International Journal of Biotechnology and Advanced Research

Int. J. Biotech. Adv. Res., 1(1) (2025) 35-62

A Review of Modern Biotechnologies in Improving Plant Resistance to Environmental Stresses

Kordrostami M.[1] ; Moori S.[1] ; Rahimi M.[2*]

1- Nuclear Agriculture Research School, Nuclear Science and Technology Research Institute (NSTRI), Karaj, Iran.
2- Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran.

Abstract:

The increase in the frequency and severity of environmental stresses, such as drought, salinity, high and low temperatures, and metal pollution, is one of the most critical challenges in contemporary agriculture, seriously threatening crop productivity and global food security. Traditional plant breeding methods have limitations in responding to current needs due to the complexity of resistance-related traits and their strong influence on environmental factors. In this regard, modern biotechnologies have been introduced as accurate and efficient tools to identify, modify, and enhance physiological and molecular resistance pathways in plants. Among these technologies, genome editing with systems such as CRISPR/Cas9, gene transfer and production of transgenic plants, marker-assisted selection (MAS), and omics technologies (genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics) play a prominent role in identifying genes and regulatory pathways related to stress tolerance. Also, microbial biotechnology through symbiosis with beneficial bacteria and fungi, nanotechnology with controlled release of enhancers, and induced mutagenesis with gamma rays and plasma have provided new perspectives for improving plant adaptation to adverse conditions. Despite these advances, challenges such as high cost, the need for specialized infrastructure, legal issues, and social acceptance still hinder the widespread application of these technologies on a commercial scale. Ultimately, the convergence of biotechnology with artificial intelligence and bioinformatics systems can pave the way for the development of intelligent and climate-adapted plants of the future.

Review History:
Received: 9/3/2025
Revised: 9/29/2025
Accepted: 10/19/ 2025
Available Online: 10/22/2025

Keywords:
Modern biotechnology
Plant resistance
Environmental stress
Genome editing
Omics
Nanotechnology
Mutagenesis.

How To Cite This Article:
Kordrostami, M., Moori, S., & Rahimi, M. (2025) A Review of Modern Biotechnologies in Improving Plant Resistance to Environmental Stresses. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 35-62

*Corresponding author's email: me.rahimi@kgut.ac.ir

نشریه بین‌المللی بیوتکنولوژی و پژوهش‌های پیشرفته

نشریه بین‌المللی بیوتکنولوژی و پژوهش‌های پیشرفته، دوره ۱، شماره ۱، سال ۱۴۰۴، صفحات ۳۵-۶۲

INJBR
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY AND ADVANCED RESEARCH

مروری بر فناوری‌های نوین زیستی در بهبود مقاومت گیاهان به تنش‌های محیطی

مجتبی کردرستمی[۱]، سعید موری[۱] و مهدی رحیمی[۲*]

۱- پژوهشکده کشاورزی هسته‌ای، پژوهشگاه علوم و فنون هسته‌ای، کرج، ایران

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

چکیده:

افزایش فراوانی و شدت تنش‌های محیطی نظیر خشکی، شوری، دماهای بالا و پایین، و آلودگی‌های فلزی، یکی از مهم‌ترین چالش‌های کشاورزی معاصر است که بهره‌وری گیاهان زراعی و امنیت غذایی جهانی را به‌طور جدی تهدید می‌کند. روش‌های سنتی به‌نژادی گیاهی به‌دلیل پیچیدگی صفات مربوط به مقاومت و تأثیرپذیری شدید آن‌ها از عوامل محیطی، در پاسخ‌گویی به نیازهای کنونی محدودیت دارند. در این راستا، فناوری‌های نوین زیستی به‌عنوان ابزارهایی دقیق و کارآمد برای شناسایی، اصلاح و تقویت مسیرهای فیزیولوژیکی و مولکولی مقاومت در گیاهان معرفی شده‌اند. در میان این فناوری‌ها، ویرایش ژنوم با سامانه‌هایی نظیر CRISPR/Cas9، انتقال ژن و تولید گیاهان تراریخته، انتخاب به‌کمک نشانگر (MAS)، و فناوری‌های اُمیکس (ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس) نقش برجسته‌ای در شناسایی ژن‌ها و مسیرهای تنظیمی مرتبط با تحمل تنش ایفا می‌کنند. همچنین، بیوتکنولوژی میکروبی از طریق همزیستی با باکتری‌ها و قارچ‌های مفید، نانوفناوری با رهایش کنترل‌شده ترکیبات تقویتی، و جهش‌زایی القایی با پرتوهای گاما و پلاسما، چشم‌اندازهای نوینی برای بهبود سازگاری گیاهان در شرایط نامساعد فراهم ساخته‌اند. با وجود این پیشرفت‌ها، چالش‌هایی همچون هزینه بالا، نیاز به زیرساخت‌های تخصصی، مسائل قانونی و پذیرش اجتماعی همچنان مانع از کاربرد گسترده این فناوری‌ها در مقیاس تجاری است. در نهایت، هم‌گرایی فناوری‌های زیستی با سامانه‌های هوش مصنوعی و بیوانفورماتیک، می‌تواند مسیر توسعه گیاهان هوشمند و سازگار با اقلیم آینده را هموار سازد.

تاریخچه داوری:

دریافت: ۱۲ شهریور ۱۴۰۴

بازنگری: ۷ مهر ۱۴۰۴

پذیرش:۲۷ مهر ۱۴۰۴

ارائه آنلاین: ۳۰ مهر ۱۴۰۴

کلمات کلیدی:

بیوتکنولوژی نوین

مقاومت گیاه

تنش محیطی

ویرایش ژنوم

اُمیکس

نانوفناوری

جهش‌زایی.

برای ارجاع به این مقاله از عبارت زیر استفاده کنید:

Kordrostami, M., Moori, S., & Rahimi, M. (2025) A Review of Modern Biotechnologies in Improving Plant Resistance to Environmental Stresses. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 35-62 (In Persian)

مقدمه

اهمیت مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی

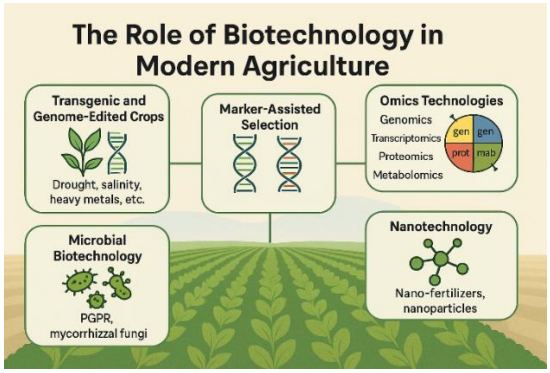
رشد و تولید گیاهان زراعی به‌شدت تحت تأثیر شرایط محیطی قرار دارد و هرگونه نوسان در عوامل اقلیمی می‌تواند بر عملکرد، کیفیت و پایداری تولید تأثیرگذار باشد (Liliane and Charles, 2020). در دهه‌های اخیر، تغییرات اقلیمی و فعالیت‌های انسانی موجب افزایش بروز و شدت تنش‌های محیطی مانند خشکی، شوری، دماهای حدی، آلودگی فلزات سنگین و تشعشعات مضر شده است (Jha and Dev, 2024). این تنش‌ها با اختلال در فرآیندهای فیزیولوژیکی از جمله فتوسنتز، تعادل یونی، جذب آب و مواد مغذی، فعالیت آنزیمی و سنتز ترکیبات زیستی، موجب کاهش رشد و عملکرد گیاهان می‌شوند (Hallajian et al., 2024). برآوردها نشان می‌دهد که تنش‌های غیرزیستی می‌توانند تا بیش از ۵۰ درصد از پتانسیل عملکرد محصولات زراعی را کاهش دهند و در برخی مناطق خشک و نیمه‌خشک، حتی موجب از بین رفتن کامل محصول شوند (Nazari et al., 2023). اهمیت این مسئله زمانی دوچندان می‌شود که رشد جمعیت جهانی و نیاز روزافزون به غذا، فشار زیادی بر سیستم‌های تولیدی

* نویسنده عهدار مکاتبات: me.rahimi@kgut.ac.ir

وارد کرده و ضرورت افزایش پایداری و بهره‌وری را مطرح می‌سازد (Hoque et al., 2020). در چنین شرایطی، ارتقای مقاومت گیاهان به‌عنوان یکی از مؤثرترین راهکارها برای تضمین امنیت غذایی، استفاده پایدار از منابع و سازگاری با تغییرات اقلیمی شناخته می‌شود (Rahımı et al., 2017). گیاهان مقاوم قادرند در شرایط نامساعد فیزیولوژیکی، تعادل اسمزی خود را حفظ کرده، ترکیبات محافظتی مانند پرولین، آنتی‌اکسیدان‌ها و آنزیم‌های دفاعی تولید کنند و با تنظیم مسیرهای هورمونی و ژنی، اثرات منفی تنش را کاهش دهند (Kordrostami et al., 2019). از سوی دیگر، در بسیاری از مناطق خشک و شور جهان از جمله ایران، بخش عمده‌ای از اراضی کشاورزی با محدودیت‌های شدید آبی، شوری خاک و گرمای بیش از حد مواجه‌اند (Rahimi et al., 2019). لذا شناسایی و به‌کارگیری مکانیزم‌های مقاومت طبیعی و توسعه گیاهان زراعی مقاوم، نه‌تنها یک ضرورت زیست‌محیطی، بلکه یک الزام اقتصادی و راهبردی برای پایداری تولید است (Hallajian et al., 2024). در این میان، فناوری‌های نوین زیستی فرصتی کم‌نظیر برای درک عمیق‌تر مسیرهای مولکولی و فیزیولوژیکی مقاومت و به‌کارگیری آن‌ها در برنامه‌های اصلاح نباتات فراهم آورده‌اند. بنابراین، تقویت مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی، محور اصلی تحقیقات نوین در کشاورزی پایدار و تولید هوشمند به‌شمار می‌آید (Ghasemi-Soloklui et al., 2023).

نقش فناوری‌های زیستی در کشاورزی نوین

در دهه‌های اخیر، کشاورزی با چالش‌های متعددی همچون افزایش جمعیت جهانی، کاهش منابع طبیعی، تغییرات اقلیمی، گسترش تنش‌های زیستی و غیرزیستی و نیاز به تولید پایدار و باکیفیت روبه‌رو شده است (Kordrostami et al., 2016). در این میان، فناوری‌های زیستی به‌عنوان یکی از ارکان اصلی کشاورزی نوین، ابزارهایی کارآمد برای درک، اصلاح و بهبود کارکردهای زیستی گیاهان فراهم کرده‌اند (شکل ۱). این فناوری‌ها با بهره‌گیری از علوم مولکولی، ژنتیک، سلولی و سیستم‌های اُمیکس، امکان شناسایی ژن‌ها و مسیرهای تنظیمی کلیدی را فراهم می‌کنند که نقش مستقیم در مقاومت به تنش، بهره‌وری منابع و کیفیت محصول دارند (Priyatham et al., 2025).



شکل ۱- نقش نوآوری‌های زیست‌فناورانه نوین در کشاورزی پایدار، شامل فناوری‌های کلیدی مانند مهندسی ژنتیک (گیاهان تراریخته و ویرایش‌شده ژنی)، انتخاب به‌کمک نشانگرهای مولکولی (MAS)، فناوری‌های اُمیکس (ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس، متابولومیکس)، بیوتکنولوژی میکروبی (باکتری های محرک رشد گیاه و قارچ‌های مایکوریزا) و نانوفناوری برای رهایش کنترل‌شده مواد مغذی و افزایش تحمل به تنش‌های محیطی..

یکی از مهم‌ترین دستاوردهای بیوتکنولوژی در کشاورزی، توسعه گیاهان تراریخته و ویرایش‌شده ژنی است که به‌واسطه بیان ژن‌های خاص یا اصلاح هدفمند ژنوم، توانایی تحمل تنش‌هایی نظیر خشکی، شوری، گرما و آلودگی فلزات سنگین را کسب کرده‌اند (Ahmad et al., 2024). از سوی دیگر، انتخاب به‌کمک نشانگرهای مولکولی (MAS)به اصلاح‌گران امکان داده است تا صفات پیچیده مرتبط با مقاومت را با دقت و سرعت بالاتر شناسایی و در برنامه‌های به‌نژادی به‌کار گیرند (Gao and Li, 2025). همچنین، فناوری‌های ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس ابزارهایی ارزشمند برای درک جامع از پاسخ‌های گیاهان در سطح مولکولی و شناسایی نشانگرهای زیستی مرتبط با تحمل تنش فراهم کرده‌اند (Satrio et al., 2024). در کنار فناوری‌های مولکولی، بیوتکنولوژی میکروبی با استفاده از میکروارگانیسم‌های مفید نظیر باکتری‌های محرک رشد گیاه (PGPR) و قارچ‌های مایکوریزا، به‌عنوان یک راهکار زیست‌پایه در افزایش تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی و بهبود جذب

آب و مواد غذایی مطرح شده است (Sun and Shahrajabian, 2023). همچنین، نانوفناوری با طراحی نانوکودها و نانوذرات فعال، امکان رهایش کنترل‌شده مواد مغذی و تنظیم‌کننده‌های رشد را برای افزایش کارایی و کاهش اثرات منفی تنش‌ها فراهم می‌کند (Fatima et al., 2021).

با توجه به افزایش روزافزون تنش‌های محیطی ناشی از تغییرات اقلیمی، کمبود منابع آب، شوری خاک، افزایش دما و آلودگی‌های زیست‌محیطی، حفظ پایداری تولیدات کشاورزی و افزایش مقاومت گیاهان به شرایط نامساعد، به یکی از مهم‌ترین اولویت‌های پژوهشی در سطح جهانی تبدیل شده است (Muhammad et al., 2024). در حالی‌که روش‌های سنتی اصلاح نباتات در بهبود مقاومت گیاهان تا حدودی مؤثر بوده‌اند، اما محدودیت‌هایی نظیر زمان‌بر بودن، وابستگی به تنوع ژنتیکی محدود و عدم دقت در شناسایی ژن‌های مؤثر، ضرورت بهره‌گیری از فناوری‌های زیستی نوین را بیش از پیش آشکار ساخته است (Gaba et al., 2021). هدف این مقاله، ارائه یک مرور جامع و نظام‌مند از آخرین فناوری‌های زیستی نوین مورد استفاده در بهبود مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی است. این مرور شامل بررسی فناوری‌های ویرایش ژنوم (CRISPR/Cas9، TALEN، ZFN)، انتقال ژن و تولید گیاهان تراریخته، انتخاب به‌کمک نشانگرهای مولکولی (MAS)، فناوری‌های اُمیکس (ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس)، بیوتکنولوژی میکروبی، نانوفناوری و روش‌های جهش‌زایی و پلاسما است. افزون بر این، مقاله حاضر به بررسی مزایا، چالش‌ها، محدودیت‌ها و چشم‌انداز آینده در به‌کارگیری این فناوری‌ها در برنامه‌های اصلاحی و کاربردهای عملی می‌پردازد. این مطالعه با هدف شناسایی مسیرهای نوین و کارآمد برای بهبود سازگاری گیاهان زراعی با تغییرات اقلیمی، افزایش پایداری تولیدات کشاورزی، و تبیین نقش بیوتکنولوژی در کشاورزی مدرن و هوشمند انجام شده است تا به‌عنوان مرجعی برای پژوهشگران، اصلاح‌گران و تصمیم‌گیران حوزه کشاورزی پایدار مورد استفاده قرار گیرد.

تنش‌های محیطی مؤثر بر گیاهان

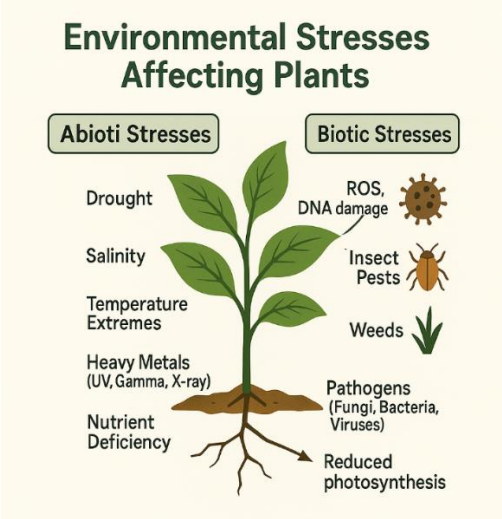
گیاهان به‌عنوان موجودات ثابت و وابسته به محیط، همواره در معرض مجموعه‌ای از عوامل نامطلوب محیطی قرار دارند که رشد، نمو، عملکرد و بقاء آن‌ها را تحت تأثیر قرار می‌دهد (Mareri et al., 2022). این عوامل که تحت عنوان تنش‌های محیطی[1] شناخته می‌شوند (شکل ۲)، به دو گروه اصلی تنش‌های غیرزیستی و تنش‌های زیستی تقسیم می‌شوند (Gull et al., 2019). شدت و تداوم این تنش‌ها می‌تواند منجر به کاهش قابل‌توجه عملکرد محصولات کشاورزی، افت کیفیت، و حتی مرگ سلولی و نابودی گیاه گردد (Kumari et al., 2022). شناخت ماهیت این تنش‌ها و سازوکارهای دفاعی گیاه در برابر آن‌ها، نخستین گام در طراحی راهکارهای بیوتکنولوژیک برای بهبود مقاومت محسوب می‌شود.

تنش‌های غیرزیستی

تنش‌های غیرزیستی مجموعه‌ای از عوامل فیزیکی و شیمیایی هستند که از محیط پیرامون منشأ می‌گیرند و مستقیماً فرآیندهای فیزیولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی گیاه را تحت تأثیر قرار می‌دهند (Saharan et al., 2022). از مهم‌ترین آن‌ها می‌توان به تنش خشکی اشاره کرد که با کاهش پتانسیل آب، اختلال در جذب عناصر غذایی، کاهش فتوسنتز و تسریع پیری برگ‌ها، رشد گیاه را محدود می‌سازد (Seleiman et al., 2021). تنش شوری نیز با افزایش غلظت نمک‌های محلول و ایجاد برهم‌خوردگی در تعادل یونی و سمیت یون‌های سدیم و کلر، موجب کاهش جذب آب و آسیب به غشاهای سلولی می‌شود (Hameed et al., 2021). تنش دمایی، چه در اثر گرمای شدید و چه سرمای مفرط، باعث دناتوره شدن پروتئین‌ها، اختلال در فتوسنتز، تولید گونه‌های فعال اکسیژن و کاهش سیالیت غشاها می‌گردد (Srivastava et al. 2023). همچنین، فلزات سنگین مانند کادمیوم، سرب و جیوه با تجمع در بافت‌ها، تولید گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) را افزایش

[1] Environmental Stresses

داده و به DNA، پروتئین‌ها و لیپیدها آسیب می‌زنند (Balali-Mood et al., 2021). در کنار آن، تابش‌های فرابنفش و یونیزان نظیر گاما و X می‌توانند موجب شکست‌های DNA و اختلال در تعادل فیزیولوژیکی گیاه شوند (Ali et al., 2015). علاوه بر این، کمبود عناصر غذایی نظیر نیتروژن، فسفر، پتاسیم و ریزمغذی‌هایی مانند روی و آهن، تعادل متابولیکی گیاه را برهم می‌زند و کارایی آنزیم‌ها و مسیرهای زیستی را کاهش می‌دهد (Kumar et al., 2021). این تنش‌ها اغلب به‌صورت هم‌زمان رخ می‌دهند و اثرات هم‌افزای آن‌ها پاسخ گیاه را پیچیده‌تر کرده و نیازمند رویکردهای تلفیقی برای مدیریت و افزایش مقاومت گیاهان است.



شکل ۲- نمودار شماتیک تنش‌های محیطی مؤثر بر گیاهان.

تنش‌های زیستی

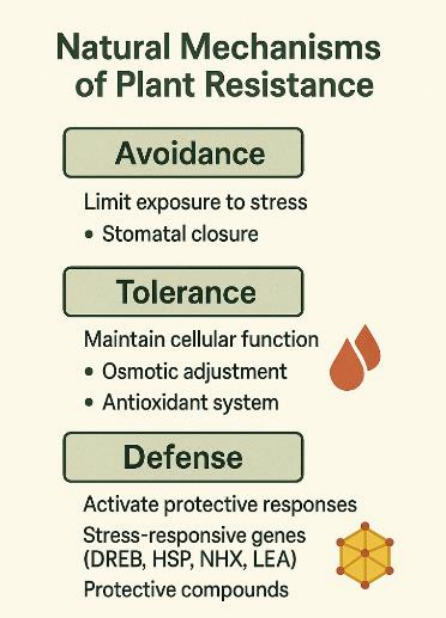
تنش‌های زیستی از تعامل گیاه با موجودات زنده محیط ناشی می‌شوند و می‌توانند از طریق ایجاد آسیب مستقیم یا غیرمستقیم، رشد و عملکرد گیاه را به‌شدت تحت تأثیر قرار دهند (Hashem et al., 2019). آفات و حشرات گیاه‌خوار با تغذیه از برگ‌ها، ساقه‌ها و سایر اندام‌های گیاه، سطح فتوسنتزی را کاهش داده، موجب زخم‌های فیزیکی و انتقال عوامل بیماری‌زا نظیر ویروس‌ها می‌شوند و در نهایت رشد و نمو گیاه را مختل می‌کنند (Demis, 2024). بیماری‌های قارچی، باکتریایی و ویروسی نیز از طریق نفوذ به بافت‌های گیاهی، تجزیه دیواره سلولی، اختلال در مسیرهای متابولیکی، و القای پاسخ‌های دفاعی، سبب کاهش شدید عملکرد، زوال فیزیولوژیکی و افت کیفیت محصول می‌گردند (Ray, 2024). علاوه بر این، علف‌های هرز با رقابت شدید برای جذب منابع حیاتی مانند آب، نور و عناصر غذایی، و نیز از طریق ترشح ترکیبات آللوپاتیک بازدارنده، رشد گیاهان زراعی را سرکوب می‌کنند (Singh et al., 2003). بروز هم‌زمان این تنش‌ها می‌تواند اثرات هم‌افزایی نامطلوبی بر گیاه داشته باشد. بنابراین، مدیریت مؤثر تنش‌های زیستی مستلزم درک عمیق از سازوکارهای دفاعی مولکولی و فیزیولوژیکی گیاه و بهره‌گیری از فناوری‌های زیستی نوین همچون شناسایی ژن‌های مقاومت، ویرایش ژنوم، و استفاده از میکروارگانیسم‌های مفید برای افزایش مقاومت ژنتیکی و تقویت سامانه‌های دفاعی گیاه است.

سازوکارهای طبیعی مقاومت گیاهان

گیاهان برای بقاء و حفظ عملکرد خود در شرایط نامساعد محیطی، مجموعه‌ای از راهبردهای فیزیولوژیکی، بیوشیمیایی و مولکولی را در سه سطح اجتناب[2]، تحمل[3] و دفاع فعال[4] به‌کار می‌گیرند (شکل ۳) تا آثار مخرب تنش‌ها را کاهش دهند (Wu et al., 2024). در راهبرد اجتناب، گیاه با تنظیم رشد، توسعه ریشه، بستن روزنه‌ها یا تغییر در چرخه فنولوژیکی، تماس مستقیم با تنش را محدود می‌کند (Grossman, 2023). در سطح تحمل، سازوکارهایی برای حفظ تعادل سلولی و ادامه فعالیت‌های حیاتی فعال می‌شوند. از مهم‌ترین این سازوکارها می‌توان به تنظیم اسمزی اشاره کرد که از طریق تجمع اسمولیت‌های سازگار مانند پرولین، بتائین و قندهای محلول، تعادل آب سلولی را حفظ کرده و از آسیب ناشی از کاهش پتانسیل آب جلوگیری می‌کند (Zhang et al., 2020). همچنین، فعال‌سازی سیستم‌های آنتی‌اکسیدانی شامل آنزیم‌هایی نظیر سوپراکسید دیس‌موتاز (SOD)، کاتالاز (CAT) و پراکسیداز (POD) موجب حذف گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) و کاهش آسیب اکسیداتیو می‌شود (Ighodaro et al., 2018). در سطح مولکولی، تغییر در بیان ژن‌ها از طریق

[2] Avoidance
[3] Tolerance
[4] Defense

فعال‌سازی ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش مانند *DREB*، *HSP*، *NHX* و *LEA* نقش مهمی در تعدیل پاسخ‌های سلولی ایفا می‌کند (Jan et al., 2017). علاوه بر این، گیاهان با تولید ترکیبات محافظتی نظیر فلاونوئیدها، پلی‌فنول‌ها و متابولیت‌های ثانویه، از غشاها و پروتئین‌های سلولی در برابر تخریب محافظت می‌کنند (Ahanger et al., 2019). نهایتاً، تنظیم مسیرهای هورمونی شامل اسید آبسیزیک (ABA)، اتیلن، جیبرلین و اسید سالیسیلیک به‌عنوان مولکول‌های سیگنال‌دهنده، شبکه‌ای از پاسخ‌های دفاعی و سازگاری را در گیاه هماهنگ می‌سازد (Singh et al., 2023). این راهبردها در مجموع به گیاه امکان می‌دهند تا ضمن سازگاری با محیط، اثرات تنش را به حداقل رسانده و بقای خود را تضمین کند.



شـــکل ۳- ســـازوکارهای طبیعی مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی.

فناوری‌های زیستی نوین در بهبود مقاومت گیاهان

ویرایش ژنوم

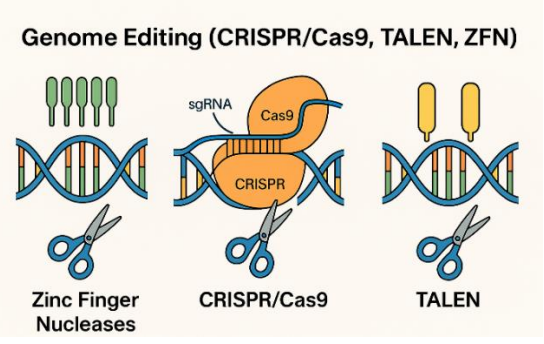
فناوری‌های ویرایش ژنوم، ابزاری پیشرفته برای ایجاد تغییرات دقیق و هدفمند در توالی DNA گیاهان فراهم کرده‌اند و انقلابی در اصلاح صفات پیچیده مانند مقاومت به تنش‌های محیطی ایجاد نموده‌اند (Kumar et al., 2024). سه سامانه اصلی در این حوزه شامل ZFN[5]، TALEN[6] و CRISPR/Cas9[7] هستند (شکل ۴) (Shamshirgaran et al., 2022). سامانه‌های ZFN و TALEN با استفاده از پروتئین‌های طراحی‌شده برای شناسایی توالی‌های خاص DNA و القای شکست دو رشته‌ای عمل می‌کنند، در حالی‌که CRISPR/Cas9 با بهره‌گیری از RNA راهنما (sgRNA)و آنزیم Cas9، ناحیه هدف را با دقت و کارایی بالا شناسایی و برش می‌دهد (Zhang et al., 2019a). مزیت اصلی CRISPR نسبت به سامانه‌های قدیمی‌تر، سادگی طراحی، هزینه پایین، سرعت بالا و قابلیت چندگانه‌ویرایش[8] است (Zhang et al., 2019b). در مقایسه با فناوری‌های تراریخته سنتی که نیازمند درج ژن‌های بیگانه هستند، ویرایش ژن امکان اصلاح بدون درج DNAخارجی[9] را فراهم می‌کند که نگرانی‌های اخلاقی را کاهش می‌دهد (Khan, 2019). افزون بر این، این فناوری می‌تواند برای خاموش‌سازی ژن‌های منفی‌تنظیم‌گر یا فعال‌سازی مسیرهای مطلوب، در کنار برنامه‌های اصلاح کلاسیک، به‌کار گرفته شود (Rachappanavar, 2025). امروزه ویرایش ژنوم، به‌عنوان ابزاری کارآمد در برنامه‌های به‌نژادی دقیق[10] به‌کار می‌رود و زمینه‌ساز توسعه گیاهانی مقاوم به شرایط سخت اقلیمی است (Nerkar et al., 2022).

فناوری ویرایش ژنوم، به‌ویژه سامانه CRISPR/Cas9، در سال‌های اخیر به‌عنوان ابزاری تحول‌آفرین برای بهبود مقاومت گیاهان نسبت به تنش‌های غیرزیستی از جمله خشکی، شوری، گرما و سرما به‌کار گرفته شده است (Erdoğan et al., 2023). در تنش خشکی، ویرایش ژن‌های مرتبط با مسیرهای سیگنال‌دهی آبسیزیک اسید (ABA)، عوامل رونویسی *DREB/CBF*، و آنزیم‌های تنظیم‌کننده تعادل اسمزی مانند P5CS، موجب افزایش تجمع اسمولیت‌هایی چون پرولین و حفظ پتانسیل آب

[5] Zinc Finger Nucleases
[6] Transcription activator-like effector nucleases
[7] Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats

[8] Multiplexing
[9] Transgene-free
[10] Precision Breeding

سلولی شده است (Kaya, 2025). در برنج، حذف ژن *OsPYL9*منجر به بهبود پاسخ‌های وابسته به ABA و افزایش کارایی مصرف آب گردیده است (Usman, 2020). در تنش شوری، هدف‌گیری ژن‌های تنظیم‌کننده تعادل یونی مانند *HKT*، *NHX* و *SOS1* باعث کاهش تجمع سدیم در بافت‌های حساس و حفظ نسبت K^+/Na^+ شده است (Calzone et al., 2021). به‌عنوان نمونه، حذف ژن *OsRR22*در برنج موجب افزایش تحمل شوری از طریق تنظیم بهتر مسیرهای سیگنال‌دهی سیتوکینین و یون‌ها شده است (Nongpiur et al., 2024). در تنش گرما، ویرایش ژن‌های منفی‌تنظیم‌گر مسیرهای دفاعی و فعال‌سازی فاکتورهای رونویسی *HsfA1* و ژن‌های چپرونی مانند *HSP70*، به پایداری ساختار پروتئین‌ها و حفظ فتوسنتز کمک کرده است (Kumar et al., 2021b). در گوجه‌فرنگی، حذف ژن *SlMAPK3* سبب بهبود پاسخ آنتی‌اکسیدانی و کاهش آسیب اکسیداتیو در گرمای بالا گردیده است (Yu et al., 2019). در تنش سرما، ویرایش ژن‌های تنظیمی مسیر CBF-COR و فعال‌سازی ژن‌های تحمل به تنش سرما مانند *OsbZIP73* در برنج و *TaCBF1* در گندم موجب افزایش تجمع قندهای محلول، حفظ سیالیت غشا و کاهش آسیب ناشی از یخزدگی شده است (Shahzad et al., 2024). این مطالعات نشان می‌دهد ویرایش ژنوم با حذف یا فعال‌سازی هدفمند ژن‌های کلیدی، راهبردی دقیق و کارآمد برای بهبود مقاومت گیاهان به تنش‌های متنوع محیطی فراهم می‌سازد و می‌تواند مکملی ارزشمند برای روش‌های کلاسیک اصلاح نباتات باشد.



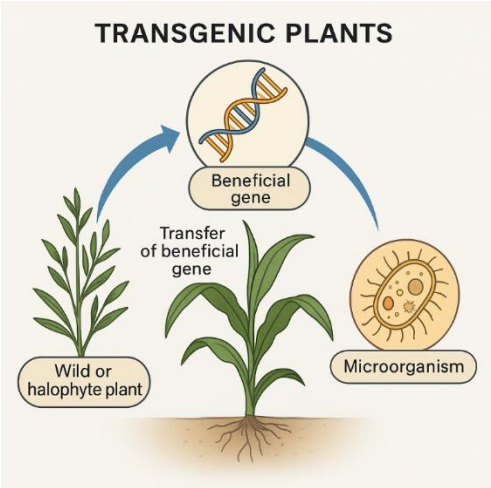
شکل ۴- مقایسه سامانه‌های مختلف ویرایش ژنوم در گیاهان.

کاربرد فناوری ویرایش ژنوم در گونه‌های زراعی مهم، به‌ویژه برنج، گندم، ذرت و گوجه‌فرنگی، دستاوردهای قابل‌توجهی در بهبود مقاومت به تنش‌های غیرزیستی به همراه داشته است (Yadav et al., 2023). در برنج (*Oryza sativa*)، سامانه CRISPR/Cas9 برای هدف‌گیری ژن‌های *sSAPK2* و *OsPYL9* در مسیر سیگنال‌دهی آبسیزیک اسید به‌کار گرفته شده و منجر به افزایش مقاومت به خشکی از طریق بهبود کارایی مصرف آب و حفظ محتوای نسبی آب برگ شده است (Usman et al., 2020). همچنین، حذف ژن *OsRR22* باعث بهبود تحمل شوری از طریق تنظیم تعادل یونی و کاهش جذب سدیم گردید (Zhang et al., 2019c). در مطالعه‌ای دیگر، ویرایش ژن *OsDST* سبب بهبود فتوسنتز و افزایش عملکرد در شرایط خشکی شد (Santosh Kumar et al., 2020). در گندم (*Triticum aestivum*)، ویرایش ژن *TaDREB2*و *TaCBF1* با افزایش بیان فاکتورهای رونویسی پاسخ‌دهنده به تنش، مقاومت به خشکی و سرما را تقویت کرده است (Gaponenko et al., 2018). حذف ژن‌های منفی‌تنظیم‌گر مسیر ABA نظیر *TaABI5* نیز موجب افزایش بقای گیاه در شرایط کم‌آبی گردیده است (Zhang et al., 2023). در ذرت (*Zea mays*)، هدف‌گیری ژن *ZmARGOS8* باعث بهبود تنظیم پاسخ‌های اتیلن و افزایش تحمل خشکی بدون اثر منفی بر عملکرد شده است (Shi et al., 2015). همچنین، ویرایش ژن *ZmSPL13* منجر به بهبود توسعه ریشه و جذب آب در شرایط تنش گردید (Zhang et al., 2020b). در گوجه‌فرنگی (*Solanum lycopersicum*)، حذف ژن‌های *SlMAPK3* و *SlJAZ2* مقاومت گیاه را در برابر گرما و شوری از طریق کاهش تنش اکسیداتیو و تقویت مسیرهای آنتی‌اکسیدانی افزایش داده است (Shu et al., 2022). افزون بر این، ویرایش ژن *SlCBF1* باعث ارتقای مقاومت به سرمای شدید از طریق تنظیم مسیر CBF-CORگردید (Tang et al., 2020). این مطالعات نشان می‌دهد فناوری CRISPR/Cas9 با دقت بالا و امکان چندگانه‌ویرایش، ابزار مؤثری برای اصلاح ژن‌های کلیدی مرتبط با مقاومت در گیاهان زراعی مهم است و می‌تواند در

توسعه واریته‌های سازگار با تغییرات اقلیمی نقشی اساسی ایفا کند.

انتقال ژن و گیاهان تراریخته

تراریختی ژنی[11] یکی از نخستین و پرکاربردترین رویکردهای بیوتکنولوژیک برای بهبود مقاومت گیاهان به تنش‌های غیرزیستی است (شکل ۵) که بر پایه درج و بیان ژن‌های سودمند از منابع خارجی مانند گونه‌های وحشی، هالوفیت‌ها و میکروارگانیسم‌ها در ژنوم گیاهان زراعی استوار است (Marco et al., 2015). این ژن‌ها اغلب در مسیرهای تنظیمی مرتبط با تعادل یونی، تجمع اسمولیت‌ها، آنتی‌اکسیدان‌ها و سیگنال‌دهی هورمونی نقش دارند (Singh et al., 2022). گونه‌های وحشی و هالوفیت‌ها به دلیل سازگاری طبیعی با شرایط سخت محیطی، منبع غنی از ژن‌های مقاومت محسوب می‌شوند (Grigore et al., 2023). برای مثال، انتقال ژن *HVA1* از جو هالوفیت به برنج، سبب بهبود مقاومت به خشکی و شوری از طریق افزایش پایداری غشاها و حفظ آب سلولی شده است (Rohila et al., 2002). همچنین، بیان ژن *NHX1* از گیاهان شورپسند در گوجه‌فرنگی و پنبه، با افزایش ذخیره‌سازی یون سدیم در واکوئل و تنظیم تعادل یونی، تحمل شوری را به‌طور قابل‌توجهی افزایش داده است (Mansour, 2023). از سوی دیگر، میکروارگانیسم‌ها نیز منبع ارزشمندی از ژن‌های محافظتی هستند. برای نمونه، بیان ژن *mtlD* از باکتری *Escherichia coli* که مسئول سنتز مانیتول است، موجب افزایش تجمع اسمولیت‌ها و بهبود مقاومت به خشکی در گیاهان مختلف از جمله تنباکو و گندم شده است (Tarczynski et al., 1992). ژن‌های دیگر مانند *codA* از *Arthrobacter globiformis*، با افزایش سنتز گلایسین بتائین، نقش مؤثری در تحمل تنش‌های اسمزی داشته‌اند (Fan et al., 2004). همچنین، بیان ژن‌های آنتی‌اکسیدانی باکتریایی نظیر *katE* و *sodA* سبب کاهش آسیب اکسیداتیو در شرایط تنش شده است (Rajendrasozhan, 2023). این رویکرد، با فراهم‌سازی امکان وارد کردن مسیرهای متابولیکی جدید یا تقویت مسیرهای بومی گیاه، ابزاری قدرتمند برای توسعه گیاهان تراریخته مقاوم به شرایط سخت اقلیمی فراهم کرده است و پایه‌گذار بسیاری از ارقام مقاوم در نسل‌های اولیه بیوتکنولوژی گیاهی بوده است.



شکل ۵- فناوری انتقال ژن و تولید گیاهان تراریخته مقاوم به تنش‌های غیرزیستی.

طی دو دهه گذشته، فناوری تولید گیاهان تراریخته به‌عنوان یکی از راهبردهای اصلی در مهندسی مقاومت به تنش‌های غیرزیستی به‌کار گرفته شده است و منجر به ایجاد گیاهانی شده که از طریق بیان ژن‌های خاص، توانایی مقابله با شرایط نامساعد محیطی را یافته‌اند (Esmaeili et al., 2022). در حوزه تنش خشکی، گیاهان تراریخته برنج، گندم و ذرت که حامل ژن‌های *DREB1A*، *HVA1* و *P5CS* هستند، توانسته‌اند با افزایش تجمع اسمولیت‌ها و تقویت مسیرهای تنظیمی وابسته به آبسیزیک اسید (ABA)، کارایی مصرف آب، پایداری غشا و حفظ فتوسنتز را در شرایط کم‌آبی افزایش دهند (Ishaku et al., 2020). در مطالعه‌ای بر روی برنج تراریخته بیان‌کننده *OsNAC10*، بهبود قابل‌توجهی در رشد ریشه و عملکرد تحت تنش خشکی گزارش شده است (Jeong et al., 2010). در زمینه تنش شوری، انتقال ژن‌های *AtNHX1*، *SOS1* و *HKT1* از گونه‌های شورپسند به گیاهانی چون گوجه‌فرنگی، تنباکو و پنبه موجب تنظیم بهتر تعادل یونی، انباشت سدیم در

[11] Transgenic Technology

واکوئل و حفظ نسبت K^+/Na^+ گردیده و رشد و عملکرد را در شرایط شور به‌طور معنی‌داری بهبود بخشیده است (Balasubramaniam et al., 2023). برای تنش گرمایی، گیاهان بیان‌کننده ژن‌های چپرونی نظیر *HSP70* و *HSP101*، پایداری پروتئین‌ها و فعالیت آنزیم‌ها را در دماهای بالا حفظ کرده‌اند (Sung et al., 2001). همچنین در تنش سرما، بیان ژن‌های *CBF/DREB1* در گیاهانی مانند تنباکو و گندم، افزایش تحمل به یخزدگی از طریق فعال‌سازی مسیرهای تنظیمی انجماد و تجمع قندهای محلول را سبب شده است (Jan et al., 2017).

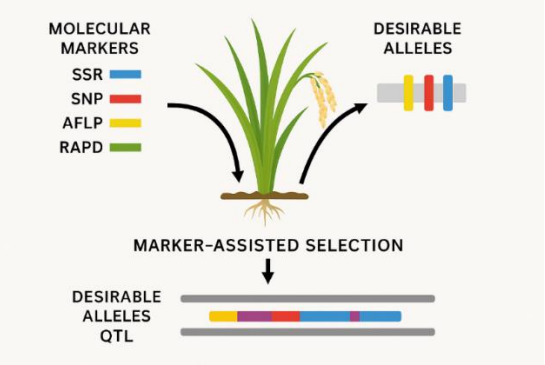
نشانگرهای مولکولی و انتخاب به‌کمک نشانگر (MAS)

نشانگرهای مولکولی ابزارهای ژنتیکی بسیار ارزشمندی هستند که امکان شناسایی و رهگیری الل‌ها و ژن‌های مرتبط با صفات پیچیده مانند مقاومت به تنش‌های غیرزیستی را در مراحل اولیه رشد گیاه فراهم می‌سازند (شکل ۶) (Younis et al., 2020). این نشانگرها، بر اساس تنوع ژنتیکی نظیر جهش‌های نقطه‌ای، درج و حذف یا تکرار توالی‌ها عمل کرده و مستقل از شرایط محیطی هستند؛ از این‌رو، دقت و تکرارپذیری بالایی دارند (Grover et al., 2016). در میان انواع نشانگرها، SSR[12]یا ریزماهواره‌ها به‌دلیل چندشکلی بالا، هم‌بارز بودن و سهولت استفاده، به‌طور گسترده در تحلیل پیوستگی صفات و نگاشت ژن‌های مقاومت به‌کار رفته‌اند (Ahmad et al., 2018). این نشانگرها با تکرارهای دینامیک ۲ تا ۶ نوکلئوتیدی در ژنوم پراکنده‌اند و در گونه‌هایی مانند برنج، گندم و ذرت به شناسایی QTLهای مرتبط با تحمل خشکی و شوری کمک کرده‌اند (Andleeb et al., 2020). از سوی دیگر، SNP[13] که ناشی از تغییر یک نوکلئوتید منفرد است، فراوان‌ترین نوع تنوع ژنتیکی محسوب شده و با ظهور فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید (NGS) به‌طور وسیع برای ژنوتیپ‌سازی دقیق مورد استفاده قرار گرفته است (Syvänen, 2001). SNPها با تراکم بالا و قابلیت تحلیل در سطح ژنوم کامل، ابزار اصلی در مطالعات انجمن ژنومی (GWAS) و انتخاب ژنومی (GS) محسوب می‌شوند (Mir et al., 2023). همچنین، نشانگرهای AFLP[14]و RAPD[15]به‌عنوان نسل‌های قدیمی‌تر، در غربالگری تنوع ژنتیکی و شناسایی ژنوتیپ‌های مقاوم کاربرد داشته‌اند، هرچند نسبت به SSR و SNP از دقت پایین‌تر و تکرارپذیری محدودتری برخوردارند. (Amom et al., 2017).

شناسایی مکان‌های ژنی کنترل‌کننده صفات کمی یا QTLهای[16]مرتبط با مقاومت به تنش‌های محیطی یکی از مهم‌ترین مراحل در کاربرد نشانگرهای مولکولی برای اصلاح صفات پیچیده است (Raj et al., 2022). صفاتی مانند تحمل خشکی، شوری، گرما و سرما معمولاً چندژنی، کمی و وابسته به محیط هستند؛ ازاین‌رو، شناسایی QTLهای مؤثر در کنترل آن‌ها می‌تواند مسیر توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم را تسهیل کند (Husaini, 2022). استفاده از نقشه‌های پیوستگی مبتنی بر نشانگرهای SSR وSNP، همراه با جمعیت‌های تفکیکی نظیر F_2، لاین‌های اینبرد نوترکیب (RIL) و هاپلوئیدهای دوگانه (DH)، امکان تعیین موقعیت ژن‌های مؤثر و سهم نسبی آن‌ها در تنوع فنوتیپی را فراهم می‌سازد (Singh, 2017). برای مثال، در برنج QTLهایی مانند *qDTY*1.1، *qDTY*2.2 و *qDTY*3.1 شناسایی شده‌اند که نقش مهمی در حفظ عملکرد دانه در شرایط خشکی دارند (Suresh et al., 2025). در گندم، QTLهای مرتبط با شاخص پایداری غشا، محتوای نسبی آب و کارایی مصرف آب بر روی کروموزوم‌های ۲B، ۳ A و ۵ D گزارش شده‌اند (Khanna-Chopra et al., 2020). همچنین در ذرت، QTLهای مؤثر بر نسبت K^+/Na^+، عمق ریشه و شاخص سبزینگی شناسایی شده‌اند که مقاومت به شوری و خشکی را بهبود می‌بخشند (Zhang et al., 2024). در سال‌های اخیر، با بهره‌گیری از داده‌های توالی‌یابی نسل جدید (NGS) و مطالعات درپهنای ژنوم (GWAS)، امکان شناسایی QTLهای کوچک‌اثر ولی پایدار

[12] Simple Sequence Repeat
[13] Single Nucleotide Polymorphism
[14] Amplified Fragment Length Polymorphism
[15] Random Amplified Polymorphic DNA
[16] Quantitative Trait Loci

در جمعیت‌های طبیعی فراهم شده است (D'Agostino et al., 2017). این QTLها اغلب شامل ژن‌های کلیدی نظیر *DREB*، *NHX*، *HKT*، *LEA* و *P5CS* هستند که در مسیرهای تنظیمی تنش نقش دارند (Raj et al., 2022). تجمیع اطلاعات QTLها با تحلیل‌های چندمحیطی و فناوری‌های اُمیکس، دقت انتخاب و پایداری ژنوتیپ‌های مقاوم را افزایش داده است. در نهایت، استفاده از QTLهای پایدار و با اثر افزایشی در برنامه‌های انتخاب به‌کمک نشانگر (MAS)، رویکردی کارآمد برای اصلاح گیاهان مقاوم به شرایط اقلیمی متغیر و ناپایدار به‌شمار می‌رود.



شکل ۶- نشانگرهای مولکولی و انتخاب به‌کمک نشانگر (MAS)در اصلاح گیاهان مقاوم به تنش.

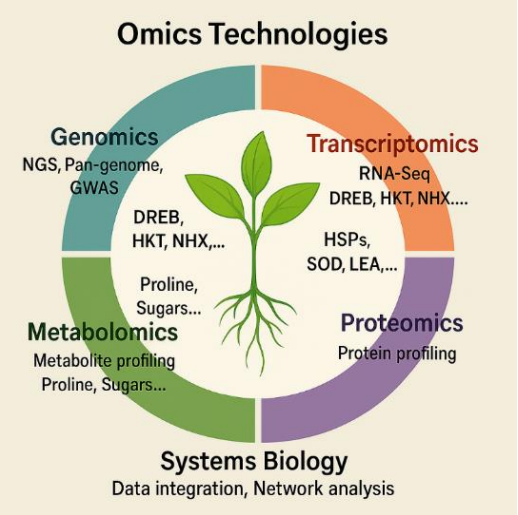
ادغام فناوری انتخاب به‌کمک نشانگر (MAS) در برنامه‌های اصلاح نباتات، یکی از تحول‌آفرین‌ترین دستاوردهای بیوتکنولوژی در به‌نژادی صفات پیچیده به‌ویژه مقاومت به تنش‌های محیطی است (Mapari et al., 2024). MAS با بهره‌گیری از نشانگرهای مولکولی پیوسته با ژن‌ها یا QTLهای مؤثر، به اصلاح‌گران این امکان را می‌دهد که انتخاب ژنوتیپ‌های برتر را بر اساس اطلاعات ژنتیکی دقیق و بدون وابستگی به فنوتیپ‌های متأثر از محیط انجام دهند (Cobb et al., 2019). این رویکرد، موجب افزایش دقت، کاهش زمان چرخه‌های انتخابی و تسریع در معرفی ارقام مقاوم می‌گردد. در برنامه‌های به‌نژادی برای تحمل خشکی و شوری، MAS برای انتخاب الل‌های مطلوب در QTLهای مرتبط با صفاتی چون عمق ریشه، کارایی مصرف آب، نسبت K^+/Na^+ و پایداری غشا به‌کار رفته است (Kumari et al., 2024). به‌عنوان نمونه، در برنج، MAS به‌طور موفق برای درج QTLهای *qDTY* به ژنوتیپ‌های پرمحصول به‌کار گرفته شد که به افزایش پایداری عملکرد در شرایط کم‌آبی منجر گردید (Suresh et al., 2025). در گندم، انتخاب ژنوتیپ‌های حامل ژن‌های *HKT1*;5 و *DREB1* از طریق نشانگرهای پیوسته، مقاومت به شوری و خشکی را بهبود داده است (Ashrafuzzaman, 2014). ادغام MAS در برنامه‌های تلاقی برگشتی[17]، به‌ویژه برای صفات کنترل‌شده توسط چند ژن، سبب تجمیع الل‌های مطلوب در پس‌زمینه ژنتیکی مطلوب شده است (Gupta et al., 2010). افزون بر این، ترکیب MAS با انتخاب ژنومی (GS) و تحلیل‌های اُمیکس، امکان پیش‌بینی دقیق عملکرد ژنوتیپ‌ها در شرایط تنش را فراهم می‌کند. با این حال، موفقیت MAS به وجود نقشه‌های پیوستگی دقیق، QTLهای پایدار در محیط‌های مختلف و دسترسی به نشانگرهای با صحت بالا وابسته است. توسعه بانک‌های ژنومی، پلتفرم‌های ژنوتیپ‌سازی سریع و داده‌کاوی بیوانفورماتیکی، ادغام مؤثر MAS در اصلاح گیاهان مقاوم به تنش را تسهیل کرده و آن را به ابزاری کلیدی در کشاورزی مدرن و پایدار تبدیل نموده است (Rajendra, 2025).

فناوری اُمیکس

ژنومیکس[18] به‌عنوان یکی از شاخه‌های بنیادین فناوری‌های اُمیکس (شکل ۷)، مطالعه جامع ساختار، عملکرد و تنوع ژنومی را امکان‌پذیر می‌سازد و ابزاری قدرتمند برای شناسایی ژن‌های کلیدی دخیل در مقاومت به تنش‌های محیطی فراهم می‌کند. با بهره‌گیری از فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید[19]، امکان دسترسی به نقشه‌های ژنومی دقیق، شناسایی و حاشیه‌نویسی ژن‌ها، و تحلیل تفاوت‌های ژنتیکی میان ژنوتیپ‌های مقاوم و حساس فراهم شده است. این رویکرد به پژوهشگران اجازه داده است تا ژن‌ها و الل‌های مؤثر در مسیرهای پاسخ به تنش‌های خشکی، شوری، گرما و سرما را شناسایی و ویژگی‌یابی کنند

[17] Marker-Assisted Backcrossing; MABC
[18] Genomics
[19] Next-Generation Sequencing; NGS

(Satrio et al., 2024). به‌عنوان مثال، مطالعات ژنومی در برنج و گندم منجر به شناسایی ژن‌های تنظیمی مهمی چون *DREB*، *HKT*، *NHX*، *LEA*، *P5CS* و *WRKY* شده است که در تنظیم تعادل یونی، حفظ پتانسیل آب، سنتز اسمولیت‌ها و کاهش استرس اکسیداتیو نقش دارند. استفاده از پان‌ژنوم[20] نیز موجب شناسایی ژن‌های اختصاصی ژنوتیپ‌های مقاوم شده و درک بهتری از تنوع ژنتیکی و سازوکارهای تطبیقی فراهم کرده است (Gahlaut et al., 2016).



شکل ۷- فناوری‌های اُمیکس و نقش آن‌ها در درک و بهبود مقاومت گیاهان به تنش‌های محیطی.

همچنین، توالی‌یابی کل ژنوم (WGS) و تحلیل SNPها در قالب مطالعات در پهنای ژنوم (GWAS)، ارتباط میان تنوع ژنتیکی و صفات مقاومت را در جمعیت‌های طبیعی آشکار نموده است (Mosquera-Rendón et al., 2023). به‌عنوان نمونه، در ذرت، ژن *ZmNAC111* به‌عنوان تنظیم‌کننده کلیدی مقاومت به خشکی شناسایی شده و در گوجه‌فرنگی، ژن *SlHKT1;2* نقش مهمی در تنظیم تعادل یونی تحت شوری دارد (Li et al., 2023). اطلاعات حاصل از ژنومیکس، مبنای طراحی راهبردهای دقیق اصلاحی از جمله ویرایش ژنوم (CRISPR/Cas9) و انتخاب ژنومی را فراهم کرده و امکان شناسایی اهداف مولکولی جدید برای افزایش تاب‌آوری گیاهان در شرایط اقلیمی متغیر را به‌وجود آورده است. در نهایت، ادغام ژنومیکس با سایر فناوری‌های اُمیکس، درک جامع و سیستماتیکی از شبکه‌های مقاومت گیاهی ارائه می‌دهد.

ترنسکریپتومیکس[21] علم مطالعه جامع پروفایل‌های بیان ژن در یک سلول یا بافت در شرایط خاص فیزیولوژیکی است و ابزار قدرتمندی برای شناسایی ژن‌های پاسخ‌دهنده به تنش‌های محیطی به‌شمار می‌رود (Evans, 2015). با استفاده از فناوری‌های پیشرفته‌ای مانند RNA-Seq[22]، پژوهشگران می‌توانند تغییرات در سطح رونویسی هزاران ژن را به‌طور هم‌زمان تحت شرایط تنش و شاهد بررسی کرده و ژن‌ها و مسیرهای مولکولی دخیل در سازگاری را شناسایی نمایند (Satrio et al., 2024). این فناوری امکان تمایز میان ژن‌های تنظیم‌کننده[23]، ساختاری[24] و پاسخ‌دهنده[25] را فراهم کرده و به درک عمیق‌تری از شبکه‌های سیگنال‌دهی، عوامل رونویسی و مسیرهای متابولیکی مرتبط با مقاومت منجر می‌شود (Vemuri et al., 2005). مطالعات ترنسکریپتومی در برنج، گندم و ذرت نشان داده‌اند که ژن‌های خانواده‌های *DREB*، *NAC*، *WRKY*، *MYB* و *bZIP* در شرایط خشکی و شوری به‌طور معنی‌داری القا می‌شوند و در تنظیم مسیرهای هورمونی (ABA، SA، ETH) و پاسخ‌های آنتی‌اکسیدانی نقش کلیدی دارند (Erpen et al., 2018). در برنج، افزایش بیان ژن *OsDREB2A* موجب فعال‌سازی مجموعه‌ای از ژن‌های پایین‌دستی مرتبط با تجمع پرولین و حفاظت غشا شده است (Dubouzet et al., 2003). در گندم، ژن‌های *TaHSPs* و *TaLEA* در پاسخ به گرما و سرما افزایش یافته و تحمل حرارتی و انجمادی گیاه را بهبود داده‌اند (Magar et al., 2024). علاوه بر این، تحلیل RNA-Seq در زمان‌بندی‌های مختلف تنش، الگوهای دینامیکی پاسخ را آشکار کرده و ژن‌های تنظیم‌شونده در مراحل اولیه و دیرهنگام را مشخص می‌سازد (Chen et al., 2016). استفاده از RNA-Seq

[20] Pan-genome
[21] Transcriptomics
[22] RNA Sequencing
[23] Regulatory
[24] Structural
[25] Responsive

تک‌سلولی (scRNA-Seq) نیز به شناسایی پاسخ‌های اختصاصی سلولی کمک کرده است. اطلاعات حاصل از ترنسکریپتومیکس نه‌تنها برای شناسایی نشانگرهای زیستی و اهداف ویرایشی ژن مفید است، بلکه مبنایی برای طراحی مدل‌های شبکه‌ای در زیست‌شناسی سامانه‌ای[۲۶] فراهم می‌سازد تا پاسخ‌های گیاه به تنش به‌صورت جامع تحلیل شود (Bawa et al., 2022).

پروتئومیکس[۲۷] و متابولومیکس[۲۸] به‌ترتیب به مطالعه جامع پروتئین‌ها و متابولیت‌های سلولی می‌پردازند و ابزارهایی کلیدی برای درک مکانیسم‌های مولکولی و بیوشیمیایی مقاومت گیاهان به تنش‌های محیطی به‌شمار می‌روند (Vo et al., 2021). از آن‌جا که تغییرات در سطح ژنوم و ترنسکریپتوم لزوماً بیانگر پاسخ واقعی سلول نیستند، بررسی مستقیم پروتئین‌ها و متابولیت‌ها، تصویری واقعی‌تر از وضعیت عملکردی گیاه در شرایط تنش ارائه می‌دهد (Zhuang et al., 2014). در شرایط خشکی و شوری، مطالعات پروتئومیکی افزایش بیان چپرون‌ها (HSPs)، آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی (SOD، CAT، POD، APX)، پروتئین‌های محافظ غشا (LEA) و آنزیم‌های سنتز اسمولیت‌ها مانند P5CS را نشان داده‌اند که نقش مهمی در حفظ پایداری سلولی دارند (Ahmad et al., 2016). در تنش حرارتی، افزایش پروتئین‌های HSP70 و HSP101 موجب جلوگیری از دناتوره شدن پروتئین‌ها و حفظ فعالیت آنزیم‌ها می‌شود (Singh et al., 2021). در سرما، پروتئومیکس افزایش پروتئین‌های مرتبط با مسیر CBF-COR و آنزیم‌های سنتز قندهای محلول را گزارش کرده است که به حفظ سیالیت غشا کمک می‌کند (Manchanda et al., 2023). از سوی دیگر، متابولومیکس به شناسایی متابولیت‌های کلیدی مانند پرولین، بتائین، قندهای محلول (ساکاروز، رافینوز)، اسیدهای آلی (مالات، سوکسینات) و ترکیبات فنولی می‌پردازد که نقش حفاظتی در برابر تنش‌های اسمزی و اکسیداتیو دارند (Anzano et al., 2022). به‌عنوان مثال، در برنج مقاوم به خشکی، تجمع بالاتر پرولین و قندهای محلول، و در گوجه‌فرنگی مقاوم به شوری، افزایش ترکیبات آنتی‌اکسیدانی مشاهده شده است (Urmi et al., 2023; Al Hassan et al., 2015). ترکیب داده‌های پروتئومیکی و متابولومیکی با ترنسکریپتومیکس، شبکه‌ای از مسیرهای تنظیمی و متابولیکی را آشکار می‌سازد که به سازگاری گیاه در شرایط تنش کمک می‌کنند. این اطلاعات نه‌تنها برای شناسایی نشانگرهای زیستی[۲۹] بلکه برای انتخاب اهداف مولکولی در ویرایش ژن و اصلاح دقیق گیاهان مقاوم نیز کاربردی است. در نهایت، ادغام این فناوری‌ها تصویری جامع از پاسخ‌های پیچیده گیاه به تنش‌های محیطی فراهم می‌کند (Zheng et al., 2022).

با گسترش فناوری‌های اُمیکس، حجم عظیمی از داده‌های ژنومی، ترنسکریپتومی، پروتئومیکی و متابولومیکی تولید شده است که هر یک لایه‌ای از پاسخ گیاه به تنش‌های محیطی را توصیف می‌کنند (Roychowdhury et al., 2023). با این حال، درک جامع از سازوکارهای مقاومت نیازمند یکپارچه‌سازی داده‌ها[۳۰] و تحلیل آن‌ها در چارچوب زیست‌شناسی سامانه‌ای است (Francine, 2022). این رویکرد، به‌جای تمرکز بر ژن‌ها یا مسیرهای منفرد، شبکه‌های پیچیده تنظیمی، برهم‌کنش‌های ژن–پروتئین–متابولیت و مسیرهای سیگنال‌دهی را در مقیاس کل‌سامانه‌ای تحلیل می‌کند (Sweetlove et al., 2005). در چارچوب این مدل، داده‌های ژنومیکس برای شناسایی ژن‌ها، ترنسکریپتومیکس برای تعیین سطوح بیان، پروتئومیکس برای بررسی عملکرد و متابولومیکس برای تحلیل پیامدهای بیوشیمیایی ترکیب می‌شوند (Wanichthanarak et al., 2015). ادغام این لایه‌ها با استفاده از ابزارهای بیوانفورماتیکی مانند Cytoscape، STRING و KEGG Mapper به ترسیم شبکه‌های تنظیمی پاسخ به تنش و شناسایی گره‌های کلیدی[۳۱] منجر می‌شود (Zhang et al., 2024b). برای مثال، در مطالعات انجام‌شده بر روی برنج تحت تنش

[26] Systems Biology
[27] Proteomics
[28] Metabolomics
[29] Biomarkers
[30] Data Integration
[31] Hub Genes

خشکی، ترکیب داده‌های RNA-Seq و پروتئومیکس نشان داد که ژن‌های خانواده *DREB* و مسیر وابسته به آبسیزیک اسید[۳۲] به‌عنوان گره‌های مرکزی شبکه پاسخ عمل می‌کنند (Yoo et al., 2017). تحلیل‌های شبکه‌ای همچنین مسیرهای سیگنال‌دهی میانجی‌گر هورمون‌ها، فاکتورهای رونویسی و آنتی‌اکسیدان‌ها را آشکار کرده و روابط علی میان آن‌ها را مدل‌سازی می‌نماید (Jesmin et al., 2010). استفاده از مدل‌سازی محاسباتی[۳۳] و یادگیری ماشین[۳۴] نیز به پیش‌بینی پاسخ گیاهان به شرایط تنش جدید و شناسایی اهداف بالقوه برای اصلاح ژنتیکی کمک می‌کند (Niazian et al., 2020). در نهایت، رویکرد سامانه‌ای نه‌تنها دیدی یکپارچه از پاسخ گیاه به تنش فراهم می‌کند، بلکه مبنایی برای توسعه راهبردهای به‌نژادی دقیق[۳۵] و طراحی گیاهان هوشمند[۳۶] با مقاومت چندگانه و پایداری عملکرد در شرایط اقلیمی متغیر فراهم می‌سازد (Kumar et al., 2015).

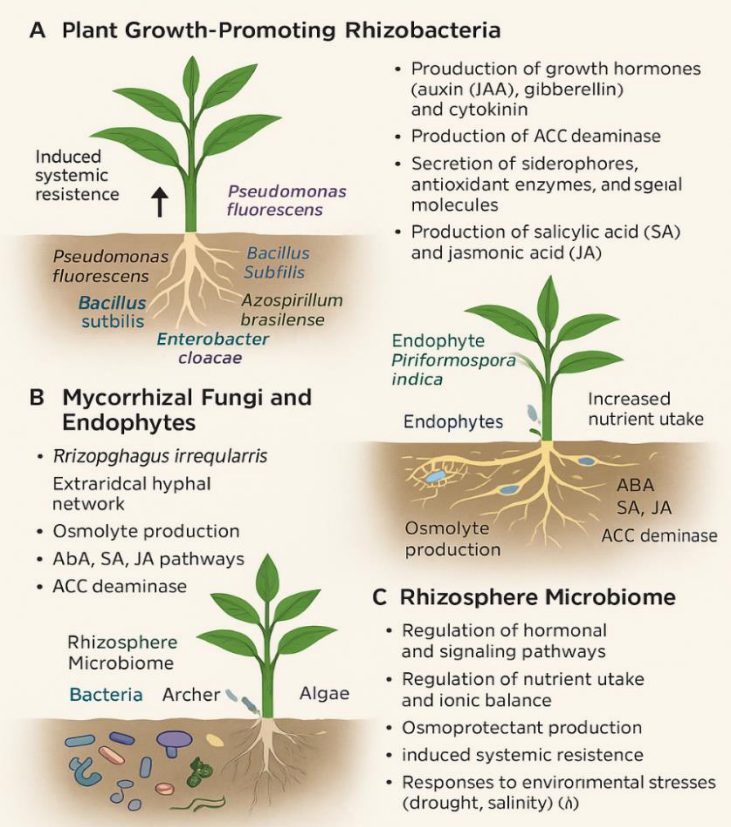
بیوتکنولوژی میکروبی

باکتری‌های محرک رشد گیاه[۳۷] گروهی از میکروارگانیسم‌های مفید ریزوسفری هستند (شکل ۸) که از طریق مکانیزم‌های مستقیم و غیرمستقیم، رشد، عملکرد و مقاومت گیاهان را در برابر تنش‌های زیستی و غیرزیستی بهبود می‌بخشند (Khan et al., 2021). این باکتری‌ها با کلونیزه کردن ریزوسفر، تعاملات سودمند با ریشه ایجاد کرده و مسیرهای فیزیولوژیکی و مولکولی گیاه را برای مقابله با تنش‌ها تنظیم می‌کنند (Compant et al., 2010). یکی از مهم‌ترین اثرات آن‌ها، القای مقاومت سیستمیک[۳۸] است که مشابه پاسخ ایمنی اکتسابی در گیاه عمل کرده و موجب فعال‌سازی ژن‌ها و مسیرهای دفاعی پیش از بروز آسیب می‌شود (Kiraly et al., 2007). PGPRها از طریق تولید هورمون‌های رشد مانند اکسین (IAA)، جیبرلین و سیتوکینین، افزایش توسعه ریشه و بهبود جذب آب و عناصر غذایی را سبب می‌شوند (Stefen et al., 2022). علاوه بر این، آن‌ها با تولید ACCدهیدرولاز، سطح اتیلن را در گیاه کاهش داده و از مهار رشد ناشی از تنش جلوگیری می‌کنند (Singh et al., 2015). برخی گونه‌ها نظیر *Pseudomonas fluorescens*، *Bacillus subtilis*، *Azospirillum brasilense* و *Enterobacter cloacae* قادرند با ترشح سیدروفورها، آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی و ترکیبات القاکننده سیگنال‌های دفاعی مانند اسید سالیسیلیک (SA) و اسید جاسمونیک(JA) ، مقاومت به خشکی، شوری و دما را تقویت نمایند (Bittencourt et al., 2023). تحقیقات نشان داده است که تلقیح برنج با *Bacillus amyloliquefaciens* بیان ژن‌های *DREB* و *LEA* را افزایش داده و تحمل خشکی را بهبود بخشیده است (Tiwari et al., 2017). همچنین، استفاده از *Pseudomonas putida* در گندم موجب افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی و کاهش تجمع گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) در شرایط شوری شده است (Desoky et al., 2020).

قارچ‌های مایکوریزا[۳۹] و اندوفیت‌ها[۴۰] به‌عنوان میکروارگانیسم‌های همزیست گیاهان، نقش مهمی در افزایش مقاومت به تنش‌های محیطی از طریق بهبود جذب آب و مواد غذایی، تنظیم مسیرهای فیزیولوژیکی و القای پاسخ‌های دفاعی ایفا می‌کنند (Wahab et al., 2023). مایکوریزاهای آربسکولار[۴۱] که با بیش از ٪۸۰ گیاهان آوندی همزیستی دارند، شبکه‌ای گسترده از هیف‌های بیرونی را در خاک گسترش داده و سطح جذب مؤثر ریشه را افزایش می‌دهند (Khaliq et al., 2022). این هیف‌ها با افزایش دسترسی گیاه به فسفر، نیتروژن، روی و سایر عناصر کم‌مصرف، تغذیه را در شرایط خشکی و شوری بهبود می‌بخشند (Khaliq et al., 2022). افزون بر این، مایکوریزاهای آربسکولار از طریق تنظیم بیان ژن‌های مرتبط با انتقال‌دهنده‌های فسفات و آکواپورین‌ها (PIP) و افزایش تجمع اسمولیت‌ها، موجب حفظ تعادل آب سلولی می‌شوند (Ye et al., 2023). در شرایط تنش خشکی،

[32] ABA-dependent
[33] Computational Modeling
[34] Machine Learning
[35] Precision Breeding
[36] Smart Crops

[37] Plant Growth-Promoting Rhizobacteria; PGPR
[38] Induced Systemic Resistance; ISR
[39] Mycorrhizal Fungi
[40] Endophytes
[41] Arbuscular Mycorrhizal Fungi; AMF



شکل ۸- نقش بیوتکنولوژی میکروبی در افزایش مقاومت گیاهان به تنش‌های محیطی.

تلقیح برنج با *Rhizophagus irregularis* سبب افزایش محتوای نسبی آب برگ، حفظ پایداری غشا و افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی شده است (He et al., 2017). در تنش شوری نیز، همزیستی مایکوریزاهای آربسکولار با گندم، نسبت K^+/Na^+ را بهبود بخشیده و تجمع ROS را کاهش داده است (Huang et al., 2023). از سوی دیگر، اندوفیت‌ها که درون بافت‌های گیاهی بدون ایجاد بیماری زندگی می‌کنند، با تنظیم مسیرهای هورمونی (ABA، SA و JA) و تولید ترکیبات تنظیمی نظیر ACC دهیدرولاز، آنتی‌اکسیدان‌ها و اسمولیت‌ها، مقاومت گیاه را در برابر تنش‌های غیرزیستی تقویت می‌کنند (Eid et al., 2019). به‌عنوان نمونه، تلقیح ذرت با *Piriformospora indica* منجر به بهبود رشد ریشه، افزایش جذب نیتروژن و فسفر، و کاهش اثرات منفی شوری شده است (Yun et al., 2018). همزیستی‌های میکروبی علاوه بر تقویت تغذیه، سبب فعال‌سازی پاسخ‌های دفاعی مولکولی و افزایش بیان ژن‌های مقاومتی مانند *DREB*، *NHX* و *LEA* می‌شوند. این ویژگی‌ها، مایکوریزا و اندوفیت‌ها را به ابزارهای زیست‌فناورانه مؤثر برای ارتقای پایداری تولید و سازگاری گیاهان در اکوسیستم‌های تنش‌زا تبدیل کرده است (Yu et al., 2022).

میکروبیوم ریزوسفر[۴۲] مجموعه‌ای پیچیده از میکروارگانیسم‌های همزیست شامل باکتری‌ها، قارچ‌ها، آرکی‌ها[۴۳] و جلبک‌هاست که در ناحیه اطراف ریشه زندگی می‌کنند و نقش اساسی در سلامت، رشد و مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی ایفا می‌نمایند (Akinola et al., 2021). این جوامع میکروبی با تأثیر بر تغذیه، فیزیولوژی و سیستم ایمنی گیاه، به‌عنوان یک «ارگان مکمل» برای تنظیم سازوکارهای سازگاری گیاه شناخته می‌شوند (Poria et al., 2021). ترکیب و تنوع میکروبیوم ریزوسفر به‌شدت تحت تأثیر نوع گیاه، شرایط خاک، اقلیم و شدت تنش‌های غیرزیستی قرار دارد (Abdul Rahman et al.,

[42] Rhizosphere Microbiome

[43] Archaea

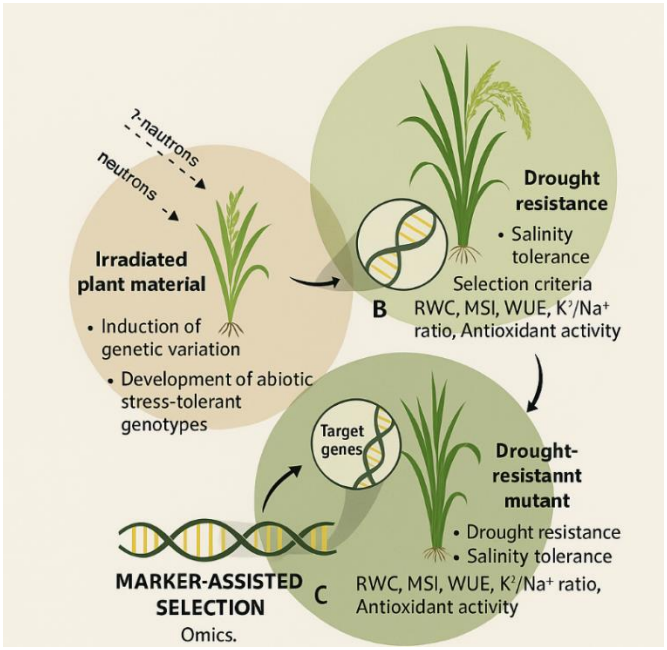
2021). در شرایط خشکی، افزایش فراوانی باکتری‌های تحمل‌کننده تنش مانند *Bacillus*, *Pseudomonas* و *Actinobacteria* موجب بهبود پایداری ساختار خاک، افزایش جذب آب و تولید اسمولیت‌ها می‌شود (Gamalero et al., 2022). این میکروارگانیسم‌ها با ترشح ترکیبات سیگنال‌دهنده و آنزیم‌هایی مانند ACC دهیدرولاز و پلی‌ساکاریدهای خارج‌سلولی (EPS)، اثرات منفی تنش را تعدیل می‌کنند (Morcillo et al., 2021). در تنش شوری، میکروبیوم‌های خاص قادرند با تنظیم تعادل یونی و کاهش جذب سدیم، مقاومت گیاه را افزایش دهند؛ برای نمونه، حضور گونه‌های *Halomonas* و *Bacillus megaterium* در ریزوسفر گیاهان شورپسند، تحمل شوری را از طریق افزایش بیان ژن‌های *NHX* و *HKT* بهبود داده است (Roy et al., 2021). علاوه بر این، میکروبیوم با تنظیم مسیرهای هورمونی (ABA، SA و JA) و تحریک پاسخ‌های سیستمیک دفاعی، موجب القای مقاومت سیستمیک (ISR) در گیاهان می‌شود (Yu et al., 2022). مطالعات نشان داده‌اند که ترکیب خاصی از میکروبیوم می‌تواند شبکه‌های بیان ژن و مسیرهای سیگنال‌دهی مرتبط با آنتی‌اکسیدان‌ها، اسمولیت‌ها و پروتئین‌های محافظتی را فعال کند (Liu et al., 2019). پیشرفت‌های اخیر در فناوری‌های متاژنومیکس، متاترانسکریپتومیکس و متابولومیکس، شناسایی گونه‌های کلیدی و تحلیل عملکردی میکروبیوم ریزوسفر را ممکن ساخته‌اند. مهندسی ترکیب میکروبیوم از طریق تلقیح کنسرسیوم‌های انتخابی، راهبردی نوین برای بهبود پایداری و تاب‌آوری گیاهان در اکوسیستم‌های تنش‌زا محسوب می‌شود (Arif et al., 2020).

فناوری‌های جهش‌زایی و پرتوتابی

فناوری جهش‌زایی[44] با استفاده از پرتوتابی[45] یکی از قدیمی‌ترین و درعین‌حال مؤثرترین رویکردهای بیوتکنولوژیکی برای القای تنوع ژنتیکی و توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم به تنش‌های محیطی است (شکل ۹) (Oladosu et al., 2016). در این فناوری، پرتوهای یونیزان مانند گاما[46] و نوترون[47] با ایجاد شکست‌های تک‌رشته‌ای و دورشته‌ای در DNA، جهش‌های تصادفی در ژنوم گیاه ایجاد می‌کنند که می‌تواند منجر به ظهور صفات مطلوب نظیر مقاومت به خشکی، شوری، گرما و سرما شود (Geras'kin et al., 2025). پرتو گاما، پرکاربردترین نوع در به‌نژادی به کمک جهش در گیاهان است که با نفوذ بالا و قابلیت کنترل دقیق دوز، موجب تغییرات پایداری در ساختار ژنتیکی می‌گردد (Beyaz et al., 2017). شدت دوز پرتوتابی نقش تعیین‌کننده‌ای دارد؛ دوزهای پایین[48] معمولاً با القای تغییرات فیزیولوژیکی مفید و فعال‌سازی مسیرهای دفاعی همراه‌اند، در حالی‌که دوزهای بالا ممکن است موجب آسیب‌های کشنده شوند (Jiao et al., 2022). در گیاهانی چون برنج، گندم، کنجد و جو، پرتوتابی با ^{60}Co در دوزهای بهینه (۲۵ تا ۳۰۰ گری) موجب افزایش تنوع ژنتیکی و شناسایی جهش‌یافته‌های مقاوم به تنش‌های غیرزیستی شده است (Audu, 2021). از سوی دیگر، پرتوهای نوترونی به‌ویژه نوترون‌های حرارتی با انرژی پایین، قادرند جهش‌های نقطه‌ای در ژن‌های خاص ایجاد کنند و در برخی گونه‌ها موجب افزایش فراوانی تغییرات مفید گردند (Goodhead, 2019). مطالعات نشان داده است که پرتوتابی نوترونی در سویا و ذرت، ژن‌های مرتبط با متابولیسم اسمولیت‌ها و مسیرهای آنتی‌اکسیدانی را تحت تأثیر قرار داده و مقاومت گیاه را بهبود بخشیده است (Kang et al., 2024). مزیت اصلی این فناوری، عدم نیاز به وارد کردن DNA خارجی و قابلیت ترکیب با روش‌های سنتی اصلاح است. جهش‌زایی به کمک پرتو با فراهم‌سازی یک مخزن ژنتیکی گسترده از الل‌های جدید، بستر مناسبی برای انتخاب ژنوتیپ‌های سازگار با تغییرات اقلیمی و تنش‌های محیطی فراهم می‌کند و تاکنون منجر به معرفی بیش از ۳۰۰۰ رقم جهش‌یافته در سطح جهان شده است (Al-Sayed et al., 2025).

یکی از مهم‌ترین کاربردهای فناوری جهش‌زایی

[44] Mutagenesis
[45] Irradiation
[46] γ-rays
[47] Neutrons
[48] Low doses



شکل ۹- فناوری‌های جهش‌زایی و پرتوتابی در توسعه ژنوتیپ‌های مقاوم به تنش‌های غیرزیستی.

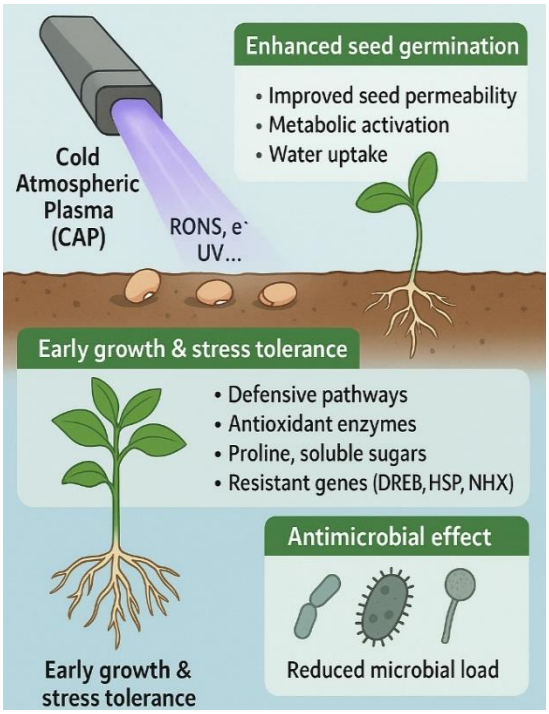
پرتویی، توسعه ژنوتیپ‌های جهش‌یافته مقاوم به تنش‌های غیرزیستی به‌ویژه خشکی و شوری است (Chen et al., 2023). در این رویکرد، پس از پرتوتابی بذرها با پرتوهای یونیزان مانند گاما یا نوترون، جمعیت‌های جهش‌یافته در نسل‌های M_1 تا M_3 تحت غربال‌گری دقیق مورفولوژیکی، فیزیولوژیکی و بیوشیمیایی قرار می‌گیرند تا لاین‌هایی با صفات مطلوب انتخاب شوند (Bharat et al., 2024). در زمینه خشکی، غربال‌گری بر اساس شاخص‌هایی نظیر محتوای نسبی آب برگ (RWC)، پایداری غشا (MSI)، کارایی مصرف آب (WUE)، و فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی (SOD، CAT، POD) انجام می‌شود (Li et al., 2023). مطالعات بر روی برنج، گندم و کنجد نشان داده‌اند که جهش‌یافته‌های حاصل از پرتوتابی ^{60}Co با دوزهای ۱۰۰ تا ۳۰۰ گری، افزایش معنی‌داری در تجمع پرولین، قندهای محلول و کاهش گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) داشته‌اند (Audu, 2021). در کنجد جهش‌یافته (*Sesamum indicum*)، لاین‌هایی با بیان بالاتر ژن‌های *DREB2A* و *LEA* شناسایی شده‌اند که پایداری فیزیولوژیکی بهتری تحت خشکی نشان می‌دهند. در تنش شوری، انتخاب بر اساس صفاتی چون نسبت K^+/Na^+، کارایی فتوسنتز، کلروفیل و فعالیت پمپ‌های یونی انجام می‌شود (Kettani et al., 2024). جهش‌یافته‌های برنج با بیان تنظیم‌شده ژن‌های *NHX1* و *HKT1;5* توانسته‌اند تعادل یونی بهتری برقرار کرده و عملکرد را در خاک‌های شور حفظ کنند (Alnayef et al., 2020). در گندم جهش‌یافته، افزایش فعالیت آنزیم Na^+/H^+ آنتی‌پورت در واکوئل به‌عنوان مکانیسم کلیدی تحمل شوری شناخته شده است.

فناوری پلاسما و سایر روش‌های نوین

پلاسمای سرد[۴۹]، یکی از فناوری‌های نوظهور در بیوتکنولوژی کشاورزی است (شکل ۱۰) که به‌دلیل ویژگی‌های منحصربه‌فرد فیزیکی و شیمیایی خود، پتانسیل بالایی برای بهبود جوانه‌زنی، رشد اولیه و افزایش مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی دارد (Adhikari et al., 2020). پلاسمای سرد از گازهای خنثی مانند هوا، آرگون یا نیتروژن در فشار اتمسفری تولید می‌شود و شامل گونه‌های فعال اکسیژن و نیتروژن (RONS)، الکترون‌ها، یون‌ها، نور فرابنفش و میدان‌های الکتریکی است که می‌توانند واکنش‌های فیزیولوژیکی و مولکولی گیاه را

[49] Cold Atmospheric Plasma; CAP

تحریک کنند (Armenise et al., 2023). در مرحله جوانه‌زنی بذر، تیمار پلاسما با افزایش نفوذپذیری پوشش بذر، فعال‌سازی آنزیم‌های متابولیک، و افزایش جذب آب و اکسیژن، سرعت و یکنواختی جوانه‌زنی را بهبود می‌بخشد.



شکل ۱۰- کاربرد فناوری پلاسما در کشاورزی برای بهبود جوانه‌زنی، رشد و مقاومت به تنش‌های محیطی.

مطالعات نشان داده‌اند که تیمار بذرهای برنج، گندم، ذرت و سویا با پلاسمای سرد، موجب افزایش درصد جوانه‌زنی، فعالیت آمیلاز و افزایش طول ریشه‌چه شده است (Priatama et al., 2022). در مواجهه با تنش‌های غیرزیستی مانند خشکی و شوری، پلاسما با تحریک مسیرهای دفاعی، افزایش فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی (SOD، CAT، POD)، تجمع اسمولیت‌هایی نظیر پرولین و قندهای محلول، و تنظیم بیان ژن‌های مقاومتی مانند *DREB*، *HSP* و *NHX*، موجب افزایش پایداری فیزیولوژیکی گیاه می‌شود. همچنین، گونه‌های فعال تولیدشده در پلاسمای سرد با القای پاسخ‌های سیگنال‌دهی ROS و NO، مسیرهای تنظیمی هورمونی (ABA، SA، JA) را فعال می‌کنند و در نتیجه سازوکارهای دفاعی گیاه تقویت می‌گردد (Mishra et al., 2023). پلاسمای سرد علاوه بر اثرات فیزیولوژیکی، خاصیت ضدمیکروبی و ضدقارچی نیز دارد و می‌تواند با کاهش بار میکروبی سطح بذر، سلامت جوانه‌زنی را بهبود بخشد. در مجموع، پلاسمای سرد به‌عنوان یک فناوری غیرشیمیایی، دوستدار محیط‌زیست و قابل‌کنترل، ابزاری نوین برای افزایش عملکرد، بهبود سازگاری و ارتقای مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی محسوب می‌شود و می‌تواند مکملی ارزشمند برای راهبردهای اصلاحی سنتی و مولکولی باشد.

چشم‌انداز آینده

در چشم‌انداز آینده، مسیر بهبود مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی به‌طور فزاینده‌ای به همگرایی فناوری‌های نوین زیستی و دیجیتال وابسته خواهد بود. تلفیق ویرایش ژنوم (CRISPR/Cas) با فناوری‌های اُمیکس (Omics) شامل ژنومیکس، ترنسکریپتومیکس، پروتئومیکس و متابولومیکس، امکان شناسایی دقیق ژن‌های کلیدی و مسیرهای تنظیمی مؤثر در پاسخ به تنش را فراهم می‌سازد، در حالی که هوش مصنوعی (AI) و یادگیری ماشین با تحلیل داده‌های حجیم اُمیکس، می‌توانند مدل‌های پیش‌بینی‌کننده برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر و شبیه‌سازی اثرات ویرایش ژنی ارائه دهند. در این راستا، مدل‌سازی سیستم‌های زیستی و بیوانفورماتیک پیشرفته نقش محوری در درک شبکه‌های پیچیده ژنی، تعاملات متقابل ژن–محیط، و پیش‌بینی رفتار گیاه تحت سناریوهای اقلیمی مختلف خواهند داشت و به توسعه راهبردهای دقیق اصلاحی و مدیریتی کمک می‌کنند.

افق‌های نوین در این حوزه بر طراحی و توسعه گیاهان هوشمند متمرکز است؛ گیاهانی که با بهره‌گیری از شبکه‌های ژنی مصنوعی، حسگرهای زیستی و سامانه‌های تنظیمی خودکار، قادرند تغییرات محیطی مانند خشکی، شوری، گرما یا کمبود عناصر غذایی را شناسایی کرده و مسیرهای فیزیولوژیکی و مولکولی مناسب را برای حفظ تعادل فعال کنند. ترکیب این گیاهان با فناوری‌های دیجیتال کشاورزی مانند اینترنت اشیا (IoT) و سامانه‌های کشاورزی دقیق، بستری برای شکل‌گیری اکوسیستم‌های زراعی هوشمند و خودتنظیم فراهم می‌آورد. با این حال، تحقق این چشم‌انداز نیازمند زیرساخت‌های فناورانه، سرمایه‌گذاری پایدار، سیاست‌گذاری هوشمند، آموزش

نیروی انسانی متخصص و چارچوب‌های قانونی شفاف در زمینه ایمنی زیستی و اخلاق علمی است. حمایت از برنامه‌های تحقیق و توسعه (R&D)، ایجاد بانک‌های ژرم‌پلاسم و پایگاه‌های داده اُمیکس، و تقویت همکاری‌های بین‌المللی برای اشتراک دانش و فناوری، گام‌های اساسی در این مسیر محسوب می‌شوند. در نهایت، هم‌افزایی علم، فناوری و سیاست، زمینه را برای گذار از کشاورزی سنتی به کشاورزی هوشمند و اقلیم‌تاب‌آور فراهم خواهد کرد؛ سامانه‌ای که نه‌تنها پایداری تولید و امنیت غذایی را تضمین می‌کند، بلکه سازگاری بلندمدت با تغییرات اقلیمی و حفظ سلامت زیست‌محیطی را نیز محقق می‌سازد.

نتیجه‌گیری

در مجموع، شواهد علمی و پیشرفت‌های فناورانه نشان می‌دهند که افزایش مقاومت گیاهان در برابر تنش‌های محیطی مستلزم رویکردی چندوجهی و تلفیقی است که از سطوح ژنومی تا فیزیولوژیکی و مدیریتی را دربرگیرد. فناوری‌های نوین زیستی از جمله ویرایش ژنوم (CRISPR/Cas)، گیاهان تراریخته هدفمند، نشانگرهای مولکولی (MAS)، و فناوری‌های اُمیکس ابزارهایی قدرتمند برای شناسایی، اصلاح و فعال‌سازی ژن‌های کلیدی در مسیرهای پاسخ به تنش فراهم کرده‌اند. در کنار این‌ها، بیوتکنولوژی میکروبی و نانوفناوری با بهبود تغذیه، تعادل یونی و تنظیم مسیرهای دفاعی، نقش مکملی در ارتقای پایداری گیاهان دارند، و فناوری‌های جهش‌زایی و پلاسما نیز به‌عنوان روش‌های ایمن و سازگار با محیط در ایجاد تنوع ژنتیکی مؤثر هستند.

با این حال، بهره‌برداری مؤثر از این فناوری‌ها نیازمند یکپارچه‌سازی داده‌های اُمیکس، استفاده از مدل‌سازی‌های بیوانفورماتیکی، و هوش مصنوعی برای پیش‌بینی رفتار گیاه در شرایط تنش است. چنین همگرایی فناورانه می‌تواند مسیر توسعه گیاهان هوشمند و چندمقاومتی را هموار سازد که قادرند با درک و پاسخ خودکار به تغییرات محیطی، پایداری عملکرد را در اقلیم‌های متغیر حفظ کنند. در کنار جنبه‌های علمی، سیاست‌گذاری‌های هوشمندانه، سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌های تحقیقاتی، آموزش نیروی انسانی متخصص و تدوین مقررات ایمنی زیستی شفاف، پیش‌شرط‌های اساسی برای تجاری‌سازی و پذیرش اجتماعی این فناوری‌ها هستند.

بنابراین، آینده کشاورزی پایدار و اقلیم‌تاب‌آور در گرو ادغام علم، فناوری و سیاست است؛ رویکردی که نه‌تنها به افزایش تاب‌آوری گیاهان و امنیت غذایی جهانی کمک می‌کند، بلکه از طریق استفاده مسئولانه از نوآوری‌های زیستی، سلامت اکوسیستم‌ها و پایداری محیط زیست را نیز تضمین خواهد نمود.

منابع

1. Abdul Rahman, N. S. N., Abdul Hamid, N. W., & Nadarajah, K. (2021). Effects of abiotic stress on soil microbiome. International Journal of Molecular Sciences, 22(16), 9036.
2. Adhikari, B., Adhikari, M., & Park, G. (2020). The effects of plasma on plant growth, development, and sustainability. Applied Sciences, 10(17), 6045.
3. Ahanger, M. A., Qin, C., Begum, N., Maodong, Q., Dong, X. X., El-Esawi, M., ... & Zhang, L. (2019). Nitrogen availability prevents oxidative effects of salinity on wheat growth and photosynthesis by up-regulating the antioxidants and osmolytes metabolism, and secondary metabolite accumulation. BMC Plant Biology, 19(1), 479.
4. Ahmad, A., Wang, J. D., Pan, Y. B., Sharif, R., & Gao, S. J. (2018). Development and use of simple sequence repeats (SSRs) markers for sugarcane breeding and genetic studies. Agronomy, 8(11), 260.
5. Ahmad, U., Hussain, M., Ahmad, W., Javed, J., Arshad, Z., Akram, Z., 2024. Impact of global climate change on maize (Zea mays): physiological responses and modern breeding techniques. Trends Biotech Plant Sci 2, 62-77.
6. Ahmad, P., Abdel Latef, A. A., Rasool, S., Akram, N. A., Ashraf, M., & Gucel, S. (2016). Role of proteomics in crop stress tolerance. Frontiers in plant science, 7, 1336.
7. Akinola, S. A., & Babalola, O. O. (2021). The fungal and archaeal

community within plant rhizosphere: a review on their contribution to crop safety. Journal of Plant Nutrition, 44(4), 600-618.

8. Al Hassan, M., FUERTES, M. M., SÁNCHEZ, F. J. R., Vicente, O., & Boscaiu, M. (2015). Effects of salt and water stress on plant growth and on accumulation of osmolytes and antioxidant compounds in cherry tomato. Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca, 43(1), 1-11.
9. Ali, H., Ghori, Z., Sheikh, S., & Gul, A. (2015). Effects of gamma radiation on crop production. In Crop production and global environmental issues (pp. 27-78). Cham: Springer International Publishing.
10. Alnayef, M., Solis, C., Shabala, L., Ogura, T., Chen, Z., Bose, J., ... & Shabala, S. (2020). Changes in expression level of OsHKT1; 5 alters activity of membrane transporters involved in K+ and Ca2+ acquisition and homeostasis in salinized rice roots. International Journal of Molecular Sciences, 21(14), 4882.
11. Al-Sayed, W. M., El-Shazly, H. H., El-Nahas, A. I., & Omran, A. A. (2025). Cytogenetic impact of gamma radiation and its effects on growth, yield and drought tolerance of maize (Zea mays L.). BMC Plant Biology, 25(1), 141.
12. Amom, T., & Nongdam, P. (2017). The use of molecular marker methods in plants: a review. International Journal of Current Research and Review, 9(17), 1-7.
13. Anzano, A., Bonanomi, G., Mazzoleni, S., & Lanzotti, V. (2022). Plant metabolomics in biotic and abiotic stress: a critical overview. Phytochemistry Reviews, 21(2), 503-524.
14. Andleeb, T., Shah, T., Nawaz, R., Munir, I., Munsif, F., & Jalal, A. (2020). QTL mapping for drought stress tolerance in plants. In Salt and drought stress tolerance in plants: signaling networks and adaptive mechanisms (pp. 383-403). Cham: Springer International Publishing.
15. Arif, I., Batool, M., & Schenk, P. M. (2020). Plant microbiome engineering: expected benefits for improved crop growth and resilience. Trends in Biotechnology, 38(12), 1385-1396.
16. Armenise, V., Veronico, V., Cosmai, S., Benedetti, D., Gristina, R., Favia, P., ... & Sardella, E. (2023). The effect of different cold atmospheric plasma sources and treatment modalities on the generation of reactive oxygen and nitrogen species in water. Plasma Processes and Polymers, 20(4), 2200182.
17. Ashrafuzzaman, M. (2014). Evaluation of salinity tolerance in a barley DH population and study on allelic variation of HKT1; 5 gene among diverse set of barley accessions.
18. Audu, M. A. I. (2021). Evaluation of gamma radiation-induced mutant lines of sesame (Sesamum indicum L.) for genetic improvement of some desirable traits (Doctoral dissertation).
19. Balali-Mood, M., Naseri, K., Tahergorabi, Z., Khazdair, M. R., & Sadeghi, M. (2021). Toxic mechanisms of five heavy metals: mercury, lead, chromium, cadmium, and arsenic. Frontiers in pharmacology, 12, 643972.
20. Balasubramaniam, T., Shen, G., Esmaeili, N., & Zhang, H. (2023). Plants' response mechanisms to salinity stress. Plants, 12(12), 2253.
21. Bawa, G., Liu, Z., Yu, X., Qin, A., & Sun, X. (2022). Single-cell RNA sequencing for plant research: insights and possible benefits. International Journal of Molecular Sciences, 23(9), 4497.
22. Beyaz, R., & Yildiz, M. (2017). The Use of Gamma Irradiation in Plant Mutation. Breeding in Book Plant Engineering, 33-46.
23. Bharat, R. A., Prathmesh, S. P., Sarsu, F., & Suprasanna, P. (2024). Induced mutagenesis using gamma rays: biological features and applications in crop improvement. OBM Genetics, 8(2), 1-27.
24. Bittencourt, P. P., Alves, A. F., Ferreira, M. B., da Silva Irineu, L. E. S., Pinto, V. B., & Olivares, F. L. (2023). Mechanisms and applications of bacterial inoculants in plant drought

system and suppression of oxidative stress for alleviating salinity stress in Triticum aestivum (L.) plants. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, 30, 101878.
33. Dubouzet, J. G., Sakuma, Y., Ito, Y., Kasuga, M., Dubouzet, E. G., Miura, S., ... & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2003). OsDREB genes in rice, Oryza sativa L., encode transcription activators that function in drought-, high-salt-and cold-responsive gene expression. The Plant Journal, 33(4), 751-763.
34. Eid, A. M., Salim, S. S., Hassan, S. E. D., Ismail, M. A., & Fouda, A. (2019). Role of endophytes in plant health and abiotic stress management. In Microbiome in plant health and disease: challenges and opportunities (pp. 119-144). Singapore: Springer Singapore.
35. Erdoğan, İ., Cevher-Keskin, B., Bilir, Ö., Hong, Y., & Tör, M. (2023). Recent developments in CRISPR/Cas9 genome-editing technology related to plant disease resistance and abiotic stress tolerance. Biology, 12(7), 1037.
36. Erpen, L., Devi, H. S., Grosser, J. W., & Dutt, M. (2018). Potential use of the DREB/ERF, MYB, NAC and WRKY transcription factors to improve abiotic and biotic stress in transgenic plants. Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC), 132(1), 1-25.
37. Esmaeili, N., Shen, G., & Zhang, H. (2022). Genetic manipulation for abiotic stress resistance traits in crops. Frontiers in Plant Science, 13, 1011985.
38. Evans, T. G. (2015). Considerations for the use of transcriptomics in identifying the 'genes that matter'for environmental adaptation. The Journal of experimental biology, 218(12), 1925-1935.
39. Fan, F., Ghanem, M., & Gadda, G. (2004). Cloning, sequence analysis, and purification of choline oxidase from Arthrobacter globiformis: a bacterial enzyme involved in osmotic stress tolerance. Archives of biochemistry and biophysics, 421(1), 149-158.
40. Fatima, F., Hashim, A., & Anees, S. (2021). Efficacy of nanoparticles as stress
tolerance. Microorganisms, 11(2), 502.
25. Calzone, A., Cotrozzi, L., Pellegrini, E., Lorenzini, G., Nali, C., & Maathuis, F. (2021). Can the transcriptional regulation of NHX1, SOS1 and HKT1 genes handle the response of two pomegranate cultivars to moderate salt stress?: Salt-tolerance of two pomegranate cultivars. Scientia Horticulturae, 288, 110309.
26. Chen, W., Yao, Q., Patil, G. B., Agarwal, G., Deshmukh, R. K., Lin, L., ... & Nguyen, H. T. (2016). Identification and comparative analysis of differential gene expression in soybean leaf tissue under drought and flooding stress revealed by RNA-Seq. Frontiers in Plant Science, 7, 1044.
27. Chen, L., Duan, L., Sun, M., Yang, Z., Li, H., Hu, K., ... & Liu, L. (2023). Current trends and insights on EMS mutagenesis application to studies on plant abiotic stress tolerance and development. Frontiers in Plant Science, 13, 1052569.
28. Cobb, J. N., Biswas, P. S., & Platten, J. D. (2019). Back to the future: revisiting MAS as a tool for modern plant breeding. Theoretical and Applied Genetics, 132(3), 647-667.
29. Compant, S., Clément, C., & Sessitsch, A. (2010). Plant growth-promoting bacteria in the rhizo-and endosphere of plants: their role, colonization, mechanisms involved and prospects for utilization. Soil Biology and Biochemistry, 42(5), 669-678.
30. D'Agostino, N., & Tripodi, P. (2017). NGS-based genotyping, high-throughput phenotyping and genome-wide association studies laid the foundations for next-generation breeding in horticultural crops. Diversity, 9(3), 38.
31. Demis, E. (2024). Mechanism of plant resistance to insects, weeds and pathogens. Mid. East Res. J. Agr. Food Sci, 4(2), 76-85.
32. Desoky, E. S. M., Saad, A. M., El-Saadony, M. T., Merwad, A. R. M., & Rady, M. M. (2020). Plant growth-promoting rhizobacteria: Potential improvement in antioxidant defense

understanding salt tolerance mechanisms of plants and for adapting agriculture to climate change. Plants, 12(2), 221.
51. Grossman, J. J. (2023). Phenological physiology: seasonal patterns of plant stress tolerance in a changing climate. New Phytologist, 237(5), 1508-1524.
52. Grover, A., & Sharma, P. C. (2016). Development and use of molecular markers: past and present. Critical reviews in biotechnology, 36(2), 290-302.
53. Gull, A., Lone, A. A., & Wani, N. U. I. (2019). Biotic and abiotic stresses in plants. In Abiotic and biotic stress in plants. IntechOpen.
54. Gupta, P. K., Kumar, J., Mir, R. R., & Kumar, A. (2010). 4 Marker-assisted selection as a component of conventional plant breeding. Plant breeding reviews, 33(4), 145-217.
55. Hallajian, M.T., Ebadi, A.A., Kordrostami, M., 2024. Advancing rice breeding for drought tolerance: a comprehensive study of traditional and mutant lines through agronomic performance and drought tolerance indices. BMC Plant Biology 24, 1087.
56. Hameed, A., Ahmed, M. Z., Hussain, T., Aziz, I., Ahmad, N., Gul, B., & Nielsen, B. L. (2021). Effects of salinity stress on chloroplast structure and function. Cells, 10(8), 2023.
57. Hashem, A., Tabassum, B., & Abd_Allah, E. F. (2019). Bacillus subtilis: A plant-growth promoting rhizobacterium that also impacts biotic stress. Saudi journal of biological sciences, 26(6), 1291-1297.
58. He, F., Sheng, M., & Tang, M. (2017). Effects of Rhizophagus irregularis on photosynthesis and antioxidative enzymatic system in Robinia pseudoacacia L. under drought stress. Frontiers in Plant Science, 8, 183.
59. Hoque, T.S., Sohag, A.A.M., Kordrostami, M., Hossain, M.A., Islam, M.S., Burritt, D.J., Hossain, M.A., 2020. The effect of exposure to a combination of stressors on rice productivity and grain yields, In: nanofertilizer production: a review. Environmental Science and Pollution Research, 28(2), 1292-1303.
41. Francine, P. (2022). Systems biology: new insight into antibiotic resistance. Microorganisms, 10(12), 2362.
42. Gaba, Y., Pareek, A., & Singla-Pareek, S. L. (2021). Raising climate-resilient crops: journey from the conventional breeding to new breeding approaches. Current Genomics, 22(6), 450-467.
43. Gahlaut, V., Jaiswal, V., Kumar, A., & Gupta, P. K. (2016). Transcription factors involved in drought tolerance and their possible role in developing drought tolerant cultivars with emphasis on wheat (Triticum aestivum L.). Theoretical and Applied Genetics, 129(11), 2019-2042.
44. Gamalero, E., & Glick, B. R. (2022). Recent advances in bacterial amelioration of plant drought and salt stress. Biology, 11(3), 437.
45. Gao, H., & Li, H. (2025). Marker-Assisted Selection (MAS) in Soybean Breeding. Molecular Plant Breeding, 16.
46. Gaponenko, A. K., Shulga, O. A., Mishutkina, Y. B., Tsarkova, E. A., Timoshenko, A. A., & Spechenkova, N. A. (2018). Perspectives of use of transcription factors for improving resistance of wheat productive varieties to abiotic stresses by transgenic technologies. Russian journal of genetics, 54(1), 27-35.
47. Ghasemi-Soloklui, A.A., Kordrostami , M., Karimi, R., 2023. Determination of optimum dose based of biological responses of lethal dose (LD25, 50, 75) and growth reduction (GR25, 50, 75) in ‘Yaghouti’grape due to gamma radiation. Scientific Reports 13, 2713.
48. Geras’kin, S., Bondarenko, E., & Bitarishvili, S. (2025). Application of ionizing radiation for crop improvement. Planta, 262(3), 1-17.
49. Goodhead, D. T. (2019). Neutrons are forever! Historical perspectives. International journal of radiation biology, 95(7), 957-984.
50. Grigore, M. N., & Vicente, O. (2023). Wild halophytes: tools for

for environment and healthcare. Springer, pp. 139-159.
68. Jiao, Y., Cao, F., & Liu, H. (2022). Radiation-induced cell death and its mechanisms. Health Physics, 123(5), 376-386.
69. Kang, B. H., Chowdhury, S., Kang, S. H., Shin, S. Y., Lee, W. H., Lee, H. S., & Ha, B. K. (2024). Transcriptome Profiling of a Soybean Mutant with Salt Tolerance Induced by Gamma-ray Irradiation. Plants, 13(2), 254.
70. Kaya, C. (2025). Molecular crosstalk of transcription factors and hormones in drought tolerance genes in plants. Turkish Journal of Botany, 49(3), 145-164.
71. Kettani, R., El Fechtali, M., & Nabloussi, A. (2024). Exploring mechanisms of drought-tolerance and adaptation of selected sesame mutant lines. Journal of Agriculture and Food Research, 15, 100911.
72. Khaliq, A., Perveen, S., Alamer, K. H., Zia Ul Haq, M., Rafique, Z., Alsudays, I. M., ... & Attia, H. (2022). Arbuscular mycorrhizal fungi symbiosis to enhance plant–soil interaction. Sustainability, 14(13), 7840.
73. Khan, S. H. (2019). Genome-editing technologies: concept, pros, and cons of various genome-editing techniques and bioethical concerns for clinical application. Molecular therapy Nucleic acids, 16, 326-334.
74. Khan, N., Ali, S., Shahid, M. A., Mustafa, A., Sayyed, R. Z., & Curá, J. A. (2021). Insights into the interactions among roots, rhizosphere, and rhizobacteria for improving plant growth and tolerance to abiotic stresses: a review. Cells, 10(6), 1551.
75. Khanna-Chopra, R., Singh, K., Shukla, S., Kadam, S., & Singh, N. K. (2020). QTLs for cell membrane stability and flag leaf area under drought stress in a wheat RIL population. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology, 29(2), 276-286.
76. Kiraly, L., Barna, B., & Király, Z. (2007). Plant resistance to pathogen infection: forms and mechanisms of

Roychoudhury, A. (Ed.), Rice research for quality improvement: genomics and genetic engineering :volume 1: breeding techniques and abiotic stress tolerance. Springer, Singapore, pp. 675-727.
60. Husaini, A. M. (2022). High-value pleiotropic genes for developing multiple stress-tolerant biofortified crops for 21st-century challenges. Heredity, 128(6), 460-472.
61. Huang, S., Gill, S., Ramzan, M., Ahmad, M. Z., Danish, S., Huang, P., ... & Alharbi, S. A. (2023). Uncovering the impact of AM fungi on wheat nutrient uptake, ion homeostasis, oxidative stress, and antioxidant defense under salinity stress. Scientific Reports, 13(1), 8249.
62. Ighodaro, O. M., & Akinloye, O. A. (2018). First line defence antioxidants-superoxide dismutase (SOD), catalase (CAT) and glutathione peroxidase (GPX): Their fundamental role in the entire antioxidant defence grid. Alexandria journal of medicine, 54(4), 287-293.
63. Ishaku, G. A., Tizhe, D. T., Bamanga, R. A., & Afolabi, E. T. (2020). Biotechnology and drought stress tolerance in Plants. Asian Plant Research Journal, 5(2), 34-46.
64. Jan, A. U., Hadi, F., Midrarullah, A. A., & Rahman, K. (2017). Role of CBF/DREB gene expression in abiotic stress tolerance. A review. Int J Hort Agric, 2, 1-12.
65. Jeong, J. S., Kim, Y. S., Baek, K. H., Jung, H., Ha, S. H., Do Choi, Y., ... & Kim, J. K. (2010). Root-specific expression of OsNAC10 improves drought tolerance and grain yield in rice under field drought conditions. Plant physiology, 153(1), 185-197.
66. Jesmin, Rashid, M. S., Jamil, H., Hontecillas, R., & Bassaganya-Riera, J. (2010). Gene regulatory network reveals oxidative stress as the underlying molecular mechanism of type 2 diabetes and hypertension. BMC medical genomics, 3(1), 45.
67. Jha, M.K., Dev, M., 2024. Impacts of climate change, Smart internet of things

84. Kumari, M., Dubey, A. K., Kumar, R., & Kumar, A. (2024). Marker-assisted selection in plant breeding for stress tolerance. In Improving Stress Resilience in Plants (pp. 371-387). Academic Press.
85. Li, J., Zhu, Q., Jiao, F., Yan, Z., Zhang, H., Zhang, Y., ... & Wang, M. (2023). Research progress on the mechanism of salt tolerance in maize: a classic field that needs new efforts. Plants, 12(12), 2356.
86. Li, J., Abbas, K., Wang, L., Gong, B., Hou, S., Wang, W., ... & Gao, H. (2023). Drought resistance index screening and evaluation of lettuce under water deficit conditions on the basis of morphological and physiological differences. Frontiers in Plant Science, 14, 1228084.
87. Liliane, T.N., Charles, M.S., 2020. Factors affecting yield of crops. Agronomy-climate change & food security 9, 9-24.
88. Liu, G., Huang, Y., Reis, F. S., Song, D., & Ni, H. (2019). Impact of nutritional and environmental factors on inflammation, oxidative stress, and the microbiome 2019. BioMed research international, 2019, 5716241.
89. Magar, M. M., Liu, H., & Yan, G. (2024). Wheat TaAP2/ERF Genes Regulate Heat Tolerance Through Ethylene Signaling at Grain-Filling Stage. Journal of Plant Growth Regulation, 43(8), 2855-2872.
90. Manchanda, P., Chaudhary, P., & Deswal, R. (2023). Photosynthesis regulation, cell membrane stabilization and methylglyoxal detoxification seems major altered pathways under cold stress as revealed by integrated multi-omics meta-analysis. Physiology and Molecular Biology of Plants, 29(10), 1395-1407.
91. Mansour, M. M. F. (2023). Role of vacuolar membrane transport systems in plant salinity tolerance. Journal of Plant Growth Regulation, 42(3), 1364-1401.
92. Mapari, A. R., & Mehandi, S. (2024). Enhancing crop resilience: advances and challenges in marker-assisted selection for disease resistance. J. Adv. Biol. Biotechnol, 27(7), 569-580.
innate and acquired resistance. Journal of Phytopathology, 155(7-8), 385-396.
77. Kordrostami, M., Rabiei, B ,.Ebadi, A.A., 2019. Oxidative stress in plants: production, metabolism, and biological roles of reactive oxygen species, Handbook of Plant and Crop Stress, Fourth Edition. CRC Press, pp. 85-92.
78. Kordrostami, M., Rabiei, B., Hassani Kumleh, H., 2016. Association analysis, genetic diversity and haplotyping of rice plants under salt stress using SSR markers linked to SalTol and morpho-physiological characteristics. Plant systematics and evolution 302, 871-890.
79. Kumar, A., Pathak, R. K., Gupta, S. M., Gaur, V. S., & Pandey, D. (2015). Systems biology for smart crops and agricultural innovation: filling the gaps between genotype and phenotype for complex traits linked with robust agricultural productivity and sustainability. Omics: a journal of integrative biology, 19(10), 581-601.
80. Kumar, S., Kumar, S., & Mohapatra, T. (2021). Interaction between macro-and micro-nutrients in plants. Frontiers in Plant Science, 12, 665583.
81. Kumar, R. R., Goswami, S., Rai, G. K., Jain, N., Singh, P. K., Mishra, D., ... & Praveen, S. (2021b). Protection from terminal heat stress: a trade-off between heat-responsive transcription factors (HSFs) and stress-associated genes (SAGs) under changing environment. Cereal Research Communications, 49(2), 227-234.
82. Kumar, R., Das, S. P., Choudhury, B. U., Kumar, A., Prakash, N. R., Verma, R., ... & Mishra, V. K. (2024). Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing. Biological Research, 57(1), 80.
83. Kumari, V. V., Banerjee, P., Verma, V. C., Sukumaran, S., Chandran, M. A. S., Gopinath, K. A., ... & Awasthi, N. K. (2022). Plant nutrition: An effective way to alleviate abiotic stress in agricultural crops. International Journal of Molecular Sciences, 23(15), 8519.

93. Marco, F., Bitrián, M., Carrasco, P., Rajam, M. V., Alcázar, R., & Tiburcio, A. F. (2015). Genetic engineering strategies for abiotic stress tolerance in plants. In Plant biology and biotechnology: Volume II: plant genomics and biotechnology (pp. 579-609). New Delhi: Springer India.
94. Mareri, L., Parrotta, L., & Cai, G. (2022). Environmental stress and plants. International Journal of Molecular Sciences, 23(10), 5416.
95. Mishra, N., Jiang, C., Chen, L., Paul, A., Chatterjee, A., & Shen, G. (2023). Achieving abiotic stress tolerance in plants through antioxidative defense mechanisms. Frontiers in Plant Science, 14, 1110622.
96. Morcillo, R. J., & Manzanera, M. (2021). The effects of plant-associated bacterial exopolysaccharides on plant abiotic stress tolerance. Metabolites, 11(6), 337.
97. Mosquera-Rendón, J., Moreno-Herrera, C. X., Robledo, J., & Hurtado-Páez, U. (2023). Genome-Wide Association Studies (GWAS) approaches for the detection of genetic variants associated with antibiotic resistance: a systematic review. Microorganisms, 11(12), 2866.
98. Mir, Z. A., Chandra, T., Saharan, A., Budhlakoti, N., Mishra, D. C., Saharan, M. S., ... & Kumar, S. (2023). Recent advances on genome-wide association studies (GWAS) and genomic selection (GS); prospects for Fusarium head blight research in Durum wheat. Molecular Biology Reports, 50(4), 3885-3901.
99. Muhammad, M., Waheed, A., Wahab, A., Majeed, M., Nazim, M., Liu, Y. H., ... & Li, W. J. (2024). Soil salinity and drought tolerance: An evaluation of plant growth, productivity, microbial diversity, and amelioration strategies. Plant Stress, 11, 100319.
100. Nazari, M., Ghasemi-Soloklui, A.A., Kordrostami, M., Latef, A.A.H.A., 2023. Deciphering the response of medicinal plants to abiotic stressors: A focus on drought and salinity. Plant Stress, 100255.
101. Nerkar, G., Devarumath, S., Purankar, M., Kumar, A., Valarmathi, R., Devarumath, R., & Appunu, C. (2022). Advances in crop breeding through precision genome editing. Frontiers in Genetics, 13, 880195.
102. Niazian, M., & Niedbała, G. (2020). Machine learning for plant breeding and biotechnology. Agriculture, 10(10), 436.
103. Nongpiur, R. C., Rawat, N., Singla-Pareek, S. L., & Pareek, A. (2024). OsRR26, a type-B response regulator, modulates salinity tolerance in rice via phytohormone-mediated ROS accumulation in roots and influencing reproductive development. Planta, 259(5), 96.
104. Oladosu, Y., Rafii, M. Y., Abdullah, N., Hussin, G., Ramli, A., Rahim, H. A., ... & Usman, M. (2016). Principle and application of plant mutagenesis in crop improvement: a review. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 30(1), 1-16.
105. Ozturk, M., Turkyilmaz Unal, B., García-Caparrós, P., Khursheed, A., Gul, A., & Hasanuzzaman, M. (2021). Osmoregulation and its actions during the drought stress in plants. Physiologia plantarum, 172(2), 1321-1335.
106. Poria, V., Singh, S., Nain, L., Singh, B., & Saini, J. K. (2021). Rhizospheric microbial communities: occurrence, distribution, and functions. In Microbial metatranscriptomics belowground (pp. 239-271). Singapore: Springer Singapore.
107. Priatama, R. A., Pervitasari, A. N., Park, S., Park, S. J., & Lee, Y. K. (2022). Current advancements in the molecular mechanism of plasma treatment for seed germination and plant growth. International Journal of Molecular Sciences, 23(9), 4609.
108. Priyatham, K., Chakraborty, S., Paul, M., Harshavardhan, S., Singh, J., Dkhar, T., Suvarna, C., Kole, A., Das, S., 2025. Genomics-assisted Plant Breeding for Sustainable Agriculture, Environmental Harmony, and Global Food Security: A Comprehensive

Review. Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology 26, 73-86.
109. Rachappanavar, V. (2025). Utilizing CRISPR-based genetic modification for precise control of seed dormancy: progress, obstacles, and potential directions. Molecular Biology Reports, 52(1), 204.
110. Rahimi, M., Kordrostami, M., Mortezavi, M., 2019. Evaluation of tea (Camellia sinensis L.) biochemical traits in normal and drought stress conditions to identify drought tolerant clones. Physiology and molecular biology of plants 25, 59-69.
111. Rahımı, M., Ramezanı, M., Kordrostamı, M., 2017. Selecting best rice varieties under drought stress and non-stress conditions using selection indices. Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences 27, 473-480.
112. Raj, S. R. G., & Nadarajah, K. (2022). QTL and candidate genes: techniques and advancement in abiotic stress resistance breeding of major cereals. International Journal of Molecular Sciences, 24(1), 6.
113. Rajendra, V. (2025). Marker-Assisted Selection (MAS) Revolutionized: Integrating 'Omics' Data into Tomato Breeding. In Omics Approaches for Tomato Yield and Quality Trait Improvement (pp. 273-305). Singapore: Springer Nature Singapore.
114. Rajendrasozhan, S. (2023). Bacterial redox response factors in the management of environmental oxidative stress. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 39(1), 1-21.
115. Rohila, J. S., Jain, R. K., & Wu, R. (2002). Genetic improvement of Basmati rice for salt and drought tolerance by regulated expression of a barley Hva1 cDNA. Plant Science, 163(3), 525-532.
116. Ray, R. V. (2024). Effects of pathogens and disease on plant physiology. In Agrios' Plant Pathology (pp. 63-92). Academic Press.
117. Roychowdhury, R., Das, S. P., Gupta, A., Parihar, P., Chandrasekhar, K., Sarker, U., ... & Sudhakar, C. (2023). Multi-omics pipeline and omics-integration approach to decipher plant's abiotic stress tolerance responses. Genes, 14(6), 1281.
118. Roy, S., Chakraborty, A. P., & Chakraborty, R. (2021). Understanding the potential of root microbiome influencing salt-tolerance in plants and mechanisms involved at the transcriptional and translational level. Physiologia Plantarum, 173(4), 1657-1681.
119. Saharan, B. S., Brar, B., Duhan, J. S., Kumar, R., Marwaha, S., Rajput, V. D., & Minkina, T. (2022). Molecular and physiological mechanisms to mitigate abiotic stress conditions in plants. Life, 12(10), 1634.
120. Santosh Kumar, V. V., Verma, R. K., Yadav, S. K., Yadav, P., Watts, A., Rao, M. V., & Chinnusamy, V. (2020). CRISPR-Cas9 mediated genome editing of drought and salt tolerance (OsDST) gene in indica mega rice cultivar MTU1010. Physiology and Molecular Biology of Plants, 26(6), 1099-1110.
121. Satrio, R. D., Fendiyanto, M. H., & Miftahudin, M. (2024). Tools and techniques used at global scale through genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics to investigate plant stress responses at the molecular level. In Molecular dynamics of plant stress and its management (pp. 555-607). Singapore: Springer Nature Singapore.
122. Seleiman, M. F., Al-Suhaibani, N., Ali, N., Akmal, M., Alotaibi, M., Refay, Y., ... & Battaglia, M. L. (2021). Drought stress impacts on plants and different approaches to alleviate its adverse effects. Plants, 10(2), 259.
123. Shahzad, N., Nabi, H. G., Qiao, L., & Li, W. (2024). The molecular mechanism of cold-stress tolerance: Cold responsive genes and their mechanisms in rice (Oryza sativa L.). Biology, 13(6), 442.
124. Shamshirgaran, Y., Liu, J., Sumer, H., Verma, P. J., & Taheri-Ghahfarokhi, A. (2022). Tools for efficient genome editing; ZFN, TALEN, and CRISPR. Applications of genome modulation and editing, 29-46.

125. Shi, J., Habben, J. E., Archibald, R. L., Drummond, B. J., Chamberlin, M. A., Williams, R. W., ... & Weers, B. P. (2015). Overexpression of ARGOS genes modifies plant sensitivity to ethylene, leading to improved drought tolerance in both Arabidopsis and maize. Plant physiology, 169(1), 266-282.
126. Shu, P., Li, Y., Li, Z., Sheng, J., & Shen, L. (2022). SlMAPK3 enhances tolerance to salt stress in tomato plants by scavenging ROS accumulation and up-regulating the expression of ethylene signaling related genes. Environmental and Experimental Botany, 193, 104698.
127. Singh, H. P., Batish, D. R., & Kohli, R. K. (2003). Allelopathic interactions and allelochemicals: new possibilities for sustainable weed management. Critical reviews in plant sciences, 22(3-4), 239-311.
128. Singh, R. P., Shelke, G. M., Kumar, A., & Jha, P. N. (2015). Biochemistry and genetics of ACC deaminase: a weapon to “stress ethylene” produced in plants. Frontiers in microbiology, 6, 937.
129. Singh, A. K. (2017). Discovery and role of molecular markers involved in gene mapping, molecular breeding, and genetic diversity. In Plant Bioinformatics: Decoding the Phyta (pp. 303-328). Cham: Springer International Publishing.
130. Singh, G., Sarkar, N. K., & Grover, A. (2021). Hsp70, sHsps and ubiquitin proteins modulate HsfA6a-mediated Hsp101 transcript expression in rice (Oryza sativa L.). Physiologia Plantarum, 173(4), 2055-2067.
131. Singh, P., Choudhary, K. K., Chaudhary, N., Gupta, S., Sahu, M., Tejaswini, B., & Sarkar, S. (2022). Salt stress resilience in plants mediated through osmolyte accumulation and its crosstalk mechanism with phytohormones. Frontiers in Plant Science, 13, 1006617.
132. Singh, A., & Roychoudhury, A. (2023). Abscisic acid in plants under abiotic stress: crosstalk with major phytohormones. Plant Cell Reports, 42(6), 961-974.
133. Srivastava, K., Singh, S., Singh, A., Jain, T., Datta, R., & Kohli, A. (2023). Effect of temperature (cold and hot) stress on medicinal plants. In Medicinal plants: Their response to abiotic stress (pp. 153-168). Singapore: Springer Nature Singapore.
134. Stefen, D. L. V., Nunes, F. R., Rodolfo, G. R., Segatto, C., Anastácio, T. C., & Lajus, C. R. (2022). How phytohormones synthesized by PGPR affect plant growth?. In Secondary metabolites and volatiles of PGPR in plant-growth promotion (pp. 119-131). Cham: Springer International Publishing.
135. Sun, W., & Shahrajabian, M. H. (2023). The application of arbuscular mycorrhizal fungi as microbial biostimulant, sustainable approaches in modern agriculture. Plants, 12(17), 3101.
136. Sung, D. Y., Kaplan, F., & Guy, C. L. (2001). Plant Hsp70 molecular chaperones: protein structure, gene family, expression and function. Physiologia plantarum, 113(4), 443-451.
137. Suresh, R., Nithishkumar, G., Shankari, M. A. M., Renuprasath, P., Shanmugam, A., Muthuramu, S., ... & Raveendran, M. (2025). Evaluation of qDTY QTL introgressed rice genotypes for yield under drought stress across environments. Cereal Research Communications, 53(2), 1021-1036.
138. Syvänen, A. C. (2001). Accessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms. Nature Reviews Genetics, 2(12), 930-942.
139. Sweetlove, L. J., & Fernie, A. R. (2005). Regulation of metabolic networks: understanding metabolic complexity in the systems biology era. New Phytologist, 168(1), 9-24.
140. Tang, K., Zhao, L., Ren, Y., Yang, S., Zhu, J. K., & Zhao, C. (2020). The transcription factor ICE1 functions in cold stress response by binding to the promoters of CBF and COR genes. Journal of Integrative Plant Biology, 62(3), 258-263.
141. Tarczynski, M. C., Jensen, R. G., & Bohnert, H. J. (1992). Expression of a bacterial mtlD gene in transgenic

tobacco leads to production and accumulation of mannitol. Proceedings of the National Academy of Sciences, 89(7), 2600-2604.

142. Tiwari, S., Prasad, V., Chauhan, P. S., & Lata, C. (2017). Bacillus amyloliquefaciens confers tolerance to various abiotic stresses and modulates plant response to phytohormones through osmoprotection and gene expression regulation in rice. Frontiers in Plant Science, 8, 1510.

143. Urmi, T. A., Islam, M. M., Zumur, K. N., Abedin, M. A., Haque, M. M., Siddiqui, M. H., ... & Hoque, M. A. (2023). Combined effect of salicylic acid and proline mitigates drought stress in rice (Oryza sativa L.) through the modulation of physiological attributes and antioxidant enzymes. Antioxidants, 12(7), 1438.

144. Usman, B., Nawaz, G., Zhao, N., Liao, S., Liu, Y., & Li, R. (2020). Precise editing of the OsPYL9 gene by RNA-guided Cas9 nuclease confers enhanced drought tolerance and grain yield in rice (Oryza sativa L.) by regulating circadian rhythm and abiotic stress responsive proteins. International journal of molecular sciences, 21(21), 7854.

145. Vemuri, G. N., & Aristidou, A. A. (2005). Metabolic engineering in the-omics era: elucidating and modulating regulatory networks. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 69(2), 197-216.

146. Villalobos-López, M. A., Arroyo-Becerra, A., Quintero-Jiménez, A., & Iturriaga, G. (2022). Biotechnological advances to improve abiotic stress tolerance in crops. International Journal of Molecular Sciences, 23(19), 12053.

147. Vo, K. T. X., Rahman, M. M., Rahman, M. M., Trinh, K. T. T., Kim, S. T., & Jeon, J. S. (2021). Proteomics and metabolomics studies on the biotic stress responses of rice: an update. Rice, 14(1), 30.

148. Wahab, A., Muhammad, M., Munir, A., Abdi, G., Zaman, W., Ayaz, A., ... & Reddy, S. P. P. (2023). Role of arbuscular mycorrhizal fungi in regulating growth, enhancing productivity, and potentially influencing ecosystems under abiotic and biotic stresses. Plants, 12(17), 3102.

149. Wanichthanarak, K., Fahrmann, J. F., & Grapov, D. (2015). Genomic, proteomic, and metabolomic data integration strategies. Biomarker insights, 10, BMI-S29511.

150. Wu, Y., Liu, J., Zhao, L., Wu, H., Zhu, Y., Ahmad, I., & Zhou, G. (2024). Abiotic stress responses in crop plants: A multi-scale approach. Journal of Integrative Agriculture.

151. Yadav, R. K., Tripathi, M. K., Tiwari, S., Tripathi, N., Asati, R., Chauhan, S., ... & Payasi, D. K. (2023). Genome editing and improvement of abiotic stress tolerance in crop plants. Life, 13(7), 1456.

152. Ye, Q., Wang, H., & Li, H. (2023). Arbuscular Mycorrhizal Fungi Enhance Drought Stress Tolerance by Regulating Osmotic Balance, the Antioxidant System, and the Expression of Drought-Responsive Genes in Vitis vinifera L. Australian Journal of Grape and Wine Research, 2023(1), 7208341.

153. Yoo, Y. H., Nalini Chandran, A. K., Park, J. C., Gho, Y. S., Lee, S. W., An, G., & Jung, K. H. (2017). OsPhyB-mediating novel regulatory pathway for drought tolerance in rice root identified by a global RNA-Seq transcriptome analysis of rice genes in response to water deficiencies. Frontiers in Plant Science, 8, 580.

154. Yu, W., Wang, L., Zhao, R., Sheng, J., Zhang, S., Li, R., & Shen, L. (2019). Knockout of SlMAPK3 enhances tolerance to heat stress involving ROS homeostasis in tomato plants. BMC Plant Biology, 19(1), 354.

155. Yu, Y., Gui, Y., Li, Z., Jiang, C., Guo, J., & Niu, D. (2022). Induced systemic resistance for improving plant immunity by beneficial microbes. Plants, 11(3), 386.

156. Yun, P., Xu, L., Wang, S. S., Shabala, L., Shabala, S., & Zhang, W. Y. (2018). Piriformospora indica improves salinity stress tolerance in Zea mays L. plants by regulating Na+ and K+ loading in root and allocating K+ in shoot. Plant growth regulation, 86(2), 323-331.

157. Younis, A., Ramzan, F., Ramzan, Y., Zulfiqar, F., Ahsan, M., & Lim, K. B. (2020). Molecular markers improve abiotic stress tolerance in crops: a review. Plants, 9(10), 1374.
158. Zhang, H. X., Zhang, Y., & Yin, H. (2019a). Genome editing with mRNA encoding ZFN, TALEN, and Cas9. Molecular Therapy, 27(4), 735-746.
159. Zhang, F. (2019b). Development of CRISPR-Cas systems for genome editing and beyond. Quarterly Reviews of Biophysics, 52, e6.
160. Zhang, A., Liu, Y., Wang, F., Li, T., Chen, Z., Kong, D., ... & Luo, L. (2019c). Enhanced rice salinity tolerance via CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the OsRR22 gene. Molecular breeding, 39(3), 47.
161. Zhang, H., Zhao, Y., & Zhu, J. K. (2020). Thriving under stress: how plants balance growth and the stress response. Developmental Cell, 55(5), 529-543.
162. Zhang, X., Mi, Y., Mao, H., Liu, S., Chen, L., & Qin, F. (2020b). Genetic variation in ZmTIP1 contributes to root hair elongation and drought tolerance in maize. Plant Biotechnology Journal, 18(5), 1271-1283.
163. Zhang, Y., Zhao, Y., Hou, X., Ni, C., Han, L., Du, P., & Xiao, K. (2023). Wheat ABA receptor TaPYL5 constitutes a signaling module with its downstream partners TaPP2C53/TaSnRK2. 1/TaABI1 to modulate plant drought response. International Journal of Molecular Sciences, 24(9), 7969.
164. Zhang, Y., Li, X., Jia, L., Ji, L., Wang, C., Xu, W., ... & Liu, P. (2024). Partial root zone irrigation and K application improves summer maize production and salt resistance in saline soil. Agricultural Water Management, 303, 109057.
165. Zhang, X., Ibrahim, Z., Khaskheli, M. B., Raza, H., Zhou, F., & Shamsi, I. H. (2024b). Integrative approaches to abiotic stress management in crops: combining bioinformatics educational tools and artificial intelligence applications. Sustainability, 16(17), 7651.
166. Zheng, L., Wu, W., Chen, Q., Zhang, G., Gao, F., & Zhou, Y. (2022). Integrated transcriptomics, proteomics, and metabolomics identified biological processes and metabolic pathways involved in heat stress response in jojoba. Industrial Crops and Products, 183, 114946.
167. Zhuang, J., Zhang, J., Hou, X. L., Wang, F., & Xiong, A. S. (2014). Transcriptomic, proteomic, metabolomic and functional genomic approaches for the study of abiotic stress in vegetable crops. Critical Reviews in Plant Sciences, 33(2-3), 225-237.