



خویشاوندان وحشی و بانک‌های ژن: گنجینه‌های پنهان کشاورزی ایران برای عبور از بحران کم‌آبی

سیده مژگان ابطحی‌فروشانی^{*}

۱- گروه ژنتیک و به‌نژادی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تربیت مدرس، تهران، ایران.

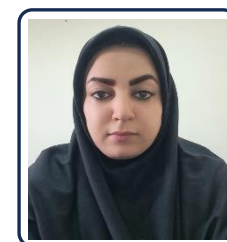
اطلاعات مقاله

چکیده

واژگان کلیدی:

تحمل خشکی، فرسایش ژنتیکی، مخازن تنوع زیستی، به‌نژادی، کشاورزی تاب‌آور

تغییر اقلیم و خشکسالی‌های مکرر به عنوان مهم‌ترین تنش‌های غیرزیستی، تهدیدی جدی برای امنیت غذایی جهانی و به ویژه برای کشورهای واقع در کمربند خشک و نیمه‌خشک مانند ایران محسوب می‌شود. ارقام تجاری پرمحصول، با وجود عملکرد بالا در شرایط آبی مطلوب، به دلیل تنگنای ژنتیکی ناشی از اهلی‌سازی و به نژادی مداوم، فاقد سازوکارهای کارآمد تحمل به خشکی هستند. در مقابل، خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی که طی هزاران سال در شرایط سخت طبیعی تکامل یافته‌اند، مخازن ارزشمند تنوع ژنتیکی حاوی ژن‌های کلیدی برای تحمل خشکی، شوری، دماهای افراطی و سایر تنش‌ها هستند. بانک‌های ژن نیز به عنوان گنجینه دوم، نقش صندوق امانات بیولوژیک را ایفا کرده و این ذخایر راهبردی را در برابر انقراض و فرسایش ژنتیکی حفاظت نموده و در دسترس به‌نژادگران قرار می‌دهند. استقلال کشورها در تولید بذر و کنترل زنجیره تأمین غذا، از طریق توسعه و بهره‌برداری اصولی از بانک‌های ژن تقویت می‌شود. اما در ایران، کمبود بودجه، نابودی زیستگاه‌های طبیعی و مهم‌تر از همه عدم آگاهی عمومی از ارزش واقعی این ذخایر، بزرگ‌ترین تهدیدها هستند. این مقاله مروری جامع، مبانی نظری ارزش خویشاوندان وحشی و نقش بانک‌های ژن را تبیین می‌کند، سپس روش‌های نوین بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی را بررسی و مطالعات موردی موفق در محصولات کلیدی را ارائه می‌دهد. در ادامه، چالش‌های پیش رو و توصیه‌های سیاستی برای بهره‌گیری مؤثر از این دو گنجینه بحث می‌شود. نتیجه آنکه، سرمایه‌گذاری هدفمند بر روی این دو گنجینه، نه یک گزینه، بلکه یک ضرورت راهبردی برای تضمین امنیت غذایی ایران در دهه‌های آینده است.



سیده مژگان ابطحی‌فروشانی (نویسنده مسئول)
پست الکترونیک: m.abtahi@modares.ac.ir

۱. مقدمه

تغییر اقلیم و پیامدهای آن از جمله افزایش دما، کاهش نزولات جوی و افزایش فراوانی رویدادهای اقلیمی حدی (نظیر خشکسالی‌های طولانی‌مدت) آثار مخرب و زیان‌آوری بر مراحل مختلف رشد، ساختار و فعالیت‌های گیاه داشته، عملکرد و کیفیت محصولات زراعی را به شدت تحت تأثیر قرار می‌دهد و فشار فزاینده‌ای بر سیستم‌های تولید مواد غذایی

وارد می‌آورد (Nóia Júnior et al., 2025). ایران در رده کشورهای خشک و نیمه خشک جهان محسوب می‌شود و خشکسالی و کم‌آبی در ایران یک واقعیت اقلیمی است که با توجه به روند روزافزون نیاز بخش‌های مختلف به آب، در سالهای آینده حادث‌تر نیز خواهد شد (Hamidifar, 2024). بر اساس آمار وزارت نیرو، میانگین درازمدت (۳۰ ساله) بارندگی سالانه ایران حدود ۲۵۰ میلی‌متر برآورد شده

است، در حالی که این مقدار برای متوسط بارندگی سالیانه جهان حدود ۸۶۰ میلی‌متر است. این اختلاف آماری، بیانگر محدودیت ذاتی منابع آبی کشور نسبت به میانگین جهانی است (Chaparinia et al., 2025). این امر تولیدات کشاورزی را با پیامد منفی مواجه ساخته، به گونه‌ای که در آینده نزدیک ارقام کنونی نیز پاسخگوی شرایط جدید اقلیمی کشور نخواهند بود. راهکارهای سنتی مانند توسعه سیستم‌های آبیاری تحت فشار یا استفاده از تجهیزات جلوگیری از تبخیر اگرچه ضروری هستند، اما به دلیل محدودیت منابع آبی و هزینه‌های بالا، به تنهایی پاسخگو نخواهند بود. در چنین شرایطی کشت گیاهان متحمل به خشکی و کشت گیاهان با نیاز آبی اندک یک اولویت راهبردی محسوب می‌شود. از طرفی متأسفانه در سال‌های اخیر، تمرکز بر تولید ارقام دارای عملکرد بالا برای شرایط محیطی ایده آل بوده و تمرکز بر ارقام دارای قابلیت کشت در شرایط پر تنش بسیار محدود بوده است (Arif et al., 2025). استفاده از ارقام اصلاح شده پرمحصول در شرایط بهینه آبی در دهه‌های قبل منجر به کاهش چشمگیر تنوع ژنتیکی و ظهور پدیده تنگنای ژنتیکی (Genetic bottleneck) شده است. به بیانی دیگر ارقام اصلاح شده وارداتی با عملکرد و بازپسندی بالاتر به سرعت جایگزین ارقام بومی گردیده و ناگهان در مدت کوتاهی ارقام بومی که نتیجه قرن‌ها سازگاری و پایداری با این آب و خاک بوده و حاوی ژنهای بسیار ارزشمندی بودند در معرض انقراض قرار گرفتند.

یکی از امیدوارکننده‌ترین رویکردها برای عبور از این تنگنای ژنتیکی و غنی کردن ذخیره ژنتیکی محصولات استراتژیک در کشور، بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی است (Khoury et al., 2022). در مفهوم کلی، خویشاوندان وحشی گونه‌هایی هستند که به طور طبیعی در زیست‌بوم‌های خودرو رویش دارند و از قرابت ژنتیکی قابل توجهی با گیاهان اهلی شده برخوردارند. برخلاف ارقام اصلاح شده که تحت فشار انتخاب مصنوعی برای عملکرد بالا در شرایط بهینه قرار گرفته‌اند، خویشاوندان وحشی در زیستگاه‌های طبیعی خود تحت فشار انتخاب طبیعی برای بقا در شرایط تنش (خشکی، شوری، آفات و بیماری‌ها) تکامل یافته‌اند. در نتیجه، آن‌ها مخزنی غنی از آلل‌های منحصربه‌فرد برای تحمل به تنش‌های

زیستی و غیر زیستی هستند که در ارقام تجاری مدرن یا وجود ندارند یا طی فرآیند اهلی‌سازی حذف شده‌اند (Rajandran et al., 2022; Ortiz et al., 2024) و ایران نیز منشاء بسیاری از این گونه‌ها است. بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی به دلیل توانایی بالای اهلی‌سازی و همچنین وجود ژنوم‌های سازگار در برنامه‌های به نژادی یکی از مهمترین اقدامات مدیریتی در برابر پیامدهای منفی تغییر اقلیم محسوب می‌شود (Manda et al., 2025). در همین حال، بانک‌های ژن به عنوان مخازن اصلی حفظ این تنوع، نقشی راهبردی در تأمین امنیت غذایی و سازگاری با تغییرات اقلیمی ایفا می‌کنند. علیرغم این پتانسیل عظیم، بهره‌برداری از خویشاوندان وحشی با چالش‌هایی همراه است. موانع تلاقی، همراهی ژن‌های نامطلوب و نابودی زیستگاه‌های طبیعی این گونه‌ها از جمله مهم‌ترین موانع هستند. با این حال، پیشرفت‌های سریع در حوزه ژنومیکس، نشانگرهای مولکولی و فناوری‌های ویرایش ژنوم، امکان عبور از این موانع را بیش از پیش فراهم کرده است. این مقاله با هدف ارائه یک نمای کلی و ارائه راهکارهایی برای بهره‌گیری مؤثر از خویشاوندان وحشی در مقابله با بحران کم‌آبی تدوین شده است. در این راستا، دو گنجینه پنهان را می‌توان به عنوان ارکان اصلی این راهکارها معرفی کرد.

۲. راه حل عبور از بحران: دو گنجینه پنهان

۱.۲. گنجینه اول: خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی

خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی طی هزاران سال در سخت‌ترین شرایط طبیعی بدون آبیاری، بدون استفاده از کودها و سموم شیمیایی فقط با نیروی ژن‌های خودشان زنده مانده‌اند. در واقع این گیاهان با قرار گرفتن در معرض تنش‌های محیطی، سازوکارهای متنوع و کارآمدی برای مقابله با خشکی ایجاد کرده‌اند. این سازوکارها در ارقام اصلاح شده مدرن یا تضعیف شده و یا به کلی حذف شده‌اند. مهم‌ترین این سازوکارها در جدول شماره ۱ عنوان شده‌اند (Eckardt et al., 2023).

جدول ۱- ساز و کارهای تحمل به تنش خشکی در گونه های

گونه های وحشی	توضیح عملکرد	مکانیسم تحمل وحشی
سورگوم وحشی (<i>Sorghum propinquum</i>)	نفوذ به اعماق پایین تر خاک برای دسترسی به رطوبت و افزایش سطح جذب آب.	ریشه های عمیق و گسترده
گوجه فرنگی وحشی (<i>Solanum pennellii</i>)	بسته شدن سریع روزنه ها در ساعات گرم روز برای کاهش تعرق و باز شدن در شب.	تنظیم هوشمند روزنه ای
برنج وحشی (<i>Oryza nivara</i>)	تولید قندها، پرولین و گلیسین بتائین برای حفظ تورژسانس سلول.	افزایش اسمولیت ها
سورگوم وحشی	حفظ سبزیگی برگ ها و فعالیت فتوسنتزی حتی در شرایط تنش شدید.	سبزماندی (Stay-green)
بادمجان وحشی (<i>Solanum incanum</i>)	بیشتر به ازای واحد آب مصرفی از طریق مسیرهای فتوسنتزی کارآمدتر.	کارایی مصرف آب (WUE)

•

این ویژگی ها نشان می دهد که گیاهان وحشی نه تنها منبعی برای تحمل خشکی هستند، بلکه می توانند برای بهبود کارایی مصرف آب و پایداری عملکرد در شرایط کم آبی نیز مورد استفاده قرار گیرند. اما صرفاً وجود این مکانیسم های ارزشمند در گونه های وحشی کافی نیست؛ چالش اصلی در انتقال موفقیت آمیز این صفات به ارقام زراعی و غلبه بر موانع ژنتیکی نهفته است.

۱.۱.۲. روش های انتقال صفات مطلوب از خویشاوندان وحشی

روش های انتقال صفات مطلوب از خویشاوندان وحشی به گیاهان زراعی در سال های اخیر دستخوش تحولات اساسی شده و از روش های کلاسیک به سمت رویکردهای دقیق تر

مولکولی و ژنومی حرکت کرده است (Bohra et al., 2022; Chen et al., 2019).

روش های کلاسیک و دورگ گیری

اساس کار، تلاقی یک رقم زراعی حساس به خشکی با یک خویشاوند وحشی متحمل است. سپس با انجام تلاقی های برگشتی مکرر (Recurrent Backcrossing) با رقم زراعی حساس، ژنوم رقم زراعی بازسازی می شود و تنها قطعه حاوی ژن (های) تحمل از گونه وحشی حفظ می گردد. مرحله مقدماتی این فرآیند که پیش به نژادی (Pre-breeding) نام دارد، برای کاهش صفات نامطلوب وحشی و افزایش قابلیت پذیرش توسط به نژادگران ضروری است. به دلیل مشکلات ناسازگاری جنسی در بسیاری موارد، از تکنیک های کمکی مانند نجات جنین (Embryo Rescue) استفاده می شود. به عبارتی دیگر زمانی که جنین حاصل از تلاقی دو رقم به دلیل ناسازگاری، پیش از موعد سقط می شود، جنین نارس (معمولاً ۲۰-۱۰ روز پس از گرده افشانی) به محیط کشت هورمونی منتقل و رشد داده می شود.

رویکردهای مولکولی و ژنومی

روش های کلاسیک زمان بر و هزینه بر هستند. ورود نشانگرهای مولکولی (Molecular Markers) انقلابی در این زمینه ایجاد کرده است که در حوزه های زیر قابل بررسی است:

-گزینش به کمک نشانگر (MAS): با شناسایی مناطق خاصی از ژنوم (کروموزوم) که با صفات کمی و پیچیده (مانند تحمل به خشکی، عملکرد، کیفیت دانه) مرتبط هستند از یکطرف و شناسایی نشانگرهای پیوسته به مکان های ژنی کنترل کننده تحمل به خشکی، به نژادگران می توانند بدون نیاز به انجام آزمون های خشکی وقت گیر، گیاهان دارای ژن های تحمل به خشکی را در مراحل اولیه رشد انتخاب کنند.

-انتخاب ژنومی (Genomic Selection): انتخاب ژنومی یک ابزار قدرتمند برای تسریع و افزایش دقت برنامه های انتقال ژن از خویشاوندان وحشی به گیاهان اهلی است. این رویکرد با غلبه بر محدودیت های روش های سنتی (مانند زمان بر بودن و همراهی ژن های نامطلوب (Linkage drag))، امکان بهره گیری مؤثر از مخازن ژنی وحشی را برای بهبود تحمل به تنش های غیرزیستی و زیستی در ارقام تجاری فراهم می کند.

با کاهش هزینه‌های توالی‌یابی و توسعه مدل‌های آماری کارآمدتر، کاربرد انتخاب ژنومی در برنامه‌های به‌نژادی مبتنی بر خویشاوندان وحشی به طور فزاینده‌ای افزایش می‌یابد.

فناوری‌های نوین: ویرایش ژنوم CRISPR-Cas9

ویرایش ژنوم مرزهای استفاده از خویشاوندان وحشی را جابه‌جا کرده است. با ابزارهایی مانند CRISPR-Cas9 می‌توان مستقیماً ژن‌های مطلوب شناسایی شده در گونه وحشی (به عنوان مثال ژن دخیل در بسته شدن روزنه) را در جایگاه دقیق خود در ژنوم گیاه زراعی ویرایش یا جایگزین کرد. این کار، مشکل همراهی ژن‌های نامطلوب را که یکی از بزرگترین موانع روش‌های سنتی است، به طور کامل حل می‌کند. چالش همراهی ژن‌های نامطلوب به قدری مهم است که بسیاری از صفات با ارزش منتقل شده از وحشی هرگز به رقم تجاری نهایی راه نمی‌یابند، زیرا عملکرد کلی گیاه را کاهش می‌دهند. رویکردهای نوین مانند ویرایش ژنوم، امید تازه‌ای برای شکست این مانع تاریخی ایجاد کرده‌اند.

کارآمدی روش‌های فوق در عمل، توسط مطالعات موردی متعددی در محصولات استراتژیک به اثبات رسیده است. در ادامه، نمونه‌هایی از موفقیت‌ترین این تلاش‌ها در گیاهان زراعی کلیدی ارائه می‌شود.

۲.۱.۲. مطالعات موردی موفق

گندم (*Triticum aestivum*)

گندم به عنوان مهم‌ترین گیاه زراعی جهان، از دیرباز از تنوع ژنتیکی خویشاوندان وحشی خود بهره برده است. گونه‌های وحشی جنس آگیلوپس *Aegilops* به ویژه *Aegilops tauschii* جد ژنوم D گندم نان و *Triticum dicoccoides* (گندم وحشی) منابع اصلی ژن‌های مقاومت به زنگ‌ها و همچنین تحمل به خشکی و شوری و بهبود کیفیت پروتئین بوده‌اند. مطالعات اخیر نشان می‌دهد که انتقال ژن‌های کنترل‌کننده کارایی مصرف آب از *Aegilops tauschii* به گندم نان می‌تواند عملکرد دانه را در شرایط تنش خشکی تا ۳۰ درصد افزایش دهد (Gaurav et al., 2021; Zhang et al., 2018; Bo et al., 2022).

برنج (*Oryza sativa*)

برنج برخلاف گندم، گیاهی حساس به خشکی است. با این حال، خویشاوندان وحشی برنج مانند *Oryza rufipogon* و *Oryza nivara* (اجداد وحشی برنج رقم‌های زراعی) دارای تنوع ژنتیکی خارق‌العاده‌ای برای تحمل به خشکی، غرقابی و شوری هستند. ژن معروف *Sub1* که مقاومت به غرقابی را فراهم می‌کند و ژن‌های *DST* که تحمل به خشکی را افزایش می‌دهند، از همین منابع وحشی منشأ گرفته‌اند. بررسی‌های فیزیولوژیک نشان داده است که برخی توده‌های برنج وحشی دارای کارایی فتوسنتزی بالاتر و سیستم ریشه قوی‌تری هستند که می‌تواند برای افزایش عملکرد در شرایط کم‌آبی در برنامه‌های اصلاحی مورد استفاده قرار گیرد (Tao et al., 2026).

جو (*Hordeum vulgare*)

جو وحشی (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) به عنوان جد وحشی جو اهلی (*Hordeum vulgare* L.)، یک منبع ژنتیکی ارزشمند برای برنامه‌های اصلاحی محسوب می‌شود. در مطالعات مختلف استفاده از ژن‌های بیگانه از خویشاوندان وحشی، راهبردی مؤثر برای افزایش تنوع ژنتیکی و بهبود تحمل به تنش‌های غیرزیستی خشکی، شوری، گرما، افزایش عملکرد دانه و کیفیت دانه جو در جو اهلی ابوده است (Bahrami et al., 2025; Del Pozo et al., 2024; Eskandarli et al., 2025; Najafipour et al., 2023; 2025).

گیاهان خانواده براسیکا (کلزا، کلم، خردل)

در خانواده براسیکا که شامل محصولات مهمی مانند کلزا (*Brassica napus*)، کلم و خردل است، استفاده از خویشاوندان وحشی به دلیل سازگاری ژنتیکی نزدیک بسیار موفقیت‌آمیز بوده است. دیپلوئیدهای وحشی مانند *Brassica oleracea* rapa و *Brassica nigra* به عنوان مخازنی برای انتقال ژن‌های مقاومت به بیماری‌ها و حشرات، خشکی، شوری، گرما، کاهش ریزش غلاف و افزایش عملکرد دانه به آلوتتراپلوئیدهای زراعی (کلزا، خردل هندی و حبشی) مورد استفاده قرار گرفته‌اند (Quezada-Martinez et al., 2021).

بر اساس بررسی منابع طیف گسترده‌ای از صفات مانند افزایش مقاومت به بیماری‌های سوختگی دیررس، کوتولگی علفی، تحمل به خشکی و گرما، افزایش ارزش غذایی و بهره‌وری در

نقش گنجینه دوم یعنی بانک‌های ژن به عنوان صندوق امانات بیولوژیک حیاتی می‌شود.

۲.۲. گنجینه دوم: بانک‌های ژن (کتابخانه‌های بذری)

اگر خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی، گنجینه ی اول تنوع ژنتیکی در طبیعت هستند، بانک‌های ژن را می‌توان گنجینه ی دوم یا صندوق امانات بیولوژیک نامید؛ جایی که ذخایر ژنتیکی ارزشمند برای نسل‌های حال و آینده، خارج از خطر انقراض و فرسایش ژنتیکی، نگهداری می‌شوند. بانک ژن درست مثل یک کتابخانه است؛ اما به جای کتاب، بذر ذخیره می‌کند. هر بذر یک کتاب ژنتیکی است که اطلاعاتِ چگونه رشد کردن، چگونه با خشکی مبارزه کردن، و چگونه در برابر آفات ایستادگی کردن را در خود دارد (Mahaman Mourtala et al., 2025).

۱.۲.۲. چرا بانک‌های ژن گنجینه ی دوم محسوب می‌شوند؟

اگر خویشاوندان وحشی، گنجینه ژنتیکی پراکنده در دل طبیعت هستند، بانک‌های ژن محل امن و مطمئنی هستند که این گنجینه را از حوادث طبیعی و انسانی در امان نگه می‌دارند. در زیر به تفکیک به دلایل این نامگذاری می‌پردازیم (Curry, 2022).

حفاظت در برابر فرسایش ژنتیکی: بانک‌های ژن با جمع‌آوری و نگهداری بذرهای بومی، نادر و مقاوم نسخه‌ای پشتیبان از خویشاوندان وحشی و بستری مناسب برای حفظ منابع ژنتیکی فراهم می‌کنند که میتواند پاسخگوی نیازهای آینده بشر در تأمین غذا، دارو، و سایر محصولات زیستی باشد. در ایران، بانک ژن گیاهی ملی ایران در کرج فعال است. در این بانک، هزاران نمونه بذر در دمای منفی ۱۸ درجه سانتی‌گراد نگهداری می‌شوند. برخی از این بذرها مربوط به گیاهانی هستند که دیگر در طبیعت یافت نمی‌شوند. اگر آن‌ها را در بانک ژن ذخیره نشده بودند، برای همیشه نابود می‌شدند.

در دسترس بودن برای به‌نژادگران: یک به‌نژادگر در ایران می‌تواند بدون سفر به مناطق دورافتاده، نمونه ی جو وحشی متحمل به شوری را از بانک ژن دریافت کند یا به

محصولات متنوعی از جمله سیب‌زمینی و سویا با انتقال ژن‌های مفید از مخازن ژنی خویشاوندان وحشی به ارقام تجاری حاصل شده است (Arcos-Pineda, 2024; Wang et al., 2019; Gramazio et al., 2021). دورگ‌گیری همچنین منجر به ایجاد ارقام تجاری در بسیاری از گونه‌های حبوبات مانند بادام‌زمینی، لوبیا، ماش، نخود، کبوترباقلا (لوبیای کبوتری) و عدس شده است (Kahraman et al., 2015; Ogutcen et al., 2018; Kumar et al., 2021; Khan et al., 2022).

۳.۱.۲. چالش‌ها و محدودیت‌ها

با وجود پیشرفت‌های قابل توجه، مسیر بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی هموار نیست و موانع متعددی وجود دارد که در جدول شماره ۲ عنوان شده است (Maxted et al., 2024).

جدول ۲- چالش‌ها و راهکارهای بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی		
چالش	توضیح	راهکار پیشنهادی
ناسازگاری جنسی و موانع تلاقی	تفاوت در تعداد یا ساختار کروموزوم‌ها، عقمی هیبریدها	نجات جنین، تکنیک‌های سیتوژنتیک، پل ژنتیکی (Bridge crossing).
همراهی ژن‌های نامطلوب	انتقال ژن‌های نامطلوب وحشی همراه با ژن مطلوب	تلاقی برگشتی مکرر با جمعیت‌های بزرگ، استفاده از نشانگرهای مولکولی با تراکم بالا، ویرایش ژنوم
فقدان اطلاعات فنوتیپی و ژنومی دقیق	عدم ارزیابی از نظر تحمل به خشکی	غربالگری سیستماتیک بانک‌های ژن توسط فنوتیپ نگاری با توان بالا
تهدید تنوع زیستی و حفاظت	تخریب زیستگاه‌های طبیعی، تغییر اقلیم و انقراض جمعیت‌های وحشی	حفاظت در محل (In situ conservation) و برون محل (Ex situ – conservation)
زمان و هزینه‌بر بودن	طولانی بودن چرخه‌های به‌نژادی سنتی	استفاده از انتخاب ژنومی، شتاب نسل (Speed breeding)، ویرایش ژنوم برای کاهش زمان

همانطور که در جدول ۲ مشاهده شد، تخریب زیستگاه‌های طبیعی و خطر انقراض جمعیت‌های وحشی، یکی از مهم‌ترین موانع بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی است. اینجاست که

لاین‌های حاصل از تلاقی ارقام زراعی و وحشی دسترسی پیدا کند.

- **حفظ امنیت غذایی جهانی:** در هنگام بروز آفات، بیماری‌های نوظهور یا خشکسالی، ژن‌های مقاوم موجود در بانک‌های ژن نجات‌بخش کشاورزی و ستون استوار امنیت غذایی در آینده محسوب می‌شوند

- **حفظ استقلال و تمامیت ارضی:** استقلال کشورها در تولید بذر و کنترل زنجیره تأمین غذا، از طریق توسعه و بهره‌برداری اصولی از بانک‌های ژن تقویت می‌شود. کشورهایی که به منابع ژنتیکی متنوع و بومی دسترسی دارند، وابستگی کمتری به بذرهای تجاری چندملیتی خواهند داشت و در برابر نوسانات بازار جهانی بذر و شرایط بحرانی مانند جنگ‌ها، همه‌گیری‌ها یا تحریم‌های اقتصادی، انعطاف پذیرتر عمل می‌کنند.

۲.۲.۲. چالش‌ها: چرا این گنجینه‌ها در خطر هستند؟

با وجود این همه اهمیت، دو گنجینه خویشاوندان وحشی و بانک‌های ژن در ایران با مشکلات جدی روبرو هستند (رحمانی و همکاران، ۱۳۹۹):

- **نابودی زیستگاه‌های طبیعی:** امروزه با افزایش جمعیت، صنعتی شدن، تغییر کاربری اراضی، چرای بی‌رویه دام و برداشت بیش از حد و غیر اصولی گیاهان بسیاری از گونه‌های وحشی رو به انقراض هستند. هر هکتار از زیستگاه طبیعی خویشاوندان وحشی که نابود می‌شود، در حقیقت یک کتابخانه ژنتیکی منحصر به فرد را پیش از آنکه فرصت مطالعه و بهره‌برداری از آن پیدا کنیم، به نابودی می‌کشاند. متعاقب آن به نژادگر در آینده نمی‌تواند ژنی را که دیگر وجود خارجی ندارد، به ارقام زراعی منتقل کند. حفاظت از زیستگاه‌های طبیعی، نه صرفاً یک فعالیت حاشیه‌ای محیط زیستی، بلکه یک ضرورت راهبردی برای امنیت غذایی ایران است.

- **کمبود بودجه بانک‌های ژن:** این نکته بسیار حیاتی است، زیرا حتی اگر خویشاوندان وحشی در طبیعت حفظ شوند یا جمع‌آوری گردند، بدون بودجه کافی و پایدار، بانک‌های ژن بجای تبدیل به خزانه‌ی حیات به تدریج به گورستان بذر تبدیل می‌شوند. نگهداری از هزاران نمونه بذر هزینه دارد. یخچال‌ها باید همیشه روشن باشند، بذرهای هر چند سال یک

بار باید کشت و بازتولید شوند، و به آزمایشگاه‌های مدرن نیاز است. متأسفانه بودجه اختصاص داده شده به بانک‌های ژن بسیار کم است.

- **کمبود دانش عمومی:** بسیاری از مردم، کشاورزان و حتی سیاست‌گذاران، ارزش واقعی بذرهای محلی و خویشاوندان وحشی را نمی‌دانند. نتیجه این ناآگاهی، حذف سیستماتیک و روزافزون ذخایر ژنتیکی از مزارع و زیست بوم‌های طبیعی است. ارزش حقیقی آن بذر نه در اندازه‌ی دانه، که در ژن‌هایی است که هزاران سال برای بقا در همین اقلیم سخت ایران غربال شده‌اند. یک ژن تحمل به خشکی از یک گندم وحشی ایرانی، هنگامی که روز مبادا فرا رسد، از هزاران تن گندم وارداتی ارزشمندتر خواهد بود. ریشه‌های این ناآگاهی را می‌توان در آموزش ضعیف در مدارس و دانشگاه‌ها، نقش رسانه‌های جمعی در ترویج ارقام پرمحصول خارجی و ضعف تولید و بازاریابی بذرهای داخلی جست‌وجو کرد.

۳. چشم‌انداز آینده و توصیه‌های سیاستی

با جود پتانسیل عظیم این دو گنجینه، تحقق کامل بهره‌برداری از آنها نیازمند همگرایی پیشرفت‌های علمی و فناوری با سیاست‌گذاری هوشمند است. در این راستا، چشم‌انداز آینده بهره‌گیری از خویشاوندان وحشی بر پایه سه محور کلیدی استوار است:

- توسعه بانک‌های ژن دیجیتال (Digital Genebanks):

فراتر از نگهداری بذر، ایده بانک‌های ژن دیجیتال مطرح است که در آن اطلاعات توالی یابی کامل ژنوم (Genome sequencing) و ارزیابی فنوتیپی دقیق کل توده‌های بانک ژن به اصطلاح (Germplasm characterization) که شامل ویژگی‌های ظاهری، اطلاعات محل رویش گیاه، وضعیت سلامت و قابلیت جوانه‌زنی بذرها و همچنین اطلاعات ژنومی است به صورت رایگان در دسترس به‌نژادگران قرار می‌گیرد.

- شتاب نسل (Speed Breeding):

ترکیب دورگ‌گیری با خویشاوندان وحشی و سیستم‌های کنترل شده نوری-دمایی که چندین نسل در سال تولید می‌کنند، رشد را تسریع و زمان مورد نیاز برای شکستن Linkage drag را از چندین سال به چند ماه کاهش می‌دهد.

-اصلاح معکوس (Reverse Breeding): فناوری‌هایی که امکان تولید لاین‌های خالص (اینبرد والدی) حاوی قطعات کروموزومی از خویشاوند وحشی را در مدت زمان کوتاهی فراهم می‌کنند.

برای بهره‌گیری مؤثر از خویشاوندان وحشی و بانک‌های ژن در مقابله با بحران کم‌آبی، توصیه‌های زیر ارائه می‌شود.

- حفاظت فوری از ذخایر ژنتیکی بومی: مناطق زاگرس، البرز و فلات مرکزی ایران به عنوان مراکز اولیه تنوع برای بسیاری از غلات و حبوبات وحشی (مانند اجداد وحشی گندم، جو و عدس) نیازمند حفاظت درون زیستگاهی هستند.

- ایجاد کنسرسیوم ملی به‌نژادی برای خشکی: با مشارکت مؤسسه اصلاح و تهیه نهال و بذر، دانشگاه‌ها و مراکز تحقیقاتی، برنامه منسجمی برای انتقال ژن‌های مرتبط با تحمل به خشکی از خویشاوندان وحشی به گیاهان زراعی تعریف شود.

- سرمایه‌گذاری در فنوتیپ نگاری با توان بالا: به جای روش‌های سنتی و وقت‌گیر، باید مراکز تحقیقاتی به سامانه‌های خودکاری مجهز شوند که ارزیابی سریع و غیر مخرب هزاران ژنوتیپ را از نظر شاخص‌های تحمل خشکی مانند دمای کانوپی، فلورسانس کلروفیل و کارایی مصرف آب بسنجند.

- شناسایی و ثبت نقاط داغ تنوع: با توجه به اینکه تغییر کاربری زیستگاه‌ها مهم‌ترین تهدید تنوع زیستی کشور است، اولویت‌بندی زیستگاه‌های باقیمانده و جلوگیری از تغییر کاربری آنها بایستی در دستور کار قرار گیرد.

- الزام جمع‌آوری بذور قبل از نابودی: قبل از شروع هر پروژه عمرانی، تیم‌های بانک ژن موظف به جمع‌آوری حداکثری بذر از محدوده مورد نظر شوند.

- آموزش جوامع محلی: چوپانان و روستائیان را به عنوان دیده‌بانان تنوع ژنتیکی آموزش دهیم تا ارزش گیاهان وحشی را بدانند. خوشبختانه موج جدیدی از بازگشت به روستا در حال شکل‌گیری است. جوانانی که با دانش روز و احترام به سنت، در حال برندسازی برای محصولات بذر بومی هستند. آن‌ها ثابت کرده‌اند که می‌توان هم سود کرد و هم تنوع زیستی را حفظ نمود.

- اصلاح قوانین و جریمه ی تخریب: اصلاح قانون حفظ اعیانی و جنگل‌ها به گونه‌ای که نابودی خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی نیز مشمول جریمه و پیگرد قانونی شود.

۴. نتیجه‌گیری

در دورانی که تغییر اقلیم، خشکسالی، کم‌آبی و شوری خاک، معادلات تولید غذا را بر هم زده است، نمی‌توانیم فقط متکی به ارقام تجاری و پرمحصولی باشیم که برای شرایط آب و هوایی اروپا و آمریکا اصلاح شده‌اند. ما به ناجیان بومی نیاز داریم؛ همان گندم‌های کوهی، جوهای صحراگرد، عدس‌های متحمل به شوری، بادام وحشی و خویشاوندان وحشی هویج و پیاز که از دل کویر ایران برخاسته‌اند. بنابراین خویشاوندان وحشی گیاهان زراعی نه یک گزینه، بلکه یک ضرورت انکارناپذیر برای بقای کشاورزی پایدار هستند. این گیاهان که طی هزاران سال در سخت‌ترین شرایط طبیعی تکامل یافته‌اند، مخزنی غنی از ژن‌های تحمل به خشکی، شوری و گرما هستند که در هیچکدام از ارقام تجاری یافت نمی‌شود. بانک‌های ژن نیز به عنوان گنجینه دوم، نقش صندوق امانات بیولوژیک را ایفا می‌کنند و این ذخایر راهبردی را در برابر انقراض و فرسایش ژنتیکی حفاظت می‌نمایند. بانک‌های ژن و خویشاوندان وحشی، این گنجینه‌های سرد اما زنده، حاوی کلیدهایی برای گشودن قفل تحمل به خشکی هستند. هر بذری که امروز در آن‌ها نگهداری می‌شود، ممکن است فردا جان میلیون‌ها نفر را نجات دهد. اما برای اینکه این گنجینه زنده بماند، به حمایت کافی نیاز دارد. پیشرفت‌های خیره‌کننده در حوزه ابزارهای ژنومی و ویرایش ژن، این امکان را فراهم کرده است تا با دقت و سرعتی بی‌نظیر، این کلیدها را در قفل ژنوم گیاهان زراعی به کار گرفت و مشکل دیرینه همراهی ژن‌های نامطلوب را پشت سر گذاشت. موفقیت‌های جهانی در محصولاتی مانند گندم، برنج، جو و کلزا، گواه این ادعاست. برای ایران که در منطقه‌ای خشک و نیمه‌خشک واقع شده است، سرمایه‌گذاری هدفمند بر روی شناسایی، حفاظت و بهره‌برداری از خویشاوندان وحشی بومی و سرمایه‌گذاری بر روی بانک‌های ژن، یک انتخاب راهبردی برای تضمین امنیت غذایی در دهه‌های آینده است. مسیر روشن است: آینده کشاورزی در گرو بازگشت به ریشه‌های وحشی و حفاظت از بذره‌های امروز است. یادمان باشد: نابودی هر گونه گیاهی،

- contributes to drought tolerance and grain quality traits in barley. *Plant Stress*, 13(2), 100553. <http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4789125>.
- Eckardt, N. A., Ainsworth, E. A., Bahuguna, R. N., Broadley, M. R., Busch, W., Carpita, N. C., Castrillo, G., Chory, J., DeHaan, L. R., Duarte, C. M., Henry, A., Jagadish, S. V. K., Langdale, J. A., Leakey, A. D. B., Liao, J. C., Lu, K.-J., McCann, M. C., McKay, J. K., Odeny, D. A., ... Zhang, X. (2023). Climate change challenges, plant science solutions. *The Plant Cell*, 35(1), 24-66. <https://doi.org/10.1093/plcell/koac303>.
- Eskandari, M., Majidi, M. M., Irvani, F., et al. (2025). Enhancing salinity tolerance in barley: Harnessing introgressed nested genomes from the wild ancestor *Hordeum spontaneum*. *BMC Plant Biology*, 25, 1025. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07044-1>.
- Gaurav, K., Arora, S., Silva, P., Sánchez-Martín, J., Horsnell, R., Gao, L., Brar, G. S., Widrig, V., John Raupp, W., Singh, N., et al. (2021). Population genomic analysis of *Aegilops tauschii* identifies targets for bread wheat improvement. *Nature Biotechnology*, 3, 422-431.
- Gramazio, P., Prohens, J., Toppino, L., & Plazas, M. (2021). Editorial: Introgression breeding in cultivated plants. *Frontiers in Plant Science*, 12, 764533. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.764533>.
- Hamidifar, H. (2024). Water crisis in Iran: Causes, consequences, and solutions. In S. C. Izah, M. C. Ogwu, A. Loukas, & H. Hamidifar (Eds.), *Water crises and sustainable management in the global south* (pp. 85-109). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-97-4966-9_3.
- Kahraman, A., Temel, H. Y., Aydogan, A., & Tanyolac, M. B. (2015). Major quantitative trait loci for flowering time in lentil. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 39, 588-595. <https://doi.org/10.3906/tar-1408-16>.
- Khan, M. K., Pandey, A., Athar, T., Hamurcu, M., Gezgin, S., Sassi, G., et al. (2022). Current trends in genetic enhancement of legumes in the genomics era for a sustainable future. In *Advances in legumes for sustainable intensification* (pp. 533-552). Academic Press.
- Kumar, J., Gupta, D. S., Baum, M., Varshney, R. K., & Kumar, S. (2021). Genomics-assisted lentil breeding: Current status and future strategies. *Legume Science*, 3, e71. <https://doi.org/10.1002/leg3.71>.
- Maxted, N., Magos Brehm, J., Abulaila, K., Al-Zein, M. S., Kehel, Z., & Yazbek, M. (2024). Review of Crop Wild Relative Conservation and Use in West Asia and North Africa. *Plants*, 13(10), 1343. <https://doi.org/10.3390/plants13101343>.
- بستن منفذی به روی آینده و حفظ آن گونه، باز نگه داشتن همان منفذ است.
- ### منابع
- رحمانی، احمد، جم زاد، زیبا، آقایی، محمدجعفر، سرخی، بهزاد، حمزه، بهنام ۱۳۹۹. بررسی نقش بانکهای ژن در حفظ ذخایر ژنتیکی کشور، طبیعت ایران. ۴: ۹۱-۱۰۷.
- Arcos-Pineda, J. H., del Rio, A. H., Bamberg, J. B., Vega-Semorile, S. E., Palta, J. P., Salas, A., Gomez, R., Roca, W., & Ellis, D. (2024). An international breeding project using a wild potato relative *Solanum commersonii* resulted in two new frost-tolerant native potato cultivars for the Andes and the Altiplano. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1358565. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1358565>.
- Arif, M., Shamshad, J., Khalid, F., Kuzyakov, Y., Younas, A., & Li, L. (2025). Biotechnological and sustainable approaches to climate-resilient agriculture. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 211(4), e70105. <https://doi.org/10.1111/jac.70105>.
- Bahrami, F., Arzani, A., Rahimmalek, M., & Araniti, F. (2025). Transcriptome alterations related to heat stress responses of wild and cultivated barley. *Plant Physiology and Biochemistry*, 222, 109699. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.109699>.
- Bo, C., Fan, Z., Ma, X., Li, A., Wang, H., Kong, L., & Wang, X. (2022). Identification and introgression of a novel HMW-GS gene from *Aegilops tauschii*. *Agronomy*, 12(11), 2709. <https://doi.org/10.3390/agronomy12112709>.
- Bohra, A., Kilian, B., Sivasankar, S., Caccamo, M., Mba, C., McCouch, S. R., & Varshney, R. K. (2022). Reap the crop wild relatives for breeding future crops. *Trends in Biotechnology*, 40(4), 412-431. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2021.08.009>.
- Chaparinia, F., Hadei, M., Yaghmaeian, K., Hadi, M., & Naddafi, K. (2025). Evaluation of climate indices related to water resources in Iran over the past 3 decades. *Scientific Reports*, 15(1), 11846. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-95370-7>.
- Chen, K., Wang, Y., Zhang, R., Zhang, H., & Gao, C. (2019). CRISPR/Cas genome editing and precision plant breeding in agriculture. *Annual Review of Plant Biology*, 70, 667-697.
- Curry, H. A. (2022). The history of seed banking and the hazards of backup. *Social Studies of Science*, 52(5), 3063127221106728. <https://doi.org/10.1177/03063127221106728>.
- Del Pozo, A., Méndez-Espinoza, A. M., Matus, I., & Guerra, F. (2024). Exotic alleles from the wild ancestor *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*

- Tao, H., Wu, S., Wu, G., Chen, X., Sun, Y., Zhu, X., Chen, L., Feng, C., Kabore, M. A. F., Woldegiorgis, S. T., Zhang, L., Ai, Y., Liu, W., & He, H. (2026). Pan-genome of wild and cultivated rice uncovers genetic diversity, lost and selected sequences during rice domestication. *Rice*, 19(1), 21. <https://doi.org/10.1186/s12284-026-00893-w>.
- Wang, X., Chen, L., & Ma, J. (2019). Genomic introgression through interspecific hybridization counteracts genetic bottleneck during soybean domestication. *Genome Biology*, 20, 1–15. <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1631-5>.
- Mahaman Mourtala, I. Z., Bio Yérîma, A. R. I., Issaka, A., & Baïna, D. (2025). Plant genetic resources collection, conservation, and sustainable utilization in Niger. In J. M. Al-Khayri, K. F. M. Salem, & S. M. Jain (Eds.), *Plant gene banks: Genetic resources collections, conservation and sustainable utilization*. Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-99-4236-7_16-1.
- Manda, L., Idohou, R., Agoyi, E. E., Agbahoungba, S., Salako, K. V., Agbangla, C., Adomou, A. C., & Assogbadjo, A. E. (2025). Progress of in situ conservation and use of crop wild relatives for food security in a changing climate: A case of the underutilised Vigna Savi. *Frontiers in Sustainability*, 6:1453170. <https://doi.org/10.3389/frsus.2025.1453170>.
- Najafipour, B., Mirlohi, A., Majidi, M. M., Saeidi, G., Abtahi, M., & Barati, M. (2025). Revealing the genetic potential of wild barley to water deficit using a nested backcrossing approach. *Crop Science*, 65, e70124. <https://doi.org/10.1002/csc2.70124>.
- Najafipour, B., Mirlohi, A., Majidi, M. M., Saeidi, G., & Abtahi, M. (2023). Wild barley genomic resources for drought adaptability and quality improvement. *Journal of Cereal Science*, 114, 103802. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2023.103802>.
- Nóia Júnior RS, Asseng S, Müller C, Deswarte JC, Cohan JP, Martre P. Negative impacts of climate change on crop yields are underestimated. *Trends Plant Sci*. 2025 Nov;30(11):1262-1273. doi: 10.1016/j.tplants.2025.05.002.
- Ogutcen, E., Ramsay, L., von Wettberg, E. B., & Bett, K. E. (2018). Capturing variation in Lens (Fabaceae): Development and utility of an exome capture array for lentil. *Applications in Plant Sciences*, 6, e01165. <https://doi.org/10.1002/aps3.1165>.
- Ortiz, R., Bassi, F. M., Rao, M., & Rubiales, D. (2024). Editorial: Trends and perspectives for the use of crop wild relatives in crop breeding. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1424160. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1424160>.
- Quezada-Martinez, D., Addo Nyarko, C. P., Schiessl, S. V., & Mason, A. S. (2021). Using wild relatives and related species to build climate resilience in Brassica crops. *Theoretical and Applied Genetics*, 134(6), 1711-1728. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03793-3>.
- Rajandran, V., Ortega, R., Vander Schoor, J. K., Butler, J. B., Freeman, J. S., Hecht, V. F. G., et al. (2022). Genetic analysis of early phenology in lentil identifies distinct loci controlling component traits. *Journal of Experimental Botany*, 73, 3963–3977. <https://doi.org/10.1093/jxb/erac107>.



Wild relatives and gene banks: Iran's hidden agricultural treasures to overcome the water crisis

Seyede Mojgan Abtahi Foroshani ^{1*}

¹. Department of Plant Genetics and Breeding, College of Agriculture, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran.

Article information	Abstract
Keywords: Drought tolerance, Genetic erosion, Biodiversity reservoirs, Plant breeding, Resilient agriculture 	Climate change and recurrent droughts, as the most important abiotic stresses, pose a serious threat to global food security, especially for countries located in the arid and semi-arid belt, such as Iran. High-yielding commercial cultivars, despite their high performance under favorable water conditions, lack efficient drought-tolerance mechanisms due to a genetic bottleneck caused by domestication and continuous breeding. In contrast, wild relatives of crop plants, which have evolved over thousands of years under harsh natural conditions, serve as valuable reservoirs of genetic diversity containing key genes for tolerance to drought, salinity, extreme temperatures, and other stresses. Gene banks, as the second treasure, serve as biological safe deposit boxes, protecting these strategic resources from extinction and genetic erosion and making them available to breeders. The independence of countries in seed production and food supply chain control is strengthened through the principled development and utilization of gene banks. However, in Iran, budget shortages, destruction of natural habitats, and most importantly, lack of public awareness about the real value of these resources are the biggest threats. This comprehensive review explains the theoretical foundations of the value of wild relatives and the role of gene banks, then examines modern methods of utilizing wild relatives and presents successful case studies on key crops. Furthermore, the challenges ahead and policy recommendations for effective utilization of these treasures are discussed. The conclusion is that targeted investment in these treasures is not an option but a strategic necessity to ensure Iran's food security in the coming decades.

Seyede Mojgan Abtahi Foroshani
(Corresponding author)
Email: m.abtahi@modares.ac.ir