ژنتیک نوین
دوره شانزدهم، شماره ۳، پاییز ۱۴۰۰
صفحه ۲۱۰ - ۲۰۳

شناسایی پتانسیل‌های زیستی چشمه آب‌گرم قوتورسویی به‌عنوان اسیدی‌ترین چشمه آب‌گرم ایران: بررسی پروفایل باکتریایی و آرکیایی و مکانیسم‌های سازگاری

Identification of biological potentials of Ghotoursooyi hot spring as the most acidic hot spring of Iran: profiling of bacterial and archaeal communities and adaptation mechanisms

رضا آذربایجانی[۱]، محمدرضا نقوی*[۱]، قاسم حسینی سالکده[۲]، سید ابوالحسن شاهزاده فاضلی[۳]، احمد علی پوربابایی[٤]، لاله پارسا یگانه[٥]

۱- به‌ترتیب دانشجوی دکتری بیوتکنولوژی کشاورزی، استاد، گروه زراعت و اصلاح نباتات، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

۲- استاد، گروه زیست شناسی سامانه ها، پژوهشگاه بیوتکنولوژی کشاورزی ایران، کرج، ایران

۳- دانشیار، بانک سلول‌های انسانی و جانوری، مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران، جهاد دانشگاهی، کرج، ایران

٤- دانشیار، گروه مهندسی علوم خاک، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

٥- مربی پژوهشی، بانک مولکولی، مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران، جهاد دانشگاهی، کرج، ایران

Azarbaijani R[1], Naghavi MR[*1], Hosseini Salekdeh Gh[2], Shahzadeh Fazeli SA[3], Pourbabaee AA[4], Parsa Yeganeh L[5]

1- PhD Student of Agricultural Biotechnology, Professor, Agronomy and Plant Breeding Department, College Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran
2- Professor, Department of Systems Biology, Agricultural Biotechnology Research Institute of Iran, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Karaj, Iran
3- Associate Professor, Human and animal cells bank, Iranian Biological Resource Center, ACECR, Tehran, Iran
4- Associate Professor, Department of soil science, College Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran
5- Research Associate, Molecular bank, Iranian Biological Resource Center, ACECR, Karaj, Iran

* نویسنده مسئول مکاتبات، پست الکترونیکی: mnaghavi@ut.ac.ir

(تاریخ دریافت: ۹۹/۰۷/۲۳ - تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۶/۲۳)

چکیده

چشمه‌های آب‌گرم جمعیت میکروارگانیسم‌های متنوعی را که حائز اهمیت تجاری و علمی برای محققان و صنایع زیست فناوری فعال در حوزه آنزیم‌ها، قندها، املاح سازگار و آنتی بیوتیک‌ها هستند، برخوردار می‌باشند. تجزیه و تحلیل تنوع زیستی در چنین محیط‌های با شرایط زیستی سخت سبب ایجاد اکولوژی متنوع و منحصر به فرد و به‌دلیل ایجاد فرصت برای شناسایی ترکیبات و ژن‌های نادر و سایر خصوصیات زیستی دیگرکاملاً مورد توجه قرار گرفته است. چشمه‌های آب‌گرم در مجاورت محیط‌های آتشفشانی اغلب اسیدی هستند و pH در مناطق نزدیک به سنگ آهک کمی قلیایی است. اگر چه مطالعات متعددی روی میکروبیوم این زیست‌بوم‌ها در سال‌های اخیر در دنیا صورت گرفته است اما تاکنون مطالعات کمی روی چنین محیط‌های اکستریم بومی ایران انجام گرفته است. کشور ایران دارای مناطق ژئوترمال و آتشفشانی مختلف بوده و چشمه‌های آب‌گرم متعدد و منحصربه‌فرد دارای خصوصیات ضد میکربی و ضد قارچی، ضد روماتیسم و سایر دردهای عضلانی را در خود جای داده است. در بین ساکنان و مردم این باور عمومی وجود دارد که آب بعضی از چشمه‌های آب‌گرم دارای خواص درمانی در برابر بیماری‌های مختلف پوستی است که می‌تواند متأثر از خواص فیزیکوشیمایی و یا ویژگی‌های میکروبیولوژیک آن‌ها باشد. از سوی دیگر مطالعات وابسته به کشت برای جداسازی ارگانیسم‌های جدید و کاوش در دارایی‌های آن‌ها ارزشمند است، اما روش‌های مستقل از کشت ارزیابی جامع‌تری از تنوع میکروبی را ارائه می‌دهند. در این مطالعه شناسایی ترکیب و تعیین فراوانی تاکسون‌های مختلف جامعه باکتریایی و آرکیایی چشمه آب‌گرم قوتورسویی به‌عنوان یکی از اسیدی‌ترین چشمه‌های آب‌گرم جهان با روش‌های مستقل از کشت و با استفاده از تکنیک‌های نسل جدید توالی‌یابی انجام شد. جهت پروفایلینگ کمی جوامع باکتریایی و آرکیایی مربوطه، به‌ترتیب ساخت کتابخانه‌های ژن 16S rRNA از دو ناحیه عملکردی طبقه‌بندی تاکسونومیک V4 تا V5 و V3 تا V4 با آغازگرهای بارکد شده صورت پذیرفت. با آنالیز بیوانفورماتیکی داده‌ها با سامانه‌های MG-RAST، تعداد ۲٦ تاکسون مختلف مربوط به خانواده‌ها و جنس‌های مختلف باکتریایی و ۱۱ تاکسون مختلف مربوط به خانواده‌ها و جنس‌های مختلف آرکیایی مورد شناسایی قرار گرفتند.

واژه‌های کلیدی

چشمه آب‌گرم قوتورسویی
زیست‌بوم اکستریم
متاژنومیکس
میکروبیوم

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]

مقدمه

زیست بوم باکتریایی چشمه‌های آب‌گرم نقش مهمی در متابولیسم انرژی و چرخه مواد ایفا می‌کنند (Cai et al. 2013). تلاش‌های مداومی جهت شناسایی و رمزگشایی نقش اکولوژیک جامعه میکروبی چشمه‌های آب‌گرم صورت گرفته است (Blank et al. 2002؛ Hou et al. 2013؛ Lio et al. 2016). علی‌رغم مطالعات متعدد انجام شده تاکنون، به‌دلیل تفاوت اکوسیستم‌های مختلف چشمه‌های آب‌گرم، هنوز ناشناخته‌های بسیاری در زمینه جوامع میکروبی این چشمه‌ها، روابط زیستی و سازگاری گونه‌های مختلف باکتریایی نسبت به زیست در شرایط فوق سخت وجود دارد (Lau et al. 2009). اکثر مطالعات صورت گرفته متمرکز بر نقاط ظهور پرتعداد چشمه‌های آب‌گرم در کوهپایه‌های رشته‌کوه‌ها یا قله‌های آتشفشانی فعال یا خاموش بوده است (Bohorquez et al. 2012; Hedlund et al. 2015; Kumar et al. 2014; Liu et al. 2016). در ایران نیز نقاط متعدد و چشمه‌های آب‌گرم متنوعی در دامنه رشته کوه‌های البرز و زاگرس وجود دارند که ٦٦ چشمه آب‌گرم شناسایی شده روستایی نقش مهمی در گردشگری سلامت ایفا می کنند. علی‌رغم وجود این تعداد آب‌گرم در کشور مطالعات جامعی در ارتباط با شناسایی ظرفیت ژنتیکی و زیستی و میکروبی این چشمه‌ها صورت نگرفته است (Golshiri et al. 2015). عمده تحقیقات انجام شده در ایران بر شناسایی آنزیم‌های گرمادوست و یا جداسازی باکتری‌های کشت‌پذیر این چشمه تمرکز داشته است (Farahmand et al. 2009; Heidari et al. 2013; Nourmohammadi et al. 2018). در این تحقیق با استفاده از روش‌های مستقل از کشت که بر پایه تکنیک‌های نسل جدید توالی‌یابی استوار است جامعه میکروبی و سایر خصوصیات بیولوژیک و فیزیکوشیمیایی چشمه آب‌گرم قوتورسویی به‌عنوان اسیدی‌ترین چشمه آب‌گرم ایران و یکی از اسیدی‌ترین چشمه‌ها در دنیا مورد مطالعه و کاوش دقیق‌تر قرار گرفت.

مواد و روش‌ها

چشمه داغ اسیدی قوتورسویی (طول جغرافیایی: ٤٧/٨٥٩٨٧ – عرض جغرافیایی: ٣٨/٣٣٧٦) در جنوب مشکین‌شهر در استان اردبیل در شمال غربی ایران در دامنه کوه آتشفشانی سبلان واقع شده است. میزان جریان این چشمه ١٣ لیتر در ثانیه است و برای رفع بیماری‌های پوستی به‌خوبی شناخته شده است (شکل ١). به‌منظور جداسازی میکروارگانیسم‌ها و استخراج DNA آن‌ها، ٣٠ لیتر آب این چشمه با استفاده از پمپ وکیوم و واحد فیلتراسیون تحت‌خلاء یکبار مصرف ٠/٢ میکرومتر (Sartolab® 150V, Cat No.:18080-M, Sartorius Stedim Co. Germany) (PES جمع‌آوری و به‌منظور حذف تاثیر تفاوت دمایی در اثر انتقال آب در محل چشمه فیلتر شد (شکل ٢).

اندازه‌گیری پارامترهای فیزیکوشیمیایی آب از جمله دما، pH و سختی آب (TDS) در زمان نمونه‌برداری در محل چشمه آب‌گرم با استفاده از pH متر قابل حمل طبق روش کار مربوطه صورت گرفت (Prieto-Barajas et al. 2017).

DNA ژنومی کل با شستشوی فیلتر ٠/٢ میکرومتری جداشده و با استفاده از پروتکل اصلاح شده سیداپورا مورد استخراج قرار گرفت (Siddhapura et al. 2010). به‌منظور دستیابی به میکروبیوم فیلتر شده، و به‌جهت حل کردن باکتری‌ها و آرکی‌های جدا شده، قطعات فیلتر در شرایط استریل به قطعات کوچکتر خرد شده و در ١٥ میلی‌لیتر بافر سوسپانسیون به مدت یک شبانه‌روز (100 mM Tris–HCl (pH 8.2); 100 mM EDTA (pH 8); 1.5 M NaCl) در دمای ٣٧ درجه سانتی‌گراد در شیکر انکوباتور با ٢٠٠ دور در دقیقه مورد تیمار قرار گرفتند. سوسپانسیون میکروبی جهت تغلیظ و رسوب‌گیری با دور ٢٠٠٠ دور در دقیقه سانتریفیوژ شدند. به‌منظور تخریب فیزیکی و به‌دلیل ترکیب متنوع جنس‌های مختلف باکتریایی و آرکیایی در سوسپانسیون میکروبی و با هدف تاثیر مناسب‌تر هضم شیمیایی، ترکیبی از شدیدترین تیمار فیزیکی شامل یخ و ذوب متناوب در ازت مایع و دمای ٦٥ درجه همراه با برهم‌زنش شدید توام با ذرات شیشه روی رسوب سانتریفیوژ شده سوسپانسیون صورت گرفت. جهت هضم شیمیایی، محصول اولیه حاصل از تیمار فیزیکی با پنج میلی‌لیتر از بافر هضم‌کننده شیمیایی متشکل از ترکیب (20%, w/v) SDS; Lysozyme 20 mg/ml; ProtinaseK10 mg/ml; N-lauroyl sarcosine 10 mg/ml; 1% (w/v) CTAB به مدت ٤٨ ساعت در دمای ٦٥ درجه سانتی‌گراد در بن ماری مورد تیمار قرار گرفتند. غلظت DNA دو رشته‌ای در

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]

محصول استخراجی با استفاده از کیت سنجش dsDNA Quant-iT dsDNA و فلورومتر Qubit (Invitrogen, USA) تعیین شد.

در مورد DNA متاژنومی استخراج شده از یک محیط میکروبی ساخت کتابخانه ژن 16S ریبوزومی با تکثیر قطعات این ژن از همه باکتری‌ها با استفاده از آغازگرهای عمومی امکان‌پذیر است. تکثیر این توالی از طریق آغازگرهای ابتدا و انتهای توالی می‌باشد که به لحاظ بیولوژیک باید علاوه بر تکثیر اختصاصی ژن 16S ریبوزومی توانایی تکثیر این ژن در همه باکتری‌ها و آرکی‌ها را داشته باشند. این آغازگرها شامل، آغازگر مستقیم 27F و آغازگر معکوس 534R می‌باشند که ناحیه V1 تا V3 را از این ژن پوشش می‌دهند (جدول ۱).

همچنین روی آغازگرهای متاژنومی، توالی خاصی برای استفاده در فرآیند توالی‌یابی NGS که مکمل یک رشته دیگر بر روی ذره یا واحدهای توالی‌یابی می‌باشد قرار می‌گیرند که اصطلاحاً Lib و یا آداپتور گفته می‌شوند. توالی‌های Lib در هر دو آغازگر مستقیم و معکوس مورد استفاده قرار می‌گیرند و در واقع این توالی‌ها به‌عنوان آغازگر توالی‌یابی استفاده می‌گردند و به آن‌ها پرایمر امتزاجی (Fusion Primers) نیز گفته می‌شود. این قطعات توالی مخصوص توالی‌یابی برای آغازگر مستقیم شامل 5′-CCTATCCCCTGTGTGCCTTGGCAGTC-3′ و آغازگر معکوس 5′-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGAC-3′ می‌باشد. برنامه تکثیری این آغازگرها جهت انجام واکنش مربوطه مشتمل بر یک چرخه با دمای ۹۵ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ دقیقه، ۳۰ چرخه از دمای ۹۵ درجه واسرشت‌سازی به مدت ۲۰ ثانیه و دمای اتصال ۵۶ درجه به مدت ۳۰ ثانیه و دمای تکثیری ۷۲ درجه به مدت ۵ دقیقه می‌باشند.

توالی‌یابی کتابخانه ژن 16S rRNA با پلتفرم FLX 454 titanium که توانایی خوانش قطعات بزرگ تا ۵۰۰ باز را دارا می‌باشد صورت گرفت. مبنای فناوری این نوع توالی‌یابی بر اساس emPCR و pyrosequencing می‌باشد. آنالیز داده‌های انبوه حاصل از توالی‌یابی با پایپلاین SILVAngs (https://ngs.arb-silva.de/silvangs) صورت گرفت. فرایند آنالیز داده‌های خام توسط این پایپلاین به‌وسیله پنج ماژول بنیادی صورت گرفت. مراحل مختلف فرایند آنالیز شامل هم‌ردیف سازی (align)، کنترل کیفی (quality control)، تقلیل توالی‌ها (dereplication)، خوشه‌سازی (clustering) و طبقه‌بندی (classification) می‌باشد. داده‌های ورودی این پایپلاین بر اساس فرمت multi fasta می‌باشد. در هم‌ردیف‌سازی (کنترل کیفی اولیه) تمامی خوانش‌های ورودی جهت تشخیص و حذف خوانش‌های دارای نقص یا مشکل (مانند قطعات کاذب PCR) توسط ماژول SINA (http://www.arb silva.de/aligner/sina download/) مورد بررسی قرار گرفته و توالی‌های نامناسب در مراحل بعدی آنالیز قرار نمی‌گیرند. در مرحله تقلیل توالی‌ها و خوشه‌سازی، به‌منظور کاهش زمان و امکان‌پذیری نرم‌افزاری انجام آنالیز، تمامی خوانش‌های کنترل کیفی شده موفق در حالت تشابه صددرصدی در قالب خوشه‌های دسته‌بندی شده قرار می‌گیرند. در نهایت بلندترین خوانش از هر خوشه با ابزار Blast و بر اساس پایگاه داده‌های SILVA مورد طبقه‌بندی تاکسونومیک قرار می‌گیرند.

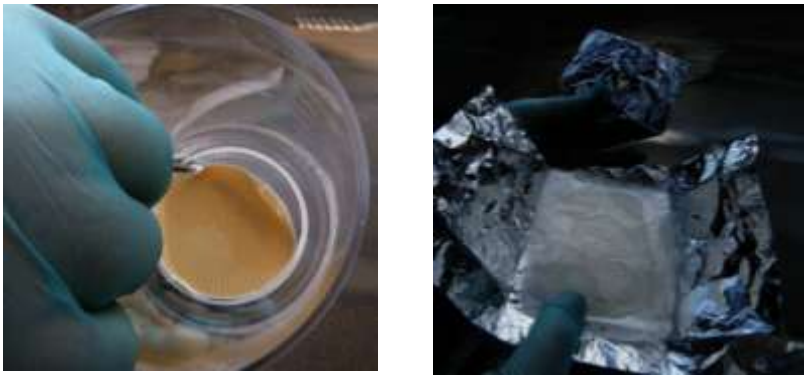
جدول ۱- مشخصات توالی و تکثیری پرایمرهای مورد استفاده جهت ساخت کتابخانه

Amplification organisms	Target variable region	Primer name	Sequence (5′ to 3′)
Bacterial	V4-V5	515F	GTGYCAGCMGCCGCGGTAA
		926R	CCGYCAATTYMTTTRAGTTT
Archaeal	V3-V4	349F	GYGCASCAGKCGMGAAW
		785R	GACTACHVGGGTATCTAATCC

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]



شکل ۱- محدوده جغرافیایی مکان نمونه‌گیری از چشمه آب‌گرم قوتورسویی در دامنه کوه سبلان، استان اردبیل



شکل ۲- جداسازی میکروبیوم آب چشمه قوتورسویی در محل نمونه‌برداری با سیستم فیلتراسیون خلاء

نتایج و بحث

بررسی خصوصیات فیزیکوشیمیایی نمونه چشمه آبگرم قوتورسویی نشان داد که این چشمه با درجه اسیدیته ۲/۸۷ و با میزان بالای یون کلراید اسیدی‌ترین چشمه کلرایدی ایران به شمار می‌رود. ترکیبات شیمیایی و خصوصیات فیزیکی دیگر آب این چشمه در جدول ۲ ذکر شده است.

جدول ۲- خصوصیات فیزیکی و ترکیبات شیمیایی چشمه آبگرم قوتورسویی

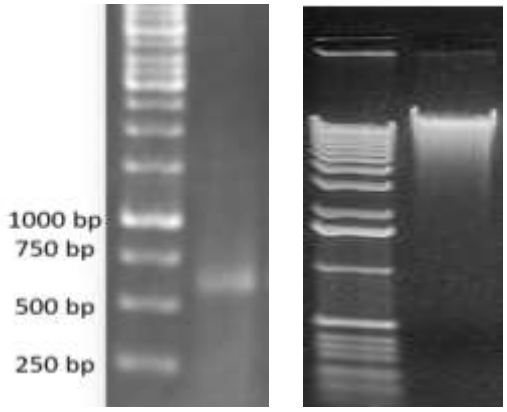
پارامتر فیزیکوشیمیایی	چشمه آبگرم قوتورسویی
pH	2.87
Temp.	37.9 °C
TDS	1771 (mg/L)
Cl	26500 (mg/L)
SO4	620 (mg/L)
As	0.02 (mg/L)
Na	139.6 (mg/L)
K	29.3 (mg/L)
Ca	23.7 (mg/L)

غلظت و کیفیت DNA متاژنومی استخراج‌شده در قابلیت تکثیر بهینه و ساخت کتابخانه ژن 16S rRNA بسیار حائز اهمیت است. محلول DNA استخراج شده این چشمه که با استفاده از دستگاه اسپکتروفتومتر و خاصیت جذب نوری صورت گرفت دارای غلظت ۷۷/۵ ng/µL و نسبت کیفی جذب A260/A280 معادل عدد ۲/۰۰۶ اندازه‌گیری شد. بعد از تکثیر PCR در دستگاه با روش و پروتکل مذکور، جهت تأیید انجام موفق PCR و ساخت کتابخانه ژن 16s، ۳µl از محصول روی ژل آگارز یک درصد الکتروفورز شد (شکل ۳ الف و ب).

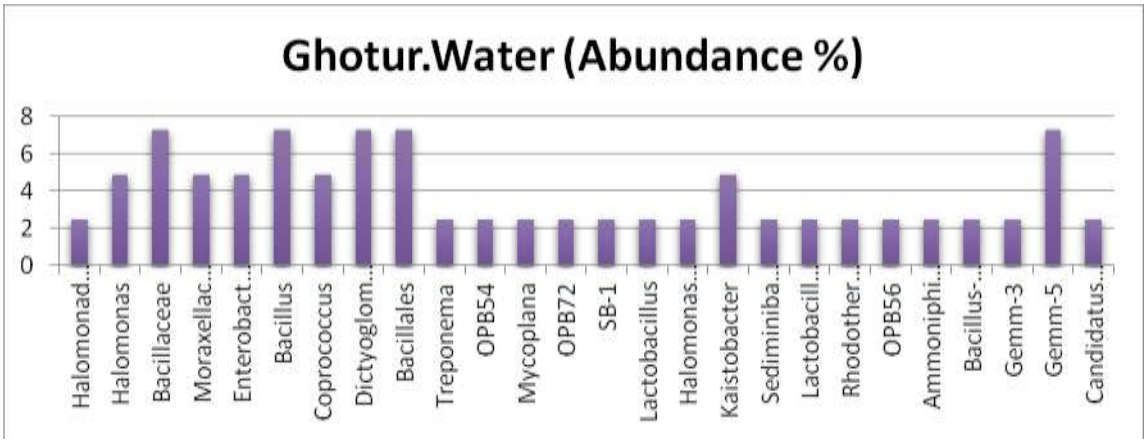
در ۲۶ تاکسون شناسایی شده در جامعه باکتریایی چشمه آبگرم قوتورسویی، ۱۰ تاکسون غالبیت نسبی در فراوانی محاسبه شده برای این محیط دارند که نشان‌دهنده تنوع متوازن در ترکیب و فراوانی جامعه باکتریایی این محیط دارد (شکل ٤).

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

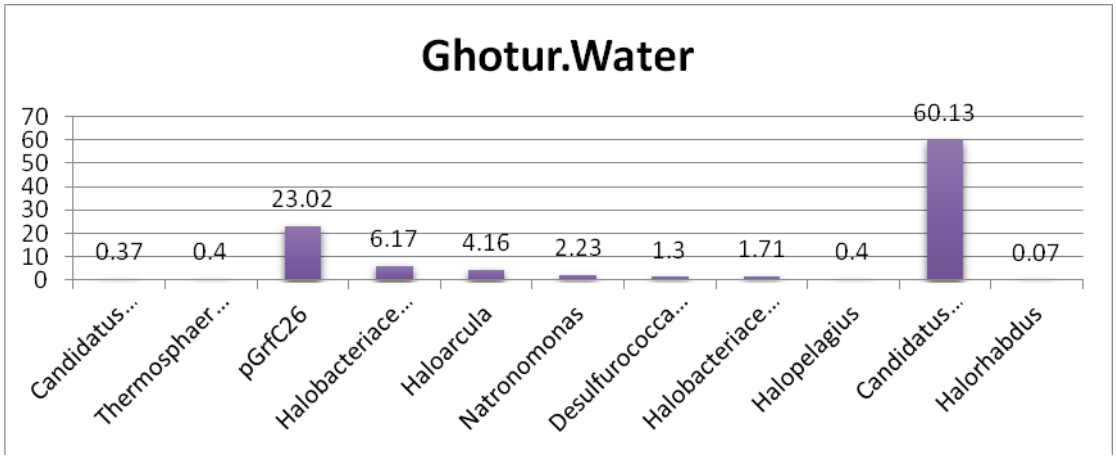
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]



شکل ۳- الکتروفورز الف) DNA متاژنومیک استخراج شده و ب) کتابخانه تکثیری ژن 16S rRNA باکتریایی



شکل ٤- نمودار ترکیب و فراوانی جامعه باکتریایی چشمه آبگرم قوتورسویی



شکل ٥- نمودار ترکیب و فراوانی جامعه آرکیایی چشمه آبگرم قوتورسویی

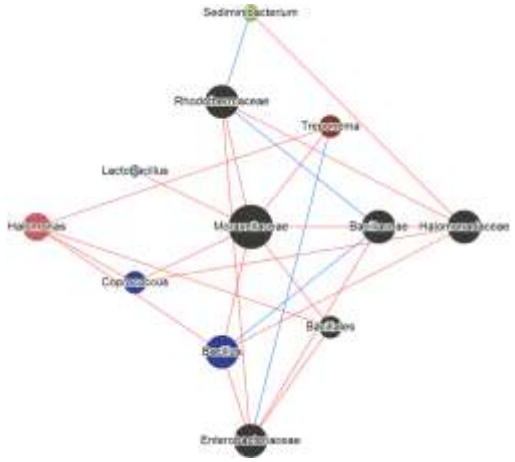
در ۱۱ تاکسون شناسایی شده در جامعه آرکیایی چشمه آبگرم قوتورسویی، ٤ تاکسون غالبیت بیشتری در فراوانی محاسبه شده برای این محیط دارند که تاکسون‌های *Candidatus Nitrosocaldus* و pGrfC26 تاکسون‌های غالب می‌باشند که به‌ترتیب بیشتر از ٦٠ و ۲۳ درصد این جامعه را تشکیل می‌دهد (شکل ٥).

در شبکه همبستگی عملکردی سلسله مراتبی (hierarchical) جوامع باکتریایی در نمونه آب چشمه قوتورسویی *Lactobacillus* و *Sediminibacterium* کمترین و تاکسون‌های *Moraxelaceae* و

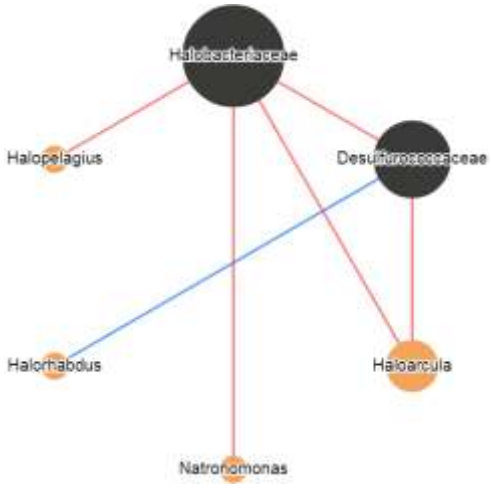
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]

Enterobacteriaceae بیشترین مشارکت عملکردی را دارند (شکل ٦).

در شبکه همبستگی دایره‌ای اعضای جامعه آرکیایی آب چشمه قوتورسویی مشاهده می‌شود که تاکسون *Halobacteriaceae* نقش محوری دارد و با تاکسون *Desulfurococcaceae* و *Haloarcula* ارتباط عملکردی متقابلی دارند (شکل ٧).



شکل ٦- شبکه همبستگی عملکردی جوامع باکتریایی نمونه آب چشمه قوتورسویی



شکل ٧- شبکه همبستگی عملکردی جامعه آرکیایی نمونه آب چشمه قوتورسویی

به‌منظور بررسی سازگاری فیزیولوژیک زیست در شرایط اسیدی، پروفایل آنزیمی، مشارکت کمی و عملکردی تاکسون‌ها و پوشش مسیر متابولیسمی Terpenoid backbone biosynthesis مورد تحلیل و ارزیابی قرار گرفتند. اسیدوفیل‌های شدید قادر به رشد در مقادیر pH نزدیک به صفر هستند. ماندگاری در محیط‌های اسیدی نیاز به سازگاری گسترده‌ای از غشاها، پمپ‌های پروتون و مکانیسم‌های ترمیم DNA دارد (Vinokur et al. 2016). اولین خط دفاع در برابر اسیدیته در بعضی از آرکی‌های گرمادوست تک‌لایه چربی ساخته شده از چربی‌های تترا اتر C40 می‌باشد که بسیار غیرقابل نفوذ است (Stern et al. 1992). لیپیدهای مبتنی بر ایزوپرونوئید بسته‌بندی محکم‌تری ایجاد می‌کنند و باعث می‌شوند نفوذپذیری غشاهای آرکی‌ها نسبت به مولکول‌های کوچک و پیوندهای اتر و ثبات اسیدی محیط کمتر شود (Jacquemet et al. 2009).

همچنین یک ویژگی بسیار جالب ترپینوئیدها کاربرد اقتصادی و اهمیت پزشکی آن‌ها در بهبود پوسته پوسته شدن پوست، کاهش تورم و خارش و سایر موارد است که با کاربرد و تأثیر معروف آب این چشمه در رفع ناراحتی‌های پوستی کاملاً سازگار است (Chai et al. 2017).

پیش ماده ٥ کربنی برای همه ایزوپرونوئیدها، ایزوپنتنیل‌پیروفسفات (IPP) است که توسط مسیر متابولیسمی میوالونات در یوکاریوت‌ها، آرکی‌ها و برخی باکتری‌ها تولید می‌شود (Holstein and Hohl 2004).

با این حال، در بیشتر آرکی‌ها، موالونات یک‌بار فسفریله می‌شود تا ٥-فسفات موالونات (M5P) ایجاد شود، سپس به ایزوپنتنیل فسفات (IP) دکربوکسیله شده و در نهایت دوباره برای تولید IPP فسفریله می‌شود (Dellas et al. 2013 and VanNice et al. 2014). یکی از آنزیم‌های کلیدی در این زمینه آنزیم فسفوموالونات دکربوکسیلاز (EC: 4.1.1.99) می‌باشد که در آرکی گرمادوست *Haloferax volcanii* شناسایی شده است (VanNice et al. 2014).

بررسی پروفایل آنزیمی آرکی‌های محیط آب چشمه قوتورسویی در مورد مسیر متابولیسمی Terpenoid backbone biosynthesis نشان‌دهنده پتانسیل آرکی‌های چشمه قوتورسویی در این زمینه می‌باشد و غنای آنزیم کلیدی فسفوموالونات دکربوکسیلاز (EC: 4.1.1.99) نیز در چشمه قوتورسویی به مراتب بیشتر است .

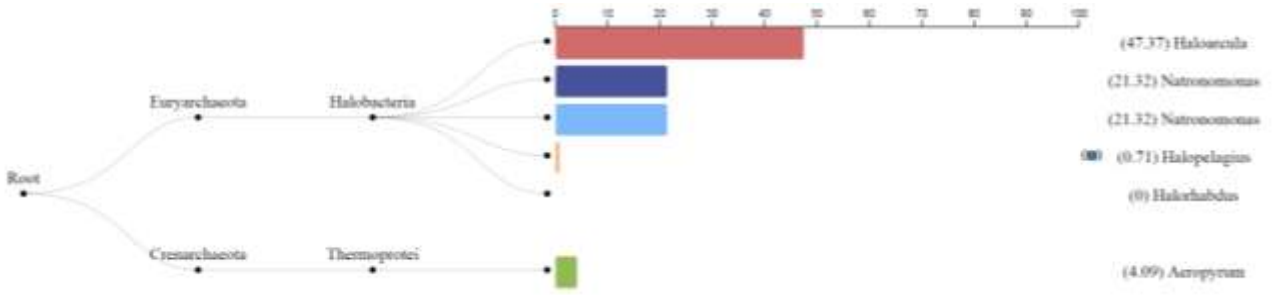
[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]

همچنین در دندروبار ذیل مشارکت عملکردی تاکسون‌های مختلف آرکیایی نمونه آب‌چشمه قوتورسویی به‌صورت کمی نشان داده شده است. در محیط قوتورسویی که این مسیر متابولیسمی جزیی از استراتژی سازگاری آرکی‌های این محیط است جنس *Haloarcula* با ٤٧/٣٧ درصد بیشترین نقش را ایفا می کند (شکل ٨).

سپاسگزاری

این تحقیق با حمایت مالی طرح تحقیقاتی مربوطه (کد طرح: Mo-1393-029) در مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران انجام شد. از همکاری همکاران این مرکز و بانک مولکولی مرکز ملی ذخایر ژنتیکی و زیستی ایران تشکر و قدردانی به‌عمل می‌آید.



شکل ٨- دندروبارهای مشارکت عملکردی تاکسون‌های مختلف آرکیایی نمونه آب چشمه قوتورسویی در مسیر بیوسنتز ترپنوئیدها به‌صورت کمی

منابع

Blank CE, Cady SL, Pace NR (2002) Microbial composition of near-boiling silica-depositing thermal springs throughout Yellowstone National Park. Applied and Environmental Microbiology 68:5123-35.

Bohorquez LC, Delgado-Serrano L, López G, Osorio-Forero C, Klepac-Ceraj V, Kolter R, Junca H, Baena S, Zambrano MM (2012) In-depth characterization via complementing culture-independent approaches of the microbial community in an acidic hot spring of the Colombian Andes. Microbial ecology 63:103-15.

Cai L, Ye L, Tong AH, Lok S, Zhang T (2013) Biased diversity metrics revealed by bacterial 16S pyrotags derived from different primer sets. PloS one 14;8:e53649.

Chai J, Wang D, Peng Y, Zhao X, Zhang Q, Li P, Fang X, Wang M, Cai X (2017) Molecular cloning, expression and immunolocalization analysis of diphosphomevalonate decarboxylase involved in terpenoid biosynthesis from Euphorbia helioscopia L. Biotechnology and Biotechnological Equipment 31:1106-1115.

Dellas N, Thomas ST, Manning G, Noel JP (2013) Discovery of a metabolic alternative to the classical mevalonate pathway eLife 2:e00672.

Farahmand M, MozaffariNoor A, Mehrabian S, Khavarinejad R (2009) Investigation of the properties of alpha amylase produced by thermophilic bacteria isolated from Iranian hot springs. Journal of Pajouhesh & Sazandegi. 4:161-167 (In Farsi).

Golshiri Z, Roknodin eftekhari A, Pourtaheri M (2015) Modeling of Health Tourism Development in Rural Areas of Iran (Hot Springs). Tourism Planning and Development 3:11-22 (In Farsi).

Hedlund BP, Reysenbach AL, Huang L, Ong JC, Liu Z, Dodsworth JA, Ahmed R, Williams AJ, Briggs BR, Liu Y, Hou W (2015) Isolation of diverse members of the Aquificales from geothermal springs in Tengchong, China Frontiers in microbiology 6:157.

Heydari F, Riahi H, Yousefzadi M, Shariatmadari Z (2013) Morphological and phylogenetic diversity of cyanobacteria in four hot springs of Iran. The Iranian Journal of Botany 19:162-172 (In Farsi).

Holstein SA, Hohl RJ (2004) Isoprenoids: remarkable diversity of form and function. Lipids 39: 293-309.

Hou W, Wang S, Dong H, Jiang H, Briggs BR, Peacock JP, Huang Q, Huang L, Wu G, Zhi X, Li W (2013) A comprehensive census of microbial diversity in hot springs of Tengchong, Yunnan Province China using 16S rRNA gene pyrosequencing. PloS one 8:e53350.

Jacquemet A, Barbeau J, Lemiègre L, Benvegnu T (2009) Archaeal tetraether bipolar lipids: Structures, functions and applications Biochimie 91:711-717.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]
[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]

Kristjánsson JK, Hjörleifsdóttir S, Marteinsson VT, Alfredsson GA (1994) Thermus scotoductus, sp. nov., a pigment-producing thermophilic bacterium from hot tap water in Iceland and including Thermus sp. X-1. Systematic and applied microbiology 17:44-50.
Kumar M, Yadav AN, Tiwari R, Prasanna R, Saxena AK (2014) Deciphering the diversity of culturable thermotolerant bacteria from Manikaran hot springs. Annals of microbiology 64:741-51.
Lau Lau MC, Aitchison JC, Pointing SB (2009) Bacterial community composition in thermophilic microbial mats from five hot springs in central Tibet. Extremophiles 13:139-49.
Liu L, Salam N, Jiao JY, Jiang HC, Zhou EM, Yin YR, Ming H, Li WJ (2016) Diversity of culturable thermophilic actinobacteria in hot springs in Tengchong, China and studies of their biosynthetic gene profiles. Microbial ecology 72:150-62.
Nourmohammadi E, Farahmand M, Esmaeili Rastaghi AR (2018) Identification of extremophiles producing anti-cancer enzymes L-glutaminase and L-asparaginase from Larijan hot spring. New Cellular & Molecular Biotechnology 8:29-38 (In Farsi).
Prieto-Barajas CM, Alfaro-Cuevas R, Valencia-Cantero E, Santoyo G (2017) Effect of seasonality and physicochemical parameters on bacterial communities in two hot spring microbial mats from Araró, Mexico. Revista Mexicana de Biodiversidad 88:616-24.
Schröder C, Blank S, Antranikian G (2015) First glycoside hydrolase family 2 enzymes from Thermus antranikianii and Thermus brockianus with β-glucosidase activity. Frontiers in bioengineering and biotechnology 3:76.
Siddhapura PK, Vanparia S, Purohit MK, Singh SP (2010) Comparative studies on the extraction of metagenomic DNA from the saline habitats of Coastal Gujarat and Sambhar Lake, Rajasthan (India) in prospect of molecular diversity and search for novel biocatalysts. International journal of biological macromolecules 47:375-9.
Stern J, Freisleben HJ, Janku S, Ring K (1992) Black lipid membranes of tetraether lipids from Thermoplasma acidophilum. Biochim. Biophys. Acta BBA - Lipids Lipid Metab 1128:227-236.
Tang K, Kobayashi RS, Champreda V, Eurwilaichitr L, Tanapongpipat S (2008) Isolation and characterization of a novel thermostable neopullulanase-like enzyme from a hot spring in Thailand. Bioscience, biotechnology, and biochemistry 72:1448-56.
Tekere M, Lötter A, Olivier J, Jonker N, Venter S (2011) Metagenomic analysis of bacterial diversity of Siloam hot water spring, Limpopo, South Africa. African Journal of Biotechnology 10:18005-12.
Tirawongsaroj P, Sriprang R, Harnpicharnchai P, Thongaram T, Champreda V, Tanapongpipat S, Pootanakit K, Eurwilaichitr L (2008) Novel thermophilic and thermostable lipolytic enzymes from a Thailand hot spring metagenomic library. Journal of Biotechnology 133:42-9.
VanNice JC, Skaff DA, Keightley A, Addo JK, Wyckoff GJ, Miziorko HM (2014) Identification in Haloferax volcanii of phosphomevalonate decarboxylase and isopentenyl phosphate kinase as catalysts of the terminal enzyme reactions in an archaeal alternate mevalonate pathway. Journal of bacteriology 196:1055-1063.
Vinokur J M, Cummins MC, Korman TP, Bowie JU (2016) An adaptation to life in acid through a novel mevalonate pathway. Scientific reports 6:1-11.
Zarafeta D, Kissas D, Sayer C, Gudbergsdottir SR, Ladoukakis E, Isupov MN, Chatziioannou A, Peng X, Littlechild JA, Skretas G, Kolisis FN (2016) Discovery and characterization of a thermostable and highly halotolerant GH5 cellulase from an icelandic hot spring isolate. PLoS One 11:e0146454.
Zhao C, Chu Y, Li Y, Yang C, Chen Y, Wang X, Liu B (2017) High-throughput pyrosequencing used for the discovery of a novel cellulase from a thermophilic cellulose-degrading microbial consortium. Biotechnology letters 39:123-31.

[Downloaded from mail.mg.genetics.ir on 2026-11-20]

[DOR: 20.1001.1.20084439.1400.16.3.5.7]