التحليل الميتاجينومي لميكروبيوم الريزوسفير لنبات العشار

محمد عبد القدوس حق نذر

بإشراف الدكتور أحمد محمد عمارة والدكتور نور جاد الله

المستخلص

يعتبر المجتمع الميكروبي للنبات أمرًا حيويًا لصحة النبات. وللنباتات القدرة على تكوين الميكروبيوم في منطقة الجذور الخاص بها كما كشفت الأبحاث المتقدمة الجديدة في التفاعل بين النباتات والميكروبات ، كما أثبتت حقيقة أن الأنواع المختلفة من النباتات عند زراعتها على نفس التربة يمكن أن تستضيف مجتمعات ميكروبية محددة. لذلك تم في هذه الدراسة استخدام تقنية التسلسل عالي التتابعات لدراسة ميكروبيوم التربة لنبات العشار. حيث تم عمل تحليل تتابعي لحوالي 400 قاعدة من لمنطقة V3-V4 من 16S rRNA تم الحصول علي 300 OTUs من خلال العينات بنسبة تشابه حوالي ٩٧ %. دلت النتائج أن الطوائف البكتيرية الشائعة هي Acidobacteria (two genera), Actinobacteria (fourteen genera), Bacteroidetes (one genus), Proteobacteria (6 genera) and Firmicutes (nine genera)

وان الأجناس الشائعة هي *Nocardia cyriacigeorgica*, *Rhodospirillales bacterium WX36* and *Arthrobacter crystallopoietes* . دلت النتائج علي وجود كثير من البكتيريا في تربة نبات العشار تساعد النبات في تغلبه علي الإجهاد البيئي ويعتبر وجود كثير من الأنواع البكتيرية غير المصنفة في تربة نبات العشار والتي لاتوجد في المناطق الخالية من هذا النبات من أهم النتائج المتحصل عليها في هذه الدراسة.

Metagenomic Analysis of *Calotropis procera*'s rhizosphere Microbiome

Mohammad Abdul Qudus Haq Nazar

Supervised by

Dr. Ahmed Mohamed Mohamed Emara

Dr. Nour Eldin Omar Gaddallah

ABSTRACT

The microbial community of complex associations of plants is vital for the health of the plant. plants can form the microbiome of their rhizosphere as the new advances research in plant-microbe interaction revealed, as demonstrated the fact that different species of plant, when grown on the same soil, can host-specific microbial communities. The microbiome of *Calotropis procera* rhizosphere was studied. Deep sequencing was carried out for the V3-V4 regions (~400 bp) of bacterial 16S rRNA. Sequence tags were assigned to 300 OTUs (operational taxonomic units) across samples with at least 97% similarity. The results indicated that the most common phyla are Acidobacteria (two genera), Actinobacteria (fourteen genera), Bacteroidetes (one genus), Proteobacteria (6 genera) and Firmicutes (nine genera). Highly abundant genera included *Ammoniphilus, Bacillus, Iamia, Microvirga, Nocardia, Streptomyces, Defluviicoccus, Mycobacterium, Nocardioides, Sphingomonas, Bryobacter, Ammoniphilus, Stenotrophobacter, Arthrobacter, Actinomadura, Marmoricola*. At the species level, High abundance of *Nocardia cyriacigeorgica*, *Rhodospirillales bacterium WX36,* and *Arthrobacter crystallopoietes* in *Calotropis procera*. These results indicate that the rhizosphere of *calotropis procera* have a lot of bacterial species that help it to overcome the abiotic stress. The very important issues in this study the *calotropis procera* rhizosphere is very rich with un-classified species which not found in rhizosphere free plants.