



Investigation of Halophilic Bacterial Diversity in Lake Urmia Using PCR-DGGE Technique

Manaffar R.^{1*}; Geravandi F.

1- Urmia University, Faculty of Natural Resources, Department of Fisheries, Urmia, Iran

2- Islamic Azad University, Urmia Branch, Faculty of Science, Department of Biology, Urmia, Iran

Abstract:

Human life is intricately intertwined with microorganisms, many of which offer significant benefits to humanity. Halophilic bacteria are capable of producing enzymes that remain active under extreme conditions such as high salinity, elevated temperatures, and abnormal pH levels. These enzymes have valuable applications in the food, pharmaceutical, textile, detergent, and biotechnology industries. Therefore, identifying microorganisms that thrive in hypersaline environments like Lake Urmia—one of the saltiest lakes in the world—can facilitate the design of bioreactors operating under similar conditions. In this study, the diversity of halophilic bacteria in Lake Urmia was investigated using the PCR-DGGE technique. Water and salt samples were collected from six distinct regions of the lake. Bacteria present in the lake water were directly subjected to high-speed centrifugation for DNA extraction. The extracted DNA was then specifically amplified using a pair of universal primers in the PCR process. The resulting fragments were analyzed via DGGE electrophoresis. Bands obtained from the gel were extracted using a Roche kit, re-amplified by PCR, and subsequently sequenced. Nucleotide diversity was assessed using bioinformatics software, and comparison with gene bank databases enabled identification of bacterial genera and species. This study not only demonstrated the effectiveness of DGGE in assessing microbial diversity in extreme environments but also led to the identification of several novel halophilic bacterial taxa in Lake Urmia that had previously eluded conventional culturing methods. Notably, a new halophilic species, *Deefgea rivuli*, was identified in the lake—marking its first report in such a hypersaline ecosystem.

Review History:

Received: 8/3/2025

Revised: 8/29/2025

Accepted: 9/29/2025

Available Online: 10/1/2025

Keywords:

Urmia Lake

Halophilic bacteria

Deefgea rivuli

PCR-DGGE

How To Cite This Article:

Manaffar, R., & Geravandi, F. (2025) Investigation of Halophilic Bacterial Diversity in Lake Urmia Using PCR-DGGE Technique, *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 27-34



*Corresponding author's email: r.manaffar@urmia.ac.ir





بررسی تنوع باکتری‌های نمک دوست دریاچه ارومیه با استفاده از تکنیک PCR-DGGE

رامین مناف‌فر^{۱*}، فاطمه گراوندی^۲

۱- گروه شیلات، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه ارومیه، ارومیه، ایران

۲- گروه زیست‌شناسی، دانشکده علوم، دانشگاه آزاد اسلامی واحد ارومیه، ارومیه، ایران

چکیده:

تاریخچه داوری:

دریافت: ۱۲ مرداد ۱۴۰۴

بازنگری: ۷ شهریور ۱۴۰۴

پذیرش: ۷ مهر ۱۴۰۴

ارائه آنلاین: ۹ مهر ۱۴۰۴

کلمات کلیدی:

دریاچه ارومیه

باکتری‌های نمک دوست

Deefgea rivuli

PCR-DGGE

زندگی انسان و میکروارگانیسم‌ها به هم گره‌خورده است و بسیاری از این میکروارگانیسم‌ها برای انسان سودمند می‌باشند. باکتری‌های نمک‌دوست (هالوفیل) قادر به تولید آنزیم‌هایی هستند که در شرایط پرشور، دمای بالا یا PH غیرعادی فعال می‌مانند. این آنزیم‌ها در صنایع غذایی، دارویی، نساجی، شوینده‌ها و زیست‌فناوری کاربرد دارند. لذا شناسایی میکروارگانیسم‌هایی که در محیط‌های پرشوری مانند دریاچه ارومیه با شوری بسیار بالا زنده می‌مانند، امکان طراحی بیورآکتورهایی با شرایط مشابه را فراهم می‌کند. در این مطالعه بررسی تنوع باکتری‌های نمک دوست دریاچه ارومیه با استفاده از تکنیک PCR-DGGE انجام شد. به همین منظور نمونه آب و نمک دریاچه از شش ناحیه مختلف دریاچه ارومیه برداشت شد. باکتری‌های موجود در آب دریاچه مستقیماً پس از تخلیص توسط سانتریفیوژ با دور بالا جهت استخراج DNA بکار رفتند. DNA حاصل سپس در تکنیک PCR با استفاده از یک جفت پرایمر یونیورسال به صورت اختصاصی تکثیر شد. قطعات حاصل سپس در تکنیک الکتروفورز DGGE مورد بررسی قرار گرفتند. باندهای حاصل سپس توسط کیت Roche از درون ژل استخراج شدند، مجدداً توسط PCR تکثیر شدند و محصول PCR حاصل توالی یابی شدند. بررسی تنوع نوکلئوتیدی توسط نرم‌افزار انجام شد و مقایسه آن‌ها در بانک ژنی توانست گونه و جنس این باکتری‌ها را شناسایی نماید. این بررسی ضمن اثبات قابلیت و توانایی تکنیک DGGE برای بررسی تنوع باکتری‌های یک محیط توانست چند گونه و جنس جدید باکتری نمک دوست جدید در داخل دریاچه ارومیه شناسایی نماید که قبلاً توسط تکنیک‌های مرسوم کشت غیرقابل شناسایی بودند. در این تحقیق گونه جدیدی از باکتری‌های نمک دوست با عنوان *Deefgea rivuli* در دریاچه ارومیه شناسایی شد که پیش‌از این در چنین محیط فوق‌اشباعی گزارش نشده بود.

برای ارجاع به این مقاله از عبارت زیر استفاده کنید:

Manaffar, R., & Geravandi, F. (2025) Investigation of Halophilic Bacterial Diversity in Lake Urmia Using PCR-DGGE Technique, *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 27-34 (In Persian)



مقدمه

تنوع زیستی، میکروارگانیسم‌ها هستند و حیات تمامی موجودات بستگی به فعالیت میکروارگانیسم‌ها دارد. میکروارگانیسم‌ها، گستره‌ی بسیار وسیعی از موجودات زنده را دارند. برای استفاده و به‌کارگیری بهتر از میکروارگانیسم‌ها همانند باکتری‌ها، داشتن اطلاعات در رابطه با مکان زیستی و کاربردهای آن‌ها می‌تواند سودمند باشد (۵). در جوامع میکروبی، برخی از میکروارگانیسم‌ها در مقابل شرایط محیطی بسیار نامطلوب تاب می‌آورند که بررسی و شناسایی این دسته از میکروارگانیسم‌ها ضروری است. از جمله‌ی این شرایط

تنوع زیستی، شاخص کلیدی برای سلامت یک اکوسیستم است و می‌تواند توسط تغییرات اقلیمی و شرایط محیط زیستی تحت تأثیر قرار گیرد. تنوع زیستی به‌عنوان تنوع موجودات زنده تعریف می‌شود که در سه سطح گونه، اکوسیستم و ژنتیک مطرح می‌شود (۱۰). ژن‌ها بخشی از گونه‌ها هستند و هر اکوسیستم از چندین گونه تشکیل شده است. تنوع ژنتیکی ساده‌ترین حالتی است که در تنوع زیستی مطرح می‌شود (۴). بزرگ‌ترین مخزن ناشناخته از

* نویسنده عهده‌دار مکاتبات: r.manaffar@urmia.ac.ir



می‌آید که از این نظر به دریاچه نمک بزرگ ایالات متحده شباهت زیادی دارد. چون آب این دریاچه بسیار شور است، بنابراین میکروارگانیسم‌های آن، ایمنی بیشتر و سمیت زایی بسیار پایینی دارند و برای کارهای بالینی می‌توانند مناسب باشند (۹). مطالعات قبلی تنوع زیستی برخی باکتری‌های مقاوم به شوری و نمک دوست را از این دریاچه گزارش کرده‌اند (۲۱، ۱۰، ۹).

با توجه به این‌که این دریاچه دارای تنوع زیستی میکروبی هست که این میکروب‌ها می‌توانند برای استفاده‌های بالینی و صنعتی مورد استفاده قرار گیرند، این مطالعه انجام شد تا تنوع باکتری‌های نمک دوست دریاچه‌ی ارومیه را با استفاده از روش PCR-DGGE بررسی کند. در مطالعات صورت گرفته در دریاچه‌ی ارومیه، تاکنون از این روش برای شناسایی تنوع گونه‌ها از این روش استفاده نشده است. بنابراین این مطالعه برای اولین بار به بررسی تنوع باکتری‌های نمک دوست دریاچه ارومیه با استفاده از تکنیک PCR-DGGE می‌پردازد.

مواد و روش‌ها

نمونه‌برداری از آب و نمک دریاچه ارومیه از شش ناحیه مختلف آن در بهار و تابستان سال ۱۳۹۲ انجام گرفت (شکل ۱). به دلیل بحران خشک‌سالی دریاچه ارومیه این کار تنها از دو طرف پل میان‌گذر دریاچه ارومیه و ناحیه شمال دریاچه ارومیه (ایستگاه باری) که پس‌روی آب دریاچه ارومیه کمتر هست امکان‌پذیر شد. شوری آب دریاچه در فصل بهار و تابستان ۱۳۹۲ در تمامی محل‌های نمونه‌برداری بیش از ۳۴۰ گرم در لیتر بود.



شکل ۱- عکس ماهواره‌ای و محل‌های نمونه‌برداری از

دریاچه ارومیه. عکس مربوط به بهار سال ۱۳۹۲ هست. برای تخلیص باکتری‌ها از روش مطالعات قبلی استفاده شد (۱). بصورت خلاصه پس از ورنکس کردن، محتوی لوله‌ها به داخل فالکن تیوپ‌ها ریخته شد و با دور ۳۰۰۰ به

دمای بسیار بالا، بسیار پایین، شرایط شوری و ... است. محیط‌های شور که شوری آن‌ها بیشتر از آب دریا است، تنوع میکروبی به علت غلظت‌های زیادی نمک محدود می‌شود (۶). میکروارگانیسم‌های نمک دوست، بهترین رشد را در محیط‌هایی با غلظت نمک ۰/۲۰ تا ۵/۲۰ مولار دارند، درحالی‌که میکروارگانیسم‌هایی که مقاوم به شوری، قادر به رشد در غلظت‌های زیاد نمک هستند (۱۶). سازوکارهای حفظ محیط داخلی و برخی از ویژگی‌های غشای پلاسمایی باکتری‌های مقاوم به شوری، به آن‌ها برای سازش در محیط‌های نمکی همانند دریاچه‌ها کمک می‌کند (۱۷). دو واکنش عمده در میکروارگانیسم‌ها هنگام تعامل با غلظت زیاد نمک رخ می‌دهد که شامل تغییر دادن ویژگی‌های ریخت‌شناسی همانند متورم شدن و یا منقبض شدن است (۱۰). مطالعات نشان داده‌اند که مطالعات روی دریاچه‌های نمکی می‌تواند به کشف میکروارگانیسم‌های جدیدی کمک کند که بتوان از فرآورده‌های آن‌ها استفاده نمود (۲۱). در مجموع، زندگی انسان و میکروارگانیسم‌ها به هم گره‌خورده است و بسیاری از این میکروارگانیسم‌ها برای انسان سودمند می‌باشند. شناسایی گونه‌های جدید مخصوصاً در دریاچه‌های نمکی محتمل است.

روش‌های مختلفی برای جداسازی و شناسایی میکروارگانیسم‌ها صورت می‌گیرد. برای مثال، روش‌های مستقل از کشت، به شناسایی گونه‌های غیرقابل کشت کمک کرده است و امکان فراهم آوردن جزئیات بیشتری را برای میکروارگانیسم‌ها را فراهم آورده است. روش‌های مولکولی نسبت به روش‌های سنتی دقیق‌تر هستند و امکان شناسایی گونه‌های بیشتری را فراهم می‌کنند. یکی از روش‌های مولکولی نوین که در زمینه‌های مختلف و همچنین میکروبی‌شناسی به کار می‌رود، PCR-DGGE (Denaturing gradient gel electrophoresis) است که محصولات DNA تولیدشده در PCR را تفکیک می‌کند (۸). در واقع این تکنیک از تحرک متفاوت DNA های دو رشته‌ای و به‌طور جزئی دنا توره شده در بستر پلی آکریل آمید استفاده می‌کند (۱۴).

در این مطالعه، دریاچه‌ی ارومیه، به‌عنوان یکی از دریاچه‌های شور با تنوع میکروبی مورد بررسی قرار گرفت. دریاچه ارومیه بزرگ‌ترین و شورترین دریاچه دائمی ایران و یکی از دریاچه‌های فوق اشباع از نمک در دنیا به حساب

میکرو تیوپ ۲۰ میکرو لیتری برداشته و وزن هر میکرو تیوپ اندازه‌گیری شد. هر باند تکی در ژل توسط تیغ استریلی از ژل برش داده شد و داخل میکرو تیوپ انداخته شد. در نهایت وزن خالص ژل برش داده شده داخل هر میکرو تیوپ اندازه‌گیری شد. برای استخراج DNA از باندهای برش داده شده از ژل توسط کیت شرکت Roche استفاده شد. برای انجام فن DGGE از پرایمر اختصاصی استفاده شد. در این پرایمرها برای جلوگیری از دناتوره شدن کامل قطعات دو رشته‌ای DNA یک ناحیه حاوی بالاترین دمای ذوب مصنوعی به نام GC-clamp وجود دارد و تضمین می‌کند که قطعات DNA از دناتوراسیون کامل در اثر مواد دناتوره کننده (اوره و فرمامید) محافظت شوند.

بعد از آماده شدن ژل، جهت تزریق نمونه‌ها، شانه‌ها برداشته شد، سپس ژل و شیشه‌های روی کاست برداشته و به صورت کج داخل تانکر شده قرار داده شد. چاهک‌های ایجاد شده به وسیله سرنگ و بافر به خوبی شست‌وشو داده شد، سپس مقدار ۶ میکرو لیتر از نمونه‌ها با ۲۴ میکرو لیتر Loading dye مخلوط و در داخل چاهک‌ها تزریق شد. به خاطر تزریق نمونه‌ها دستگاه بر روی ولتاژ پایین قرار داده شد. با توجه به اینکه هنگام Run کردن نمونه‌ها باید تمامی چاهک‌ها پر باشند، چاهک‌های خالی با Loading dye پر شدند. سپس درب بافر تانک گذاشته و دستگاه روی ولتاژ بالا گذاشته شد. عمل Running با ولتاژ ۱۲۰ به مدت ۱۶ ساعت انجام شد (۱۹). بعد از اتمام الکتروفورز ۱۶ ساعته، ژل از بین صفحات شیشه‌ای برداشته و به وسیله ۶ میکرو لیتر اتیدیوم بروماید در ۲۰ میلی لیتر بافر TAE به طریقه شناورسازی رنگ آمیزی شد، سپس به دستگاه عکس برداری از ژل منتقل و در زیر اشعه UV باندهای به دست آمده بررسی شد. باندهای حاصل در ژل الکتروفورز DGGE ابتدا توسط کیت ویژه مجدداً استخراج شدند. عمل re-PCR موجب شد محصول PCR با کیفیت بالاتر و همچنین به صورت اختصاصی مربوط به یک باکتری خاص تولید شود. محصول PCR حاصل شده نهایتاً در مقدار و مشخصات لازم به شرکت سینا کلون ارسال و از طریق این شرکت در کشور انگلستان توالی یابی شد.

نتایج

انجام عمل PCR و متعاقب آن اجرای تکنیک rePCR موجب شد که باندهای شفاف و بدون اسمیری از نمونه‌های

مدت ۱۵ دقیقه سانتریفیوژ شد. محلول رویی دور ریخته شد و رسوبات ته نمونه نگه‌داشته شد این عمل تا جایی تکرار شد که محلول رویی بعد از سانتریفیوژ کردن بی‌رنگ شود. برای جدا کردن باکتری‌ها از سایر مواد داخل آب از فیلتر باکتریایی ۰/۲۲ میکرون استفاده شد.

برای استخراج DNA، ۴۰۰ میلی لیتر از نمونه برای مدت زمان پنج دقیقه در دمای ۹۵ درجه‌ی سانتی‌گراد حرارت داده شد و سپس برای مدت پنج دقیقه در یخ قرار داده شد تا سلول‌های باکتریایی لیز شوند. کمیت و کیفیت DNA با استفاده از دستگاه اسپکتروفوتومتر بررسی شد.

پرایمرهای مورد استفاده برای انجام PCR در این آزمایش (۱۶S) از روش مطالعات قبلی و همان پرایمرها استفاده شد (۳). آغازگرهای مورد استفاده در این مطالعه شامل Forward: 338f (5'- (ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') و Reverse: 518r (5'- (ATTACCGCGGCTGCTGG-3') بودند. تمام شرایط دمایی و پروتکل‌ها مطابق مطالعات قبلی انجام شد (۳). برای واکنش زنجیره‌ی پلیمرز، آب، MgCl₂، بافر PCR،

TaqdNTPase پلی مرز و پرایمرها در نسبت‌های بهینه مورد استفاده قرار گرفتند و به دستگاه ترموسایکلر منتقل شدند مطابق یک برنامه خاص اجازه داده شد که دستگاه PCR از قطعات مورد نظر کپی برداری نماید. جهت بررسی تولید یا عدم تولید محصول PCR در هر نمونه، همچنین تعیین طول قطعه تکثیر شده از الکتروفورز بر روی ژل آغازز استفاده شد. طی الکتروفورز DNA ها بر اساس وزن مولکولی داخل ژل حرکت کرده و ایجاد باند کردند. ژل در داخل تانک دستگاه الکتروفورز که حاوی بافر ۰/۵۰ درصد TBE بود قرار داده شد. سپس توسط سمپلر، مقدار ۱۰ میکرو لیتر از محصول PCR به همراه ۲ میکرو لیتر لودینگ بافر و ۱ میکرو لیتر ماده رنگ‌کننده ژل در درون هر چاهک (آغازز ۱/۵ درصد)، ریخته شد. در یکی از چاهک‌ها هم ۱ میکرو لیتر DNA 1500 bp مارکر مخلوط شد و با ۱ میکرو لیتر ماده رنگی ریخته شد؛ تا طول محصولات PCR قابل بررسی باشد. با مقایسه و بررسی وزن مولکولی هر باند با باندهای DNA Ladder می‌توان وزن مولکولی هر باند را به دست آورد.

برش ژل زیر نور UV و در تاریکی و با استفاده از ماسک محافظ انجام شد. قبل از برش ژل به تعداد باندهای تکی،

گونه *Deefgea rivuli* از باکتری-های *Betaprobacterium* را شناسایی نماید که پیش‌ازاین از محیط‌های بسیار شوری همانند دریاچه ارومیه گزارش نشده بودند.

بررسی انجام‌شده توسط نرم‌افزار نشان داد که فاصله ژنتیکی و درصد تشابهات در بین نمونه‌های موردبررسی *Deefgea rivuli* خیلی کمتر از فاصله ژنتیکی دو نمونه دیگر باهم هست.

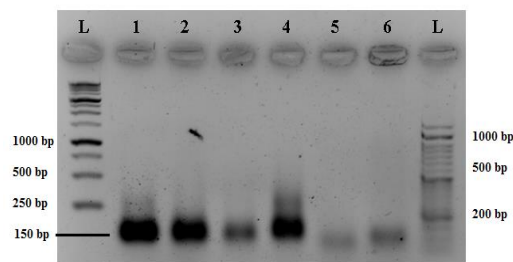
Uncultured bacterium	0.00304
Uncultured actinobacterium	0.02577
<i>Deefgea rivuli</i>	0.28673

شکل ۶- فیلوگرام سویه‌های مختلف باکتری‌های تحت مطالعه یافت شده در نمونه‌های تحت مطالعه *Nei's*

بحث

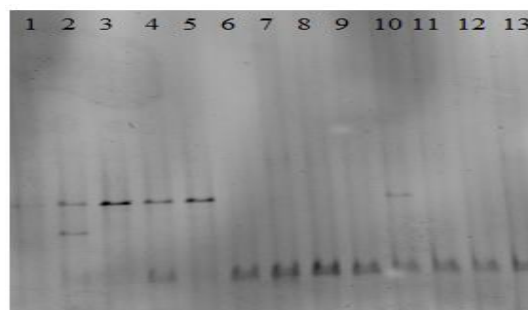
این تحقیق توانست برای اولین بار تنوع باکتری‌های دریاچه ارومیه را با روشی غیر از کشت باکتریایی مشخص نماید. به دلیل بحران خشک‌سالی و بالا بودن شوری دریاچه تنوع مشاهده‌شده کمتر از میزان پیش‌بینی‌شده بود، لیکن این تحقیق توانست تعدادی سویه و گونه جدید باکتری را برای اولین بار از این محیط شناسایی کند. بررسی‌های به‌عمل‌آمده بر روی اقلیم‌های بسیار شور و دریاچه‌های نمکی پیش‌ازاین توانسته بود انواعی از باکتری‌های نمک دوست را شناسایی نماید (۱۳، ۱۰، ۹، ۶). در مطالعه‌ای که در سال ۲۰۱۱ بر روی جداسازی میکروارگانیسم‌ها از دریاچه ارومیه انجام‌شده است، نیز میکروارگانیسم‌هایی در دوشاخه *γ-Proteobacteria* و *Firmicutes* گزارش شدند که بیشترین میزان شباهت را به جنس‌های *Halomonas*، *Pseudomonas Salicola*، *Bacillus Marinobacter* *Idiomarina* و *Halobacillus* نشان دادند (۲۲). اختلاف بین این مطالعه و مطالعات قبلی مربوط به روش مورداستفاده برای شناسایی باکتری‌ها باشد. پیش از روش‌های کشت و کلونینگ-توالی یابی، برای بررسی تنوع زیستی باکتری‌های دریاچه ارومیه به‌کاربرده شدند. نتایج به‌دست‌آمده از هرکدام از این روش‌ها با توجه به ویژگی‌های ذاتی روش و شیوه‌های اجرایی دارای محدودیت و جهت‌گیری‌های خاص است. در روش کشت علاوه بر محدودیت اصلی (دسترسی به تنها حدود یک درصد از میکروارگانیسم‌های موجود)، محیط‌ها و روش‌های

موردمطالعه حاصل شود. باندهای حدود ۱۵۰ جفت بازی در شکل ۲ ارائه‌شده است.



شکل ۲- ژل الکتروفورز باکتری‌های دریاچه ارومیه از شش ایستگاه مورد مطالعه. نمونه L مارکر DNA و نمونه‌های یکی الی شش مربوط به ایستگاه‌های تحت مطالعه می‌باشند.

ادامه بررسی به‌منظور جداسازی و شناسایی باکتری‌های تحت مطالعه توسط الکتروفورز PCR-DGGE انجام شد. نتایج بررسی در شکل ۳ ارائه‌شده است. این آنالیز در غلظت ۱۰-۵۰ درصد ژل دناتوره‌کننده و ژل پلی‌آکریل آمید نه درصد انجام شد. این بررسی نشان داد که در هر یک از ایستگاه‌های تحت مطالعه حداقل یک جمعیت باکتری به‌صورت غالب وجود دارد اما در ایستگاه‌های شمال دریاچه این تنوع متفاوت از ناحیه میان‌گذر دریاچه ارومیه هست.



شکل ۳- ژل الکتروفورز DGGE باکتری‌های دریاچه ارومیه از شش ایستگاه مورد مطالعه. نمونه L مارکر DNA و نمونه‌های یکی الی پنج مربوط به ناحیه شمال دریاچه ارومیه و بقیه مربوط به نواحی میان‌گذر دریاچه ارومیه می‌باشند.

نتایج تعیین توالی در شکل‌های ۴ تا ۶ آورده شده است. این بررسی در مقایسه نرم‌افزاری در بانک ژنی توسط نرم‌افزار تحت شبکه Basic Local Alignment Search Tool (Blast) توانست ۳ گونه جدید باکتری را شامل یک‌گونه تاکنون کشت نیافته از باکتری‌ها، یک‌گونه از باکتری‌های غیر کشت یافته *Actinobacterium* و یک

Uncultured bacterium clone ncd1651d05c
 AGCAANCANNACCANATANGCAGTGNGTGAAGAAGGCCTTTTGGTGTAAAGCACTTTT
 AGCGAGGAGGAGGCTCCTTTGATTAATACTCTATGGTAGTGGACGTTACTCGCAAATAAGCCC
 CGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTA

Uncultured actinobacterium clone K-285-12-47
 CACCANATANGCAGTGNGTGAAGAAGCCGTTTTGGTGTAAAGCACTTTTAGCGAGGAGG
 AGGCTCCTTTGATTAATACTCTACGTAGTGGACGTTACTCGCAAATAAGCCCCGGCTAACTCTG
 TGCCAGCAGC

Deeffgea rivuli strain S_T TSA 63
 CCTAGATCCANCACTGCCGCTGCGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTCCCAAGCTTTTTTGCG
 GGGAGGAAATCTTATTGGTTAATAANCGCTGGGAAGGACAGTCCCCGGCCAATAACGACCCGGCT
 TACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATAA

شکل ۴-توالی نمونه‌های شناسایی‌شده از باکتری‌های یافت شده در نمونه‌های تحت مطالعه

1	Uncultured bacterium	AGCAANCANNACCANATANGCAGTGNGTGAAGAAGGCCTTTTGGTGTAAAGCACTTTT	60
2	Uncultured actinobacterium	-----CACCANATANGCAGTGNGTGAAGAAGCCGTTTTGGTGTAAAGCACTTTT	50
3	<i>Deeffgea rivuli</i>	--CCTAGATCCANCACTGCCGCTGCGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTCCCAAGCTTTTT	57
		** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *	
1	Uncultured bacterium	AGCGAGGAGGAGGCTCCTTTGATTAATACTCTATGGTAGTGGACGTTACTCGCAAATAA	120
2	Uncultured actinobacterium	AGCGAGGAGGAGGCTCCTTTGATTAATACTCTACG-TAGTGGACGTTACTCGCAAATAA	109
3	<i>Deeffgea rivuli</i>	TGCCGGGAGGAAATCTTATTGGTTAATAANCGCTGGGAA-GGACAGTCCCCGGCCAATAA	116
		* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *	
1	Uncultured bacterium	GCCCCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTA----	153
2	Uncultured actinobacterium	GCCCCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGC-----	135
3	<i>Deeffgea rivuli</i>	CGACCCGCTTACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATAA	153
		* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *	

شکل ۵- توالی مرتب‌شده توسط نرم‌افزار در نمونه‌های شناسایی‌شده از باکتری‌ها

مختلف دید درست‌تری در مورد تنوع زیستی میکروارگانیسم‌های منطقه به دست می‌دهد (۱۳). نتایج مشابهی در بررسی‌های قبلی بر روی دریاچه آران و بیدگل نیز به دست آمده است (۶، ۲). جدایه‌های گرم منفی و جدایه‌های دارای شکل میکروسکوپی کوکوس از فراوانی کمتری در بین جدایه‌ها برخوردار بودند. در مطالعه‌های دیگر، محققین ۹۹ شکل میله‌ای به شدت تحمل‌کننده نمک گرم مثبت و مولد هاگ را از خاک و رسوبات زیستگاه‌های پرشور واقع در نقاط مختلف اسپانیا جدا کردند که قادر به رشد در غلظت‌های نمک ۲۰ تا ۲۵ درصد بودند و بر اساس ویژگی‌های ریخت‌شناسی و محتوی G+C، در گونه‌های مختلف جنس *Bacillus* قرار گرفتند (۷). برخلاف نتایج حاصل از پژوهش حاضر، که اشکال میله‌ای گرم مثبت در بین جدایه‌ها دارای بیشترین میزان فراوانی هستند و ۵۹/۹ درصد جدایه‌ها را به خود اختصاص می‌دهند.

نتایج این بررسی نشان داد که بخش اصلی توالی‌ها در کتابخانه ژنی باکتری‌ها، توالی‌های به گروه Bacteroidetes متعلق بود. در این گروه، توالی‌های مرتبط با گونه *Salinibacter ruber* بیشترین فراوانی را داشت به طوری که ۶۶ درصد از توالی‌های به دست آمده در روش مستقل از کشت، اعضای این جنس بودند. این مشاهده در دیگر دریاچه‌های نمک نیز گزارش شده است (۱۵، ۱۲). در

کشت استفاده‌شده، تنها امکان رشد گروه خاصی از میکروارگانیسم‌ها را فراهم می‌کند و نتایج به دست آمده از این روش بیانگر واقعیت کامل جامعه نیست. در روش مولکولی سد کشت برداشته شده و دسترسی به میکروارگانیسم‌های محیط بدون نیاز به رشد آن‌ها در شرایط مصنوعی آزمایشگاه میسر است. با این وجود، دسترسی به ماده ژنتیکی و توانایی تکثیر ژن موردنظر در این روش محدودیت‌هایی ایجاد می‌کند. تمامی میکروارگانیسم‌های منطقه در برابر روش استخراج DNA بکار برده شده پاسخ یکسانی ندارند. در این دسته از پژوهش‌های مولکولی، هیچ‌گونه همپوشانی در بین نتایج حاصل از روش‌های وابسته به کشت و غیر وابسته به کشت مشاهده نشد که این امر را می‌توان به تعداد بسیار کم جدایه‌های تعیین توالی شده با استفاده از روش کلونینگ و تعیین توالی نسبت داد. در بررسی جوامع میکروبی افزایش تعداد نمونه به اندازه افزایش تعداد نمونه در جوامع گیاهی و جانوری مؤثر و قابل تعمیم به واقعیت نیست. اما با افزایش تعداد نمونه‌ها نتایج قابل قبول‌تری به دست می‌آید. بر اساس نتایج به دست آمده، به کارگیری روش‌های پلی فاز یک شامل استفاده هم‌زمان از روش‌های سنتی وابسته به کشت و روش‌های مولکولی بهترین نتیجه در معرفی تنوع زیستی منطقه را ارائه می‌دهد. علاوه بر آن، استفاده از ابزارهای

- Incorporation and accumulation of docosahexaenoic acid from the medium by *Pichia methanolica* HA-32. *Bioscience Biotechnology and Biochemistry* 66(12):2632-8.
2. Bagheri. M. 2009. Diversity of aerobic heterotrophic moderately halophilic bacteria from Aran-Bidgol Lake. A dissertation in University of Tehran. [In Persian]
 3. Boon N., Windt W., Verstraete W., Top E.M. 2002. Evaluation of nested PCR-DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis) with groupspecific 16S rRNA primers for the analysis of bacterial communities from different waste-water treatment plants. *FEMS Microbiology and Ecology* 39(1):101-112.
 4. Bonnaud E.M., Troupin C., Dacheux L. 2019. Comparison of intra and inter-host genetic diversity in rabies virus during experimental cross-species transmission. *PLoS Pathogen*. 15(6):1007799.
 5. Davies Z.G., Dallimer M., Fisher J.C., Fuller R.A. 2019. Biodiversity and health: implications for conservation biodiversity and health in the face of climate change. *Springer* pp. 283-94.
 6. Didari M., Bagheri M., Amoozegar M.A., Bouzari S., Babavalian H., Tebyanian H., Hassanshahian M., Ventosa A. 2020. Diversity of halophilic and halotolerant bacteria in the largest seasonal hypersaline lake (Aran-Bidgol-Iran). *Journal of Environmental Health Science and Engineering* 11(1): 1-11.
 7. Garabito M.J., Marquez M.C., Ventosa A. 1998. Halotolerant Bacillus diversity in hypersaline environments. *Canadian Journal of Microbiology* 44:95-102.
 8. Green S.J., Leigh M.B., Neufeld J.D. 2009. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) for microbial community analysis, Germany. *Springer*, pp. 4137-58.
 9. Jookar Kashi F., Owlia P., Amoozegar M.A., Yakhchali B. 2014. Culturable prokaryotic diversity of Urmia salt lake. *Modern Genetics Journal*. 9(3):313-28. [In Persian]
 10. Kazemi E., Tarhriz V., Hejazi M.S., Amoozegar M.A. 2020. Isolation and characterization of halophilic and halotolerant bacteria from Urmia lake after
- میان اعضای بانک ژنی تهیه‌شده از دریاچه ارومیه در ۴۲ درصد از جدایه‌های تعیین‌توالی شده شباهت کمتر از ۹۷ درصد با گونه‌های استاندارد ثبت‌شده مشاهده شد. سه جنس متفاوت *Salinibacter*، *Adhaeribacter* و *Cesiribacter* در بین جدایه‌های تعیین‌توالی شده مشاهده شدند که هر سه به رده Bacteroidetes متعلق هستند.
- ازجمله نتایج این تحقیق می‌توان به شناسایی گونه جدیدی به نام *D. rivuli* نام برد. این گونه ای از باکتری‌های Proteobacteria هستند. این شاخه گروه بزرگی از باکتری‌ها است. آن‌ها شامل طیف گسترده‌ای از عوامل بیماری‌زا مانند باکتری، سالمونلا، ویبریو، هلیکوباکتر، یرسینیا، و بسیاری دیگر از جنس‌های قابل توجه و بااهمیت است. آن‌ها بسیار گوناگون هستند و زندگی آزاد (غیر انگل)، و شامل بسیاری از باکتری‌های مسئول تثبیت نیتروژن می‌باشند (۱۸).
- بر اساس شناسایی اولیه حاصل‌شده توسط نرم‌افزار و تحقیق در بانک ژنی و با توجه به اینکه نمونه دوم سویه‌ای از جنس *Actinobacterium* شناسایی شد لذا احتمال سویه اول نیز از همین خانواده می‌رود. اکتینو باکتری‌ها گروهی از باکتری‌های گرم مثبت هستند که در DNA خود گوانین و سیتوزین بالایی دارند. آن‌ها شامل تعداد زیادی از باکتری‌های بیماری‌زا و غیربیماری‌زیایی موجود در آب، خاک و طبیعت مانند اکتینومایست‌ها، استرپتومایسس و نوکاردیها هستند. برخی از این باکتری‌ها مانند اکتینومایست‌ها شباهت زیادی به قارچ‌ها دارند ولی عدم وجود هسته و مشاهده ترکیبات پپتیدوگلیکان، پروکاریوت بودن آن‌ها را تأیید می‌کند. گونه جدید *Deefgea rivuli* نیز از باکتری‌های Proteobacteria هستند. این شاخه گروه بزرگی از باکتری‌ها است که تعداد زیادی از آن‌ها در محیط‌های رشد به رنگ غالب صورتی کلنی ایجاد می‌کنند.
- درمجموع، نتایج این مطالعه نه تنها نشان داد که استفاده از تکنیک برای شناسایی باکتری‌ها در آب‌های شور سودمند است، ولی گونه‌های جدیدی را شناسایی کرد که می‌توانند برای استفاده‌ی انسان سودمند باشند.

منابع

1. Aoki H., Miyamoto N., Furuya Y., Mankura M., Endo Y., Fujimoto K. 2002.

20. Vahed S.Z., Forouhandeh H., Tarhriz V. 2018. Halomonas tabrizica sp. nov., a novel moderately halophilic bacterium isolated from Urmia Lake in Iran. *Antonie van Leeuwenhoek* 111 (7): 1139-48.
21. Van den Burg B. 2013. Extremophiles as a source for novel enzymes. *Ecology Industry and Microbial* 6(1): 213-218.
22. Zununi Vahed S., Forouhandeh H., Hassanzadeh S., Klenk H., Hejazi M.A., Hejazi M. S. 2011. Isolation and characterization of halophilic bacteria from Urmia Lake in Iran. *Microbiology* 80(6): 834-841.
- the recent drought disaster in 2015. *Current Biotechnology* 9(1): 1-10.
11. Khan S.A., Zununi Vahed S., Forouhandeh H. Halomonas urmiana sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from Urmia Lake in Iran. *International Journal of System Evolution Microbiology* 70(4): 2254-60.
12. Maturrano L., Santos F., Rossello-Mora R., Anton J. 2006. Microbial diversity in Maras salterns, a hypersaline environment in the Peruvian Andes. *Applied and environmental microbiology* 72(6): 3887-3895.
13. Mehrshad M., Amoozegar M.A., Yakhchali B., Shahzede Fazeli A. 2012. Biodiversity of moderately halophilic and halotolerant bacteria in the western coastal line of Urmia lake. *Microorganisms Biology* 1(1): 49-70. [In Persian]
14. Mohammadi P., Tavakoli A., Asgarani E., Ghazanfari T., Soroush M.R. 2015. Identification of dominant bacteria in sputum of chemical injured patients by using PCR-DGGE technique and culture-dependent method. *IJIDTM* 68(1): 7-14. [In Persian]
15. Mutlu M.B., Martínez-García M., Santos F., Pen A., Guven, K., Antón, J. 2008. Prokaryotic diversity in Tuz Lake, a hypersaline environment in Inland Turkey. *FEMS Microbiology Ecology* 63: 1-10.
16. Oren A. 2006. Life at high salt concentrations. In: Stanley Falkow ER, editor. Karl-Heinz Schleifer, Erko Stackebrandt, Martin Dworkin, editor. *The Prokaryotes: Ecophysiology and biochemistry*. Springer, pp. 263-82.
17. Rahman S.S., Siddique R. Tabassum N. 2017. Isolation and identification of halotolerant soil bacteria from coastal Patenga area. *BMC Research Notes* 10(1): 531-536.
18. Stackebrandt E., Lang E., Cousin S., Päuker O., Brambilla E., Kroppenstedt R., Lünsdorf H. 2007. Deefgea rivuli gen. nov., sp. nov., a member of the class Betaproteobacteria. *International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology* 57(3):639-645.
19. Taylor, G.R., Day, I.N., Taylor, G.R. eds. 2005. Guide to mutation detection. John Wiley & Sons Incorporated.