19th Iranian Soil Science Congress
16-18 September, 2025

نوزدهمین کنگره علوم خاک ایران
۲۵ تا ۲۷ شهریور ۱۴۰۴

مدیریت جامع‌نگر و هوشمند خاک و آب
Holistic and Smart Soil and Water Management
دانشکدگان کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران
College of Agriculture & Natural Resources, University of Tehran

فناوری‌های نوین پایش در زیست‌شناسی خاک: سنجش از توالی‌یابی پرتوان تا سنجش از دور برای ارزیابی تنوع و فعالیت میکروبی

کبرا ثقفی[1*]، بهمن خوشرو[1]، احمد اصغرزاده[2]

۱- محقق موسسه تحقیقات خاک و آب کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
۲- دانشیار موسسه تحقیقات خاک و آب کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
نویسنده مسئول: saghafi.varesh@gmail.com

چکیده

تنوع و فعالیت میکروبی خاک، موتور محرکه فرآیندهای حیاتی اکوسیستم مانند چرخه‌های عناصر غذایی، تجزیه مواد آلی و سلامت گیاه محسوب شده و شاخص‌های کلیدی سلامت خاک به شمار می‌روند. با این حال، مطالعه این جوامع میکروبی پیچیده و پویا با استفاده از روش‌های سنتی، اغلب به مقیاس‌های کوچک محدود بوده و فاقد جزئیات کافی برای درک فرآیندها در مقیاس اکوسیستم است. تحولات اخیر در فناوری‌های پایش (مانند سنجش از دور و نزدیک و حسگرها) و تکنیک‌های توالی‌یابی پرتوان، به‌ویژه در ترکیب با شاخه‌های مختلف دانش - اومیکس (مانند متاژنومیکس و متاترانسکریپتومیکس)، پتانسیل بی سابقه‌ای برای مطالعه بیولوژی خاک در مقیاس‌های وسیع و با جزئیات بالا فراهم آورده است. این مقاله مروری، به بررسی جامع این فناوری‌های نوین می‌پردازد؛ از سنجش از دور و نزدیک که اطلاعاتی غیرمستقیم در مقیاس بزرگ فراهم می‌کنند، تا تکنیک‌های توالی‌یابی پرتوان و تحلیل‌های -اومیکس که جزئیات مولکولی و عملکردی جوامع میکروبی را آشکار می‌سازند. این فناوری‌ها امکان تولید کلان‌داده‌های مکانی، زمانی و مولکولی را فراهم می‌کنند که تحلیل آن‌ها نیازمند ابزارهای پیشرفته بیوانفورماتیک و داده‌کاوی است، اما فرصت‌های بی‌نظیری برای درک عمیق الگوها و ارتباطات در جوامع میکروبی خاک ارائه می‌دهند. چالش‌هایی نظیر استانداردسازی روش‌ها، هزینه بالا و یکپارچه‌سازی داده‌ها از منابع مختلف همچنان وجود دارند. در نهایت، تلفیق این فناوری‌ها و تحلیل داده‌های حاصل، مسیر را برای پایش جامع و بی‌درنگ ویژگی‌های زیستی خاک و مدیریت دقیق و پایدار اکوسیستم‌های خاکی هموار می‌سازد.

کلمات کلیدی: تنوع میکروبی، سنجش از دور، توالی‌یابی، متاژنومیکس، کلان داده‌ها، پایش سلامت خاک.

۱ مقدمه

خاک، به عنوان یک بوم‌سازگان (اکوسیستم) پیچیده و پویا، میزبان متنوع‌ترین و پرتعدادترین جوامع زیستی در خشکی، یعنی میکروارگانیسم‌ها، است. این جوامع میکروبی که شامل باکتری‌ها، قارچ‌ها، آرکی‌ها و ویروس‌ها هستند، موتور محرک بسیاری از فرآیندهای حیاتی اکوسیستم خاک محسوب می شوند؛ فرآیندهایی نظیر چرخه‌های زیست شیمیایی عناصر (کربن، نیتروژن، فسفر و گوگرد)، تجزیه مواد آلی و آلاینده‌ها، تشکیل و پایداری خاکدانه و بهبود سلامت گیاه از طریق کنترل عوامل بیماری‌زا و افزایش فراهمی عناصر غذایی (Liu et al., 2023). تنوع گونه‌ای، ترکیب ساختاری و فعالیت این جوامع، شاخص‌های کلیدی برای ارزیابی سلامت خاک، کیفیت اکوسیستم و پایداری

نظام‌های کشاورزی به شمار می‌آیند. بنابراین، درک عمیق و جامع از ساختار، تنوع، عملکرد و پاسخ این جوامع به تغییرات محیطی و شیوه‌های مدیریتی، برای مدیریت پایدار خاک و اکوسیستم‌های وابسته به آن ضروری است (Viner et al., 2020).

با این حال، مطالعه و پایش این جوامع میکروبی پیچیده با اتکا به روش‌های سنتی، مانند تکنیک‌های وابسته به کشت آزمایشگاهی یا سنجش‌های کلی (مانند فعالیت آنزیمی و تنفس خاک)، با محدودیت‌های اساسی روبرو است. یکی از مهم‌ترین این چالش‌ها، پدیده‌ای موسوم به تناقض بزرگ شمارش پلیت[۱] است؛ به این معنا که تنها کسر کوچکی (کمتر از ۱٪) از میکروارگانیسم‌های خاک در شرایط آزمایشگاهی قابل کشت هستند. این مسئله به تنهایی باعث می‌شود تا تکنیک‌های کِشت-محور[۲] تصویری ناقص و ناکافی از تنوع واقعی میکروبی ارائه دهند (Rios-Velazquez et al., 2022). علاوه بر این، روش‌های سنتی اغلب فاقد جزئیات کافی در مورد ترکیب ساختاری جوامع در سطوح پایین تاکسونومیک، نقش‌های عملکردی سویه‌های خاص، یا دینامیک فضایی و زمانی فعالیت‌های میکروبی در مقیاس‌های بزرگ هستند (Philippot et al., 2023). مجموعه این محدودیت‌ها، نیاز مبرم به توسعه و به‌کارگیری ابزارهای نوین را آشکار می‌سازد؛ ابزارهایی که قادر به تولید داده‌های زیستی دقیق و پرتوان[۳] برای مطالعه و پایش جامع بیولوژی خاک باشند.

در دهه‌های اخیر، پیشرفت‌های چشمگیری در فناوری‌های پایش (از دور و نزدیک) و همچنین در علوم مولکولی و زیست‌شناسی محاسباتی رخ داده که پتانسیل بی‌سابقه‌ای برای مطالعه بیولوژی خاک فراهم آورده است. از یک سو، توسعه سنجش از دور (ماهواره‌ای و هوایی) و سنجش از نزدیک (حسگرهای زمینی، طیف‌سنجی) امکان جمع‌آوری داده‌های مکانی و زمانی گسترده را در مورد ویژگی‌های خاک و پوشش گیاهی مرتبط با فعالیت میکروبی فراهم کرده است. از سوی دیگر، انقلابی در فناوری‌های توالی‌یابی پرتوان (HTS[۴]) و ظهور دانش متا-اومیکس[۵] به وقوع پیوسته است. این مجموعه از تکنیک‌های قدرتمند که شامل متاژنومیکس (تحلیل جامع DNA)، متاترانسکریپتومیکس (RNAهای فعال)، متاپروتئومیکس (پروتئین‌ها) و متابولومیکس (متابولیت‌ها) می‌شود، امکان مطالعه عمیق تنوع، پتانسیل ژنتیکی و فعالیت‌های واقعی جامعه میکروبی را بدون نیاز به کشت فراهم ساخته است. این پیشرفت‌ها منجر به تولید حجم عظیمی از داده‌های پیچیده شده که پدیده کلان‌داده (Big Data) را در بیولوژی خاک شکل داده و درک ما را از سیستم‌های بیولوژیکی خاک در سطح مولکولی و اکوسیستمی متحول کرده است (Zhao et al., 2022).

با توجه به اهمیت فزاینده بیولوژی خاک در مدیریت پایدار، این مقاله مروری به شکلی جامع، فناوری‌های نوین پایش را معرفی و تحلیل می‌کند. این بررسی بر دو محور اصلی استوار است: نخست، تکنیک‌های ارزیابی تنوع و ساختار جوامع میکروبی، مانند سنجش از دور و توالی‌یابی پرتوان، که به پرسش «چه ارگانیسم‌هایی در خاک حضور دارند؟» پاسخ می‌دهند. دوم، فناوری‌های ارزیابی فعالیت و فرآیندهای میکروبی، از جمله تحلیل‌های چندگانه -اومیکس، که با روشن ساختن عملکرد این جوامع، به پرسش «آنها چه کاری انجام می‌دهند؟»

---

[۱] Great Plate Count Anomaly
[۲] Culture-dependent
[۳] High-Throughput
[۴] High-Throughput Sequencing
[۵] Meta-omics

می‌پردازند. در نهایت، این مرور ضمن معرفی کاربرد این ابزارها، به چالش‌ها و فرصت‌های مرتبط با کلان‌داده‌های حاصل، نقش حیاتی بیوانفورماتیک و داده‌کاوی در تفسیر آن‌ها، و چشم‌اندازهای آینده برای پایش یکپارچه و مدیریت دقیق اکوسیستم‌های خاکی می‌پردازد.

۲ فناوری‌های پایش برای ارزیابی تنوع و ساختار جوامع میکروبی خاک

مطالعه بیولوژی خاک در سطح جوامع میکروبی، نیازمند ابزارهایی است که بتوانند تنوع گسترده و ترکیب پیچیده این جوامع را بدون نیاز به کشت موجودات که اغلب در شرایط آزمایشگاهی ناممکن است مورد بررسی قرار دهند. پیشرفت‌های اخیر در زیست‌شناسی مولکولی و فناوری‌های توالی‌یابی، این امکان را فراهم کرده‌اند (Medina, 2022 & ,Verdugo, Puerto).

۲-۱ فناوری توالی‌یابی پرتوان

فناوری توالی‌یابی پرتوان (HTS) انقلابی در مطالعه میکروبیولوژی محیطی و به‌ویژه بیولوژی خاک ایجاد کرده است. این مجموعه تکنیک‌های قدرتمند، امکان توالی‌یابی همزمان میلیون‌ها قطعه DNA یا RNA را مستقیماً از نمونه‌های محیطی و در زمانی کوتاه فراهم می‌آورند. در نتیجه، HTS با حذف وابستگی کامل به روش‌های کِشت-محور، تصویری بی‌سابقه از تنوع واقعی و پتانسیل ژنتیکی جوامع میکروبی ارائه می‌دهد و سنگ بنای اصلی روش‌های مدرن در تحلیل بیولوژی خاک محسوب می‌شود (Martin, 2011).

۲-۱-۱ توالی‌یابی ژن‌های شاخص ریبوزومی (16S rRNA و ITS)

یکی از رایج‌ترین کاربردهای HTS در بیولوژی خاک، توالی‌یابی ژن‌های شاخص یا بارکدهای مولکولی است. توالی‌یابی ژن 16S rRNA، که در باکتری‌ها و آرکی‌ها به طور نسبی حفاظت شده است، به عنوان یک استاندارد طلایی برای شناسایی، طبقه‌بندی و تعیین روابط خویشاوندی این میکروارگانیسم‌ها بدون نیاز به کشت عمل می‌کند. به طور مشابه، توالی‌یابی ناحیه فاصله‌انداز رونویسی داخلی (ITS)، ابزار اصلی برای شناسایی و بررسی تنوع جوامع یوکاریوتی مانند قارچ‌ها در خاک است (Yoon et al., 2017). این تکنیک که توالی‌یابی آمپلیکون نیز نامیده می‌شود، با استفاده از HTS امکان خوانش میلیون‌ها توالی از این نواحی هدف را که از DNA استخراج‌شده از خاک تکثیر شده‌اند، فراهم می‌کند. سپس، تحلیل‌های بیوانفورماتیک این داده‌های عظیم، توالی‌ها را بر اساس شباهت‌شان در واحدهای تاکسونومیکی عملیاتی (OTUs) یا واریانت‌های توالی آمپلیکون (ASVs) گروه‌بندی می‌کند. این متدولوژی قدرتمند، امکان برآورد دقیق شاخص‌های تنوع آلفا (غنای گونه‌ای درون یک نمونه) و تنوع بتا (تفاوت در ترکیب گونه‌ای بین نمونه‌ها) را می‌دهد. در نتیجه، می‌توان ساختار جوامع میکروبی را در مقیاس‌های وسیع فضایی و زمانی مقایسه کرد و تأثیر عوامل محیطی یا شیوه‌های مدیریتی را بر بخش عظیمی از تنوع میکروبی خاک که پیشتر پنهان بود، آشکار ساخت.

۲-۱-۲ متاژنومیکس[۶]

اگر توالی‌یابی ژن‌های شاخص به مثابه خواندن «بارکد هویتی» میکروب‌ها برای شناسایی آن‌هاست، متاژنومیکس گامی فراتر رفته و به منزله خواندن «کل کتابخانه ژنتیکی» یک جامعه میکروبی است. این شیوه، بر پایه توالی‌یابی کل محتوای DNA استخراج شده از یک نمونه محیطی (مانند خاک) بنا شده است، بدون آنکه بر یک ژن خاص تمرکز کند. به این ترتیب، متاژنومیکس امکان دسترسی به اطلاعاتی جامع از

[۶] Metagenomics

پتانسیل ژنتیکی کل جامعه میکروبی را بدون نیاز به کشت سلول‌ها فراهم می‌آورد (Li et al., 2014). تحلیل داده‌های خام متاژنومیکس به محققان اجازه می‌دهد تا ژنوم‌های میکروبی را به صورت محاسباتی بازسازی کنند (که به آن‌ها ژنوم‌های مونتاژشده از متاژنوم یا MAGs[۷] گفته می شود). از این طریق، می‌توان مجموعه کامل ژن‌ها و مسیرهای متابولیکی موجود در جامعه را شناسایی نمود و توانایی‌های عملکردی بالقوه آن‌ها را پیش‌بینی کرد؛ قابلیت‌هایی نظیر چرخه نیتروژن، فسفر و کربن، تجزیه آلاینده‌ها، یا تولید آنتی‌بیوتیک‌ها. در نتیجه، متاژنومیکس علاوه بر اطلاعات تاکسونومیکی، بینشی عمیق در مورد این که جامعه میکروبی به طور بالقوه توانایی انجام چه کارهایی را دارد، فراهم کرده و ارتباط میان تنوع ساختاری و پتانسیل عملکردی را به وضوح برقرار می‌سازد (Li et al., 2014).

۲-۱-۳ تحلیل‌های چندگانه -اومیکس[۸]: از پتانسیل ژنتیکی تا عملکرد واقعی

درحالی‌که متاژنومیکس نقشه پتانسیل ژنتیکی جامعه میکروبی را ترسیم می‌کند، برای درک اینکه میکروب‌ها در یک لحظه مشخص واقعاً چه کاری انجام می‌دهند، باید به مولکول‌های بیانگر عملکرد نگاه کرد. اینجاست که شاخه‌های دیگر متا-اومیکس، با ارائه یک دیدگاه چندلایه و پویا از فعالیت‌های بیولوژیکی، وارد عمل می‌شوند: متاترانسکریپتومیکس با توالی‌یابی کل RNA پیام‌رسان (mRNA)، مشخص می‌کند کدام ژن‌ها به طور فعال در حال رونویسی هستند و تصویری فوری از پاسخ‌های جامعه به شرایط محیطی ارائه می‌دهد. در سطح بعدی، متاپروتئومیکس با شناسایی مجموعه کامل پروتئین‌ها، نشان می‌دهد که چه ابزارهای عملکردی و ماشین‌آلات مولکولی (مانند آنزیم‌ها) عملاً در خاک حضور دارند و فرآیندهای بیوشیمیایی را پیش می‌برند. در نهایت، متابولومیکس با بررسی کل متابولیت‌ها، نتیجه نهایی فعالیت‌های بیوشیمیایی و تعاملات شیمیایی واقعی در اکوسیستم را منعکس می‌کند. این مجموعه از تحلیل‌ها، در کنار هم، دیدگاهی بسیار مستقیم‌تر و پویاتر از فعالیت، وضعیت فیزیولوژیکی و تعاملات جوامع میکروبی نسبت به متاژنومیکس ارائه داده و درک ما را از سطح «پتانسیل» به سطح «عملکرد واقعی» ارتقا می‌بخشند (Kankainen, 2023 & Ojala, Kankuri).

۲-۲ سایر روش‌های مولکولی پیشرفته

در کنار تکنیک‌های جامع مبتنی بر HTS که دیدی وسیع از جامعه میکروبی ارائه می‌دهند، مجموعه‌ای از روش‌های مولکولی هدفمند نیز برای پاسخ به سوالات خاص، کمی‌سازی جمعیت‌ها، یا تحلیل‌های فضایی به کار می‌روند و ابزارهای قدرتمندی برای تکمیل داده‌های حاصل از HTS هستند. به عنوان مثال، واکنش زنجیره‌ای پلیمراز کمّی (qPCR) با اندازه‌گیری دقیق تعداد نسخه‌های یک ژن، داده‌های مقداری ارزشمندی فراهم می‌کند (Vogels et al., 2020). از سوی دیگر، تکنیک‌های انگشت‌نگاری DNA/RNA (مانند DGGE و T-RFLP) برای مقایسه سریع الگوهای کلی ساختار جامعه و مشاهده تغییرات عمده کاربرد دارند (Ling et al., 2020). در نهایت، هیبریداسیون درجا با فلوئورسانس (FISH) با فراهم آوردن امکان مشاهده و مکان‌یابی گروه‌های میکروبی خاص مستقیماً در محیط طبیعی شان (in situ)، اطلاعات فضایی منحصربه‌فردی را ارائه می‌دهد که با روش‌های دیگر قابل دستیابی نیست (Huang et al., 2023).

---

[۷] Metagenome-Assembled Genomes

[۸] **Multi-omics**

۳ بیوانفورماتیک

فناوری‌های توالی‌یابی پرتوان، حجم غیرقابل تصـــوری از داده‌های خام را تولید می‌کنند که به خودی خود فاقد معنای بیولوژیکی هســـتند، و اینجاســت که بیوانفورماتیک[۹] به عنوان علمی میان‌رشـــته‌ای، نقشـــی حیاتی ایفا می‌کند. خطوط پردازش بیوانفورماتیک با انجام وظایفی کلیدی مانند کنترل کیفی داده‌ها، طبقه‌بندی تاکسونومیکی، مونتاژ ژنوم‌ها و حاشیه‌نویسی عملکردی، پلی را می سازند که داده‌های خام مولکولی را به دانش بیولوژیکی معنادار در مورد تنوع و پتانســـیل عملکردی جوامع میکروبی خاک تبدیل می‌کند. در کنار این روش های مبتنی بر توالی، میکروســـکوپی پرتوان[۱۰] نیز به عنوان یک تکنولوژی نوظهور، با تحلیل تصـــویری خودکار هزاران ســـلول، داده‌های کمی در مورد مورفولوژی و ویژگی‌های فضایی فراهم کرده و بعد دیگری به شناخت جوامع میکروبی می‌افزاید.

۳-۱ نقش بیوانفورماتیک و ابزارهای داده‌کاوی در پردازش، تحلیل و استخراج اطلاعات معنادار از کلان داده‌های بیولوژی خاک

پردازش، تحلیل و تفسیر کلان داده‌های تولید شده در حوزه بیولوژی خاک نیازمند ابزارها و رویکردهای محاسباتی و آماری پیشرفته است که از توان روش‌های سنتی فراتر می‌روند. بیوانفورماتیک[۱۱] نقش حیاتی در پردازش داده‌های خام مولکولی حاصل از توالی‌یابی پرتوان و -اومیکس دارد و امکاناتی نظیر هم‌تراز سازی توالی‌ها، شناسایی واحدهای تاکسونومیکی، مونتاژ ژنوم‌ها و پیش‌بینی پتانسیل‌های عملکردی را فراهم می‌کند. فراتر از پردازش اولیه، ابزارهای داده‌کاوی[۱۲] و به‌ویژه الگوریتم‌های یادگیری ماشـین (ML[۱۳]) برای تحلیل و یکپارچه‌سـازی کلان داده‌های چندوجهی (شامل داده‌های مولکولی، فیزیکی، شیمیایی، اقلیمی، مکانی و زمانی) ضروری هستند. یادگیری ماشین امکان شناسایی الگوهای پیچیده پنهان در داده‌ها، ســـاخت مدل‌های پیش‌بینی‌کننده قوی (مانند پیش‌بینی فعالیت یا ترکیب جامعه میکروبی بر اســـاس مجموعه‌ای از عوامل محیطی)، طبقه‌بندی نمونه‌ها، کشـــف ارتباطات بین متغیرهای مختلف و یکپارچه‌ســـازی داده‌ها از منابع ناهمگون را فراهم می‌کند. این ابزارها می‌توانند به تبدیل کلان داده‌ها به دانش قابل اســـتفاده در بیولوژی خاک کمک کنند. اســـتفاده مؤثر از این ابزارها نیازمند همکاری میان‌رشته‌ای قوی بین متخصصان علوم خاک، بیولوژی، علوم کامپیوتر، آمار و ریاضیات است.

۴ فناوری‌های پایش برای ارزیابی فعالیت و فرآیندهای میکروبی خاک

درک بیولوژی خاک تنها به شناخت اینکه «چه موجودی آنجا هست؟» (تنوع و ترکیب) محدود نمی شود، بلکه نیازمند دانستن این است که «آن‌ها چه کاری انجام می‌دهند؟» (فعالیت و فرآیندها). ارزیابی فعالیت‌های میکروبی و فرآیندهای زیســـت‌شـــیمیایی که توســـط آن‌ها هدایت می‌شـــوند، بینش‌های حیاتی در مورد عملکرد اکوســـیســـتم خاک، چرخه عناصـــر و پاســـخ خاک به تغییرات را فراهم می‌آورد. فناوری‌های نوین ابزارهای قدرتمندی برای این منظور در مقیاس‌های مختلف ارائه می‌دهند (Zhao et al., 2020).

۴-۱ سنجش‌های بیوشیمیایی پرتوان: اندازه‌گیری فعالیت آنزیمی

میکروارگانیسم‌های خاک با تولید آنزیم‌ها، نقش محوری در پیشبرد فرآیندهای زیست‌شیمیایی ایفا می‌کنند. سنجش فعالیت آنزیم‌های کلیدی مانند دهیدروژناز (شاخص کلی فعالیت میکروبی)، فسفاتازها، سولفاتازها، و اوره‌آز، اطلاعات ارزشمندی در مورد پویایی عناصر غذایی و سلامت

---

[۹] Bioinformatics
[۱۰] High-Throughput Microscopy
[۱۱] Bioinformatics
[۱۲] Data Mining
[۱۳] Machine Learning

خاک ارائه می‌دهد (Kumar et al., 2023). با توسعه روش‌های مبتنی بر ریزپلیت[۱۴]، مانند سیستم Biolog برای تحلیل الگوی مصرف منابع کربن، و سیستم‌های خودکار سنجش آنزیمی، امکان ارزیابی همزمان و پرتوان[۱۵] چندین فعالیت بیو شیمیایی در تعداد زیادی از نمونه‌ها فراهم شده و کارایی پایش را به طور چشمگیری افزایش داده است (Ribeiro et al., 2011).

۴-۲ پایش گازهای بیوژنیک: نبض تنفسی اکوسیستم خاک

تنفس خاک، یعنی انتشار CO_2 ناشی از فعالیت متابولیکی ریشه گیاهان و میکروارگانیسم‌ها، یکی از پرکاربردترین شاخص‌ها برای ارزیابی فعالیت کل میکروبی و چرخه کربن است. روش‌های نوین مانند سیستم‌های اتاقک خودکار[۱۶] و تکنیک همبستگی گردابی[۱۷]، امکان جمع‌آوری داده‌های پیوسته و با وضوح زمانی بالا از شار گازها را در مقیاس‌های مختلف فراهم کرده‌اند. علاوه بر CO_2، پایش گازهای گلخانه‌ای مهم دیگری نظیر اکسید نیتروژن (N_2O) و متان (CH_4) که مستقیماً به فعالیت‌های میکروبی (مانند نیتریفیکاسیون، دنیتریفیکاسیون و متانوژنز) مرتبط هستند، اطلاعات ارزشمندی در مورد عملکرد چرخه‌های بیوژئوشیمیایی ارائه می‌دهد.

۴-۳ کاوش با ایزوتوپ پایدار (SIP): ردیابی میکروب‌های فعال

استفاده از ایزوتوپ‌های پایدار (مانند C^{13} و N^{15}) به عنوان ردیاب (Tracer)، ابزاری فوق‌العاده قدرتمند برای پیوند زدن مستقیم هویت میکروبی به عملکرد متابولیکی است. در تکنیک کاوش با ایزوتوپ پایدار (SIP[۱۸])، یک سوبسترای نشان‌دار شده با ایزوتوپ سنگین به خاک اضافه می‌شود. سپس، مولکول‌های زیستی (مانند DNA یا RNA) در میکروب‌هایی که این سوبسترا را فعالانه مصرف کرده‌اند، سنگین و قابل جداسازی می‌شوند. با تحلیل این مولکول‌های نشان‌دار توسط روش‌های مولکولی (مانند توالی‌یابی)، می‌توان دقیقاً مشخص کرد کدام گروه‌های میکروبی در یک فرآیند خاص فعال بوده‌اند. این تکنیک، ارتباط میان تنوع و عملکرد را به شکلی مستقیم و قطعی برقرار می‌سازد.

۴-۴ تحلیل‌های متا-اومیکس: نگاهی مستقیم به ماشین‌آلات عملکردی

همان‌طور که در بخش قبل معرفی شد، تحلیل‌های چندگانه -اومیکس ابزارهای قدرتمندی برای فراتر رفتن از پتانسیل ژنتیکی و درک فعالیت‌های واقعی هستند. در این زمینه، متاترانسکریپتومیکس با شناسایی ژن‌های در حال بیان، مستقیماً پاسخ‌های رونویسی جامعه به شرایط محیطی را نشان می‌دهد؛ متاپروتئومیکس با ارائه تصویری از ماشین‌آلات آنزیمی و پروتئین‌های عملکردی، آنچه را که عملاً در خاک حضور دارد، مشخص می‌کند؛ و متابولومیکس با سنجش محصولات نهایی متابولیکی، نمایی از وضعیت بیوشیمیایی واقعی و خروجی فرآیندهای زیستی فراهم می‌آورد. این مجموعه از تحلیل‌ها، در کنار هم، نگاهی پویا و چندبعدی به فعالیت‌های میکروبی در زمان واقعی ارائه داده و ابزارهای بی‌نظیری برای درک فرآیندهای پیچیده خاک هستند.

---

[۱۴] Microplate-based assays
[۱۵] High-Throughput
[۱۶] Automated Chambers
[۱۷] Eddy Covariance
[۱۸] Stable Isotope Probing

۴-۵ حسگرهای زیستی[۱۹]: پتانسیل پایش بی‌درنگ

توسعه حسگرهای زیستی، چشم‌انداز هیجان‌انگیزی را برای پایش دقیق، اختصاصی و بی‌درنگ[۲۰] پارامترهای بیولوژیکی خاک فراهم کرده است. این ابزارها با استفاده از یک عنصر تشخیص زیستی (مانند آنزیم یا آنتی‌بادی) که به یک مبدل متصل است، می‌توانند غلظت مواد خاص (آلاینده‌ها، مواد مغذی) یا فعالیت‌های زیستی را به صورت درجا[۲۱] اندازه‌گیری کنند. اگرچه کاربرد گسترده آن‌ها در محیط پیچیده خاک هنوز با چالش‌هایی نظیر دوام و کالیبراسیون روبرو ست، اما این حوزه به سرعت در حال پیشرفت است و پتانسیل بالایی برای کاربرد در کشاورزی دقیق و پایش محیطی دارد.

۵ ارتباط سنجش از دور با شاخص‌های بیولوژیکی خاک و چالش‌های داده‌ای

درحالی‌که روش‌های مولکولی و بیوشیمیایی جزئیات بی‌سابقه‌ای از هویت و فعالیت میکروب‌ها در سطح نمونه‌های منفرد ارائه می‌دهند، درک بیولوژی خاک در مقیاس واقعی یک مزرعه یا اکوسیستم نیازمند ابزارهایی برای پایش در مقیاس‌های بزرگتر است. این امر مستلزم تلفیق داده‌ها از منابع متعدد و توانایی مدیریت و تحلیل آن‌هاست، چالشی که به ظهور حوزه کلان‌داده[۲۲] در بیولوژی خاک منجر شده است.

۵-۱ استنباط غیرمستقیم ویژگی‌های میکروبی با سنجش از دور و نزدیک

فناوری‌های سنجش از دور و نزدیک با جمع‌آوری داده‌ها در مقیاس‌های مکانی وسیع، امکان استنباط غیرمستقیم ویژگی‌های میکروبی را فراهم می‌کنند. این تکنیک‌ها به جای اندازه‌گیری مستقیم میکروب‌ها، ویژگی‌های جانشین[۲۳] را می‌سنجند که با حیات میکروبی مرتبط هستند؛ از جمله طیف بازتابی خاک که به ماده آلی و رطوبت وابسته است، دمای سطح خاک که بر متابولیسم تأثیر می‌گذارد، و شاخص‌های سلامت پوشش گیاهی مانند NDVI که نشان‌دهنده فعالیت ریزوسفر است. گام کلیدی در این فرآیند، ایجاد مدل‌های آماری است که این داده‌های غیرمستقیم و گسترده را به داده‌های صحت‌سنجی زمینی[۲۴]، که از روش‌های دقیق مولکولی و بیوشیمیایی به دست آمده‌اند، مرتبط می‌سازد. از این طریق، می‌توان الگوهای فضایی تنوع و فعالیت میکروبی را در مقیاس‌های اکوسیستمی نقشه‌برداری و پایش نمود.

۶ ارتباط سنجش از دور با شاخص‌های بیولوژیکی خاک و چالش‌های کلان‌داده

درحالی‌که روش‌های مولکولی و بیوشیمیایی، جزئیات بی‌سابقه‌ای از هویت و فعالیت میکروب‌ها در **سطح نمونه‌های منفرد** ارائه می‌دهند، درک بیولوژی خاک در مقیاس یک اکوسیستم واقعی نیازمند ابزارهایی برای پایش در **مقیاس‌های بزرگتر** است. این امر مستلزم تلفیق و تحلیل داده‌ها از منابع متعدد و ناهمگون است، چالشی که به ظهور حوزه **کلان‌داده** در بیولوژی خاک منجر شده است.

---

[۱۹] Biosensors
[۲۰] Real-time
[۲۱] in situ
[۲۲] Big Data
[۲۳] Proxy
[۲۴] Ground Truth

۶-۱ استنباط غیرمستقیم ویژگی‌های میکروبی با سنجش از دور و نزدیک

فناوری‌های سنجش از دور، با استفاده از تصاویر ماهواره‌ای و پهپادها، و سنجش از نزدیک[۲۵] ، با بهره‌گیری از حسگرهای زمینی، امکان جمع‌آوری داده‌ها را در مقیاس‌های مکانی وسیع فراهم کرده‌اند. این تکنیک‌ها به طور مستقیم میکروب‌ها را اندازه‌گیری نمی‌کنند، بلکه ویژگی‌های جانشین فیزیکی، شیمیایی و گیاهی را می‌سنجند که با فعالیت میکروبی همبستگی بالایی دارند. این ویژگی‌ها شامل مواردی چون طیف بازتابی خاک (مرتبط با ماده آلی و رطوبت)، دمای سطح و شاخص‌های سلامت پوشش گیاهی (مانند NDVI) است. از آنجا که این عوامل، کنترل‌کننده‌های اصلی زیست‌توده و فعالیت میکروبی هستند، می‌توان با ایجاد مدل‌های آماری و مرتبط ساختن این داده‌های غیرمستقیم با داده‌های صحت سنجی زمین (حاصل از روش‌های مولکولی)، الگوهای فضایی تنوع و فعالیت میکروبی را در مقیاس‌های بزرگ نقشه‌برداری و پایش نمود.

۶-۲ یکپارچه‌سازی کلان‌داده: چالش‌ها و فرصت‌ها

تلفیق فناوری‌های مختلف پایش، از سنجش از دور گرفته تا توالی‌یابی پرتوان و تحلیل‌های -اومیکس، منجر به تولید کلان‌داده در بیولوژی خاک می‌شود. مدیریت این داده‌ها با چالش‌های مهمی مانند حجم بسیار بالای داده‌های توالی‌یابی، تنوع فرمت‌ها (ژنتیکی، حسگری، طیفی) و دشواری در یکپارچه سازی داده‌هایی با مقیاس‌های مکانی و زمانی متفاوت (مانند داده نقطه‌ای با پیکسلی) روبروست. با وجود این چالش‌ها که نیازمند زیرساخت‌های محاسباتی قدرتمند هستند، کلان‌داده‌ها فرصت‌های بی‌نظیری را فراهم می‌آورند. تحلیل یکپارچه این داده‌ها امکان شناسایی الگوهای پنهان، درک عمیق‌تر از تعاملات پیچیده در اکوسیستم خاک و توسعه مدل‌های پیش‌بینی‌کننده برای ارزیابی سلامت خاک و پاسخ آن به تغییرات محیطی و مدیریتی را در مقیاس‌های مختلف ارائه می‌دهد.

۷ نتیجه‌گیری

در سال‌های اخیر، فناوری‌های پایش و توالی‌یابی با ایجاد امکان تولید کلان‌داده، انقلابی در مطالعه بیولوژی خاک ایجاد کرده و بینش‌های بی‌سابقه‌ای در مورد تنوع و فعالیت میکروبی فراهم آورده‌اند. با وجود این پیشرفت‌ها، چالش‌های مهمی نظیر هزینه‌های بالا، نیاز به زیرساخت‌های محاسباتی، نبود پروتکل‌های استاندارد و دشواری در ترجمه داده‌های پتانسیل ژنتیکی به عملکرد واقعی اکوسیستم همچنان باقی است. با این حال، چشم‌انداز آینده به سوی پایش جامع و هوشمند از طریق تلفیق داده‌های چندمقیاسی حرکت می‌کند؛ یعنی ترکیب داده‌های مقیاس بزرگ حاصل از سنجش از دور با داده‌های دقیق مولکولی و حسگرهای زیستی درجا. تحلیل یکپارچه این داده‌ها با ابزارهای پیشرفته بیوانفورماتیک و یادگیری ماشین، مبنایی علمی برای کشاورزی دقیق، مدیریت پایدار محیط‌زیست و حفظ سلامت خاک در بلندمدت فراهم خواهد ساخت.

منابع

Liu, Y., Zhong, Y., Hu, C., Xiao, M., Ding, F., Yu, Y., ... Chen, J. (2023). Distribution of microplastics in soil aggregates after film mulching. Soil Ecology Letters, 5.

Viner, R., Russell, S., Croker, H., Packer, J., Ward, J., Stansfield, C., ... Booy, R. (2020). School closure and management practices during coronavirus outbreaks including COVID-19: a rapid systematic review. The Lancet. Child & Adolescent Health, 4.

Rios-Velazquez, C., Cabrera-Ruiz, M. M., Delgado-Serrano, K. M., & Morales-Lajara, H. N. (2022). Isolation and identification of bioprospects capable of metabolizing 17-beta-estradiol and 17-alpha-ethinylestradiol using metagenomics and culture-dependent techniques in Puerto Rico. Journal of Clinical and Translational Science, 6, 88-89.

Philippot, L., Chenu, C., Kappler, A., Rillig, M., & Fierer, N. (2023). The interplay between microbial communities and soil properties. Nature Reviews Microbiology.

Zhao, Q., Pan, J., Devlin, A., Tang, M., Yao, C., Zamparelli, V., & Falabella, F. (2022). On the Exploitation of Remote Sensing Technologies for the Monitoring of Coastal and River Delta Regions. Remote Sensing, 14, 2384.

[۲۵] Proximal Sensing

Verdugo, E., Puerto, I., & Medina, M. (2022). An update on the molecular biology of glioblastoma, with clinical implications and progress in its treatment. Cancer Communications, 42, 1083-1111.
Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. EMBnet.journal, 17, 10-12.
Li, D., Liu, C.-M., Luo, R., Sadakane, K., & Lam, T. (2014). MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. Bioinformatics, 31(10), 1674-6.
Yoon, S.-H., Ha, S.-M., Kwon, S., Lim, J., Kim, Y., Seo, H.-H., & Chun, J. (2017). Introducing EzBioCloud: a taxonomically united database of 16S rRNA gene sequences and whole-genome assemblies. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 67, 1613-1617.
Ojala, T., Kankuri, E., & Kankainen, M. (2023). Understanding human health through metatranscriptomics. *Trends in Molecular Medicine*, *29*(5), 376-389.
Vogels, C., Brito, A., Wyllie, A., Fauver, J., Ott, I., Kalinich, C., ... Grubaugh, N. (2020). Analytical sensitivity and efficiency comparisons of SARS-CoV-2 RT–qPCR primer–probe sets. Nature Microbiology, 5, 1299-1305.
Ling, Y., Li, W., Tong, T., Li, Z., Li, Q., Bai, Z., ... & Wang, Y. (2020). Assessing the Microbial Communities in Four Different Daqus by Using PCR-DGGE, PLFA, and Biolog Analyses. Polish Journal of Microbiology, 69, 27-37. Huang, B. S., Li, J., Yao, B., Yang, Z., Lam, E., Zhang, J., ... & Qu, J. (2023). Enhancing image resolution of confocal fluorescence microscopy with deep learning. PhotoniX, 4, 1-22.
Zhao, X., Sun, Y., Huang, J., Wang, H., & Tang, D. (2020). Effects of soil heavy metal pollution on microbial activities and community diversity in different land use types in mining areas. Environmental Science and Pollution Research, 27, 20215-20226.
Kumar, S., Sharma, S. K., Dhaka, A., Bedwal, S., Sheoran, S., Meena, R., Jangir, C. K., Kumar, D., Jat, R., Meena, A. K., Gaber, A., & Hossain, A. (2023). Efficient nutrient management for enhancing crop productivity, quality and nutrient dynamics in lentil (Lens culinaris Medik.) in the semi-arid region of northern India. PLoS ONE, 18.
Ribeiro, J. P. N., Magalhães, L. M., Reis, S., Lima, J., & Segundo, M. (2011). High-throughput Total Cupric Ion Reducing Antioxidant Capacity of Biological Samples Determined Using Flow Injection Analysis and Microplate-based Methods. Analytical Sciences, 27, 483-488.

Modern Monitoring Technologies in Soil Biology: From High-Throughput Sequencing to Remote Sensing to for Assessing Microbial Diversity and Activity

Kobra Saghafi[1]*, Bahman Khoshru[1], Ahmad Asgharzadeh[2]
1- Researcher, Soil and Water Research Institute (SWRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
2- Associate Professor, Soil and Water Research Institute (SWRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran.
Correspond Author: saghafi.varesh@gmail.com

Abstract

Soil microbial diversity and activity are the driving engines of vital ecosystem processes such as nutrient cycling, organic matter decomposition, and plant health, serving as key indicators of soil health. However, the study of these complex and dynamic microbial communities using traditional methods has often been limited to small scales, lacking sufficient detail to understand processes at the ecosystem level. Recent advances in monitoring technologies (e.g., remote and proximal sensing, sensors) and high-throughput sequencing (HTS) techniques, especially when combined with various -omics disciplines (e.g., metagenomics and metatranscriptomics), have provided unprecedented potential for studying soil biology at large scales and with high resolution. This review article provides a comprehensive examination of these novel technologies, from remote and proximal sensing that offer indirect, large-scale information, to HTS and -omics analyses that reveal the molecular and functional details of microbial

communities. These technologies enable the generation of spatio-temporal and molecular big data, the analysis of which requires advanced bioinformatics and data mining tools. However, they offer unparalleled opportunities to understand deep patterns and relationships within soil microbial communities. Challenges such as method standardization, high costs, and the integration of data from diverse sources still exist. Ultimately, the integration of these technologies and the analysis of the resulting data pave the way for comprehensive, real-time monitoring of soil biological properties and for the precise and sustainable management of soil ecosystems.

Keywords: Microbial Diversity, Remote Sensing, Sequencing, Metagenomics, Big Data, Soil Health Monitoring.