

جداسازی و شناسایی ریزوباکترهای همزیست با برخی از لگوم‌های غیر

زراعی استان البرز

Isolation and identification of Rhizobacteria in a symbiotic relation with some non-cultivated legumes of Alborz province

مهیار مرزبان^۱، احمدعلی پوربابایی^{۲*}، محمدعلی آموزگار^۳، محمدرضا نقوی^۴، علیرضا عباسی^۴

۱- دانشجوی دکتری، گروه بیوتکنولوژی کشاورزی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

۲- دانشیار، آزمایشگاه بیوتکنولوژی، گروه علوم و مهندسی خاک، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران،

کرج، ایران

۳- استاد، آزمایشگاه اکسترموفیل‌ها، بخش میکروبیولوژی، دانشکده زیست‌شناسی و قطب تبارزایی، پردیس علوم،

دانشگاه تهران، تهران، ایران

۴- به‌ترتیب استاد، دانشیار، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج،

ایران

Marzban M¹, Pourbabaei AA^{*2}, Amoozgar MA³, Naghavi MR⁴, Abbasi A⁴

1- PhD Student, Department of Agricultural Biotechnology, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

2- Associate Professor, Biotechnology Laboratory, Department of Soil Science, University College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

3- Professor, Extremophiles Laboratory, Department of Microbiology, Faculty of Biology and Center of Excellence in Phylogeny of Living Organisms, College of Science, University of Tehran, Tehran, Iran

4- Professor, Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

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

(تاریخ دریافت: ۹۷/۳/۱۱ - تاریخ پذیرش: ۹۷/۱۲/۱۵)

چکیده

ریزوباکترهایی که به واسطه تحریک رشد و سرکوب بیماری‌ها به گیاه سود می‌رسانند ریزوباکترهای محرک رشد گیاه (PGPR) نامیده می‌شوند که باکتری‌های ریزوبیومی را نیز شامل می‌شوند. ریزوبیوم‌ها علاوه بر فراهم کردن نیتروژن، رشد سیستم ریشه گیاه را نیز ارتقا داده و جذب مواد غذایی را بهبود می‌بخشند. در پژوهش حاضر به منظور جداسازی و شناسایی ریزوباکترها به‌ویژه ریزوبیوم‌های همزیست با لگوم‌های غیر زراعی، از زمین‌های ۱۲ نقطه استان البرز، ۲۱ نمونه گیاهی جمع‌آوری شد. به منظور جداسازی باکتری‌ها، سری رقت از گرهک‌ها، خاک‌های ریزوسفری و ریشه‌ها تهیه شد. پس از کشت و خالص‌سازی در محیط کشت YMA، خصوصیات مورفولوژیکی و بیوشیمیایی سویه‌ها مورد بررسی قرار گرفت. مجموعاً ۱۶ سویه خالص به‌دست آمد. DNA همگی آن‌ها استخراج و ژن 16S rRNA با استفاده از واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز و توسط آغازگر اختصاصی تکثیر شد. سویه‌ها توسط توالی‌های این ژن و با استفاده از پایگاه داده EzTaxon شناسایی شدند. تمامی سویه‌های جدا شده در پژوهش حاضر متعلق به ۱۲ گونه بودند. واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز برای ژن‌های *nodA*، *atpD* و *nifH* نیز با استفاده از آغازگرهای اختصاصی صورت گرفت. درخت‌های فیلوژنتیک با استفاده از روش آماری درست‌نمایی بیشینه (ML) ساخته و فواصل تکاملی با استفاده از مدل Tamura-Nei محاسبه شدند. بر اساس نتایج به‌دست آمده از چهار سویه *Ensifer meliloti* جدا شده در این پژوهش تنها سویه Tal31 با افزایش غلظت نمک از یک درصد به دو درصد (w/v) رشد بیشتری داشت. بنابراین این سویه احتمالاً مقاوم به شوری است. برای اولین بار است که در پژوهش حاضر سویه *Rhizobium laguerreae* (Tal71) و سویه *Neorhizobium algalisoli* (Krj1) به ترتیب از گرهک‌های ریشه گیاه شبدر قرمز (*Trifolium pratense*) و دغدغک البرزی (*Colutea buhsei*) جدا شده‌اند. این یافته‌ها مبین آن است که طیف میزبانی سویه‌های ریزوبیومی بیشتر از آن است که در گذشته تخمین زده می‌شد.

واژه‌های کلیدی

البرز
ریزوباکتر
ریزوبیوم
گرهک
لگوم

ریزوبیوم ۶۰ درصد کل تثبیت زیستی نیتروژن را شامل می‌شود (Arora et al. 2012; Zou et al. 2016). ژن‌های باکتریایی گره‌زا (*nod*) که توسط فلاونونوئیدهای گیاهی القا می‌شوند، تعیین کننده تولید عوامل Nod می‌باشند. این عوامل مولکول‌های اصلی پیام‌رسان گره‌زایی محسوب می‌شوند (Laguerre et al. 2001). مطالعات بر روی ژنوم باکتریوئیدهای *Sinorhizobium meliloti* و *Rhizobium leguminosarum* نشان داد که بیان ژن‌های *nod* جمله *nodA*، پنج تا هشت روز پس از تلقیح افزایش یافت (Vercruyssen et al. 2011). ریزوبیوم‌های همزیست، علاوه بر فراهم کردن نیتروژن، به واسطه ارتقای رشد سیستم ریشه گیاه از طریق تولید اندول استیک اسید (IAA)، جذب مواد غذایی را بهبود می‌بخشند و به عنوان میکروب آزادی در ریزوسفر، فسفر و مواد معدنی گوناگون را به صورت محلول در می‌آورند (Bhargava et al. 2016). اکثر مطالعات مربوط به شناسایی آرایه‌ها^۳ تاکنون بر روی لگوهای زراعی و یا گیاهان غیر زراعی که توسط انسان تیمار شده‌است، متمرکز بوده‌اند (Muresu et al. 2008). با وجود اهمیت ریزوبیوم‌ها برای کشاورزی و محیط زیست، مطالعات بر روی تبارشناسی و رده‌بندی ریزوبیوم‌ها نسبتاً ناچیز است (Azevedo et al. 2015). برخی گزارش‌ها از جداسازی ریزوبیوم‌ها از لگوهای وحشی شامل، جداسازی و شناسایی سویه‌های ریزوبیومی در همزیستی طبیعی با لگوهای درختچه‌ای ریاض عربستان سعودی (Shetta et al. 2011) و ارزیابی تنوع فنوتیپی جدایه‌های ریزوبیومی از لگوهای وحشی زیستگاه‌های نیمه خشک تیروپاتی هندوستان (Bhargava et al. 2016) هستند. توانایی ریزوبیوم‌های جدا شده از گرهک‌های لگوهای وحشی در تثبیت نیتروژن، ممکن است بسیار بهتر از ریزوبیوم‌های تاکنون شناسایی شده باشد. نیاز به کاوش در زمین‌های غیر زراعی، خاک‌های طبیعی و گیاهان وحشی گرهک‌ساز برای دانستن گوناگونی ریزوبیومی آن‌ها و کاربرد اقتصادی‌شان محسوس می‌باشد (El-Lithy et al. 2014; Bhargava et al. 2016). در همین راستا در پژوهش حاضر به منظور رسیدن به منابع جدیدی از مایه تلقیح، جداسازی و شناسایی فنوتیپی و ژنوتیپی ریزوباکترها، به‌خصوص

باور موجود بر این است واژه لاتین *legumen* از فعل *legere* (با هم بودن) آمده و منشاء واژه لگوم (*legume*) می‌باشد. با این حال زبان انگلیسی این واژه را از واژه فرانسوی *légume* قرض گرفته است که اشاره به هر گونه رستنی دارد (Pratap and Kumar 2011). خانواده بقولات (*Leguminosae*) از بزرگ‌ترین خانواده گیاهان گلدار است که دارای ۷۵۱ جنس و ۱۹۵۰۰ گونه گیاهی می‌باشد (Christenhusz and Byng 2016). ریزوباکترهایی که با تحریک رشد و سرکوب بیماری‌ها به گیاهان سود می‌رسانند ریزوباکترهای محرک رشد گیاه (PGPR)^۱ نامیده می‌شوند (Islam 2016). این ریزوباکترها در ریزوسفر بسیاری از گونه‌ها تولید کلنی کرده و اثرات مثبتی دارند، مانند افزایش رشد گیاه و کاهش حساسیت به بیماری‌هایی که توسط پاتوژن‌های قارچی، باکتریایی، ویروسی و نماتدها ایجاد می‌شود (Yang et al. 2009). ریزوباکترهای محرک رشد گیاه شامل ریزوبیوم‌های تثبیت‌کننده نیتروژن نیز می‌شوند. نمونه‌هایی از گونه‌های این ریزوباکترها *Rhizobium spp.*, *Bacillus spp.*, *Pseudomonas spp.* و ... هستند (Miransari 2014). بقولات می‌توانند گرهک‌هایی را بر روی ریشه تشکیل داده و رابطه همزیستی دوسویه‌ای را با باکتری‌های تثبیت‌کننده نیتروژن که با عنوان ریزوبیوم‌ها شناخته می‌شوند، ایجاد کنند (Quain et al. 2015; Vauclaire et al. 2013). ریزوبیوم‌ها به واسطه توانایی‌شان در تثبیت نیتروژن در همزیستی با گیاهان لگوم مورد توجه هستند (Chang et al. 2007). ریزوبیوم‌ها ممکن است به دو حالت باکتری آزادی در خاک یا به صورت باکتریوئیدهای همزیست داخل گرهک‌های لگوم زندگی کنند (Quelas et al. 2013). تثبیت زیستی نیتروژن (BNF)^۲ جزء مهم و اساسی سیستم‌های کشاورزی پایدار محسوب می‌شود (Sessitsch et al. 2002). تثبیت زیستی نیتروژن پس از فتوسنتز مهم‌ترین فرایند زیستی محسوب می‌شود. این فرایند تقاضای جهانی برای نیتروژن را با فراهم کردن ۱۷۵ میلیون تن نیتروژن در سال برآورده می‌کند که از این میزان ۶۵ درصد توسط کشاورزی مورد استفاده قرار می‌گیرد. همزیستی لگوم-

¹ Plant growth-promoting rhizobacteria

² Biological nitrogen fixation

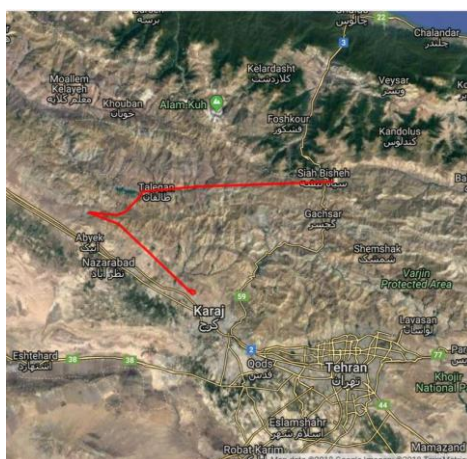
³ Taxa

ریزوباکترهای ریزوبیومی همزیست با لگوم‌های غیر زراعی زمین‌های بکر استان البرز و مطالعه تبارشناسی آن‌ها هدف‌گذاری شد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌گیری در خرداد ماه ۱۳۹۶ در سه مرحله انجام گرفت. به‌منظور جداسازی گرهک‌ها از ریشه لگوم‌های غیر زراعی، ۲۱ نمونه لگوم از ۱۲ مکان در سه شهرستان استان البرز جمع‌آوری شد (جدول ۱ و شکل ۱). بر روی ریشه چندین نمونه گرهک‌ها به‌وضوح مشهود بودند و در چندین نمونه گرهک‌ها به‌وضوح دیده نمی‌شدند. در نتیجه به‌منظور جداسازی باکتری، هم از خاک و هم از گرهک‌های روی ریشه استفاده شد. به این ترتیب

گرهک‌ها از روی ریشه‌های نازک جدا شده و داخل پلاستیک بر روی یخ خشک قرار داده شدند. به‌همراه آن‌ها، نمونه‌های خاک ریزوسفری ریشه نیز داخل پاکت‌های پلاستیکی یک بار مصرف زیپ‌دار، درون فلاسک‌های حاوی یخ خشک، به آزمایشگاه میکروبیولوژی کشاورزی واقع در بانک میکروارگانیسم‌های مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران (<http://en.ibrc.ir/page/microorganisms+bank>) منتقل شدند. نمونه‌های کامل گیاهی شامل اندام‌های هوایی و ریشه نیز به‌منظور شناسایی لگوم مربوطه به بانک گیاهی مرکز مذکور تحویل داده شد.



شکل ۱- محدوده جغرافیایی و مکان‌های نمونه‌گیری شده در نقشه که توسط وب‌سایت www.gpsvisualizer.com تهیه شد. نقاط نمونه‌گیری شده با خط قرمز به یکدیگر متصل شدند.

جدول ۱- جزئیات مکان‌های جمع‌آوری نمونه‌های گیاهی.

ردیف	استان	شهرستان	طول جغرافیایی	عرض جغرافیایی	دما (C°)	تعداد نمونه	تاریخ نمونه‌گیری
۱	البرز	ساجبلاغ	50° 53' 27"E	35° 54' 14"N	۲۸	۱	۹۶/۰۳/۰۸
۲	البرز	ساجبلاغ	50° 53' 19"E	35° 54' 39"N	۲۹	۲	۹۶/۰۳/۰۸
۳	البرز	ساجبلاغ	50° 52' 03"E	35° 54' 45"N	۲۸	۲	۹۶/۰۳/۰۸
۴	البرز	ساجبلاغ	50° 52' 57"E	35° 54' 08"N	۳۱	۲	۹۶/۰۳/۰۸
۵	البرز	طالقان	50° 38' 31"E	36° 05' 21"N	۲۹	۱	۹۶/۰۳/۱۶
۶	البرز	طالقان	50° 32' 37"E	36° 07' 11"N	۳۰	۲	۹۶/۰۳/۱۶
۷	البرز	طالقان	50° 38' 06"E	36° 06' 48"N	۲۹	۲	۹۶/۰۳/۱۶
۸	البرز	طالقان	50° 39' 50"E	36° 07' 20"N	۲۸	۲	۹۶/۰۳/۱۶
۹	البرز	طالقان	50° 42' 56"E	36° 09' 58"N	۲۸	۲	۹۶/۰۳/۱۶
۱۰	البرز	طالقان	50° 42' 56"E	36° 10' 36"N	۳۱	۱	۹۶/۰۳/۱۶
۱۱	البرز	طالقان	50° 53' 35"E	36° 11' 22"N	۳۵	۲	۹۶/۰۳/۱۶
۱۲	البرز	کرج	51° 20' 37"E	36° 12' 08"N	۲۶	۲	۹۶/۰۳/۲۵

با بزرگ‌نمایی $\times 1000$ و با استفاده از روغن ایمرسیون مشاهده شدند. حرکت باکتری‌ها نیز توسط میکروسکوپ نوری بررسی شد. به‌منظور تایید رنگ‌آمیزی گرم، آزمون KOH با استفاده از محلول KOH سه درصد صورت گرفت. به این منظور تک کلنی باکتری توسط لوپ از روی پتری برداشته و به مدت یک دقیقه بر روی لام تمیز با محلول KOH همزده شد. آهسته لوپ از سطح لام جدا شد. اگر سوسپانسیون باکتری به‌صورت کشدار ظاهر شود، باکتری گرم منفی است (Islam et al. 2016). آزمون اکسیداز برای تعیین وجود آنزیم پراکسیداز در سویه‌ها باکتریایی توسط دیسک‌های آزمون اکسیداز (Merck, Germany) صورت گرفت. تغییر رنگ دیسک از سفید به بنفش در اثر تماس با کلنی نشان دهنده واکنش مثبت بود. آزمون کاتالاز به‌منظور بررسی وجود آنزیم کاتالاز در کلنی‌های باکتری انجام گرفت. به این منظور یک قطره از پراکسید هیدروژن (H_2O_2) ۳۰ درصد در سطح لام قرار داده و مقدار کمی از کلنی باکتری در آن حل شد. اگر حباب‌های گاز آزاد شوند، نشان‌دهنده حضور آنزیم کاتالاز در باکتری و شکسته شدن پراکسید هیدروژن به مولکول‌های آب و اکسیژن بود (Al-Judy and Majeed 2013). توانایی رشد سویه‌ها در دماهای مختلف توسط پلیت‌های حاوی محیط کشت جامد و گرمخانه‌گذاری در دماهای $28^{\circ}C$ ، $34^{\circ}C$ و $40^{\circ}C$ مورد ارزیابی قرار گرفتند. محدوده رشد سویه‌ها در pHهای گوناگون برای pHهای چهارتا نه مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای آزمون تحمل نمک، رشد سویه‌ها در حضور نمک مورد بررسی قرار گرفت. جهت سنجش محدوده‌ی رشد سویه‌ها از محیط کشت YMB³ که حاوی درصدهای مختلف NaCl بودند (یک درصد و دو درصد (w/v)) استفاده شد. میزان جذب نوری سوسپانسیون باکتری پس از ۴۸ ساعت توسط اسپکتروفتومتر فرابنفش (Shimadzu, Japan) در طول موج ۶۰۰ نانومتر اندازه‌گیری شد.

به‌منظور استخراج DNA باکتری‌ها، DNA ژنومی همه سویه‌ها با استفاده از کیت استخراج DNA ژنومی مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران (IBRC, Iran) مطابق با پروتکل سازنده استخراج و کیفیت DNA استخراج شده توسط الکتروفورز PowerPac™ (Bio-Rad, USA) بر روی ژل آگارز یک درصد تایید شد.

به‌منظور آماده‌سازی نمونه‌ها و جداسازی ریزوباکترها، ابتدا گرهک‌های روی ریشه‌ها با قیچی جدا شده و ضدعفونی شدند. ضدعفونی گرهک با هیپوکلریت سدیم سه درصد به مدت سه دقیقه صورت گرفت. سپس گرهک‌ها به مدت دو دقیقه در اتانول ۷۰ درصد قرار گرفته و با آب مقطر استریل شستشو داده شدند. ۰/۵ میلی‌لیتر سرم فیزیولوژی استریل داخل لوله‌های اپندورف ریخته شد و گرهک‌های هر ریشه (چهار تا پنج عدد) داخل یک لوله، با میله شیشه‌ای له شد (تغییر رنگ نشان‌دهنده جدا شدن و لیز گرهک‌ها بود) (De Meyer et al. 2011). به‌منظور کشت ریزوباکترهای خاک نیز ابتدا از خاک‌ها رقت‌های متوالی تهیه شد. در برخی از نمونه‌ها از قطعات خرد شده ریشه نیز رقت‌های متوالی تهیه شد.

به‌منظور اندازه‌گیری pH، از خاک‌های ریزوسفر عصاره یک به یک تهیه شد. به این منظور ۲۰۰ گرم خاک به اضافه ۲۰۰ میلی‌لیتر آب مقطر به مدت ۳۰ دقیقه به‌هم زده شدند. مخلوط حاصل از کاغذ صافی رد شد تا به تدریج محلول صاف که حاوی عصاره خاک است جمع‌آوری شود. سپس pH عصاره‌های یک به یک خاک توسط دستگاه pH متر ثبت شد. جهت کشت، جداسازی و خالص‌سازی سویه‌ها، در ابتدا محیط YMA¹ حاوی رنگ قرمز کنگو آماده شد. از آنجایی که در پژوهش حاضر اولویت با جداسازی باکتری‌های گرهک‌ساز بود از محیط YMA استفاده شد. محیط YMA برای جداسازی گونه‌های *Rhizobium* و *Azorhizobium* مناسب است (Atlas 2010). ۳۰ میکرولیتر از عصاره گرهک‌ها، رقت‌های متوالی خاک و ریشه بر روی هر پلیت حاوی محیط کشت در حدود ۴۸ ساعت داخل انکوباتور با دمای $28^{\circ}C$ کشت شدند. به‌منظور خالص‌سازی جدایه‌ها تک کلنی‌هایی که ظاهری آبدار، محدب و گنبدی شکل^۲ داشتند مجدداً بازکشت شدند.

صفات مورفولوژیکی کلنی‌ها مانند اندازه، رنگ، شکل، شفافیت، موکلونید بودن و الگوی رشد بررسی و ثبت شد. به‌منظور مشاهده باکتری‌ها زیر میکروسکوپ، نسبت به تهیه لام و رنگ‌آمیزی گرم (Beveridge 2001) اقدام شد. لام‌ها توسط میکروسکوپ نوری

¹ Yeast Mannitol Agar

² Convex and pulvinate

³ Yeast Mannitol Broth

v.1.7.4 مورد بررسی و ویرایش قرار گرفتند. به منظور شناسایی مولکولی سویه‌ها، توالی‌های پسر و پیشرو ژن 16S rRNA توسط نرم‌افزار ChromasPro v.1.7.4 سرهم‌بندی^۱ شدند. توالی‌های سرهم‌بندی شده ژن 16S rRNA در پایگاه داده (Kim et al. 2012) (<https://www.ezbiocloud.net>) EzTaxon با توالی‌های ثبت شده و موجود در پایگاه مذکور مقایسه شدند. سویه‌ای که بیشترین تشابه را با سویه مورد نظر داشت به‌عنوان مرجع شناسایی سویه جدا شده قرار گرفت.

توالی‌های سایر ژن‌ها توسط ابزار nucleotide blast در پایگاه داده NCBI با توالی‌های موجود در پایگاه مذکور مقایسه شدند. سپس کلیه توالی‌های به‌دست آمده از طریق ابزار BankIt در پایگاه داده NCBI ثبت و برای آن‌ها شماره دسترسی دریافت شد (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/BankIt>) (جدول ۳). جاهایی که در جدول شماره دسترسی آورده نشده به این معنی است که محصول PCR برای آن ژن به‌دست نیامد.

درخت فیلوژنتیک برای ژن 16S rRNA سویه‌هایی که در پژوهش حاضر جداسازی شدند به‌همراه سویه شاخص مرجع آن‌ها که از NCBI GenBank به‌دست آمد (جدول ۴)، با استفاده از الگوریتم هم‌ردیفی ClustalW و توسط نرم‌افزار MEGA6 کشیده شد (Tamura et al. 2013). دندوگرام با استفاده از روش آماری درست‌نمایی بیشینه (ML)^۲ ساخته شد. اطمینان به گره‌ها با ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ^۳ تخمین زده شد. فواصل تکاملی با استفاده از مدل Tamura-Nei محاسبه شد (Tamura and Nei 1993).

عکس‌برداری از ژل‌ها با استفاده از تابش فرابنفش توسط دستگاه ترانسلومیناتور GelDoc (Syngene, UK) و نرم‌افزار GeneSnap v.7.12.06 (Syngene, UK) انجام گرفت. کمیت DNA استخراج شده نیز توسط دستگاه اسپکتوفتومتری نانودراپ (Picodrop, USA) سنجش شد.

در این پژوهش کلیه واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز (PCR) برای ژن‌های 16S rRNA، *atpD*، *nodA* و *nifH* با دستگاه ترموسایکلر MyCycler™ (Bio-Rad, USA) انجام گرفت. کلیه آغازگرها توسط شرکت Microsynth سوییس ساخته شد (جدول ۲). کلیه واکنش‌ها ۳۵ چرخه بودند که با یک مرحله واسرشت‌سازی اولیه چهار دقیقه‌ای در دمای ۹۵°C شروع شدند. شرایط واکنش‌های زنجیره‌ای پلی‌مراز به این ترتیب می‌باشد؛ ۱- ژن 16S rRNA: ۹۴°C به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۹°C به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲°C به مدت یک دقیقه و ۳۰ ثانیه به‌همراه ۱۰ دقیقه گسترش نهایی در دمای ۷۲°C. ۲- ژن *atpD*: ۹۴°C به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۵°C به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲°C به مدت یک دقیقه به‌همراه هفت دقیقه گسترش نهایی در دمای ۷۲°C. ۳- ژن *nifH*: ۹۴°C به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۷°C به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲°C به مدت یک دقیقه به‌همراه هفت دقیقه گسترش نهایی در دمای ۷۲°C. ۴- ژن *nodA*: ۹۴°C به مدت ۴۵ ثانیه، ۵۵°C به مدت ۴۵ ثانیه و ۷۲°C به مدت یک دقیقه به‌همراه هفت دقیقه گسترش نهایی در دمای ۷۲°C. محصولات به‌دست آمده توسط کیت خالص‌سازی محصول واکنش زنجیره‌ای پلی‌مراز High Pure (Merck, Germany) خالص شدند. تمام محصولات خالص شده PCR جهت تعیین ترادف از طریق شرکت توپاز ژن کاوش به شرکت Microsynth سوییس ارسال شدند. توالی‌یابی با استفاده از روش سنگر صورت گرفت. کلیه توالی‌های دریافت شده توسط نرم‌افزار ChromasPro

جدول ۲- مشخصات آغازگرها

منابع	آغازگرها (۳'→۵')	ژن‌ها	
(Willems et al. 2001)	F: 27F R: 1492R	AGAGTTTGATCTGGCTCAG (20) TACGGTTACCTTGTTACGACTT (22)	16S rRNA
(Haukka et al. 1998)	F: nodA-1 R: nodA-2	TGCRGTGGAARNTRNNCTGGGAAA (24) GGNCCGTCRTCRAAWGTCARGTA (23)	<i>nodA</i>
(Laguerre et al. 2001)	F: nifHF R: nifHI	TACGGNAARGGSGGNATCGGCAA (23) AGCATGTCYTCAGYTCNTCCA (22)	<i>nifH</i>
(Shamseldin et al. 2008)	F: 255F R: 782R	GCTSGGCCGCATCMTSAACGTC (22) GCCGACACTTCMGAACNGCCTG (23)	<i>atpD</i>

¹ assemble² Maximum likelihood³ bootstrap

جدول ۳- شماره دسترسی های به دست آمده از پایگاه داده NCBI.

ردیف	سویه	شماره دسترسی ژن 16S	شماره دسترسی ژن <i>atpD</i>	شماره دسترسی ژن <i>nifH</i>	شماره دسترسی ژن <i>nifH</i>
		rRNA			
۱	Sav1	MH045723	MG581357	MG604333	MG581356
۲	Sav1S	MG461568	MG581358	N/A	N/A
۳	Sav42	MH201175	N/A	N/A	N/A
۴	Tal21	MG461619	MG581359	N/A	N/A
۵	Tal22	MH000694	N/A	N/A	N/A
۶	Tal31	MG461663	MG581360	MG604335	MG604334
۷	Tal32	MG493251	N/A	N/A	N/A
۸	Tal41	MH000695	N/A	N/A	N/A
۹	Tal42	MG461613	MG604336	MG604340	MG604339
۱۰	Tal51	MG597060	N/A	N/A	N/A
۱۱	Tal52	MH000684	MG604342	MG604344	MG604343
۱۲	Tal6	MG571576	N/A	N/A	N/A
۱۳	Tal62	MG738270	N/A	N/A	N/A
۱۴	Tal71	MG786535	MG604337	MG604341	MG604338
۱۵	Tal72	MH001397	N/A	N/A	N/A
۱۶	Krj1	MG432239	MG495132	N/A	N/A

جدول ۴- سویه های شاخص مرجع انتخاب شده از NCBI و شماره دسترسی GenBank آنها

ردیف	16S rRNA	سویه های شاخص مرجع
۱	X67222.2	<i>S. meliloti</i> (LMG 6133)
۲	NR_026059.1	<i>R. giardinii</i> (H152)
۳	NR_027199.1	<i>A. nitroguajacolicus</i> (G2-1)
۴	AY785325.1	<i>P. ifriqiyense</i> (STM 370)
۵	NZ_CAPJ01000550.1	<i>X. translucens</i> (DSM 18974)
۶	CP007597.1	<i>S. rhizophila</i> (DSM 14405)
۷	KM359785.1	<i>M. proteolyticum</i> (RZ36)
۸	ADBY01000001.1	<i>S. odorifera</i> (DSM 4582)
۹	AY427832.1	<i>P. xylanilyticus</i> (XIL14)
۱۰	JN558651.2	<i>R. laguerreae</i> (FB206)
۱۱	MRDL01000029.1	<i>R. leguminosarum</i> (USDA 2370)
۱۲	AJ853891.1	<i>E. ludwigii</i> (EN-119)
۱۳	EU074168.1	<i>N. alkalisoli</i> (CCBAU 01393)

به منظور تجزیه و تحلیل توالی های چند جایگاه (MLSA)^۱، درخت های فیلوژنتیک برای ژن های *atpD*-*rRNA* 16S و 16S نرم افزار MEGA6 کشیده شدند. الگوریتم هم ردیفی و روش آماری مشابه دندوگرام 16S rRNA بودند.

به منظور تجزیه و تحلیل توالی های چند جایگاه (MLSA)^۱، درخت های فیلوژنتیک برای ژن های *atpD*-*rRNA* 16S و 16S نرم افزار MEGA6 کشیده شدند. الگوریتم هم ردیفی و روش آماری مشابه دندوگرام 16S rRNA بودند.

¹ Multilocus Sequence Analysis

نتایج

تمامی ۲۱ نمونه گیاهی، شامل اندام‌های هوایی (ساقه، برگ و گل) به همراه ریشه توسط متخصصان بانک گیاهی مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران، از طریق خصوصیات مورفولوژیکی شناسایی شدند (<http://en.ibrc.ir/page/plant+bank>). نمونه‌های گیاهی در بانک مذکور نگهداری شد و شماره IBRC به آن‌ها تعلق گرفت (جدول ۵).

بازه pH عصاره خاک‌های ریزوسفری بین ۶/۶۸ و ۸/۹ متغیر بود که به ترتیب به خاک‌های ریزوسفری خنلر زرد و یونجه تاجی تعلق داشتند.

در مجموع ۱۶ سویه خالص باکتریایی از گرهک‌ها و رقت‌های متوالی خاک‌های ریزوسفری و ریشه جدا شدند. نام‌هایی که برای این سویه‌ها انتخاب شد شامل: Sav1, Sav1S, Sav42, Tal21, Tal22, Tal31, Tal32, Tal41, Tal42, Tal51, Tal52, Tal6, Tal62, Tal71, Tal72, Krj1 بودند (سویه‌های جدا شده از

شهرستان طالقان با حروف Tal، شهرستان ساوجبلاغ با حروف Sav و شهرستان کرج با حروف Krj مشخص شدند). مشخصات مورفولوژیکی آن‌ها بررسی و آزمون‌های حرکت، KOH، کاتالاز و اکسیداز بر روی این سویه‌ها انجام شد (جدول ۶). آزمون بررسی محدوده رشد سویه‌ها در pHهای مختلف نشان داد که کلیه سویه‌ها می‌توانند در محدود pH پنج تا نه رشد کنند. اما سویه‌های Sav1S، Tal31، Tal42، Tal52 و Krj1 قادر به رشد در pH = ۴ نبودند. مطالعه محدوده رشد سویه‌ها در دماهای گوناگون نشان داد که کلیه سویه‌ها قادر به رشد در دمای ۲۸°C و ۳۴°C بودند. اما سویه‌های Sav1S، Sav42، Tal21، Tal32، Tal6، Tal71 و Krj1 قادر به رشد در دمای ۴۰°C نبودند. آزمون رشد در غلظت‌های نمک مختلف (NaCl یک درصد و دو درصد (w/v)) به منظور بررسی تحمل سویه‌ها به شوری صورت گرفت. نتایج نشان داد که رشد کلیه سویه‌ها به جز Tal71، در حضور NaCl یک درصد و دو درصد (w/v) مثبت بود.

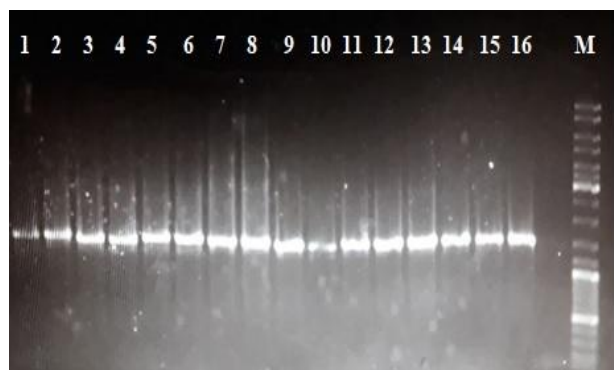
جدول ۵- نام نمونه‌ها به همراه شماره IBRC آن‌ها

ردیف	استان	شهرستان	نام فارسی	نام علمی	شماره IBRC
۱	البرز	ساوجبلاغ	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	در دست انجام
۲	البرز	ساوجبلاغ	یونجه	<i>Medicago radiata</i>	در دست انجام
۳	البرز	ساوجبلاغ	شنبلله تک گل	<i>Trigonella monantha</i>	در دست انجام
۴	البرز	ساوجبلاغ	گون	<i>Astragalus sp.</i>	در دست انجام
۵	البرز	طالقان	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	در دست انجام
۶	البرز	طالقان	شنبلله تک گل	<i>Trigonella monantha</i>	در دست انجام
۷	البرز	طالقان	گون	<i>Astragalus tribuloides</i>	در دست انجام
۸	البرز	طالقان	خارشتر	<i>Alhagi maurorum</i>	P1012985
۹	البرز	طالقان	شیرین بیان	<i>Glycyrrhiza glabra</i>	P1012983
۱۰	البرز	طالقان	تلخ بیان	<i>Sophora alopecuroides</i>	P1012984
۱۱	البرز	طالقان	یونجه زرد	<i>Melilotus sp.</i>	P1012980
۱۲	البرز	طالقان	نخود وحشی	<i>Cicer sp.</i>	P1012981
۱۳	البرز	طالقان	گون	<i>Astragalus sp.</i>	P1012986
۱۴	البرز	طالقان	آهوماش	<i>Lotus sp.</i>	P1012987
۱۵	البرز	طالقان	یونجه تاجی	<i>Coronilla varia</i>	P1012991
۱۶	البرز	طالقان	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	P1012997
۱۷	البرز	طالقان	اسپرس	<i>Onobrychis sativa</i>	P1012990
۱۸	البرز	طالقان	شیدر قرمز	<i>Trifolium pratense</i>	P1012988
۱۹	البرز	طالقان	خنلر زرد	<i>Lathyrus pratensis</i>	P1012989
۲۰	البرز	کرج	دغدغک البرزی	<i>Colutea buhsei</i>	P1012998
۲۱	البرز	کرج	یونجه باغی زرد	<i>Coronilla orientalis</i>	P1012999

جدول ۶- مورفولوژی کلنی‌ها و آزمون بیوشیمیایی سویه‌ها

ردیف	سویه	مورفولوژی کلنی	آزمون حرکت	رنگ‌آمیزی گرم	آزمون KOH	آزمون کاتالاز	آزمون اکسیداز
۱	Sav1	موکوئید	+	-	+	+	+
۲	Sav1S	موکوئید	+	-	+	+	+
۳	Sav42	محدب	-	+	-	+	+
۴	Tal21	محدب	+	-	+	+	+
۵	Tal22	موکوئید	+	-	+	+	-
۶	Tal31	موکوئید	+	-	+	+	+
۷	Tal32	زرد	+	-	+	+	+
۸	Tal41	دایره‌ای	-	+	-	+	-
۹	Tal42	موکوئید	+	-	+	+	+
۱۰	Tal51	سفید، ریز	+	-	+	+	-
۱۱	Tal52	موکوئید	+	-	+	+	+
۱۲	Tal6	زرد، محدب	-	+	-	+	-
۱۳	Tal62	دایره‌ای	-	+	-	+	-
۱۴	Tal71	سفید، محدب	-	-	+	+	+
۱۵	Tal72	بی رنگ	+	-	+	+	-
۱۶	Krj1	گنبدی شکل	+	-	+	+	+

وحشی با سویه‌های *X. translucens* با اطمینان بالا (BS=۰/۹۹) یک خوشه را تشکیل دادند. *S. rhizophila* به خانواده *Xanthomonadaceae* تعلق دارد. سویه‌های *Ensifer*، *Rhizobium*، *Pararhizobium*، *Neorhizobium* و *Phyllobacterium* که همگی جزو ریزوبیوم‌ها هستند با اطمینان بالا (BS=۰/۹۶) در یک خوشه قرار گرفتند. سویه‌های گرم مثبت نیز خوشه‌ای جداگانه را به خود اختصاص دادند.



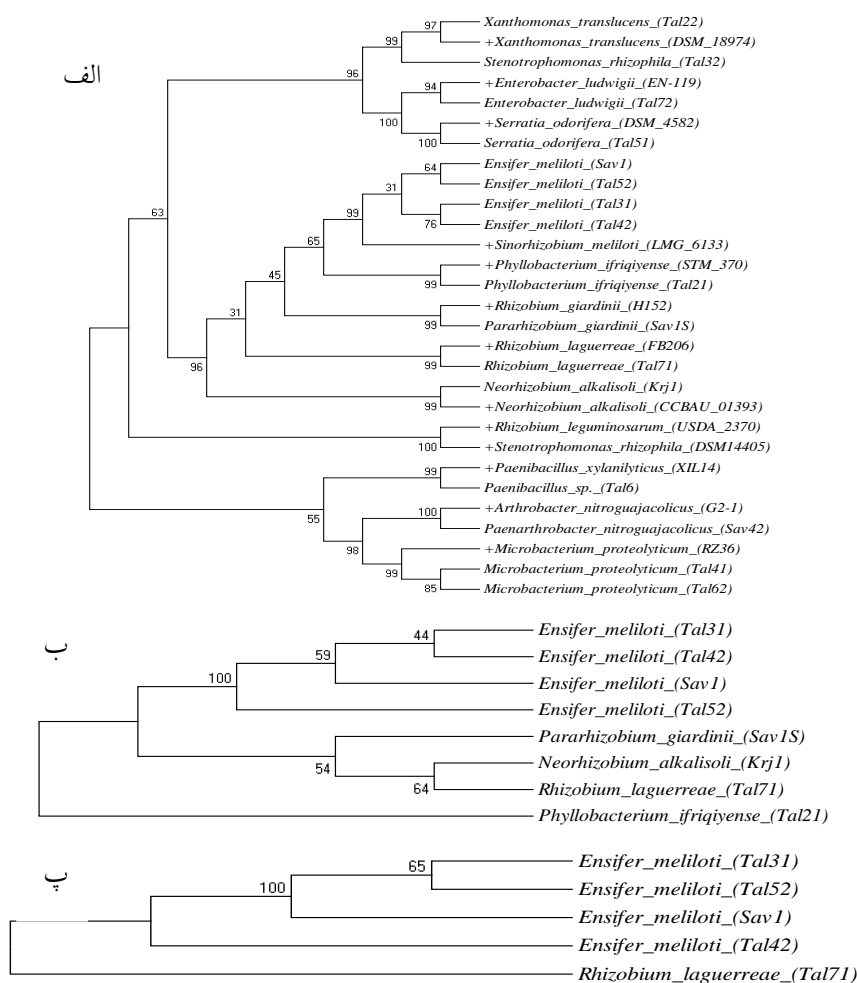
شکل ۲- محصول PCR حاصل از تکثیر ژن 16S rRNA بر روی ژل آگارز. (۱) سویه Sav1، (۲) سویه Sav1S، (۳) سویه Sav42، (۴) سویه Tal21، (۵) سویه Tal22، (۶) سویه Tal31، (۷) سویه Tal32، (۸) سویه Tal41، (۹) سویه Tal42، (۱۰) سویه Tal51، (۱۱) سویه Tal52، (۱۲) سویه Tal6، (۱۳) سویه Tal62، (۱۴) سویه Tal71، (۱۵) سویه Tal72، (۱۶) سویه Krj1

سویه‌های Sav42، Tal21، Tal22، Tal31، Tal32، Tal41، Tal51، Tal6، Tal62 و Tal72 با افزایش غلظت نمک از یک درصد به دو درصد رشد بیشتری داشتند. به‌منظور شناسایی مولکولی سویه‌ها از توالی‌های سرهم‌بندی شده ژن *16S rRNA* و پایگاه داده EzTaxon استفاده شد (شکل ۲). مشخصات ۱۶ سویه شناسایی شده در پژوهش حاضر در جدول ۷ آمده است.

برای ترسیم درخت فیلوژنتیکی ژن *16S rRNA*، از توالی سرهم‌بندی شده ژن *16S rRNA* که ابزار قدرتمندی برای مطالعه گوناگونی و تبارشناسی سویه‌های باکتری است (El-Zanaty et al. 2014) استفاده شد (شکل ۳ الف). تجزیه و تحلیل روابط فیلوژنتیک بر مبنای درخت ترسیم شده نشان داد که تقریباً تمامی سویه‌های جدا شده با سویه شاخص مرجع خود در یک گروه قرار گرفتند که نشان دهنده شناسایی درست سویه‌های مذکور است. سویه Tal32 (*S. rhizophila*) تنها سویه‌ای بود که با سویه مرجع خود در یک گروه قرار نگرفت. سویه مرجع *S. rhizophila* (DSM 14405) در کنار سویه مرجع *R. leguminosarum* با اطمینان بالا (BS=۰/۱۰۰) در یک گروه قرار گرفت. اما سویه Tal32 (*S. rhizophila*) جداسازی شده از ریزوسفر نخود

جدول ۷- شناسایی سویه‌ها بر مبنی توالی‌های سرهم‌بندی شده ژن *16S rRNA* و مقایسه با توالی سویه‌های موجود در پایگاه داده EzTaxon

ردیف	سویه	شهرستان	منبع	نام فارسی میزبان	نام علمی میزبان	نزدیک‌ترین سویه در پایگاه داده	طول قطعه ژن	درصد تشابه	شماره IBRC
۱	Sav1	ساوجبلاغ	گرهک	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	<i>Ensifer meliloti</i>	۱۳۳۶	۹۹/۹۳	در دست انجام
۲	Sav1S	ساوجبلاغ	ریزوسفر	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	<i>Pararhizobium giardinii</i>	۱۳۳۰	۹۹/۷۰	M 11194
۳	Sav42	ساوجبلاغ	ریزوسفر	گون	<i>Astragalus tribuloides</i>	<i>Paenarthrobacter nitroguajacolicus</i>	۱۳۶۴	۱۰۰	در دست انجام
۴	Tal21	طالقان	گرهک	شیرین بیان	<i>Glycyrrhiza glabra</i>	<i>Phyllobacterium ifriqiense</i>	۱۳۱۸	۱۰۰	M 11198
۵	Tal22	طالقان	ریزوسفر	تلخ بیان	<i>Sophora alopecuroides</i>	<i>Xanthomonas translucens</i>	۱۴۴۷	۹۹/۹۳	در دست انجام
۶	Tal31	طالقان	گرهک	یونجه زرد	<i>Melilotus sp.</i>	<i>Ensifer meliloti</i>	۱۳۴۸	۹۹/۸۵	M 11199
۷	Tal32	طالقان	ریزوسفر	نخود وحشی	<i>Cicer sp.</i>	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	۱۴۱۰	۹۹/۷۲	M 11201
۸	Tal41	طالقان	ریشه	گون	<i>Astragalus sp.</i>	<i>Microbacterium proteolyticum</i>	۱۲۵۰	۹۸/۸۸	در دست انجام
۹	Tal42	طالقان	گرهک	آهوماش	<i>Lotus sp.</i>	<i>Ensifer meliloti</i>	۱۳۲۱	۹۹/۱۶	M 11200
۱۰	Tal51	طالقان	ریشه	یونجه تاجی	<i>Coronilla varia</i>	<i>Serratia odorifera</i>	۱۴۰۴	۱۰۰	در دست انجام
۱۱	Tal52	طالقان	گرهک	یونجه زراعی	<i>Medicago sativa</i>	<i>Ensifer meliloti</i>	۱۳۲۶	۹۹/۹۲	M 11221
۱۲	Tal6	طالقان	ریزوسفر	اسپرس	<i>Onobrychis sativa</i>	<i>Paenibacillus sp.</i>	۱۴۱۳	۹۸/۵۸	در دست انجام
۱۳	Tal62	طالقان	ریزوسفر	اسپرس	<i>Onobrychis sativa</i>	<i>Microbacterium proteolyticum</i>	۱۴۴۴	۹۹/۹۴	در دست انجام
۱۴	Tal71	طالقان	گرهک	شبدر قرمز	<i>Trifolium pratense</i>	<i>Rhizobium laguerreae</i>	۱۳۸۱	۹۹/۹۳	M 11211
۱۵	Tal72	طالقان	ریزوسفر	خلر زرد	<i>Lathyrus pratensis</i>	<i>Enterobacter ludwigii</i>	۱۴۲۵	۹۹/۵۱	در دست انجام
۱۶	Krj1	کرج	گرهک	دغدغک البرزی	<i>Colutea buhsei</i>	<i>Neorhizobium alkalisoli</i>	۱۳۲۲	۹۹/۶۹	M 11193



شکل ۳- دندوگرام‌های فیلوژنتیکی رسم شده با استفاده از نرم‌افزار MEGA6. دندوگرام‌ها با استفاده از الگوریتم هم‌ردیفی ClustalW و روش آماری درست‌نمایی بیشینه ساخته شدند. اطمینان به گره‌ها با ۱۰۰۰ تکرار بوت استرپ تخمین زده شد. الف) درخت فیلوژنتیکی برای ژن *16S rRNA* سویه‌هایی که در این تحقیق جداسازی شدند به همراه سویه شاخص مرجع‌شان که از NCBI GenBank به دست آمد و با علامت (+) قبل از نام‌شان مشخص شدند. ب) درخت فیلوژنتیکی برای ژن‌های *16S rRNA-atpD*. پ) درخت فیلوژنتیکی برای ژن‌های *16S rRNA-atpD-nodA-nifH*.

خانواده Rhizobiaceae نسبت به درخت فیلوژنتیکی ترسیم شده برای ژن *16S rRNA* افزایش پیدا کرد. درخت فیلوژنتیکی برای ژن‌های به هم پیوسته *16S rRNA-atpD-nodA-nifH* نشان داد که سویه‌های Sav1، Tal31 و Tal52 در یک خوشه و سویه Tal42 با فاصله تکاملی بیشتر در شاخه‌ای مجزا قرار گرفت. فاصله ژنوتیپی بین سویه Tal42 و سه سویه دیگر *E. meliloti* نمی‌تواند بر اثر فاصله جغرافیایی باشد، چون همگی از استان البرز جداسازی شدند، بلکه ممکن است ناشی از این باشد که سویه Tal42 از گرهک‌های ریشه گیاه آهوماش جدا شده اما سه سویه دیگر *E. meliloti* همگی از گرهک‌های ریشه یونجه جدا شدند.

دندوگرام فیلوژنتیکی تجزیه و تحلیل توالی‌های چند جایگاه برای ژن‌های به هم پیوسته *16S rRNA-atpD* و *16S rRNA-atpD-nodA-nifH* نیز با استفاده از نرم‌افزار MEGA6 ترسیم شدند (شکل ۳ ب و پ). درخت فیلوژنتیکی برای ژن‌های به هم پیوسته *16S rRNA-atpD* تنها برای ریزوبیوم‌ها ترسیم شد. سویه Tal21 (*P. ifriqiyense*) که از گرهک‌های ریشه شیرین بیان جدا شد، جزو راسته Rhizobiales بوده اما جزو خانواده Rhizobiaceae محسوب نمی‌شود. این سویه در درخت فیلوژنتیکی برای ژن‌های به هم پیوسته *16S rRNA-atpD*، شاخه‌ای جداگانه را به خود اختصاص داد و فاصله ژنتیکی آن با سایر ریزوبیوم‌های متعلق به

بحث

همان‌گونه که قبلاً اشاره شد این احتمال وجود دارد که توانایی تثبیت نیتروژن توسط ریزوبیوم‌های جدا شده از گرهک‌های لگوم‌های وحشی بهتر از ریزوبیوم‌های جدا شده از لگوم‌های زراعی یا لگوم‌های وحشی باشد که در زمین‌های زراعی رشد می‌کنند. لگوم‌های مختلف نمونه‌برداری شده در پژوهش حاضر به لحاظ وجود گره بر روی ریشه متفاوت بودند. ریشه برخی از آن‌ها فاقد گره و برخی دارای گره بودند. عوامل متعددی می‌توانند منجر به عدم تشکیل گره گردند. شوری می‌تواند مراحل اولیه همزیستی بین باکتری ریزوبیوم و گیاه میزبان شامل تبادل سیگنال‌های مولکولی (ترکیبات الفاکاننده‌های ژن‌های تولید گره) را بازداری کند (Ghasem et al. 2012). عموماً تشکیل گره به اسیدیته خاک نسبت به سایر جنبه‌های رشد گیاه حساس‌تر است. گزارش شده که در pH پایین خاک تشکیل گره ۹۰ درصد کاهش یافته و وزن خشک گره‌ها ۵۰ درصد کاهش می‌یابد (Ferguson et al. 2013). نتایج حاصل از جداسازی و شناسایی ریزوباکترهای همزیست با لگوم‌های غیر زراعی استان البرز نشان داد که کلیه باکتری‌هایی جدا شده از گرهک‌ها ریزوبیوم بودند. به‌طور کلی پنج گونه ریزوبیومی در این تحقیق جداسازی شد که چهار گونه از گرهک (*E. meliloti*، *P. ifriqiense*، *R. laguerreae* و *N. alkalisoli*) و یک گونه (*P. giardinii*) از ریزوسفر جدا شد. نتایج نشان می‌دهد که احتمال جدا کردن ریزوبیوم‌ها از ریزوسفر بسیار پائین‌تر از احتمال جداسازی آن‌ها از گرهک‌ها است. بسیاری از منابع ریزوبیوم‌ها را باکتری‌هایی با میزبان اختصاصی^۱ می‌دانند تاکید بر این است که عوامل Nod تولید شده توسط ژن‌های *nod* که از جنس لیپو-کیتوالیگوساکارید^۲ هستند، میزبان‌های به‌خصوصی را شناسایی کرده و آلوده می‌کنند (Maróti and Kondorosi 2014; Rao et al. 1996; Staehelin et al. 1995). برخی یافته‌ها نشان می‌دهد که ریزوبیوم‌ها میزبان‌های متنوع‌تری نیز دارند. به‌عنوان مثال برای اولین بار در سال ۲۰۰۹، ۱۱ سویه از گرهک‌های ریشه *Lotus* بومی جزایر قناری جدا شدند که متعلق به جنس *Ensifer* بودند (جنسی که هرگز در گذشته به‌عنوان همزیست *Lotus* معرفی نشده بود). این جدایه‌ها

¹ Host-specific² Lipo-chitoooligosaccharide (LCO)

توانستند در *L. japonicus* و *L. corniculatus*، *L. lancerottensis* گره ایجاد کنند (León-Barrios 2009). در پژوهش حاضر نیز چهار سویه *E. meliloti* از گرهک‌های سه گونه مختلف لگوم جداسازی شدند (گرهک‌های یونجه زراعی (*M. sativa*))، یونجه زرد (*Melilotus sp.*) و آهوماش (*Lotus sp.*). نکته جالب توجه آن است که سویه‌های جدا شده از میزبان‌های متفاوت، صفات متنوعی را از خود بروز دادند. به‌عنوان مثال تنها یکی از سویه‌های *E. meliloti* (Sav1) قادر به رشد در pH چهار بود اما بقیه سویه‌های *E. meliloti* (Tal31، Tal42، Tal52) چنین توانایی نداشتند. در مورد آزمون تحمل نمک نیز سویه Tal31 تنها سویه متعلق به خانواده Rhizobiaceae بود که با افزایش غلظت نمک از یک درصد و دو درصد رشد بیشتری داشت. بنابراین احتمالاً این سویه که از گرهک‌های یونجه زرد جدا شده متحمل به شوری^۳ است. به‌طور کلی ریزوباکترهای همزیست ریزوبیومی و غیر ریزوبیومی جدا شده، به لحاظ صفات فنوتیپیک ماکروسکوپی و میکروسکوپی و سایر خصوصیات فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی مانند تحمل به نمک، دما، pH و ... متفاوت بودند. سویه *R. laguerreae* در سال ۲۰۱۴ به‌عنوان گونه جدید معرفی و از گرهک‌های باقلا (*Vicia faba*) (Saïdi et al. 2014) و سپس در سال ۲۰۱۷ این باکتری از گرهک‌های عدس (*Lens culinaris*) جدا شد (Taha et al. 2018). در پژوهش حاضر برای اولین بار است که این گونه باکتریایی (سویه Tal71) از گرهک‌های گیاه شبدر قرمز (*T. pratense*) جدا شد. گونه *R. alkalisoli* برای اولین بار در سال ۲۰۰۶ از گرهک‌های ریشه گیاه نخود درختی (*Caragana intermedia*) جداسازی شد و معرفی شد (Lu et al. 2009) و در سال ۲۰۱۵ به‌عنوان جنس جدید *Neorhizobium* نام‌گذاری شد (Mousavi et al. 2014). برای اولین بار است که گونه مذکور در پژوهش حاضر (سویه Ktj1) از گرهک‌های ریشه دغدغک البرزی (*C. buhsei*) جداسازی شد. پیش از این گزارشی از جداسازی سویه‌های ریزوبیومی از گرهک‌های ریشه دغدغک البرزی در دست نیست. سویه Tal6 جدا شده از ریزوسفر اسپرس (*O. sativa*) که به‌عنوان *Paenibacillus sp.* شناسایی شد، احتمالاً به‌واسطه داشتن توالی مناسب و تشابه پایین با نزدیک‌ترین گونه

³ Halotolerant

گونه‌های لگومی بیشتر، به‌خصوص لگوم‌های غیر زراعی، به‌منظور درک دامنه میزبانی آن‌ها برای سویه‌های ریزوبیومی و رسیدن به منابع جدیدی از مایه تلقیح برای لگوم‌های زراعی هم‌چنان احساس می‌شود.

سپاسگزاری

هزینه تجهیزات این طرح از بودجه مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران (IBRC) مطابق قرارداد شماره ۹۵/۳۳/۹۳۵/ص تأمین شده‌است.

منابع

Al-Judy NJ and Majeed RE (2013) Morphological, Biochemical and Molecular Characterization of Ten Rhizobial Bacteria Isolates. *Iraqi Journal of Science* 54:280-287.

Arora P, Yadav R, Dilbaghi N, Chaudhury A (2012) Biological Nitrogen Fixation: Host-*Rhizobium* Interaction. *Frontiers on Recent Developments in Plant Science* 1:39-59.

Azevedo H, Lopes F, Silla P, Hungria M (2015) A database for the taxonomic and phylogenetic identification of the genus *Bradyrhizobium* using multilocus sequence analysis. *BMC Genomics* 16:1-11.

Beveridge TJ (2001) Use of the Gram stain in microbiology. *Biotechnic and Histochemistry* 76:111-118.

Bhargava Y, Murthy JSR, Kumar TVR, Rao, MN (2016) Phenotypic, Stress Tolerance and Plant Growth Promoting Characteristics of Rhizobial Isolates from Selected Wild Legumes of Semiarid Region, Tirupati, India. *Advances in Microbiology* 6:1-12.

Chang WS, Franck WL, Cytryn E, Jeong S, Joshi T, Emerich DW (2007) An oligonucleotide microarray resource for transcriptional profiling of *Bradyrhizobium japonicum*. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 20:1298-1307.

Christenhusz MJ and Byng JW (2016) The number of known plants species in the world and its annual increase. *Phytotaxa* 261:201-217.

De Meyer SE, Van Hoorde K, Vekeman B, Braeckman T, Willems A (2011) Genetic diversity of rhizobia associated with indigenous legumes in different regions of Flanders (Belgium). *Soil Biology and Biochemistry* 43:2384-2396.

El-Lithy M, El-Batanony N, Moreno S, Bedmar E (2014) A selected rhizobial strain isolated from wild-grown *Medicago monspeliaca* improves productivity of non-specific host *Trifolium alexandrinum*. *Applied Soil Ecology* 73:134-139.

Ferguson B, Lin MH, Gresshoff PM (2013) Regulation of legume nodulation by acidic growth conditions. *Plant Signaling and Behavior* 8:e23426.

در پایگاه داده EzTaxon، گونه‌ای جدید بوده و باید تحقیقات بیشتری بر روی آن صورت گیرد. از اختلاف ژنتیکی مشاهده شده بین سویه‌های مختلف *E. meliloti* جداشده از گونه‌های مختلف میزبان، می‌توان نتیجه‌گیری نمود که ممکن است ژنوتیپ‌های مختلف سویه‌های یک گونه واحد باکتری، در نوع گونه میزبانی که آلوده می‌کنند نقش دارد. یافته‌های این پژوهش مبین آن است که هنوز میزبان بسیاری از سویه‌های ریزوبیومی به‌طور کامل مشخص نشده و بسیاری از ریزوبیوم‌ها میزبان‌های کاملاً اختصاصی نداشته و طیف میزبان‌هایشان بیش‌تر از تعدادی است که در گذشته تصور می‌شد. بنابراین ضرورت کار بر روی

Ghasem F, Poustini K, Besharati H, Mohammadi VA, Abooei Mehrizi F, Goettfert M (2012) Pre-incubation of *Sinorhizobium meliloti* with luteolin, methyl jasmonate and genistein affecting alfalfa (*Medicago sativa* L.) growth, nodulation and nitrogen fixation under salt stress conditions. *Journal of Agricultural Science and Technology* 14:1255-1264.

Haukka K, Lindström K, Young JPW (1998) Three phylogenetic groups of *nodA* and *nifH* Genes in *Sinorhizobium* and *Mesorhizobium* isolates from leguminous trees growing in Africa and Latin America. *Applied and Environmental Microbiology* 64:419-426.

Islam S, Akanda AM, Prova A, Islam MT, Hossain MM (2016) Isolation and identification of plant growth promoting rhizobacteria from cucumber rhizosphere and their effect on plant growth promotion and disease suppression. *Frontiers in Microbiology* 6:1360.

Laguette G, Nour SM, Macheret V, Sanjuan J, Drouin P, Amarger N (2001) Classification of rhizobia based on *nodC* and *nifH* gene analysis reveals a close phylogenetic relationship among *Phaseolus vulgaris* symbionts. *Microbiology* 147:981-993.

León-Barrios M, Lorite MJ, Donate-Correa J, Sanjuán J (2009) *Ensifer meliloti* bv. *lancerottense* establishes nitrogen-fixing symbiosis with Lotus endemic to the Canary Islands and shows distinctive symbiotic genotypes and host range. *Systematic and Applied Microbiology* 32:413-420.

Lu YL, Chen WF, Han LL, Wang ET, Chen WX (2009) *Rhizobium alkalisoli* sp. nov., isolated from *Caragana intermedia* growing in saline-alkaline soils in the north of China. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 59:3006-3011.

Maróti G and Kondorosi É (2014) Nitrogen-fixing *Rhizobium*-legume symbiosis: are polyploidy and host peptide-governed symbiont differentiation general principles of endosymbiosis? *Frontiers in Microbiology* 5:326

- Miransari M (2014) Plant growth promoting rhizobacteria. *Journal of Plant Nutrition* 37:2227-2235.
- Mousavi SA, Österman J, Wahlberg N, Nesme X, Lavire C, Vial L (2014) Phylogeny of the *Rhizobium-Allorhizobium-Agrobacterium* clade supports the delineation of *Neorhizobium* gen. nov. *Systematic and Applied Microbiology* 37:208-215.
- Muresu R, Polone E, Sulas L, Baldan B, Tondello A, Delogu G, Cappuccinelli P, Alberghini S, Benhizia Y, Benhizia H, Benguedouar A, Mori B, Calamassi R, Dazzo FB, Squartini A (2008) Coexistence of predominantly nonculturable rhizobia with diverse, endophytic bacterial taxa within nodules of wild legumes. *FEMS Microbiology Ecology* 63:383-400.
- Pratap A, Kumar J (2011) History, origin and evolution. *Biology and Breeding of Food Legumes* 1-18.
- Quain MD, Makgopa ME, Cooper JW, Kunert KJ, Foyer CH (2015) Ectopic phytoalexin expression increases nodule numbers and influences the responses of soybean (*Glycine max*) to nitrogen deficiency. *Phytochemistry* 112:179-187.
- Quelas JI, Mongiardini EJ, Pérez-Giménez J, Parisi G, Lodeiro, AR (2013) Analysis of two polyhydroxyalkanoate synthases in *Bradyrhizobium japonicum* USDA 110. *Journal of Bacteriology* 195:3145-3155.
- Rao J, Cooper J, Everaert E, De Cooman L (1996) Assimilation of nod gene inducer 14 C-naringenin and the incorporation of labelled carbon atoms into the acyl side chain of a host-specific Nod factor produced by *Rhizobium leguminosarum* bv. *viciae*. *Current Issues in Symbiotic Nitrogen Fixation* 63-67.
- Saïdi S, Ramírez-Bahena MH, Santillana N, Zúñiga D, Álvarez-Martínez E, Peix A (2014) *Rhizobium laguerreae* sp. nov. nodulates *Vicia faba* on several continents. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 64:242-247.
- Sessitsch A, Howieson J, Perret X, Antoun H, Martinez-Romero, E (2002) Advances in *Rhizobium* research. *Critical Reviews in Plant Sciences* 21:323-378.
- Shamseldin A, Sadowsky MJ, El-Saadami M, Sun C (2008) Molecular biodiversity and identification of free living *Rhizobium* strains from diverse Egyptian soils as assessed by direct isolation without trap hosts. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences* 4:541-549.
- Shetta N, Al-Shaharani T, Abdel-Aal M (2011) Identification and characterization of *Rhizobium* associated with woody legume trees grown under Saudi Arabia condition. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences* 10:410-418.
- Stahelin C, Schultze M, Kondorosi É, Kondorosi Á (1995) Lipo-chitooligosaccharide nodulation signals from *Rhizobium meliloti* induce their rapid degradation by the host plant alfalfa. *Plant Physiology* 108:1607-1614.
- Taha K, El Attar I, Dekkiche S, Aurag J, Béna G (2018) *Rhizobium laguerreae* is the main nitrogen-fixing symbiont of cultivated lentil (*Lens culinaris*) in Morocco. *Systematic and Applied Microbiology* 41:113-121.
- Tamura K and Nei M (1993) Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10:512-526.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipowski A, Kumar S (2013) MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30:2725-2729.
- Vauclare P, Bligny R, Gout E, Widmer F (2013) An overview of the metabolic differences between *Bradyrhizobium japonicum* 110 bacteria and differentiated bacteroids from soybean (*Glycine max*) root nodules: an in vitro ¹³C- and ³¹P-nuclear magnetic resonance spectroscopy study. *FEMS Microbiology Letters* 343: 49-56.
- Vercruyse M, Fauvart M, Beullens S, Braeken K, Cloots L, Engelen K, Marchal K, Michiels J (2011) A comparative transcriptome analysis of *Rhizobium etli* bacteroids: specific gene expression during symbiotic nongrowth. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 24:1553-1561.
- Willems A, Coopman R, Gillis M (2001) Phylogenetic and DNA-DNA hybridization analyses of *Bradyrhizobium* species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 51:111-117.
- Yang J, Kloepper JW, Ryu CM (2009) Rhizosphere bacteria help plants tolerate abiotic stress. *Trends in Plant Science* 14:1-4.
- Zou L, Chen YX, Penttinen P, Lan Q, Wang K, Liu M, Peng D, Zhang X, Chen Q, Zhao K (2016) Genetic Diversity and Symbiotic Efficiency of Nodulating Rhizobia Isolated from Root Nodules of Faba Bean in One Field. *PLoS One* 11:e0167804.