DOI 10.66073/ReFocus-Conf/3010115

ЎЗБЕКИСТОННИНГ ҚУРҒОҚЧИЛ ҲУДУДЛАРИ ТУПРОҚЛАРИДАН АЖРАТИЛГАН БАКТЕРИЯЛАРНИНГ 16S rRNA ГЕНИ АСОСИДАГИ ТАКСОНОМИК ТАҲЛИЛИ

Мамарасулов Баҳодир Далихонович, **Давранов Қаҳрамон Давранович**
ЎзР ФА Микробиология институти

Аннотация: Навоий, Бухоро ва Қашқадарё тупроқларидан ажратилган 18 та бактерия изолятининг 16S рРНК гени таҳлил қилинди. Изолятлар 9 та авлодга мансуб бўлиб, *Bacillus* улуши 38,89% ни ташкил этди. Таққослаш учун олинган кетма-кетликларга ўхшашлик 99,24-100% оралиғида бўлди.

Калит сўзлар: қурғоқчил тупроқ, бактерия, 16S рРНК, таксономик таркиб, *Bacillus*.

Аннотация: Проанализированы последовательности гена 16S рРНК 18 бактериальных изолятов из почв Навоийской, Бухарской и Кашкадарьинской областей. Изоляты отнесены к 9 родам; доля *Bacillus* составила 38,89%. Сходство с референсными последовательностями варьировало от 99,24 до 100%.

Ключевые слова: аридные почвы, бактерии, 16S рРНК, таксономический состав, *Bacillus*.

Abstract: The 16S rRNA gene sequences of 18 bacterial isolates from soils of Navoi, Bukhara and Kashkadarya regions were analysed. The isolates represented nine genera, with *Bacillus accounting* for 38.89%. Similarity to reference sequences ranged from 99.24 to 100%.

Keywords: arid soils, bacteria, 16S rRNA, taxonomic composition, *Bacillus*.

Кириш

Қурғоқчил ҳудудлар тупроқларидан ажратилган бактерияларнинг таксономик таркибини аниқлаш маҳаллий микроб ресурсларини тавсифлаш ва кейинги функционал тадқиқотлар учун изолятларни танлашда муҳимдир. 16S рРНК гени кетма-кетликларини қиёслаш бактерияларнинг таксономик яқинлигини баҳолаш имконини беради, бироқ яқин турларни фарқлашда мазкур маркернинг имконияти чекланган [1]. Тадқиқотнинг мақсади Навоий, Бухоро ва Қашқадарё вилоятлари қурғоқчил тупроқларидан ажратилган бактерияларнинг молекуляр идентификацияси ва авлодлар бўйича таркибини баҳолашдан иборат.

Материаллар ва методлар

Тадқиқотда Навоий вилояти Қизилқум чўлидан 6 та, Бухоро вилояти чўл ва ярим чўл ҳудудларидан 7 та ҳамда Қашқадарё вилоятидан 5 та, жами 18 та изолят таҳлил қилинди. Намуналар *Haloxylon aphyllum*, *Calligonum caput-medusae*, *Atriplex cana*, *Atriplex tatarica* ва *Artemisia terrae-albae* ўсимликлари билан боғлиқ тупроқлардан олинган. Изолятларнинг 16S рРНК гени нуклеотид кетма-кетликлари NCBI GenBank таққослаш учун олинган кетма-кетликлар билан қиёсланди. Авлодларнинг нисбий улуши тегишли авлодга мансуб изолятлар сонининг умумий изолятлар сонига нисбати асосида фоизда ҳисобланди.

ИҚТИБОС УЧУН
Мамарасулов Б.Д., Давранов Қ.Д. Ўзбекистоннинг қурғоқчил ҳудудлари тупроқларидан ажратилган бактерияларнинг 16S rRNA гени асосидаги таксономик таҳлили // Фундаментал ва амалий микробиологиянинг бугунги ҳолати ва ривожланиш истиқболлари: ёш олимлар нигоҳи: Республика илмий-амалий анжумани материаллари. – Тошкент, 2026. – Б. 397–399.
DOI: https://doi.org/10.66073/ReFocus-Conf/3010115

Натижалар

Қиёсий таҳлилда изолятлар таққослаш учун олинган кетма-кетликлар билан 99,24-100% ўхшашлик кўрсатди. Тақдим этилган идентификация маълумотларига кўра, 18 та изолят *Bacillus*, *Priestia*, *Peribacillus*, *Paenibacillus*, *Brevibacillus*, *Pseudomonas*, *Enterobacter*, *Burkholderia* ва *Stenotrophomonas* авлодларига мансуб бўлди. Энг катта улуш *Bacillus* авлодига тўғри келди: 7 та изолят, яъни 38,89%. *Pseudomonas* 3 та (16,67%), *Enterobacter* 2 та (11,11%) изолят билан ифодаланди. Қолган олтита авлоднинг ҳар бирига биттадан изолят (5,56%) тўғри келди. Навоий тупроқларидан ажратилган изолятлар *Bacillus vallismortis*, *Bacillus safensis*, *Bacillus sonorensis*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus subtilis* ва *Priestia megaterium* турларига яқинлиги билан тавсифланди. Уларнинг таққослаш учун олинган кетма-кетликларга ўхшашлиги 99,24-100% ни ташкил этди. Бухоро тупроқларидан ажратиб олинган изолятлар *Peribacillus frigoritolerans*, *Stenotrophomonas rhizophila*, *Burkholderia cepacia*, *Pseudomonas chlororaphis*, *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas fluorescens* ва *Paenibacillus polymyxa* турларига яқин бўлиб, ўхшашлик 99,60-100% оралиғида қайд этилди. Қашқадарё тупроқларидан ажратиб олинган изолятлар *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus mojavensis*, *Brevibacillus brevis*, *Enterobacter cloacae* ва *Enterobacter ludwigii* турларига 99,67-100% ўхшашлик кўрсатди. Таҳлил қилинган кетма-кетликлар учун манбада PZ575044.1-PZ575061.1 GenBank кириш рақамлари келтирилган. Ҳудудлар кесимида Навоий тупроқларидан ажратиб олинган изолятлар 2 та, Бухоро тупроқларидан ажратиб олинган изолятлар 5 та ва Қашқадарё тупроқларидан ажратиб олинган изолятлар 3 та авлодни қамраб олди. Бу кўрсаткичлар тадқиқотда танланган изолятлар тўпламини тавсифлайди.

Муҳокама

Bacillus авлодининг кўпроқ учраши ажратилган культуралар таркибида ушбу гуруҳнинг устунлигини кўрсатади. Бироқ культивация қилинган 18 та изолят бўйича олинган улушларни бутун тупроқ микробиомидаги нисбий миқдор сифатида талқин қилиш мумкин эмас [2]. Худди шунингдек, ҳудудлардан турли сонда изолят олинганлиги сабабли мазкур натижалар уларнинг умумий микроб хилма-хиллигини бевосита қиёслаш учун етарли эмас. 16S рРНК гени бўйича юқори ўхшашлик таксономик яқинликни кўрсатса-да, айниқса яқин турлар гуруҳларида якуний тур идентификациясини ҳар доим ҳам таъминламайди [1,3]. Шу боис тур номлари мазкур маркер асосидаги дастлабки идентификация сифатида талқин қилинди. Изолятларнинг қурғоқчиликка чидамлилиги, ўсимлик ўсишини рағбатлантириши ёки антагонистик фаоллиги ушбу таҳлилда бевосита баҳоланмаган, бу хусусиятлар кейинги тажрибаларда текширилиши лозим.

Хулоса

Ўзбекистоннинг уч вилояти қурғоқчил тупроқларидан ажратилган 18 та бактерия изоляти 9 та авлодга мансуб бўлиб, тўпламда *Bacillus* авлоди энг катта улушни (38,89%) ташкил этди. Олинган маълумотлар маҳаллий бактериялар коллекциясини молекуляр тавсифлаш ҳамда кейинги функционал ва геномик тадқиқотлар учун изолятларни танлашга асос бўлади.

Фойдаланилган адабиётлар

1. Janda J. M., Abbott S. L. 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification in the diagnostic laboratory: pluses, perils, and pitfalls. Journal of Clinical Microbiology. 2007;45(9):2761-2764. doi:10.1128/JCM.01228-07.
2. Dunbar J., Takala S., Barns S. M., Davis J. A., Kuske C. R. Levels of bacterial community diversity in four arid soils compared by cultivation and 16S rRNA gene cloning. Applied and Environmental Microbiology. 1999;65(4):1662-1669. doi:10.1128/AEM.65.4.1662-1669.1999.

3. Kim M., Oh H. S., Park S. C., Chun J. Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. 2014;64(2):346-351. doi:10.1099/ijs.0.059774-0.