

**BOLU YENİÇAĞA GÖLÜ *Actinobacteria* BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN
BELİRLENMESİ**

Ali TOKATLI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

**AMASYA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

Eylül 2017

AMASYA

**BOLU YENİÇAĞA GÖLÜ *Actinobacteria* BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN
BELİRLENMESİ**

Ali TOKATLI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

AMASYA ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Eylül 2017

AMASYA

KABUL VE ONAY SAYFASI

Ali TOKATLI tarafından hazırlanan Bolu Yeniçağa Gölü *Actinobacteria* Biyoçeşitliliğinin Belirlenmesi adlı bu tezin Yüksek Lisans Tezi olarak uygun olduğunu onaylarım.

Yrd. Doç. Dr. Önder İDİL

Tez Danışmanı, Biyoloji Anabilim Dalı

Bu çalışma, jürimiz tarafından oy birliği / oy çokluğu ile Biyoloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Jüri üyeleri

Tarih:/...../.....

Bu tez ile A.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu Yüksek Lisans derecesini onamıştır.

Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

(imza)

Ali TOKATLI

BOLU YENİÇAĞA GÖLÜ *Actinobacteria* BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

(Yüksek Lisans Tezi)

Ali TOKATLI
AMASYA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Eylül 2017

ÖZET

Yeniçağa Gölü Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin belirlenmesi ve olası yeni türlerin literatüre kazandırılması bu çalışmanın temel amacıdır. Bu çalışma kapsamında da 10 farklı besiyerinden dilüsyon plak tekniğine göre Aktinobakteri izolasyonu yapıldı. İzolasyon sonucunda 92 izolat elde edildi. 92 izolatın 6 tanesi SM2 agar, 25 tanesi nişasta-kazein agar, 12 tanesi SM3 medium, 9 tanesi Marine agar, 4 tanesi Humik asit vitamin agar, 17 tanesi M1 agar, 11 tanesi Nocardia agar, 8 tanesi ise R2A agardan izole edildi. 76 izolatın 16S rRNA gen bölgesi sekans analizleri gerçekleştirilerek cins düzeyinde belirlendi. Filogenetik analizleri MEGA 7.0 ve PHYDIT programları kullanılarak yapıldı. Çalışmada sonucunda *Streptomyces* cinsine ait 37, *Nocardia* cinsine ait 18, *Nonomuraea* cinsine ait 6, *Micromonospora* cinsine ait 5, *Actinomadura* cinsine ait 4 ve *Amycolatopsis*, *Cellulosimicrobium*, *Glycomyces*, *Oerskovia* cinslerine ait 1'er organizma tespit edildi. Cinslerin 16S rRNA gen bölgeleri dizi analizlerine dayalı filogenetik dendogramlar incelenerek 10 tane izolatın yeni tür olabileceği belirlendi. Bu izolatlardan 9 tanesi *Streptomyces* cinsine, 1 tanesinde *Amycolatopsis* cinsine aittir. Bunlardan 9 tane *Streptomyces* izolatının MLSA analizleri gerçekleştirildi. Elde edilen sonuçlarla izolatların filogenetik uzaklıklarının 0.007'nin üzerinde olduğu tespit edildi. MLSA ve 16S rRNA gen bölgesi verilerine göre muhtemel yeni tür olan izolatların nümerik çalışmaları yapılarak, izolatlar ve tip türleri arasındaki

farklar belirlendi. Ayrıca *Streptomyces* sp. YC419 ve *Streptomyces* sp. YC504 izolatlarının tip türleriyle DNA:DNA hibridizasyon deneyleri yapılarak izolatların yeni tür oldukları doğrulandı. İzolatlar ve tip türlerinin 10 farklı besiyerine inokülasyonları yapılarak morfolojik ve kültürel özellikleri tanımlandı.

Anahtar kelimeler: *Actinobacteria*, 16S rRNA geni, MLSA, *Streptomyces*



**DETERMINATION OF *Actinobacteria* BIODIVERSITY OF THE
BOLU YENİÇAĞA LAKE**

(M.Sc. Thesis)

Ali TOKATLI

AMASYA UNIVERSITY

INSTITUTE OF SCIENCE AND TECHNOLOGY

September 2017

ABSTRACT

The identification of the biodiversity of *Actinobacteria* in Yeniçağa Lake and addition of possible novel species to the literature is purpose in this study. In this study, *Actinobacteria* were isolated from 10 different media according to dilution plate technique. As a result of the isolation, 92 isolates were obtained. 92 isolates were isolated 6 from SM2 agar, 25 from starch-casein agar, 12 from SM3 medium, 9 from Marine agar, 4 from Humic acid vitamin agar, 17 from M1 agar, 11 from Nocardia agar and 8 from R2A agar. 76 isolates were identified at the genus level by performing 16S rRNA gene region sequence analysis. Phylogenetic analyzes were performed using MEGA 7.0 and PHYDIT programs. As a result of this study 37 isolates belong to *Streptomyces*, 18 isolates belong to *Nocardia*, 6 isolates belong to *Nonomuraea*, 5 isolates belong to *Micromonospora*, 4 isolates belong to *Actinomadura*, and 1 isolates belong to *Amycolatopsis*, *Cellulosimicrobium*, *Glycomyces* and *Oerskovia*. Phylogenetic dendograms based on sequence analysis of 16S rRNA gene regions of the genus were examined and it was determined that 10 isolates could be novel species. 9 of these isolates belong to the genus *Streptomyces* and 1 belong to the genus *Amycolatopsis*. MLSA analyzes of 9 *Streptomyces* isolates were performed. It was determined that the

phylogenetic distances of the isolates were higher than 0.007 with the obtained results. Differences between isolates and type strains were determined by performing numerical studies of possible novel species according to the MLSA and 16S rRNA gene region data. *Streptomyces* sp. YC419 and *Streptomyces* sp. DNA:DNA hybridization experiments were carried out with the type strain of YC504 isolates to assure that the isolates were the novel species. The morphological and cultural characteristics of isolates and the type strain were defined by inoculation to 10 different media.

Key Words : *Actinobacteria*, 16S rRNA gene, MLSA, *Streptomyces*

TEŞEKKÜR

Tez çalışmamda, tez çalışmamın başlangıcından sonuna kadar bilgi ve tecrübesinden faydalandığım, maddi ve manevi desteğini benden esirgemeyen değerli tez danışmanım sayın **Yrd. Doç. Dr. Önder İDİL**'e teşekkür ederim.

Tez çalışmalarım sürecinde bilgi ve deneyimlerinden faydalandığım, laboratuvar araç ve gereçlerini kullanmamda sınırsız imkan sağlayan değerli hocam **Prof. Dr. Nevzat ŞAHİN**'e şükranlarımı sunarım.

Yüksek lisans sürecimde bilgi ve birikimlerinden sürekli faydalandığım, çalışma ahlakı ve insani değerler olarak çokşey öğrendiğim, çalışmalarımnda samimi destek ve yardımlarını gördüğüm sayın **Yrd. Doç. Dr. Aysel VEYİSOĞLU**, sayın **Yrd. Doç. Dr. Demet TATAR** ve sayın **Araş. Gör. Hayrettin SAYGIN**'a en içten teşekkürlerimi sunmayı borç bilirim.

Yüksek lisans tez çalışmamda sürekli birlikte çalıştığım, yüksek lisansa beraber başlayıp beraber bitirdiğim kıymetli arkadaşım **Cengiz NİGİZ**'e teşekkürlerimi sunarım. Değerli arkadaşlarım **Yasemin VARLI**, **Mustafa AYDINLIOĞLU**, **İkbal MACİT**, **İbrahim TÜRKEL**, **Dilber ÖZGÜN** ve **Hamdi ÖZKUL**'a çok teşekkür ederim.

Sevgili annem **Fatma TOKATLI**'ya, abim **Serdar TOKATLI** ve eşi **Emine TOKATLI**, ablalarım **Semra TOKATLI**, **Sema YAMANOĞLU**, **Seda ERGÜL**, **Zahle YAZAR**, **Songül KARABEK** ve kız kardeşim **Sermin TÜRKMEN**'ne eğitim hayatım boyunca bana karşı gösterdikleri maddi manevi destek ve bana olan güvenlerinden dolayı şükranlarımı sunarım.

Tez çalışma sürecinde benden maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen değerli büyüğüm **İbrahim Halil FELEK**'e ve kıymetli ev arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Bu tez, **FMB-BAP 15-0147** nolu proje olarak Amasya Üniversitesi Bilimsel Araştırma Proje Birimi tarafından desteklenmiştir.

Yokluğunu ve hasretini sürekli hissettiğim rahmetli babam
Rasim TOKATLI'ya...

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET.....	iv
ABSTRACT.....	vi
TEŞEKKÜR.....	viii
İÇİNDEKİLER	x
ÇİZELGELERİN LİSTESİ.....	xv
ŞEKİLLERİN LİSTESİ	xxi
RESİMLERİN LİSTESİ	xxiii
1 GİRİŞ	1
2 KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI.....	4
2.1 Yeniçağa Göl'ünün Genel Özellikleri.....	4
2.2 Actinobacteria	5
2.3 Bazı Aktinobakteri Cins ve Genel Özellikleri.....	8
2.3.1 <i>Amycolatopsis</i> cinsi.....	8
2.3.2 <i>Actinomadura</i> cinsi	9
2.3.3 <i>Cellulosimicrobium</i> cinsi	10
2.3.4 <i>Glycomyces</i> cinsi	11
2.3.5 <i>Micromonospora</i> cinsi	11
2.3.6 <i>Nocardia</i> cinsi	13
2.3.7 <i>Nonomuraea</i> cinsi	15
2.3.8 <i>Oerskovia</i> cinsi.....	16
2.3.9 <i>Streptomyces</i> cinsi.....	16

2.4	Bakteriyel Taksonomide Polifazik Yöntemler	19
2.4.1	Nümerik Taksonomi.....	19
2.4.2	Kemotaksonomi	20
2.4.3	Moleküler metotlar	21
2.4.3.1	16S rRNA gen sekansı ve DNA-DNA hibridizasyon metodu	21
2.4.3.2	Multi gen dizi analizi (MLSA).....	22
3	MATERYAL VE METOT	28
3.1	Yöntem	28
3.1.1	Sediment Örneklerinin Kaynağı.....	28
3.1.2	Aktinomisetlerin İzolasyonu ve İzolasyon Besi Yerleri	28
3.1.3	Aktinomisetlerin seçimi ve saflaştırılması	30
3.1.4	İzolatların kültürlenmesi ve stoklanması	30
3.1.5	Genomik DNA izolasyonu	30
3.1.5.1	DNA izolasyonu için hücre pelletinin elde edilmesi.....	30
3.1.5.2	DNA izolasyon kontrolü	33
3.1.6	16S rRNA'nın PZR amplifikasyonu	34
3.1.6.1	16S rRNA PZR Ürünlerinin Dizi Analizi	36
3.1.6.2	16S rRNA Gen Dizisi Verilerinin Analizi	36
3.1.6.3	DNA-DNA homolojisi	37
3.1.7	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> <i>trpB</i> gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu	37
3.1.7.1	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri PZR amplifikasyonu	38
3.1.7.2	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri PZR amplifikasyonlarının kontrolü.....	40

3.1.7.3	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgelerinin dizi analizi.....	40
3.1.7.4	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> bölgelerine dayalı verilerin analizi ve filogenetik dendogramların oluşturulması.....	41
3.1.8	Kemotaksonomik analizler.....	42
3.1.8.1	Tüm hücre şeker analizi	42
3.1.8.2	Yağ asitlerinin analizleri	42
3.1.8.3	Polar lipitlerin tespit edilmesi	44
3.1.8.4	Menakinonların belirlenmesi	45
3.1.9	Nümerik taksonomi.....	45
3.1.9.1	Biyokimyasal testler.....	48
3.1.9.2	Degradasyon testleri.....	50
3.1.9.3	Besinsel testler	52
3.1.9.4	Fizyolojik testler.....	53
3.1.10	Antimikrobiyal aktivite testi	54
3.1.11	Kültürel ve morfolojik özelliklerin belirlenmesi.....	55
3.1.11.1	İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri	55
3.1.11.2	Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi.....	56
4	BULGULAR	57
4.1	Sediment Örneklerinin Toplanması ve Saklanması	57
4.2	Aktinomisetlerin İzolasyonu, Saflaştırılması ve Stoklanması.....	57
4.3	İzolatların Renk Gruplarının Belirlenmesi	59
4.4	Genomik DNA İzolasyonu.....	61
4.5	16S rRNA Gen Bölgesinin Amplifikasyonu	61
4.6	16S rRNA Gen Bölgesine Ait PZR Ürünlerinin Saflaştırılması ve Dizileme Çalışması.....	62

4.7	16S rRNA Gen Bölgesi Dizisi Verilerinin Analizi ve Filogenetik Dendogramın Oluşturulması	63
4.8	DNA-DNA homoloji değerlerinin belirlenmesi	87
4.9	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu	87
4.10	<i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgelerinin sekans analizleri ve filogenetik dendrogram oluşturulması	88
4.11	Organizmaların kemotaksonomik karakterizasyonu	138
4.11.1	Şeker analizi	138
4.11.2	Yağ asitlerinin belirlenmesi	139
4.11.3	Polar lipit analizi	142
4.11.4	Menakinonların belirlenmesi	143
4.12	Fenotipik karakterizasyonların belirlenmesi	144
4.13	Antimikrobial aktivitelerin belirlenmesi	153
4.14	Organizmaların morfolojik ve kültürel yapılarının belirlenmesi.....	155
4.14.1	Test izolatlarının değişik besiyerlerindeki büyüme ve gelişmelerinin belirlenmesi	155
4.15	İzolatların spor morfolojisi	178
5	SONUÇ ve ÖNERİLER.....	180
5.1	Tartışma	180
5.2	Sonuç	193
5.3	Öneriler.....	197
	KAYNAKLAR	198
	EKLER.....	219
EK-1	Seçici İzolasyon Besiyerleri	220
EK-2	Kültür Ortamları.....	224

EK-3	Çözeltilerin Bileşimi	230
EK-4	Yeni Tür Olma İhtimali Bulunan İzolatların Nükleotit Dizileri.....	234
ÖZGEÇMİŞ	249



ÇİZELGELERİN LİSTESİ

Çizelge	Sayfa
Çizelge 2.1. <i>Streptomyces hygroscopicus</i> 16S rRNA gen kümesi organizmaların MLSA filogenetik uzaklık ve yüzde DNA:DNA homolojisi karşılaştırması	27
Çizelge 3.1. Bir örneğin PZR amplifikasyonu için kullanılan 50 µl ölçüdeki bir reaksiyon karışımı.....	35
Çizelge 3.2. 16S rRNA gen bölgesi PZR reaksiyon şartları	35
Çizelge 3.3. 16S rRNA gen bölgesi amplifikasyon ve sekans primerleri.....	36
Çizelge 3.4. <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri nükleotit dizileme çalışmalarında kullanılan izolat ve en yakın akraba tip türlerinin Genbank numara listesi.....	37
Çizelge 3.5. <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri PZR dizi analiz ürünlerinin elde edilmesinde kullanılan primerler.	39
Çizelge 3.6. <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri PCR reaksiyon şartları.....	40
Çizelge 3.7. <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> , <i>trpB</i> gen bölgeleri baz dizileme analizinde kullanılan oligonükleotit primerler, bu primerlerin nükleotit dizileri..	41
Çizelge 3.8. Nümerik taksonomi çalışmalarında kullanılan birim karakterler	47
Çizelge 3.9. Antimikrobiyal aktivite testi için seçilen patojen organizmalar	55
Çizelge 4.1. İzole edilen organizmalar ve seçici izolasyon besi yerleri.....	58
Çizelge 4.2. Seçici izolasyon besi yerlerinden izole edilen organizmalara ait renk grupları.....	60
Çizelge 4.3. 16S rRNA gen bölgesi dizi analizinde kullanılan primerler.....	62
Çizelge 4.4. 16S rRNA sekans verilerine göre tüm izolatların en yakın tip türleriyle % benzerlik oranları	64
Çizelge 4.5. <i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatlar ve en yakın akraba 3 tip türü	67
Çizelge 4.6. <i>Nocardia</i> cinsine ait izolatlar ve yakın ilk 3 tip türünden oluşan liste.	73

Çizelge 4.7. <i>Nonomuraea</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri.....	76
Çizelge 4.8. <i>Micromonosprora</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri	78
Çizelge 4.9. <i>Actinomadura</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri.....	80
Çizelge 4.10. <i>Amycolatopsis</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri	82
Çizelge 4.11. <i>Cellulosimicrobium</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri.....	83
Çizelge 4.12. <i>Glycomyces</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri	84
Çizelge 4.13. <i>Oerskovia</i> cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri	85
Çizelge 4.14. Taksonomik çalışmalarda kullanılan test izolatları ve yakın akraba tip türleri.....	86
Çizelge 4.15. YC419 ve YC504 izolatların tip türleri ile DNA-DNA hibridizasyon % değerleri	87
Çizelge 4.16. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatların ve tip türlerinin <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> , <i>trpB</i> gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları	92
Çizelge 4.17. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatlarının ve tip türlerinin <i>atpD</i> gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları	93
Çizelge 4.18. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatlarının ve tip türlerinin <i>gyrB</i> gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları	94
Çizelge 4.19. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatlarının ve tip türlerinin <i>recA</i> gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları	95
Çizelge 4.20. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatlarının ve tip türlerinin <i>rpoB</i> gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları	96
Çizelge 4.21. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatlarının ve tip türlerinin <i>trpB</i> gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları	97

- Çizelge 4.22.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları 100
- Çizelge 4.23.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 101
- Çizelge 4.24.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 102
- Çizelge 4.25.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 103
- Çizelge 4.26.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 104
- Çizelge 4.27.*Streptomyces* sp. YC419 izolatının ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 105
- Çizelge 4.28.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları 108
- Çizelge 4.29.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 109
- Çizelge 4.30.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 110
- Çizelge 4.31.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 111
- Çizelge 4.32.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 112
- Çizelge 4.33.*Streptomyces* sp. YC504 izolatının ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 113
- Çizelge 4.34.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları 116
- Çizelge 4.35.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 117

- Çizelge 4.36.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 118
- Çizelge 4.37.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 119
- Çizelge 4.38.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 120
- Çizelge 4.39.*Streptomyces* sp. YC532 izolatının ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 121
- Çizelge 4.40.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları 124
- Çizelge 4.41.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 125
- Çizelge 4.42.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 126
- Çizelge 4.43.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 127
- Çizelge 4.44.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 128
- Çizelge 4.45.*Streptomyces* sp. YC537 izolatının ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 129
- Çizelge 4.46.*Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları 132
- Çizelge 4.47.*Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 133
- Çizelge 4.48.*Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 134

- Çizelge 4.49. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 135
- Çizelge 4.50. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 136
- Çizelge 4.51. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları 137
- Çizelge 4.52. *Streptomyces* sp. YC537 izolatı ve *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T, *Streptomyces beijiangensis* DSM 41794^T, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T en yakın akraba tip türlerinin yağ asiti profilleri 139
- Çizelge 4.53. *Streptomyces* sp. YC504 izolatı ve en yakın akraba tip türü *Streptomyces indicus* DSM 42001^T 'un yağ asiti profilleri 140
- Çizelge 4.54. *Streptomyces* sp. YC419 izolatı ve *Streptomyces vastus* DSM 40309^T en yakın akraba tip türünün yağ asiti profilleri 141
- Çizelge 4.55. Bazı *Streptomyces* cinsi izolatların menakinon yapıları 143
- Çizelge 4.56. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin azot kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testleri 146
- Çizelge 4.57. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin karbon kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testleri 147
- Çizelge 4.58. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin farklı maddeleri degridere edebilme kabiliyetlerini ölçen testler 149
- Çizelge 4.59. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin sıcaklık tolerans ve hidroliz testleri 150
- Çizelge 4.60. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin tuz tolerans testleri 151
- Çizelge 4.61. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin pH tolerans testleri 152
- Çizelge 4.62. Bazı test organizmalarının patojen organizmalara karşı göstermiş olduğu antimikrobiale aktivitenin zon çapları 154

- Çizelge 4.63. Test edilen bazı izolatlar ve en yakın akraba tip türlerinin farklı besiyeri ortamında morfolojik ve kültürel farklılıkları 156
- Çizelge 4.64. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 158
- Çizelge 4.65. *Amycolatopsis* test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 162
- Çizelge 4.66. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 164
- Çizelge 4.67. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 166
- Çizelge 4.68. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 168
- Çizelge 4.69. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri 169

ŞEKİLLERİN LİSTESİ

Şekil	Sayfa
Şekil 4.1. 16S rRNA Gen Bölgesi dizisi verilerine göre belirlenen cinslerdeki tür sayılarının daire grafik olarak gösterilmesi.....	64
Şekil 4.2. <i>Streptomyces</i> cinsi izolatların tamamıyla oluşturulan ve A ve B şeklinde gruplandırılan dendogram	70
Şekil 4.3. A grubu <i>Streptomyces</i> izolatları ve en yakın tip türleri ile çizilen dendogram	71
Şekil 4.4. B grubu <i>Streptomyces</i> izolatları ve tip türleri ile çizilen dendogram.....	72
Şekil 4.5. 16S rRNA sekans analizleri yapılmış <i>Nocardia</i> cinsi izolatlar ve tip türlerinden oluşan filogenetik dendogram.	75
Şekil 4.6. <i>Nonomuraea</i> cinsine ait filogenetik dendogram.....	77
Şekil 4.7. <i>Micromonaspora</i> cinsine ait filogenetik dendogram	79
Şekil 4.8. <i>Actinomadura</i> cinsine ait filogenetik dendogram	81
Şekil 4.9. <i>Amycolatopsis</i> cinsine ait filogenetik dendogram.....	82
Şekil 4.10. <i>Cellulosimicrobium</i> cinsine ait filogenetik dendogram	83
Şekil 4.11. <i>Glycomyces</i> cinsine ait filogenetik dendogram.....	84
Şekil 4.12. <i>Oerskovia</i> cinsine ait filogenetik dendogram	85
Şekil 4.13. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatları ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı.....	90
Şekil 4.14. <i>Streptomyces</i> sp. YC306 ve <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatların <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> , <i>trpB</i> gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram.....	91
Şekil 4.15. <i>Streptomyces</i> sp. YC419 izolatu ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı	98

- Şekil 4.16. *Streptomyces* sp. YC419 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram 99
- Şekil 4.17. *Streptomyces* sp. YC504 izolatı ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı..... 106
- Şekil 4.18. *Streptomyces* sp. YC504 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram 107
- Şekil 4.19. *Streptomyces* sp. YC532 izolatı ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı..... 114
- Şekil 4.20. *Streptomyces* sp. YC532 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram 115
- Şekil 4.21. *Streptomyces* sp. YC537 izolatı ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı..... 122
- Şekil 4.22. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram 123
- Şekil 4.23. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve en yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı..... 130
- Şekil 4.24. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatların *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram. 131

RESİMLERİN LİSTESİ

Resim	Sayfa
Resim 2.1. Yeniçağa Gölü'ne ait uydu görüntüsü	4
Resim 4.1. Bazı seçici izolasyon besi yeri petri plak görüntüleri	57
Resim 4.2. Seçici izolasyon besi yerlerinden saf kültürleri yapılan bazı izolatlar.	61
Resim 4.3. 16S rRNA jel görüntüsü	62
Resim 4.4. Test organizmalarının <i>atpD</i> , <i>gyrB</i> , <i>recA</i> , <i>rpoB</i> ve <i>trpB</i> gen bölgeleri PZR ürünlerinin % 1,5 agaroz jel görüntüsü	88
Resim 4.5. <i>Streptomyces</i> sp. YC419, YC504, YC537 izolatlarına ait şeker profilleri. Std 1: Gal; galaktoz; Ara; arabinoz; Xyl; ksiloz; Std 2: Glu; glikoz; Man, mannoz; Rib, riboz; Rham, ramnoz	138
Resim 4.6. <i>Streptomyces</i> sp. YC419 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin,PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit.....	142
Resim 4.7. <i>Streptomyces</i> sp. YC504 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. L; lipit, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit	142
Resim 4.8. <i>Streptomyces</i> sp. YC537 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. AL; aminolipit, DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit.....	143
Resim 4.9. Bazı test organizmalarına ait fenotipik karakter örnekleri.....	145
Resim 4.10. <i>Amycolatopsis</i> sp. YC111 izolatı ve <i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134 ^T , <i>Amycolatopsis orientalis</i> DSM 40040 ^T , <i>Amycolatopsis regifaucium</i> GY080 ^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü.....	170
Resim.4.11. <i>Streptomyces</i> sp. YC306, <i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatları ve <i>Streptomyces aculeolatus</i> DSM 41644 ^T , <i>Streptomyces synnematoformans</i> DSM 41902 ^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüleri	171
Resim 4.12. <i>Streptomyces</i> sp. YC419 izolatı ve <i>Streptomyces vastus</i> DSM 40309 ^T tip türüne ait 10 farklı besiyeri görüntüleri	172

- Resim 4.13. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve *Streptomyces indicus* DSM 42001^T tip türüne ait 10 farklı besiyeri görüntüleri 173
- Resim 4.14. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ile *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü 174
- Resim 4.15. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü..... 175
- Resim 4.16. *Streptomyces* sp.YC541, *Streptomyces* sp.YC917, *Streptomyces* sp.YC925 izolatları ve *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T tip türüne ait 10 farklı besiyeri görüntüleri 176
- Resim 4.17. *Streptomyces ederensis* DSM 40741^T, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T, tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüleri..... 177
- Resim 4.18. *Streptomyces* sp. YC419 izolatının spor görüntüsü 178
- Resim 4.19. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının spor görüntüsü 179
- Resim 4.20. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının spor görüntüsü 179

SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış bazı simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

Simgeler	Açıklama
A	Adenin bazı
°C	Santigrat derece
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar
g	Gram
G	Guanin bazı
sp.	Tür
spp.	Türler
subsp.	Alttür
T	Timin bazı
M	Molar
m	Metre
mg	Miligram
ml	Mililitre
mm	Milimetre
mM	Milimolar
nm	Nanometre
nt	Nükleotit
C	Sitozin bazı
Tm	Erime sıcaklığı
bç	Baz çifti (DNA)

Kısaltmalar**Açıklama**

ATCC	Amerikan Tip Kültür Koleksiyonu
DAP	Diaminopimelik asit
DDH	DNA-DNA Hibridizasyonu
DNA	Deoksiribonükleik asit
DPG	Difosfatidilgliserol
dNTP	Deoksiribonükleotid Trifosfat
ddH₂O	Deiyonize distile su
DSMZ	Alman Kültür Koleksiyonu
EDTA	Etilendiamin-Tetra-Asetik asit
ISP	International Streptomyces Project
KCTC	Kore Tip Kültür Koleksiyonu
PE	Fosfatidiletanolamin
PI	Fosfatidilinozitol
PIM	Fosfatidilinozitol mannozit
RNA	Ribonükleik asit
rRNA	Ribozomal RNA
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
SEM	Taramalı Elektron Mikroskopu
TE	Tris-EDTA Buffer
TLC	İnce Tabaka Kromatografisi

1 GİRİŞ

Aktinobakteriler; *Actinomycetales* ordosuna dahil olan [Goodfellow ve ark., 1988] yüksek G+C içerikli, gram pozitif bakteriler olup, biyoteknolojik olarak önemli türleri içeren, çok sayıda tanımlanmış tür ve farklı çevresel izolatlardan oluşmaktadır [Hahn ve ark., 2003; Iizuka ve ark., 1998]. Aktinobakteriler; genel olarak toprak organizmaları olarak bilinmektedirler [Goodfellow ve Williams, 1983; Rheims ve ark., 1999].

Aktinobakteriler; immün sistemi baskılayıcı ajanlar [Mann, 2001], antibiyotikler [Strohl, 2004; Berdy, 2005], antitümör ajanlar [Cragg ve ark.,2005], enzimler v.b. gibi biyoaktif sekonder metabolitlerin % 50'den fazlasını sentezleyen organizmalardır [Berdy, 2005]. Aktinobakterilerin biyoteknolojik öneminden dolayı, ilaç geliştirme programlarının genellikle karasal kaynaklardan izole edilen Aktinobakteriler üzerine çalışmalar yapmalarına neden olmuştur. Son yıllarda, karasal kaynaklardan izole edilen aktinobakteri izolatlarında bilinen benzer biyoaktif bileşikler sentezlenmektedir. Bundan dolayı son dönemlerde araştırmacılar yeni ve farklı biyoaktif bileşikleri belirlenmek amacıyla deniz ve tatlı su dip sedimentleri gibi keşfedilmemiş habitatları çalışma alanı olarak seçmektedirler [Fenical ve ark., 1999].

Son yıllarda, suda yaşayan mikrobiyal topluluklarla ilgili yapılan araştırmalar, Aktinobakteri üyelerinin sucul ekosistemlerde de yaygın olduğunu göstermektedir [Methé ve ark., 1998; Crump ve ark., 1999; Rappé ve ark., 1999; Glöckner ve ark., 2000; Selje ve ark., 2005]. 16S rRNA ve FISH tabanlı çalışmalar, Aktinobakteri üyelerinin çeşitli tatlı su habitatlarında yaygın olarak bulunduğunu ve sayısal olarak da diğer bakteri gruplarından fazla olduğunu ortaya koymuştur [Hiorns ve ark., 1997; Denisova ve ark., 1999; Glöckner ve ark., 2000; Zwart ve ark., 2002]. Ayrıca bu araştırmalar ile göllerdeki Aktinobakteriler ile deniz ve toprak Aktinobakterilerinin 16S rRNA genlerinin farklı olduğu belirlenmiştir [Rappe ve ark., 1999]. Tatlı su Aktinobakterileri, göllerin alt tabakalarında da (hipolimnion) bulunur, ancak

yoğunlukları azalan oksijen konsantrasyonlarına bağlı olarak düşer [Allgaier ve Grossart, 2006; Taipale ve ark., 2009]. Aktinobakteriler, oligotrofik [Humbert ve ark., 2009], mezotropik [Zeder ve ark., 2009; Humbert ve ark., 2009; Debroas ve ark., 2009], ötrofik [Wu ve ark., 2007], distrofik [Newton ve ark., 2006] göllerde yaygındır. Aktinobakteriler, genellikle heterotrofik bakterilerin dominant kısmını oluşturur [Urbach ve ark., 2001; Selje ve ark., 2005; Van der Gucht ve ark., 2005; Warnecke ve ark., 2005]. Aynı şekilde Aktinobakteriler dünyada geniş bir dağılıma sahiptir [Newton ve ark., 2011].

Tatlısu Aktinobakterileri, göl ve nehir gibi çeşitli limnetik sistemler yoluyla, küresel olarak çok çeşitli limnolojik özelliklere ayrılmıştır [Hiorns ve ark., 1997; Methé ve Zehr, 1999; Rappé ve ark., 1999; Glöckner ve ark., 2000; Zwart ve ark., 2002; Burkert ve ark., 2003; Haukka ve ark., 2005; Van der Gucht ve ark., 2005]. Sadece 16S rRNA gen sekanslarının karşılaştırılmasına dayanan filogenetik analizler, diğer çevrelerdeki Aktinobakterial sekanslardan net bir şekilde ayrılan tatlısu Aktinobakterilerinin belirgin filogenetik kökenlerini açığa çıkarmıştır. Bu sekanslar, genel olarak dağılmış tatlısu habitatlarından elde edilmiştir. Filogenetik olarak belirgin Aktinobakteri kümelerinin oluşumu ve onların *in situ* aktiviteleri, tatlısu Aktinobakterilerinin limnetik ekosistemin bilinen en eski bileşenleri olduğunun kanıtıdır [Allgaier ve Grossart, 2006]. Aktinobakteri üyeleri sıklıkla sonbahar ve kış aylarının sonlarında maksimum verimliliğe ulaşmaktadır [Glöckner ve ark., 2000; Burkert ve ark., 2003]. Fakat şuan ki tatlısu Aktinobakterilerinin oluşum ve dönemsel dinamikleri hakkındaki mevcut bilgiler sınırlıdır [Allgaier ve Grossart, 2006].

Bu anlamda, son zamanlarda tatlısudaki elde edilen Aktinobakteriyal sekansların çoğunluğunun, henüz kültüre edilmemiş bakterilere ait olması şaşırtıcı değildir. Günümüzde çok az sayıda tatlısu Aktinobakteri izolatu bulunmaktadır. Bu izolatlar, sudaki çok çeşitli habitatlardan elde edilmektedir ve birkaç tatlısu Aktinobakterilerinin filogenetik kökenlerinin temsilcisidir [Watanabe ve ark., 1999; Lüdemann ve Conrad, 2000; Hahn ve ark., 2003; Selje ve ark., 2005]. Fakat az sayıda izolatu bulunması ve

belirgin filogenetik kökenlerle bağlantısı nedeniyle, fizyolojik ve ekolojik rolleri hakkında neredeyse hiçbir şey bilinmemektedir [Allgaier ve Grossart, 2006].

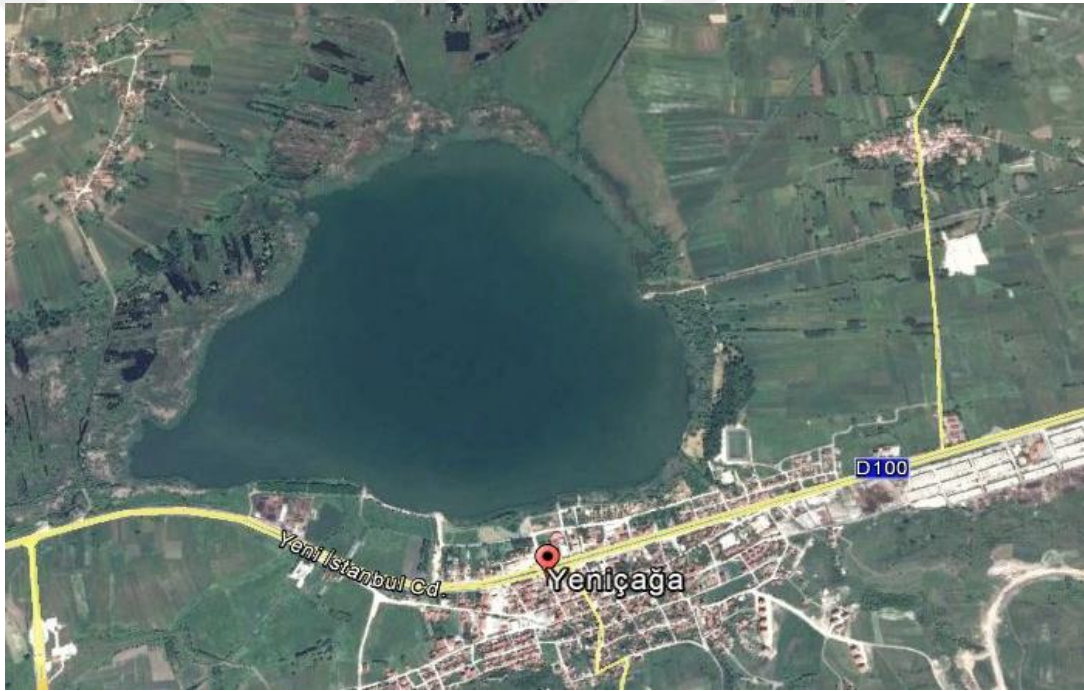
Bu çalışmanın genel olarak amaçları:

- Yeniçağa Gölü sedimentinden seçici izolasyon besi yerleri kullanılarak Aktinobakteri izolasyonunun gerçekleştirilmesi,
- İzole edilen organizmaları; geneotipik, fenotipik ve kemotaksonomik teknikler kullanılarak cins veya tür düzeyinde tanımlanması,
- Yeniçağa Gölü'nün Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin belirlenmesi,
- Eğer çalışmada yeni tür tespit edilmişse polifazik yöntemler kullanılarak yeni tür olduğunun kesinleştirilmesi ve literatüre kazandırılması,
- Türler arası ilişkilerin açıklanmasında 16S rRNA gen bölgesi verilerini desteklemek için; *Streptomyces* cinsi üyelerinde *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizi analizlerinin gerçekleştirilmesidir.

2 KURAMSAL TEMELLER VE KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1 Yeniçağa Göl'ünün Genel Özellikleri

Yeniçağa Gölü, Batı Karadeniz Bölgesi, Bolu ili, Yeniçağa ilçesinde yer alan (40° 46' 45" N, 32° 01' 33" E) tatlısu gölüdür. Ötrofik özellikte olan gölün en derin noktası 5,2 m'dir [Saygı ve Demirkalp, 2004]. Güneyde Koroğlu Dağı (2400 m), kuzeyde ise Gökçeler Dağı (1911 m) ile çevrilidir. Gölün deniz seviyesinden yüksekliği 976 m'dir [Ertan ve ark.,1989].



Resim 2.1. Yeniçağa Gölü'ne ait uydu görüntüsü

Yeniçağa Gölü, Boğazlar (İstanbul ve Çanakkale) üzerinden gelen kuşların göç yolu üzerinde bulunması, göl çevresinin önemli turba yatağı olması ve gölde balıkçılık yapılması nedeniyle oldukça önemli bir sucul ekosistemdir. Yeniçağa Gölü'nde göl ve çevresini kuluçkaya yatmak, konaklamak ve kışlamak amaçlı kullanan 183 kuş türü tespit edilmiştir [Kılıç ve Kasparek, 1989]. Göl ekonomik açıdan da büyük öneme sahiptir.

2.2 *Actinobacteria*

Actinobacteria terimi günümüzde *Actinomycetales* ordosunun filamentli üyelerini tanımlamak için kullanılmaktadır fakat daha önceleri bu grup Actinomycete olarak adlandırılmaktaydı [Ward ve Bora, 2006]. Yunanca kaynaklı olan Actinomycete; 'ışınli-fungus'lar anlamına gelmektedir ve morfolojilerindeki benzerlik funguslarla karıştırılmalarına neden olmuştur [Lechevalier ve Lechevalier, 1981]. Aktinobakteriler çoğunlukla aerobik, dallanmış filamentli hiflere sahip, Gram-pozitif bakteriler olarak tanımlanırlar [Lechevalier ve Lechevalier, 1981].

Aktinobakterilerin çoğu konidia ya da konidiasporları taşıyan aerial miselyumlardan oluşmaktadır. Sporangianın içinde veya filamentlerin sonunda yer alan bu sporlar Sporangiospor olarak isimlendirilir [Prescott ve ark., 2002b].

Bütün Aktinobakteri grupları karakteristik olarak; genomları yüksek G+C (% 50'nin üzerinde) içermektedir [Stackebrandt ve ark., 1997; Prescott ve ark., 2002b]. Aktinobakteriler farklı coğrafik lokasyonların yanında; farklı pH, sıcaklık, basınç ve farklı konsantrasyonlarda tuz içeren kaynaklarda da tespit edilmiştir. Ayrıca Aktinobakteri üyeleri okyanuslardaki ekosistemin büyük bir bölümünü oluşturmaktadırlar. Aktinobakteri üyeleri; deniz yüzey mikroflorasından, sünger gibi deniz hayvanlarından, sedimentlerden, su kolonlarından ve serbest yüzen deniz organizmaları gibi farklı ve geniş ekosistemlerden de izole edilmiştir [Lam, 2006; Ward ve Bora, 2006].

Tabiatta çok geniş bir dağılım gösteren Aktinobakteriler saprofitik özellikleriyle organik bileşikleri parçalayarak ayrıştırırlar ve böylelikle besin döngüsüne katkıda bulunurlar. [Goodfellow ve Williams, 1983; Hasegawa ve ark., 2006]. Bu duruma toprak Aktinobakterileri örnek verilebilir. Yapılan çalışmalarda toprak Aktinobakterilerinin kitin, keratin, selüloz, hemiselüloz, lignin, lignoselüloz ve pektin gibi karmaşık organik bileşikleri parçalama yeteneklerinin olduğu tespit edilmiştir. Bunlardan farklı olarak da pestisit, herbisit, hidrokarbon, petrol gibi farklı bileşiklerin

de topraktan uzaklaştırılmasında rol oynayarak sadece parçalama değil arıtma işlemlerinde de toprağa fayda sağlamaktadırlar [Goodfellow ve Williams, 1983; Jayasinghe ve Parkinson, 2008]. Aktinomisetler suların arıtılma işleminde, fitalat esterlerin ortadan kaldırılmasında, çökeltmenin önlenmesinde, demülsifikasyonun (emülsiyonun ayrılmasına yardımcı olma) gerçekleştirilmesinde rol alırlar. Fakat aynı zamanda boruları tıkayan yoğun köpüklerin oluşmasına da sebep olurlar. [Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Prescott ve ark., 2002b].

Aktinomisetler medikal ve endüstriyel açıdan da oldukça önemlidirler. En fazla antibiyotik üreticisi olarak *Streptomyces* cinsinin üyeleri bilinmekte ve sekonder metabolitlerin yarısından fazlasını üretmektedirler [Watve ve ark., 2001; Busti ve ark., 2006; Marinelli, 2009].

Antibiyotik ve kullanılabilir enzimleri içeren çok çeşitli sekonder metabolit üretmelerinin yanı sıra, patojen etki göstererek bitkilerde, hayvanlarda ve insanlarda çeşitli hastalıklara da sebep olabilirler [Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Prescott ve ark., 2002b]. Bazı Aktinobakteri üyeleride fırsatçı patojendir. Cüzzam, tüberküloz (TB), paratüberküloz, aktinomikozis, mycetoma, allerjik pnömoniler, streptothricosis, nokardiyozis gibi hastalıklar Aktinobakterilerin insanlarda sebep oldukları patojen etkilere örnek olarak verilebilir [Goodfellow ve Williams, 1983; Williams ve ark., 1989; Chun ve Goodfellow, 1995; Prescott ve ark., 2002b]. Birçok Aktinobakteri üyesinin bitkinin iç dokularına endofitik olarak kolonize olup bitkilerle yakın ilişki kurduğu ve bitkiye pek çok yarar sağladığı tespit edilmiştir. Endofitik organizmalar konak bitkiye önemli sekonder metabolitler üretmektedir. Bu sekonder metabolitler içerisinde, mikroorganizma ve böcek öldürücü moleküller [Coombs ve Franco, 2003; Hasegawa ve ark., 2006], bitki büyüme düzenleyicileri [Hasegawa ve ark., 2006; Ryan ve ark., 2008] ve temel vitaminleri bulunmaktadır [Ryan ve ark., 2008]. Aktinobakteri üyeleri aynı zamanda fungus, yeşil alg ve siyanobakteriler gibi başka organizmalarla simbiyotik ilişkiler kurarak likenlerin büyük bir bileşenini oluşturmaktadırlar [González ve ark., 2005].

Actinobacteria, 5 alt sınıf, 6 ordo ve 14 altordo [Ludwig ve ark., 2012; Barka ve ark., 2016] dahil olmak üzere bakteri domaini içerisinde şu ana kadar tanımlanan 18 ana soy arasında en büyük taksonomik birimden birini temsil etmektedir. Bu filumun cinsleri morfoloji, fizyoloji ve metabolik kabiliyetleri bakımından muazzam çeşitlilik gösterir. Aktinobakterilerin taksonomisi, bilgi birikimi ile birlikte zamanla önemli ölçüde gelişmiştir. Buchanan tarafından 1917'de [Buchanan, 1917] kurulan *Actinomycetales* sınıfı, bu prokaryotik organizma grubuna aittir.

Actinobacteria filumu, 16S rRNA gen bölgesi filogenetik ağaçlarındaki dallanma konumu temel olarak tanımlanmıştır. Ancak 16S rRNA dizileri, yakından ilişkili türler veya cinsler arasında iyi ayırım yapamamaya belirsizliğe neden olabilir. Örneğin, *Kitasatospora* cinsinin [Omura ve ark., 1982] *Streptomycetaceae* familyası içindeki taksonomik durumu yıllarca tartışılmıştır [Wellington ve ark., 1992; Zhang ve ark., 1997; Ludwig ve ark., 2012] ancak son zamanlarda ayrıntılı genetik analizler ayrı bir cins olarak değerlendirilmesi gerektiğine dair güçlü kanıtlar sağlamıştır [Girard ve ark., 2014]. *Micromonospora*, *Verrucosipora* ve *Salinispora* arasında da benzer bir yakın ilişki vardır. Bu nedenle, *rpoB* ve son zamanlarda *ssgB* de dahil olmak üzere yakından ilişkili cinsler arasında ayırım yapmak için ilave genetik belirteçler kullanılmaktadır [Girard ve ark., 2013]. Dahası, genom dizisi bilgilerinin erişilebilirliğinde son zamanlarda yapılan geniş çaplı artış, genom hakkında ayrıntılı bilgiler sağlamış, cinslere ve familyaya göre organizmalara özgü genlerin tanımlanmasını mümkün hale getirmiştir [Kirby, 2011].

Filum *Actinobacteria*'nın 16S rRNA ağaçlarına dayanan güncellenmiş taksonomisi yakın zamanda bildirilmiştir [Ludwig ve ark., 2012]. Bu güncelleme alt sınıfların ve altordoların taksonomik safhalarını ortadan kaldırarak; eski alt sınıfları sınıf ve eski altordoları ise ordo safhalarına yükseltmiştir [Gao ve Gupta, 2012]. Filum böylece altı sınıfa ayrılır: *Actinobacteria*, *Acidimicrobiia*, *Coriobacteriia*, *Nitriliruptoria*, *Rubrobacteria* ve *Thermoleophila*. *Actinobacteria* sınıfı, önceden önerilen *Actinomycetales* ve *Bifidobacteriales* ordoları da dâhil olmak üzere 16 ordo içerir [Zhi ve ark., 2009]. Sonuç olarak, *Actinobacteria* filumundaki 53 familyadan 43'ü tek bir

sınıf olan *Actinobacteria* içinde yer alırken, diğer 5 sınıf ile birlikte 10 familyaya sahiptir. [Goodfellow ve ark., 2012].

2.3 Bazı Aktinobakteri Cins ve Genel Özellikleri

2.3.1 *Amycolatopsis* cinsi

Amycolatopsis cinsi, aerobik, gram pozitif, aside dirençsiz, dallanmış substrat hif oluşturan hareketsiz aktinomisetlerden oluşur ve spor zincirleri vejetatif hifler üzerinde meydana gelmektedir. *Amycolatopsis* cinsi, *Actinomycetales* takımının *Pseudonocardiaceae* familyası içerisinde sınıflandırılmaktadır. DNA G+C içeriği % 66-74'tür [Kim ve Goodfellow, 1999]. *Amycolatopsis* cinsi izolatlar genellikle topraktan izole edilmiştir. Ayrıca tatlı sulardan, insan ve hayvan klinik örneklerinden, tuzlu su kaynakları ve mağaralar gibi çevrelerden izole edilmiş izolatlar da bulunmaktadır [Ding ve ark., 2007; Tang ve ark., 2010].

Amycolatopsis cinsi izolatların genel olarak hücre duvar yapısında *mezo*-diaminopimelik asit, şeker olarak galaktoz ve arabinoz bulunmaktadır. Mikolik asit içermezler [Ding ve ark., 2007]. *Amycolatopsis* cinsi üyeleri, düz zincirde, tekli doymamış, *iso*, *anteiso*- ve *10-methyl* dallanmış doymuş yağ asitlerince zengindir [Yassin ve ark., 1993]. Dominant menakinon olarak, MK9 (H₂), MK9 (H₄) ve MK9 (H₅) içermektedir. *Amycolatopsis* suşları, fosfatidiletanolamin ve çeşitli difosfatidilgliserol, fosfatidil inozitol ve fosfatidilinoziol mannozidler oluşumu ile fosfatidil gliserol içerir [Yassin ve ark., 1991]. Cinsin tip suşu *Amycolatopsis orientalis* IMSNU 20058^T'dir [Lechevalier ve ark., 1986]. Günümüzde 70 tane *Amycolatopsis* türü 4 tane de alttürü karakterize edilmiştir [URL-1].

Amycolatopsis suşları, vankomisin ve rifampisin antibiyotiklerinin kaynağı olarak bilinirler ve biyoteknolojik olarak önemli yeni biyoaktif bileşenlerin üreticileri oldukları da bilinmektedir [Tang ve ark., 1998; Wink ve ark., 2003a; Xu ve ark., 2003]. Vankomisin ilk defa *Amycolatopsis orientalis*'den izole edilmiştir. Bu bileşikler

peptidoglikan sentezini inhibe eder, enterococci ve staphylococci kaynaklı bakteri enfeksiyonlarına karşı klinikte kullanılmaktadır. Rifampisin ilk defa *Amycolatopsis mediterranei*'den izole edilmiştir. Bu bileşik DNA-bağımlı RNA sentezini inhibe eden ansamycin antibiyotığıdır. Rifampisin, Gram (+) ve Gram (-) bakterilere karşı aktiftir. Tüberküloz, lepra ve AIDS-ilişkili mikobakteriyal enfeksiyonların [Floss ve Yu, 2005] tedavisinde yaygın olarak kullanılmaktadır.

2.3.2 *Actinomadura* cinsi

Thermomonosporaceae familyasında yer alan *Actinomadura* cinsi ilk olarak Lechevalier ve Lechevalier [1970b] tarafından tanımlanmıştır daha sonra Miyadoh ve Miyara [2001], ve Zhang ve ark. [1998; 2001] tarafından yeniden düzenlenmiştir. *Actinomadura* cinsinin üyeleri aerobik, gram pozitif, asit-fast negatif ve hareketsiz organizmalardan oluşur. DNA G+C içeriği % 66-72 mol'dür [Kroppenstedt ve ark., 1990; Lu ve ark., 2003; Wink ve ark., 2003; Wang ve ark., 2007; Ara ve ark., 2008]. *Actinomadura* üyeleri genellikle kemoorganotrofik organizmalardır, dallanmış substrat misellerine sahiptirler. Tek ya da kısa zincirli 15 veya daha fazla artrosporar taşıyan hava miselyumu bulundurlar. Yüzeydeki spor zincirleri spiral, düz ya da kanca şeklinde farklı uzunluklarda düzenli, pürüzsüz, dairesel sporlara sahiptir [Lu ve ark., 2003; Tseng ve ark., 2009].

Actinomadura üyeleri karakteristik olarak *mezo*-diaminopimelik asit (*mezo*-A_{2pm}) ve tüm hücre hidrolizatında maduroz şekeri bulundurlar (duvar kemotip IIIB) [Lechevalier ve Lechevalier, 1970a]. MK-9(H₄), MK-9(H₆) ve MK-9(H₈) baskın menakinon tipleridir, peptidoglikanlarında asetillenmiş muramik asit içermektedirler. Önemli fosfolipitleri difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozitol (PIM)'tir. Majör yağ asitleri hegzadekanoik (C_{16:0}), 14-metilpentadekanoik (*iso*-C_{16:0}) ve 10-metiloktadekanoik asittir (tüberkülostearik asit) (yağ tip 3a) [Kroppenstedt ve ark., 1990]. Fenotipik, morfolojik ve kemotaksonomik özellikleri kullanılarak günümüze kadar bu cinsin 83 tür ve 2 alt türü tanımlanmıştır [URL-2].

Actinomadura izolatları genel olarak topraktan izole edilmektedir [Quintana ve ark., 2003a; Cook ve ark., 2005; Lee ve Jeong, 2006; le Roes ve Meyers, 2007; Wang ve ark., 2007; Ara ve ark., 2008]. Fakat insan ve bitki kaynaklı izolatlarda mevcuttur. *Actinomadura sputi* IMMIB L-889^T gibi birkaç türü klinik materyallerden izole edilmiştir [Trujillo ve Goodfellow, 1997; Yassin ve ark., 2010]. Çin'in Yunnan Bölgesinde bulunan *Maytenus austroyunnanensis* bitkisinin yapraklarından endofitik *Actinomadura* türü Qin ve arkadaşları tarafından 2009 yılında izole edilmiştir ve *Actinomadura flavalba* olarak adlandırılmıştır. Ayrıca Tayland'daki Avrupa bal arı kovanından *Actinomadura rifamycini* ATCC 33264^T türü izole edilmiştir [Promnuan ve ark., 2009].

2.3.3 *Cellulosimicrobium* cinsi

Cellulosimicrobium cinsi Schumann ve arkadaşları tarafından 2001'de tanımlanmıştır. *Cellulosimicrobium* cinsi, Gram pozitif, sarı renkli, hareketsiz ve çubuk şekli ile karakterize edilir [Schumann ve ark., 2001], *Cellulosimicrobium* cinsi kemoorganotroftur [Stackebrandt ve ark., 1997]. Günümüzde *Cellulosimicrobium* cinsine ait 6 tür bulunmaktadır [URL-3].

Cellulosimicrobium cinsinin türleri; *C. cellulans*, *C. funkei* ve *C. terreum*'dur. Bunlardan *C. cellulans* ve *C. funkei*'nin patojenik olduğu rapor edilmiştir [Heym ve ark., 2005], katalaz pozitifdir [Delpoort ve ark., 2014]. *C. cellulans*, topraktan, çürüyen bitki materyalleri ve kanalizasyon tesislerinden izole edilmesine rağmen sıradışı insan patojenidir. *Cellulosimicrobium* spp. kaynaklı enfeksiyonlar; endokardit, menenjit, keratit, endoftalmit, septik artrit ve kemik iliği transplantasyonu dahil olmak üzere yaklaşık 30 vakada bildirilmiştir. *C. cellulans* enfeksiyonu, genellikle bağışıklığı baskılanmış hastalarda, tümör kaynaklı immün baskılanması, virüs enfeksiyonu sonrası ve nakil sonrası ortaya çıkmaktadır [Delpoort ve ark., 2014].

Cellulosimicrobium sp. kirlenmiş topraktaki rizosfer kolonizasyonu yoluyla altı değerlikli kroma karşı dirençli olduğu bulunmuştur [Chatterjee ve ark, 2009]. Ayrıca

Cellulosimicrobium sp. karbon kaynağından hidrolitik enzimler olan ksilanaz ve selüloz üretebilir ve bu enzimler kağıt endüstrisinde, çamaşırhanelerde ve tarımda daha fazla kullanılabilir [Song ve Wei, 2010].

2.3.4 *Glycomyces* cinsi

Glycomyces cinsi ilk olarak 1985 yılında Labeda ve arkadaşları tarafından tanımlanmıştır, daha sonra Labeda ve Kroppenstedt [2004] tarafından değişiklik yapılmıştır. *Stackebrandtia* cinsini de [Labeda ve Kroppenstedt, 2005] içeren *Glycomycineae* [Stackebrandt ve ark, 1997] alt sınıfına aittir. Tanımlanan türlerin hepsi topraktan izole edilmiştir. *Glycomyces* ait 17 tür tespit edilmiştir [URL-4].

Glycomyces cinsi üyeleri aerobik, Gram-pozitif, asit direnci olmayan, hareketsiz aktinomisetlerdir. Dallanmış substrat miselyum (yaklaşık 0.35-0.5 mm çapında) ve bazı ortamlarda hava miselyum üretebilirler, katalaz pozitif ve mikolik asit yoktur. Tip II hücre duvarı bileşimi mezo-diaminopimelik asit ve glisindir [Potekhina ve ark., 1993]. Karakteristik şeker olarak riboz içerir. Baskın olarak dallanmış yağ asitleri ve fosfolipid içermektedir [Labeda ve Kroppenstedt, 2005].

2.3.5 *Micromonospora* cinsi

Micromonosporaceae familyasına ait olan *Micromonospora* cinsi 1923 yılında Ørskov tarafından tanımlanmıştır [Zhi ve ark., 2009]. Cinsin tip türü *Micromonospora chalcea* ATCC 12452^T'dir. *Micromonospora* cinsinin üyeleri Gram-pozitif ve asit-fast özellik göstermezler, karakteristik hücre duvar polisakarit yapısı arabinoz ve ksiloz'dur [Lechevalier ve Lechevalier, 1970]. *Micromonospora* türlerinde sporlar substrat miselyumunda oluşur ve küresel, oval ya da eliptik yapıda olabilirler [Cross, 1981; Kawamoto, 1989; Koch ve ark., 1996a]. *Micromonospora* cinsi üyelerinde benzer mikroskobik hücre morfolojisi görülür. Organizmalar 0,25-1,5 µm çapında dallanmış, bölmeli hifler oluşturur ve koloniler beyaz, turuncu, gülkurusu veya kahverengi renkte olabilirken, besiyerine çözünür pigment yayan türlerde mevcuttur

[Hirsch ve Valdés, 2010]. Çoğunlukla koloniler ilk olarak hafif sarı ve açık turuncu renkler de oluşurken, koloniler yaşlandıkça renkleri koyulaşır ve koyu turuncu, kırmızı, kahverengi ve siyah renk alabilirler [Vobis, 2006]. *Micromonospora* cinsine ait 76 tür ve 7 alt tür bulunmaktadır [URL-5].

Micromonospora üyeleri *iso-* ve *anteiso-* doymuş yağ asitleriyle birlikte bazı doymamış yağ asitlerini kompleks bir karışım şeklinde bulundurur. Menakinon profilleri oldukça komplekstir; genellikle majör bileşikleri MK-10(H₄) ve MK-10(H₆)'dur. Genel olarak fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozitol (PIM)'tir fosfolipitleri baskın konumdadır ve *Micromonospora* suşları mikolik asit bulundurmaz [Cross, 1981; Kawamoto, 1989; Koch ve ark., 1996a].

Micromonosporaceae üyelerinin hücre morfolojileri yüksek oranda benzerlik gösterdiğinden dolayı diğer cinslere ait üyelerin *Micromonospora* cinsi üyelerden morfolojik olarak ayırımı oldukça zordur. Tanımlama yapabilmek için tür düzeyinde genellikle 16S rRNA ya da *gryB* gen dizi analizleri kullanılmaktadır [Koch ve ark., 1996; Kasai ve ark., 2000].

16S rRNA gen bölgesi ya da *gryB* gen bölgesi dizi analizleri sonucu suşların tür düzeyinde taksonomik konumu belirlenebilir fakat bazı suşların alt tür olarak kabul edilmesi problem oluşturmaktadır. Bu problem DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneylerinin yapılmasıyla ortadan kalkmaktadır. Çok sayıda DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneyinin gerçekleştirilmesi, cins içerisinde tür ayırımında 16S rRNA gen bölgesi verilerine göre *gryB* gen bölgesi verilerinin daha güvenilir sonuçlar verdiğini göstermektedir [Kasai ve ark., 2000].

Micromonospora cinsi açısından 16S rRNA gen bölgesi ve *gryB* gen bölgesi verilerini kıyaslamak gerekirse *Micromonospora* cinsine ait türler arası farklılıkları göstermek için *gryB* gen bölgesi verilerini kullanmak, 16S rRNA gen bölgesi verilerini kullanmaktan daha avantajlı olduğu düşünülmektedir. *gryB* gen bölgesi, 16S rRNA

gen bölgesinden daha az korunduğu için daha fazla değişikliğe uğramış olabileceği ve *Micromonospora* cinsi suşların arasındaki farklılığı daha iyi ortaya koyduğu görüşü ağır basmaktadır [de Menezes ve ark., 2008].

Micromonospora cinsi üyeleri göl, akarsu, derin deniz sedimenti, akuatik kaynaklar, sahil kumu, çeltik tarlaları ve topraktan izole edilmektedirler [Cross, 1981; Kawamoto, 1989]. Ayrıca bitkilerin yapraklarından [Kirby ve ark., 2010], kök nodüllerinden de izole edilen *Micromonospora* örneklerine rastlanmıştır [Garcia ve ark., 2010; Trujillo ve ark., 2006].

Micromonospora üyeleri sahip olduğu hidrolitik enzimler sayesinde organik madde döngüsünde önemli rol oynamaktadır [Songsumanus ve ark., 2013; Gurovic ve ark., 2013; Ren ve ark., 2013]. Sahip olduğu bu hidrolitik enzimlerle selüloz, kitin, lignin ve diğer kompleks polisakkaritleri parçalayabilmektedir [Erikson, 1941; Wilson, 1992; Gacto ve ark., 2000; de Menezes ve ark., 2008].

Ayrıca birçok *Micromonospora* suşu aminoglikozid tipi antibiyotik üreticisi olarak bilinmektedirler [Kasai ve ark., 2000]. Gentamisin (*Micromonospora echinospora*) bunların en iyi bilinen örneklerinden biridir [Cross, 1981]. Antibiyotik üretebilme kabiliyetlerinin yanında bazıları doğal kauçuğu parçalayabilme [Kasai ve ark., 2000] hatta radon ile kirlenmiş su içinde hayatta kalma yeteneğine sahip oraganizmalara rastlanmaktadır [Trujillo ve ark., 2005].

2.3.6 *Nocardia* cinsi

Stackebrandt ve arkadaşları tarafından önerilen *Nocardia* cinsi, *Corynebacterineae* alt takımının bir parçası olan *Nocardiaceae* familyasına aittir [Goodfellow ve Lechevalier, 1989; Gordon ve Mihm, 1957; 1962]. *Nocardiaceae* familyası, 16S rRNA gen bölgesi verilerine göre, kemotaksonomik özelliklere ve önemli ölçüde mikolik asitlerin varlığına göre gruplandırılan, *Nocardia*, *Rhodococcus*, *Gordonia*, *Millisia*, *Skermania*, *Williamsia* ve *Smaragdicoccus* cinslerini içermektedir

[Goodfellow ve ark., 1999; Goodfellow ve Maldonado, 2006; Adachi ve ark., 2007]. *Nocardia* cinsi üyeleri aerobik, dallanmış filamentleri bir arada bulundurarak geniş bir yapı oluşturan, Gram pozitif, hareketsiz, katalaz pozitif, asit alkol direncine sahip olan Aktinobakterilerdir. *Nocardia* cinsi üyelerinde yaklaşık 0,5-1,2 µm çapında farklı morfolojik yapılar görülmektedir [Goodfellow ve Cross, 1984; Conville ve Witebsky., 2010]. Günümüzde *Nocardia* cinsine ait 112 tür kayıt edilmiştir [URL-6].

Nocardia cinsi üyeleri, peptidoglikanın tamamında mezo-diaminopimelik asit varlığı da dâhil olmak üzere çeşitli kimyasal markırlarla karakterize edilir. Karakteristik şekerleri arabinoz ve galaktozdur. Genomik DNA G+C içeriği % 64-% 72 mol aralığına sahiptir [Trevisan, 1889; Lechevalier, 1976; Goodfellow, 1998]. Kemotaksonomik özellikler arasında, hücre duvarında (tip IV) mezo-diaminopimelik asit (mezo-A2pm) bulunmaktadır. Karakteristik fosfolipitleri PII tipleridir; bunlar difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozit (PIM) içermektedir. Yağ asidi profilleri düz zincirli, doymamış ve tüberkülostearik asitlerdir (Tip IV yağ asidi profili). Baskın menakinonları MK-8(H₄) ya da MK-9(H₂)'dir. Mikolik asitleri 40-60 kadar karbon atomu içermektedir [Goodfellow & Lechevalier, 1989].

Nocardia cinsinin üyeleri insan ve hayvan patojenleri olarak bilinirler [Brown-Elliott ve ark., 2006; Ezeoke ve ark., 2013]. *Nocardia*'nın tür zenginliğinin ekolojik ve endüstriyel açıdan doğal yaşam alanları ve farklı kaynaklardan belirlenmesi önemlidir, çünkü cinsin yeni üyeleri nocardicin, tubelactomisin A ve brasiliardin A gibi ticari açıdan önemli biyoaktif bileşikler üretmektedirler. Bunlar da organizmaların yaşam alanlarına göre değişiklik göstermektedir [Aoki ve ark., 1976; Komaki ve ark., 1999; Igarashi ve ark., 2000]. Ayrıca doğal yaşam ortamlarında, özellikle toprakta işlevsel rol oynadıkları da bilinmektedir [Maldonado ve ark., 2000]. Bazıları topraktan izole edilmiş olsalar da önemli bir kısmı klinik örneklerden izole edilmiştir. Bazı türlerinin ise insanlarda ve bazı hayvanlarda patojen etki gösterdiği düşünülmektedir [Goodfellow ve Lechevalier, 1989; Chun ve Goodfellow, 1995]. *Nocardia* enfeksiyonunun insanlarda neden olduğu hastalıklardan birisi actinomycete

mycetoma'dır. Bu hastalığa *Nocardia brasiliensis* ve *Nocardia transvalensis* türleri sebep olmaktadır. Diğeri ise nocardiosis'dir ve bu hastalığa ise *Nocardia asteroides*, *Nocardia farcinica* ve *Nocardia nova* türleri sebep olmaktadır [Chun ve Goodfellow, 1995].

2.3.7 *Nonomuraea* cinsi

Nonomuraea cinsi, 1998 yılında Zhang ve arkadaşları tarafından *Streptosporangiaceae* ailesinin bir üyesi olarak önerildi. *Nonomuraea* cinsinin üyeleri, aerobik, Gram pozitif, asit direnci olmayan, hareketsiz Aktinobakteriler olup, bunlar yaygın olarak dallanmış bir substrat ve hava miselyumu oluştururlar. Hava miselleri kıvrımlı, spiral veya düz spor zincirlerinden oluşur ve sporların yüzeylerinde katlanmış, düzensiz, pürüzsüz veya pürüzlü süslemeler görülür. *Nonomuraea* cinsi, kemotaksonomik olarak hücre duvarında mezo-diaminopimelik asit bulunur, tüm hücre hidrolizatlarında karakteristik şeker olarak maduroz bulunur. Günümüzde *Nonomuraea* cinsine ait 47 tür ve 2 tane de alt tür bulunmaktadır [URL-7].

Majör yağ asitleri C_{17:0} 10-methyl ve iso-C_{16:0} dallanmış zincirli yağ asitleri ile karakterize edilir, dokuz izopren birimi ve büyük miktarda difosfatidilgliserol, hidroksillenmiş fosfatidiletanolamin, karakterize edilmemiş glikolipidler ve bir glukozamin içeren fosfolipid içerir. Baskın bulunan menakinonları MK-9 (H₀), MK-9 (H₂), MK-9 (H₄)'tür [Nonomura ve Ohara, 1971; Zhang ve ark., 1998; Quintana ve ark, 2003]. *Nonomuraea* cinsinin tip türü *Nonomuraea pusilla* NRRL B-16126^T'dir [Zhang ve ark., 1998].

2.3.8 *Oerskovia* cinsi

Oerskovia cinsi daha önce *Nocardia* cinsi içerisinde yerleştirilmiştir [Erikson, 1954] fakat 1970 yılında Prauser ve arkadaşları tarafından tekrar tanımlanmıştır. *Oerskovia* cinsi, hareketli ve dallanmış hiflere sahip, sarı pigmentli, Gram pozitif organizmalardan oluşur. Bu hifler hareketli ve çubuk şeklindedir, hava miselyumu yoktur ve hücre duvar kompozisyonu tip VI ile karakterize edilir [Sukapure ve ark., 1970]. Tip VI hücre duvarına sahip diğer aktinomisetler arasında *Actinomyces*, *Rothia*, *Arthrobacter* ve *Promicromonospora* cinsleri bulunur. Bunlardan *Oerskovia*'ya benzerlik gösteren tek takson Krasilnikov ve arkadaşları tarafından 1961'de tanımlanan *Promicromonospora*'dır. Bu organizma önceleri, toprak, alüminyum ve kuru çayır kaynaklarından tanımlanmıştır. Son 20 yılda klinik kaynaklardan izole edilmiş bir dizi hareketli, gram pozitif, spor oluşturmeyen, sarı pigment üreten organizmalar tanımlanmıştır. Günümüzde *Oerskovia* cinsine ait 5 tane tür tespit edilmiştir [URL-8].

2.3.9 *Streptomyces* cinsi

Streptomyces cinsi, *Actinomycetales* takımında yer alan *Streptomycetaceae* familyasının gram pozitif aerobik üyelerinden oluşmaktadır [Stackebrandt ve ark., 1997]. Tip türü *Streptomyces albus* ATCC 25426^T'dir. *Streptomyces* üyeleri Gram-pozitif, asit-fast olmayan, katalaz pozitif ve aerobik organizmalardır. Geniş ölçüde karbon ve azot kaynaklarını kullanabilirler. Dallanmış vejetatif miseller üretirler ve nadir olarak fragment oluşturmaktadırlar. Hava miselleri, koloniler olgunlaşırken çok çekirdekli hava filamentlerinde üretilirler [Anderson ve Wellington, 2001]. Spor zincirlerinin morfolojisi düz ve dalgalı, çengel, spiraller olarak tanımlanabilmektedir. Spor yüzey şekilleri tüysü, düz, dikensi, girintili-çıkıntılı ya da siğilli olabilmektedir. Bazı türlerde çok çeşitli renklerde pigment üretimi görülmektedir. Olgun hava misellerinin renkleri mavi, gri, yeşil, kırmızı, menekşe, beyaz ya da sarı olabilir. [Kutzner, 1981; Williams ve ark., 1989; Anderson ve Wellington, 2001]. Günümüzde *Streptomyces* cinsine ait 821 tür ve 38 alt tür tespit edilmiştir [URL-9].

Streptomyces üyelerinin karakteristik kemotaksonomik özelliği hücre duvarında glisin ile LL-DAP bulunması ve hücre duvarında tanısız hiçbir şeker bulunmamasıdır. Ayrıca suşlarda mikolik asitte bulunmaz. Dominant menakinonları; dokuz izopren üniteli hekza- ya da okta-hidrojenaz'dır. Majör yağ asidi profilleri; doymuş *iso-* ve *anteiso-* yağ asitleridir. Hücre membranlarının fosfolipit içerikleri fosfatidilgliserol (PG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozitol (PIM) (PII tip fosfolipitler)'dir [Kutzner, 1981; Williams ve ark., 1989; Anderson ve Wellington, 2001].

Streptomyces cinsi üyeleri genellikle topraklardan izole edilmektedirler fakat sucul ve karasal yaşam alanlarında da geniş dağılım gösterdiği düşünülmektedir [Kutzner, 1981; Williams ve ark., 1989]. Bu farklı izolasyon kaynaklarına; kompost ve gübre yığınları, hayvan yemleri, akarsu, göl ve sedimentleri örnek verilebilir [Kutzner, 1981]. Ayrıca bitkilerin kök, yaprak ve sapsarı [Hasegawa ve ark., 2006]; hastalıklı bitki, insan ve hayvan örnekleri [Kutzner, 1981; Williams ve ark., 1989] süngerler vb. denizel organizmalar [Ganghimathi ve ark., 2008; Xin ve ark., 2008], termitlerin bağırsakları da [Watanabe ve ark., 2003] örnek verilebilir.

Akuatik kaynakların çevresinde gerçek akuatik streptomisetlerin olup olmadığı ya da bunların karasal kaynaklardan taşınıp taşınmadığı ile ilgili çok sayıda tartışma mevcuttur [Ward ve Bora, 2006; Williams, 2008]. Bununla birlikte günümüzde bu organizmaların aslında sucul habitat mikroflorasının bir parçası olduğuna ve organik maddenin ayrıştırılmasına aktif olarak katkı sağladığına inanılmaktadır [Williams, 2008].

Streptomyces üyeleri bitkilerde farklı hastalıklara sebep olduğu bilinmektedir. *Streptomyces* türlerinden kaynaklanan bitki hastalıklarına örnek vermek gerekirse; *Streptomyces scabies* [Williams ve ark., 1989; Hammerschmidt, 2007], *Streptomyces stelliscabiei*, *Streptomyces europaeiscabiei*, *Streptomyces turgidiscabies* veya *Streptomyces acidiscabies* türleri patates ve kazık köklü sebzelerde [St-Onge ve ark., 2008] uyuz hastalığına neden olmaktadır. Bu hastalık patates üretimi yapılan

ülkelerin kuru alkali nötral topraklarında görülmekte ve patates yumruları üzerinde yüzeysel ya da derin lezyonlar meydana getirmektedir [Williams ve ark., 1989]. Ayrıca *Streptomyces* türleri tarafından üretilen thaxtomin adı verilen toksin yumrulara doku nekrozuna sebep olmaktadır [Hammerschmidt, 2007; St-Onge ve ark., 2008], kızıl uyuz kahverengi renkte pürüzlenme şeklinde görülür ve aşırı nemli topraklarda meydana gelmektedir [Williams ve ark., 1989]. *Streptomyces ipomoea* türünde tatlı patateslerin çürümesinde etken rol oynamaktadır. [Kutzner, 1981].

Streptomyces üyelerinde insan patojenlerine örnek vermek gerekirse; insanlardan izole edilen *Streptomyces somaliensis* ve *Streptomyces sudanensis* [Quintana ve ark., 2008] derialtı dokusunda granülomatöz enfeksiyonuna neden olan insan patojenleri olarak bilinirler. *Streptomyces willmorei*, *Streptomyces albus*, *Streptomyces griseus* ve *Streptomyces violaceoruber* dış çürüğü, karaciğer streptotrikosi ve kan örnekleri gibi kaynaklardan izolo edilen klinik örneklerdir [Kutzner, 1981; Williams ve ark., 1989].

Hayvanlardan izole edilen *Streptomyces* türlerine örnek olarak; *Streptomyces griseus* türünün neden olduğu misetoma iri burunlu sirk yunuslarında ve kedilerde enfeksiyonlara neden olmaktadır [Williams ve ark., 1989]. Ayrıca hasta bir ineğin kanından *Streptomyces albus*'un bir suşu izole edilmiştir [Kutzner, 1981].

Günümüzde ticari ve tıbbi olarak kullanılan antibiyotiklerin [Kieser ve ark., 2000] ve tarımsal açıdan önemli bileşiklerin [Okami ve Hotta, 1988] dörtte üçünün *Streptomyces* türlerinden elde edildiği bilinmektedir. *Streptomyces* türleri antibakteriyel, antifungal, antitümör [Berdy, 2005], böcek öldürücü, anti-parazitik [Pimentel-Elardo ve ark., 2010], antiviral [Sacramento ve ark., 2004], çürüme önleyici [Xu ve ark., 2010], herbisitler [Sousa ve ark., 2008] gibi farklı bileşiklerin yanında, enzim inhibitörleri [Hong ve ark., 2009] ve vitaminler [Atta, 2007] gibi farklı biyoaktif ajanları da sentezleyebilmektedirler. Bundan dolayı endüstriyel açıdan önemli mikroorganizmalar olarak kabul edilmektedirler [Tamehiro ve ark., 2003]. Bu özellikler *Streptomyces* cinsi üyelerini endüstriyel ve akademik açıdan önemli bir araştırma konusu yapmaktadır [Tanaka ve Omura, 1993].

2.4 Bakteriyel Taksonomide Polifazik Yöntemler

Doğadaki organizmaların; filogenetik olarak yakınlığı bulunan diğer organizmalar ile bilinen veriler doğrultusunda sınıflandırılmasını sağlayan ve filogenetik konumu hakkında bilgi veren bilim dalına taksonomi denir. Taksonomi geniş bir bilgi ağını organize etmektedir [Sohier ve ark., 2008].

Bakterilerin karakterize edilmesi ve sınıflandırılmasında farklı alanlardan verilerin toplanması yaklaşımına ise polifazik taksonomi denilmektedir. Polifazik taksonomi fenotipik, kemotaksonomik ve genotipik karakteristikleri içermektedir [Gevers ve ark., 2005; Ludwig, 2007].

2.4.1 Nümerik Taksonomi

Moleküler tekniklerdeki ilerlemelerden önce bakteriyel taksonomi yalnızca fenotipik özelliklerin karşılaştırmalı çalışmalarına dayanmaktaydı. Bu klasik karakteristik özellikler bakteriyel sınıflandırmada, bakterilerin tanımlanmasında ve ayrıştırılmasında sağladığı bilgilerle günümüzde de önemli bir rol oynamaktadır.

Bakterilerin sınıflandırılmasında kullanılan klasik yöntemlerden biri morfolojik testlerdir. Spor morfolojisi, koloni morfolojisi ve rengi, hücre boyama durumları, hücre şekli ve boyutu, hücrelerin hareket özellikleri, organizmaların flagella veya silia bulundurması, organizmaların spor bulundurması ve spor yapıları morfolojik karakterleri oluşturmaktadır [Prescott ve ark., 2002a].

Büyüme parametreleri pH, sıcaklık ve tuz toleransı gibi, farklı karbon ve azot kaynaklarını kullanabilme yeteneği, farklı besinsel ortamları degrade edebilme yeteneği, sekonder metabolitlerin üretimi ve metabolik inhibitörler veya antibiyotiklere olan direnç duyarlılık durumu fiziksel karakteristیکler olarak verilebilir. Bakterileri karakterize etmek için rutin olarak kullanılan fizyolojik testlerin geniş bir

aralığı vardır ve çok çeşitli bilgiler vermektedir [Busse ve ark., 1996; Prescott ve ark., 2002a]. Cinslerin karakterize edilmesi özel testlerin kullanılmasına bağlıdır.

2.4.2 Kemotaksonomi

Kemotaksonomi terimi farklı kimyasal bileşenler ya da bakteriyel hücrelerin kemotaksonomik markırları ile ilgili bilgi toplanması için analitik metotların uygulanmasını ifade etmektedir. En yaygın olarak kullanılan kimyasal markırlar peptidoglikan, polar lipitler, yağ asitlerinin oranı ve kompozisyonu, lipopolisakkarit, izoprenoid kinonlar gibi hücre duvar/membran bileşenlerinden oluşmaktadır. [Prakash ve ark., 2007]. *Ad hoc* komitesi önemli kemotaksonomik verilerin yeni bir taksanın oluşturulmasını desteklemek için gerekli olduğunu ve aynı familya üyeleri arasında tutarlı olması gerektiğini belirtmektedir [Wayne ve ark., 1987].

Yağ asitleri hücrelerde lipitlerin en önemli bileşenlerinden biridir ve genellikle sitoplazmada ve dış membranda yer almaktadır. Genellikle fosfolipitler ve lipoteikoik asitler Gram-pozitif bakterilerde, lipopolisakkaritler ve fosfolipitlerin bileşenleri gibi Gram-negatif bakterilerde rastlanmaktadır [Busse ve ark., 1996]. Yağ asitlerinin bazı tiplerinin varlığı ve hücrede bulunan miktarı türlerin tanımlaması ve sınıflandırılmasında kullanılmaktadır [Huys ve ark., 1994; Busse ve ark., 1996].

Respiratuar izoprenoit kinonlar; hem hücrel membranların bileşenidir hem de elektron taşıma zincirinde görev almaktadırlar. İzoprenoit birimlerinin sayısı ve izoprenit yan zincirlerinin uzunluğu türler arasında karakteristik özellik göstermektedir bundan dolayı bakteriyel tanımlamalarda kullanılmaktadırlar [Busse ve ark., 1996].

Bakteriyel membranların ana bileşeni olan polar lipitler genelde iki yağ asitine bağlanarak oluşan polar gruplardan meydana gelmektedir. Polar lipitler çok farklı tiplerde bulunabilir. Fosfolipitler, ornitin veya serin içeren polar lipitler ve fosfor içermeyen glikolipitler örnek verilebilir. Polar lipitler bazı taksonomik grupların

karakteristiđi olabilmektedir. Örneđin; Gram-pozitif bakterilerin farklılaşması ve tanımlanması için kullanılan beş tanınmış fosfolipit örneđi (PI-V) bulunmaktadır [Busse ve ark., 1996].

Bakteri hücre duvarı; peptidoglikan tabakalarındaki muramik asit ve glikozamin ve farklı şekerler bulunmaktadır. Hücre duvarlarının şeker bileşenlerinin karşılaştırılması bakterilerin tanımlanması ve sınıflandırılması için önemli bilgi sağlamakta ve Gram-pozitif bakterileri tanımlamakta yaygın olarak kullanılmaktadır [Busse ve ark., 1996].

2.4.3 Moleküler yöntemler

2.4.3.1 16S rRNA gen sekansı ve DNA-DNA hibridizasyon yöntemi

Bakteriyel taksonomide artan moleküler yöntemlerin kullanımı organizmaların filogenetik ilişkilerini belirlemek için referans olarak tüm DNA dizilerinin kullanılabilir olduđu *ad hoc* komitesi tarafından kabul edilmiştir [Wayne ve ark., 1987]. Protein kodlayan gen bölgeleriyle ilgili yapılan çalışmalar organizmaların filogenetik yakınlığı hakkında güvenilir bilgi sağlamakta ve bu nedenle de bakteriyel taksonomide yoğun bir şekilde kullanılmaktadır [Prescott ve ark., 2002a]. Bakteriyel taksonomide kullanılan en önemli gen bölgesi 16S rRNA gen bölgesidir. 16S rRNA gen bölgesi protein sentezinde kullanılan bakterilerin yaşamını sürdürebilmeleri için gerekli olan ve yüksek derecede korunmuş bir moleküler yapıdır. Günümüzde 16S rRNA gen bölgesi sekansına dayanan analizler bakteriyel taksonominin en önemli kısmını oluşturmaktadır [Ludwig, 2007]. Sekanslama ve dizileme metotlarının yaygın olarak kullanılmaya başlanması bakterilerin akrabalığını değerlendirmek için 16S rRNA gen bölgesi dizi benzerliğinin geliştirilmesine imkan sağlamıştır [Stackebrandt ve ark., 2002].

16S rRNA gen sekansının dışında DNA-DNA hibridizasyon yöntemi de bakteriyel taksonomide önemli veri kaynağı olarak kullanılmaktadır. DNA-DNA hibridizasyon yöntemleri 1970 yılından bu yana prokaryotlar arasındaki akrabalığı belirlemek için

kullanılmakta ve DNA benzerliklerini belirlemek için bilinen en güvenilir yöntemler arasındadır [Wayne ve ark., 1987; Gevers ve ark., 2005; Sohier ve ark., 2008]. % 70 ve üzeri DNA-DNA hibridizasyon oranı organizmaların aynı genomik türlere ait olup olmadığını belirlemek için kullanılmaktadır [Stackebrandt ve Ebers, 2006; Ludwig, 2007; Staley, 2009].

16S rRNA gen bölgesi sekans verileri ile DDH verileri kıyaslandığında; DDH verilerine göre % 70'den daha fazla benzerliğe sahip olan suşlar % 97'den daha büyük 16S rRNA gen bölgesi sekans benzerliğine sahiptir [Gevers ve ark., 2005; Sohier ve ark., 2008].

Taksonomik tanımlamalarda 'altın standart' olarak 16S rRNA gen bölgesi sekansı ve DDH yöntemi kullanılmaktadır [Stackebrandt ve Ebers, 2006; Ludwig, 2007]. Fakat DDH çalışmalarında; DNA konsantrasyonu, DNA fragmentlerinin saflığı ve büyüklüğü, inkübasyon sıcaklığı, farklı RNA seviyelerinin varlığı gibi parametreler hibridizasyon deneylerinin sonuçlarını etkilemektedir [Goris ve ark., 2007; Ludwig, 2007]. DDH sadece yakın akraba türleri belirlemek için kullanılır fakat uzak akraba olan organizmaları belirlemek için kullanılamaz. 16S rRNA gen bölgesi sekans karşılaştırmaları ise yakın akraba türler ve tür içi ayırimda çok kullanışlı değildir [Konstantinidis ve Tiedje, 2007] fakat cins düzeyinde ki belirlemelerde oldukça kullanışlıdır [Keswani ve Whitman, 2001].

2.4.3.2 Multi gen dizi analizi (MLSA)

Ad hoc komitesi filogenetik sistematikte tür ve tür altı seviyelerde genomik ilişkilerin ortaya konmasında; 16S rRNA geninin yanı sıra hücre metabolizmasında temel fonksiyonlara sahip olan gen bölgelerinin de kullanılabileceğini savunmaktadır [Stackbrandt ve ark., 2002]. *Ad hoc* komite bakteriyolojide tür tanımlamalarında housekeeping (kontrol) genlerinin kullanılmasını desteklemiştir [Stackebrandt ve ark., 2002]. Tür ve tür üstü seviyede 16S rRNA gen dizilerinin dışında protein kodlayan *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gibi kontrol gen bölgelerinin çalışılarak oluşturulan

verilerin analizi önerilmektedir [Coenye ve LiPuma, 2002]. Bu DNA gen bölgelerinin her genomda tek kopya halinde bulunması, horizontal gen transferinin gerçekleşmemesi, moleküler filogeni oranlarının 16S rRNA'dan daha yüksek olması, bakteri türlerinin tamamında bulunması gibi özelliklere sahip olması gerekmektedir [Harayama ve Kasai, 2006]. Multi gen dizi analizi, multi gen dizi tiplendirmesinden (MLST) köken almaktadır. Multi gen dizi tiplendirmesi öncelikle alttür seviyesinde prokaryot gruplarının çalışılması için geliştirilmiş ve epidemiyolojik çalışmalarda uygulanmıştır [Maiden ve ark., 1998]. Bir multi gen bölgesi çalışmasında kullanılacak oligonükleotitlerin 16S rRNA bölgesinden daha yüksek özgüllüğe sahip olması gerekmektedir [Yamamoto ve Harayama, 1995].

Yapılan MLSA çalışmalarında ulaşılan sonuçlar DNA:DNA hibridizasyon sonuçlarıyla tutarlı olduğundan türlerin tanımlanması için kabul edilebilir bir yöntem olarak değerlendirilmektedir [Antony-Babu ve ark., 2008; Guo ve ark., 2008; Rong ve ark., 2009; Rong ve Huang, 2010].

atpD gen bölgesi

atpD gen bölgesi multi gen dizi analizi çalışmalarında çok sık kullanılan gen bölgelerinden biridir. ATP-sentaz enzimi, adenozin trifosfat sentezini gerçekleştirerek hücrenin kullanabileceği enerji formuna dönüştüren enzimdir ve ATPaz enziminin F1 kompleksi β altünitesini *atpD* gen bölgesi tarafından kodlanmaktadır [Martens ve ark., 2008]. ADP + Pi'den ATP oluşumunu F1 kompleksi tarafından katalizlenmektedir. F1 kompleksi α , β , δ , γ ve ϵ alt birimlerinden oluşmaktadır [Fillingame ve ark., 1986; Angov ve ark., 1991]. F1 kompleksinin en korunaklı bölgesi ise γ alt birimini sentezleyen bölgesidir [Feniouk ve Junge, 2005].

gyrB gen bölgesi

gyrB gen bölgesi filogenetik çalışmalarda yoğun şekilde kullanılan bir gen bölgesidir. Son zamanlarda *gyrB* gen bölgesi *Actinobacteria* sınıfı içerisinde yer alan *Amycolatopsis*, *Gordonia*, *Kribbella*, *Micromonospora*, *Nocardia*, *Nocardiopsis* ve *Streptomyces* cinslerinin üyelerini sınıflandırmak ve 16S rRNA gen tabanlı filogenetik gruplandırma çalışmalarını desteklemek için kullanılmaktadır [Kirby ve ark., 2010; Kasai ve ark., 2000]. *gyrB* gen bölgesi, DNA giraz enziminin β alt ünitesini kodlayan gen bölgesidir [Huang, 1996]. DNA giraz enzimi bir topoizomerez enzimidir ve DNA'da negatif veya pozitif süper katlanmalara neden olmaktadır. Tüm bakteri grupları arasında evrensel durumdadır [Harayama ve Kasai, 2006]. *gyrB* gibi protein kodlayan genler, 16S rRNA geninden çok daha fazla ayırım sağlayabilmekte ve bu nedenle de yakın akraba türleri ayırt etmede daha çok fayda sağlamaktadır [Kirby ve ark., 2010].

recA gen bölgesi

recA gen bölgesi multilokus dizi analiz çalışmalarında çok fazla kullanılan gen bölgelerinden bir diğeridir. *recA* gen bölgesi rekombinaz enziminin α alt ünitesini kodlamakta ve bakterilerde evrensel olarak bulunmaktadır. Hücrede gerçekleşen; hücre bölünmesi, tamir, rekombinasyon, mutagenез ve faj indüksiyonu gibi birçok önemli hücresel fonksiyonda görev alan önemli bir protein *recA* gen bölgesi tarafından kodlanmaktadır [Thompson ve ark., 2008].

Yapılan araştırmalar sonucunda 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizleri sonucu oluşturulan filogenetik dendogramlar ile *recA* gen bölgesi nükleotit dizi analizleri sonucu oluşturulan filogenetik ağaçlar karşılaştırılmış ve filogenetik ağaçlar arasında büyük oranda uyum olduğu tespit edilmiştir [Lloyd ve Sharp, 1993].

rpoB gen bölgesi

RNA polimeraz, *rpoA*, *rpoB* ve *rpoC* gen bölgeleri tarafından kodlanmaktadır ve *rpoB* gen bölgesi RNA polimeraz enziminin beta alt ünitesini kodlayan orijin bölgedir. RNA polimeraz enzimleri tüm canlılarda evrensel olduğundan filogenetik çalışmalarda kullanılması uygun görülmektedir [Morse ve ark., 1996]. *rpIL*, *rpoB* ve *rpoC* operonları ile RNA polimeraz β alt ünitesini kodlayan *rpoB* gen bölgesi kontrol edilmektedir [Taillardat-Bisch ve ark., 2003]. RNA polimeraz β alt ünitesinin bakteriyel sekonder metabolizmadaki yapı ve fonksiyonu arasında bir ilişki olduğu yapılan mutasyon çalışmaları ile belirlenmiştir [Tala ve ark., 2009].

Genellikle *rpoB* temelli filogenetik analizler 16S rRNA gen bölgesi çalışmalarıyla uyumludur, fakat *rpoB* filogenetik ağaçları daha yüksek bootstrap değerleri vermektedir [Adékambi ve ark., 2008]. *rpoB* gen bölgesi ve 16S rRNA gen bölgesi temelli çalışmalar karşılaştırıldığında *rpoB* gen bölgesi çalışmalarının çok sayıda avantajı olduğu belirlenmiştir. 16S rRNA gen bölgesinin bakteriyel genomlarda çok sayıda kopyası bulunması, türden türe bu kopya sayısının değişiklik göstermesi ve bazı genomlarda farklı 16S rRNA gen bölgesi kopyaları arasında sekans farklılığının görülmesi *rpoB* gen bölgesi çalışmalarını daha avantajlı yapmaktadır [Walsh ve ark., 2004; Pei ve ark., 2010].

Yapılan bazı çalışmalarda *Bacillus*, *Burkholderia*, *Borellia*, *Escherichia*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas*, *Salmonella* ve *Shigella* cinsi üyesi türlerle 16S rRNA ve *rpoB* gen bölgesi nükleotid dizi analizi sonuçları ile DNA:DNA hibridizasyonu sonuçlarını karşılaştırılmış ve *rpoB* gen bölgesinin DNA:DNA hibridizasyon yöntemine alternatif olarak filogenetik çalışmalarda kullanılabileceği belirlenmiştir [Adékambi ve ark., 2008].

Nükleik asit sekansı dizi çalışmaları tür ve alt-tür düzeyinde ayırım sağlarken, *rpoB* gen bölgesinin dizi çalışmaları domain ya da filum gibi daha yüksek taksonomik

düzeylerin ayrımının yapılmasında kullanılabilmektedir [Volokhov ve ark., 2007; Adékambi ve ark., 2008].

trpB gen bölgesi

Multi gen dizi analizi çalışmalarında kullanılan gen bölgelerinden bir diğeri de *trpB* gen bölgesidir. *trpB* gen bölgesi triptofan sentaz enziminin β alt ünitesini kodlayan gen bölgesidir. Triptofan sentaz ve triptofan biyosentetik aşamasında görev alan diğerk enzimler, bitki ve mikroorganizmalarda bulunurken hayvanlarda bulunmayan enzim türlerindedir [Eckert ve ark., 2000].

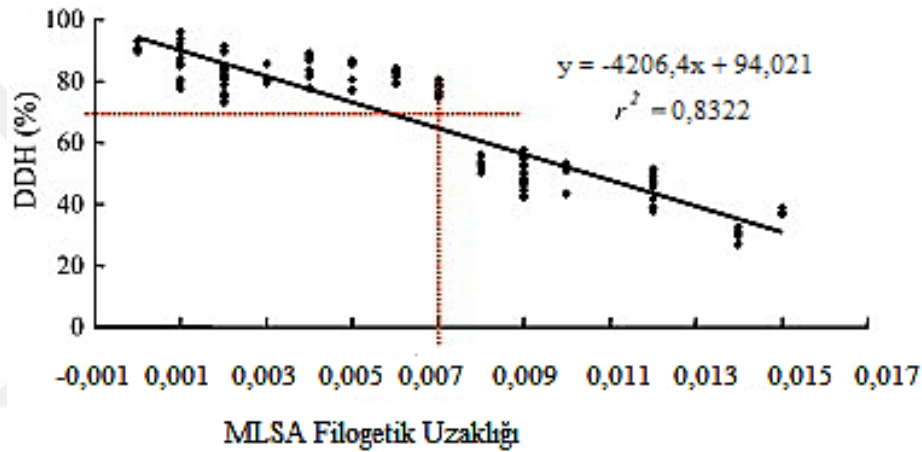
Triptofan sentaz enzimi sırasıyla *trpB*, *trpA* olmak üzere iki gen bölgesi ile katalizlenir [Yanofsky ve ark., 1981]. Triptofan sentaz enzimini kodlayan genler, *Saccharomyces cerevisiae* [Zalkin ve Yanofsky, 1982], *Neurospora crassa* [Burns ve Yanofsky, 1989] ve *Coprinus cinereus* [Skrzynia ve ark., 1989] organizmalarından klonlanmıştır.

Multi gen dizi analizine dayalı bazı çalışmalara bakıldığında bitki patojeni olan *Streptomyces scabiei*, *Streptomyces acidiscabies*, *Streptomyces europaeiscabiei*, *Streptomyces luridiscabiei*, *Streptomyces niveiscabiei*, *Streptomyces puniscabiei*, *Streptomyces reticuliscabiei*, *Streptomyces stelliscabiei*, *Streptomyces turgidiscabies* ve *Streptomyces ipomoeae* tip türlerini, bu türlerin temsilci suşlarını ve diğerk 53 türü içeren bir çalışma yapmıştır. Bu çalışmada organizma gruplarının *atpD*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri ile multi gen dizi analizleri gerçekleştirmiş ve kıyaslamalar yapmıştır. Bu çalışma sonucunda DNA:DNA hibridizasyonuna ihtiyaç olmaksızın bitkide patojen suşların tanımlamasının yapılabileceği sonucuna ulaşmıştır [Labeda 2011].

Bir başka çalışmada Rong ve Huang [2012]'de *Streptomyces hygroscopicus* türünün 16S rRNA gen kümesine ait 58 organizma ile *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleriyle multi gen dizi analizi çalışması yapmıştır. MLSA filogenetik uzaklık ile DNA:DNA hibridizasyon deneyleri sonuçlarına göre kıyaslamalar yapmış ve bir

grafik elde etmiştir. Bu grafik yorumlandığında MLSA filogenetik uzaklığı 0.007 ve altındaki değerlere sahip türler arasında DNA:DNA hibridizasyon değeri % 70'in üzerinde sonuçlanmaktadır. MLSA filogenetik uzaklığı 0.007 üstündeki değerlerde (0,008, 0,009, 0,012, 0,014 ve 0,015 değerlerinde) ise DNA:DNA hibridizasyon değeri % 70'in altında sonuçlar elde edilmiştir.

Çizelge 2.1. *Streptomyces hygroscopicus* 16S rRNA gen kümesi organizmaların MLSA filogenetik uzaklık ve yüzde DNA:DNA homolojisi karşılaştırması [Rong ve Huang, 2012].



Sonuç olarak multi gen dizi analizi çalışmalarının DNA:DNA homolojisi yöntemine alternatif olarak kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Bu çalışma kapsamında, pozitif taksonomi basamaklarını oluşturan bilgiler doğrultusunda Yeniçağa Gölü'nün Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin belirlenmesi için izolasyon, amplifikasyon, farklı DNA gen bölgeleri sekans çalışmaları, kemotaksonomik analizler ve nümerik taksonomik yöntemler kullanılmıştır.

3 MATERYAL VE METOT

3.1 Yöntem

3.1.1 Sediment Örneklerinin Kaynağı

Bu çalışma için Bolu ili Yeniçağa ilçesinde bulunan Yeniçağa gölünden sediment örnekleri alınmıştır. Sediment örnekleri gölün ilçeye yakın sahil şeridinden, kıyıya 5 metre uzaklık ve 1 metre derinlikten $40^{\circ} 46' 23''$ K ve $32^{\circ} 01' 48''$ D koordinatından alınmıştır. Yeniçağa Gölü $40^{\circ} 42' / 40^{\circ} 51'$ kuzey paralelleri ve $31^{\circ} 55' / 32^{\circ} 10'$ doğu enlemleri arasında yer almaktadır. Sediment örnekleri 1 Mart 2014 tarihinde alınmıştır.

3.1.2 Aktinomisetlerin İzolasyonu ve Seçici İzolasyon Besi Yerleri

Bu çalışmada aktinomiset izolasyonu için 10 farklı seçici izolasyon besiyeri kullanılmıştır. Besi yerlerinde istenmeyen organizmaların üremesini önlemek için antibiyotik ve gelişimlerinde aktifliği artırmak amacıyla B vitamini takviye edilmiştir. Bu doğrultuda on farklı seçici izolasyon besiyeri kullanılmıştır. Bu besiyerleri ve içerdikleri seçici ajanlar:

- **SM1 Stevenson's medium [Tan ve ark., 2006]**

Neomycine (4 $\mu\text{g/ml}$), Cycloheximide (50 $\mu\text{g/ml}$), Nystatin (50 $\mu\text{g/ml}$)

- **SM2 Stevenson's medium [Tan ve ark., 2006]**

Neomycine sulphate (4 $\mu\text{g/ml}$), Cycloheximide (50 $\mu\text{g/ml}$), Nystatin (50 $\mu\text{g/ml}$)

- **SM3 Medium-Gauze's medium [Tan ve ark., 2006]**

Rifampicin (20 $\mu\text{g/ml}$), Nystatin (50 $\mu\text{g/ml}$), Nalidixic acid (10 $\mu\text{g/ml}$)

- **Marine Agar [Buck ve Cleverdon, 1960]**

Cycloheximide (50 $\mu\text{g/ml}$)

- **Humik asit vitamin Agar [Taechowisan ve ark., 2003]**

B vitamini, Cycloheximide (50 $\mu\text{g/ml}$), Nalidixic acid (10 $\mu\text{g/ml}$)

- **M1 Agar [Mincer ve diğ., 2002]**

Cycloheximide (100 µg/ml), Rifampicin (5 µg/ml)

- **Nocardia Agar [Sanglier ve diğ., 1992]**

Nystatin (50 µg/ml), Cycloheximide (50 µg/ml)

- **R2A Agar [Reasoner ve Geldreich, 1985]**

Cycloheximide (50 µg/ml)

- **NBRC Medium 802 [Hamada ve diğ., 2009]**

Cycloheximide (50 µg/ml)

- **Starch-Casein medium [Küster ve Williams, 1964]**

Nystatin (50 µg/ml), Cycloheximide (50 µg/ml)

Bu araştırmada dilüsyon plak yöntemi kullanılarak Aktinobakteri'lerin izolasyonu gerçekleştirildi [Waksman, 1927]. Laboratuara getirilen sediment örneklerinden her set için 1 gram tartılarak, içerisinde steril 9 ml ringer çözeltisi bulunan cam şişelere aktarılarak her bir set için 10^{-1} solüsyonlar hazırlandı. Şişeler; 30-45 dakika sediment kolloidlerine tutunmuş olan mikroorganizma sporlarını ve misellerini ayırmak amacıyla hafif şekilde alt-üst edilerek çalkalandı. Bu işlemde sonra 10^{-1} solüsyon şişelerinde vejetatif formların kontaminasyona sebep olmasını önlemek amacıyla, şişeler 20 dakika 55°C 'ye ayarlanmış su banyosunda bekletildi. Her bir sediment örneği, vortex karıştırıcı (Fisons Scientific Apparatus Ltd., Loughborough, Leicestershire, England, UK) ile karıştırılarak homojen hale getirildi ve otomatik pipet (P1000: Axygen Inc, 33210 Central Avenue, Union City, CA 94587 USA) yardımıyla aseptik koşullarda 1 ml alınarak steril ve içinde 9 ml ringer çözeltisi bulunan cam tüplere aktarıldı. Bu uygulamayla 10^{-2} 'lik sediment solüsyonu elde edildi. Aynı şekilde 10^{-3} lük sediment solüsyonu da hazırlandı. Hazırlanmış olan 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3} lük solüsyonlardan otomatik pipet ile 0,2 ml alınıp, seçici izolasyon besiyerlerinin yüzeyine eklendi ve steril öze kullanılarak yayma plak yöntemi ile inoküle edildi [Waksman, 1927]. Her bir dilüsyon için 3 plak hazırlandı ve 28°C 'de 30 gün süreyle inkübasyona bırakıldı.

3.1.3 Aktinobakterilerin seçimi ve saflaştırılması

28 °C’de 30 gün inkübasyona bırakılan seçici izolasyon besiyerlerinden; suşların koloni morfolojilerine dikkat edilerek, aktinomiset olabilecek koloniler belirlendi. Seçilmiş olan koloniler, steril kürdan ile alınarak sikloheksimid (50 µg/ml) ilaveli yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar [ISP 2; Shirling ve Gottlieb, 1966] besiyeri yüzeyine çizgi ekim yapıldı.

3.1.4 İzolatların kültürlenmesi ve stoklanması

İzolatlar lokalite ve besiyerine göre numaralandırılmış olup stoklanmak için % 25’lik gliserol içeren, steril edilmiş vidalı kapaklı tüplere aktarıldı. Stok tüpleri -20°C’de muhafaza edildi.

3.1.5 Genomik DNA izolasyonu

Test için kullanılan izolatların DNA izolasyonu, Pitcher ve ark. [1989] tarafından tanımlanan “Guanidin thiosiyanat DNA izolasyon” metodu ve DNA izolasyon kiti (İnvitrogen, PureLink® Genomic DNA Kit) kullanılarak gerçekleştirildi.

3.1.5.1 DNA izolasyonu için hücre pelletinin elde edilmesi

Uygun besiyerlerinde saf kültürler halinde geliştirilen test organizmaları aseptik koşullar altında aynı besiyerinin sıvısına inoküle edilerek çalkalamalı inkübatörde (Excella, New Brunswick Scientific Co, Inc, NJ) 28°C’de 10 gün 180 devirde geliştirildi. Her bir sıvı kültürden steril otomatik pipetler ile 1 ml alınarak steril 1,5 ml’lik eppendorflara transfer edildi ve 13000 rpm’de 5 dk santrifüj edilerek hücre pelleti çöktürüldü. Çöken hücre pelletinin üst kısmında kalan sıvı faz uzaklaştırıldı. Aynı işlem yeterli hücre pelleti (yaklaşık 300-400 µg) elde edilinceye kadar tekrarlandı. Sonrasında steril TE tamponu ile en az 2 kez yıkandı ve hücre pelletleri DNA izolasyonuna kadar -20°C’de saklandı.

Uygulama: Guanidin thiosiyanat DNA izolasyon metodu ile;

1. Hücre pelletleri -20 °C'de ki saklama bölümünden çıkarılarak buzları çözülene kadar oda sıcaklığında bekletildi. Buzları çözülen hücre pelleti üzerine 100 µl TE tamponu (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8) eklendi. Sonrasında kültür 13000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Daha sonra tamponun bulunduğu üst faz eppendorf tüpten otomatik pipet ile uzaklaştırıldı.
2. TE ile seyreltilmiş, 50 mg/ml⁻¹ lizozim (Sigma) içeren tampon -20°C'den alınarak içerisinde 100 µl lizozim, organizma kültürü içeren eppendorf tüpe aktarıldı. Otomatik pipet ile homojenize edilerek 37°C'de bir gece boyunca inkübe edildi.
3. Bir gece inkübasyon sonrasında, 500 µl guanidin thiosiyanat karışıma ilave edildi ve liziz işlemi için 37 °C'de 10 dk inkübe edildi ve sonrasında 5 dk buzda soğutuldu.
4. Lizata 250 µl 7,5 M amonyum asetat ilave edilirdi ve birkaç defa tüp alt üst edilerek 10 dk buzda soğumaya bırakıldı.
5. Lizata 500 µl kloroform-izoamil alkol (24:1 v/v) ilave edildi ve birkaç defa tüp altüst edilerek 13000 rpm'de 10 dk santrifüjlendi.
6. Santrifüj sonrası süpernatant otomatik pipet yardımı ile steril yeni bir eppendorf tüpe transfer edildi ve 540 µl soğuk izo-propanol ilavesi ile DNA'nın çökmesini takiben 13000 rpm'de 5 dk santrifüj edildi.
7. İzo-propanol dikkatli bir şekilde otomatik pipet ile uzaklaştırıldı. 100-150 µl soğuk % 70'lik etanol ilave edilerek 13000 rpm'de 5 dk santrifüj edildi. Bu işlem 2 defa tekrarlandı. İki kez alkol yıkamasından sonra alkol uzaklaştırıldı ve kapaklar açık bırakılarak yaklaşık 20 dk desikatöre kurumaya bırakıldı.
8. 90 µl TE tamponu DNA pelletine ilave edilerek 5 dk bekletildi.
9. 10 µl RNAaz ilave edilerek 37 °C'de 1 saat inkübasyon sonrasında 20 µl proteinaz K eklendi ve 37 °C'de bir gece boyunca inkübasyona bırakıldı.
10. 10 µl 8 M LiCl₂ takiben üzerine 130 µl fenol-kloroform-izo-amil alkol ilave edildi ve 13000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Santrifüj sonrası üst faz steril yeni eppendorf tüplere aktarıldı.

11. Ayrıca, 130 µl kloroform-izo-amil alkol (24:1 v/v) ilave edildi ve 13000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Santrifüj sonrası üst faz steril yeni ependorf tüplere aktarıldı.
12. Toplam hacmin 2,5 katı olacak şekilde izo-propanol ilave edildi ve tüpler altüst edilerek 13000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Alkol, otomatik pipet ile uzaklaştırıldı.
13. 100 µl % 70'lik etanol ilave edilerek 13000 rpm'de 5 dk santrifüj edildi ve alkol uzaklaştırıldı. Bu işlem bir defa daha tekrarlandı.
14. DNA pelleti oda sıcaklığında 20 dk bekletilerek kurutuldu ve 30-50 µl ddH₂O ilave edilerek oda sıcaklığında 15 dk süspanse edildi ve -20°C'de gereksinim duyulana kadar stoklandı.
15. Gerçekleştirilen DNA izolasyonunda DNA'nın varlığının kontrolü için % 1'lik agaroz jel (30 ml 1xTBE tampon, 0,3 g agaroz) hazırlandı. Hazırlanan jele DNA yüklemesi yapıldı ve elektroforez tankına yerleştirilen DNA yüklü agaroz jel 100 voltta 30 dakika yürütüldü ve UV transillüminatör'de (Vilber Lourmat, UV) DNA varlığı kontrol edildi. Görüntüleme sisteminde (DNR Minilumi Bio Imaging System) fotoğraflandı ve kaydedildi.

Uygulama: DNA İzolasyon Kiti ile,

1. Önceden -20 °C de korunan hücre pelletleri oda sıcaklığında çözülmeye bırakıldı. Çözülen hücre pelletlerinin üzerine 180 µl Lizozim Sindirim Tamponu ilave edildi. Kısa süre vortekslenerek homojenize hale getirildi ve hücre pelletleri bir gece 37 °C de bekletildi.
2. Lizozim ilaveli pellete 2 µl triton x ilave edilerek 30 dakika 37 °C de bekletildi.
3. 20 µl Proteinaz K eklendi ve kısa vortekslemeyle iyice karıştırıldı.
4. 20 µl RNaz eklenerek kısa vortekslenerek karıştırıldı.
5. 200 µl PureLink Genomik Lysis/Binding Buffer eklenir ve kısa vortekslendi.
6. 55 °C'de 30 dakika bekletildi.
7. Lizata 200 µl % 96-100'lük etanol eklendi ve homojen bir çözelti elde etmek için kısa vortekslenerek iyice karışması sağlandı.

8. Paketten her organizma lizatı için bir PureLink Toplama Tüpü içerisinde Spin Kolon çıkarıldı.
9. Pureling Genomik Parçalama/Bağlama Tamponu ve etanolle hazırlanan lizat (yaklaşık 640 µl) PureLink Spin Kolona aktarıldı.
10. Lizatın aktarıldığı PureLink Spin Kolon oda sıcaklığında 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.
11. Santrifüjden sonra toplama tüpü atılıp, spin kolon temiz bir PureLink Toplama Tüpüne yerleştirildi.
12. Kolona, yıkama tampon 1'den (daha önceden etanol ilave edilen) 500 µl eklendi.
13. Yıkama tampon 1 ekli kolon oda sıcaklığında 13000 rpm'de 1 dakika santrifüjlendi.
14. Santrifüjden sonra toplama tüpü atıldı ve spin kolon temiz bir toplama tüpüne yerleştirildi.
15. Kolona önceden etanol ilave edilerek hazırlanan Yıkama Tamponu 2'den 500 µl eklendi.
16. Kolon oda sıcaklığında 13000 rpm'de 3 dakika santrifüj edildi ve toplama tüpü atıldı.
17. Spin kolonu temiz bir 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi.
18. Kolona 50-100 µl arasında PureLink Genomik Ayırma Tamponu eklendi.
19. Oda sıcaklığında 1 dakika bekletildi. Kolon oda sıcaklığında 13000 rpm'de 1 dakika santrifüj edildi.
20. 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüpü saf DNA'yı içermektedir.
21. Saflaştırılan DNA -20 °C de saklandı.

3.1.5.2 DNA izolasyon kontrolü

İzolasyon sonucunda saf olarak elde edilen DNA örnekleri geleneksel bir yöntem olan agaroz jel elektoroforezi kullanılarak kontrol edilmiştir. % 1'lik agaroz jel hazırlarak içerisine florasan özellik göstererek DNA örneklerinin görünür hale gelmesini sağlayan etidyum bromür (5 mg/ml) ilave edilmiştir. Agaroz jele DNA örnekleri

yüklenerek 100 voltta 30 dakika yürütüldü. Sonrasında UV transillüminatör'de (Vilber Lourmat, UV) DNA varlığı kontrol edildi.

3.1.6 16S rRNA'nın PZR amplifikasyonu

Daha öncesinde test organizmalarından saf olarak elde edilmiş DNA örneklerinin 16S rRNA genini kodlayan DNA bölgesinin amplifikasyonu amaçlanmış ve bu çalışma doğrultusunda evrensel iki primer [27f: 5'-AGA GTT TGA TCM TGG CTC AG-3' ve 1525r: 5'-AAG GAG GTG WTC CAR CC-3'; Lane, 1991] kullanılmıştır. PZR reaksiyonu için hazırlanan bütün stok solüsyonlar steril ddH₂O ile hazırlandı. Stok solüsyonlar kontaminasyon riskinin ortadan kaldırılması amacıyla küçük miktarlarda (25-100 µl) steril ependorf tüplere ayrıldı ve kullanıma kadar -20°C'de saklandı.. 16S rRNA'nın polimeraz zincir reaksiyon işlemleri 0,2 ml'lik PZR tüplerinde Termal Cyclers (MyGenie-96 Gradient Thermal Cyclers, Korea)'da yapılmıştır.

Hazırlık:

1. DNA (50-100 ng)
2. GoTaq® Hot Start Colorless Master Mix
3. Primer stoklar (10 µM)
 - 27f (forward primer: 16S rDNA'nın başlangıç bölgesine bağlanan evrensel primer, 5'-AGAGTTTGATCMTGGCTCAG-3')
 - 1525r (reverse primer: 16S rDNA'nın son bölgesine bağlanan evrensel primer 5'-AAGGAGGTGWTCARCC-3')
4. ddH₂O

Uygulama:

Çizelge 3.1. Bir örneğin PZR amplifikasyonu için kullanılan 50 µl ölçüdeki bir reaksiyon karışımı

DNA	1-5 µl
27f	0,5-5,0 µl
1525r	0,5-5,0 µl
GoTaq® Hot Start Colorless Master Mix	25 µl
ddH ₂ O	21 µl

1. Reaksiyon karışımından kullanılacak olan materyallerin hesabı yapıldı.
2. Sonrasında ayrı olarak her bir örnek için DNA örnekleri 1-5 µl olacak şekilde steril 0,2 ml'lik PZR tüplerinin içerisine transfer edildi.
3. Reaksiyon karışımı 1,5 ml'lik PZR tüplerinde her bir örnek için toplam hacim (1-5 µl'lik DNA miktarıda göz önüne alınarak) 50 µl olacak şekilde hazırlandı.
4. Sonrasında 0,2 ml'lik PZR tüplerine buz üzerinde transfer edildi.
5. Transfer işleminden hemen sonra PZR reaksiyonu (MyGenie-96 Gradient Thermal Cycler, Korea) Çizelge 3.2'deki şartlarda başlatıldı.
6. PZR gerçekleştirildikten sonra 3 µl PZR ürünü, % 1'lik agaroz jele yüklendi ve elektroforezde yürütülerek kontrol edildi.

Çizelge 3.2. 16S rRNA gen bölgesi PZR reaksiyon şartları

Denatürasyon	Amplifikasyon			Bitiş	Soğuma
	Denatürasyon	Bağlanma	Uzama		
95 °C	95 °C	55 °C	72 °C	72 °C	25 °C
15 dk	1 dk	1 dk	3 dk	10 dk	1 dk
1 döngü	35 döngü			1 döngü	1 döngü

3.1.6.1 16S rRNA PZR Ürünlerinin Dizi Analizi

16S rRNA PZR ürünleri 16S rRNA gen bölgesinin dizi analizi için beş primer ile (Çizelge 3.3) ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer (PE Applied Biosystems) otomatik dizi analizi cihazı kullanılarak dizileme işlemi Macrogen Inc., Güney Kore’de gerçekleştirildi.

Çizelge 3.3. 16S rRNA gen bölgesi amplifikasyon ve sekans primerleri

Primer kodu	Sekans dizisi (5'-3')	Büyüklik	Referans
518F	CCAGCAGCCGCGGTAAT	17	Buchholz-Cleven ve ark., 1997
Mg3f	CTACGGGRSGCAGCAG	16	Chun, 1995
800R	TACCAGGGTATCTAATCC	18	Chun, 1995
Mg5f	AAACTCAAAGGAATTGACGG	20	Chun, 1995
Mg6f	AAGGAGGTGWTCARCC	17	Lane, 1991

M; adenin veya sitozin, R; adenin veya guanin, S; guanin veya sitozin, W; adenin veya timini ifade eder.

3.1.6.2 16S rRNA Gen Dizisi Verilerinin Analizi

ABI formatındaki kromatogram dosyaları Chromas versiyon 1.7.5 (C.McCarthy, School of Health Sciences, Griffith University, Queensland, Australia) programı kullanılarak birleştirildi. EzTaxon server [URL-10; Kim ve ark., 2012] kullanılarak izolatların en yakın akraba organizmalarla olan 16S rRNA nükleotit benzerliği belirlendi. Filogenetik analizler için MEGA 7.0 programı [Kumar ve ark., 2016], hizalama için de aynı programın CLUSTAL W seçeneği kullanıldı.

3.2.7.3 Filogenetik dendogramların oluşturulması

16S rRNA sekans analizi filogenetik dendogramları neighbour-joining [Saitou ve Nei, 1987] algoritması kullanılarak oluşturuldu. Neighbour-joining algoritması için evrimsel uzaklık matrisi olarak Jukes ve Cantor [1969] metodu izlenerek gerçekleştirildi. Filogenetik analizler için PHYDIT paket programı kullanıldı tekrarlı olarak MEGA 7,0 paket programında elde edildi.

3.1.6.3 DNA-DNA homolojisi

16S rRNA dizi analizlerine göre en yakın filogenetik akrabası ile nükleotit farklılığı en fazla ve dizi farklılığı % 97'den daha yüksek olan izolatlardan başlamak üzere yeni tür olma ihtimali yüksek izolatların DNA-DNA homoloji deneyleri Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü Gen Mühendisliği Ana Bilim Dalı laboratuvarında gerçekleştirildi.

3.1.7 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* *trpB* gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu

Streptomyces cinsine ait olan 9 test izolatu ve 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre en yakın tip türlerinden Genbankta 5 gen bölgesine ait dizi verileri bulunmayan *atpD* için 11 tip türü, *gyrB* için 10, *recA* için 11, *rpoB* için 5 ve *trpB* için 11 tip türü DSMZ (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen) kültür koleksiyonundan temin edilerek *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizileme çalışmaları yapıldı. Dizi analizleri yapılan izolat ve tip türlerinin listesi Çizelge 3.4'de verildi.

Çizelge 3.4. *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizileme çalışmalarında kullanılan izolat ve en yakın akraba tip türlerinin Genbank numara listesi

	<i>atpD</i>	<i>gyrB</i>	<i>recA</i>	<i>rpoB</i>	<i>trpB</i>
<i>Streptomyces</i> sp. YC306	KU323828	KU356944	KU518256	KU518275	KU518288
<i>Streptomyces</i> sp. YC419	KU323827	KU356945	KU518258	KU518276	KU518289
<i>Streptomyces</i> sp. YC504	KU323833	KU721028	KU518259	KU518277	KU518290
<i>Streptomyces</i> sp. YC512	KU323830	KU356946	KU518260	KU518278	KU518291
<i>Streptomyces</i> sp. YC532	KU323831	KU356947	KU518261	KU518279	KU518292
<i>Streptomyces</i> sp. YC537	KU323829	KU356948	KU518262	KU518280	KU518293
<i>Streptomyces</i> sp. YC541	KU323826	KU518247	KU518263	KU518281	KU518294
<i>Streptomyces</i> sp. YC917	KU323825	KU518248	KU518264	KU518282	KU518295
<i>Streptomyces</i> sp. YC925	KU323823	KU518250	KU518265	KU518283	KU518296
<i>S. aculeolatus</i> DSM 41644 ^T	KU323836	KU518251	KU518266	KU518286	KU518297
<i>S. amakusaensis</i> DSM 40219 ^T	KU323837	KU721025	KU518267	KJ996727	KU518298
<i>S. aurantiacus</i> DSM 40412 ^T	HQ014981	JQ838219	HQ015013	HQ015045	HQ014949
<i>S. beijiangensis</i> DSM 41794 ^T	KU721032	KU721026	KU721030	KU721035	KU721036

Çizelge 3.4 (Devam). *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizileme çalışmalarında kullanılan izolat ve en yakın akraba tip türlerinin Genbank numara listesi

<i>S. ederenis</i> DSM 40741 ^T	HQ014963	JQ838217	HQ014995	HQ015027	HQ014931
<i>S. eurocidicus</i> DSM 40604 ^T	KU323838	AB072847	KU518273	KJ996400	KU518299
<i>S. glomeroaurantiacus</i> DSM 41782 ^T	KU323840	KU518252	KU518268	KJ996734	KU518300
<i>S. indicus</i> DSM 42001 ^T	KU323841	KU518253	KU518269	KU518285	KU518301
<i>S. inusitatus</i> DSM 41441 ^T	KU323839	KU721029	KU518270	KU518284	KU518302
<i>S. lavendofoliae</i> DSM 40217 ^T	HQ014958	JQ838212	HQ014990	HQ015022	HQ014926
<i>S. michiganensis</i> DSM 40015 ^T	KU323835	KU518254	KU518271	KJ996444	KU518303
<i>S. phaeochromogenes</i> DSM 40073 ^T	HQ014951	JQ838189	HQ014983	EU621820	HQ014919
<i>S. synnematoformans</i> DSM 41902 ^T	KU721033	---	KU721031	KU721034	KU721037
<i>S. tauricus</i> DSM 40560 ^T	HQ014965	JQ838190	HQ014997	HQ015029	HQ014933
<i>S. umbrinus</i> DSM 40278 ^T	HQ014953	JQ838207	HQ014985	HQ015017	HQ014921
<i>S. vastus</i> DSM 40309 ^T	KU323834	KU518255	KU518276	KJ996240	KU518304
<i>S. xanthochromogenes</i> DSM 40111 ^T	KU323832	KU721027	KU518272	KJ996774	KU518305

3.1.7.1 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonu

atpD, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin reaksiyon işlemleri 0,2 ml'lik PZR tüplerinde Thermal Block (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea)'da yapıldı. 9 adet test organizması ve her bir izolatın en yakın akraba türleri olan toplamda 11 türün *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerini kodlayan DNA bölgesinin amplifikasyonu için Çizelge 3.5'de verilen primerler kullanıldı.

Hazırlık:

1. Primer stoklar (20 µM, Biotech)
2. 5-10 µl ddH₂O içinde çözülmüş, yüksek oranda saf genomik DNA (50-300 ng)
3. Master mix GoTaq®Hot Start Colorless (Promega, M714)
4. Steril ddH₂O

Çizelge 3.5. *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR dizi analiz ürünlerinin elde edilmesinde kullanılan primerler [Carro ve ark., 2012].

Primer Kodu	Sekans Dizisi (5'-3')	Bağlanma Sıcaklığı	Ürün Büyüklüğü
<i>atpDPF</i>	GTCGGCGACTTCACCAAGGGCAAGGTGTTCAACACC	63	998
<i>atpDPR</i>	GTGAACTGCTTGGCGACGTGGGTGTTCTGGGACAGGAA	63	998
<i>gyrBPF</i>	GAGGTCGTGCTGACCGTGCTGCACGCGGGCGGCAAGTTCGGC	65	1305
<i>gyrBPR</i>	GTTGATGTGCTGGCCGTCGACGTCGGCGTCCGCCAT	65	1305
<i>rpoBPF</i>	GAGCGCATGACCACCCAGGACGTCGAGGC	65	994
<i>rpoBPR</i>	CCTCGTAGTTGTGACCCTCCCACGGCATGA	65	994
<i>trpBPF</i>	GCGCGAGGACCTGAACCACCCGGCTCACACAAGATCAACA	66	822
<i>trpBPR</i>	TCGATGGCCGGGATGATGCCCTCGGTGCGCGACAGCAGCAGCA	66	822
<i>recAPF</i>	CCGCRCTCGCACAGATTGAACGSCAATTC	60	913
<i>recAPR</i>	GCSAGGTCGGGGTTGTCCTTSAGGAAGTTGCG	60	913

Uygulama:

1. Master mix ve primer solüsyonları -20°C'den çıkarılarak buz üzerinde çözdürüldü.
2. PCR amplifikasyonu yapılan 50 µl'lik bir reaksiyonluk karışımı

DNA (50-100 ng)	1 µl
Gen bölgesi için uygun forward primer (20 µM)	1 µl
Gen bölgesi için uygun reverse primer (20 µM)	1 µl
DMSO	5 µl
ddH ₂ O	17 µl
Master mix GoTaq®Hot Start Colorless (Promega, M714)	25 µl
Toplam	50 µl

3. 0,2 ml'lik PCR tüplerine 1 µl DNA ilave edildi.
4. Uygun forward ve reverse primerlerinden 1 µl PCR tüpüne eklendi.
5. 5 µl dimethyl sulfoxide (DMSO) ilave edildi
6. Tüpe 17 µl ddH₂O ilave edildi.
7. Her bir reaksiyon tüpüne 25 µl master mix ilave edildi ve her gen bölgesi için ideal bağlanma sıcaklıklarına göre PZR reaksiyonu (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea) gerçekleştirildi. PZR reaksiyon şartları Çizelge 3.6'da belirtildi.

Çizelge 3.6. *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR reaksiyon şartları

Denatürasyon	Amplifikasyon			Bitiş	Soğuma
	Denatürasyon	Bağlanma	Uzama	Uzama	
95°C	95°C	50-62°C	72°C	72°C	25°C
9 dk	1 dk	1 dk	2 dk	7 dk	1 dk
1 döngü	35 döngü			1 döngü	1 döngü

3.1.7.2 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonlarının kontrolü

Amplifikasyon ürünleri % 1,5'lik agaroz jelde PZR markör (Biolabs, 1kb) ile birlikte 100 voltta 40 dakika yürütülerek UV-transillüminatörde (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel) kontrol edildi. UV-transillüminatörde istenilen büyüklükte bantların oluştuğu gözlemlendi ve görüntü kaydedildi.

3.1.7.3 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin dizi analizi

atpD, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin baz dizilimi, her bir gen bölgesi için 2 oligonükleotit primer kullanılarak MacroGen firması tarafından ABI 3730XL (otomatik baz dizileme) cihazı ile okundu. Çizelge 3.7'de *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin baz dizileme analizinde kullanılan oligonükleotit primerler, bu primerlerin nükleotit dizileri verilmiştir.

Çizelge 3.7. *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri baz dizileme analizinde kullanılan oligonükleotit primerler, bu primerlerin nükleotit dizileri [Guo ve ark., 2008].

Primer Kodu	Sekans dizisi (5'-3')
<i>gyrBF</i> -1	GAGGTCGTGCTGACCGTGCTGCA
<i>gyrBR</i> -4	CGCTCCTTGTCTCGGCCTC
<i>rpoBF</i> 1	TTCATGGACCAGAACAACC
<i>rpoBR</i> 1	CGTAGTTGTGACCCTCCC
<i>trpBF</i>	GGCTCACACAAGATCAACAA
<i>trpBR</i>	TCGATGGCCGGGATGATGCC
<i>recAF</i>	ACAGATTGAACGGCAATTCG
<i>recAR</i>	ACCTTGTTCTTGACCACCTT
<i>atpDF</i>	ACCAAGGGCAAGGTGTTCAA
<i>atpDR</i>	GCCGGGTAGATGCCCTTCTC

3.1.7.4 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* bölgelerine dayalı verilerin analizi ve filogenetik dendogramların oluşturulması

9 izolat ve beş gen bölgesi nükleotit dizi verileri Genbank'a deponize edilmemiş 11 tip türünün *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin sekans analizleri gerçekleştirildi. Sekanslama işlemi tamamlandıktan sonra izolatlar ve dizi verileri veri tabanlarına kaydedilmiş olan tip türleriyle birlikte toplamda 26 tane organizmanın dizi verileri PHYDIT programı [URL-11] kullanılarak manuel olarak birleştirildi. Filogenetik analizler için MEGA 7,0 programı, hizalama işlemi aynı programın CLUSTAL W [Kumar ve ark., 2016] seçeneği kullanılarak yapıldı. Neighbour Joining [Saitou ve Nei, 1987] metodu ve Jukes-Cantor filogenetik uzaklık matrisi kullanılarak filogenetik dendogramlar çizildi. Oluşturulan filogenetik ağaçların bootstrap analizleri [Felsenstein, 1985] 1000 tekrarlı olarak gerçekleştirildi.

3.1.8 Kemotaksonomik analizler

3.1.8.1 Tüm hücre şeker analizi

Şeker analiz çalışmasında ilk olarak yaklaşık 50 mg kuru hücre 2 ml'lik viallere eklenerek, 1,5 ml 1N H₂SO₄'de 100 °C'de 3 saat hidrolize tabi tutuldu. Elde edilen hidrolizat doygun Ba(OH)₂ ile pH: 5-5,5'e ayarlandı. Daha sonra, 6000 rpm'de 5 dakika santrifüj edildi. Üst faz ayrı bir tüpe alındı ve sıvı kısmı tamamen buharlaştırılarak uzaklaştırıldı. Geriye kalan kısım 0,1 ml ddH₂O ve 0,25 ml piridinde çözüldü. Herbir örnek için 3-5'er µl olacak şekilde standartlar ile birlikte 60-F254 silica gel (Merck) TLC plakalarına yükleme yapıldı ve plaka kurumaya bırakıldı. Kuruduktan sonra n-butanol:H₂O:pyridine:toluene (10:6:6:1, v/v) yürütücü fazında ortalama 4 saat bekletildi. 4 saat yürütüldükten sonra TLC plaka 30 dk kurumaya bırakıldı. Tamamen kuruduktan sonra aniline-phthalate ayırıcı ile spreylendi ve 100 °C'de 4 dk etüvde bekletildi. İzolatların şeker tiplerinin belirlenmesinde iki farklı standart kullanıldı. Aktinobakterilerde varlığı bilinen 7 temel şeker standart olarak kullanıldı. Bu şekerler birinci standart da galaktoz, arabinoz ve ksiloz, ikinci standart glikoz, mannoz, riboz ve ramnoz bulunmaktadır. Altı karbonlu şekerler, kahve ve koyu kahve tonlarında, beş karbonlu şekerler ise kızıl tonlarında görüldü. İzolatların şeker tiplerinde standartlara göre kıyaslanarak belirlendi.

3.1.8.2 Yağ asitlerinin analizleri

Yağ asit analizi için seçilen test izolatlarının hücre duvar yağ asiti metil esterlerinin (FAME) izolasyonunu takiben FAME analizleri [MIDI Microbial Identification System) (Microbial ID, Inc. Newark, DE. USA] sistemini kullanan G2614A otosampler ve 6783 enjektörü ile donanımlı Agilent Technologies 6890N gaz kromatografisi (GC) ile Anadolu Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Mikrobiyoloji Laboratuvarı'nda yapıldı.

Çalışmada ilk olarak, tip türü ve test izolatlarının saf kültürlerinden alınan yaklaşık 5 ml'lik organizma 150 ml ISP2-Broth besiyeri içine inoküle edilerek 150 rpm'de 28°C'de 5 gün inkübasyona bırakıldı. 5 gün inkübasyondan sonra yaş hücreler filtreden geçirilerek (sellüloz filtre, 0,45 µm çaplı) toplandı ve yaklaşık 250 mg yaş hücre kütlesi vidalı teflon kapaklı tüplere aktarıldı. Sonrasında 4 basamaklı işlem den geçirilerek yağ asiti metil esterleri (FAME) ekstrakte edildi.

Saponifikasyon: Bu aşama hücreleri parçalayarak yağ asitlerinin lipitlerden ayrılması aşamasıdır. Sıcaklık ile beraber metanol ortamındaki bazın yüksek derişiminden faydalanıldı. 1 ml metanol ortamına baz [45 g sodyum hidroksit (ACS sertifikalı), 150 ml etanol (HPLC grade) ve 150 ml deiyonize distile su] eklenerek vortekslendi ve 95-100°C'lik kaynamış su banyosunda 30 dakika bekletilerek işlem gerçekleştirildi.

Metilasyon: Bu işlemde, sodyum tuzu halindeki yağ asitleri metil esterlerine dönüştürdü (Gaz Kromatografisi GC analizinde yağ asitlerinin uçuculuğunu arttırmak için). 2 ml metilasyon eklenerek vortekslendi ve 80°C'lik sıcak su banyosunda 10 dakika tutularak işlem tamamlandı.

Ekstraksiyon: Bu basamakta 1,25 ml ekstraksiyon çözeltilisinden [200 ml hekzan (HPLC kalite grade) ve 200 ml metil tert-bütül eter (HPLC kalite grade)] ilave edildi. 10 dakika tüp çalkalayıcı ile çalkalandı. Temiz bir pastör pipeti ile sulu alt faz hekzan tabakasında bulaştırılmadan alındı. Yağ asidi metil esterleri, asidik sulu fazdan ayrıldı ve sıvı-sıvı ekstraksiyonuyla organik faza aktarıldı.

Baz yıkama: Bu aşamada 3 ml seyreltik baz çözeltilisi eklendi. Ardından 5 dakika rotator ile çalkalandı. Emülsiyon oluşumundan sonra birkaç damla doymuş tuz çözeltilisi damlatıldı, temiz bir pastör pipeti kullanılarak üstteki organik fazın yaklaşık 2/3'ü temiz bir GC şişesine aktarıldı. Böylece serbest yağ asitleri ve organik ekstraktaki kalıntı ajanlar uzaklaştırıldı.

FAME analizleri MIDI (Microbial Identification System) (Microbial ID, Inc. Newark, Del.) sistemini kullanan G2614A otosampler ve 6783 enjektörü ile donanımlı Agilent Technologies 6890N gaz kromatografisi ile kromatografi şartlarının üretici firmanın tavsiye ettiği şekilde ACTIN-1 3.80 kütüphanesine uygun olarak ayarlanmasıyla gerçekleştirilmiştir. FAME pikleri MIDI Microbial Identification System, software version ACTIN-1 3.80 ile analizi gerçekleştirildi.

3.1.8.3 Polar lipitlerin tespit edilmesi

Test izolatların polar lipit analizleri hizmet alımı yoluyla Almanya'nın Leibniz Institute (DSMZ; German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firmasına yaptırıldı. Polar lipid analizlerinde Minnikin ve ark. [1984]'nin tanımladığı metot kullanıldı. Bu metoda göre, 15 ml'lik kapaklı tüplere yaklaşık 100 mg kuru hücre konuldu, üzerine 3 ml MeOH % 0,3 NaCl (100/10) ve 3 ml petrol eteri ilave edildi. Tüpler karıştırıcı yardımıyla 30 dk karıştırıldı ve 1500 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Üst faz ayrı bir tüpe aktarıldı ve altta kalan faz için aynı işlem bir defa daha gerçekleştirildi. Hidrolizat sıcak su banyosunda 5 dk kaynatıldıktan sonra oda sıcaklığına gelinceye kadar sıcaklığı düşürüldü. Sonrasında 2,3 ml CHCl₃/MeOH/% 0,3 NaCl (90/100/30 v/v) ilave edilerek 1 saat santrifüjlendi. Karıştırma işleminden sonra üst faz yeni bir vidalı kapaklı tüpe alındı ve tekrar 0,75 ml CHCl₃/MeOH/ % 0,3 NaCl (50/100/40 v/v) eklendi ve 30 dk çalkalandı. Santrifüj sonrası üst faz aynı tüpe alındı ve ekstrakta 1,3 ml CHCl₃, 1,3 ml % 0,3 NaCl eklendi ve iyice karıştırıldı. Santrifüj sonrası alt faz temiz bir vialle alınarak azot gazı ile buharlaştırıldı. 100 µl CHCl₃:MeOH (2:1 v/v)'de çözüldü ve her bir örnekten 10 µl alınarak Merck 60-F254 silica gel TLC plakalarına yüklendi. İki boyutlu yapılacak yürütme işleminde ilk yürütmede CHCl₃/MeOH/ddH₂O (65/25/4), ikinci yürütmede CHCl₃/Asetik asit/MeOH/ddH₂O (80/15/12/4 v/v) yürütücü faz olarak kullanıldı. Tüm lipitlerin belirlenmesi için % 10'luk molibdofosforik asit ile sprey işleminden sonra 140°C'de 10 dakika kurutuldu ve TLC plakalar üzerindeki lipitlerin belirlenme işlemi tamamlandı.

3.1.8.4 Menakinonların belirlenmesi

Test organizmalarının menakinonlarının belirlenmesi hizmet alımı yoluyla Almanya'nın Leibniz Institute (DSMZ; German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafında belirlendi. Menakinonların belirlenmesinde Collins ve ark. [1977] tanımladığı ve Tamaoka ve ark. [1983]'nin modifiye ederek geliştirdikleri metod kullanıldı. Ortalama 100 mg liyofilize hücre 20 ml kloroform/metanol (2:1) ile 1-2 saat manyetik karıştırıcıda karıştırıldı. Daha sonra 0,45 µm'lik filtreden geçirildi, rotary evaporatör'de (<37 °C) buharlaştırıldı ve 200 µl asetonda çözdürüldü. Kiesel Gel 60 F254 (Merck) TLC plakaya yüklenen saf menakinonlar benzende yürütüldü ve 254 nm UV'de kontrol edildi. Menaquinone (Sigma) standartının hizasındaki bant plakadan kazınarak temiz bir tüpe alındı ve tekrar 200 µl asetonda çözüldü ve Dionex - UltiMate 3000 HPLC cihazında analiz edildi. HPLC'de mobil faz olarak metanol-isopropyl ether (3:1, v/v) dakikada 1 ml akış hızı ve 30°C olacak şekilde yürütüldü, 270 nm UV'de analiz edildi.

3.1.9 Nümerik taksonomi

16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan test izolatları ve bunların en yakın tip türlerinin sikloheksimid (50 µg/ml) ilave edilmiş yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar [ISP 2; Shirling ve Gottlieb, 1966] besiyerleri üzerine çizgi ekimleri yapıldı. 28°C'de 14 gün süreyle inkübasyona bırakılan organizmalar nümerik sınıflandırmada uygulanacak testler için aktif hale getirildi.

Yeni tür olma potansiyeline sahip izolatlar ile en yakın akraba tip türlerinin fenotipik karakterlerinin belirlenmesi ve aralarında kıyaslamalar yapabilmek için bazı fizyolojik testler uygulandı. Bu testler temel hidroliz testleri ile karbon ve azot kaynaklarını kullanabilme, belirli maddeleri degrade edebilme, NaCl, sıcaklık ve pH toleransı gibi farklı fizyolojik testleri içermektedir.

Çalışmada test izolatları ve 16S rRNA gen dizi analizine göre en yüksek benzerlik gösterdiği tip türleri olmak üzere toplamda 30 organizmayla çalışıldı. Nümerik taksonomik çalışmalar dikkate alınarak 87 birim karaktere göre testler yapıldı. Nümerik taksonomik çalışmada kullanılan birim karakterler Çizelge 3.8’de verildi.

Nümerik testler için inokülasyondan önce yapılacak testler için uygun bazal kültür ortamları hazırlandı. Test edilecek her bir organizma için, ağzı kapaklı 5 ml’lik cam şişelere 2 ml Ringer çözeltisi ilave edildi. Şişeler 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar [ISP 2; Shirling ve Gottlieb, 1966] plaklarda gelişen test suşlarının spor ve substrat miselleri steril öze yardımıyla etiketlenmiş şişelere aseptik olarak aktarıldı. Daha sonra, vorteks ile karıştırılarak homojen hale getirilen bakteri solüsyonları, steril kabin (Pbi, Miniflo International, Milano-Italy) içerisinde Multipoint inokülatörün tablasına aktararak test plağına inokülasyonu sağlandı. Test organizmaların kültür ortamına aktarılması aynı anda 19 organizma inoküle edebilen Multipoint İnokülatör (Order Code SCAN 400, Mast Group Ltd., Merseyside, UK) kullanılarak gerçekleştirildi.

Çizelge 3.8. Nümerik taksonomi çalışmalarında kullanılan birim karakterler

A. Besinsel Testler				B. Degredasyon Testi
Temel Karbon Kaynakları (% 1)		Temel Azot Kaynakları(% 1)		
Adonitol	L(+) <i>Rhamnose</i>	Alfa-iso-leucine	L-Serine	Adenin
D(-)Arabinoz	Lactose	DL-Phenylalanin	L-Threonine	Casein
D(-)Fruktoz	L-Glutamin	Glycine	L-Tyrosine	Chitin
D(+) <i>Cellobioz</i>	Maltose	L-Alanine	L-Valine	Elastine
D(+) <i>Galaktoz</i>	Mannitol	L-Arginine		Gelatin
D(+) <i>Mannose</i>	<i>myo</i> -İnositol	L-Asparagine		Guanine
D(+) <i>Melibioze</i>	Succinic Acid	L-Cysteine		Hypoxanthine
D(+) <i>Riboz</i>	Sucrose	L-Histidine		Starch
Dextran	Xylitol	L-Hydroxyproline		Tween 20
Dextrin	Xylose	L-Lycine		Tween 40
Glikoze		L-Methionine		Tween 80
Inuline		L-Phenylalanine		Xhantine
L(+) <i>Arabinose</i>		L-Proline		Xylan
C. Biyokimyasal Testler % w/v		D. Fizyolojik Testler		
Arbutin	Üre	Sıcaklık: 4 °C, 10 °C, 20 °C, 28 °C, 37 °C, 45 °C, 50 °C, 55 °C		NaCl Toleransı
Allantoin	Nitrat	pH:4, 5, 6, 7, 8, 9,10, 11, 12		% 0, % 1, % 2, % 3, % 4, % 5
Aesculin	Milk zon			% 6, % 7, % 8, % 9, % 10 NaCl

3.1.9.1 Biyokimyasal testler

Test izolatları ve 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın akraba tip türlerine biyokimyasal test olarak; allantoin hidrolizi, arbutin hidrolizi, H₂S analizi, milk koagülasyon testi, nitrat redüksiyonu ve üre hidrolizi olmak üzere toplam 6 test tatbik edildi.

Allantoin hidrolizi

Allantoin hidrolizi için, Korn-Wendisch ve Kutzner [1992] tarafından belirlenen bazal besiyeri kullanıldı. Tekniğe göre; 5 ml'lik deney tüplerinin her birine 2'şer ml % 1 (w/v) konsantrasyonunda allantoin ilave edildi. Tüpler 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Otoklavdan sonra steril tüpler eğik konuma getirilerek soğuması sağlandı ve yatık agar hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapılan tüpler, 28 °C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. Negatif kontrol olarak allantoin içermeyen tüpler hazırlandı. Negatif kontrollerden farklı olarak koyu pembe renk oluşumu pozitif(+) sonuç olarak kaydedildi. İndikatör olarak, reaksiyon sonunda koyu pembe renk değişikliği gösteren fenol red kullanıldı. Allantoin testinin pozitif sonucu, iki hidrolitik enzimin varlığını gösterir. Bu enzimlerden biri, allantoini allantoik asite çevirirken, diğer enzim allantoik asidi üre ve glikooksalata dönüştürür.

Arbutin hidrolizi

Arbutin hidrolizi için Korn-Wendisch ve Kutzner [1992] tarafından belirlenen bazal besiyeri kullanıldı. Bazal ortama % 0,5 (w/v) konsantrasyonlarında Arbutin ilave edildi. 5 ml'lik deney tüplerinin her birine 2'şer ml arbutin ilaveli edildi ve 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Otoklavdan çıkan steril tüpler eğik konuma getirilerek yatık agar hazırlandı. Negatif kontrol için arbutin içermeyen tüpler hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapıldı. İnokülasyon yapılan tüpler, 28°C'de 7 gün inkübe edildi. İnkübasyon sonrasında kıyaslamalar yapıldı. Negatif kontrollerden

farklı olarak koyu kahverengi/siyah renk oluşumu pozitif (+) sonuç olarak değerlendirildi.

H₂S analiz testi

Hidrojen sülfür testi, test organizmalarının, sülfür içeren bazı aminoasitleri (sistin, sistein, metionin, glutation) veya bileşikleri (sülfatları) ayrıştırarak hidrojen sülfür (H₂S) meydana getirebilme durumlarını saptamak için yapılır. SIM (sülfat indol, hareketlilik besiyeri) besi yerine, mikroorganizma kültürleri batırılmış iğne ile dikine inoküle edildi. Tüpler 28°C’de 2-7 gün inkubasyona bırakılarak her gün gözle kontrol edildi. SIM besi yerinde, inokulasyon hattı boyunca siyah rengin (demir sulfid, FeS) meydana gelmesi pozitif (+) reaksiyon olarak değerlendirildi. Hiçbir değişiklik yoksa negatif (-) olarak kabul edildi.

Milk koagülasyon testi

Bu analiz için Goodfellow [1971] ve Gordon ve arkadaşlarının 1974 yıllarında geliştirdikleri teknikler kullanılarak analizler yapıldı. Sonuçların yorumlanması da yine aynı metodlara göre gerçekleştirildi.

Nitrat redüksiyonu

Goodfellow [1996] tarafından tanımlanmış bazal besiyeri kullanılarak gerçekleştirilen Nitrat (% 0,1 w/v) redüksiyonu analizi için 5 ml’lik tüplerin her birine 2’şer ml besiyeri konularak 121°C’de 15 dakika otoklavlandı. Steril besiyerlerine öze ile inokülasyon yapıldı. Sonrasında 28 °C’de 14 gün inkübasyona bırakıldı. Negatif kontrol olarak mikroorganizma ekimi yapılmamış tüpler seçildi. İnkübasyon sonrasında tüplere eşit miktarlarda nitrat redüksiyon ayıraçlarından (A ve B solüsyonları; Goodfellow, 1996) ilave edildi. Sülfanilik asit, nitrit ile reaksiyona girerek diazonyum tuzunu oluşturur, naftilamin varlığında pembe-kırmızı (koyu kırmızı: stabil red azo) renk oluşan tüpler nitrat redüksiyonu için pozitif (+) sonuç olarak kaydedildi.

Eğer renk değişimi görülmemiş ise; nitratın, nitrit aşamasından daha aşağı kademedeki azot gazına kadar indirildiğini gösterir [NO_3^- (Nitrat) \rightarrow NO_2^- (Nitrit) \rightarrow N_2 (Nitrojen)], ya da nitratın indirgenmediğini gösterir. Böyle bir durumda renk değişimi olmayan tüplere az miktarda çinko iyonlarını (Zn^{+2}) içeren (nitrat redüktaz enzimiyle aynı reaksiyonu katalizleyen) çinko tozu eklendi. Eğer ortamda nitrat kalmışsa çinko tozu ilavesiyle nitrite çevrilecek, karakteristik kırmızı renk oluşacaktır. Bu şekilde gözlenen test tüpleri negatif sonuç olarak değerlendirildi. Çinko tozunun ilavesiyle herhangi bir renk değişimi gözlenmediği durumda nitratın nitrojen gazına indirildiğini gösterir ve bu reaksiyonlarda pozitif sonuç olarak kaydedildi.

Üre hidrolizi

Korn-Wendisch ve Kutzner [1992] tarafından tanımlanmış bazal besiyeri ürenin dışında diğer maddeler 900 ml saf suyla hazırlandı. 121°C 'de 15 dakika otoklavlandı. % 0,2 (w/v) konsantrasyonlu üre 100 ml saf su içerisinde çözüldü ve filtreden geçirilerek steril edildi. Otoklavda steril edilmiş bazal ortam içerisine aseptik koşullarda ilave edildi. Besiyeri, 5 ml'lik steril tüplere her birine 2'şer ml olacak şekilde aseptik koşullarda transfer edildi ve tüpler eğik konuma getirilerek yatık agar hazırlandı. Negatif kontrol olarak üre içermeyen tüpler hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapılan tüpler, 28°C 'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. İnkübasyon sonrasında, mikroorganizma inokülasyonu yapılmış tüpler negatif kontrol ortamıyla karşılaştırılarak değerlendirme yapıldı. Negatif kontrollerden farklı olarak sarı/turuncudan parlak pembe/kırmızı renk değişimi gözlenmesi pozitif (+) sonuç olarak değerlendirildi. İndikatör olarak, sarı/turuncudan parlak pembe/kırmızı renk değişimini gösteren fenol red kullanılmıştır.

3.1.9.2 Degredasyon testleri

Williams ve ark. [1983] tarafından tanımlanmış metotlar kullanılarak adenin, elastin, guanin, hipoksantin, jelatin, kazein, kitin, ksilen, ksantin ve nişasta degradasyonları belirlendi. Testler için bazal ortam olarak Bennett's agar [Jones, 1949] seçildi. Tween 20, Tween 40 ve Tween 80 degradasyonu için Nash ve Krent [1991] tarafından

tanımlanan pepton agar bazal ortamı kullanıldı. Maddeler tinalizasyon ile steril edildi ve steril bazal ortama eklenerek besiyeleri hazırlandı. Test edilecek organizmalar kültür ortamına Multipoint inokulatör (Order Code SCAN 400, Mast Group Ltd., Merseyside, UK) kullanılarak inoküle edildi.

Adenin, elastin, guanin, hipoksantin, jelatin, kazein, kitin, ksilen, ksantin degradasyon petripleri 28°C'de inkübasyona bırakıldı ve 3. 7. 14 ve 21. günlerde petripler kontrol edildi. Kontroller sonucunda her bir test suşunun besiyeri ortamında oluşturduğu koloniler etrafında veya petri plağın alt kısmından bakıldığında açık bir zon oluşumu varsa pozitif (+) sonuç, zon oluşumu yoksa negatif (-) sonuç olarak kabul edilirdi. Diğerlerinden farklı olarak inkübasyonun 7. gününde adenin, 30. gününde ise guanin ve ksantin'in degradasyon değerlendirmeleri yapıldı.

Nişasta degradasyon analizinde bazal ortam olarak Bennett's agar [Jones, 1949] kullanılarak belirlendi. 50 ml saf su içerisinde nişasta çözüldükten sonra bazal ortama ilave edildi. Besiyeri otoklavlanarak steril hale getirildi. Organizma inokülasyonunda sonra 28°C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. 7. günün sonunda Lugol's iodin eriyiği petri plağı yüzeyine ince bir tabaka oluşturacak şekilde yayılarak nişasta degradasyonu değerlendirilmesi yapıldı [Cowan ve Steel, 1974]. Petri plağı üzerine yayılan iodin eğer ortamda nişasta varsa nişastayla birleşip koyu mavi bir renk kompleksi meydana getirir. Fakat nişasta molekülleri degradasyona uğramış ise iodinle koyu mavi kompleks oluşmaz. Bundan dolayı organizmanın büyüme alanları etrafındaki açık zon oluşumu bize nişasta degradasyonunun gerçekleştiğini ve değerlendirmelerde bu durum pozitif (+) olarak kabul edilir.

Tween 20, 40 ve 80 degradasyon testi için, Nash ve Krent [1991] tarafından tanımlanan pepton agar bazal ortamı kullanıldı. Tween 20, 40 ve 80 tinalizasyon ile steril edildi. Sonrasında steril bazal ortama katıldı ve petrilere döküldü. Bazal ortam petri plaklarına organizmalar inoküle edildikten sonra plaklar, 28°C'de inkübasyona bırakıldı. Değerlendirmeler inkübasyonun 3. 7. ve 14. günlerinde yapıldı. Tweenlerin degradasyonu sonucunda serbest yağ asitlerinin açığa çıkarak ortamda bulunan kalsiyum iyonları ile birleşerek karakteristik beyaz çözünmeyen kalsiyum tuzlarını

meydana getirirler. Çözünemeyen kalsiyum tuzu kristalleri koloniler etrafında beyaz opak bir halka oluşturduğunda pozitif (+) sonuç olarak yorumlanır.

Jelatin inokülasyon sonrası, 28°C’de 7 gün inkübasyona bırakıldı. Değerlendirme, besiyeri ortam yüzeyine ince bir tabaka oluşacak şekilde trikloroasetik asit solüsyonu (TCA) dökülerek yapılır. TCA, ortamda bulunan hayvansal protein olan jelatinin çökmesi ile sonuçlanan dönüşümsüz denatürasyona neden olur. Koloniler etrafında oluşan açık zonlar pozitif (+) sonuç olarak kabul edilir.

3.1.9.3 Besinsel testler

Temel karbon kaynaklarında gelişme

Test edilecek organizmalar, gelişme ve enerji gereksinimleri kullanabilme yeteneklerine göre 23 farklı karbon kaynağı (Çizelge 3.8) bakımından test edildi. Testler için, bazal ortam olarak ISP 9 besiyeri kullanıldı [ISP 9; Shirling ve Gottlieb, 1966] Belirli miktarlardaki her bir karbon kaynağı, bazal ortamına aseptik koşullarda aktarıldı. Negatif kontrol olarak sadece ISP 9 besiyeri, pozitif kontrol olarak da glikoz ilaveli besiyeri kullanıldı. Plaklara test organizmalarının inokülasyonu, 12 iğneli multipoint inokülatör aracılığıyla gerçekleştirildi. 28°C’de inkübasyona bırakılan inakülasyonlu plakalarda, 7. 14 ve 21. günlerinde pozitif ve negatif kontrol sonuçlarına bakılarak kıyaslamalar yapıldı. Test organizmalarındaki gelişim, negatif kontrol plağındaki gelişmelere benzerse negatif (-), pozitif kontrol plağına yakın ya da daha çok gelişme varsa pozitif (+) olarak kabul edildi.

Temel azot kaynaklarında gelişme

Test edilecek organizmaların gelişme ve enerji gereksinimlerinde azot kaynaklarını kullanabilme başarılarını test etmek için 17 farklı azot kaynağı (Çizelge 3.8) kullanıldı. Testler de bazal ortam olarak Williams ve ark. [1983] tarafından tanımlanan besiyerleri kullanıldı. Yeterli miktarlardaki azot kaynakları tinalizasyon tekniği ile steril hale getirilip aseptik şartlarda steril bazal ortama eklendi. Pozitif kontrol olarak L-asparajin

ilave edilmiş bazal ortamlar, negatif kontrol olarak bazal ortamın kendisi kullanıldı. Test organizmalarının plaklara inokülasyonu, multipoint inokülatör kullanılarak gerçekleştirildi. İnokülasyon yapılan plaklar, 28°C’de inkübe edildi ve inkübasyonun 7. 14. ve 21. günlerinde pozitif ve negatif kontrol plakları kullanılarak değerlendirilmeler yapıldı. Test suşlarının gelişmesi negatif kontrol plağındaki gibiye negatif (-), negatif kontrol plağındaki gelişmelerden daha geniş veya pozitif kontrol plağındakilere daha yakınsa pozitif (+) sonuç olarak kabul edildi.

3.1.9.4 Fizyolojik testler

pH’ya tolerans testi

Test organizmaları, pH 4, pH 5, pH 6, pH 7, pH 8, pH 9, pH 10, pH 11 ve pH 12 olmak üzere 9 farklı pH değerinde (Çizelge 3.8) gelişme durumlarını belirlemek üzere test edildi. Bazal ortam olarak ISP 2 agar kullanıldı. Bazal ortam 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. İstenilen pH (4, 5, 6) değerleri 1M HCl çözeltisi yardımıyla cam elektrotlu pH metre (Model 292, Unicam Ltd.) ile ölçümler yapılarak belirlendi. Bazal ortamda 1000 ml için gereken 1M HCl çözeltisinden gerekli miktar hesaplandı, ayrı bir kapaklı şişede 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edildi. Besiyerlerinin petriye dökülme aşamasında aseptik koşullarda steril ISP 2 agara ilave edildi. pH (7, 8, 9, 10, 11, 12) için de NaOH çözeltisi kullanılarak istenilen pH değerleri ayarlandı. İstenilen değerler için kaç ml NaOH çözeltisi gerektiği cam elektrotlu pH metre (Model 292, Unicam Ltd.) ile ölçümler yapılarak belirlendi. 1000 ml için gereken 1M NaOH çözeltisi hesaplandı, ayrı bir kapaklı şişede 121°C’de 15 dk otoklavlanarak steril hale getirildi ve besiyerlerinin petriye dökülme aşamasında aseptik koşullarda steril ISP 2 agara aktarıldı. Test organizmalarının plaklara inokülasyonu, multipoint inokülatör aracılığıyla yapıldı. İnokülasyon yapılan plaklar 28°C’de 7 ve 14 gün inkübasyondan sonra okundu. Test plağında organizmalar gelişim göstermiş ise pozitif (+), plaklarda organizmalar gelişme göstermemiş ise negatif (-) sonuç olarak değerlendirildi.

Seçilen organizmalar, 8 farklı sıcaklık (4, 10, 20, 28, 37, 45, 50 ve 55°C) değerlerinde (Çizelge 3.8) gelişme ve büyüme becerilerini belirlemek için test edildi. ISP 2 agar (pH 7,2) bazal ortam olarak seçildi. Test organizmalarının inokülasyonu multipoint inokülatör ile gerçekleştirildi. Daha sonra istenilen sıcaklıklara ayarlanmış etüvlerde inkübasyona bırakıldı. Düşük sıcaklıktaki (4, 10 ve 20 °C) petripler her hafta kontrol edilmek koşuluyla 6 hafta, 28°C ve 37°C'deki petripler 7. ve 14. günlerinde, yüksek sıcaklıktaki petripler (45, 50 ve 55°C) 3. ve 7. günlerinde kontrol edilerek değerlendirmeler yapıldı. Organizmalar petri plaklarında gelişme göstermiş ise pozitif (+) sonuç, gelişme yoksa negatif (-) sonuç olarak kaydedildi.

Tuz tolerans testi

Bazal ortam olarak ISP 2 agar (pH 7,2) kullanılan tuz tolerans testinde organizmalar, % 1-10 NaCl konsantrasyon aralığında (Çizelge 3.8) gelişme kabiliyetleri üzerine teste tabi tutuldu. Test organizmaları petri plaklarına multipoint inokülatör ile inoküle edildi. 28 °C'de 14 gün süreyle inkübe edildi. Test plağında gelişme gösteren suşlar pozitif (+), gelişme göstermeyenler negatif (-) sonuç olarak kaydedildi.

3.1.10 Antimikrobiyal aktivite testi

Test organizmaları 16S rRNA gen dizi analizi verilerine göre yeni tür olma olasılığı olan izolatlardan seçildi. Test izolatlarının Gram pozitif ve Gram negatif bakteriler, maya ve filamentli fungus olmak üzere 10 patojen organizmanın (Çizelge 3.9) gelişmelerini inhibe etme kabiliyetleri test edildi. Her bir izolat için, ağzı kapaklı küçük şişelere 1,5 ml ringer çözeltisi hazırlandı ve 121°C'de 15 dakika otoklavlandı. Steril ringer çözeltisi içerisine daha önce ISP 2 agarda geliştirilen organizmalar, aseptik koşullarda ilave edildi ve vorteksle karıştırılarak homojenize hale getirildi. Daha sonra bakteri solüsyonlarından otomatik pipetle (P10: Nichipet EX, Nichiryo Co.,Ltd, Tokyo 101-0038, Japan) 7µl alınarak antibiyotik ilavesiz modifiye edilmiş Bennett's Agar [Jones, 1949] yüzeyine 5'li gruplar halinde nokta ekim inokülasyonu yapıldı. İnokülasyon yapılan petri plakları, 28°C'de 3 gün süreyle inkübasyona bırakıldı. İnokülasyonun 3. gününün sonunda gelişme gösteren koloniler üzerine, steril

enjektör yardımıyla 3-5 ml kloroform döküldü. Kloroformun buharlaşması için petri plakları, 40 dakika boyunca kapakları yarı açık bir şekilde bekletildi. Kloroform ile öldürülen koloniler üzerine, patojen test organizmalarının yayma plak yöntemi ekimi yapıldı. İnokülasyonlu plaklar, 37 °C'de 48 saatlik inkübasyona bırakıldı. İnkübasyondan sonra koloniler etrafında oluşan inhibisyon zon ölçümü yapılarak kaydedildi.

Çizelge 3.9. Antimikrobiyal aktivite testi için seçilen patojen organizmalar

Patojen organizmalar	
1.	<i>Aspergillus parasiticus</i> NRLL-465 ^T
2.	<i>Candida utilis</i> NRLL Y-900 ^T
3.	<i>Escherichia coli</i> ATCC 25922 ^T
4.	<i>Citrobacter freundii</i> NRLL B-2643 ^T
5.	<i>Enterobakter aerogenes</i> NRLL B-3567 ^T
6.	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> NRLL B-2679 ^T
7.	<i>Bacillus subtilis</i> NRLL B-209 ^T
8.	<i>Staphylococcus aureus</i> ATCC 29213 ^T
9.	<i>Staphylococcus aureus</i> NRLL B-767 ^T
10.	<i>Micrococcus luteus</i> NRLL B-1018 ^T

ATCC (Amerikan Tıp Kültür Koleksiyonu) 12301 Parklawn Drive, Rockville, Md., USA; **NRRL** (Kuzey Bölgesi Araştırma Laboratuvarı) National Center For Agricultural Utilization Research, Peopia, Illinois, USA

3.1.11 Kültürel ve morfolojik özelliklerin belirlenmesi

3.1.11.1 İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri

Çalışmada 16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olabilecek izolatlar ve onların en yakın tip türlerinin, farklı kültür ortamlarında gelişimi, çözünebilir pigment rengi, spor rengi ve substrat miselyum rengi belirlemek üzere testler yapıldı. Çalışmada kültür ortamları olarak; yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar [ISP 2; Shirling ve Gottlieb, 1966], oatmeal agar (ISP 3), inorganik salts-starch agar (ISP 4), gliserol asparajin agar

(ISP 5), Pepton-yeast ekstrakt iron agar (ISP 6), tirozin agar (ISP 7), modifiye Bennett's agar, triptik soy agar (TSA), czapek's agar ve nütrient agar olmak üzere 10 farklı besiyeri kullanıldı. Organizmalar kültür ortamlarına inoküle edildikten sonra 28°C'de 14 gün inkübasyona bırakıldı. 14 gün sonra; gelişimi, çözünebilir pigment rengi, spor rengi ve substrat miselyum rengi bakımından değerlendirilmeler yapılarak kaydedildi.

3.1.11.2 Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi

16S rRNA dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan izolatlar spor zincir morfolojileri Pridham ve ark. [1958]'ne göre en iyi sporlandıkları besiyerleri, en yakın tip türlerinin referans alınarak belirlendi ve 28 °C'de uygun inkübasyon sonrasında Nikon Optiphot binoküler ışık ve Scanning Elektron Mikroskobu (JEOL JSM 6060, JEOL Ltd. Tokyo, Japan) kullanılarak incelendi. İnkübasyon sonrası, organizmaların geliştiği ve sporun yoğun olduğu kısımlardan 5 mm çapında birkaç agar blok alındı. Her örnek için ayrı alınan agar bloklar % 2 gluteraldehit içinde +4 °C' de 24 saat bekletilerek fikse edildi. Fiksasyon sonrası her agar blok dehidrasyon işlemi için sırası ile % 10-20-30-40-50-60-70-80-90-95-100'lük etanol ile 10 dk muamele edildi. Daha sonra örnekler sıvı CO₂ ile Critical Point Dryer (Polaron, CPD 7501) cihazında kurutuldu. Kurumuş agar bloklar Gold Sputter ile altın kaplanarak hazır hale getirildi. Taramalı elektron mikroskobu (SEM) ile spor yüzey morfolojileri belirlenerek görüntülendi.

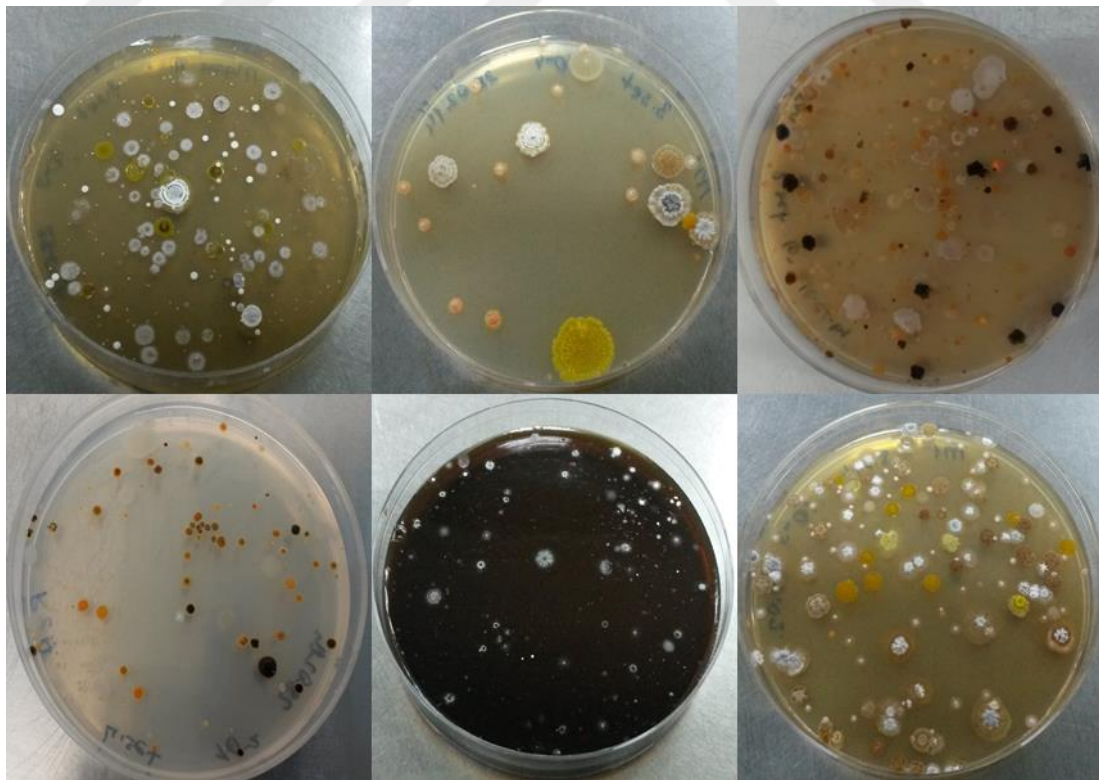
4 BULGULAR

4.1 Sediment Örneklerinin Toplanması ve Saklanması

Yeniçağa Gölü sedimentinden yapılacak izolasyon çalışması için sediment örnekleri gölün 40°46'26.21"K, 32°01'49.22"D koordinatlarındaki kıyı şeridinde yaklaşık 1 metre derinlikteki kısmından alındı. Alınan sediment örnekleri uygun araç gereç kullanılarak steril torbalara konuldu ve örnekler kullanıma kadar +4°C'de saklandı.

4.2 Aktinomisetlerin İzolasyonu, Saflaştırılması ve Stoklanması

Yeniçağa Gölü sedimentinden yapılacak izolasyon çalışması on farklı seçici izolasyon besiyeri kullanılarak gerçekleştirildi. Birkaç izolasyon petri plağına ait bazı görüntüler Resim 4.1'de verilmektedir.



Resim 4.1. Bazı seçici izolasyon besiyeri petri plak görüntüleri

İzolasyon için hazırlanan petriyeler 28°C’de 30 gün süreyle inkübasyona bırakıldı. İnkübasyon sonrasında seçilen 92 izolat lokalite ve besiyeri isimleri dikkate alınarak numaralandırılıp, saf kültürleri yapıldı. İzolatlar % 25’lik gliserol stok içeren otoklavlanmış vidalı kapaklı tüplere steril kürdan yardımıyla transfer edildi, -20°C’de stoklandı. İzolatlara verilen numaralar, izole edildikleri besiyerleri ve lokaliteleri Çizelge 4.1’de verildi. Kullanılan on farklı seçici izolasyon besiyerlerinden NBRC Medium 802 ve SM1 agardan hiçbir organizma izole edilemedi.

Çizelge 4.1. İzole edilen organizmalar ve seçici izolasyon besi yerleri

No	Suş No	İzole Edilen Ortam	No	Suş No	İzole Edilen Ortam
1.	YC105	SM2 Stevenson’s medium	47.	YC542	M1 Agar
2.	YC107	SM2 Stevenson’s medium	48.	YC601	Nocardia Agar
3.	YC111	SM2 Stevenson’s medium	49.	YC602	Nocardia Agar
4.	YC112	SM2 Stevenson’s medium	50.	YC603	Nocardia Agar
5.	YC113	SM2 Stevenson’s medium	51.	YC605	Nocardia Agar
6.	YC114	SM2 Stevenson’s medium	52.	YC606	Nocardia Agar
7.	YC204	SM3 Medium	53.	YC607	Nocardia Agar
8.	YC205	SM3 Medium	54.	YC608	Nocardia Agar
9.	YC206	SM3 Medium	55.	YC609	Nocardia Agar
10.	YC207	SM3 Medium	56.	YC610	Nocardia Agar
11.	YC208	SM3 Medium	57.	YC611	Nocardia Agar
12.	YC209	SM3 Medium	58.	YC614	Nocardia Agar
13.	YC212	SM3 Medium	59.	YC701	R2A Agar
14.	YC214	SM3 Medium	60.	YC703	R2A Agar
15.	YC217	SM3 Medium	61.	YC708	R2A Agar
16.	YC220A	SM3 Medium	62.	YC710	R2A Agar
17.	YC220B	SM3 Medium	63.	YC712	R2A Agar
18.	YC222	SM3 Medium	64.	YC713	R2A Agar
19.	YC301	Marine Agar	65.	YC715	R2A Agar
20.	YC302	Marine Agar	66.	YC716	R2A Agar
21.	YC303	Marine Agar	67.	YC811	NBRC medium
22.	YC304	Marine Agar	68.	YC902	Starch-Casein medium
23.	YC305	Marine Agar	69.	YC903	Starch-Casein medium
24.	YC306	Marine Agar	70.	YC904	Starch-Casein medium

Çizelge 4.1 (Devam). İzole edilen organizmalar ve seçici izolasyon besi yerleri

25.	YC307	Marine Agar	71.	YC905	Starch-Casein medium
26.	YC309	Marine Agar	72.	YC906	Starch-Casein medium
27.	YC335	Marine Agar	73.	YC907	Starch-Casein medium
28.	YC402	Humik asit vitamin Agar	74.	YC908	Starch-Casein medium
29.	YC403	Humik asit vitamin Agar	75.	YC912	Starch-Casein medium
30.	YC408	Humik asit vitamin Agar	76.	YC913	Starch-Casein medium
31.	YC419	Humik asit vitamin Agar	77.	YC914	Starch-Casein medium
32.	YC504	M1 Agar	78.	YC916	Starch-Casein medium
33.	YC512	M1 Agar	79.	YC917	Starch-Casein medium
34.	YC513	M1 Agar	80.	YC918	Starch-Casein medium
35.	YC515	M1 Agar	81.	YC921	Starch-Casein medium
36.	YC516	M1 Agar	82.	YC924	Starch-Casein medium
37.	YC520	M1 Agar	83.	YC925	Starch-Casein medium
38.	YC528	M1 Agar	84.	YC926	Starch-Casein medium
39.	YC532	M1 Agar	85.	YC927	Starch-Casein medium
40.	YC533	M1 Agar	86.	YC928	Starch-Casein medium
41.	YC535	M1 Agar	87.	YC932	Starch-Casein medium
42.	YC536	M1 Agar	88.	YC933	Starch-Casein medium
43.	YC537	M1 Agar	89.	YC934	Starch-Casein medium
44.	YC538	M1 Agar	90.	YC936	Starch-Casein medium
45.	YC540	M1 Agar	91.	YC939	Starch-Casein medium
46.	YC541	M1 Agar	92.	YC940	Starch-Casein medium

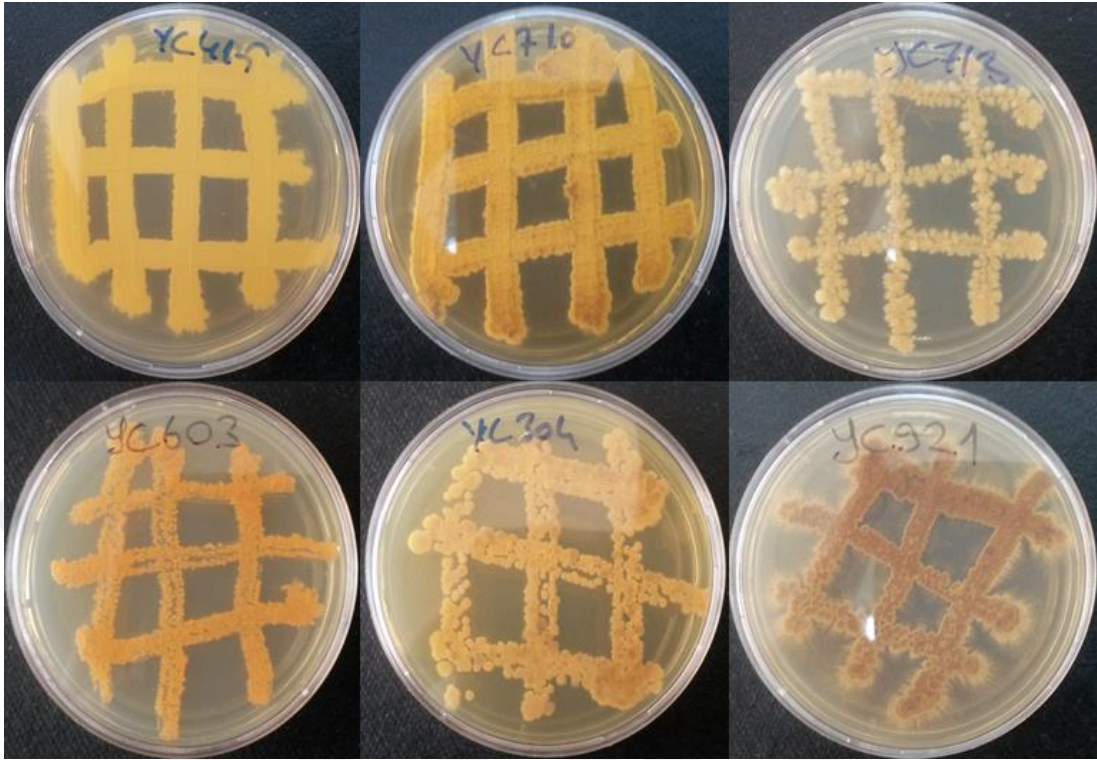
Seçilen 92 izolattın 6 tanesi SM2 agar, 25 tanesi nişasta-kazein agar, 12 tanesi SM3 medium, 9 tanesi marine agar, 4 tanesi Humik asit vitamin agar, 17 tanesi M1 agardan, 11 tanesi Nocardia agar, 8 tanesi ise R2A agardan izole edildi. Bazı izolatlara ait petri görüntüleri Resim 4.2.'de görülmektedir.

4.3 İzolatların Renk Gruplarının Belirlenmesi

Koloni morfolojilerine göre seçilen izolatların renk gruplandırması cycloheximide (50 µg/ml) antibiyotiği ilave edilmiş ISP2 medium üzerinde belirlendi. 22 renk grubu elde edildi. Renk gruplaması yapılırken organizmaların gelişimi, spor rengi, substrat miselyum rengi ve çözünür pigment rengi bakımından (Çizelge 4.2.) değerlendirmeler yapılarak kaydedildi.

Çizelge 4.2. Seçici izolasyon besi yerlerinden izole edilen organizmalara ait renk grupları

Grup No	İzolatlar	Gelişimi	Spor Rengi	Substrat Miselyum Rengi	Çözünür Pigment Rengi
1.	YC217, YC220, YC301, YC520, YC538 YC913, YC927, YC607	+++	Yok	Parlak Mor	Yok
2.	YC405, YC114, YC204, YC207, YC307 YC540, YC932	+++	Beyaz	Turuncu	Parlak Turuncu
3.	YC304, YC513, YC533, YC610, YC712 YC916, YC939	++	Beyaz	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi
4.	YC512, YC516, YC528, YC611, YC701 YC708, YC912	++	Yok	Koyu Kahverengi	Açık Kahverengi
5.	YC309, YC105, YC205, YC305, YC928	++	Beyaz	Sarı	Yok
6.	YC113, YC209, YC222, YC603 YC907, YC609	+++	Beyaz	Açık Turuncu	Yok
7.	YC402, YC504, YC934	+++	Beyaz	Açık Sarı	Yok
8.	YC601, YC602, YC918	++	Beyaz	Kahverengi	Yok
9.	YC112, YC302, YC811, YC606, YC614 YC936	+++	Beyaz	Koyu Turuncu	Yok
10.	YC515, YC713, YC903	++	Yok	Açık Sarı	Yok
11.	YC715, YC940	++	Yok	Koyu Sarı	Yok
12.	YC303, YC541, YC924	++	Yok	Açık Sarı	Yok
13.	YC214, YC532	+++	Beyaz	Açık Sarı	Sarı
14.	YC403, YC419, YC716, YC905, YC908	+++	Yok	Kahverengi	Yok
15.	YC208, YC605	+++	Yok	Açık Sarı	Sarı
16.	YC537, YC206	+++	Yok	Parlak Sarı	Yok
17.	YC107, YC710, YC111	+++	Beyaz	Parlak Turuncu	Turuncu
18.	YC335, YC536, YC542, YC703, YC906 YC914	++	Gri	Açık Yeşil	Yok
19.	YC408, YC608, YC917	+++	Koyu Gri	Siyah	Koyu Kırmızı
20.	YC212, YC904, YC933	++	Yok	Koyu Turuncu	Koyu Kahverengi
21.	YC926, YC902, YC921	+++	Sarı	Koyu Turuncu	Açık Sarı
22.	YC306, YC925	+++	Beyaz	Koyu Kahverengi	Kahverengi



Resim 4.2. Seçici izolasyon besi yerlerinden saf kültürleri yapılan bazı izolatlar

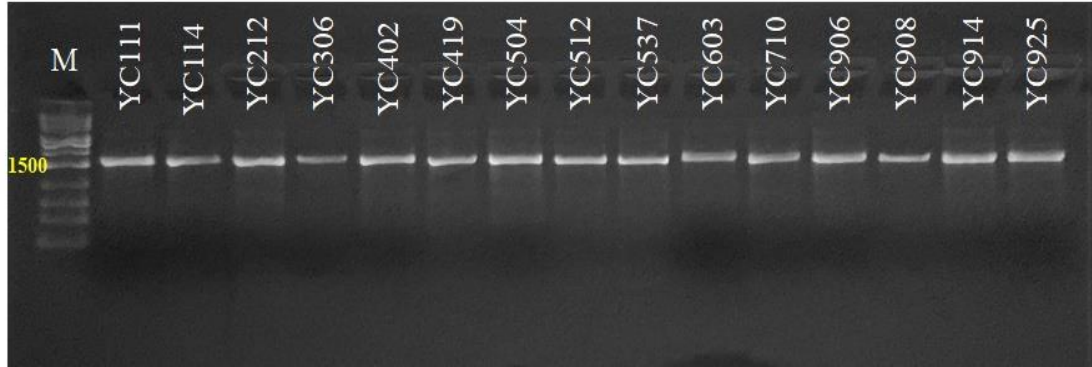
4.4 Genomik DNA İzolasyonu

16S rRNA ve *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gibi farklı gen bölgelerinin PZR çalışmaları için ilk etapta her bir renk grubundan bir temsilci seçilmek koşuluyla toplam 22 test izolatının genomik DNA'ları DNA izolasyon kiti (Invitrogen, ABD) kullanılarak izole edildi. Genomik DNA izolasyonunun kontrolü % 1'lik agaroz jelde yürütülerek yapıldı (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel). Agaroz jel UV-transillüminatör (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel) ile görüntülendi ve kaydedildi. Daha sonra biyoçeşitliliği belirlemek amacıyla test organizmalarının sayısı 22'den 76'ya çıkarıldı.

4.5 16S rRNA Gen Bölgesinin Amplifikasyonu

Başlangıçta 22 (daha sonra toplamda 76) test izolatının 16S rRNA gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu gerçekleştirildi. PZR amplifikasyonu 27f ve 1525r primerleri kullanılarak gerçekleştirildi. PZR ürünleri; saflığı ve uzama büyüklüğünün kontrolü

amacıyla % 1,5'luk agaroz jelde, PCR markör ile birlikte 100 voltta 30 dakika yürütüldü. Agaroz jel UV-transillüminatör (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel) yardımıyla görüntülendi ve kaydedildi. Resim 4.3'te izolatların 16S rRNA görüntüsü verilmektedir.



Resim 4.3. 16S rRNA jel görüntüsü

4.6 16S rRNA Gen Bölgesine ait PZR Ürünlerinin Saflaştırılması ve Dizileme Çalışması

Elde edilen 16S rRNA gen bölgeleri PZR ürünlerinin saflaştırılması işlemi Macrogen Inc., Güney Kore'de gerçekleştirilmiştir. Test izolatlarının 16S rRNA gen bölgelerine ait sekanslama işlemi, dört forward ve bir reverse primer kullanılarak Macrogen Inc., Güney Kore'de gerçekleştirilmiştir. 16S rRNA gen bölgesi dizi analizinde kullanılan primerler Çizelge 4.3.'te verildi.

Çizelge 4.3. 16S rRNA gen bölgesi dizi analizinde kullanılan primerler

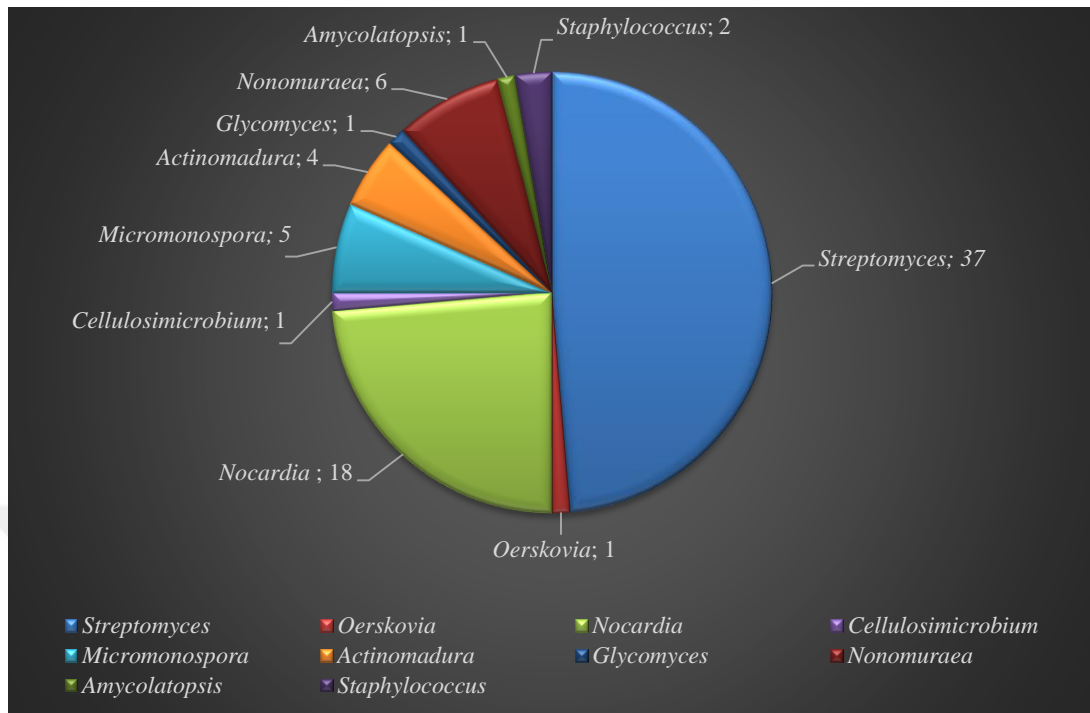
Primer Kodu	Sekans Dizisi (5'-3')	Büyükülüğü	Referans
518F	CCAGCAGCCGCGGTAAT	17	Buchholz-Cleven ve ark., 1998
Mg3f	CTACGGG R SGCAGCAG	16	Chun, 1995
800R	TACCAGGGTATCTAATCC	18	Chun, 1995
Mg5f	AAACTCAAAGGAATTGACGG	20	Chun, 1995
Mg6f	AAGGAGGTGWTCARCC	17	Lane, 1991

M; adenin veya sitozin, R; adenin veya guanin, S; guanin veya sitozin, W; adenin veya timini ifade etmektedir.

4.7 16S rRNA Gen Bölgesi Dizisi Verilerinin Analizi ve Filogenetik Dendogramın Oluşturulması

Test izolatlarının sekanslama işlemi tamamlandıktan sonra PHYDIT [URL-11] ve Mega 7,0 [Kumar ve ark., 2016], programları kullanılarak, karşılaştırmalı ve manuel olarak 5 farklı primerden elde edilen baz dizi verileri yan yana getirilerek yaklaşık 1500 bç'den oluşan 16S rRNA gen bölgesinin nükleotit baz dizisi oluşturuldu. Elde edilen 16S rRNA gen bölgesi nükleotit baz dizileri EzTaxon [<http://eztaxon-e.ezbiocloud.net/>; Kim ve ark., 2011] server kullanılarak uluslararası veri tabanlarındaki en yakın akraba türlerinin dizi verileri ile karşılaştırıldı ve yüzde benzerlikleri belirlendi. Filogenetik analizler için MEGA 7,0 [Kumar ve ark., 2016] paket programı kullanıldı. Test izolatlarının 16S rRNA nükleotit dizisine dayalı oluşturulan her bir cinse ait Neighbour-joining [Jukes ve Cantor, 1969; Saitou ve Nei, 1987] filogenetik dendogramları oluşturuldu.

Dizi verilerinin filogenetik analizleri sonucunda *Streptomyces* cinsi üyesi 37 izolat, *Nocardia* cinsi üyesi 18 izolat, *Nonomuraea* cinsi üyesi 6 izolat, *Micromonospora* cinsi üyesi 5 izolat, *Actinomadura* cinsi üyesi 4 izolat, *Oerskovia*, *Glycomyces*, *Amycolatopsis* ve *Cellulosimicrobium* cinsi üyelerine ait 1'er izolat elde edildi. Ayrıca *Actinobacteria* sınıfına girmeyen *Staphylococcus* cinsi üyesi de 2 izolat elde edildi. Şekil 4.1'de 16S rRNA gen bölgesi dizisi verilerine göre belirlenen cinslerdeki tür sayıları daire grafik olarak gösterilmektedir.



Şekil 4.1. 16S rRNA Gen Bölgesi dizisi verilerine göre belirlenen cinslerdeki tür sayılarının daire grafik olarak gösterilmesi

İzolatların 16S rRNA gen bölgesine bağlı en yakın benzer türleri ve % benzerlikleri belirlenerek listelendi. 16S rRNA sekans verilerine göre tüm izolatların en yakın türleriyle % benzerlik oranları Çizelge 4.4.'te verilmektedir.

Çizelge 4.4. 16S rRNA sekans verilerine göre tüm izolatların en yakın tip türleriyle % benzerlik oranları

No	Suş No	En Yakın Tip Türü	% Benzerlik
1.	YC105	<i>Oerskovia enterophila</i> DSM 43852 ^T	99,93
2.	YC107	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	99,45
3.	YC111	<i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134 ^T	99,28
4.	YC112	<i>Nocardia puris</i> DSM 44599 ^T	100,00
5.	YC113	<i>Nocardia abscessus</i> NBRC 100374 ^T	100,00
6.	YC114	<i>Nocardia thailandica</i> NBRC 100428 ^T	99,14
7.	YC205	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	98,94
8.	YC206	<i>Nocardia kroppenstedtii</i> N1286 ^T	99,93
9.	YC208	<i>Glycomyces algeriensis</i> NRRL B-16327 ^T	99,59
10.	YC212	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	99,32
11.	YC214	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> NRRL B-24637 ^T	99,72
12.	YC217	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	99,52

Çizelge 4.4 (Devam). 16S rRNA sekans verilerine göre tüm izolatların en yakın tip türleriyle % benzerlik oranları

13.	YC220B	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	99,52
14.	YC222	<i>Nocardia thailandica</i> NBRC 100428 ^T	99,21
15.	YC301	<i>Actinomadura meyeræ</i> A288 ^T	99,58
16.	YC302	<i>Streptomyces griseorubens</i> NBRC 12780 ^T	99,73
17.	YC305	<i>Nonomuræa maritima</i> FXJ7,203 ^T	99,72
18.	YC306	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	99,79
19.	YC307	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	100,00
20.	YC309	<i>Staphylococcus kloosii</i> ATCC 43959 ^T	99,79
21.	YC335	<i>Streptomyces albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	100,00
22.	YC402	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	98,91
23.	YC403	<i>Streptomyces europæiscabiei</i> KACC20186 ^T	99,86
24.	YC408	<i>Streptomyces coeruleus</i> ISP 5146 ^T	99,44
25.	YC419	<i>Streptomyces vastus</i> NBRC 13094 ^T	98,90
26.	YC504	<i>Streptomyces indicus</i> IH32-1 ^T	98,02
27.	YC512	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	99,45
28.	YC513	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	98,90
29.	YC515	<i>Actinomadura maduræ</i> DSM 43067 ^T	99,65
30.	YC516	<i>Nocardia kroppenstedtii</i> N1286 ^T	99,93
31.	YC528	<i>Streptomyces galilæus</i> JCM 4757 ^T	100,00
32.	YC532	<i>Streptomyces eurocidicus</i> NRRL B-1676 ^T	99,11
33.	YC533	<i>Nonomuræa muscovyensis</i> FMN03 ^T	99,93
34.	YC535	<i>Streptomyces eurocidicus</i> NRRL B-1676 ^T	99,11
35.	YC536	<i>Streptomyces ambofaciens</i> ATCC 23877 ^T	99,73
36.	YC537	<i>Streptomyces tauricus</i> JCM 4837 ^T	97,95
37.	YC538	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	99,45
38.	YC540	<i>Actinomadura citrea</i> IFO 14678 ^T	99,57
39.	YC541	<i>Streptomyces umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	98,91
40.	YC542	<i>Streptomyces albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	100,00
41.	YC602	<i>Nonomuræa muscovyensis</i> FMN03 ^T	100,00
42.	YC603	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	99,93
43.	YC607	<i>Nocardia cyriacigeorgica</i> NBRC 100375 ^T	100,00
44.	YC608	<i>Micromonospora auratinigra</i> TT1-11 ^T	99,45
45.	YC611	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	99,93
46.	YC614	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	98,91
47.	YC701	<i>Streptomyces rubiginosohelvolus</i> NBRC12912 ^T	100,00
48.	YC708	<i>Streptomyces anulatus</i> NRRL B-2000 ^T	99,93
49.	YC710	<i>Streptomyces fulvissimus</i> DSM 40593 ^T	100,00
50.	YC712	<i>Streptomyces malachitospinus</i> NBRC 101004 ^T	99,93
51.	YC713	<i>Staphylococcus kloosii</i> ATCC 43959 ^T	99,79
52.	YC715	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T	99,72

Çizelge 4.4 (Devam). 16S rRNA sekans verilerine göre tüm izolatların en yakın tip türleriyle % benzerlik oranları

53.	YC716	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	99,38
54.	YC811	<i>Streptomyces chartreusis</i> NBRC 12753 ^T	99,52
55.	YC902	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	99,45
56.	YC903	<i>Cellulosimicrobium cellulans</i> LMG 16121 ^T	99,86
57.	YC905	<i>Actinomadura cremea</i> JCM 3308 ^T	99,93
58.	YC906	<i>Streptomyces iakyrus</i> NRRL ISP-5482 ^T	99,52
59.	YC907	<i>Nocardia carnea</i> NBRC 14403 ^T	100,00
60.	YC908	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	99,93
61.	YC912	<i>Streptomyces cellulosa</i> NBRC 13027 ^T	99,93
62.	YC914	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	99,39
63.	YC916	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	99,93
64.	YC917	<i>Streptomyces umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	99,73
65.	YC918	<i>Streptomyces ambofaciens</i> ATCC 23877 ^T	99,73
66.	YC921	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	99,38
67.	YC924	<i>Streptomyces umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	98,84
68.	YC925	<i>Streptomyces umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	99,59
69.	YC926	<i>Streptomyces anulatus</i> NRRL B-2000 ^T	99,80
70.	YC927	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> NRRL B-24637 ^T	99,31
71.	YC928	<i>Streptomyces anulatus</i> NRRL B-2000 ^T	99,93
72.	YC932	<i>Nocardia fluminea</i> S1 ^T	99,45
73.	YC933	<i>Streptomyces albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	99,93
74.	YC934	<i>Streptomyces ambofaciens</i> ATCC 23877 ^T	99,66
75.	YC936	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	99,38
76.	YC939	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	100,00

Test izolatlarının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileme çalışmaları sonucunda izolatların cins düzeyinde en yakın akraba tip türleri belirlendi. Herbir test izolatu ait olduğu cinse göre her izolatın en yakın ilk 3 tip türü baz alınarak diğer izolatlarla birlikte listelendi.

Streptomyces cinsi

Streptomyces cinsi izolatlar ve ilk 3 tip türleriyle oluşturulan liste belirlendikten sonra ilk olarak 37 *Streptomyces* izolatu ile dendogram oluşturuldu. İzolatların 16S rRNA gen bölgesi sekans analizi verilerine göre izolatların filogenetik ilişkilerini belirten dendogramlar çizildi. *Streptomyces* cinsi izolatların filogenetik ağaçtaki konumlarının net olarak belirlenebilmesi için A ve B şeklinde 2 grup olarak incelendi. *Streptomyces*

cinsi izolatların tamamıyla oluşturulan A-B şeklinde gruplandırılan dendogram Şekil 4.2.'de gösterilmektedir. Daha sonra bu grupların dendogramları tip türleriyle tekrar çizildi (Şekil 4.3. ve Şekil 4.4.). *Streptomyces* cinsine ait izolatlar ve en yakın akraba 3 tip türü ile % benzerlik oranları Çizelge 4.5.'te verilmektedir.

Çizelge 4.5. *Streptomyces* cinsine ait izolatlar ve en yakın akraba 3 tip türü

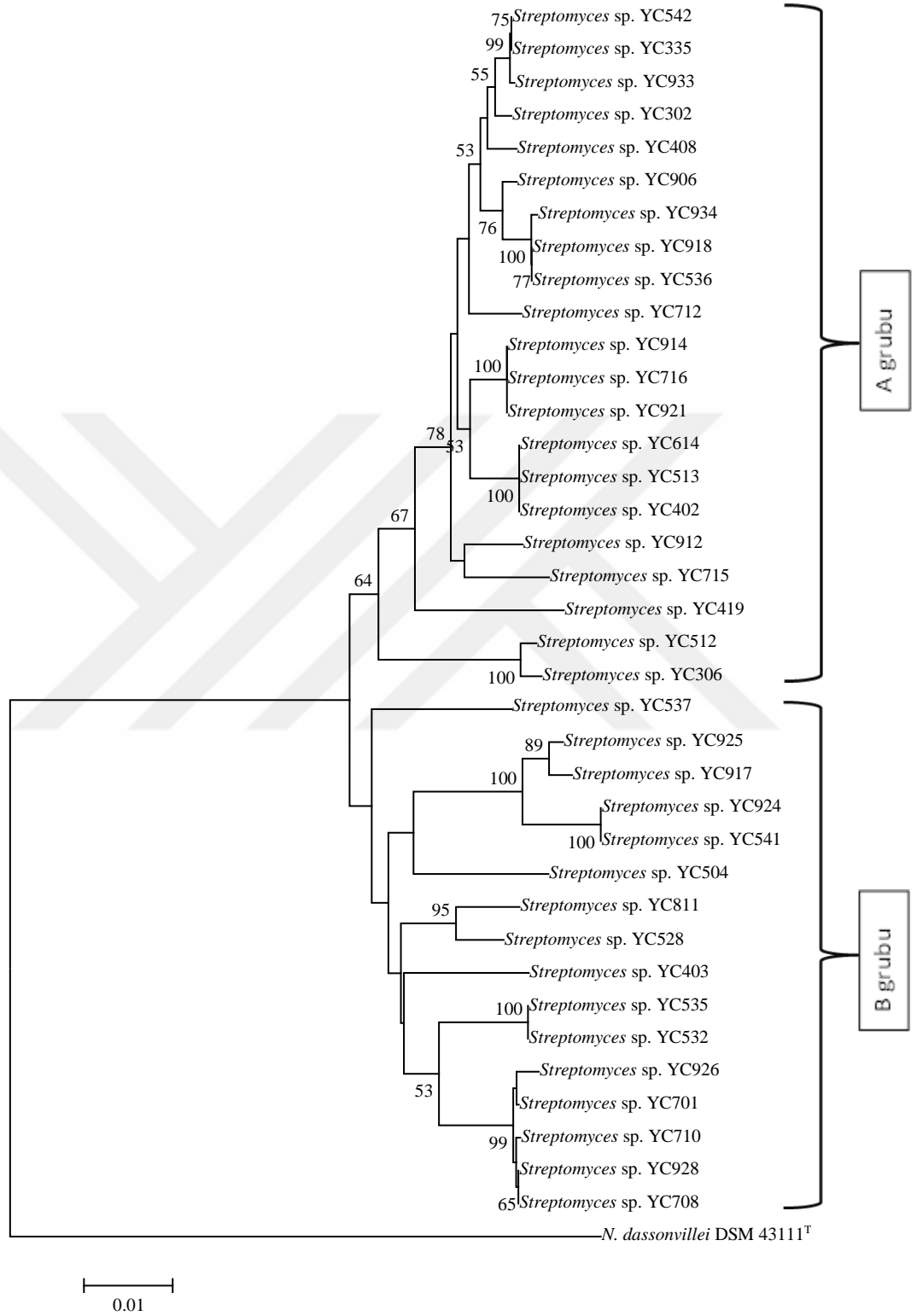
No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt.Farkı
<i>Streptomyces</i> sp. YC302 izolatı				
1.	<i>S. griseorubens</i> NBRC 12780 ^T	AB184139	99,73	4/1463
2.	<i>S. albogriseolus</i> NBRC 12780 ^T	AJ494865	99,66	5/1468
3.	<i>S. viridodiataticus</i> NBRC 13106 ^T	AB184317	99,66	5/1462
<i>Streptomyces</i> sp. YC306 izolatı				
1.	<i>S. aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	AB184624	99,79	3/1453
2.	<i>S. cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i> NBRC 12748 ^T	AB184115	97,61	35/1465
3.	<i>S. albospinus</i> NBRC 13846 ^T	AB184527	97,57	35/1441
<i>Streptomyces</i> sp. YC335 izolatı				
1.	<i>S. albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	AJ494865	100,00	0/1453
2.	<i>S. viridodiataticus</i> NBRC 13106 ^T	AB184317	100,00	0/1453
3.	<i>S. coeruleorubidus</i> ISP 5145 ^T	AJ306622	99,58	6/1443
<i>Streptomyces</i> sp. YC402 izolatı				
1.	<i>S. marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	98,91	16/1465
2.	<i>S. althioticus</i> NRRL B-3981 ^T	AY999791	98,91	16/1463
3.	<i>S. matensis</i> NBRC 12889 ^T	AB184221	98,90	16/1449
<i>Streptomyces</i> sp. YC 403 izolatı				
1.	<i>S. europaeiscabiei</i> KACC 20186 ^T	AY20759	99,86	2/1463
2.	<i>S. scabiei</i> NRRL B-16523 ^T	LBNJ01000196	99,79	3/1463
3.	<i>S. deccanensis</i> DAS-139 ^T	EF219459	99,45	8/1463
<i>Streptomyces</i> sp. YC408 izolatı				
1.	<i>S. coerulescens</i> ISP 5146 ^T	AY999720	99,44	8/1434
2.	<i>S. viridochromogenes</i> NBRC 3113 ^T	AB184728	99,38	9/1462
3.	<i>S. violaceochromogenes</i> NBRC 13100 ^T	AB184312	99,38	9/1456
<i>Streptomyces</i> sp. YC419 izolatı				
1.	<i>S. vastus</i> NBRC 13094 ^T	AB184307	98,77	18/1463
2.	<i>S. tricolor</i> NBRC 15461 ^T	AB184687	97,72	33/1449
3.	<i>S. diataticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i> NRRL B-1773 ^T	DQ026631	97,6	34/1462
<i>Streptomyces</i> sp. YC504 izolatı				
1.	<i>S. indicus</i> IH32-1 ^T	EF157833	98,02	29/1467
2.	<i>S. exfoliatus</i> NRRL B-2924 ^T	JNZP01000081	97,48	37/146
3.	<i>S. omiyaensis</i> NBRC 13449 ^T	AB184411	97,40	38/1459
<i>Streptomyces</i> sp. YC512 izolatı				
1.	<i>S. aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	AB184624	99,45	8/1453
2.	<i>S. synnematoformans</i> S155 ^T	EF121313	98,41	22/1387
3.	<i>S. albospinus</i> NBRC 13846 ^T	AB184527	97,64	34/1439
<i>Streptomyces</i> sp. YC513 izolatı				
1.	<i>Streptomyces marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	98,91	16/1465
2.	<i>Streptomyces althioticus</i> NRRL B-3981 ^T	AY999791	98,90	16/1459
3.	<i>Streptomyces matensis</i> NBRC 12889 ^T	AB184221	98,90	16/1449
<i>Streptomyces</i> sp. YC528 izolatı				
1.	<i>S. galilaeus</i> JCM 4757 ^T	AB045878	100,00	0/1470
2.	<i>S. bobili</i> JCM 4624 ^T	AB045876	99,93	1/1469
3.	<i>S. phaeoluteigriseus</i> NRRL ISP-5182 ^T	AJ391815	99,45	8/1444

Çizelge 4.5 (Devam). *Streptomyces* cinsine ait izolatlar ve en yakın akraba 3 tip türü

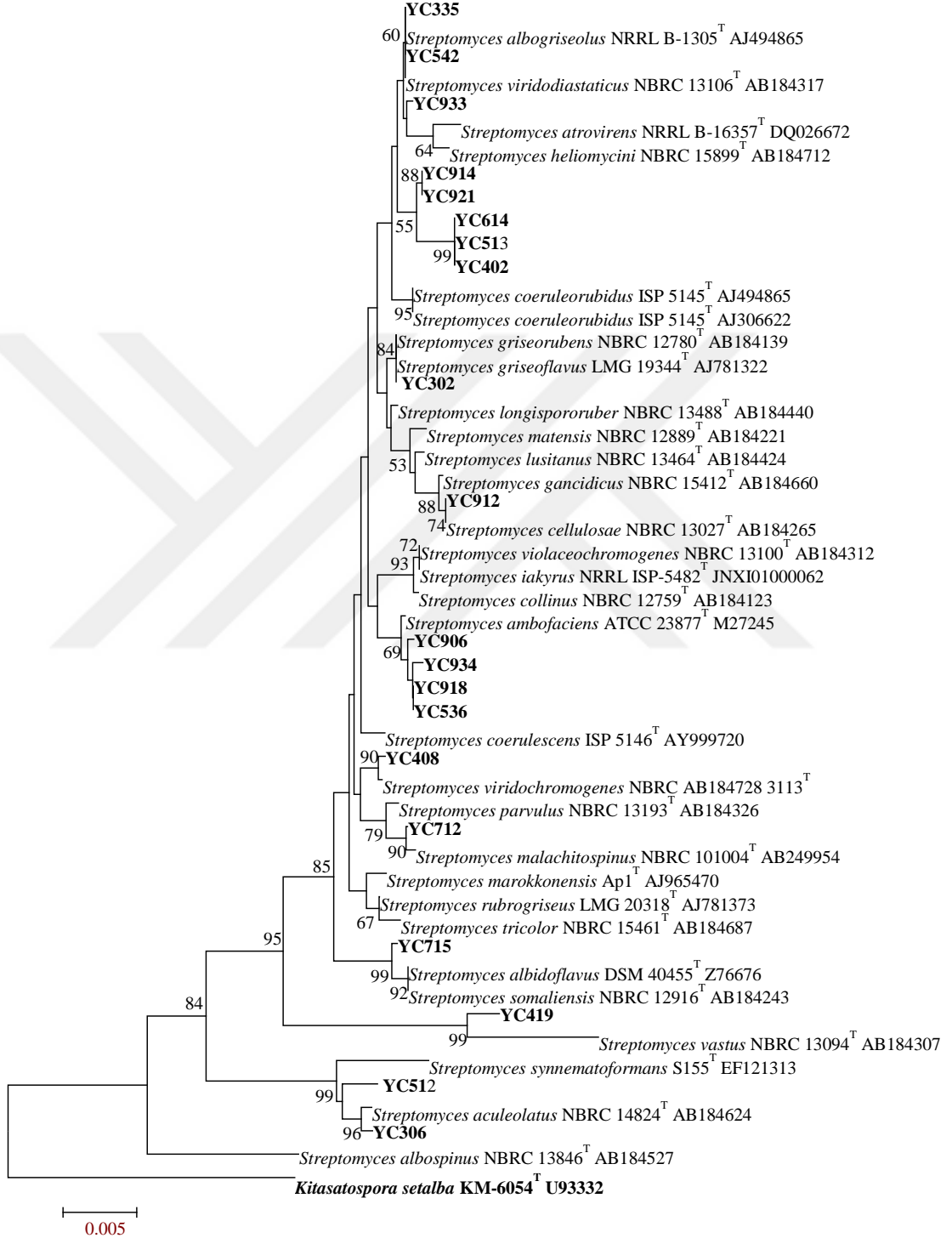
<i>Streptomyces</i> sp. YC532 izolatı				
1.	<i>S. eurocidicus</i> NRRL B-1676 ^T	AY999790	99,11	13/1467
2.	<i>S. xanthochromogenes</i> NRRL B-5410 ^T	DQ442559	98,98	15/1469
3.	<i>S. michiganensis</i> NBRC 12797 ^T	AB184153	98,97	15/1462
<i>Streptomyces</i> sp. YC535 izolatı				
1.	<i>S. eurocidicus</i> NRRL B-1676 ^T	AY999790	99,11	13/1467
2.	<i>S. xanthochromogenes</i> NRRL B-5410 ^T	DQ442559	98,98	15/1469
3.	<i>S. michiganensis</i> NBRC 12797 ^T	AB184153	98,97	15/1462
<i>Streptomyces</i> sp. YC537 izolatı				
1.	<i>S. tauricus</i> JCM 4837 ^T	AB045879	97,95	30/1466
2.	<i>S. beijiangensis</i> NBRC 100044 ^T	AB249973	97,75	33/1464
3.	<i>S. umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	AB184305	97,60	35/1461
<i>Streptomyces</i> sp. YC541 izolatı				
1.	<i>S. umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	AB184305	98,91	16/1462
2.	<i>S. ederenensis</i> NBRC 15410 ^T	AB184658	98,81	17/1432
3.	<i>S. aurantiacus</i> NBRC 13017 ^T	AB184259	98,43	23/1465
<i>Streptomyces</i> sp. YC542 izolatı				
1.	<i>S. viridodiataticus</i> NBRC 13106 ^T	AB184317	100,00	0/1463
2.	<i>S. albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	AJ494865	99,93	1/1470
3.	<i>S. coeruleorubidus</i> ISP 5145 ^T	AJ306622	99,58	6/1443
<i>Streptomyces</i> sp. YC614 izolatı				
1.	<i>S. marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	98,91	16/1463
2.	<i>S. althioticus</i> NRRL B-3981 ^T	AY999791	98,90	16/1455
3.	<i>S. matensis</i> NBRC 12889 ^T	AB184221	98,90	16/1449
<i>Streptomyces</i> sp. YC701 izolatı				
1.	<i>S. globisporus</i> NBRC 12867 ^T	AB184203	100,00	0/1462
2.	<i>S. sindenensis</i> NBRC 3399 ^T	AB184759	100,00	0/1462
3.	<i>S. pluricolorascens</i> NBRC 12808 ^T	AB184162	100,00	0/1459
<i>Streptomyces</i> sp. YC708 izolatı				
1.	<i>S. griseorubiginosus</i> NBRC 13047 ^T	AB184276	99,93	1/1463
2.	<i>S. microflavus</i> NBRC 13062 ^T	AB18428	99,93	1/1463
3.	<i>S. fulvorobeus</i> NBRC 15897 ^T	AB184711	99,93	1/1461
<i>Streptomyces</i> sp. YC710 izolatı				
1.	<i>S. microflavus</i> NBRC 13062 ^T	AB184284	100,00	0/1463
2.	<i>S. griseorubiginosus</i> NBRC 13047 ^T	AB184276	100,00	0/1463
3.	<i>S. fulvissimus</i> DSM 40593 ^T	CP005080	100,00	0/1470
<i>Streptomyces</i> sp. YC712 izolatı				
1.	<i>S. malachitospinus</i> NBRC 101004 ^T	AB249954	99,93	1/1463
2.	<i>S. parvulus</i> NBRC 13193 ^T	AB184326	99,45	8/1463
3.	<i>S. violaceorubidus</i> LMG 20319 ^T	AJ781374	99,38	9/1463
<i>Streptomyces</i> sp. YC715 izolatı				
1.	<i>S. albidoflavus</i> DSM 40455 ^T	Z76676	99,73	4/1460
2.	<i>S. somaliensis</i> NBRC 12916 ^T	AB184243	99,66	5/1464
3.	<i>S. hydrogenans</i> NBRC 13475 ^T	AB184868	99,66	5/1452
<i>Streptomyces</i> sp. YC716 izolatı				
1.	<i>S. lienomycini</i> LMG 20091 ^T	AJ781353	99,38	9/1454
2.	<i>S. marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	99,25	11/1465
3.	<i>S. rubrogriseus</i> LMG 20318 ^T	AJ781373	99,25	11/1464
<i>Streptomyces</i> sp. YC811 izolatı				
1.	<i>S. chartreusis</i> NBRC 12753 ^T	AB184839	99,52	7/1463
2.	<i>S. resistomycificus</i> NRRL ISP-5133 ^T	JOBA01000220	98,98	15/1471
3.	<i>S. osmaniensis</i> OU-63 ^T	FJ613126	98,87	16/1418

Çizelge 4. 5. (Devam) *Streptomyces* cinsine ait izolatlara ve en yakın akraba 3 tip türü

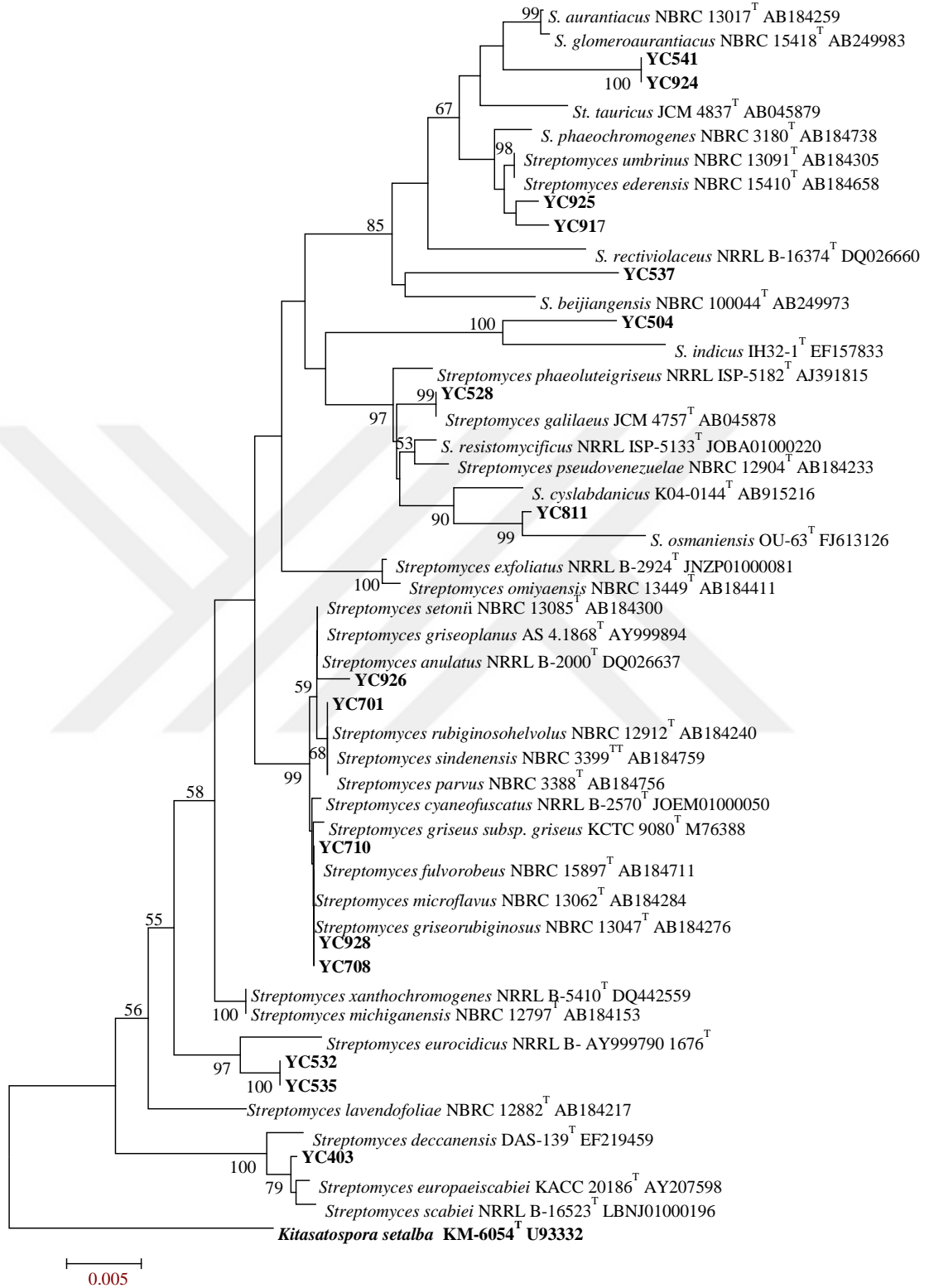
<i>Streptomyces</i> sp. YC906 izolati				
1.	<i>S. iakyrus</i> NRRL ISP-5482 ^T	JNXI01000062	99,52	7/1466
2.	<i>S. coeruleorubidus</i> ISP 5145 ^T	AJ306622	99,51	7/1443
3.	<i>S. albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	AJ494865	99,45	8/1467
<i>Streptomyces</i> sp. YC912 izolati				
1.	<i>S. cellulosa</i> NBRC 13027 ^T	AB184265	100,00	0/1465
2.	<i>S. gancidicus</i> NBRC 15412 ^T	AB184660	99,86	2/1452
3.	<i>S. capillispiralis</i> NBRC 14222 ^T	AB184577	99,79	3/1458
<i>Streptomyces</i> sp. YC914 izolati				
1.	<i>S. marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	99,39	9/1465
2.	<i>S. rubrogriseus</i> LMG 20318 ^T	AJ781373	99,39	9/1464
3.	<i>S. althioticus</i> NRRL B-3981 ^T	AY999791	99,38	9/1463
<i>Streptomyces</i> sp. YC917 izolati				
1.	<i>S. umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	AB184305	99,73	4/1462
2.	<i>S. ederenensis</i> NBRC 15410 ^T	AB184658	99,65	5/1433
3.	<i>S. aurantiacus</i> NBRC 13017 ^T	AB184259	99,04	14/1465
<i>Streptomyces</i> sp. YC918 izolati				
1.	<i>S. ambofaciens</i> ATCC 23877 ^T	M27245	99,73	4/1471
2.	<i>S. lienomycini</i> LMG 20091 ^T	AJ781353	99,45	8/1454
3.	<i>S. heliomycini</i> NBRC 15899 ^T	AB184712	99,39	9/1464
<i>Streptomyces</i> sp. YC 921 izolati				
1.	<i>S. marokkonensis</i> Ap1 ^T	AJ965470	99,38	9/1454
2.	<i>S. lienomycini</i> LMG 20091 ^T	AJ781353	99,38	9/1454
3.	<i>S. rubrogriseus</i> LMG 20318 ^T	AJ781373	99,38	9/1453
<i>Streptomyces</i> sp. YC 924 izolati				
1.	<i>S. umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	AB184305	98,84	17/1462
2.	<i>S. ederenensis</i> NBRC 15410 ^T	AB184658	98,74	18/1432
3.	<i>S. aurantiacus</i> NBRC 13017 ^T	AB184259	98,43	23/1465
<i>Streptomyces</i> sp. YC 925 izolati				
1.	<i>S. umbrinus</i> NBRC 13091 ^T	AB184305	99,59	6/1452
2.	<i>S. ederenensis</i> NBRC 15410 ^T	AB184658	99,58	6/1433
3.	<i>S. aurantiacus</i> NBRC 13017 ^T	AB184259	99,31	10/1455
<i>Streptomyces</i> sp. YC 926 izolati				
1.	<i>S. anulatus</i> NRRL B-2000 ^T	DQ026637	99,80	3/1470
2.	<i>S. setonii</i> NBRC 13085 ^T	AB184300	99,79	3/1452
3.	<i>S. griseoplanus</i> AS 4.1868 ^T	AY999894	99,79	3/1401
<i>Streptomyces</i> sp. YC 928 izolati				
1.	<i>S. anulatus</i> NRRL B-2000 ^T	DQ026637	99,93	1/1468
2.	<i>S. fulvissimus</i> DSM 40593 ^T	CP005080	99,93	1/1468
3.	<i>S. cyaneofuscatus</i> NRRL B-2570 ^T	JOEM01000050	99,93	1/1468
<i>Streptomyces</i> sp. YC 933 izolati				
1.	<i>S. albogriseolus</i> NRRL B-1305 ^T	AJ494865	99,93	1/1467
2.	<i>S. viridodiastaticus</i> NBRC 13106 ^T	AB184317	99,93	1/1463
3.	<i>S. coeruleorubidus</i> ISP 5145 ^T	AJ306622	99,51	7/1442
<i>Streptomyces</i> sp. YC 934 izolati				
1.	<i>S. ambofaciens</i> ATCC 23877 ^T	M27245	99,66	5/1469
2.	<i>S. violaceochromogenes</i> NBRC 13100 ^T	AB184312	99,38	9/1456
3.	<i>S. collinus</i> NBRC 12759 ^T	AB184123	99,38	9/1454



Şekil 4.2. *Streptomyces* cinsi izolatların tamamıyla oluşturulan ve A ve B şeklinde gruplandırılan dendogram



Şekil 4.3. A grubu *Streptomyces* izolatları ve en yakın tip türleri ile çizilen dendogram



Şekil 4.4. B grubu *Streptomyces* izolatları ve tip türleri ile çizilen dendogram

Nocardia cinsi:

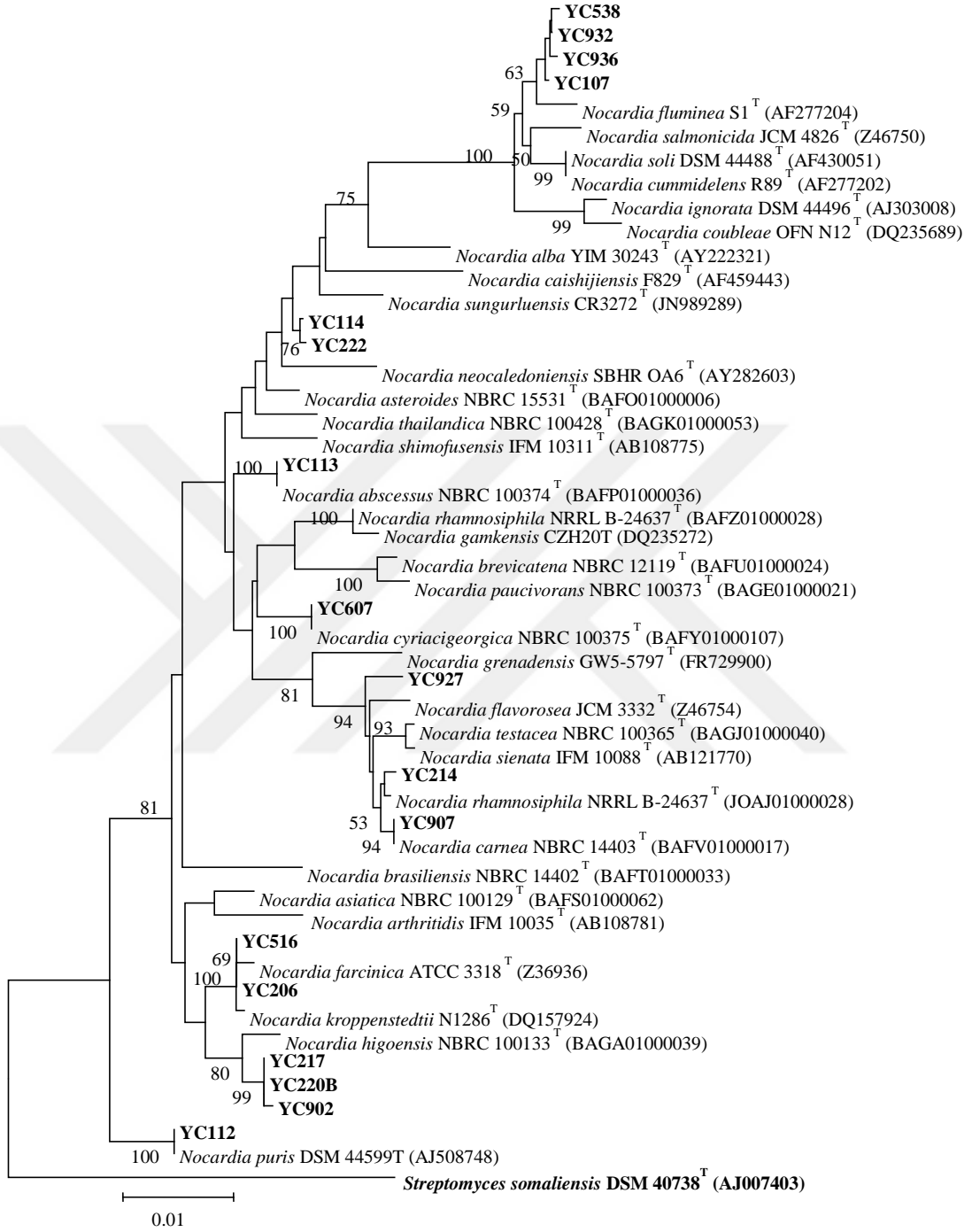
Nocardia cinsi üyelerine ait 18 izolatin en yakın ilk 3 tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit benzerliklerini belirten liste oluşturuldu. *Nocardia* cinsine ait izolatlar ve en yakın ilk 3 tip türünden oluşan liste Çizelge 4.6.'da verilmektedir. Sonrasında *Nocardia* cinsine ait izolatlar ve tip türleriyle filogenetik dendogramları çizildi. 16S rRNA sekans analizleri yapılmış *Nocardia* cinsi izolatlar ve tip türlerinden oluşan filogenetik dendogram Şekil 4.5'te gösterilmektedir.

Çizelge 4.6. *Nocardia* cinsine ait izolatlar ve yakın ilk 3 tip türünden oluşan liste

No	İzolatin Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% benzerlik	N.t Farklılığı
<i>Nocardia</i> sp.YC107 izolatı				
1.	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	AF430051	99,45	8/1457
2.	<i>Nocardia cummidelens</i> R89 ^T	AF277202	99,44	8/1441
3.	<i>Nocardia fluminea</i> S1 ^T	AF277204	99,38	9/1442
<i>Nocardia</i> sp.YC112 izolatı				
1.	<i>Nocardia puris</i> DSM 44599 ^T	AJ508748	100,00	0/1434
2.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	98,56	21/1458
3.	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	BAFS01000062	98,22	26/1458
<i>Nocardia</i> sp.YC113 izolatı				
1.	<i>Nocardia abscessus</i> NBRC 100374 ^T	BAFP01000036	99,79	3/1458
2.	<i>Nocardia exalbida</i> NBRC 100660 ^T	BAFZ01000028	98,83	17/1458
3.	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	BAFS01000062	98,83	17/1458
<i>Nocardia</i> sp.YC114 izolatı				
1.	<i>Nocardia thailandica</i> NBRC 100428 ^T	BAGK01000053	99,14	12/1399
2.	<i>Nocardia asteroides</i> NBRC 15531 ^T	BAFO01000006	99,07	13/1399
3.	<i>Nocardia neocaledoniensis</i> SBHR OA6	AY282603	98,91	15/1376
<i>Nocardia</i> sp.YC206 izolatı				
1.	<i>Nocardia kroppenstedtii</i> N1286 ^T	DQ157924	99,93	1/1462
2.	<i>Nocardia farcinica</i> ATCC 3318 ^T	Z36936	99,86	2/1457
3.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	98,97	15/1462
<i>Nocardia</i> sp.YC214 izolatı				
1.	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> NRRL B-24637 ^T	JOAJ01000028	99,52	7/1460
2.	<i>Nocardia carnea</i> NBRC 14403 ^T	BAFV01000017	99,38	9/1460
3.	<i>Nocardia testacea</i> NBRC 100365 ^T	BAGJ01000040	99,32	10/1460
<i>Nocardia</i> sp.YC217 izolatı				
1.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	99,52	7/1461
2.	<i>Nocardia shimofusensis</i> IFM 10311 ^T	AB108775	99,32	10/1461
3.	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	BAFS01000062	99,18	12/1461
<i>Nocardia</i> sp.YC220B izolatı				
1.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	99,32	10/1466
2.	<i>Nocardia shimofusensis</i> IFM 10311 ^T	AB108775	99,11	13/1466
3.	<i>Nocardia farcinica</i> ATCC 3318 ^T	Z36936	99,04	14/1457
<i>Nocardia</i> sp.YC222 izolatı				
1.	<i>Nocardia thailandica</i> NBRC 100428 ^T	BAGK01000053	99,22	11/1414
2.	<i>Nocardia asteroides</i> NBRC 15531 ^T	BAFO01000006	99,08	13/1414
3.	<i>Nocardia sungurluensis</i> CR3272 ^T	JN989289	98,80	17/1414

Çizelge 4.6 (Devam). *Nocardia* cinsine ait izolatlar ve yakın ilk 3 tip türü

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% benzerlik	N.t Farklılığı
<i>Nocardia</i> sp.YC307 izolatı				
1.	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	BAFS01000062	99,86	2/1464
2.	<i>Nocardia abscessus</i> NBRC 100374 ^T	BAFP01000036	98,91	16/1464
3.	<i>Nocardia arthritidis</i> IFM 10035 ^T	AB108781	98,84	17/1464
<i>Nocardia</i> sp.YC516 izolatı				
1.	<i>Nocardia kroppenstedtii</i> N1286 ^T	DQ157924	99,93	1/1459
2.	<i>Nocardia farcinica</i> ATCC 3318 ^T	Z36936	99,86	2/1457
3.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	98,97	15/1459
<i>Nocardia</i> sp.YC538 izolatı				
1.	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	AF430051	99,45	8/1457
2.	<i>Nocardia fluminea</i> S1 ^T	AF277204	99,45	8/1442
3.	<i>Nocardia cummidelens</i> R89 ^T	AF277202	99,44	8/1441
<i>Nocardia</i> sp.YC607 izolatı				
1.	<i>Nocardia cyriacigeorgica</i> NBRC 100375 ^T	BAFY01000107	100,00	0/1466
2.	<i>Nocardia abscessus</i> NBRC 100374 ^T	BAFP01000036	98,91	16/1466
3.	<i>Nocardia asteroides</i> NBRC 15531 ^T	BAFO01000006	98,50	22/1464
<i>Nocardia</i> sp.YC902 izolatı				
1.	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T	BAGA01000039	99,45	8/1461
2.	<i>Nocardia shimofusensis</i> IFM 10311 ^T	AB108775	99,25	11/1461
3.	<i>Nocardia asiatica</i> NBRC 100129 ^T	BAFS01000062	99,11	13/1461
<i>Nocardia</i> sp.YC907 izolatı				
1.	<i>Nocardia carnea</i> NBRC 14403 ^T	BAFV01000017	100,00	0/1457
2.	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> NRRL B-24637 ^T	JOAJ01000028	99,45	8/1457
3.	<i>Nocardia testacea</i> NBRC 100365 ^T	BAGJ01000040	99,18	12/1457
<i>Nocardia</i> sp.YC927 izolatı				
1.	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> NRRL B-24637 ^T	JOAJ01000028	99,31	10/1456
2.	<i>Nocardia flavorosea</i> JCM 3332 ^T	Z46754	99,18	12/1455
3.	<i>Nocardia carnea</i> NBRC 14403 ^T	BAFV01000017	99,11	13/1456
<i>Nocardia</i> sp.YC932 izolatı				
1.	<i>Nocardia fluminea</i> S1 ^T	AF277204	99,45	8/1442
2.	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	AF430051	99,38	9/1457
3.	<i>Nocardia cummidelens</i> R89 ^T	AF277202	99,38	9/1441
<i>Nocardia</i> sp.YC936 izolatı				
1.	<i>Nocardia soli</i> DSM 44488 ^T	AF430051	99,38	9/1457
2.	<i>Nocardia cummidelens</i> R89 ^T	AF277202	99,38	9/1441
3.	<i>Nocardia fluminea</i> S1 ^T	AF277204	99,24	11/1443



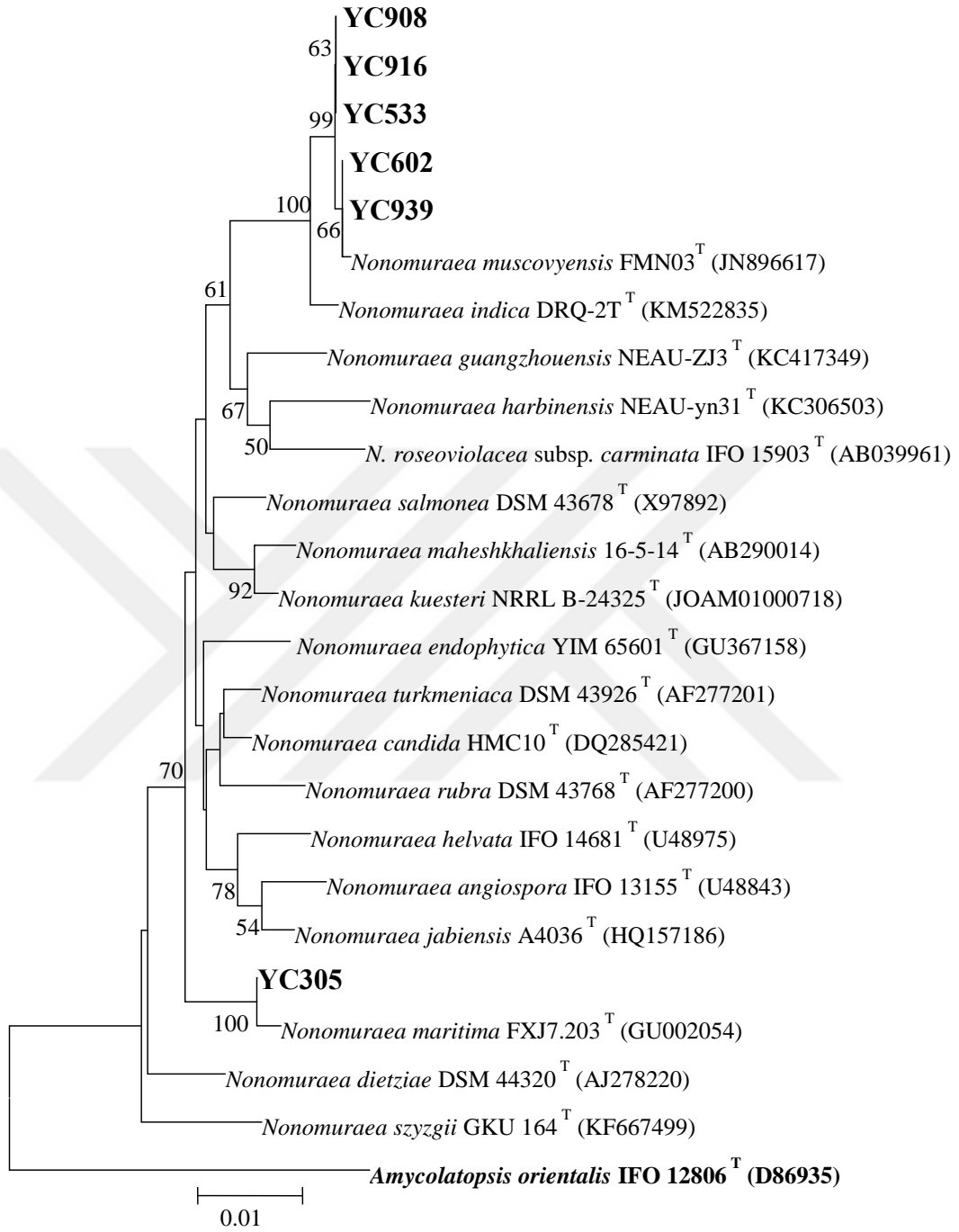
Şekil 4.5. 16S rRNA sekans analizleri yapılmış *Nocardia* cinsi izolatlar ve tip türlerinden oluşan filogenetik dendrogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilen ağaçta, bootstrap değeri % 50 üzeri dallanmalar için verildi

Nonomuraea cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Nonomuraea* cinsine ait olduğu belirlenen 6 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3'er tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirtilerek listelendi. *Nonomuraea* cinsi izolatlara ve yakın akraba tip türleri arasındaki % benzerlik oranları ve nükleotit farklılıkları Çizelge 4.7'de verildi. Sonrasında filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi. *Nonomuraea* cinsine ait filogenetik dendogram Şekil 4.6.'da görülmektedir. Filogenetik dendogram çiziminde Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.7. *Nonomuraea* cinsi izolatlara ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
Nonomuraea sp. YC305 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea maritima</i> FXJ7.203 ^T	GU002054	99,59	6/1465
2.	<i>Nonomuraea turkmeniaca</i> DSM 43926 ^T	AF277201	98,11	27/1429
3.	<i>Nonomuraea helvata</i> IFO 14681 ^T	U48975	98,08	27/1409
Nonomuraea sp. YC533 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	99,93	1/1460
2.	<i>Nonomuraea indica</i> DRQ-2 ^T	KM522835	99,22	11/1413
3.	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,14	27/1449
Nonomuraea sp. YC602 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	100,00	0/1459
2.	<i>Nonomuraea indica</i> DRQ-2 ^T	KM522835	99,22	11/1413
3.	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,07	28/1449
Nonomuraea sp. YC908 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	99,93	1/1465
2.	<i>Nonomuraea indica</i> DRQ-2 ^T	KM522835	99,22	11/1413
3.	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,14	27/1449
Nonomuraea sp. YC916 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	99,93	1/1463
2.	<i>Nonomuraea indica</i> DRQ-2 ^T	KM522835	99,22	11/1413
3.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	99,93	1/1463
Nonomuraea sp. YC939 izolatu				
1.	<i>Nonomuraea muscovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	100,00	0/1465
2.	<i>Nonomuraea indica</i> DRQ-2 ^T	KM522835	99,22	11/1413
3.	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,07	28/1449



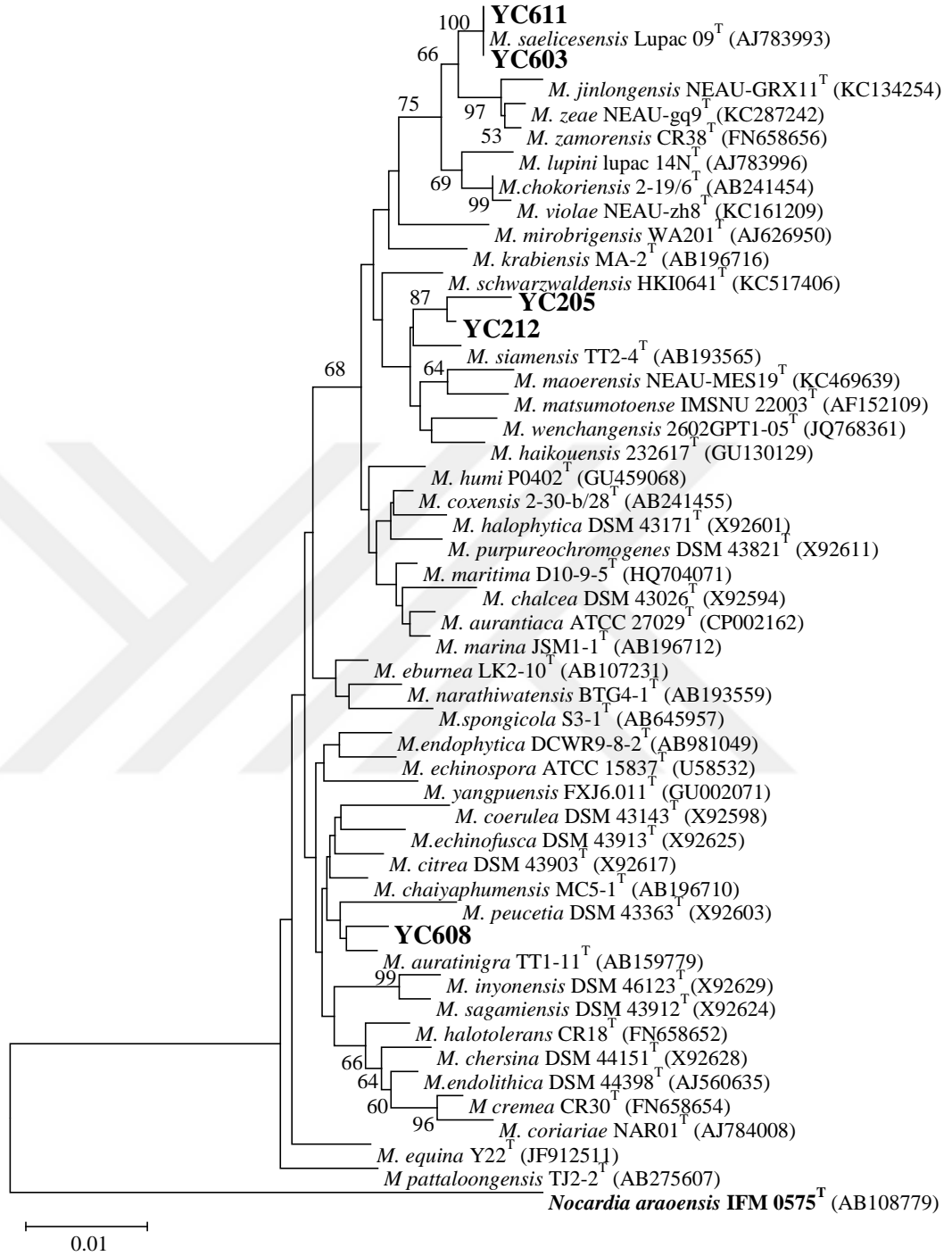
Şekil 4.6. *Nonomuraea* cinsine ait filogenetik dendrogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilirdi Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Micromonospora cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Micromonospora* cinsine ait olduğu belirlenen 5 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3'er tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirtilerek listelendi. *Micromonospora* cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri arasındaki % benzerlik oranları ve nükleotit farklılıkları Çizelge 4.8.'de verildi. Sonrasında filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi. Şekil 4.7.'de *Micromonospora* cinsine ait filogenetik dendogram görülmektedir. Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.8. *Micromonospora* cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
Micromonospora sp. YC205 izolatu				
1.	<i>M. siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	98,94	15/1417
2.	<i>M. coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	98,77	18/1458
3.	<i>M. maoerensis</i> NEAU-MES19 ^T	KC469639	98,70	19/1459
Micromonospora sp. YC212 izolatu				
1.	<i>M. coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	99,32	10/1460
2.	<i>M. siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	99,22	11/1417
3.	<i>M. purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	99,18	12/1460
Micromonospora sp. YC603 izolatu				
1.	<i>M. saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ783993	99,93	1/1459
2.	<i>M. chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,52	7/1458
3.	<i>M. violae</i> NEAU-zh8 ^T	KC161209	99,38	9/1458
Micromonospora sp. YC608 izolatu				
1.	<i>M. auratinigra</i> TT1-11 ^T	AB159779	99,45	8/1451
2.	<i>M. chaiyaphumensis</i> MC5-1 ^T	AB196710	99,37	9/1435
3.	<i>M. endophytica</i> DCWR9-8-2 ^T	AB981049	99,17	12/1452
Micromonospora sp. YC611 izolatu				
1.	<i>M. saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ783993	99,93	1/1459
2.	<i>M. chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,52	7/1458
3.	<i>M. violae</i> NEAU-zh8 ^T	KC161209	99,38	9/1458



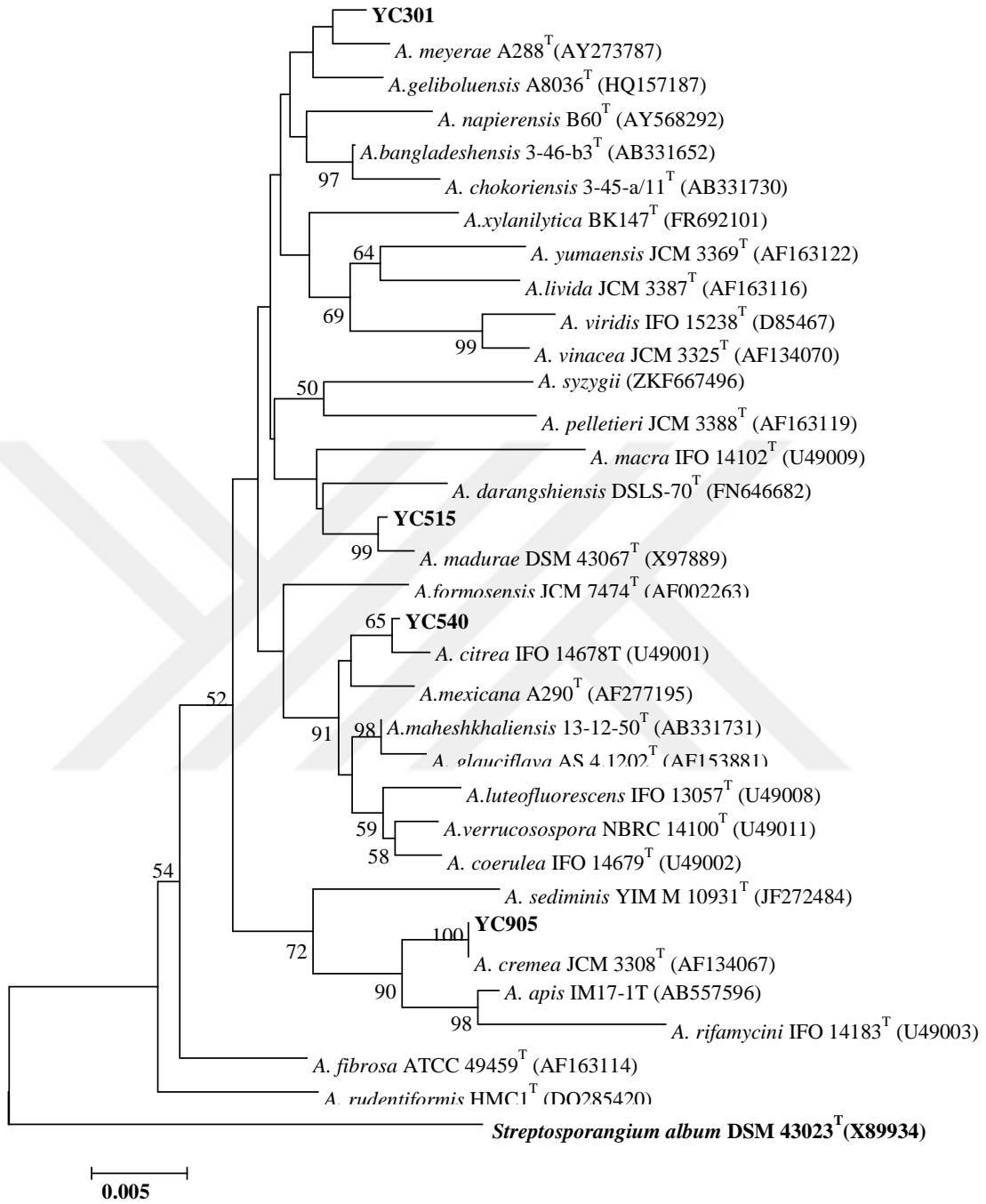
Şekil 4.7. *Micromonospora* cinsine ait filogenetik dendrogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Actinomadura cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Actinomadura* cinsine ait olduğu belirlenen 4 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3'er tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirlenerek listelendi. *Actinomadura* cinsi izolatlara ve yakın akraba tip türleri arasındaki % benzerlik ve nükleotit farklılıkları Çizelge 4.9.'da verildi. Sonrasında filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi. Şekil 4.8.'de *Actinomadura* cinsine ait filogenetik dendogram görülmektedir. Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.9. *Actinomadura* cinsi izolatlara ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
Actinomadura sp. YC301 izolatu				
1.	<i>Actinomadura meyeræ</i> A288 ^T	AY273787	99,58	6/1437
2.	<i>Actinomadura bangladeshensis</i> 3-46-b3 ^T	AB331652	99,45	8/1455
3.	<i>Actinomadura geliboluensis</i> A8036 ^T	HQ157187	98,97	15/1461
Actinomadura sp. YC515 izolatu				
1.	<i>Actinomadura maduræ</i> DSM 43067 ^T	X97889	99,65	5/1445
2.	<i>Actinomadura bangladeshensis</i> 3-46-b3 ^T	AB331652	98,83	17/1458
3.	<i>Actinomadura darangshiensis</i> DSLS-70 ^T	FN646682	98,80	17/1417
Actinomadura sp. YC540 izolatu				
1.	<i>Actinomadura citrea</i> IFO 14678 ^T	U49001	99,50	7/1406
2.	<i>Actinomadura mexicana</i> A290 ^T	AF277195	99,37	9/1421
3.	<i>Actinomadura maheshkhaliensis</i> 13-12-50 ^T	AB331731	99,31	10/1449
Actinomadura sp. YC905 izolatu				
1.	<i>Actinomadura cremea</i> JCM 3308 ^T	AF134067	99,93	1/1428
2.	<i>Actinomadura apis</i> IM17-1 ^T	AB557596	98,44	23/1477
3.	<i>Actinomadura rifamycini</i> IFO 14183 ^T	U49003	98,15	26/1408



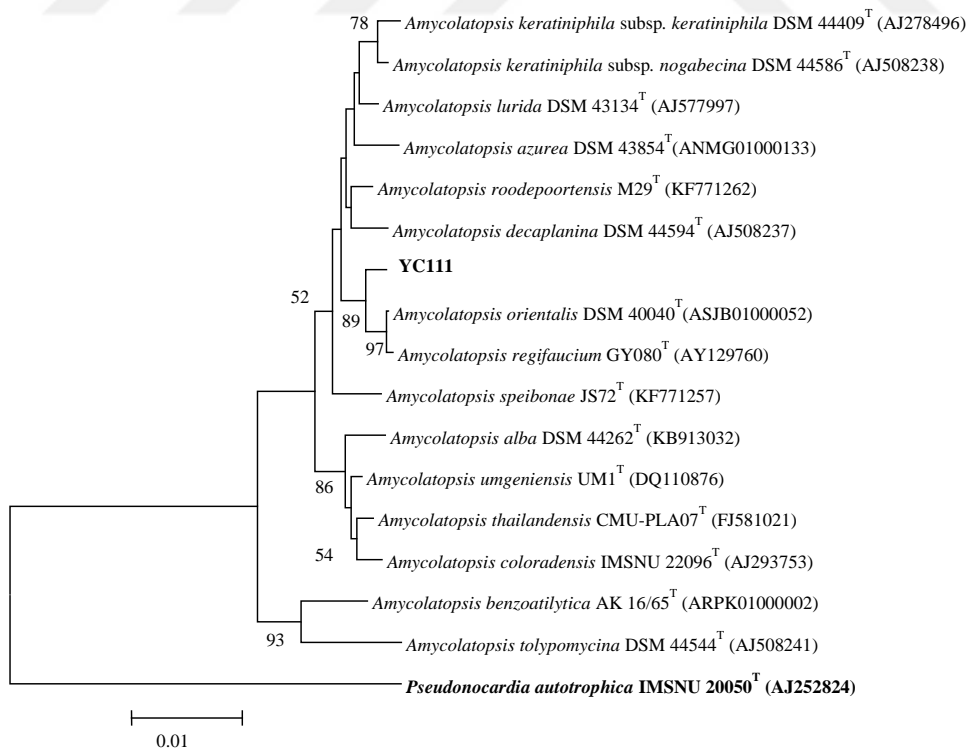
Şekil 4.8. *Actinomadura* cinsine ait filogenetik dendrogram Neighbor-joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir

Amycolatopsis cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Amycolatopsis* cinsine ait olduğu belirlenen 1 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3 tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirlenerek listelendi. Çizelge 4.10'da *Amycolatopsis* cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri arasındaki % benzerlik ve nükleotit farklılıkları verildi. Sonrasında filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi (Şekil 4.9). Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.10. *Amycolatopsis* cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
<i>Amycolatopsis</i> sp. YC111 izolatu				
1.	<i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134 ^T	AJ577997	99,28	10/1392
2.	<i>Amycolatopsis orientalis</i> DSM 40040 ^T	ASJB0100002	98,97	15/1459
3.	<i>Amycolatopsis regifaucium</i> GY080 ^T	AY129760	98,88	16/1434



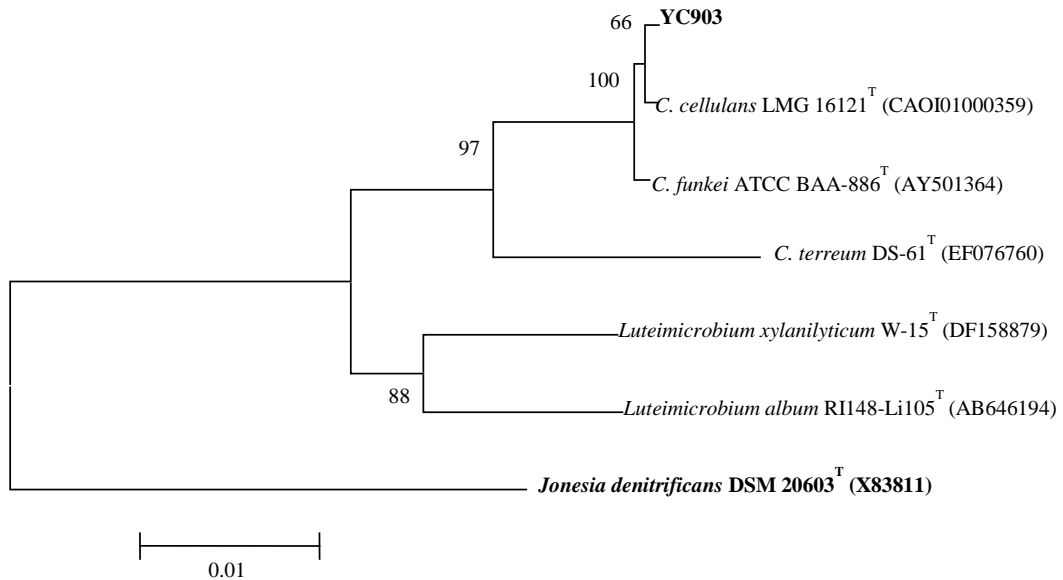
Şekil 4.9. *Amycolatopsis* cinsine ait filogenetik dendogram Neighbor-Joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir

Cellulosimicrobium cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Cellulosimicrobium* cinsine ait olduğu belirlenen 1 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3 tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirlenerek listelendi (Çizelge 4.11). Sonrasında filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi (Şekil 4.10). Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.11. *Cellulosimicrobium* cinsi izolatlara ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
<i>Cellulosimicrobium</i> sp. YC903 izolatu				
1.	<i>Cellulosimicrobium cellulans</i> LMG 16121 ^T	CAOI01000359	99,86	2/1464
2.	<i>Cellulosimicrobium funkei</i> ATCC BAA886 ^T	AY501364	99,79	3/1443
3.	<i>Cellulosimicrobium terreum</i> DS-61 ^T	EF076760	97,53	36/1457



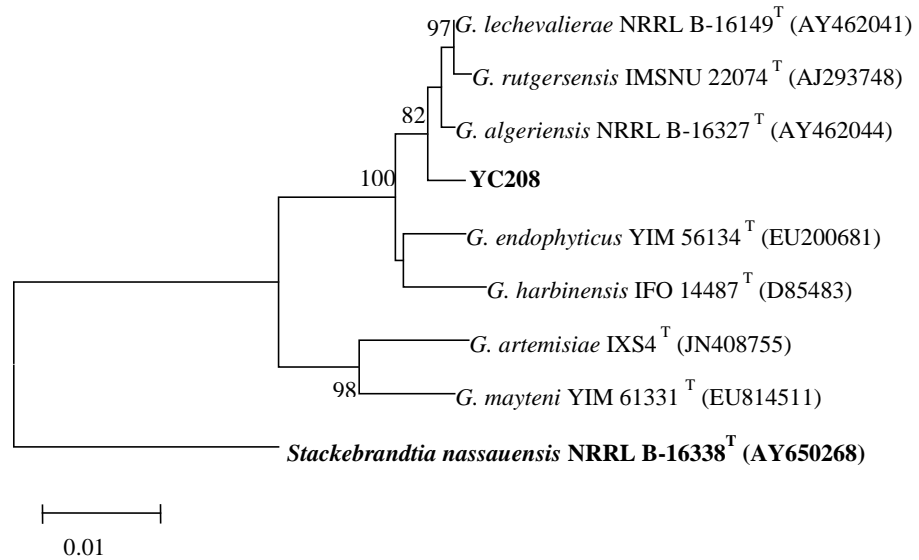
Şekil 4.10. *Cellulosimicrobium* cinsine ait filogenetik dendogram Neighbor-joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri, % 50'nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir

Glycomyces cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Glycomyces* cinsine ait olduğu belirlenen 1 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3 tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirlenerek Çizelge 4.12’de listelendi. Sonrasında filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi (Şekil 4.11). Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50’nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.12. *Glycomyces* cinsi izolatlara ve yakın akraba türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
<i>Glycomyces</i> sp. YC208 izolatu				
1.	<i>Glycomyces algeriensis</i> NRRL B-16327 ^T	AY462044	99,59	6/1473
2.	<i>Glycomyces lechevalierae</i> NRRL B-16149 ^T	AY462041	99,19	12/1473
3.	<i>Glycomyces rutgersensis</i> IMSNU 22074 ^T	AJ293748	99,05	14/1471



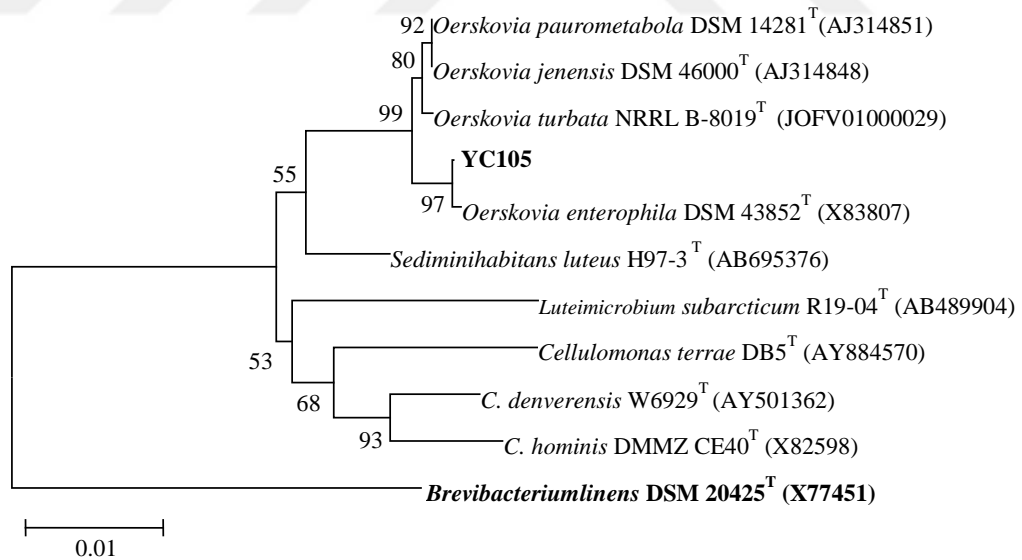
Şekil 4.11. *Glycomyces* cinsine ait filogenetik dendogram Neighbor-joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri % 50’nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01’dir

Oerskovia cinsi

16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre *Oerskovia* cinsine ait olduğu belirlenen 1 tane test izolatu ve en yakın benzerlik gösterdiği 3 tane tip türünün yüzde benzerlikleri ve nükleotit farkları belirlenerek Çizelge 4.13’de listelendi. Sonrasında filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için filogenetik dendogramı çizildi (Şekil 4.12). Filogenetik dendogramın oluşturulmasında Neighbor-joining algoritması kullanıldı. Bootstrap değeri % 50’nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit değişimi de listelendi.

Çizelge 4.13. *Oerskovia* cinsi izolatlar ve yakın akraba tip türleri

No	İzolatu Adı ve En Yakın Üç Tip Türü	Gen Bank	% Benzerlik	Nt. Farkı
<i>Oerskovia</i> sp. YC105 izolatu				
1.	<i>Oerskovia enterophila</i> DSM 43852 ^T	X83807	99,93	1/1445
2.	<i>Oerskovia paurometabola</i> DSM 14281 ^T	AJ314851	99,59	6/1449
3.	<i>Oerskovia turbata</i> NRRL B-8019 ^T	JOFV01000029	99,59	6/1449



Şekil 4.12. *Oerskovia* cinsine ait filogenetik dendogram Neighbor-joining algoritmasına göre çizildi. Bootstrap değeri % 50’nin üzerindeki dallanmalar için verildi ve ağaçtaki nükleotit pozisyon değişimi 0.01’dir

İzolasyon sonucunda belirlenen test izolatlarının 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi yapılarak izolatlar cins düzeyinde 9 Aktinobakteri grubu belirlendi. Bu Aktinobakteri cinslerinin herbiri 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre filogenetik ağaçları çizilerek ayrıntılı bir şekilde incelendi. İzolatlar içerisinde filogenetik durumuna göre yeni tür olma olasılığı bulunan 10 tane test izolatu belirlendi. Bu 10 tane izolatu herbirinin 16S rRNA gen bölgesi analiz verilerine göre filogenetik dendogramları çizildi. Çalışmanın bu aşamalarından sonra ki yapılan deneylerde belirlenen bu türler kullanılmıştır. Gerçekleştirilen deneylerde bu izolatlar ile birlikte en yakın akraba tip türleri de deneylerde kullanıldı ve değerlendirmeler bu tip türleriyle kıyaslanarak yapıldı. Belirlenen izolatlar ve tip türleri Çizelge 4.14’te verildi.

Çizelge 4.14. Taksonomik çalışmalarda kullanılan test izolatları ve yakın akraba tip türleri

	Test izolatları	En yakın akraba tip türleri
1.	<i>Amycolatopsis</i> sp. YC111	<i>Amycolatopsis orientalis</i> DSM 40040 ^T <i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134 ^T <i>Amycolatopsis regifaucium</i> DSM 45072 ^T
2.	<i>Streptomyces</i> sp. YC306	<i>Streptomyces aculeolatus</i> DSM 41644 ^T
3.	<i>Streptomyces</i> sp. YC512	<i>Streptomyces synnematoformans</i> DSM 41902 ^T
4.	<i>Streptomyces</i> sp. YC419	<i>Streptomyces vastus</i> DSM 40309 ^T
5.	<i>Streptomyces</i> sp. YC504	<i>Streptomyces indicus</i> DSM 42001 ^T
6.	<i>Streptomyces</i> sp. YC532	<i>Streptomyces eurocidicus</i> DSM 40604 ^T <i>Streptomyces amakusaensis</i> DSM 40219 ^T <i>Streptomyces inusitatus</i> DSM 41441 ^T <i>Streptomyces michiganensis</i> DSM 40015 ^T <i>Streptomyces lavendofoliae</i> DSM 40217 ^T <i>Streptomyces xanthochromogenes</i> DSM 40111 ^T
7.	<i>Streptomyces</i> sp. YC537	<i>Streptomyces tauricus</i> DSM 40560 ^T <i>Streptomyces beijiagensis</i> DSM 41794 ^T
8.	<i>Streptomyces</i> sp. YC541	<i>Streptomyces umbrinus</i> DSM 40278 ^T <i>Streptomyces ederensis</i> DSM 40741 ^T
9.	<i>Streptomyces</i> sp. YC917	<i>Streptomyces phaeochromogenes</i> DSM 40073 ^T
10.	<i>Streptomyces</i> sp. YC925	<i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i> DSM 41782 ^T <i>Streptomyces aurantiacus</i> DSM 40412 ^T

4.8 DNA-DNA homoloji değerlerinin belirlenmesi

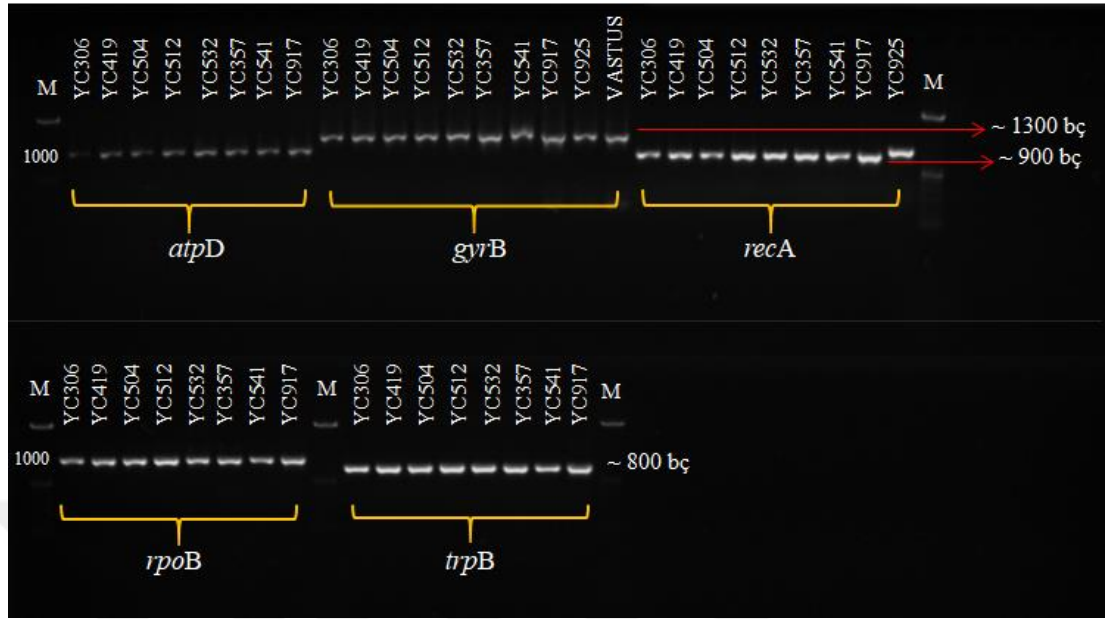
İzolatların 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre oluşturulan dendogramlarda filogenetik konumu belirlendikten sonra yeni tür olma ihtimalinin netlik kazanması amacıyla DNA-DNA homoloji deneyleri gerçekleştirildi. Deneylerde yeni tür olduğu düşünülen izolat ile en yakın akraba tip türü kullanıldı. YC419 ve YC504 izolatların tip türleri ile DNA-DNA hibridizasyon % değerleri Çizelge 4.15'te verildi.

Çizelge 4.15. YC419 ve YC504 izolatların tip türleri ile DNA-DNA hibridizasyon % değerleri

DNA-DNA Hibridizasyonu	<i>Streptomyces sp.</i> YC419
<i>Streptomyces vastus</i> DSM 40309 ^T	% 54
DNA-DNA Hibridizasyonu	<i>Streptomyces sp.</i> YC504
<i>Streptomycesindicus</i> DSM 42001 ^T	% 55,4

4.9 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu

9 test izolatı ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonları MyGenie96 (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea)'da gerçekleştirildi. Elde edililen PZR ürünleri % 1,5'lük agaroz jelde PZR markör ile birlikte 100 voltta 45 dakika yürütülerek UV-transillüminatör (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel) görüntülendi ve kaydedildi. Resim 4.4'te test organizmalarının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR ürünlerinin % 1,5 agaroz jel görüntüsü verilmektedir. Tip türlerinden Genbank'da gen bölgesi nükleotit dizileri bulunan türlerin veileri Genbank'dan alındı. *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin saflaştırılması ve nükleotit dizi analizleri G. Kore'de Macrogen Inc. firmasından hizmet alımı şeklinde yapıldı.



Resim 4.4. Test organizmalarının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri PZR ürünlerinin % 1,5 agaroz jel görüntüsü

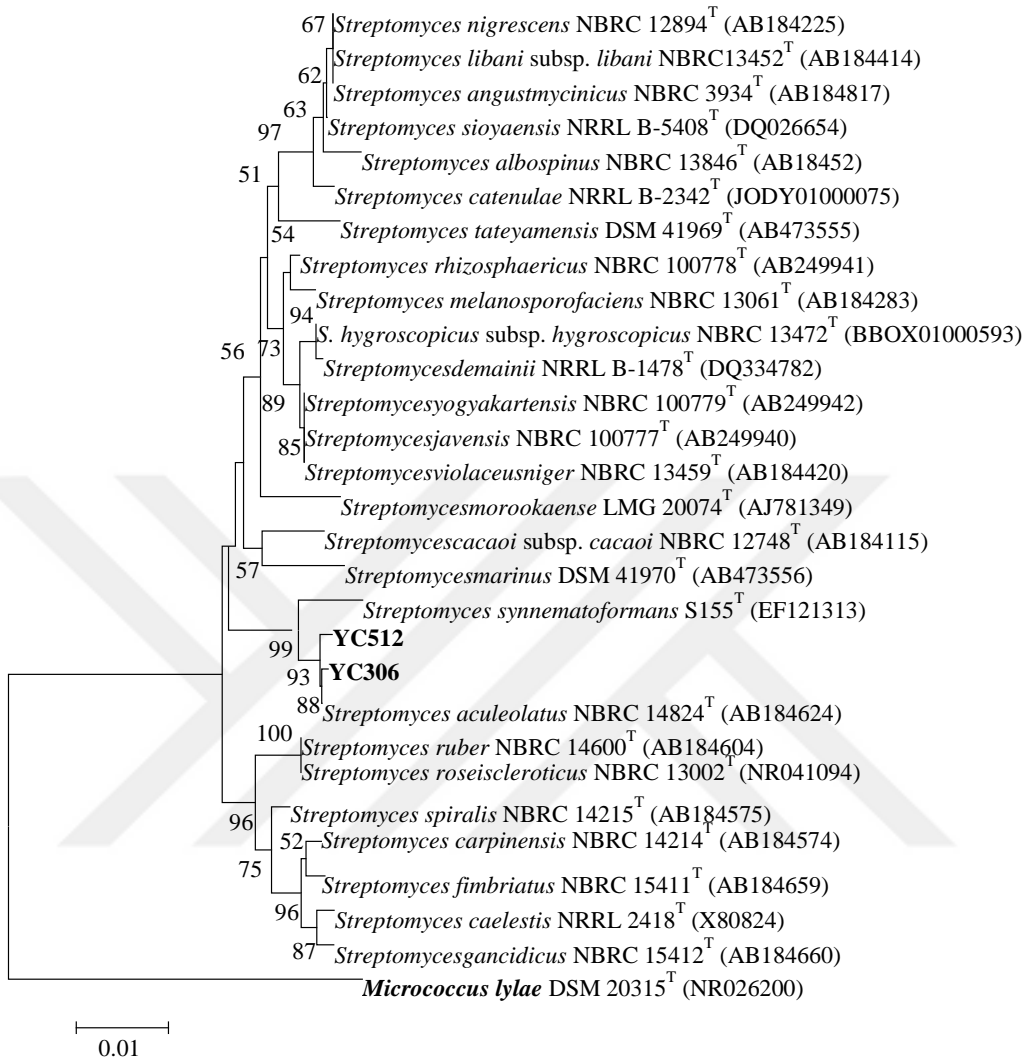
4.10 *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin sekans analizleri ve filogenetik dendrogram oluşturulması

Streptomyces cinsine ait olduğu 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi sonucu belirlenen 9 test izolatını ve en yakın akraba tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgesi nükleotit baz dizileri sekans dizileme çalışmalarıyla elde edildi. Daha önceden nükleotit dizi sonuçları bulunan organizmaların verileri NCBI/GenBank gibi veri tabanlarından temin edildi. Mega 7 paket programı kullanılarak gen bölgerinin baz dizileri karşılaştırmalı bir şekilde manuel olarak hizalandı. 2 primer kullanılarak elde edilen baz dizileri yan yana getirilerek yaklaşık 496 bç'den oluşan *atpD* gen bölgesi, 408 bç'den oluşan *gyrB* gen bölgesi, 504 bç'den oluşan *recA* gen bölgesi, 540 bç'den oluşan *rpoB* gen bölgesi, 571 bç'den oluşan *trpB* nükleotit baz dizileri elde edildi. Sonrasında tüm test organizmalarının 5 gen bölgeleri bir araya getirilerek birleştirilmiş nükleotit diziler oluşturuldu. Daha sonra oluşturulan gen bölgelerinin nükleotit baz dizileri kullanılarak filogenetik dendrogramlar çizildi. Şekil 4.14, Şekil 4.16, Şekil 4.18, Şekil 4.20, Şekil 4.22, Şekil 4.24'te izolatların *atpD*, *gyrB*, *recA*,

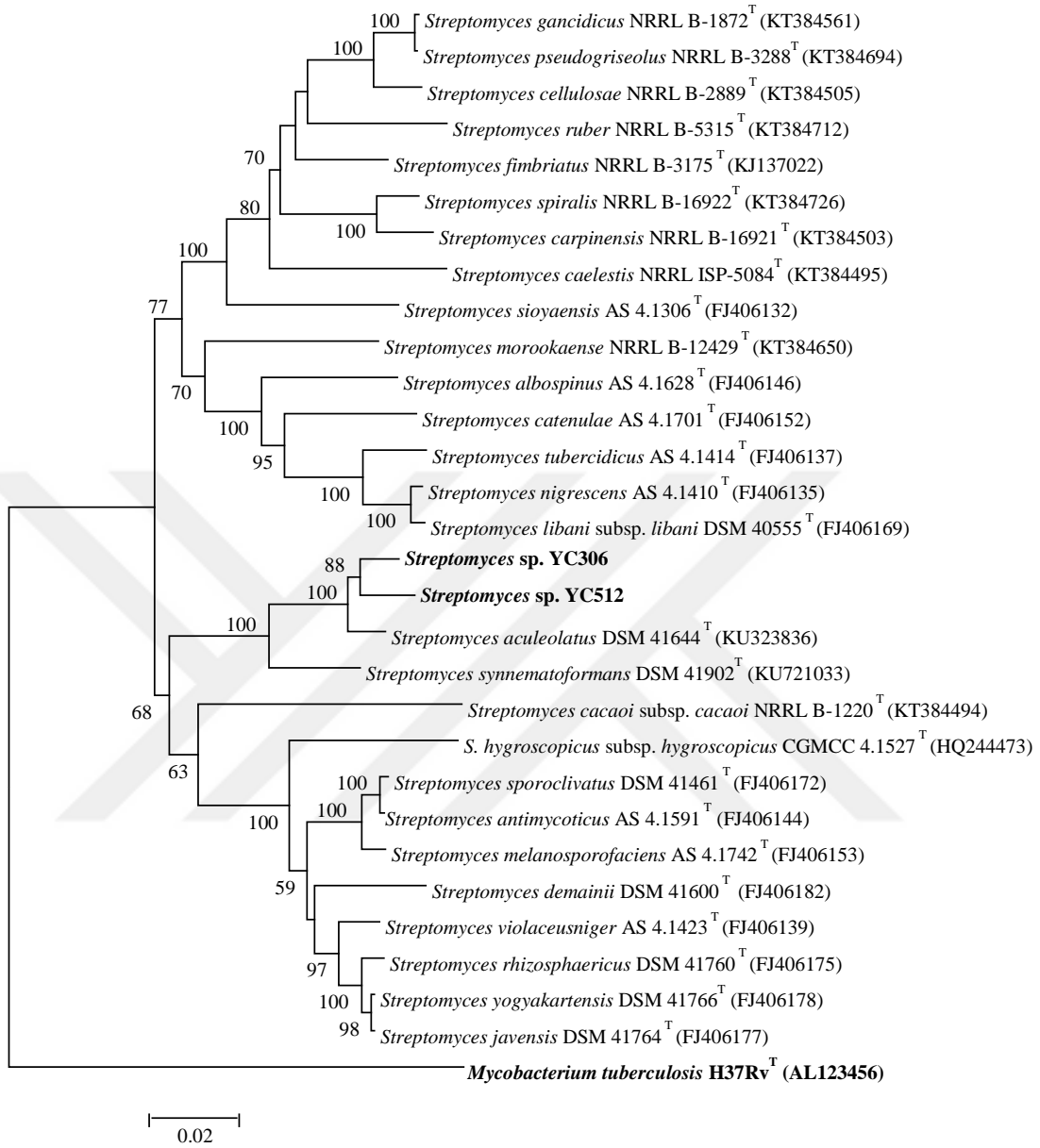
rpoB, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram gösterilmektedir.

Her test izolatının da 16S rRNA gen bölgesi verilerine göre dendogramı çizilerek, 5 gen bölgesi birleştirilmiş dendogramla karşılaştırılarak değerlendirildi. Şekil 4.13, Şekil 4.15, Şekil 4.17, Şekil 4.19, Şekil 4.21, Şekil 4.23'te ise izolatların ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı görülmektedir. 5 gen bölgesi birleştirilmiş dendogramları ve 16S rRNA dendogramlarının çiziminde Neighbour-joining [Jukes ve Cantor, 1969] algoritması ve Jukes ve Cantor [1969] uzaklık matrisi kullanıldı.

Herbir *Streptomyces* test izolatı ve en yakın tip türlerinin, *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgesi nükleotit baz dizileri PHYDIT [URL-11] paket programı kullanılarak, toplamda 10'ar tane organizmanın aralarındaki benzerlik oranları belirlendi. Çizelge 4.17, Çizelge 4.18, Çizelge 4.19, Çizelge 4.20, Çizelge 4.21, Çizelge 4.23, Çizelge 4.24, Çizelge 4.25, Çizelge 4.26, Çizelge 4.27, Çizelge 4.29, Çizelge 4.30, Çizelge 4.31, Çizelge 4.32, Çizelge 4.33, Çizelge 4.35, Çizelge 4.36, Çizelge 4.37, Çizelge 4.38, Çizelge 4.39, Çizelge 4.41, Çizelge 4.42, Çizelge 4.43, Çizelge 4.44, Çizelge 4.45, Çizelge 4.47, Çizelge 4.48, Çizelge 4.49, Çizelge 4.50, Çizelge 4.51'de *Streptomyces* izolatlarının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları verilmektedir. Ayrıca test izolatları ve tip türlerinden oluşan toplam 15 organizmanın Mega 7.0 programı kullanılarak filogenetik uzaklıkları da belirlendi. Çizelge 4.16, Çizelge 4.22, Çizelge 4.28, Çizelge 4.34, Çizelge 4.40, Çizelge 4.46'da *Streptomyces* izolatlarının ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgelerinin birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları verilmektedir.



Şekil 4.13. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir.



Şekil 4.14. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatların *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendrogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir

Çizelge 4.16. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları

<i>Streptomyces</i> sp. YC306														
<i>Streptomyces</i> sp. YC512	0,022													
<i>Streptomyces aculeolatus</i>	0,020	0,026												
<i>Streptomyces synnematoformans</i>	0,052	0,049	0,054											
<i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	0,127	0,134	0,128	0,120										
<i>Streptomyces albospinus</i>	0,115	0,118	0,114	0,106	0,115									
<i>Streptomyces yogyakartensis</i>	0,090	0,093	0,085	0,089	0,099	0,106								
<i>Streptomyces javensis</i>	0,089	0,092	0,084	0,090	0,100	0,107	0,001							
<i>Streptomyces violaceusniger</i>	0,091	0,098	0,089	0,090	0,097	0,106	0,018	0,019						
<i>Streptomyces ruber</i>	0,118	0,126	0,118	0,107	0,137	0,113	0,116	0,116	0,118					
<i>Streptomyces hygroscopicus</i> subsp. <i>hygroscopicus</i>	0,118	0,121	0,114	0,110	0,127	0,124	0,066	0,065	0,062	0,134				
<i>Streptomyces morookaense</i>	0,114	0,113	0,109	0,104	0,118	0,076	0,098	0,097	0,102	0,102	0,120			
<i>Streptomyces demainii</i>	0,116	0,121	0,112	0,113	0,110	0,111	0,043	0,044	0,039	0,123	0,065	0,105		
<i>Streptomyces fimbriatus</i>	0,127	0,128	0,121	0,111	0,143	0,114	0,115	0,114	0,118	0,057	0,142	0,102	0,131	
<i>Streptomyces spiralis</i>	0,129	0,133	0,124	0,119	0,148	0,114	0,119	0,118	0,123	0,076	0,139	0,106	0,134	0,060

Çizelge 4.17. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC306	---	10/496	6/496	19/496	31/496	51/495	29/495	28/495	28/495	55/496
2.	<i>Streptomyces</i> sp. YC512	97,98	---	12/496	20/496	38/496	54/495	36/495	35/495	35/495	64/496
3.	<i>Streptomyces aculeolatus</i>	98,79	97,58	---	17/496	35/496	52/495	31/495	30/495	30/495	61/496
4.	<i>Streptomyces synnematoformans</i>	96,17	95,97	96,57	---	29/496	47/495	24/495	25/495	23/495	57/496
5.	<i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	93,75	92,34	92,94	94,15	---	41/495	18/495	19/495	17/495	48/496
6.	<i>Streptomyces albospinus</i>	89,70	89,09	89,49	90,51	91,72	---	34/495	35/495	33/495	52/495
7.	<i>Streptomyces yogyakartensis</i>	94,14	92,73	93,74	95,15	96,36	93,13	---	1/495	1/495	44/495
8.	<i>Streptomyces javensis</i>	94,34	92,93	93,94	94,95	96,16	92,93	99,80	---	2/495	43/495
9.	<i>Streptomyces violaceusniger</i>	94,34	92,93	93,94	95,35	96,57	93,33	99,80	99,60	---	43/495
10.	<i>Streptomyces ruber</i>	88,91	87,10	87,70	88,51	90,32	89,49	91,11	91,31	91,31	---

1. *Streptomyces* sp. YC306, 2. *Streptomyces* sp. YC512, 3. *Streptomyces aculeolatus*, 4. *Streptomyces synnematoformans*, 5. *Streptomyces cacaoi* subsp. *cacaoi*, 6. *Streptomyces albospinus*, 7. *Streptomyces yogyakartensis*, 8. *Streptomyces javensis*, 9. *Streptomyces violaceusniger*, 10. *Streptomyces ruber*

Çizelge 4.18. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC306	---	11/406	9/406	64/376	72/376	66/376	66/376	63/376	85/406	74/376
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC512	97,29	---	14/406	70/376	77/376	73/376	73/376	72/376	90/406	79/376
3. <i>Streptomyces aculeolatus</i>	97,78	96,55	---	65/376	72/376	67/376	67/376	66/376	82/406	68/376
4. <i>Streptomyces synnematoformans</i>	82,98	81,38	82,71	---	70/376	67/376	67/376	65/376	75/376	74/376
5. <i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	80,85	79,52	80,85	81,38	---	56/376	56/376	55/376	79/376	57/376
6. <i>Streptomyces albospinus</i>	82,45	80,59	82,18	82,18	85,11	---	0/376	8/376	66/376	45/376
7. <i>Streptomyces yogyakartensis</i>	82,45	80,59	82,18	82,18	85,11	100,00	---	8/376	66/376	45/376
8. <i>Streptomyces javensis</i>	83,24	80,85	82,45	82,71	85,37	97,87	97,87	---	65/376	42/376
9. <i>Streptomyces violaceusniger</i>	79,06	77,83	79,80	80,05	78,99	82,45	82,45	82,71	---	74/376
10. <i>Streptomyces ruber</i>	80,32	78,99	81,91	80,32	84,84	88,03	88,03	88,83	80,32	---

1. *Streptomyces* sp. YC306, 2. *Streptomyces* sp. YC512, 3. *Streptomyces aculeolatus*, 4. *Streptomyces synnematoformans*, 5. *Streptomyces cacaoi* subsp. *cacaoi*, 6. *Streptomyces albospinus*, 7. *Streptomyces yogyakartensis*, 8. *Streptomyces javensis*, 9. *Streptomyces violaceusniger*, 10. *Streptomyces ruber*

Çizelge 4.19. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC306	---	12/504	16/504	16/504	74/504	55/504	47/504	48/504	55/504	56/504
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC512	97,62	---	15/504	9/504	73/504	54/504	43/504	44/504	55/504	52/504
3. <i>Streptomyces aculeolatus</i>	96,83	97,02	---	19/504	70/504	52/504	46/504	47/504	55/504	52/504
4. <i>Streptomyces synnematoformans</i>	96,83	98,21	96,23	---	75/504	55/504	46/504	47/504	54/504	57/504
5. <i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	85,32	85,52	86,11	85,12	---	63/504	61/504	62/504	59/504	69/504
6. <i>Streptomyces albospinus</i>	89,09	89,29	89,68	89,09	87,50	---	51/504	52/504	48/504	53/504
7. <i>Streptomyces yogyakartensis</i>	90,67	91,47	90,87	90,87	87,90	89,88	---	1/504	31/504	51/504
8. <i>Streptomyces javensis</i>	90,48	91,27	90,67	90,67	87,70	89,68	99,80	---	32/504	52/504
9. <i>Streptomyces violaceusniger</i>	89,09	89,09	89,09	89,29	88,29	90,48	93,85	93,65	---	61/504
10. <i>Streptomyces ruber</i>	88,89	89,68	89,68	88,69	86,31	89,48	89,88	89,68	87,90	---

1. *Streptomyces* sp. YC306, 2. *Streptomyces* sp. YC512, 3. *Streptomyces aculeolatus*, 4. *Streptomyces synnematoformans*, 5. *Streptomyces cacaoi* subsp. *cacaoi*, 6. *Streptomyces albospinus*, 7. *Streptomyces yogyakartensis*, 8. *Streptomyces javensis*, 9. *Streptomyces violaceusniger*, 10. *Streptomyces ruber*

Çizelge 4.20. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

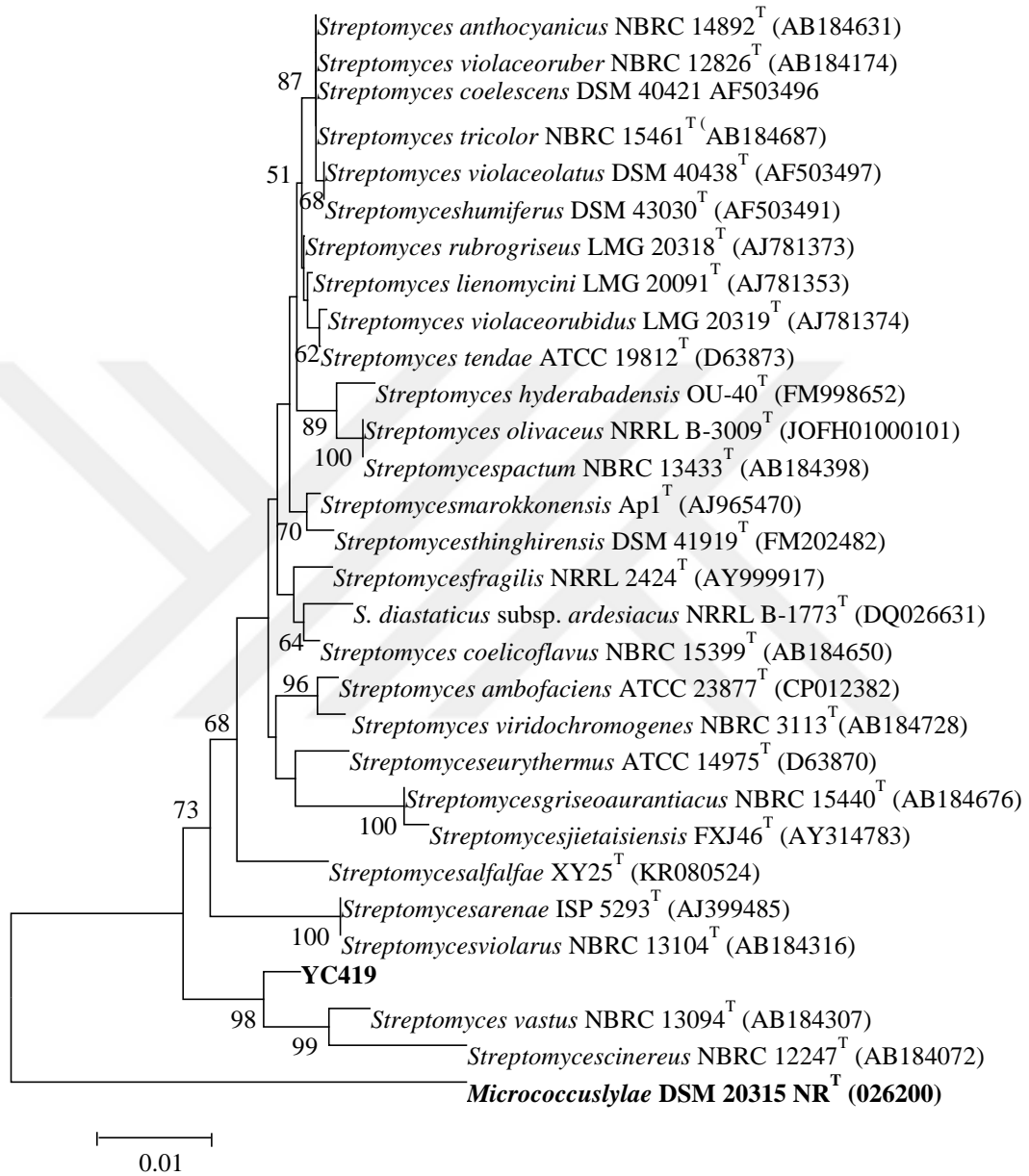
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC306	---	6/540	6/540	7/540	57/540	54/540	23/540	22/540	24/540	49/540
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC512	98,89	---	8/540	9/540	57/540	54/540	25/540	24/540	26/540	51/540
3. <i>Streptomyces aculeolatus</i>	98,89	98,52	---	11/540	57/540	56/540	23/540	22/540	24/540	49/540
4. <i>Streptomyces synnematoformans</i>	98,70	98,33	97,96	---	60/540	58/540	28/540	27/540	29/540	53/540
5. <i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	89,44	89,44	89,44	88,89	---	54/540	48/540	47/540	47/540	67/540
6. <i>Streptomyces albospinus</i>	90,00	90,00	89,63	89,26	90,00	---	55/540	56/540	56/540	61/540
7. <i>Streptomyces yogyakartensis</i>	95,74	95,37	95,74	94,81	91,11	89,81	---	1/540	5/540	61/540
8. <i>Streptomyces javensis</i>	95,93	95,56	95,93	95,00	91,30	89,63	99,81	---	4/540	60/540
9. <i>Streptomyces violaceusniger</i>	95,56	95,19	95,56	94,63	91,30	89,63	99,07	99,26	---	56/540
10. <i>Streptomyces ruber</i>	90,93	90,56	90,93	90,19	87,59	88,70	88,70	88,89	89,63	---

1. *Streptomyces* sp. YC306, 2. *Streptomyces* sp. YC512, 3. *Streptomyces aculeolatus*, 4. *Streptomyces synnematoformans*, 5. *Streptomyces cacaoi* subsp. *cacaoi*, 6. *Streptomyces albospinus*, 7. *Streptomyces yogyakartensis*, 8. *Streptomyces javensis*, 9. *Streptomyces violaceusniger*, 10. *Streptomyces ruber*

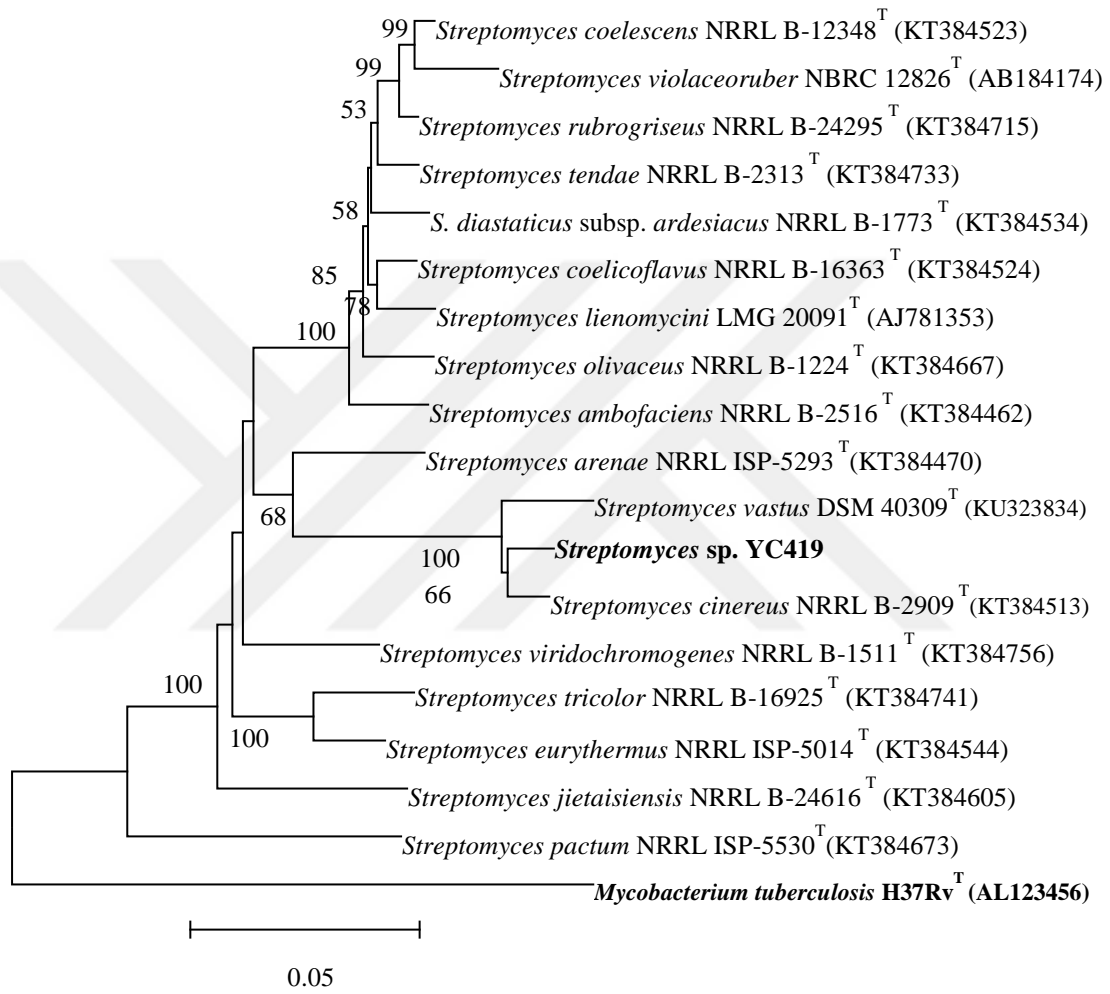
Çizelge 4.21. *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC306	---	19/571	17/569	64/571	89/569	68/567	79/567	79/567	78/567	74/569
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC512	96,67	---	19/569	61/571	94/569	69/567	78/567	78/567	81/567	79/569
3. <i>Streptomyces aculeolatus</i>	97,01	96,66	---	62/569	90/571	65/567	71/567	71/567	72/567	72/571
4. <i>Streptomyces synnematoformans</i>	88,79	89,32	89,10	---	73/569	51/567	78/567	78/567	74/567	47/569
5. <i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i>	84,36	83,48	84,24	87,17	---	70/567	69/567	69/567	70/567	82/571
6. <i>Streptomyces albospinus</i>	88,01	87,83	88,54	91,01	87,65	---	69/567	69/567	72/567	55/567
7. <i>Streptomyces yogyakartensis</i>	86,07	86,24	87,48	86,24	87,83	87,83	---	0/567	8/567	71/567
8. <i>Streptomyces javensis</i>	86,07	86,24	87,48	86,24	87,83	87,83	100,00	---	8/567	71/567
9. <i>Streptomyces violaceusniger</i>	86,24	85,71	87,30	86,95	87,65	87,30	98,59	98,59	---	73/567
10. <i>Streptomyces ruber</i>	86,99	86,12	87,39	91,74	85,64	90,30	87,48	87,48	87,13	---

1. *Streptomyces* sp. YC306, 2. *Streptomyces* sp. YC512, 3. *Streptomyces aculeolatus*, 4. *Streptomyces synnematoformans*, 5. *Streptomyces cacaoi* subsp. *cacaoi*, 6. *Streptomyces albospinus*, 7. *Streptomyces yogyakartensis*, 8. *Streptomyces javensis*, 9. *Streptomyces violaceusniger*, 10. *Streptomyces ruber*



Şekil 4.15. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir.



Şekil 4.16. *Streptomyces* sp. YC419 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendrogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir

Çizelge 4.22. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları

<i>Streptomyces</i> sp. YC419															
<i>Streptomyces vastus</i>	0,031														
<i>Streptomyces tricolor</i>	0,113	0,123													
<i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	0,107	0,118	0,082												
<i>Streptomyces coelestis</i>	0,105	0,114	0,089	0,028											
<i>Streptomyces anthocyanicus</i>	0,218	0,228	0,200	0,140	0,116										
<i>Streptomyces coelicoflavus</i>	0,104	0,113	0,081	0,024	0,026	0,140									
<i>Streptomyces rubrogriseus</i>	0,107	0,114	0,085	0,025	0,012	0,127	0,019								
<i>Streptomyces eurythermus</i>	0,112	0,117	0,037	0,075	0,079	0,188	0,075	0,076							
<i>Streptomyces cinereus</i>	0,019	0,031	0,111	0,106	0,104	0,218	0,101	0,104	0,109						
<i>Streptomyces jietaisiensis</i>	0,110	0,117	0,086	0,088	0,086	0,186	0,087	0,086	0,073	0,113					
<i>Streptomyces arenae</i>	0,085	0,095	0,084	0,075	0,076	0,189	0,072	0,071	0,078	0,084	0,097				
<i>Streptomyces olivaceus</i>	0,105	0,115	0,084	0,030	0,033	0,146	0,029	0,028	0,076	0,106	0,085	0,074			
<i>Streptomyces pactum</i>	0,130	0,141	0,115	0,133	0,136	0,248	0,131	0,130	0,119	0,132	0,118	0,111	0,130		
<i>Streptomyces ambofaciens</i>	0,105	0,119	0,085	0,035	0,036	0,149	0,033	0,033	0,076	0,105	0,089	0,074	0,038	0,129	

Çizelge 4.23. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	atp	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC419	---	6/496	58/496	54/496	56/496	56/496	55/496	56/496	60/496	6/496
2.	<i>Streptomyces vastus</i>	98,79	---	63/496	59/496	57/496	57/496	58/496	57/496	61/496	9/496
3.	<i>Streptomyces tricolor</i>	88,31	87,30	---	18/496	24/496	24/496	19/496	24/496	10/496	57/496
4.	<i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	89,11	88,10	96,37	---	6/496	6/496	1/496	6/496	18/496	53/496
5.	<i>Streptomyces coelestis</i>	88,71	88,51	95,16	98,79	---	0/496	5/496	0/496	20/496	53/496
6.	<i>Streptomyces anthocyanicus</i>	88,71	88,51	95,16	98,79	100,00	---	5/496	0/496	20/496	53/496
7.	<i>Streptomyces coelicoflavus</i>	88,91	88,31	96,17	99,80	98,99	98,99	---	5/496	19/496	52/496
8.	<i>Streptomyces rubrogriseus</i>	88,71	88,51	95,16	98,79	100,00	100,00	98,99	---	20/496	53/496
9.	<i>Streptomyces eurythermus</i>	87,90	87,70	97,98	96,37	95,97	95,97	96,17	95,97	---	59/496
10.	<i>Streptomyces cinereus</i>	98,79	98,19	88,51	89,31	89,31	89,31	89,52	89,31	88,10	---

1. *Streptomyces* sp. YC419, 2. *Streptomyces vastus*, 3. *Streptomyces tricolor*, 4. *Streptomyces diastaticus* subsp. *ardesiacus*, 5. *Streptomyces coelestis*, 6. *Streptomyces anthocyanicus*, 7. *Streptomyces coelicoflavus*, 8. *Streptomyces rubrogriseus*, 9. *Streptomyces eurythermus*, 10. *Streptomyces cinereus*

Çizelge 4.24. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC419	---	7/408	44/408	45/408	43/408	42/408	44/408	42/408	48/408	5/408
2. <i>Streptomyces vastus</i>	98,28	---	44/408	45/408	42/408	41/408	44/408	42/408	48/408	6/408
3. <i>Streptomyces tricolor</i>	89,22	89,22	---	46/408	47/408	48/408	48/408	48/408	20/408	42/408
4. <i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	88,97	88,97	88,73	---	11/408	10/408	13/408	8/408	51/408	46/408
5. <i>Streptomyces coelestis</i>	89,46	89,71	88,48	97,30	---	1/408	14/408	3/408	48/408	43/408
6. <i>Streptomyces anthocyanicus</i>	89,71	89,95	88,24	97,55	99,75	---	13/408	2/408	47/408	42/408
7. <i>Streptomyces coelicoflavus</i>	89,22	89,22	88,24	96,81	96,57	96,81	---	11/408	49/408	43/408
8. <i>Streptomyces rubrogriseus</i>	89,71	89,71	88,24	98,04	99,26	99,51	97,30	---	47/408	43/408
9. <i>Streptomyces eurythermus</i>	88,24	88,24	95,10	87,50	88,24	88,48	87,99	88,48	---	46/408
10. <i>Streptomyces cinereus</i>	98,77	98,53	89,71	88,73	89,46	89,71	89,46	89,46	88,73	---

1. *Streptomyces* sp. YC419, 2. *Streptomyces vastus*, 3. *Streptomyces tricolor*, 4. *Streptomyces diastaticus* subsp. *ardesiacus*, 5. *Streptomyces coelestis*, 6. *Streptomyces anthocyanicus*, 7. *Streptomyces coelicoflavus*, 8. *Streptomyces rubrogriseus*, 9. *Streptomyces eurythermus*, 10. *Streptomyces cinereus*

Çizelge 4.25. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC419	---	32/504	55/504	34/504	33/504	33/504	33/504	34/504	41/504	17/504
2. <i>Streptomyces vastus</i>	93,65	---	65/504	48/504	47/504	47/504	46/504	44/504	51/504	32/504
3. <i>Streptomyces tricolor</i>	89,09	87,10	---	40/504	43/504	43/504	38/504	37/504	35/504	53/504
4. <i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	93,25	90,48	92,06	---	12/504	12/504	12/504	11/504	22/504	35/504
5. <i>Streptomyces coelestis</i>	93,45	90,67	91,47	97,62	---	0/504	14/504	13/504	25/504	34/504
6. <i>Streptomyces anthocyanicus</i>	93,45	90,67	91,47	97,62	100,00	---	14/504	13/504	25/504	34/504
7. <i>Streptomyces coelicoflavus</i>	93,45	90,87	92,46	97,62	97,22	97,22	---	5/504	22/504	32/504
8. <i>Streptomyces rubrogriseus</i>	93,25	91,27	92,66	97,82	97,42	97,42	99,01	---	21/504	33/504
9. <i>Streptomyces eurythermus</i>	91,87	89,88	93,06	95,63	95,04	95,04	95,63	95,83	---	39/504
10. <i>Streptomyces cinereus</i>	96,63	93,65	89,48	93,06	93,25	93,25	93,65	93,45	92,26	---

1. *Streptomyces* sp. YC419, 2. *Streptomyces vastus*, 3. *Streptomyces tricolor*, 4. *Streptomyces diastaticus* subsp. *ardesiacus*, 5. *Streptomyces coelestis*, 6. *Streptomyces anthocyanicus*, 7. *Streptomyces coelicoflavus*, 8. *Streptomyces rubrogriseus*, 9. *Streptomyces eurythermus*, 10. *Streptomyces cinereus*

Çizelge 4.26. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

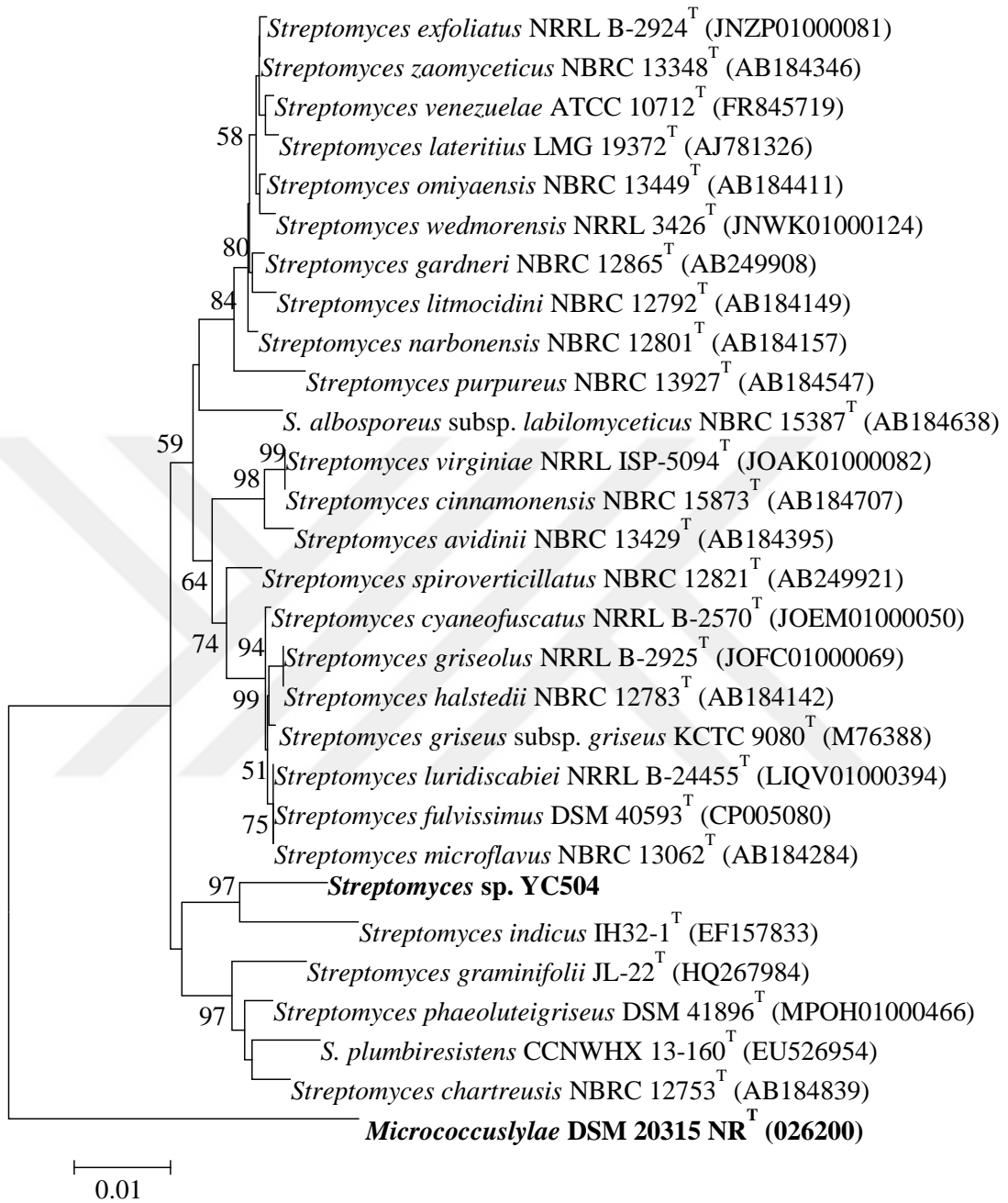
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC419	---	8/540	52/540	55/540	52/540	268/503	54/540	56/540	51/540	3/540
2. <i>Streptomyces vastus</i>	98,52	---	53/540	58/540	53/540	267/503	55/540	57/540	52/540	7/540
3. <i>Streptomyces tricolor</i>	90,37	90,19	---	49/540	52/540	268/503	48/540	51/540	9/540	51/540
4. <i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	89,81	89,26	90,93	---	22/540	270/503	15/540	19/540	48/540	56/540
5. <i>Streptomyces coelestis</i>	90,37	90,19	90,37	95,93	---	272/503	15/540	7/540	50/540	51/540
6. <i>Streptomyces anthocyanicus</i>	46,72	46,92	46,72	46,32	45,92	---	270/503	273/503	268/503	270/503
7. <i>Streptomyces coelicoflavus</i>	90,00	89,81	91,11	97,22	97,22	46,32	---	12/540	47/540	53/540
8. <i>Streptomyces rubrogriseus</i>	89,63	89,44	90,56	96,48	98,70	45,73	97,78	---	51/540	55/540
9. <i>Streptomyces eurythermus</i>	90,56	90,37	98,33	91,11	90,74	46,72	91,30	90,56	---	50/540
10. <i>Streptomyces cinereus</i>	99,44	98,70	90,56	89,63	90,56	46,32	90,19	89,81	90,74	---

1. *Streptomyces* sp. YC419, 2. *Streptomyces vastus*, 3. *Streptomyces tricolor*, 4. *Streptomyces diastaticus* subsp. *ardesiacus*, 5. *Streptomyces coelestis*, 6. *Streptomyces anthocyanicus*, 7. *Streptomyces coelicoflavus*, 8. *Streptomyces rubrogriseus*, 9. *Streptomyces eurythermus*, 10. *Streptomyces cinereus*

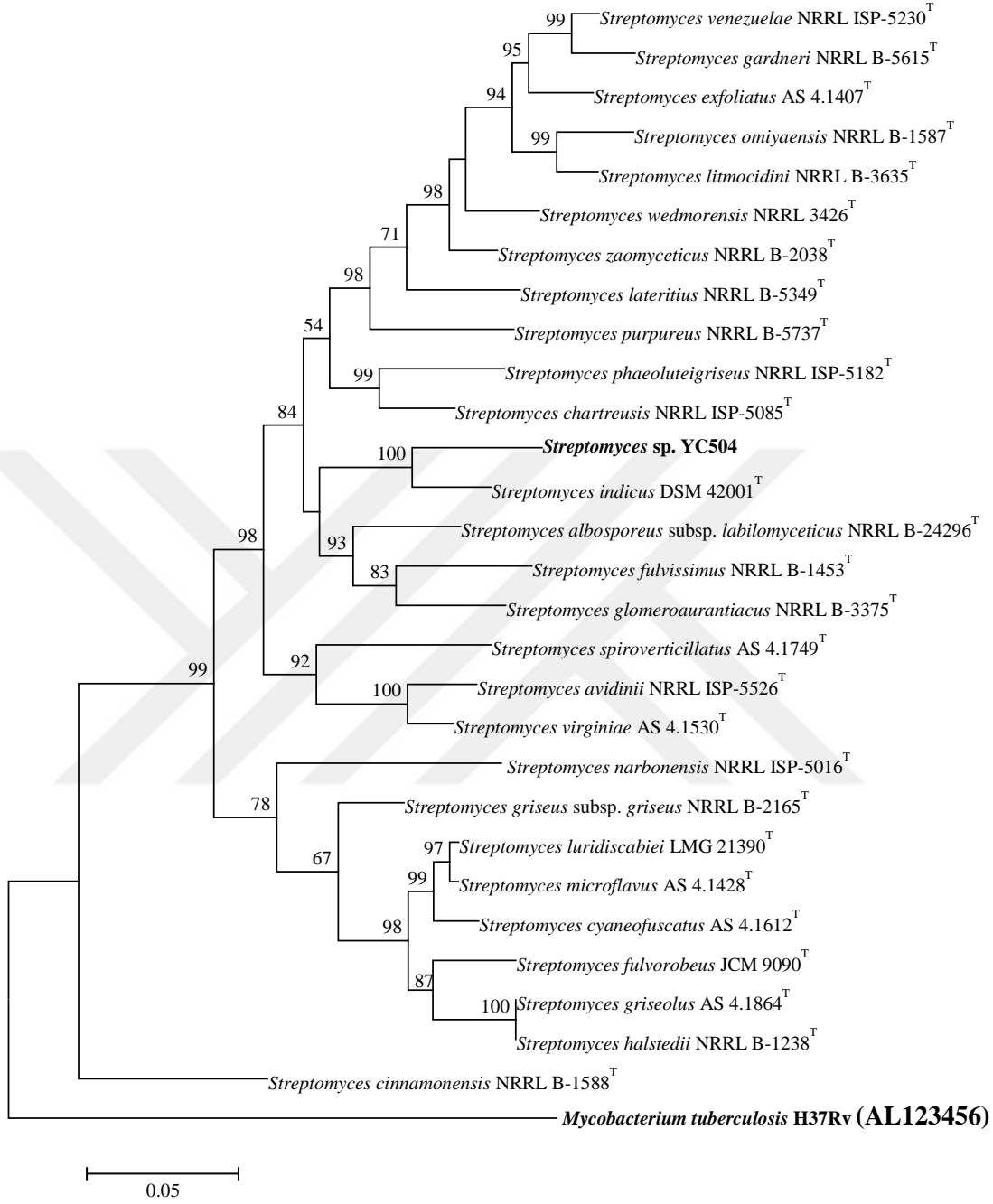
Çizelge 4.27. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC419	---	23/571	57/571	61/571	61/571	61/571	55/571	60/571	62/571	17/571
2.	<i>Streptomyces vastus</i>	95,97	---	59/571	61/571	64/571	64/571	57/571	62/571	61/571	21/571
3.	<i>Streptomyces tricolor</i>	90,02	89,67	---	42/571	42/571	42/571	40/571	40/571	19/571	56/571
4.	<i>Streptomyces diastaticus</i> subsp. <i>ardesiacus</i>	89,32	89,32	92,64	---	18/571	18/571	17/571	17/571	41/571	57/571
5.	<i>Streptomyces coelestis</i>	89,32	88,79	92,64	96,85	---	1/571	16/571	8/571	45/571	61/571
6.	<i>Streptomyces anthocyanicus</i>	89,32	88,79	92,64	96,85	99,82	---	16/571	8/571	45/571	61/571
7.	<i>Streptomyces coelicoflavus</i>	90,37	90,02	92,99	97,02	97,20	97,20	---	12/571	41/571	54/571
8.	<i>Streptomyces rubrogriseus</i>	89,49	89,14	92,99	97,02	98,60	98,60	97,90	---	43/571	58/571
9.	<i>Streptomyces eurythermus</i>	89,14	89,32	96,67	92,82	92,12	92,12	92,82	92,47	---	62/571
10.	<i>Streptomyces cinereus</i>	97,02	96,32	90,19	90,02	89,32	89,32	90,54	89,84	89,14	---

1. *Streptomyces* sp. YC419, 2. *Streptomyces vastus*, 3. *Streptomyces tricolor*, 4. *Streptomyces diastaticus* subsp. *ardesiacus*, 5. *Streptomyces coelestis*, 6. *Streptomyces anthocyanicus*, 7. *Streptomyces coelicoflavus*, 8. *Streptomyces rubrogriseus*, 9. *Streptomyces eurythermus*, 10. *Streptomyces cinereus*



Şekil 4.17. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir



Şekil 4.18. *Streptomyces* sp. YC504 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendrogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizildi

Çizelge 4.28. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları

<i>Streptomyces</i> sp. YC504													
<i>Streptomyces indicus</i>	0,083												
<i>Streptomyces griseolus</i>	0,137	0,112											
<i>Streptomyces halstedii</i>	0,121	0,109	0,121										
<i>Streptomyces cinereorectus</i>	0,158	0,151	0,171	0,159									
<i>Streptomyces griseus</i> subsp. <i>griseus</i>	0,134	0,113	0,050	0,112	0,169								
<i>Streptomyces microflavus</i>	0,131	0,110	0,046	0,111	0,171	0,028							
<i>Streptomyces griseorubiginosus</i>	0,216	0,206	0,233	0,232	0,263	0,224	0,224						
<i>Streptomyces fulvorobeus</i>	0,144	0,118	0,054	0,121	0,172	0,053	0,046	0,241					
<i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	0,134	0,109	0,055	0,115	0,175	0,033	0,023	0,228	0,053				
<i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	0,128	0,111	0,117	0,109	0,162	0,115	0,112	0,234	0,118	0,113			
<i>Streptomyces virginiae</i>	0,119	0,098	0,125	0,099	0,154	0,110	0,110	0,221	0,125	0,113	0,099		
<i>Streptomyces exfoliatus</i>	0,120	0,102	0,112	0,104	0,168	0,101	0,099	0,225	0,110	0,097	0,130	0,105	
<i>Streptomyces venezuelae</i>	0,116	0,100	0,114	0,111	0,167	0,098	0,101	0,222	0,116	0,099	0,127	0,110	0,041

Çizelge 4.29. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC504	---	16/496	46/496	50/496	22/496	28/496	53/496	32/496	55/496	56/496
2. <i>Streptomyces indicus</i>	96,77	---	43/496	48/496	14/496	19/496	50/496	23/496	55/496	49/496
3. <i>Streptomyces exfoliatus</i>	90,73	91,33	---	23/496	45/496	40/496	15/496	54/496	42/496	43/496
4. <i>Streptomyces omiyaensis</i>	89,92	90,32	95,36	---	48/496	49/496	32/496	61/496	42/496	54/496
5. <i>Streptomyces zaomyceticus</i>	95,56	97,18	90,93	90,32	---	13/496	54/496	18/496	45/496	47/496
6. <i>Streptomyces wedmorensis</i>	94,35	96,17	91,94	90,12	97,38	---	48/496	20/496	52/496	37/496
7. <i>Streptomyces venezuelae</i>	89,31	89,92	96,98	93,55	89,11	90,32	---	60/496	49/496	47/496
8. <i>Streptomyces lateritius</i>	93,55	95,36	89,11	87,70	96,37	95,97	87,90	---	57/496	52/496
9. <i>Streptomyces gardneri</i>	88,91	88,91	91,53	91,53	90,93	89,52	90,12	88,51	---	40/496
10. <i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	88,71	90,12	91,33	89,11	90,52	92,54	90,52	89,52	91,94	---

1. *Streptomyces* sp. YC504, 2. *Streptomyces indicus*, 3. *Streptomyces exfoliatus*, 4. *Streptomyces omiyaensis*, 5. *Streptomyces zaomyceticus*, 6. *Streptomyces wedmorensis*, 7. *Streptomyces venezuelae*, 8. *Streptomyces lateritius*, 9. *Streptomyces gardneri*, 10. *Streptomyces cyaneofuscatus*

Çizelge 4.30. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC504	---	29/408	68/405	66/408	62/408	59/402	60/408	68/408	58/408	71/408
2.	<i>Streptomyces indicus</i>	92,89	---	57/405	52/408	52/408	56/402	55/408	52/408	55/408	61/408
3.	<i>Streptomyces exfoliatus</i>	83,21	85,93	---	38/411	34/411	60/408	37/411	45/411	39/411	64/411
4.	<i>Streptomyces omiyaensis</i>	83,82	87,25	90,75	---	20/414	57/408	29/414	22/414	31/414	68/414
5.	<i>Streptomyces zaomyceticus</i>	84,80	87,25	91,73	95,17	---	56/408	19/414	30/414	21/414	70/414
6.	<i>Streptomyces wedmorensis</i>	85,32	86,07	85,29	86,03	86,27	---	63/408	55/408	61/408	54/408
7.	<i>Streptomyces venezuelae</i>	85,29	86,52	91,00	93,00	95,41	84,56	---	39/414	2/414	71/414
8.	<i>Streptomyces lateritius</i>	83,33	87,25	89,05	94,69	92,75	86,52	90,58	---	41/414	63/414
9.	<i>Streptomyces gardneri</i>	85,78	86,52	90,51	92,51	94,93	85,05	99,52	90,10	---	71/414
10.	<i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	82,60	85,05	84,43	83,57	83,09	86,76	82,85	84,78	82,85	---

1. *Streptomyces* sp. YC504, 2. *Streptomyces indicus*, 3. *Streptomyces exfoliatus*, 4. *Streptomyces omiyaensis*, 5. *Streptomyces zaomyceticus*, 6. *Streptomyces wedmorensis*, 7. *Streptomyces venezuelae*, 8. *Streptomyces lateritius*, 9. *Streptomyces gardneri*, 10. *Streptomyces cyaneofuscatus*

Çizelge 4.31. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC504	---	37/504	36/504	35/504	38/504	39/504	38/504	45/504	36/504	48/504
2. <i>Streptomyces indicus</i>	92,66	---	42/504	37/504	42/504	36/504	44/504	48/504	43/504	54/504
3. <i>Streptomyces exfoliatus</i>	92,86	91,67	---	18/504	10/504	15/504	13/504	21/504	16/504	39/504
4. <i>Streptomyces omiyaensis</i>	93,06	92,66	96,43	---	17/504	16/504	17/504	25/504	20/504	39/504
5. <i>Streptomyces zaomyceticus</i>	92,46	91,67	98,02	96,63	---	11/504	11/504	21/504	15/504	38/504
6. <i>Streptomyces wedmorensis</i>	92,26	92,86	97,02	96,83	97,82	---	13/504	21/504	18/504	41/504
7. <i>Streptomyces venezuelae</i>	92,46	91,27	97,42	96,63	97,82	97,42	---	20/504	13/504	44/504
8. <i>Streptomyces lateritius</i>	91,07	90,48	95,83	95,04	95,83	95,83	96,03	---	26/504	46/504
9. <i>Streptomyces gardneri</i>	92,86	91,47	96,83	96,03	97,02	96,43	97,42	94,84	---	44/504
10. <i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	90,48	89,29	92,26	92,26	92,46	91,87	91,27	90,87	91,27	---

1. *Streptomyces* sp. YC504, 2. *Streptomyces indicus*, 3. *Streptomyces exfoliatus*, 4. *Streptomyces omiyaensis*, 5. *Streptomyces zaomyceticus*, 6. *Streptomyces wedmorensis*, 7. *Streptomyces venezuelae*, 8. *Streptomyces lateritius*, 9. *Streptomyces gardneri*, 10. *Streptomyces cyaneofuscatus*

Çizelge 4.32. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

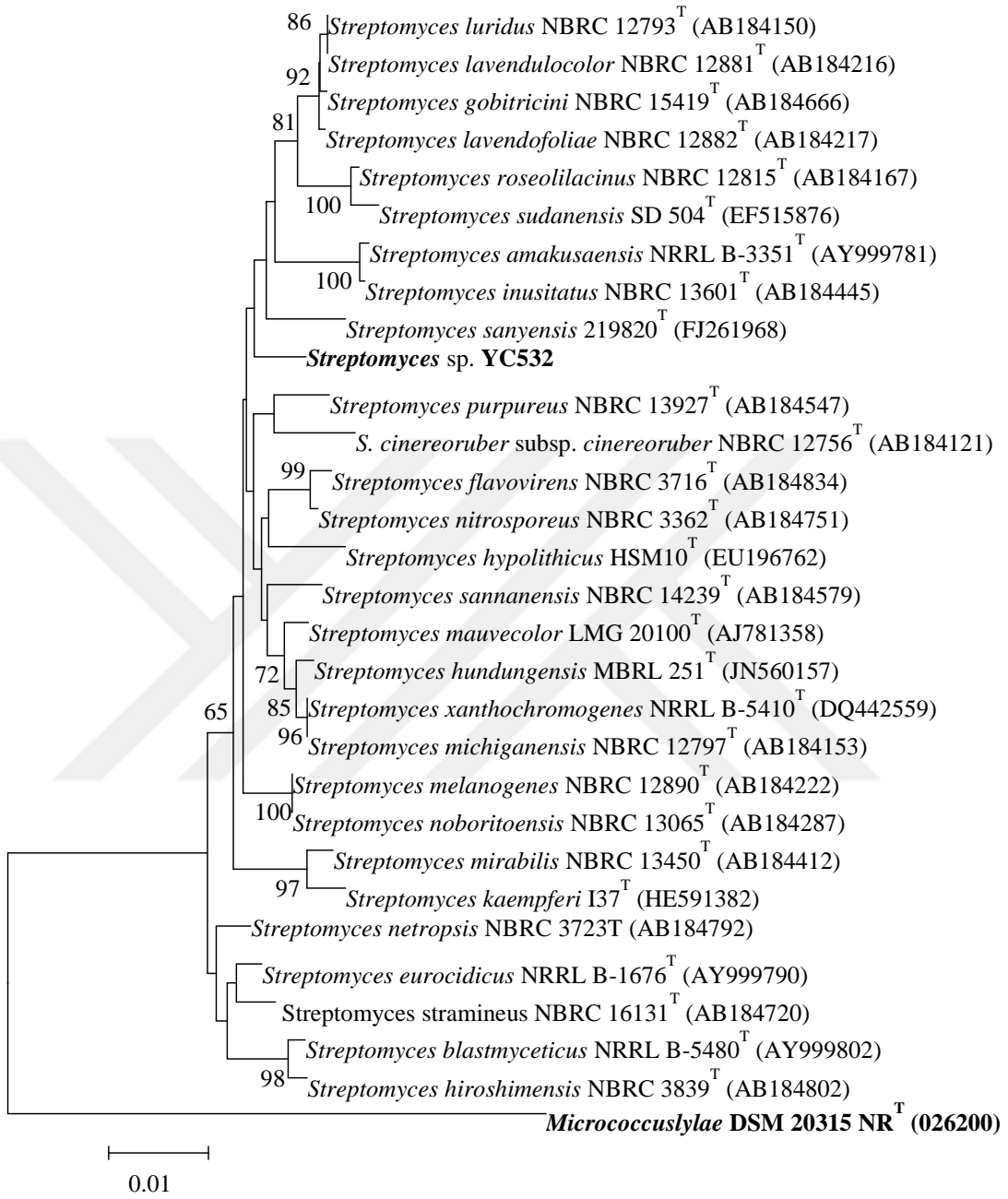
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC504	---	38/540	73/540	68/540	67/540	72/540	68/540	71/540	68/540	68/540
2. <i>Streptomyces indicus</i>	92,96	---	59/540	56/540	57/540	58/540	54/540	57/540	56/540	52/540
3. <i>Streptomyces exfoliatus</i>	86,48	89,07	---	26/540	15/540	8/540	8/540	44/540	8/540	55/540
4. <i>Streptomyces omiyaensis</i>	87,41	89,63	95,19	---	32/540	25/540	27/540	44/540	25/540	49/540
5. <i>Streptomyces zaomyceticus</i>	87,59	89,44	97,22	94,07	---	11/540	9/540	43/540	7/540	52/540
6. <i>Streptomyces wedmorensis</i>	86,67	89,26	98,52	95,37	97,96	---	6/540	43/540	4/540	56/540
7. <i>Streptomyces venezuelae</i>	87,41	90,00	98,52	95,00	98,33	98,89	---	44/540	2/540	51/540
8. <i>Streptomyces lateritius</i>	86,85	89,44	91,85	91,85	92,04	92,04	91,85	---	42/540	39/540
9. <i>Streptomyces gardneri</i>	87,41	89,63	98,52	95,37	98,70	99,26	99,63	92,22	---	53/540
10. <i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	87,41	90,37	89,81	90,93	90,37	89,63	90,56	92,78	90,19	---

1. *Streptomyces* sp. YC504, 2. *Streptomyces indicus*, 3. *Streptomyces exfoliatus*, 4. *Streptomyces omiyaensis*, 5. *Streptomyces zaomyceticus*, 6. *Streptomyces wedmorensis*, 7. *Streptomyces venezuelae*, 8. *Streptomyces lateritius*, 9. *Streptomyces gardneri*, 10. *Streptomyces cyaneofuscatus*

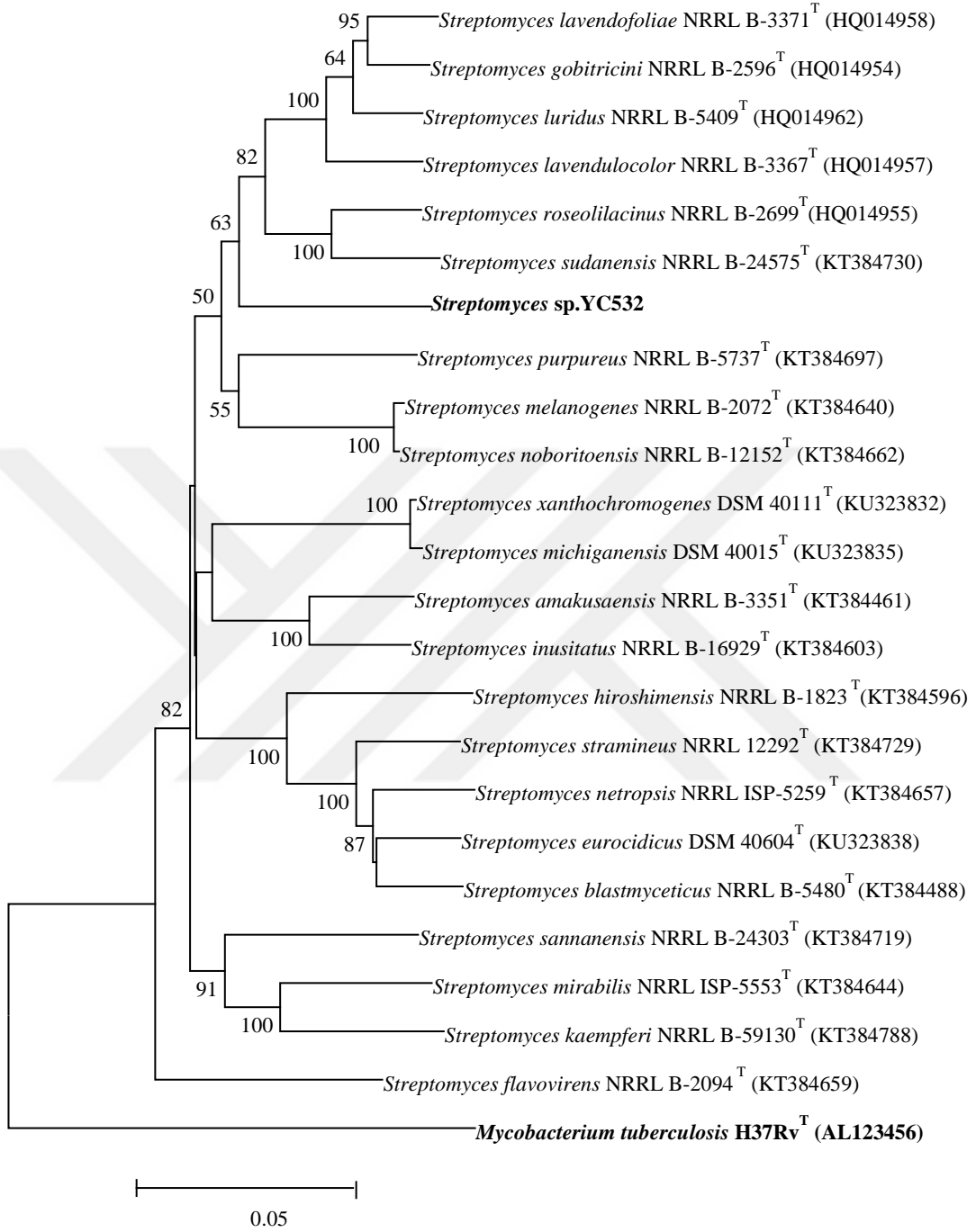
Çizelge 4.33. *Streptomyces* sp. YC504 izolatı ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC504	---	42/571	66/569	71/569	73/569	66/569	71/569	71/569	72/569	79/569
2.	<i>Streptomyces indicus</i>	92,64	---	70/569	72/569	76/569	74/569	72/569	72/569	73/569	74/569
3.	<i>Streptomyces exfoliatus</i>	88,40	87,70	---	36/571	30/571	26/571	29/571	43/571	32/571	46/571
4.	<i>Streptomyces omiyaensis</i>	87,52	87,35	93,70	---	38/571	41/571	42/571	46/571	43/571	45/571
5.	<i>Streptomyces zaomyceticus</i>	87,17	86,64	94,75	93,35	---	34/571	35/571	45/571	38/571	51/571
6.	<i>Streptomyces wedmorensis</i>	88,40	86,99	95,45	92,82	94,05	---	26/571	43/571	29/571	53/571
7.	<i>Streptomyces venezuelae</i>	87,52	87,35	94,92	92,64	93,87	95,45	---	44/571	5/571	44/571
8.	<i>Streptomyces lateritius</i>	87,52	87,35	92,47	91,94	92,12	92,47	92,29	---	45/571	46/571
9.	<i>Streptomyces gardneri</i>	87,35	87,17	94,40	92,47	93,35	94,92	99,12	92,12	---	45/571
10.	<i>Streptomyces cyaneofuscatus</i>	86,12	86,99	91,94	92,12	91,07	90,72	92,29	91,94	92,12	---

1. *Streptomyces* sp. YC504, 2. *Streptomyces indicus*, 3. *Streptomyces exfoliatus*, 4. *Streptomyces omiyaensis*, 5. *Streptomyces zaomyceticus*, 6. *Streptomyces wedmorensis*, 7. *Streptomyces venezuelae*, 8. *Streptomyces lateritius*, 9. *Streptomyces gardneri*, 10. *Streptomyces cyaneofuscatus*



Şekil 4.19. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizildi



Şekil 4.20. *Streptomyces* sp. YC532 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendrogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir

Çizelge 4.34. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları

<i>Streptomyces</i> sp. YC532														
<i>Streptomyces eurocidicus</i>	0,119													
<i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	0,106	0,110												
<i>Streptomyces michiganensis</i>	0,108	0,111	0,004											
<i>Streptomyces lavendofoliae</i>	0,081	0,120	0,111	0,112										
<i>Streptomyces gobitricini</i>	0,081	0,118	0,105	0,106	0,030									
<i>Streptomyces luridus</i>	0,083	0,114	0,109	0,109	0,036	0,033								
<i>Streptomyces lavendulocolor</i>	0,094	0,117	0,108	0,108	0,060	0,052	0,036							
<i>Streptomyces melanogenes</i>	0,092	0,109	0,087	0,089	0,100	0,092	0,096	0,097						
<i>Streptomyces mirabilis</i>	0,122	0,114	0,100	0,102	0,120	0,119	0,123	0,106	0,108					
<i>Streptomyces noboritoensis</i>	0,092	0,109	0,084	0,085	0,097	0,089	0,095	0,096	0,004	0,106				
<i>Streptomyces amakusaensis</i>	0,109	0,104	0,091	0,093	0,114	0,107	0,112	0,107	0,091	0,106	0,090			
<i>Streptomyces inusitatus</i>	0,113	0,114	0,095	0,097	0,114	0,110	0,114	0,109	0,101	0,096	0,101	0,047		
<i>Streptomyces blastmyceticus</i>	0,117	0,039	0,107	0,108	0,119	0,115	0,109	0,114	0,114	0,121	0,113	0,104	0,110	
<i>Streptomyces roseolilacinus</i>	0,085	0,111	0,107	0,108	0,070	0,074	0,068	0,072	0,095	0,107	0,094	0,110	0,110	0,112

Çizelge 4.35. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC532	---	39/496	46/496	47/496	11/496	14/496	12/496	18/496	46/496	49/496
2. <i>Streptomyces eurocidicus</i>	92,14	---	29/496	29/496	40/496	39/496	38/496	45/496	29/496	34/496
3. <i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	90,73	94,15	---	1/496	45/496	43/496	42/496	42/496	25/496	30/496
4. <i>Streptomyces michiganensis</i>	90,52	94,15	99,80	---	46/496	44/496	43/496	43/496	25/496	29/496
5. <i>Streptomyces lavendofoliae</i>	97,78	91,94	90,93	90,73	---	3/496	3/496	13/496	47/496	52/496
6. <i>Streptomyces gobitricini</i>	97,18	92,14	91,33	91,13	99,40	---	2/496	14/496	48/496	51/496
7. <i>Streptomyces luridus</i>	97,58	92,34	91,53	91,33	99,40	99,60	---	14/496	46/496	50/496
8. <i>Streptomyces lavendulocolor</i>	96,37	90,93	91,53	91,33	97,38	97,18	97,18	---	42/496	47/496
9. <i>Streptomyces melanogenes</i>	90,73	94,15	94,96	94,96	90,52	90,32	90,73	91,53	---	33/496
10. <i>Streptomyces mirabilis</i>	90,12	93,15	93,95	94,15	89,52	89,72	89,92	90,52	93,35	---

1. *Streptomyces* sp. YC532, 2. *Streptomyces eurocidicus*, 3. *Streptomyces xanthochromogenes*, 4. *Streptomyces michiganensis*, 5. *Streptomyces lavendofoliae*, 6. *Streptomyces gobitricini*, 7. *Streptomyces luridus*, 8. *Streptomyces lavendulocolor*, 9. *Streptomyces melanogenes*, 10. *Streptomyces mirabilis*

Çizelge 4.36. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC532	---	80/375	62/405	62/405	62/405	44/414	42/414	47/414	74/405	53/405
2. <i>Streptomyces eurocidicus</i>	78,67	---	68/378	68/378	66/378	82/378	80/378	74/378	57/378	73/378
3. <i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	84,69	82,01	---	0/408	33/408	72/408	68/408	77/408	73/408	64/408
4. <i>Streptomyces michiganensis</i>	84,69	82,01	100,00	---	33/408	72/408	68/408	77/408	73/408	64/408
5. <i>Streptomyces lavendofoliae</i>	84,69	82,54	91,91	91,91	---	67/408	68/408	75/408	59/408	60/408
6. <i>Streptomyces gobitricini</i>	89,37	78,31	82,35	82,35	83,58	---	20/417	16/417	78/408	61/408
7. <i>Streptomyces luridus</i>	89,86	78,84	83,33	83,33	83,33	95,20	---	29/417	77/408	57/408
8. <i>Streptomyces lavendulocolor</i>	88,65	80,42	81,13	81,13	81,62	96,16	93,05	---	78/408	61/408
9. <i>Streptomyces melanogenes</i>	81,73	84,92	82,11	82,11	85,54	80,88	81,13	80,88	---	63/408
10. <i>Streptomyces mirabilis</i>	86,91	80,69	84,31	84,31	85,29	85,05	86,03	85,05	84,56	---

1. *Streptomyces* sp. YC532, 2. *Streptomyces eurocidicus*, 3. *Streptomyces xanthochromogenes*, 4. *Streptomyces michiganensis*, 5. *Streptomyces lavendofoliae*, 6. *Streptomyces gobitricini*, 7. *Streptomyces luridus*, 8. *Streptomyces lavendulocolor*, 9. *Streptomyces melanogenes*, 10. *Streptomyces mirabilis*

Çizelge 4.37. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC532	---	36/504	40/504	41/504	38/504	42/504	38/504	39/504	39/504	35/504
2. <i>Streptomyces eurocidicus</i>	92,86	---	46/504	45/504	41/504	42/504	39/504	47/504	47/504	43/504
3. <i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	92,06	90,87	---	3/504	37/504	38/504	33/504	37/504	38/504	37/504
4. <i>Streptomyces michiganensis</i>	91,87	91,07	99,40	---	38/504	39/504	34/504	38/504	39/504	38/504
5. <i>Streptomyces lavendofoliae</i>	92,46	91,87	92,66	92,46	---	36/504	34/504	35/504	37/504	24/504
6. <i>Streptomyces gobitricini</i>	91,67	91,67	92,46	92,26	92,86	---	14/504	18/504	19/504	36/504
7. <i>Streptomyces luridus</i>	92,46	92,26	93,45	93,25	93,25	97,22	---	15/504	15/504	30/504
8. <i>Streptomyces lavendulocolor</i>	92,26	90,67	92,66	92,46	93,06	96,43	97,02	---	4/504	36/504
9. <i>Streptomyces melanogenes</i>	92,26	90,67	92,46	92,26	92,66	96,23	97,02	99,21	---	37/504
10. <i>Streptomyces mirabilis</i>	93,06	91,47	92,66	92,46	95,24	92,86	94,05	92,86	92,66	---

1. *Streptomyces* sp. YC532, 2. *Streptomyces eurocidicus*, 3. *Streptomyces xanthochromogenes*, 4. *Streptomyces michiganensis*, 5. *Streptomyces lavendofoliae*, 6. *Streptomyces gobitricini*, 7. *Streptomyces luridus*, 8. *Streptomyces lavendulocolor*, 9. *Streptomyces melanogenes*, 10. *Streptomyces mirabilis*

Çizelge 4.38. *Streptomyces* sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

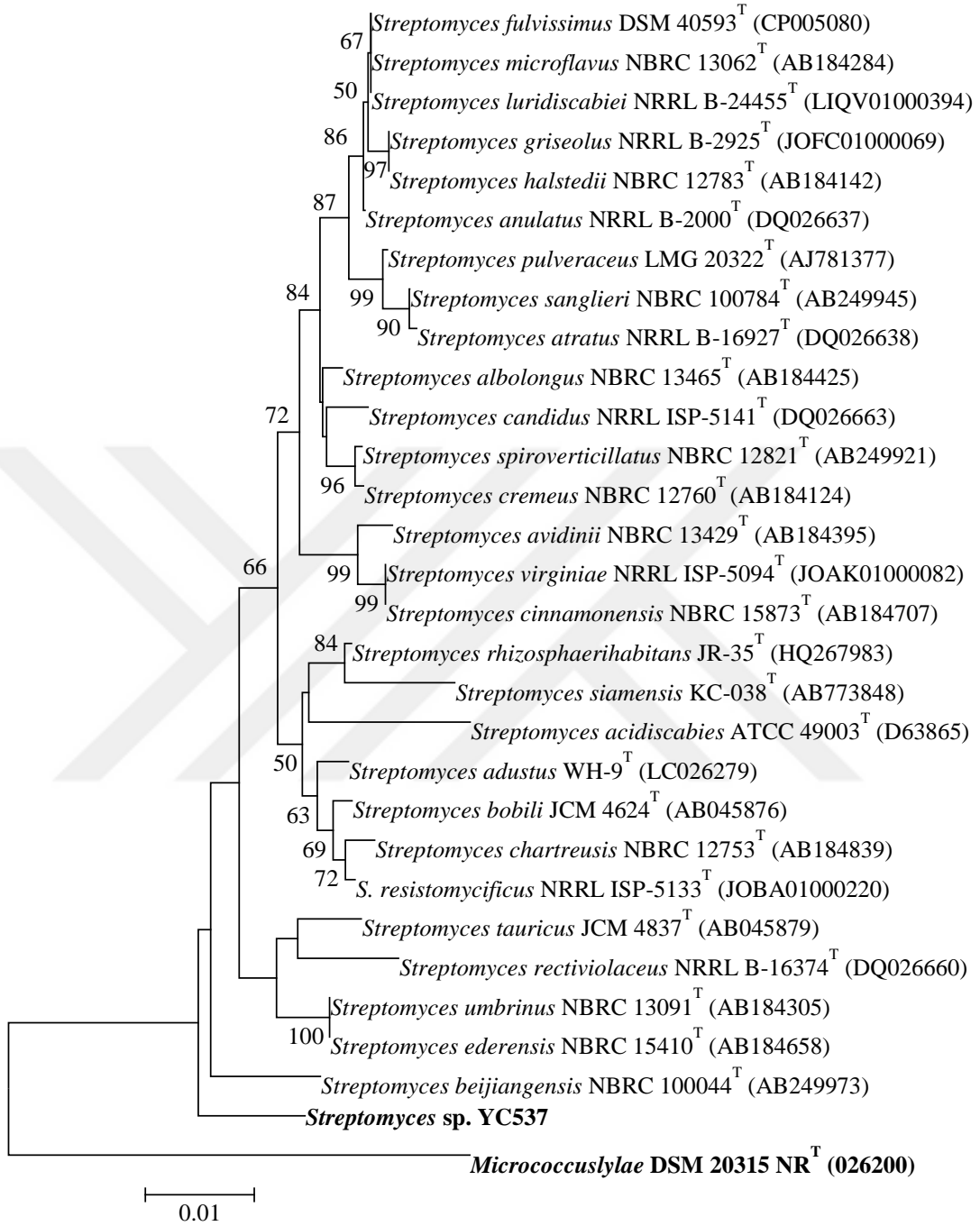
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC532	---	60/540	41/540	42/540	36/540	37/540	37/540	40/540	39/540	39/540
2. <i>Streptomyces eurocidicus</i>	88,89	---	52/540	53/540	47/540	47/540	48/540	46/540	45/540	55/540
3. <i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	92,41	90,37	---	3/540	5/540	48/540	51/540	53/540	52/540	41/540
4. <i>Streptomyces michiganensis</i>	92,22	90,19	99,44	---	6/540	48/540	50/540	52/540	51/540	41/540
5. <i>Streptomyces lavendofoliae</i>	93,33	91,30	99,07	98,89	---	45/540	48/540	48/540	47/540	36/540
6. <i>Streptomyces gobitricini</i>	93,15	91,30	91,11	91,11	91,67	---	15/540	19/540	18/540	43/540
7. <i>Streptomyces luridus</i>	93,15	91,11	90,56	90,74	91,11	97,22	---	10/540	9/540	44/540
8. <i>Streptomyces lavendulocolor</i>	92,59	91,48	90,19	90,37	91,11	96,48	98,15	---	1/540	46/540
9. <i>Streptomyces melanogenes</i>	92,78	91,67	90,37	90,56	91,30	96,67	98,33	99,81	---	45/540
10. <i>Streptomyces mirabilis</i>	92,78	89,81	92,41	92,41	93,33	92,04	91,85	91,48	91,67	---

1. *Streptomyces* sp. YC532, 2. *Streptomyces eurocidicus*, 3. *Streptomyces xanthochromogenes*, 4. *Streptomyces michiganensis*, 5. *Streptomyces lavendofoliae*, 6. *Streptomyces gobitricini*, 7. *Streptomyces luridus*, 8. *Streptomyces lavendulocolor*, 9. *Streptomyces melanogenes*, 10. *Streptomyces mirabilis*

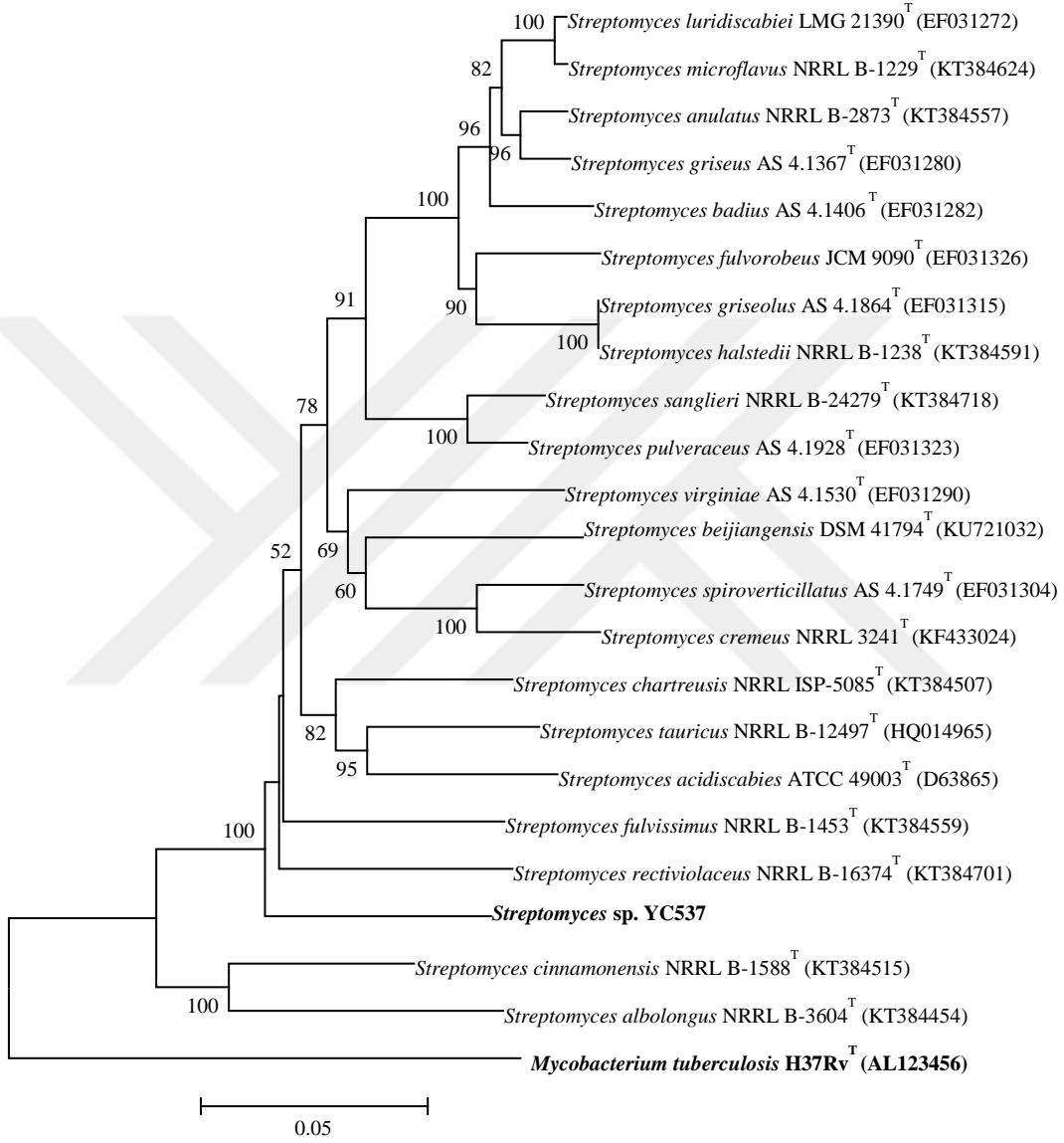
Çizelge 4.39. *Streptomyces* sp. YC532 izolatı ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC532	---	65/571	60/571	62/571	52/571	60/571	61/571	59/571	57/571	48/571
2. <i>Streptomyces eurocidicus</i>	88,58	---	67/571	69/571	72/571	72/571	67/571	64/571	64/571	57/571
3. <i>Streptomyces xanthochromogenes</i>	89,46	88,22	---	3/71	29/571	62/571	55/571	51/571	51/571	43/571
4. <i>Streptomyces michiganensis</i>	89,14	87,87	99,47	---	32/571	61/571	56/571	50/571	50/571	45/571
5. <i>Streptomyces lavendofoliae</i>	90,86	87,35	94,90	94,38	---	50/571	51/571	51/571	48/571	43/571
6. <i>Streptomyces gobitricini</i>	89,46	87,35	89,10	89,28	91,21	---	24/571	35/571	32/571	53/571
7. <i>Streptomyces luridus</i>	89,28	88,22	90,33	90,16	91,04	95,78	---	26/571	23/571	45/571
8. <i>Streptomyces lavendulocolor</i>	89,63	88,75	91,04	91,21	91,04	93,85	95,43	---	5/571	45/571
9. <i>Streptomyces melanogenes</i>	89,98	88,75	91,04	91,21	91,56	94,38	95,96	99,12	---	45/571
10. <i>Streptomyces mirabilis</i>	91,56	89,98	92,44	92,09	92,44	90,69	92,09	92,09	92,09	---

1. *Streptomyces* sp. YC532, 2. *Streptomyces eurocidicus*, 3. *Streptomyces xanthochromogenes*, 4. *Streptomyces michiganensis*, 5. *Streptomyces lavendofoliae*, 6. *Streptomyces gobitricini*, 7. *Streptomyces luridus*, 8. *Streptomyces lavendulocolor*, 9. *Streptomyces melanogenes*, 10. *Streptomyces mirabilis*



Şekil 4.21. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir



Şekil 4.22. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir

Çizelge 4.40. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri birleştirilmiş nükleotit dizilerinin birbirlerine göre filogenetik uzaklıkları

<i>Streptomyces</i> sp. YC537														
<i>Streptomyces tauricus</i>	0,108													
<i>Streptomyces beijiagensis</i>	0,122	0,125												
<i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	0,124	0,119	0,093											
<i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	0,101	0,102	0,107	0,116										
<i>Streptomyces chartreusis</i>	0,106	0,087	0,112	0,108	0,107									
<i>Streptomyces virginiae</i>	0,129	0,110	0,095	0,104	0,120	0,089								
<i>Streptomyces cinnamomensis</i>	0,119	0,141	0,145	0,151	0,117	0,131	0,130							
<i>Streptomyces sanglieri</i>	0,114	0,114	0,092	0,108	0,117	0,100	0,093	0,136						
<i>Streptomyces albolongus</i>	0,147	0,165	0,172	0,164	0,169	0,152	0,150	0,101	0,155					
<i>Streptomyces atratus</i>	0,190	0,181	0,152	0,160	0,192	0,168	0,166	0,191	0,116	0,219				
<i>Streptomyces pulveraceus</i>	0,111	0,108	0,088	0,101	0,116	0,095	0,090	0,136	0,030	0,154	0,118			
<i>Streptomyces cremeus</i>	0,116	0,123	0,102	0,051	0,119	0,115	0,108	0,149	0,111	0,159	0,174	0,105		
<i>Streptomyces griseolus</i>	0,117	0,117	0,120	0,114	0,119	0,116	0,128	0,151	0,091	0,176	0,156	0,086	0,121	
<i>Streptomyces acidiscabies</i>	0,118	0,080	0,129	0,121	0,107	0,084	0,110	0,143	0,124	0,165	0,190	0,117	0,121	0,117

Çizelge 4.41. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC537	---	52/496	61/496	60/496	50/496	60/496	66/496	67/496	66/496	57/496
2. <i>Streptomyces tauricus</i>	89,52	---	51/496	52/496	45/496	46/496	41/496	52/496	69/496	58/496
3. <i>Streptomyces beijiagensis</i>	87,70	89,72	---	29/496	69/496	41/496	23/496	12/496	62/496	25/496
4. <i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	87,90	89,52	94,15	---	63/496	38/496	26/496	36/496	58/496	26/496
5. <i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	89,92	90,93	86,09	87,30	---	58/496	64/496	72/496	65/496	66/496
6. <i>Streptomyces chartreusis</i>	87,90	90,73	91,73	92,34	88,31	---	31/496	40/496	55/496	38/496
7. <i>Streptomyces virginiae</i>	86,69	91,73	95,36	94,76	87,10	93,75	---	22/496	52/496	28/496
8. <i>Streptomyces avidinii</i>	86,49	89,52	97,58	92,74	85,48	91,94	95,56	---	66/496	28/496
9. <i>Streptomyces cinnamomensis</i>	86,69	86,09	87,50	88,31	86,90	88,91	89,52	86,69	---	60/496
10. <i>Streptomyces sanglieri</i>	88,51	88,31	94,96	94,76	86,69	92,34	94,35	94,35	87,90	---

1. *Streptomyces* sp. YC537, 2. *Streptomyces tauricus*, 3. *Streptomyces beijiagensis*, 4. *Streptomyces spiroverticillatus*, 5. *Streptomyces rectiviolaceus*, 6. *Streptomyces chartreusis*, 7. *Streptomyces virginiae*, 8. *Streptomyces avidinii*, 9. *Streptomyces cinnamomensis*, 10. *Streptomyces sanglieri*

Çizelge 4.42. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC537	---	64/402	66/405	49/405	65/405	57/402	66/405	68/405	59/404	61/405
2. <i>Streptomyces tauricus</i>	84,08	---	73/402	65/402	59/408	36/408	62/405	71/405	59/407	72/408
3. <i>Streptomyces beijiagensis</i>	83,70	81,84	---	53/408	74/408	66/402	55/408	51/408	78/407	65/408
4. <i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	87,90	83,83	87,01	---	70/408	57/402	70/408	67/408	70/407	62/408
5. <i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	83,95	85,54	81,86	82,84	---	50/408	66/411	70/411	26/413	71/414
6. <i>Streptomyces chartreusis</i>	85,82	91,18	83,58	85,82	87,75	---	62/405	65/405	53/407	65/408
7. <i>Streptomyces virginiae</i>	83,70	84,69	86,52	82,84	83,94	84,69	---	20/411	68/410	61/411
8. <i>Streptomyces avidinii</i>	83,21	82,47	87,50	83,58	82,97	83,95	95,13	---	74/410	64/411
9. <i>Streptomyces cinnamomensis</i>	85,40	85,50	80,84	82,80	93,70	86,98	83,41	81,95	---	72/413
10. <i>Streptomyces sanglieri</i>	84,94	82,35	84,07	84,80	82,85	84,07	85,16	84,43	82,57	---

1. *Streptomyces* sp. YC537, 2. *Streptomyces tauricus*, 3. *Streptomyces beijiagensis*, 4. *Streptomyces spiroverticillatus*, 5. *Streptomyces rectiviolaceus*, 6. *Streptomyces chartreusis*, 7. *Streptomyces virginiae*, 8. *Streptomyces avidinii*, 9. *Streptomyces cinnamomensis*, 10. *Streptomyces sanglieri*

Çizelge 4.43. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC537	---	27/504	49/504	46/504	31/504	32/504	46/504	31/504	73/504	37/504
2. <i>Streptomyces tauricus</i>	94,64	---	46/504	43/504	35/504	28/504	43/504	36/504	73/504	36/504
3. <i>Streptomyces beijiagensis</i>	90,28	90,87	---	41/504	46/504	44/504	50/504	36/504	78/504	34/504
4. <i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	90,87	91,47	91,87	---	42/504	41/504	31/504	40/504	70/504	43/504
5. <i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	93,85	93,06	90,87	91,67	---	42/504	44/504	37/504	72/504	44/504
6. <i>Streptomyces chartreusis</i>	93,65	94,44	91,27	91,87	91,67	---	43/504	33/504	77/504	43/504
7. <i>Streptomyces virginiae</i>	90,87	91,47	90,08	93,85	91,27	91,47	---	46/504	74/504	51/504
8. <i>Streptomyces avidinii</i>	93,85	92,86	92,86	92,06	92,66	93,45	90,87	---	79/504	14/504
9. <i>Streptomyces cinnamomensis</i>	85,52	85,52	84,52	86,11	85,71	84,72	85,32	84,33	---	80/504
10. <i>Streptomyces sanglieri</i>	92,66	92,86	93,25	91,47	91,27	91,47	89,88	97,22	84,13	---

1. *Streptomyces* sp. YC537, 2. *Streptomyces tauricus*, 3. *Streptomyces beijiagensis*, 4. *Streptomyces spiroverticillatus*, 5. *Streptomyces rectiviolaceus*, 6. *Streptomyces chartreusis*, 7. *Streptomyces virginiae*, 8. *Streptomyces avidinii*, 9. *Streptomyces cinnamomensis*, 10. *Streptomyces sanglieri*

Çizelge 4.44. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

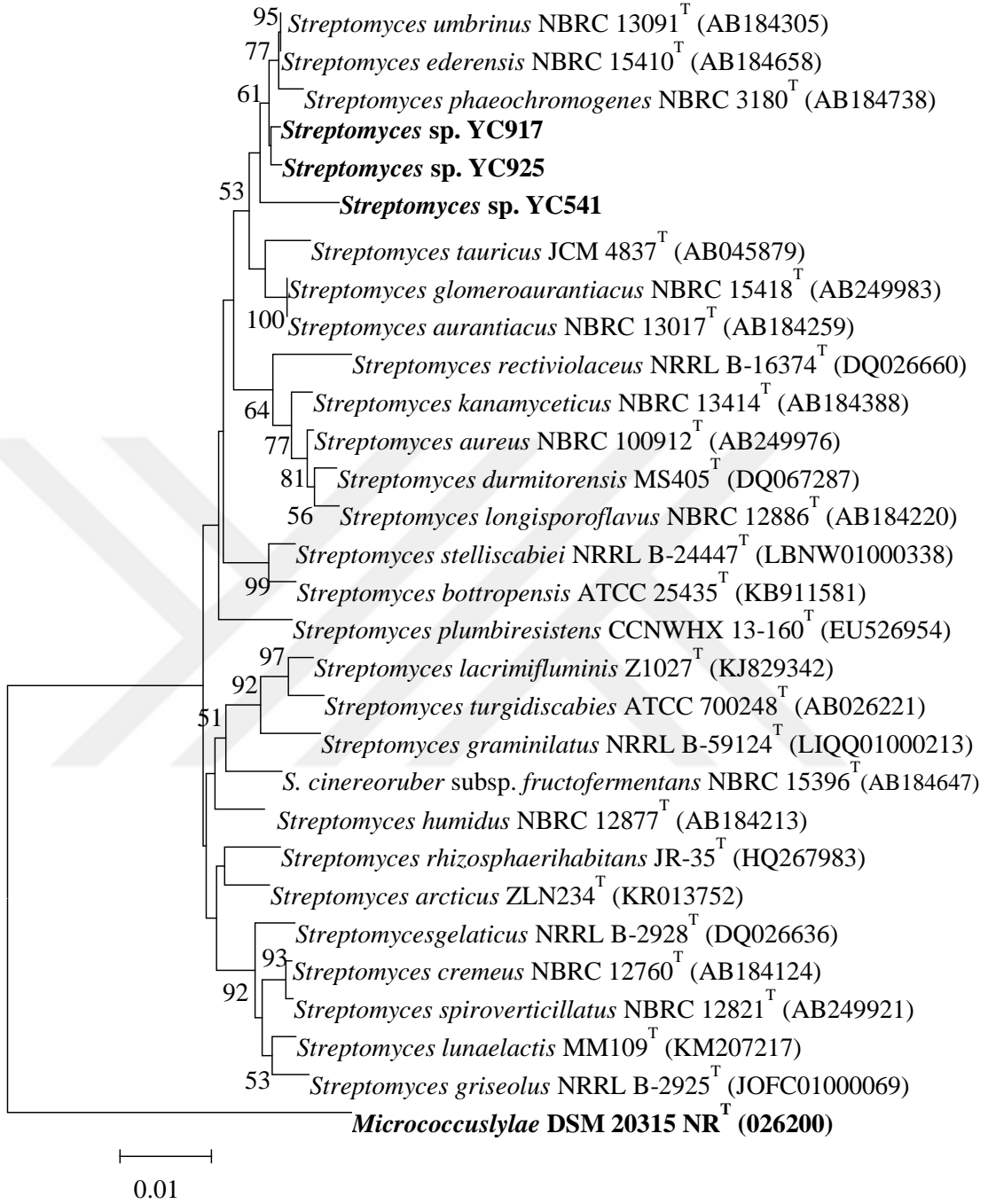
	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC537	---	72/540	73/540	70/540	64/540	76/540	72/540	69/540	54/540	74/540
2. <i>Streptomyces tauricus</i>	86,67	---	61/540	50/540	51/540	55/540	64/540	61/540	79/540	53/540
3. <i>Streptomyces beijiangensis</i>	86,48	88,70	---	38/540	28/540	54/540	57/540	56/540	65/540	47/540
4. <i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	87,04	90,74	92,96	---	35/540	50/540	60/540	53/540	68/540	51/540
5. <i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	88,15	90,56	94,81	93,52	---	53/540	57/540	51/540	64/540	43/540
6. <i>Streptomyces chartreusis</i>	85,93	89,81	90,00	90,74	90,19	---	33/540	55/540	75/540	20/540
7. <i>Streptomyces virginiae</i>	86,67	88,15	89,44	88,89	89,44	93,89	---	66/540	62/540	37/540
8. <i>Streptomyces avidinii</i>	87,22	88,70	89,63	90,19	90,56	89,81	87,78	---	73/540	58/540
9. <i>Streptomyces cinnamonensis</i>	90,00	85,37	87,96	87,41	88,15	86,11	88,52	86,48	---	64/540
10. <i>Streptomyces sanglieri</i>	86,30	90,19	91,30	90,56	92,04	96,30	93,15	89,26	88,15	---

1. *Streptomyces* sp. YC537, 2. *Streptomyces tauricus*, 3. *Streptomyces beijiangensis*, 4. *Streptomyces spiroverticillatus*, 5. *Streptomyces rectiviolaceus*, 6. *Streptomyces chartreusis*, 7. *Streptomyces virginiae*, 8. *Streptomyces avidinii*, 9. *Streptomyces cinnamonensis*, 10. *Streptomyces sanglieri*

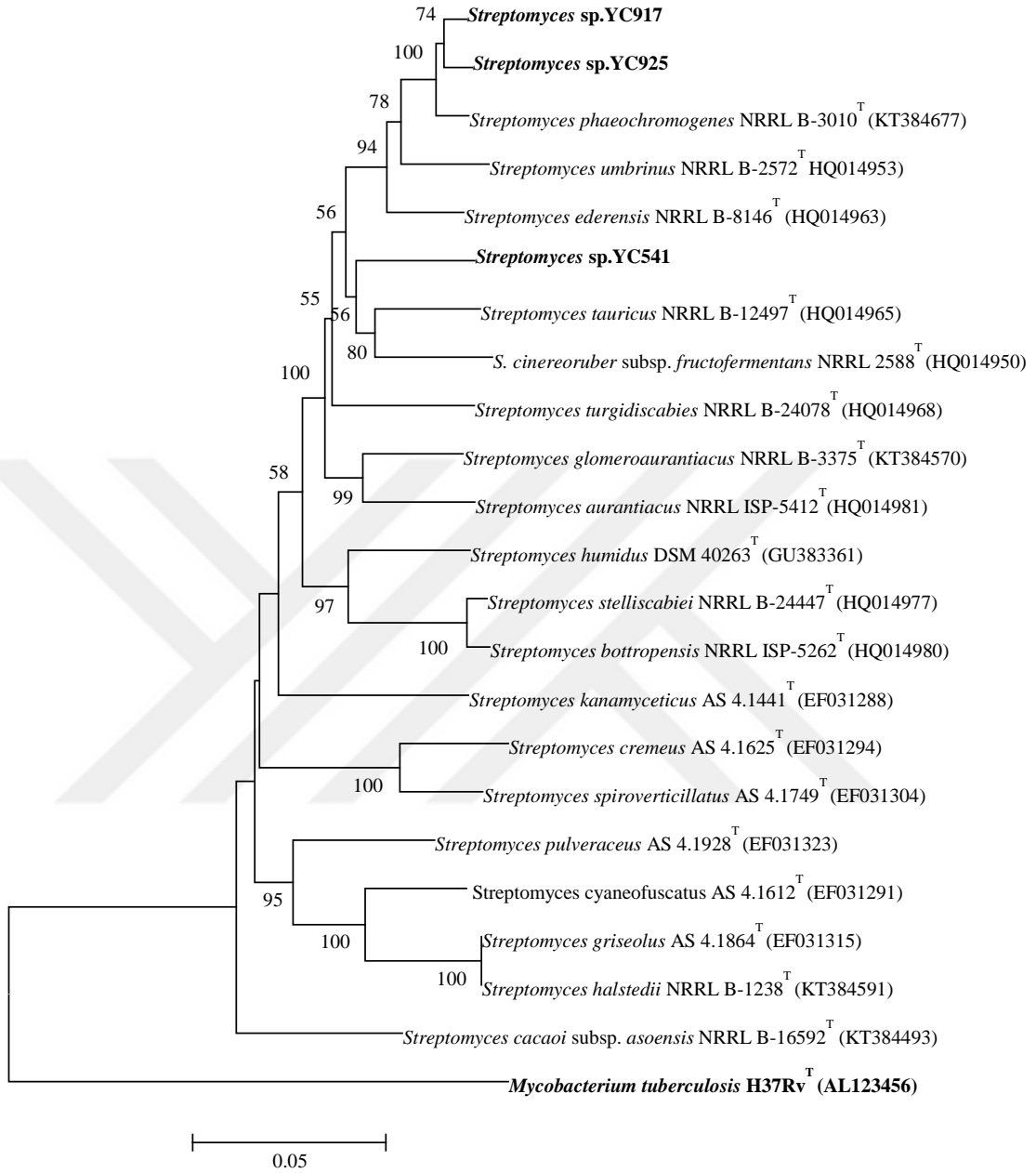
Çizelge 4.45. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC537	---	46/569	40/569	65/569	38/569	30/569	50/569	50/569	51/569	73/569
2. <i>Streptomyces tauricus</i>	91,92	---	64/569	73/569	52/569	45/569	52/569	60/569	51/569	81/569
3. <i>Streptomyces beijiagensis</i>	92,97	88,75	---	66/569	45/569	61/569	49/569	53/569	47/569	89/569
4. <i>Streptomyces spiroverticillatus</i>	88,58	87,17	88,40	---	68/569	70/569	63/569	68/569	68/569	98/569
5. <i>Streptomyces rectiviolaceus</i>	93,32	90,86	92,09	88,05	---	50/569	54/569	52/569	49/569	91/569
6. <i>Streptomyces chartreusis</i>	94,73	92,09	89,28	87,70	91,21	---	46/569	46/569	54/569	75/569
7. <i>Streptomyces virginiae</i>	91,21	90,86	91,39	88,93	90,51	91,92	---	28/569	46/569	78/569
8. <i>Streptomyces avidinii</i>	91,21	89,46	90,69	88,05	90,86	91,92	95,08	---	52/569	80/569
9. <i>Streptomyces cinnamomensis</i>	91,04	91,04	91,74	88,05	91,39	90,51	91,92	90,86	---	75/569
10. <i>Streptomyces sanglieri</i>	87,17	85,76	84,36	82,78	84,01	86,82	86,29	85,94	86,82	---

1. *Streptomyces* sp. YC537, 2. *Streptomyces tauricus*, 3. *Streptomyces beijiagensis*, 4. *Streptomyces spiroverticillatus*, 5. *Streptomyces rectiviolaceus*, 6. *Streptomyces chartreusis*, 7. *Streptomyces virginiae*, 8. *Streptomyces avidinii*, 9. *Streptomyces cinnamomensis*, 10. *Streptomyces sanglieri*



Şekil 4.23. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve en yakın akraba tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiştir



Şekil 4.24. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatların *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizilerinin birleştirilmesi sonucu çizilen dendogram.

Çizelge 4.47. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *atpD* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC917	---	2/496	17/496	8/496	54/496	45/496	54/496	3/496	3/496	41/496
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC925	99,60	---	19/496	10/496	54/496	45/496	54/496	5/496	5/496	41/496
3. <i>Streptomyces</i> sp. YC541	96,57	96,17	---	18/496	46/496	50/496	48/496	19/496	18/496	43/496
4. <i>Streptomyces umbrinus</i>	98,39	97,98	96,37	---	56/496	45/496	56/496	7/496	8/496	41/496
5. <i>Streptomyces ederensis</i>	89,11	89,11	90,73	88,71	---	32/496	12/496	54/496	55/496	29/496
6. <i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i>	90,93	90,93	89,92	90,93	93,55	---	38/496	46/496	48/496	16/496
7. <i>Streptomyces aurantiacus</i>	89,11	89,11	90,32	88,71	97,58	92,34	---	56/496	55/496	33/496
8. <i>Streptomyces tauricus</i>	99,40	98,99	96,17	98,59	89,11	90,73	88,71	---	3/496	42/496
9. <i>Streptomyces phaeochromogenes</i>	99,40	98,99	96,37	98,39	88,91	90,32	88,91	99,40	---	44/496
10. <i>Streptomyces stelliscabiei</i>	91,73	91,73	91,33	91,73	94,15	96,77	93,35	91,53	91,13	---

1. *Streptomyces* sp. YC917, 2. *Streptomyces* sp. YC925, 3. *Streptomyces* sp. YC541, 4. *Streptomyces umbrinus*, 5. *Streptomyces ederensis*, 6. *Streptomyces glomeroaurantiacus*, 7. *Streptomyces aurantiacus*, 8. *Streptomyces tauricus*, 9. *Streptomyces phaeochromogenes*, 10. *Streptomyces stelliscabiei*

Çizelge 4.48. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC917	---	0/408	44/408	24/408	24/408	27/408	39/408	16/408	3/408	48/408
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC925	100,00	---	44/408	24/408	24/408	27/408	39/408	16/408	3/408	48/408
3. <i>Streptomyces</i> sp. YC541	89,22	89,22	---	45/408	45/408	47/408	40/408	49/408	46/408	46/408
4. <i>Streptomyces umbrinus</i>	94,12	94,12	88,97	---	0/408	31/408	37/408	31/408	25/408	46/408
5. <i>Streptomyces ederenis</i>	94,12	94,12	88,97	100,00	---	31/408	37/408	31/408	25/408	46/408
6. <i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i>	93,38	93,38	88,48	92,40	92,40	---	46/408	27/408	28/408	52/408
7. <i>Streptomyces aurantiacus</i>	90,44	90,44	90,20	90,93	90,93	88,73	---	39/408	41/408	38/408
8. <i>Streptomyces tauricus</i>	96,08	96,08	87,99	92,40	92,40	93,38	90,44	---	17/408	51/408
9. <i>Streptomyces phaeochromogenes</i>	99,26	99,26	88,73	93,87	93,87	93,14	89,95	95,83	---	50/408
10. <i>Streptomyces stelliscabiei</i>	88,24	88,24	88,73	88,73	88,73	87,25	90,69	87,50	87,75	---

1. *Streptomyces* sp. YC917, 2. *Streptomyces* sp. YC925, 3. *Streptomyces* sp. YC541, 4. *Streptomyces umbrinus*, 5. *Streptomyces ederenis*, 6. *Streptomyces glomeroaurantiacus*, 7. *Streptomyces aurantiacus*, 8. *Streptomyces tauricus*, 9. *Streptomyces phaeochromogenes*, 10. *Streptomyces stelliscabiei*

Çizelge 4.49. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *recA* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

		1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1.	<i>Streptomyces</i> sp. YC917	---	20/504	26/504	6/504	8/504	35/504	38/504	26/504	17/504	28/504
2.	<i>Streptomyces</i> sp. YC925	96,03	---	30/504	20/504	22/504	36/504	40/504	25/504	9/504	23/504
3.	<i>Streptomyces</i> sp. YC541	94,84	94,05	---	29/504	30/504	19/504	23/504	17/504	29/504	27/504
4.	<i>Streptomyces umbrinus</i>	98,81	96,03	94,25	---	2/504	36/504	39/504	28/504	13/504	31/504
5.	<i>Streptomyces ederensis</i>	98,41	95,63	94,05	99,60	---	37/504	40/504	29/504	15/504	32/504
6.	<i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i>	93,06	92,86	96,23	92,86	92,66	---	8/504	14/504	34/504	28/504
7.	<i>Streptomyces aurantiacus</i>	92,46	92,06	95,44	92,26	92,06	98,41	---	18/504	38/504	33/504
8.	<i>Streptomyces tauricus</i>	94,84	95,04	96,63	94,44	94,25	97,22	96,43	---	27/504	23/504
9.	<i>Streptomyces phaeochromogenes</i>	96,63	98,21	94,25	97,42	97,02	93,25	92,46	94,64	---	26/504
10.	<i>Streptomyces stelliscabiei</i>	94,44	95,44	94,64	93,85	93,65	94,44	93,45	95,44	94,84	---

1. *Streptomyces* sp. YC917, 2. *Streptomyces* sp. YC925, 3. *Streptomyces* sp. YC541, 4. *Streptomyces umbrinus*, 5. *Streptomyces ederensis*, 6. *Streptomyces glomeroaurantiacus*, 7. *Streptomyces aurantiacus*, 8. *Streptomyces tauricus*, 9. *Streptomyces phaeochromogenes*, 10. *Streptomyces stelliscabiei*

Çizelge 4.50. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC917	---	4/540	38/540	6/540	7/540	47/540	44/540	38/540	66/540	48/540
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC925	99,26	---	36/540	6/540	7/540	45/540	42/540	36/540	66/540	46/540
3. <i>Streptomyces</i> sp. YC541	92,96	93,33	---	35/540	37/540	42/540	34/540	37/540	73/540	50/540
4. <i>Streptomyces umbrinus</i>	98,89	98,89	93,52	---	2/540	46/540	40/540	35/540	61/540	45/540
5. <i>Streptomyces ederenis</i>	98,70	98,70	93,15	99,63	---	48/540	41/540	37/540	63/540	47/540
6. <i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i>	91,30	91,67	92,22	91,48	91,11	---	45/540	48/540	66/540	49/540
7. <i>Streptomyces aurantiacus</i>	91,85	92,22	93,70	92,59	92,41	91,67	---	27/540	78/540	48/540
8. <i>Streptomyces tauricus</i>	92,96	93,33	93,15	93,52	93,15	91,11	95,00	---	75/540	43/540
9. <i>Streptomyces phaeochromogenes</i>	87,78	87,78	86,48	88,70	88,33	87,78	85,56	86,11	---	57/540
10. <i>Streptomyces stelliscabiei</i>	91,11	91,48	90,74	91,67	91,30	90,93	91,11	92,04	89,44	---

1. *Streptomyces* sp. YC917, 2. *Streptomyces* sp. YC925, 3. *Streptomyces* sp. YC541, 4. *Streptomyces umbrinus*, 5. *Streptomyces ederenis*, 6. *Streptomyces glomeroaurantiacus*, 7. *Streptomyces aurantiacus*, 8. *Streptomyces tauricus*, 9. *Streptomyces phaeochromogenes*, 10. *Streptomyces stelliscabiei*

Çizelge 4.51. *Streptomyces* sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerinin *trpB* gen bölgeleri nükleotit sayılarındaki farklılıklar ve yüzde benzerlik oranları

	1.	2.	3.	4.	5.	6.	7.	8.	9.	10.
1. <i>Streptomyces</i> sp. YC917	---	5/571	21/571	50/571	9/571	35/571	35/571	31/571	16/571	59/571
2. <i>Streptomyces</i> sp. YC925	99,12	---	24/571	52/571	12/571	36/571	36/571	32/571	18/571	62/571
3. <i>Streptomyces</i> sp. YC541	96,32	95,80	---	54/571	22/571	33/571	35/571	41/571	27/571	64/571
4. <i>Streptomyces umbrinus</i>	91,24	90,89	90,54	---	48/571	49/571	51/571	55/571	50/571	45/571
5. <i>Streptomyces ederenis</i>	98,42	97,90	96,15	91,59	---	30/571	30/571	34/571	17/571	58/571
6. <i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i>	93,87	93,70	94,22	91,42	94,75	---	2/571	37/571	31/571	55/571
7. <i>Streptomyces aurantiacus</i>	93,87	93,70	93,87	91,07	94,75	99,65	---	36/571	31/571	56/571
8. <i>Streptomyces tauricus</i>	94,57	94,40	92,82	90,37	94,05	93,52	93,70	---	36/571	70/571
9. <i>Streptomyces phaeochromogenes</i>	97,20	96,85	95,27	91,24	97,02	94,57	94,57	93,70	---	58/571
10. <i>Streptomyces stelliscabiei</i>	89,67	89,14	88,79	92,12	89,84	90,37	90,19	87,74	89,84	---

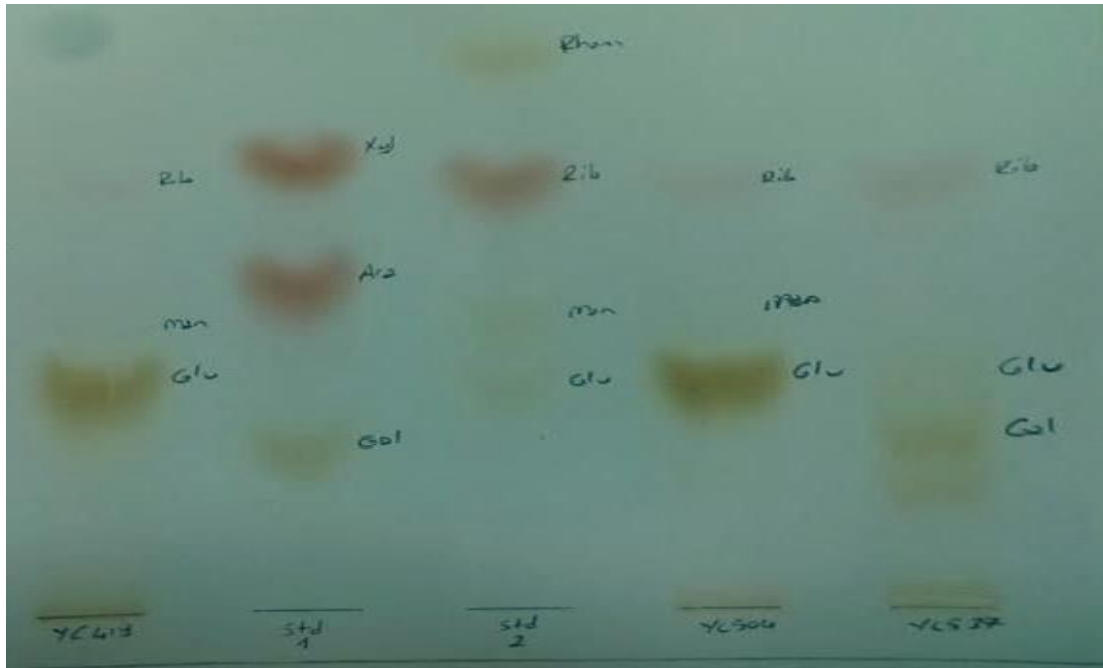
1. *Streptomyces* sp. YC917, 2. *Streptomyces* sp. YC925, 3. *Streptomyces* sp. YC541, 4. *Streptomyces umbrinus*, 5. *Streptomyces ederenis*, 6. *Streptomyces glomeroaurantiacus*, 7. *Streptomyces aurantiacus*, 8. *Streptomyces tauricus*, 9. *Streptomyces phaeochromogenes*, 10. *Streptomyces stelliscabiei*

4.11 Organizmaların kemotaksonomik karakterizasyonu

Çalışmada cins düzeyinde tespit edilen izolatların, ait oldukları cinslerin karakteristik kimyasal özelliklerinin belirlenmesi amacıyla kemotaksonomik analizler yapıldı. Bu analizler başlıca şeker, yağ asiti profilleri, polar lipid ve menakinon analizlerinden oluşmaktadır.

4.11.1 Şeker analizi

Test izolatlarının hücre duvar kemotiplerinden olan şeker profilleri tek boyutlu ince tabaka kromatografisinde belirlendi. Şeker profilleri Aktinobakteriler için özel olarak belirlenen şeker standartlarıyla kıyaslanarak değerlendirildi. YC419 izolatının şeker profili glikoz, mannoz ve riboz, YC504 izolatının şeker profili glikoz, mannoz ve riboz ve YC537 izolatının şeker profili galaktoz, glikoz ve riboz olarak belirlendi. Resim 4.5'de *Streptomyces* sp. YC419, YC504, YC537 izolatlarına ait şeker profilleri görülmektedir.



Resim 4.5. *Streptomyces* sp. YC419, YC504, YC537 izolatlarına ait şeker profilleri. Std 1: Gal; galaktoz; Ara; arabinoz; Xyl; ksiloz; Std 2: Glu; glikoz; Man, mannoz; Rib, riboz; Rham, ramnoz

4.11.2 Yağ asitlerinin belirlenmesi

Test izolatları ve en yakın akraba tip türlerinin yağ asiti metil ester profilleri gaz kromatografi yöntemi kullanılarak belirlendi. *Streptomyces* izolatlarının yağ asiti profilleri Çizelge 4.52- Çizelge 4.54'te verilmektedir.

Çizelge 4.52. *Streptomyces* sp.YC537 izolatı ve *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T, *Streptomyces beijiangensis* DSM 41794^T, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T en yakın akraba tip türlerinin yağ asiti profilleri

Yağ asitleri	<i>Streptomyces</i> sp.YC537	<i>Streptomyces</i> <i>tauricus</i>	<i>Streptomyces</i> <i>umbrinus</i>	<i>Streptomyces</i> <i>beijiangensis</i>
Doymuş yağ asitleri				
C _{12:0}	-	0,70	-	-
C _{13:0}	-	0,70	-	-
C _{14:0}	-	1,50	0,80	0,90
C _{15:0}	-	2,75	1,1	2,80
C _{16:0}	8,5	11,50	12,90	8,85
C _{17:0}	-	1,30	0,60	1,0
C _{18:0}	-	4,0	2,40	-
Doymamış yağ asitleri				
C _{15:0} 3OH	-	4,90	3,50	3,40
C _{15:1} A	-	-	-	-
C _{15:1} B	-	-	-	-
C _{16:1} cis9	-	3,0	0,55	0,90
C _{17:1} cis9	-	1,1	-	0,50
Dallanmış yağ asitleri				
<i>iso</i> C _{13:0}	1,7	-	-	-
<i>iso</i> C _{14:0}	17,2	2,35	3,80	1,70
<i>iso</i> C _{15:0}	16,1	6,0	7,0	5,30
<i>iso</i> C _{16:0}	19,8	12,80	16,80	9,40
<i>iso</i> C _{17:0}	7,7	3,55	4,60	6,40
<i>iso</i> C _{16:1} H	-	1,0	0,5	-
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	-	-	0,70
<i>anteiso</i> C _{15:0}	16,30	22,0	30,1	32,50
<i>anteiso</i> 2OH C _{15:0}	5,50	-	-	-
<i>anteiso</i> 2OH C _{17:0}	-	-	-	0,50
<i>anteiso</i> C _{17:0}	4,40	13,25	12,80	17,20
C _{16:0} 9- <i>metil</i>	-	2,3	0,60	1,40
C _{18:0} ISO 10 <i>metil</i>	-	-	-	2,78
C _{17:0} <i>cyclo</i>	-	3,40	1,80	2,0
Sum In Feature 4	2,70	-	-	-
Sum In Feature 6	-	0,7	-	-

Çizelge 4.53. *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve en yakın akraba tip türü *Streptomyces indicus* DSM 42001^T' un yağ asiti profilleri

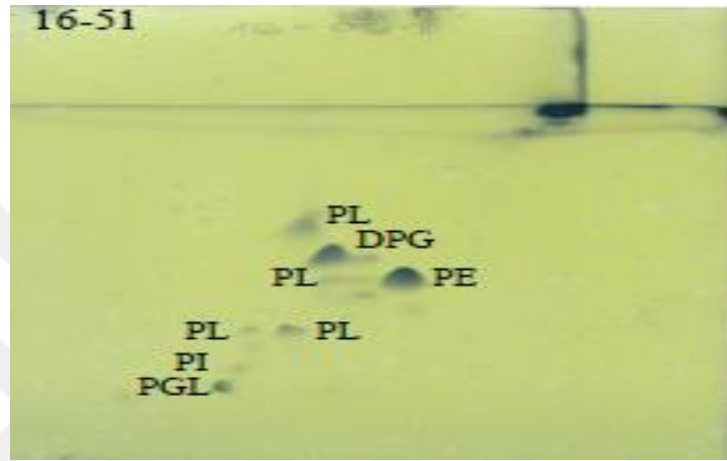
Yağ asitleri	<i>Streptomyces</i> sp. YC504	<i>Streptomyces indicus</i>
Doymuş yağ asitleri		
C _{14:0}	0,60	1,30
C _{15:0}	1,45	1,50
C _{16:0}	8,40	15,50
C _{17:0}	1,1	0,70
C _{18:0}	-	3,75
Doymamış yağ asitleri		
C _{15:0} 3OH	2,30	4,60
C _{16:1} <i>cis</i> 9	1,20	2,35
C _{17:1} <i>cis</i> 9	0,45	-
C _{18:1} <i>cis</i> 9	0,90	-
Dallanmış yağ asitleri		
<i>iso</i> C _{14:0}	1,65	2,20
<i>iso</i> C _{15:0}	11,1	5,70
<i>iso</i> C _{16:0}	9,1	12,60
<i>iso</i> C _{17:0}	8,10	4,00
<i>iso</i> C _{16:1} H	0,80	-
<i>anteiso</i> C _{15:0}	27,0	24,80
<i>anteiso</i> C _{17:0}	15,60	17,00
<i>anteiso</i> C _{17:1}	1,40	-
C _{16:0} 9- <i>methyl</i>	2,00	-
C _{18:0} ISO 10 <i>methyl</i>	2,00	1,40
C _{17:0} <i>cyclo</i>	1,80	0,90
Sum In Feature 6	1,90	1,60

Çizelge 4.54. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve *Streptomyces vastus* DSM 40309^Ten yakın akraba tip türünün yağ asiti profilleri

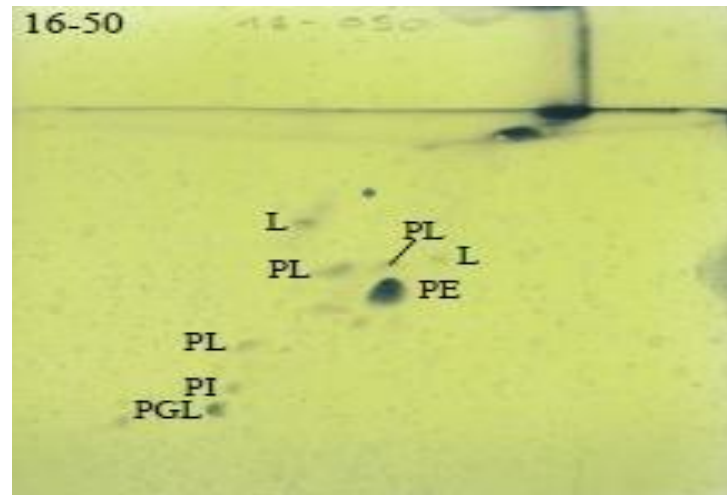
Yağ asitleri	<i>Streptomyces</i> sp. YC419	<i>Streptomyces vastus</i>
Doymuş yağ asitleri		
C _{12:0}	-	0,30
C _{14:0}	1,25	1,40
C _{15:0}	1,25	2,90
C _{16:0}	7,10	10,90
C _{17:0}	-	0,80
Doymamış yağ asitleri		
C _{16:1cis9}	2,80	5,10
C _{17:1cis9}	-	1,40
C _{18:1 cis9}	-	0,20
Dallanmış yağ asitleri		
<i>iso</i> C _{13:0}	0,90	0,30
<i>iso</i> C _{14:0}	21,30	2,50
<i>iso</i> C _{15:0}	9,70	-
<i>iso</i> C _{16:0}	29,30	14,20
<i>iso</i> C _{17:0}	2,40	3,40
<i>iso</i> C _{16:1 H}	4,80	1,80
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	0,80
<i>anteiso</i> C _{15:0}	9,90	21,70
<i>anteiso</i> C _{17:0}	2,60	11,1
<i>anteiso</i> 2OH C _{15:0}	3,50	-
<i>anteiso</i> C _{17:1}	1,50	4,60
C _{16:0 9-methyl}	1,80	2,50
C _{18:0 iso 10 methyl}	-	3,60
C _{17:0 cyclo}	-	0,60
Sum In Feature 6	-	0,50

4.11.3 Polar lipid analizi

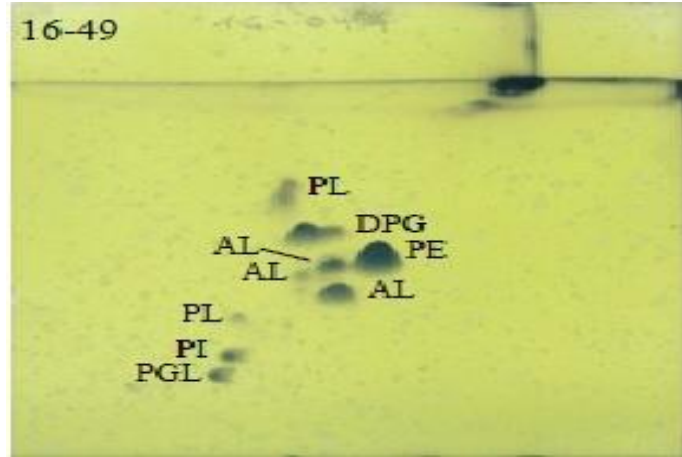
Streptomyces sp. YC419, *Streptomyces* sp. YC504, *Streptomyces* sp. YC537 izolatlarının polar lipid analizleri DSMZ firması tarafından gerçekleştirildi. Resim 4.6- Resim 4.8’de *Streptomyces* izolatlarının polar lipid profilleri görülmektedir.



Resim 4.6. *Streptomyces* sp. YC419 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit



Resim 4.7. *Streptomyces* sp. YC504 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. L; lipid, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit



Resim 4.8. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının polar lipid profilinin TLC görüntüsü. AL; aminolipit, DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit

4.11.4 Menakinonların belirlenmesi

Seçilen bazı test izolatlarının menakinon profilleri Almanya'nın Leibniz Institute DSMZ (German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafından belirlendi. Çizelge 4.55'de bazı *Streptomyces* cinsi izolatların menakinon yapıları verilmektedir.

Çizelge 4.55. Bazı *Streptomyces* cinsi izolatların menakinon yapıları

İzolatlar	Menakinonlar
<i>Streptomyces</i> sp. YC419	MK10(1 %), MK9(H ₄)(6 %), MK9(H ₆)(35 %), MK9(H ₈)(45 %)
<i>Streptomyces</i> sp. YC504	MK9(H ₄)(2 %), MK10(H ₂)(2 %), MK9(H ₆)(22 %), MK9(H ₈)(58 %)
<i>Streptomyces</i> sp. YC537	MK10(5 %), MK9(H ₄)(5 %), MK10(H ₂)(4 %), MK9(H ₆)(36 %), MK9(H ₈)(35 %)

4.12 Fenotipik karakterizasyonların belirlenmesi

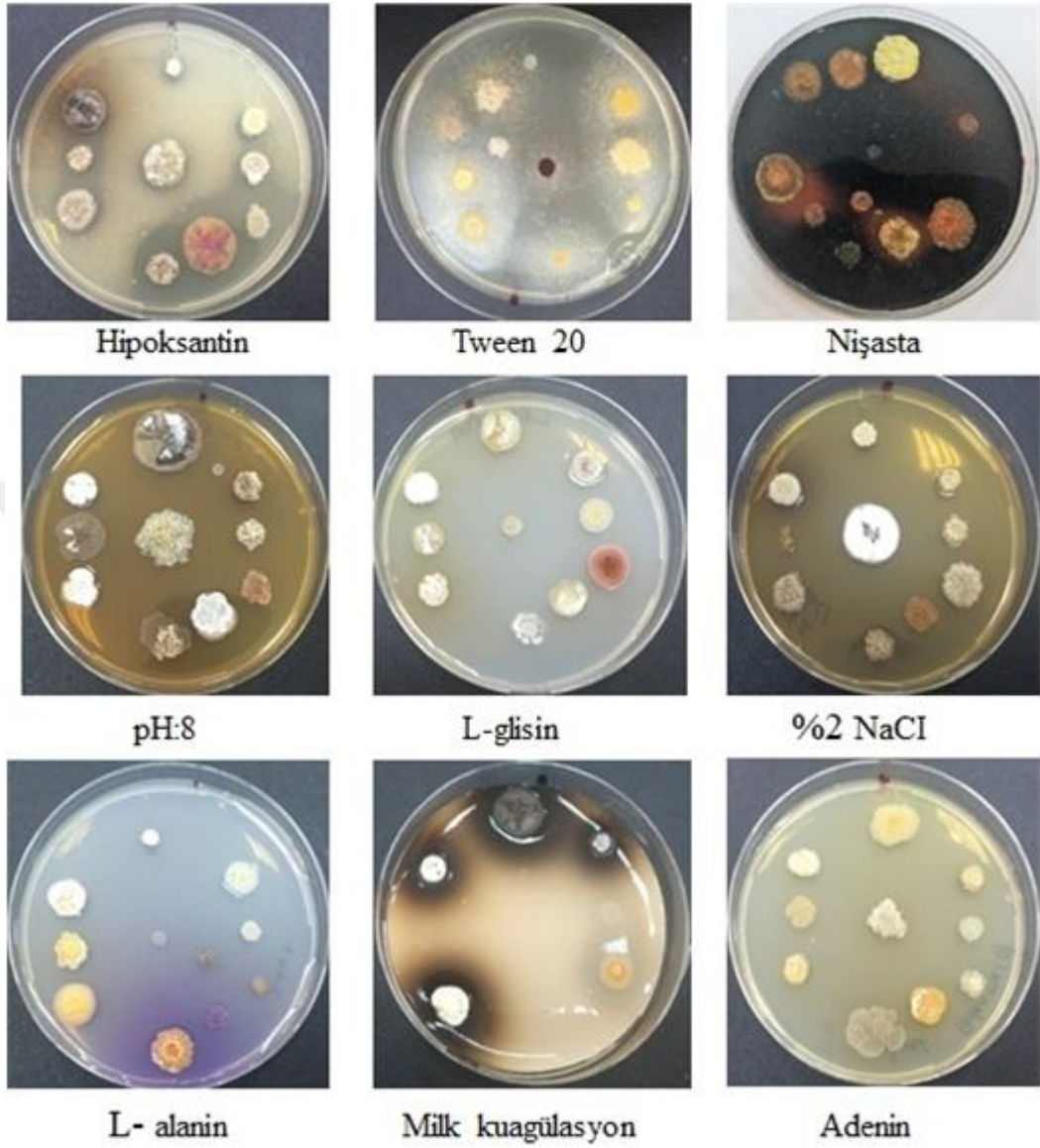
Çalışmada izole edilen, 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi sonuçları ve filogenetik konumlarına göre yeni tür olabilecek izolatlar ve filogenetik olarak en yakın akraba tip türleri fenotipik testler uygulandı.

Çizelge 4.56'da bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin azot kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testlerinin sonuçları verilmektedir. Çizelge 4.57'de bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin karbon kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testlerinin sonuçları verilmektedir.

Çizelge 4.58'de bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin farklı maddeleri degrede edebilme kabiliyetlerini ölçen testlerin sonuçları verilmektedir. Çizelge 4.59'da bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin sıcaklık tolerans ve hidroliz testlerinin sonuçları verilmektedir.

Çizelge 4.60'da bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin tuz tolerans testlerinin sonuçları verilmektedir. Çizelge 4.61'de ise bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin pH tolerans testlerinin sonuçları verilmektedir.

Çalışmada 87 tane fenotipik karakter testlerde kullanıldı. Testlerde kullanılan petri plakları ve deney tüplerinin resimleri kaydedildi (Resim 4.9).



Resim 4.9. Bazı test organizmalarına ait fenotipik karakter örnekleri

Çizelge 4.56. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin azot kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testleri; **1**, *Streptomyces* sp. YC419; **2**, *Streptomyces vastus* DSM 40309^T; **3**, *Streptomyces* sp. YC537; **4**, *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T; **5**, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T; **6**, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T; **7**, *Streptomyces ederenis* DSM 40741^T; **8**, *Streptomyces* sp. YC917; **9**, *Streptomyces* sp. YC541; **10**, *Streptomyces* sp. YC925; **11**, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T; **12**, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T; **13**, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T; **14**, *Streptomyces* sp. YC532; **15**, *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T; **16**, *Streptomyces amakusaensis* DSM 40219^T; **17**, *Streptomyces inusitatus* DSM 41441^T; **18**, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T; **19**, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T; **20**, *Streptomyces xanthochromogenes* DSM 40111^T; **21**, *Streptomyces* sp. YC504; **22**, *Streptomyces indicus* DSM 42001^T; **23**, *Streptomyces* sp. YC512; **24**, *Streptomyces* sp. YC306; **25**, *Streptomyces aculeolatus* DSM 41644^T; **26**, *Streptomyces synnematoformans* DSM 41902^T; **27**, *Amycolatopsis* sp. YC111; **28**, *Amycolatopsis orientalis* DSM40040^T; **29**, *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T; **30**, *Amycolatopsis regifaucium* DSM 45072^T

% 0.1 w/v	TEMEL AZOT KAYNAKLARI																													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1. Alfa-iso-leucine	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	-	+	-	+
2. DL-Phenylalanin	+	+	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+
3. Glycine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
4. L-Alanine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5. L-Arginine	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+
6. L-Asparagine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7. L-Cysteine	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	-	+	-	-
8. L-Histidine	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+
9. L-Hydroxyproline	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	
10. L-Lycine	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+
11. L-Methionine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-
12. L-Phenylalanine	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-
13. L-Proline	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+
14. L-Serine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
15. L-Threonine	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+
16. L-Tyrosine	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+
17. L-Valine	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-

Çizelge 4.57 (Devam). Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin karbon kaynaklarını kullanabilme ve gelişim testleri; **1**, *Streptomyces* sp. YC419; **2**, *Streptomyces vastus* DSM 40309^T; **3**, *Streptomyces* sp. YC537; **4**, *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T; **5**, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T; **6**, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T; **7**, *Streptomyces ederensis* DSM 40741^T; **8**, *Streptomyces* sp. YC917; **9**, *Streptomyces* sp. YC541; **10**, *Streptomyces* sp. YC925; **11**, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T; **12**, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T; **13**, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T; **14**, *Streptomyces* sp. YC532; **15**, *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T; **16**, *Streptomyces amakusaensis* DSM 40219^T; **17**, *Streptomyces inusitatus* DSM 41441^T; **18**, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T; **19**, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T; **20**, *Streptomyces xanthochromogenes* DSM 40111^T; **21**, *Streptomyces* sp. YC504; **22**, *Streptomyces indicus* DSM 42001^T; **23**, *Streptomyces* sp. YC512; **24**, *Streptomyces* sp. YC306; **25**, *Streptomyces aculeolatus* DSM 41644^T; **26**, *Streptomyces synnematoformans* DSM 41902^T; **27**, *Amycolatopsis* sp. YC111; **28**, *Amycolatopsis orientalis* DSM40040^T; **29**, *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T; **30**, *Amycolatopsis regifaucium* DSM 45072^T

	KARBON KAYNAKLARI																													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1. L(+) <i>Arabinose</i>	+	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+
2. L(+) <i>Rhamnose</i>	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	-
3. <i>Lactose</i>	-	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	-
4. L- <i>Glutamin</i>	+	-	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+
5. <i>Maltose</i>	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-
6. <i>Mannitol</i>	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
7. <i>myo</i> - <i>Inositol</i>	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	+
8. <i>Succinic Acid</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9. <i>Sucrose</i>	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-
10. <i>Xylitol</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11. <i>Xylose</i>	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+

Çizelge 4.58. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin farklı maddeleri degrede edebilme kabiliyetlerini ölçen testler; **1**, *Streptomyces* sp. YC419; **2**, *Streptomyces vastus* DSM 40309^T; **3**, *Streptomyces* sp. YC537; **4**, *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T; **5**, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T; **6**, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T; **7**, *Streptomyces ederensis* DSM 40741^T; **8**, *Streptomyces* sp. YC917; **9**, *Streptomyces* sp. YC541; **10**, *Streptomyces* sp. YC925; **11**, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T; **12**, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T; **13**, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T; **14**, *Streptomyces* sp. YC532; **15**, *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T; **16**, *Streptomyces amakusaensis* DSM 40219^T; **17**, *Streptomyces inusitatus* DSM 41441^T; **18**, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T; **19**, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T; **20**, *Streptomyces xanthochromogenes* DSM 40111^T; **21**, *Streptomyces* sp. YC504; **22**, *Streptomyces indicus* DSM 42001^T; **23**, *Streptomyces* sp. YC512; **24**, *Streptomyces* sp. YC306; **25**, *Streptomyces aculeolatus* DSM 41644^T; **26**, *Streptomyces synnematoformans* DSM 41902^T; **27**, *Amycolatopsis* sp. YC111; **28**, *Amycolatopsis orientalis* DSM40040^T; **29**, *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T; **30**, *Amycolatopsis regifaucium* DSM 45072^T

	DEGRADASYONTESTLERİ																													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1. Adenin	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2. Casein	+	-	+	+	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3. Chitin	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4. Elastine	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+
5. Gelatin	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+
6. Guanine	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+
7. Hypoxanthine	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
8. Starch	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-
9. Tween 20	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
10. Tween 40	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
11. Tween 80	+	-	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+
12. Xhantine	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-
13. Xylan	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+

Çizelge 4.59. Bazı *Streptomyces* ve *Amycolatopsis* cinsi izolat ve tip türlerinin sıcaklık tolerans ve hidroliz testleri; **1**, *Streptomyces* sp. YC419; **2**, *Streptomyces vastus* DSM 40309^T; **3**, *Streptomyces* sp. YC537; **4**, *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T; **5**, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T; **6**, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T; **7**, *Streptomyces ederensis* DSM 40741^T; **8**, *Streptomyces* sp. YC917; **9**, *Streptomyces* sp. YC541; **10**, *Streptomyces* sp. YC925; **11**, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T; **12**, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T; **13**, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T; **14**, *Streptomyces* sp. YC532; **15**, *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T; **16**, *Streptomyces amakusaensis* DSM 40219^T; **17**, *Streptomyces sinusitatus* DSM 41441^T; **18**, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T; **19**, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T; **20**, *Streptomyces xanthochromogenes* DSM 40111^T; **21**, *Streptomyces* sp. YC504; **22**, *Streptomyces indicus* DSM 42001^T; **23**, *Streptomyces* sp. YC512; **24**, *Streptomyces* sp. YC306; **25**, *Streptomyces aculeolatus* DSM 41644^T; **26**, *Streptomyces synnematoformans* DSM 41902^T; **27**, *Amycolatopsis* sp. YC111; **28**, *Amycolatopsis orientalis* DSM40040^T; **29**, *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T; **30**, *Amycolatopsis regifaucium* DSM 45072^T

		Sıcaklık Tolerans Testleri																													
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1.	4°C	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	10°C	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-
3.	20°C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
4.	28°C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	37°C	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
6.	45°C	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
7.	50°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8.	55°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
		Biyokimyasal testler																													
1.	Allantoin	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-
2.	Arbutin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+
3.	Üre	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+
4.	Nitrat	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	-
5.	H ₂ S	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6.	Milk Zon	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-
7.	Milk Pigment	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+

4.13 Antimikrobiyal aktivitenin belirlenmesi

Test organizmalarından 16S rRNA gen bölgesi analizi verilerine göre ve filogenetik konumuna göre yeni tür olabilecek izolatların patojen organizmaları inhibe edebilme kabiliyetleri test edildi. Patojenler; maya ve fungus, gram pozitif ve gram negatif organizmalardan oluşmaktadır. Test organizmalarının patojen organizmalara karşı göstermiş olduğu antimikrobiyal aktivitenin zon çapları ölçülerek kaydedildi. Çizelge 4.62’de bazı test organizmalarının patojen organizmalara karşı göstermiş olduğu antimikrobiyal aktivitenin zon çapları verilmektedir.



Çizelge 4.62. Bazı test organizmalarının patojen organizmalara karşı göstermiş olduğu antimikrobiale aktivitenin zon çapları

Patojen organizmalar	Test organizmalar								
	YC537	YC419	YC504	YC306	YC512	YC541	YC917	YC925	YC532
<i>Aspergillus parasiticus</i> NRLL-465 ^T	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Candida utilis</i> NRLL Y-900 ^T	8,40 mm	10,40 mm	-	-	7,46 mm	-	-	-	-
<i>Escherichia coli</i> ATCC 25922 ^T	10,50 mm	9,30 mm	-	-	-	-	-	-	-
<i>Citrobacter freundii</i> NRLL B-2643 ^T	-	8,70 mm	-	-	7,00 mm	-	6,32 mm	-	10,85 mm
<i>Enterobakter aerogenes</i> NRLL B-3567 ^T	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> NRLL B-2679 ^T	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Bacillus subtilis</i> NRLL B-209 ^T	12,00 mm	10,24 mm	11,70 mm	11,80 mm	-	10,24 mm	-	-	10,43 mm
<i>Staphylococcus aureus</i> ATCC 29213 ^T	10,20 mm	10,30 mm	10,70 mm	-	8,26 mm	11,50 mm	-	-	-
<i>Staphylococcus aureus</i> NRLL B-767 ^T	-	-	-	-	-	14,70 mm	-	11,60 mm	-
<i>Micrococcus luteus</i> NRLL B-1018 ^T	-	10,12 mm	8,60 mm	-	7,50 mm	-	-	-	-

4.14 Organizmaların morfolojik ve kültürel yapılarının belirlenmesi

4.14.1 Test izolatlarının değişik besiyerlerindeki büyüme ve gelişmelerinin belirlenmesi

İzolasyon sonucunda farklı seçici besiyerlerinden izole edilen izolatların 10 farklı besiyerindeki büyüme ve gelişimleri araştırıldı. Çalışmada yeni tür olabilecek izolatlar ve en yakın akraba tip türleri test edildi. Test organizmalarının 10 farklı besiyerinde gelişimleri, spor renkleri, substrat renkleri, varsa çözümlü pigment renkleri gibi özellikler değerlendirildi. Ayrıca test izolatlarının gelişim morfolojileri de resimlenerek kaydedildi.

Amycolatopsis izolatları ve tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü Resim 4.10'de görülmektedir.

Resim 4.11-Resim 4.17'de *Streptomyces* izolatları ve tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü görülmektedir.

Test edilen bazı izolatlar ve en yakın akraba tip türlerinin farklı besiyeri ortamında ki morfolojik ve kültürel farklılıkları Çizelge 4.63'de verilmektedir. Çizelge 4.64 ve Çizelge 4.69'da bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri verilmektedir.

Çizelge 4.63. Test edilen bazı izolatlar ve en yakın akraba tip türlerinin farklı besiyeri ortamında morfolojik ve kültürel farklılıkları

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces sp.</i> YC306	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Parlak Turuncu	Orta Kahverengi	Koyu Turuncu	Açık Kahverengi	Kırmızı-Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Turuncu	Yok	Sarı-Kahverengi
<i>Streptomyces sp.</i> YC512	Gelişimi	+++		+++	+++	+
	Spor Rengi	Yok	Gelişmedi	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı-Kahverengi		Orta Kahverengi	Açık Kahverengi	Kırmızı-Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Kahverengi-Turuncu		Yok	Yok	Yok
<i>St. aculeolatus</i> DSM 41644 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı-Kahverengi	Açık Kahverengi	Kırmızı- Turuncu	Açık Kahverengi	Koyu Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Kahverengi-Turuncu	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>St. synnematoformans</i> DSM 41902 ^T	Gelişimi			+++	+++	+
	Spor Rengi	Gelişmedi	Gelişmedi	Gri	Gri	Yok
	Substrat Miselyum Rengi			Koyu Kahverengi	Koyu Kahverengi	Kırmızı-Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi			Kahverengi	Koyu Turuncu	Yok

Çizelge 4.63 (Devam). Test edilen bazı izolatlar ve en yakın akraba tip türlerinin farklı besiyeri ortamında morfolojik ve kültürel farklılıkları

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces</i> sp. YC306	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu kahverengi	Kahverengi-Turuncu	Koyu turuncu	Sarı- kahverengi	Kırmızı- turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces</i> sp. YC512	Gelişimi	+++	++	+++	++	+
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı-kahverengi	Koyu kahverengi	Turuncu	Sarı-Kahverengi	Sarı-Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Kırmızı-kahverengi	Kırmızı-kahverengi	Yok	Yok	Yok
<i>St. aculeolatus</i> DSM41644 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Yok	Yok	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı-kahverengi	Kahverengi	Turuncu	Açık Turuncu	Koyu kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>St. synnematoformans</i> DSM41902 ^T	Gelişimi	+++		++	+++	
	Spor Rengi	Gri	Gelişmedi	Yok	Yeşil-mavi	Gelişmedi
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı-kahverengi		Kırmızı- turuncu	Açık mavi	
	Çözünür Pigment Rengi	Yok		Yok	Yok	

Çizelge 4.64. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton Iron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces sp. YC541</i>	Gelişimi	+++	+++	++	+++	++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Açık Kahverengi	Kahverengi-Turuncu	Acık Turuncu	Turuncu-Sarı	Turuncu-Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces sp. YC917</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Koyu Kahverengi	Siyahımsı Kırmızı	Koyu Kahverengi	Açık Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces sp. YC925</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyahımsı Kırmızı	Siyahımsı Kırmızı	Koyu Kahverengi	Koyu Kahverengi	Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Açık Kahverengi
<i>Streptomyces umbrinus</i> DSM 40278 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri	Gri-Beyaz	Gri	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Siyahımsı Kırmızı	Koyu Kahverengi	Açık Kahverengi	Açık Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces ederensis</i> DSM 40741 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri- Beyaz	Gri- Beyaz	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyahımsı Kırmızı	Koyu Gri	Gri-Kırmızı	Koyu Kahverengi	Siyahımsı Kırmızı
	Çözünür Pigment Rengi	Koyu Turuncu	Kırmızı-Kahverengi	Yok	Yok	Koyu Kahverengi

Çizelge 4.64 (Devam). Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces</i> sp. YC541	Gelişimi	+	+++	+++	+++	++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Açık Turuncu Sarı	Parlak Turuncu	Kahverengi Turuncu	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces</i> sp. YC917	Gelişimi	+++	+++	++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Yok	Yok	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyahimsi Kırmızı	Kahverengi	Koyu Turuncu	Kahveren- Gri	Kırmızımsı Siyah
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Sarı- Kahverengi
<i>Streptomyces</i> sp. YC925	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyah	Açık Kahverengi	Koyu Turuncu	Kırmızı-Kahverengi	Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Siyahimsi Kırmızı	Yok	Yok	Kırmızı-Turuncu	Yok
<i>Streptomyces umbrinus</i> DSM 40278 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz –Gri	Yok	Yok	Gri	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Açık Turuncu	Koyu Turuncu	Açık Kahverengi	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces ederenis</i> DSM 40741 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri	Yok	Yok	Krem	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyahimsi Kırmızı	Kahverengi Turuncu	Kahverengi Turuncu	Kırmızı-Turuncu	Kahverengi Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.64 (Devam). Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces tauricus</i> DSM 40560 ^T	Gelişimi	++	++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Açık Pembe	Koyu Kahverengi	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Sarı-Turuncu	Koyu Pembe	Açık Kırmızı	Koyu Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Açık Kahverengi	Yok	Yok	Yok	Koyu Kahverengi
<i>Streptomyces aurantiacus</i> DSM 40412 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi-Turuncu	Kırmızı-Kahverengi	Kırmızı-Turuncu	Açık Turuncu	Açık Sarı Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Kahverengi-Turuncu	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i> DSM 41782 ^T	Gelişimi	+++	++	+++	+++	
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Gelişmedi
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi Turuncu	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi	Açık Turuncu	
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	
<i>Streptomyces phaeochromogenes</i> DSM 40073 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Beyaz-Gri	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Kırmızı-Kahverengi	Kırmızı-Kahverengi	Koyu Kahverengi	Koyu Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Koyu Turuncu	Yok	Yok	Yok	Açık Turuncu

Çizelge 4.64 (Devam). Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces tauricus</i> DSM 40560 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Açık Turuncu Sarı	Koyu Kahverengi	Koyu Pembe	Sarı Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Açık Kahverengi	Yok	Açık Turuncu Sarı
<i>Streptomyces aurantiacus</i> DSM 40412 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++		+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Gelişmedi	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Açık Turuncu	Turuncu Sarı		Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok		Yok
<i>Streptomyces glomeroaurantiacus</i> DSM 41782 ^T	Gelişimi	+++	++	+	+	+
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Açık Turuncu	Turuncu Sarı	Açık Turuncu	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces phaeochromogenes</i> DSM 40073 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Siyahımsı Kırmızı	Kahverengi Turuncu	Koyu Kahverengi	Kırmızımsı Turuncu	Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.65. *Amycolatopsis* test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton Iron Agar (Isp6)
<i>Amycolatopsis</i> sp.YC111	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Gri Beyaz	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Koyu Mor	Kahverengi Turuncu	Açık Turuncu	Parlak Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Koyu Mor	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis orientalis</i> DSM 40040	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Gri Beyaz
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Koyu Kahverengi	Koyu Turuncu	Parlak Turuncu	Parlak Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Açık Kahverengi	Koyu Kahverengi	Sarı-Turuncu	Açık Turuncu	Parlak Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis regifaucium</i> DMS 45072	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Koyu Kahverengi	Koyu Turuncu	Parlak Turuncu	Parlak Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.65 (Devam). *Amycolatopsis* test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Amycolatopsis</i> sp.YC111	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Yok	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Parlak Mor	Açık Turuncu Sarı	Koyu Turuncu Sarı	Kırmızı-Turuncu	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Koyu Mor	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis orientalis</i> DSM 40040	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz Krem	Krem	Beyaz	Beyaz
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Turuncu	Turuncu Sarı	Koyu Turuncu Sarı	Sarı-Pembe	Turuncu- Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis lurida</i> DSM 43134	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi Turuncu	Açık Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Sarı Pembe	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Amycolatopsis regifaucium</i> DMS 45072	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi Turuncu	Açık Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Sarı Pembe	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.66. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces</i> sp.YC537	Gelişimi	+++	+++	++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	KahverengiTuruncu	Gri Kahverengi	Açık Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces tauricus</i> DSM 40560 ^T	Gelişimi	++	++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Açık Pembe	Koyu Kahverengi	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu	Koyu Pembe	Kırmızı	Koyu Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Açık Kahverengi	Yok	Yok	Yok	Kahverengi
<i>Streptomyces beijiangensis</i> DSM 41794 ^T	Gelişimi	+		+	++	+
	Spor Rengi	Yok		Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Açık Turuncu Sarı	Gelişmedi	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok		Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces umbrinus</i> DSM 40278 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz Gri	Beyaz Gri	Gri	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Kırmızı Kahverengi	Kırmızı Kahverengi	Turuncu Sarı	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.66 (Devam). Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces sp.YC537</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Sarımsı Beyaz	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Kahverengi	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces tauricus</i> DSM 40560 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Açık Turuncu Sarı	Koyu Kahverengi	Koyu Pembe	Sarı Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Açık Sarı
<i>Streptomyces beijiangensis</i> DSM 41794 ^T	Gelişimi	+	+	++	+	+
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces umbrinus</i> DSM 40278 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz Gri	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Gri Kırmızı	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.67. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces</i> sp.YC532	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri Beyaz	Gri Beyaz	Gri	Krem	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Kahverengi	Gri Kahverengi	Turuncu Sarı	Koyu Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces eurocidicus</i> DSM 40604 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Gri Beyaz	Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Kırmızı Kahverengi	Gri Kırmızı	KahverengiTuruncu	Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces michiganensis</i> DSM 40015 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Koyu Kahverengi	Turuncu	Açık Turuncu	Açık Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces inusitatus</i> DSM 41441 ^T	Gelişimi	+++		+++		+++
	Spor Rengi	Beyaz	Gelişmedi	Gri Beyaz	Gelişmedi	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu		Açık Kahverengi		Koyu Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok		Yok		Yok
<i>Streptomyces lavendofoliae</i> DSM 40217 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Koyu Pembe	Pembe	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	KahverengiTuruncu	Koyu Kahverengi	Sarı Pembe	Açık Turuncu	KahverengiTuruncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces amakusaensis</i> DSM 40219 ^T	Gelişimi	++	+	+++	+	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Gri Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Krem	Açık Kahverengi	Krem	KahverengiTuruncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces xanthochromogenes</i> DSM 40111 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı Kahverengi	Koyu Kahverengi	Kahverengi Turuncu	Kahverengi Turuncu	Koyu Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Gri Kırmızı

Çizelge 4.67 (Devam). Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

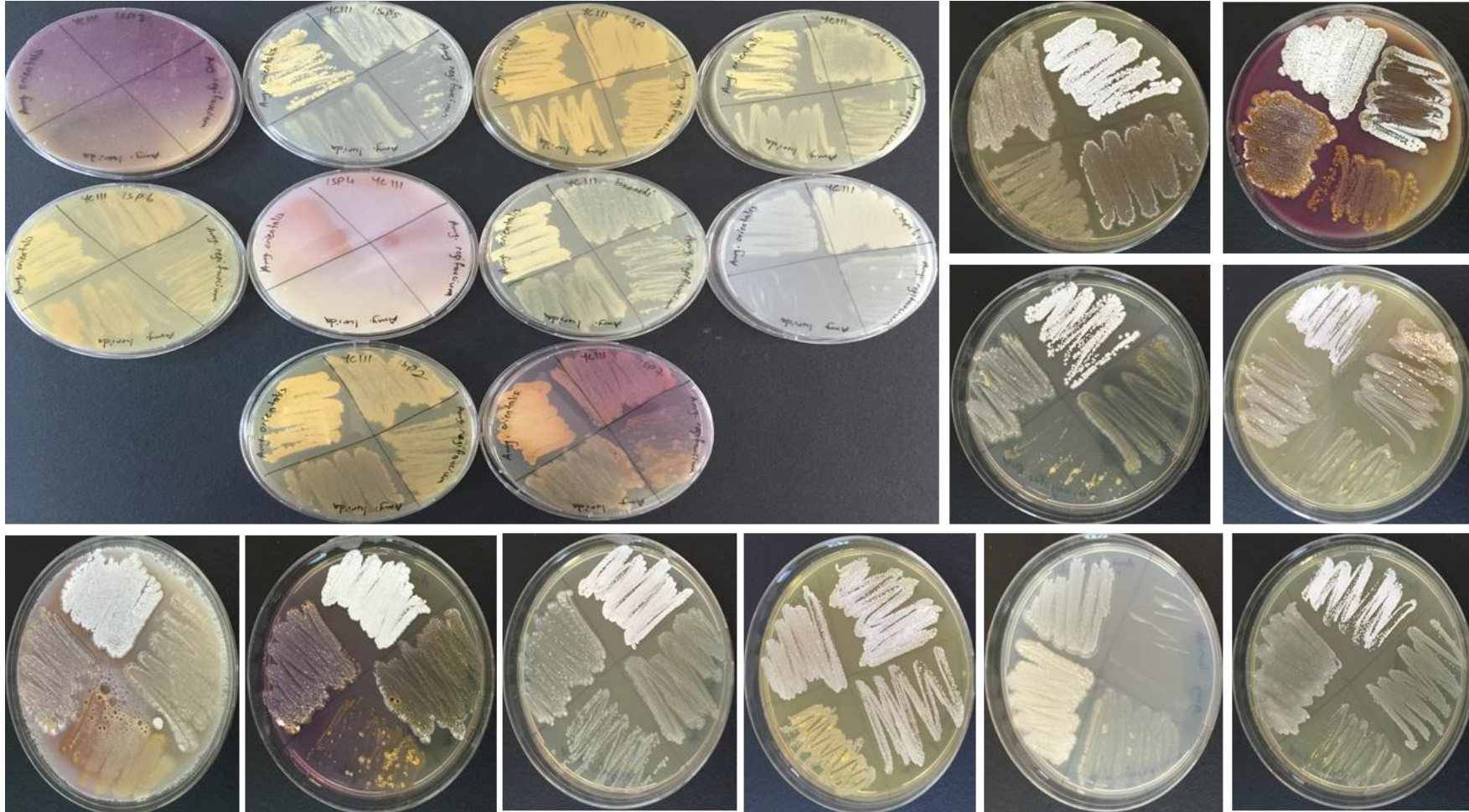
Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces</i> sp. YC532	Gelişimi	+++	+++	++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Yok	Beyaz	Beyaz
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Turuncu	Turuncu Sarı	Koyu Turuncu	Turuncu	Açık Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces eurocidicus</i> DSM 40604 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu	Sarı Kahverengi	Sarı Kahverengi	Sarı Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces michiganensis</i> DSM 40015 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Sarı Kahverengi	Sarı Kahverengi	Turuncu	Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces inusitatus</i> DSM 41441 ^T	Gelişimi	+++	+	+++	+	+
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Açık Kahverengi	Krem	Turuncu	Krem	Krem
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces lavendofoliae</i> DSM 40217 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	++	+++
	Spor Rengi	Gri	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu	Koyu Turuncu Sarı	Turuncu	Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces amakusaensis</i> DSM 40219 ^T	Gelişimi	++	++	+++	+	+
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi Turuncu	Turuncu	Turuncu	Krem	Krem
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces xanthochromogenes</i> DSM 40111 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Beyaz	Beyaz	Yok	Beyaz	Gri Beyaz
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Sarı Kahverengi	Koyu Turuncu	Turuncu Sarı	Koyu Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Kahverengi Turuncu

Çizelge 4.68. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

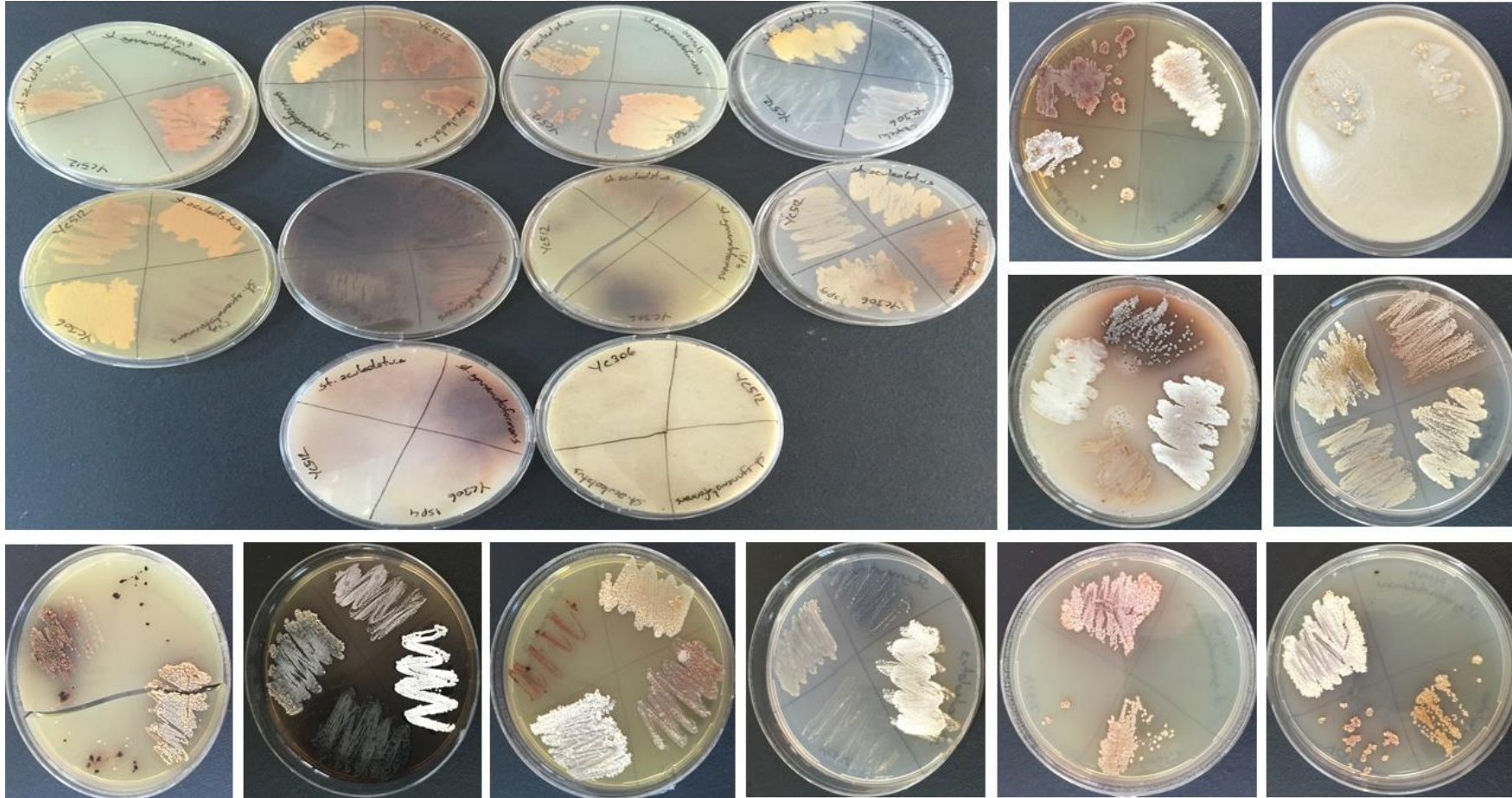
Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces sp.YC419</i>	Gelişimi	+++	+	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Turuncu	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces vastus</i> DSM 40309 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Mavimsi Beyaz	Mavimsi Beyaz	Mavimsi Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Gri	Kahverengi	Mor Mavi	Turuncu	Sarı Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces sp.YC419</i>	Gelişimi	++	+++	++	+++	+++
	Spor Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Kahverengi	Kahverengi	Kahverengi	Açık Kahverengi	Açık Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces vastus</i> DSM 40309 ^T	Gelişimi	+++	+++	+++	++	+++
	Spor Rengi	Yok	Mavimsi Beyaz	Yok	Mavimsi Beyaz	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Grimsi Mavi	Turuncu	Mavimsi Beyaz	Açık Kahverengi
	Çözünür Pigment Rengi	Kırmızimsı Turuncu	Yok	Yok	Yok	Yok

Çizelge 4.69. Bazı test izolatları ve tip türlerinin 10 farklı besi yerindeki morfolojik ve kültürel özellikleri

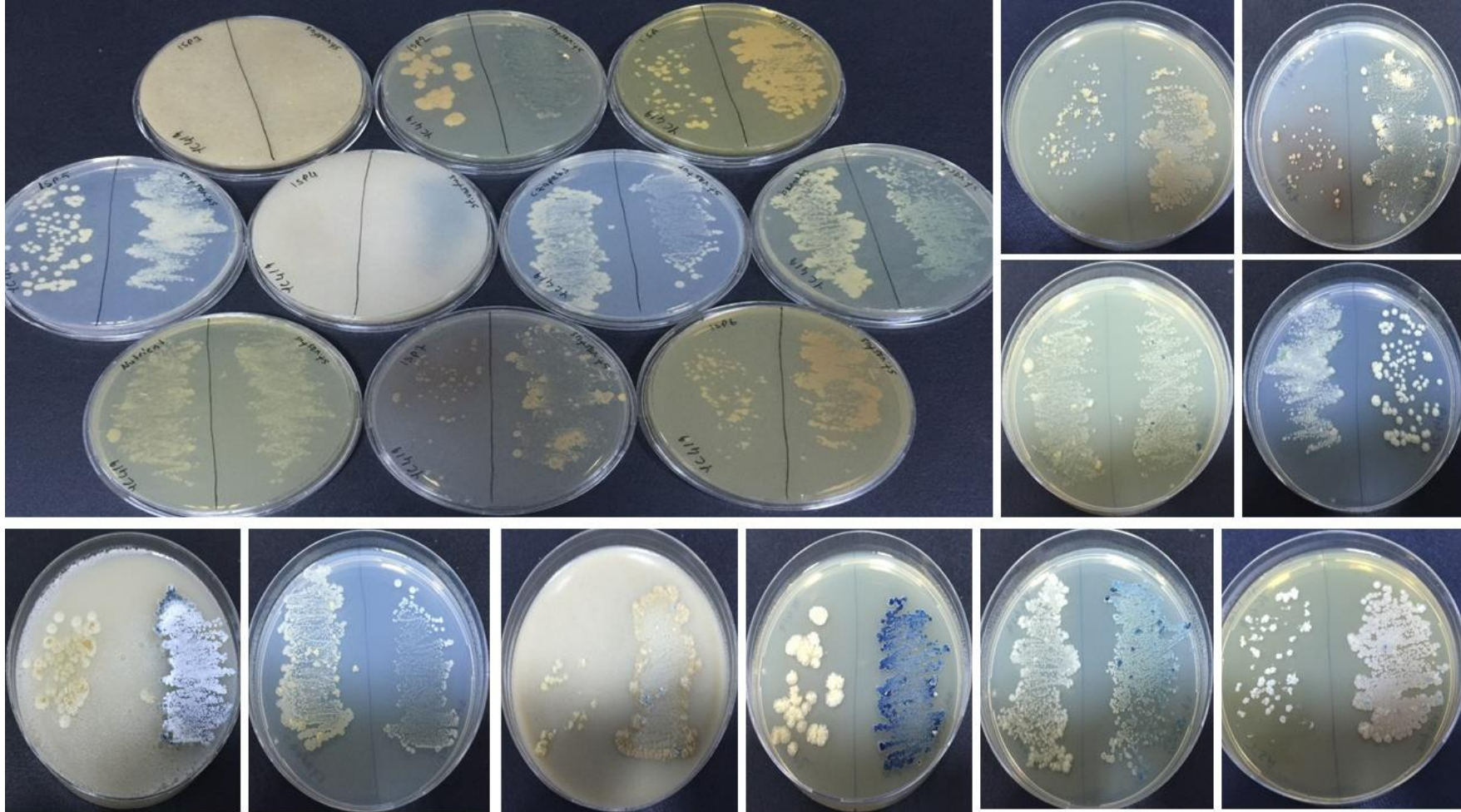
Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Yeast Malt Extract Agar (Isp2)	Oatmeal Agar (Isp3)	Inorganic Salt Starch Agar (Isp4)	Glycerol Asparagine Agar (Isp5)	Pepton İron Agar (Isp6)
<i>Streptomyces sp. YC504</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri	Beyaz	Gri Beyaz	Krem	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Turuncu	Kırmızı Kahverengi	Sarı Turuncu	KahverengiTuruncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces indicus DSM 42001^T</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Sarımsı Beyaz	Beyaz	Sarımsı Beyaz	Yok	Yok
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Turuncu	Koyu Turuncu	Parlak Turuncu	Turuncu Sarı	Turuncu
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
Suşlar	Büyüme ve Kültürel Özellikleri	Tyrosine Agar (ISP7)	Modified Bennett's Agar	TSA	Czapek's Agar	Nutrient Agar
<i>Streptomyces sp. YC504</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Gri Beyaz	Yok	Yok	Gri	Beyaz
	Substrat Miselyum Rengi	Koyu Kahverengi	Açık Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Turuncu	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok
<i>Streptomyces indicus DSM 42001^T</i>	Gelişimi	+++	+++	+++	+++	+++
	Spor Rengi	Pembemsi Beyaz	Krem	Yok	Beyaz	Krem
	Substrat Miselyum Rengi	Kırmızı Kahverengi	Açık Turuncu Sarı	Turuncu Sarı	Turuncu	Turuncu Sarı
	Çözünür Pigment Rengi	Yok	Yok	Yok	Yok	Yok



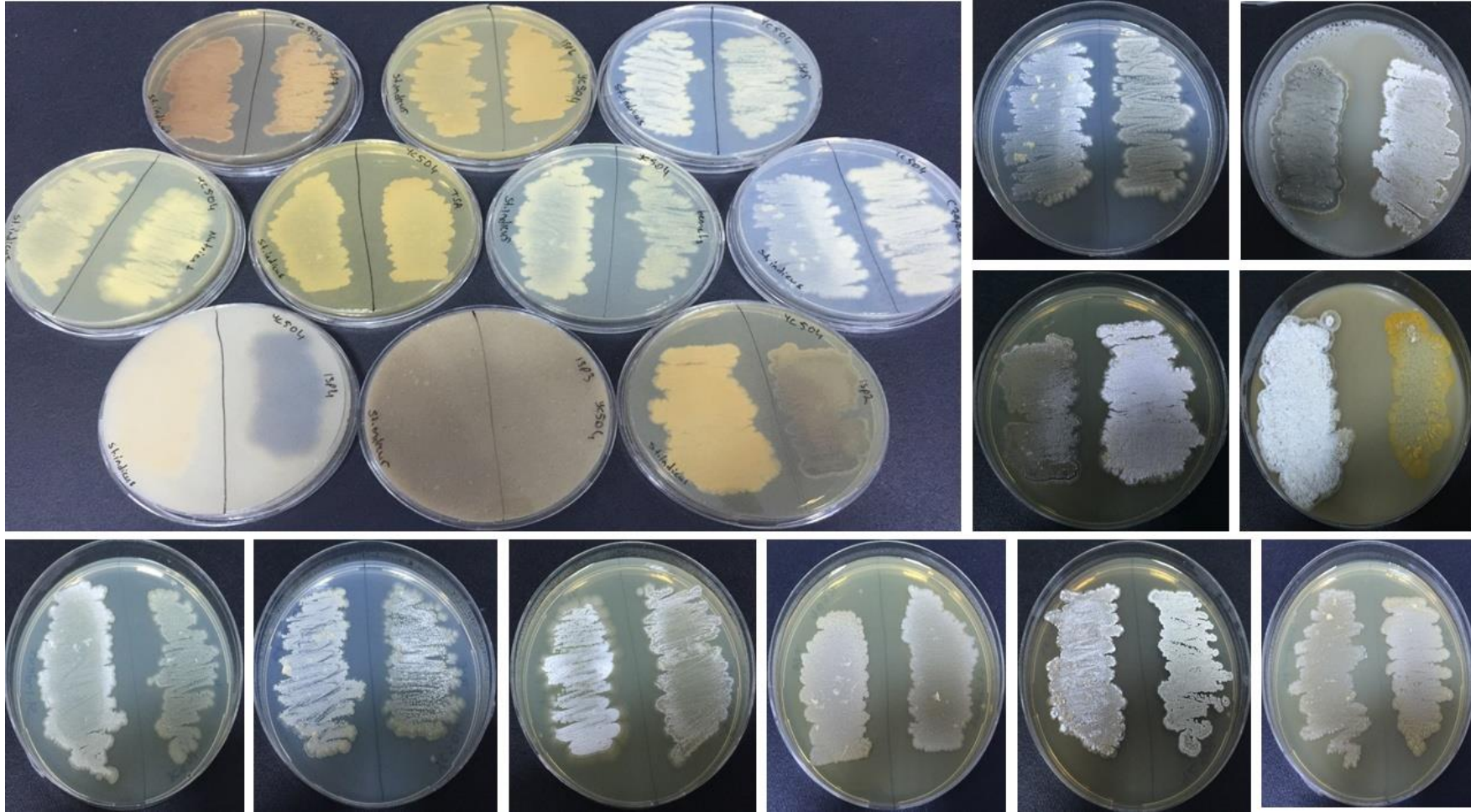
Resim 4.10. *Amycolatopsis* sp. YC111 izolatu ve *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T, *Amycolatopsis orientalis* DSM 40040^T, *Amycolatopsis regifaucium* GY080^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü



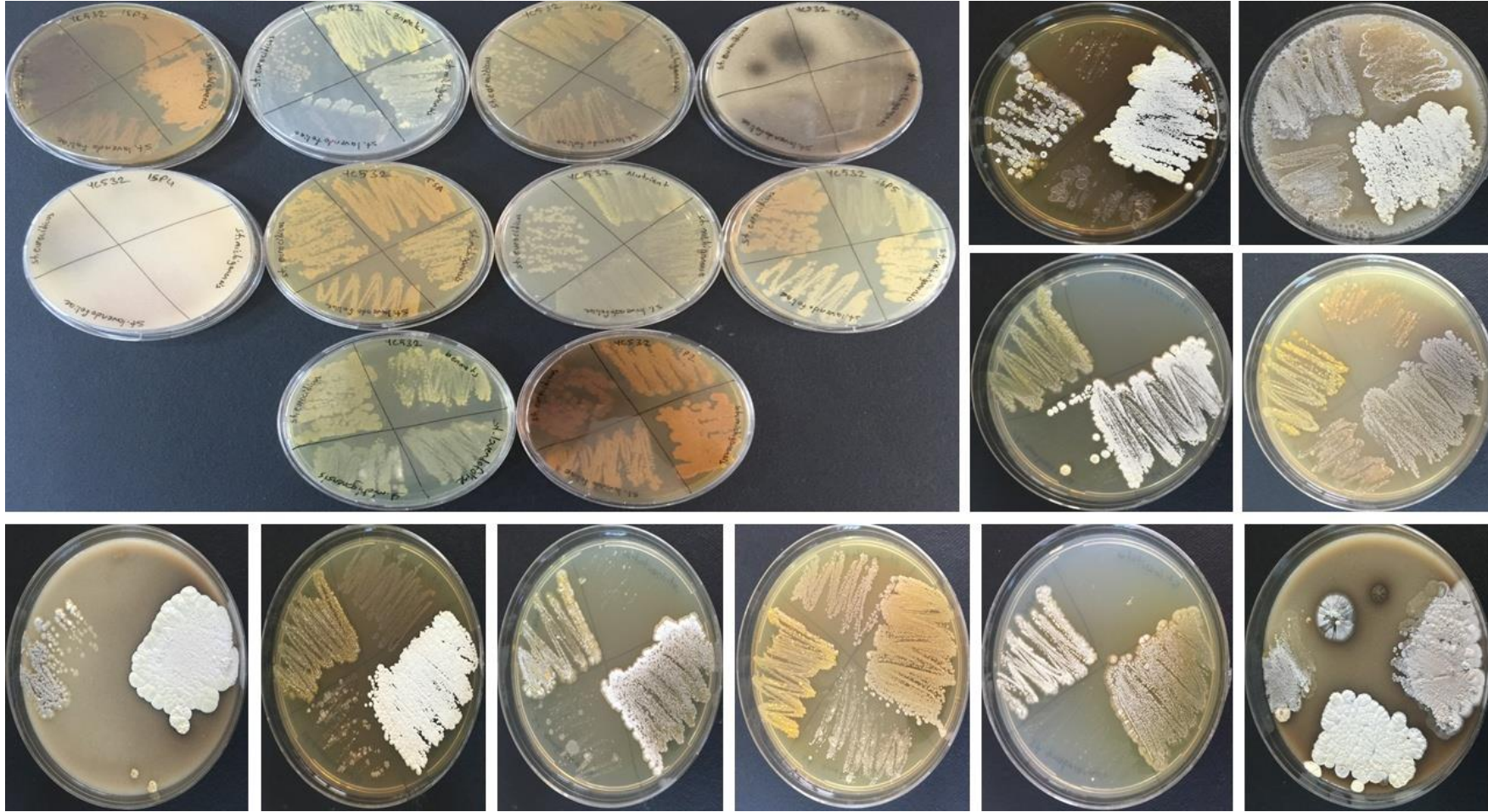
Resim 4.11. *Streptomyces* sp. YC306, *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve *Streptomyces aculeolatus* DSM 41644^T, *Streptomyces synnematoformans* DSM 41902^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüleri



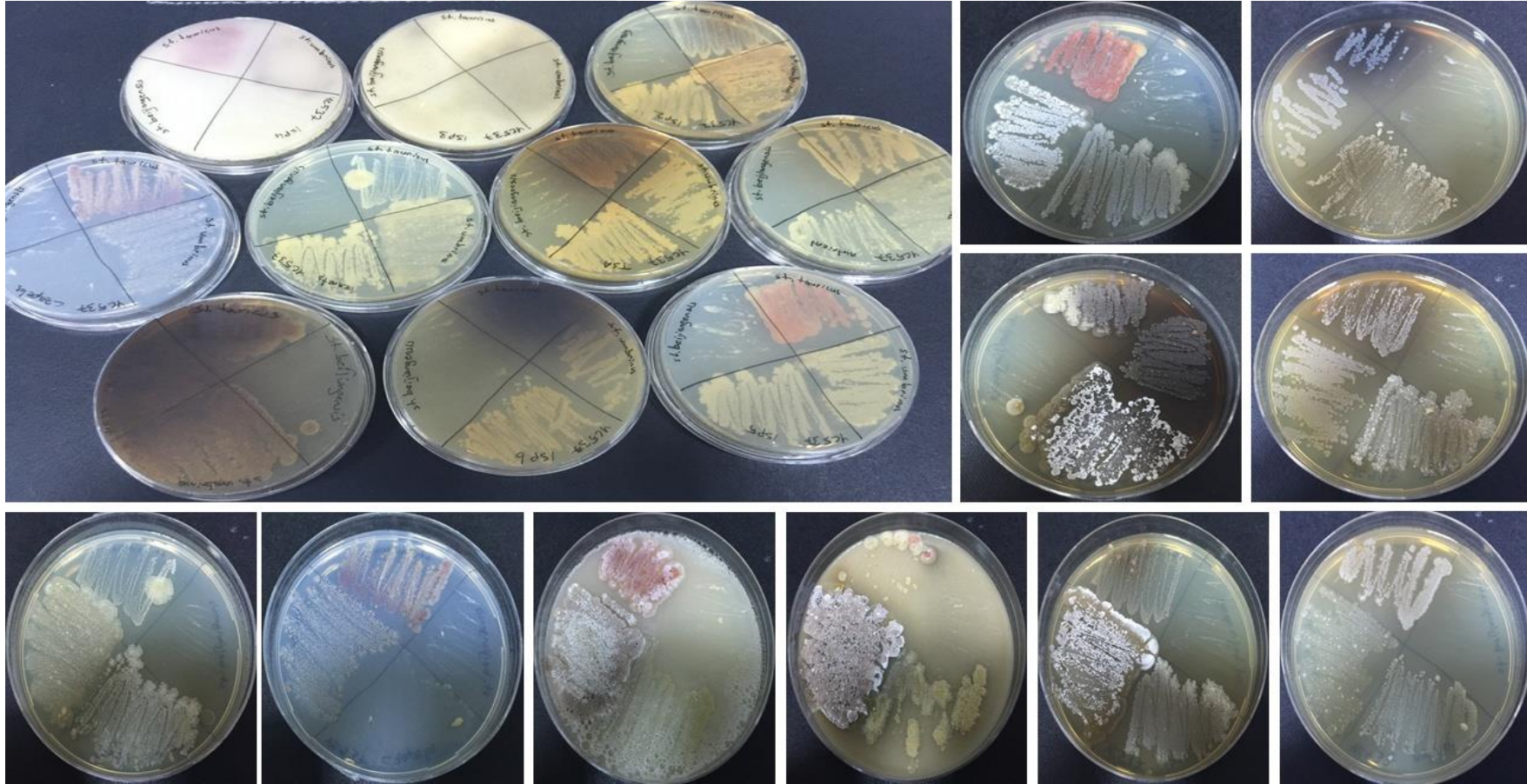
Resim 4.12. *Streptomyces* sp. YC419 izolatu ve *Streptomyces vastus* DSM 40309^T tip türüne ait 10 farklı besiyeri görüntüleri



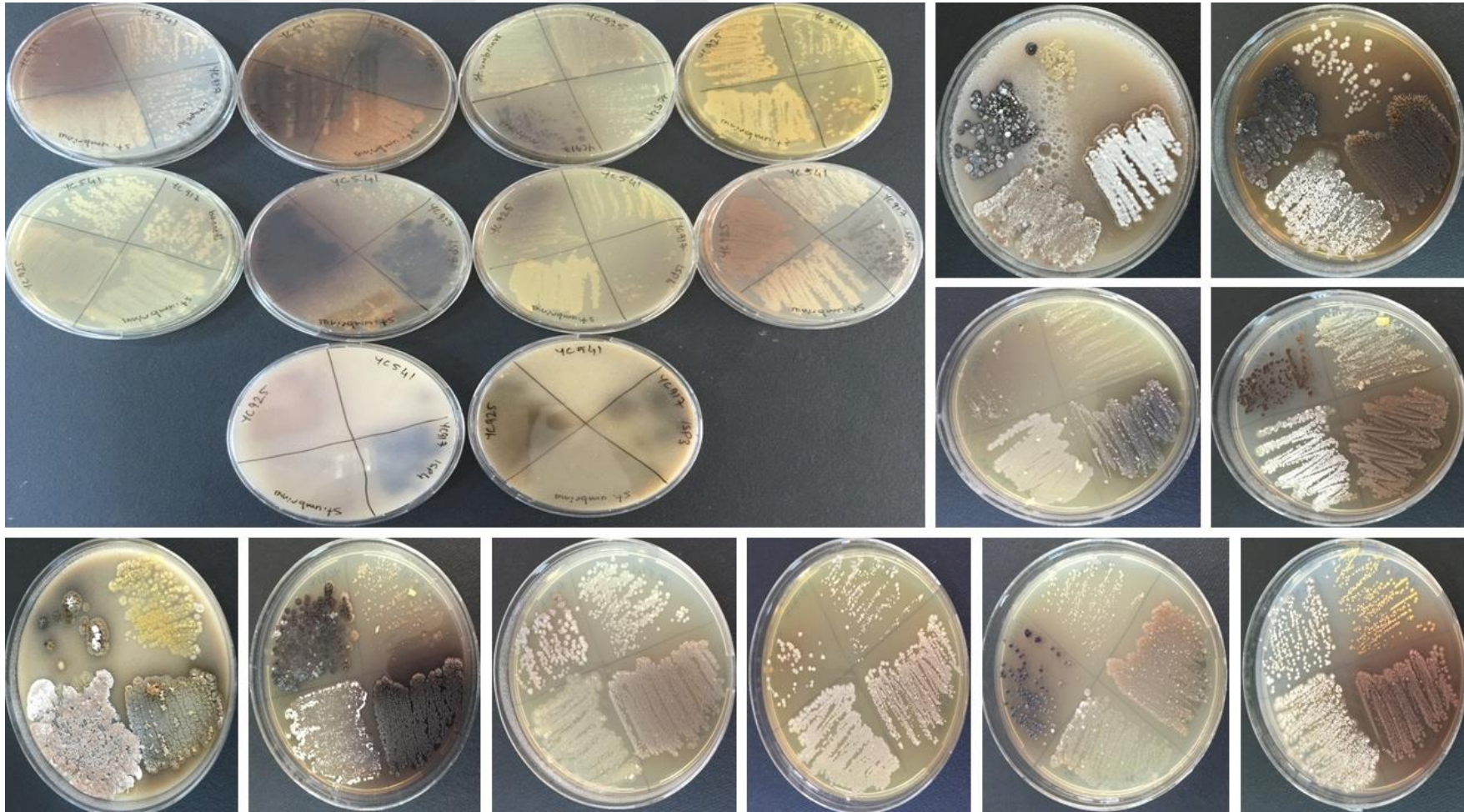
Resim 4.13. *Streptomyces* sp. YC504 izolatı ve *Streptomyces indicus* DSM 42001^T tip türüne ait 10 farklı besiyeri görüntüleri



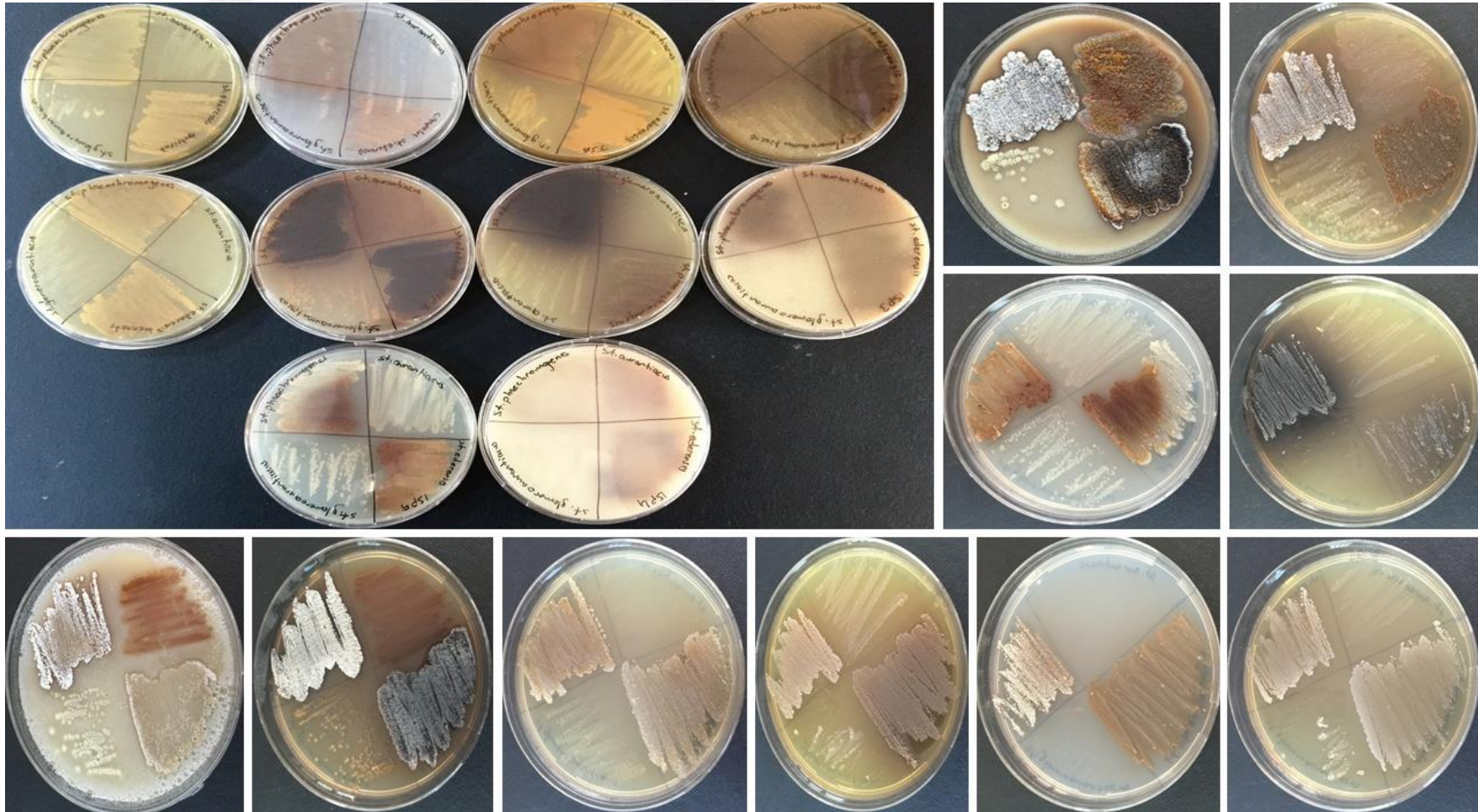
Resim 4.14. *Streptomyces* sp. YC532 izolatı ile *Streptomyces eurocidicus* DSM 40604^T, *Streptomyces michiganensis* DSM 40015^T, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü



Resim 4.15. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T, *Streptomyces beijiangensis* DSM 41794^T, *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüsü



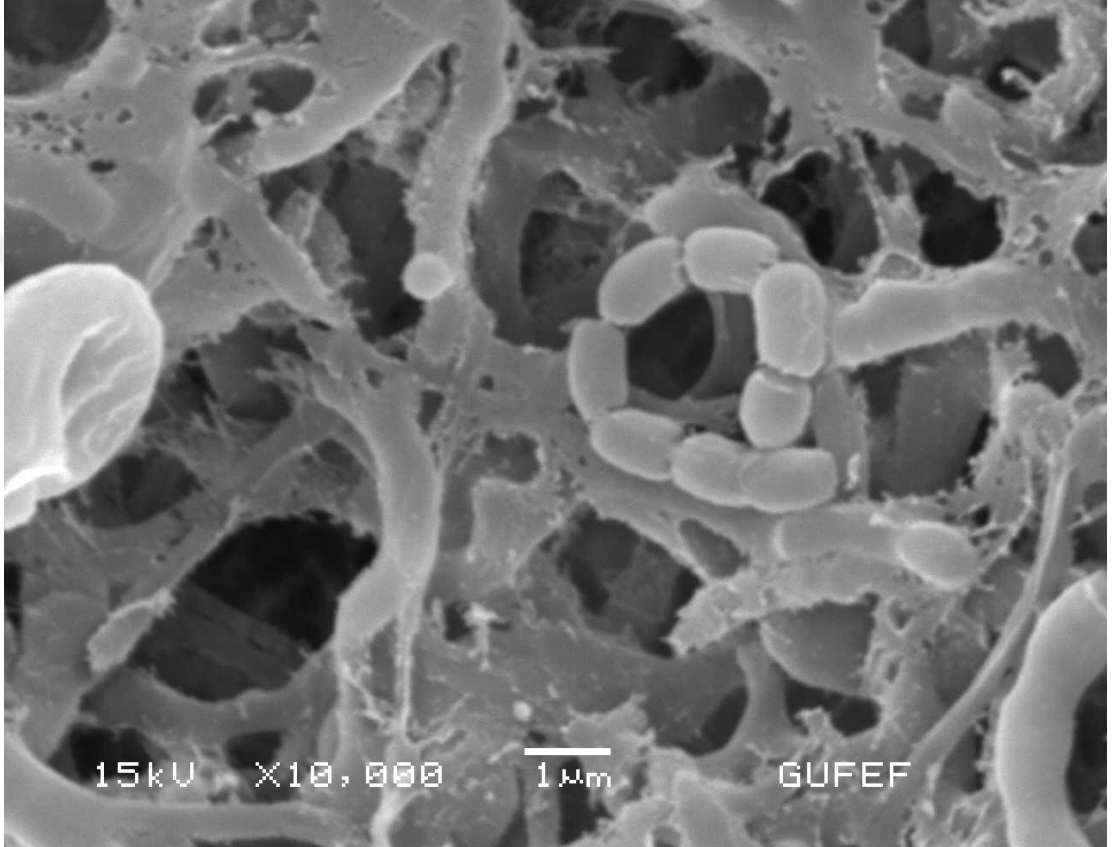
Resim 4.16. *Streptomyces* sp.YC541, *Streptomyces* sp.YC917, *Streptomyces* sp.YC925 izolatları ve *Streptomyces umbrinus* DSM 40278^T tip türüne ait 10 farklı besi yeri görüntüleri



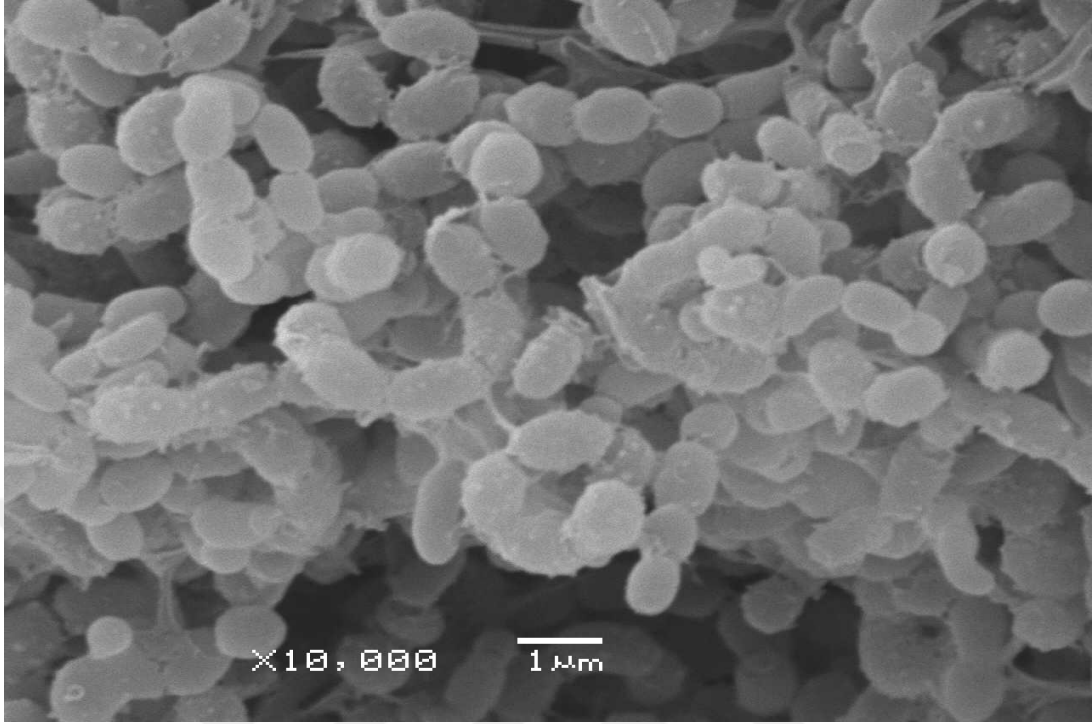
Resim 4.17. *Streptomyces ederensis* DSM 40741^T, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T, *Streptomyces aurantiacus* DSM 40412^T, tip türlerine ait 10 farklı besiyeri görüntüleri

4.15 İzolatların spor morfolojisi

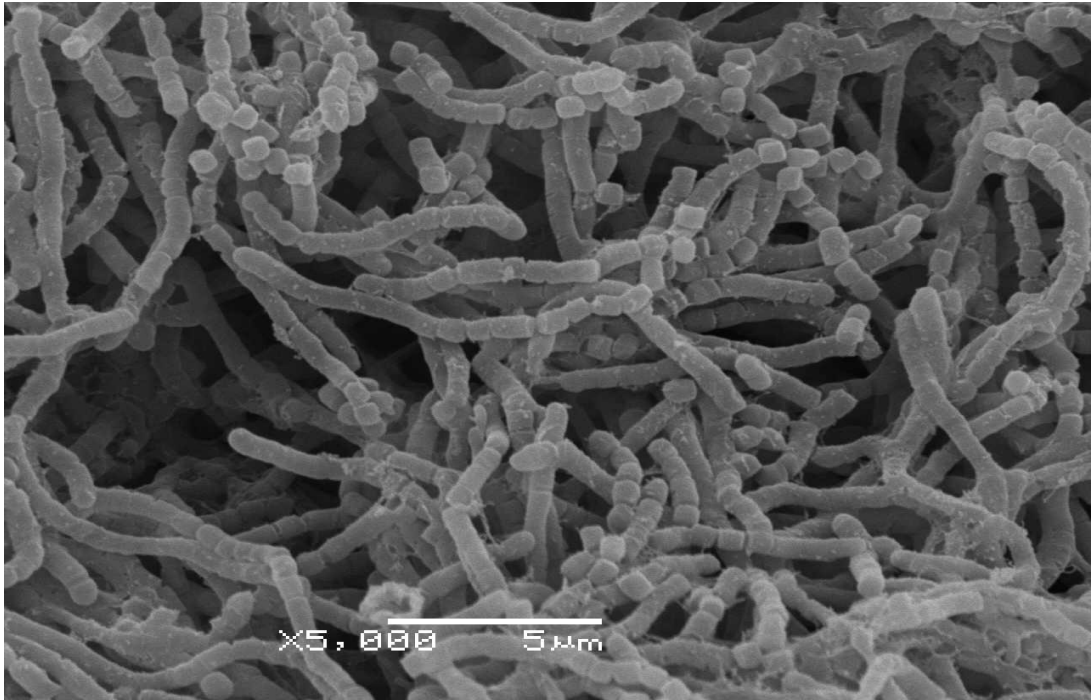
Çalışmada yeni tür olma ihtimali olan izolatların taramalı elektron mikroskobu (SEM) ile aerial miselyum morfolojileri görüntülenerek tespit edildi.



Resim 4.18. *Streptomyces* sp. YC419 izolatının spor görüntüsü



Resim 4.19. *Streptomyces* sp. YC504 izolatının spor görüntüsü



Resim 4.20. *Streptomyces* sp. YC537 izolatının spor görüntüsü

5 SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1 Tartışma

Yeniçağa Gölü sedimentinden izolasyon çalışması sonucunda 92 tane izolat saflaştırıldı ve % 25'lik gliserol çözeltisine alınarak -20 °C'de stoklandı. Seçilen 92 izolatın 6 tanesi SM2 agardan, 25 tanesi Nişasta-kazein agardan, 12 tanesi SM3 medium agardan, 9 tanesi Marine agardan, 4 tanesi Humik asit vitamin agardan, 17 tanesi M1 agardan, 11 tanesi Nocardia agardan, 8 tanesi ise R2A agardan izole edildi.

Çalışmada 76 izolatın DNA izolasyonları ve PZR amplikasyonları gerçekleştirildi. İzolatların cins düzeyinde taksonomik konumlarını belirleyebilmek için 16S rRNA gen bölgesi sekans analizleri gerçekleştirildi. 16S rRNA gen bölgesi sekans analizlerinin gerçekleştirilmesinin amacı ise; Ramasamy ve arkadaşlarına göre 16S rRNA geni, işlevsel olarak stabil oluşu, yüksek oranda korunaklı bölge olması ve horizontal gen transferine izin vermediği için taksonomik çalışmalarda etkili bir moleküler işaretleyicidir. Bakterilerde gözlemlenen 16S rRNA gen sekans analizleri, bakterilerin sınıflandırılmasında temel bir basamak olarak kullanılmaktadır, bundan dolayı 16S rRNA geninin filogenetik analizi, çeşitli taksonomik düzeylerde bakteriyel izolatların sınıflandırılmasına yardımcı olarak kullanılan uygun bir yöntemdir [Ramasamy ve ark., 2014].

16S rRNA gen bölgesi sekans analizleri gerçekleştirilen izolatlar cins düzeyinde belirlenerek kaydedildi. Toplamda 9 tane Aktinobakteri cinsi tespit edildi. Bu gruplar; *Actinomadura*, *Amycolatopsis*, *Cellulosimicrobium*, *Glycomyces*, *Micromonospora*, *Nocardia*, *Nonomuraea*, *Oerskovia* ve *Streptomyces* cinsleridir. Ayrıca çalışmada Aktinobakteri üyesi olmayan *Staphylococcus* cinsine ait 2 suş izole edildi. İzolasyon çalışmasında *Streptomyces* cinsine ait 37, *Nocardia* cinsine ait 18, *Nonomuraea* cinsine ait 6, *Micromonospora* cinsine ait 5, *Actinomadura* cinsine ait 4 ve *Amycolatopsis*, *Cellulosimicrobium*, *Glycomyces*, *Oerskovia* cinslerine ait 1'er tane suş belirlendi.

Yeniçağa Gölü sedimentinden gerçekleştirilen izolasyon çalışması sonuçlarına bakıldığında *Streptomyces*, *Nocardia*, *Nonomuraea*, *Micromonospora* ve *Actinomadura* gibi tür sayısı fazla olan Aktinobakteri üyesi cinsler göl sedimentinde baskın cinsler olarak tespit edildi. Ayrıca nadir Aktinobakteri cinsi olan *Cellulosimicrobium* ve *Oerskovia* gibi gruplarda tespit edildi. Bu durum Yeniçağa Gölü'nün Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin oldukça geniş olabileceğini göstermektedir.

Farklı bölgelerde yapılan göl sedimenti Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin belirlenmesi çalışmaları incelendiğinde; Terkina ve ark., 2006 yılında yaptıkları çalışmada; Baykal Gölü' de *Micromonospora* ve *Streptomyces* cinslerinin baskın cinsler olduğunu belirlemiştir. Nil Nehri sediment örneğinden yapılan biyoçeşitlilik çalışmasında ise, sediment de *Micromonospora* cinsi, su örneklerinde ise *Streptomyces* cinsini dominant Aktinobakteri cinsleri olarak belirlemiştir [Rifaat, 2003]. Türkiye'de yapılan çalışmalara bakıldığında; Nigiz [2017], Bolu-Gölcük Tabiat Parkının *Actinobacteria* biyoçeşitliliğinin belirlenmesi konulu yaptığı çalışmada *Streptomyces* ve *Nocardia* cinslerini dominant cinsler olarak belirlemiş ayrıca *Actinomadura*, *Nonomuraea*, *Micromonospora*, *Saccharopolyspora*, *Pseudonocardia*, *Mycobacterium* cinslerini de gölden izole etmiştir. Karadeniz dip sedimentinden yapılan başka bir izolasyon çalışmasında ise *Micromonospora* ve *Streptomyces* cinsleri dominant cinsler olarak belirlenmiştir [Veyisoğlu, 2014]. Bu çalışmalar ile Yeniçağa Gölü sedimentinden izolasyon çalışması kıyaslandığında tatlısu habitatlarından yapılan izolasyon çalışmalarında benzer sonuçların elde edildiği görülmektedir.

Yeniçağa Gölü sedimentinden izolasyon çalışması sonucunda gölün cins düzeyinde biyoçeşitliliği belirlendikten sonra çalışmanın bir diğer amacı olan yeni tür olma olasılığı bulunan izolatların belirlenmesi aşamasına geçildi. Cinslerin 16S rRNA gen bölgesi dizi analizlerine dayalı filogenetik dendogramlar incelenmesi sonucunda 10 tane izolatin yeni tür olabileceği belirlendi. Bu izolatlardan 9 tanesi *Streptomyces* cinsine, 1 tanesinde *Amycolatopsis* cinsine aittir. Bu izolatların yeni tür olup olmadıklarının netlik kazanması amacıyla test izolatları ve yakın akraba tip türleri arasında polifazik yöntemler gerçekleştirildi.

Polifazik taksonomi ile mikroorganizmaların tür seviyesinde tanımlanması en doğru ve net olarak yapılabilmektedir [Coenye ve ark., 2005]. Polifazik taksonomi izolatların taksonomik kompozisyonları genomik, kemotaksonomik ve fenotipik verilerin birlikte değerlendirilerek belirlendiği kriterlerdir [Petrosyan ve ark., 2003; Lee ve ark., 2005]. Bir izolatın prokaryotik yeni tür tanımına uyması için, % 3 ve üzerinde 16S rRNA gen bölgesi nükleotit farklılığına sahip olmadır veya % 70'in altında DNA-DNA homoloji değeri vermelidir. Bu değerleri belirli derecede fenotipik farklılıklar ile desteklemelidir [Vandamme ve ark., 1996; Coenye ve ark., 2005]. Ayrıca 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi çalışmaları ve DNA-DNA homoloji çalışmalarının yanında multi lokus dizi analizi çalışmaları da bir izolatın yeni tür olarak yayınlanmasında kullanılan diğer bir moleküler kriterdir.

Woese 1987'de yaptığı çalışmayla Ribozomal RNA genleri, üniversal ve fonksiyonel olarak yüksek derecede korunmuş yapıya sahip olduğu için filogenetik çalışmalarda en iyi sonuç veren hedef yapılar olduğunu belirlemiştir [Woese, 1987]. Günümüz modern mikrobiyal taksonomi çalışmalarında filogenetik ilişkilerin açıklanmasında en çok tercih edilen 16S ve 23S rRNA gen dizileridir. Ancak bunların dışında tür içi ilişkilerin belirlenmesinde *Ad Hoc* komite tarafından önerilen diğer protein kodlayan gen bölgelerinin de (*atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB*, *trpB* gibi) analizlerinin yapılması gerekmektedir [Coenye ve LiPuma, 2002; Stackebrandt ve ark., 2002; McTaggart ve ark., 2010]. Çalışmada test edilen 9 *Streptomyces* izolatı için multilokus dizi analizleri gerçekleştirilerek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit verileri desteklenmiştir.

Streptomyces sp. YC306 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces saculeolatus* NBRC 14824^T tip türüyle % 99,79 (1453' te 3 nükleotit), *Streptomyces synnematoformans* S155^T tip türüyle % 98,55 (1385' te 20 nükleotit) oranında benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5).

Streptomyces sp. YC512 izolatı ise 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T tip türüyle % 99,44 (1440' ta 8 nükleotit), *Streptomyces synnematoformans* S155^T tip türüyle % 98,40 (1383' te 22 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5).

Bu iki izolat 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre çizilen dendogramda aynı dalda gruplanmıştır (Bkz. Şekil 4.13). Bu iki izolat ve tip türlerin 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerini doğrulamak ve tür içi filogenetik ayrımı daha net yapabilmek amacıyla *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin filogenetik dizi analizleri gerçekleştirildi. Elde edilen verilere göre çizilen dendogramda 16S rRNA dendogramıyla benzer dallanmalar gösterdi (Bkz. Şekil 4.14). 5 gen bölgesi analiz sonuçları incelendiğinde *Streptomyces* sp. YC306 izolatı; *atpD* gen bölgesi verilerine göre 496 nükleotitte YC512 izolatıyla % 97,29 oranında 10, *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T ile % 98,79 oranında 6, *Streptomyces synnematoformans* S155^T ile % 96,17 oranında 19 nükleotit farkı göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.17). *gyrB* gen bölgesi verilerine göre 406 nükleotitte YC512 ile % 97,29 oranında 11 nükleotit, *S. aculeolatus* NBRC 14824^T ile % 97,78 oranında 9 nükleotit, *S. synnematoformans* S155^T ile % 82,98 oranında 64 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.18). *recA* gen bölgesi verilerine göre; 504 nükleotitte YC512 izolatıyla % 97,62 oranında 12 nükleotit, *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T ile % 96,83 oranında 16 nükleotit, *S. synnematoformans* S155^T ile % 96,83 oranında 16 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.19). *rpoB* gen bölgesi verilerine göre; 540 nükleotitte YC512 izolatıyla % 98,89 oranında 6 nükleotit, *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T ile % 98,89 oranında 6 nükleotit, *S. synnematoformans* S155^T ile % 98,70 oranında 7 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4. 20). *trpB* gen bölgesi verilerine göre; 571 nükleotitte YC512 izolatıyla ile % 96,67 oranında 19, *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T ile % 97,01 oranında 17 nükleotit, *S. synnematoformans* S155^T ile % 88,79 oranında 64 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.21).

atpD, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri dizi analizi verilerinin birleştirilmesi sonucu oluşan diziler ile çizilen dendogram 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre çizilen dendogram ile benzer dallanmalar göstermiştir (Bkz. Şekil 4.14). Böylece 5 gen bölgesi filogenetik dendogramı 16S rRNA gen bölgesi filogenetik dendogramını doğrulamıştır. Yine 5 gen bölgesi birleştirilmiş dizi verileri kullanılarak hesaplanan filogenetik uzaklık değeri ise; *Streptomyces* sp. YC306–YC512 arasında 0,022, *Streptomyces* sp. YC306–*Streptomyces aculeolatus* NBRC

14824^T arasında 0,020, *Streptomyces* sp. YC306-*S. synnematoformans* S155^T arasında 0,052 değerinde filogenetik uzaklık göstermiştir. *Streptomyces* sp. YC512 izolatıda *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T ile 0,026, *Streptomyces* sp. YC512-*S. synnematoformans* S155^T arasında 0,049 oranında filogenetik uzaklık göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.16). Bu sonuçlara göre *Streptomyces* sp. YC306 ve *Streptomyces* sp. YC512 izolatlarının MLSA filogenetik uzaklıkları 0,007 çok üzerinde çıkmıştır. Bu sonuçlar Rong ve Huang 2010'da yaptıkları çalışmaya göre YC306 ve YC512 izolatları yeni tür oldukları kesinlik kazanmıştır [Rong ve Huang., 2010].

Streptomyces sp. YC306, *Streptomyces* sp. YC512 izolatları ve *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T, *Streptomyces synnematoformans* S155^T tip türlerinin fenotipik karakterizasyonları karşılaştırmalı olarak Çizelge 4.56-4.61'de verildi. *Streptomyces* sp. YC306, *Streptomyces* sp. YC512 izolatları tip türleriyle ve kendi aralarında fizyolojik ve morfolojik olarak da çok yönlü farklılaşma göstermiştir.

Streptomyces sp. YC419 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türüyle % 98,75 oranında (1463'de 18 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5). 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verileri kullanılarak çizilen dendogramda *Streptomyces* sp. YC419 izolatının filogenetik konumu belirlendi (Bkz. Şekil 4.15). 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi çalışmalarının doğruluğunu kontrol etmek ve tür içi ayrımı daha güvenilir hale getirmek amacıyla *Streptomyces* sp. YC419 izolatı ve *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türünün multi gen dizi analizleri gerçekleştirildi. Çalışmada *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizileriyle çizilen dendogramda da 16S rRNA gen bölgesi veri tabanlı dendogramda olduğu gibi *Streptomyces* sp. YC419 izolatı *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türüyle dallanma göstermiştir (Bkz. Şekil 4.16).

atpD gen bölgesi verilerine göre; *Streptomyces* sp. YC419 izolatı *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T ile 496 nükleotitte % 98,79 oranında 6 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.23). *gyrB* gen bölgesi verilerine göre; *Streptomyces* sp. YC419 ile *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türü 408 nükleotitte % 98,28 oranında 7

nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.24). *recA* gen bölgesi verilerine göre; *Streptomyces* sp. YC419 ile *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^T tip türü 504 nükleotitde % 93,65 oranında 32 nükleotit fark göstermiştir(Bkz. Çizelge 4.25). *rpoB* gen bölgesi verilerine göre; *Streptomyces* sp. YC419 ile *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^T tip türü 540 nükleotitde % 98,52 oranında 8 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.26). *trpB* gen bölgesi verilerine göre; *Streptomyces* sp. YC419 ile *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türü 571 nükleotitde % 95,97 oranında 23 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.27).

Streptomyces sp. YC419 ile *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^T tip türü arasındaki *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin filogenetik uzaklığı,0,031 olarak belirlenmiştir (Bkz. Çizelge 4.22). *Streptomyces* sp.YC419 ile *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^T arasındaki DNA:DNA hibridizasyon değeri, % 54 olarak belirlenerek *Streptomyces* sp. YC419 yeni tür olduğu kesinleştirilmiştir (Bkz. Çizelge 4.15). *Streptomyces* sp. YC419 izolatının tüm hücre hidrolizatındaglikoz, mannoz ve riboz şekerlerini bulundurduğu belirlendi (Bkz. Resim 4.5). Majör yağ asitleri *iso* C_{14:0}, *iso* C_{16:0}, *anteiso* C_{15:0} olarak tespit edildi (Bkz. Çizelge 4.54). Baskın menakinonları MK9(H₆)(35%), MK9(H₈)(45%)tipindedir (Bkz. Çizelge 4.55). *Streptomyces* sp. YC419 izolatının polar lipid profili DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit'den oluşmaktadır (Bkz. Resim 4.6). *Streptomyces* sp. YC419 ve *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^Ttip türünün fizyolojik değerleri Çizelge 4.56-4.61'de verildi farklı değerler kaydedildi. *Streptomyces* sp. YC419 ve *Sreptomycetes vastus* NBRC 13094^T tip türünün fizyolojik ve morfolojik farklılıklar 10 farklı besiyeri üzerinde karşılaştırılmalı olarak Çizelge 4.68'de ve Resim 4.13'de gösterildi..

Streptomyces sp. YC504 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces indicus* IH32-1^Ttip türü ile % 98,02 oranında 1467 nükleotit de 29 nükleotit benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5). İzolat tip türü ile filogenetik dendogramda aynı dalda gruplanmıştır (Bkz. Şekil 4.17). Multi gen dizi analizi sonuçlarına göre çizilen dendogramda da benzer dallanma göstermiştir (Bkz. Şekil 4.18). 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi çalışmalarının doğruluğunu kontrol etmek

ve tür içi ayrımı daha güvenilir hale getirmek amacıyla *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ile *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türünün *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizi analizi çalışmaları gerçekleştirildi. *atpD* gen bölgesi dizi analizi çalışmalarına göre; *Streptomyces* sp. YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T ile 496 nükleotitte % 96,77 oranında 16 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.29). *gyrB* gen bölgesi dizi analizi çalışmalarına göre; *Streptomyces* sp. YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T ile 408 nükleotit de % 92,89 oranda 29 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.30). *recA* gen bölgesi dizi analizi çalışmalarına göre; *Streptomyces* sp. YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T ile 504 nükleotitte % 92,66 oranında 37 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.31). *rpoB* gen bölgesi dizi analizi çalışmalarına göre; *Streptomyces* sp. YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü ile 540 nükleotit de % 92,96 oranında 38 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.32). *trpB* gen bölgesi dizi analizi çalışmalarına göre; *Streptomyces* sp. YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü ile 571 nükleotit de % 92,64 oranında 42 nükleotit fark göstermektedir (Bkz. Çizelge 4.33). DNA:DNA hibridizasyon deneylerine göre YC504 izolatu *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü arasında % 55,4 homoloji değeri oluşmaktadır (Bkz. Çizelge 4.15).

Streptomyces sp. YC504 izolatının tüm hücre hidrolizatında glikoz, mannoz ve riboz şekerlerinin bulunduđu belirlendi (Bkz. Resim 4.5). Majör yağ asitleri C_{16:0}, *iso* C_{15:0}, *anteiso* C_{15:0}, *anteiso* C_{17:0} olarak tespit edildi (Bkz. Çizelge 4.53). *Streptomyces* sp. YC504 izolatının polar lipitleri L; lipit, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit olarak tespit edildi (Bkz. Resim 4.7). Baskın menakinonları ise MK9(H6)(22%), MK9(H8)(58%) olarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.55). *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve *Streptomyces indicus* IH32-1^T arasında fizyoloji deneyleri gerçekleştirildi ve aralarındaki farklar kaydedildi (Bkz. Çizelge 4.56-4.61). Ayrıca *Streptomyces* sp. YC504 izolatu ve *Streptomyces indicus* IH32-1^T arasındaki morfolojik ve kültürel farklar karşılaştırmalar yapılarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.69, Resim 4.13).

Streptomyces sp. YC532 izolatu 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T tip türü ile % 99,11 oranında (1467'de 13

nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T tip türüyle % 98,98 oranında (1469' da 15 nükleotit), *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T tip türüyle % 98,97 oranında (1462'de 15 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5). 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine tür içi ayırım net olmadığından izolat ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizi analizi çalışmaları gerçekleştirildi.

Elde edilen *atpD* gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC532 izolatı 496 nükleotitte *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile % 92,14 oranında 39 nükleotit, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile % 90,73 oranında 46 nükleotit, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile % 90,52 oranında 47 nükleotit, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile % 97,78 oranında 11 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.35). *gyrB* gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC532 izolatı 405 nükleotitte *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile % 78,67 oranında 80 nükleotit, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile % 84,69 oranında 62 nükleotit, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile % 84,69 oranında 62 nükleotit, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile % 84,69 oranında 62 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.36). *recA* gen bölgesi verilerine göre *Streptomyces* sp. YC532 izolatı 504 nükleotitte, *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile % 92,86 oranında 36, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile % 92,06 oranında 40, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile % 91,78 oranında 41, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile % 92,46 oranında 38 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.37). *rpoB* gen bölgesi verilerine göre *Streptomyces* sp. YC532 izolatı 540 nükleotitte, *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile % 88,89 oranında 60, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile % 92,41 oranında 41, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile % 92,22 oranında 42, *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile % 93,33 oranında 36 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.38). *trpB* gen bölgesi verilerine göre *Streptomyces* sp. YC532 izolatı 571 nükleotitte, *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile % 88,58 oranında 65, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile % 89,46 oranında 60, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile % 89,14 oranında 62, *Streptomyces*

lavendofoliae DSM 40217^T ile % 90,56 oranında 52 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.39).

Streptomyces sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgeleri nükleotit dizileriyle oluşturulan birleştirilmiş dizilere göre filogenetik uzaklıkları belirlendi. Bu verilere göre, *Streptomyces* sp. YC532 izolatu *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile 0,111, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile 0,106, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile 0,108 *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile 0,081 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir (Bkz. Çizelge 4. 34).

Streptomyces sp. YC532 izolatu ve tip türlerinin fizyolojik deneyleri yapılarak aralarındaki farklar karşılaştırmalı olarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.56-4.61). Morfolojik ve kültürel farklar 10 farklı besiyerinde belirlenerek Çizelge 4.67 ve Resim 4.14' de verildi.

Streptomyces sp. YC537 izolatu 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre *Streptomyces tauricus* JCM 4837^T tip türü ile % 97,95 oranında (1466'da 30 nükleotit) ve *Streptomyces beijiangensis* NBRC 100044^T tip türüyle de % 97,75 oranında (1464'de 33 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5). 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre muhtemelen yeni tür olan *Streptomyces* sp. YC537 izolatının 16S rRNA gen bölgesi dizi analizinin doğruluğunun kontrolü ve tür içi ayrımını daha net belirleyebilmek için *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin de analizleri gerçekleştirildi.

atpD gen bölgesi dizi analizi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile 496 nükleotitte *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında % 89,52 oranında 52, *Streptomyces beijiangensis* DSM 41794^T tip türü arasında % 87,70 oranında 61 nükleotit fark oluşmuştur (Bkz. Çizelge 4.41). *gyrB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile 405 nükleotitte *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında % 84,08 oranında 64, *Streptomyces beijiangensis* DSM 41794^T tip türü arasında % 83,70 oranında 66 nükleotit fark oluşmuştur (Bkz. Çizelge

4.42) *recA* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile 504 nukleotitte *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında % 94,64 oranında 27, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T tip türü arasında % 90,28 oranında 49 nukleotit fark oluřtu (Bkz. Çizelge 4.43). *rpoB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile 540 nukleotitte *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında % 86,67 oranında 72, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T tip türü arasında % 86,43 oranında 73 nukleotit fark oluřtu (Bkz. Çizelge 4.44). *trpB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile 569 nukleotitte *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında % 91,92 oranında 46, *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T tip türü arasında % 92,57 oranında 40 nukleotit fark oluřtu (Bkz. Çizelge 4.45).

Streptomyces sp. YC537 izolatu ile tip türleri arasındaki filogenetik uzaklık verileri belirlenerek kaydedildi. Bu veriler göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında 0,108, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T tip türü arasında 0,122 uzaklık deęeri belirlendi. Bu MLSA verilerine göre *Streptomyces* sp. YC537 izolatının yeni tür olduęu kesinlik kazanmıřtır (Bkz. Çizelge 4.40).

Streptomyces sp. YC537 izolatu tüm hücre hidrolizatında galaktoz, glikoz ve riboz řekerlerini bulundurmaktadır (Bkz. Resim 4.5). Majör yaę asitleri, *isoC*_{14:0}, *isoC*_{15:0}, *isoC*_{16:0}, *anteisoC*_{15:0} olarak belirlenmiřtir (Bkz. Çizelge 4.52). *Streptomyces* sp. YC537 izolatının polar lipitleri AL; aminolipit, DPG; difosfatidilgliserol, PE; fosfatidiletanolamin, PI; fosfatidilinositol, PL; fosfolipit, PGL; fosfoglikolipit olarak belirlendi (Bkz. Resim 4.8). Baskın menakinonları ise, MK9(H₆)(36%) MK9(H₈)(35%) olarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.55).

Streptomyces sp. YC537 izolatu ve tip türlerinin fizyolojik deneyleri yapılarak aralarındaki farklar karřılařtırılmal olarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.56-4.61). Morfolojik ve kültürel farklar 10 farklı besiyerinde belirlenerek Çizelge 4.66 ve Resim 4.15' de verildi.

Streptomyces sp. YC541 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türü ile 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre % 98,91 oranında (1462’de 16 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 98,81 oranında (1432’de 17 nükleotit), *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 98,43 oranında (1465’te 23 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5).

Streptomyces sp. YC917 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verileri göre % 99,73 oranında (4/1462), *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 99,65 oranında (1433’te 5 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 99,04 oranında (1465’de 14 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5).

Streptomyces sp. YC925 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verileri göre % 99,59 oranında (1452’de 6 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 99,58 oranında (1433’de 6 nükleotit), *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 99,31 oranında (1455’de 10 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.5).

Bu 3 izolatu benzerlik gösterdikleri ilk 3 tip türleri aynıdır. 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre çizilen filogenetik dendograma göre de yakın dallarda birleşmişlerdir. 16S rRNA dizi analizi verilerini desteklemek amacıyla bu 3 izolat ve yakın akraba tip türlerinin *atpD*, *gyrB*, *recA*, *rpoB* ve *trpB* gen bölgelerinin multi lokus dizi analizleri gerçekleştirildi.

atpD gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces sp. YC917* izolatu 496 nükleotitde *Streptomyces sp. YC925* izolatu ile % 99,60 oranında 2, *Streptomyces sp. YC541* izolatu ile % 96,57 oranında 17, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle % 98,39 oranında 8, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 89,11 oranında 54, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 89,11 oranında 54, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T tip türüyle % 90,93 oranında 45, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T tip türüyle % 99,40 oranında 3 nükleotit fark göstermiştir (Bkz. Çizelge 4. 47).

gyrB bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC917 izolatu 408 nukleotitte *Streptomyces* sp. YC925 izolatu ile % 100 benzerdir. *Streptomyces* sp.YC541 izolatu ile % 89,22 oranında 44, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle % 94,12 oranında 24, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 94,12 oranında 24, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 90,44 oranında 39, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T tip türüyle % 93,38 oranında 27, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T tip türüyle % 96,26 oranında 3 nukleotit fark gösterdi (Bkz. Çizelge 4. 48).

recA gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC917 izolatu 504 nukleotitte *Streptomyces* sp. YC925 izolatu ile % 96,03 oranında 20, *Streptomyces* sp.YC541 izolatu ile % 96,84 oranında 26, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle % 98,81 oranında 6, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 98,41 oranında 8, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 92,46 oranında 38, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T tip türüyle % 93,06 oranında 35, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T tip türüyle % 96,03 oranında 17 nukleotit fark oluşturmıştır (Bkz. Çizelge 4.49).

rpoB gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC917 izolatu 540 nukleotitte *Streptomyces* sp. YC925 izolatu ile % 99,26 oranında 4, *Streptomyces* sp.YC541 izolatu ile % 92,96 oranında 38, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle % 98,89 oranında 6, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 98,78 oranında 7, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 91,85 oranında 44, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T tip türüyle % 91,30 oranında 47, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T tip türüyle % 87,78 oranında 66 nukleotit fark oluşturmıştır (Bkz. Çizelge 4.50).

trpB gen bölgesi verilerine göre, *Streptomyces* sp. YC917 izolatu 571 nukleotitte *Streptomyces* sp. YC925 izolatu ile % 99,12 oranında 5, *Streptomyces* sp.YC541 izolatu ile % 96,32 oranında 21, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle % 91,24 oranında 50, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 98,42 oranında 9, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 93,87 oranında 35,

Streptomyces glomeroaurantiacus DSM 41782^T tip türüyle % 93,87 oranında 35, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T tip türüyle % 97,20 oranında 16 nükleotit fark oluşturmuştur (Bkz. Çizelge 4.51).

Streptomyces sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve tip türlerini beş gen bölgeleri dizi analizleri birleştirilerek filogenetik uzaklıkları hesaplanmıştır. Bu verilere göre, *Streptomyces* sp. YC917 izolatının *Streptomyces* sp. YC925 ile 0,013, *Streptomyces* sp. YC541 ile 0,055, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T ile 0,038, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile 0,040, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T ile 0,046, *Streptomyces glomeroaurantiacus* DSM 41782^T ile 0,079, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T ile 0,018 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir (Bkz. Çizelge 4.46). *Streptomyces* sp. YC925 izolatı da birinci tip türü olan *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T ile 0,046 oranında, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile 0,047 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir. *Streptomyces* sp. YC541 izolatı da *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T 0,071 oranında ve *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile de 0,071 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir (Bkz. Çizelge 4.46).

Streptomyces sp. YC917, *Streptomyces* sp. YC925, *Streptomyces* sp. YC541 izolatları ve yakın akraba tip türlerinin fizyolojik deneyleri yapılarak aralarındaki farklar karşılaştırmalı olarak belirlendi (Bkz. Çizelge 4.56-4.61). Morfolojik ve kültürel farklar 10 farklı besiyerinde belirlenerek Çizelge 4.64 ve Resim 4.16-4.17' de verildi.

Amycolatopsis sp. YC111 izolatının 16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre; *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T tip türüne % 99,28 (1392'de 10 nükleoti), *Amycolatopsis orientalis* DSM 40040^T tip türüne % 98,97 (1459'da 15 nükleotit), *Amycolatopsis regifaucium* GY080^T tip türüne % 98,88 (1434'te 16 nükleotit) benzerlik göstermiştir (Bkz. Çizelge 4.10). 16S rRNA gen bölgesi verilerine göre çizilen dendogramda filogenetik konumu belirlendi. Muhtemel yeni tür olan *Amycolatopsis* sp. YC111 izolatının ve en yakın akraba tip türlerinin fizyolojik deneyleri yapılarak aralarındaki farklar belirlendi (Bkz. Çizelge 4.56-4.61). Ayrıca

izolat ve tip türlerinin 10 farklı besiyerindeki morfolojik ve kültürel farklar belirlendi ve resimlenerek kaydedildi (Bkz.Çizelge 4.65-Resim 4.10).

5.2 Sonuç

Yeniçağa Gölü sedimentinde 10 farklı seçici izolasyon besiyeri kullanılarak izole edilen 92 izolatın 76 tanesinin 16S rRNA gen bölgesi sekans analizleri gerçekleştirilerek cins düzeyinde taksonomik basamakları belirlendi. Çalışmada *Actinomadura*, *Amycolatopsis*, *Cellulosimicrobium*, *Glycomyces*, *Micromonospora*, *Nocardia*, *Nonomuraea*, *Oerskovia* ve *Streptomyces* cinsleri tespit edilerek Yeniçağa Gölü'nün Aktinobakteri biyoçeşitliliği belirlendi.

Çalışmada 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi sonuçlarına göre yeni tür olma olasılığı olan 9 tane *Streptomyces* cinsi izolat ve 1 tane de *Amycolatopsis* cinsine ait izolat belirlendi. İzolatların yeni tür olduğunun kanıtlanması ve literatüre kazandırılması amacıyla polifazik taksonomi temelli çalışmalar gerçekleştirildi. Bu deneyler moleküler, kemotaksonomik ve fizyolojik basamaklardan oluşmaktadır. Bu deneylerin sonuçlarına göre;

Streptomyces sp. YC306 izolatı, 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T tip türüyle % 99,79 oranında 1453' te 3 nükleotit, *Streptomyces synnematoformans* S155^T tip türüyle % 98,55 oranında 1385'te 20 nükleotit benzerlik göstermiştir. MLSA değerlerine göre de *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T tip türüyle 0,020, *Streptomyces synnematoformans* S155^T ile 0,052 değerinde filogenetik uzaklık göstermiştir. Bu değerler yeni türler arasında görülen filogenetik uzaklık değeri olan 0,007 değerinin çok üzerinde çıktığından MLSA deneylerine göre muhtemel yeni tür olarak değerlendirilmektedir.

Streptomyces sp. YC512 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces aculeolatus* NBRC 14824^T tip türüyle % 99,44 oranında 1440'ta 8 nükleotit, *Streptomyces synnematoformans* S155^Ttip türüyle % 98,40 oranında 1383'te 22 nükleotit benzerlik göstermiştir. MLSA deneylerine göre ise *Streptomyces*

aculeolatus NBRC 14824^T tip türüyle 0,026, *Streptomyces synnematoformans* S155^Ttip türüyle 0,049 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir. Bu değerlerde *Streptomyces* sp. YC512 izolatının MLSA değerlerine göre yeni tür olduğunu göstermektedir.

Streptomyces sp. YC419 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türüyle % 98,75 oranında 1463'de 18 nükleotit benzerlik göstermiştir. *Streptomyces* sp.YC419 ile *Sreptomyces vastus* NBRC 13094^T arasındaki DNA:DNA hibridizasyon değeri, % 54 olarak bulunmuştur. Filogenetik uzaklık değeri *Streptomyces* sp.YC419 ile *Sreptomyces vastus* NBRC 13094^T tip türü arasında 0,031 olarak belirlenmiştir. Moleküler verilere göre yeni tür olduğu kesinlik kazanmıştır. Kemotaksonomik ve fizyolojik deney sonuçları da izolatın yeni tür olduğunu desteklemektedir.

Streptomyces sp. YC504 izolatı 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi verilerine göre *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü ile % 98,02 oranında 1467 nükleotit de 29 nükleotit benzerlik göstermiştir. DNA:DNA hibridizasyon deneylerine göre YC504 izolatı *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü arasında % 55,4 homoloji değeri bulunmuştur. *Streptomyces* sp. YC504 izolatı *Streptomyces indicus* IH32-1^T tip türü arasında 0,083 filogenetik uzaklık bulunmaktadır. Bu moleküler verilere göre *Streptomyces* sp. YC504 izolatı yeni türdür.

Streptomyces sp. YC532 izolatı 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T tip türü ile % 99,11 oranında (1467'de 13 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^Ttip türüyle % 98,98 oranında (1469'da 15 nükleotit), *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T tip türüylede % 98,97 oranında (1462'de 15 nükleotit) benzerlik göstermiştir. Tip türleriyle arasında *Streptomyces eurocidicus* NRRL B-1676^T ile 0,111, *Streptomyces xanthochromogenes* NRRL B-5410^T ile 0,106, *Streptomyces michiganensis* NBRC 12797^T ile 0,108 *Streptomyces lavendofoliae* DSM 40217^T ile 0,081 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir. MLSA verilerine göre

yeni türdür. Kemotaksonomik ve fizyolojik deneyler yeni tür olduğunu desteklemektedir.

Streptomyces sp. YC537 izolatu 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre *Streptomyces tauricus* JCM 4837^T tip türü ile % 97,95 oranında (1466'da 30 nükleotit) ve *Streptomyces beijiagensis* NBRC 100044^T tip türüyle de % 97,75 oranında (1464'de 33 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile tip türleri arasındaki filogenetik uzaklık verileri belirlenerek kaydedildi. Bu verilere göre, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces tauricus* DSM 40560^T tip türü arasında 0,108, *Streptomyces* sp. YC537 izolatu ile *Streptomyces beijiagensis* DSM 41794^T tip türü arasında 0,122 oranında filogenetik uzaklık değeri belirlendi. Bu MLSA verilerine göre *Streptomyces* sp. YC537 izolatının yeni tür olduğu kesinlik kazanmıştır.

Streptomyces sp. YC541 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türü ile 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verilerine göre % 98,91 oranında (1462'de 16 nükleotit), *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 98,81 oranında (1432'de 17 nükleotit), *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 98,43 oranında (1465'te 23 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces* sp. YC541 izolatu da *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T 0,071 oranında ve *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile de 0,071 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir. MLSA verilerine göre yeni tür olan *Streptomyces* sp. YC541 izolatının tip türleri ile arasındaki kemotaksonomik ve fizyolojik farklar bu olasılığı güçlendirmektedir.

Streptomyces sp. YC917 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verileri göre % 99,73 oranında (4/1462), *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 99,65 oranında (1433'te 5 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 99,04 oranında (1465'de 14 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces* sp. YC917 izolatının *Streptomyces* sp. YC925 ile 0,013, *Streptomyces* sp. YC541 ile 0,055, *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T ile 0,038, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile 0,040, *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T ile 0,046,

Streptomyces glomeroaurantiacus DSM 41782^T ile 0,079, *Streptomyces phaeochromogenes* DSM 40073^T ile 0,018 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir.

Streptomyces sp. YC925 izolatu *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T tip türüyle 16S rRNA gen bölgesi dizi analizi verileri göre % 99,59 oranında (1452'de 6 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T tip türüyle % 99,58 oranında (1433'de 6 nükleotit), *Streptomyces aurantiacus* NBRC 13017^T tip türüyle % 99,31 oranında (1455'de 10 nükleotit) benzerlik göstermiştir. *Streptomyces* sp. YC925 izolatu da birinci tip türü olan *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T ile 0,046 oranında, *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile 0,047 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir. *Streptomyces* sp. YC541 izolatu da *Streptomyces umbrinus* NBRC 13091^T ile 0,071 oranında ve *Streptomyces ederensis* NBRC 15410^T ile de 0,071 oranında filogenetik uzaklığa sahiptir.

Streptomyces sp. YC917 ve *Streptomyces* sp. YC925 izolatları 16S rRNA verilerine göre çok yakın akraba olmalarına rağmen MLSA verilerine göre 2 izolat da ayrı birer tür olarak görülmektedir. Kemotaksonomik ve fizyolojik deneyler bu verileri güçlendirmektedir.

Amycolatopsis sp. YC111 izolatının 16S rRNA gen bölgesi sekans analizi sonuçlarına göre; *Amycolatopsis lurida* DSM 43134^T tip türüne % 99,28 (1392'de 10 nükleoti), *Amycolatopsis orientalis* DSM 40040^T tip türüne % 98,97 (1459'da 15 nükleotit), *Amycolatopsis regifaucium* GY080^T tip türüne % 98,88 (1434'te 16 nükleotit) benzerlik göstermiştir. İzolatın ve yakın akraba tip türlerinin gerçekleştirilen fizyolojik deneyleri izolatın yeni tür olduğunu göstermektedir.

5.3 Öneriler

Yeniçağa Gölü izolasyon çalışmasında 9 farklı cins izole edilerek *Streptomyces* cinsi gölde dominant cins olarak tespit edildi. Bunun yanı sıra tanımlanmış tür sayısı az olan cinslerin de gölde tespit edilmesi Yeniçağa Gölü'nün Aktinobakteri biyoçeşitliliğinin geniş olduğunu göstermektedir. Bundan dolayı seçici izolasyon besiyeri sayısı artırılarak ve daha fazla organizma izole edilerek Yeniçağa Gölü'nün biyoçeşitliliğinde yer alan cinsler daha kapsamlı incelenmelidir.

Çalışmada yeni tür olabileceği düşünülen 10 tane izolattan polifazik taksonomi kriterleri yerine getirilerek çalışmaları tamamlanan *Streptomyces* sp. YC419, *Streptomyces* sp. YC504 ve *Streptomyces* sp. YC537 izolatlarının yayın işlemleri tamamlanarak literatüre kazandırılmalıdır.

Streptomyces sp. YC306, *Streptomyces* sp. YC512, *Streptomyces* sp. YC532, *Streptomyces* sp. YC541, *Streptomyces* sp. YC917 ve *Streptomyces* sp. YC925 izolatlarının 16S rRNA gen bölgesi ve MLSA çalışmalarına göre yeni tür oldukları kuvvetle muhtemeldir. Ancak bu durumla birlikte DNA:DNA homoloji deneylerinin gerçekleştirilerek izolatların tip türleri ile aralarındaki farkın net bir şekilde belirlenmesi ve izolatların yeni tür oldukları kesinlik kazandırılmalıdır.

Günümüzde tanımlanmış sekonder metabolitlerin çok büyük kısmı Aktinobakteri üyelerinden özellikle de *Streptomyces* cinsi üyelerden elde edilmesi göz önünde bulundurularak, çalışmada elde edilen Aktinobakteri izolatlarının sekonder metabolit sentezleme kabiliyetleri belirlenmelidir. Eğer sekonder metabolit üreten izolat varsa sekonder metabolitleri incelenerek ticari olarak değerlendirilmelidir.

KAYNAKLAR

- Adachi, K., Katsuta, A., Matsuda, S., Peng, X., Misawa, N., Shizuri, Y., Kroppenstedt, R.M., Yokota, A., Kasai, H., “Smaragdicoccus niigatensis gen. nov., sp. nov., a novel member of the suborder Corynebacterineae”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 57: 297–301 (2007).
- Adékambi, T., Drancourt M., Raoult D., “The *rpoB* gene as a toll for clinical microbiologists”, *Trends Microbiol*, 17: 37-45 (2008).
- Allgaier, M., Grossart, H.P., “Diversity and seasonal dynamics of Actinobacteria populations in four lakes in northeastern Germany”, *Applied and Environmental Microbiology*, 72(5): 3489-3497 (2006).
- Anderson, A.S., Wellington, E.M.H., “The taxonomy of *Streptomyces* and related genera”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 51: 797-814 (2001).
- Angov, E., Ng, T.C., Brusilow, W.S. “Effect of the delta subunit on assembly and proton permeability of the F0 proton channel of Escherichia coli F1F0 ATPase”, *Journal of Bacteriology*, 173(1): 407-411 (1991).
- Antony-Babu, S., Stach, J.E.M., Goodfellow, M., “Genetic and phenotypic evidence for *Streptomyces griseus* ecovars isolated from a beach and dune sand system”, *Antonie van Leeuwenhoek*, 94: 63-74 (2008).
- Aoki, H., Sakai, H., Kohsaka, M., Konomi, T., Hosoda, J., Kubochi, Y., Iguchi, E., Imanaka, H., “Nocardicin A, a new monocyclic beta-lactam antibiotic. I. Discovery, isolation and characterization”, *The Journal of Antibiotics*, 29(5): 492–500 (1976).
- Ara, I., Matsumoto, A., Bakir, M.A., Kudo, T., Ōmura, S., Takahashi, Y., “*Actinomadura bangladeshensis* sp. nov. and *Actinomadura chokoriensis* sp. Nov”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 58(7): 1653-1659 (2008).
- Atta, H.M., “Production of vitamin B12 by *Streptomyces fulvissimus*”, *Egypt J Biomed Sci*, 23: 1-19 (2007).
- Barka, E.A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Klenk, H.P., Clement, C., Ouhdouch, Y., van Wezel, G.P., “Taxonomy, physiology, and natural products of Actinobacteria”, *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(1): 1-43 (2016).
- Berdy, J., “Bioactive microbial metabolites”, *The Journal of Antibiotics*, 58: 1-26 (2005).
- Brown-Elliott, B.A., Brown, J.M., Conville, P.S., Wallace, R.J., “Clinical and laboratory features of the *Nocardia* spp. based on current molecular taxonomy”, *Clin Microbiol Rev*, 19: 259-282 (2006).

Buchanan, R.E., "Studies in the nomenclature and classification of the bacteria: II. The primary subdivisions of the schizomycetes", *Journal of bacteriology*, 2(2): 155 (1917).

Buchholz-Cleven, B.E., Rattunde, B., Straub, K.L., "Screening for genetic diversity of isolates of anaerobic Fe (II)-oxidizing bacteria using DGGE and whole-cell hybridization", *Systematic and Applied Microbiology*, 20(2): 301-309 (1997).

Buck, J.D., Cleverdon, R.C., "The spread plate as a method for the enumeration of marine bacteria", *Limnology and Oceanography*, 5(1): 78-80 (1960).

Burkert, U., Warnecke, F., Babenzien, D., Zwirnmann, E., Pernthaler, J., "Members of a readily enriched β -proteobacterial clade are common in surface waters of a humic lake", *Applied and Environmental Microbiology*, 69(11): 6550-6559 (2003).

Burns, D.M., Yanofsky, C., "Nucleotide sequence of the *Neurospora crassa* trp-3 gene encoding tryptophan synthetase and comparison to the trp-3 polypeptide with its homologs in *Saccharomyces cerevisiae* and *Escherichia coli*.", *J. Biol. Chem.*, 264: 3840-3848 (1989).

Busse, H.J., Denner, E.B.M., Lubitz, W., "Classification and identification of bacteria: current approaches to an old problem. Overview of methods used in bacterial systematics", *J Biotechnol*, 47: 3-38 (1996).

Busti, E., Monciardini, P., Cavaletti, L., Bamonte, R., Lazzarini, A., Sosio, M., Donadio, S., "Antibiotic producing ability by representatives of a newly discovered lineage of actinomycetes", *Microbiol*, 152: 675-683 (2006).

Carro, L., Spröer, C., Alonso, P., Trujillo, M.E., "Diversity of *Micromonospora* strains isolated from nitrogen fixing nodules and rhizosphere of *Pisum sativum* analyzed by multilocus sequence analysis", *Syst Appl Microbiol*, 35: 73-80 (2012).

Chatterjee, S., Sau, G.B., Mukherjee, S.K., "Plant growth promotion by a hexavalent chromium reducing bacterial strain, *Cellulosimicrobium cellulans* KUCr3", *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 25(10): 1829-1836 (2009).

Chun J., "Computer Assisted Classification and Identification of *Actinomycetes*", PhD Thesis, Department of Microbiology, University of Newcastle, *Newcastle upon Tyne*, UK, (1995).

Chun J., Goodfellow M., "A phylogenetic analysis of the genus *Nocardia* with 16S rRNA gene sequences", *Int J Syst Bacteriol*, 45: 240-245 (1995).

Coenye, T., Gevers, D., de Peer, Y.V., Vandamme, P., Swings, J., "Towards a prokaryotic genomic taxonomy", *FEMS microbiology reviews*, 29(2): 147-167 (2005).

Coenye, T., LiPuma, J.J., "Use of the *gyrB* gene for the identification of *Pandora* species", *FEMS Microbiology Letters*, 208(1): 15-19 (2002).

Collins, M.D., Pirouz, T., Goodfellow, M., Minnikin, D.E., “Distribution of menaquinones in actinomycetes and corynebacteria”, *J Gen Microbiol*, 100: 221-230 (1977).

Conville, S.P., Witebsky, F.G., “The Complexity of *Nocardia* Taxonomy: Implications for the Clinical Microbiology Laboratory”, *Clinical Microbiologynewsletter*, 32(16): 119-125 (2010).

Cook A.E., Roes M., Meyers P.R., “*Actinomadura napierensis* sp. nov., isolated from soil in South Africa”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 55: 703-706 2005.

Coombs, J.T., Franco, C.M.M., “Isolation and identification of *actinobacteria* from surface-sterilized wheat roots”, *Appl Environ Microbiol*, 69: 5603-5608 (2003).

Cowan, S.T., Steel, K.J., “Manual for Identification of Medical Bacteria”, *Cambridge University Press*, London (1974).

Cragg, G.M., Kingston, D.G.I., Newman, D.J., (Eds) “Anticancer Agents from Natural Products”, *Taylor&Francis* (2005).

Cross T., “The monosporic actinomycetes”, In *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 2: 2091-2102 (1981).

Crump, B.C., Armbrust, E.V., Baross, J.A., “Phylogenetic analysis of particle-attached and free-living bacterial communities in the Columbia River, its estuary, and the adjacent coastal ocean”, *Applied and Environmental Microbiology*, 65(7): 3192-3204 (1999).

de Menezes, A.B., Lockhart, R.J., Cox, M.J., Allison H.E., McCarthy, A.J., “Cellulose degradation by *Micromonosporas* recovered from freshwater lakes and classification of these actinomycetes by DNA gyrase B gene sequencing”, *Applied and Environmental Microbiology*, 74: 7080-7084 (2008).

Debroas, D., Humbert, J.F., Enault, F., Bronner, G., Faubladier, M., Cornillot, E. “Metagenomic approach studying the taxonomic and functional diversity of the bacterial community in a mesotrophic lake (Lac du Bourget–France)”, *Environmental microbiology*, 11(9): 2412-2424 (2009).

Delpont, J., Wakabayashi, A.T., Anantha, R.V., Lannigan, R., John, M., McCormick, J.K., “Cellulosmicrobium cellulans isolated from a patient with acute renal failure”, *JMM Case Reports*, 1(2) (2014).

Denisova, L.Y., Bel'kova, N.L., Tulokhonov, I.I., Zaichikov, E.F., “Bacterial diversity at various depths in the southern part of Lake Baikal as revealed by 16S rDNA sequencing”, *Microbiology*, 68: 475-483 (1999).

Ding, L., Hirose, T., Yokota, A., “*Amycolatopsis echigonensis* sp. nov. and *Amycolatopsis niigatensis* sp. nov., novel actinomycetes isolated from filtration substrate”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 57: 1747-1751 (2007).

Eckert, S.E., Kubler, E., Hoffmann, B., Braus, G.H., “The tryptophan synthase encoding *trpB* gene of *Aspergillus nidulans* regulated by the crosspathway control system”, *Mol. Gen. Genet.*, 263: 867-876 (2000).

Erikson, D., “Factors promoting cell division in a ‘soft’ mycelial type of nocardia: *Nocardia turbata* n. sp.”, *J. Gen. Microbiol.* 11: 198-208 (1954).

Erikson, D., “Studies on some lake-mud strains of *Micromonospora*”, *Journal of Bacteriology*, 41: 277-300 (1941).

Ertan, A., Kılıç, A., Kasperek, M., “Türkiye’nin Önemli Kuş Alanları”, *Doğal Hayatı Koruma Derneği Yayını*, 156 (1989).

Ezeoke, I., Klenk, H.P., Pötter, G., Schumann, P., Moser, B.D., Lasker, B.A., Nicholson, A., Brown, J.M., “*Nocardia amikacinotolerans* sp. nov., an amikacin-resistant human pathogen”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 63: 1056-1061 (2013).

Felsenstein, J., “Confidence limits on phylogeny: an approach using the bootstrap”, *Evolution*, 39: 783-791 (1985).

Fenical, W., Baden, D., Brug, M., de Goyet, C.V., Grimes, J.D., Katz, M., Marcus, N.H., Pomponi, S., Rhines, P., Tester, P., Vena, J., “Marine-derived pharmaceuticals and related bioactive compounds. In From Monsoons to Microbes: Understanding the Ocean’s Role in Human Health. Edited by Fenical W”, *National Academies Press*, 71-86 (1999).

Feniouk, B.A., Junge, W., “Regulation of the F₀F₁-ATP synthase: the conformation of subunit epsilon might be determined by directionality of subunit gamma rotation”, *FEBS Lett*, 579: 5114–5118 (2005).

Fillingame, R.H., Porter, B., Hermolin, J., White, L.K., “Synthesis of a functional F₀ sector of the *Escherichia coli* H⁺-ATPase does not require synthesis of the alpha or beta subunits of F₁”, *Journal of bacteriology*, 165(1): 244-251 (1986).

Floss, H.G., Yu, T.W., “Rifamycin mode of action, resistance, and biosynthesis”, *Chemical reviews*, 105(2): 621-632 (2005).

Gacto, M., Vicente-Soler, J., Cansado, J., Villa, T.G., “Characterization of an extracellular enzyme system produced by *Micromonospora chalcone* with lytic activity on yeast cells”, *J. of App. Microbiol.*, 88: 961-967 (2000).

Gandhimathi, R., Arunkumar, M., Selvin, J., Thangavelu, T., Sivaramakrishnan, S., Kiran G.S., Shanmughapriya, S., Natarajaseenivasa, K., “Antimicrobial potential of sponge associated marine actinomycetes”, *J Mycol Med*, 18: 16-22 (2008).

Gao, B., Gupta, R.S., “Phylogenetic framework and molecular signatures for the main clades of the phylum Actinobacteria”, *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 76(1): 66-112 (2012).

Garcia, L.C., Martínez-Molina, E., Trujillo, M.E., “Micromonospora pisi sp. nov., isolated from root nodules of *Pisum sativum*”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 60: 331-337 (2010).

Gevers, D., Cohan, F.M., Lawrence, J.G., Spratt, B.G., Coenye, T., Feil, E.J., Stackebrandt, E., Van de Peer, Y., Vandamme, P., Thompson, F.L., Swigs, J., “Re-evaluating prokaryotic species”, *Nat Rev Microbiol*, 3: 733-739 (2005).

Girard, G., Willemse, J., Zhu, H., Claessen, D., Bukarasam, K., Goodfellow, M., van Wezel, G.P., “Analysis of novel kitasatosporae reveals significant evolutionary changes in conserved developmental genes between *Kitasatospora* and *Streptomyces*”, *Antonie Van Leeuwenhoek*, 106(2): 365-380 (2014).

Glöckner, F.O., Zaichikov, E., Belkova, N., Denissova, L., Pernthaler, J., Pernthaler, A., Amann, R., “Comparative 16S rRNA analysis of lake bacterioplankton reveals globally distributed phylogenetic clusters including an abundant group of actinobacteria”, *Applied and Environmental Microbiology*, 66(11): 5053-5065 (2000).

González, I., Ayuso-Sacido, A., Anderson, A., Genilloud, O., “Actinomycetes isolated from lichens: evaluation of their diversity and detection of biosynthetic gene sequences”, *FEMS Microbiol Ecol*, 54: 401-415 (2005).

Goodfellow, M., “Actinomycetes: *Actinomyces*, *Actinomadura*, *Nocardia*, *Streptomyces*, and related genera”, In Mackie & McCartney *Practical Medical Microbiology*, Fourteenth Edition, New York, 357 (1996).

Goodfellow, M., “*Nocardia* and related genera”, In *Topley & Wilson’s Microbiology & Microbial Infections*, 9th edn, Edited by A. Balows & B. I. Duerden. London: Edward Arnold, 2: 463-489 (1998).

Goodfellow, M., “Numerical taxonomy of some nocardioform bacteria”, *J Gen Microbiol*, 69: 33-80 (1971).

Goodfellow, M., Cross, T., “Classification, *The biology of the actinomycetes*”, Edit: Goodfellow M., Mordarski J.G. and Williams S.T., *Academic Press*, 7-164 (1984).

Goodfellow, M., Isik, K., Yates, E., “Actinomycete systematics: an unfinished synthesis”, *Nova Acta Leopoldina NF80*, 382: 47-82 (1999).

Goodfellow, M., Kämpfer, P., Busse, H.J., Trujillo, M.E., Suzuki, K., Ludwig, W., Whitman, W.B. (ed.), “The Actinobacteria”, *Bergey’s manual of systematic bacteriology*, vol 5., *Springer*, New York, NY, part A and B (2012).

Goodfellow, M., Lechevalier, M.P., "Genus *Nocardia*", Trevisan 1889, 9AL. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe & J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins, 2: 1458-1471 (1989).

Goodfellow, M., Maldonado, L., "The families Dietziaceae, Gordoniaceae, Nocardiaceae and Tsukamurellaceae". In *The Prokaryotes: a Handbook on the Biology of Bacteria*, 3rd edn, Edited by M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K. H. Schleifer & E. Stackebrandt. New York: Springer, 3: 843-888 (2006).

Goodfellow, M., Williams, S.T., "Ecology of Actinomycetes", *Annu. Rev. Microbiol.*, 37(1):189-216 (1983).

Goodfellow, M., Williams, S.T., Mordarski, M., "Actinomycetes in biotechnology", London, UK: *Academic Press Limited*, (1988).

Gordon, R.E., Mihm, J.M., "A comparative study of some strains received as nocardiae", *J Bacteriol* 73: 15-27 (1957).

Gordon, R.E., Mihm, J.M., "The type species of the genus *Nocardia*", *J Gen Microbiol*, 27: 1-10 (1962).

Goris, J., Konstantinidis, K.T., Klappenbach, J.A., Coenye, T., Vandamme, P., Tiedje, J.M., "DNA-DNA hybridization values and their relationship to whole-genome sequence similarities", *Int J Syst Evol Microbiol*, 57: 81-91 (2007).

Guo, Y., Zheng, W., Rong, X., Huang, Y., "A multilocus phylogeny of the *Streptomyces griseus* 16S rRNA gene clade: use of multilocus sequence analysis for streptomycete systematics", *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*, 58: 149-159 (2008).

Gurovic, M.S.V., Müller, S., Domin, N., Seccareccia, I., Nietzsche, S., Martin, K., Nett, M., "Micromonosporaschwarzwaldensis sp. nov., a producer of telomycin, isolated from soil", *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(10): 3812-3817 (2013).

Hahn, M.W., Lünsdorf, H., Wu, Q., Schauer, M., Höfle, M.G., Boenigk, J., Stadler, P., "Isolation of novel ultramicrobacteria classified as Actinobacteria from five freshwater habitats in Europe and Asia", *Applied and Environmental Microbiology*, 69(3): 1442-1451 (2003).

Hamada, M., Tamura, T., Ishida, Y., Suzuki, K.I., "Georgenia thermotolerans sp. nov., an actinobacterium isolated from forest soil", *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 59(8): 1875-1879 (2009).

Hammerschmidt, R., "More insight into why pathogenic *Streptomyces* succeed", *Physiol Mol Plant Pathol*, 71: 1-2 (2007).

Harayama, S., Kasai, H., "Molecular identification, systematics, and population structure of prokaryotes", Edit: Stackebrandt E., Chap. 5, *Springer*, Berlin, (2006).

Hasegawa, S., Meguro, A., Shimizu, M., Nishimura, T., Kunoh, H., “Endophytic actinomycetes and their interactions with host plants”, *Actinomycetologia*, 20: 72-81 (2006).

Haukka, K., Heikkinen, E., Kairesalo, T., Karjalainen, H., Sivonen, K., “Effect of humic material on the bacterioplankton community composition in boreal lakes and mesocosms”, *Environmental Microbiology*, 7(5): 620-630 (2005).

Heym, B., Gehanno, P., Friocourt, V., Bougnoux, M.E., Le Moal, M., Husson, C., Leibowitch, J., Nicolas-Chanoine, M.H. “Molecular detection of *Cellulosimicrobium cellulans* as the etiological agent of a chronic tongue ulcer in a human immunodeficiency virus-positive patient”, *Journal of clinical microbiology*, 43(8): 4269-4271 (2005).

Hiorns, W.D., Methe, B.A., Nierzwicki-Bauer, S.A., Zehr, J.P., “Bacterial diversity in Adirondack mountain lakes as revealed by 16S rRNA gene sequences”. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(7): 2957-2960 (1997).

Hirsch, A.M., Valdés, M., “*Micromonospora*: An important microbe for biomedicine and potentially for biocontrol and biofuels”, *Soil Biology and Biochemistry*, 42: 536-542 (2010).

Hong, K., Gao, A.H., Xie, Q.Y., Gao, H.G., Zhuang, L., Lin, H.P., Yu, H.P., Li, J., Yao, X.S., Goodfellow, M., Ruan, J.S., “Actinomycetes for marine drug discovery isolated from mangrove soils and plants in China”, *Marine Drugs*, 7(1): 24-44 (2009).

Huang, W.M., “Bacterial diversity based on type II DNA topoisomerase genes”, *Annu. Rev. Genet*, 30: 79- 107 (1996).

Humbert, J.F., Dorigo, U., Cecchi, P., Le Berre, B., Debroas, D., Bouvy, M., Comparison of the structure and composition of bacterial communities from temperate and tropical freshwater ecosystems”, *Environmental microbiology*, 11(9): 2339-2350 (2009).

Huys, G., Vancanneyt, M., Coopman, R., Janssen, P., Falsen, E., Altwegg, M., Kersters, K., Cellular fatty acid composition as a chemotaxonomic marker for the differentiation of phenospecies and hybridization groups in the genus *Aeromonas*”. *Int J Syst Bacteriol*, 44: 651-658 (1994).

Igarashi, M., Hayashi, C., Homma, Y., Hattori, S., Kinoshita, N., Hamada, M., Takeuchi, T., “Tubelactomicin A, a novel 16- membered lactone antibiotic, from *Nocardia* sp. I. Taxonomy, production, isolation and biological properties”, *The Journal of Antibiotics*, 53: 1096-1101 (2000).

Iizuka, T., Yamanaka, S., Nishiyama, T., Hiraishi, A., “Isolation and phylogenetic analysis of aerobic copiotrophic ultramicrobacteria from urban soil”, *The Journal of General and Applied Microbiology*, 44(1): 75-84 (1998).

Jayasinghe, B.A.T.D., Parkinson, D., “Actinomycetes as antagonists of litter decomposer fungi”, *Appl Soil Ecol*, 38: 109-118 (2008).

Jones, K.L., “Fresh isolates of actinomycetes in which the presence of sporogenous aerial mycelia is a fluctuating characteristic”, *Journal of Bacteriology*, 57: 141-145 (1949).

Jukes, T.H., Cantor, C.R., “Evolution of protein molecules”, In Mammalian Protein Metabolism, Edited by H. N. Munro, *Academic Press*, New York, 21-132 (1969).

Kasai, H., Tamura, T., Harayama, S., “Intragenetic relationships among *Micromonospora* species deduced from *gyrB*-based phylogeny and DNA relatedness”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 50: 127-134 (2000).

Kawamoto I., “Genus *Micromonospora* Ørskov 1923, 147AL”, In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe & J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins, 4: 2442-2450 (1989).

Keswani, J., Whitman, W.B., “Relationship of 16S rRNA sequence similarity to DNA hybridization in prokaryotes”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 51: 667-678 (2001).

Kılıç, A., Kasperek, M., “Türkiye'nin önemli kuş alanları”, *Doğal Hayatı Koruma Derneği Yayını*, İstanbul, (1989)

Kieser, T., Bibb, M.J., Butner, M.J., Charter, K.F., Hopwood, D.A., “Preparation and analysis of the genomic and plasmid DNA”, In: *Practical Streptomyces genetics*, Norwich, England: *The John Innes Foundation*, 162-170 (2000).

Kim, O.S., Cho, Y.J., Lee, K., Yoon, S.H., Kim, M., Na, H., Park, S.C., Jeon, Y.S., Lee, J.H., Yi, H., Won, S., Chun, J., “Introducing EzTaxon-e: a prokaryotic 16S rRNA Gene sequence database with phylotypes that represent uncultured species”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 62: 716-721 (2012).

Kim, S.B., Goodfellow, M., “Reclassification of *Amycolatopsis rugosa* Lechevalier et al. 1986 as *Prauserella rugosa* gen. nov., comb. nov.”, *Int J Syst Bacteriol*, 49: 507-12 (1999).

Kirby, B.M., Everest, G.J., Meyers, P.R., “Phylogenetic analysis of the genus *Kribbella* based on the *gyrB* gene: proposal of a *gyrB*-sequence threshold for species delineation in the genus *Kribbella*”, *Antonie van Leeuwenhoek*, 97: 131-142 (2010).

Kirby, R., “Chromosome diversity and similarity within the Actinomycetales”, *FEMS microbiology letters*, 319(1): 1-10 (2011).

Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology Evolutionary* (In press).

Koch C., Kroppenstedt, R.M., Rainey, F.A., Stackebrandt, E., “16S ribosomal DNA analysis of the genera *Micromonospora*, *Actinoplanes*, *Catellatospora*, *Catenuloplanes*, *Couchioplanes*, *Dactylosporangium*, and *Pilimelia* and emendation of the family *Micromonosporaceae*”, *Int J Syst Bacteriol*, 46: 765-768 (1996a).

Koch, C., Kroppenstedt, R.M., Stackebrandt, E., “Intragenic relationships of the Actinomycete Genus *Micromonospora*”, *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 46: 383-387 (1996).

Komaki, H., Nemoto, A., Tanaka, Y., Takagi, H., Yazawa, K., Mikami, Y., Shigemori, H., Kobayashi, J., Ando, A., Nagata, Y., “Brasilicardin A, a new terpenoid antibiotic from pathogenic *Nocardia brasiliensis*: fermentation, isolation and biological activity”, *The Journal of Antibiotics*, 52: 13-19 (1999).

Konstantinidis, K.T., Tiedje, J.M., “Prokaryotic taxonomy and phylogeny in the genomic era: advancements and challenges ahead”, *Curr Opin Microbiol*, 10: 504-509 (2007).

Korn-Wendisch, F., Kutzner, H.J., “The family *Streptomycetaceae*”, In *The prokaryotes. A handbook on the biology of bacteria: ecophysiology, isolation, identification, applications*, 2nd ed., *Springer-Verlag*, New York, 1: 921-995 (1992).

Krasilnikov, N.A., Kalakoutskii, L.V., Kirillova, N.F., “A new genus of ray fungi, *Promicromonospora* gen. nov. Izvestiya Akad”, *Nauk. SSSR Ser. Biol.* (in Russian), 107-112 (1961).

Kroppenstedt, R.M., Stackebrandt, E., Goodfellow, M., “Taxonomic revision of the actinomycete genera *Actinomadura* and *Microtetraspora*”, *Systematic and Applied Microbiology*, 13(2): 148-160 (1990).

Kutzner, H.J., “The family *Streptomycetaceae*”, In: *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, & H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 2: 2018-2090 (1981).

Küster, E., Williams, S.T., “Selection of media for isolation of *streptomycetes*”, *Nature*, 202: 928-929 (1964).

Labeda, D.P., “Multilocus sequence analysis of phytopathogenic species of the genus *Streptomyces*”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 61(10), 2525-2531 (2011).

Labeda, D.P., Kroppenstedt, R.M., “Emended description of the genus *Glycomyces* and description of *Glycomyces algeriensis* sp. nov., *Glycomyces arizonensis* sp. nov. and *Glycomyces lechevalierae* sp. nov.”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 54: 2343-2346 (2004).

Labeda, D.P., Kroppenstedt, R.M., “*Stackebrandtia nassauensis* gen nov, sp. nov. and emended description of the family *Glycomycetaceae*”, *Int J Syst Evol Microbiol* 55:1687-1691 (2005).

Labeda, D.P., Testa, R.T., Lechevalier, M.P., Lechevalier, H.A., "Glycomyces, a new genus of the Actinomycetales", *Int J Syst Bacteriol*, 35: 417-421 (1985).

Lam, K.S., "Discovery of novel metabolites from marine actinomycetes", *Curr Opin Microbiol*, 9: 245-51 (2006).

Lane, D.J., "16S/23S rRNA sequencing", In: Nucleic acid techniques in bacterial systematics, Stackebrandt, E., and Goodfellow, M., eds., *John Wiley and Sons*, New York, 115-175 (1991).

le Roes M., Meyers P.R., "Actinomadura rudentiformis sp. nov., isolated from soil", *Int J Syst Evol Microbiol*, 57: 45-50 2007.

Lechevalier M.P., Lechevalier H.A., "Chemical composition as a criterion in the classification of aerobic actinomycetes", *Int J Syst Bacteriol*, 20: 435-444 (1970a).

Lechevalier, H.A., Lechevalier, M.P., "A critical evaluation of the genera of aerobic actinomycetes", In: H. Prauser (Ed.) *The Actinomycetales*, Gustav Fischer Verlag, Jena, Germany, 393-405 (1970).

Lechevalier, H.A., Lechevalier, M.P., "Introduction to the order *Actinomycetales*", In: *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, Springer-Verlag, Berlin, Germany, 2: 1915-1922 (1981).

Lechevalier, M.P., "The taxonomy of the genus *Nocardia*: some light at the end of the tunnel?", In *The Biology of the Nocardiae*, Edited by M. Goodfellow, G.H. Brownell & J.A. Serrano, London: Academic Press, 1-33 (1976).

Lechevalier, M.P., Prauser, H., Labeda, D.P., Ruan, J.S., "Two new genera of nocardioform actinomycetes – *Amycolata* gen. nov. and *Amycolatopsis* gen. nov.", *International Journal of Systematic Bacteriology*, 36: 29-37 (1986).

Lee, S.D., Jeong, H.S., "Actinomadura hallensis sp. nov., a novel actinomycete isolated from Mt. Halla in Korea", *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 56(1): 259-264 (2006).

Lloyd, A.T., Sharp, P.M., "Evolution of the recA gene and the molecular phylogeny of bacteria", *Journal of Molecular Evolution*, 37(4): 399-407 (1993).

Lu, Z., Wang, L., Zhang, Y., Shi, Y., Liu, Z., Quintana, E.T., Goodfellow, M., "Actinomadura catellatispora sp. nov. and Actinomadura glauciflava sp. nov., from a sewage ditch and soil in southern China", *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 53(1): 137-142 (2003).

Ludwig, W., "Nucleic acid techniques in bacterial systematics and identification", *Int J Food Microbiol*, 120: 225-236 (2007).

Ludwig, W., Euzéby, J., Schumann, P., Busse, H.J., Trujillo, M.E., Kämpfer, P., Whitman, W.B., “Road map of the phylum Actinobacteria”, In *Bergey's manual® of systematic bacteriology*, Springer, New York, 1-28 (2012).

Lüdemann, H., Conrad, R., “Molecular retrieval of large 16S rRNA gene fragments from an Italian rice paddy soil affiliated with the class Actinobacteria”, *Systematic and Applied Microbiology*, 23(4): 582-584 (2000).

Maiden, M.C., Bygraves, J.A., Feil, E., Morelli, G., Russell, J.E., Urwin, R., Zhang, Q., Zhou, J., Zurth, K., Caugant D.A., Feavers, I. M., Spratt, B.G., “Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms”, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(6): 3140-3145 (1998).

Maldonado, L., Hookey, J.V., Ward, A.C., Goodfellow, M., “The *Nocardia salmonicida* clade, including descriptions of *Nocardia cummidelens* sp. nov., *Nocardia fluminea* sp. nov. and *Nocardia soli* sp. nov.”, *Antonie van Leeuwenhoek*, 78: 367-377 (2000).

Mann, J., “Natural products as immunosuppressive agents”, *Nat. Prod. Rep*, 18: 417-430 (2001).

Marinelli, F., “Antibiotics and *Streptomyces*: the future of antibiotic discovery”, *Microbiology Today*, 36: 20-23 (2009).

Martens, M., Dawyndt, P., Coopman, R., Gillis, M., De Vos, P., Willems, A., “Advantages of multilocus sequence analysis for taxonomic studies: a case study using 10 housekeeping genes in the genus *Ensifer* (including former *Sinorhizobium*)”, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*, 58: 200-214 (2008).

McTaggart, L.R., Richardson, S.E., Witkowska, M., Zhang, S.X., “Phylogeny and identification of *Nocardia* species on the basis of multilocus sequence analysis”, *Journal of clinical microbiology*, 48(12): 4525-4533 (2010).

Méthé, B.A., Hiorns, W.D., Zehr, J.P., “Contrasts between marine and freshwater bacterial community composition: analyses of communities in Lake George and six other Adirondack lakes”, *Limnology and Oceanography*, 43(2): 368-374 (1998).

Méthé, B.A., Zehr, J.P. “Diversity of bacterial communities in Adirondack lakes: do species assemblages reflect lake water chemistry?”, In *Molecular Ecology of Aquatic Communities*, Springer Netherlands, 77-96 (1999).

Mincer, T.J., Jensen, P.R., Kauffman, C.A., Fenical, W., “Widespread and persistent populations of a major new marine actinomycete taxon in ocean sediments”, *Appl Environ Microbiol*, 68: 5005-5011 (2002).

Minnikin, D.E., O'Donnell, A.G., Goodfellow, M., Alderson, G., Athalye, M., Schaal, K., Parlett, J.H., “An integrated procedure for the extraction of bacterial isoprenoid quinones and polar lipids”, *J Microbiol Methods*, 2: 233-241 (1984).

Miyadoh, S., Miyara, T., “Family Thermomonosporaceae”, *Identification Manual of Actinomycetes*, 281-291 (2001).

Morse, R., Collins, M.D., O'hanlon, K., Wallbanks, S., Richardson, P.T., “Analysis of the β 'Subunit of DNA-Dependent RNA Polymerase Does Not Support the Hypothesis Inferred from 16S rRNA Analysis that *Oenococcus oeni* (Formerly *Leuconostoc oenos*) Is a Tachytelic (Fast-Evolving) Bacterium”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 46(4): 1004-1009 (1996).

Nash, P., Krent, M.M., “Culture media. In Manual of Clinical Microbiology”, 5th Edition, *American Society for Microbiology*, Washington DC, 1268- 1270 (1991).

Newton, R.J., Jones, S.E., Eiler, A., McMahon, K.D., Bertilsson, S., “A guide to the natural history of freshwater lake bacteria”, *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 75(1): 14-49 (2011).

Newton, R.J., Kent, A.D., Triplett, E.W., McMahon, K.D., “Microbial community dynamics in a humic lake: differential persistence of common freshwater phylotypes”, *Environmental Microbiology*, 8(6): 956-970 (2006).

Nigiz, C., “Bolu-Gölcük Tabiat Parkının Aktinobakteri Biyoçeşitliliğinin Belirlenmesi”, Yüksek Lisans Tezi, *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Samsun, 2017.

Nonomura, H., Ohara, Y., “Distribution of actinomycetes in soil. XI. Some new species of the genus *Actinomadura* Lechevalier et al.”, *J Ferment Technol*, 49: 904-912 (1971).

Okami, Y., Hotta, K., “Search and discovery of new antibiotics”, In: *Actinomycetes in biotechnology*, Editors: Goodfellow, M., Williams, S. T., Mordaski, M., London: *Academic Press*, 33-67 (1988).

Omura, S., Takahashi, Y., Iwai, Y., Tanaka, H., “*Kitasatosporia*, a new genus of the order Actinomycetales”, *The Journal of antibiotics*, 35(8): 1013-1019 (1982).

Pei, A.Y., Oberdorf, W.E, Nossa, C.W, Agarwal, A., Chokshi, P., Gerz, E.A., Jin, Z., Lee, P., Yang, L., Poles, M., Brown S.M., Sotero S., DeSantis T., Brodie, E., Nelson, K., Pei, Z., “Diversity of 16S rRNA genes within individual prokaryotic genomes”, *Appl Environ Microbiol*, 76(12): 3886-3897 (2010).

Pimentel-Elardo, S.M., Kozytzka, S., Bugni, T.S., Ireland, C.M., Moll, H., Hentschel, U., “Antiparasitic compounds from *Streptomyces* sp. strains isolated from Mediterranean sponges”, *Mar Drugs*, 8: 373-80 (2010).

Pitcher, D.G., Saunders, N.A., Owen, R.J., “Rapid extraction of bacterial genomic DNA with guanidium thiocyanate”, *Lett. Appl. Microbiol*, 8: 151-156 (1989).

Potekhina, NV, Tulsakaya, E.M., Naumova, I.B., Shashkov, A.S., Evtushenko, L.I., "Erythritol-teichoic acid in the cell wall of *Glycomyces tenuis*. VKM Ac-1250", *Eur J Biochem*, 218:371-375 (1993).

Prakash, O., Verma, M., Sharma, P., Kumar, M., Kumari, K., Singh, A., Kumari, H., Jit, S., Gupta, S.K., Khanna, M., Lal., R., "Polyphasic approach of bacterial classification - an overview of recent advances", *Indian Journal of Microbiology*, 47(2): 98-108 (2007).

Prauser, H., Lechevalier, M.P., Lechevalier, H., "Description of *Oerskovia* gen. n. to harbor Orskov's motile *Nocardia*", *Appl. Microbiol.*, 19: 534 (1970).

Prescott, L.M., Harley, J.P., Klein, D.A., "Bacteria: The high G + C Gram positives", In: *Microbiology*, 5th Edition, U.S.A.: The McGraw-Hill Companies, Inc. 536-551 (2002b).

Prescott, L.M., Harley, J.P., Klein, D.A., "Microbial taxonomy", In: *Microbiology*, 5th Edition, USA: The McGraw-Hill Companies, Inc. 421-449 (2002a).

Pridham, T.G., Hesseltine, C.W., Benedict, R.G., "A guide for the classification of streptomycetes according to selected groups; placement of strains in morphological sections", *Appl Microbiol*, 6: 52-79 (1958).

Promnuan, Y., Kudo, T., Chantawannakul, P., "Actinomycetes isolated from beehives in Thailand", *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 25(9): 1685-1689 (2009).

Qin, S., Zhao, G.Z., Li, J., Zhu, W.Y., Xu, L.H, Li, W.J., "*Actinomadura flavalbas* sp. nov., an endophytic actinomycete isolated from leaves of *Maytenus austroyunnanensis*", *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 59: 2453-2457 (2009).

Quintana, E., Maldonado, L., Goodfellow, M., "Nonomuraeaterrinata sp. nov., a novel soil actinomycete", *Antonie Van Leeuwenhoek*, 84: 1-6 (2003).

Quintana, E.T., Trujillo, M.E., Goodfellow, M., "Actinomadura mexicana sp. nov. and Actinomadura meyerii sp. nov., two novel soil sporoactinomycetes", *Systematic and Applied Microbiology*, 26(4): 511-517 (2003a).

Quintana, E.T., Wierzbicka, K., Mackiewicz, P., Osman, A., Fahal, A.H., Hamid, M.E., Zakrzewska-Czerwinska, J., Maldonado, L.A., Goodfellow, M., "*Streptomyces sudanensis* sp. nov., a new pathogen isolated from patients with actinomycetoma", *Antonie Van Leeuwenhoek*, 93: 305-313 (2008).

Ramasamy, D., Mishra, A.K., Lagier, J.C., Padhmanabhan, R., Rossi, M., Sentausa, E., Raoult, D., Fournier, P.E., "A polyphasic strategy incorporating genomic data for the taxonomic description of novel bacterial species", *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(2): 384-391 (2014).

Rappé, M.S., Gordon, D.A., Vergin, K.L., Giovannoni, S.J., “Phylogeny of actinobacteria small subunit (SSU) rRNA gene clones recovered from marine bacterioplankton”, *Systematic and Applied Microbiology*, 22(1): 106-112 (1999).

Reasoner, D.J., Geldreich, E.E., “A new medium for the enumeration and subculture of bacteria from potable water”, *Applied and environmental microbiology*, 49(1): 1-7 (1985).

Ren, J., Li, L., Wei, B., Tang, Y.L., Deng, Z.X., Sun, M., Hong, K., “*Micromonospora wenchangensis* sp. nov., isolated from mangrove soil”, *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 63, 2389-2395 (2013).

Rheims, H., Felske, A., Seufert, S., Stackebrandt, E., “Molecular monitoring of an uncultured group of the class *Actinobacteria* in two terrestrial environments”, *J. Microbiol. Methods*, 36: 65-75 (1999).

Rifaat, H.M., “The biodiversity of actinomycetes in the River Nile exhibiting antifungal activity”, *Journal of Mediterranean Ecology*, 4: 5-8 (2003).

Rong, X., Guo, Y., Huang, Y., “Proposal to reclassify the *Streptomyces albidoflavus* clade on the basis of multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, and taxonomic elucidation of *Streptomyces griseus* subsp. *Solvifaciens*”, *Syst Appl Microbiol*, 32: 314-322 (2009).

Rong, X., Huang, Y., “Taxonomic evaluation of the *Streptomyces griseus* clade using multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, with proposal to combine 29 species and three subspecies as 11 genomic species”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 60: 696-703. (2010).

Rong, X.Y., Huang, Y., “Taxonomic evaluation of the *Streptomyces hygrosopicus* clade using multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, validating the MLSA scheme for systematics of the whole genus”, *Syst. Appl. Microbiol.* 35: 7-18 (2012).

Ryan, R.P., Germaine, K., Franks, A., Ryan, D.J., Dowling, D.N., Bacterial endophytes: recent developments and applications, *FEMS Microbiol Lett*, 278: 1-9 (2008).

Sacramento, D.R., Coelho, R.R.R., Wigg, M.D., Linhares, L.F.T.L., Santos, M.G.M., Semedo, L.T.A.S., Ribeiro da Silva A.J., “Antimicrobial and antiviral activities of an actinomycete (*Streptomyces* sp.) isolated from a Brazilian tropical forest soil”, *World J Microbiol Biotechnol*, 20: 225-9 (2004).

Saitou, N., Nei, M., “The neighbour-joining method: a new method for constructing phylogenetic trees”, *Molecular and Biological Evolution*, 4: 406-425 (1987).

Sanglier, J.J., Whitehead, D., Saddler, G.S., Ferguson, E.V., Goodfellow, M., “Pyrolysis mass spectrometry as a method for the classification, identification and selection of actinomycetes”, *Gene*, 115: 235-242 (1992).

Saygı, B.Y., Demirkalp, F.Y., “Trophic status of shallow Yeniçağa Lake (Bolu, Turkey) in relation to physical and chemical environment”, *Fresenius Environmental Bulletin*, 13(5): 385-393 (2004).

Saygın, H., “*Streptomyces* Cinsi Üyesi İzolatların Multi Gen Dizi Analizlerine Dayalı Filogenetik Sistematığı”, Yüksek Lisans Tezi, *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Samsun 2013

Schumann, P., Weiss, N., Stackebrandt, E., “Reclassification of *Cellulomonas cellulans* (Stackebrandt and Keddie 1986) as *Cellulosimicrobium cellulans* gen. nov., comb. Nov”, *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 51(3): 1007-1010 (2001).

Selje, N., Brinkhoff, T., Simon, M., “Detection of abundant bacteria in the Weser estuary using culture-dependent and culture-independent approaches”, *Aquatic Microbial Ecology*, 39(1): 17-34 (2005).

Shirling, E.B., Gottlieb, D., “Methods for characterization of *Streptomyces* species”, *International Journal of Systematic Bacteriology*, 16: 313-340 (1966).

Skryzynia, C., Binnering, D.M., Alspaugh, J.A.I., Pukkila, P.J., “Molecular characterization of TRP1, a gene coding for tryptophan synthetase in the basidiomycete *Coprinus cinereus*”, *Gene*, 81:73-82 (1989).

Sohier, D., Berthier, F., Reitz, J., “Safety assessment of dairy microorganisms: bacterial taxonomy”, *Int J Food Microbiol*, 126: 267-270 (2008).

Song, J. M., Wei, D.Z., “Production and characterization of cellulases and xylanases of *Cellulosimicrobium cellulans* grown in pretreated and extracted bagasse and minimal nutrient medium M9”, *Biomass and bioenergy*, 34(12): 1930-1934 (2010).

Songsumanus, A., Tanasupawat, S., Igarashi, Y., Kudo, T., “*Micromonospora maritima* sp. nov., isolated from mangrove soil”, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, 63: 554-559 (2013).

Sousa, C.S., Soares, A.C.F., Garrido, M.S., “Characterization of streptomycetes with potential to promote plant growth and biocontrol”, *Scientia Agricola*, 65(1): 50-5 (2008).

Stackebrandt, E., Ebers, J., “Taxonomic parameters revisited: tarnished gold standards”, *Microbiology Today*, 33: 152-155 (2006).

Stackebrandt, E., Frederiksen, W., Garrity, G.M., Grimont, P.A., Kampfner, P., Maiden, M.C., Nesme, X., Rossello-Mora, R., Swings, J., Truper, H.G., Vauterin, L., Ward, A.C., Whitman, W.B., “Report of the ad hoc committee for the re119 evaluation of the species definition in bacteriology”, *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*, 52: 1043-1047 (2002).

Stackebrandt, E., Rainey, F.A., Ward-Rainey, N.L. "Proposal for a new hierarchic classification system, Actinobacteria classis nov.", *Int J Syst Bacteriol*, 47: 479-491 (1997).

Staley, J.T., "The phylogenomic species concept", *Microbiology Today*, 36: 80-83 (2009).

St-Onge R., Goyer C., Coffin R., Fillion M., "Genetic diversity of *Streptomyces* spp. causing common scab of potato in eastern Canada", *Syst Appl Microbiol*, 31(6): 474-484 (2008).

Strohl, W.R., "Antimicrobials. In Microbial Diversity and Bioprospecting", *ASM Press*, 336-355 (2004).

Sukapure, R.S., Lechevalier, M.P., Reber, H., Higgins, M.L., Lechevalier, H.A., Prauser, H., "Motile nocardoid *Actinomycetales*", *Appl. Microbiol.*, 19: 527-533 (1970).

Taechowisan, T., Peberdy, J.F., Lumyong, S., "Isolation of endophytic actinomycetes from selected plants and their antifungal activity", *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 19(4): 381-385 (2003).

Taillardat-Bisch, A.V., Raoult, D., Drancourt, M., "RNA polymerase β -subunit-based phylogeny of Ehrlichia spp., Anaplasma spp., Neorickettsia spp. and Wolbachia pipientis", *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 53(2): 455-458 (2003).

Taipale, S., Jones, R.I., Tiirola, M., "Vertical diversity of bacteria in an oxygen-stratified humic lake, evaluated using DNA and phospholipid analyses", *Aquatic Microbial Ecology*, 55(1): 1-16 (2009).

Tala, A., Wang, G., Zemanova, M., Akamoto, S., Ochi, K., Alifano, P., "Activation of dormant bacterial genes by *Nonomuraea* sp. Strain ATCC 39727 mutant-type RNA polymerase", *J. Bacteriol.*, 191(3): 805-814 (2009).

Tamaoka, J., Katayama-Fujimura, Y., Kuraishi, H., "Analysis of bacterial menaquinone mixtures by high performance liquid chromatography", *J Appl Bacteriol*, 54: 31-36 (1983).

Tamehiro, N., Hosaka, T., Xu, J., Hu, H., Otake, N., Ochi, K., "Innovative approach for improvement of an antibiotic - overproducing industrial strain of *Streptomyces albus*", *Appl Environ Microbiol*, 69: 6412-7 (2003).

Tan, G.Y.A., Ward, A.C., Goodfellow, M., "Exploration of *Amycolatopsis* diversity in soil using genus-specific primers and novel selective media", *Syst Appl Microbiol*, 29: 557-569 (2006).

Tanaka, Y.T., Omura, S., "Agroactive compounds of microbial origin", *Annu Rev Microbiol*, 47: 57-87 (1993).

Tang, L., Yoon, Y.J., Choi, C.Y., Hutchinson, C.R. “Characterization of the enzymatic domains in the modular polyketide synthase involved in rifamycin B biosynthesis by *Amycolatopsis mediterranei*”, *Gene*, 216(2): 255-265 (1998).

Tang, S.K., Wang, Y., Guan, T.W., Lee, J.C., Kim, C.J., Li, W.J., “*Amycolatopsis halophila* sp. nov., a halophilic actinomycete isolated from a salt lake”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 60: 1073-1078 (2010).

Terkina, I.A., Parfenova, V.V., Ahn, T.S., “Antagonistic activity of actinomycetes of Lake Baikal”, *Applied Biochemistry and Microbiology*, 42(2): 173-176 (2006).

Thompson, C.C., Thompson, F.L., Vicente, A.C.P., “Identification of *Vibrio cholerae* and *Vibrio mimicus* by multilocus sequence analysis (MLSA)”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 58: 617-621 (2008).

Trevisan, V., “I Generi e le Specie delle Batteriacee”, *L. Zanaboni e Gabuzzi, Milano*, 34 (1889).

Trujillo, M.E., Fernández-Molinero, C., Velázquez, E., Kroppenstedt, R.M., Schumann, P., Mateos, P.F., Martínez-Molina, E., “*Micromonospora mirobrigensis* sp. nov.”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 55: 877-880 (2005).

Trujillo, M.E., Goodfellow, M., “Polyphasic taxonomic study of clinically significant actinomadurae including the description of *Actinomadura latina* sp. nov.”, *Zentralblatt für Bakteriologie*, 285(2): 212-233 (1997).

Trujillo, M.E., Kroppenstedt, R.M., Schumann, P., Carrol, L., Martínez-Molina, E., “*Micromonospora coriariae* sp. nov., isolated from root nodules of *Coriaria myrtifolia*”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 56: 2381-2385 (2006).

Tseng, M., Yang, S.F., Hoang, K.C., Liao, H.C., Yuan, G.F., Liao, C.C., “*Actinomadura miaoliensis* sp. nov., a thermotolerant polyester-degrading actinomycete”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(3): 517-520 (2009).

Urbach, E., Vergin, K.L., Young, L., Morse, A., Larson, G.L., Giovannoni, S.J., “Unusual bacterioplankton community structure in ultra-oligotrophic Crater Lake”, *Limnology and Oceanography*, 46(3): 557-572 (2001).

URL-1: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/amycolatopsis.html> (2017).

URL-10: <http://eztaxon-e.ezbiocloud.net> (2016).

URL-11: <http://plaza.snu.ac.kr/~jchun/phydit> (2016).

URL-2: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/actinomadura.html> (2017).

URL-3: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/cellulosimicrobium.html> (2017).

URL-4: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/glycomyces.html> (2017).

URL-5: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/micromonospora.html> (2017).

URL-6: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/nocardia.html> (2017).

URL-7: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/nonomuraea.html> (2017).

URL-8: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/oerskovia.html> (2017).

URL-9: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (LPSN) <http://www.bacterio.net/streptomyces.html> (2017).

Van der Gucht, K., Vandekerckhove, T., Vloemans, N., Cousin, S., Muylaert, K., Sabbe, K., Gillis, M., Declerck, S., Meester, L., Vyverman, W., “Characterization of bacterial communities in four freshwater lakes differing in nutrient load and food web structure”, *FEMS Microbiology Ecology*, 53(2): 205-220 (2005).

Vandamme, P., Pot, B., Gillis, M., De Vos, P., Kersters, K., Swings, J., “Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics”, *Microbiological reviews*, 60(2), 407-438 (1996).

Veyisoğlu, A., “Karadeniz Dip Sedimentinin Aktinobakteri Biyoçeşitliliğinin Belirlenmesi ve Polifazik Karakterizasyonu”, Doktora tezi, *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Samsun, 2014.

Vobis, G., “The genus Actinoplanes and related genera”, In *The Prokaryotes*, Springer New York, 623-653 (2006).

Volokhov, D.V., Neverov, A.A., George, J., Kong, H., Liu, S.X., Anderson, C., Davidson M.K., Chizhikov, V., “Genetic analysis of housekeeping genes of members of the genus *Acholeplasma*: phylogeny and complementary molecular markers to the 16S rRNA gene”, *Mol Phylogen Evol*, 44(2): 699-710 (2007).

Waksman, S.A., “Principles of soil microbiology”, Williams and Wilkins Co., *Baltimore*, Md, (1927).

Walsh, D.A., Baptiste, E., Kamekura, M., Doolittle, W.F., “Evolution of the RNA polymerase B9 subunit gene (rpoB9) in Halobacteriales: a complementary molecular marker to the SSU rRNA gene”, *Mol Biol Evol*, 21: 2340-2351 (2004).

- Wang, Y.X., Zhi, X.Y., Chen, H.H., Zhang, Y.Q., Tang, S.K., Jiang, C.L., Xu, L.H., Li, W.J., "Actinomadura alba sp. nov., isolated from soil in Yunnan, China", *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(8): 1735-1739 (2007).
- Ward, A.C., Bora, N., "Diversity and biogeography of marine actinobacteria", *Curr Opin Microbiol*, 9: 279-286 (2006).
- Warnecke, F., Sommaruga, R., Sekar, R., Hofer, J.S., Pernthaler, J., "Abundances, identity, and growth state of actinobacteria in mountain lakes of different UV transparency", *Applied and Environmental Microbiology*, 71(9): 5551-5559 (2005).
- Watanabe, K., Teramoto, M., Harayama, S., "An outbreak of nonflocculating catabolic populations caused the breakdown of a phenol-digesting activated-sludge process", *Applied and Environmental Microbiology*, 65(7): 2813-2819 (1999).
- Watanabe, Y., Shinzato, N., Fukatsu, T., "Isolation of actinomycetes from termite guts", *Biosci Biotechnol Biochem*, 67, 1797-1801 (2003).
- Watve, M.G., Tickoo, R., Jog, M.M., Bhole, B.D., "How many antibiotics are produced by the genus *Streptomyces*?", *Arch Microbiol*, 176: 386-390 (2001).
- Wayne, L.G., Brenner, D.J., Colwell, R.R., Grimont, P.A.D., Kandler, O., Krichevsky, M.I., Moore, L.H., Moore, W.E.C., Murray, R.G.E., Stackebrandt, E., Starr, M.P., Trüper, H.G., "Report of the ad hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics", *Int J Syst Bacteriol*, 37: 463-464 (1987).
- Wellington, E.M.H., Stackebrandt, E., Sanders, D., Wolstrup, J., Jorgensen, N.O.G., "Taxonomic status of Kitasatosporia, and proposed unification with *Streptomyces* on the basis of phenotypic and 16S rRNA analysis and emendation of *Streptomyces Waksman* and *Henrici* 1943, 339AL", *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 42(1): 156-160 (1992).
- Williams, P.G., "Panning for chemical gold: marine bacteria as a source of new therapeutics", *Trends Biotechnol*, 27(1): 45-52 (2008).
- Williams, S.T., Goodfellow, M., Alderson, G., "Genus *Streptomyces* Waksman and *Henrici*, 1943" 339AL. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe, J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins, 4: 2452-2492 (1989).
- Williams, S.T., Goodfellow, M., Alderson, G., Wellington, E.M.H., Sneath, P.H.A., Sackin, M.J., "Numerical classification of *Streptomyces* and related genera", *J Gen Microbiol*, 129: 1743-1813 (1983).
- Wilson, D., "Biochemistry and genetics of actinomycete cellulases", *Critical Reviews in Biotechnology*, 12: 45-63 (1992).

Wink, J., Kroppenstedt, R.M., Seibert, G., Stackebrandt, E., “*Actinomadura namibiensis* sp. nov.”, *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 53(3): 721-724 (2003).

Wink, J.M., Kroppenstedt, R.M., Ganguli, B.N., Nadkarni, S.R., Schumann, P., Seibert, G., Stackebrandt, E., “Three new antibiotic producing species of the genus *Amycolatopsis*, *Amycolatopsis balhimycina* sp. nov., *A. tolypomycina* sp. nov., *A. vancoresmycina* sp. nov., and description of *Amycolatopsis keratiniphila* subsp. *keratiniphila* subsp. nov. and *A. keratiniphila* subsp. *nogabecina* subsp. nov.”, *Systematic and Applied Microbiology*, 26(1): 38-46 (2003a).

Woese, C.R., “Bacterial evolution”, *Microbiological reviews*, 51(2): 221 (1987).

Wu, X., Xi, W., Ye, W., Yang, H., “Bacterial community composition of a shallow hypertrophic freshwater lake in China, revealed by 16S rRNA gene sequences”, *FEMS Microbiology Ecology*, 61(1): 85-96 (2007).

Xin, Y., Huang, J., Deng, M., Zhang, W., “Culture-independent nested PCR method reveals high diversity of actinobacteria associated with the marine sponges *Hymeniacidon perleve* and *Sponge* sp.”, *Antonie van Leeuwenhoek*, 94: 533-542 (2008).

Xu, J., Mahmud, T., Floss, H.G., “Isolation and characterization of 27-O-demethylrifamycin SV methyltransferase provides new insights into the post-PKS modification steps during the biosynthesis of the antitubercular drug rifamycin B by *Amycolatopsis mediterranei* S699”, *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 411(2): 277-288 (2003).

Xu, Y., He, H., Schulz, S., Liu, X., Fusetani, N., Xiong, H., Xiao, X., Qian, P.Y., “Potent antifouling compounds produced by marine *Streptomyces*”, *Bioresour Technol*, 101(4): 1331-1336 (2010).

Yamamoto, S., Harayama, S., “PCR Amplification and Direct Sequencing of *gyrB* Genes with Universal Primers and Their Application to the Detection and Taxonomic Analysis of *Pseudomonas putida* Strains”, *Applied and Environmental Microbiology*, 61: 1104-1109 (1995).

Yanofsky, C., Platt, T., Crawford, I., Nichols, B., Christie, G., Horowitz, H., Van Cleemput, M., Wu, A., “The complete nucleotide sequence of the tryptophan operon of *Escherichia coli*”, *Nucleic Acids Res*, 9:6647-6668 (1981).

Yassin, A.F., Haggenei, B., Budzikiewicz, H., Schaal, K.P., “Fatty-acid and polar-lipid-composition of the genus *Amycolatopsis*—application of fast-atom bombardment mass-spectrometry to structure-analysis of underivatized phospholipids”, *International Journal of Systematic Bacteriology*, 43: 414-420. (1993).

Yassin, A.F., Schaal, K.P., Brzezinka, H., Goodfellow, M., Pulverer, G., “Menaquinone patterns of *Amycolatopsis* species”, *Zentralbl Bakteriol*, 274: 465-470 (1991).

Yassin, A.F., Spröer, C., Siering, C., Klenk, H.P., “*Actinomadura sputi* sp. nov., isolated from the sputum of a patient with pulmonary infection”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 60(1): 149-153 (2010).

Zalkin, H., Yanofsky, C., “Yeast gene TRP5: structure, function, regulation”, *Journal of Biological Chemistry*, 257(3): 1491-1500 (1982).

Zeder, M., Peter, S., Shabarova, T., Pernthaler, J., “A small population of planktonic Flavobacteria with disproportionately high growth during the spring phytoplankton bloom in a prealpine lake”, *Environmental microbiology*, 11(10): 2676-2686 (2009).

Zhang, Z., Kudo, T., Nakajima, Y., Wang, Y., “Clarification of the relationship between the members of the family *Thermomonosporaceae* on the basis of 16S rDNA, 16S-23S rRNA internaltranscribed spacer and 23S rDNA sequences and chemotaxonomicanalyses”, *Int J Syst Evol Microbiol*, 51: 373-383 (2001).

Zhang, Z., Wang, Y., Ruan, J., “A proposal to revive the genus *Kitasatospora* (Omura, Takahashi, Iwai, and Tanaka 1982)”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 47(4): 1048-1054 (1997).

Zhang, Z., Wang, Y., Ruan, J., “Reclassification of *Thermomonospora* and *Microtetraspora*”, *Int J Syst Bacteriol*, 48: 411-422 (1998).

Zhi, X.Y., Li, W.J., Stackebrandt, E., “An update of the structure and 16S rRNA gene sequence-based definition of higher ranks of the class Actinobacteria, with the proposal of two new suborders and four new families and emended descriptions of the existing higher taxa”, *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(3): 589-608 (2009).

Zwart, G., Crump, B.C., Kamst-van Agterveld, M.P., Hagen, F., Han, S.K., “Typical freshwater bacteria: an analysis of available 16S rRNA gene sequences from plankton of lakes and rivers”, *Aquatic Microbial Ecology*, 28(2): 141-155 (2002).

EKLER

EK-1: Seçici İzolasyon Besiyerleri

EK-2: Kültür Ortamları

EK-3: Çözeltilerin Bileşimi

EK-4: Yeni Tür Olma İhtimali Bulunan İzolatların Nükleotit Dizileri



EK-1 SEÇİCİ İZOLASYON BESİYERLERİ

1. Marine Agar Difco 2216 (Buck ve Cleverdon, 1960)

Marine AgarMedium		Antibiyotikler
Marine Broth	37,4 g	
Agar	27 g	
ddH ₂ O	1000 ml	Cycloheximide (50µg/ml)
pH	7,3	

2. HV Medium (Taechowison ve ark., 2003)

HVMedium		Antibiyotikler
Hümik Asit	1g	
Na ₂ HPO ₄	0,5g	
KCl	1.71g	0,12g NaOH 15 ml suda çözülür.
CaCO ₃	0,05g	1,6g Hümik asit ilave edilir.
FeSO ₄	0,01g	B vitamini
MgSO ₄ .7H ₂ O	0,02g	Cycloheximide (50µg/ml)
Agar	18g	Nalidixic Asit (10µg/ml)
ddH ₂ O	1000ml	
pH	7,2	

3. M1 Agar (Mincer ve ark., 2002)

M1 Medium		Antibiyotikler
Starch	0.466g	
Yeast Extract	0.732g	
Peptone	0.01g	Cycloheximide (50µg/ml)
Agar	0.29g	Rifampicin (5µg/ml)
Deniz suyu	0.1g	
ddH ₂ O	1000 ml	
pH	7,2	

EK-1 (Devam): Seçici İzolasyon Besiyerleri**4. (SM1) Stevenson's Medium Hazırlanması:**

67 g Yeast Nitrogen Base ve 100 mg Casamino Acid, 1 litre ddH₂O'da çözündü ve çözelti 0.22 µm nitrocellulose filtreden geçirilerek sterilizasyon sağlandı.

10X Stevenson's Medium yapmak için, yukarıdaki çözeltinin 800 ml'sine steril edilmiş 200 ml dipotasyum hidrojenfosfat (10% w/v) eklendi.

% 10'luk K₂HPO₄ Çözeltisi:

Bu çözelti, Stevenson's besiyeri hazırlanırken kullanılmıştır.

K₂HPO₄	10 g
Saf su	100 ml

1X Stevenson's Medium yapmak için, 10X SM'nin 100 ml'si 900 ml steril erimiş agara (% 1.5, w/v) ilave edildi. SM1 için D(+) Sorbitol (% 1w/v) hazırlandı. Stevenson's agar medium (1x) +D-sorbitol (% 1, w/v) + neomycin sulphate (4 µg/ml).

5. (SM2) Stevenson's Medium Hazırlanması:

67 g Yeast Nitrogen Base ve 100 mg Casamino Acid, 1 litre ddH₂O'da çözünür ve çözelti 0.22 µm nitrocellulose filtreden geçirilerek sterilizasyon sağlanır.

10X Stevenson's Medium yapmak için, yukarıdaki çözeltinin 800 ml'sine steril edilmiş 200 ml dipotasyum hidrojenfosfat(% 10, w/v) eklendi.

1X Stevenson's Medium yapmak için, 10X SM'nin 100 ml'si 900 ml steril erimiş agara (% 1.5, w/v) ilave edildi. SM2 için D(+) Melezitose (% 1w/v) hazırlandı. Stevenson's agar medium (1x) +D-melezitose (% 1, w/v) + neomycin sulphate (4 µg/ml).

EK-1 (Devam): Seçici İzolasyon Besiyerleri**6. SM3 Medium-Gauze's medium (Tan ve ark., 2006)**

SM3 Medium		Antibiyotikler
Glikoz	10 g	Rifampicin($5\mu\text{g/ml}^{-1}$) Nystatin ($50\mu\text{g/ml}^{-1}$) Nalidixic acid($10\mu\text{g/ml}^{-1}$)
Pepton	5 g	
Tripton	3 g	
Agar	15 g	
ddH ₂ O	1000 ml	
pH	7.2	

7. Nocardia Agar (Sanglier ve ark., 1992)

Nocardia Medium		Antibiyotikler
Casamino asit	20 g	Rifampicin($5\mu\text{g/ml}^{-1}$) Nystatin ($50\mu\text{g/ml}^{-1}$)
Soluble starch	20 g	
Yeast extract	4 g	
Agar	15 g	
ddH ₂ O	1000 ml	
pH	7.2	

8. R2A Agar (Reasoner ve Geldreich, 1985)

R2A Medium		Antibiyotikler
Yeast	0,5g	Nystatin ($50\mu\text{g/ml}^{-1}$) Cycloheximide($50\mu\text{g/ml}$)
Pepton	0,5g	
Casamino asit	0,5g	
Glikoz	0,5g	
Nişasta	0,5g	
Na-pyruvate	0,3g	
K ₂ HPO ₄	0,3g	
MgSO ₄ .7H ₂ O	0,5g	
Agar	15g	
ddH ₂ O	1000ml	
pH	7.2	

EK-1 (Devam): Seçici İzolasyon Besiyerleri**9. Starch-Casein Agar (Küster ve Williams, 1964)**

Starch-Casein Medium		Antibiyotikler
Starch	10g	Nystatin (50µg/ml ⁻¹) Nalidixic acid(10µg/ml ⁻¹)
Casein	1g	
K ₂ HPO ₄	2g	
CaCO ₃	0.02g	
KNO ₃	2g	
NaCl	2g	
MgSO ₄ .7H ₂ O	0.05g	
FeSO ₄	0.01g	
Agar	15g	
ddH ₂ O	1000ml	
pH	7.2	

10. NBRC Medium 802 (Hamada ve ark., 2009)

NBRCMedium		Antibiyotikler
Polypeptone	10g	Cycloheximide(50µg/ml)
Yeast	2g	
MgSO ₄ .7H ₂ O	1g	
Agar	15g	
ddH ₂ O	1000ml	
pH	7,0	

EK-2 KÜLTÜR ORTAMLARI**Bennett's Agar (Jones, 1949)**

Gliserol	10 g
Yeast extract (Lab M)	1 g
Lab-lemco (Merck)	0.8 g
Bacto-casitone (Difco)	2 g
Trace salts solution	1 ml
Agar	15 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH:	7.2-7.3

Nutrient Agar

Nutrient broth	48 g
ddH ₂ O	1000 ml
Agar	18 g

Triptik Soy Agar (TSA)

Triptik soy broth	30 g
ddH ₂ O	1000 ml
Agar	18 g

Czapek's Agar (Medium 130, DSMZ Katalog; Waksman, 1950)

Sükroz	30 g
FeSO ₄ . 7H ₂ O	0.01 g
KCl	0.5 g
K ₂ HPO ₄	1 g
MgSO ₄ . 7H ₂ O	0.5 g
NaNO ₃	3 g
ddH ₂ O	1000 ml
Agar	18 g
pH	7.2-7.3

EK-2 (Devam): Kùltür Ortamları**Yeast Extract-Malt Extract Agar (ISP 2) (Shirling ve Gottlieb, 1966)**

Glukoz	4 g
Bacto-Yeast Extract (Difco)	4 g
Bacto-Malt Extract (Difco)	10 g
Agar	15 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH	7.2

Oatmeal Agar (ISP 3) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Oatmeal	20 g
Trace salt solution	1 ml
Agar	15 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH	7.2

İnorganik Tuz-Niřasta Agar (ISP 4) (Shirling veGottlieb, 1966)

Çözünür Niřasta (Soluble Starch, BDH)	10 g
K ₂ HPO ₄	1 g
MgSO ₄ · 7H ₂ O	1 g
NaCl	1 g
(NH ₄) ₂ SO ₄	2 g
CaCO ₃	3 g
Trace Salt Solution	1 ml
Agar	15 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH	7.2

EK-2 (Devam): Kùltür Ortamları**Pepton-Yeast Extract Iron Agar (ISP 6) (Shirling ve Gottlieb, 1966)**

Pepton-Iron Agar	36 g
Yeast extract	1 g
ddH ₂ O	1000 ml

Gliserol-asparajin Agar (ISP 5) (Pridham ve ark., 1958)

L-asparajin	1 g
Gliserol	10 g
K ₂ HPO ₄	1 g
Trace salts solution	1 ml
Agar	20 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH	7.2

Tyrosine Agar (ISP 7) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Gliserol	15 g
L-tyrosine (Difco)	0.5 g
L-asparagine (Difco)	1 g
K ₂ HPO ₄	0.5 g
MgSO ₄ · 7H ₂ O	0.5 g
NaCl	0.5 g
FeSO ₄ · 7H ₂ O	0.01 g
Trace salts solution	1 ml
Agar	15 g
ddH ₂ O	1000 ml
pH:	7.2

EK-2 (Devam): Kùltür Ortamları**N-Z-Amine Agar (Medium 554, DSMZ Katolog)**

Glikoz	10 g
Niřasta	20 g
Yeast extract	5 g
N-Z-Amine	5 g
CaCO ₃	1 g
ddH ₂ O	1000 ml
Agar	18 g
pH	7.2

GPHF Agar (Medium 553, DSMZ Katolog)

Glikoz	10 g
Peptone from Casein	5 g
Yeast extract (Oxoid)	5 g
Beef extract (Oxoid)	5 g
CaCl ₂ .2H ₂ O	0.74 g
ddH ₂ O	1000 ml
Agar	15 g
pH	7.2

Azot Kaynađı Kullanım Ortamı (Williams ve ark., 1983)

Glikoz	10 g
MgSO ₄ . 7H ₂ O	0,5 g
NaCl	0,5 g
FeSO ₄ . 7H ₂ O	0,01 g
K ₂ HPO ₄	1 g
Saf su	1000 ml
Agar	10 g
pH:	7,4

EK-2 (Devam): Kùltür Ortamları**Karbon Kaynağı Kullanım Ortamı (Shirling ve Gottlieb, 1966)**

(NH ₄) ₂ SO ₄	2,64 g
KH ₂ PO ₄	2,38 g
K ₂ HPO ₄	5,65 g
MgSO ₄ . 7H ₂ O	1 g
Pridham ve Gottlieb's Trace Salts Solution	1 ml
Saf su	1000 ml
Agar	15 g
pH:	6,8-7,0

% 0,5' lik Nutrient Agar (Williams ve ark., 1983)

Antimikrobiyal aktivite testinde, test patojeni olarak kullanılan organizmaların gelişmeleri için kullanılan kùltür ortamıdır.

Nutrient agar (Oxoid)	5 g
Saf su	1000 ml

Degredasyon Testi Ortamları

Adenin (% 0,5, w/v), elastin (% 0,3, w/v), kazein (% 1,0, w/v), hipoksantin (% 0,4, w/v), guanin (% 0,05, w/v), L-tirozin (% 0,5, w/v), ksantin (% 0,4, w/v), xylan (% 0,4, w/v) ve jelatin (% 0,4, w/v) degradasyonu için bazal ortam olarak Bennett's Agar (Jones, 1949) kullanıldı. Her bir madde tinalizasyon ile steril edildikten sonra otoklavla 121 °C'de 15 dk. steril edilmiş olan Bennett's Agar ortamına aseptik olarak koşullarda ilave edildi.

Tween80 (Polysorbate-80; % 1, w/v) degradasyonu için Nash ve Krent (1991) pepton agar bazal ortamı kullanıldı. Tinalizasyon ile steril edilmiş Tween80 maddesi,

otoklavla steril edilmiş bazal ortama (Nash ve Krent, 1991) aseptik koşullar da ilave edildi.

Tween-20, Tween-80 degradesyonu (Nash ve Krent, 1991)

Pepton Agar

Pepton	10 g
Yeast Extract	5 g
NaCl	5 g
Glikoz	1 g
Saf su	1000 ml
Agar	15 g
pH	7.5

EK-3 ÇÖZELTİLERİN BİLEŞİMİ

Cycloheximide Stok Solüsyonu (50 µg/ml konsantrasyonunda)

Cycloheximide (50 µg/ml) fungusların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır. 100 ml saf su içerisinde 2 g cycloheximide çözüldü. Cycloheximide çözeltisi steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı.

Nystatin Stok Solüsyonu (50 µg/ml konsantrasyonunda)

Nystatin (50 µg/ml) izolasyon besiyerlerine istenmeyen bazı mikroorganizmalarının üremesini engellemek için katılmıştır. 100 ml saf su içerisinde 2 g nystatin çözüldü. Nystatin çözeltisi, steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı.

Rifampicin Stok Solüsyonu (5 µg/ml konsantrasyonunda)

Rifampicin (0.5 µg/ml), nişasta-kazein agar (Küster ve Williams, 1964) izolasyon ortamına istenmeyen bazı mikroorganizmalarının üremesini engellemek için konulmuştur. 100 ml saf su içerisinde 0.2 g rifampicin çözüldü. Rifampicin çözeltisi, steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı.

Nalidixic Acid Stok Solüsyonu (10 µg/ml konsantrasyonunda)

Nalidixic asit (10 µg/ml) istenmeyen mikroorganizmaların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır. 100 ml saf su içerisinde 0.4 g cycloheximide çözüldü. Nalidixic asit çözeltisi steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı.

Neomycin Sülfat Stok Solüsyonu (4 µg/ml konsantrasyonunda)

Neomycin sülfat (4 µg/ml) istenmeyen mikroorganizmaların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır. 100 ml saf su içerisinde 0.16 g cycloheximide çözüldü. Neomycin sülfat çözeltisi steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı.

Ringer Çözeltisi:

Ringer çözeltisi (Oxoid)	1 tablet
ddH ₂ O	500 ml

K₂HPO₄ Çözeltisi:

K ₂ HPO ₄	20 g
ddH ₂ O	100 ml

Gliserol Stok Çözeltisi (Wellington ve Williams, 1978)

Gliserol	25 ml
ddH ₂ O	75 ml

Trace Salt Solution (Shirling ve Gottlieb, 1966)

FeSO ₄ . 7H ₂ O	0.1 g
MnCl ₂ . 4H ₂ O	0.1 g
ZnSO ₄ . 7H ₂ O	0.1 g
ddH ₂ O	100 ml

Pridham ve Gottlieb's Trace Salts Solution (Shirling ve Gottlieb, 1966)

CuSO ₄ . 5H ₂ O	0.64 g
FeSO ₄ . 7H ₂ O	0.11 g
MnCl ₂ . 4H ₂ O	0.79 g
ZnSO ₄ . 7H ₂ O	0.15 g
ddH ₂ O	100 ml

0.5 M EDTA, pH: 8

EDTA(Merck)	186.1 g
ddH ₂ O	1000 ml

1 M Tris, pH: 8

Tris (Merck)	121.1 g
ddH ₂ O	1000 ml

TE tamponu, pH: 8

0.5 M EDTA, pH 8 (Merck)	2 ml
1M Tris, pH: 8	10 ml
ddH ₂ O	1000 ml

Lizozim (50 µg/ml)

Lizozim (Sigma)	500 mg
Tris, 1 mM EDTA, pH 8)	10 ml

Proteinaz K (2 mg/ml)

Proteinaz K (AppliChem)	2 mg
TE tamponu	10 ml

7.5 M Amonyum asetat

Amonyum asetat (AppliChem)	57.81 g
ddH ₂ O	100 ml

Guanidin thiosiyanat solüsyonu

Guanidine thiosiyanat (AppliChem)	60 g
ddH ₂ O (otoklav edilmiş)	20 ml
0.5 M EDTA, pH: 8	20 ml

Kloroform-izo-amil alkol (24:1 v/v)

Kloroform (Merck)	24 ml
İzo-amil alkol (Merck)	1 ml

% 70'lik etanol

% 100'lük alkol	70 ml
ddH ₂ O (otoklav edilmiş)	30 ml

RNAaz (10 mg/ml)

RNAaz (AppliChem)	10 mg
TE tamponu	10 ml

8 M LiCl₂

LiCl ₂ (Merck)	33.912 g
ddH ₂ O	100 ml

TBE Tamponu (Tris-Borik asit-EDTA; 10x, pH 8)

Tris	121.10 g
Borik asit (Merck)	61.83 g
EDTA (susuz)	5.84 g
ddH ₂ O	1000 ml

1XTBE, pH: 8

10XTBE tamponu	50 ml
ddH ₂ O	450 ml

Etidyum Bromür (10 mg/ml stok)

Etidyum bromür (Sigma)	100 mg
ddH ₂ O	10 ml

Brom fenol mavisi (Yükleme Tamponu)

Brom fenol mavisi (AppliChem)	40 mg
Gliserol	5 ml
0.5 M EDTA	1.5 ml
ddH ₂ O	3.5 ml

EK-4: Yeni Tür Olma İhtimali Bulunan İzolatların Nükleotit Dizileri

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGATCCGGTTTCGGCCGG
 GGATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGA
 AACGGGGTCTAATACCGGATAGTACCTTCGGGCGCATGCCTGTTGGTGAAAGCTCCGGCGGTGCA
 GGATGGGCCCAGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCC
 GGCCTGAGAGGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
 GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTC
 GGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCT
 AACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAA
 GAGCTCGTAGGCGGCCTGTCGCGTCGGATGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTGCA
 TACGGGCAGGCTGGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATA
 TCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCG
 TGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGGTGGGCACTAGGTGTGGGC
 GGCATTCCACGTCGTCGTCGCGTAGCTAACGCATTAAGTGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAA
 GGCTAAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGAGCATGTGGCTTAATTCGACG
 CAACCGGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATACACCGGAAAACCGTGGAGACACGGTCCCCCTTGT
 GGTCGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
 ACGAGCGCAACCCCTGTCTGTGTTGCCAGCACGCTCTTCGGGGTGGTGGGGACTCACGGGAGACT
 GCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTG
 CACACGTGTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGC
 CGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGAT
 CAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGT
 AACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTG
 GGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGC

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

CCCCTTCGACCAGCTCGAAGCCAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGTCTGAAGGTCGTCGACCTGCT
 CACCCCGTACGTCAAGGGCGGCAAGATCGGCCTGTTTCGGCGGCGGGGCGTCGGCAAGACCGTGTCT
 CATCCAAGAGATGATCATGCGTGTGGCCAAGCTGCACGAGGGCGTCTCGGTGTTTCGCCGGCGTCGG
 CGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGCGGAGATGGCCGAGTCCGGCGTGCTGCCGACAGC
 CGCGCTGGTCTTCGGGACAGATGGACGAGCCGCCGGGACCCGGCTGCGCGTCGCGCTGGCCGGTCT
 GCGATGGCGGAGTACTTCCGCGACGTGCAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTCATCGACAACATCTT
 CCGCTTACCCAGGCCGGTCCGAGGTCTCCACCCTGTGGGCCGATGCCCTCCGCGGTGGGCTAC
 CAGCCGAACCTGGCGGACGAGATGGGTCTGCTC

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTCGGCGTCTCGGTCGTGAACGCGCTCTCGACCCGCTGTGGTGGAGGTCAAGAC
 CGACGGCCACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTGGGCATCCCGACCGAGCCGCTGGCGCAGAACG
 AGGCGACGGACGAGACCGGCACCACGGTACGTTCTGGGCGGACGGCGACGTCTTCGAGACGACG
 GACTACTCGTTCGAGACGCTGTCCCGCCGCTTCCAGGAGATGGCGTTCCTCAACAAGGGCCTGACC
 ATCTCGTGACCGACGAGCGGGCGGGCGAAGCAGACCTCCGGCGCGGACA-----CCGCGGGCG-
 ACGAGGACGAGGACAAGGCGCGCAGCGTACGTACCACTACGAGGGCGGCATCTCCGACTTCGTAC
 GCCACCTGAACTCGCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTGGCACTCGGCGTGGGGGGCCTGCCGCGGGCCGCGTGGTGGAGGTGTACGGCCCGGAGTCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACGCTGCACGCGGTGGCCAACGCGCAGCGGGCCGGCGGCACCGTAGC
 GTTCATCGACGCGGAGCACGCCCTCGACCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTGCACATCGACTC
 CCTCATCTCTCCAGCCCCACAACGGCGAACAGGCGCTGGAGATCGCGGACATGCTCGTCCGCTC

CGGCGCGCTCGACCTGATCGTCATCGACTCGGTGCGGGCCCTCGTGCCGCGCGGAGATCGAGGG
 CGAGATGGGCGACTCCACGTCGGCCTGCAGGCCCGGCTGATGAGCCAGGCCCTGCGGAAGATCAC
 CAGCGCGCTGAACCAGTCGAAGACCACCGCGATCTTCATCAACCAGCTGCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTTCGGCTCGCCGAGACCACCACCGGAGGCAAGGCGCTG

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTGGCACTCGGGCTGGGGGGCCTGCCGCGGGCCGCGTGGTGGAGGTGTACGGCCCGGAGTCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACGCTGCACGCGGTGGCCAACGCGCAGCGGGCCGCGGCACCGTAGC
 GTTCATCGACGCGGAGCACGCCCTCGACCCGGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTGCACATCGACTC
 CCTCATCCTCTCCCAGCCCCGACAACGGCGAACAGGCGCTGGAGATCGCGGACATGTCTGTCCGCTC
 CGGCGCGTTCGACCTGATCGTCATCGACTCGGTGCGGGCCCTCGTGCCGCGCGGAGATCGAGGG
 CGAGATGGGCGACTCCACGTCGGCCTGCAGGCCCGGCTGATGAGCCAGGCCCTGCGGAAGATCAC
 CAGCGCGCTGAACCAGTCGAAGACCACCGCGATCTTCATCAACCAGCTGCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTTCGGCTCGCCGAGACCACCACCGGAGGCAAGGCGCTG

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCGAACATCGGCCTGATCGGCTCGCTCGCCTCGTACGGCCGGGTGAACGCGTTCGGCTTCATCG
 AGACCCCGTACCGCAAGGTGCTCGACGGCGTCTGACCGACGACGTGGACTACCTGACGGCCGACG
 AGGAGGACCGCTTCGTATCGCGCAGGCCAACGCGCCGCTGACGAACGACCTGCACTTCGCCGAGA
 ACCGCGTCTTGGTCCGCCGCCGCGGGCGGAGGTCGACTACATCCCCGGCGACGACGTGACTACA
 TGGACGTCTCGCCGCGCCAGATGGTGTCTGGTGCAGCCGCGATGATCCCGTTCCTGGAGCACGACG
 ACGCCAACCGCGCGCTCATGGGCTCGAACATGATGCGCCAGGCCGTGCCGCTGATCCGGGCCGAGG
 CCCCCTCGTCCGACCCGGCATGGAGTACCCTGCGCGGTGACGCCGGCGACGTCAATCAAGGCCG
 AGAAGGACGGCGTGGTCCAGGAGGTCTCCGCGGACTACGTCACCGTCCCAACGACGACGGCACCT
 ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC306 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTGGCCACCGCCACCGCCTGCGCCCTCCTCGGCCTGGAGTGCACCGTCTACATGGGC
 GAGATCGACACCGAGCGGCAGGCGCTCAACGTCGCCCGCATGCGGATCCTGGGCGCCGAGGTCGTC
 CCGGTGACGTCCGGCAGCCGCACCCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCGTTCGCGCATGGGTCCGCC
 AACGTCGAGCACACCCACTACCTTTCGGCACGGTTCGCGGGGCCGACCCCTTCCCCTCGCTCGTCC
 GGGACTTCCACCGGGTATCGGCATCGAGGCCCGGCGAGCAGCTGCTCGACCGCACCGGCCGATGC
 CCGACGCGGCCGTCGCCTGCGTCCGGCGGGCTCCAACGCCATCGGCCTTTCACGCCTTCTGCC
 CCACCCCGCCGTGCGCCTCGTCCGGTGCAGCCCGCCGGGCACGGCCTGACCAGCGGGCAGCACGC
 CGCGACCCTCAGCCTCGGCGACCCGGGATCCTGCACGGCTCCCGGTCTGATCGTGCAGGACGA
 GGACGGCCAGATCACCGAGCCGTAATCGATCTCCGCCGGCC

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

TCAGGACGAACGGCGGGCGGCTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAACCACTTCGGTGGGGAT
 TAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACG
 GGGTCTAATACCGGATAATACTTCCATTCTCCTGAGTGGAGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGAT
 GAGCCCGCGCCTATCAGCTTGGTGGTGGTAAAGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
 TGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
 GGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGATGACGGCCTTCGGGT
 TGTAACCCCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAAC
 TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAG
 CTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGGTTGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCAGTGCATAC
 GGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCA
 GGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGG
 GGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGGTGGGCACTAGGTGTGGGCAAC
 ATTCCACGTTGTCCGTGCCGACGCTAACGCATTAAGTGCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGC
 TAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAA

CGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATACGCCGAAAGCATCAGAGATGGTGCCCCCTTGTGGT
 CGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACG
 AGCGCAACCCTTGTCCCGTGTGGCAGCAACCTCTTCGGAGGGTTGGGGACTCACGGGAGACCGCC
 GGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAC
 ACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCCG
 GTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCA
 GCAGTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGTA
 ACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCAGCTTGTCTGGAGGGAGCGGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTG
 GGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCG

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCTTCGACCAGCTCGAGTCGAAGACCGAGATGTTTCGAGACGGGCCTGAAGGTGCTCGACCTTCT
 CACCCCGTACGTACGAGGCGGCAAGATCGGTCTGTTTCGGTGGCGCCGGTGTGCGCAAGACCGTGTCT
 GATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGGCCAAGCTGCACGAGGGCGTTTCCGCTTTCGCCGGCGTCCGG
 TGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGACGAGATGACCGAGTCCGGCGTGTGACAAGA
 CCGCGCTGGTCTTCGGCCAGATGGACGAGCCCCGGGCACCCGTCTGCGCGTGGCCCTGGCCGGTC
 TGACCATGGCGGAGTACTTCCGCGATGTGCAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTCATCGACAACATCTT
 CCGTTACCCAGGCCGGTTCGAGGTGTGACCCCTGCTCGGCCGATGCCGTCCGCGGTGGGCTAC
 CAGCCCAACCTCGCGGACGAGATGGGCCAGCTC

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTGGGTGTCTCCGTCGTGAACGCCCTGTCGAGCAAGGTCTCCGTCGAGATCAAGAC
 CGACGGTTATCGCTGGACGCAGGACTACAAGTTGGGGTCCCGACGGCCCCGCTTGCCAAGCACGA
 GGCCACGGACGAGCACGGCACCGTACCTTCTGGGCCGACCCGGACATCTTCGAGACCACCGA
 GTACTCCTTCGAGACGCTCTCGCGGCGTTCCAGGAGATGGCGTTCCTCAACAAGGGGCTGAGGAT
 CAACCTCACCGACGAGCGGAGTCGGCGAAGGCCACAGCCGGGGCGGACGAGGCGGGCGAGGACG
 AGAAGCACGAGGTCAAAAGCGTCTCGTACCACTACGAGGGCGGCATCGTCGATTTCTGTAAGTACC
 TCAACTCCCCGAA

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTAGCGCTCGGCGTCCGGCCGATCCCCGCGCGCCGAGTGGTGGAGGTGTACGGACCGGAATCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACCCTGCACGCGGTGGCGAACGCGCAGAAGGCCGCGGTCAGGTGGC
 GTTCGTGGACGCGGAACACGCCCTCGACCCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTGCACATCGACAA
 CCTGATCCTGTCCAGCCGACAACGGCGAGCAGGCCCTGGAATCGTGGACATGCTCGTCCGCTC
 CGGCGCCCTCGACCTCATCGTCATCGACTCCGTCGCCGCCCTCGTGCCGCGCGCGGAGATCGAGGG
 CGAAATGGGCGACTCACACGTGGGCCTCCAGGCCCGCCTGATGAGCCAGGCCCTCCGGAAGATCAC
 CAGCGCACTCAACCAGTCCAAGACCACCGCGATCTTCATCAACCAGCTGCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTCCGGCTCCCCGAGACCACGACCGGTGGC-CGGGCGCTG

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCCGAACATCGGCCCTGATCGGCTCGCTCGCCTCGTACGGCCGGGTCAACGCGTTCGGCTTCGTCG
 AGACGCCGTACCGCCGGGTACCGACGGTTTCGTCACCGACGAGGTGCGACTACCTGACCGCCGACG
 AGGAAGACCGCTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCGCCGCTGTGCGACGACATGCGGTTTCGAGGAGT
 CCCGCGTGTGTTTCGCCGCCGTGGTGGCGAGGTGCGACTACGTCCCCGGTGACGACGTCGACTACA
 TGGACGTCTCCCCGCGCCAGATGGTGTGCGTGCAGCCGCATGATCCCGTTCCTCGAGCACGACG
 ACGCCAACCGTGGCCCTCATGGGCGCGAACATGATGCGTCAGGCCGTGCCGCTGATACCGCCGAGG
 CCCCCCTCGTCCGTACGGGCATGGAGTACCGCTGCGCCGTGACGCGCGGTGACGTCATCAAGGCCG
 AGAAGGCGGGTGTGGTCCAGGAGGTCTCCGCGGACTACGTCACGGTCCGCAACGACGACGGCACGT
 ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC419 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTCGCGACCGCCACCGCCTGCGCGCTCTTCGGCCTCGAGTGCACCATCTACATGGGC
 GAGATCGACACCCAGCGGCAGGCCCTCAACGTCGCCCGGATGCGCATGCTCGGGCGCCGAGGTCATC
 GCCGTGAAGTCCGGCAGCCGGACCCCTCAAGGACGCCATCAACGAGGCGTTCCGCGACTGGGTGCGC
 AACGTCGAGCACACGCACTACCTGTTCCGGGACCGTGGCAGGCCCGCATCCCTTCCCCGCGATGGTG
 CGCGACTTCCACCGCGTCATCGGCGTCGAGGGCCAGGCGGCAACTCCTGGAGCGCGCCGGACGCCTC
 CCCGACGCAGCCATCGCCTGCGTCGGCGGTGGCTCGAACGCCATCGGCCTGTTCCACGCGTTCATCC
 CCGACACGGACGTACGCCTCATCGGCTGCGAACCGGCCGGCCACGGCGTCGAGACCGGCGAGCAC
 GCGGCCACCCTACCGCCGGTGAGCCGGGCATCTGCACGGTTCGAGGAGTTACGTACTCCAGGAC
 GAGGAAGGCCAGATCACCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGG

>*Streptomyces* sp.YC504izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGGACGAACGCTGGCGGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAACCGCTTTCGGGCGGGGA
 TTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAAC
 GGGGTCTAATAACCGGATAACACCTGCTGCCTCATGGCAGCAGGTTAAAAGCTCCGGCGGTGAAGGA
 TGAGCCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGC
 CTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
 GGAATATTGCACAATGGGCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGG
 GTTGTAACCTCTTTACAGCAGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAA
 CTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGAATTATTGGGCGTAAAGA
 GCTCGTAGGCGGCCAGTCGCGTCGGGTGTGAAAGACCGGGGCTTAACCCCGTTCTGCATTGATA
 CGGGCTGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
 AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTG
 GGGAGCGAACAGGATTAGATACCTTGGTAGTCCACGCCGTAACGGTGGGAAGTGGTGTGGCGA
 CATTCCACGTCGTCGGTGCAGTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGG
 CTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCA
 ACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATCACCCGAAAGCATTAGAGATAGTCCCCCTTGTGG
 TCGGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAAC
 GAGCGCAACCCTTGTCCCGTGTGCCAGCAACTCCTTCGGAGTGTGGGGACTCACGGGAGACCGC
 CGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCA
 CACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATAACCGCAAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCCG
 GTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCA
 GCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGCCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGTA
 ACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGACCAGCGATTGG
 GACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGGT

>*Streptomyces* sp.YC504 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

GAACTTCGACGAGCTCGAGTCGAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGCGTCAAGGTCATCGACCTTCT
 CACCCCGTACGTCAAGGGTGGAAAGATCGGCCTGTTTCGGCGGTGCCGGCGTCGGCAAGACGGTGCT
 CATCCAGGAGATGATCTACCGCGTCGCCAACCAACCACGACGGTGTCTCCGTGTTCCCGGTGTCGGT
 GAGCGACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGAGGAGATGTCGGAGTCCGGCGTCATCGACAAGAC
 CGCGCTTGTGTTTCGGTCAGATGGATGAGCCCGGGCACCCGCTCTTCGCGTGCCCTTGGCCGTCTG
 ACCATGGCGGAGTACTTCCGCGATGTGAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTTCATCGACAACATCTTCC
 GCTTACGCAGGCCGGTCCGAGGTCTCGACCCTGCTCGGCCGTATGCCCTCCGCGGTGGGCTACCA
 GCCGAACCTGGCCGACGAGATGGGTCTCCTC

>*Streptomyces* sp.YC504 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGTGTGCGGCTCTCCGTGGTGAACGCGCTGTCGTCCAAGCTCTCCGTGAGATCAGGACC
 GACGGGCACCGCTGGACGCAGGACTACAAGGCGGGCGCCCCGACCGCGCCGCTGGAGCGCCACGA
 GGCCACGACGGACTCCGGCACGTCCGGTACGTTCTGGGCCGACAGCGACATCTTCGAGACCACCGA
 GTACTCCTTCGAGACGCTGTGCGGGCGCTTCCAGGAGATGGCCTTCTCAACAAGGGCCTGACGATC
 AAGCTCACCGACGAGCGCGAGTCGGCGAAGGCCGTGACCGGCGCGGACACCGCCGACCGCCGCGGA

CGACGGCCAGGCCATGTCGGTCACGTACCACTACGAAGGCGGCATCGTCGACTTCGTGAAGTACCT
CAACTCGCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC504 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTCGCGCTCGGGCTCGGGCGGCATCCCGCGCGCCGTGTCGTGGAGGTGTACGGACCGGAGTCC
TCCGGTAAGACGACCCTCACGCTGCACGCGGTGGCCAAACGCCCAGCGGGCCGGCGGCCAGGTCGCG
TTCATCGACGCGGAGCACGCGCTCGACCCGGAGTACGCCAAGAAGCTCGGGCTCGACATCGACAAC
CTCATCCTGTCCCAGCCGACAAACGGTGAGCAGGCCCTCGAGATCGTCGACATGCTGGTCCGCTCC
GGCGCCCTCGACCTCATCGTCATCGACTCCGTCGCCGCGCTCGTGCCGCGTGCGGAGATCGAGGGC
GAGATGGGCGACAGCCACGTGGGTCTGCAGGCCCGTCTGATGTCCCAGGCGCTGCGGAAGATCACC
TCGGCGCTCAACCAGTCCAAGACCAGGGCGATCTTCATCAACCAGCTGCGCGAGAAGATCGGCGTG
ATGTTCCGGCTCGCCGGAGACCACGACCCGGTGGCCGCGCGCTC

>*Streptomyces* sp.YC504 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCGAACATCGGCCTGATCGGCTCGCTCGCTTCGTACGGCCGCATCAACCCGTTTCGGTTTCATCG
AGACGCCGTACCGCAAGGTTGTCGACGGCATCGTCACCGACGACGTCGACTACCTCACGGCCGACG
AGGAGGACCGATTTCGTCATCGCGCAGGCCAATGCGCCGCTGACGGACGACTTCCACTTCGAGGAGT
CCCCGTTTCTGGTCCGCCGTCGTGGCGGCGAGATCGACTACATCCCAGGCGACGACGTCGACTACA
TGGACGTCTCGCCGCGCCAGATGGTGTGGTTCGCGACCCGCGATGATCCCCTTCCTCGAGCACGACG
ACGCCAACCGCGCGTTCATGGGCTCCAACATGATGCGCCAGGCCGTCGCCGCTGATTAAGGCGGAGG
CGCCGCTGGTTCGCGACCCGGCATGGAGTACCGCTGTGCGGTTCGACGCCGGTGACGTCATCAAGGCCG
AGAAGGACGGTTCGTCCAGGAGGTCTCCGCCGACTACGTGACGGTGGCCAACGACGACGGCACGT
ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC504 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGTGTGCGCCACCGCCACCGCCTGTGCGCTCTTCGGCCTCGAATGCACCATCTACATGGGCG
AGATCGACACCCAGCGCCAGGCCCTGAACGTCGCCCAGTGCAGGATGCTCGGCGCCGAGGTCATCG
CCGTGAAGTCCGGTTCGCGCACGCTCAAGGACGCGGTGAACGAGGCCCTTCCGCGCCTGGGTGCGCA
ACGTCGAGGACACCCACTACCTGTTTCGGTACGGCCGCGGGTCCGCAACCCGTTCCCGGCGATGGTGC
GCGACTTCCAGCGGTCATCGGCGTCGAGGCACGCCGCAAATCCTGGAGCGCGCGGGACGCGCTGC
CCGACGCGGCCATCGCTGCGTTCGGCGGGGGCTCCAACGCGATCGGCCCTTCCACGCCTTCTCGA
CGACGCCGACGTACGGTTCATCGGCTGCGAGGCCGCGGCCACGGCGTCGACTCCGGCGAGCACGC
GGCCACGCTCACCGCGGGCGACCCCGCATCTCCACGGCTCGCGCTCGTACGTGATCCAGGACGA
GGAAGGCCAGATCATCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGCC

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

TCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGATCCGGTTTCGGCCGGGG
ATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAA
CGGGGTCTAATACCGGATATTACCTTTGGGCGCATGCCTGGGGGTGGAAAGCTCTGGCGGTGCAGG
ATGGGCCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGG
CCTGAGAGGGCGACCGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGAATATTGCAACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
GGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTA
ACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAG
AGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTTCGGATGTGAAAGCCCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTTCGAT
ACGGGCGAGGCTGGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATAT
CAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGT
GGGAGCAAACAGGATTAAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAACGGTGGGCACTAGGTGTGGGGCG
GCTATCCACGTCCGTCCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGTGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAG
GCTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTGGCTTAATTTCGACGC
AACCGGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATACCCGGAAGCCGTGGAGACACGGTCCCCCTTGTG
GTCGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAA

CGAGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCACGCCTTTCGGGGTGGTGGGGACTCACGGGAGACTG
 CCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGC
 ACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCC
 GGTCTCAGTTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATC
 AGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGT
 AACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCTTGTGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGG
 ACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGAAGGTGCGGCTG

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

CCCCTTCGACCAGCTCGAAGCCAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGTCTGAAGGTGCTGACCTGCT
 CACCCCGTACGTCAAGGGCGCAAGATCGGCCCTGTTTCGGCGGTGGGGCGTGGGCAAGACCGTGC
 CATCCAAGAGATGATCATGCGTGTGGCGAAGCTGCACGAGGGCGTCTCGGTGTTTCGCCGGCGTCGG
 CGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGCGGAGATGGCCGAGTCCGGCGTGTGCCGCAGAC
 CGCGCTGGTCTTCGGTCAGATGGACGAGCCGCCGGGCACTCGGCTGCGCGTCGCCCTGGCCGGTCT
 CACGATGGCGGAGTACTTCCGCGACGTGCAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTCATCGACAACATCTT
 CCGCTTACCCAGGCCGGTCTCGGAGGTCTCCACACTGCTGGGCCCATGCCCTCCGCGGTGGGCTAC
 CAGCCGAACCTCGCGGACGAGATGGGTCTGCTC

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTCCGGGTCTCGGTCTGAAACGCGCTCTCGTCACGCCTGTCCGGTGGAGGTGACGGAC
 CGACGGCCACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTGGGCATCCCGACCGAGCCGTGGCGCAGAACG
 AGGCGACGACGAGACCGGCACCACGGTACGTTCTGGGCGGACGGCGACATCTTCGAGACGACG
 GAAACTCGTTTCGAGACGCTGTGCGCGCCGTTCCAGGAGATGGCGTTCCTCAACAAGGGCCTGACC
 ATCTCGCTGACCGACGAGCGGGCGGGCGAAGCAGACCTCGGGCGCGGACA-----CCGCGGGCG-
 ACGAGGACGAGGACAAGGCGCGCAGCGTCACCTACTACTACGAGGGCGGAATCTCCGACTTCGTAC
 GCCACCTGAACTCGCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTGGCGCTCGGGTGGGGCGGCCTGCCGCGCGGCCGCGTGGTGGAGGTGTACGGCCCGGAGTCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACGCTGCACGCGGTGGCCAACGCCAGCGGGCCGGCGGCACGGTCCG
 GTTCGTCGACGCGAGCAGCCCTCGACCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGGCTCGACATCGACTC
 CCTCATCTCTCCAGCCCGACAACGGCGAACAGGCGCTGGAGATCGTGGACATGCTGGTCCGCTC
 CGGCGCGCTCGACCTGATCGTACGACTCGGTGCGGGCCCTCGTCCCGCGCGCGGAGATCGAGGG
 CGAGATGGGGGACTCGCACGTCGGCCTGCAGGCCCGGCTGATGAGCCAGGCCCTGCGGAAGATCAC
 CAGCGCGCTGAACCAGTCGAAGACCACCGCATCTTCATCAACCAGTTGCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTTCGGCTCGCCCGAGACCACCACCGGCGGCAAGGCGCTG

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCCGAACATCGGCCTGATCGGCTCGCTCGCCTCGTACGGCCGGGTCAACGCGTTCGGCTTCATCG
 AGACCCCGTACCGCAAGGTGCTCGACGGCGTGCACCGACGACGTGGACTACCTGACGGCCGACG
 AGGAGGACCGTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCGCGTACGAACGACCTGCACTTCGCCGAGA
 ACCGCGTGTCTGGTCCGCGCGGGCGGAGGTCGACTACATCCCGGGCGACGACGTCGACTACA
 TGGACGTCTCGCCGCGCCAGATGGTGTGGTGCACCGCGATGATCCCTTCCTGGAGCAGCAGC
 ACGCAACCGCGCGCTCATGGGCTCGAATGATGCGCCAGGCCGTGCCGCTGATCCGGGCCGAGT
 CCCCCTCGTCCGACCGGCATGGAGTACCGCTGCGCGGTGACGCGCGGTGACGTCATCAAGGCCG
 AGAAGGACGGCGTGGTCCAGGAGTCTCCGCGGACTACGTCACCGTGCACAACGACGACGGCACCT
 ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC512 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTGGCCACCGCCACCGCCTGCGCCCTCCTCGGCCTGGAGTGCACCGTCTACATGGGC
GAGGTGACACCGAGCGGCAGGCGCTCAACGTCGCCCGCATGCGGATCCTCGGGCGCCGAGGTCGT
CCGGTGAAGTCCGGCAGCCGCACGCTCAAGGACGCCATCAACGAGGCGTTCCGCGACTGGGTGCGC
AACGTCGAGCACACCCACTACCTCTTCGGCACGGTCGCGGGCCCCGCACCCCTTCCCCGCGCTCGTAC
GCGACTTCCACCGGTGATCGGCATCGAGGCCCCGCCAGCAGTTGCTCGACCGCACGGGCCGGATGC
CCGACGCGGCCGTGCGCTGTGTCGGCGGGCTCCAACGCCATCGGCCTTCCACGCCTTCCGTC
GCACCCCGCGGTGCGCCTCGTCGGCTGCGAGCCCCGCCGGGCACGGCCTGACCAGCGGCGAGCACGC
CGCCACCCTCAGCCTCGGCACCCCGGGATCCTGCACGGCTCCCGGTGCTACGTGCTGCAGGACGA
GGACGGCCAGATCACCGAGCCGTACTCGATCTCCGCCGGAC

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

CTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCCTTCGGGGTGG
TTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAAC
GGGGTCTAATAACCGGATAACACCCGCCGAGGCATCTCGGTGGGTAAAAGCTCCGGCGGTGCAGGA
TGAGCCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGC
CTGAGAAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGAAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
GGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTA
ACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAG
AGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTCCGATGTGAAAGCTCGGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTGATA
CGGGCAGGCTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTG
GGGAGCGAACAGGATTAGATACCTTGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGAAGTGGTGTGGCGA
CATTCCACGTGCTCGGTGCCGACGTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGG
CTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCA
ACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATAACCGAAACGGCCAGAGATGGTTCGCCCCCTTGTGG
TCGGTATACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAAC
GAGCGCAACCCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGTGGGGACTCACAGGAGACTGC
CGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCA
CACGTGCTACAATGGCCGGTACAAAGAGCTGCGAAGCCGTGAGGCGGAGCGAATCTAAAAAGCC
GGTCTCAGTTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATC
AGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCCGGCCTTGTACACACCGCCCCGTACGTCACGAAAGTCGGT
AACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTGG
GACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCT

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCTTCGACCAGCTCGAGTCCAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGCCTGAAGGTGGTTCGACCTTCT
CACCCCGTACGTCAAGGGTGGAAAGATCGGTCTGTTTCGGTGGTGCCGGTGTGCGGAAGACCGTGT
GATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGCGCAACCTCCACGAGGGCGTCTCCGTCTTCGCGGGTGTGCGT
GAGCGTACGCGTGAGGGCAACGACCTGATCGCGGAGATGGAGGAGTCCGGCGTCTCGACAAGAC
CGCGCTGGTCTTCGGCCAGATGGACGAGCCCCGGCACCCGTCTGCGCGTGCCTTGGCCGGTCT
GACCATGGCGGAGTACTTCCGCGATGTGAGAAGCAGGACGTGCTCTTCTTCATCGACAACATCTTC
CGGTTACCCAGGCGGTTCCGAGGTGTCCACCCTGCTCGGCCGTATGCCGTCCGCGGTGGGTTACC
AGCCGAACCTCGCCGACGAGATGGGTCTGCTC

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTTCGGCTCTCCGTGGTCAACGCGCTGTCCACCAAGGTCTCCGTGGAGATCAAGCGT
GACGGCTACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTCGGTGTCCCCACCGCCCCCTCGCCCGGCACGAG
GAGGTCGAGGACTCCGGCACGACCGTCACTTCTGGGCGGACCCGGACGTCTTCGAGACCACCGAC
TACTCCTTCGAGACGCTCGCCCGCGCTTCCAGGAGATGGCCTTCTCAACAAGGGCTGACCCCTGA
CGCTGACCGACGAGCGCGAGTCGGCCAAGGCGACGATGAACGCCGACGACCCGGACGCCGAGGCG

GCCGACGAGCAGCCGGCGGGACGGTGAAGTACCACTACGAGGGCGGCATCGTCGACTTCGTGAA
GTACCTCAACTCCCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTCGCCCTCGGGCTCGGGCGGCCTGCCGCGGGCCGCGTGGTGGAGGTCTACGGCCCCGAGTCC
TCCGGCAAGACGACCCTGACCCTGCACGCCGTCGCCAACGCCAGCGGGCCGGCGCCAGGTGGCC
TTCGTGGACGCCGAGCAGCGCTCGACCCGGAGTACGCCAAGAAGCTCGGGCTCGACATCGACAAC
CTCATCTCTCCCAGCCGACAACGGCGAGCAGGCGCTCGAGATCGTGGACATGCTGGTCCGCTCC
GGCGCCCTCGACCTCATCGTCATCGACTCCGTGGCGGCCCTGGTGGCCCCGTGCCGAGATCGAGGGC
GAGATGGGCGACTCCCACGTCGGCCTCCAGGCCCCGCTGATGAGCCAGGCGCTCCGCAAGATCACC
AGCGCGTCAACCAGTCCAAGACCACCGCATCTTCATCAACCAGCTCCGCGAGAAGATCGGTGTG
ATGTTCCGGCTCGCCGGAGACCACGACCCGGTGGCCCGCGCTC

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCGAACATCGGTCTGATCGGTTGCTCGCCTCGTACGGCCGGATCAACGCGTTCGGCTTCATCG
AGACGCCGTACCGCAAGGTCTGTCGAGGGTGTGTCACCGACGAGGTGACTACCTACCGCCGACG
AGGAGGACCGCTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCGCCGCTGACCGACGAGCTCCGGTTCGCCGAGT
CCCCTGCTGGTCCGCCGCGTGGCGGGCAGGTCGACTACGTGCCGGCACGGACGTCGACTACA
TGGACGTCCTCGCCGCGCCAGATGGTGTGCGTCCGACCCGATGATCCCGTTCCTCGAGCAGCAGC
ACGCCAACCGTGGCCTCATGGGCGCGAACATGATGAGGCAGGCCGTGCCGCTCATCAAGTCCGAGG
CGCCGCTCGTGGGCACCGGCATGGAGTACCGCTGCGCCACCGACGCCGGCGACGTGCTCAAGGCCG
AGAAGGACGGTGTGGTCCAGGAGGTCTCCGCGGACTACATCACCATCGCCAACGACGACGGCACGT
ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC532 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGTGTGCGCCACCGCCACCGCCTGCGCGCTGTTCCGGTCTCGAATGCACCGTCTACATGGGCG
AGATCGACACGACGCGCCAGGCGCTCAACGTCGCCCGGATGCGCATGCTGGGCGCCGAGGTCTGTCG
CGGTGAAGTCCGGCAGCCGACCCCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCGTTCGCCGACTGGGTGCCCA
ACGTGGACCGCACCCACTACCTTTCGGCACGGTTCGCGGGCCCCACCCCTTCCCCGCCATGGTGGC
CGACTTCCACCGGGTTCATCGGCGTCGAGGCCAGGCGCCAGCTGTGGAGCGGGCCGGACGGCTTCC
CGACGCCCGCTCGCCTGCGTTCGGCGGGGTCGAACGCCATCGGCCTTTCACGCTTTCATCCCC
GACTCCGGCGTCCGCCGATCGGCTGCGAGCCCGCCGGCCACGGCATCGGCACCGGTGAGCACGCG
GCCACCCGACCGCGGGCGAACCGGGCATCCTGCACGGCTCCCGGTCTACGTGCTCCAGGACGAC
GAGGGCCAGATACCGAGCCCTACTCGATCTCGGCCGGCC

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

AGGACGAACGCTGGCGGGCTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCGCTTCGGTGGTGGAT
TAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACG
GGGTCTAATACCGGATAACACTCCTGCCTGCATGGGCGGGGTTAAAAGCTCCGGCGGTGAAGGAT
GAGCCCGCGCCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGATGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
TGAGAGGGCGTCCGACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCTACGGGAGGCAGCATGG
GGAATATTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGT
TGTA AACCTCTTTAGCAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGTA ACT
ACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGC
TCGTAGGCGGCTTGTACGTCGGTGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGTCTGCAGTCGATACG
GGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAG
GAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGG
GAGCGAACAGGATTAGATAACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGTGGGCGACTAGGTGTGGGCGACA
TTCCACGTCGTCGCCGAGTAAACGCATTAAGTGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCT
AAA ACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAAC
GCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATCGCCCCGAAAGCCGTAGAGATACGGCCCCCTTGTGGCC
GGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACG

AGCGCAACCCTTGTCTGTGTTGCCAGCATGCCCTTCGGGGTGATGGGGACTCACAGGAGACCGCC
GGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAC
ACGTGCTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCCTG
TCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTTGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAG
CATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGTAAC
ACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCTGTCTGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGAC
GAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTG

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

TGCCTTCGACCAGCTCGAGTCCAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGCCTGAAGGTGCTCGACCTTCTC
ACCCCGTACGTCAAGGGTGGAAAGATCGGTCTGTTTCGGTGGCGCGGGTGTGGGCAAGACCGTCTCTC
ATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGGCCAAGCTGCACGATGGTGTTCCTGTTTCGCGGTGTCGGCG
AGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGACGAGATGGAAGAGTCGGGCGTGTCTCGACAAGACC
GCTCTCGTCTTCGGTCAAGATGGATGAGCCGCCGGGCACGCGTCTTCGCGTTCGCGCTCTCCGCGTCA
CCATGGCGGAGTACTTCCGTGACGTGCAGAAGCAGGACGTTCTGCTTTCATCGACAACATCTTCCG
CTTACCCAGGCCGGTTCGAGGTCTCCACGCTGCTCGGGCGCATGCCCTCCGCGGTGGGTTACCG
CCGACCCTGGCGGACGAGATGGGTGTGCTC-

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTTCGGCGTCTCCGTGGTGAACGCGCTGTTCGACCAAGCTCGCCGTCGACATCCGGAC
GGACGGCTACCGTGGACGCAGGACTACAAGGGGGCGCCCCGACCGCCGCTCGAGCGTCACG
AGGCCACCGACGAGACCGGTACGACGGTACGTTCTGGGCCGACCCGGACATCTTCGAGACCACCG
AGTACTCCTTCGAGACGCTCTCGCGGGCTTCCAGGAGATGGCCTTCTCAACAAGGGCCTGACGAT
CCGGCTACCGACGAGCGGAGTCCGCCAAGGCCACCGCCGGCGCCGACTCCGCCGAGGGC---GGC-
GACGACCAGTCCGCACGGTACGTACCACTACGAAGGCGGCATCGTCGACTTCGTGAAGTACCT—
CAACTCCCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTCGCGCTCGGGCTCGGGCGCATCCCGCGCGCCGTGTGGTGGAGGTGTACGGACCGGAGTCC
TCCGGTAAGACGACCCTCACGCTGCACGCGGTGGCCAACGCGCAGAAGGCCGGCGGCCAGGTGCG
GTTCTGGGACCGGAGCAGCCCTCGACCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTTCGACATCGACAA
CCTCATCCTGTCCAGCCGACAACGGTGAAGCAGGCTCTCGAGATCGTGCACATGCTGGTCCGCTCC
GGCGCGCTCGACCTCATCGTTCGACTCCGTCGAGCCCTCGTCCGCGCGCGGAGATCGAGGGC
GAGATGGGTGACTTCGACGTTGGTCTCCAGGCCGCTGTGATGAGCCAGGCGCTCCGGAAGATCACC
AGCGCGCTCAACCAGTCCAAGACCACCGCATCTTCATCAACCAGCTCCGCGAGAAGATCGGCGTG
ATGTTCCGGTCCCCCGAGACCACGACCGGTGGCCGGGCGCTG-

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGTCCCAACATCGGTCTCATCGGTTTCGCTGGCCTCGTACGGCCGGATCAACCCGTTTCGGCTTCATCG
AGACCCCGTACCGCAAGGTGCTCGAGGGTGTGTCACCCGATGACGTGGATTACCTCACGGGTGACG
AGGAGGACCCGTTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCTCCGCTGACGAGCGACCTGCACTTCGCCGAGG
CTCGTGTGCTCGTTTGTGTCGTCGTTGGCGGGCAGATCGACTACATCCCCGGTACGACGCTCGACTACAT
GGACGTTCTCGCCGCGCCAGATGGTGTGCGGTCGCGACCGCATGATCCCGTTCCTCGAGCACGACGA
CGCCAACCGCGCGCTCATGGGCTCGAACATGATGCGCCAGGCCGTTGCCGCTGCTGAAGGCGGAGTC
CCCCTGGTTCGGTACGGGCATGGAGTACCGCTGTGCGGTCGACGCCGGTACGTCATCAAGGCCGA
GAAGGACGGTGTCTCCAGGAGGTCTCCGCCGACTACGTGACGGTGGCCAACGACGACGGCACCTA
CACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC537 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTCGCCACGGCCACCGCCTGCGCGCTGTTCCGGCCTCGACTGCACCATCTACATGGGC
 GAGATCGACACCGAGCGCCAGGCCCTCAACGTGGCCCGGATGCGGATGCTCGGCGCCGAGGTCGTC
 GCCGTGAAGTCCGGCAGCCGCACCCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCGTTCCGCGACTGGGTCCGCC
 AACGTCGACCGCACGCACTACCTTTCGGCACCGTGGCCGGACCGCACCCCTTCCCCGCCATGGTGC
 GCGACTTCCACCGGTCATCGGCGTCGAGGCCCCGCCAGATCCTGGAGCGCGCCGGGCGGCTTC
 CCGACGCCCGGTCGCCTGCGTCGGCGGGCTCCAACGCCATCGGCCTTCCACGCCTTCATCCC
 GGACGCCGGCGTACGCCTCGTCGGCTGCGAGCCCCGCCGGGCACGGCATCGAGACCGGTGAGCACGC
 CGGACCCCTGACCGGGGCGAGCCGGGCATCTGCACGGCTCCCGGTCGTACGTCCTGCAGGACGA
 GGAGGGCCAGATCACCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGG

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

TCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCTTTCGGGGTGGAT
 TAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTTCGGGACAAGCCCTGGAAACG
 GGGTCTAATACCGGATGATACTTCTGCCCGCATGGGTGGGGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGAGGGAT
 GAGCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGAGGTAGAGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
 TGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
 GGAATATTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGT
 TGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACT
 ACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGC
 TCGTAGGCGGTCTGTGCGTCCGGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTCGATACG
 GGCAGACTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAG
 GAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGG
 GAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGGTGGGAAGTGGTGTGGCGACA
 TTCCACGTCGTCGGTGGCGAGCTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCT
 AAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAAC
 GCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATCGCCCCGAAAGCATCAGAGATGGTGGCCCCCTTGTGGTC
 GGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACG
 AGCGCAACCCCTGTCTGTGTTGCCAGCAACCTCCTTCGGGAGGGTGGGGACTCACAGGAGACTG
 CCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGTGC
 ACACGTGTACAATGGCAGGTACAATGAGTGCATGTCGCAAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGC
 CTGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGAT
 CAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGCCCTTGTACACACCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGT
 AACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCCTCACGGGGAGGGAGCTGTGGAAGTGGGACTGGCGATT
 GGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAA

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCTTCGACCAGCTCGAGTCCAAGACCGAGATGTTTCGAGACCGGCCTGAAGGTGCTCGACCTGCT
 GACCCCGTACGTCAAGGGCGGAAGATCGGTCTGTTCCGGTGGTGCCGGTGTGCGGAAGACCGTGT
 GATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGCGCAACCTCCACGAGGGCGTCTCCGTCTTCGCGGGCGTCCG
 TGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGCGGAGATGGAAGAGTCCGGCGTTCTCGACAAGAC
 CGCCCTTGTCTTCGGTCAGATGGACGAGCCCCCGGGCACCCGTCTGCGCGTGGCGCTGGCCGGTCTG
 ACCATGGCGGAGTACTTCCGCGATGTGAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTCATCGACAACATCTTCC
 GCTTACCCAGGCCGGTTCGAGGTGTCCACCCTGCTCGGCCGTATGCCGTCCGCGGTGGGTACCA
 GCCGAACCTGGCCGACGAGATGGGTCAGCTC-

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTCGGTGTCTCCGTGTCGTAACGCCCTGTCCAGCAAGGTCGCCGTCGAGGTCAAGAC
 CGACGGCTACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTGGGCGTCCCGACGGCTCCCCTGGCCAAGCACGA
 GGCGACGCACGAGCACGGCACGTCGGTCACCTTCTGGGCCGACCCGACATCTTCGAGACCACCGA
 GTACTCCTTCGAGACGCTCTCGCGGCGCTTCCAGGAGATGGCGTTCTCAACAAGGGTTTGACGATC
 AAACACTGATGAGCGCGAGGTGGCGAAGGCCACGACCCGGTGCAGGACGAGGCGGGCCGACGCA

GAGGGACGAGGTCAGGACCGTCTCGTACCATTACGAGGGCGGCATTGTCGACTATGTGACGTACCT
CAACTCCCGTAA

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTAGCCCTCGGGCGTCGGCGGCCTGCCGCGCGGCCGAGTGGTCGAGGTGTACGGCCCCGAGTCC
TCCGGCAAGACGACCCTGACCCTGCACGCGGTGGCGAACGCGCAGAAGGCCGGTGGCCAGGTGGC
CTTCGTGGACGCGGAGCAGCCCTCGACCCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGGCGTCGACATCGACAA
CCTCATCCTGTGCGAGCCGGACAACGGCGAGCAGGCGCTGAAAATCGTGGACATGCTGATCCGCTC
CGGCGCCCTCGACCTCATCGTCATCGACTCCGTGCGCCGCCCTGGTGCCGCGCGCGGAGATCGAGGG
CGAGATGGGCGACTCGCACGTGGGTCTGCAGGCTCGCCTGATGAGCCAGGCCCTGCGGAAGATCAC
CAGCGCACTCAACCAGTCGAAGACCACCGCGATCTTCATCAACCAGCTCCGCGAGAAGATCGGGCT
GATGTTCCGGCTCCCCGGAGACCACCGG-GTGGCCGCGCGCTC

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCGAACATCGGTCTGATCGGCTCGCTCGCCTCTACGGCCGGATCAACCCGGTTCGGCTTCATCG
AGACGCCGTACCGCCGGGTACCGGTGGTGTGTCACCGACGAGGTGACTACCTCACGGCCGACG
AGGAGGACCGGTTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCGCCGCTCAGTGACGAGTTCCGGTTCGAGGAGG
CCCCTGCTCTGGTCCGCCGCGTGGCGGTGAGGTGACTACGTCCCCGGTGACGACGTCGACTACA
TGGACGTCTCCCCGCGCCAGATGGTGTGCGTGCAGCCGCATGATCCCGTTCCTCGAGCACGACG
ACGCCAACCGTGCCCTCATGGGCGCGAACATGATGCGCCAGGCCGTGCCGCTGATCACCGCCGAGG
CCCCCTCGTCGGTACGGGCATGGAGTACCGCTGCGCCGTCGACGCCGGTGACGTCATCAAGGCCG
AGAAGACGGGCGTCGTCCAGGAAGTCTCCGCGGACTACGTACCATCGCCAACGACGACGGCACGT
ACACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC541 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTCGCGACGGCGACCGCCTGCGCGCTGTTCCGGCCTCGAGTGCACCATCTACATGGGC
GAGATCGACACCCAGCGCCAGGCCCTGAACGTGGCCCGGATGCGCATGCTCGGCGCCGAGGTCATC
GCCGTGAAGTCCGGCAGCCGCACGCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCCCTCCGCGACTGGGTGCGC
AACGTCGACCACACCCATTACCTCTTCGGGACCGTGCAGCCGGGCCACCCCTCCCGGCCATGGTCC
GCGACTTCCACCGGTCATCGGCGTCGAGGCCAGGCGGCAGATCCTGGAGCGCGCAGGCCGCCCTCC
CCGACGCCGCGTGCCTGTGTCGGCGGAGGCTCCAACGCCATCGGCCCTTCCACGCCCTCATCC
GGACGCGGACGTCCGCCTCATCGGCTGCGAGCCCGCCGACACGGCATCGAGACTGGCGAGCACGC
GGCCACGCTCACGGCGGGCGAGCCGGCATCCTGCACGGCTCGCGGTCGTACGTCCTCCAGGACGA
GGAAGGCCAGATCACCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGCC

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

CGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCCTTCGGGGTGGATTAGTGG
CGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTCACTCTGGGACAAGCCCTGGAACGGGGTCT
AATACCGGATGACACTCCTGCCCCGATGGGTAGGGGTGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGATGAGCCC
GCGGCTATCAGCTTGTGGTGGTGTAGGAGTACAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCCTGAGAG
GGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCGCGTGGAGGATGACGGCCCTTCGGGTGTA
CCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGC
CAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAG
GCGGTCTGTACGTCGGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGTCTGCATTGATACGGGCAGA
CTAGAGTGTGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAA
CACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGA
ACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGGTGGGAACTAGGTGTTGGCGACATTCCAC
GTGTCGGTGGCCGAGCTAACGCATTAAGTTCGCCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAACT
CAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACGCGAAG
AACCTTACCAAGGCTTGACATCGCCCCGAAAGCATCAGAGATGGTGGCCCCCTTGTGGTTCGGGTGA
CAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA

ACCCTTGTTCTGTGTTGCCAGCACGTCCCTTCGGGGATGGTGGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGT
 CAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTG
 CTACAATGGCAGGTACAATGAGCTGCGATGTGCGAAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCTGTCTCA
 GTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTTGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTG
 CTGCGGTGAATACGTTCCTCGGGCCTTGTACACACCCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGTAACACCC
 GAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGGAGGGAGCTGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACG
 AAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGG

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

CGCGTTCGACCAGCTCGAGTCGAAGACCCGAGATGTTTCGAGACGGGCCTGAAGGTCGTCGACCTTCT
 CACCCCGTACGTCAAGGGCGCAAGATCGGTCTGTTTCGGTGGTCCCGGTGTCGGCAAGACCCGTGCT
 GATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGCGCAACCTCCACGAGGGCGTCTCCGTCTTCGCGGGCGTCGG
 TGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCGCGGAGATGGAAGAGAGCGGCGTTCTCGACAAGA
 CCGCTCTTGTCTTCGGTCAGATGGACGAGCCCCGGGCACCCGTCTGCGCGTGGCCCTCGCCGGTCT
 GACCATGGCGGAGTACTTCCGCGATGTGCAGAAGCAGGACGTGCTGTTCTTCATCGACAACATCTTC
 CGTTTACCCAGGCCGGTTCGAGGTCTCGACCCTGCTCGGCCGTATGCCCTCCGCGGTGGGTTACC
 AGCCGACCCTGGCCGACGAGATGGGTCTCCTC

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTGGGCGTCTCCGTCGTAACGCGCTGTCCACCAAGGTGGCCGTCGAGATCAGGAC
 CGACGGACACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTGGGCGTGCCGACGGCTCCGCTGGCCAGCACG
 AGGCCATCGACGAGACCGGCACGTCCGGTACCTTCTGGGCCGACGGGGACATCTTCGAGACCACGG
 ACTACTCCTTCGAGACGCTCTCGCGGCGTTCAGGAGATGGCGTTCCTCAACAAGGGTTTGACGAT
 CAAACTACTGATGAGCGGACTCGGCGAAGGCCACGGTGGGCGCCGACGAGGCGGGGGCGGACG
 AGCCCGAAGAGGTCAAGACCGTCACGTACCACTACGAAGGCGGCATCGTCGACTTCGTGACGTACC
 TCAACTCCCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GACGTCGCCCTCGGCGTCCGGCGTCTGCCGCGCGGCCGAGTGGTTCGAGGTGTACGGCCCCGAGTCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACCCTGCACGCGGTGGCGAACGCGCAGAGGGCCGGTGGCCAGGTTCG
 CTTCTGAGACGCGGAGCACGCCCTCGACCCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTCGACATCGACAA
 CCTCATCCTGTGCGAGCCGGACAACGGCGAGCAGGCTCTGGAGATCGTGGACATGCTGGTCCGCTC
 CGGCGCCCTCGACCTCATGTCATCGACTCCGTCGCCGCGCTCGTCCC GCGCGGAGATCGAGGG
 CGAGATGGGCGACTCGCACGTGGGTCTCCAGGCCCGGCTGATGAGTCAGGCAACTCCGCAAGATCAC
 CGGCGCGCTGAGCCAGTCCGGGACCACCGCATCTTCATCAACCAGCTGCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTCCGGTCCCCGGAGACCACGACCG-GTGGCCGGGCGCTC

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCGAACATCGGCCTGATCGGCTCGCTCGCCTCTACGGCCGGATCAACGCGTTCGGTTTCGTGCG
 AGACGCCGTACCGCAAGGTGTCGAGGGCCGGGTCAGCGACGACGTGACTACCTACGGCCGACG
 AGGAGGACCGGTTTCGTATCGCGCAGGCCAACGCCTCGCTCAATGACGACATGCGCTTCGACGAGG
 CTCGTGCTTGGTCCGCCGTCGTGGCGGCGAGGTCGACTACGTCCCCGGTACGACGTCGACTACAT
 GGACGTCTCCCCGCGCCAGATGGTGTCCGTCGCGACCCGCGATGATCCCCCTTCCTGGAGCACGACGA
 CGCCAACCGTGCCTCATGGGCGCAACATGATGCGCCAGGCCGTGCCGCTGATACCCGCCGAGGC
 TCCCCTGTCGGTACGGGCATGGAGTACCGCTGCGCCGTCGACGCGGTGACGTCATCAAGGCCGA
 GAAGGCGGGTGTGTCAGGAGGTCTCCGCGACTACATCACCGTCGCCAACGACGACGGCACGTA
 CACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC917 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTCGCGACGGCCACCGCCTGCGCGCTGTTCCGGCCTCGAATGCACCATCTACATGGGC
GAGATCGACACCCAGCGCCAGGCCCTGAACGTGGCCCCGATGCGCATGCTCGGCGCCGAGGTCATC
GCCGTGAAGTCCGGCAGCCGCACGCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCCTTCCGCGACTGGGTCCGC
AACGTGACCGCACCCACTACCTCTTCGGGACCGTGCCTGGACCCACCCCTTCCCGGCCATGGTCC
GCGACTTCCACCGCGTCATCGGGCTCGAGGCCAGGCGGCAGATCCTGGAGCGCGCGGGCCGTCTCC
CCGATGCGGCCATCGCCTGCGTCGGCGGGCGGCTCGAACGCCATCGGCCTTCCACGCCTTCATCCC
GGACCGGACGTACGCCTCATCGGCTGCGAGCCCCGCGGACACGGCATCGAGACCGGCGAGCACG
CGCCACCTCACCGCGGGCGAGCCCCGGCATCCTGCACGGCTCGCGGTCTACGTCTCCAGGACG
AGGAGGGCCAGATCACCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGAC

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

CGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCCTTCGGGGTGGATTAGTGGCGAACGGGTG
AGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTTACTCTGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGAT
AACACTTCCACTCGCATGGGTGGGGTTGAAAGCTCCGGCGGTGAAGGATGAGCCCGCGGCCTATC
AGCTTGTGGTGGAGTAGAAGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAAT
GGGCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTTTTCA
GCAGGGAAGAAGCGAAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACCTACGTGCCAGCAGCC
GCGGTAATACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTCTG
TCACGTCCGATGTGAAAGCCCGGGCTTAACCCCGGGTCTGCATTTCGATACGGGCAGACTAGAGTG
TGGTAGGGGAGATCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTG
GCGAAGGCGGATCTCTGGGCCATTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATT
AGTACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGGTGGGAAC TAGGTGTTGGCGACATTCCACGTGCTCGG
TGCCGACGTAACGCATTAAGTTCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAA
TTGACGGGGGCGCCGACAAGCAGCGGAGCATGTGGCTTAATTCGACGCAACCGGAAGAACCTTACC
AAGGCTTGACATCGCCCGGAAAGCATCAGAGATGGTGGCCCCCTTGTGGTGGGTGACAGGTGGTG
CATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTC
TGTGTTGCCAGCACGTCCCTTCGGGGATGGTGGGGACTCACAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGA
GGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACGTGCTACAATGG
CAGGTACAATGAGCTGCGATGTCGCAAGGCGGAGCGAATCTCAAAAAGCCTGTCTCAGTTCCGGATT
GGGTCTGCAACTCGACCCATGAAGTCGGAGTTGTAGTAATCGCAGATCAGCATAGTCTGCGGTG
AATACGTTCCCGGCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAAGTCGGTAACACCCGAAAGCCGG
TGGCCCAACCCCTTGTGGGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTA
ACAAGGTAGCCGTACCGGA

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının *atpD* gen bölgesi nükleotit dizileri

CGGTTTCGACCAGCTCGAGTCGAAGACCGAGATGTTTCGAGACGGGCCTGAAGGTCGTCGACCTTCT
CACCCCGTACGTCAAGGGCGCAAGATCGGTCTGTTCCGGTGGTCCGGTGTCCGCAAGACCGTGTCT
GATCCAGGAAATGATCATGCGTGTGCGCAACCTCCACGAGGGCGTCTCCGTCTTCGCGGGCGTCCG
TGAGCGCACCCGTGAGGGCAACGACCTCATCCCGGAGATGGAGGAGAGCGGTGTTCTCGACAAGA
CCGCTCTTGTCTTCGGTTCAGATGGACGAGCCCGGGACCCCGTCTGCGCTGGCCCTCGCCGTTCT
GACCATGGCCGAGTACTTCCGCGATGTGCAGAAGCAGGACGTGTGTTCTTATCGACAACATCTTC
CGTTTACCCAGGCCGTTCCGAGGTCTCGACCCTGCTCGGCCGTATGCCCTCCCGGTTGGGTTACC
AGCCGACCTGGCCGACGAGATGGGTCTCTC-

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizileri

TCTGCACGGCGTGGGCGTCTCCGTCTGTAACGCGCTGTCCACCAAGGTGGCCGTCGAGATCAGGAC
CGACGGACACCGCTGGACGCAGGACTACAAGCTGGGCGTGCCGACGGCTCCGTGGCCAGCACG

AGGCCATCGACGAGACCGGCACGTCGGTACCTTCTGGGCCGACGGGGACATCTTCGAGACCACGG
 ACTACTCCTTCGAGACGCTCTCGCGGCGCTTCCAGGAGATGGCGTTCTCAACAAGGGTTTGACGAT
 CAAACTACTGATGAGCGGACTCGGGCAAGGCCACGGTGGGCGCCGACGAGGCGGGGGCGGACG
 AGCCCGAAGAGGTCAAGACCGTACGTACCACTACGAAGGCGGCATCGTCGACTTCGTGACGTACC
 TCAACTCCCGCAA

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının *recA* gen bölgesi nükleotit dizileri

GATGTCGCCCTCGGCGTCGGCGGTCTGCCGCGCGGCCGAGTGGTTCGAGGTGTACGGCCCCGAGTCC
 TCCGGCAAGACGACCCTGACCCTGCACGCGGTGGCGAACGCGCAGAGGGCCGGTGGCCAGGTCCG
 CTTCGTGGACGCGGAGCACGCCCTCGACCCCGAGTACGCGAAGAAGCTCGGCGTCGACATCGACAA
 CCTGATCCTGTCGCAGCCGGACAACGGCGAGCAGGCCCTGGAGATCGTGGACATGCTGGTCCGCTC
 CGGCGCCCTCGACCTCATCGTCATCGACTCCGTGCGGCACTCGTCCCGCGCGGGAGATCGAGGG
 CGAGATGGGAGACAGCCACGTCGGTCTGCAGGCCCGTCTGATGAGCCAGGCGCTCCGCAAGATCAC
 CGGCGCGCTCCACCAGTCCGGGACCACCGCGATCTTCATCAACCAGCTCCGCGAGAAGATCGGCGT
 GATGTTCCGGCTCCCCGGAGACCACGACCG-GTGGCCGCGCGCTG

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri

GGCCCGAACATCGGCCTGATCGGCTCGCTCGCCTCTACGGCCGGATCAACGCCTTCGGTTTCGTCC
 AGACGCCGTACCGCAAGGTTCGTCGAGGGTTCGGGTACCGACGACGTCGACTACCTCACGGCCGACG
 AGGAGGACCGGTTTCGTCATCGCGCAGGCCAACGCCTCGCTCAATGACGACATGCGCTTCGACGAGG
 CTCGTGCTCCTGGTCCGCCGTCGTGGCGGCGAGGTCGACTACGTCCCCGGTACGACGTCGACTACAT
 GGACGTCTCCCCGCGCCAGATGGTGTCCGTGCGGACCGCGATGATCCCCCTCCTGGAGCACGACGA
 CGCCAACCGTGCCCTCATGGGCGCGAACATGATGCGCCAGGCCGTGCCGCTGATCACCGCCGAGGC
 CCCCCTCGTCCGTACGGGCATGGAGTACCGCTGCGCCGTCGACGCCGGTACGTCATCAAGGCCGA
 GAAGGCGGGTGTCTCCAGGAGGTCTCCGCGGACTACATCACCGTCGCCAACGACGACGGCACGTA
 CACCACGTAC

>*Streptomyces* sp.YC925 izolatının *trpB* gen bölgesi nükleotit dizileri

CAGCACGGCGTCGCGACGGCCACCGCCTGCGCGCTGTTCGGCCTCGAATGCACCATCTACATGGGC
 GAGATCGACACCCAGCGCCAGGCCCTGAACGTGGCCCCGATGCGCATGCTCGGCGCCGAGGTCATC
 GCCGTGAAGTCCGGCAGCCGACGCTGAAGGACGCCATCAACGAGGCCTTCGCGACTGGGTCCGCC
 AACGTCGACCGCACCCACTACCTTTCGGAACCGTCGCCGGACCCACCCCTTCCCGGCCATGGTCC
 GAGACTTCCACCGGTCATCGGCGTCGAGGCCAGGCGGCAGATCCTGGAGCGCGCGGGCCGTCTCC
 CCGACGCGGCCATCGCCTGCGTCGGCGGGCGGCTCGAACGCCATCGGCCTTTCACGCCTTCATCCC
 GGACGCGGACGTACGCCTCATCGGCTGCGAGCCCGCCGACACGGCATCGAGACCGGCCAACACG
 CTGCCACCCTACCGCGGGCGAGCCCGGCATCCTGCACGGCTCGCGGTCTACGTCTCCAGGACG
 AGGAGGGCCAGATACCGAGCCGTACTCGATCTCGGCCGGAC

>*Amycolatopsis*sp. YC111 izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizileri

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCTTTCGGGGTGG
 ATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGTACTTTGGGATAAGCCTGGGAAA
 CTGGGTCTAATACCGGATATGACTTCCGCGGGCATCCGTGGTGGTGGAAAAGCTCCGGCGGTACAGG
 ATGAGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGG
 CCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCG
 GGTTGTAAACCTCTTTCGCCAGGGACGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGGATAAGAAGCACCGGCTA
 ACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGTGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAG
 AGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGGTCGTTTCGTGAAAACCTCCACGCTTAACGTGGAGCGTGCGGGCGAT
 ACGGGCAGACTTGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATAT
 CAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAAGCGT
 GGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGC
 ACATCCACGTTGTCCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGG
 CTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAA
 CGCGAAGAACCCTTACCTGGGCTTGACATGCGCCAGACATCCCTAGAGATAGGGCTTCCCTTGTGTT
 GGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGA
 GCGCAACCCTTATCCTACGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAA
 CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTA
 CAATGGCTGGTACAGAGGGCTGCGATACCGCGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCGGTCTCAGTT
 CGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCT
 GCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGA
 AGCCCATGGCCCAACTCTTCGGAGAGGGAGTGGTTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCG
 TAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGC

ÖZGEÇMİŞ

Kişisel Bilgiler

Soyadı, Adı : TOKATLI, Ali
 Uyuğu : T.C.
 Doğum Tarihi ve Yeri : 10.05.1988 Gümüşhacıköy
 Medeni Hali : Bekar
 Telefon :
 e-mail : aliktli@gmail.com

Eğitim Bilgileri

Eğitim Derece	Eğitim Birimi	Mezuniyet Tarihi
Yüksek Lisans	Amasya Üniversitesi	2017
Lisans	Ondokuz Mayıs üniversitesi	2013
Lise	Gümüşhacıköy Lisesi	2005

Yayınlar

Ali Tokatlı, Önder İdil, Nevzat Şahin, 2016. *Streptomyces* sp. YC537 İzolatının Polifazik Yöntemlerle Karakterizasyonu. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 18-21 Temmuz-Konya.

Ali Tokatlı, Önder İdil, Nevzat Şahin, 2016. Yeniçağa Gölü Sedimentinden İzole Edilen *Amycolatopsis* sp. YC111 İzolatının Polifazik Yöntemlerle Karakterizasyonu. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 18-21 Temmuz-Konya.

Tokatlı Ali, İdil Önder, Şahin Nevzat, 2016. Yeniçağa Gölü Sedimentinden İzole Edilen *Streptomyces* sp. YC504'ün Polifazik Yöntemlerle Karakterizasyonu. 23. Ulusal Biyoloji Kongresi 5-9 Eylül-Gaziantep.