



محور مقاله: فناوریهای نوین در علوم خاک

استفاده از برنامه‌ریزی بیان ژن در تخمین فعالیت اوره‌آزی، فسفاتازی و دهیدروژنازی خاک

میترا ابراهیمی حور<sup>۱</sup>، محمدرضا ساریخانی<sup>۲\*</sup>، جلال شیری<sup>۳</sup>، فرزین شهبازی<sup>۴</sup>  
<sup>۱</sup> دانشجوی فرادکترای بیولوژی و بیوتکنولوژی خاک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز  
<sup>۲</sup> دانشیار بیولوژی و بیوتکنولوژی خاک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز  
<sup>۳</sup> استادیار آبیاری و مدیریت آب، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز  
<sup>۴</sup> دانشیار پیدایش، رده‌بندی و ارزیابی خاک، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز

چکیده

در این پژوهش از برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP) برای تخمین فعالیت اوره‌آزی، فسفاتازی و دهیدروژنازی خاک استفاده شد. برای این منظور از اطلاعات مربوط به ۶۵ نمونه خاک متعلق به کاربریهای مختلف (مرعی، زراعی و باغی) از منطقه میرآباد نقده واقع در استان آذربایجان غربی بهره برده شد. در سناریوهای مختلف، از صفات اندازه‌گیری شده نظیر بافت، pH، EC، کربن آلی، بیوماس میکروبی و تنفس خاک به عنوان ورودی مدل استفاده شد و صحت مدل با استفاده از شاخصه‌های آماری RMSE و R<sup>2</sup> ارزیابی شد. نتایج سناریوهای مورد بررسی نشان داد که از میان صفات هدف، فعالیت اوره‌آزی نسبت به دو فعالیت آنزیمی بهتر برازش شده است. زمانی که از همه اطلاعات ورودی در مدل استفاده شد، بیشترین R<sup>2</sup> و کمترین RMSE به دست آمد. با استفاده از ورودی‌های ساده و زودیافت در مدل (نظیر بافت، pH، EC و OC)، نزدیک به ۸۰ و ۷۰ درصد تغییرات به ترتیب در گروه داده‌های آموزش و آزمون قابل برازش بود و این نتایج حاکی از کارایی GEP در تخمین فعالیت اوره‌آزی خاک است.

**کلمات کلیدی:** برنامه‌ریزی بیان ژن، اوره‌آز، فسفاتاز، دهیدروژناز، ویژگیهای فیزیکوشیمیایی خاک.

مقدمه

در سال‌های اخیر رویکردهای هوش مصنوعی جهت تخمین و برآورد متغیرهای محیطی، اقلیمی، زیستی، زمین‌شناسی، هیدرولوژی و غیره در حوزه‌های مختلف مورد توجه قرار گرفته است. برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP)، شبکه عصبی مصنوعی (ANN)، ماشین بردار پشتیبان (SVM) و نظایر آن از جمله روش‌های هوش مصنوعی محسوب می‌شوند. روش‌های هوش مصنوعی می‌توانند به عنوان تکنیک‌های جایگزین استفاده شوند زیرا راه‌حل‌های ساده برای مسائل چند متغیره و همچنین محاسبات واقعی ارائه می‌دهند و در آن نیازی به داشتن دانش در مورد متغیرهای درونی سیستم نیست (Mehdizadeh et al., 2017). برای نخستین بار برنامه‌ریزی بیان ژن یا الگوریتم ژنتیکی ژنوتیپ/فنوتیپ، به عنوان تکنیکی برای ایجاد و خلق برنامه‌های کامپیوتری توسط فریرا ارائه شد (Ferreira, 2001). برنامه‌ریزی بیان ژن از الگوی سازماندهی ژنها در کروموزوم‌های خطی استفاده می‌کند. کروموزوم‌ها به عنوان ژنوم انجام وظیفه می‌کنند و با ابزاری نظیر موتاسیون یا جهش، ترانسپوزیشن یا انتقال و نوترکیبی در معرض تغییرات و اصلاحات هستند. کروموزوم‌ها درخت‌های بیان را رمز می‌کنند و آنها در معرض انتخاب قرار می‌گیرند. خلق این موجودیت‌ها یا هویت‌های جدا و مستقل (ژنوم و درخت بیان) با وظایف مشخص، به این الگوریتم اجازه می‌دهد تا کارایی بالایی در حل مسائل مختلف داشته باشد (Ferreira, 2001). امروزه شاهد بکارگیری این تکنیک (GEP) در حل مسائل مختلف موجود در حوزه‌های گوناگون هستیم به صورتی که مهدیزاده و همکاران (۲۰۱۷) به کمک آن دمای نقطه شبنم را در دو شهر ارومیه و تبریز پیش‌بینی نمودند. شیری و همکاران (۲۰۱۴) تبخیر و تعرق مرجع روزانه را در بخش‌هایی از ایران برآورد نمودند.

در مقایسه با سایر حوزه‌ها، در برآورد پارامترهای زیستی به کمک هوش مصنوعی مطالعات کمتری صورت پذیرفته است. هرچند ابراهیمی و همکاران (۲۰۱۷) با کمک شبکه عصبی مصنوعی جمعیت باکتری/ازتوباکتر خاک را تحت کاربریهای مختلف ارزیابی نمودند. همچنین تخمین تنفس میکروبی خاک به کمک شبکه عصبی مصنوعی و مقایسه آن با مدل رگرسیون خطی توسط ابراهیمی و همکاران (۲۰۱۹) صورت پذیرفت. بعلاوه مدلسازی فعالیت آنزیم نیترات ریداکتاز در شرایط شوری توسط محمدخانی و همکاران (۱۳۹۷) گزارش شده است. مدلسازی فعالیت فسفاتازی خاک در دو لایه سطحی (۵- و ۱۰-۵ سانتی‌متر) تحت پوشش گیاهان سویا، نیشکر، کاج و درخت سرادو با نمونه‌برداری ۳۲ نمونه خاک در برزیل انجام گرفت (Leite et al., ۲۰۱۰).



2018). علاوه بر پارامترهای سینتیکی آنزیم فسفاتاز خاک ( $V_{max}$  و  $K_m$ )، سایر ویژگیهای خاک نظیر کربن آلی خاک، نیتروژن کل، تنفس میکروبی خاک، کربن بیوماس میکروبی، نیتروژن بیوماس میکروبی و فعالیت دهیدروژنازی خاک نیز اندازه‌گیری شد و رابطه آن با فعالیت فسفاتازی مورد بررسی قرار گرفت.

آنزیم‌ها جز اصلی فرایندهای زیستی نظیر تجزیه مواد آلی، معدنی شدن و آزاد شدن عناصر غذایی در چرخه‌های مختلف از قبیل نیتروژن، فسفر، گوگرد، سایر عناصر و همچنین در تجزیه مواد زئوبیوتیک می‌باشند. میکروارگانیسم‌ها مهمترین منابع آنزیم‌های موجود در خاک هستند. اندازه‌گیری فعالیت آنزیم‌های خاک به عنوان شاخصی برای سلامت و کیفیت خاک قابل استفاده بوده و تغییرات آن در نتیجه تغییر مدیریت و شرایط محیطی مشاهده می‌شود. آنزیم‌هایی نظیر دهیدروژناز، فسفاتاز و اوره‌آز از جمله آنزیم‌های مهم می‌باشند که در چرخه‌های فسفر و نیتروژن اهمیت دارند. روش‌های سنجش آنزیمی با لحاظ برخی ملاحظات می‌تواند اطلاعات قابل اعتمادی از نظر غلظت آنزیم در خاک و سرعت فرایندهای کاتالیز شده به وسیله آنزیم را بازگو نماید. در این نوشتار به مدلسازی برآورد این آنزیم‌ها به کمک داده‌های زودیافت خاک اقدام شده است تا به این صورت دیگر نیازی به سنجش آنزیمی خاک نباشد.

دهیدروژنازها محدوده وسیعی از واکنش‌های اکسایشی را شامل می‌شوند که مسوول تجزیه مواد آلی خاک و انتقال هیدروژن و الکترون از سوبستراها به پذیرندگان آنها (نظیر  $NAD^+$  یا  $FAD^+$  به عنوان پذیرندگان حدواسط و پذیرندگان نهایی نظیر اکسیژن، آهن و غیره) می‌باشند. این فرایندها بخشی از مسیرهای تنفسی میکروارگانیسم‌های خاک می‌باشد و همبستگی نزدیکی با نوع خاک و شرایط رطوبتی و تهویه خاک دارد. آنزیم دهیدروژناز فعال فقط در سلول‌های زنده و سالمی که در خاک حضور دارند وجود دارد و به صورت خارج سلولی در خاک تجمع پیدا نمی‌کند. به همین خاطر اندازه‌گیری فعالیت این آنزیم در خاکها همبستگی خوبی بین فعالیت زیستی خاک و جمعیت میکروبی خاک (بیوماس میکروبی) برقرار می‌کند. به بیان دیگر سنجش آنزیمی دهیدروژناز انعکاس‌دهنده فعالیت متابولیکی میکروارگانیسم‌های خاک در لحظه انجام آزمایش می‌باشد (ساریخانی، ۱۳۹۲).

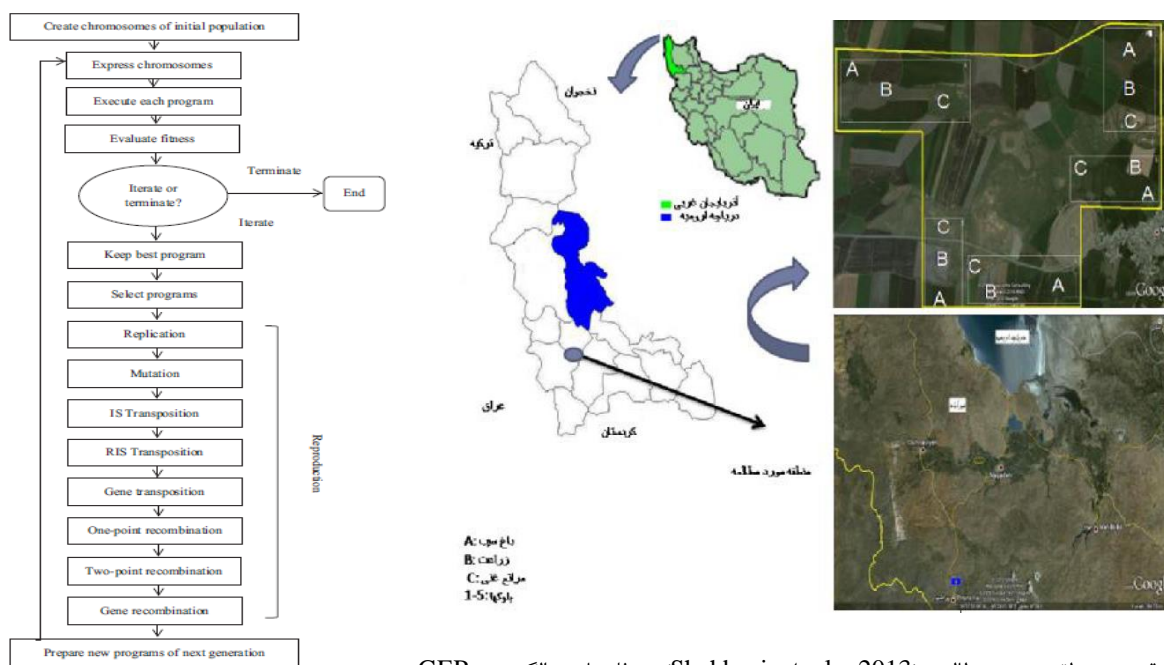
فعالیت آنزیم دهیدروژناز به عنوان معیاری برای هر گونه تداخل و بی‌نظمی ناشی از عملیات مدیریتی خاک، استفاده از آفت‌کش‌ها و فلزات سنگین کاربرد دارد، برای مثال در غلظت‌های بالای آفت‌کش‌ها کاهش فعالیت این آنزیم گزارش شده است. فعالیت دهیدروژنازی خاک غرقاب (کاهش پتانسیل رداکس) بیش از خاک غیرغرقاب گزارش شده است.

آنزیم اوره‌آز مسوول هیدرولیز کود اوره در خاکهای کشاورزی می‌باشد. طی عمل این آنزیم، اوره به مولکول  $CO_2$  و  $NH_3$  تبدیل می‌شود. و انجام این فرایند با افزایش pH خاک همراه است. این آنزیم دارای منشا گیاهی، جانوری و میکروبی بوده و به صورت درون سلولی و برون سلولی یافت می‌شود. آنزیم اوره‌آز رها شده در خارج از سلول به دلیل تشکیل کمپلکس با مواد معدنی و آلی خاک بسیار پایدارتر از اوره‌آز خالص می‌باشد. نتایج مطالعات نشان می‌دهد که با افزایش عمق، فعالیت این آنزیم به دلیل کاهش مواد آلی کاسته شده، یا با افزایش دما فعالیت آن در خاک روند صعودی در پیش می‌گیرد. بر اساس این مطالعات توصیه می‌شود زمان استفاده از کود اوره به زمانی موکول شود که دما پایین بوده و هدر رفت کود به شکل آمونیاک حداقل باشد (ساریخانی، ۱۳۹۲).

فسفاتازها گروه وسیعی از آنزیم‌ها را شامل می‌شود که قادر به هیدرولیز استرهای اسیدفسفریک می‌باشند. نظر بر این است که در اکوسیستم خاک این گروه از آنزیم‌ها نقش ویژه‌ای در چرخه فسفر بازی می‌کنند و بین این آنزیم‌ها و استرس فسفر همبستگی وجود دارد. فسفر می‌تواند از ترکیبات آلی موجود در خاک به وسیله این آنزیم‌ها آزاد شود. فسفومونواسترازها یا فسفاتازهای هیدرولیزکننده پیوندهای مونواستری بر اساس pH بهینه فعالیت خود به دو کلاس فسفاتازهای اسیدی و قلیایی تفکیک می‌شوند. با توجه به اهمیت و جایگاه این آنزیم‌ها در تامین فسفر از منابع آلی فسفر و نقش آنها در تغذیه گیاه مطالعات گسترده‌ای روی اسیدفسفاتازها انجام شده است. از آنجایی که گیاهان عالی فاقد فعالیت فسفاتازی قلیایی هستند، عمده فسفاتاز قلیایی خاک به میکروارگانیسم‌ها مربوط می‌شود. گرچه فعالیت فسفاتازی خاک شاخص خوبی برای حاصلخیزی خاک می‌باشد، زمانیکه شرایط خاک به صورتی است که کمبود فسفر مشاهده می‌شود این امر باعث ترشح اسیدفسفاتازها از ریشه گیاهان می‌شود، تولید اسید فسفاتازها به منظور افزایش انحلال و دسترسی فسفر و غلبه بر مشکل کمبود فسفر، افزایش پیدا می‌کند. مقدار اسیدفسفاتاز تولیدی توسط ریشه گیاهان با توجه به نوع گیاه و شرایط عملیات زراعی متفاوت است به عنوان نمونه گیاهان لگوم در مقایسه با غلات میزان بیشتری از این آنزیم‌ها را تولید می‌کنند که این موضوع شاید به توانایی تثبیت ازت گیاهان لگوم و نیاز بیشتر آنها به فسفر مربوط شود. میزان ماده آلی خاک همبستگی خوبی با آنزیم‌های فسفاتاز اسیدی و قلیایی نشان داده است (ساریخانی، ۱۳۹۲).

## مواد و روش‌ها منطقه مطالعاتی

اطلاعات مورد استفاده در این مدل‌سازی کامپیوتری مربوط به اطلاعات موجود از دشت سلدوز واقع در منطقه میرآباد نرده استان آذربایجان غربی در پهنه‌ای به مساحت تقریبی ۲۰۰ هکتار می‌باشد (Shahbazi et al., 2013). موقعیت منطقه مورد مطالعه در شکل ۱ آورده شده است. پس از نمونه‌برداری، ۶۵ نمونه خاک از عمق ۰-۳۰ سانتی‌متر از کاربری‌های باغ سیب، زراعت و مرتع، صفاتی نظیر شوری و اسیدیته خاک، بافت خاک، تنفس برانگیخته خاک (SIR)، کربن بیوماس میکروبی (MBC) و فعالیت‌های آنزیمی خاک نظیر اوره‌آز، دهیدروژناز و فسفاتاز قلبایی اندازه‌گیری شدند (Shahbazi et al., 2013).



شکل ۱- موقعیت منطقه مورد مطالعه (Shahbazi et al., 2013) و فلوجارت الگوریتم GEP (Ferreira, 2001).

## برنامه‌ریزی بیان ژن (GEP) و اجرای آن

GEP یک مدل هوشمند تکاملی است و ریشه در نظریه تکامل داروین دارد. فلوجارت الگوریتم GEP بر اساس شکل ۲ می‌باشد. اولین گام در این الگوریتم، تولید یا تشکیل اولین جمعیت می‌باشد. این موضوع می‌تواند به صورت تصادفی یا بر اساس اطلاعات موجود از موضوع مورد بررسی انجام گیرد. سپس کروموزوم‌ها به شکل درخت بیان، ابراز می‌شوند. نتایج و مناسب بودن آنها با استفاده از توابعی همانند ( $R^2$ , RMSE و ...) به عنوان توابع تناسب مورد ارزیابی قرار می‌گیرد. اگر جواب‌های به دست آمده رضایت‌بخش باشند، فرایند تکامل متوقف شده و بهترین پاسخ به دست آمده در این گام گزارش می‌شود و گرنه فرایند باززایی و تولید نسل‌های جدید برای رسیدن به جواب مناسب ادامه پیدا می‌کند (Ferreira, 2001).

در این مطالعه از برنامه GeneXpro Tools 4.0 برای طرح‌ریزی و توسعه مدل‌ها در GEP استفاده شد. مراحل زیر برای برآورد فعالیت‌های آنزیمی خاک انجام گرفت. در ابتدا باید توابع تناسبی مناسب (RMSE) انتخاب کرد. دومین مرحله ساختن کروموزوم‌ها با استفاده از پایانه‌ها یا همان اطلاعات ورودی (وارد شدن بافت، pH، EC، OC، تنفس میکروبی برانگیخته و کربن بیوماس میکروبی در قالب سناریوهای مختلف در مدل) مدل هست. همچنین توابع ریاضی و عملگرهای مناسب برای این برنامه انتخاب شد. در گام سوم ساختار کروموزوم‌ها، شامل اندازه سر و تعداد ژن‌ها انتخاب شدند. و در گام چهارم تابع جمع برای اتصال برقرار کردن بین درخت‌های بیان انتخاب شد. در گام نهایی نیز از عملگرهای ژنتیکی همانند موتاسیون، ترانسپوزیشن و نوترکیبی استفاده شد. توضیح آنکه تمام داده‌های مورد استفاده در این آزمایش برای اینکه وزن یکسانی در تخمین مدل داشته باشند، به



صورت استاندارد شده مورد استفاده قرار گرفتند. برای این منظور داده‌های هر صفت به بالاترین مقدار عددی آن صفت شده تقسیم شد، به این صورت مقادیر عددی تمام صفات اندازه‌گیری شده بین ۰ تا ۱ متغیر بود.

در این تحقیق از شاخص‌های آماری زیر برای ارزیابی قابلیت سناریوهای مختلف انجام شده در GEP استفاده شد. جذر میانگین مربعات خطا یا (RMSE) و  $R^2$  یا ضریب تبیین، مطابق فرمول‌های زیر به دست آمدند:

$$R = \sqrt{1 - \frac{\sum_{i=1}^n (Y_i - X_i)^2}{\sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2}} \quad RMSE = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - X_i)^2}$$

که در آن،  $Y_i$  مقادیر اندازه‌گیری شده صفت مورد مطالعه (فعالیت آنزیمی خاک) و  $X_i$  مقادیر پیش‌بینی شده توسط مدل بود.  $\bar{Y}$  نیز میانگین

صفت اندازه‌گیری شده و  $n$  هم تعداد مشاهدات آزمایش بود.

نتایج خروجی از سناریوهای مختلف پس از اجرا در جدول ۱ آورده شده است. حالت‌های مختلفی از ورودی‌های مختلف به صورت ترکیبی در قالب سناریوهای گوناگون ایجاد شد و شاخص‌های آماری آنها به دست آمد.

### نتایج و بحث

#### خروجی برنامه‌ریزی بیان ژن

نتایج خروجی سناریوهای مختلف پس از اجرا در جدول ۱ آمده است. با نگاهی به جدول مشخص می‌شود که در تخمین فعالیت اوره‌آزی خاک، زمانی که از تمام متغیرهای اندازه‌گیری شده (بافت، pH، EC، OC، کربن بیوماس میکروبی و تنفس میکروبی برانگیخته) استفاده شد، میزان ضریب تبیین برای داده‌های آموزش و تست به ترتیب ۰/۸۵ و ۰/۷۰ به دست آمد درحالی که RMSE که معیاری از خطای برازش بود به ترتیب ۱۰۸/۲۸ و ۱۴۰/۸۴  $\mu\text{g NH}^+ - \text{N/g.h}$  به دست آمد. با کاستن تعداد ورودی‌های مدل مقادیر ضریب تبیین کاسته شد و به دنبال آن مقادیر خطای برازش فزونی یافت. حداقل  $R^2$  زمانی حاصل شد که فقط از متغیر بافت خاک (درصدهای شن، سلیت و رس) به عنوان ورودی مدل استفاده شد که این مقدار برابر ۰/۱۲ بود. گرچه در سناریوهای انجام شده زمانی که از متغیرهایی نظیر SIR، MBC، (به صورت دو متغیر ورودی) و OC (به صورت سه متغیر ورودی) استفاده شد، شاخص‌های آماری  $R^2$  و RMSE همچنان با کمی تغییر، نزدیک به مدل به دست آمده از تمام متغیرها بود، اما این نکته را باید متذکر شد که صفاتی نظیر کربن بیوماس میکروبی و بعضاً تنفس میکروبی، صفات ساده‌ای برای اندازه‌گیری نیستند. علاوه بر آن اگر هدف تخمین فعالیت آنزیمی خاک بر اساس صفات زودیافت باشد، مدلی که در آن اسیدپتته، شوری، کربن آلی و بافت استفاده شده است، سناریوی قابل پیشنهادی است. در این سناریو ضریب تبیین و خطا به ترتیب برای گروه داده‌های آموزش ۰/۷۹ و ۱۳۲/۹۸ به دست آمد و همین مشخصات برای گروه داده تست ۰/۶۸ و ۱۸۵/۲۶ حاصل شد.

فعالیت فسفاتاز کلیایی خاک در بهترین حالت در سناریوهای مورد بررسی، دارای ضریب تبیین ۰/۴۷ بود و خطای برازش آن  $494/18 \mu\text{g pNP/g.h}$  بود. در مجموع فعالیت آنزیم فسفاتازی خاک در گروه داده‌های تست دارای برازش ضعیفی بودند، هرچند این شرایط در گروه داده‌های آموزش وضعیت بهتری داشتند اما در بهترین حالت دارای ضریب تبیین کمتر از ۵۰ بود. در بهترین حالت زمانی که از متغیرهایی نظیر pH، EC و OC به عنوان ورودی مدل استفاده شد در داده‌های آموزش و تست،  $R^2$  به ترتیب ۰/۴۷ و ۰/۱۷ به دست آمد و میزان RMSE ۴۹۸/۱۸ و ۶۱۴/۳۹ حاصل شد.

فعالیت دهیدروژنازی خاک نیز دارای ضریب‌های تبیین پایینی در گروه داده‌های تست بود و در بهترین حالت تنها ۲۴ درصد تغییرات را پوشش می‌داد. اما  $R^2$  در گروه داده‌های آموزش در سناریوهایی که OC به عنوان متغیر ورودی در مدل بود بین ۰/۷۱ تا ۰/۷۷ متغیر بود. البته وجود کربن بیوماس میکروبی هم باعث ایجاد ضریب تبیین‌های بین ۰/۷۴ تا ۰/۷۷ شد. زمانیکه از کربن آلی، کربن بیوماس میکروبی و تنفس برانگیخته به عنوان ورودی مدل استفاده شد، به ترتیب ۰/۷۵ و ۰/۱۱ تغییرات فعالیت این آنزیم در داده‌های آموزش و تست قابل تفسیر بود.

فعالیت آنزیمی به ماده آلی، شرایط اِدا فیک، مواد مادری و شرایط اقلیمی خاک وابسته است و در این میان ماده آلی نقش مهمی دارد زیرا که پیش‌ساز بیوماس میکروبی بوده که منبع اصلی آنزیم‌های خاک را تشکیل می‌دهد. آنزیم‌های آزاد شده در خاک با بخش رس و مواد آلی می‌تواند به شکل کمپلکس پایدار در خاک تجمع نماید (ساربخانی، ۱۳۹۲). به همین خاطر استفاده از داده‌هایی نظیر کربن آلی و بافت در مدلها منجر به برازش مطلوبتری از فعالیت آنزیمی شد. تصور می‌شود که ۶۰-۴۰ درصد فعالیت آنزیمی موجود در خاک مربوط به آنزیم‌های تثبیت شده در ماتریکس خاک باشد، بنابراین فعالیت آنزیمی ضرورتاً به معنای بالا بودن بیوماس میکروبی و تنفس میکروبی نیست. نوع استفاده از اراضی نیز تاثیر مستقیمی بر فعالیت



## شانزدهمین کنگره علوم خاک ایران

دانشگاه زنجان، ۵ تا ۷ شهریور ۱۳۹۸



آنزیمی خاک می‌گذارد به صورتی که معمولاً در خاکهای دست‌خورده و کشت شده در مقایسه با خاکهای دست‌نخورده کاهش فعالیت آنزیمی مشاهده می‌شود. شاید انواع آنزیم‌ها نیز در یک شرایط خاص رفتار یکسانی از خود نشان ندهند (ساریخانی، ۱۳۹۲).

### نتیجه‌گیری

مطالعات بر روی فعالیت‌های آنزیمی در خاک از این نظر مهم هستند که پتانسیل خاک را به منظور حمایت از فرایندهای بیوشیمیایی نشان می‌دهد و این فرایندها برای حفظ و بقا حاصلخیزی خاک ضروری می‌باشند. فعالیت آنزیمی با متغیرهای محیطی نظیر رطوبت، دما و میزان ماده آلی تغییر می‌کند. در حالیکه آنزیم‌های مختلف توسط گروه وسیعی از میکروارگانیسم‌های خاک تولید می‌شود، برخی از آنها می‌تواند به عنوان شاخصی برای حضور و فعالیت گروه خاصی از جمعیت میکروبی مورد استفاده قرار گیرد. مطالعه فعالیت آنزیمی در خاک می‌تواند ابزار مفیدی در ارزیابی تنوع عملکردی جوامع میکروبی خاک یا زمان تجزیه مواد آلی موجود در خاک باشد. در این مطالعه تخمین فعالیت آنزیمی اوره‌آز، فسفاتاز و دِهیدروژناز از روی برخی از خواص فیزیکی شیمیایی و زیستی خاک انجام گرفت. بهترین نتایج مربوط به آنزیم اوره‌آز بود و از میان صفات زودیافت نقش ماده آلی در برآورد فعالیت‌های آنزیمی چشمگیر بود. این مطالعه قابلیت استفاده از برنامه‌ریزی بیان ژن در تخمین فعالیت زیستی خاک را نشان داد و در مطالعات پیش‌رو بایستی بیشتر به آن توجه نمود.



## شانزدهمین کنگره علوم خاک ایران

دانشگاه زنجان، ۵ تا ۷ شهریور ۱۳۹۸



جدول ۱- نتایج حاصل از اجرای GeneXpro در تخمین فعالیت‌های آنزیمی خاک به کمک دیگر متغیرهای فیزیکوشیمیایی خاک در سناریوهای مختلف.

تابع هدف: Dehydrogenase		تابع هدف: Alkaline phosphatase		تابع هدف: Urease		مشخصات مدل: تعداد ورودیهای مدل (توابع مستقل)	
تست (Test)	آموزش (Train)	تست (Test)	آموزش (Train)	تست (Test)	آموزش (Train)		
۰/۱۲	۰/۷۷	۰/۰۷	۰/۴۶	۰/۷۰	۰/۸۵	مدل ۸ متغیره (کل متغیرها) SIR و MBC، بافت، pH، EC، OC	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۰	۰/۰۵	۸۹۰/۱۰	۵۰۱/۷۶	۱۴۰/۸۴	۱۰۸/۲۸		
۰/۷۷	۰/۴۴	۰/۷۸	۰/۴۶	۰/۳۶	۰/۳۰		
۰/۰۵	۰/۷۱	۰/۰۳	۰/۴۳	۰/۶۸	۰/۷۹	مدل ۶ متغیره (pH، EC، OC و بافت)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۰	۰/۰۶	۸۲۲/۲۵	۵۱۸/۱۴	۱۸۵/۲۶	۱۳۲/۹۸		
۰/۷۵	۰/۴۸	۰/۷۲	۰/۴۸	۰/۴۷	۰/۳۷		
۰/۰۲	۰/۳۳	۰/۱۴	۰/۲۵	۰/۱۱	۰/۳۴	مدل ۵ متغیره (pH، EC و بافت)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۱	۰/۰۸	۵۹۹/۶۲	۵۹۵/۱۰	۲۴۳/۹۰	۲۳۰/۹۷		
۰/۸۵	۰/۷۴	۰/۵۳	۰/۵۵	۰/۶۲	۰/۶۴		
۰/۰۰۲	۰/۷۴	۰/۰۲	۰/۳۹	۰/۶۸	۰/۸۲	مدل ۲ متغیره (MBC و SIR)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۲	۰/۰۵	۸۸۳/۱۷	۵۳۰/۷۰	۱۵۰/۶۰	۱۱۹/۶۹		
۰/۸۸	۰/۴۵	۰/۷۷	۰/۴۹	۰/۳۸	۰/۳۳		
۰/۲۴	۰/۲۷	۰/۰۱۴	۰/۲۴	۰/۱۲	۰/۱۲	مدل ۳ متغیره (بافت)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۰۸	۰/۰۹	۷۱۰/۱۲	۵۹۳/۷۸	۲۱۴/۹۱	۲۶۵/۹۹		
۰/۶۵	۰/۷۷	۰/۶۲	۰/۵۵	۰/۵۵	۰/۷۳		
۰/۱۱	۰/۷۵	۰/۰۶	۰/۳۷	۰/۷۱	۰/۸۲	مدل ۳ متغیره (OC، SIR و MBC)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۱	۰/۰۵	۷۴۷/۶۷	۵۴۰/۳۰	۱۴۳/۳۲	۱۱۸/۹۶		
۰/۸۳	۰/۴۵	۰/۶۶	۰/۵۰	۰/۳۶	۰/۳۳		
۰/۰۶	۰/۷۱	۰/۱۷	۰/۴۷	۰/۵۴	۰/۷۶	مدل ۳ متغیره (pH، EC و OC)	R <sup>2</sup> RMSE SI
۰/۱۱	۰/۰۵	۶۱۴/۳۹	۴۹۴/۱۸	۳۱۷/۴۵	۱۳۸/۷۷		
۰/۷۹	۰/۴۸	۰/۵۴	۰/۴۶	۰/۸۱	۰/۳۸		



منابع

- محمدخانی، ن.، ثروتی، م.، رحمتی، م. ۱۳۹۷. برنامه‌ریزی بیان ژن و کاربرد آن در مدلسازی فعالیت آنزیم نیتراتریداکتاز در شرایط شوری. نشریه دانش آب و خاک، جلد ۲۸، شماره ۲، ۱۶۲-۱۵۱.
- ساریخانی، م.ر. ۱۳۹۲. نقش آنزیم‌های میکروبی خاک در فرایندهای بیوشیمی و اندازه‌گیری فعالیت آنها. همایش ملی علوم و فنون کشاورزی، اسفند ماه، دانشگاه ملایر. ملایر.
- Ebrahimi, M., Sarikhani, M.R., Safari Sinegani, A.A., Ahmadi, A. and Keesstra S. 2019. Estimating the soil respiration under different land uses using artificial neural network and linear regression models. *Catena*, 174, 371-382.
- Ebrahimi, M., Sarikhani, M.R., Safari Sinegani, A.A., Mohammadi, S.A, 2017. Comparison of artificial neural network and multivariate regression models for prediction of Azotobacteria population in soil under different land uses. *Computer and Electronics in Agriculture*, 140, 409-421.
- Leite, M.V.M., Bobul'ská, L., Espíndola, S.P., Campos, M.R.C., Azevedo, L.C.B., Ferreira, A.S. 2018. Modeling of soil phosphatase activity in land use ecosystems and topsoil layers in the Brazilian Cerrado. *Ecological Modelling* 385, 182-188.
- Mehdizadeh, S., Behmanesh, J., Khalili, K., 2017. Application of gene expression programming to predict daily dew point temperature. *Appl. Therm. Eng.* 112, 1097-1107.
- Shahbazi, F., Aliasgharzad, N., Ebrahimzad, S.A. and Najafi, N. 2013. Geostatistical analysis for predicting soil biological maps under different scenarios of land use. *European Journal of Soil Biology*, 55, 20-27.
- Shiri, J., Sadraddini, A.A., Nazemi, A.H., Kisi, O., Landaras, G., Fakheri Fard, A., Marti, P. 2017. Generalizability of gene expression programming-based approaches for estimating daily reference evapotranspiration in coastal stations of Iran, *J. Hydrol.* 508, 1-11.





# 16<sup>th</sup> Iranian Soil Science Congress

University of Zanjan, Iran, August 27-29, 2019



**Topic for submission:** Novel Technologies in Soil Science

## **Application of Gene Expression Programming to Predict Soil Urease, Phosphatase and Dehydrogenase Activity**

**M Ebrahimi<sup>1</sup>, MR Sarikhani<sup>2\*</sup>, J Shiri<sup>3</sup>, F Shahbazi<sup>4</sup>**

<sup>1</sup> Postdoc Student of Soil Biology and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Univ. of Tabriz, Iran

<sup>2</sup> Associate Prof. of Soil Biology and Biotechnology, Dept. of Soil Science, Univ. of Tabriz, Iran

<sup>3</sup> Assistant Prof. of Irrigation and Drainage Engineering, Faculty of Agriculture, Univ. of Tabriz, Iran

<sup>4</sup> Associate Prof. of Soil Genesis and Classification, Dept. of Soil Science, Univ. of Tabriz, Iran

\*Corresponding Author: [rsarikhani@yahoo.com](mailto:rsarikhani@yahoo.com)

### **Abstract**

In the present research, gene expression programming (GEP) was used to estimate urease, alkaline phosphatase and dehydrogenase activity of soil. Therefore, in order to run GEP, data of 65 soil samples located in Mirabad region, Suldoz plain (west Azerbaijan, Iran) were used. Three different land uses (apple orchard, crop production, and rich pasture) were selected to conduct the experiments. To develop the GEP models, various combinations of measured parameters including soil texture, pH, OC, EC, microbial biomass carbon, microbial soil respiration were used as inputs in the different types of scenarios. Also, root mean square error (RMSE), and coefficient of determination ( $R^2$ ) were employed to investigate the models' accuracy. The highest  $R^2$  and lowest RMSE were found while all the data as inputs used in the models. The results showed that among targets (urease, phosphatase and/or dehydrogenase), urease activity can predict better than two other targets. Our results revealed that the most effective parameter as simple and easy inputs in estimating urease are (soil texture, pH, EC and OC). In this scenario, almost 80% and 70% of the variability on urease activity was predictable by these factors in train and test data set, respectively, therefore, it shows capability of GEP in prediction of soil urease activity.

**Keywords:** dehydrogenase, gene expression programming, phosphatase, soil physicochemical properties, urease.