نوزدهمین کنگره علوم خاک ایران
۱۱ تا ۱۳ آذر ۱۴۰۴
19th Iranian Soil Science Congress
2-4 Desember, 2025
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
۳۲۰۳۱-۰۴۲۵۰

آثار زیست‌محیطی کاربرد کودهای زیستی و نقش آن‌ها در تغییرات جوامع میکروبی خاک

هوشنگ خسروی[۱]
۱- دانشیار پژوهشی، موسسه تحقیقات خاک و آب کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران.
E-mail: hkhosravi@areeo.ac.ir

چکیده

کودهای شیمیایی اگرچه موجب افزایش چشمگیر عملکرد کمی محصولات کشاورزی شده‌اند، اما پیامدهای زیست‌محیطی قابل‌توجهی ازجمله آلودگی خاک و آب و بروز مخاطرات انسانی به دنبال داشته‌اند. در این راستا، کودهای زیستی که متکی بر ریزجانداران مفید هستند، به‌عنوان جایگزین‌هایی پایدار و سازگار با محیط‌زیست مطرح شده‌اند. بااین‌حال، شواهد نشان می‌دهد که استفاده نابجا یا کنترل‌نشده از کودهای زیستی هم این پتانسیل را دارد که پایداری اکولوژیک خاک را به مخاطره اندازد. ازجمله این موارد می‌توان به انتقال افقی ژن‌ها و تبدیل سویه‌های غیر بیماری‌زا به بیماری‌زا، رقابت گونه‌های تلقیح‌شده با جمعیت‌های بومی و بر هم خوردن تعادل جوامع میکروبی خاک اشاره کرد. همچنین، تأثیرات بلندمدت کودهای زیستی بر چرخه‌های غذایی و تنوع زیستی خاک هنوز به‌طور جامع بررسی نشده است. بر این اساس، بهره‌گیری مؤثر و ایمن از کودهای زیستی مستلزم تدوین استانداردهای تولید و مصرف دقیق، اولویت‌دهی به سویه‌های بومی، پایش مستمر پویایی‌های میکروبی و استقرار چارچوب‌های قانونی مبتنی بر شواهد علمی است.

کلمات کلیدی: انتقال ژن، تنوع زیستی، ریزجاندار.

مقدمه

نیاز روزافزون به تولید غذا، استفاده از کودهای شیمیایی را به‌دلیل کاربرد آسان و سودآوری کوتاه‌مدت افزایش داده است. هرچند این کودها موجب افزایش عملکرد کمی محصولات کشاورزی شده‌اند بااین‌حال، تأثیرات منفی مانند تخریب ساختار خاک، آلودگی منابع خاک و آب و انباشت مواد شیمیایی در محصولات کشاورزی و گسترش بیماری‌ها را نیز به همراه داشته‌اند (Tagkas et al. 2024). برای مقابله با چالش‌های محیط‌زیستی و تأمین غذای پایدار، استفاده از فناوری‌های زیستی و بهره‌گیری از ریزجانداران در حال افزایش است. ریزجانداران خاک باوجود سهم اندک از جرم خاک، نقشی کلیدی در تنظیم فرآیندهای زیستی و شیمیایی ایفا می‌کنند. آشنایی و بهره‌گیری از این توان زیستی، زمینه‌ساز توسعه کودهای زیستی به‌عنوان جایگزین‌های پایدار کودهای شیمیایی شده است (Khosravi et al. 2024).

بیشتر مطالعات کودهای زیستی بر تأثیر آن‌ها بر رشد گیاه تمرکز داشته و اثرات اکولوژیکی آن‌ها بر خاک، به‌ویژه در بلندمدت، بسیارکم بررسی شده است. شواهد نشان داده است که کاربرد کودهای زیستی می‌تواند در شرایط خاص، پویایی و تنوع زیستی جوامع میکروبی خاک را بر هم زده و باعث اختلال در عملکرد زیست‌بوم‌های خاک شوند. نگرانی‌ها درباره پیامدهای ورود ریزجانداران غیربومی به خاک، در سال‌های اخیر افزایش یافته است، البته دیدگاه‌های علمی در این زمینه متفاوت‌اند؛ بطوریکه برخی پژوهشگران، خطرات کودهای زیستی را ناچیز می‌دانند، درحالی‌که برخی دیگر، به‌ویژه بوم‌شناسان، نسبت به آسیب‌های احتمالی آن‌ها بر پایداری خاک هشدار می‌دهند (Mawarda et al., 2020). برخی کشورها ازجمله اعضای اتحادیه اروپا، با تدوین دستورالعمل‌های نظارتی سخت‌گیرانه، به دنبال کنترل دقیق‌تر استفاده از کودهای زیستی هستند (Barros- Barros-Rodríguez et al. 2020).

این مقاله باهدف مروری اجمالی در مورد اثرات استفاده از کودهای زیستی بر جامعه میکروبی خاک نگاشته شده است و در انتها هم راهکارهایی برای بهره‌برداری ایمن و علمی از آن‌ها بر پایه اصول بوم‌شناسی ارائه می‌گردد.

۱ تعاریف، تاریخچه و دلایل ظهور کودهای زیستی

کودهای زیستی فرمولاسیونی حاوی ریزجاندارانی هستند که می‌توانند دسترسی گیاه به مواد مغذی را افزایش دهند، رشد گیاه را تحریک کرده یا تحمل گیاه به تنش‌ها را تقویت کنند (Khosravi et al. 2024). هر کود زیستی از یک قسمت میکروبی و یک حامل تشکیل می‌شود که شرایط مناسبی برای بقا و عملکرد ریزجانداران فراهم می‌آورد. باکتری *Rhizobium* همزیست با لگوم‌ها و باکتری‌های محرک رشد گیاه (PGPR)[1] مانند *Azotobacter*، *Pseudomonas* و *Bacillus* ازجمله مهم‌ترین باکتری‌ها در تهیه کودهای زیستی هستند که در اشکال مختلف جامد، مایع، گرانوله یا پودری عرضه و از طریق روش‌هایی چون پوشش‌دهی بذر، محلول‌پاشی، غوطه‌وری و یا مصرف در خاک استفاده می‌شوند (Kumar et al. 2022; Khosravi et al. 2024). در سال ۱۸۹۶، اولین کود زیستی تجاری شامل باکتری *Rhizobium* از گره‌های ریشه باقلا در ایالات‌متحده تولید شد. استفاده تجاری از PGPR در اتحاد جماهیر شوروی سابق آغاز و سپس در اروپای شرقی و هند گسترش یافت، اگرچه در همان اوایل نتایج غیریکنواختی از مصرف آن‌ها حاصل شد بااین‌حال امروزه انواع مختلفی از کودهای زیستی برای محصولات مختلف در دسترس است (Khosravi et al. 2024).

۲ چالش‌های استفاده از کودهای زیستی در تأثیرگذاری بر رشد گیاه

استفاده موفقیت‌آمیز از کودهای زیستی در کشاورزی پایدار با چالش‌ها و پیچیدگی‌هایی روبه‌رو است. یکی از چالش‌های اصلی، عدم اطمینان از توانایی ریزجانداران موجود در این کودها در استقرار بهینه بر روی ریشه (کلونیزه کردن) گیاهان است. همچنین، فقدان شناخت دقیق از تعاملات ریزجانداران بومی خاک با باکتری‌های واردشده در کودهای زیستی، کاربرد مؤثر این فناوری را محدود می‌کند. تغییرات ژنتیکی در باکتری‌ها ممکن است عملکرد آن‌ها را تحت شرایط محیطی مختلف تغییر دهد (Fallah Nosratabad and Khoshru, 2024). تنوع گیاهان، ترکیب‌های مختلف خاک، رطوبت و شرایط اقلیمی، اثربخشی کودهای زیستی را نیز تحت تأثیر قرار می‌دهند و منجر به ناهماهنگی در کارایی آن‌ها می‌شوند. این چالش‌ها، به‌ویژه در هنگام استفاده از کودهای زیستی در شرایط میدانی و با توجه به راهکارهای کشاورزی مختلف، پیچیدگی‌هایی را ایجاد می‌کند که نیاز به پژوهش‌های بیشتر و دقیق‌تر در این زمینه دارد. مسئله اساسی دیگر، پایین بودن میزان مواد آلی در بسیاری خاک‌های کشاورزی (مانند ایران) است که همراه با ماهیت هتروتروفی باکتری‌های ارائه‌شده در کودهای زیستی، اثربخشی آن‌ها را محدود می‌کند. همچنین، مسائل تجاری‌سازی مانند نیاز به دانش تخصصی، تجهیزات خاص برای تولید و توزیع، نگهداری و مشکلات مرتبط با کیفیت و مقررات، از موانع اصلی در این زمینه به شمار می‌روند (Khosravi et al. 2024).

۳ تأثیر کودهای زیستی بر ترکیب جوامع میکروبی خاک

قوانین اتحادیه اروپا استفاده از ریزجانداران خاص به‌عنوان عوامل زیستی را با محدودیت‌هایی مواجه کرده و لازم دانسته‌اند تا پیش از استفاده از آن‌ها، تأییدیه‌های لازم را اخذ کنند (Barros-Rodríguez et al. 2020). یکی از مهم‌ترین دلایل تصویب این مقررات این است که کودهای زیستی اگرچه ممکن است تأثیرات مثبتی بر رشد گیاه بگذارند اما آن‌ها این پتانسیل را دارند که بر ساختار و ترکیب جوامع میکروبی خاک نیز تأثیر بگذارند. ریزجانداران واردشده از طریق این کودها، به‌ویژه گونه‌های غیربومی، ممکن است با ریزجانداران بومی رقابت کرده یا آن‌ها را سرکوب کنند که می‌تواند به کاهش تنوع زیستی و اختلال در تعادل میکروبی خاک منجر شود (Roy et al. 2019). این تغییرات ممکن است بر فعالیت‌های آنزیمی

[1] - Plant Growth-Promoting Rhizobacteria

خاک مانند فسفاتاز، اوره‌آز و کیتیناز تأثیر بگذارد و درنهایت فرآیندهای چرخه مواد مغذی، تجزیه مواد و کنترل زیستی را تغییر دهد (Wu et al. 2018؛ Mar Vazquez et al. 2000).

یکی از دلایل محکم برای وجود مخاطرات زیست‌محیطی در استفاده از کودهای زیستی انتقال ژن است. انتقال ژن باکتریایی می‌تواند به‌طور عمودی (از والد به فرزند) و انتقال افقی ژن (HGT)[2] صورت گیرد. در مورد کودهای زیستی، HGT اهمیت ویژه‌ای دارد، زیرا می‌تواند مثلاً باکتری‌های بیماری‌زا را به سویه‌های بی‌ضرر تبدیل کند. در منطقه ریشه، HGT عمدتاً از طریق پلاسمیدها اتفاق می‌افتد و حتی در میان گونه‌های باکتریایی دور از هم مانند *Escherichia coli* و *Pseudomonas putida* مشاهده شده است (Ronchel et al. 2000). انتقال پلاسمید از *Pseudomonas fluorescens* به باکتری‌های گرم منفی منجر به تسلط گونه‌های *Enterobacter* در منطقه ریشه گندم شد (Van Elsas et al. 1998). همچنین، تجزیه‌وتحلیل ژنتیکی *Azotobacter vinelandii* وجود بخش‌هایی از DNA مربوط به *Pseudomonas aeruginosa* را آشکار کرد که نشان‌دهنده انتقال ویژگی‌های بیماری‌زایی از *P. aeruginosa* به *A. vinelandii* است (Martínez-Carranza et al. 2019). این یافته‌ها نشان می‌دهند که تنها، جایگاه طبقه‌بندی باکتری‌ها نمی‌تواند مسئله ایمنی زیست‌محیطی آن‌ها را تضمین کند. درحالی‌که در جنس‌هایی مانند *Azotobacter*، *Azospirillum* و *Rhizobium* عامل بیماری‌زایی شناسایی نشده است، اما خطرات ناشی از آزادسازی آن‌ها در محیط‌زیست اگرچه به نظر سخت‌گیرانه می‌آید ولی قابل چشم‌پوشی هم نیست.

به نظر، تأثیرات کوتاه‌مدت کودهای زیستی بر تنوع میکروبی ناشی از معرفی ریزجانداران جدید غیرقابل‌اجتناب باشد اما سؤال اساسی‌تری این است که آیا این تغییرات در بلندمدت هم ادامه خواهد داشت یا به‌مرور کاهش می‌یابند. مثلاً در مطالعاتی مشخص شده که تغییرات در ترکیب میکروبی، پس از دو سال از تلقیح هم باقی‌مانده‌اند (Sun et al. 2013). برای ارزیابی تاب‌آوری بلندمدت جوامع میکروبی بومی در برابر استفاده مکرر از کودهای زیستی، پژوهش‌های بیشتری ضروری است و این تحقیقات باید به سه سؤال کلیدی در مورد ویژگی‌های زیر پاسخ دهند:

۱. مقاومت: آیا جامعه میکروبی (میکروبیوم) خاک می‌تواند ساختار و عملکرد خود را حفظ کند؟
۲. تاب‌آوری: آیا جامعه میکروبی بومی قادر به بازگشت به وضعیت اولیه پس از اختلال است؟
۳. تطبیق‌پذیری: آیا سیستم قادر به توسعه و رسیدن به یک وضعیت پایدار و جدید است؟

۴ راهکارهایی برای کاهش اثرات منفی کودهای زیستی بر جوامع میکروبی خاک

برای کاهش اثرات منفی کودهای زیستی بر جوامع میکروبی خاک، به‌کارگیری مجموعه‌ای از راهکارهای هدفمند ضروری است. نخست، تقویت سیستم کنترل کیفیت در فرآیند تولید و پایبندی به استانداردهای سخت‌گیرانه‌تر می‌تواند نقش مهمی در تضمین خلوص محصول نهایی ایفا کند. همچنین، تدوین فرمولاسیون‌هایی که با شرایط خاص خاک و اقلیم هر منطقه سازگاری داشته باشند، به کاهش اختلالات احتمالی در توازن اکولوژیکی ریزجانداران بومی کمک خواهد کرد. بهره‌گیری از سویه‌های میکروبی بومی نیز، به‌واسطه کاهش رقابت زیستی، شانس بقا و عملکرد مناسب‌تر این کودها را بدون برهم‌زدن تعادل جوامع میکروبی موجود افزایش می‌دهد. در کنار این موارد، پایش منظم وضعیت میکروبی خاک پس از مصرف کودهای زیستی، به شناسایی تغییرات نامطلوب و مداخله به‌موقع در مدیریت آن‌ها کمک‌کننده است. نهایتاً، ایجاد و اجرای چارچوب‌های قانونی جامع، به‌ویژه در مورد، استفاده از سویه‌های اصلاح‌شده ژنتیکی، نقشی کلیدی در مهار پیامدهای احتمالی برای زیست‌بوم‌های خاک ایفا می‌کند.

[2] - Horizontal gene transfer

۵ نتیجه‌گیری

کودهای زیستی می‌توانند نقشی مؤثر و پایدار در کشاورزی ایفا کرده و وابستگی به کودهای شیمیایی را کاهش دهند. بااین‌حال، استفاده بی‌ضابطه و بدون شناخت دقیق از این محصولات ممکن است پیامدهای ناخواسته‌ای بر ساختار و کارکرد جوامع میکروبی خاک و درنتیجه، عملکرد کلی زیست‌بوم‌ها به‌جای گذارد. ازاین‌رو، ضرورت دارد که مطالعات جامع‌تری در زمینه ارزیابی اثرات بلندمدت این فرآورده‌ها، به‌ویژه بر تنوع میکروبی، پایداری زیستی و چرخه‌های اکولوژیکی، صورت گیرد. افزون بر این، توسعه راهکارهای مدیریتی مبتنی بر اصول بوم‌شناسی می‌تواند به استفاده هوشمندانه‌تر و مؤثرتر از کودهای زیستی در نظام‌های کشاورزی آینده کمک کند.

منابع

[1] Barros-Rodríguez, A., Rangseekaew, P., Lasudee, K., Pathom-aree, W., Manzanera, M., 2020. Regulatory risks associated with bacteria as biostimulants and biofertilizers in the frame of the European Regulation (EU) 2019/1009. *Science of the Total Environment*, 740, p.140239. Available at: https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140239.

[2] Fallah Nosratabad, A., Khoshru, B., 2024. Potentials and challenges of biofertilizers in sustainable agriculture. *Journal of Soil Biology*, 12(1), pp.19–63. Available at: https://doi.org/10.22092/sbj.2024.366090.265.

[3] Khosravi, H., Khoshru, B., Fallah Nosratabad, A., Mitra, D., 2024. Exploring the landscape of biofertilizers containing plant growth-promoting rhizobacteria in Iran: Progress and research prospects. *Current Research in Microbial Sciences*, 5, p.100268. Available at: https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2024.100268.

[4] Kumar, S., Diksha, S.S., Kumar, R., 2022. Biofertilizers: An ecofriendly technology for nutrient recycling and environmental sustainability. *Current Research in Microbial Sciences*, 3, p.100094. Available at: https://doi.org/10.1016/j.crmicr.2021.100094.

[5] Mar Vazquez, M., Cesar, S., Azcon, R., Barea, J.M., 2000. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and other microbial inoculants (Azospirillum, Pseudomonas, Trichoderma) and their effects on microbial population and enzyme activities in the rhizosphere of maize plants. *Applied Soil Ecology*, 15(3), pp.261–272. Available at: https://doi.org/10.1007/s00248-021-01932-3.

[6] Martínez-Carranza, E., Ponce-Soto, G.Y., Servín-González, L., Alcaraz, L.D., Soberón-Chávez, G., 2019. Evolution of bacteria seen through their essential genes: the case of Pseudomonas aeruginosa and Azotobacter vinelandii. *Microbiology*, 165(9), pp.976-984. Available at: https://doi.org/10.1099/mic.0.000833.

[7] Mawarda, P.C., Le Roux, X., Van Elsas, J.D., Salles, J.F., 2020. Deliberate introduction of invisible invaders: A critical appraisal of the impact of microbial inoculants on soil microbial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 148, p.107874. Available at: https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107874.

[8] Roy, H.E., Bacher, S., Essl, F., Adriaens, T., Aldridge, D.C., Bishop, J.D., Blackburn, T.M., Branquart, E., Brodie, J., Carboneras, C., Cottier-Cook, E.J., 2019. Developing a list of invasive alien species likely to threaten biodiversity and ecosystems in the European Union. *Global Change Biology*, 25(3), pp.1032–1048. Available at: https://doi.org/10.1111/gcb.14527.

[9] Sun, Y., Zhang, N., Wang, E.T., Yuan, H., Yang, J., Chen, W., 2013. Influence of intercropping and intercropping plus rhizobial inoculation on microbial activity and community composition in rhizosphere of alfalfa (Medicago sativa L.) and Siberian wildrye (Elymus sibiricus L.). *Molecular Microbial Ecology of the Rhizosphere*, 1, pp.211–220. Available at: https://doi.org/10.1002/9781118297674.ch20.

[10] Tagkas, C.F., Rizos, E.C., Markozannes, G., Karalexi, M.A., Wairegi, L., Ntzani, E.E., 2024. Fertilizers and human health: A systematic review of the epidemiological evidence. *Toxics*, 12(10), p.694. Available at: https://doi.org/10.3390/toxics12100694.

[11] Van Elsas, J.D., McSpadden-Gardener, B.B., Wolters, A.C., 1998. Isolation, characterization, and transfer of cryptic gene-mobilizing plasmids in the wheat rhizosphere. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(3), pp.880–889. Available at: https://doi.org/10.1128/AEM.64.3.880-889.1998.

[12] Wu, F., An, Y.Q., An, Y., Wang, X.J., Cheng, Z.Y., Zhang, Y., Hou, X., Chen, C.X., Wang, L., Bai, J.G., 2018. *Acinetobacter calcoaceticus* CSY-P13 mitigates stress of ferulic and p-hydroxybenzoic acids in cucumber by affecting antioxidant enzyme activity and soil bacterial community. *Frontiers in Microbiology*, 9, pp.1–15. Available at: https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01262.

A Brief Overview of the Environmental Impacts of Biofertilizer Application and their Role in the Dynamics of Soil Microbial Communities

Houshang Khosravi[1]

[1] Research Associate Professor, Soil and Water Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran. E-mail: hkhosravi@areeo.ac.ir

Abstract

Although chemical fertilizers have significantly increased the quantitative yields of agricultural products, they have also led to considerable environmental consequences, including soil and water pollution and potential human health hazards. In this context, biofertilizers—based on beneficial microorganisms—have emerged as sustainable and environmentally friendly alternatives. However, evidence suggests that the improper or uncontrolled use of biofertilizers may also pose risks to the ecological sustainability of soil. These risks include horizontal gene transfer and the potential transformation of non-pathogenic strains into pathogenic ones, competition between inoculated species and native populations, and disruption of the balance within soil microbial communities. Moreover, the long-term impacts of biofertilizers on nutrient cycles and soil biodiversity have not yet been thoroughly investigated. Therefore, the effective and safe utilization of biofertilizers requires the development of precise production and application standards, prioritization of native strains, continuous monitoring of microbial dynamics, and the establishment of legal frameworks grounded in scientific evidence.

Keywords: Biodiversity, Gene transfer, Microorganism.