

رسالة محمد



دانشکده کشاورزی
گروه اصلاح نباتات و بیوتکنولوژی
پایان نامه جهت اخذ درجه دکتری تخصصی در رشته بیوتکنولوژی کشاورزی

عنوان:

مطالعه تنوع میکروبیوم ریزوسفر موثر بر کیفیت زعفران

اساتید راهنما:

دکتر عباسعلی امام جمعه

استاد مشاور:

دکتر کاوه کاووسی

دکتر علی نجفی

تهیه و تدوین:

سید مسعود قیومی

شهریور ۱۴۰۲

چکیده

زعفران، گیاهی معطر است که به خانواده *Iridaceae* تعلق دارد و از کلاله‌های خشک شده *Crocus sativus L* تولید می‌شود. میکروارگانیزم‌های موجود در خاک یکی از عوامل اصلی مؤثر بر افزایش تولید و کیفیت زعفران هستند. ما در این پژوهش مطالعه‌ای بر روی ارتباط میکروبی ریزوسفر زعفران با پارامترهای کیفی زعفران (کروسین، پیکروکروسین و سافرانال) با استفاده از رویکرد متاژنومی ارائه می‌کنیم. با وجود شرایط اقلیمی مشابه و عملکرد کشاورزی، کیفیت زعفران در یک مکان بالاتر از سایر نقاط بود. این می‌تواند مربوط به باکتری‌های مختلف در ریزوسفر باشد. از خاک ریزوسفر از چهار نقطه در قاین که به مرغوب‌ترین زعفران معروف است، در زمان برداشت نمونه‌برداری شد. از DNA خاک، توالی ژن 16srRNA هر نمونه توسط RNASeq برای تجزیه و تحلیل به دست آمد. نتایج نشان داد که ریزوباکترهایی مانند کوزاکونیا، انتروباکتر، سالمونلا، پلزیوموناس، پاستورلا، لاکتوکوکس و میتسواریا تأثیر بسزایی در افزایش کیفیت زعفران دارند. آنها برای افزایش منبع کربن، تثبیت نیتروژن، سنتز اکسین، تولید فسفات محلول، تولید اسید γ -آمینو بوتیریک (GABA)، افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی اکسیدانی و افزایش محرک‌های رشد گیاه شناخته شده‌اند. و می‌تواند کیفیت متابولیت‌های ثانویه در زعفران را بهبود بخشد.

کلمات کلیدی: 16srRNA، باکتری، Metagenomics، *Crocus sativus.L*، Miseq، Next Generation Sequencing

Abstract

Saffron is an aromatic plant belonging to the Iridaceae family. It is produced from the dried stigmas of *Crocus sativus*. Microorganisms in the soil are the main factors affecting the production and quality of *Crocus sativus*. In this study, we present a study of the microbial relationship between *Crocus sativus* rhizosphere and quality parameters of *Crocus sativus* (crocin, picrocrocin, and safranal) using a metagenomic approach. This research was conducted in Ghayen city, the center of quality *Crocus sativus* production worldwide. The interesting point in this region is that despite the similar climatic conditions, the quality of *Crocus sativus* in the Shahik region is higher than in the other areas (Zobar, Shahabi, and Jafarabad). This can be attributed to different microbiomes in the root zone or rhizosphere of the soil. The purpose of this study was to investigate and compare the soil microbiome of *Crocus sativus* rhizosphere in the Shahik area of Ghayen city with other areas of this city and, as a result, to identify the microbiome affecting the quality of *Crocus sativus*. In this method, rhizosphere soil of different regions in Ghayen city was first sampled during the *Crocus sativus* harvest time. In the next step, soil DNA was extracted, and the 16srRNA gene sequence of each sample was identified based on the RNA-Seq method; finally, the microbiome of the samples was analyzed. The results showed that beneficial bacteria such as *Kosakonia*, *Enterobacter*, *Salmonella*, *Plesiomonas*, *Pasteurella*, *Lactococcus*, and *Mitsuaria* in Shahik farm are more than in other farms that these bacteria have a significant impact on increasing the quality of *Crocus sativus*.

Keywords: 16srRNA, Bacteria, Metagenomics, *Crocus sativus*, Miseq, Next Generation Sequencing



University of Zabol
Faculty of Agriculture
Department of Plant Breeding and Biotechnology

the Thesis Submitted For the Degree of PhD
(In the Field of Agricultural Biotechnology)

Title:

**Rhizosphere soil bacteria community vary and correlate
with saffron quality at four locations**

Supervisors:

Dr. Abbasali Emamjomeh

Advisor:

Dr. Kave Kavoosi

Dr. Ali Najafi

By:

Seyyed Masoud Ghayyoomi

October 2023