰/۱۷۷ bc	۰/۰۵۹ ae	۰/۳۶ ab
K21*C	۰/۱۱۳ cd	۰/۰۴۸ ce	۰/۲۸۳ ad
B8*C	۰/۱۲۲ cd	۰/۰۵ be	۰/۲۹ ad
K218*C	۰/۱۲۸ cd	۰/۰۵۱ be	۰/۳۰۳ ad
K14*C	۰/۱۳۳ cd	۰/۰۵۲ be	۰/۳۰۳ ad
C6*C	۰/۱۱ cd	۰/۰۴۶ de	۰/۲۵۷ cd
S*C	۰/۱۶۲ bc	۰/۰۶۳ ad	۰/۳۰۷ ad

بررسی بیان ژن‌های TAR: نتایج آنالیز بیان ژن‌های TaTAR2.1 و TaTAR2.4 نشان دادند که بیان هر دو ژن تحت تیمار رایزوباکتری C6 نسبت به شاهد از روند مشابهی برخوردار بوده و کاهش بیان از خود نشان داده‌اند. میزان بیان ژن TaTAR2.1 در تیمار C6 به میزان ۵/۱۶ برابر نسبت به شاهد کاهش بیان نشان داد (شکل ۲). همچنین میزان بیان ژن TaTAR2.4 نیز تحت تیمار C6 نیز به میزان ۱۱/۰۶ برابر نسبت به تیمار شاهد کاهش بیان نشان داد (شکل ۳).

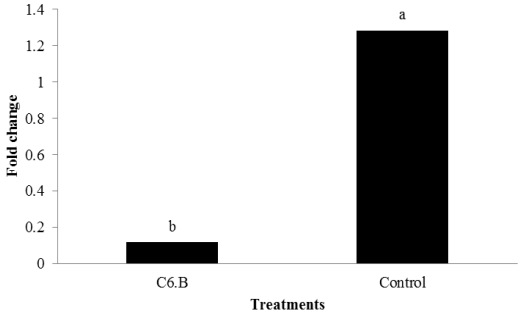


شکل ۲– تغییرات بیان ژن *TaTAR2.1* تحت تیمار رایزوباکتری C6 در غلظت B در بافت برگی رقم روشن گندم.

Fig 2. Expression changes of TaTAR2.1 gene under the treatment of C6 at B concentration in leaf tissue in Roshan cultivar

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]



شکل ۳- تغییرات بیان ژن *TaTAR2.4* تحت تیمار رایزوباکتری C6 در غلظت B در بافت برگی رقم روشن گندم

Fig 3. Expression changes of *TaTAR2.4* gene under the treatment of C6 at B concentration in leaf tissue in Roshan cultivar

شناسایی و انتخاب باکتریهای باسیلوس: نتایج مطالعه حاضر نشان داد که توانایی تولید هورمون IAA توسط سویه‌های مختلف باکتریایی بسیار متفاوت است. مشابه یافته‌های این تحقیق، برخی از محققین نیز گزارش داده‌اند که تولید IAA توسط گونه‌های مختلف باکتریایی و یا سویه‌های یک گونه می‌تواند بسیار متفاوت باشد (Mansour et al. 1994, Zahir et al. 2000). تفاوت در تولید IAA در میان سویه‌های باکتریایی را می‌توان به مسیرهای مختلف بیوسنتز، محل ژن‌های درگیر، توالی‌های تنظیمی و وجود آنزیم‌هایی برای تبدیل IAA آزاد به فرم‌های ترکیبی نسبت داد (Patten and Glick 1996). در برخی مطالعات همه سویه‌ها قابلیت تولید IAA را داشته‌اند (Ashraf et al. 2011, Galledari et al. 2015) و در برخی مطالعات دیگر تنها برخی از سویه‌ها توانایی تولید این هورمون را داشته‌اند (Chaiharn and Lumyong 2011). در مطالعه حاضر نیز تمامی سویه‌ها توانایی تولید هورمون IAA را داشتند.

تولید IAA توسط باکتریهای جدا شده از ریزوسفر محصولات مختلف مثل گندم (Çakmakçı et al. 2007, Abbasi et al. 2011)، ارزن مرواریدی (Hameeda *et al.* 2006)، گندم، ذرت و برنج (Hafeez *et al.* 2006)، بادام زمینی (Dey et al. 2004)، برنج (Yasmin et al. 2004) و گیاهان مختلف (Galledari et al. 2015) گزارش شده است.

سویه‌های ریزوبیوم در حضور ۰/۵ میلی گرم بر میلی لیتر تریپتوفان طی ۳ روز ٦ میکروگرم بر میلی لیتر هورمون IAA تولید کرد (Sridevi and Mallaiah 2007). در مطالعه‌ای دیگر، ازوتوباکترها طی ۱۵ روز توانستند در حضور ۵ میلی گرم بر میلی لیتر L- تریپتوفان ۳۲ میکروگرم بر میلی لیتر IAA تولید کنند (Ahmad et al. 2005). نتایج مطالعه دیگری نشان داد که سویه-های باسیلوس از نظر میزان تولید هورمون IAA بسیار متنوع و بین صفر تا ۱۹/۵ میکروگرم بر میلی لیتر IAA تولید کردند (Cherif-Silini et al. 2016). در مطالعه‌ای دیگر، از بین ۵۰ سویه باسیلوس، ۳۹ سویه بدون افزودن تریپتوفان به محیط کشت YPD توانستند IAA تولید کنند. افزودن تریپتوفان باعث افزایش تعداد سویه‌های تولید کننده هورمون IAA شد. بهترین سویه دراین مطالعه به میزان ٥٤ میکروگرم بر میلی لیتر IAA تولید کرد (Koua et al. 2020). در مطالعه حاضر نیز بیشترین میزان تولید IAA در حضور تریپتوفان اتفاق افتاد و در غیاب تریپتوفان میزان تولید هورمون IAA به شدت کاهش یافت که این می‌تواند به این معنی باشد که تریپتوفان پیش ماده اصلی بیوسنتز IAA است (Patten and Glick 1996). در این مطالعه تنها یک سویه بدون افزودن تریپتوفان قادر به تولید هورمون IAA نبودند و دو سویه D7 و K114 در طی ۵ روز و در حضور ۰/۵ میلی گرم بر میلی لیتر تریپتوفان توانستند بیش از ۹۰ میکروگرم بر میلی لیتر هورمون IAA تولید کنند.

صفات مورفولوژیک: پیش بینی می‌شود جمعیت جهان تا سال ۲۰۵۰ بیش از ۹ میلیارد نفر باشد. در نتیجه، فشار بیشتری بر بخش کشاورزی برای تأمین مواد غذایی برای مردم جهان وجود خواهد داشت (Alexandratos and Bruinsma 2012). با توجه به اینکه ممکن است زمین‌های قابل کشت به طور قابل توجهی افزایش پیدا نکند، عملکرد محصولات در واحد سطح باید حفظ و بهبود یابد. بسیاری از محققان به دنبال یافتن ژنهای مفید و انتقال آنها به ارقام مورد نظر از طریق تلاقی یا روشهای مهندسی ژنتیک و ایجاد گیاهان تراریخته به منظور بهبود بازده محصول یا حفظ بازده موجود هستند. اگرچه این روش‌ها می‌توانند در حفظ و حتی بهبود عملکرد محصولات بسیار موثر باشند، با این وجود باید زمان زیادی برای آنها صرف شود تا نتیجه مطلوب حاصل شود. همچنین نگرانی‌هایی در مورد ایمنی زیستی گیاهان تراریخته وجود دارد، به طوری که برخی از کشورها هنوز در مورد پذیرش

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

گیاهان تراریخته تردیدهای جدی دارند. یکی از روشهایی که دوستدار محیط زیست قلمداد می‌شود و می‌تواند بدون تغییر ژنوم گیاه زراعی، عملکرد محصول را بهبود بخشد، استفاده از باکتریهای محرک رشد گیاه است. در این روش، با استفاده از میکروارگانیسم‌هایی که به طور طبیعی در محیط ریزوسفر ریشه گیاه وجود دارند، تغییراتی در بیان ژن‌های زراعی ایجاد می‌شود که می‌تواند عملکرد محصول را بهبود بخشد.

PGPR به طور مستقیم و غیر مستقیم از طریق تولید فیتوهورمونها مانند هورمون اکسین، کاهش سطح اتیلن در گیاه، بهبود وضعیت تغذیه گیاه مانند افزایش محلول شدن فسفاتهای نامحلول در خاک و نیز جلوگیری از بیماریها، رشد گیاه را تقویت و تحریک می‌کند (Jacobsen 1997, Lazarovits and Nowak 1997). باسیلوس‌ها در میان باکتریها به عنوان باکتریهای محرک رشد گیاه، توجه ویژه-ای را به خود جلب کرده‌اند. به دلیل اهمیت این باکتریها، بسیاری از باکتریهای باسیلوس از محیط ریزوسفر گیاهان مختلف جدا و اثر آنها بر روی گیاهان مختلف بررسی شده‌اند.

از طرفی IAA، به عنوان مهمترین اکسین، در فرآیندهای مختلف فیزیولوژیکی مانند بزرگ شدن و تقسیم سلول، تمایز بافتی و پاسخ به نور و گرانش نقش دارد. باکتریهای تولید کننده اکسین که در محیط ریزوسفر هستند، با تولید این هورمون قادرند بر فرآیندهای فوق در گیاهان تأثیر بگذارند (Spaepen et al. 2007). برخی سویه‌های باکتری باسیلوس که بیشترین میزان تولید هورمون IAA را از خود نشان دادند، بیشترین تاثیر را بر روی صفات مورفولوژیک گیاه گذاشتند. به همین دلیل پیشنهاد شد که بالاترین میزان تولید IAA ممکن است در افزایش رشد گیاهان گوجه‌فرنگی نقش داشته باشد (Kalam et al. 2020). در مطالعه دیگری، گونه‌های مختلفی از جنس باسیلوس که توانایی تولید ایندول استیک اسید(IAA) ، حل کنندگی فسفات نامحلول، تولید سیدروفور، تولید آمونیاک و تثبیت نیتروژن را داشتند، باعث بهبود سرعت جوانه زنی، شاخص قدرت گیاهچه و طیف وسیعی از پارامترهای رشد در *L. esculentum* در مقایسه با گیاهان شاهد شدند (Shah et al. 2020).

نقش اکسین در تحریک رشد ریشه نیز فرایند شناخته شده‌ای است (Spaepen et al. 2007). در گندم افزایش توده ریشه ناشی از تیمار باکتریایی، به سطح بالای اکسین نسبت داده شدند (Kudoyarova et al. 2017). از طرفی تلقیح میکروبی *Bacillus megaterium* و *Bacillus mucilaginous* در گیاه ذرت نه تنها رشد گیاه را افزایش داد، بلکه به خاطر افزایش رشد ریشه باعث بهبود جذب غذایی گیاه نیز شد (Wu et al. 2005). همچنین استفاده از PGPR باعث افزایش وزن خشک ریشه و بخش هوایی (SDW)در گیاهان پنبه و نخود شد (Egamberdiyeva and Höflich 2004). یک سری آزمایشات نیز با تلقیح ریزوبیال گندم انجام شده است که باعث افزایش طول ریشه (به میزان ۲۰ درصد) ، وزن خشک ریشه (به میزان ۱۳ درصد) ، افزایش طول ساقه (به میزان ۳۸ درصد) و وزن خشک بخش هوایی (به میزان ۳٦ درصد) گردید (Zahir et al. 2000). تلقیح بذر جو با PGPR مختلف نیز باعث افزایش وزن ریشه به میزان ۸/۹ تا ۱٦/۷ درصد و وزن ساقه به میزان ۲۸/٦ تا ۳٤/۷ درصد بیش از شاهد شد (Canbolat et al. 2006). سویه *P. fluorescens* وزن ریشه را در گندم به میزان ۱۹-٤۳ درصد، تعداد پنجه در بوته ۱۰-۲۱ درصد، عملکرد دانه ۱۵-٤۳ درصد و عملکرد کاه به میزان ۲۲-۳۹ درصد نسبت به شاهد افزایش داد (Shaharoona et al. 2008). در مطالعه حاضر نیز، شش سویه که برای ارزیابی اثرات خود بر رشد گندم انتخاب شده اند، بالاترین توانایی تولید IAA را داشتند. نتایج نشان داد که در صفت طول ساقه تنها سویه های D7، K13، K21، B8، K218 و C6 در OD برابر با یک نسبت به شاهد باعث افزایش معنی دار این صفت بین ۲۰/۲٦ تا ۲۸/۷۱ درصد گردید و در سایر تیمارها تفاوت معنی داری با تیمار شاهد وجود نداشت. اما در مورد صفات وزن تر بخش هوایی و ریشه، سویه C6 در OD برابر یک توانست به ترتیب ٥٦/٦٥ و ۱۹۳/۱٦ درصد نسبت به شاهد افزایش دهد. همچنین در مورد وزن خشک ریشه این سویه توانست در OD برابر ۰/۵، یک و دو به ترتیب ۱٤٥/٦۸، ۱۵۲/۱۵ و ۷۹/۷٤ درصد نسبت به شاهد افزایش دهد. لازم به ذکر است که تقریبا در اکثر صفات مورد مطالعه اثرات مثبت رایزوباکتریهای مورد مطالعه نسبت به سویه استاندارد بیشتر بود.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

بیان ژنها: گزارش شده است که PGPR ها رشد رویشی و به طور کلی عملکرد را در گیاهان مختلف از جمله گندم بهبود می‌بخشند (Shaharoona et al. 2008, Abbasi et al. 2011)، اگرچه مکانیسم‌های دقیق مولکولی این تغییرات هنوز مشخص نیست (Agarwal *et al.* 2019). مطالعات مختلفی نشان می‌دهند که اکسین تولید شده توسط رایزوباکتریها از طریق تغییر در بیان ژنها در بهبود رشد گیاه بویژه رشد ریشه به شدت دخیل است. تاثیر هورمون IAA حاصل از باکتری *Bacillus altitudinis* بر روی ریشه برنج به دلیل تغییر در سطح بیان خانواده ژن‌های AUX/IAAاست (Ambreetha et al. 2018). همچنین مشخص شده است که بیان ژن *OsIAA1* به عنوان اولین عضو از خانواده AUX/IAAبه شدت توسط هورمون IAA القا می‌شود (Thakur et al. 2005). از طرفی نقش تعداد زیادی از ژنها در پاسخ ریشه-های برنج به تیمار با PGPR ها مشخص شده است (Agarwal et al. 2019). شناسایی تعداد زیادی از ژن‌ها نشان می دهد که PGPRها اثرات گسترده خود بر رشد گیاه را از طریق تغییرات قابل توجهی در ترنسکریپتوم عملی می‌کنند.

اکسین‌ها برای وقایع مختلف رشد بسیار مهم هستند (Ludwig-Müller 2011) و ایندول-۳-استیک اسید(IAA) بهترین اکسین فعال طبیعی است که تا کنون مورد مطالعه قرار گرفته است (Zhao 2010). در گیاهان، دو مسیر برای بیوسنتز IAA وجود دارد: مسیرهای مستقل از تریپتوفان (Trp) و وابسته به تریپتوفان (Woodward and Bartel 2005). مسیر ایندول-۳-پیرویک اسید (indole-3-pyruvic acid (IPA))، اصلی‌ترین مسیر بیوسنتز IAAبه عنوان مسیر وابسته به تریپتوفان است (Mashiguchi et al. 2011). در مرحله اولیه این مسیر، تریپتوفان توسط تریپتوفان آمینوترانسفراز آرابیدوپسیس۱ (Trp Aminotransferase of Arabidopsis1 (TAA1)) و پروتئین‌های مرتبط با آن (TAA1-Related1 (TAR1))و TAR2 به IPA تبدیل می‌شود. متعاقباً، مونوکسیژنازهای حاوی فلاوین رمزگذاری شده توسط اعضای خانواده ژنی (YUCCA (YUC)) تبدیل IPA به IAA را کاتالیز می کنند (Zhao 2012). اعضای هر دو خانواده TAA1/TAR و YUC نقش مهمی در رشد گیاه دارند.

در یک مطالعه، بیان ژنهای *TaTAR2* در اندام‌های مختلف گیاهان گندم در ۱۴ روز پس از گلدهی در شرایط مزرعه با استفاده از qRT-PCR بررسی شدند. نتایج نشان داد که *TaTAR2.1* در کلیه بافت های مورد بررسی، از جمله ریشه‌ها، ساقه‌ها، برگ‌ها، سنبله-ها و دانه‌ها بیان می‌شود. علاوه بر این، فراوانی رونوشت *TaTAR2.1*در ریشه در مقایسه با سایر بافت‌ها بسیار بیشتر بود. میزان بیان *TaTAR2.2* در اکثر اندام‌های مورد بررسی، به ویژه ریشه، بسیار پایین‌تر از *TaTAR2.1* بود. بیان ژن *TaTAR2.3* در خوشه‌ها و دانه‌ها نسبت به اندام‌های دیگر نسبتاً بالاتر بود. بیان ژن *TaTAR2.4* نیز در مقایسه با ژنهای دیگر *TaTAR2* بویژه در بافت برگی در سطوح پایین‌تری بیان شد. ژن *TaTAR2.5* نیز عمدتا در قسمتهای هوایی بیان شد (Shao et al. 2017).

همچنین پاسخ ژن *TaTAR2* به تیمار کم نیتروژن (N) تحت کشت هیدروپونیک در مرحله گیاهچه ای گندم نشان داد که تیمار کمN به طور قابل توجهی میزان بیان*TaTAR2.1* ، *TaTAR2.3*، *TaTAR2.4*و *TaTAR2.5* را در ریشه‌ها در مقایسه با تیمار بالا N افزایش می‌دهد، با این حال، در بخش هوایی، تیمار کم نیتروژن، بیان *TaTAR2.2* و *TaTAR2.4* را کاهش داد و هیچ تأثیر آشکاری بر بیان*TaTAR2.1* ، *TaTAR2.3* و *TaTAR2.5* نداشت (Shao et al. 2017).

در مطالعه حاضر نیز، بیان ژنهای *TaTAR2.1* و *TaTAR2.4* در بافت برگی و تحت تیمار با باکتری C6 نسبت به شاهد کاهش پیدا کرد که تا حدودی مشابه با نتایج Shao و همکاران (۲۰۰۷) بود که نشان داده بودند میزان بیان این ژنها در شرایط نرمال و نیز کمبود نیتروژن در ریشه‌ها بسیار بالاتر از سایر بافتها از جمله بافت برگی گندم هستند.

در این مطالعه اثر ۸ سویه رایزوباکتری بر روی رشد گیاهچه‌های گندم بررسی شد و مشخص شد که سویه‌های تولید کننده اکسین می‌توانند اثرات مثبتی بر روی رشد بخشهای هوایی و بویژه ریشه داشته باشند. همچنین این مطالعه نشان داد که تاثیر رایزوباکتریهای تولید کننده اکسین بر روی صفات ریشه بویژه وزن تر و خشک ریشه بیشتر از بخش هوایی بود. در این مطالعه برای اولین بار نقش ژنهای *TaTAR2.1* و *TaTAR2.4* در برهمکنش بین گیاه-

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

رایزوباکتری بررسی شد. درواقع، رایزوباکتریهای تولید کننده اکسین از طریق تغییر در بیان ژنهای مختلف بویژه ژنهای مرتبط با هورمون اکسین بر روی رشد گیاهچه گندم بویژه رشد ریشه تاثیر می‌گذارند. به نظر می‌رسد گیاهچه‌های گندم با کاهش بیان ژنهای *TaTAR2.1* و *TaTAR2.4* در برگ به تیمار باکتری C6 واکنش داده و از این طریق تعادلی در میزان بیوسنتز هورمون اکسین در بخش هوایی و ریشه ایجاد کرده است.

منابع

Abbasi M, Sharif S, Kazmi M, Sultan T, Aslam M. 2011. Isolation of plant growth promoting rhizobacteria from wheat rhizosphere and their effect on improving growth, yield and nutrient uptake of plants. Plant Biosystems 145:159-168.

Agarwal P, Singh PC ,Chaudhry V, Shirke PA, Chakrabarty D, Farooqui A, Nautiyal CS, Sane AP, Sane VA. 2019. PGPR-induced OsASR6 improves plant growth and yield by altering root auxin sensitivity and the xylem structure in transgenic Arabidopsis thaliana. Journal of Plant Physiology 240:153010.

Ahmad F, Ahmad I, Khan MS. 2005. Indole acetic acid production by the indigenous isolates of Azotobacter and fluorescent Pseudomonas in the presence and absence of tryptophan. Turkish Journal of Biology 29:29-34.

Alexandratos N, Bruinsma J. 2012. World agriculture towards 2030/2050: the 2012 revision. Global Perspective Studies Team. ESA Working Paper No.12-03. Food and Agricultural Organization of the United Nations.

Ambreetha S, Chinnadurai C, Marimuthu P, Balachandar D. 2018. Plant-associated Bacillus modulates the expression of auxin-responsive genes of rice and modifies the root architecture. Rhizosphere 5:57-66.

Ashraf MA, Rasool M, Mirza MS. 2011. Nitrogen fixation and indole acetic acid production potential of bacteria isolated from rhizosphere of sugarcane (Saccharum officinarum L.). Advances Biological Research 5:348-355.

Azzawi WA, Gill MB, Fatehi F, Zhou M, Acuña T, Shabala L, Yu M, Shabala S. 2021. Effects of Potassium Availability on Growth and Development of Barley Cultivars. Agronomy 11(11): 2269

Çakmakçı R, Erat M, Erdoğan Ü ,Dönmez MF. 2007. The influence of plant growth–promoting rhizobacteria on growth and enzyme activities in wheat and spinach plants. Journal of Plant Nutrition and Soil Science 170: 288-295.

Calvo P, Zebelo S, McNear D, Kloepper J, Fadamiro H. 2019. Plant growth-promoting rhizobacteria induce changes in Arabidopsis thaliana gene expression of nitrate and ammonium uptake genes. Journal of Plant Interactions 14: 224-231.

Canbolat MY, Bilen S, Çakmakçı R, Şahin F, Aydın A. 2006. Effect of plant growth-promoting bacteria and soil compaction on barley seedling growth, nutrient uptake, soil properties and rhizosphere microflora. Biology and fertility of soils 42: 350-357.

Chaiharn M, Lumyong S. 2011. Screening and optimization of indole-3-acetic acid production and phosphate solubilization from rhizobacteria aimed at improving plant growth. Current microbiology 62: 173-181.

Chandra S, Askari K, Kumari M. 2018. Optimization of indole acetic acid production by isolated bacteria from Stevia rebaudiana rhizosphere and its effects on plant growth. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology 16: 581-586.

Cherif-Silini H, Silini A, Yahiaoui B, Ouzari I, Boudabous A. 2016. Phylogenetic and plant-growth-promoting characteristics of Bacillus isolated fromthe wheat rhizosphere. Annals of Microbiology 66: 1087-1097.

Datta C, Basu P. 2000. Indole acetic acid production by a Rhizobium species from root nodules of a leguminous shrub, Cajanus cajan. Microbiological research 155: 123-127.

Defez R, AndreozziA, Romano S, Pocsfalvi G, Fiume I, Esposito R, Angelini C, Bianco C. 2019. Bacterial IAA-delivery into medicago root nodules triggers a balanced stimulation of C and N metabolism leading to a biomass increase. Microorganisms 7: 403.

Dey R, Pal K, Bhatt D, Chauhan S. 2004. Growth promotion and yield enhancement of peanut (Arachis hypogaea L.) by application of plant growth-promoting rhizobacteria. Microbiological research 159: 371-394.

Egamberdiyeva D, Höflich G. 2004. Effect of plant growth-promoting bacteria on growth and nutrient uptake of cotton and pea in a semi-arid region of Uzbekistan. Journal of Arid Environments 56: 293-301.

El-Esawi MA, Alaraidh IA, Alsahli AA, Alzahrani SM, Ali HM, Alayafi AA, Ahmad M 2018. Serratia liquefaciens KM4 improves salt stress tolerance in maize by regulating redox potential, ion homeostasis, leaf gas exchange and stress-related gene expression. International Journal of Molecular Sciences 19: 3310.

Galledari N, Maleki M, Shakeri S, Baghizadeh A. 2015. Investigation of genetic diversity and molecular identification of IAA producing bacteria using RAPD marker and 16S rDNA sequence analysis. G3M 13: 4054-4061.

Glick BR. 2012. Plant growth-promoting bacteria: mechanisms and applications. Scientifica 2012.

HafeezFY, Yasmin S, Ariani D, Renseigné N, Zafar Y, Malik KA. 2006. Plant growth-promoting bacteria as biofertilizer. Agronomy for Sustainable Development 26: 143-150.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]
[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]

Hameeda B, Rupela O, Reddy G, Satyavani K. 2006. Application of plant growth-promoting bacteria associated with composts and macrofauna for growth promotion of Pearl millet (Pennisetum glaucum L.). Biology and Fertility of Soils 43: 221-227.

Jacobsen CS. 1997. Plant protection and rhizosphere colonization of barley by seed inoculated herbicide degrading Burkholderia (Pseudomonas) cepacia DBO1 (pRO101) in 2, 4-D contaminated soil. Plant and Soil 189: 139-144.

Kalam S, Basu A, Podile AR. 2020. Functional and molecular characterization of plant growth promoting Bacillus isolates from tomato rhizosphere. Heliyon 6: e04734.

Kleine T, Kindgren P, Benedict C, Hendrickson L, Strand A. 2007. Genome-wide gene expression analysis reveals a critical role for CRYPTOCHROME1 in the response of Arabidopsis to high irradiance. Plant Physiology 144(3): 1391-1406

Koua SH, N'golo DC, Alloue-Boraud WM, Konan F, Dje KM. 2020. Bacillus subtilis strains isolated from cocoa trees (Theobroma cacao L.) rhizosphere for their use as potential plant growth promoting rhizobacteria in Cote d'Ivoire. Current Microbiology 77: 2258-2264.

Kudoyarova GR, Vysotskaya LB, Arkhipova TN, Kuzmina LY, Galimsyanova NF, Sidorova LV, Gabbasova IM, Melentiev AI, Veselov SY. 2017. Effect of auxin producing and phosphate solubilizing bacteria on mobility of soilphosphorus, growth rate, and P acquisition by wheat plants. Acta Physiologiae Plantarum 39: 1-8.

Lazarovits G, Nowak J. 1997. Rhizobacteria for improvement of plant growth and establishment. HortScience 32: 188-192.

Livak KJ, Schmittgen TD. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. Methods 25: 402-408.

Ludwig-Müller J. 2011. Auxin conjugates: their role for plant development and in the evolution of land plants. Journal of Experimental Botany 62: 1757-1773.

Lwin KM, Myint MM, Tar T, Aung WZM. 2012. Isolation of plant hormone (indole-3-acetic acid-IAA) producing rhizobacteria and study on their effects on maize seedling. Engineering Journal 16: 137-144.

Maleki M, Norouzpour S, Rezvannejad E, Shakeri S. 2017. Novel strains of Bacillus cereus Wah1 and Enterobacter cloacae Wkh with high potential for production of siderophores. Biological Journal of Microorganisms 6: 1-11.

Mansour F, Aldesuquy H, Hamedo H. 1994. Studies on plant growth regulators and enzymes production by some bacteria .Qatar University Science Journal 14: 281-288.

Mashiguchi K, Tanaka K, Sakai T, Sugawara S, Kawaide H, Natsume M, Hanada A, Yaeno T, Shirasu K, Yao H. 2011. The main auxin biosynthesis pathway in Arabidopsis. Proceedings of the National Academy of Sciences 108: 18512-18517.

Molina R, Rivera D, Mora V, López G, Rosas S, Spaepen S, Vanderleyden J, Cassán F. 2018. Regulation of IAA biosynthesis in Azospirillum brasilense under environmental stress conditions. Current Microbiology 75: 1408-1418.

Patten CL, Glick BR. 1996. Bacterial biosynthesis of indole-3-acetic acid. Canadian Journal of Microbiology 42: 207-220.

Shah R, Amaresan N, Patel P, Jinal HN, Krishnamurthy R. 2020. Isolation and characterization of Bacillus spp. endowed with multifarious plant growth-promoting traits and their potential effect on tomato (Lycopersicon esculentum) seedlings. Arabian Journal for Science and Engineering 45: 4579-4587.

Shaharoona B, Naveed M, Arshad M, Zahir ZA. 2008. Fertilizer-dependent efficiency of Pseudomonads for improving growth, yield, and nutrient use efficiency of wheat (Triticum aestivum L.). Applied Microbiology and Biotechnology 79: 147-155.

Shao A, Ma W, Zhao X, Hu M, He X, Teng W, Li H, Tong Y. 2017. The auxin biosynthetic TRYPTOPHAN AMINOTRANSFERASE RELATED TaTAR2. 1-3A increases grain yield of wheat. Plant Physiology 174: 2274-2288.

Spaepen S, Vanderleyden J, Remans R. 2007. Indole-3-acetic acid in microbial and microorganism-plant signaling. FEMS Microbiology Reviews 31: 425-448.

Sridevi M, Mallaiah KV. 2007. Bioproduction of indole acetic acid by Rhizobium strains isolated from root nodules of green manure crop, Sesbania sesban (L.) Merr. Iranian Journal of Biotechnology 5: 178-182.

Thakur JK, Jain M, Tyagi AK, Khurana JP. 2005. Exogenous auxin enhances the degradation ofa light down-regulated and nuclear-localized OsiIAA1, an Aux/IAA protein from rice, via proteasome. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Structure and Expression 1730: 196-205.

Tiwari S, Gupta SC, Chauhan PS, Lata C. 2021. An OsNAM gene plays important role in root rhizobacteria interaction in transgenic Arabidopsis through abiotic stress and phytohormone crosstalk. Plant Cell Reports 40: 143-155.

Van Loon LC. 2007. Plant responses to plant growth-promoting rhizobacteria. European Journal of Plant Pathology 119: 243-254.

Woodward AW, Bartel B. 2005. Auxin: regulation, action, and interaction. Annals of Botany 95: 707-735.

Wu S, Cao Z, Li Z, Cheung K, Wong MH. 2005. Effects of biofertilizer containing N-fixer, P and K solubilizers and AM fungi on maize growth: a greenhouse trial. Geoderma 125: 155-166.

Yasmin S, Rahman Bakar MA, Malik KA, Hafeez FY. 2004. Isolation, characterization and beneficial effects of rice associated plant growth promoting bacteria from Zanzibar soils. Journal of Basic Microbiology: An International Journal on Biochemistry, Physiology, Genetics, Morphology, and Ecology of Microorganisms 44: 241-252.

Zahir ZA, Abbas SA, Khalid M, Arshad M. 2000. Substrate dependent microbially derived plant hormones for improving growth of maize seedlings. Pakistan Journal of Biological Sciences 3: 289-291.

Zhao Y. 2010. Auxin biosynthesis and its role in plant development. Annual Review of Plant Biology 61: 49-64.

Zhao Y. 2012. Auxin biosynthesis: a simple two-step pathway converts tryptophan to indole-3-acetic acid in plants. Molecular Plant 5: 334-338.

[Downloaded from gebsj.ir on 2026-11-29]

[DOR: 20.1001.1.25885073.1400.10.2.16.8]