Informatics in Biology, Health, and Food

Interdisciplinary Explorations in Life Science

Volume 2. Number 1. Jun. 2025 DOI: 10.22034/ibhf.2025.521438.1025

Original Article

Adaptation and Survival Mechanisms of *Bacteria* in Desert Ecosystems

Reyhaneh Shekari

Faculty of Biological Sciences, Department of Microbiology, Alzahra University, Tehran, Iran.

Received: 2025/05/05 **Accepted:** 2025/06/09 **Online Published:** 2025/06/11

Abstract

Deserts represent some of the most extreme environments on Earth, characterized by high temperatures, water scarcity, elevated salinity, and intense solar radiation. Nevertheless, bacteria have evolved complex mechanisms that enable them to survive and thrive under these harsh conditions. Iran, with over 32 million hectares of desert land, is considered one of the world's major arid ecosystems, providing an ideal setting for investigating the evolutionary adaptations of bacteria to severe climatic challenges. This review article analyzes the survival and adaptation strategies employed by bacteria in such environments. The study was conducted using a library-based methodology and systematic searches of reputable scientific databases with relevant keywords. Desiccation-resistant bacteria employ a various strategy, such as spore formation protected by dipicolinic acid and small, acid-soluble spore proteins (SASPs); entry into a viable but non-culturable (VBNC) state; regulation of antioxidant enzyme activities; secretion of protective osmolytes such as ectoine and trehalose; biofilm formation; and modification of cell membrane lipid composition. Moreover, species like *Deinococcus radiodurans* exhibit exceptional resistance to desiccation and ionizing radiation due to sophisticated DNA repair systems including extended synthesis-dependent strand annealing (ESDSA) and Rec family proteins. Investigating these complex survival mechanisms provides valuable insights into the evolutionary trajectories of microorganisms under extreme climatic stress. Potential applications include the development of drought-resistant crops and the engineering of microbial strains for industrial, agricultural, and medical purposes.

Keywords: Arid climate, Microorganism, Desert, Compatible solutes, Environment.

Cite this article: Shekari R. Adaptation and Survival Mechanisms of *Bacteria* in Desert Ecosystems. *Informatics in Biology, Health, and Food*. 2025;2(1):87-99.
Copyright©: The Authors. Published by Shandiz Institute of Higher Education
Corresponding author: Reyhaneh Shekari **Email**: reyhaneh.shekari96@gmail.com

انفورماتیک در زیست‌شناسی، بهداشت و غذا

کاوش‌های بین رشته‌ای در علوم زیستی

دوره ۲. شماره ۱. خرداد ۱۴۰۴ DOI: 10.22034/ibhf.2025.521438.1025

مقاله پژوهشی

مکانیسم‌های بقای باکتری‌ها در محیط‌های بیابانی

ریحانه شکاری

دانشکده علوم زیستی، گروه میکروبیولوژی، دانشگاه الزهرا (س)، تهران، ایران.

دریافت: ۱۴۰۴/۲/۱۵ **پذیرش:** ۱۴۰۴ /۳/۱۹ **انتشار آنلاین:** ۱۴۰۴/۳/۲۱

چکیده

بیابان‌ها از افراطی‌ترین محیط‌های کره زمین محسوب می‌شوند که دارای دمای شدید، کمبود آب، شوری بالا و تشعشعات شدید هستند. با این وجود، باکتری‌ها مکانیسم‌های پیچیده‌ای برای بقا و رشد در این شرایط تکامل داده‌اند. ایران با دارا بودن بیش از ۳۲ میلیون هکتار اراضی بیابانی، یکی از زیست‌بوم‌های خشک مهم جهان به شمار می‌رود و بستری مناسب برای بررسی سازگاری‌های تکاملی باکتری‌ها در مواجهه با شرایط جوی سخت فراهم می‌آورد. این مقاله مروری به تحلیل مکانیسم‌های بقا و سازگاری باکتری‌ها در چنین محیط‌هایی می‌پردازد. این مطالعه به روش کتابخانه‌ای از طریق جستجو در پایگاه‌های داده‌ای معتبر با کلیدواژه‌های مربوطه انجام گردید. باکتری‌های مقاوم به خشکی از راهکارهای گوناگونی همچون تشکیل اسپور با محافظت دی‌پیکولینیک اسید و پروتئین‌های کوچک محلول در اسید اسپور ، ورود به حالت غیرقابل کشت ، تنظیم فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی، ترشح اسمولیت‌های محافظ مانند اکتوئین و ترهالوز، تولید بیوفیلم و تغییر در ترکیب لیپیدهای غشای سلولی بهره می‌برند. همچنین، گونه‌هایی نظیر *دینوکوکوس رادیودورانس* با برخورداری از سامانه‌های پیشرفته ترمیم *DNA* نظیر تکثیر وابسته به سنتز گسترده و پروتئین‌های خانواده *Rec*، مقاومت خاصی در برابر خشکی و تابش‌های یونیزه‌کننده نشان می‌دهند. بررسی این سازوکارهای پیچیده بقا به محققان امکان می‌دهد تا درک عمیق‌تری از سیر تکاملی میکروارگانیسم‌ها در شرایط تنش شدید آب‌وهوایی کسب کنند. این مطالعه همچنین زمینه‌ساز کاربردهای نوین زیست‌فناورانه خواهد بود؛ از تولید محصولات کشاورزی مقاوم به خشکی تا طراحی سویه‌های میکروبی برای مصارف صنعتی و پزشکی.

کلمات کلیدی: اقلیم خشک، میکروارگانیسم، بیابان، محلول‌های سازگاری، محیط زیست.

Cite this article: Shekari R. Adaptation and Survival Mechanisms of *Bacteria* in Desert Ecosystems. *Informatics in Biology, Health, and Food*. 2025;2(1):87-99.

Copyright©: The Authors. Published by Shandiz Institute of Higher Education

Corresponding author: Reyhaneh Shekari **Email**: reyhaneh.shekari96@gmail.com

مقدمه

ایران با مساحتی حدود ۱/۶ میلیون کیلومتر مربع، یکی از کشورهای خشک و نیمه‌خشک جهان محسوب می‌شود که بیش از ۲۵ درصد از مساحت آن معادل حدود ۴۰۰ هزار کیلومتر مربع را بیابان‌ها و مناطق خشک تشکیل می‌دهند مهم‌ترین بیابان‌های ایران شامل دشت لوت که با دمای نزدیک به ۸۰ درجه سانتی‌گراد، یکی از گرم‌ترین نقاط زمین شناخته می‌شود، دشت کویر، و مناطق خشک استان‌هایی مانند یزد، کرمان و سمنان هستند. این مناطق با بارندگی سالانه کمتر از ۱۰۰ میلی‌متر، شرایطی سخت برای حیات فراهم می‌کنند، اما در عین حال، میزبان اکوسیستم‌های منحصربه‌فرد و گونه‌های مقاوم گیاهی و میکروبی هستند. مطالعات نشان می‌دهند که بررسی این بیابان‌ها نه تنها برای درک سازوکارهای بقا در محیط‌های افراطی اهمیت دارد، بلکه می‌تواند در مدیریت بحران آب و بیابان‌زدایی نیز کاربرد داشته باشد (۱).

محیط‌های اکستریم با توجه به خود انسان سنجیده می‌شود و در واقع به شرایطی گفته می‌شود که انسان در آن شرایط قادر به حیات نمی‌باشد. شوری بیش از حد، خشکی، تشعشعات، محیط‌های اسیدی و قلیایی نمونه‌ای از محیط‌های افراطی می‌باشند. باکتری‌ها ۳/۲ تا ۳/۵ میلیارد سال قبل از پرکامبرین از اولین موجوداتی مانند آرکی‌ها و یوکاریوت‌ها واگرا شدند. این مورد از طریق تعیین توالی و بازسازی فیلوژنی آنها کشف شد. علاوه بر آن شواهد میکروفسیل‌های یافت شده از پروکاریوت‌های اولیه در سنگ‌های Apex Chert در استرالیا نشان داده که قدمت این موجودات به ۳/۵ میلیارد سال یعنی پرکامبرین برمی‌گردد (۲) . ارگانیسم شناسایی شده، در فسیل وابسته به شاخه *ترموتوگا*[1] بود که از اجداد باکتری‌های مدرن امروزی محسوب می‌شود. از طرفی تجزیه و تحلیل ایزوتوپیک و شیمیایی سنگ‌ها نشان داده که تقریبا ۲/۴ میلیارد سال قبل اکسیژن ظاهر شده است. این موضوع نشان می‌دهد که که سیانوباکتری‌های موجود در اقیانوس در این دوره تکامل یافته‌اند زیرا آنها اولین ارگانیسم‌های بودند که اکسیژن تولید می‌کنند. این موضوع نشان می‌دهد که ۲/۵ میلیارد سال قبل این موجودات غالب بودند.

باکتری‌ها مانند سایر موجودات تکامل پیدا می‌کنند و این فرایند از طریق انتخاب طبیعی صورت می‌گیرد. باکتری‌ها با تقسیم دوتایی تولید مثل می‌کنند و این باعث می‌شود که تحت تاثیر فشارهای محیطی قرار بگیرند بنابراین دائما در حال سازگاری هستند چون زمان تولید مثل کوتاهی دارند و این سازگاری را آسان‌تر می‌کند (۳).

راسته‌ی *ترموتوگالس*[2] یک ارگانیسم گرمادوست، گرم منفی و بی هوازی می‌باشد و در نزدیک دریچه‌های گرم زندگی می‌کنند. دما در این دریچه‌های گرمایی بین ۵۵ تا ۹۵ درجه سانتی‌گراد می‌باشد. شواهد نشان داده که این ارگانیسم‌ها اولین اشکال حیات هستند این موجودات در Apex Chert استرالیا در نزدیکی دریچه‌های گرمایی باستانی کشف شدند. قدمت این سنگ‌ها ۳/۴۶ میلیارد سال می‌باشد و به نظر می‌رسد این فسیل‌ها مربوط به باکتری‌های ترموفیلیک است. دلیل این امر عدم نیاز به اکسیژن در این باکتری می‌باشد که در جو اولیه زمین وجود نداشت. برخی از گونه‌های این شاخه مانند *ترموتوگا ناپولیتانا*[3] هنوز هم در نزدیکی دریچه‌های گرم زندگی می‌کنند و دانشمندان آن را شواهد زنده‌ای برای این نظریه می‌دانند. شواهد دیگری نیز نشان داده که قدمت ترموتوگالس بر اساس شواهد فیلوژنیک و تعیین توالی ۳/۲ تا ۳/۴ میلیارد سال می‌باشد. اولین واگرایی در راسته *ترموتوگالس* بین *ترموتوگاسه*[4] و *فرویدوباکتریاسه*[5] است. طبق مطالعات یک تبار از میکروارگانیسم‌ها در اواسط دوره آرکئن[6] در خشکی تکامل پیدا کردند. این تبارکه *تِراباکتریا*[7] نامیده شد که شامل حدود دو سوم از پروکاریوت‌های شناخته‌شده است که از جمله آن‌ها می‌توان به شاخه‌های *اکتینوباکترها*[8] ، *کلروفلکسی*[9] ، *سیانوباکترها*[10] و *فیرمیکوت‌ها*[11] اشاره کرد. مطالعات گسترده نشان داده که اعضای *تِراباکتریا* / دارای طیف گسترده‌ای از سازگاری در محیط‌های اکستریم هستند. این محیط‌های اکستریم شامل خشکی شدید، شوری و تشعشع فراوان می‌باشد (۴-۶).

آب برای حیات ضروری است، به‌طوری‌که حتی کمترین مقدار آن ممکن است برای بقای میکروارگانیسم‌ها تا زمانی که شرایط محیطی پایدار است، کافی باشد. شاخص اصلی خشکی یا کویر (AI)[12] به‌صورت نسبت میانگین سالانه بارندگی به میانگین سالانه

[1] *Thermotogae*
[2] *Thermotogales*
[3] *Thermotoga neapolitana*
[4] *Thermotogaceae*
[5] *Fervidobacteriaceae*
[6] Arcaean
[7] *Terrabacteria*
[8] *Actinobacteria*
[9] *Chloroflexi*
[10] *Cyanobacteria*
[11] *Firmicutes*
[12] Aridity index

تبخیر تعریف می‌شود. مناطق خشک با AI کمتر از ۰/۲۰ حدود ۳۶/۲ میلیون کیلومتر مربع از زمین را در برمی‌گیرد. با این حال نواحی بسیار خشک با AI حدود ۰/۰۵ نیز شناخته شده که سالانه کمتر از ۲۵ میلی‌متر بارندگی دارند و مناطقی به وسعت ۱۰ میلیون کیلومتر مربع را اشغال می‌کند و ۷/۵ درصد سیاره زمین را شامل می‌شود. البته مناطقی از قطب شمال و جنوب نیز ممکن است در دسته خشک و یا بسیار خشک طبقه‌بندی شوند. از بیابان‌های خشک می‌توان به کویر آتاکاما در شمال شیلی و بیابان Negev در فلسطین اشاره کرد (۷).

آب برای همه موجودات زنده از جمله برای بسیاری از فرایندهای زیستی، شامل تاخوردگی پروتئین‌ها و ثبات آنها، تعامل سوبسترا/آنزیم و نگهداری ساختار سلول ضروری است؛ بنابراین قرار گرفتن در شرایط خشک می‌تواند مانع عملکرد و بقای سلول‌ها شود. میکروارگانیسم‌هایی که در کویرها و بیابان‌ها زندگی می‌کنند روش‌های پیچیده‌ای برای زنده ماندن دارند. بسیاری از باکتری‌ها در فعالیت آبی (a_w)[1] کمتر از ۰/۹۱ نمی‌توانند به طور فعال تقسیم شوند. این عدد برای قارچ‌ها کمتر از ۰/۷ است، در محیط‌های افراطی باکتری‌هایی وجود دارند که قادر به فعالیت در آب کمتر از این مقدار هم می‌باشد. موجوداتی که در شرایط خشک قابلیت زنده ماندن را دارند خشکی‌دوست[2] نامیده می‌شوند. Xero در یونانی به معنای خشک می‌باشد. با این حال به طور دقیق عملاً زروفیل‌های اجباری وجود ندارد و بیشتر تحمل کننده‌های خشکی[3] هستند. مناطقی از زمین که ارگانیسم‌های تحمل کننده‌های خشکی قادر به حیات هستند ۱۰ درصد کره زمین را شامل می‌شود. میکروارگانیسم‌های تحمل کننده‌های خشکی فقط محدود به بیابان‌ها نبوده و در محیط‌های با غلظت بالای نمک، قادر به زندگی هستند، در این محیط‌ها غلظت نمک باعث کاهش آب، در دسترس می‌شود. بنابراین در میکروبیولوژی غذایی و پزشکی نیز ممکن است با محیط‌های افراطی مواجه شویم، جایی که نمک زیاد باعث کاهش فعالیت آبی (a_w) می‌شود. پیشرفت‌های اخیر در فناوری توالی‌یابی و متاژنومیک به ما این امکان را داده تا تنوع میکروبی در محیط‌های افراطی شناخته شود. به‌عنوان‌مثال بررسی متاژنومیک در بیابان‌های خشک مانند آتاکاما و کویرهای قطب جنوب تنوع بالایی از باکتری‌های تحمل کننده‌های خشکی و مزوفیل را شناسایی کرد. بسیاری از این باکتری‌ها در نیچ‌های خاصی مانند شکاف‌ها و ترک‌های صخره‌ها یافت شده است که احتمالاً از مه و یا شبنم برای هیدراته شدن استفاده، و عملکرد هتروترفیک و اتوترفیک را انجام می‌دهد. هدف ازاین مقاله مروری، بررسی و تحلیل مکانیزم‌های تکاملی و سازگاری‌های فیزیولوژیکی، مولکولی و ژنتیکی باکتری‌ها برای بقا در محیط‌های خشک و بدون آب است (۸).

روش مطالعه

این مطالعه به روش کتابخانه‌ای انجام شده و اطلاعات مورد نیاز از طریق جستجو در پایگاه‌های داده‌ای معتبر از جمله Scopus، Google Scholar و ScienceDirect گردآوری شده است. برای این منظور، از واژه‌های کلیدی مانند محیط‌های خشک، مکانیسم بقا در محیط اکستریم و میکروارگانیسم‌ها در خشکی استفاده شده است.

سازگاری‌های فیزیولوژیک با عوامل استرس‌زای بیابان

مقاومت در برابر خشکی

اسپور در باکتری‌ها یک پاسخ متداول برای بسیاری از استرس‌ها مانند کمبود آب، می‌باشد. باکتری‌ها با تشکیل اسپور وارد فاز خفتگی می‌شوند. در این ساختارها متابولیسم باکتری کاهش پیدا می‌کند و این شرایط برگشت‌پذیر است و با بهبود شرایط دوباره، به حالت فعال درمی‌آید. در برخی از گونه‌های که در خاک و گوشت وجود دارد. مانند گونه‌هایی از *کلستریدیوم*[4] و *باسیلوس*[5]، خفتگی شامل تمایز به اسپورهای بسیار مقاوم می‌باشد و این اسپورها برای مدت طولانی به تابش اشعه ماورای‌بنفش، درجه حرارت بالا و پایین و مواد شیمیایی مقاوم است. اگرچه مکانیسم مقاومت اسپور به تنش خشکی هنوز ناشناخته است، ولی در تحمل اسپور به خشکی دیپیکولینیک اسید و پروتئین‌های کوچک محلول اسیدی (SASPs)[6] نوع بتا یا نوع آلفا مشارکت دارد و به نظر می‌رسد از DNA در برابر آسیب اکسیداتیو محافظت می‌کند. برخی از سیانوباکتری‌های که در محیط‌های خشک حضور دارند مخصوصاً *نستوکالس*[7] و *استیگونماتالس*[8] می‌توانند در شرایط کمبود مواد غذایی و خشکی به ساختارهای اسپور مانند

[1] Water Activity
[2] Xerophiles
[3] Xerotolerant
[4] *Clostridium*
[5] *Bacillus*
[6] Small, acid-soluble spore proteins
[7] *Nostocales*
[8] *Stigonematales*

آکینت[1] تبدیل شوند. کمتر بودن میزان آب در سیتوپلاسم آکینت همراه با تجمع مقدار زیادی سیانوفین و گلیکوژن است که می‌تواند در تحمل خشکی سیانوباکتری‌ها نقش داشته باشد. آکینت ها در *آنابائنا سیلندریکال*[2] بعد از ۵ سال در یک محیط تاریک و خشک فعال بوده است. تولید اسپورهای باکتریایی (اندوسپور در فیرمیکوت‌ها[3] ، اگزوسپور در *اکتینوباکترها*[4]) و آکینت‌ها در سیانوباکتری‌ها وسیع‌ترین مکانیسمی است که باکتری‌ها برای تشکیل آن در شرایط خشکی تکامل یافته‌اند. نمونه‌های دیگر تمایز باکتری‌ها تولید کیست‌هایی در *ازتوباکتر*[5] و کیست میکسوسپور در *میکروکوکوس*[6] می‌باشد (۹). یکی دیگر از اشکال خفتگی برای باکتری‌های که اسپور تشکیل نمی‌دهند، تبدیل شدن به سلول‌های زنده ولی غیر قابل کشت (VBNC)[7] است. همچنین مطالعات متعددی وجود ریزوبیا[8] در بیابان‌ها، به ویژه گونه‌های که قادر به تشکیل ندول‌هایی در لگوم‌ها و درخت اقاقیا است، تأیید کرده است (۱۰).

غشای سلول، سدی نفوذپذیر بین فضای داخل سلول و محیط خارجی می‌باشد. غشای سلولی باکتری‌ها شدیداً تحت تأثیر میزان آب خارج سلولی می‌باشد. باکتری‌هایی که در معرض نوسان‌های شدید آب هستند ترکیبات فسفولیپید و اسیدهای چرب دیواره را تغییر می‌دهند. این تغییر شامل افزایش تبدیل نسبت اسیدهای چرب اشباع به غیر اشباع، ترانس- مونو- غیراشباع به سیس- مونو- غیراشباع و تبدیل اسیدهای چرب مونوئیونیک به اسیدهای چرب سیکلوپروپان می‌باشد. افزایش نسبت اسیدهای چرب که اتصال لیپیدی محکمی دارد غشا را در یک فاز کریستالی مایع در حین خشک شدن محافظت می‌کند. افزایش اسیدهای چرب سیکلوپروپان باعث کاهش نفوذپذیری غشا به پروتون‌ها شده و pH را در داخل سلول متعادل می‌کند که برای ثبات و فعالیت بسیاری از پروتئین‌های داخل سلولی مهم است. در*سالمونلا انتریکا*[9] ژن بیوسنتز لیپید A، پالمیتیل آسیلیل ترانسفراز، باعث تغییر لورات به پالمیتولات در لیپید A شده و باعث افزایش سیالیت غشای خارجی می‌شود. باکتری‌های تحمل‌کننده خشکی به‌وسیله افزایش درصد فسفولیپیدها با بار منفی مانند فسفاتیدیل گلیسرول، کاردیولیپین و فسفاتیدیل اتانول آمین باعث می‌شوند که سازگاری به کم آبی و حفظ تمامیت غشای دولایه حفظ شود. افزایش فسفولیپیدهای آنیونی بر روی پروتئین‌های احساس کننده اسمزی غشایی تأثیر می‌گذارد که در تجمع اسمولیت‌ها نقش دارد. در برخی از میکروارگانیسم‌ها تولید رنگدانه بر تحمل خشکی نقش دارد. به عنوان مثال جهش ژن‌های کارتینوئیدی در*کرونوباکتر ساکازاکی*[10] باعث کاهش مقاومت این باکتری در خشکی شده است. احتمالاً این رنگدانه‌ها با استرس اکسیداتیو مقابله کرده و فعالیت رادیکال‌های اکسیژن را کمتر می‌کند (۱۱-۱۳).

مقاومت در برابر تشعشعات

در محیط‌های خشک چالش دیگر، وجود تشعشعات است. به عنوان مثال هیچ تمایزی در *دینوکوکوس*[11] انجام نمی‌گیرد؛ ولی این میکروارگانیسم توانایی زیادی برای ترمیم آسیب‌های DNA دارد. این مکانیسم تحمل به خشکی، با تحمل به اشعه گاما مرتبط می‌باشد. *دینوکوکوس* به علت مقاومت در برابر اشعه گاما و اشعه ماورای‌بنفش و خشکی شدید و سایر شرایط استرسی مشهور است که لازمه این امر ترکیب چندین مکانیسم می‌باشد. از جمله محافظت از اکسیداسیون پروتئین‌ها، ساختار نوکلئوتیدی مجتمع و یک پاسخ استرسی که آسیب‌های DNA را ترمیم می‌کند. این آسیب شامل صدها شکست دو رشته‌ای DNA می‌باشد. منابع تشعشعات یونیزه کننده در زمین بسیار پایین‌تر از آستانه تحمل *دینوکوکوس* می‌باشد. پیشنهاد می‌شود که تحمل به تشعشعات به دنبال تحمل و سازگاری در محیط‌های خشک با اشعه پایین می‌باشد. چندین سویه *دینوکوکوس* که تحمل به تشعشعات دارند از بیابان‌ها جداسازی شدند. همولوگ پروتئین‌های تحمل خشکی در گیاهان، در برخی از گونه‌های *دینوکوکوس* مانند *دینوکوکوس دیزرتی*[12] تایید شده است. غیر فعال کردن پروتئین‌های تحمل خشکی در *دینوکوکوس رادیودورانس*[13] آنها را به خشکی حساس می‌کند؛ ولی تأثیری در تحمل تشعشعات ندارد. در شرایط آزمایشگاهی عصاره یکی از گونه‌های *دینوکوکوس* تحت‌تأثیر تشعشع قرارگرفت، نتایج نشان داد که پروتئین‌ها در برابر اکسیداسیون مقاوم هستند. در مقایسه، عصاره

[1] Akinetes
[2] *Anabaena cylindrical*
[3] *Firmicutes*
[4] *Actinobacteria*
[5] *Azotobacte*r
[6] *Micrococcus*
[7] Viable but non-culturable
[8] Rhizobia
[9] *Salmonella enterica*
[10] *Cronobacter sakazakii*
[11] *Deinococcus*
[12] *Deinococcus deserti*
[13] *Deinococcus radiodurans*

سلولی *اشرشیا کلی*[1] حساس به تشعشعات بود. مطالعه بیشتر مشخص کرد که عصاره سلولی *دینوکوکوس رادیودورانس* غنی از منگنز و فسفات است.

دینوکوکوس رادیودورانس بازسازی ژنوم را از طریق مکانیسم (ESDSA)[2] و نوترکیبی همولوگ انجام می‌دهد. این مکانیسم ترمیم DNA توسط پروتئین‌های همولوگ در باکتری‌های حساس به تشعشع مانند پروتئین‌های RecA و RecFOR صورت می‌گیرد؛ ولی به نظر می‌رسد در باکتری *دینوکوکوس* پروتئین‌های دیگری هم درگیر هستند. ویژگی تحمل به خشکی و تشعشعات در *دینوکوکوس* و دیگر گونه‌ها به دلیل وجود محافظت اکسیداتیو پروتئین‌ها است که شامل آمینواسیدها و پپتیدهای کوچک می‌باشد. این افزایش به‌ویژه در میزان پپتیدهای کوچک که ممکن است به علت پروتئاز داخل سلولی باشد، خاصیت ویژه‌ای در محافظت پروتئین دارد. در بین گونه‌های *دینوکوکوس* توالی ژنوم *دینوکوکوس رادیودورانس* و *دینوکوکوس ژئوترمالیس*[3] انجام شده است. توالی ژنوم و آنالیز پروتئین*دینوکوکوس دیزرتی* VCD115 چندین ژن درگیر در ورود مواد غذایی و منگنز، همچنین ژن‌هایی برای ترمیم DNA و دو ژن اضافی *recA* و سه ژن پلیمرازهای DNA ترانسلشن[4] شناسایی شد که در ترمیم نوترکیبی DNA نقش زیادی دارد. این آنزیم‌ها تخصصی هستند که سلول‌ها را قادر می‌سازند تا در طول همانندسازی DNA، از آسیب یا ضایعات DNA عبور کنند. با این حال فقط یک RecA اجازه القا دو پلیمرازهای DNA ترانسلشن را می‌دهد که در برگرداندن جهش‌های DNA در اثر اشعه ماورای‌بنفش دخیل است. ژن‌های دخیل در وارد کردن مکمل‌های غذایی و ژن‌های ترمیم کننده، نقش مهمی در سازگاری *دینوکوکوس دیزرتی* در محیط بیابان دارد. مطالعات ترانس کریپتومیکس نشان داده که بیان ژن‌های زیادی، از جمله ترمیم DNA و ژن‌های غیرمعمول، پس از قرارگیری *دینوکوکوس* در معرض تشعشع یا خشکی القا می‌شود. پروتئین IrrE برای القای بسیاری از این ژن‌ها و همچنین تحمل تابش اشعه ضروری است که نشان‌دهنده اهمیت این ژن در پاسخ استرس می‌باشد. اخیراً نشان داده شده است که IrrE یک متالوپروتاز است که پروتئین سرکوبگر رونویسی به نام DdrO را هنگام قرار گرفتن در معرض استرس، غیرفعال می‌کند و این امکان را برای القا سریع ترمیم DNA و سایر ژن‌های مورد نیاز برای بقا فراهم می‌کند. این مکانیسم پاسخ در *دینوکوکوس* بسیار محافظت شده است. تجزیه و تحلیل رونویسی مبتنی بر توالی RNA از *دینوکوکوس دیزرتی* نشان داد که درصد بالایی (۶۰٪) از RNAهای پیام‌رسان شناسایی شده بدون توالی رهبر هستند (یعنی فاقد یک منطقه ′۵ یا شاین دالگارنو)، داده‌های پروتئوم نشان داد که چنین mRNAهایی بدون توالی رهبر به طور مؤثر در *دینوکوکوس دیزرتی* ترجمه می‌شوند. علاوه بر این، بسیاری از رونوشت‌های mRNAهای بدون توالی رهبر شناسایی شدند که پپتیدهای کوچک را رمزگذاری می‌کنند، این موارد توضیح جدیدی را برای تولید، استخر سلولی پپتیدهای کوچک مهم برای محافظت از پروتئین‌ها در برابر اکسیداسیون و در نتیجه برای تحمل تابش تشعشع و خشک‌شدن و سازگاری با محیط‌های افراطی فراهم می‌کند (۱۴،۱۵).

تحمل شوری با تولید سیدروفور و اسمولیت‌ها

پلی‌اتیلن گلیکول به‌عنوان ابزاری غیرسمی برای شبیه‌سازی تنش خشکی در محیط‌های کشت باکتریایی مورد استفاده قرارمی‌گیرد. پلی‌اتیلن گلیکول، همانند خشکی یا شوری، سبب ایجاد عدم تعادل در وضعیت آبی سلول و در نتیجه افزایش تولید گونه‌های فعال اکسیژن (ROS) می‌شود که می‌تواند منجر به آسیب اجزای سلولی نظیر پروتئین‌ها، لیپیدها و اسیدهای نوکلئیک گردد. در این راستا پژوهشی انجا گرفت، باکتری‌های مقاوم به پلی‌اتیلن گلیکول نشان دادند که دارای ظرفیت بالاتری برای مقابله با اثرات ROS هستند، زیرا این سویه‌ها به‌طور معنی‌داری توانایی بیشتری در تولید سیدروفور داشتند؛ ترکیباتی که به جذب آهن کمک می‌کنند و نقش مهمی در ساخت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدانی مانند کاتالاز و سوپراکسید دیسموتاز دارند. این آنزیم‌ها مستقیماً در حذف ROS نقش دارند و از آسیب‌های اکسیداتیو جلوگیری می‌کنند (۱۶).

در شرایط خشک تجمع داخلی مولکول‌ها و املاح کوچک تعادل اسمزی را برقرار کرده و عملکرد پروتئین را در فعالیت کم آب، امکان‌پذیر می‌کند. این محلول‌ها باعث تحمل سلول به شرایط خشکی می‌شود. هالوفیل‌ها از استراتژی وارد کردن یون‌های غیرآلی به داخل سلول استفاده می‌کنند تا داخل سلول با فشار اسمزی بیرون مشابه باشد. باکتری‌های خشکی دوست از یک فرایند دوفازی خارج کردن املاح استفاده می‌کنند. در ابتدا آنها املاح باردار مانند پتاسیم و گلوتامات را در پاسخ به استرس اسمزی در داخل خود جمع می‌کنند پس از آن املاح باردار با

[1] *Escherichia coli*
[2] Extended synthesis-dependent strand annealing
[3] *Deinococcus geotermalis*
[4] Translesion DNA polymeras

املاح آلی خنثی جایگزین می‌شوند که سازگاری زیادی با واکنش‌های زیستی دارد و این امر باعث تعادل اسمزی به مدت طولانی و محدود کردن دناتوره‌شدن پروتئین‌ها و سایر ماکرومولکول‌ها می‌شود. محلول‌های سازگاری مانند ترهالوز، گلیسین و بتائین بخشی از استراتژی‌های تطبیقی بسیاری از میکروارگانیسم‌های افراطی می‌باشد. این ترکیبات با وزن مولکولی کم یا از محیط کسب شده و یا سنتز می‌شوند. این مواد اختلال غشا را در شرایط خشک حذف می‌کنند و باعث کاهش سیالیت داخل سلولی در طول خشک شدن می‌شود. خاصیتی که توسط مونوساکاریدهای لایه EPS نیز صورت می‌گیرد. باکتری‌ها از طیف وسیعی از محلول‌های مانند کربوهیدرات‌ها (ترهالوز، ساکاروز)، اسیدهای آمینه و مشتقات آن (پرولین، اکتوئین، گلیسین، بتائین) استفاده می‌کنند. ترهالوز، اکتوئین و پرولین به صورت de novo سنتز می‌شود و به همین دلیل در باکتری‌های خشکی دوست متداول‌تر است (۱۱،۹).

برادی‌ریزوبیوم ژاپونیکوم[1] و *سالمونلا انتریکا*[2] سه آنزیم مجزا برای بیوسنتز ترهالوز شامل ترهالوز سینتاز، مالتولیگوساکاریل ترهالوز سینتاز و ترهالوز ۶ فسفات سینتاز دارد، رونویسی این ژن‌ها در شرایط خشکی تنظیم می‌شود. مسیرهای بیوسنتزی برای ترهالوز و ۲-سولفوترهالوز به طور گسترده‌ای در بین اعضای هالوباکتریال‌ها[3] که در زیستگاه‌های اشباع شده از نمک حضور دارد، شناسایی شده است. در اکتینومایست *رودوکوکوس جوستی*RHA1[4] که به فراوانی در خاک یافت می شود، ژن‌های بیوسنتز اکتوئین مانند *ectA* و *ectC* در تنش خشکی نقش دارند. سیانوباکتری نمک دوست *آفانوتک هالوفیتیکا*[5] از گلیسین و بتائین به عنوان محلول سازگاری غالب برای تحمل نمک استفاده می‌کند. در این سیانوباکتری ساکاروز، ترهالوز و آمینواسید پرولین در غلظت پایین‌تر تجمع می‌یابند و گلیسین بتائین بیشتر از آنکه سنتز بشود از محیط گرفته می‌شود. در بسیاری از باکتری‌ها تنها راه افزایش محلول‌های سازگاری دریافت این ترکیبات از محیط است. مطالعات پروتئومیکس و ترنسکریپتومیکس نشان داده تنظیمات حمل و نقل محلول سازگاری مانند گلیسین بتائین/کولین توسط ژن opuC رمزگذاری می‌شود. سیستم جذب گلیسین بتائین/پرولین proU، ProV، ProW یا ProX می‌باشد. حمل‌کننده‌های گلوتامات و پورین‌های غشای خارجی نیز در پاسخ به خشکی نقش دارند. مطالعات متاژنومیک برای مطالعه عملکرد محلول‌های سازگاری در محیط‌های خشک اهمیت زیادی دارد. دو مطالعه متاژنومیک بر روی کلنی‌های رشد یافته در صخره‌های قطب جنوب نشان داد که حاوی ژن‌هایی سیمپورتر *opuE* و *proU* گلیسین بتائین/ پرولین و ABC ترانسپورترها به فراوانی در شاخه اکتینوباکترها[6] و*پروتئوباکترها*[7] وجود داشته است. مطالعه مشابه دیگری انجام شده و حضور ژن‌های مسیر سنتز ترهالوز مانند *ostA* و *ostB* در باکتری‌های افراطی، بیابان‌های خشک و سرد شناسایی شده است (۹،۱۲). مکانیسم سازگاری *ریزوبیوها*[8] با شرایط خشکی تولید محلول‌های سازگاری محافظت اسمزی مانند، گلیسین، بتائین، ساکاروز و اکتوئین می‌باشد. اخیرا مشخص شده که ترهالوز و مونوساکاروز در تحمل به خشکی *ریزوبیوها* نقش دارد. مطالعات نشان داده که *سیانوباکتری اوسسیلاتوریا*[9] در پاسخ به رطوبت به سطح زمین و در پاسخ به خشکی به مناطق عمیق خاک مهاجرت می‌کند. این حرکت در واقع می توانند دلیلی برای زندگی این سیانوباکتری در مناطق کویری باشد. یک بررسی با روش‌های وابسته به کشت و مستقل از کشت، در مورد تنوع پوشش سیانوباکتری در بیابان کلرادو نشان داد یک گروه جدید به نام *گزنوما*[10] ارتباط نزدیکی با *سیانوباکتری‌های فورمیدیوم*[11] داشتند (۱۰).

راهبردهای متابولیک برای کسب انرژی و منابع

محیط‌های خشک، بار متابولیکی زیادی برای رشد سلول اعمال می‌کند. برای مقابله با تغییرات شار متابولیکی و جبران انرژی، باکتری‌ها مسیرهای مختلف و متفاوتی را ایجاد می‌کنند که به طور معمول منجر به تغییر از متابولیسم آنابولیک به کاتابولیک است.

[1] *Bradyrhizobium japonicum*
[2] *Salmonella enterica*
[3] *Halobacteriales*
[4] *Rhodococcus jostii*
[5] *Aphanothece halophytica*
[6] *Actinobacteria*
[7] *Proteobacteria*
[8] *Rhizobia*
[9] *Oscillatoria*
[10] *Xeronema*
[11] *Phormidium*

جدول ۱. مکانیسم‌های مقابله با تنش‌های بیابان و راهکار میکروارگانیسم‌ها.

Table 1. Mechanisms for coping with desert stresses and the solution of microorganisms.

مکانیسم	توضیحات
مقاومت در برابر خشکی	تشکیل ساختارهای مقاوم (کیست)، تغییر در دیواره سلولی
مقاومت در برابر تشعشع	ترمیم آسیب‌های DNA و وجود پروتئین‌های غنی از فسفات و منگنز
تحمل شوری و استرس اسمزی	تولید سیدروفر، تولید اسمولیت ها
تغییر در راهبردهای متابولیک	تغییر متابولیسم از آنابولیک به کاتابولیک، تولید پروتئین‌های آب‌دوست اطراف سلول
تشکیل بیوفیلم	تولید اگزوپلی‌ساکارید متراکم، تولید پروتئین‌های WspA در سلول‌ها

به‌طوری‌که فتوسنتز و تثبیت دی‌اکسیدکربن در *آنابائنا* PCC7120. در پاسخ به خشکی کاهش می‌یابد همچنین با تولید گونه‌های فعال اکسیژن، سلول را از استرس اکسیداتیو محافظت می‌کند. برای تولید انرژی بیشتر مسیرهایی که در تنفس هوازی نقش دارند، گلیکولیز، تری کربوکسیلیک اسید، گلی اکسیلات شانت و فسفریلاسیون اکسیداتیو به طور کلی در سلول‌های خشکی وجود دارد. بیان آنزیم‌های تخمیری و مسیرهای اکسیداتیو پنتوز فسفات در *کرونوباکتر ساکازاکی* و *برادی‌ریزوبیوم ژاپونیکوم* در شرایط خشکی القا می‌شود. همچنین ژن‌های دخیل در کاتابولیسم چربی‌ها نیز القا می‌شود. *سالمونلا انتریکا* در شرایط خشک، ژن *fadA* بیان بیشتری دارد که ketoacyl-CoA thiolase را کد می‌کند، این آنزیم در تخریب اسیدهای چرب بلند زنجیر دخیل می‌باشد و آنها را به چرخه تری کربوکسیلیک اسید منتقل می‌کند. مسیرهای TreBCR و TreA–TreF که در انتقال ترهالوز به داخل سلول باکتریایی و تبدیل آن به گلوکز نقش دارد در سلول‌های *سالمونلا انتریکا* بیان بیشتری دارد. تعادل بین کاتابولیسم و آنابولیسم پیچیده است به عنوان مثال اکسیداسیون اسیدهای چرب ATP بیشتری نسبت به گلوکز دارد؛ بنابراین در شرایط خشکی گلوکز با هدف سنتز ترهالوز تغییر داده می‌شود و اکسیداسیون اسید چرب به یک منبع جایگزین بسیار کارآمد برای سلول تبدیل می‌شود .

پنتی باکتر X141 [1] که از خاک بیابان جدا شده است. پروتئین‌هایی کد می‌کند که از منابع کربن گسترده‌ای استفاده می‌کند. آنزیم‌های کلیدی برای تثبیت دی اکسید کربن در گونه‌های *پنتی باکتر* خشکی‌دوست جود دارد که در غیر خشکی‌دوست‌ها دیده نشده است. بسیاری از فرایندهای مصرف انرژی مانند حرکت فلاژل، و شیموتاکسی در شرایط خشکی کمتر انجام می‌گیرد. جهش‌یافته‌های *لیستریا منوسایتوژنز* [2] که حرکت فلاژل ندارند نسبت به تیپ وحشی به شرایط خشکی مقاوم‌تر هستند (۱۷،۹،۳).

سازگاری‌های مولکولی فراوانی جنین‌زایی دیررس (LEA) [3] پروتئین‌هایی که در مراحل پایانی بلوغ و شرایط استرس آبی در گیاهان وجود دارد در برخی از میکروارگانیسم‌ها مانند *اشرشیا کلی* و *ساکارومیسس سرویزیه* [4] نیز یافت می‌شود. از بین شش خانواده پروتئین LEA که تاکنون تعریف شده است. سه خانواده پروتئینی و یا همولوگ آنها در میکروارگانیسم‌ها شناسایی شده است که به خوبی با شرایط خشکی سازگار شدند. این پروتئین در بقا *دینوکوکوس رادیودورانس* [5] و *هموفیلوس آنفلوانزا* [6] نقش مهمی ایفا می‌کنند. به عنوان مثال *دینوکوکوس رادیودورانس* جهش یافته فاقد پروتئین‌های LEA نسبت به خشکی حساس‌تر از نوع وحشی می‌باشد. همه شش خانواده پروتئین LEA دارای یک استخوان‌بندی مشترک غنی از گلیسین و آب‌دوست هستند در یک ساختار پایدار در شرایط آبی نرمال باقی می‌ماند؛ اما در شرایط خشکی به یک ساختار منظم تبدیل می‌شود. این ساختار مرتب با کلاس‌های مختلف ماکرومولکول‌ها مثل پروتئین و DNA تعامل دارد. Aav-LEA1 یکی از سه پروتئین خانواده LEA می‌باشد که در نماتد *آفلِنکوس آونائه* [7] یافت شده است که تجمع پروتئین‌های خانه‌دار مانند مالات دهیدروژناز، سیترات سینتاز و فوماراز را در بحران کم‌آبی ممانعت می‌کند. در *میکروکولئوس واژیناتوس* [8] چندین ژن در شرایط کم‌آبی تنظیم مثبت می‌شود.

[1] *Pontibacter*

[2] *L. monocytogenes*

[3] Molecular adaptations of late embryogenesis abundant

[4] *Saccharomyces cerevisiae*

[5] *Deinococcus radiodurans*

[6] *Haemophilus influenza*

[7] *Aphelenchus avena*

[8] *Microcoleus vaginatu*

باکتری در شرایط تنش خشکی پروتئین‌های شوک مانند GroES, GroEL, DnaJ و DnaK را کدگذاری می‌کند همچنین پروتئین‌های استرس اکسیداتیو، مانند کاتالازهای حاوی منگنز، تیوردوکسین، پروتئین‌های محافظت کننده DNA در سلول‌های دچار تنش آبی دیده می‌شود (۱۴،۹).

تشکیل بیوفیلم

بیوفیلم در بسیاری از محیط‌های خشک ساختار غالبی است که در جلبک‌ها، قارچها آرکی باکتری‌ها و باکتری‌های همزیست مشاهده شده و با بقای این میکروارگانیسم‌ها در خاک‌هایی با رطوبت کم ارتباط مستقیمی دارد. بیشتر زیست‌توده بیوفیلم از اگزوپلی ساکارید تشکیل شده است. اگزوپلی ساکاریدها پلیمرهای پیچیده‌ای هستند که کپسولی تشکیل داده و به سطح سلول می‌چسبند و خصوصیات ساختاری و فیزیولوژیک بیوفیلم را تعیین می‌کند. اگزوپلی ساکارید نقش حیاتی برای خصوصیت مقاومت به خشکی در بیوفیلم بازی می‌کند. جهش در بیوسنتز بیوفیلم در باکتری‌های *پانتوآ استوارتی*[1]، *اشرشیا کلی*، *اسینتوباکتر کلکواستیکوس*[2] باعث کاهش شش برابری بقا در شرایط خشکی می‌شود. همچنین اگزوپلی ساکارید که توسط باکتری متاژن، *متانوسارسینا بارکری*[3] تولید می‌شود به زنده ماندن این باکتری در شرایط خشک منجر می‌شود. خاصیت اگزوپلی ساکارید در برابر خشک شدن می‌تواند به علت ماهیت هیدروفیلیک آن باشد. وقتی *سودوموناس پوتیدا*[4] در معرض استرس آب قرار می‌گیرد. اگزوپلی ساکارید آنیونیک آلژیناتی تولید می‌کند که چندین برابر وزن خود می‌تواند آب نگه دارد. خاصیت هیدروفیلیک اگزوپلی ساکارید به جذب سریع آب و ذخیره آن برای بازسازی فرایند فتوسنتز در شکل مقاوم *نوستوک* در خشکی طولانی مدت کمک می‌کند. از طرف دیگر بسیاری از سیانوباکتری‌ها اگزوپلی ساکاریدی ترشح می‌کنند که حاوی دی اکسی ساکاروز متصل به استر، قسمت‌های پپتیدی و گروه استیل هستند که ماهیت هیدروفیلیک را افزایش می‌دهد. مطالعات ترانسکریپتومیکس نشان داده تشکیل بیوفیلم مستقیماً بر تحمل خشکی *لیستریا منوسایتوژنز*، *سالمونلا انتریکا* و *برادی‌ریزوبیوم ژاپونیکوم* دخیل است و ژن‌هایی که در پاسخ به خشکی فعال می‌شود شامل ژن‌های دخیل در تشکیل بیوفیلم نیز می‌باشد. همچنین تشکیل بیوفیلم در ارگانیسم کریپتوآندولیتیک *نستوک* دیگر جوامع میکروبی موجود در نیچ مانند سویه های *کلرا*[5] و گونه‌های *کروکوسیدیوپسیس*[6] را نیز حفظ می‌کند. در مطالعه‌ای تحمل نستوک سویه HK-01 . به شرایط خشکی و میزان بالای کلرید سدیم را به افزایش تولید اگزوپلی ساکارید که ۶۵ درصد وزن خشک آن را تشکیل می‌دهد، نسبت دادند. به طور کلی میکروارگانیسم‌هایی که اگزوپلی ساکارید تولید می‌کند؛ مانند سیانوباکتری *میکروکولئوس واژیناتوس* در محیط‌های خشک و بیابانی زندگی می‌کند. این میکروارگانیسم‌ها با تولید بیوفیلم باعث حفظ آب خود و سایر میکروارگانیسم‌هایی که در بستر آن وجود دارد می‌شود. سیانوباکتری‌های زیادی در قطب شمال و قطب جنوب وجود دارد که دارای ژن‌های زیاد تولید بیوفیلم می‌باشد. اکثر این ژن‌ها تولیدکنندگان زایلوز، رامنوز و مانوز هستند. با توجه به موارد ذکر شده می‌توان تولید بیوفیلم را اولین خط دفاع در محیط‌های خشکی نامید (۱۹-۱۶).

سیانوباکتری‌ها در محیط‌های آبی و خشکی گسترش دارند، گروه نُستوک[7] از سیانوباکتری‌ها می‌توانند رشته‌ای، کروی، اشکال کلونی لوله‌ای باشد از گروه‌های خشکی *نوستوک* می‌توان به *نوستوک فلاژلیفرم*[8] و *نوستوک کامیون*[9] اشاره کرد. از گروه‌های آبزی می‌توان به، *نوستوک اسفروئیدز*[10]، *نوستوک وروکوزوم*[11]، *نوستوک پرونیفرم*[12] و *نوستوک زرستدی*[13] اشاره کرد. عمده موفقیت گونه‌های موجود در خشکی *نوستوک* مربوط به تحمل آنها به نبود آب و بازیابی دوباره فعالیت در هنگام وجود آب می‌باشد. اعتقاد بر این است که اگزوپلی‌ساکارید نقش مهمی در محافظت از سیانوباکتری‌ها در برابر تنش محیطی دارد در مناطق خشک با تابش شدید اشعه خورشید و چرخه‌های خشکی، چگالی اگزوپلی‌ساکارید نقش حیاتی در کلونی *نوستوک* ایفا می‌کند. ماتریکس اگزوپلی‌ساکاریدی دارای اجزای خارج سلولی، مانند رنگ‌دانه‌های جذب اشعه ماورای‌بنفش و پروتئین‌های آنتی‌اکسیدان که ذوب غشا را در شرایط خشکی ممانعت می‌کند و مهم‌تر از آن جذب و حفظ رطوبت را حمایت می‌کند. با این وجود ایراداتی هم به اگزوپلی‌ساکارید متراکم وجود دارد از جمله،

[1] *Pantoea stewartii*
[2] *Acinetobacter calcoaceticus*
[3] *Methanosarcina barker*i
[4] *Pseudomonas putida*
[5] *Chlorella spp*
[6] *Chroococcidiopsis* spp
[7] *Nostoc*
[8] *Nostoc flagelliforme*
[9] *Nostoc commun*e
[10] *Nostoc sphaeroides*
[11] *Nostoc verrucosum*
[12] *Nostoc pruniforme*
[13] *Nostoc zetterstedtii*

به دست آوردن نور کافی، مواد مغذی و کربن معدنی محلول را کاهش می‌دهد و در نتیجه می‌تواند رشد را محدود کند.

دیواره سلولی گیاهان یک شبکه پیچیده از پلیمرهای کربوهیدرات است که تعیین‌کننده اصلی پاسخ گیاه به تنش‌های محیطی است. برای هماهنگی رشد سلولی و مقاومت در برابر تنش، انعطاف پذیری دیواره سلولی و استحکام توسط تعدادی پروتئین خارج سلول به‌صورت پویا انجام می‌گیرد. همچنین گیاهانی که به خشکی مقاوم هستند انعطاف پذیری بیشتری نسبت به گیاهان حساس دارند. ماتریکس اگزوپلی‌ساکاریدی سیانوباکتری‌ها بسیاری از پروتئین‌های خارجی مخصوصاً آنتی‌اکسیدان‌ها را در خود انباشت کردند. با این حال به طور مشخص پروتئین جذب کننده پروتئین تنش آب اسیدی (WspA)[1] برای اولین بار در *نوستوک کامیون* مشاهده شد. WspA در هنگام تابش اشعه ماورای‌بنفش و تنش خشکی در سلول تجمع می‌یابند و بعد از آب‌دهی در ماتریکس اگزوپلی‌ساکاریدی ترشح می‌شوند. گفته می‌شود که WspA عملکرد اگزوپلی‌ساکارید را تنظیم می‌کند، اما عمل بیوشیمیایی و ماهیت این تنظیم و ژن‌های مرتبط هنوز ناشناخته است. سیانوباکتری *نوستوک فلاژلیفرم* به عنوان نمونه‌ای است که می‌تواند تابش شدید خورشید و خشکی و بی‌آبی زیاد را تحمل می‌کند. در مطالعه‌ای که بر روی *نوستوک فلاژلیفرم* انجام شد، نتایج نشان داد WspA یک بتاگالاکتوزیداز است که در شرایط مرطوب با شکستن اسکلت سلولی پلی‌ساکاریدها حرکت و انعطاف ماتریکس اگزوپلی‌ساکاریدی را تسهیل می‌کند و با اتصال متوالی قطعات و ضخیم شدن باعث مقاومت به تنش خشکی می‌شود. این هماهنگی انعطاف پذیری و استحکام ماتریکس خارج سلولی سیانو باکتریایی ممکن است به تعادل مطلوب رشد سلولی و مقاومت به تنش در محیط‌های xeric کمک کند (۲۲-۲۰).

کاربردهای میکروارگانیسم‌های بیابانی

نقش اکولوژیک در بیابان

در بیابان‌ها، یکی از بارزترین نمودهای دینامیک جمعیت و نقش اکولوژیکی میکروارگانیسم‌ها، تشکیل پوسته‌های زیستی کریپتوبیوتیک [2] است که از اجتماعات پیچیده‌ای شامل سیانوباکترها، جلبک‌ها، قارچ‌ها، باکتری‌ها، گل‌سنگ‌ها و خزه‌ها تشکیل شده‌اند. این پوسته‌ها که روی سطح خاک‌های خشک ایجاد می‌شوند، در غیاب پوشش گیاهی وسیع، یکی از مهم‌ترین ساختارهای تثبیت‌کننده خاک به شمار می‌روند و نقش حیاتی در جلوگیری از فرسایش بادی و آبی دارند. سیانوباکترهایی مانند *میکروکولئوس واژیناتوس* و *نستوک* با توانایی بالای تثبیت نیتروژن و تولید بیوپلیمرها به چسبندگی ذرات خاک کمک کرده و محیطی مناسب برای سایر موجودات فراهم می‌آورند. این پوسته‌ها همچنین با افزایش ظرفیت نگهداری آب و ایجاد ریز زیستگاه‌هایی با دمای کمتر و رطوبت بیشتر نسبت به خاک اطراف، بستر مناسبی برای جوانه‌زنی بذرها و رشد گیاهان فراهم می‌کنند. افزون بر آن، تنوع ژنتیکی و فیزیولوژیکی بالا در این جوامع میکروبی نشان‌دهنده سازگاری آن‌ها با تغییرات شدید محیطی مانند کم‌آبی، تشعشعات فرابنفش و نوسانات حرارتی است (۲۳).

کاربردهای کشاورزی

میکروارگانیسم‌های بومی بیابان، به‌ویژه باکتری‌های محرک رشد گیاه، به‌عنوان ابزارهای بسیار ارزشمند برای توسعه کشاورزی پایدار در شرایط محیطی افراطی شناخته شده‌اند. این باکتری‌ها در ریزوسفر، اندوسفر و فیلوسفر گیاهان بیابانی زندگی می‌کنند و به دلیل سازگاری طبیعی با تنش‌هایی مانند خشکی، شوری، دمای بالا و فقر مواد مغذی، توانایی بالایی در بهبود رشد گیاهان در این شرایط دارند. مکانیزم‌های مستقیم این باکتری‌ها شامل تثبیت نیتروژن، حلالیت فسفات و پتاسیم، تولید سیدروفور برای جذب آهن و تنظیم هورمون‌های گیاهی است. از سوی دیگر این میکروارگانیسم‌ها، به‌صورت غیرمستقیم با تولید آنزیم‌ها و ترکیبات ضدقارچ، ترکیبات آنتی‌بیوتیکی، و ترکیبات آلی فرار، گیاهان را در برابر عوامل بیماری‌زا محافظت می‌کنند. این میکروارگانیسم‌ها به‌طور ویژه در گیاهان بومی بیابان‌ها مانند کاکتوس، نخل خرما و گیاهان هالوفیت یافت شده‌اند و توانسته‌اند با افزایش زیست‌توده، مقاومت به شوری، خشکی و بهبود ساختار میکروبی خاک، عملکرد گیاهان زراعی مانند گندم و نخود را در شرایط تنش‌زا به‌طور قابل توجهی افزایش دهند. این ویژگی‌ها باعث شده است که از این میکروارگانیسم‌ها به عنوان زیست‌کود و عامل زیست‌مهار در مناطق خشک، به عنوان راهکاری پایدار و دوستدار محیط زیست برای افزایش تولید محصولات کشاورزی و مقابله با بحران امنیت غذایی جهانی مورد توجه جدی قرار گیرد (۲۴).

بیوتکنولوژی صنعتی و زیست پالایی

باکتری‌های موجود در بیابان‌ها به عنوان منابع ارزشمندی برای کاربردهای بیوتکنولوژی شناخته می‌شوند. این میکروارگانیسم‌ها به دلیل سازگاری با شرایط سخت بیابان توانایی تولید ترکیبات

[1] Acidic water stress protein

[2] Cryptobiotic crusts

زیست فعال منحصربه فردی را دارند. در حوزه پزشکی، گونه‌هایی مانند *استرپتومیسس*[1] و *ساکاروتریکس*[2] ترکیبات ضد میکروبی، ضد تومور، و ضد ویروس مانند چاکسامایسین [3] و دی‌تیولوپیرولون‌ها[4] تولید می‌کنند که در مقابله با پاتوژن‌های مقاوم به دارو مؤثرند (۲۵).

برخی از باکتری‌های بیابانی به دلیل سازگاری تکاملی با شرایط خشن، نقش کلیدی در زیست پالایی ایفا می‌کنند. این میکروارگانیسم‌ها با استفاده از مکانیسم‌های منحصربه فرد خود قادر به تجزیه یا خنثی‌سازی آلاینده‌های سمی هستند. گونه‌هایی مانند *استرپتومیسس و ساکاروتریکس* آنزیم‌های قدرتمندی مانند اکسیدازها و هیدرولازها تولید می‌کنند که قادر به شکستن ترکیبات آلی پیچیده؛ مانند هیدروکربن‌های نفتی، آفت‌کش‌ها مانند ارگانوکلرینها و مواد شیمیایی صنعتی هستند. به عنوان مثال *سویه‌های جانی باکتر*[5] از بیابانی در تونس جداسازی و توانایی ترکیب سمی و سرطان‌زا مانند پنتاکلروفنول را داشت (۲۵).

در مطالعه‌ای *پانی باسیلوس آنتری* RBB7[6] از مناطق خشک و نیمه‌خشک ایران جداسازی شد که توانایی حذف ترکیبات سمی و سرطان‌زا مانند بنزن، تولوئن، اتیل بنزن و زایلن را داشت. همچنین این باکتری حاوی ژن‌های تجزیه کننده این ترکیبات بود. این باکتری نوانایی رشد در حضور ۸ درصد کلرید سدیم را داشت (۲۶). مطالعات نشان‌دهنده‌ی پتانسیل بالای قارچها در حذف زیستی ترکیبات آروماتیک فرار شامل بنزن، تولوئن، اتیل‌بنزن و زایلن به‌عنوان آلاینده‌هایی با خاصیت سرطان‌زایی و سمیت عصبی برای انسان هستند. در یک مطالعه‌ی که از مناطق اقلیمی گرم و خشک نمونه‌برداری از خاک‌های آلوده به ترکیبات نفتی انجام گرفت، هشت سویه قارچی از جنس‌های *تالارومیسس*[7]، *آسپرژیلوس*[8] و *لیختمیا*[9] جداسازی گردید. آنالیزهای صورت‌گرفته با بهره‌گیری از کروماتوگرافی گازی-طیف‌سنجی جرمی بیانگر کارایی بالای سویه‌هایی نظیر *تالارومیسس پینوفیلوس* RBF1[10] و *آسپرژیلوس السنبرگنسیس* RBF6[11] در تجزیه‌ی ترکیبات بود، به طوری که بیش از ٪۹۸ از این ترکیبات را در غلظت ٪۱ حذف نمودند (۲۷).

اخترزیست شناسی و تحقیقات فضایی

باکتری‌های خشکی دوست که از مناطق بیابانی و اقلیم‌های خشک جدا می‌شوند، به دلیل سازگاری با شرایط محیطی سخت نظیر خشکی، تابش فرابنفش شدید، نوسانات دمایی و کمبود منابع، به‌عنوان مدل‌هایی ایده‌آل برای مطالعات اخترزیست‌شناسی مطرح هستند. در مطالعه‌ای، چهار گونه از باکتری‌ها و ارکی‌ها شامل *سولفاتاریکوس سولفولوبوس*[12]، *هالوتریجنا هیسپانیکا*[13]، *ترموتاگا ناپولیتانا*[14] و *ژئوباسیلوس ترمانتارکتیکوس*[15] در معرض شرایط شبیه‌سازی‌شده‌ی مریخ شامل نوسانات دمایی، تابش فرابنفش، خشکی شدید و فشار پایین قرار گرفتند. نتایج حاکی از آن بود که تمامی سویه‌ها در برابر نوسانات دمایی مقاومت خوبی نشان دادند و تابش فرابنفش تنها تأثیر اندکی بر رشد برخی از آن‌ها داشت (۲۸).

نتیجه‌گیری

مکانیسم‌های سازگاری در میکروارگانیسم‌ها در مناطق مختلف کره زمین با توجه به شرایط اقلیمی می‌تواند بسیار متفاوت باشد. ایران با دارابودن گستره‌های وسیع بیابانی، زیست‌بومی منحصربه‌فرد برای مطالعه سازگاری‌های تکاملی باکتری‌ها در شرایط خشکی فراهم می‌کند. بررسی مکانیسم‌های بقای این میکروارگانیسم‌ها، از تشکیل اسپور و تولید اسمولیت‌ها تا ترمیم کارآمد DNA، نه‌تنها درک ما را از حیات در محیط‌های اکستریم عمیق‌تر می‌سازد، بلکه راهکارهای ارزشمندی برای مقابله با چالش‌های زیست‌محیطی و بهره‌برداری در زیست‌فناوری ارائه می‌دهد. این دانش می‌تواند زمینه‌ساز توسعه روش‌های نوین در کشاورزی مقاوم به خشکی، مدیریت منابع طبیعی و حتی اکتشافات فضایی باشد. اکثر بیابان‌های ایران بکر هستند و شناسایی میکروارگانیسم‌های متعدد و مطالعه مکانیسم‌های منحصر به فرد می‌تواند به شناخت عمیق محیط اکستریم ایران کمک کند. همچنین، مطالعه باکتری‌های خشکی‌دوست پلی میان

[1] *Streptomyces*
[2] *Saccharothrix*
[3] chaxamycins
[4] Dithiolopyrrolones
[5] *Janibacter sp.*
[6] *Paenibacillus antr*
[7] *Talaromyces*
[8] *Aspergillus*
[9] *Lichtheimia*
[10] *Talaromyces pinophilus*
[11] *Aspergillus elsenburgensis*
[12] *Sulfolobus solfataricus*
[13] *Haloterrigena hispanica*
[14] *Thermotoga neapolitana*
[15] *Geobacillus thermantarcticus*

تحقیقات پایه و کاربردهای آینده‌نگر در عرصه‌های علمی و صنعتی محسوب می‌شود.

تقدیر و تشکر

نویسندگان اعلام می‌دارند که در فرایند انجام و نگارش این پژوهش، از هیچ‌گونه حمایت مالی یا کمک اشخاص حقیقی یا حقوقی بهره‌مند نشده‌اند.

Refrances

1.Modarres R, Sadeghi S. Spatial and temporal trends of dust storms across desert regions of Iran. Natural Hazards. 2018;90:101–14. doi: 10.1007/s11069-017-3035-8.
2. Heulin T, De Luca G, Barakat M, Gommeaux M, de Groot A, Blanchard L, et al. Bacterial adaptation to hot and dry deserts. Springer; 2017. doi: 10.1007/978-3-319-48327-6_4.
3. Lebre PH, De Maayer P, Cowan DA. Xerotolerant bacteria: surviving through a dry spell. Nature Reviews Microbiology. 2017;15(5):285–96. doi:10.1038/nrmicro.2017.16.
4. Wani AK, Akhtar N, Sher F, Navarrete AA, Américo-Pinheiro JHP. Microbial adaptation to different environmental conditions: molecular perspective of evolved genetic and cellular systems. Archives of Microbiology. 2022;204(2):144. doi: 10.1007/s00203-022-02757-5.
5. Martin W, Baross J, Kelley D, Russell MJ. Hydrothermal vents and the origin of life. Nature Reviews Microbiology. 2008;6(11):805–14. doi:10.1038/nrmicro1991.
6. Marin J, Battistuzzi FU, Brown AC, Hedges SB. The timetree of prokaryotes: new insights into their evolution and speciation. Molecular biology and evolution. 2016;34(2):437–46. doi:10.1093/molbev/msw245.
7. Breeuwer P. Adaptation of pathogenic microorganisms to dry conditions. In: The microbiological safety of low water activity foods and spices. Springer; 2014. p. 37–48. doi:10.1007/978-1-4939-2062-4_3.
8. Seufferheld MJ, Alvarez HM, Farias ME. Role of polyphosphates in microbial adaptation to extreme environments. Applied and Environmental Microbiology. 2008;74(19):5867–74. doi:10.1128/AEM.00501-08.
9. Sarma J, Sengupta A, Laskar MK, Sengupta S, Tenguria S, Kumar A. Microbial adaptations in extreme environmental conditions. In: Bacterial survival in the hostile environment. Elsevier; 2023. p. 193–206. doi:10.1016/B978-0-323-91806-0.00007-2.
10. Azua-Bustos A, González-Silva C, Arenas-Fajardo C, Vicuña R. Extreme environments as potential drivers of convergent evolution by exaptation: the Atacama Desert Coastal Range case. Frontiers in microbiology. 2012;3:426. doi:10.3389/fmicb.2012.00426.
11. Engler AC, Wiradharma N, Ong ZY, Coady DJ, Hedrick JL, Yang YY. Emerging trends in macromolecular antimicrobials to fight multi-drug-resistant infections. Nano Today. 2012;7(3):201–22. doi: 10.1016/j.nantod.2012.04.003.
12. Stan-Lotter H, Fendrihan S. Adaption of microbial life to environmental extremes. Springer. 2012;10:973–8. doi: 10.1007/978-3-319-48327-6.
13. Brown JR, Doolittle WF. Archaea and the prokaryote-to-eukaryote transition. Microbiology and Molecular Biology Reviews. 1997;61(4):456–502. doi:10.1128/mmbr.61.4.456-502.1997.
14. Cavicchioli R. Extremophiles and the search for extraterrestrial life. Astrobiology. 2002;2(3):281–92. doi: 10.1089/153110702762027862.
15. Billi D, Potts M. Life and death of dried prokaryotes. Research in microbiology. 2002;153(1):7–12. doi: 10.1016/S0923-2508(01)01279-7.
16. Lopes T, Santos J, Matos D, Sá C, Pina D, Pinto R, et al. Soil Bacteria from the Namib Desert: Insights into Plant Growth Promotion and Osmotolerance in a Hyper-Arid Environment. Land. 2024;13(10):1678. doi: 10.3390/land13101678.
17. Liu W, Cui L, Xu H, Zhu Z, Gao X. Flexibility-rigidity coordination of the dense exopolysaccharide matrix in terrestrial cyanobacteria acclimated to periodic desiccation. Applied and Environmental Microbiology. 2017;83(22):e01619-17. doi: 10.1128/AEM.01619-17.
18. Zahran HH. Diversity, adaptation and activity of the bacterial flora in saline environments. Biology and Fertility of Soils. 1997;25:211–23. doi: 10.1007/s003740050306.
19. Torsvik V, Øvreås L. Microbial diversity, life strategies, and adaptation to life in extreme soils. In: Microbiology of extreme soils. Springer; 2008. p. 15–43. doi: 10.1007/978-3-540-74231-9.
20. Dadheech N. Desiccation tolerance in cyanobacteria. Afr J Microbiol Res. 2010;4:1584–93. http://www.academicjournals.org/ajmr.
21. Potts M. Mechanisms of desiccation tolerance in cyanobacteria. European Journal of Phycology. 1999;34(4):319–28. doi:10.1080/09670269910001736382.
22. Singh H. Desiccation and radiation stress tolerance in cyanobacteria. Journal of basic microbiology. 2018;58(10):813–26. doi: 10.1002/jobm.201800216.
23. Bhatnagar A, Bhatnagar M. Microbial diversity in desert ecosystems. Current science. 2005;91–100. http://www.jstor.org/stable/24110435.
24. Alsharif W, Saad MM, Hirt H. Desert microbes for boosting sustainable agriculture in extreme environments. Frontiers in Microbiology. 2020;11:1666. doi: 10.3389/fmicb.2020.01666.
25. Xie F, Pathom-Aree W. Actinobacteria from desert: diversity and biotechnological applications. Frontiers in microbiology. 2021;12:765531. doi: 10.3389/fmicb.2021.765531.

26. Shekari R, Mohammadi P, Zarrini G. BTEX biodegradation by Paenibacillus antri RBB7 isolated from the persian gulf coast. International Journal of Environmental Science and Technology [Internet]. 2024. doi: 10.1007/s13762-024-06120-7.
27. Shekari R, Mohammadi P, Zarrini G. Isolation and characterization of native fungal strains for the bioremediation of BTEX pollutants. Fungal Biology. 2025;129(1):101534. doi: 10.1016/j.funbio.2024.101534.
28. Mastascusa V, Romano I, Di Donato P, Poli A, Della Corte V, Rotundi A, et al. Extremophiles survival to simulated space conditions: an astrobiology model study. Origins of Life and Evolution of Biospheres. 2014;44:231–7. doi: 10.1007/s11084-014-9397-y.