

Whole Metagenomic Analysis of the Gut Microbiome of Higher Termites (*Microcerotermes turkmenicus* Luppova, 1976) in Uzbekistan

Ulugbek Togaev^{1,2*}, Aziza Rakhmonkulova¹, Mokshada Sharma², Surbhi Agarwal³, Abboskhon S. Turaev¹, Zaitjan Tillyabaev¹, Alimjan Matchanov¹, Khadija Khodja-Akhmedova², Rasul Ruzmetov⁴, Ikram Abdullaev⁴, Vartika Mathur^{3,5}

¹Institute of Bioorganic Chemistry, Academy of Science of Uzbekistan, Tashkent, Uzbekistan

²CAU Central Asian University in Tashkent, Tashkent, Uzbekistan

³Animal-Plant Interactions Lab, Department of Zoology, Sri Venkateswara College, Dhaula Kuan, New Delhi, India

⁴Khorezm Academy of Mamun, Khiva, Uzbekistan

⁵Fellow of Institute of Eminence, School of Climate Change and Sustainability, University of Delhi, Delhi, India

Abstract

This study provides the first metagenomic characterization of the gut microbiome of *Microcerotermes turkmenicus* (Luppova, 1976), a higher termite recently identified in the arid Navoi region of Uzbekistan. Using whole metagenome sequencing, we uncovered a diverse microbial community dominated by bacterial taxa such as Pseudomonadota, Gammaproteobacteria, and Bacillus, which are involved in lignocellulose degradation and nutrient cycling. Archaeal groups, including Methanomicrobia and Halobacteria, suggested adaptations to anaerobic and resource-limited gut environments through methanogenic processes. Functional gene analysis revealed a high abundance of genes associated with signal transduction, translation, and metabolic activity, underscoring the microbiome's role in host survival and ecological adaptability. These findings enhance our understanding of termite-microbe symbiosis in arid ecosystems and highlight the potential of termite gut microbiota for applications in biofuel production and sustainable pest management.

Keywords: *Microcerotermes turkmenicus*, gut microbiome, metagenomics, higher termites, lignocellulose degradation

Резюме

Това проучване предоставя първата метагеномна характеристика на чревния микробиом на *Microcerotermes turkmenicus* (Luppova, 1976), висш термит, наскоро идентифициран в сухия регион Навой в Узбекистан. Използвайки секвениране на целия метагеном, ние открихме разнообразна микробна общност, доминирана от бактериални таксони като Pseudomonadota, Gammaproteobacteria и Bacillus, които участват в разграждането на лигноцелулозата и цикъла на хранителните вещества. Археалните групи, включително Methanomicrobia и Halobacteria, предполагат адаптации към анаеробна и ограничена по ресурси чревна среда чрез метаногенни процеси. Функционалният генен анализ разкри голямо изобилие от гени, свързани с трансдукция на сигнали, трансляция и метаболитна активност, което подчертава ролята на микробиома за оцеляването на гостоприемника и екологичната адаптивност. Тези открития подобряват разбирането ни за симбиозата между термити и микроби в сухите екосистеми и подчертават потенциала на чревната микробиота на термитите за приложения в производството на биогорива и устойчивото управление на вредителите.

Introduction

Termites play a significant role in nutrient cycling and decomposition of organic matter in arid ecosystems where these processes are otherwise limited (Wolters, 2000). Termites host diverse symbiotic microorganisms in their guts,

which help break down lignocellulose and plant materials (Bignell and Eggleton, 2000; Warnecke *et al.*, 2007; Brune, 2014). Termites are broadly classified into two major evolutionary groups: lower termites and higher termites, both belonging to the

*Corresponding author: u.togaev@centralasian.uz
Acta Microbiol. Bulg. 2025; 41(03). <https://doi.org/10.59393/amb25410308>