

T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

KARADENİZ DİP SEDİMENTİNİN AKTİNOBAKTERİ BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN
BELİRLENMESİ ve POLİFAZİK KARAKTERİZASYONU

DOKTORA TEZİ
Aysel VEYİSOĞLU

Biyoloji Anabilim Dalı

AĞUSTOS 2014
SAMSUN



T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

**KARADENİZ DİP SEDİMENTİNİN AKTİNOBAKTERİ
BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ ve POLİFAZİK
KARAKTERİZASYONU**

DOKTORA TEZİ

**Aysel VEYİSOĞLU
(09210526)**

Tezin Savuma Tarihi : 11.08.2014

Tez Danışmanı : Prof. Dr. Nevzat ŞAHİN

Bu Doktora Tez Çalışması Ondokuz Mayıs Üniversitesi 1901.12.014' nolu Proje ile Desteklenmiştir.

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalında
Aysel VEYİSOĞLU Tarafından Hazırlanan

**KARADENİZ DİP SEDİMENTİNİN AKTİNOBAKTERİ
BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ ve POLİFAZİK
KARAKTERİZASYONU**

başlıklı bu çalışma jürimiz tarafından 11/08/2014 tarihinde yapılan sınav ile
DOKTORA tezi olarak kabul edilmiştir.


Başkan : **Prof. Dr. Ali Osman BELDÜZ**
Kardemz Teknik Üniversitesi



Jüri Üyeleri : **Prof. Dr. İbrahim ÖZKOÇ**
Ondokuz Mayıs Üniversitesi



Prof. Dr. Nevzat ŞAHİN
Ondokuz Mayıs Üniversitesi



Doç. Dr. Kamil İŞİK
Ondokuz Mayıs Üniversitesi



Yrd. Doç. Dr. Haydar KARAKAYA
Ondokuz Mayıs Üniversitesi



.../.../2014

Prof. Dr. Hüseyin DEMİR
Enstitü Müdürü

Aileme,

ÖNSÖZ

Doktora eğitimim süresince, her daim yanımda olan, gerek ders aşamasında gerekse laboratuvar çalışmalarında her zaman deneyim ve tecrübelerinden faydalandığım çok kıymetli Danışman Hocam Prof. Dr. Nevzat Şahin'e en içten teşekkürlerimi ve şükranlarımı sunarım.

Tez izlemelerimde sundukları fikir ve tecrübelerinden her daim faydalandığım kıymetli hocalarım Prof. Dr. Cafer Eroğlu ve Doç. Dr. Kamil Işık'a en içten teşekkürlerimi sunarım.

Yağ asiti analizlerinin belirlenmesinde desteğini esirgemeyen Prof. Dr. Kıymet Güven hocama, elektron mikroskopisi görüntüleme işlemlerinde desteğinden dolayı Doç. Dr. Demet Çetin hocama şükranlarımı sunarım.

Laboratuvar çalışmalarında yardım ve desteklerinden dolayı Doktora Öğrencisi Demet Tatar ve Araş. Gör. Hayrettin Saygın'a teşekkür ederim.

Araştırma görevlisi olarak çalıştığım Canik Başarı Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik hocalarıma tez yazım aşamasında bana sağladıkları destekten dolayı şükranlarımı sunarım.

Maddi ve manevi her türlü fedakarlığı sunan aileme ve ev arkadaşlarıma çok teşekkür ederim.

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu'na 1901.12.014'nolu projeye desteklerinden dolayı teşekkür ederim.

Ağustos 2014

Aysel Veyisoğlu
(Araştırma Görevlisi)

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖNSÖZ.....	vii
İÇİNDEKİLER	ix
ÇİZELGELER LİSTESİ.....	xiii
ŞEKİLLER LİSTESİ.....	xvii
KISALTMALAR	xix
ÖZET.....	xxi
ABSTRACT	xxiii
1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL BİLGİLER	5
2.1 Karadeniz'in Genel Özellikleri	5
2.2 <i>Actinobacteria</i>	7
2.2.1 <i>Actinobacteria</i> 'nın önemi	8
2.3 Denizel Aktinomisetler	13
2.3.1 Denizel çevrelerde aktinomisetlerin rolü	14
2.3.2 Denizel çevrelerde bulunan aktinomisetler	14
2.3.2.1 <i>Actinomadura</i> cinsi	15
2.3.2.2 <i>Actinopolymorpha</i> cinsi.....	15
2.3.2.3 <i>Microbispora</i> cinsi	16
2.3.2.4 <i>Micromonospora</i> cinsi.....	16
2.3.2.5 <i>Nocardia</i> cinsi	18
2.3.2.6 <i>Nonomuraea</i> cinsi	20
2.3.2.7 <i>Plantactinospora</i> cinsi.....	20
2.3.2.8 <i>Saccharomonospora</i> cinsi	21
2.3.2.9 <i>Streptomyces</i> cinsi	22
2.3.2.10 <i>Verrucosipora</i> cinsi	26
2.3.3 Aktinomisetler tarafından üretilen sekonder metabolitler	27
2.3.4 Denizel aktinomisetlerden elde edilen yeni metabolitler	28
2.4 Bakteriyel Taksonomi	32
2.4.1 Bakteriyel taksonominin gelişimi	32
2.4.2 Polifazik taksonomi.....	33
2.4.2.1 Klasik karakteristikler	34
2.4.2.2 Kemotaksonomi	35
2.4.2.3 Moleküler metotlar	38
2.5 AHBA (3-Amino-5-Hidroksibenzoik Asit) Gen Kümeleri.....	47
3. MATERYAL VE YÖNTEM	51
3.1 Çalışmada Kullanılan Kimyasallar ve Kitler.....	51
3.2 Yöntem	51
3.2.1 Sediment örneklerinin kaynağı	51
3.2.2 Sediment örneklerinin bazı fizikokimyasal özellikleri	52
3.2.2.1 Sedimentlerin pH analizi	52
3.2.2.2 Sedimentlerin kireç kapsamının (% CaCO ₃) belirlenmesi	52
3.2.2.3 Sedimentlerin organik madde içeriğinin belirlenmesi.....	53
3.2.2.4 Sedimentlerin toplam kalsiyum (Ca (ppm)) ve fosfor (P (ppm)) miktarlarının belirlenmesi	53
3.2.2.5 Sedimentlerin tekstür analizi (% Kum, % Silt ve % Kil).....	53
3.2.3 Aktinomisetlerin İzolasyonu	53

3.2.4 Aktinomisetlerin seçimi ve saflaştırılması	55
3.2.5 İzolatların kültürlenmesi ve stoklanması.....	55
3.2.6 Genomik DNA izolasyonu	56
3.2.6.1 DNA izolasyonu için hücre pelletinin elde edilmesi	56
3.2.6.2 DNA izolasyon kontrolü.....	58
3.2.7 16S rRNA'nın PZR amplifikasyonu	58
3.2.7.1 16S rRNA PZR ürünlerinin saflaştırılması ve sekansı	60
3.2.7.2 16S rRNA gen dizisi verilerinin analizi	60
3.2.7.3 Filogenetik dendogramların oluşturulması.....	61
3.2.8 DNA-DNA homolojisi	61
3.2.9 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu.....	61
3.2.9.1 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgeleri PZR amplifikasyonu	63
3.2.9.2 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgeleri PZR amplifikasyonlarının kontrolü ve saflaştırılması.....	65
3.2.9.3 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgelerinin dizi analizi	65
3.2.9.4 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgelerine dayalı verilerin analizi ve filogenetik dendogramların oluşturulması	65
3.2.10 3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) gen bölgesinin dejenere primerler ile çoğaltılması.....	66
3.2.11 Kemotaksonomik analizler.....	67
3.2.11.1 Diaminopimelik asit (DAP) izomerlerinin belirlenmesi	67
3.2.11.2 Tüm hücre şeker analizi.....	68
3.2.11.3 Yağ asiti analizi	68
3.2.11.4 Polar lipitlerin belirlenmesi	70
3.2.11.5 Menakinonların belirlenmesi.....	70
3.2.12 Nümerik taksonomi	71
3.2.12.1 Biyokimyasal testler	73
3.2.12.2 Degredasyon testleri	75
3.2.12.3 Besinsel testler	77
3.2.12.4 Fizyolojik testler	78
3.2.13 Antimikrobiyal aktivite testi.....	79
3.2.14 Kültürel ve morfolojik özelliklerin belirlenmesi.....	81
3.2.14.1 İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri	81
3.2.14.2 Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi	81
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	83
4.1 Bulgular	83
4.1.1 Sediment örneklerinin bazı fizikokimyasal özellikleri.....	83
4.1.2 Aktinomisetlerin izolasyonu, saflaştırılması ve stoklanması	83
4.1.3 Test izolatlarının genomik DNA izolasyonu.....	87
4.1.4 16S rRNA geni PZR amplifikasyonu.....	87
4.1.5 16S rRNA geni dizi analizi ve filogenisi	87
4.1.6 DNA-DNA homolojisi	123
4.1.7. <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu ve saflaştırılması 124	
4.1.7.1 <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgelerinin sekans verilerinin analizi ve filogenetik dendrogram oluşturulması.....	125
4.1.8 3-amino-5-hidroksibenzoik acid (AHBA) gen bölgesinin dejenere primerler ile çoğaltılması.....	136
4.1.9 Kemotaksonomik karakterizasyon	138
4.1.9.1 Diaminopimelik asit (DAP) analizi	138
4.1.9.2 Şeker analizi	139

4.1.9.3 Yağ asiti.....	140
4.1.9.4 Polar lipidlerin belirlenmesi	149
4.1.9.5 Menakinonlarının belirlenmesi	153
4.1.10 Fenotipik karakterizasyon	159
4.1.11 Antimikrobiyal aktivite	181
4.1.12 Kültürel ve morfolojik özelliklerin belirlenmesi	184
4.1.12.1 İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri	184
4.1.12.2 Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi.....	203
4.2. Tartışma.....	206
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	225
5.1. Sonuçlar.....	225
5.2. Öneriler.....	231
KAYNAKLAR	233
EKLER.....	261
EK A	263
EK B	269
EK C	277
EK D	285
EK E	297
EK F	303
ÖZGEÇMİŞ.....	305

ÇİZELGELER LİSTESİ

Sayfa

Çizelge 2.1. <i>Actinobacteria</i> tarafından üretilen biyoaktif sekonder metabolitler	12
Çizelge 2.2. 2005-2010 yılları arasında deniz aktinomisetleri tarafından üretilen yeni sekonder metabolitler	29
Çizelge 3.1. Sediment örneklerinin lokalitesi, derinliği, coğrafik koordinatları, sahilden kaç mil uzaklıktan alındığı ve alınma tarihi.....	52
Çizelge 3.2. Elde edilen CaCO ₃ yüzdelere göre sedimentlerin sınıflandırılması ...	53
Çizelge 3.3. Toprak ve sediment örneklerinden seçici izolasyon için kullanılan besiyerleri	55
Çizelge 3.4. 16S rRNA gen bölgesi PZR reaksiyon şartları	60
Çizelge 3.5. 16S rRNA gen bölgesi amplifikasyon ve sekans primerleri.....	60
Çizelge 3.6. <i>rpoB</i> gen bölgesi dizi analizi yapılan izolatlar ve tip türlerinin listesi ..	62
Çizelge 3.7. <i>gyrB</i> gen bölgesi dizi analizi yapılan izolatlar ve tip türlerinin listesi ..	63
Çizelge 3.8. <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen dizi analizi çalışmasında amplifikasyon ürününün elde edilmesinde kullanılan primerler	64
Çizelge 3.9. <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgeleri PZR reaksiyon şartları	65
Çizelge 3.10. <i>rpoB</i> ve <i>gyrB</i> gen bölgeleri baz dizileme analizinde kullanılan oligonükleotit primerler ve primerlerin nükleotit dizileri	65
Çizelge 3.11. AHBA (3-Amino-5-hidroksibenzoik asit) gen bölgesi dizi analizi çalışmasında amplifikasyon ürününün elde edilmesinde kullanılan primerler	66
Çizelge 3.12. AHBA (3-Amino-5-hidroksibenzoik asit) gen bölgesi PZR reaksiyon şartları	67
Çizelge 3.13. Nümerik taksonomik çalışmada kullanılan birim karakterler	72
Çizelge 3.14. Antimikrobiyal aktivite testi için seçilen patojen organizmalar	80
Çizelge 4.1. Sediment örneklerinin fizikokimyasal analizleri	83
Çizelge 4.2. Test izolatlarının numaraları, lokaliteleri, izole edildikleri besiyerleri .	84
Çizelge 4.3. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği.....	89
Çizelge 4.4. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre <i>Streptomyces</i> , <i>Saccharomonospora</i> ve <i>Verrucosipora</i> cinslerine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği.....	90
Çizelge 4.5. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre <i>Nocardia</i> , <i>Nonomuraea</i> , <i>Actinomadura</i> , <i>Actinopolymorpha</i> , <i>Plantactinospore</i> ve <i>Microbispora</i> cinslerine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği.....	91
Çizelge 4.6. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı.....	93
Çizelge 4.7. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların A grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı.....	97

Çizelge 4.8.	<i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların B grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	100
Çizelge 4.9.	<i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı.....	102
Çizelge 4.10.	<i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatların 1. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	105
Çizelge 4.11.	<i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatların 2. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	107
Çizelge 4.12.	<i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatların 3. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	109
Çizelge 4.13.	<i>Saccharomonospora</i> cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	110
Çizelge 4.14.	<i>Verrucosiporacinsine</i> ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	112
Çizelge 4.15.	<i>Nocardia</i> cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı.....	114
Çizelge 4.16.	<i>Nonomuraeacinsine</i> ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı.....	117
Çizelge 4.17.	<i>Actinomaduracinsine</i> ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	119
Çizelge 4.18.	<i>Actinopolymorphacinsine</i> ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	120
Çizelge 4.19.	<i>Plantactinosporacinsine</i> ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	121
Çizelge 4.20.	<i>Microbispora</i> cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı	122
Çizelge 4.21.	Bazı izolatlarının DNA-DNA hibridizasyon yüzdeleri	123
Çizelge 4.22.	<i>Micromonospora</i> cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin <i>gyrB</i> gen bölgesine bağlı % benzerlik ve nükleotit sayısı farklılıkları.....	128
Çizelge 4.23.	<i>Micromonospora</i> cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin <i>rpoB</i> gen bölgesine bağlı % benzerlik ve nükleotit sayısı farklılıkları.....	132
Çizelge 4.24.	Test izolatlarının AHBA gen bölgesi PZR amplifikasyonu	137
Çizelge 4.25.	Yağ asiti profili <i>Micromonospora</i> sp. S4803.....	140
Çizelge 4.26.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatlarının yağ asiti profilleri	141
Çizelge 4.27.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatları ve tip türlerinin yağ asiti profilleri.	143
Çizelge 4.28.	Bazı <i>Micromonospora</i> tip türlerinin yağ asiti profilleri.....	145
Çizelge 4.29.	Bazı <i>Micromonospora</i> tip türlerinin, <i>Plantactinospora</i> tip türlerinin ve <i>Streptomyces</i> izolatlarının ve tip türlerinin yağ asiti profilleri	147
Çizelge 4.30.	Analizi yapılan bazı test izolatlarının kemotaksonomik özellikleri....	158
Çizelge 4.31.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatlarının temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri.	161
Çizelge 4.32.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatlarının hidroliz ve tolerans testleri.	163
Çizelge 4.33.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri.	165
Çizelge 4.34.	Bazı <i>Micromonospora</i> izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri.	167

Çizelge 4.35. Bazı <i>Micromonospora</i> tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri.....	169
Çizelge 4.36. Bazı <i>Micromonospora</i> tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri.	171
Çizelge 4.37. Bazı <i>Micromonospora</i> , <i>Plantactinospora</i> ve <i>Streptomyces</i> tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri.	173
Çizelge 4.38. Bazı <i>Micromonospora</i> , <i>Plantactinospora</i> ve <i>Streptomyces</i> tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri.	175
Çizelge 4.39. Bazı <i>Streptomyces</i> , <i>Actinomadura</i> ve <i>Nonomuraea</i> izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri.	177
Çizelge 4.40. Bazı <i>Streptomyces</i> , <i>Actinomadura</i> ve <i>Nonomuraea</i> izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri.	179
Çizelge 4.41. Antimikrobiyal aktivite sonuçlarına göre ölçülen zon çapları (mm). 182	
Çizelge 4.42. Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri	185
Çizelge 4.43. Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri	187
Çizelge 4.44. Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri	189
Çizelge 4.45. Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri	191
Çizelge 4.46. Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri.	193

ŞEKİLLER LİSTESİ

	<u>Sayfa</u>
Şekil 2.1.Genel Karadeniz haritası.....	5
Şekil 2.2.Karadeniz dip yapısı	6
Şekil 2.3.Salinosporamide A'nın kimyasal yapısı	30
Şekil 2.4.Salinopyrones A ve B'nin kimyasal yapısı.....	30
Şekil 2.5.Lodopyridone'nin kimyasal yapısı	31
Şekil 2.6.Arenimisin'in kimyasal yapısı	31
Şekil 2.7. Denizel aktinomisetler tarafından üretilen yeni sekonder metabolitler	32
Şekil 2.8. Mikolik asitin genel yapısı.....	36
Şekil 2.9.Mitomisin C ve bazı ansamisinlerin kimyasal yapıları. Koyuluklarda bu bileşikler karakteristlik aromatik kısımlarını gösterir.	49
Şekil 4.1.SM3 seçici izolasyon besiyerinin petri görünüşü	83
Şekil 4.2. Kullanılan seçici izolasyon besiyerlerinden kaç tane izolatın izole edildiğini gösteren daire grafik.....	86
Şekil 4.3.Saf kültürleri yapılan bazı izolatların petri görüntüleri	86
Şekil 4.4.16S rRNA gen bölgesine ait PZR amplifikasyonunun % 1,5'luk agaroz jel elektroforez görüntüsü.....	87
Şekil 4.5.16S rRNA dizi analizi sonuçlarına göre test izolatlarının cinslere göre dağılımı.....	91
Şekil 4.6. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı..	92
Şekil 4.7. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların ve yayınlanmış tüm <i>Micromonospora</i> cinsine ait olan türlerin filogenetik dendogramı.....	95
Şekil 4.8. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların ve yayınlanmış tüm <i>Micromonospora</i> cinsine ait olan türlerin filogenetik dendogramı.....	96
Şekil 4.9. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izolatların ve yayınlanmış tüm <i>Micromonospora</i> cinsine ait olan türlerin filogenetik dendogramı.....	99
Şekil 4.10. <i>Streptomyces</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı..	101
Şekil 4.11. <i>Streptomyces</i> cinsine ait izole edilen suşların 1. grubunun filogenetik dendogramı.....	104
Şekil 4.12. <i>Streptomyces</i> cinsine ait izole edilen suşların 2. grubunun filogenetik dendogramı.....	106
Şekil 4.13. <i>Streptomyces</i> cinsine ait izole edilen suşların 3. grubunun filogenetik dendogramı.....	108
Şekil 4.14. <i>Saccharomonospora</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı.	109
Şekil 4.15. <i>Verrucosipora</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı..	111
Şekil 4.16. <i>Nocardia</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı	113
Şekil 4.17. <i>Nonomuraea</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı	116
Şekil 4.18. <i>Actinomadura</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı.	118
Şekil 4.19. <i>Actinopolymorpha</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı..	120
Şekil 4.20. <i>Plantactinospira</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı..	121
Şekil 4.21. <i>Microbispora</i> cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı.	122

Şekil 4.22. İzolatların <i>rpoB</i> gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1.5'lik agaroz jeldeki görüntüsü	124
Şekil 4.23. Bazı izolatların <i>gyrB1</i> gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1.5'lik agaroz jeldeki görüntüsü	124
Şekil 4.24. Bazı izolatların <i>gyrB2</i> gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1.5'lik agaroz jeldeki görüntüsü	125
Şekil 4.25. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı.....	126
Şekil 4.26. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin <i>gyrB</i> gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı.....	127
Şekil 4.27. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin <i>rpoB</i> gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı.....	131
Şekil 4.28. <i>Micromonospora</i> cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin <i>gyrB</i> , <i>rpoB</i> ve 16S rRNA gen bölgeleri dizilerinin birleştirilmesine dayalı filogenetik dendogram.....	135
Şekil 4.29. Bazı izolatların AHBA gen bölgesinin PZR amplifikasyonları.....	136
Şekil 4.30. İzolatların A ₂ pm izomerlerinin tek boyutlu ince tabaka kromatogramı.....	138
Şekil 4.31. <i>Micromonospora</i> cinsine ait olan bazı test izolatlarının ve tip türlerinin şeker profilinin tek boyutlu ince tabaka kromatogramı.....	139
Şekil 4.32. <i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipid profilinin TLC görüntüsü.....	149
Şekil 4.33. <i>Micromonospora</i> sp. S1510 izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipid profilinin TLC görüntüsü.....	150
Şekil 4.34. <i>Micromonospora</i> sp. S2508B izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipid profilinin TLC görüntüsü.....	150
Şekil 4.35. <i>Actinomadura</i> sp. S2422 izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipid profilinin TLC görüntüsü.....	151
Şekil 4.36. <i>Streptomyces klenkii</i> S2704 ^T izolatına ait molibdofosforik asit, molibden blue, anisaldehit, ninhidrin ve draggendorf ile spreyleneş polar lipid profillerinin TLC görüntüsü.....	152
Şekil 4.37. <i>Streptomyces hoynatensis</i> sp. nov. S1412 ^T türünün HPLC menakinon kromotogramı.....	153
Şekil 4.38. <i>Streptomyces</i> sp. S4702 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.....	154
Şekil 4.39. <i>Actinomadura</i> sp. S2422 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.....	155
Şekil 4.40. <i>Micromonospora</i> sp. S1510 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.....	156
Şekil 4.41. <i>Micromonospora</i> sp. S2508B izolatının HPLC menakinon kromotogramı.....	157
Şekil 4.42. Bazı izolatların karbon, azot kaynağı ve degradasyon testleri.....	160
Şekil 4.43. Antimikrobiyal aktivite testi	181
Şekil 4.44. <i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T izolatının ve en yakın tip türünün on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü.....	195
Şekil 4.45. S4702 izolatının on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü.....	199
Şekil 4.46. S1510 izolatının on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü.....	200
Şekil 4.47. S2508B izolatının dokuz farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü.....	201
Şekil 4.48. S2301 izolatının dokuz farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü.....	202
Şekil 4.49. Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiğı SEM görüntüleri.....	203
Şekil 4.50. Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiğı SEM görüntüleri.....	204
Şekil 4.51. Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiğı SEM görüntüleri.....	205

KISALTMALAR

A	: Adenin Bazı
ATCC	: Amerikan Tıp Kültür Koleksiyonu
bç	: Baz Çifti (DNA)
C	: Sitozin Bazı
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
g	: Gram
G	: Guanin Bazı
ISP	: International Streptomyces Project
KCTC	: Kore Tıp Kültür Koleksiyonu
M:	Molar
m	: Metre
mg	: Miligram
ml	: Mililitre
mm	: Milimetre
mM	: Milimolar
nm	: Nanometre
nt	: Nükleotit
PC	: Fosfatidilkolin
PE	: Fosfatidiletanolamin
PI	: Fosfatidilinozitol
PIM	: Fosfatidilinozitol Mannozi
PME	: Difosfatidiletanolamin
RAPD	: Rastgele Amplifiye Edilmiş Polimorfik DNA
RFLP	: Restriksiyon Fragment Uzunluk Polimorfizmi
RNA	: Ribonükleik Asit
rRNA	: Ribozomal RNA
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
SEM	: Taramalı Elektron Mikroskobu
sp.	: Tür (tek)
spp.	: Türler
subsp.	: Alttür
T	: Timin Bazı
TE	: Tris-EDTA Buffer
TLC	: İnce Tabaka Kromatografisi
T_m	: Erime Sıcaklığı
°C	: Santigrat Derece

μg : Mikrogram
 μl : Mikrolitre
 μM : Mikromolar

KARADENİZ DİP SEDİMENTİNİN AKTİNOBAKTERİ BİYOÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ ve POLİFAZİK KARAKTERİZASYONU

ÖZET

Bu çalışmada Karadeniz dip sedimentinin *Actinobacteria* biyoçeşitliliğinin belirlenmesi ve olası yeni türlerin literatüre kazandırılması hedeflendi.

Ordu ve Samsun sahillerinin farklı derinliklerden alınan sediment örneklerinden aktinomiset izolasyonu dilüsyon plak yöntemi ile gerçekleştirildi. Seçici izolasyon besiyeri olarak bazal mineral salts, M3, nişasta-kazein, non-sporulating, SM1, SM2, SM3 ve rafinoz-histidin agar kullanıldı. Farklı koloni morfolojileri dikkate alınarak seçilen izolatlar numaralandırılıp saflaştırılarak stoklandı. Genomik DNA'ları izole edilen 93 izolatın 16S rRNA gen bölgesi PZR amplifikasyonları 27f ve 1525r evrensel primerleri ile, nükleotit dizileri ise altı farklı evrensel primer ile gerçekleştirildi. Filogenetik ağaçlar MEGA 5.2 yazılımı kullanılarak Neighbour Joining algoritması ile gerçekleştirildi. Filogenetik verilere göre 34 izolat *Micromonospora*, 28 izolat *Streptomyces*, 6 izolat *Saccharomonospora*, 5 izolat *Verrucosisspora*, 5 izolat *Nocardia*, 5 izolat *Nonomuraea*, 4 izolat *Actinomadura*, 3 izolat *Actinopolymorpha*, 2 izolat *Plantactinosporea* ve 1 izolat *Microbispora* cinsinin üyesi olarak belirlendi. 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizisine dayalı analizlere göre nükleotit farklılığı en yüksek *Micromonospora* cinsi üyesi 13 izolatın *gyrB* ve *rpoB* gen bölgelerinin analizleri yapıldı. Tüm izolatların 3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) gen bölgesinin varlığı ilgili primerler ile belirlendi. 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizlerine göre nükleotit farklılığı yüksek olan izolatların ilgili tip türleri ile DNA-DNA hibridizasyon testi yapılarak yeni bir tür oldukları belirlendi, fenotipik ve kemotaksonomik karakterizasyonları yapıldı.

Bunlardan S1412 izolatı *Streptomyces hoynatensis* ve DS3030 izolatı ise *Saccharomonospora amisosensis* olarak isimlendirilerek literatüre kazandırıldı.

Anahtar Kelimeler: AHBA genleri; 16S rRNA geni; *gyrB* geni; *rpoB* geni; *Actinobacteria*

DETERMINATION OF *ACTINOBACTERIA* BIODIVERSITY OF THE BLACKSEA DEEP SEDIMENTS and POLYPHASIC CHARACTERIZATION

ABSTRACT

Identification of the biodiversity of *Actinobacteria* at deep-sea sediments in the Black Sea and addition of possible novel species to the literature were purposed in this study.

Isolation of *Actinomycetes* from the samples of sediments collected from different depths of both Samsun and Ordu coasts was carried out by dilution plate assay. Basal mineral salts, M3, starch-casein, non-sporulating, SM1, SM2, SM3 and raffinose-histidine agar were used as components of selective isolation medium. Selected isolates regarding their different colony morphologies were numbered, purified and finally stored. PZR amplification of 16S rRNA gene locus of genomic DNA purified from 93 isolates was made using 27f and 1525r universal primers whilst 6 different universal primers were applied for nucleotide sequences. Phylogenetic trees were formed by Neighbour Joining Algorithm using MEGA 5.2 software. Regarding to the phylogenetic data, 34 *Micromonospora*, 28 *Streptomyces*, 6 *Saccharomonospora*, 5 *Verrucosipora*, 5 *Nocardia*, 5 *Nonomuraea*, 4 *Actinomadura*, 3 *Actinopolymorpha*, 2 *Plantactinospira* and 1 *Microbispora* genus members were identified from those isolates. Gene regions including *rpoB* and *gyrB* were analysed in 13 isolates that are members of *Micromonospora* genus with the highest nucleotide differences determined by analysis of 16S rRNA gene locus regarding nucleotide sequence. The presence of 3-amino-5-hydroxybenzoic acid (AHBA) gene region in these isolates was determined by using relevant primers. Isolates revealing high level of differences in nucleotide sequence of 16S rRNA gene locus were determined to be members of novel species by DNA-DNA hybridisation test analysis of these isolates with relevant type of species. In addition, these isolate were characterised by phenotypic and chemotaxonomic analyses.

To conclude S1412 and DS3030 isolates have been newly imparted to the literature with name of *Streptomyces hoynatensis* S1412^T and *Saccharomonospora amisosensis* DS3030^T, respectively.

Key Words: AHBA genes; 16S rRNA gene; *gyrB* gene; *rpoB* gene; *Actinobacteria*.

1. GİRİŞ

Actinobacteria üyeleri, *Actinomycetales* ordosuna ait, Gram pozitif, sporlu bakterilerdir (Goodfellow ve diğ., 1988). Çoğu biyoaktif bileşiklerin üreticisi olan *Actinobacteria* üyeleri mikroorganizmaların önemli bir grubunu oluşturmaktadır. Bu grubun üyeleri başta antibiyotikler olmak üzere (Berdy, 2005; Strohl, 2004) antitümör ajanlar (Cragg ve diğ., 2005), bağışıklık sistemini baskılayıcı ajanlar (Mann, 2001), enzimler v.b. gibi biyoaktif sekonder metabolitlerin yaklaşık yarısından fazlasını üretmektedirler (Berdy, 2005). *Actinobacteria* üyelerinin biyoteknolojik öneminden dolayı, ilaç tarama programları son 50 yıldır genellikle karasal kaynaklardan yeni aktinomisetlerin izolasyonu üzerine yoğunlaşmıştır. Son zamanlarda, bilinen bileşiklerin tekrar tekrar izole edilmesi ile karasal aktinomisetlerden yeni bileşiklerin keşif oranı azalmış, yeni biyoaktif bileşiklerin keşfi için son yıllarda deniz dip sedimenti gibi keşfedilmemiş habitatlara yönelinmiştir (Fenical ve diğ., 1999).

Karasal ortamlarda, geniş bir canlı çeşitliliği olsa da, okyanus ve denizlerdeki biyoçeşitlilik nisbeten daha fazladır (Donia ve Hamann, 2003). Dünya gezegeninin % 70'inden ve bütün biyosferin % 95'inden daha fazlasını kapsamakta olan denizel ortam olağanüstü bir biyoçeşitlilik içermektedir (Qasim, 1999). Mikrobiyal biyoçeşitlilik, yenilikçi biyoteknoloji için değerli bir kaynak olan yeni kimyasalların sonsuz bir havuzunu oluşturmaktadır (Berdy 2005; Fenical ve Jensen 2006). Denizel aktinomisetlerin yaşam koşulları, aşırı yüksek basınca (maksimum ~1100 atmosfer), derin deniz zemininde 0 °C'den daha düşük sıcaklığa, anaerobik ve yüksek asidik koşullara (pH: 2.8) uyum sağlamıştır. Bu durum aynı zamanda deniz aktinomisetlerinin genetik ve metabolik çeşitliliklerini de yansıtmaktadır (Magarvey ve diğ., 2004; Jensen ve diğ., 2005a).

Çok sayıda aktinomiset, deniz kaynaklarından izole edilmektedir. Fakat hala bu suşların tamamen denizel habitatlara mı özgü yoksa denize yakın karalardan yıkanan toprak kaynaklarından gelen dirençli sporlar halinde mi bulunduğu ile ilgili bazı tartışmalar bulunmaktadır. İzole edilen suşların çoğunun yüksek tuzluluk şartları,

düşük sıcaklık ve yüksek basınç altında yaşamaya adapte olduğu açık bir şekilde bilinmektedir. Yapılan son çalışmalar, bazı *Actinobacteria* kladlarının metabolik olarak denizel çevrelerde aktif olduğu kanıtlanmış ve bunlar gerçek denizel türler olarak rapor edilmiştir (Feidler ve diğ., 2005).

Araştırmacılar, insan patojenleriyle mücadele ve mevcut farmakolojik bileşiklerden farklı bileşikler için yeni habitatları araştırmaya başlamışlardır. Bu habitatlardan okyanus zemini son yıllarda birçok benzersiz aktinomisetin izolasyonu için kaynak oluşturmuştur (Jensen ve diğ., 2005b; Fenical ve Jensen, 2006). Aktinomisetler okyanus boyunca geniş dağılım göstermekte, gelgitler arasında oluşan zonlardan (Goodfellow ve Williams, 1983), deniz suyundan (Ramesh ve diğ., 2006; Ramesh ve Mathivanan, 2009), hayvanlar(Ramesh ve Mathivanan, 2009) ve bitkilerden (Castillo ve diğ., 2005), süngerlerden (Zhang ve diğ., 2008; Sun ve diğ., 2010) ve okyanus sedimentinden (Jensen ve diğ., 2005b; Das ve diğ. 2008; Thornburg ve diğ., 2010; Xiao ve diğ., 2011) izole edilebilmektedirler. Nadir deniz aktinomisetlerinin bazıları, karasal kökenli aktinomisetlerden farklı olarak gelişim için deniz suyuna ihtiyaç duymaktadır (Maldonado ve diğ., 2005; Jensen ve diğ., 2005b; Jensen ve Mafnas, 2006). Denizel çevrelerde aktinomisetlerin bu tür eşsiz adaptasyon özelliği (Maldonado ve diğ., 2005; Jensen ve diğ., 2005b, 2007), yeni türlerin keşfi ve farmasötik açıdan önemli bileşiklerin umut verici bir kaynağı olmasını sağlamıştır (Fenical ve Jensen, 2006). Bu umutlara rağmen, günümüz deniz aktinomisetleri çok az çalışılmış ve bunların küçük bir kısmının metabolit profilleri incelenmiştir (Lam, 2006; Bull ve Stach, 2007). Denizel çevre koşulları karasal çevre koşullarından farklı olduğu için (Carte, 1996; Kijjoa ve Sawangwong, 2004), deniz aktinomisetleri karasal aktinomisetlerden farklı karakteristiklere sahiptir ve bu yüzden biyoaktif bileşik ve antibiyotikleri üretebilmektedirler (Ellaiah ve Reddy, 1987; Ramesh ve Mathivanan, 2009). Günümüze kadar yapılan araştırmalar bu hipotezi desteklemiş ve deniz aktinomisetlerinin farklı sekonder metabolitleri ürettiği gösterilmiştir (Lam, 2006; Fenical ve Jensen, 2006). Bu metabolitlerin çoğunun yeni biyolojik aktiviteleri belirlenmiş ve aynı zamanda da terapötik ajanlar olarak geliştirilebilme potansiyelleri de çalışılmıştır (Feling ve diğ., 2003; Maldonado ve diğ., 2005).

Bu çalışmanın amaçları;

- Karadeniz'in farklı derinliklerinden alınan sediment örneklerinden kültüre edilebilir aktinomiset üyelerinin seçici izolasyon besiyerleri ile izole edilmesi ve aktinomiset biyoçeşitliliğinin belirlenmesi,
- İzole edilen aktinomiset üyelerinin genotipik, fenotipik ve kemotaksonomik yöntemler kullanılarak karakterize edilmesi,
- İzole edilen suşların antimikrobiyal aktivitelerinin belirlenmesi,
- 3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) antibiyotik gen kümesine sahip olan izolatların belirlenmesi,
- Polifazik metotlar ile yeni türlerin belirlenmesi, isimlendirilerek literatüre kazandırılması,
- Türler arası ilişkilerin açıklanmasında 16S rRNA gen bölgesinin yetersiz olduğu *Micromonospora* cinsi üyelerinin *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizi analizlerinin gerçekleştirilmesidir.

2. GENEL BİLGİLER

2.1 Karadeniz'in Genel Özellikleri

Karadeniz, 40° 50' güney ile 46° 32' kuzey boylamları ve 27° 27' batı ile 41° 42' doğu enlemleri arasında yer almaktadır. Güneydoğu'da Doğu Karadeniz dağları, Kuzeydoğu'da ise Kafkas dağları ile çevrilmiştir. Güneybatı'da İstanbul Boğazı, Marmara Denizi, Çanakkale Boğazı ile Ege Denizi ve Akdeniz'e Kuzey'de ise Kerç Boğazı ile Azak Denizi'ne bağlanmıştır (Başar, 1996; URL-1).

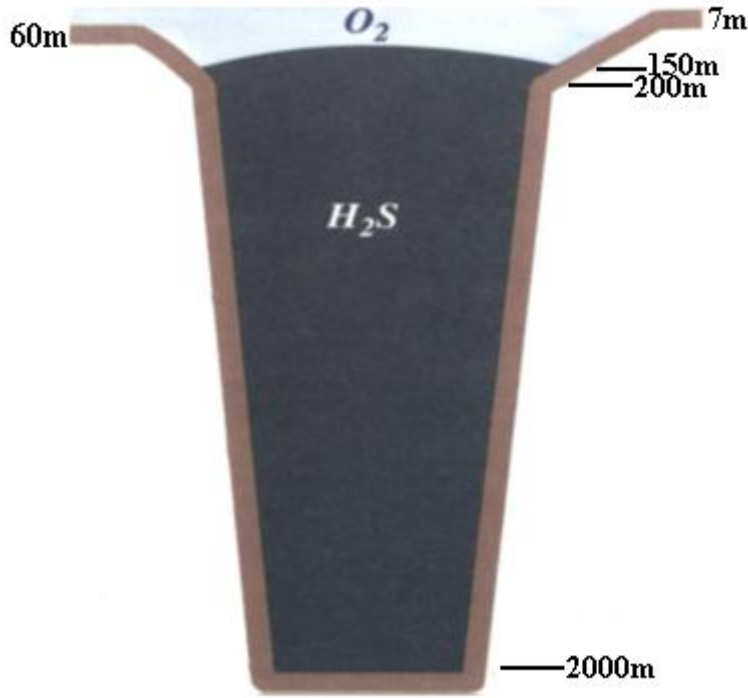


Şekil 2.1. Genel Karadeniz haritası (URL-1)

Ortalama derinliği 1271 m, maksimum derinliği 2245 m olan ve yarı kapalı bir iç deniz özelliğine sahip Karadeniz'in yüzey alanı 423 000 km², hacmi 537 000 km³'tür. Belirtilmiş olan bu hacmin sadece 68847 km³'lük kısmında O₂ bulunmaktadır (FAO, 1985). Bir zamanlar tatlı su özelliğinde olan Karadeniz, % 3,6 tuzluluktaki Akdeniz kökenli suların girişiyle bugünkü tuzluluk değerine ulaşmıştır. Tuzluluk derecesi her ne kadar Karadeniz'de düşük olsa da en yüksek tuzluluk değerleri, orta kesimlerde yaklaşık % 1,8, akarsuların denize ulaştığı kesimlerde ise yüzey tuzluluğu %0,4-0,5 olabilmektedir.

Karadeniz’de yüzey suyu sıcaklığı mevsimsel ve yerel değişimler göstermektedir. Kışın (Şubat-Mart) ortalama su sıcaklığı tüm Karadeniz’de 6-7 °C’ye kadar düşerken; güney kesimlerinde 8-9 °C, kuzey kesimlerinde ise 2-3 °C’dir. Yaz aylarında (Temmuz-Ağustos) ise ortalama 20-22 °C olan yüzey suyu sıcaklığı, doğu ve güney kıyılarında 24-25 °C’ye kadar yükselmektedir (Balkaş, 1990).

Karadeniz’i diğer denizlerimizden ayrıcalıklı kılan en önemli özelliği, yüzeydeki oksijenli tabakanın altındaki derin dip sularının sürekli oksijensiz olması ve tabana doğru artan yüksek derişimlerde hidrojen-sülfür içermesidir (Yılmaz, 2002). Karadeniz dünya denizleri içerisinde iki tabakalı hidrolojik yapı göstermesi nedeniyle oldukça önemli bir konuma sahiptir. Oksijen değeri az olan suların Karadeniz’e girişi ve sürekli haloklin tabakalaşması ile kısıtlanan vertikal karışımı sonucu 150 metreden itibaren oksijensiz bir ortam oluşmaktadır (Şekil 2.2). Bu ortamdaki anaerobik bakterilerde organik maddeleri parçalayarak hidrojen-sülfür gazının çıkmasına sebep olmaktadır.



Şekil 2.2. Karadeniz dip yapısı (Özcan, 2005)

2.2 *Actinobacteria*

Actinomycete ismi *Actinomycetales* ordosunun filamentli üyelerini ifade etmek için yaygın olarak kullanılmaktaydı, ancak bu kullanım son yıllarda yaygınlığını kaybetmeye başlamış ve actinomycete yerine *Actinobacteria* ismi daha fazla kullanılmaya başlanmıştır (Ward ve Bora, 2006). Actinomycete kelimesi Yunanca'dan türetilmiştir, "ışın-fungus"ları anlamındadır ve funguslarla bu bakterilerin tarihsel karışıklığı, morfolojilerindeki yakın benzerlikten kaynaklanmıştır (Lechevalier ve Lechevalier, 1981).

Aktinomisetler farklı bir grup olmasına rağmen çok sayıda özelliği paylaşarak genellikle Gram-pozitif, dallanmış filamentli hiflere sahip aerobik bakteriler olarak tanımlanmaktadır. Bu dallanmış filamentöz hifler ya stabildirler ya da daha küçük alt birimlere ayrılabilir ve aseksüel sporlar oluştururlar (Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Prescott ve diğ., 2002b). Çok sayıda aktinomiset konidia ya da konidiaspor olarak bilinen sporları taşıyan aerial miselyumlardan oluşmaktadır. Sporangiospor olarak adlandırılan bu sporlar filamentlerin sonunda ya da sporangiumun içinde yer almaktadır (Prescott ve diğ., 2002b). Filogenetik olarak diğer beş ordo ile birlikte (*Acidimicrobiales*, *Bifidobacteriales*, *Coriobacteriales*, *Rubrobacterales* ve *Euzеbyales*) *Actinomycetales* ordosu *Actinobacteria* sınıfına aittir (Kurahashi ve diğ., 2010). Tüm aktinobakteriyel genomlar yüksek G+C içeriği (% 50'nin üzerinde) ile karakteristiktir (Stackebrandt ve diğ., 1997; Prescott ve diğ., 2002b). *Actinomycetales* ordosunun 13 alt-ordosu ve 42 familyası vardır (Zhi ve diğ., 2009).

Aktinomisetler hem deniz hemde toprak habitatlarında geniş bir dağılım göstermektedir (Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Prescott ve diğ., 2002b). Bu organizmalar coğrafik lokasyonların yanı sıra çok çeşitli sıcaklık, pH, tuzluluk ve basınca sahip kaynaklardan izole edilmişlerdir. Üstelik aktinomisetler doğada simbiyotik ve endofitik yaşabilmektedir, sağlıklı bitki dokularından (Hasegawa ve diğ., 2006; Ryan ve diğ., 2008), çeşitli karınca türlerinin sindirim sistemlerinden (Watanabe ve diğ., 2003; Kurtböke ve French, 2007) ve bir çok böcek türünün salgı bezlerinden (Kaltenpoth ve diğ., 2006) izolatlar elde edilmiştir. Aktinomisetlerin deniz süngerinin çeşitli türlerinden (Zhang ve diğ., 2006; Gandhimathi ve diğ., 2008; Xin ve diğ., 2008) ve kirpi balığının organlarından da izolasyonları gerçekleştirilmiştir (Wu ve diğ., 2005).

Aktinomisetler medikal ve endüstriyel açıdan da oldukça önemlidirler. Antibiyotik ve kullanılabilir enzimleri içeren çok çeşitli sekonder metabolit üretmelerinin yanı sıra, bitkilerde, hayvanlarda ve insanlarda çeşitli hastalıklara da sebep olabilirler. Aktinomisetler suların arıtılma işleminde, aktif çamurda bulunabilirler ve ftalat esterlerin ortadan kaldırılmasında, çökeltmenin önlenmesinde, demülsifikasyonun (emülsiyonun ayrılmasına yardımcı olma) gerçekleştirilmesinde rol alırlar. Fakat aynı zamanda boruları tıkayan yoğun köpüklerin oluşmasından da sorumludurlar. (Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Prescott ve diğ., 2002b).

2.2.1 *Actinobacteria*'nın önemi

Doğada geniş dağılım gösteren ve önemli ekolojik rollere sahip olan *Actinobacteria* üyeleri saprofitik özelliklerinden dolayı çeşitli organik bileşikleri parçalayarak ayrıştırırlar ve besin döngüsüne yardımcı olurlar (Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Mincer ve diğ., 2002; Prescott ve diğ., 2002b; González ve diğ., 2005; Hasegawa ve diğ., 2006). Topraktaki *Actinobacteria* üyelerinin rolü üzerine geniş ölçüde çalışmalar yapılmış olup selüloz, kitin, hemiselüloz, keratin, lignin, lignoselüloz ve pektin gibi kompleks organik materyallerin parçalanmasında önemli rol oynadıkları görülmüştür. Ayrıca petrol, hidrokarbon, pestisit ve herbisit gibi çoğu bileşiklerin ortadan kaldırılmasına yardımcı olarak toprakta sadece ayrıştırmada değil, arıtmada da görev almaktadırlar (Goodfellow ve Williams, 1983; Mincer ve diğ., 2002; González ve diğ., 2005; Jayasinghe ve Parkinson, 2008). *Actinobacteria* üyelerinin topraktaki patojenik funguslar üzerinde antagonistik etki gösterdiği belirlenmiş (Jayasinghe ve Parkinson, 2008) ve böylece potansiyel olarak *Actinobacteria* üyelerinin bitkilerin patojenik fungal infeksiyonunun engellemesinde yardımcı olduğu bulunmuştur (Goodfellow ve Williams, 1983). Ayrıca birçok *Actinobacteria* üyesinin endofitik olarak bitkinin iç dokularına kolonize olup bitkilerle yakın ilişki kurduğu ve bitkiye pek çok yararının olduğu belirlenmiştir (Coombs ve Franco, 2003; Hasegawa ve diğ., 2006; Ryan ve diğ., 2008). Endofitik türlerin çoğu konak bitkiye önemli sekonder metabolitler üreterek avantaj sağlamaktadır. Bu sekonder metabolitler, mikroorganizma ve böcek öldürücü molekülleri (Coombs ve Franco, 2003; Hasegawa ve diğ., 2006), bitki büyümesi düzenleyicileri (Hasegawa ve diğ., 2006; Ryan ve diğ., 2008) ya da temel vitaminleri içerebilmektedir (Ryan ve diğ., 2008). Kolay bir şekilde bitki hücreleri

arasındaki boşlukları doldurarak endofitleri azaltarak ya da patojenler tarafından oluşturulan hücreyi uzaklaştırarak enfeksiyonu önlemektedirler. Alternatif olarak *Actinobacteria* üyeleri nitrat ve fosfat gibi mineral ve besin döngüsünün geliştirilmesi ve alımının artırılmasında yardımcı olmaktadır (Ryan ve diğ., 2008). *Actinobacteria* üyeleri aynı zamanda likenlerin bir bileşeni olarak bulunabilmektedir. Burada fungus, yeşil alg ve siyanobakterileri kapsayan başka organizmalarla simbiyotik ilişkinin bir parçasını oluşturmaktadırlar (González ve diğ., 2005).

Actinobacteria üyeleriyle simbiyotik ilişki oluşturan pek çok farklı bitkiler olduğu gibi, çok farklı böcek türlerinde *Actinobacteria* üyeleriyle simbiyotik ilişki oluşturduğu bilinmektedir. Muhtemelen buna verilebilecek en iyi bilinen örnek *Actinobacteria* türleri ve yaprak kesen karıncalar arasındaki ilişkidir. Karıncalar bütün yapraklarını fungusların özel türlerini geliştirmek için substrat olarak kullanmaktadır. Karıncalar fungal ortamların gelişimini desteklemekte, patojen yayılımını önlemek için aynı zamanda antifungal antibiyotikler üreten mutualistik bir *Actinobacteria* üyesini de geliştirerek onların yiyecek kaynağının ortadan kaldırılmasını ve patojenler tarafından enfeksiyonunu önlemektedir. Karıncalar tek bir aktinobakteriyel suşu (genellikle *Pseudonocardia* cinsine ait olan) kütikülaları üzerindeki yapılarda, dişi karıncalar aracılığıyla aile kolonilerinden vertikal olarak transfer etmektedirler (Zhang ve diğ., 2007). Avrupa yaban arıları *Streptomyces* türlerinden yavrularının kozalarını bakteriyel ve fungal enfeksiyondan korumak amacıyla yararlanmaktadır. *Streptomyces* türleri dişilerin özelleşmiş antennal salgı bezlerinde gelişirler ve kan hücrelerine salgılanırlar (Kaltenpoth ve diğ., 2006). *Actinobacteria* ile mutualistik bir yaşam gösteren farklı bir böcek türü olan beyaz karıncalar, bağırsaklarında absorblayıcı epiteliumlarla bir arada olan *Actinobacteria* üyelerini içerdiği belirlenmiştir. Bu *Actinobacteria* üyeleri beyaz karıncaların temel yiyecek kaynağını oluşturan odunu degrades edebilme yeteneğine sahiptir (Watanabe ve diğ., 2003; Kurtböke ve French, 2007).

Karasal ortamlarda yaşayan *Actinobacteria* üyeleri gibi, akuatik *Actinobacteria* üyeleri de hem denizel çevrelerde hemde tatlı sularda besin döngüsünde önemli rol oynamaktadır. *Actinobacteria* üyeleri lignin, kitin, selüloz ve alginatların degradesyonunda rol oynayarak mikrofloranın tamamlayıcı bir parçasını oluşturmaktadırlar. Ayrıca yağların ve diğer hidrokarbon kontaminantlarının ayrıştırılmasının yanı sıra su altındaki bitki köklerinin çürümesini olumsuz yönde etkilemektedirler (Goodfellow ve Williams, 1983). Okyanuslardaki *Actinobacteria*

üyelerinin ekosistemin büyük bir bölümünü oluşturduğu bilinmektedir. *Actinobacteria* üyeleri deniz yüzey mikroflorasından sünger gibi diğer deniz hayvanlarının yanısıra sedimentlerde, su kolonlarında ve serbest yüzen deniz organizmalarıyla ortak yaşayanlara kadar çok geniş ekosistemlerde dağılım gösterdiği bilinmektedir (Lam, 2006; Ward ve Bora, 2006). Tetradosin, kirpi balığının (*Fugu rubripes*) organlarında bulunmuştur ve bu antibiyotiğin balığın organlarında simbiyotik olarak yaşayan bir *Actinobacteria* tarafından üretildiği belirlenmiştir (Wu ve diğ., 2005). Benzer şekilde, deniz süngerleri tarafından üretilen sekonder metabolitlerin bir çoğunun süngerlerin % 40 ile % 60 arasında biyokütle hacimlerinin simbiyotik bakterileri içermesi nedeniyle günümüzde bu sekonder metabolitlerin bir çoğunun aktinobakteriyal orijinli olduğu düşünülmektedir (Ward ve Bora, 2006; Zhang ve diğ., 2006; Gandhimathi ve diğ., 2008; Xin ve diğ., 2008). *Actinobacteria* üyelerinin aynı zamanda hem su hemde kanalizasyon borularındaki lastik contalara ve büyük odun depolarına zarar verdiği tespit edilmiştir (Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983).

Filamentli *Actinobacteria* üyelerinin en iyi bilinen karakteristik özelliği başta antibiyotikler olmak üzere, sekonder metabolitlerin geniş bir bölümünü üretme potansiyeline sahip olduğudur. Günümüzde piyasadaki antibiyotiklerin büyük bir çoğunluğunun aktinobakteriyal orijinli olduğu bilinmektedir (Lazzarini ve diğ., 2000; Mincer ve diğ., 2002; Prescott ve diğ., 2002b). En fazla antibiyotik üreticisi olarak *Streptomyces* cinsinin üyeleri bilinmekte ve sekonder metabolitlerin yarısından fazlasını üretmektedirler (Anderson ve Wellington, 2001; Watve ve diğ., 2001; Busti ve diğ., 2006; Marinelli, 2009). Nadir *Actinomycetes* olarak isimlendirilenlerin, antimikrobiyallerin % 16'sını ürettikleri belirlenmiştir (Lazzarini ve diğ., 2000). Nadir olarak isimlendirilen cinslerin daha az tanımlanan cinsler olduğu düşünülmekte ve bunlara örnek *Actinomadura*, *Actinoplanes*, *Amycolatopsis*, *Dactylosporangium*, *Kibdelosporangium*, *Microbispora*, *Micromonospora*, *Planobispora*, *Planomonospora* ve *Streptosporangium* verilebilir ancak bunlarla sınırlı değildir (Lazzarini ve diğ., 2000). *Streptomyces* cinsinin anti-infektif üretme yeteneğine *Micromonosporaceae* (esas olarak *Micromonospora* ve *Actinoplanes*), *Pseudonocardiaceae* (esas olarak *Amycolatopsis*, *Saccharopolyspora* ve *Saccharothrix*), *Thermomonosporaceae* (esas olarak *Actinomadura*), *Nocardiaceae* ve *Streptosporangiaceae* (esas olarak *Streptosporangium*) familyalarındaki suşlarında sahip olduğu bilinmektedir (Lazzarini ve diğ., 2000). *Actinobacteria*

üyeleri vitaminler, endüstriyel olarak yararlı enzimler ve pigmentlerin yanı sıra antikanser ilaçları, bağışıklık sistemini baskılayıcı ajanları içeren diğer sekonder metabolitleri de üretmektedirler. **Çizelge 2.1**'de *Actinobacteria* üyeleri tarafından üretilen yararlı sekonder metabolitlerin bazıları listelenmiştir.

Actinobacteria üyeleri çok sayıda antimikrobiyal bileşikler ürettiklerinin yanı sıra insanlar, hayvanlar ve bitkilerde hastalığa neden olarak zararlı da olabilmektedirler. Bazıları belirli hastalıkların etkeni iken, bir çok tür sadece fırsatçı patojendir. Aktinomikozis, allerjik pnömoniler, cüzzam, mycetoma, nokardiyozis, paratüberküloz, streptothricosis ve tüberküloz (TB) gibi insan hastalıklarına bazı *Actinobacteria* türlerinin sebep olduğu bilinmektedir (Kutzner, 1981; Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Williams ve diğ., 1989; Chun ve Goodfellow, 1995; Prescott ve diğ., 2002b). Toprak çürümesi, solma ve yaprak lekesinin yanı sıra diğer kök bitkileri ve patates uyuzunun oluşumu bazı *Actinobacteria* türlerinin neden olduğu bitki hastalıklarıdır (Kutzner, 1981; Lechevalier ve Lechevalier, 1981; Goodfellow ve Williams, 1983; Williams ve diğ., 1989; Coombs ve Franco, 2003; Hasegawa ve diğ., 2006).

Çizelge 2.1. *Actinobacteria* tarafından üretilen biyoaktif sekonder metabolitler

Molekül	Bileşik Sınıfı	Üretici Mikroorganizmalar	Referans
Akarboz	Enzim inhibitörü ^a	<i>Actinoplanes</i> sp.	Demain, 2000
Klavulanik asit	Enzim inhibitörü ^c	<i>Streptomyces clavuligerus</i>	Marinelli, 2009
Proteazlar	Enzim ^d	<i>Nocardiosis</i> spp.	Mehta ve diğ., 2006
Ksilanaz	Enzim ^e	<i>Streptomyces</i> spp. ve <i>Thermomonospora curvata</i>	Beg ve diğ., 2001
Proksimisin A	Antitümör	<i>Verrucosipora</i> spp.	Williams, 2008
Salinisporamide A	Antitümör	<i>Salinispora tropica</i>	Lam., 2006; Williams, 2008
Aktinomisin	Poliketit antibiyotik	<i>Streptomyces</i> spp.	Marinelli, 2009
Octakosamicin	Poliketit antifungal	<i>Amycolatopsis azurea</i>	Wink ve diğ., 2003
Gentamisin	Aminoglikozid antibiyotik	<i>Micromonospora echinospora</i> , <i>Micromonospora purpurea</i> ve <i>Micromonospora sagamiensis</i>	Cross, 1981; Wagman ve Weinstein, 1980
Eritromisin	Makrolit antibiyotik	<i>Saccharopolyspora erythraea</i>	Pelaéz, 2006
Rifamisin	Ansamisin antibiyotik	<i>Amycolatopsis mediterranei</i> , <i>Amycolatopsis rifamycinica</i> ve <i>Amycolatopsis sulphurea</i>	Bala ve diğ., 2004;
Vankomisin	Glikopeptit antibiyotik	<i>Amycolatopsis orientalis</i>	Pelaéz, 2006; Wink ve diğ., 2003
Vitamin B ₁₂ (cyanocobalamin)	Vitamin	<i>Propionibacterium shermanii</i>	Demain, 2000
Tacrolimus	İmmunosupresif	<i>Streptomyces tsukubaensis</i>	Kino ve diğ., 1987 Tanaka ve diğ., 1997a
Dethimisin	İmmunosupresif	<i>Amycolatopsis japonica</i>	Wink ve diğ., 2003
Avermektin	Antihelmintikler ^b	<i>Streptomyces</i> spp.	Demain, 2000

a-Diyabet tedavisinde kullanılan bağırsak glukozidaz inhibitör; **b-** Parazit solucanların tedavisinde kullanılan; **c-** β-laktamaz inhibitörleri; **d-** Endüstriyel olarak kullanılan enzimlerin çok önemli gruplarından biri; **e-** Endüstriyel olarak bir gıda katkı maddesi ve işleme maddesi olarak kullanılan enzim

2.3 Denizel Aktinomisetler

Toplam deniz yüzeyinin sadece % 7-8'i kıyısız alanlardır ve geriye kalan ve su ile kaplı derin denizlerin, % 60'ı 2000 m'den daha derindir (Das ve diğ., 2006). Derin denizler yüksek basınç, düşük sıcaklık, ışık eksikliği, değişken tuzluluk ve oksijen konsantrasyonu ile eşsiz ekstrem çevreler olarak karakterize edilmektedirler (Bull ve diğ., 2000). Derin deniz alanı coğrafik olarak geniş olmasına rağmen, mikrobiyal çeşitlilik üzerine bilimsel bilgi ve araştırmalar yetersizdir (Das ve diğ., 2006). Ancak, yeni antibiyotiklerin keşfi için yeni mikroorganizmaların kaynağı olarak iyi bir çevre olduğu bilinmektedir (Bull ve diğ., 2000). Aktinomisetler denizel çevrelere spor formunda karalardan yikanarak mı geldi yoksa denizel çevrelerde metabolik olarak aktif miydi sorusu hala tartışılmaktadır. Son zamanlardaki çalışmalar, okyanuslarda okyanusa özgü deniz aktinomisetlerinin kesin olarak var olduğunu göstermiştir (Ward ve Bora, 2006). Bunlar *Dietzia*, *Rhodococcus* (Nesterenko ve diğ., 1982; Helmke ve Weyland, 1984; Rainey ve diğ., 1995; Heald ve diğ., 2001), *Streptomyces* (Moran ve diğ., 1995) ve yeni tanımlanan cinsler *Salinispora* (Mincer ve diğ., 2005; Jensen ve diğ., 2005a; Maldonado ve diğ., 2005) ve *Marinispora* üyelerini kapsamaktadır (Jensen ve diğ., 2005a; Kwon ve diğ., 2006). Son iki cins gelişim için deniz suyuna ihtiyaç duyar ve deniz kemotip işareti taşır; ve aynı zamanda zorunlu tuza gereksinimi olan *Aeromicrobium marinum*'u da (Bruns ve diğ., 2003) içermektedir. Son zamanlarda karakterize edilen bir diğer cins, *Salinibacterium* cinsidir. Bu cins % 10 NaCl'yi tolere edebilmekte fakat gelişim için tuza gereksinim duymamaktadır (Han ve diğ., 2003). Son zamanlarda rapor edilen *Verrucospora* AB-18-032 suşu (Riedlinger ve diğ., 2004) denize özgü aktinomiset olarak karakterize edilmektedir. Bu türlerin bazılarının şimdilerde klinik çalışmalarda potansiyel antikanser ajanları olarak bilinen salinosporamid gibi eşsiz bileşikler ürettiği bulunmuştur (Feling ve diğ., 2003).

Aktinomisetler denizel çevrelerin mikrobiyal topluluklarının etkin ve stabil formlarıdır (Jensen ve diğ., 2005 a,b) ve çeşitli deniz ekosistemlerinde kalıcı popülasyonlar oluşturmaktadırlar (Das ve diğ., 2006). Yeni deniz aktinomiset taksonlarının keşfi aynı zamanda benzersiz metabolik aktivitelerinin keşfini desahlanmıştır (Fenical ve Jensen, 2006). Aktinomisetlerin farklı habitatlarda sabit

popülasyonlar oluşturma yeteneği ve çeşitli biyolojik aktiviteleri ile yeni bileşikler üretmeleri (Magarvey ve diğ., 2004; Jensen ve diğ., 2005a, 2007; Lam, 2006; Prudhomme ve diğ., 2008; Olano ve diğ., 2009; Asolkar ve diğ., 2010; Rahman ve diğ., 2010) açıkça göstermektedir ki, denize özgü aktinomisetlerin denizel çevrelerdeki varlığı yeni sekonder metabolitlerin keşfi için çok önemlidir.

2.3.1 Denizel çevrelerde aktinomisetlerin rolü

Aktinomisetlerin antibiyotik üretimi dışında denizel çevrelerde büyük bir rolü bulunmaktadır (Das ve diğ., 2006). Çeşitli materyallerin dönüşümü ve degradasyonu bazı mikroorganizmaların enzimatik aktivitesiyle devam eden bir süreçtir (Jensen ve diğ., 2005a; Lam, 2006). Belirli bir enzim üreten mikroorganizmaların artışının ya da azalmasının çevre şartlarını ve doğal substrat konsantrasyonunu etkilediği tahmin edilmektedir (Ramesh ve Mathivanan, 2009). Deniz aktinomisetlerinin selülotik aktiviteleri, Chandramohan ve diğ. (1972), endüstriyel olarak önemli çeşitli enzim üreten aktinomisetler ile kitinolitik aktinomisetler ise Pisano ve diğ., (1992) tarafından rapor edilmiştir (Ramesh ve Mathivanan, 2009). Aktinomisetlerin aynı zamanda organik bileşiklerin geri dönüşüm ve bozulmasına katkı sağladığı rapor edilmiştir (Goodfellow ve Haynes, 1984). Ayrıca, organik maddelerin mineralizasyonunda, mineral besinlerin immobilizasyonunda, nitrojen fiksasyonunda, fizyolojik parametrelerin geliştirilmesinde ve çevresel korumada önemli rol oynamaktadırlar (Goodfellow ve Williams, 1983).

2.3.2 Denizel çevrelerde bulunan aktinomisetler

Hafif asidik koşullar nötral sulardan daha büyük bir biyoçeşitlilik gösterme eğilimindedir (Goodfellow ve Williams, 1983; Ramesh ve Mathivanan, 2009). Yapılan birçok çalışmada deniz sedimentlerinden aktinomisetler izole edilmiştir (Barcina ve diğ., 1987). Lechevalier ve Lechevalier (1970a) denizel habitatlardan kimyasal içeriğine bağlı olarak 32 cins tanımlamıştır. Yapılan güncel değerlendirmelerde denizel çevrelerden *Micromonospora* (Bull ve diğ., 2005), *Streptomyces* (Moran ve diğ., 1995), *Nocardia*, *Rhodococcus*, *Dietzia* (Rainey ve diğ., 1995; Heald ve diğ., 2001), *Prauserella* (Kim ve Goodfellow, 1999), *Serinicoccus* (Yi ve diğ., 2004; Xiao ve diğ., 2011), *Salinispora* (Mincer ve diğ., 2005; Jensen ve diğ., 2005a; Maldonado ve diğ., 2005), *Marinophilus* (Lam, 2006), *Solwaraspora* (Magarvey ve diğ., 2004), *Lamerjespora* (Fortman ve diğ., 2005),

Marinospora (Jensen ve diğ., 2005b; Kwon ve diğ., 2006), *Salinibacterium* (Han ve diğ., 2003), *Aeromicrobium* (Bruns ve diğ., 2003), *Williamsia* (Stach ve diğ., 2004), *Verrucospora* (Riedlinger ve diğ., 2004), *Marinactinospora* (Tian ve diğ., 2009b) ve *Sciscionella* (Tian ve diğ., 2009a) cinslerinin izole edildiği rapor edilmiştir.

2.3.2.1 Actinomadura cinsi

Actinomadura cinsi Lechevalier ve Lechevalier (1970b) tarafından tanımlanmış ve Miyadoh ve Miyara (2001), ve Zhang ve diğ. (1998, 2001) tarafından yeniden revize edilmiştir. *Thermomonosporaceae* familyasına ait olan cinsin üyeleri aerobik ve Gram pozitifdir. *Actinomadura* cinsinin üyeleri yoğun dallanmış substrat miselyum ve değişik spor formlarına sahip aerial hif içermektedir. Bu cinsin üyeleri *mezo*-diaminopimelik asitin (*mezo*-A_{2pm}) varlığı ve tüm hücre hidrolizatında maduroz şekeri bulunması ile karakterizedir (duvar kemotip IIIB; Lechevalier ve Lechevalier, 1970a). Ayrıca peptidoglikanlarında asetillenmiş muramik asit içermektedirler. Baskın menakinon tipleri MK-9(H₄), MK-9(H₆) ve MK-9(H₈)'dir. Önemli fosfolipitleri difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozit (PIM)'tir ve hegzadekanoyik (C_{16:0}), 14-metilpentadekanoyik (*iso*-C_{16:0}) ve 10-metiloktadekanoyik asit (tuberkülostearik asit) majör yağ asitleridir (yağ tip 3a; Kroppenstedt ve diğ., 1990). Fenotipik, morfolojik ve kemotaksonomik özellikleri kullanarak günümüze kadar bu cinsin 75 tür ve 2 alt türü tanımlanmıştır (URL-2).

Actinomadura cinsinin ana rezervuarı topraktır (Quintana ve diğ., 2003a; Cook ve diğ., 2005; Lee ve Jeong, 2006; le Roes ve Meyers, 2007; Wang ve diğ., 2007; Ara ve diğ., 2008). Ancak akciğer enfeksiyonu olan bir hastanın balgamından tanımlanan *Actinomadura sputi* IMMIB L-889^T gibi birkaç türü klinik materyallerden izole edilmiştir (Trujillo ve Goodfellow, 1997, 2003; Yassin ve diğ., 2010). Ayrıca *Actinomadura flavalba* YIM 61435^T *Maytenus austroyunnanensis*'in yapraklarından (Qin ve diğ., 2009a) ve *Actinomadura rifamycini* ATCC 33264^T türü ise Tayland'daki Avrupa bal arı kovanından izole edilmiştir (Promnuan ve diğ., 2009).

2.3.2.2 Actinopolymorpha cinsi

Actinopolymorpha cinsi üyeleri, Gram pozitif ve aerobiktir. Bu cinsin üyeleri aerial miselyum oluşturmazlar ya da zorlukla gelişirler. Vejetatif miseller çoğu besiyerinin agar yüzeyinde gelişebilmekte ancak ISP3 besiyerinde zayıf gelişmektedir. Triptik soy broth (TSB) sıvı besiyerinde % 15 NaCl'de gelişebilmektedirler. Hücre duvarı

peptidoglikanında diamino asit olarak *LL*-diaminopimelik asit (*LL*-DAP) içermektedirler. MK-9(H₆) baskın menakinondur ve değişen oranlarda MK-9(H₄), MK-9(H₈) ve MK-10(H₄) menakinonlarına da rastlanabilmektedir. Tüm hücre hidrolizatlarında glikoz, ramnoz ve riboz bulunmaktadır. Bu cinsin üyeleri fosfatidilinozitol mannozit (PIM), fosfatidilinozitol (PI), difosfatidilgliserol (DPG) ve fosfatidilgliserol (PG) fosfolipitlerini bulundurmaktadır. Cins 16S rRNA gen dizi analizi temel alınarak *Nocardioideae* familyasına yerleştirilmiştir (Wang ve diğ., 2001). Günümüze kadar cins içerisinde 5 tür tanımlanmıştır (URL-3). Bunlar *Actinopolymorpha singaporensis* (Wang ve diğ., 2001), *A. rutila* (Wang ve diğ., 2008), *A. alba* (Cao ve diğ., 2009), *A. cephalotaxi* (Yuan ve diğ., 2010) ve *A. pittospori* (Kaewkla ve Franco, 2011)'dir.

2.3.2.3 *Microbisporacinsi*

Microbispora cinsi, Nonomura ve Ohara (1957) tarafından aerial miselyumları üzerinde boyuna eşleşmiş sporlar üreten *Actinomycetales* ordosunun bir cinsi olarak tanımlanmıştır. *Microbispora rosea* ATCC 12950^T bu cinsin tip türüdür (Nonomura ve Ohara, 1957). Aynı yıl içerisinde bağımsız olarak Lechevalier ve Lechevalier (1957) tarafından *Waksmania* cinsi (tip türü *Waksmania rosea*) önerilmiştir. Henssen (1957) *Thermopolyspora bispora* (= *Microbispora bispora*) adlı yeni bir tür tanımlamıştır. Bu iki cins günümüzde *Microbispora* (Lechevalier, 1965)'nin sinonimi olarak kabul edilmektedir. Daha sonraları bu cinse dahil edilen *Microbispora echinospora* ve *Microbispora viridis* türleri kemotaksonomik özellikleri dikkate alınarak Kroppenstedt ve diğ. (1990) ve Miyadoh ve diğ. (1990) tarafından *Actinomadura* cinsine transfer edilmiştir. Günümüzde 17 tür ve 2 alttürü bulunmaktadır (URL-4).

2.3.2.4 *Micromonosporacinsi*

Micromonospora cinsi 1923 yılında Ørskov tarafından tanımlanmış ve diğer 21 cinsle birlikte *Micromonosporaceae* familyasına aittir (URL-5; Zhi ve diğ., 2009). Bu cins morfolojik ve kemotaksonomik karakterlerin kombinasyonuna dayanarak diğer üyelerden kolaylıkla ayırt edilebilmektedir (Cross, 1981; Koch ve diğ., 1996a). Bu cins bu familyanın tip cinsidir ve günümüzde 59 tür ve 7 alttüre sahiptir. Cinsin tip türü *Micromonospora chalcea* ATCC 12452^T'dir (URL-5). *Micromonospora* cinsinin üyelerini temsil eden suşların belirgin morfolojik karakteristikleri vardır.

Substrat miselyumlarının üzerinde tek spor üretirler ve aerial miselyumları bulunmamaktadır.

Micromonospora cinsinin üyeleri Gram-pozitif ve asit-fast özellik göstermezler. Hızlı ve iyi gelişmektedirler, dallı ve bölmeli misellerinde fragmentler bulunmamaktadır. Aerial miselyum üretilmemektedir ve substrat miselyumları üzerinde hareketli olmayan sporlar tek başına meydana gelmektedir. Sporlar küresel, oval ya da eliptik olabilmekte ve sapsız ya da kısa veya uzun sporoforların üzerinde taşınan yüzey süslemeleri vardır. Bu süslemeler pürüzsüz, pürüzlü ya da kısmi dikenli olarak taramalı elektron mikroskobuna dayanarak tarif edilmiştir. Koloniler genellikle agar ortamında soluk sarı veya açık turuncu renkte görünmekte, turuncumsu, kırmızı, kahverengi, mavi-yeşil ya da mor ve kahverengi-siyah, siyah-yeşil veya siyah sporların üretimi ile olgunlaşarak giderek daha koyu bir renk almaktadırlar. Belirli türleri karakteristik çözüner pigmentler üretebilmesine rağmen, misel pigmentasyonu cinslerin tanısal özelliği olarak kabul edilmemektedir (Cross, 1981; Kawamoto, 1989; Koch ve diğ., 1996a).

Micromonospora suşlarının hücre duvarı glisin ile birlikte *mezo*-DAP bulundurmaktadır (Tip II hücre duvarı) ve tüm hücre şeker hidrolizatlarında ksiloz ve arabinoz mevcuttur. Bu cinsin üyeleri bazı cinslerde bulunan yağ asitleri gibi doymamış veya 10-metil ile birlikte *izo*- ve *anteizo*- doymuş yağ asitlerinin kompleks bir karışımını içermektedir. Benzer şekilde menakinon profilleri de oldukça komplekstir; 9,10 veya 12 izopren ünitesiyle birlikte çeşitli oranlarda tetra, hekza veya okta-hidrojeniz menakinonları içermektedirler, fakat MK-10(H₄) ve MK-10(H₆) bir çok suş için major bileşiklerdir. Mikolik asit bulunmaz ve baskın fosfolipitleri fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitolmannozit (PIM)'tir (Cross, 1981; Kawamoto, 1989; Koch ve diğ., 1996a).

Bu cinsin üyelerinin toprakta düşük sayılarda bulunduğu düşünülmese rağmen daha sık olarak akuatik habitatlarda, temiz ve tuz içeren su kaynaklarından ve çeşitli kaynaklardan izole edilmektedirler. Göl, akarsu, derin deniz sedimenti, su örnekleri, sahil kumu ve çeltik tarlaları *Micromonospora* cinsi üyelerinin yoğun bulunduğu ortamlara örnek olarak verilebilmektedir (Cross, 1981; Kawamoto, 1989). *Micromonospora* cinsinin üyeleri ayrıca bitkilerin yapraklarının yanısıra (Kirby ve Meyers, 2010) kök nodüllerinden de izole edilmiştir (Garcia ve diğ., 2010; Trujillo ve diğ., 2006). Bir çok *Micromonospora* suşu aminoglikozid tipi antibiyotik üreticisi

olarak bilinmektedirler (Kasai ve diğ., 2000). Gentamisin (*Micromonospora echinospora*) bunların en iyi bilinen örneklerinden biridir (Cross, 1981). Antibiyotik üreten *Micromonospora* üyelerinin keşfedilmesi bu cinsin üyelerinin yaygın bir şekilde izole edilmelerine ve taranmasına yol açmış, yapılan sekonder metabolit araştırmaları neredeyse her antibiyotik çeşidini üretebildiklerini göstermiştir (Wagman ve Weinstein, 1980). Antibiyotik üretebilme kabiliyetlerinin yanında bu cins bazı ilginç üyeleride barındırmaktadır. Bazıları doğal kauçuğu parçalayabilme (Kasai ve diğ., 2000) ve radon ile kirlenmiş su içinde (uranyum madenciliğinin yan ürünü bir radyoaktif) hayatta kalma yeteneğine sahiptir (Trujillo ve diğ., 2005).

Bu cinse ait üyelerin Koch ve diğ. (1996b) tarafından yapılan 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizleri *Micromonospora* cinsi üyelerinin filogenetik olarak birbirine çok yakın olduklarını göstermiştir. Cinsin yayınlanmış isimleriyle türlerin taksonomik statüsü doğrulanmış olmasına rağmen, asıl problem suşların bazılarının alt tür olarak kabul edilmesindedir ve bu problemi çözmek için çok sayıda DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneylerine ihtiyaç duyulmaktadır. Kasai ve diğ. (2000), *Micromonospora* suşları arasındaki intragenerik ilişkiyi değerlendirmek için *gyrB* genini kullanmış ve bu üyelerin uyumlu bir küme oluşturmasına rağmen, *gyrB* genine göre oluşan filogenetik gruplar 16S rRNA genine göre oldukça farklılaşmıştır. Çok sayıda DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneyinin gerçekleştirilmesi, cins içindeki 16S rRNA genlerine nazaran *gyrB* tabanlı filogenetik analizlerin, filogeninin daha doğru bir şekilde ifadesini sağlamakta olduğunu göstermiş ve suşların yeniden sınıflandırılmalarıyla sonuçlanmıştır (Kasai ve diğ., 2000). Bu çalışmada ayrıca, cins içinde aminoglikozit antibiyotik üreten bakterilerin 16S rRNA geninin A-bölgesine direk olarak bağlanarak antibiyotik üretiminin baskısından dolayı, 16S rRNA geninin evrimsel hızının etkilendiğini göstermiştir (Kasai ve diğ., 2000).

2.3.2.5 *Nocardia* cinsi

Bu cins *Nocardiaceae* familyasına aittir ve *Micropolyspora*, *Rhodococcus*, *Smaragdicooccus* ve *Williamsia* olmak üzere başlangıçta 4 tane cinsi içermekteydi. Bununla birlikte Zhi ve diğ. (2009)'nin önerisi ile *Gordoniaceae* familyasının içerdiği 3 cins, *Gordonia*, *Millisia* ve *Skermania* yeniden düzenlenerek *Nocardiaceae* familyasının içerisine dahil edilmiş ve *Nocardia* cinsi halen bu familyanın tip cinsi olarak kalmıştır (URL-6). Bir çok tür başlangıçta temel morfolojik karakterlere dayanılarak *Nocardia* cinsine dahil edilerek sınıflandırılmış, daha sonrasında bu

türler *Amycolatopsis*, *Pseudonocardia*, *Rhodococcus* ve *Saccharopolyspora*'nın da içinde bulunduğu cinslere transfer edilmişlerdir (Goodfellow ve Lechevalier, 1989). *Nocardia* cinsigüncel literatürde yayınlanmış 90'dan fazla üyeyi içermektedir ve tip türü *Nocardia asteroides* ATCC 19247^T'dir (URL-6).

Nocardia cinsi üyeleri aerobik, dallanmış filamentleri bir arada bulunduran, Gram pozitif, hareketsiz, katalaz pozitif, gelişme döngüsünün bazı evrelerinde tipik asit alkol direncine sahip olan aktinomisetlerdir. *Nocardia* türlerinin morfolojisi, türden türe farklılık göstermektedir. Koloni renkleri sabouraud's dekstroza agar gibi yarısaydam ortamlarda kahveden pembeye, turuncu, mor, sarı, şeftali veya beyaz renkte iyi bir şekilde ayırt edilebilmektedir. Klinik açıdan da önemli olan *Nocardia* cinsi üyeleri, hücre duvarında mikolik asit içeren mycolata grubunun üyesidir. *Nocardia* cinsi üyeleri 0,5-1,2 µm çapında, besiyeri yüzeyinde ve derinlerinde genişçe dallanarak vejetatif hişlerle büyümektedir (Goodfellow ve Cross, 1984; Conville ve Witebsky., 2010).

Kemotaksonomik olarak bu cinsin hücredeki tanısız şekerleri arabinoz ve galaktozdur ve *mezo*-DAP içermektedirler. Bu cinsin üyeleri kemotip IV hücre duvarına sahiptir ve tüm hücre şekerleri A tipidir. Karakteristik fosfolipitleri PII tip ki bunlar difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozitol (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 ila 60 kadar karbon atomu içermektedir (Goodfellow ve Minnikin, 1981; Goodfellow ve Lechevalier, 1989; Chun ve Goodfellow, 1995).

Nocardia suşlarının toprakta geniş dağılım gösterdiği kabul edilmekte (Goodfellow ve Minnikin, 1981; Goodfellow ve Lechevalier, 1989) ve bazıları topraktan izole edilmiş olsalarda önemli bir kısmı klinik örneklerden izole edilmiştir. Bazı suşlar insanlar ve bazı hayvanlar için patojeniktir ve çok büyük bir kısmının fırsatçı patojen olduğu düşünülmektedir (Goodfellow ve Lechevalier, 1989; Chun ve Goodfellow, 1995). *Nocardia* enfeksiyonunun neden olduğu insanlardaki iki hastalıktan ilki actinomycete mycetoma'dır ve bu hastalığa *Nocardia brasiliensis* ve *Nocardia transvalensis* sebep olmaktadır. İkincisi ise nocardiosis'dir ve bu hastalık *Nocardia asteroides*, *Nocardia farcinica* ve *Nocardia nova* tarafından oluşturulmaktadır (Chun ve Goodfellow, 1995).

Bu cins orjinal olarak, kemotaksonomik karakteristikler (Goodfellow ve Lechevalier, 1989) ayrıca DNA-DNA hibridizasyon (DDH), faj duyarlılığı ve antibiyotik duyarlılık verileri temel alınarak tanımlanmaktadır. Bununla birlikte 16S rRNA gen dizi analizleri de suşlar arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesini sağlamaktadır (Chun ve Goodfellow, 1995). *Nocardia* cinsi içerisindeki klinik izolatlar bu cinse özgü 16S rRNA geni PZR primerleri kullanılarak hızlıca tanımlanmakta ve suşlar 65 kDa ısı şok protein geninden çoğaltılmış 439 nt'lik bir fragmentin RFLP analizi yapılarak ayrıştırılabilmektedir (Steingrube ve diğ., 1995). Günümüzde cins içerisindeki *gyrB* gen dizi analizlerinin kullanımına Takeda ve diğ. (2010) tarafından başlanmış, 56 tip suşunun parçalı dizi analizleri yapılmış ve *gyrB* sekansının 16S rRNA gen sekansından yaklaşık olarak 3.6 kat daha ayırıcı olduğu belirlenmiştir.

2.3.2.6 *Nonomuraeacinsi*

Bu cinsin üyeleri aerobik, Gram-pozitif ve asit-fast negatiftir, yoğun dallanmış substrat ve hava hiflerine sahiptirler. Sporları çengel görümlü ve spiral, spor yüzeyleri düzensiz, düz veya siğilli olabilmektedir (Quintana ve diğ., 2003b; Kämpfer ve diğ., 2005). 20°C ve 45°C aralığında iyi gelişirler, bazı suşları 55°C'de de gelişim gösterebilmektedir.

Hücre duvarları *mezo*-diaminopimelik asit (*mezo*-A₂pm) içerir ve tüm hücre hidrolizatlarında maduroz şekeri mevcuttur. Baskın bulunan menakinonları MK-9 [H₀, H₂, H₄]’tür ve fosfolipit modelleri glukozamin içeren fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidimetiletanolamin (PME), fosfatidilinositol (PI), difosfatidilgliserol (DPG) gibi lipitler ile karakterize edilmiştir (fosfolipit tip IV; Lechevalier ve diğ., 1977). DNA’nın G+C içeriği % 64-69 moldür. Tip türü Zhang ve diğ. (1998) tarafından tanımlanan *Nonomuraea pusilla* NRRL B-16126^T’dir. Günümüzde tanımlanmış 35 türü ve 2 alt türü bulunmaktadır (URL-7).

2.3.2.7 *Plantactinosporacinsi*

Micromonosporaceae familyası ilk defa Krasil’nikov (1938) tarafından tanımlanmış ve 16S rRNA gen dizi analizi ve kemotaksonomik veriler temel alınarak daha sonradan Goodfellow ve diğ. (1990), Koch ve diğ. (1996a) ve Stackebrandt ve diğ. (1997) tarafından yeniden düzenlenmiştir. Güncel literatürde *Micromonosporaceae* familyasında 20 cins tanımlanmıştır. Bunlar, *Micromonospora* (Ørskov, 1923),

Actinoplanes (Couch, 1950), *Pilimelia* (Kane, 1966), *Dactylosporangium* (Thiemann ve diğ., 1967), *Catellatospora* (Asano ve Kawamoto, 1986), *Catenuloplanes* (Yokota ve diğ., 1993), *Couchioplanes* (Tamura ve diğ., 1994), *Spirilliplanes* (Tamura ve diğ., 1997), *Verrucosispora* (Rheims ve diğ., 1998), *Virgisporangium* (Tamura ve diğ., 2001), *Asanoa* (Lee ve Hah, 2002), *Longispora* (Matsumoto ve diğ., 2003), *Salinispora* (Maldonado ve diğ., 2005), *Actinocatenispora* (Thawai ve diğ., 2006), *Polymorphospora* (Tamura ve diğ., 2006), *Luedemannella* (Ara ve Kudo, 2007a), *Krasilnikovia* (Ara ve Kudo, 2007b), *Planosporangium* (Wiese ve diğ., 2008), *Pseudosporangium* (Ara ve diğ., 2008) ve *Plantactinospora* (Qin ve diğ., 2009b)'dir.

Tip türü olarak *Plantactinospora mayteni* DSM 45238^T ile *Plantactinospora* cinsi ilk kez Qin ve diğ. (2009b) tarafından tanımlanmıştır. Günümüze kadar cins içerisinde üç tür tanımlanmıştır (URL-8). Bunlar *Plantactinospora mayteni* (Qin ve diğ., 2009b), *P. siamensis* (Zhu ve diğ., 2012) ve *P. endophytica* (Zhu ve diğ., 2012)'dir. *Plantactinospora* bitki dokularından izole edilen sporlu bir aktinomisetir. Bu cinsin üyeleri aerobik, Gram-pozitif olup asit-fast özellik göstermezler. Sporları hareketsizdir. Beyaz aerial miseller seyrekir. Hücre duvarları tanısız diamino asit olarak *mezo*-diaminopimelik asit (*mezo*-DAP) içermektedir. Tüm hücre şeker içeriği arabinoz, ksiloz, galaktoz ve glikozdur. Fosfatidiletanolamin (PE), difosfatidilgliserol (DPG) ve fosfatidilinozitol (PI) polar lipitlerini içermektedirler. Mikolik asit bulunmamaktadır. MK-10(H₆), MK-10(H₈) ve MK-10(H₄) baskın menakinonlardır. Majör yağ asitleri iso-C_{15:0}, anteiso-C_{15:0}, C_{17:0}, anteiso-C_{17:0} ve iso-C_{16:0}'dir. DNA G+C içeriği yaklaşık olarak % 69-70'dir (Qin ve diğ., 2009b).

2.3.2.8 Saccharomonosporacinsi

Nonomura ve Ohara (1971), *Pseudonocardiaceae* familyası içinde *Saccharomonospora* cinsini tanımlamıştır. Bu cinsin üyeleri aerobik ve Gram pozitiflerdir. Cinsin üyeleri hücre duvarlarında arabinoz ve galaktoz şekerleri ile birlikte *mezo*-diaminopimelik asit (*mezo*-DAP) içermektedir. DNA G+C içeriği % 69-74 arasında değişmektedir. Cins vejetatif hiflerin üzerinde tek sporların dizilişi ile karakterizedir ve bazen de aerial hiflerin üzerinde çift spor ya da kısa zincirler oluşturmaktadır. Güncel literatüre göre cinsin onbir türü tanımlanmış olup (URL-9), bunlar *Saccharomonospora viridis* (Nonomura ve Ohara, 1971), *S. azurea* (Hu, 1987), *S. glauca* (Greiner-Mai ve diğ., 1988), *S. cyanea* (Hu ve diğ., 1988), *S. xinjiangensis* (Jin ve diğ., 1998), *S. halophila* (Al-Zarban ve diğ., 2002), *S.*

paurometabolica (Li ve diğ., 2003), *S. saliphila* (Syed ve diğ., 2008), *S.marina* (Liu ve diğ., 2010), *S. amisosensis* (Veyisoglu ve diğ., 2013) ve *S. oceani* (Zhang ve diğ., 2013) türleridir.

2.3.2.9 *Streptomyces* cinsi

Tip türü *Streptomyces albus* ATCC 25426^T olan *Streptomyces* cinsini 1943 yılında Waksman ve Henrici *Streptomyceaceae* familyasının tip cinsi olarak önermişlerdir.

Streptomyces üyeleri Gram-pozitif, asit-fast olmayan, katalaz pozitif, aerobik organizmalardır ve metabolizmaları aerobik solunum tipine sahip olan kemo-organotroflar olarak sınıflandırılmaktadır. Çabuk gelişirler, vitaminler veya büyüme faktörlerine gerek duymazlar, geniş ölçüde karbon ve azot kaynaklarını kullanabilirler. Yoğun olarak dallanmış vejetatif miseller üretirler ve nadir olarak fragment oluşturmaktadırlar. Aerial miseller, koloniler olgunlaşırken çok çekirdekli hava filamentlerinde (sporofor) çapraz duvarların oluşumuyla artrospor zincirleri içinde gelişerek üretilirler (Anderson ve Wellington, 2001) ve bunu bireysel hücrelerin ayrılması takip eder (Wildermuth ve Hopwood, 1970). Bazı türler *sclerotia*, piknit-, *sporangia*- veya *synnemata* benzeri yapılar oluşturabilmektedir. Spor zincirlerinin morfolojisi düz ve dalgalı arası (*Rektiflexibiles*), çengel, döngüsel, bir veya iki dönüşlü spiraller (*Retinaculiaperti*) veya spiraller (*Spirales*) olarak tanımlanabilmektedir. Spor kılıfı üzerinde taşınan spor yüzey şekilleri (SEM tarafından görüntülenen) tüysü, düz, dikensi, girintili-çıkıntılı ya da siğilli olabilmektedir. Koloniler ayrık ve likenoid, kayışimsı ya da tereyağimsı (butyrous)'dır. Başlangıçta pürüzsüz bir yüzeye sahip olarak görünürler ama hava misel gelişimi yünümsü, granüler, tozlu veya kadifemsi olabilmektedir. Çok çeşitli pigmentler üretmektedirler ve pH indikatörü olarak çözünür pigment üreten çok sayıda türün substrat ve aerial miselyumları canlı renklere sahiptir. Olgun hava misellerinin renkleri taksonomik olarak oldukça fazla kullanılmakta ve genellikle suşları renk gruplarına göre ayırt etmeyi sağlamaktadır. Renkler mavi, gri, yeşil, kırmızı, menekşe, beyaz yada sarı olmakla birlikte bazı suşların renk grubu olarak hangisine dahil olduğunu belirlemek oldukça zordur (ör: mavi-yeşil). Substrat miselyum rengi genellikle ortam, pH değeri ve kültür yaşı gibi nedenlerden etkilenebilmektedir ve bu nedenle spor rengi gibi kullanışlı olmamaktadır. Benzer bir şekilde çözünebilir pigment rengi sınıflandırmada kullanışlı olabilir fakat kimyasal olarak farklı pigmentler de aynı renge sahip olabileceğinden bunlar

belirtilmelidirler(Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989; Goodfellow ve diğ., 1992; Anderson ve Wellington, 2001).

Streptomyces üyelerinin anahtar kemotaksonomik özelliği hücre duvarında (1. Tip hücre duvarı) glisin ve LL-DAP bulundurması buna karşılık ise hücre duvarında tanınan hiçbir şekeri bulundurmamasıdır. Suşlar mikolik asitten yoksun ve baskın menakinonları dokuz izopren üniteli hekza- yada okta-hidrojenaz'dır. Yağ asidi profilleri majör miktarda doymuş *izo-* ve *anteizo-* yağ asitlerini içerir. Hücre membranlarının fosfolipit içerikleri fosfatidilgliserol (PG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol (PI) ve fosfatidilinozitolmannozit (PIM) (PII tip fosfolipitler)'dir (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989; Anderson ve Wellington, 2001).

Cinsin günümüzde 640'dan daha fazla türü tanımlanmıştır (URL-10).Familya içinde cinsin ve diğer cinsler içindeki türlerin sınıflandırılması üzerine çok tartışma yapılmış, sonuç olarak bir çok suş yıllar boyunca *Streptomyces* cinsinden transfer edilmiş ve bir çoğu da bu cinse dahil edilmiştir. Familyanın içerisinde günümüzde iki cins daha bulunmaktadır ki, bunlardan biri *Kitasatospora* (orjinali *Kitasatosporia*) Wellington ve diğ. (1992) tarafından *Streptomyces* cinsinden ayrılmıştır fakat devamında 1997 yılında Zhang ve diğerleritarafından yeniden düzenlenmiştir. Diğer cins ise, *Streptacidiphilus* Kim ve diğ.(2003b) tarafından asidofilik aktinobakteri olarak tanımlanıp yayınlanmıştır (Anderson ve Wellington, 2001).*Actinopycnidium*, *Actinosporangium*, *Chainia*, *Elytrosporangium*, *Kitasatoa* ve *Microellobosporia* cinslerinin hepsi *Streptomycetaceae* familyasının nümerik taksonomik analizlerinin sonuçlarına göre *Streptomyces* cinsine transfer edilmiştir (Anderson ve Wellington, 2001). *Kineosporia* ve *Sporichthya* cinsleri *Streptomyces* cinsi ile bir çok kemotaksonomik karakteri paylaşmış fakat son zamanlarda gerçekleştirilen 16S rRNA gen dizi analizleri temel alınarak bu cinsten ayrılmış ve sırasıyla *Kineosporiaceae* ve *Sporichthyaceae* familyalarına yerleştirilmişlerdir (Anderson ve Wellington, 2001).

Çok sayıda *Streptomyces* türü topraklardan izole edilmelerine rağmen hem sucul hem de karasal habitatlarda oldukça geniş dağılım gösterdiği düşünülmektedir (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989). Bu durum, suşların dünyanın bir çok farklı bölgesinden izole edilmeleriyle açıklanmıştır. Bu izolasyon kaynaklarının bazılarınaörnek olarak kompost ve gübre yığınları, hayvan yemleri, açık su örnekleri (akarsu ve göl) ve sedimentleri (Kutzner, 1981); çeşitli bitkilerin yaprakları, kökleri ve sapsları (endofitlerde olduğu gibi) (Hasegawa ve diğ., 2006); süngerler gibi deniz

organizmaları (Ganghimathi ve diğ., 2008; Xin ve diğ., 2008); termitlerin bağırsakları (Watanabe ve diğ., 2003); hastalıklı bitkiler, insan ve hayvan klinik örnekleri (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989) verilebilmektedir.

Karasal streptomisetlerin saprofit olduğu düşünülmekte ve doğal polimerlerin yanısıra bitki kısımlarının ayrıştırılmasında önemli bir role sahip olduğu görülmektedir. Bundan dolayı besinlerin döngüsüne ve dönüştürülmesine katkı sağlamaktadırlar (Williams ve diğ., 1989). Akuatik kaynakların çevresinde gerçek akuatik streptomisetlerin olup olmadığı yada bunların karasal kaynaklardan taşınıp taşınmadığı ile ilgili çok sayıda tartışma bulunmaktadır. (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989; 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 (Kutzner, 1981; Williams, 2008). Rezervuarlar ve su kaynaklarındaki toprak kokusu ve tatlarının gelişimi streptomisetler tarafından geosmin ve methylisoborneol üretimi ile gerçekleşmektedir (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989).

Streptomyces üyelerinin neden olduğu en iyi bilinen bitki hastalıklarından biri patates ve kazık köklü sebzelerde *S. scabies* (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989; Hammerschmidt, 2007), *S. acidiscabies*, *S. turgidiscabies*, *S. europaeiscabiei* veya *S. stelliscabiei* (St-Onge ve diğ., 2008) türlerinin neden olduğu yaygın uyuz hastalığıdır. Bu hastalık dünyanın birçok patates üreten ülkesinin kuru alkali nötral topraklarında meydana gelmekte ve yumrular üzerinde derin veya yüzeysel lezyonlar şeklinde görülmektedir (Williams ve diğ., 1989). *Streptomyces* üyeleri tarafından üretilen thaxtomin adı verilen toksin yumruların doku nekrozuna neden olmaktadır (Hammerschmidt, 2007; St-Onge ve diğ., 2008). Benzer şekilde kızıl uyuz kahverengi renkte pürüzlenmeyle sonuçlanmakta ve ıslak topraklarda meydana gelmektedir (Williams ve diğ., 1989). Toprakta tatlı patateslerin çürümesine *S. ipomoea* türü neden olmaktadır (Kutzner, 1981).

İnsanlardan izole edilen *Streptomyces* türleri arasında *S. somaliensis* ve *S. sudanensis* (Quintana ve diğ., 2008) aktinomisetomaya (şimdilerde basit olarak misetoma olarak bilinir) neden olan patojenler olarak bilinirler ve derialtı dokusunda granüloamatöz enfeksiyonuna neden olurlar. *S. willmorei*, *S. albus*, *S. griseus* ve *S. violaceoruber* diş çürüğü, karaciğer streptotrikosi ve kan örnekleri gibi klinik örneklerden sıklıkla izole edilmişlerdir (Kutzner, 1981; Williams ve diğ., 1989). *Streptomyces griseus* türüne ait suşların neden olduğu misetoma iri burunlu sirk

yunuslarının yanısıra kedilerde de enfeksiyona neden olduğu görülmüştür (Williams ve diğ., 1989). *Streptomyces albus*'un bir suşu da hasta bir ineğin kanında bulunmuştur (Kutzner, 1981).

Streptomyces türleri aktinomisetler arasında ekonomik açıdan önemli bir gruptur ve biyolojik olarak aktif bileşiklerin en önemli kaynağını oluşturmaktadır (Berdy, 2005). Bilinen ticari ve tıbbi olarak kullanılan antibiyotiklerin (Cundlife, 1989; Kieser ve diğ., 2000) ve çeşitli tarımsal açıdan önemli bileşiklerin (Okami ve Hotta, 1988) dörtte üçünün streptomisetlerden elde edildiği bilinmektedir. Üstelik, 1990 yılında keşfedilen antibiyotiklerin yaklaşık % 60'ı ve tarımda kullanılan antibiyotiklerin çoğu *Streptomyces* cinsi tarafından üretilmektedir (Tanaka ve Omura, 1993). *Streptomyces* türleri antibakteriyel (Berdy, 1980, 2005; Ramesh ve Mathivanan, 2009), antifungal (Berdy, 1980, 2005; Prabavathy ve diğ., 2006; Prapagdee ve diğ., 2008; Ramesh ve Mathivanan, 2009; Ebrahimi Zarandi ve diğ., 2009), böcek öldürücü (Pimentel-Elardo ve diğ., 2010), antitümör (Berdy, 2005; Lam, 2006; Hong ve diğ., 2009), anti-inflamatuar (Renner ve diğ., 1999), anti-parazitik (Pimentel-Elardove diğ., 2010), antiviral (Sacramento ve diğ., 2004), çürüme önleyici (Xu ve diğ., 2010), anti-infektif (Rahman ve diğ., 2010), herbisitler ve bitki büyümesini teşvik eden bileşiklerin (Sousa ve diğ., 2008) yanında enzim inhibitörleri (Hong ve diğ., 2009) ve vitaminler (Atta, 2007) gibi birçok ajanı sentezleme yeteneğine sahip olduğu bulunmuştur. Bundan dolayı endüstriyel açıdan önemli mikroorganizmalar olarak kabul edilmektedir (Williams ve diğ., 1983; Tamehiro ve diğ., 2003; Higginbotham ve Murphy, 2010). Ayrıca ribonükleazları da kapsayan çeşitli ekstraselüler hidrolitik enzimleri üretme yeteneğine sahip oldukları bilinmektedir (Cal ve diğ., 1995; Nicieza ve diğ., 1999; Brunakova ve diğ., 2004; Ramesh ve diğ., 2009; Ramesh ve Mathivanan, 2009; Hong ve diğ., 2009). Bu özellikler *Streptomyces* cinsi üyelerini endüstriyel ve akademik bakış açısından önemli bir araştırma konusu yapmaktadır (Tanaka ve Omura, 1993).

Cinsin taksonomisindeki en son gelişmeler multilokus dizi analizleri (MLSA) uygulamalarıyla suşları ayırt etmek (Rong ve diğ., 2009; Rong ve Huang, 2010) ve filogenetik ağaçları oluşturmak için *gyrB* ve *rpoB* gibi kontrol (housekeeping) genlerinin alternatif işaretleyiciler olarak kullanılmasıdır. Ayrıca üç *Streptomyces* genomu dizilenmiştir; bunlar, *Streptomyces avermitilis* MA-4680^T (9.0256 Mb büyüklüğünde), *Streptomyces coelicolor* A3(2) (8.6675 Mb) ve *Streptomyces griseus* subsp. *griseus* NBRC 13350 (8.5459 Mb)'dur.

2.3.2.10 *Verrucosispora* cinsi

Verrucosispora cinsinin morfolojik, fizyolojik, kemotaksonomik ve filogenetik karakteristiklerine dayanılarak *Micromonosporaceae* familyasına ait olduğu Rheims ve diğ. (1998) tarafından tanımlanmıştır. Bununla birlikte yeni bir cins olduğu, familya ile ilişkili cinslerden sahip olduğu özellikleri bakımından yeterince farklılık göstermesiyle kesinleşmiştir. Tip türü *Verrucosispora gifhornensis* DSM 44337^T olan *Verrucosispora* cinsinin günümüz literatüründe yayınlanmış sekiz türü mevcuttur (URL-11).

Verrucosisporacinsi üyeleri Gram-pozitif, asit-fast olmayan ve aerobik bakterilerdir. Dallanmış hifleri iyi gelişmiş bölmeli misel oluşturmakta ve hava misel oluşumu ya hiç yoktur ya da çok azdır. Tek sporlar substrat miselyumda uzantısız ve kısa veya uzun sporoforların üzerinde bulunmaktadır. Sporlar hareketsiz ve yaşlandıkça tüsü, siğil gibi olan bir yüzey görünümüne sahiptirler. Koloniler sarıdan turuncuya değişen renklerde görünürler, şayet çözünür pigment üretirlerse benzer renkleri gösterebilirler. Hücre duvarı *mezo*-DAP ve glisin (tip II hücre duvarı) içerir ve tüm hücre şekerleri mannoz ve ksiloz içerir fakat arabinoz bulunmaz. Baskın yağ asitleri *izo*-C_{15:0}, *izo*-C_{16:0} ve *anteizo*-C_{17:0}'dir. Aynı zamanda baskın olan menakinonları 9 izopren birimli tetra-hidrojenazdır. Bunun yanında az oranda MK-9(H₂), MK-9(H₆) ve MK-10(H₄)'de bulunabilmektedir. Fosfolipit profilleri fosfatidiletanolamin (PE), difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinozitolmannozit (PIM) ve fosfatidilserin (PS) (PII tip fosfolipit) içermektedir (Rheims ve diğ., 1998; Liao ve diğ., 2009).

Micromonosporaceae familyasındaki diğer cinsler gibi bu cinsin üyeleri de büyük çoğunlukla akuatik habitatlardan izole edilmiştir. *Verrucosispora gifhornensis* turbabataklıklardan (Rheims ve diğ., 1998), *V. lutea* mangrov sedimentinden (Liao ve diğ., 2009), *V. sediminis* Kuzey Çin Deniz'inin derin dip sedimentinden (Dai ve diğ., 2010), *V. andamanensis* deniz süngerinden (Supong ve diğ., 2013), *V. maris* marin sedimentinden (Goodfellow ve diğ., 2012) ve *V. qiuiaie* mangrov bataklık sedimentinden (Xi ve diğ., 2012) izole edilmişlerdir.

Bu cins ayrıca antimikrobiyal ajan üretebilme yeteneğine de sahiptir. Kuvvetli polisiklik poliketid antibiyotik olan abissomisin C (Gram-pozitiflerde folik asit sentezini inhibe eder), bir *Verrucosispora* suşu tarafından üretilmektedir (Riedlinger ve diğ., 2004; Lam, 2006; Williams, 2008). *Verrucosispora sediminis*'insıvı besiyeri

ayrıca kuvvetli antimikrobiyal aktivite göstermiştir (Dai ve diğ., 2010). Buna karşılık ne *Verrucosipora giffhornensis* ne de *Verrucosipora lutea* herhangi bir antimikrobiyal aktivite göstermemiştir (Rheims ve diğ., 1998; Liao ve diğ., 2009).

2.3.3 Aktinomisetler tarafından üretilen sekonder metabolitler

1929 yılında penisilinin keşfi antibiyotik çağının başladığının habercisi olmuş ve mikroorganizmaların klinik olarak yararlı doğal bileşiklerin zengin bir kaynağı olduğunun farkedilmesini sağlamıştır (Betina, 1983). Geçmişten günümüze 10.000'den daha fazlası biyolojik olarak aktif olanyaklaşık olarak 50.000 doğal ürün mikroorganizmalardan izole edilmiştir (Berdy, 2005). Aynı zamanda 10.000'den fazla mikrobiyal ürün antibiyotik, antitümör ajan ve tarım kimyasalları olarak kullanılmaktadır (Berdy, 1980; 2005). Günümüze kadar, mikrobiyal orijinli çoğu antibiyotik *Actinomycetales* ordosunun taksonomik bir grubuna ait olan toprak bakterilerinden elde edilmiştir (Berdy, 2005; Bull ve diğ., 2005; Lam, 2006). Mikroorganizmalar arasında, aktinomisetler hiç şüphesiz sekonder metabolitlerin en büyük üreticileridir (Berdy, 2005). Bilinen mikrobiyal metabolitlerin % 45'i (~10.000 bileşik) çeşitli aktinomiset üyelerinden elde edilmiştir. Bu aktinomiset kaynaklı bileşiklerin % 75'i *Streptomyces* ve % 25'i nadir aktinomisetlerden izole edilmiştir (Berdy, 2005). 20. yüzyılda temsil edilen nadir aktinomiset metabolitlerinin sadece % 5'i tanımlanmıştır (Berdy, 2005). Ancak *Actinomadura*, *Actinoplanes*, *Micromonospora*, *Nocardia*, *Saccharopolyspora*, *Streptosporangium* ve *Streptoverticillium* türleri artan bir şekilde antimikrobiyal metabolitlerin ve antibiyotiklerin geniş bir yelpazede üretiminde önemli rol oynamaktadırlar (Berdy, 2005; Bull ve diğ., 2005; Lam, 2006). Nadir aktinomisetler benzeri görülmemiş, genellikle düşük toksisiteye sahip ve üstün biyoaktif potansiyel gösteren, bazen çok komplike olan çeşitli bileşikler üretmektedirler (Berdy, 2005; Kurtböke, 2012). Aminoglikozitler, glikopeptitler, beta-laktamlar, makrolitler, peptitler, poliesterler, nükleozitler, antrasiklinler, polienler, poliketitler, aktinomisin ve tetrasiklinleri içeren çeşitli antimikrobiyal maddeler aktinomisetlerden izole edilmiş ve karakterize edilmişlerdir (Berdy, 2005). Antibiyotiklerin çoğu ekstraselüler metabolitlerdir ve normal olarak kültür ortamına salınmakta (Bode ve diğ., 2002) ve çeşitli ilaçlar olarak kullanılmaktadırlar (Charoensopharat ve diğ., 2008). Aktinomisetlerin peptitler/glikopeptitler (Singh ve Gurusiddaiah, 1984; Kimura ve diğ., 1996), angucyclinone (Sun ve diğ., 2007), tetrasiklinler (Hatsu ve diğ., 1992), penazinler

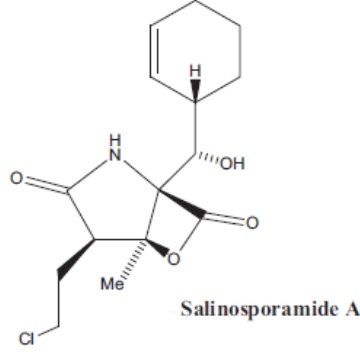
(Maskey ve diğ., 2003), makrolitler (Tanaka ve diğ., 1997b), antrakionlar (Takahashi ve diğ., 1988), polienler (Cidaria ve diğ., 1993; Ouhdouch ve diğ., 2001; Lemriss ve diğ., 2003), antrasiklinler (Maeda ve diğ., 1994), beta laktamlar (Aoki ve diğ., 1976), piersidinler (Hayakawa ve diğ., 2007a, b), oktaketitler (Radzom ve diğ., 2006), benzoxazolophenanthridines (Doull ve diğ., 1994), heptadekaglikozitler (Singh ve diğ., 2000), laktonlar (Imai ve diğ., 1987) gibi antibiyotiklerin çeşitli tiplerini ürettiği bilinmektedir (Berdy, 2005).

2.3.4 Denizel aktinomisetlerden elde edilen yeni metabolitler

30.000'den daha fazla hastalık klinik olarak tanımlanmasına rağmen, bunların üçte birinden daha azı semptomatik olarak tedavi edilebilir ve çok azıda iyileştirilebilir durumdadır (Schultz ve Tsaklakidis, 1997). Yeni terapötik ajanlara, medikal ihtiyaçları karşılamak için acilen ihtiyaç duyulmaktadır (Wright ve Sutherland, 2007). Doğal ürünler ilaç keşiflerinde önemli bir rol oynamaktadır (Demain ve Zhang, 2005; Zhang, 2005). Yeni sekonder metabolitlerin keşfi için bir kaynak olarak deniz aktinomisetlerinin kullanılması için erken bir aşama olmasına rağmen, geçen birkaç yılda birçok yeni metabolit izole edilmiştir (Lam, 2006). 2005'den 2010'a kadar deniz aktinomisetlerinden izole edilen yeni sekonder metabolitlerin bazı örnekleri **Çizelge 2.2**'de verilmiştir. Bu beş yıl periyodunda deniz aktinomisetleri tarafından üretilen yeni sekonder metabolitlerin tamamı olmamakla birlikte **Çizelge 2.2**'de biyolojik aktivitesi rapor edilmiş çok farklı çeşitli yapılar gösterilmektedir. **Çizelge 2.2**'de verilen staurosporinone, salinosporamide A, lodopiridon, arenimisin, marinomisinler ve proksimisinler gibi bazı bileşikler nadir bulunmaları, kuvvetli ve çeşitli biyoaktiviteye sahip olmaları nedeniyle özel bir önem taşımaktadır.

Çizelge 2.2. 2005-2010 yılları arasında deniz aktinomisetleri tarafından üretilen yeni sekonder metabolitler

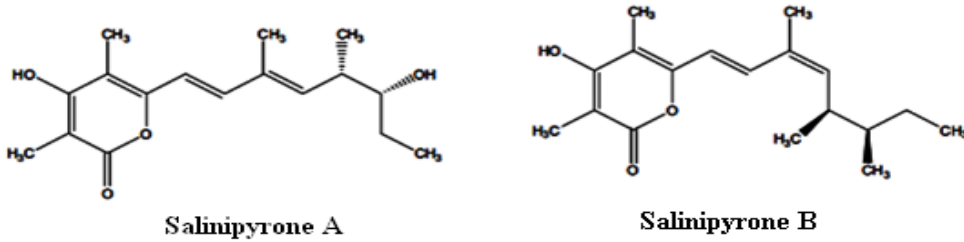
Bileşik	Kaynak	Biyolojik Aktivite	Referans
Chinikomisinler	<i>Streptomyces</i> sp.	Antikanser	Li ve diğ., 2005
Chloro-dihydroquinones	<i>Streptomyces</i> sp.	Antibakteriyel; antikanser	Soria-Mercado ve diğ., 2005
Glaciapyrroles	<i>Streptomyces</i> sp.	Antibakteriyel	Macherla ve diğ., 2005
Frigocyclinone	<i>Streptomyces griseus</i>	Antibakteriyel	Bruntner ve diğ., 2005
Lajollamisin	<i>Streptomyces nodosus</i>	Antibakteriyel	Manam ve diğ., 2005
Mechercharmisinler	<i>Thermoactinomyces</i> sp.	Antikanser	Kanoh ve diğ., 2005
Salinosporamide A (NPI-0052)	<i>Salinispora tropica</i>	Antikanser, antimalaryal	Jensen ve diğ., 2007; Prudhomme ve diğ., 2008
Sporolide A	<i>Salinispora tropica</i>	Biyolojik aktivitesi bilinmiyor	Jensen ve diğ., 2007
Salinisporamides B ve C	<i>Salinispora tropica</i>	Sitotoksosite	Williams ve diğ., 2005
2-Allyloxyphenol	<i>Streptomyces</i> sp.	Antimikrobiyal; yiyecek koruyucusu; ağız antiseptiği	Arumugam ve diğ., 2009
Saliniketal	<i>Salinispora arenicola</i>	Kanser kemoprevensiyon	Jensen ve diğ., 2007
Marinomisinler	<i>Marinispora</i>	Antibakteriyel; antikanser	Kwon ve diğ., 2006
Cyanosporaside A	<i>Salinispora pacifica</i>	Biyolojik aktivitesi bilinmiyor	Jensen ve diğ., 2007
Lodopyridon	<i>Saccharomonospora</i> sp.	Antikanser	Maloney ve diğ., 2009
Arenimisin	<i>Salinispora arenicola</i>	Antibakteriyel; antikanser	Asolkar ve diğ., 2010
Salinispyrone	<i>Salinispora pacifica</i>	Biyolojik aktivitesi bilinmiyor	Jensen ve diğ., 2007
Salinipyrones A ve B	<i>Salinispora pacifica</i>	Hafif sitotoksosite	Oh ve diğ., 2008
Pacificanones A ve B	<i>Salinispora pacifica</i>	Antibakteriyel	Oh ve diğ., 2008
Arenicolides A-C	<i>Salinispora arenicola</i>	Hafif sitotoksosite	Jensen ve diğ., 2007; Williams ve diğ., 2007
1-hydroxy-1-norresistomycin	<i>Streptomyces chinaensis</i>	Antibakteriyel; antikanser	Gorajana ve diğ., 2005; Kock ve diğ., 2005
Resistoflavin methyl ether	<i>Streptomyces</i> sp.	Antibakteriyel; antioksidatif	Kock ve diğ., 2005
Staurosporinone	<i>Streptomyces</i> sp.	Antitümör; fiktoksosite	Wu ve diğ., 2006
Sesquiterpene	<i>Streptomyces</i> sp.	Biyolojik aktivitesi bilinmiyor	Wu ve diğ., 2006
1.8-Dihydroxy-2-ethyl-3-methylanthraquinone	<i>Streptomyces</i> sp.	Antitümör	Huang ve diğ., 2006
Caboxamisin	<i>Streptomyces</i> sp.	Antibakteriyel; antikanser	Hohmann ve diğ., 2009
Daryamides	<i>Streptomyces</i> sp.	Antifungal; antikanser	Asolkar ve diğ., 2006
Pierisidinler	<i>Streptomyces</i> sp.	Antitümör	Hayakawa ve diğ., 2007a
Proksimisinlet	<i>Streptomyces</i> sp.	Antibakteriyel; antikanser	Fiedler ve diğ., 2008



Şekil 2.3. Salinosporamide A'nın kimyasal yapısı

Salinosporamide A (NPI-0052), zorunlu deniz aktinomiseti olan *Salinispora tropica* türünden izole edilen yeni bir nadir bisiklik beta lakton gama-laktamdır (Feling ve diğ., 2003; Jensen ve diğ., 2007). Salinosporamide A ticari proteozom inhibitör antikanser ilaç Bortezomibden ayrı mekanizmalarla çoklu miyolom hücrelerinde apoptozisi uyaran oral olarak aktif bir proteozom inhibitördür (Chauhan ve diğ., 2005). Salinosporamide A'nın kimyasal yapısı Şekil 2.3'de verilmiştir.

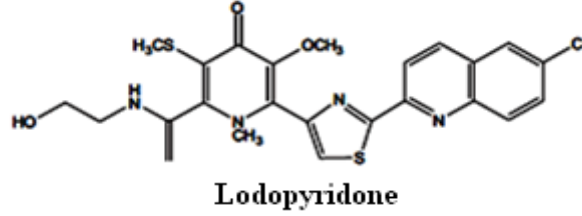
Nereus Pharmaceuticals, Inc. (NPI-0052) tarafından geliştirilmiş ve 2006 yılında insanda kanser tedavisi için klinik çalışmalara girmesi planlanmıştır. NPI-0052 katı tümörler, lenfoma ve çoklu miyolom tümörleri için çoklu faz I denemelerinde uygulanmıştır (URL-12). NPI-0052 zorunlu deniz aktinomisetlerinden kanser tedavisi için tuz fermentasyonu ile üretilen ilk klinik adayı temsil etmektedir.



Şekil 2.4. Salinipyrones A ve B'nin kimyasal yapısı

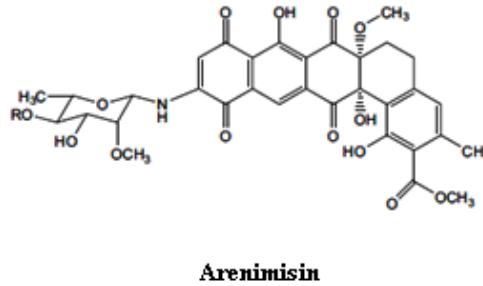
Salinipyrones A ve B zorunlu deniz aktinomiseti olan *Salinispora pacifica*'nın filogenetik olarak eşsiz bir suşundan izole edilen poliketitlerdir (Oh ve diğ., 2008). Salinipyrones A ve B'nin biyolojik aktiviteleri ilaca dirençli insan patojenlerine karşı

kayda değer bir antimikrobiyal aktivite göstermemiştir. Ancak, Salinipyronone A ölçülebilir insan hücre sitotoksitesi olmadan 10µg/mL’de interlökin-5 üretiminin % 50’sinde orta derecede inhibisyon göstermiştir (HCT-116). Salinipyrones A ve B’ninkimyasal yapısı Şekil 2.4’de verilmiştir.



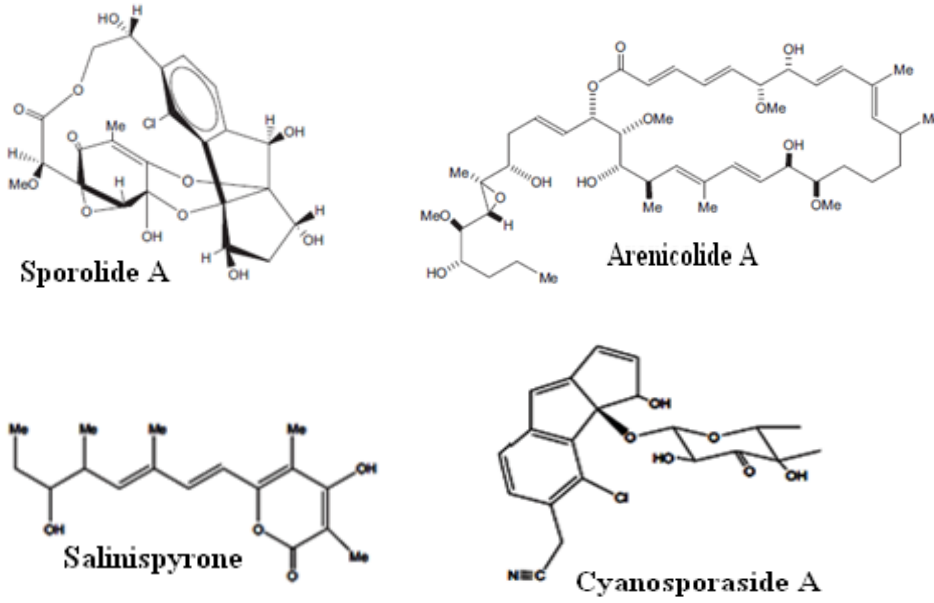
Şekil 2.5.Lodopyridone’nin kimyasal yapısı

Lodopyridone La Jolla deniz dibi kanyonunun ağzından toplanan sedimentlerden izole edilen bir deniz izolatu olan *Saccharomonospora* sp. tarafından üretilen eşsiz bir alkoloittir (Maloney ve diğ., 2009). Lodopyridone insan kolon adenokarsinoma hücresi HCT 116’ya karşı aktiviteye sahiptir (3.6 µM IC₅₀).Lodopyridone’nun kimyasal yapısı Şekil 2.5’te verilmiştir.



Şekil 2.6.Arenimisinin kimyasal yapısı

Şekil 2.6’da kimyasal yapısı verilen arenimisin zorunlu deniz aktinomiseti olan *Salinispora arenicola* tarafından üretilen benzo [α] naftasen kinon sınıfına ait yeni bir antibiyotiktir (Asolkar ve diğ., 2010). Bu yeni yapısal türev *S.arenicola*’nın suşu tarafından üretilen bu antibiyotik sınıfının ilk raporudur. Arenimisin, rifampisin-ve methisilin-dirençli *Staphylococcus aureus*’a ve ilaç dirençli *Staphylococci* ve diğer Gram-pozitif insan patojenlerine karşı güçlü antimikrobiyal etki göstermektedir.



Şekil 2.7.Denizel aktinomisetler tarafından üretilen yeni sekonder metabolitler

Ek olarak *Salinispora tropica* suşu; **Şekil 2.7**'de kimyasal yapısı verilen Sporolide A, Arenicolide A, Cyanosporaside A ve Salinispyrone olarak bilinen önceden görülmemiş dört bileşik üretmektedir (Jensen ve diğ., 2007). Bu açıklanan yapılar yeni sekonder metabolitlerin üretimi için deniz aktinomisetlerinin muazzam bir potansiyelinin olduğunu göstermiştir.

2.4 Bakteriyel Taksonomi

İnsanoğlunun çevresindekileri anlama isteği ve bilgiye ulaşmak için bitmek bilmeyen soruları bazı durumlarda bu bilgiyi düzenleme ihtiyacını doğurmuştur. Taksonomi, organizmaların filogenetik ilişkilerini temel alarak onların sınıflandırılması ve uygun bir şekilde bu organizmalar hakkında geniş bir dizi bilgiyi organize eden bir bilim dalıdır. Taksonomi bir organizmanın yakınındaki organizma ile bilinen veriler aracılığıyla sınıflandırılmasına dayanarak bilgi vermektedir (Prescott ve diğ., 2002a; Sohier ve diğ., 2008).

2.4.1 Bakteriyel taksonominin gelişimi

Başlangıçta, prokaryotik taksonomi sadece morfoloji, hareketlilik, biyokimyasal, fizyolojik ve ekolojik özelliklerin dahil olduğu klasik özelliklerin kullanımına dayanmaktaydı. Bu klasik özellikler bitki ve hayvan sistemlerinden alınarak

uygulanmıştır(Woese, 1994; Busse ve diğ., 1996; Prescott ve diğ., 2002a; Richter ve Rosselló-Móra, 2009; Staley, 2009). Ancak kısa bir süre sonra bu karakteristiklerin çok basit ve deęişken oldukları anlaşılmış, bakterileri doğru bir şekilde sınıflandırmadığı için organizmalar arasındaki ilişkilerin açıklanmasında doğal bir sınıflandırma sistemine ihtiyaç duyulmuş, fakat teknolojik yetersizlikten dolayı bu sistem 1960'lı yıllara kadar kurulamamıştır.

Moleküler ve genetik mekanizmalar ve biyokimyasal yollarla ilgili çalışmalara yönelme başladıktan sonra çok sayıda molekülün dizilenmeye başlamasıyla (örn; insülin, fibrinopeptit, hemoglobin ve sitokrom c) bakterilerin sınıflandırılmasına duyulan endişe azalmaya başlamıştır (1950'lerin sonu 1960'ların başı). Bu yöntemler organizmalar arasındaki ilişkilerin belirlenmesine yardımcı olmak için büyük bir potansiyele sahip metotların gelişmekte olduğunu göstermiştir. Sınıflanması yapılmamış türleri tanımlamak için bir vasıta olarak değerlendirilmesine rağmen, başlangıçta bu moleküler dizi verilerinin azlığı filogenetik ilişkilerin açıklanmasının önündeki en büyük engeli oluşturmuştur. Bakteriyel ekolojiye artan ilgi organizmalar arasındaki ilişkilerin belirlenmesine olan merakın artmasına yol açmış, bunun sonucu olarak filogeni ve organizmalar arasındaki doğal ilişkinin bilinmesine tamamiyle ihtiyaç duyulmuştur (Woese,1994).

1960 ve 1970'lerde DNA-DNA hibridizasyon (DDH) ve DNA baz kompozisyonu ve sonraları (1970'lerin sonu ve 1980'lerin başı) protein ve RNA dizileme (en önemlisi 16S rRNA genleri) gibi moleküler karakterizasyon metotlarının taksonomi içine girdiği görülmüştür (Richter ve Rosselló-Móra, 2009; Staley, 2009). Bakterilerin kemotaksonomik karakterlerinin tanımlanması için çok sayıda yöntem 1980'lerin başında gelişmiş ve standart taksonomik metotların bir bölümü olarak sunulmuştur (Wayne ve diğ., 1987; Busse ve diğ., 1996). Bu metotların artan kullanımı doğal bir sınıflandırma şemasının tanımlanmasına olanak tanımış ve organizmaların filogenetik ilişkilerinin hedeflenen şekilde tanımlanmasına izin vermiştir (Embley ve Stackebrandt, 1994; Stackebrandt ve Goebel, 1994).

2.4.2 Polifazik taksonomi

Bakterilerin doğru bir şekilde sınıflandırılması sınırlı sayıdaki karakterlere dayalı olarak yapılamaz, akrabalık ilişkilerinin açıklanmasında çok farklı alanlardan toplanan karakterlerin bir araya getirilmesinin en iyi ve doğru yol olduğu kabul edilmiştir (Busse ve diğ., 1996; Ludwig, 2007). Farklı alanlardan verilerin

toplanması yaklaşımı polifazik taksonomi olarak bilinmekte ve daha çok bakterileri karakterize etmede kullanılmaktadır. Polifazik taksonomi fenotipik, kemotaksonomik ve genotipik karakteristikleri içermektedir (Embley ve Stackebrandt, 1994; Busse ve diğ., 1996; Prescott ve diğ., 2002a; Coenye ve diğ., 2005; Gevers ve diğ., 2005; Ludwig, 2007).

2.4.2.1 Klasik karakteristikler

Bakteriyel taksonominin başlangıcında sınıflandırmalar taksonomik gruplar ya da belirli türlerin bazı fenotipik özelliklerini içeren morfolojik ve fizyolojik verilere dayanmaktaydı (Embley ve Stackebrandt, 1994; Busse ve diğ., 1996; Prescott ve diğ., 2002a). Bu klasik karakteristikler olarak bilinen özellikler bakteriyel sınıflandırmada, bakterilerin tanımlanmasında ve ayrıştırılmasında sağladığı bilgilerle günümüzde de önemli bir rol oynamaktadır.

Morfolojik karakteristikler

Bakterilerin sınıflandırılmasında kullanılan karakterlerin başında morfoloji gelmektedir. Morfoloji genellikle yapılan çalışmalarda kolaylık sağlamaktadır ve filogenetik ilişkinin temel olarak belirlenmesinde kullanılabilir (Woese, 1994). Yapısal özellikler çoklu genlerin ekspresyonuna bağlıdır ve çevresel değişikliklerden oldukça bağımsızdır (Prescott ve diğ., 2002a). Spor morfolojisi ve lokasyonunun yanısıra koloni morfolojisi ve rengi, hücre boyama davranışları, hücre morfolojisi (boyut ve şekil), hareket özelliği, flagella veya silia bulundurması, sporların ya da endosporların varlığını içeren çok farklı morfolojik karakteristikleri içermektedir (Busse ve diğ., 1996; Prescott ve diğ., 2002a).

Fizyolojik karakteristikler

Bir bakterinin fizyolojik ve metabolik karakteristiklerinin belirlenmesi geniş bir dizi bilgi sağlamaktadır. Bunun bir sonucu olarak çoklu enzimlerin ve taşıyıcı proteinlerin varlığı ya da yokluğu belirlenmektedir. Bu testler mikrobiyal genomu temel alan dolaylı analizleri sağlamaktadır (Prescott ve diğ., 2002a). Bakterileri karakterize etmek için rutin olarak kullanılan fizyolojik testlerin geniş bir aralığı vardır. Bunlara büyüme parametrelerini (pH, sıcaklık ve tuz toleransı), farklı substratları degrades edebilme yeteneği, çeşitli karbon ve azot kaynaklarını kullanabilme yeteneği, sekonder metabolitlerin üretimi ve metabolik inhibitörler veya antibiyotiklere olan tolerans örnek olarak verilebilir (Busse ve diğ., 1996;

Prescott ve diğ., 2002a). Cinslerin karakterize edilmesi özel testlerin kullanılmasına bağlıdır.

Ekolojik karakteristikler

Bakteriler ve çevreleri ile arasındaki ilişkiyi etkileyen karakteristikler ekolojiktir ve sıklıkla taksonomik olarak birbirleriyle alakalı bilgiler sağlamaktadır. Taksonomik olarak ilişkili bu bilgiler, yakın akraba organizmalar arasında bulunan ekolojik karakteristiklerdeki çok sayıdaki farklılıklarla ortaya çıkmaktadır (Prescott ve diğ., 2002a). Önemli ekolojik karakteristikler hastalığa neden olma yeteneği, yaşam döngüsü örnekleri, simbiyotik ilişkiler ve belirli habitatlarda bulunabilmelerini içermektedir (Prescott ve diğ., 2002a; Gevers ve diğ., 2005; Staley, 2009).

2.4.2.2 Kemotaksonomi

Çeşitli kemotaksonomik markörlerin karşılaştırılmasının organizmalar arasındaki filogenetik ilişkiyi belirlemek için güvenilir bir yöntem olarak kullanılabileceği gösterilmiştir (Komagata ve Suzuki, 1987; Busse ve diğ., 1996). Aslında, önceden sınıflandırılmış taksaların birçoğunun geçerliliği kemotaksonomik veriler sorgulandığında, birçok suşun kimyasal pozisyonlarında büyük farklılık gösterdiği ortaya çıkmıştır. Bunun bir sonucu olarak, birçok suş yeni cinslere dahil edilmiştir (Embley ve Stackebrandt, 1994). *Ad hoc* komitesi önemli kemotaksonomik verilerin yeni bir taksanın oluşturulmasını desteklemek için gerekli olduğunu ifade etmiştir (aynı aile üyeleri arasında tutarlılık olmalıdır) (Wayne ve diğ., 1987).

Hücre, taksonomik markörler olarak kullanılmak üzere yeterince stabil olan çok sayıda kimyasal maddenin bir koleksiyonu olarak görülmektedir. Bu çok sayıdaki kimyasal maddeler belirli bakteri gruplarında ortaktır ve hücrede yüksek ölçüde düzenlenmiş enzimatik sistemler tarafından kodlanmaktadır (Komagata ve Suzuki, 1987).

Hücresel yağ asitleri

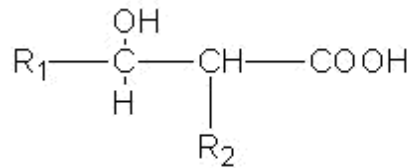
Hücrelerde lipitlerin en önemli bileşenlerinden biri olan yağ asitleri esas olarak sitoplazmik ve dış membranda yer almaktadır. Gram-pozitif bakterilerde fosfolipitler ve lipoteikoik asitler, Gram-negatif bakterilerde lipopolisakkaritler ve fosfolipitlerin bileşenleri gibi (Busse ve diğ., 1996) lokalize olmuştur (Komagata ve Suzuki, 1987). Yağ asitlerinin çeşitli tiplerinin mevcudiyeti ve nisbi bolluğu referans türlerle karşılaştırılarak analiz edilmekte ve hem tanımlama hem de sınıflandırma amacıyla

kullanılmaktadır (Huys ve diğ., 1994; Busse ve diğ., 1996). Bazı yağ asiti profilleri ya da spesifik bir yağ asitinin tesbiti belirli filogenetik bir grup için karakteristik olabilmekte (Komagata ve Suzuki, 1987; Busse ve diğ., 1996) ve hatta yakın akraba türler arasındaki farklılığı ortaya çıkarabilmektedir (Huys ve diğ., 1994). Sınıflandırma ve tanımlama için veri tabanlarıyla yağ asiti profilleri karşılaştırıldığında dikkate alınması gereken en önemli faktör, yağ asiti kompozisyonunun büyüme şartlarına bağlı olduğu ve bu nedenle de yapılan karşılaştırmaların anlamlı olması için standart şartlar altında hücrelerin büyütülmelerinin gerekliliğidir (Busse ve diğ., 1996).

Mikolik asitler

Korineform bakterilerinin bazı cinslerinin karakteristik bir lipit bileşeni olan mikolik asitler uzun zincirli 2-alkil-3-hidroksi yağ asitleridir. Mikolik asitler 60-90 C atomlu dallanmış ağır asitlerin hidroksilatlarıdır. Aynı zamanda mikolik asitler, metoksi, keto, epoksi ester grupları ve siklopropan halkaları gibi farklı fonksiyonel gruplar içermektedirler (**Şekil 2.8**).

Mikolik asitler, Stodola tarafından, 1938'de sirozlu bir hastadan izole edilen *Mycobacterium tuberculosis*'den izole edilmiş ve isimlendirilmiştir. Eterde çözülebilen yüksek moleküler ağırlıkta hidroksi asit içeren bu moleküle mikolik asit adı verilmiştir (Barry ve diğ., 1998). Mikolik asitlerin yapısal özellikleri ilk defa 1950 yılında Asselineau J. tarafından ayrıntılı şekilde tanımlanarak formülize edilmiştir (Nishiuchi ve diğ., 1999) (**Şekil 2.8**).



Şekil 2.8.Mikolik asitin genel yapısı

Mikolik asit içerdiği bilinen sınırlı sayıdaki cinsleri (*Corynebacterium*, *Dietzia*, *Gordonia*, *Mycobacterium*, *Nocardia*, *Rhodococcus*, *Turicella* ve *Tsukamurella*) içermeyen cinslerden ayırt etmek için kullanılır (Komagata ve Suzuki, 1987; Busse ve diğ., 1996). Üstelik, mikolik asit molekülünü oluşturan karbon atomunun miktarı, cinslerdeki mikolik asitlerdeki farklılaşmayı sağlar ve bazı tipleri farklı cinslerin

karakteristiğini oluşturur (Busse ve diğ., 1996). Mikolik asitlerin analizi genellikle sınırlı cinsler için yararlı bilgi sağladığı gibi diğer karakteristiklerle de kombine edilmelidir (Busse ve diğ., 1996).

Respiratuar izoprenoit kinonlar

Hem sitoplazmik hem de mitokondriyal membranların bileşeni olan respiratuar izoprenoit kinonlar elektron taşıma zincirinde önemli bir rol oynamaktadır ve bakteriyel karakterizasyon için izoprenit kinonların analizleri kinonların tiplerinin tanımlanmasına dayalıdır. Kinon tiplerinin tanımlanması doymuş izoprenoit birimlerinin sayısının yanısıra izoprenit yan zincirlerinin uzunluğu ile yapılmaktadır. Kinonların farklı tiplerinin varlığı (ya da bunların kompozisyonları) bakterilerin farklı sınıflarının karakteristiğidir ve kinonların yan zincirlerinin analizi (hem uzunluk hemde doyumluk düzeyi) tanımlama ve farklılaşma için çok önemli bilgi sağlamaktadır. Örneğin, menakinonların sadece Gram-pozitif bakterilerde mevcut olduğu bilinmektedir (daha ayrıntılı farklılaşmaya izin veren yan zincirlerin doyumluk düzeyi ile), *Proteobacteria*'nın α -, β - ve γ - alt sınıfının ubikinon içerdiği, δ - ve ϵ - alt sınıfının ise menakinon ve ubikinon içerdiği bilinmektedir (Busse ve diğ., 1996).

Polar lipitler

Polar lipitler genellikle iki yağ asitine bağlanarak, polar bir grupla bakteriyel membranların ana bileşenini oluşturmaktadırlar. Bakteriyel membranlarda polar lipitlerin çok farklı tipleri vardır ve fosfolipitler en yaygın bulunanıdır. Fakat aynı zamanda ornitin ya da serin içeren polar lipitler ve fosfor içermeyen glikolipitlerde bulunmaktadır. Tek bir polar lipitin ya da belirli bir kombinasyonun varlığı bazı taksaların karakteristiği olabilmektedir. Gram-pozitif bakterilerin farklılaşması ve tanımlanması için kullanılan beş tanınmış fosfolipit örneği (PI-V) bulunmaktadır. Farklı lipitlerin tanımlanması referans ile tanımlanan suşun Rf değeri ve boyanarak spot oluşumlarının (ince tabaka kromatografisi (TLC) tarafından ayrıldıktan sonra) karşılaştırılması ile yapılmaktadır. Ancak, polar lipitlerin tanımlanması genellikle zor olabilmektedir (Busse ve diğ., 1996).

Peptidoglikan analizi

Diamino asitler bakteriyel hücre duvarlarının peptidoglikan tabakalarının önemli bileşenidir ve genellikle peptidin ucunda 3. pozisyonda bulunmaktadır. Gram negatif

bakterilerde diamino asit tipinin (sadece *mezo*-diaminopimelik asit bulunmaktadır) çok fazla çeşiti bulunmamasına rağmen, Gram-pozitif bakteriler arasında oldukça çeşitlilik göstermektedir. Gram-pozitif bakteriler *mezo*- (DL-) ve LL-DAP, L-ornitin, L-lizin ve L-2,4-diaminobütirik asit diamino asitlerini içerirken, interpeptit köprüleri D-ornitin içermektedir. Bilinen diamino asitin tipinin varlığı Gram-pozitif bakterilerin sınıflandırılması için önemli bir bilgi sağlamakta fakat Gram-negatif bakteriler için çok daha az bilgi sunmaktadır (Komagata ve Suzuki, 1987; Busse ve diğ., 1996).

Tüm hücre şekerleri

Bakterilerin hücre duvarlarının peptidoglikan tabakalarındaki muramik asit ve glikozamin varlığına ek olarak çeşitli şekerler bulunmaktadır (Komagata ve Suzuki, 1987). Hücre duvarlarının şeker bileşenlerinin karşılaştırılması bakterilerin tanımlanması ve sınıflandırılması (Komagata ve Suzuki, 1987) için önemli bilgi sağlamakta ve Gram-pozitif bakterileri tanımlamakta yaygın olarak kullanılmaktadır (Busse ve diğ., 1996). Bazı bakteri gruplarının tüm hücre şeker profilleri farklı karakteristiktir. Örneğin, filamentli aktinomisetlerde tanımlanmış beş şeker profili bulunmaktadır (tanısal olmayan bir şeker ile). Ancak bazı taksonların standart bir şeker profili yoktur (Komagata ve Suzuki, 1987; Busse ve diğ., 1996). Şekerlerin varlığı, referans standartlarla TLC'de ayrıldıktan sonra Rf değerlerinin karşılaştırılması ve boyanma farklılıkları ile belirlenebilmektedir. Bilinmeyen şekerlerin tanımlanması karşılaştırma için uygun standartların bulunmaması nedeniyle oldukça zordur (Busse ve diğ., 1996).

2.4.2.3 Moleküler metotlar

Organizmaların filogenetik ilişkilerini belirlemek için referans olarak tüm DNA dizilerinin kullanılabilir olduğu *ad hoc* komitesi tarafından kabul edilmiştir (Wayne ve diğ., 1987). Protein kodlayan genlerle ilgili çalışmalar organizmaların yakınlığı hakkında güvenilir bilgi sağlamakta ve bu nedenle de bakteriyel taksonomide oldukça önemlidir (Embley ve Stackebrandt, 1994; Prescott ve diğ., 2002a). İlk olarak hızlı DNA dizileme çalışmaları kullanılmaya başlanmadan önce DNA'ların nükleotit dizileri tanımlanmadan dolayı metotlar kullanılarak karşılaştırılan organizmalar arasındaki DNA ilişki düzeyi hakkında bilgi sağlanmaktaydı. Ancak doğrudan sekanslama metotlarına doğru ilerleyiş DNA dizilerini belirleyerek,

karşılaştırılan organizmalar arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesinde çok daha fazla bilgi sağlamaktadır (Ludwig, 2007). Bakteriyel taksonomide artan moleküler metotların kullanımı hem genetik hemde epigenetik karakterlerin daha objektif değerlendirilmesine izin veren mantıklı bir gelişme olarak görülebilmektedir (Embley ve Stackebrandt, 1994).

“Altın Standart” metotlar

DNA-DNA hibridizasyon (DDH) metotlarının kullanımı DNA benzerliklerini değerlendirmek için mevcut olan en iyi prosedürdür ve 1970 yılından bu yana prokaryotlar arasındaki akrabalığı belirlemek için kullanılmaktadır (Wayne ve diğ., 1987; Coenye ve diğ., 2005; Gevers ve diğ., 2005; Goris ve diğ., 2007; Sohler ve diğ., 2008). DNA'ların erime sıcaklığındaki farklılıklar (T_m) akrabalığı tespit etmek için DNA hibridizasyonu ile bağlantılı olarak kullanılmaktadır (Wayne ve diğ., 1987; Stackebrandt ve Goebel, 1994; Ludwig, 2007). % 70 ve üzeri DNA-DNA hibridizasyon değeri (bireysel DNA'ların T_m değeri 5°C ve daha az farklılık göstermelidir) suşların aynı genomik türlere ait olup olmadığını belirlemek için kullanılmakta ancak bunlara ilaveten suşlar fenotipik olarak ayrılabilir (Wayne ve diğ., 1987; Stackebrandt ve Goebel, 1994; Stackebrandt ve Ebers, 2006; Ludwig, 2007; Richter ve Rosselló-Móra, 2009; Staley, 2009).

Hızlı sekanslama metotlarının ilerlemesi bakterilerin akrabalığını değerlendirmek için 16S rRNA gen dizi benzerliğinin geliştirilmesine imkan sağlamıştır (Stackebrandt ve Goebel, 1994; Stackebrandt ve diğ., 2002). Bu gelişme karakterizasyon için filogenetik sistematığın ve metotların önemli bir kilometre taşı olarak görülmektedir (Ludwig, 2007). 16S rRNA protein sentezi için gerekli olduğu gibi bakterilerin yaşamı için gerekli esas bir moleküldür ve yüksek derecede korunmuştur (Embley ve Stackebrandt, 1994; Gürtler ve Stanisich, 1996; Rintala ve diğ., 2001; Gevers ve diğ., 2005; Lanoot ve diğ., 2005; Ludwig, 2007). Günümüzde 16S rRNA gen sekansına dayanan analizler bakteriyel taksonominin omurgasını oluşturmakta (Ludwig, 2007) ve türlerin filogenetik analizleri 16S rRNA gen dizisi temel alınarak oluşturulmaktadır (Fox ve diğ., 1992; Busse ve diğ., 1996; Stackebrandt ve Ebers, 2006). 16S rRNA gen dizilerinin ulaşılabilir veri tabanlarındaki depozit edilmiş sayısını herhangi bir gen bölgesinin yakalaması mümkün görülmemektedir ($>400\ 000$ dizi) (Konstantinidis ve Tiedje, 2007; Ludwig, 2007). % 70'den daha fazla DDH benzerliğine sahip olan suşlar % 97'den daha

büyük 16S rRNA gen sekansı benzerliğine sahiptir (Gevers ve diğ., 2005; Sohier ve diğ., 2008). Bu % 97 sınırı, sınırlı bir veri seti için DDH değerleri ve 16S rRNA gen sekans benzerliklerinin karşılaştırılmasına dayanmakta (Stackebrandt ve Goebel, 1994) ve türleri ayırmak için ihtiyaç duyulduğunda bir rehber olarak 20 yıldan fazla bir süredir araştırmacılar tarafından kullanılmaktadır (Stackebrandt ve Ebers, 2006). Her iki metot hem 16S rRNA gen sekansı hem de DDH taksonomik tanımlamalar için altın standartlar olarak kullanılmasına rağmen (Gianninò ve diğ., 2003; Zeigler, 2003; Zeigler, 2005; Stackebrandt ve Ebers, 2006; Ludwig, 2007) her ikisi de bazı kısıtlamalara sahiptir. DDH çalışmalarında elde edilen sonuçlar hibridizasyon deneylerindeki çok sayıda parametreden etkilenmektedir. DNA konsantrasyonu, DNA fragmentlerinin saflığı ve büyüklüğü, inkübasyon sıcaklığı, farklı RNA seviyelerinin varlığı bu parametreler arasındadır (Yoon ve Park, 2000; Stackebrandt ve Ebers, 2006; Goris ve diğ., 2007; Ludwig, 2007). Hibridizasyon deneyi gerçekleştirme süreçleri uzun zaman alıcı ve yoğun emek gerektirdiğinden birçok laboratuvar ya bu çalışmaları kendi başlarına gerçekleştirebilecek durumda değil ya da bunun yerine özel laboratuvar servislerine güvenmek zorunda kalmaktadırlar (Stackebrandt ve Ebers, 2006). Ayrıca DDH sadece aralarında oldukça yakın ilişki bulunan türleri değerlendirmek için kullanılabilir fakat uzak akraba olan organizmaları belirlemek için kullanılamaz. Aksine 16S rRNA gen dizi karşılaştırmaları yakın akraba türlerin ayırımına olanak sağlamamaktadır (Gevers ve diğ., 2005; Konstantinidis ve Tiedje, 2007). Bununla birlikte 16S rRNA gen dizi analizleri cins düzeyindeki tanımlama için yada bir cins içerisindeki uzak akraba türlerin karşılaştırılmasında oldukça kullanışlıdır (Keswani ve Whitman, 2001).

Dolaylı metotlar

Nükleik asitlerin karşılaştırılmasına ve sekanslanmasına imkan veren teknolojik gelişmelerden önce, organizmalar arasındaki temel genomik benzerliklerin değerlendirilmesi için olanak sağlayan çok sayıda dolaylı yöntem geliştirilmiştir. 16S rRNA molekülüne sekanslama yapılmadan yararlanmak üzere çok sayıda yöntem geliştirilmiştir. Bu yöntemler, daha hızlı ve daha kolay gerçekleştirilmektedir. Bu metotlar esas olarak organizmaların tanımlanması ve sınıflandırılmasında kullanılan karakteristik fragment örneklerini üretmek için restriksiyon endonükleaz kesimlerinin kullanımı ile gerçekleştirilmektedir. 16S rRNA genini kullanan yöntemlerin çok sayıda olmasına rağmen, bunlar aynı zamanda yakın ilişkili organizmalar

arasında ayırım sağlamamaktadır. Bu şekilde, diğer genler ya da gen ürünlerinin kullanımına izin veren alternatif metotların gelişimi tüm genom akrabalık ilişkilerinin ve filogeninin değerlendirilmesine imkan sağlamaktadır (Stackebrandt ve diğ., 2002).

Genomik Guanin + Sitozin içeriği

Genomdaki guanin + sitozin (G+C) içeriğinin belirlenmesi; genomları karakterize etmek ve taksonları sınıflandırmak için kullanılan ilk klasik metotlardandır (Busse ve diğ., 1996; Ludwig, 2007). Bu yöntem, bir takson içerisine yerleştirilmesinde sınırlı olan, filogenetik bilgiler sağlamayan bir metot olmasına rağmen günümüzde hala taksonomik birimleri tanımlamada önemli bir karakter olarak kullanılmaktadır (Ludwig, 2007). Bir türdeki G+C içeriğindeki kabul edilen varyasyonlar % 5'ten küçük veya eşit, cins için ise % 10'dan daha büyük olmamalıdır (Busse ve diğ., 1996). Farklı G+C içeriğine sahip olan organizmaların, güvenilir şekilde farklı olduğu kabul edilebilir. Bununla birlikte G+C oranının benzer ya da özdeş olması yakın ilişkili taksalara ait olan suşların karakterizasyonunda kullanılmadığı gibi uzak taksonomik gruplardaki suşları ayırmada da tek başına kullanılamaz (Busse ve diğ., 1996; Ludwig, 2007).

Restriksiyon fragment uzunluk polimorfizmi (RFLP)

Çeşitli restriksiyon endonükleazlar yada kombinasyonları ile genomik DNA'nın kesimi restriksiyon fragmentlerinin kompleks bir örneğini oluşturmada kullanılabilir. Bu oluşan restriksiyon fragmentleri analiz edilebilmekte ve birbiriyle yakından ilişkili suşlar arasında ayırım yaparak aynı cins içerisinde ya da aynı türe ait olup olmadığını belirlemek için kullanılabilir (Busse ve diğ., 1996; Ludwig, 2007). Bu teknik farklı organizmaları temsil eden farklı örnekler ile suşlar arasında ayırım sağlayabilmekte ancak onları tanımlamada kullanılamamaktadır. RFLP suşları hızlı ve doğru bir şekilde ayırmada duyarlı bir metot olmasına rağmen DNA sekanslama bu tekniği gölgede bırakmıştır (Sohier ve diğ., 2008).

PZR ile çoğaltılan DNA fragmentleri restriksiyon analizleri daha az karmaşıktır. Bu modifiye versiyon çoğaltılmış DNA restriksiyon analizi (ADRA) olarak ifade edilmektedir (Ludwig, 2007). Çoğaltılmış ribozomal DNA restriksiyon analizi (ARDRA) ADRA metodunun en yaygın şeklidir (Ludwig, 2007). Bu metotta

16S rRNA geni çoğaltılıp çok sayıda restriksiyon endonükleazlar ile kesilmekte ve ortaya çıkan fragmentler analiz edilmektedir (Heyndrickx ve diğ., 1996). Bu organizmalar arasındaki farklılaşmaya izin vermekte ve tür düzeyinde tanımlanmasını sağlamaktadır (Heyndrickx ve diğ., 1996; Cook ve Meyers, 2003)

Çoğaltılmış fragment uzunluk polimorfizimi (AFLP)

Bu metot restriksiyon endonükleaz ile kesilmiş genomik DNA'nın PZR amplifikasyonlarına dayanmaktadır. DNA kesildikten sonra fragmentler PZR primerleri için hedefleri içeren linkerler ya da adaptörlere bağlanmaktadır. PZR amplifikasyonları daha sonra 3' uçlarında ilave bazlar içeren primerler kullanılarak adaptörle bağlanmış restriksiyon fragmentler üzerinde gerçekleştirilmektedir. Farklı fragment örneklerinin üretilmesiyle elde edilen sonuçlar çok yakın ilişkili suşları ayırmada kullanılabilir (Vos ve diğ., 1995; Ludwig, 2007).

Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD)

Genomun rastgele bölümleri ya tek bir PZR primeri ya da PZR primerlerinin karışımı ile PZR reaksiyonlarını gerçekleştirerek çoğaltılabilmektedir (Busse ve diğ., 1996; Ludwig, 2007). RAPD metotları organizmaların genomik parmak izlerinin belirlenmesinde kullanılmakta ve yüksek ayırıcı güce sahip olması nedeniyle organizmaların tanımlanması ve farklılaşmasında yardımcı olmaktadır (Busse ve diğ., 1996; Roberts ve Crawford, 2000). Bu yöntem, karmaşık genomların incelenmesinde özellikle faydalı olup *Streptomyces* ve diğer filamentli *Actinobacteria* üyelerinin tanımlanmasında kullanılmaktadır (Rintala ve diğ., 2001). RAPD ile elde edilen parmak izleri yüksek derecede tekrarlanabilir ve ürünler başarıyla genom problemleri olarak kullanılabilir (Roberts ve Crawford, 2000).

Doğrudan metotlar

Ayrıntılı olarak anlatılan dolaylı yöntemlerin aksine, doğrudan moleküler yöntemler fazla miktarda filogenetik bilgi sağlamaktadır. Bu metotlardan karşılaştırmalı dizi analizi, en yaygın olarak kullanılan direkt metotlardan biridir (Ludwig, 2007). İlk analizler başlangıçta 16S rRNA geni ile sınırlıydı. Sekanslama maliyetinin azalmasıyla birlikte diğer genlerde sekanslanmış ve filogenetik analizlerde yer almışlardır. Sonrasında tüm genom sekanslama analizleride filogenide kullanılmaya başlanmıştır (Coenye ve diğ., 2005; Ludwig, 2007, Sohler ve diğ., 2008; Bolshoy ve

Volkovich, 2009). Sekanslanan ilk genom 1995 yılında tamamlanan *Haemophilus influenza* genomudur.

Karşılaştırmalı dizi analizi

Korunmuş makromoleküllerin sekans analizleri, günümüzde standart bir uygulamadır ve bakterilerin sınıflandırılmasının yanısıra hızlı ve doğru tanımlanmasını sağlayarak bakteriyel taksonominin temelini oluşturmaktadır (Coenye ve diğ., 2005; Ludwig, 2007). Tüm genom analizlerine başlanmadan önce bu metot kullanılmaktaydı ve hala geniş oranda kullanımı devam etmektedir. Bu metot tüm genom ilişkilerini temsil ettiği düşünülen gen setlerini analiz ederek ihtiyaç duyulan analiz miktarını azaltmaktadır.

Bu metot ile ilgili olarak, Ziegler (2003) genom akrabalığını tahmin etmek için çeşitli protein kodlama genlerinin kullanımını önermiştir. Bu gen bölgeleri (16S rRNA benzeri) korunmuştur ve bu nedenle filogeniyi değerlendirmek için kullanılabilir. Benzer bir şekilde Santos ve Ochman (2004), filogeniyi değerlendirmek için kullanılacak bir dizi gen setini önermişlerdir. Bu tür bir metot için, *ad hoc* komite doğru filogenetik sınıflandırmaya izin veren önemli miktarlarda bilgiyi üreten en az 5 kontrol (housekeeping) genin kullanılmasını önermektedir (Stackebrandt ve diğ., 2002; Coenye ve diğ., 2005). Bununla birlikte Ziegler (2003), bunun gereksiz olduğunu DNA-DNA hibridizasyonu (DDH) ile oluşturulan sonuçlardan daha güçlü ya da eşit sonuçlar oluşturma yeteneğine sahip olan daha az sayıda ve iyi seçilmiş genlerin kullanılmasının yeterli olabileceğini önermiştir (Ziegler, 2003; Coenye ve diğ., 2005).

Analizlerde kullanılan genler

Analizlerde kullanılan genler bakteriler arasında geniş dağılım göstermekte ve çok sayıda serbest yaşayan bakteride bu genlerde ortolog diziler bulunmaktadır (Stackebrandt ve diğ., 2002; Ziegler, 2003). Fakat karışık analizlerden paralog genleri önlemek için “herbir gen seti” her bir genoma özel olmalıdır. Bu genler aynı zamanda yeterli filogenetik bilgiyi sağlayacak büyüklükte olmalı, hatta kolay bir şekilde sekanslanmalı ve sekanslar suş çiftleri arasındaki tüm genom ilişkilerini kesin ve doğru bir şekilde yansıtmalıdır (Ziegler, 2003). 16S rRNA genlerinden ayrı olarak, bakteriler arasındaki filogenetik ilişkiyi belirlemekte çeşitli kontrol (housekeeping) genleri kullanılmaktadır. Uygun olacak gen setlerini öneren çok

farklı çalışmalar bulunmasına rağmen gen setleri arasında çok az uyum görülmektedir (Santos ve Ochman, 2004).

gyrB geni

DNA giraz β -alt ünitesini kodlayan bir gen olan *gyrB*, bakteri filogenisinde yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Bu gen, DNA-DNA homolojisi ile uygun olan sonuçlarla, *Pseudomonas* cinsine ait olan yakın akraba suşlarla, *Acinetobacter* cinsinin suşlarını ve *Micromonospora* üyelerini sınıflandırmak için kullanılmaktadır (Kasai ve diğ., 2000). *Fusobacterium* cinsine ait yakın akraba türlerdeki farklılaşma aynı zamanda *gyrB* dizi analizi ile de mümkün olmaktadır (Jin ve diğ., 2004). *Mycobacterium tuberculosis* kompleksinin (MBTC) üyelerinin çoğundaki farklılaşma *gyrB*-RFLP analizleri ile ortaya çıkmaktadır (Chimara ve diğ., 2004). Son zamanlarda daha fazla *gyrB* geni *Actinobacteria* sınıfı içerisinde yer alan *Amycolatopsis*, *Gordonia*, *Kribbella*, *Nocardia* ve *Nocardiopsis* cinslerinin üyelerinde 16S rRNA gen tabanlı filogenetik gruplandırmayı desteklemek için başarılı bir şekilde kullanılmaktadır (Shen ve diğ., 2006; le Roes ve diğ., 2008; Yang ve diğ., 2008; Everest ve Meyers, 2009; Takeda ve diğ., 2010; Kirby ve diğ., 2010). *gyrB* gibi protein kodlayan genlerin daha hızlı filogeni oranı nedeniyle, 16S rRNA geninden çok daha fazla ayırım sağlayabilmekte ve bu nedenle de yakın akraba türleri ayırt etmede daha yararlı olmaktadır (Volokhov ve diğ., 2007).

rpoB geni

Bakteriyel RNA polimerazın β -alt birimini kodlayan *rpoB* geni filogenetik bir markör olarak kullanılan yüksek potansiyele sahip bir gen olarak görülmektedir. *rpoB* geninin filogenetik orijini nedeniyle (Adékambi ve diğ., 2008) hem bakteri hemde arkelerin filogenetik çalışmalarında kullanılmaktadır. Kısmi *rpoB* dizileri enterik bakterilerin doğru tanımlanmasını sağlamaktadır (16S rRNA gen analizinden daha iyi ayırım sağlamaktadır, Mollet ve diğ., 1997). *rpoB* dizisi aynı zamanda *Mycoplasma* türlerinin filogenetik çalışmalarında (Kim ve diğ., 2003a) iyi bir alternatif markör olarak kullanılmış ve *Proteobacteria*'lar arasında *Coxiella burnetii*'nin taksonomideki yerini doğrulamada kullanılmıştır (Mollet ve diğ., 1998). Nükleik asit sekansı tür ve alt-tür düzeyinde ayırım sağlarken, RpoB aminoasit dizisi domain ya da filum gibi daha yüksek taksonomik düzeyleri ayırabilmektedir (Volokhov ve diğ., 2007; Adékambi ve diğ., 2008). Genellikle *rpoB* temelli

filogenetik analizler 16S rRNA geniyle uyumludur, fakat *rpoB* filogenetik ağaçları daha yüksek bootstrap düzeyleriyle artan bir stabilite göstermektedir (Adékambi ve diğ., 2008).

recN geni

recN, bir rekombinasyon ve tamir proteini kodlayan gen bölgesi olarak, tüm genom ilişkilerini tahmin etmek için büyük potansiyel göstermektedir (Zeigler, 2003). *Geobacillus* cinsindeki, *recN* geninin daha düşük taksonlara (cins, tür ve alt-tür) suşların yerleştirilmesinde 16S rRNA geninden daha yüksek ayırım gücüne sahip olmasına rağmen daha yüksek taksa düzeylerine yerleştirmede daha düşük ayırımı sahiptir (familya düzeyinin üstü) (Zeigler, 2005). Buna karşılık *recN* geni ile belirlenen genom benzerliği çok yakın ya da uzak ilişkili diziler karşılaştırıldığında en büyük farklılığı gösteren değerler, DNA-DNA homolojisi ile hesaplanan gerçek değerden daha yüksektir. Bu nedenle *recN* analiz metodu, *Geobacillus* cinsi içerisindeki suşları tür bazında tanımlamada tek başına kullanılamaz (Zeigler, 2005).

Benzer sonuçlar '*Leuconostocaceae*' familyasında da bulunmuştur, *recN* geni filogenetik analizleri yüksek ayırım göstermiş ve familyaya ait üç cinsin her birindeki gruplandırma için yüksek bootstrap değeri göstermiştir, fakat bir familya olarak tek başına değerlendirilmesinde düşük bootstrap değeri göstermiştir (Arahal ve diğ., 2008). Aynı zamanda bu familyadaki *recN* dizisinin tek başına kullanılması genom benzerlik düzeyinin tahmin edilme yeteneğini sınırlandırmış olmasına rağmen *recN* gen dizisinin benzerliği % 84-96 dizi benzerlik sınırının altında olduğunda suşları tür bazında sınıflandırmak için kullanılabilir (Arahal ve diğ., 2008).

Diğer genler

Ribonükleaz P (RNase P), ATP-sentazın β -alt birimi, glutamin sentetaz, elongation faktör Tu, bir ısı şok proteini kodlayan Hsp65 (Yoon ve Park, 2000), *secA1* (Zelazny ve diğ., 2005), *dnaA*, *dnaK* ve *rpoC* genleri (Arahal ve diğ., 2008) bakteriyel filogenetik analizlerde kullanılmaktadır.

Multilokus dizi analizi (MLSA)

Tek bir markör genin kullanımı horizontal gen transferi (HGT) olasılığı nedeniyle ya da tüm genomunki ile karşılaştırılan genin mutasyon oranındaki varyasyonları nedeniyle bakterilerin gerçek filogenetik ilişkilerini yeterince yansıtmayı yansıtmadığı tartışma konusudur (Coenye ve diğ., 2005; Gevers ve diğ., 2005; Konstantinidis ve

Tiedje, 2007; Ludwig, 2007; Gribaldo ve Brochier, 2009). Bakterilerin filogenetik analizinde bir gen setinin kullanımı bakterilerin ilişkilerini doğru bir şekilde değerlendirmenin bir çözümü olarak önerilmektedir (Konstantinidis ve diğ., 2006; Ludwig, 2007). Genel olarak analizlerde 6-8 gen kullanılmakta (Konstantinidis ve diğ., 2006; Konstantinidis ve Tiedje, 2007), ancak bu genlerin daha azının (3 gen bölgesi) kullanılması önerilmektedir. İyi seçilmiş genler filogenetik ilişkinin doğru bir şekilde değerlendirilebilmesini sağlamaktadır (Konstantinidis ve diğ., 2006). Farklı genler farklı çalışmalarda kullanılmaktadır. Böyle genler ideal olarak her bakteride olduğu gibi karakterize edilebilir (bu genler rekombinasyon geçirmemiştir), genomla bağlantılı olmayabilir ve tek kopya olabilir (Gevers ve diğ., 2005). MLSA fazla miktarda çoğaltılabilmekte ve gelecekte genlerle ilgili karşılaştırmalar için iyi bir veri tabanı oluşturulmasını sağlamaktadır. Aynı zamanda yakın akraba türlerin tanımlanmasında MLSA'nın oldukça etkili olduğu ve tür içi ayırım gücünün oldukça kuvvetli olduğu görülmektedir (Rong ve diğ., 2009).

Tüm genom temelli metotlar

Tüm genomların karşılaştırılması bakterilerin ilişkilerinin doğru ve tanımlayıcı bir şekilde belirlenmesinde en iyi yol olarak görülmektedir (Coenye ve diğ., 2005; Konstantinidis ve Tiedje, 2007; Sohier ve diğ., 2008). Genel olarak bakteri genomunun bakterinin taksonomik yakınlığı ile ilgili tüm bilgileri sakladığı kabul edilmektedir (Wayne ve diğ., 1987; Goris ve diğ., 2007; Bolshoy ve Volkovich, 2009). Son zamanlara kadar tüm genomun sekanslanması mümkün değildi (Goris ve diğ., 2007). Fakat sekanslama teknolojisindeki ilerlemeler, daha fazla genomun sekanslanmasına izin vermiş (Sohier ve diğ., 2008; Staley, 2009) ve son zamanlarda Genbank'taki prokaryotik genom sekansı sonuçları oldukça artmıştır. Tüm genom sekansı sayısındaki artış çeşitli metotların gelişmesine yol açmış, bu metotlar sayesinde genomik diziler analiz edilebilir olmuştur. Böylelikle bakterilerin sınıflandırılmasında ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesinde tüm genom analizlerinin kullanılabilirliği artış göstermiştir (Coenye ve diğ., 2005; Sohier ve diğ., 2008).

Gen içeriği

Gen içeriğinin karşılaştırılması yeni bir metottur (Coenye ve diğ., 2005). Bu metot yaygın olarak genomların çok sayıda ortolog gene sahip olacağı gerçeğine

dayanmaktadır. Bu ortolog genlerin sayısı evrim geçirdikçe hızlı bir şekilde azalacaktır (Coenye ve diğ., 2005; Bolshoy ve Volkovich, 2009). Gen içeriğine dayanarak oluşturulan ağaçlarda horizontal gen transferi (HGT)'nin önyargıya neden olmadığı ve bunların 16S rRNA gen ağaçları ile de oldukça uyumlu olduğurapor edilmiştir(Coenye ve diğ., 2005).

Gen sırası

Genomdaki gen sırasının korunması organizmalar arasındaki ilişkinin belirlenmesinde kullanılabilir. Fakat genomdaki ortologların protein dizileri arasındaki ortalama benzerliğin % 50'nin altında olduğu durumlarda gen sıraları arasında çok az korunmuşluk vardır. Genom içindeki yeniden düzenleme nedeniyle gen sırası hızlı bir şekilde kaybolabilir ve bu nedenle sadece yakın ilişkili organizmaları ayırma yeteneğine rağmen, daha yüksek filogeniye sahip organizmalar arasındaki ilişkiyi ortaya çıkarmada daha zayıf ayırım sağlamaktadır (Coenye ve diğ., 2005).

Varlık ya da yokluk analizi

Bir genomdaki spesifik moleküler özelliklerin varlığı yada yokluğu (protein kodlayan gen aileleri gibi) taksalar arasındaki ilişkiyi belirlemede kullanılmaktadır. Aynı moleküler yapıya sahip protein aileleri yada protein katlanmalarının (farklı aminoasit sekanslarına sahip olabilirler) bu metotta kullanım için ideal markerler olduğu düşünülmektedir. Bunlar organizmalar tarafından kullanılan “temel moleküler birimler” olarak görülmektedir. Proteinlerdeki korunmuş gen eklenmesi yada silinmesi (indeller) yada imza dizileri diğer moleküler özelliklerdir. Bu moleküler özelliklerin varlığı ya da yokluğuna dayanarak taksonomik gruplandırmada ayırım sağlanmaktadır. Bu varlık ya da yokluk analizi ile elde edilen sonuçlar 16S rRNA gen dizi analizi ile elde edilen sonuçlarla uyumlulukgöstermektedir (Coenye ve diğ., 2005).

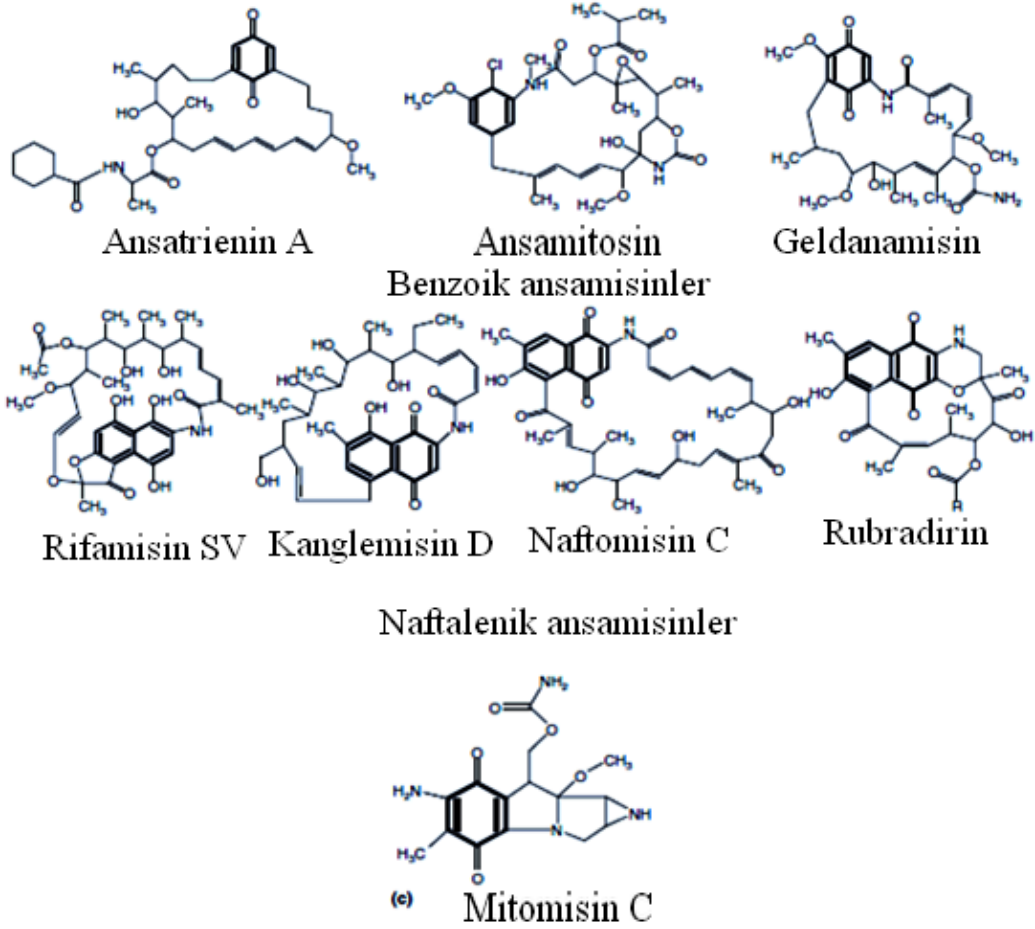
2.5 AHBA (3-Amino-5-Hidroksibenzoik Asit) Gen Kümeleri

3-Amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA); mycotrienine (Chen ve diğ., 1999), ansamitosin P-3 (Yu ve diğ., 2002), geldanamisin (Li ve diğ., 2008) ve klinik olarak kullanılan rifamisin (Kim ve diğ., 1992) ve mitomisin (Mao ve diğ., 1999) gibi bir çok doğal ürünlerin öncüsüdür. AHBA biyosentezinin son reaksiyonu katalizleyen

AHBA sentaz, 5-deoksi-5-aminodehidrosikimik asitin aromatisasyonununda anahtar bir enzimdir. Bu yüzden AHBA sentaz genleri farklı AHBA kaynaklı yeni doğal ürünler için genetik taramada bir araç olarak kullanılabilir (Huitu ve diğ., 2009).

Ansamisinler, çeşitli mikroorganizmalar tarafından üretilen doğal bileşiklerin bir sınıfıdır ve bir aromatik merkez yapının iki bitişik olmayan pozisyona alifatik bir köprü ile bağlanmasıyla karakterize edilir (Rinehart ve Shield, 1976)(Şekil 2.9). Aromatik kısmın yapısına dayanarak, bu sınıf bileşikler bir benzenik ve bir naphthalenik alt grupları içeren bölümlere ayrılabilir. Ansatrienin, ansamitosin ve geldanamisin gibi benzenik ansamisinler, ağırlıklı olarak ökaryotlara karşı sitotoksiktir (DeBoer ve diğ., 1970; Lazar ve diğ., 1983; Sugita ve diğ., 1999). Rifamisin B, naphthomisin ve kanglemisin A gibi naphthalenic ansamisinler antibakteriyel aktivitelere sahiptir (Mochizuki ve diğ., 1986; Lal ve Lal, 1994; Qun ve diğ., 1995). Rifampisin gibi rifamisinin yarı sentetik türevleri verem, cüzam ve AIDS ile ilişkili mikobakteriyel infeksiyonların tedavisinde geniş ölçüde kullanılmaktadır (Floss, 2006). Klinik ihtiyaçlar için çok önemli antibiyotiklerden biri olduğu için ansamisinler büyük ilgi çekmiştir. Yeni ansamisin üreticilerinin taranması yeni ilaçların ya da klinikte potansiyel bileşiklerin keşfinde çok önemlidir.

Ansamisinlerin biyosentetik çalışmaları, tüm ansamisinlerin temel yapısını (birim mC7N) kapsayan, ansamisin biyosentezi için ortak spesifik başlatıcı birim olan 3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA)'yı göstermektedir. AHBA sentaz, AHBA biyosentezine katılan gerekli ve spesifik bir enzimdir ve AHBA sentaz aromatik aminoasitlerin biyosentezi için normal Shikimate yoluna paralel değildir (Kim ve diğ., 1998). Bu yüzden aktinomiset suşlarında AHBA sentaz geninin varlığı, ansamisin üretme potansiyellerinin bir işareti olarak görülmektedir. Mitomisin C bir mitosan merkez yapısı ile çok etkili bir anti-tümör ajan olmasına rağmen alifatik olmayan zincir ansamisin biyosentezindeki gibi tip I poliketit sentaz aracılığıyla bir araya gelmektedir. Aynı zamanda mitomisin C AHBA'dan türetilmektedir (Mao ve diğ., 1999). Çeşitli raporlarda ansamisin ya da mitomisin biyosenteziyle ilgili genlerin klonlanması ve karakterizasyonu tanımlanmıştır (Chen ve diğ., 1999; Mao ve diğ., 1999; Yu ve diğ., 2002; Rascher ve diğ., 2005; He ve diğ., 2006).



Şekil 2.9. Mitomisin C ve bazı ansamisinlerin kimyasal yapıları. Koyu bölgeler bu bileşiklerin karakteristik aromatik kısımlarını gösterir (Huitu., 2009).

Aktinomisetlerden elde edilerek yayımlanan AHBA sentez genlerinin genetik incelemeleri, tüm bu genlerin yaklaşık 755 bp'lik kolay tanınan korunmuş bir bölge içerdiğini göstermiştir. Bu korunmuş bölge enzimatik aktiviteler için önemli kısımları kodlamaktadır. Bu buluş AHBA'nın biyosentezi için gerekli AHBA sentaz genlerinin korunmuş bölgeleri hedeflenerek ansamisin üreticileri ya da diğer AHBA-türevli antibiyotik üreticilerinin keşfi için bir polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) tarama metodu geliştirilmesini sağlamıştır (Rateb ve diğ., 2011).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Çalışmada Kullanılan Kimyasallar ve Kitler

Sigma firmasından elde edilen kimyasal maddeler sikloheksimit, gliserol, guanidin thiosiyanat, tris, EDTA, lizozim, H₂SO₄, molibdofosforik asit, NaCl, etanol, diaminopimelik asit, HCl, metanol, piridin, toluen, ninhidrin, aseton, kloroformdur. Fluka firmasından temin edilen kimyasallar arasında adonitol, D-arabinoz, D-sellobiyoz, D-fruktoz, D-salisilin, D-sorbitol, D-galaktoz, D-mannoz, D-melezitoz, D-melibiyoz, D-mannitol, dekstrin, dekstran, inülin, L-sorboz, L-arabinoz, L-rhamnose, laktoz, L-glutamat, maltoz, *mezo*-inositol, propionik asit, rafinoz, nişasta, süksinik asit, sükroz, ksilitol, ksiloz, alfa-iso-lösin, D-fenilalanin, glisin, L-alanin, L-arginin, L-sistein, L-histidin, L-hidroksiprolin, L-metionin, L-fenilalanin, L-prolin, L-serin, L-treonin, L-valin, adenin, kazein, elastin, jelatin, guanin, hipoksantin, L-tirozin, nişasta, tween 20, tween 80, ksantin, ksilen bulunmaktadır. Diğer kimyasallardan n-hekzan, n-bütanol, Ba(OH)₂, NaOH Merck, GoTaq Hotstart Master Mix Promega ve Qiaquick PZR Pürifikasyon kiti Qiagen firmasından temin edilmiştir.

3.2 Yöntem

3.2.1 Sediment örneklerinin kaynağı

Bu çalışma için Karadeniz'in Samsun ve Ordu ilinin sahilinden başlanarak dört farklı derinlikten sediment örnekleri alındı. Alınan sediment örneklerinin lokalitesi, derinliği, coğrafik koordinatları, sahilden kaç mil açıklıktan ve hangi tarihte alındığı **Çizelge 3.1**'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Sediment örneklerinin lokalitesi, derinliği, coğrafik koordinatları, sahilinden kaç mil uzaklıktan alındığı ve alınma tarihi

Lokalite ve derinlik	Coğrafik Koordinatları		Sahilden kaç mil açıklıktan alındığı	Alınma tarihi
Ordu, Melet Irmağının Karadeniz'e döküldüğü yerden (12m)	40° 59' 650" N 37° 58' 953" E	40° 59' 934" N 37° 57' 445" E	0,77 mil (başlangıç) 0,95 mil (bitiş)	19.07.2010
Ordu, Melet Irmağının Karadeniz'e döküldüğü yerden (45m)	41° 00' 353" N 37° 57' 489" E	40° 59' 926" N 37° 58' 821" E	1,36 mil (başlangıç) 1,06 mil (bitiş)	19.07.2010
Ordu, Melet Irmağının Karadeniz'e döküldüğü yerden (80m)	41° 01' 758" N 37° 57' 759" E	41° 01' 336" N 37° 59' 114" E	2,79 mil (başlangıç) 2,48 mil (bitiş)	19.07.2010
Samsun, Merkez-Azot (42m)	41° 19' 201" N 036° 25' 157" E	41° 18' 627" N 036° 27' 471" E	4,48 mil (başlangıç) 3,97 mil (bitiş)	23.07.2010

3.2.2 Sediment örneklerinin bazı fizikokimyasal özellikleri

Sediment örneklerinin pH, kireç kapsamı (% CaCO₃), organik madde, toplam kalsiyum (Ca (ppm)) ve fosfor (P (ppm)) miktarları ile tekstür (% Kum, % Silt ve % Kil) analizleri gibi bazı fizikokimyasal özellikleri belirlendi.

3.2.2.1 Sedimentlerin pH analizi

Ortamdan uygun şekilde alınarak, steril torbalara konan, laboratuvar numaraları verilen sediment örneklerinin pH'sı Reed ve Cummings (1945) tarafından tanımlanan yöntemle göre belirlendi.

Örnekler (20 g) 50 ml'lik behere aktarıldı ve örneklerin üzerine ince bir tabaka olana kadar yavaşça demineralize su eklendi. Suyun örneklere yeterince işlemesi için örnekler birkaç saat bekletildi. Cam elektrot pH metre ile toprak örneklerinin pH'ları ölçüldü. Her ölçümde, elektrot toprak örneğine iyice daldırıldı. Her bir örnek üç kere tekrarlandı ve son pH değeri bu üç ölçümün ortalaması olarak kaydedildi.

3.2.2.2 Sedimentlerin kireç kapsamının (% CaCO₃) belirlenmesi

Sedimentlerin kireç kapsamı (% CaCO₃) Scheibler kalsimetresi ile belirlendi. Elde edilen kireç kapsamının sedimentler açısından değerlendirilmesinde **Çizelge 3.2**'den yararlanıldı.

Çizelge 3.2. Elde edilen CaCO₃ yüzdelere göre sedimentlerin sınıflandırılması

% CaCO ₃	Sınıfı
0-2	Kireçsiz
2-4	Az kireçli
4-8	Orta kireçli
8-15	Kireçli
15-50	Çok kireçli
50-90	Çok fazla kireçli
>90	Kireç

3.2.2.3 Sedimentlerin organik madde içeriğinin belirlenmesi

Sediment örneklerinin organik madde içerikleri aşağıdaki yöntemle gerçekleştirildi.

Örnekler (1 g) hassas terazide (LabTek) tartılıp 105 °C’de kurutuldu ve yeniden tartıldı. Bu işlem 3 kere tekrarlandı ve bunların ortalaması alınarak örneklerin nem içeriği belirlendi. Erlenler ve kuru toprak daha sonra mufla fırınına yerleştirildi, sıcaklık yavaş yavaş 700 °C’ye çıkarıldı ve organik maddeyi tamamen yakmak için 30 dk. bekletildi. Örnekler gece boyunca soğumaya bırakıldı ve organik madde miktarı, belirlenen her üç ağırlıktaki kaybedilen ortalama yüzde olarak tespit edildi(Rowell, 1996).

3.2.2.4 Sedimentlerin toplam kalsiyum (Ca (ppm)) ve fosfor (P (ppm)) miktarlarının belirlenmesi

Sedimentlerin toplam kalsiyum (Ca (ppm)) miktarı EDTA ile titrimetrik yöntemle belirlendi. Toplam fosfor (P (ppm)) miktarları ise Olsen yöntemiyle belirlendi(Rowell, 1996).

3.2.2.5 Sedimentlerin tekstür analizi (% Kum, % Silt ve % Kil)

Sedimentlerin tekstürü hidrometre yöntemine göre belirlendi(Rowell, 1996).

3.2.3 Aktinomisetlerin İzolasyonu

Bu çalışmada farklı aktinomiset gruplarının izolasyonu için sekiz farklı seçici izolasyon besiyeri kullanıldı. Bunlar, basal’s mineral salts (Duangmal ve diğ., 2005), M3 (Rowbotham ve Cross., 1977), rafinoz-histidin (Vickers ve diğ., 1984), SM3 - Gauze’s (Tan ve diğ., 2006), non-sporulating (Sanglier ve diğ., 1992), nişasta-kazein (Küster ve Williams., 1964), SM1 Stevenson’s (Tan ve diğ., 2006) ve SM2

Stevenson's agar (Tan ve diğ., 2006)'dır. Besiyerlerinden SM3 agar (Gauze's agar) deniz suyu, deniz tuzu ve saf sulu olmak üzere üç farklı şekilde hazırlandı. Diğer besiyerlerinden bazıları saf sulu, bazıları da deniz tuzu ilave edilerek hazırlandı (**Çizelge 3.3**). Denizel çevreler yaklaşık litrede 35 g tuz içerdiği için bu çalışma bu tuz içeriğine uygun olarak yapıldı. Besiyerlerinde kullanılan antibiyotikler ve antibiyotiklerin konsantrasyonları **Çizelge 3.3**'de verildi.

Bu çalışmada farklı aktinomiset gruplarının izolasyonu için dilüsyon plak tekniği kullanıldı (Waksman, 1927). Sediment örnekleri steril torbalarda laboratuvara getirildi ve bekletilmeden her bir sediment örneğinden 1 gr tartılarak içerisinde 9 ml ringer çözeltisi bulunan steril cam şişelere eklendi. Bu şekilde, her bir sediment örneği için hazırlanmış olan 10^{-1} solüsyonlar, sediment kolloidlerine tutunmuş olan mikroorganizma sporlarını ve misellerini ayırmak için hafif şekilde alt-üst edilerek 30 dakika çalkalandı. Daha sonra bu 10^{-1} solüsyonlar vejetatif formların neden olabileceği kontaminasyonları azaltmak için, $55\text{ }^{\circ}\text{C}$ ' ye ayarlanmış su banyosunda 20 dakika bekletildi. Her bir sediment örneği, vortex karıştırıcı (Fisons Scientific Appartus Ltd., Loughborough, Leicesteshire, England, UK) ile karıştırılarak homojen hale getirildi ve otomatik pipet (P1000: Axygen Inc, 33210 Central Avenue, Union City, CA 94587 USA) ile aseptik şartlarda 1ml alınarak içerisinde 9 ml ringer çözeltisi bulunan steril cam tüplere konuldu. Bu şekilde 10^{-2} 'lik sediment solüsyonu elde edildi. 10^{-1} ve 10^{-2} dilüsyonlarının her birinden otomatik pipet ile 0.2 ml alınan sediment solüsyonları, seçici izolasyon besiyerlerinin yüzeyine steril öze ile yayma plak yöntemi ile inoküle edildi (Waksman, 1927). Her bir dilüsyon için 3 plak hazırlandı ve $28\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de 30 gün süreyle inkübasyona bırakıldı.

Çizelge 3.3. Toprak ve sediment örneklerinden seçici izolasyon için kullanılan besiyerleri

No	Bazal medium	Seçici ajan
1	Basal's mineral salts agar (Duangmal ve diğ., (2005) Safsu ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Rifampisin (5µg/ml)
2	M3 agar (Rowbotham ve Cross., 1977) Saf su ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Sikloheksimid (50µg/ml)
3	Nişasta-kazein agar (Küster ve Williams, 1964) Saf su ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Nalidiksik asit (10 µg/ml)
4	Non-sporulating agar (Sanglier ve diğ., 1992) Deniz tuzlu hazırlandı	Nistatin (50µg/ml), Rifampisin (5µg/ml)
5	SM1 Stevenson's agar (Tan ve diğ., 2006) Saf su ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Nalidiksik asit (10 µg/ml) Neomisin sülfat (10µg/ml)
6	SM2 Stevenson's agar (Tan ve diğ., 2006) Saf su ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Nalidiksik sit (10 µg/ml) Neomisin sülfat (10 µg/ml)
7	SM3 agar - Gauze's agar (Tan ve diğ., 2006) Deniz suyu, deniz tuzu ve saf su ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Rifampisin (5µg/ml)
8	Rafinoz-histidin agar (Vickers ve diğ., 1984) Deniz tuzu ile hazırlandı.	Nistatin (50µg/ml), Sikloheksimid (50µg/ml)

3.2.4 Aktinomisetlerin seçimi ve saflaştırılması

Seçici izolasyon besiyerlerinde 28 °C'de 30 gün inkübasyona bırakılan izolasyon plaklarından olası aktinomiset suşları, koloni morfolojileri dikkate alınarak seçildi. Seçilen koloniler, steril kürdanlarla sikloheksimid (50 µg/ml) ilaveli malt ekstrakt-yeast ekstrakt agar (ISP 2; Shirling ve Gottlieb, 1966) yüzeyine tek koloni elde etmek amacı ile çizgi plak yöntemiyle transfer edildi.

3.2.5 İzolatların kültürlenmesi ve stoklanması

Lokalite ve besiyerine görenumaralandırılarak saf kültürleri yapılan izolatlar % 25'lik gliserol içeren steril vidalı kapaklı tüplere stoklanıp-20 °C'de saklandı.

3.2.6 Genomik DNA izolasyonu

Test organizmalarının DNA izolasyonu, Pitcher ve diğ. (1989) tarafından tanımlanan “Guanidin thiosiyanat DNA izolasyon” metodu ve DNA izolasyon kiti (Norgen, USA ve CANADA) kullanılarak gerçekleştirildi.

3.2.6.1 DNA izolasyonu için hücre pelletinin elde edilmesi

Saf kültürler halinde geliştirilen test organizmaları aseptik koşullar altında aynı bazal ortamın sıvısına inoküle edilerek çalkalamalı inkübatörde (Excella, New Brunswick Scientific Co, Inc, NJ) 28 °C’de 15 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 üstünde kalan sıvı faz uzaklaştırıldı. Bu işlem yeterli hücre pelleti (yaklaşık 300-400 µg) elde edilinceye kadar tekrarlandı. Daha sonra steril TE tamponu ile 3 kez yıkandı ve hücre pelletleri DNA izolasyonuna kadar -20°C’de tutuldu.

Uygulama:

1. -20 °C’de tutulan hücre pelletleri buzları çözülene kadar oda sıcaklığında bekletildi. Hücre pelleti üzerine 100 µl TE tamponu (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH 8) ilave edildi. Kültür 13 000 rpm’de 10 dk santrifüj edilerek bir kez daha yıkandı. Daha sonra tampon eppendorf tüpten otomatik pipet ile uzaklaştırıldı.
2. 50 mg ml⁻¹ lizozim (Sigma) içeren TE tamponu -20 °C’den alınarak 100 µl lizozim, kültür içeren eppendorf tüpe transfer edildi. Otomatik pipet ile homojenize edilerek 37 °C’de bir gece boyunca inkübe edildi.
3. İnkübasyon sonrası, 500 µl guanidin thiosiyanat karışıma ilave edildi ve 37 °C’de 10 dk inkübe edilerek liziz işlemi gerçekleştirildi ve 5 dk buzda soğutuldu.
4. Lizata 250 µl 7,5 M amonyum asetat eklendi ve birkaç defa tüp alt üst edilerek 10 dk buzda soğutuldu.
5. Lizata 500 µl kloroform-izo-amil alkol (24:1 v/v) ilave edildi ve birkaç defa tüp altüst edilerek 13 000 rpm’de 10 dk santrifüjlendi.

6. Santrifüj sonrası süpernatant otomatik pipet yardımı ile steril yeni bir ependorf tüpe transfer edildi ve 540 µl soğuk izo-propanol ilavesi ile DNA'nın çökmesini takiben 13 000 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 13 000 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 13 000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Santrifüj sonrası üst faz steril yeni ependorf tüplere aktarıldı.
11. Ayrıca, 130 µl kloroform-izo-amil alkol (24:1 v/v) ilave edildi ve 13 000 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 13 000 rpm'de 10 dk santrifüj edildi. Alkol, otomatik pipet ile uzaklaştırıldı.
13. 100 µl % 70'lik etanol ilave edilerek 13 000 rpm'de 5 dk santrifüj edildi ve alkol uzaklaştırıldı. Bu işlem bir defa daha tekrarlandı.
14. DNA pelleti oda sıcaklığında 20 dk beklenerek kurutuldu ve 30-50 µl ddH₂O ilave edilerek oda sıcaklığında 15 dk süspansiyon edildi ve -20°C'de gereksinim duyulana kadar stoklandı.
15. DNA'nın kontrolü için %1'lik agaroz jelde (30 ml 1xTBE tampon, 0.3 g agaroz) 100 voltta 30 dakika yürütüldü ve UV transillüminatör'de (Vilber Lourmat, UV) kontrol edildi. Görüntüleme sisteminde (DNR Minilumi Bio Imaging System) fotoğraflandı ve kaydedildi.

Uygulama: DNA İzolasyon Kiti İle,

1. Hücre pelletleri üzerine 100 µl TE tamponu (10 mM Tris, 1 mM EDTA, pH8) ilave edildi. Kültür 13000 rpm’de 10 dakika santrifüj edilerek bir kez yıkandı. Daha sonra tampon ependorf tüpten otomatik pipet ile uzaklaştırıldı.
2. Hücre pelletine 250 µl “Resuspension Solution” ilave edildi. Ependorflar hafifçe vortekslendi.
3. 12 µl önceden hazırlanan lizozim çözeltisinden ilave edildi ve homojenize edildi.
4. Hücre süspansiyonuna 12 µl RNaz ilave edildi ve homojenize edildi.
5. Hücre süspansiyonuna 250 µl “Lizis Solution” ve 12 µl Proteinaz K ilave edildi.
6. Karışım pipetleme yapılarak homojenize edildi ve 37 °C’de 2 saat inkübasyona bırakıldı.
7. Lizata 500 µl “Binding Solution” ilave edildi ve vortekslendi.
8. Toplama tüpünün içerisine kolon tüpü koyularak tüm karışım kolon tüpüne aktarıldı ve 1 dakika 8000 rpm’de santrifüj edildi.
9. Santrifüj sonrası toplama tüpündeki sıvı uzaklaştırılarak kolon tüpü üzerine 500 µl “Wash Solution 1” ilave edildi. 1 dk 14000 rpm’de santrifüj edildi.
10. Toplama tüpündeki sıvı tekrardan uzaklaştırıldı, kolontüpüne “Wash Solution 2” 500 µl ilave edilerek 1 dakika 14000 rpm’de santrifüj edildi.
11. Santrifüj sonrası kolon tüpleri ependorflara aktarıldı ve kolon tüpünün tamortasına 200 µl “Elution Buffer” ilave edildi. 1 dakika 6000 rpm’de santrifüj edildi.
12. İzole edilen DNA örnekleri -20°C’de saklandı.

3.2.6.2 DNA izolasyon kontrolü

DNA örnekleri, izolasyon işleminin bir sonucu olarak geleneksel bir metot olan agaroz jel elektroforezi kullanılarak kontrol edildi. İzole edilen DNA örneklerinin agaroz jelde görünür hale gelebilmesi için % 1’lik agaroz jel içerisine floresan özellik gösteren etidyum bromür (5 mg/ml) ilave edildi.

3.2.7 16S rRNA’nın PZR amplifikasyonu

16S rRNA’nın polimeraz zincir reaksiyon işlemleri 0,2 ml’lik PZR tüplerinde Termal Cyclers (MyGenie-96 Gradient Thermal Cyclers, Korea)’da yapıldı. Test

organizmalarından saf olarak elde edilmiş DNA örneklerinin 16S rRNA genini kodlayan DNA bölgesinin amplifikasyonu için 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) kullanıldı. PZR reaksiyonu için hazırlanan bütün stok solüsyonlar steril ddH₂O ile hazırlandı. Stok solüsyonlar kontaminasyon riskine karşılık küçük miktarlarda (25-100 µl) steril ependorf tüplere bölündü kullanıma kadar -20°C'de saklandı.

Hazırlık:

1. 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'-AAGGAGGTGWTCCARCC-3')
2. GoTaq® Hot Start Colorless Master Mix
3. DNA (50-100 ng)
4. ddH₂O

Uygulama:

PZR amplifikasyonu için kullanılan bir örnek için 50 µl ölçüdeki bir reaksiyon karışımı

GoTaq® Hot Start Colorless Master Mix	25 µl
27f	0.5-5.0 µl
1525r	0.5-5.0 µl
DNA	1-5 µl
ddH ₂ O	21 µl

1. Reaksiyon karışımından ayrı olarak her bir örnek için DNA örnekleri 1-5 µl olacak şekilde steril 0,2 ml'lik PZR tüplerinin içerisine transfer edildi. DNA örneklerinin eklenen miktarı toplam hacimden düşürüldü.
2. Reaksiyon karışımı 1,5 ml'lik PZR tüplerinde her bir örnek için toplam hacim 50 µl olacak şekilde hazırlandı ve daha sonra 0,2 ml'lik PZR tüplerine buz üzerinde transfer edildi.
3. Transfer işleminden hemen sonra PZR reaksiyonu (MyGenie-96 Gradient Thermal Cycler, Korea) **Çizelge 3.4**'deki şartlarda başlatıldı.
4. 3 µl PZR ürünü, %1'lik agaroz jelde kontrol edildi.

Çizelge 3.4. 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

3.2.7.1 16S rRNA PZR ürünlerinin saflaştırılması ve dizi analizi

PZR ürünleri % 1,5'lük agaroz jelde (30 ml 1xTBE tampon, 0,45 g agaroz) PZR DNA marker (Sigma, 50 bç) ile birlikte 100 voltta 30 dakika yürütülerek UV-transillüminatör (Vilber Lourmat, UV) üzerinde kontrol edildikten sonra QIAquick PZR pürifikasyon kiti (Qiagen, Valencia, USA) kullanılarak saflaştırıldı. Saflaştırılan amplifikasyon ürünleri 16S rRNA gen bölgesinin yaklaşık uzunluğunun tamamının dizi analizi için altı primer ile (**Çizelge 3.5**) ABI PRISM 3730XL Genetic Analyzer (PE Applied Biosystems) otomatik dizi analizi cihazı kullanılarak dizileme işlemi Macrogen Inc., Güney Kore'de gerçekleştirildi.

Çizelge 3.5. 16S rRNA gen bölgesi amplifikasyon ve sekans primerleri

Primer	Dizi (5'-3')	Bağlanma Bölgeleri ^a (5'-3')		Baz Büyüklüğü	Kaynak
27F	AGAGTTTGATCMTGGCTCAG	8	27	20	Lane, 1991
800R	TACCAGGGTATCTAATCC	800	782	18	Chun, 1995
Mg3F	CTACGGGRSGCAGCAG	342	357	16	Lane, 1991
Mg4F	AATTCCTGGTGTAGCGGT	675	692	18	Chun, 1995
Mg5F	AAACTCAAAGGAATTGACGG	907	926	20	Chun, 1995
Mg6F	GACGTCAAGTCATCATGCC	1190	1208	19	Chun, 1995

Lane (1991)'e göre: M, A:C; R, A:G; W, A:T

^a Sayılar *Escherichia coli*'nin *rnmB* sistronundan (Genbank JO1695; Brosius ve diğ., 1978) 16S rRNA'nın gen dizisine karşılık gelir.

3.2.7.2 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-13; Kim ve diğ., 2012) kullanılarak

izolatların en yakın akraba organizmalarla olan 16S rRNA nükleotit benzerliği belirlendi. Filogenetik analizler için MEGA 5.2 programı, hizalama içinde aynı programın CLUSTAL W (Tamura ve diğ., 2011) 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 PHYLIP paket programı kullanıldı (Felsenstein, 1993). Oluşturulan filogenetik ağaçların bootstrap analizleri (Felsenstein, 1985) 1000 tekrarlı olarak Mega 5.2 (Tamura ve diğ., 2011) paket programında elde edildi.

3.2.8 DNA-DNA homolojisi

16S rRNA dizi analizlerine göre en yakın filogenetik komşusu ile nükleotit farklılığı en fazla ve dizi farklılığı % 3'den daha düşük olan suşlardan başlamak üzere yeni tür olma potansiyeli yüksek izolatların DNA-DNA hibridizasyon deneyleri, Almanya'nın Leibniz Institute DSMZ (German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafından hizmet alımı yoluyla gerçekleştirildi. DNA-DNA hibridizasyon deneyleri için Cashion ve diğ. (1977)'nin tanımladığı gibi kromozomal DNA Fransız Basınç Hücresi kullanılarak izole edildi, hidroksiapatitte kromatografi ile saflaştırıldı. DNA-DNA hibridizasyonu De Ley ve diğ. (1970)'e göre 6×6 çoklu hücre değiştiricisi kullanılarak Cary 100 Bio UV/VIS spektrofotometre ile kantitatif olarak ölçüldü.

3.2.9 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu

Micromonospora cinsine ait olan 13 test izolatı ve 16S rRNA gen bölgesi dizi analizine göre bu izolatlara en yakın tip türlerinden Genbankta 2 gen bölgesine ait dizi verileri bulunmayan *rpoB* için 13 tip türü ve *gyrB* için 4 tip türü DSMZ (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen) ve KCTC (Korean Collection for Type Cultures) kültür koleksiyonlarından temin edilerek *rpoB* ve *gyrB* gen bölgeleri nükleotit dizileme çalışmaları yapıldı. Dizi analizleri yapılan izolat ve tip türlerinin listesi **Çizelge 3.6** ve **3.7**'de verildi.

Çizelge 3.6. *rpoB* gen bölgesi dizi analizi yapılan izolatlar ve tip türlerinin listesi

No:	İzolatlar ve Tip Türlerinin Listesi
1	<i>Micromonospora</i> sp. DS3186 (KF776933)
2	<i>Micromonospora</i> sp. S2508B (KF776923)
3	<i>Micromonospora</i> sp. DS3003 (KF776931)
4	<i>Micromonospora</i> sp. S2509 (KF765485)
5	<i>Micromonospora</i> sp. S2518 (KF765486)
6	<i>Micromonospora</i> sp. S2510 (KF776930)
7	<i>Micromonospora</i> sp. S2911 (KF776925)
8	<i>Micromonospora</i> sp. S4803 (KF776929)
9	<i>Micromonospora</i> sp. S4605 (KF776928)
10	<i>Micromonospora</i> sp. S2901 (KF776920)
11	<i>Micromonospora</i> sp. S2904 (KF776924)
12	<i>Micromonospora</i> sp. S3802 (KF776926)
13	<i>Micromonospora</i> sp. DS3010 (KF818384)
14	<i>Micromonospora chaiyaphumensis</i> KCTC 19332 ^T (KF776934)
15	<i>Micromonospora equina</i> DSM 45644 ^T (KF776935)
16	<i>Micromonospora haikouensis</i> DSM 45626 ^T (KF776936)
17	<i>Micromonospora humi</i> DSM 45647 ^T (KF776937)
18	<i>Micromonospora krabiensis</i> DSM 45344 ^T (KF776946)
19	<i>Micromonospora marina</i> DSM 45555 ^T (KF776938)
20	<i>Micromonospora maritima</i> DSM 45782 ^T (KF776939)
21	<i>Micromonospora tulbaghia</i> DSM 45489 ^T (KF776940)
22	<i>Micromonospora wenchangensis</i> DSM 45709 ^T (KF776941)
23	<i>Micromonospora yangpuensis</i> DSM 45577 ^T (KF776942)
24	<i>Plantactinospora endophytica</i> DSM 45387 ^T (KF776943)
25	<i>Plantactinospora mayteni</i> DSM 45238 ^T (KF776944)
26	<i>Plantactinospora siamensis</i> DSM 45559 ^T (KF881893)

Çizelge 3.7. *gyrB* gen bölgesi dizi analizi yapılan izolatlar ve tip türlerinin listesi

No:	İzolatlar ve Tip Türlerinin Listesi
1	<i>Micromonospora</i> sp. DS3186 (KF818376)
2	<i>Micromonospora</i> sp. S2508B (KF818377)
3	<i>Micromonospora</i> sp. DS3003 (KF818374)
4	<i>Micromonospora</i> sp. S2509 (KF818378)
5	<i>Micromonospora</i> sp. S2518 (KF818386)
6	<i>Micromonospora</i> sp. S2510 (KF818387)
7	<i>Micromonospora</i> sp. S2911 (KF818380)
8	<i>Micromonospora</i> sp. S4803 (KF818383)
9	<i>Micromonospora</i> sp. S4605 (KF818385)
10	<i>Micromonospora</i> sp. S2901 (KF818379)
11	<i>Micromonospora</i> sp. S2904 (KF881892)
12	<i>Micromonospora</i> sp. S3802 (KF881890)
13	<i>Micromonospora</i> sp. DS3010 (KF818375)
14	<i>Micromonospora equina</i> DSM 45644 ^T (KF881894)
15	<i>Plantactinospora endophytica</i> DSM 45387 ^T (KF881896)
16	<i>Plantactinospora mayteni</i> DSM 45238 ^T (KF881895)
17	<i>Plantactinospora siamensis</i> DSM 45559 ^T (KF881893)

3.2.9.1 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonu

rpoB ve *gyrB* gen bölgelerinin reaksiyon işlemleri 0,2 ml'lik PZR tüplerinde Thermal Block (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea)'da yapıldı. 16 adet test organizmasından ve en yakın tip türlerinden izole edilmiş ve varlığı ile saflığı kontrol edilmiş DNA örneklerinin *gyrB* ve *rpoB* gen bölgelerini kodlayan DNA bölgesinin amplifikasyonu için **Çizelge 3.8**'de verilen primerler kullanıldı.

Hazırlık:

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

Çizelge 3.8. *rpoB* ve *gyrB* gen dizi analizi çalışmasında amplifikasyon ürününün elde edilmesinde kullanılan primerler (Carro ve diğ., 2012).

Primer kodu	Gen isimleri	Sekans dizisi (5'-3')	Lokasyon	Bağlanma sıcaklığı
MYCOF	<i>rpoB</i> geni	5'-GGYAAGGTCACSCCSAAGGG-3'	2573-2593	56°C
MYCOR	<i>rpoB</i> geni	5'-ARCGGCTGCTGGGTRATC-3'	3319-3337	56°C
GYF1	<i>gyrB1</i> geni	5'-TCCGGYGGYCTGCACGGCGT-3'	19-38	62°C
GYF3	<i>gyrB2</i> geni	5'-ACSGTCTCGACTTCGACTTCCA-3'	220-239	54°C
GYR1B	<i>gyrB1</i> geni	5'-CGGAAGCCCTCYTCGTGSGT-3'	548-567	62°C
GYR3B	<i>gyrB2</i> geni	5'-CAGCACSAAYCTTGTGGTA-3'	1210-1226	54°C

Y=C; T; R= A; G; S=C; G

Uygulama:

1. Master mix ve primer solüsyonları gereksinim duyuluncaya kadar -20°C'de tutuldu.

2. PZR amplifikasyonu için kullanılan bir örnek için 50 µl ölçüdeki bir reaksiyon karışımı:

Master mix GoTaq®Hot StartColorless (Promega, M714)25 µl

Gen bölgesi için uygun forward primer (20µM) 1 µl

Gen bölgesi için uygun reverse primer (20µM) 1 µl

ddH₂O 17 µl

DNA (50-300 ng) 1 µl

DMSO 5 µl

Toplam 50 µl

3. 0,2 ml'lik PZR tüplerine 1 µl DNA ilave edildi.

4. Üzerine 17 µl ddH₂O ilave edildi.

5. Her bir reaksiyon tüpüne 25 µl master mix ilave edildi.

6. Her bir gen bölgesi için uygun forward ve reverse primerlerden 1 µl PZR tüpüne ilave edildi.

7.5 µl dimethyl sulfoxideDMSO ilave edildi ve her gen bölgesi için uygun bağlanma sıcaklıklarında PZR reaksiyonu (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea) gerçekleştirildi. PZR reaksiyon şartları **Çizelge 3.9'**da belirtildi.

Çizelge 3.9. *rpoB* ve *gyrB* 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

3.2.9.2 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonlarının kontrolü vesaflaştırılması

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.

3.2.9.3 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin dizi analizi

rpoB ve *gyrB* gen bölgelerinin baz dizilimi, *rpoB* için 2 oligonükleotit primer, *gyrB* için ise 5 oligonükleotit primer ile MacroGen firması tarafından ABI 3730XL (otomatik baz dizileme) cihazı ile okundu(Çizelge 3.10).

Çizelge 3.10. *rpoB* ve *gyrB* gen bölgeleri baz dizileme analizinde kullanılan oligonükleotit primerler ve primerlerin nükleotit dizileri (Carro ve diğ., 2012)

Primer kodu	Sekans dizisi (5'-3')
MYCOF	5'- GGYAAGGTCACSCCSAAGGG -3'
MYCOR	5'- ARCGGCTGCTGGGTRATC - 3'
GYF1	5'- TCCGGYGGYCTGCACGGCGT - 3'
GYF3	5'- ACSGTCGACTTCGACTTCCA - 3'
GYR1B	5'- CGGAAGCCCTCYTCGTGSGT - 3'
GYR3B	5'- CAGCACSAYCTTGTGGTA -3'
GYF4	5'- ACCCACGAGGAGGGCTCCG - 3'

Y=C; T; R= A; G; S=C: G

3.2.9.4 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerine dayalı verilerin analizi ve filogenetik dendogramların oluşturulması

13 izolatın ve ilgili tip türlerinin *gyrB* ve *rpoB* gen bölgelerinin sekans analizi tamamlandıktan sonra elde edilen dizi verisi ve veritabanlarına depozit edilen ilgili tip türlerinin dizi verisi PHYDIT programı (URL-14) ile manuel olarak birleştirildi. Filogenetik analizler için MEGA 5.2 programı, hizalama için aynı programın

CLUSTAL W (Tamura ve diğ., 2011) seçeneği kullanıldı. Filogenetik dendogramların çizilmesinde Neighbour Joining (Saitou ve Nei, 1987) metodu ve Jukes-Cantor filogenetik uzaklık matrisi kullanıldı. Oluşturulan filogenetik ağaçların bootstrap analizleri (Felsenstein, 1985) 1000 tekrarlı olarak gerçekleştirildi.

3.2.10 3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) gen bölgesinin dejenere primerler ile çoğaltılması

Test izolatlarının AHBA gen bölgesi PZR amplifikasyonları **Çizelge 3.11**'de verilen ilgili primerler ile gerçekleştirildi.

Hazırlık:

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

Çizelge 3.11. AHBA (3-Amino-5-hidroksibenzoik asit) gen bölgesi dizi analizi çalışmasında amplifikasyon ürününün elde edilmesinde kullanılan primerler

AHBA F	5'-TTC GAG CRS GAG TTC GC- 3'	Rateb ve diğ., 2011
AHBA R	5'-GGA MCA TSG CCA TGT AG- 3'	Rateb ve diğ., 2011

M= A; C; R= A; G; S, =C: G

Uygulama:

1. Master mix ve primer solüsyonları gereksinim duyuluncaya kadar -20°C'de tutuldu.
2. PZR amplifikasyonu için kullanılan bir örnek için 50 µl ölçüdeki bir reaksiyon karışımı:

Master mix Gotaq® Hot Start Colorless (Promega, M714)	25 µl
Gen bölgesi için uygun forward primer (20 µM)	1 µl
Gen bölgesi için uygun reverse primer (20 µM)	1 µl
ddH ₂ O	17 µl
DNA (50-300 ng)	1 µl
<u>DMSO</u>	<u>5 µl</u>
Toplam	50 µl

3. 0,2 ml'lik PZR tüplerine 1 µl DNA ilave edildi.
4. Üzerine 17 µl ddH₂O ilave edildi.

5. Her bir reaksiyon tüpüne 25 µl master mix ilave edildi.
6. Gen bölgesi için uygun forward ve reverse primerlerden 1 µl PZR tüpüne ilave edildi.
7. 5 µl DMSO ilave edildi ve her gen bölgesi için uygun bağlanma sıcaklıklarında PZR reaksiyonu (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea) gerçekleştirildi. PZR reaksiyon şartları **Çizelge 3.12**'de verilmiştir.

Çizelge 3.12. AHBA (3-Amino-5-hidroksibenzoik asit) gen bölgesi PZR reaksiyon şartları

Denatürasyon	Amplifikasyon			Bitiş	Soğuma
	Denatürasyon	Bağlanma	Uzama		
98 °C	95 °C	52 °C	72 °C	72 °C	4 °C
5 dk	30sn	1 dk	40sn	7 dk	Sonsuz
1 döngü	30 döngü				1 döngü

3.2.11 Kemotaksonomik analizler

3.2.11.1 Diaminopimelik asit (DAP) izomerlerinin belirlenmesi

İzolatların diaminopimelik asit varlığının belirlenmesi ve izomerlerin (LL-, mezo- ve hidroksi-) karakterizasyonu Becker ve diğ. (1965) tarafından tanımlanan ve Staneck ve Roberts (1974) tarafından modifiye edilen tüm-hücre hidrolizatlarının ince-tabaka kromatografisi metodu kullanılarak belirlendi.

Liyofilize hücre örneği her biri ~50 mg olacak şekilde, otoklava dayanıklı vidalı kapaklı cam tüplere transfer edildi. Örnekler üzerine 1 ml 6N HCl ilave edildikten sonra kapakları kapatılarak hidroliz için 100 °C'de 18 saat tutuldu. Hidrolizatlar oda sıcaklığında soğutulduktan sonra 6000 rpm'de 4 dk santrifüjlendi ve süpernatant yeni bir vidalı kapaklı cam tüpe transfer edildi. Süpernatantın bulunduğu cam tüpler ağzı açık olacak şekilde 120 °C'ye ayarlı inkübatöre kondu ve ortalama 2-3 saat tutularak sıvı kalmayıncaya kadar kurutuldu. Kurumuş hidrolizatlar 1ml steril saf suda çözüldü ve 100°C'ye ayarlı inkübatörde tekrar kurutuldu. Kurumuş hidrolizatlar 200 µl steril ddH₂O ile çözümlenerek otomatik pipet ile eppendorf tüplere transfer edildi. 20x20 cm selüloz ince-tabaka (Chromatogram-Eastman Kodak No. 13255) üzerine çözülmüş örnekler 3 µl olacak şekilde inoküle edildi. İnce-tabaka metanol (J.T. Baker): ddH₂O: 10N HCl: pyridine (Merck) (80: 26,25:

3,75: 10 v/v)'den oluşan çözücü içerisine konuldu. Çözücü, tabakanın üst kısmında 1 cm kalana kadar yükseldikten sonra (2-2,5 saat) tabaka çözücü içerisinden alındı. Çözücü içerisinden alınan ince-tabaka çeker ocakta 15 dk kurutuldu. Spotlar aseton içerisinde çözülmüş ninhidrin (% 0,2 w/v) ile spreylendi ve 100 °C'de 5 dk kurutularak gözlenebilir hale getirildi ve fotoğraflandı.

3.2.11.2 Tüm hücre şeker analizi

Yaklaşık 50 mg kuru hücre 2 ml'lik viallere eklendi, 1,5 ml 1N H₂SO₄'de 100 °C'de 3 saat hidroliz edildi. Hidrolizat doymuş Ba(OH)₂ ile pH 5-5,5'e ayarlandıktan sonra, 6000 rpm'de 5 dakika santrifüjlendi. Üst faz dikkatli bir şekilde ayrı bir tüpe alındıktan sonra sıvı tamamen uzaklaşınca kadar buharlaştırıldı. Kalıntı 0,1 ml ddH₂O ve 0,25 ml piridinde çözüldü ve her bir örnek 60-F254 silica gel (Merck)TLC plakalarına 5'er µl olacak şekilde standart karışımları ile birlikte yüklendi. Plaka iyice kuruduktan sonra n-butanol:H₂O:pyridine:toluene (10:6:6:1, v/v) yürütücü fazında ortalama 4 saat yürütüldü. TLC plaka daha sonra 30 dk kurutuldu. İyice kurutulduktan sonra aniline-phthalate ayırıcı ile spreylendi ve 100 °C'de 4 dk kurutuldu. İzolatların şeker tipleri belirlenirken aktinomisetlerde varlığı bilinen 7 temel şeker standart olarak kullanıldı. Bu şekerler ilk grupta galaktoz, arabinoz ve ksiloz, ikinci grupta ise glikoz, mannoz, riboz ve ramnoz olacak şekilde TLC tabakaya yüklendi. Altı karbonlu şekerler, kahve ve koyukahve tonlarında, beş karbonlu şekerler ise kırmızı tonlarında belirginleşti. Aynı standart şartlarda yüklenen şeker hidrolizatı ve standart şekerler yürütme işleminden sonra hizalanarak şeker tipleri belirlendi.

3.2.11.3 Yağ asiti analizi

Test organizmalarının 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 gerçekleştirildi.

Test organizmalarının yağ asidi profillerinin belirlenmesi için üretici firmanın tavsiye ettiği şekilde Actinomycete Library Culture Technique [Microbial Identification System, Microbial ID (MIDI), Inc., Newark, DE, USA] kullanıldı. Bu

amaçla, tip türü ve test izolatlarının saf kültürleri Trypticase soy agar (TSA, Merck) üzerinde çizgi ekimi yapılarak geliştirildi ve 1 öze dolusu kültür, 20 ml Trypticase Soy Broth (TSB, BBL) besi ortamına aktarılarak 150 rpm'de 72 saat süre ile 28 °C'de inkübe edildi. İnkübasyon sonrası alınan 5 ml starter kültür 50 ml TSB içine aşılansarak 150 rpm'de 28 °C'de 5 gün inkübe edildi. İnkübasyon sonrası yaş hücreler filtrasyon (sellüloz filtre, 0.45 µm çaplı) ile toplanarak yaklaşık 250 mg yaş hücre kütlesi vidalı teflon kapaklı tüplere aktarıldı ve 4 basamaklı işlem ile yağ asiti metil esterleri (FAME) ekstrakte edildi.

Saponifikasyon: 1 ml metanol ortamında baz [45 g sodyum hidroksit (ACS sertifikalı), 150 ml etanol (HPLC grade) ve 150 ml deiyonize distile su] ekleyerek vortekslendi ve kaynar 95-100 °C'lik su banyosunda 30 dakika bekletildi. Bu aşamada sıcaklık ile beraber metanol ortamındaki yüksek derişimli bazın, hücreleri parçalayarak yağ asitlerini lipitlerden ayırması sağlandı.

Metilasyon: 2 ml metilasyon reagenti [325 ml 6N HCl ve 275 ml metanol (HPLC kalite grade)] eklenerek vortekslendi ve 80 °C'lik su banyosunda 10 dakika tutuldu. Bu işlem, sodyum tuzu halindeki yağ asitlerini Gaz Kromatografisi GC analizinde yağ asitlerinin uçuculuğunu arttırmak için metil esterlerine dönüştürdü.

Ekstraksiyon: 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 transfer edildi.

Baz yıkama: Serbest yağ asitlerini ve organik ekstraktaki kalıntı ajanları uzaklaştırmak için 3 ml seyreltik bir baz çözeltilisi [10,8 g sodyum hidroksit (ACS sertifikalı) ve 900 ml deiyonize distile su] eklendi. 5 dakika rotator ile çalkalandı. Emülsiyon oluşumunun ardından 1 kaç damla doymuş tuz çözeltilisinden damlatıldı. Temiz bir pastör pipeti yardımı ile üstteki organik fazın yaklaşık 2/3'ü temiz bir GC şişesine aktarıldı.

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 analiz edildi.

3.2.11.4 Polar lipitlerin belirlenmesi

İzolatların polar lipit analizleri Almanya'nın Leibniz Institute (DSMZ; German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafından hizmet alımı yoluyla gerçekleştirildi. Polar lipit analizleri Minnikin ve diğ. (1984)'nin tanımladığı metoda göre gerçekleştirildi. Bu yönteme göre, 15 ml teflon kaplı vidalı kapaklı tüplere ortalama 100 mg kuru hücre eklenerek 3 ml MeOH/% 0,3 NaCl (100/10) ve 3 ml petrol eteri ilave edildi, tüp karıştırıcıda 30 dk karıştırıldı ve 1500 rpm'de 10 dk santrifüjlendi. Üst faz ayrı bir tüpe ayrıldı ve alt faza aynı işlem bir defa daha yapıldı. Hidrolizat sıcak su banyosunda 5 dk kaynatıldı ve sıcaklık oda sıcaklığına gelinceye kadar soğutuldu. Daha sonra 2,3 ml CHCl₃/MeOH/% 0,3 NaCl (90/100/30 v/v) ilave edildi ve karıştırıcıda 1 saat karıştırıldı. Santrifüj işleminin ardından üst faz yeni bir vidalı kapaklı tüpe alındı ve tekrar 0,75 ml CHCl₃/MeOH/ % 0,3 NaCl (50/100/40 v/v) eklendi, 30 dk karıştırıldı. 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 alındı ve 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. Böylece TLC plakalar üzerindeki lipitler belirlendi.

3.2.11.5 Menakinonların belirlenmesi

Organizmaların menakinonlarının belirlenmesi Almanya'nın Leibniz Institute (DSMZ; German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafından hizmet alımı yoluyla gerçekleştirildi. Collins ve diğ. (1977) tanımladığı ve Tamaoka ve diğ. (1983)'nin modifiye ederek geliştirdikleri metoda göre menakinonlar belirlendi. Yaklaşık 100 mg liyofilize hücre 20 ml kloroform/metanol (2:1) ile 1-2 saat manyetik karıştırıcıda karıştırıldı, 0,45µm'lik filtreden geçirildi, rotary evaporatör'de (<37°C) buharlaştırıldı ve 200 µl asetonda çözüldü. 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.

3.2.12 Nümerik taksonomi

Gliserol stoklarda (% 25 w/v) -20 °C’de depolanmış olan, 16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan test izolatları ve bunların benzer olduğu en yakın tip türleri sikloheksimid (50 µg/ml) ilave edilmiş yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar (ISP2; Shirling ve Gottlieb, 1966) üzerine transfer edildi ve 28 °C’de 14 gün süreyle inkübasyona bırakılarak nümerik sınıflandırmada uygulanacak testler için hazır hale getirildi.

16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan türlerin ve en yakın tip türlerinin fenotipik karakterlerinin belirlenmesi için, temel hidroliz testleri ile karbon ve azot kaynaklarını kullanabilme, belirli maddeleri degrade edebilme, NaCl, sıcaklık ve pH toleransı gibi bazı fizyolojik testler uygulandı.

Test izolatları ve 16S rRNA gen dizi analizine göre en yüksek benzerlik gösterdiği tip türleri nümerik taksonomik çalışmalar dikkate alınarak 85 birim karaktere göre araştırıldı. Nümerik taksonomik çalışmada kullanılan birim karakterler **Çizelge 3.13**’de verilmiştir.

Test organizmalarının inokülasyonu, kültür ortamına aynı anda 19 organizma inoküle edebilen Multipoint İnokülatör (Order Code SCAN 400, Mast Group Ltd., Merseyside, UK) kullanılarak yapıldı. İnokülasyon öncesi uygulanacak testler için uygun bazal kültür ortamları hazırlandı. Her bir test suşu için, ağzı kapaklı küçük cam şişelere 2 ml Ringer çözeltisi ilave edildi ve 121 °C’de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Yeast ekstrakt-malt ekstrakt agar (ISP2; Shirling ve Gottlieb, 1966) plaklarda gelişen test suşlarının spor ve substrat miselleri steril öze yardımıyla etiketlenmiş şişelere aseptik olarak transfer edildi. Daha sonra, vorteks ile karıştırılarak homojenize edilen bakteri solüsyonları, steril kabin (Pbi, Miniflo International, Milano-Italy) içerisinde Multipoint inokülatörün tablasına transfer edilerek test plağına inokülasyonları gerçekleştirildi.

Çizelge 3.13. Nümerik taksonomik çalışmada kullanılan birim karakterler

A. Besinsel Testler				B. Degredasyon Testi		(%, w/v)	
Temel Karbon ve Enerji Kaynakları (% w/v)				Temel Azot ve Enerji Kaynakları		(%, w/v)	
Adonitol	1,0	Laktoz	1,0	Alfa-iso-lösin	0,1	Kazein	(% 1)
D - arabinoz	1,0	L-glutamik asit	1,0	Glisin	0,1	Nişasta	(% 1)
D - sellobioz	1,0	Maltoz	1,0	L-alanin	0,1	Tween 40	(% 1)
D - fruktoz	1,0	Sukroz (Sakkaroz)	1,0	L-arjinin	0,1	Tween 80	(% 1)
D - sorbitol	1,0	Ksilitol	1,0	L-sistein	0,1	Ksantin	(% 0,4)
D - galaktoz	1,0	Ksiloz	1,0	L-histidin	0,1	Adenin	(% 0,5)
D - mannoz	1,0	Süksinik asit	0,1	L-hidroksiprolin	0,1	Ksilen	(% 0,4)
D-mannitol	1,0	L-arabinoz	1,0	L-methionin	0,1	Jelatin	(% 0,4)
Dekstrin	1,0	Inulin	1,0	L-fenilalanin	0,1	Guanin	(% 0,05)
Dekstran	1,0	L- sorboz	1,0	L-prolin	0,1	Hipoksantin	(% 0,4)
Myo-inositol	1,0	L-ramnoz	1,0	L-serin	0,1	D. Fizyolojik Testler	
D-riboz	1,0			L-threonin	0,1	pH: 4, 5, 6, 6.5, 7, 7.5, 8, 8.5, 9, 10, 11, 12	
				L-valin	0,1	Sıcaklık: 4 °C, 10 °C, 20 °C, 28 °C, 37 °C, 40 °C, 45 °C, 50 °C, 55 °C	
				L-asparajin	0,1	NaCl Toleransı (% NaCl)	
				L-tirozin	0,1	% 0, % 1, % 2, % 3, % 4, % 5, % 6, % 7, % 8, % 9, % 10 NaCl	
C. Biyokimyasal Testler % w/v							
Arbutin	1,0	Üre	0,2				
Allantoin	0,5	Nitrat	0,1				
Aesculin	1,0						

3.2.12.1 Biyokimyasal testler

Test izolatları ve 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın olan tip türlerine biyokimyasal test olarak aesculin, allantoin, arbutin ve üre hidrolizi ile nitrat redüksiyonu olmak üzere toplam 5 test uygulandı.

Aesculin hidrolizi

Aesculin hidrolizi, Korn-Wendisch ve Kutzner (1992) tarafından tanımlanan ve % 0,5 (w/v) konsantrasyonlarında aesculin ilave edilerek hazırlanan bazal besiyeri kullanılarak belirlendi. Bu amaçla 5 ml'lik deney tüplerinin her birine aesculin ilaveli basal besiyerlerinden 2'şer ml konuldu ve 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Otoklavdan çıkan tüpler eğik bir konuma getirilerek yatık agarlar oluşturuldu. Negatif kontrol olarak aesculiniçermeyen tüpler hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapılan tüpler, 28 °C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. İnkübasyon sonrasında, her inokülasyonu yapılan tüp negatif kontrol ortamıyla karşılaştırılarak değerlendirme yapıldı. Negatif kontrolden farklı olarak koyu kahverengi/siyah renk oluşumu pozitif (+) sonuç olarak kaydedildi.

Aesculin, *Sapindaceae* familyasının üyelerinden *Aesculus hippocastanum* bitkisinden elde edilen kimyasal formülü $C_{15}H_{16}O_9$ ve molekül ağırlığı 340,282 g/mol olan bir glikozittir. Hidrolaz enziminin eskülini katalizlenmesiyle açığa çıkan 6,7-dihydroxycoumarin besiyerindeki demir iyonlarıyla kompleks oluşturarak kahverengi/siyah renk oluşumuna neden olur.

Allantoin hidrolizi

Allantoin hidrolizi, Korn-Wendisch ve Kutzner (1992) tarafından tanımlanan bazal besiyeri kullanılarak belirlendi. Bu amaçla, 5 ml'lik deney tüplerinin her birine 2'şer ml % 1 (w/v) konsantrasyonlarında allantoin ilave edilen bazal ortamlar konularak hazırlandı ve tüpler 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Otoklavdan çıkan steril tüpler eğik konuma getirilerek yatık agar hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapılan tüpler, 28°C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. Negatif kontrol olarak allantoin içermeyen tüpler hazırlandı. İnkübasyon sonrasında, negatif kontrol ortamıyla karşılaştırılarak değerlendirme yapıldı. Negatif kontrollerden farklı olarak koyu pembe renk oluşumu pozitif (+) sonuç olarak kaydedildi.

Kimyasal formülü $C_4H_6N_4O_3$ olan allantoin aynı zamanda 5-ureidohydantoin veya glyoxyldiureide olarakta adlandırılır. Aktif enzim üretimi indikatör vasıtasıyla

belirlenen bir alkalın reaksiyonuna neden olur. İndikatör olarak, reaksiyon sonunda koyu pembe renk değişikliği gösteren fenol red kullanılmıştır. Allantoin testinin pozitif sonucu, iki hidrolitik enzimin varlığını gösterir. Bu enzimlerden biri, allantoini allantoinik aside çevirirken, diğer enzim allantoinik asidi üre ve glikooksalata dönüştürür.

Arbutin hidrolizi

Arbutin hidrolizi, Korn-Wendisch ve Kutzner (1992) tarafından tanımlanan bazal besiyeri kullanılarak belirlendi. Bu amaçla, bazal ortam % 0,5 (w/v) konsantrasyonlarında Arbutin ilave edilerek hazırlandı. 5 ml'lik deney tüplerinin her birine 2'şer ml arbutin ilaveli bazal ortam konularak, 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Otoklavdan çıkan steril tüpler eğik konuma getirilerek yatık agar hazırlandı. Negatif kontrol olarak arbutin içermeyen tüpler hazırlandı. Steril öze ile inokülasyonu yapılan tüpler, 28 °C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. İnkübasyon sonrasında, mikroorganizma inokülasyonu yapılmış tüpler negatif kontrol ortamlarıyla karşılaştırılarak değerlendirme yapıldı. Negatif kontrollerden farklı olarak koyu kahverengi/siyah renk oluşumu pozitif (+) sonuç olarak kaydedildi.

Arbutin hidrolizinde, arbutinin bir hidrolaz enzimi tarafından katalizlenmesi sonucunda açığa çıkan hydroxyquinone besiyeri ortamındaki demir iyonları ile kompleks oluşturarak kahverengi/siyah renk oluşumunu gerçekleştirir.

Üre hidrolizi

Üre hidrolizi, Korn-Wendisch ve Kutzner (1992) tarafından tanımlanan bazal besiyeri kullanılarak belirlendi. Üre hariç tüm ortam içerikleri tartılarak 900 ml saf suyla hazırlanıp 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. % 0,2 (w/v) konsantrasyonunda üre hazırlanıp, ayrı bir şekilde 100 ml saf su içerisinde çözüldü ve filtrasyon tekniği ile steril edildi. Daha sonra, otoklavda steril edilmiş bazal ortam içerisine aseptik koşullarda ilave edilerek karıştırıldı. Besiyeri, 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirilmiş 5 ml'lik steril tüplerin 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

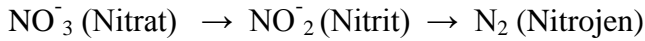
karşılaştırılarak değerlendirme yapıldı. Negatif kontrollerden farklı olarak sarı/turuncudan parlak pembe/kırmızı renk değişimi gözlenmesi pozitif (+) sonuç olarak kaydedildi.

Üre hidrolizi, üreaz enzimiyle üreden amonyum ve karbondioksitin açığa çıkmasıyla gerçekleşir. İndikatör olarak, sarı/turuncudan parlak pembe/kırmızı renk değişimini gösteren fenol red kullanılmıştır.

Nitrat redüksiyonu

Nitrat (% 0,1, w/v) redüksiyonu, Goodfellow (1996) tarafından tanımlanmış bazal besiyeri kullanılarak belirlendi. Bu amaçla, 5 ml'lik tüplerin her birine 2'şer ml besiyeri konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. Steril öze ile inokülasyonu yapıldıktan sonra 28°C'de 14 gün inkübasyona bırakıldı. Negatif kontrol olarak mikroorganizma inokülasyonu yapılmamış tüpler hazırlandı. 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 oluşur. Renginde bu şekilde değişiklik gösteren tüpler nitrat redüksiyonu için pozitif (+) sonuç olarak değerlendirilir. Renk değişiminin meydana gelmemesi iki sonuçtan birinin göstergesidir:

1. Ya nitratın, nitrit aşamasından daha aşağı kademede indirildiğini gösterir. Yani; Azot gazına kadar indirildiğini gösterir.



2. Ya da nitratın indirgenmediğini gösterir.

Bu nedenle, renk değişimi olmayan tüplere az miktarda Çinko iyonlarını (Zn^{+2}) içeren nitrat redüktaz enzimiyle aynı reaksiyonu katalizleyen çinko tozu eklendi. Böylece eğer ortamda nitrat kalmışsa çinko tozu ilavesiyle nitrite çevrilecek, karakteristik kırmızı renk oluşumu gözlenecektir. Bu şekilde gözlenen test tüpleri negatif sonuç olarak kaydedildi. Bununla birlikte, çinko tozunun ilavesiyle herhangi bir renk değişimi gözlenmediği durumda nitratın nitrojen gazına indirildiğini gösterir ve bu reaksiyonlarda pozitif sonuç olarak değerlendirildi.

3.2.12.2 Degredasyon testleri

Adenin (%0,5 w/v), kazein (%1,0 w/v), hipoksantin (%0,4 w/v), guanin (%0,005 w/v), nişasta (%1,0 w/v), ksilen (%0,4, w/v), ksantin (%0,4 w/v) ve jelatin

(%0,4w/v) degradesyonu Williams ve diğ. (1983) tarafından tanımlanmış metotlar kullanılarak belirlendi. Bu degradesyon testleri için, bazal ortam olarak Bennett's agar (Jones, 1949) kullanıldı. Tween 40 ve Tween 80 (Polysorbate-80; %1 w/v) degradesyonu, Nash ve Krent (1991) tarafından tanımlanan pepton agar bazal ortamı kullanılarak değerlendirildi. Nişasta hariç diğer maddeler tinalizasyon ile steril edildikten sonra steril bazal ortama katıldı ve petrilere döküldü. Test suşlarının inokülasyonu, kültür ortamına aynı anda 19 organizma inoküle edebilen Multipoint inokulatör (Order Code SCAN 400, Mast Group Ltd., Merseyside, UK) kullanılarak yapıldı. Test suşlarının inokülasyon işlemi, 12'şerli gruplar oluşturularak sağlandı.

Adenin, hipoksantin, ksilen, guanin, ksantin ve kazein degradesyonu için inokülasyonlu petriyerler 28 °C'de inkübe edildi. İnkübasyonun 3. 7. 14 ve 21. günlerinde petriyerler kontrol edilerek okundu ve her bir test suşunun besiyeri ortamında oluşturduğu koloniler etrafında veya petri plağın alt kısmından bakıldığında açık bir zon oluşmuşsa pozitif (+), oluşmamışsa negatif (-) sonuç olarak değerlendirildi. Koloni etrafında veya altında açık zon oluşması o test suşunun o maddeyi degrade edebilme özelliği olduğunu gösterir. Adenin degradesyonunun değerlendirilmesi inkübasyonun 7. gününde, guanin ve ksantin degradesyonunun değerlendirilmesi inkübasyonun 30. gününde yapıldı.

Nişasta degradesyonu testinde bazal ortam olarak Bennett's agar (Jones, 1949) kullanıldı. Nişasta (Starch,%1 w/v), 50 ml saf su içerisinde çözüldükten sonra bazal ortam içeriğine katıldı ve besiyeri otoklavlanarak steril edildi. İnokülasyon sonrası 28 °C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. İnkübasyon sonunda Lugol's iodin eriyiği petri yüzeyine ince bir tabaka oluşturacak şekilde dökülerek nişasta degradesyonu değerlendirilmesi yapıldı (Cowan ve Steel, 1974). Nişasta, α -1,4 bağlı düz zincirli amiloz ve hem α -1,4 hemde α -1,6 bağlı dallanmış amilopektin olmak üzere iki farklı yapısal şeklide olan α -D-glucopyranose alt ünitelerinden meydana gelmiş bir polisakkarittir. α - ve β - amilaz enzimlerinin her ikisi de bu polisakkariti degrade edebilmektedir. Nişasta degradesyonu değerlendirilmesinde ortama dökülen iodin ortamında nişasta varsa nişastayla birleşip koyu mavi bir kompleks oluşturur. Nişasta molekülleri amilaz enzimleri ile oligosakkarit ve diğer basit şekerlere parçalandığında ise meydana gelen bu küçük moleküller iodinle kompleks oluşturamaz. Bu nedenle oligosakkarit ve diğer basit şekerlerin ortamdaki varlıkları büyüme alanı etrafındaki açık zon olarak belirlenmekte ve değerlendirme sırasında bu durum pozitif (+) olarak kaydedildi.

Tween 40 ve 80 (Polysorbate-80: %1, w/v) degradasyonu, Nash ve Krent (1991) tarafından tanımlanan pepton agar bazal ortamı kullanılarak değerlendirildi. Tween 40 ve 80 (Polysorbate-80:% 1,w/v) tinalizasyon ile steril edildikten sonra steril bazal ortama katıldı ve petrilere döküldü. İnokülasyonlu plaklar, 28 °C'de inkübe edildi ve değerlendirme inkübasyonun 3. 7 ve 14. gününde yapıldı. Tween sorbitolün polioksialkilen türevinin suda çözünür, yüksek moleküler ağırlığa sahip yağ asidi esterlerinin homolog serilerindedir ve spesifik esterazların Tween'deki ester bağlarını hidrolize ederek serbest yağ asitlerinin açığa çıkmasına neden olur. Yağ asitleri de ortamda bulunan kalsiyum iyonları ile birleşerek karakteristik beyaz kristaller olarak çökerek, çözünmeyen kalsiyum tuzlarını oluştururlar. Çözünmeyen kalsiyum tuzu kristalleri koloniler etrafında opak bir halka oluşturduğunda pozitif (+) sonuç olarak değerlendirilir.

Jelatin (% 0.4 w/v) degradasyonu testinde, bazal ortam olarak Bennett's Agar (Jones, 1949) kullanıldı. % 0.4(w/v) konsantrasyonunda hazırlanan jelatin tinalizasyon ile steril edildikten sonra steril bazal ortam içeriğine katıldı ve besiyeri aseptik olarak petrilere döküldü. İnokülasyon sonrası, 28 °C'de 7 gün inkübasyona bırakıldı. Değerlendirme öncesi, besiyeri ortam yüzeyine ince bir tabaka oluşacak şekilde trikloroasetik asit solüsyonu (TCA, %0.3w/v) döküldü. TCA güçlü bir asit olduğundan, ortamda bulunan hayvansal protein olan jelatinin çökmesi ile sonuçlanan dönüşümsüz denatürasyona neden olur. Koloniler etrafında açık zon oluşumu pozitif (+) olarak değerlendirildi.

3.2.12.3 Besinsel testler

Temel karbon kaynaklarında gelişme

Test suşları, gelişme ve enerji gereksinimleri için 23 farklı karbon kaynağını (**Çizelge 3.13**) kullanabilme kabiliyetleri bakımından test edildi. Karbon kaynaklarında gelişme testi için, basal ortam olarak ISP 9 besiyeri kullanıldı (ISP 9; Shirling ve Gottlieb, 1966). Uygun miktarlardaki her bir karbon kaynağı, basal ortamına aseptik koşullarda ilave edildi. Negatif kontrol olarak sadece basal ortam, pozitif kontrol olarak da glikoz (% 1.0 w/v) ilave edilmiş basal ortamlar kullanıldı. İnokülasyon iki kontrol ortamına da yapıldı. Bütün plaklara test inokülasyonu, 12 iğneli multipoint inokülatör aracılığıyla yapıldı. İnokülasyonlu plaklar, 28 °C'de inkübasyona bırakıldı ve değerlendirme, inkübasyonun 7. 14 ve 21. günlerinde

pozitif ve negatif kontrol plaklarının her ikisi ile karşılaştırılarak yapıldı. Test suşlarının gelişmesi, negatif kontrol plağındaki gelişmelerden daha geniş veya pozitif kontrol plağındaki gelişmelere eşit veya yakınsa pozitif (+); negatif kontrol plağındaki gelişmelere eşit veya yakınsa negatif (-) olarak kaydedildi.

Temel azot kaynaklarında gelişme

Test suşları, gelişme ve enerji gereksinimleri için 15 farklı azot kaynağını (**Çizelge 3.13**) kullanabilme yeteneklerine göre test edildi. Azot kaynaklarında gelişme testi için Williams ve diğ. (1983) tarafından tanımlanan azot kaynağı kullanım bazal ortamı kullanıldı. Gerekli miktardaki her bir azot kaynağı tinalizasyon tekniği ile steril hale getirilerek steril bazal ortama aseptik koşullarda ilave edildi. Negatif kontrol olarak sadece bazal ortam kullanıldı, pozitif kontrol olarak da % 0,1 (w/v) konsantrasyonlarında L-asparajin ilave edilmiş bazal ortamlar kullanıldı. İnokülasyon negatif ve pozitif olmak üzere iki kontrol ortamına da yapıldı. Bütün plaklara test inokülasyonu, multipoint inokülatör vasıtasıyla yapıldı. İnokülasyonlu plaklar, 28 °C'de inkübe edilerek değerlendirme inkübasyonun 7. 14 ve 21. günlerinde pozitif ve negatif kontrol plaklarının her ikisi ile karşılaştırılarak yapıldı. Test suşlarının gelişmesi negatif kontrol plağındaki gelişmelerden daha geniş veya pozitif kontrol plağındakilere daha yakınsa pozitif (+); negatif kontrol plağındakine eşit veya daha yakınsa negatif (-) sonuç olarak kaydedildi.

3.2.12.4 Fizyolojik testler

pH'ya tolerans

Test suşları, pH 4, pH 5, pH 6, pH 6.5, pH 7, pH 7.5, pH 8, pH 8.5, pH 9, pH 10, pH 11 ve pH 12 olmak üzere 12 farklı pH değerinde (**Çizelge 3.13**) gelişme kabiliyetleri üzerine test edildi. Bazal ortam olarak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirilmiş ISP 2 agar kullanıldı. pH 4, 5, 6, 6.5 için öncelikle 100 ml ISP 2 agar hazırlandı ve 1M HCl çözeltisi ile istenilen pH değeri olması için kaç ml 1M HCl çözeltisi kullanılacağı cam elektrotlu pH metre (Model 292, Unicam Ltd.) ile ölçümü yapılarak belirlendi. 1000 ml için gereken 1M HCl çözeltisi hesaplanarak ayrı bir kapaklı şişede 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak steril hale getirildi. 1M HCl besiyerlerinin petriye dökülme aşamasında aseptik koşullarda steril ISP 2 agara ilave edildi. pH (7, 7.5, 8, 8.5, 9, 10, 11, 12) için de öncelikle 100 ml ISP 2 agar hazırlandı ve NaOH çözeltisi ile istenilen pH olması için kaç ml NaOH çözeltisi kullanılacağı

cam elektrotlu pH metre (Model 292, Unicam Ltd.) ile ölçümü yapılarak belirlendi. 1000 ml için gereken 1M NaOH çözeltisi hesaplanılarak ayrı bir kapaklı şişede 121°C'de 15 dk otoklavlanarak steril hale getirildi. 1M NaOH besiyerlerinin petriye dökülme aşamasında aseptik koşullarda steril ISP 2 agara ilave edildi. Test suşlarının bütün plaklara inokülasyonu, multipoint inokülatör vasıtasıyla yapıldı ve inokülasyonlu plaklar 28 °C'de 7 ve 14 gün inkübasyondan sonra okundu. Test plağında gelişme gösteren suşlar pozitif (+), gelişme göstermeyenler negatif (-) sonuç olarak okundu.

Sıcaklığa tolerans

Test suşları, 4, 10, 20, 28, 37, 40, 45, 50ve 55°C olmak üzere 9 farklı sıcaklık değerinde (**Çizelge 3.13**) gelişme kabiliyetleri üzerine test edildi. Bazal ortam olarak ISP 2 agar (pH 7.2) kullanıldı. Test suşları multipoint inokülatör ile inoküle edildikten sonra istenilen sıcaklıklara ayarlanmış etüvlerde inkübe edildi.

4, 10 ve 20 °C'deki petrilere 6 hafta süreyle her hafta kontrol edilerek, 28 °C ve 37°C'deki petrilere 7. ve 14. günlerde kontrol edilerek, 40, 45, 50 ve 55 °C'deki petrilere 3. ve 7. günlerde kontrol edilerek değerlendirildi. Test plağında gelişme gösteren suşlar pozitif (+) sonuç olarak değerlendirildi.

Tuz toleransı

Test suşları, % 1-10 NaCl konsantrasyonlarında (**Çizelge 3.13**) gelişme kabiliyetleri üzerine test edildi. Bazal ortam olarak ISP 2 agar (pH 7.2) kullanıldı. Test suşları multipoint inokülatör ile inoküle edildikten sonra 28 °C'de 14 gün inkübe edildi. Test plağında gelişme gösteren suşlar pozitif (+), gelişme göstermeyenler negatif (-) sonuç olarak okundu.

3.2.13 Antimikrobiyal aktivite testi

16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan test izolatları, başta Gram pozitif ve Gram negatif bakteriler, maya ve filamentli fungus olmak üzere 26 patojen organizmanın (**Çizelge 3.14**) gelişmelerini inhibe etme kabiliyetlerine göre incelendi (Williams ve diğ., 1983). Test izolatlarının kültür ortamına inokülasyonu, otomatik pipetle (P1000: Nichipet EX, Nichiryō Co.,Ltd, Tokyo 101-0038, Japan) nokta ekim yöntemiyle gerçekleştirildi. Her bir izolat için, ağzı kapaklı küçük şişelere 1,5 ml ringer çözeltisi ilave edilip 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edildi. ISP 2 agar ortamında 28 °C'de gelişen izolatların spor ve substrat miselleri,

steril öze yardımı ile etiketlenmiş, içerisinde ringer bulunan küçük cam şişelere aseptik koşullarda transfer edildi. Daha sonra vorteksle karıştırılarak homojenize edilen bakteri solüsyonlarından otomatik pipet ile 7µl alınarak antibiyotik ilavesiz modifiye edilmiş Bennett's Agar (Jones, 1949) yüzeyine 5'li gruplar halinde nokta ekim yoluyla inoküle edildi. İnokülasyonlu plaklar, 28 °C'de 3 gün süreyle inkübasyona bırakıldı ve 3. günün sonunda gelişen koloniler üzerine, steril enjektör yardımıyla 3-5 ml kloroform döküldü ve kloroformun buharlaşması için petri plaklarının kapağı, 40 dakika boyunca yarı açık bir şekilde tutuldu. Bu şekilde öldürülen koloniler üzerine, her biri % 5' lik nutrient agar içerisinde 2 gün süreyle gelişen patojen test organizmaları yayma plak yöntemi ile inoküle edildi. İnokülasyonlu plaklar, 37 °C'de 48 saatlik inkübasyon sonrasında koloniler etrafında oluşan inhibisyon zonları ölçüldü.

Çizelge 3.14. Antimikrobiyalaktivite testi için seçilen patojen organizmalar

1	<i>Aspergillus flavus</i> NRRL-1957
2	<i>Aspergillus niger</i> -izolat
3	<i>Aspergillus parasiticus</i> NRRL-465
4	<i>Bacillus cereus</i> NRRL-B 3711
5	<i>Bacillus licheniformis</i> NRRL-B 1001
6	<i>Bacillus pumilus</i> NRRL-BD 142
7	<i>Bacillus subtilis</i> NRRL-B 209
8	<i>Bacillus subtilis</i> NRS 744
9	<i>Candida albicans</i> ATCC 10231
10	<i>Citrobacter freundii</i> NRRL-B 2643
11	<i>Escherichia coli</i> ATCC 25922
12	<i>Escherichia coli</i> MC-4100
13	<i>Lysteria monocytogenes</i> -medikal izolat
14	<i>Micrococcus luteus</i> NRRL-B 1013
15	<i>Proteus vulgaris</i> NRRL-B 123
16	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> NRRL-B 2679
17	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> ATCC 27853
18	<i>Providencia stuartii</i>
19	<i>Staphylococcus aureus</i> ATCC 25923
20	<i>Staphylococcus aureus</i> ATCC 33862
21	<i>Staphylococcus aureus</i> NRRL-B-767
22	<i>Staphylococcus aureus</i> ATCC 29213
23	<i>Candida utilis</i> NRRL-V-900
24	<i>Bacillus subtilis</i> Kuan 16D III 75
25	<i>Enterobacter aerogenes</i> NRRL B-3567
26	<i>Enterobacter aerogenes</i> NRRL B-427

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

3.2.14 Kültürel ve morfolojik özelliklerin belirlenmesi

3.2.14.1 İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri

16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan test izolatları ve onların en yakın tip türlerinin, Oatmeal agar (ISP 3; pH:7,2) kültür ortamında 28 °C'de 14 gün inkübe edilerek hava miselyum spor rengi, substrat miselyum rengi, çözünebilir pigment rengi ve gelişimi belirlendi. Yine aynı izolatların, melanin pigmenti üretilen Pepton-yeast ekstraktı agar (ISP 6; pH:7,2) ve tirozinagar (ISP 7; pH:7,2) kültür ortamlarında 28 °C'de 14 günlük inkübasyondan sonra belirlenmiştir.

Ayrıca bu izolatların gelişme ve morfolojik özellikleri modifiye Bennett's agar, yeast ekstrakt-malt ekstraktı agar (ISP 2; pH:7,2; Shirling ve Gottlieb, 1966), inorganik salts-starch agar (ISP 4;pH:7,2), gliserol asparajinagar (ISP 5;pH:7,2), czapek's agar, nutrient agar ve triptik soy agar (TSA; pH:7,2) üzerinde 28 °C'de 14 gün inkübasyondan sonra tespit edildi.

3.2.14.2 Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi

16S rRNA dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı bulunan organizmaların spor zincir morfolojileri Pridham ve diğ. (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 Mikroskopu (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 fiske 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 mikroskopu (SEM) ile spor yüzey morfolojileri belirlenerek görüntülendi.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Bulgular

4.1.1 Sediment örneklerinin bazı fizikokimyasal özellikleri

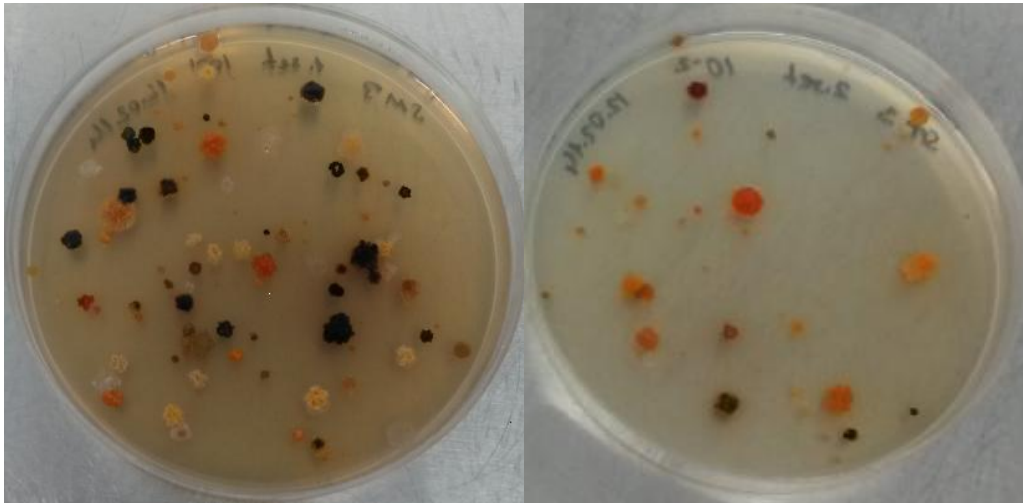
Sediment örneklerinin pH, % CaCO₃, organik madde, Ca (ppm), P (ppm), % Kum, % Silt ve % Kil analizlerinin sonucu **Çizelge 4.1**'deverildi.

Çizelge 4.1. Sediment örneklerinin fizikokimyasal analizleri

Sediment	pH	% CaCO ₃	Organik madde içeriği	Ca (ppm)	Mg (ppm)	P (ppm)	% Kum	% Silt	% Kil
Samsun 42m	7,59	14,19	2,09	3380	1914	12,85	4,6	42,78	52,62
Ordu 80m	7,51	10,36	2,79	3810	2106	10,75	11,03	35,87	53,1

4.1.2 Aktinomisetlerin izolasyonu, saflaştırılması ve stoklanması

İzolasyon işlemi sekiz farklı seçici izolasyon besiyeri kullanılarak gerçekleştirildi. İzolasyon için hazırlanan petripler 28°C'de 30 gün süreyle inkübasyona bırakıldı. Bazı izolasyon petri görüntüleri **Şekil 4.1**'de gösterildi.



Şekil 4.1. SM3 seçici izolasyon besiyerinin petri görünüşü

Seçilen 93 izolat lokalite ve besiyeri isimleri dikkate alınarak numaralandırılıp saf kültürleri yapılarak % 25'lik gliserol içeren otoklavlanmış vidalı kapaklı tüplere steril kürdan yardımıyla transfer edilerek -20 °C'de stoklandı. İzolatlara verilen numaralar, izole edildikleri besiyerleri ve lokaliteleri **Çizelge 4.2**'de verildi. Kullanılan sekiz farklı seçici izolasyon besiyerinden SM3 agardan 54 tane organizma izole edildi fakat SM2 agardan hiçbir organizma izole edilemedi. Denizel çevrelerden aktinomiset izolasyonu yapılırken literatürlerde SM3 agarın deniz sulu, deniz tuzlu ve saf sulu olmak üzere üç farklı kombinasyonunun yapıldığı dikkate alınarak bu çalışmada da SM3'ün üç farklı kombinasyonu yapıldı.

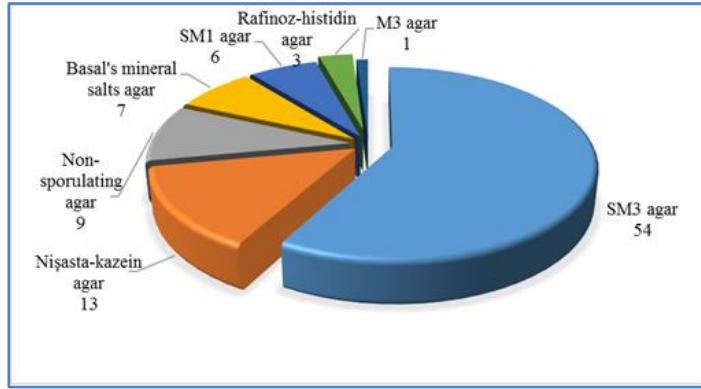
Çizelge 4.2. Test izolatlarının numaraları, lokaliteleri, izole edildikleri besiyerleri

No	Suş No	Lokaliteleri	İzole Edildikleri Besiyerleri
1	S1101	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
2	S1102	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
3	S1103	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
4	S1106	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
5	S1108	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
6	S1109	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
7	S3101	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Basal's Mineral Salts Agar (Saf sulu)
8	S2201	Ordu, Melet Irmağı (45m)	M3 Agar (Saf sulu)
9	S1301	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Rafinoz-Histidin Agar (Deniz tuzu)
10	S2301	Ordu, Melet Irmağı (45m)	Rafinoz-Histidin Agar (Deniz tuzu)
11	S3301	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Raffinoz-Histidin Agar (Deniz tuzu)
12	S1401	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
13	S1402	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
14	S1407	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
15	S1412	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
16	S2402	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
17	S2404	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
18	S2405	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
19	S2406	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
20	S2414	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
21	S2422	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
22	S2427	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
23	S3404	Ordu, Melet Irmağı (80m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
24	S3408	Ordu, Melet Irmağı (80m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
25	S4401	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
26	S4402	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
27	S4403	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
28	S4404	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Saf sulu)
29	S1503	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
30	S1507	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
31	S1508	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
32	S1509	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
33	S1510	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
34	S2503	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
35	S2506	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
36	S2508B	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
37	S2509	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
38	S2510	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)

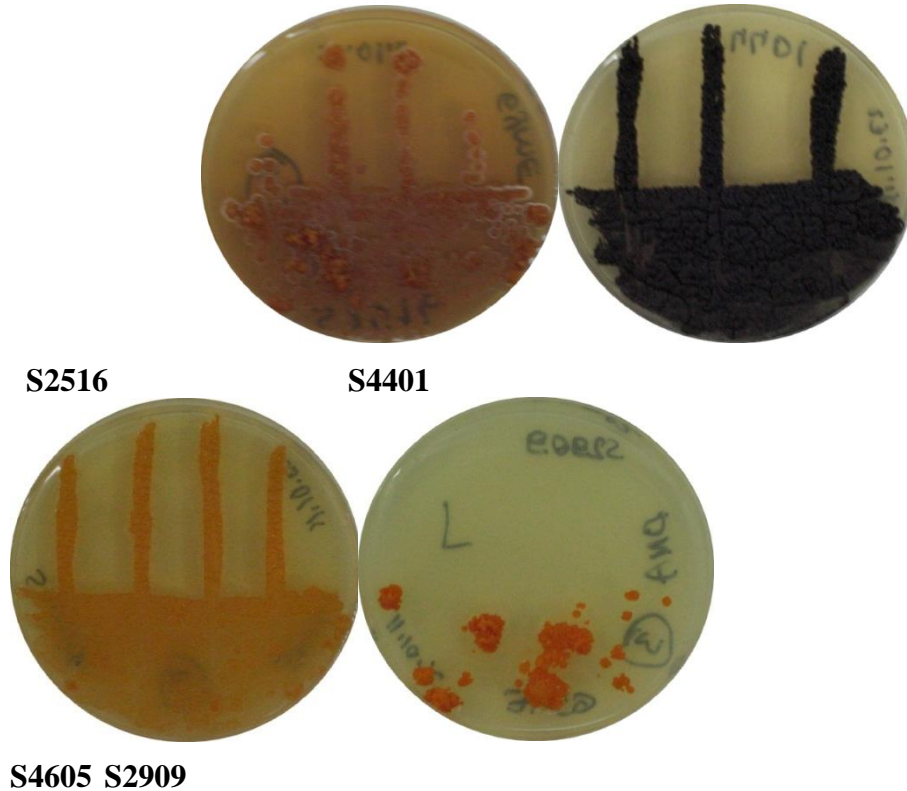
Çizelge 4.2 (devam). Test izolatlarının numaraları, lokaliteleri ve izole edildikleri besiyerleri

39	S2516	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
40	S2517	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
41	S2518	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
42	S3501	Ordu, Melet Irmağı (80m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
43	S3502	Ordu, Melet Irmağı (80m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz suyu)
44	S1601	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
45	S1602	Ordu, Melet Irmağı (12m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
46	S3604	Ordu, Melet Irmağı (80m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
47	S4601	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
48	S4602	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
49	S4605	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
50	S4606	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Medium-Gauze's Agar(Deniz tuzlu)
51	S1701	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
52	S2704	Ordu, Melet Irmağı (45m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
53	S2705	Ordu, Melet Irmağı (45m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
54	S3702	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
55	S3703	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
56	S3704	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
57	S4702	Samsun, Merkez-Azot (42m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
58	S4703	Samsun, Merkez-Azot (42m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
59	S1802	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Non-sporulating Agar (Deniz tuzlu)
60	S1803	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Nişasta-Kazein Agar
61	S1804	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Nişasta-Kazein Agar
62	S1812	Ordu, Melet Irmağı (12m)	Nişasta-Kazein Agar
63	S2801	Ordu, Melet Irmağı (45m)	Nişasta-Kazein Agar
64	S2802	Ordu, Melet Irmağı (45m)	Nişasta-Kazein Agar
65	S3801	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
66	S3802	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
67	S3806	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
68	S3807	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
69	S3810	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
70	S3812	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
71	S3815	Ordu, Melet Irmağı (80m)	Nişasta-Kazein Agar
72	S4803	Samsun, Merkez-Azot (42m)	Nişasta-Kazein Agar
73	S2901	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
74	S2903	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
75	S2904	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
76	S2905	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
77	S2909	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
78	S2911	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM1 (Stevenson's medium)
79	DS1018	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
80	DS3001	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
81	DS3002	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
82	DS3003	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
83	DS3005	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
84	DS3007	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
85	DS3010	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
86	DS3012	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
87	DS3029	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
88	DS3030	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
89	DS3186	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
90	OD175	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
91	OD307	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
92	OD337	Ordu, Melet Irmağı (45m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)
93	SD308	Samsun, Merkez-Azot (42m)	SM3 Agar -Gauze's Agar(Saf sulu)

Seçilen 93 izolatın 54 tanesi SM3 agardan, 13 tanesi nişasta-kazein agardan, 9 tanesi non-sporulating agardan, 7 tanesi bazal's mineral salts agardan, 6 tanesi SM1 agardan, 3 tanesi rafinoz-histidin agardan ve 1 tanesi M3 agardan izole edildi. SM3 agardan izole edilen 54 izolatın 32 tanesi saf su ile hazırlanmış besiyerinden, 15 tanesi deniz tuzu ilave edilmiş besiyerinden ve 7 tanesinde deniz suyu ile hazırlanmış besiyerinden izole edildi. Hangi besiyerinden kaç tane izolatın elde edildiği Şekil 4.2'de belirtildi. Saf kültürleri yapılan bazı izolatların petri görüntüleri Şekil 4.3'te verildi.



Şekil 4.2. Kullanılan seçici izolasyon besiyerlerinden kaç tane izolatın izole edildiğini gösteren daire grafik



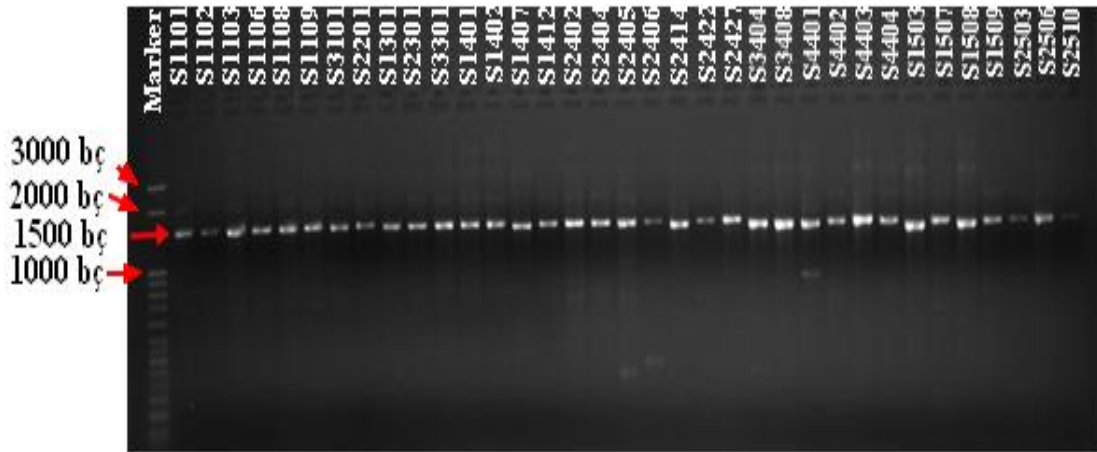
Şekil 4.3. Saf kültürleri yapılan bazı izolatların petri görüntüleri

4.1.3 Test izolatlarının genomik DNA izolasyonu

16S rRNA, *gyrB*, *rpoB* ve 3-Amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) gen bölgeleri ile ilgili PZR çalışmaları için test organizmalarının genomik DNA'ları Pitcher ve diğ. (1989) tarafından tanımlanan "Guanidin thiosiyanat DNA izolasyonu" metodu ve DNA izolasyon kiti (Norgen, USA ve CANADA) kullanılarak gerçekleştirildi.

4.1.4 16S rRNA geni PZR amplifikasyonu

Genomik DNA'sı izole edilen izolatların 16S rRNA gen bölgesi 27f ve 1525r evrensel primerleri ile Gradient PZR'da çoğaltıldı. PZR sonrası çoğaltılan ortalama 1500 baz çifti büyüklüğündeki DNA bölgesi agaroz jel elektroforezinde görüntüledi ve Mini Lumi görüntüleme cihazında fotoğraflandı (Şekil 4.4).



Şekil 4.4. 16S rRNA gen bölgesine ait PZR amplifikasyonunun % 1,5'lük agaroz jelelektroforez görüntüsü. Marker; Sigma, 50 bp DNA Ladder

4.1.5 16SrRNAGeni dizi analizi ve filogenisi

16S rRNA gen bölgesi PZR amplifikasyonları gerçekleştirilen örnekler QIAquick PZR Purifikasyon Kiti ile saflaştırıldıktan sonra 27f, 800r, MG3f, MG4f, MG5f ve MG6f primerleri ile dizi analizi yapıldı. Elde edilen dizi verileri, Etaxon Server kullanılarak, uluslararası veritabanlarındaki en yakın akraba türlerin dizi verileri ile karşılaştırıldı ve % benzerlikleri belirlendi. 16S rRNA dizi analizi sonuçlarına göre izolatların cinslere göre dağılımını gösteren grafik Şekil 4.5'te verildi. 16S rRNA dizi verilerine göre test izolatlarının filogenetik pozisyonlarının belirlenmesi için dendogramları oluşturuldu (Şekil 4.6-4.21). Dendogramlar neighbour-joining algoritması ve evrimsel uzaklık matrisi olarak Jukes ve Cantor (1969) metodu izlenerek çizildi. Filogenetik analizler için MEGA5 paket programı kullanıldı

(Tamura ve diğ., 2011). Oluşturulan filogenetik ağaçların bootstrap analizleri (Felsenstein, 1985) 1000 tekrarlı olarak yapıldı.

Dizi verilerinin filogenetik analizleri sonucunda *Micromonospora* cinsi üyesi 34 izolat, *Streptomyces* cinsi üyesi 28 izolat, *Saccharomonospora* cinsi üyesi 6 izolat, *Verrucosipora*, *Nocardia* ve *Nonomuraea* cinsi üyesi 5'er izolat, *Actinomadura* cinsi üyesi 4 izolat, *Actinopolymorpha* cinsi üyesi 3 izolat, *Plantactinospora* cinsi üyesi 2 izolat ve *Microbispora* cinsi üyesi 1 izolat elde edildi. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre izolatların en yakın tip türleriyle olan filogenetik benzerliği **Çizelge 4.3-4.5**'de verildi. Ayrıca **Şekil 4.5**'de test izolatlarının cinslere göre dağılımı gösterildi.

Çizelge 4.3. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre *Micromonospora* cinsine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği

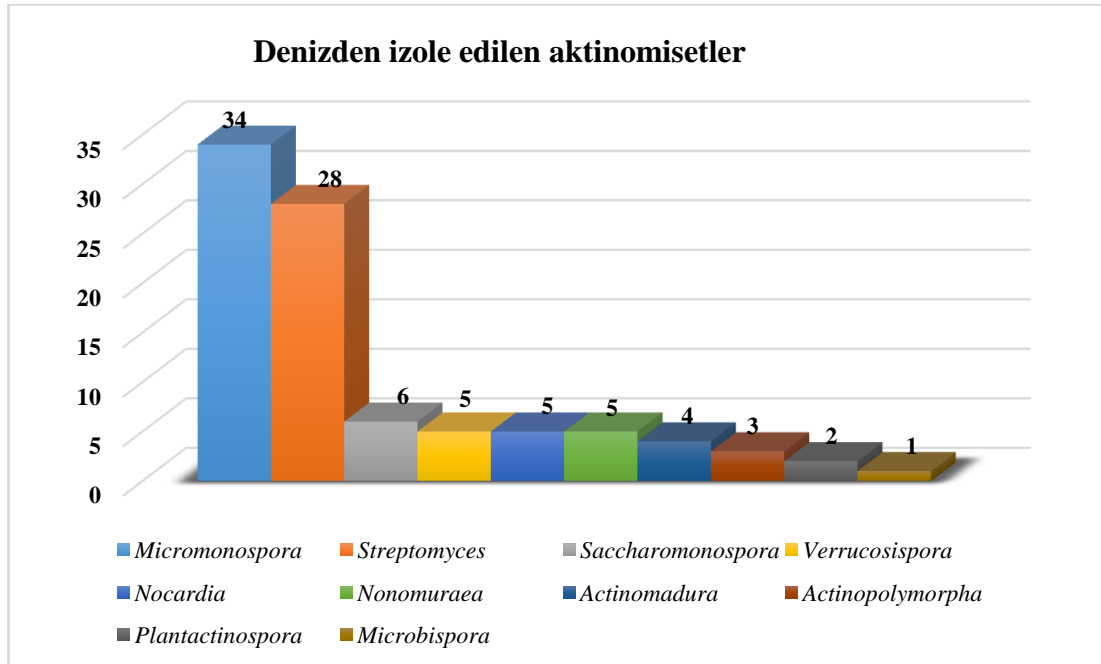
No	Suş Kodu	En Yakın Tip Türü	% Benzerlik-Nükleotit Farklılığı
1.	S2911	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 98,84 (17/1463)
2.	DS3010	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 99,45 (8/1460)
3.	S4401	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 99,52 (7/1463)
4.	S3806	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 99,59 (6/1463)
5.	DS3005	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 99,93 (1/1455)
6.	DS3012	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T (AJ783993)	% 99,93 (1/1455)
7.	S2518	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T (AB241454)	% 98,91 (16/1462)
8.	S2509	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T (AB241454)	% 99,05 (14/1469)
9.	S4602	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T (AB241454)	% 99,59 (6/1456)
10.	S2903	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T (AB241455)	% 98,97 (15/1459)
11.	S2904	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T (AB241455)	% 98,97 (15/1459)
12.	S4605	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T (AB241455)	% 98,97 (15/1462)
13.	S3802	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T (AB241455)	% 99,25 (11/1461)
14.	S3815	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T (AB241455)	% 99,25 (11/1461)
15.	S4606	<i>Micromonospora jinlongensis</i> NEAU-GRX11 ^T (KC134254)	% 99,52 (7/1457)
16.	S4404	<i>Micromonospora jinlongensis</i> NEAU-GRX11 ^T (KC134254)	% 99,59 (6/1457)
17.	S2516	<i>Micromonospora rifamycinica</i> AM105 ^T (AY561829)	% 99,25 (11/1461)
18.	S1602	<i>Micromonospora rifamycinica</i> AM105 ^T (AY561829)	% 99,38 (9/1454)
19.	S3502	<i>Micromonospora tulbaghiaie</i> TVU1 ^T (EU196562)	% 99,42 (8/1381)
20.	DS3002	<i>Micromonospora tulbaghiaie</i> TVU1 ^T (EU196562)	% 100 (0/1381)
21.	S3301	<i>Micromonospora tulbaghiaie</i> TVU1 ^T (EU196562)	% 100 (0/1381)
22.	S1802	<i>Micromonospora tulbaghiaie</i> TVU1 ^T (EU196562)	% 100 (0/1381)
23.	S3807	<i>Micromonospora tulbaghiaie</i> TVU1 ^T (EU196562)	% 100 (0/1381)
24.	S2508B	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T (AB107231)	% 98,83 (17/1451)
25.	DS3003	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T (AB107231)	% 99,03 (14/1449)
26.	S2901	<i>Micromonospora marina</i> JSM1-1 ^T (AB196712)	% 98,61 (20/1437)
27.	S4803	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T (AB193565)	% 99,15 (12/1417)
28.	S2909	<i>Micromonospora coerulea</i> DSM 43143 ^T (X92598)	% 99,18 (12/1458)
29.	S1510	<i>Micromonospora equina</i> Y22 ^T (JF912511)	% 98,25 (24/1375)
30.	S4402	<i>Micromonospora lupini</i> lupac 14N ^T (AJ783996)	% 99,65 (5/1429)
31.	DS3001	<i>Micromonospora aurantiaca</i> ATCC 27029 ^T (CP002162)	% 100 (0/1455)
32.	DS3186	<i>Micromonospora olivasterospora</i> DSM 43868 ^T (X92613)	% 98,97 (15/1452)
33.	S2510	<i>Micromonospora citrea</i> DSM 43903 ^T (X92617)	% 99,45 (8/1457)
34.	S2905	<i>Micromonospora halotolerans</i> CR18 ^T (FN658652)	% 99,65 (5/1430)

Çizelge 4.4. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre *Streptomyces*, *Saccharomonospora* ve *Verrucosipora* cinslerine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği

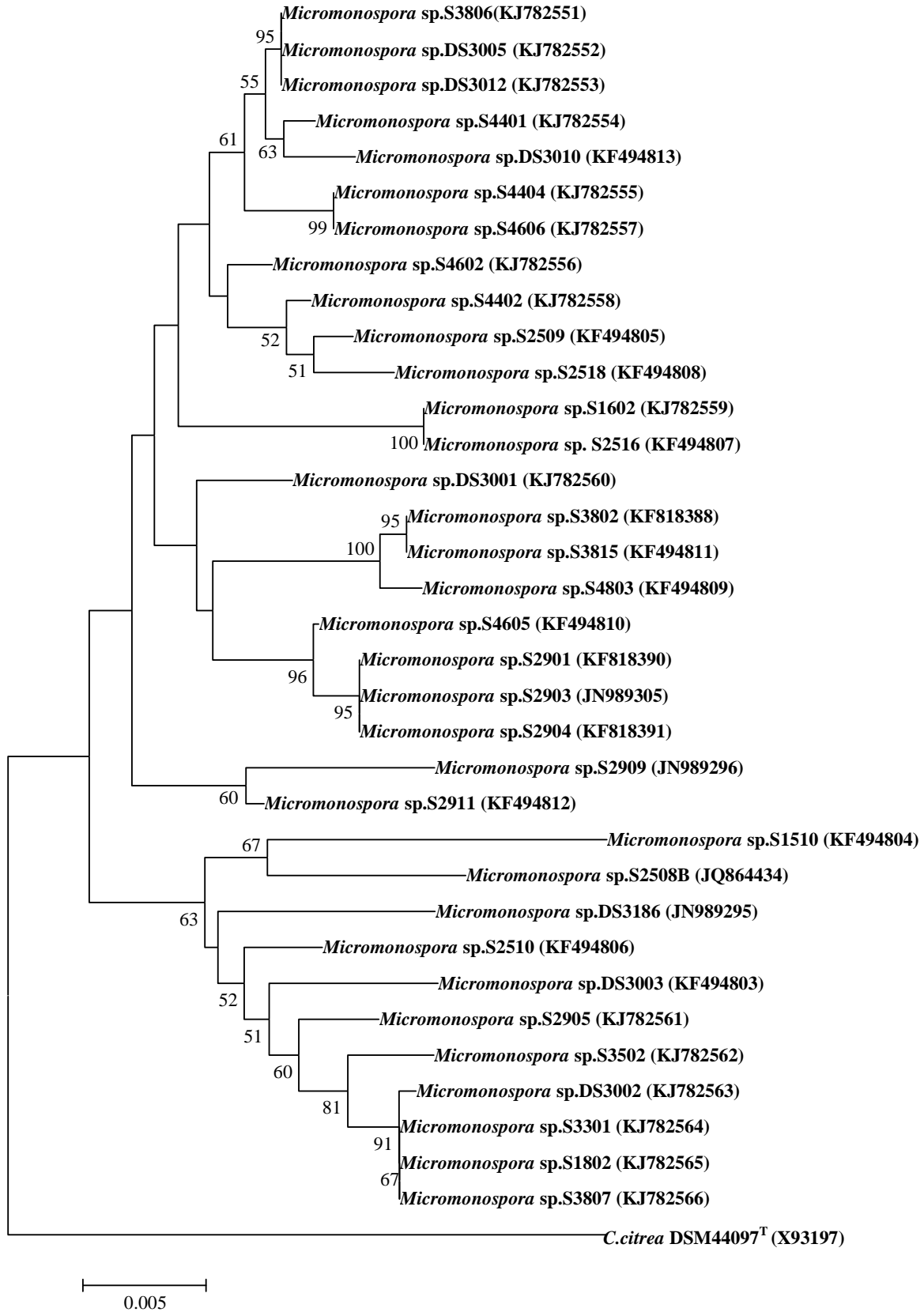
No	Suş Kodu	En Yakın Tip Türü	% Benzerlik-Nükleotit Farklılığı
1.	S1412	<i>Streptomyces specialis</i> GW 41-1564 ^T (AM934703)	% 96,80 (47/1471)
2.	S2704	<i>Streptomyces specialis</i> GW 41-1564 ^T (AM934703)	% 97,08 (43/1472)
3.	S1103	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T (AB184641)	% 99,79 (3/1458)
4.	S1108	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T (AB184641)	% 99,79 (3/1458)
5.	S1301	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T (AB184641)	% 99,79 (3/1458)
6.	S1109	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T (AB184641)	% 99,86 (2/1458)
7.	S4703	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T (AB184624)	% 99,31 (10/1448)
8.	S2201	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T (AB184624)	% 99,52 (7/1455)
9.	S4403	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T (AB184624)	% 99,45 (7/1283)
10.	S4601	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T (AB184624)	% 99,79 (3/1396)
11.	S1601	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T (AB249934)	% 99,80 (3/1465)
12.	S3501	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T (AB249934)	% 99,85 (2/1344)
13.	S3101	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T (AB249934)	% 99,93 (1/1465)
14.	S2802	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T (Z76676)	% 100 (0/1460)
15.	S3801	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T (Z76676)	% 100 (0/1460)
16.	S3703	<i>Streptomyces aldersoniae</i> NRRL 18513 ^T (EU170123)	% 99,30 (10/1436)
17.	S2517	<i>Streptomyces aldersoniae</i> NRRL 18513 ^T (EU170123)	% 99,37 (9/1436)
18.	S3812	<i>Streptomyces samsunensis</i> M1463 ^T (EU077190)	% 98,47 (22/1441)
19.	SD308	<i>Streptomyces samsunensis</i> M1463 ^T (EU077190)	% 100 (0/1441)
20.	OD307	<i>Streptomyces albus</i> NRRL B-2365 ^T (DQ026669)	% 99,93 (1/1471)
21.	OD337	<i>Streptomyces albus</i> NRRL B-2365 ^T (DQ026669)	% 99,93 (1/1469)
22.	S1804	<i>Streptomyces djakartensis</i> NBRC 15409 ^T (AB184657)	% 99,30 (10/1435)
23.	S4702	<i>Streptomyces qinglanensis</i> 172205 ^T (HQ660227)	% 97,58 (32/1470)
24.	S2406	<i>Streptomyces bingchenggensis</i> BCW-1 ^T (CP002047)	% 99,32 (10/1474)
25.	S1101	<i>Streptomyces xiamenensis</i> MCCC 1A01550 ^T (EF012099)	% 99,52 (7/1472)
26.	S1701	<i>Streptomyces thermocarboxydus</i> DSM 44293 ^T (U94490)	% 99,93 (1/1466)
27.	S1803	<i>Streptomyces collinus</i> NBRC 12759 ^T (AB184123)	% 99,93 (1/1452)
28.	S2801	<i>Streptomyces somaliensis</i> NBRC 12916 ^T (AB184243)	% 100 (0/1464)
29.	S1106	<i>Saccharomonospora xinjiangensis</i> XJ-54 ^T (JH636049)	% 99,12 (13/1481)
30.	S1402	<i>Saccharomonospora xinjiangensis</i> XJ-54 ^T (JH636049)	% 99,32 (10/1472)
31.	S1102	<i>Saccharomonospora xinjiangensis</i> XJ-54 ^T (JH636049)	% 99,66 (5/1471)
32.	S2705	<i>Saccharomonospora viridis</i> DSM 43017 ^T (CP001683)	% 100 (0/1459)
33.	DS3029	<i>Saccharomonospora amisosensis</i> DS3030 ^T (JN989292)	% 99,80 (3/1477)
34.	DS3030	<i>Saccharomonospora amisosensis</i> DS3030 ^T (JN989292)	% 100 (0/1477)
35.	S2427	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T (Y15523)	% 99,86 (2/1453)
36.	OD175	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T (Y15523)	% 99,86 (2/1453)
37.	S1812	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T (Y15523)	% 99,79 (3/1453)
38.	S3810	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T (JQ423921)	% 99,79 (3/1397)
39.	S2506	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T (JX524154)	% 99,71 (4/1401)

Çizelge 4.5. 16S rRNA sekans sonuçlarına göre *Nocardia*, *Nonomuraea*, *Actinomadura*, *Actinopolymorpha*, *Plantactinospora* ve *Microbispora* cinslerine ait izolatlarının en yakın tip türleri ile olan filogenetik benzerliği

No	Suş Kodu	En Yakın Tip Türü	% Benzerlik-Nükleotit Farklılığı
1.	S1503	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> 202GMO ^T (EF418604)	% 99,45 (8/1462)
2.	S1507	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> 202GMO ^T (EF418604)	% 99,59 (6/1463)
3.	S1508	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> 202GMO ^T (EF418604)	% 99,73 (4/1463)
4.	S1509	<i>Nocardia rhamnosiphila</i> 202GMO ^T (EF418604)	% 99,93 (1/1454)
5.	DS3007	<i>Nocardia higoensis</i> NBRC 100133 ^T (BAGA01000039)	% 99,39 (9/1470)
6.	S2301	<i>Nonomuraea candida</i> HMC10 ^T (DQ285421)	% 98,57 (20/1401)
7.	S2402	<i>Nonomuraea harbinensis</i> NEAU-yn31 ^T (KC306503)	% 99,66 (5/1467)
8.	S2405	<i>Nonomuraea coxensis</i> DSM 45129 ^T (ARBV01000098)	% 99,58 (6/1434)
9.	S3404	<i>Nonomuraea kuesteri</i> GW 14-1925 ^T (AJ746362)	% 100 (0/1468)
10.	S3604	<i>Nonomuraea moskovyensis</i> FMN03 ^T (JN896617)	% 100 (0/1468)
11.	S1401	<i>Actinomadura mexicana</i> A290 ^T (AF277195)	% 99,48 (7/1341)
12.	S1407	<i>Actinomadura mexicana</i> A290 ^T (AF277195)	% 99,44 (8/1421)
13.	S2422	<i>Actinomadura sputi</i> IMMIB L-889 ^T (FM957483)	% 95,70 (63/1464)
14.	S3702	<i>Actinomadura meyeræ</i> A288 ^T (AY273787)	% 99,58 (6/1437)
15.	S2503	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T (EU438909)	% 99,86 (2/1441)
16.	S3704	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T (EU438909)	% 99,86 (2/1441)
17.	DS1018	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T (EU438909)	% 99,51 (7/1441)
18.	S2414	<i>Plantactinospora endophytica</i> YIM 68255 ^T (GQ494033)	% 99,51 (7/1431)
19.	S3408	<i>Plantactinospora endophytica</i> YIM 68255 ^T (GQ494033)	% 99,52 (7/1456)
20.	S2404	<i>Microbispora hainanensis</i> 211020 ^T (FJ261972)	% 99,45 (8/1466)



Şekil 4.5. 16S rRNA dizi analizi sonuçlarına göre test izolatlarının cinslere göre dağılımı



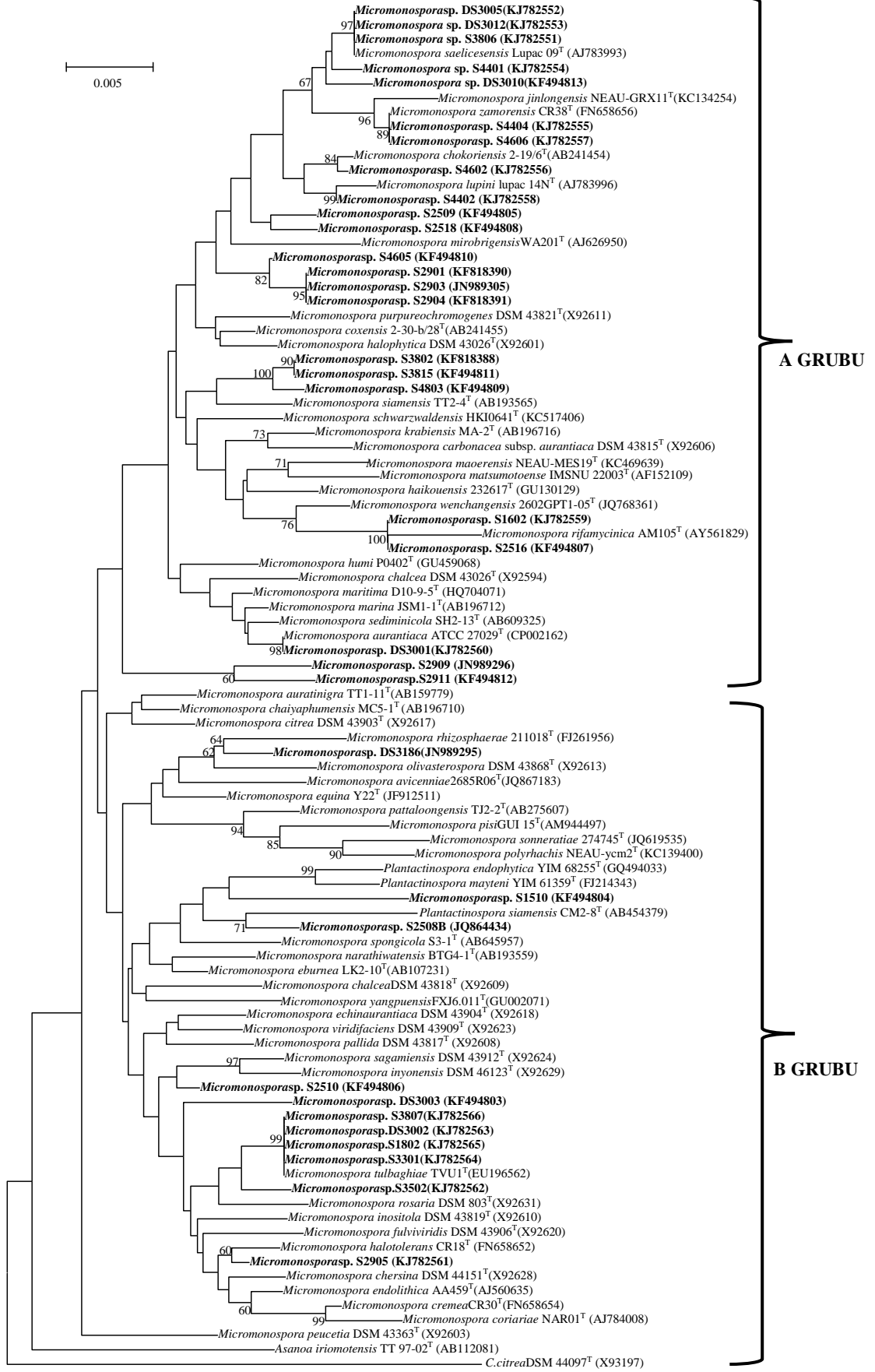
Şekil 4.6. Sekansı yapılan *Micromonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

Çizelge 4.6. *Micromonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

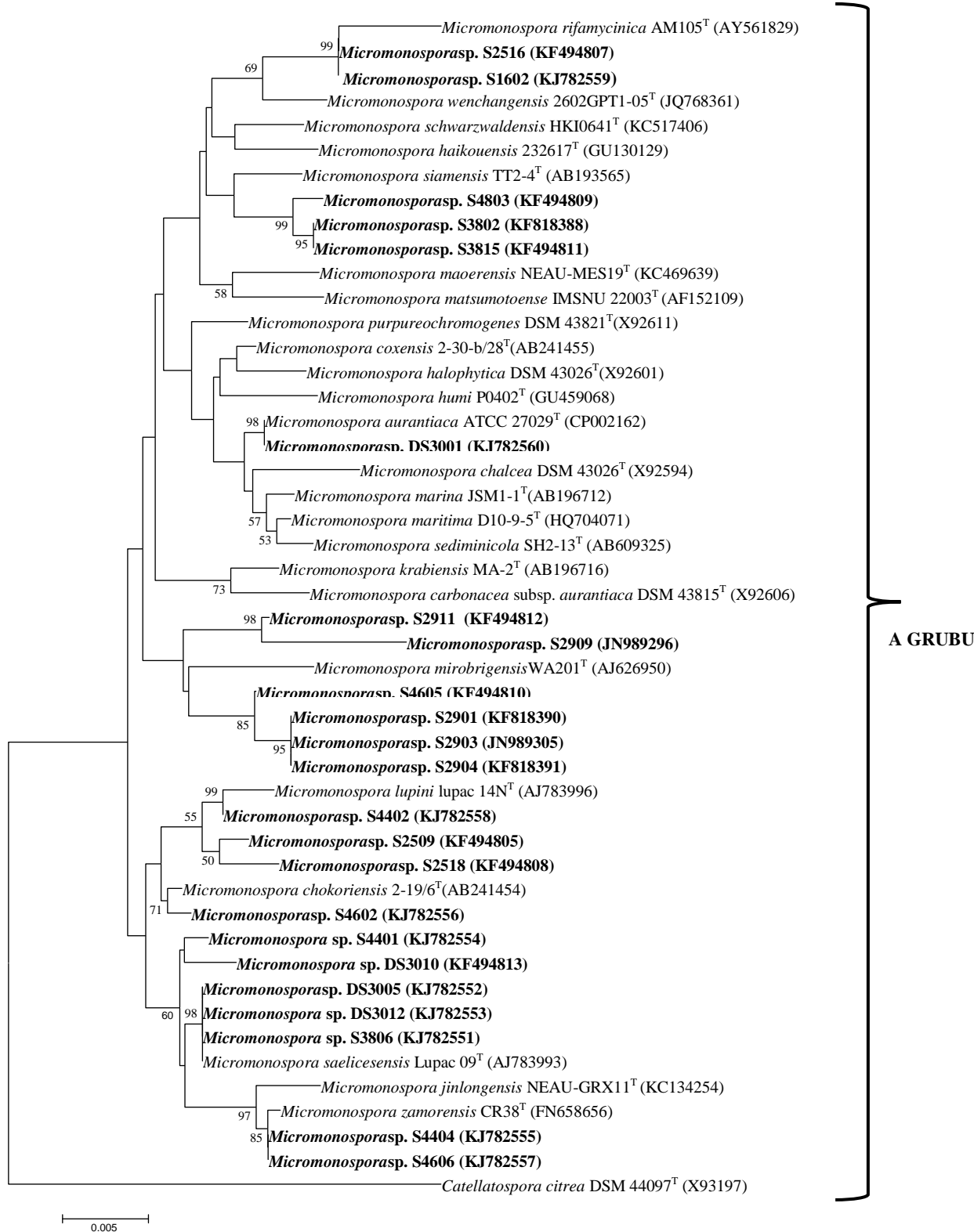
	S3301	S4401	S4402	S4404	S1510	S2508B	DS3003	S3502	S1802	S3807	DS3002	S2901	S2903	S2904	S4605	S4803	S3802
S3301	---	38/1475	32/1472	39/1471	41/1475	31/1475	19/1468	10/1472	3/1474	0/1471	2/1462	35/1474	35/1456	35/1474	34/1475	25/1475	26/1475
S4401	97,42	---	14/1472	9/1471	62/1492	39/1490	39/1468	42/1473	41/1483	39/1476	34/1462	35/1496	23/1458	35/1489	29/1482	36/1481	31/1485
S4402	97,83	99,05	---	14/1469	42/1472	36/1472	36/1468	35/1471	31/1471	31/1470	33/1462	20/1471	20/1454	20/1471	16/1472	27/1472	26/1472
S4404	97,35	99,39	99,05	---	50/1473	36/1473	41/1468	38/1468	36/1470	36/1467	38/1462	27/1472	27/1458	27/1472	23/1473	30/1473	27/1473
S1510	97,22	95,84	97,15	96,61	---	47/1497	39/1468	39/1473	44/1483	42/1476	40/1462	56/1506	43/1460	58/1505	49/1484	56/1483	54/1487
S2508B	97,90	97,38	97,55	97,56	96,86	---	28/1468	31/1473	35/1483	32/1476	27/1462	48/1494	39/1460	51/1495	48/1484	48/1483	44/1487
DS3003	98,71	97,34	97,55	97,21	97,34	98,09	---	18/1467	18/1467	18/1466	20/1461	26/1467	26/1453	26/1467	24/1468	26/1468	24/1468
S3502	99,32	97,15	97,62	97,41	97,35	97,90	98,77	---	10/1472	9/1472	8/1462	32/1472	32/1453	32/1472	32/1473	23/1473	21/1473
S1802	99,80	97,24	97,89	97,55	97,03	97,64	98,77	99,32	---	4/1475	2/1461	38/1481	33/1457	39/1482	38/1481	30/1480	25/1481
S3807	100	97,36	97,89	97,55	97,15	97,83	98,77	99,39	99,73	---	1/1461	33/1474	32/1452	32/1475	34/1474	23/1475	27/1476
DS3002	99,86	97,67	97,74	97,40	97,26	98,15	98,63	99,45	99,86	99,93	---	34/1461	34/1453	34/1461	32/1462	25/1462	25/1462
S2901	97,63	97,66	98,64	98,17	96,28	96,79	98,23	97,83	97,43	97,76	97,67	---	0/1460	5/1505	13/1482	26/1481	25/1485
S2903	97,60	98,42	98,62	98,15	97,05	97,33	98,21	97,80	97,74	97,80	97,66	100	---	0/1460	8/1460	26/1460	21/1460
S2904	97,63	97,65	98,64	98,17	96,15	96,59	98,23	97,83	97,37	97,83	97,67	99,67	100	---	14/1483	26/1482	25/1486
S4605	97,69	98,04	98,91	98,44	96,70	96,77	98,37	97,83	97,43	97,69	97,81	99,12	99,45	99,06	---	25/1482	24/1482
S4803	98,31	97,57	98,17	97,96	96,22	96,76	98,23	98,44	97,97	98,44	98,29	98,24	98,22	98,25	98,31	---	11/1483
S3802	98,24	97,91	98,23	98,17	96,37	97,04	98,37	98,57	98,31	98,17	98,29	98,32	98,56	98,32	98,38	99,26	---
S2909	97,42	97,36	97,69	97,82	96,75	96,88	97,68	97,35	97,49	97,62	97,88	97,97	98,35	97,97	97,43	96,75	97,08
S2509	97,97	97,93	99,52	98,57	95,82	97,19	97,82	97,76	97,77	98,10	98,02	97,75	98,90	97,81	98,45	98,18	98,25
S2518	97,83	98,12	99,52	98,57	96,60	96,92	97,89	98,10	97,84	97,76	97,88	98,20	98,63	97,87	98,52	98,24	98,52
S4602	97,69	98,98	99,46	99,05	96,61	97,36	97,41	97,42	97,49	97,69	97,54	98,51	98,49	98,51	98,64	97,83	97,83
S2911	97,29	97,67	98,91	98,71	95,48	96,05	97,55	97,21	97,03	97,49	97,33	98,01	99,18	98,47	98,52	97,98	97,91
S4606	97,42	99,12	99,05	99,93	96,55	97,29	97,21	97,42	97,49	97,55	97,40	98,10	98,08	98,10	98,38	97,97	98,10
DS3010	97,29	99,39	98,98	99,12	96,42	97,50	97,48	97,21	97,30	97,42	97,47	98,24	98,42	98,17	98,24	97,63	97,90
S3815	98,24	97,91	98,23	98,17	96,37	97,04	98,37	98,57	98,31	98,17	98,29	98,32	98,56	98,32	98,38	99,26	100
S3806	97,63	98,93	99,32	99,46	95,88	96,92	97,34	97,28	97,24	97,43	97,67	97,60	98,29	97,34	98,18	97,77	97,85
DS3005	97,75	99,73	99,39	99,52	96,73	97,62	97,34	97,41	97,82	97,82	97,67	98,43	98,42	98,43	98,71	98,37	98,43
S2510	98,92	97,43	98,10	97,69	97,44	97,91	98,98	98,71	98,85	99,12	98,97	98,51	98,56	98,58	98,45	98,11	98,04
S1602	97,76	98,37	98,44	98,57	96,47	97,90	97,34	97,42	97,83	97,83	97,67	97,83	97,80	97,83	97,83	98,24	98,30
S2905	99,25	97,36	97,69	97,48	97,36	97,63	98,84	99,12	98,98	99,25	99,11	98,04	98,08	98,11	98,04	98,99	98,72
DS3001	98,84	98,71	98,98	98,57	96,94	97,89	97,96	98,37	98,91	98,91	98,77	98,91	98,90	98,91	99,05	98,77	98,84
DS3012	97,75	99,73	99,39	99,52	96,72	97,61	97,34	97,40	97,81	97,81	97,67	98,43	98,42	98,43	98,70	98,36	98,43
DS3186	97,93	97,10	97,79	96,90	97,38	98,07	98,20	98,07	98,07	98,13	98,00	98,14	98,14	98,14	98,00	97,38	97,52
S2516	97,63	97,92	98,44	98,57	95,34	97,39	97,34	97,35	97,44	97,49	97,67	97,14	97,81	96,80	97,44	97,70	97,91

Çizelge 4.6 (devam). *Micromonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

	S2909	S2509	S2518	S4602	S2911	S4606	DS3010	S3815	S3806	DS3005	S2510	S1602	S2905	DS3001	DS3012	DS3186	S2516
S3301	38/1472	30/1475	32/1475	34/1475	40/1474	38/1475	40/1474	26/1475	35/1475	33/1468	16/1475	33/1473	11/1472	17/1469	33/1465	30/1450	35/1475
S4401	39/1475	31/1500	28/1490	15/1476	35/1499	13/1475	9/1480	31/1485	16/1490	4/1468	38/1480	24/1474	39/1477	19/1469	4/1465	42/1450	31/1489
S4402	34/1469	7/1472	7/1472	8/1472	16/1471	14/1472	15/1471	26/1472	10/1472	9/1468	28/1472	23/1472	34/1471	15/1469	9/1465	32/1449	23/1472
S4404	32/1469	21/1471	21/1471	14/1471	19/1472	1/1473	13/1471	27/1473	8/1471	7/1468	34/1473	21/1469	37/1470	21/1469	7/1465	45/1452	21/1471
S1510	48/1476	63/1506	51/1500	50/1476	68/1505	51/1477	53/1480	54/1487	62/1504	48/1468	38/1482	52/1474	39/1479	45/1469	48/1465	38/1452	70/1503
S2508B	46/1476	42/1494	46/1494	39/1476	59/1495	40/1477	37/1480	44/1487	46/1494	35/1468	31/1482	31/1474	35/1479	31/1469	35/1465	28/1452	39/1493
DS3003	34/1465	32/1468	31/1468	38/1468	36/1467	41/1468	37/1468	24/1468	39/1468	39/1467	15/1468	39/1468	17/1467	30/1468	39/1464	26/1448	39/1468
S3502	39/1469	33/1473	28/1473	38/1473	41/1472	38/1472	41/1472	21/1473	40/1473	38/1467	19/1473	38/1473	13/1473	24/1468	38/1464	28/1448	39/1473
S1802	37/1474	33/1483	32/1483	37/1475	44/1482	37/1474	40/1479	25/1481	41/1483	32/1467	17/1479	32/1473	15/1476	16/1468	32/1464	28/1449	38/1483
S3807	35/1468	28/1476	33/1476	34/1472	37/1475	36/1471	38/1473	27/1476	38/1476	32/1466	13/1476	32/1472	11/1476	16/1467	32/1463	27/1447	37/1476
DS3002	31/1459	29/1462	31/1462	36/1462	39/1461	38/1462	37/1462	25/1462	34/1462	34/1462	15/1462	34/1462	13/1462	18/1462	34/1462	29/1448	34/1462
S2901	30/1476	34/1511	27/1498	22/1475	30/1510	28/1476	26/1478	25/1485	36/1502	23/1467	22/1480	32/1473	29/1477	16/1468	23/1464	27/1451	43/1501
S2903	24/1457	16/1458	20/1458	22/1456	12/1460	28/1458	23/1458	21/1460	25/1458	23/1454	21/1458	32/1454	28/1455	16/1454	23/1454	27/1451	32/1458
S2904	30/1476	33/1505	32/1499	22/1475	23/1503	28/1476	27/1479	25/1486	40/1503	23/1467	21/1481	32/1473	28/1478	16/1468	23/1464	27/1451	48/1502
S4605	38/1476	23/1482	22/1482	20/1476	22/1483	24/1477	26/1480	24/1482	27/1482	19/1468	23/1480	32/1474	29/1477	14/1469	19/1465	29/1452	38/1482
S4803	48/1475	27/1481	26/1481	32/1476	30/1482	30/1477	35/1479	11/1483	33/1481	24/1468	28/1481	26/1474	15/1478	18/1469	24/1465	38/1452	34/1481
S3802	43/1475	26/1485	22/1485	32/1476	31/1486	28/1477	31/1479	0/1487	32/1485	23/1468	29/1482	25/1474	19/1479	17/1469	23/1465	36/1452	31/1485
S2909	---	38/1475	43/1475	37/1472	20/1476	35/1473	38/1474	43/1475	38/1475	32/1465	29/1473	45/1470	32/1470	37/1466	29/1462	26/1449	46/1475
S2509	97,42	---	21/1500	13/1476	38/1512	22/1475	21/1480	26/1485	32/1504	14/1468	25/1480	25/1474	31/1477	11/1469	14/1465	28/1450	38/1503
S2518	97,08	98,60	---	17/1476	39/1499	22/1475	25/1480	22/1485	31/1500	16/1468	31/1480	27/1474	32/1477	16/1469	16/1465	29/1450	42/1499
S4602	97,49	99,12	98,85	---	18/1475	13/1475	16/1475	32/1476	12/1476	9/1468	34/1476	23/1474	37/1473	19/1469	9/1465	37/1450	26/1476
S2911	98,64	97,49	97,40	98,78	---	20/1476	23/1479	31/1486	31/1501	15/1467	31/1481	29/1473	34/1478	21/1468	15/1464	35/1451	42/1500
S4606	97,62	98,51	98,51	99,12	98,64	---	16/1474	28/1477	8/1475	7/1468	35/1477	21/1473	37/1474	21/1469	7/1465	45/1452	22/1475
DS3010	97,42	98,58	98,31	98,92	98,44	98,91	---	31/1479	11/1480	6/1468	34/1477	29/1473	35/1474	21/1469	6/1465	40/1450	31/1480
S3815	97,08	98,25	98,52	97,83	97,91	98,10	97,90	---	32/1485	23/1468	29/1482	25/1474	19/1479	17/1469	23/1465	36/1452	31/1485
S3806	97,42	97,87	97,93	99,19	97,93	99,46	99,26	97,85	---	0/1468	38/1480	24/1474	38/1477	16/1469	0/1465	39/1450	32/1503
DS3005	97,82	99,05	98,91	99,39	98,98	99,52	99,59	98,43	100	---	31/1468	22/1468	32/1467	16/1468	0/1465	39/1449	22/1468
S2510	98,03	98,31	97,91	97,70	97,91	97,63	97,70	98,04	97,43	97,89	---	33/1474	13/1479	18/1469	31/1465	20/1452	38/1480
S1602	96,94	98,30	98,17	98,44	98,03	98,57	98,03	98,30	98,37	98,50	97,76	---	33/1473	22/1469	22/1465	41/1449	1/1474
S2905	97,82	97,90	97,83	97,49	97,70	97,49	97,63	98,72	97,43	97,82	99,12	97,76	---	25/1468	32/1464	24/1450	38/1477
DS3001	97,48	99,25	98,91	98,71	98,57	98,57	98,57	98,84	98,91	98,91	98,77	98,50	98,30	---	16/1465	32/1449	22/1469
DS3012	98,02	99,04	98,91	99,39	98,98	99,52	99,59	98,43	100	100	97,88	98,50	97,81	98,91	---	39/1449	22/1465
DS3186	98,21	98,07	98,00	97,45	97,59	96,90	97,24	97,52	97,31	97,31	98,62	97,17	98,34	97,79	97,31	---	41/1450
S2516	96,88	97,47	97,20	98,24	97,20	98,51	97,91	97,91	97,87	98,50	97,43	99,93	97,43	98,50	98,50	97,17	---



Şekil 4.7. Sekansı yapılan *Micromonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.



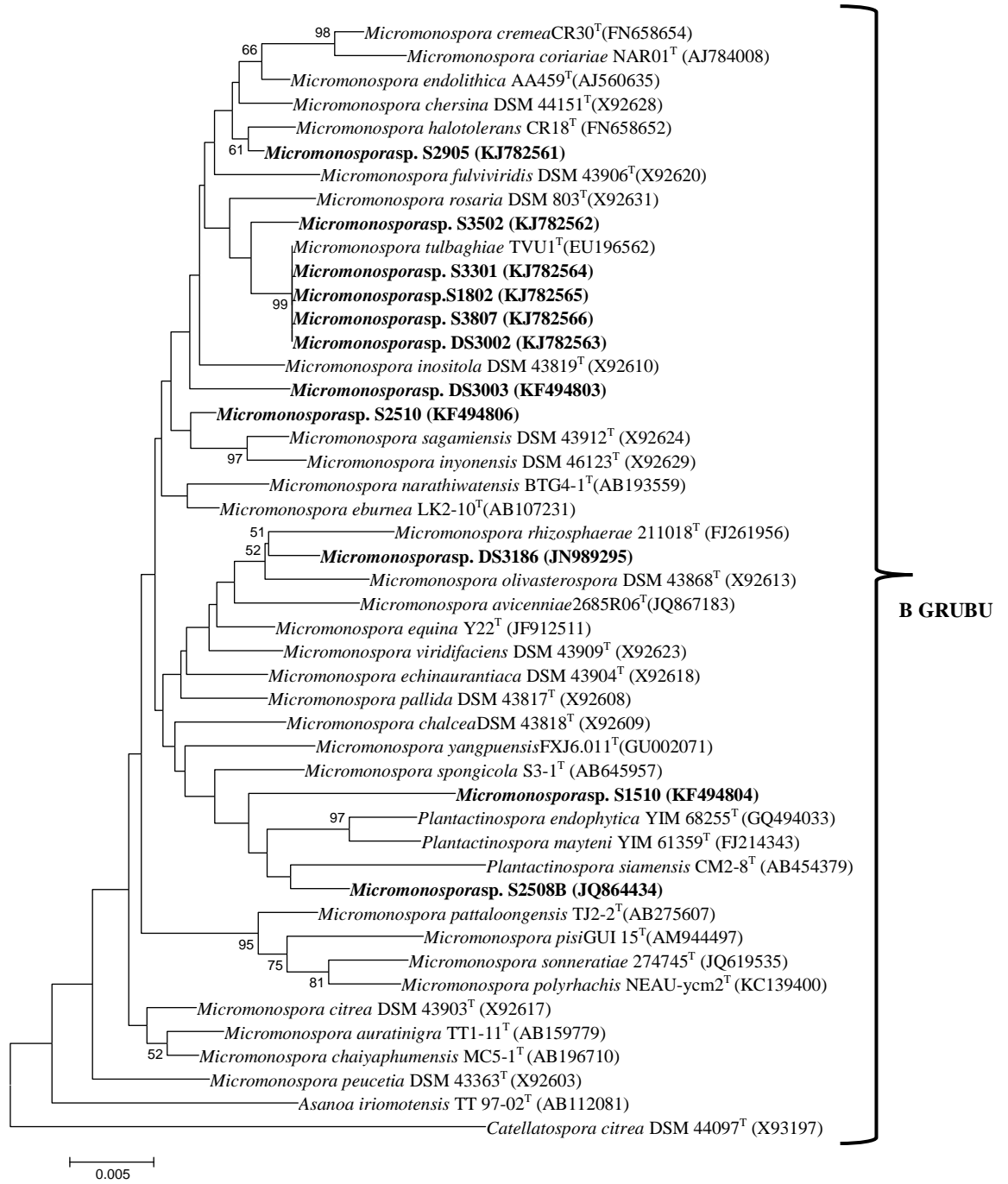
Şekil 4.8. Sekansı yapılan *Micromonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram (A grubu). Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

Çizelge 4.7. *Micromonosporacinsine* ait izolatların A grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
Micromonospora sp. DS3005 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,93	1/1455
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,52	7/1454
3	<i>Micromonospora zamorensis</i> CR38 ^T	FN658656	99,16	12/1429
Micromonospora sp. DS3012 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,93	1/1455
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,52	7/1454
3	<i>Micromonospora zamorensis</i> CR38 ^T	FN658656	99,16	12/1429
Micromonospora sp. S3806 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,59	6/1463
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,18	12/1462
3	<i>Micromonospora zamorensis</i> CR38 ^T	FN658656	98,82	17/1437
Micromonospora sp. S4401 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,52	7/1463
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	98,98	15/1469
3	<i>Micromonospora krabiensis</i> MA-2 ^T	AB196716	98,61	20/1436
Micromonospora sp. DS3010 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ783993	99,45	8/1460
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,38	9/1459
3	<i>Micromonospora jinlongensis</i> NEAU-GRX11 ^T	KC134254	98,77	18/1460
Micromonospora sp. S4404 izolatı				
1	<i>Micromonospora jinlongensis</i> NEAU-GRX11 ^T	KC134254	99,59	6/1457
2	<i>Micromonospora zamorensis</i> CR38 ^T	FN658656	99,58	6/1433
3	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,45	8/1457
Micromonospora sp. S4606 izolatı				
1	<i>Micromonospora jinlongensis</i> NEAU-GRX11 ^T	KC134254	99,52	7/1457
2	<i>Micromonospora zamorensis</i> CR38 ^T	FN658656	99,51	7/1433
3	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,38	9/1457
Micromonospora sp. S4602 izolatı				
1	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,59	6/1456
2	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,18	12/1457
3	<i>Micromonospora lupini</i> lupac 14N ^T	AJ783996	98,95	15/1431
Micromonospora sp. S4402 izolatı				
1	<i>Micromonospora lupini</i> lupac 14N ^T	AJ783996	99,65	5/1429
2	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,59	6/1454
3	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ78399	99,31	10/1455
Micromonospora sp. S2509 izolatı				
1	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	99,05	14/1469
2	<i>Micromonospora marina</i> JSM1-1 ^T	AB196712	99,03	14/1437
3	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ783993	98,97	15/1462
Micromonospora sp. S2518 izolatı				
1	<i>Micromonospora chokoriensis</i> 2-19/6 ^T	AB241454	98,91	16/1462
2	<i>Micromonospora lupini</i> lupac 14N ^T	AJ783996	98,89	16/1437
3	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	98,87	16/1417
Micromonospora sp. S4605 izolatı				
1	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	98,97	15/1462
2	<i>Micromonospora purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	98,84	17/1462
3	<i>Micromonospora aurantiaca</i> ATCC 27029 ^T	CP002162	98,84	17/1461
Micromonospora sp. S2901 izolatı				
1	<i>Micromonospora marina</i> JSM1-1 ^T	AB196712	98,61	20/1437
2	<i>Micromonospora krabiensis</i> MA-2 ^T	AB196716	98,61	20/1436
3	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	98,52	21/1417
Micromonospora sp. S2903 izolatı				
1	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	98,97	15/1459
2	<i>Micromonospora halophytica</i> DSM 43171 ^T	X92601	98,83	17/1459
3	<i>Micromonospora maritima</i> D10-9-5 ^T	HQ704071	98,83	17/1459
Micromonospora sp. S2904 izolatı				
1	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	98,97	15/1459
2	<i>Micromonospora halophytica</i> DSM 43171 ^T	X92601	98,83	17/1459
3	<i>Micromonospora maritima</i> D10-9-5 ^T	HQ704071	98,83	17/1459

Çizelge 4.7 (devam). *Micromonosporacinsine* ait izolatların A grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

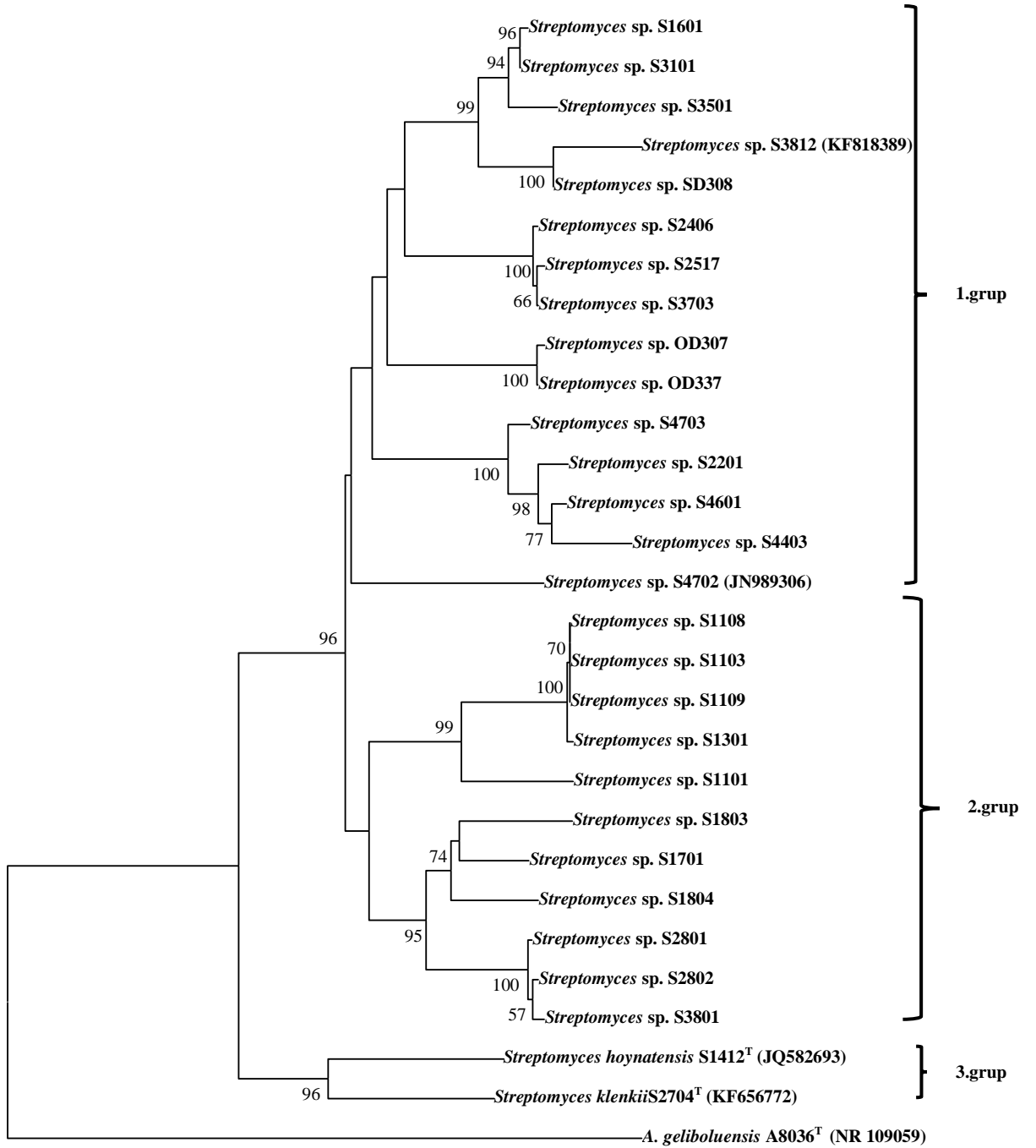
No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Micromonospora</i> sp. S3802 izolatı				
1	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	99,25	11/1460
2	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	99,15	12/1417
3	<i>Micromonospora purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	99,11	13/1460
<i>Micromonospora</i> sp. S3815 izolatı				
1	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	99,25	11/1460
2	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	99,15	12/1417
3	<i>Micromonospora purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	99,11	13/1460
<i>Micromonospora</i> sp. S4803 izolatı				
1	<i>Micromonospora siamensis</i> TT2-4 ^T	AB193565	99,15	12/1417
2	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	99,11	13/1460
3	<i>Micromonospora purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	98,97	15/1460
<i>Micromonospora</i> sp. S1602 izolatı				
1	<i>Micromonospora rifamycinica</i> AM105 ^T	AY561829	99,38	9/1454
2	<i>Micromonospora wenchangensis</i> 2602GPT1-05 ^T	JQ768361	99,24	11/1455
3	<i>Micromonospora matsumotoense</i> IMSNU 22003 ^T	AF152109	98,76	18/1455
<i>Micromonospora</i> sp. S2516 izolatı				
1	<i>Micromonospora rifamycinica</i> AM105 ^T	AY561829	99,25	11/1461
2	<i>Micromonospora wenchangensis</i> 2602GPT1-05 ^T	JQ768361	99,04	14/1462
3	<i>Micromonospora krabiensis</i> MA-2 ^T	AB196716	98,68	19/1436
<i>Micromonospora</i> sp. DS3001 izolatı				
1	<i>Micromonospora aurantiaca</i> ATCC 27029 ^T	CP002162	100	0/1455
2	<i>Micromonospora marina</i> JSM1-1 ^T	AB196712	99,65	5/1437
3	<i>Micromonospora maritima</i> D10-9-5 ^T	HQ704071	99,59	6/1455
<i>Micromonospora</i> sp. S2909 izolatı				
1	<i>Micromonospora coerulea</i> DSM 43143 ^T	X92598	99,18	12/1458
2	<i>Micromonospora kangleipakensis</i> MBRL 34 ^T	JN560152	98,94	15/1420
3	<i>Micromonospora chalyphumensis</i> MC5-1 ^T	AB196710	98,82	17/1436
<i>Micromonospora</i> sp. S2911 izolatı				
1	<i>Micromonospora saelicesensis</i> Lupac 09 ^T	AJ783993	98,84	17/1463
2	<i>Micromonospora purpureochromogenes</i> DSM 43821 ^T	X92611	98,64	20/1468
3	<i>Micromonospora coxensis</i> 2-30-b/28 ^T	AB241455	98,57	21/1471



Şekil 4.9. Sekansı yapılan *Micromonosporacinsine* ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendrogram (B grubu). Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

Çizelge 4.8. *Micromonospora* cinsine ait izolatların B grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Micromonospora</i> sp. DS3186 izolatu				
1	<i>Micromonospora olivasterospora</i> DSM 43868 ^T	X92613	98,97	15/1452
2	<i>Micromonospora equina</i> Y22 ^T	JF912511	98,84	16/1375
3	<i>Micromonospora rhizosphaerae</i> 211018 ^T	FJ261956	98,83	17/1452
<i>Micromonospora</i> sp. S1510 izolatu				
1	<i>Micromonospora equina</i> Y22 ^T	JF912511	98,25	24/1375
2	<i>Micromonospora spongicola</i> S3-1 ^T	AB645957	98,01	29/1455
3	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T	AB107231	97,86	31/1451
<i>Micromonospora</i> sp. S2508B izolatu				
1	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T	AB107231	98,83	17/1451
2	<i>Micromonospora spongicola</i> S3-1 ^T	AB645957	98,76	18/1455
3	<i>Plantactinospora mayteni</i> YIM 61359 ^T	FJ214343	98,46	22/1427
<i>Micromonospora</i> sp. S2510 izolatu				
1	<i>Micromonospora citrea</i> DSM 43903 ^T	X92617	99,45	8/1457
2	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T	AB107231	99,38	9/1451
3	<i>Micromonospora chalyphumensis</i> MC5-1 ^T	AB196710	99,30	10/1436
<i>Micromonospora</i> sp. DS3003 izolatu				
1	<i>Micromonospora eburnea</i> LK2-10 ^T	AB107231	99,03	14/1449
2	<i>Micromonospora narathiwatensis</i> BTG4-1 ^T	AB193559	98,97	15/1454
3	<i>Micromonospora inositola</i> DSM 43819 ^T	X92610	98,90	16/1453
<i>Micromonospora</i> sp. S3807 izolatu				
1	<i>Micromonospora tulbaghia</i> TVU1 ^T	EU196562	100	0/1381
2	<i>Micromonospora echinospora</i> ATCC 15837 ^T	U58532	99,43	8/1408
3	<i>Micromonospora endolithica</i> DSM 44398 ^T	AJ560635	99,24	11/1453
<i>Micromonospora</i> sp. DS3002 izolatu				
1	<i>Micromonospora tulbaghia</i> TVU1 ^T	EU196562	100	0/1381
2	<i>Micromonospora echinospora</i> ATCC 15837 ^T	U58532	99,43	8/1408
3	<i>Micromonospora endolithica</i> DSM 44398 ^T	AJ560635	99,11	13/1454
<i>Micromonospora</i> sp. S1802 izolatu				
1	<i>Micromonospora tulbaghia</i> TVU1 ^T	EU196562	100	0/1381
2	<i>Micromonospora echinospora</i> ATCC 15837 ^T	U58532	99,43	8/1408
3	<i>Micromonospora endolithica</i> DSM 44398 ^T	AJ560635	99,04	14/1460
<i>Micromonospora</i> sp. S3301 izolatu				
1	<i>Micromonospora tulbaghia</i> TVU1 ^T	EU196562	100	0/1381
2	<i>Micromonospora echinospora</i> ATCC 15837 ^T	U58532	99,43	8/1408
3	<i>Micromonospora endolithica</i> DSM 44398 ^T	AJ560635	99,04	14/1460
<i>Micromonospora</i> sp. S3502 izolatu				
1	<i>Micromonospora tulbaghia</i> TVU1 ^T	EU196562	99,42	8/1381
2	<i>Micromonospora echinospora</i> ATCC 15837 ^T	U58532	99,31	10/1454
3	<i>Micromonospora chersina</i> DSM 44151 ^T	X92628	99,17	12/1453
<i>Micromonospora</i> sp. S2905 izolatu				
1	<i>Micromonospora halotolerans</i> CR18 ^T	FN658652	99,65	5/1430
2	<i>Micromonospora endolithica</i> DSM 44398 ^T	AJ560635	99,52	7/1454
3	<i>Micromonospora chersina</i> DSM 44151 ^T	X92628	99,52	7/1453



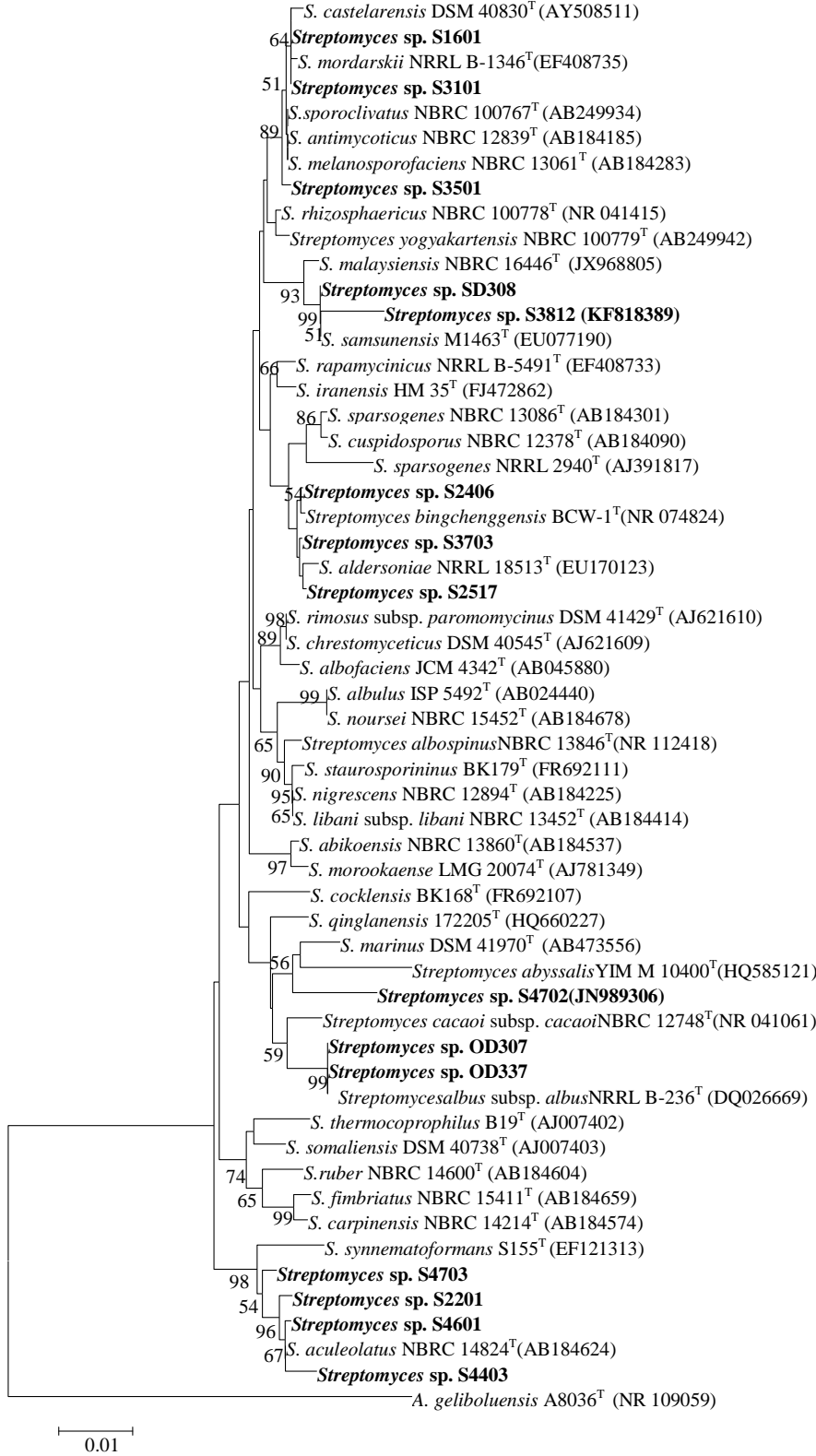
Şekil 4.10. Sekansı yapılan *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Çizelge 4.9. *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

	S1601	S2201	S4601	S4703	S1301	S1804	S1803	S4403	S2517	S1701	OD307	OD337	S3501	S3703	S2801
S1601	---	48/1478	39/1405	38/1475	68/1480	49/1480	60/1477	52/1290	42/1478	57/1478	46/1481	48/1464	11/1345	41/1479	48/1479
S2201	96,75	---	11/1411	17/1486	78/1490	54/1491	64/1483	21/1295	64/1489	61/1487	56/1485	52/1464	53/1350	63/1490	54/1481
S4601	97,22	99,22	---	11/1407	75/1414	46/1415	57/1403	17/1299	60/1411	55/1407	49/1406	46/1405	47/1352	56/1415	48/1405
S4703	97,42	98,86	99,22	---	66/1489	45/1489	57/1480	19/1289	46/1488	47/1484	53/1482	50/1461	43/1344	46/1489	42/1478
S1301	95,41	94,77	94,70	95,57	---	74/1498	63/1483	79/1299	74/1507	61/1488	71/1486	67/1465	71/1352	79/1508	55/1481
S1804	96,69	96,38	96,75	96,98	95,06	---	29/1486	53/1300	58/1495	29/1492	60/1486	57/1465	54/1353	56/1498	30/1483
S1803	95,94	95,68	95,94	96,15	95,75	98,05	---	65/1288	59/1482	27/1486	65/1484	62/1463	61/1343	59/1483	30/1481
S4403	95,97	98,38	98,69	98,53	93,92	95,92	94,95	---	66/1296	61/1292	57/1291	54/1290	101/1409	65/1307	57/1289
S2517	97,16	95,70	95,75	96,91	95,09	96,12	96,02	94,91	---	48/1486	46/1487	43/1466	43/1349	12/1512	58/1480
S1701	96,14	95,90	96,09	96,83	95,90	98,06	98,18	95,28	96,77	---	64/1484	61/1463	59/1347	48/1487	28/1481
OD307	96,89	96,23	96,51	96,42	95,22	95,96	95,62	95,58	96,91	95,69	---	2/1469	51/1346	45/1488	66/1483
OD337	96,72	96,45	96,73	96,58	95,43	96,11	95,76	95,81	97,07	95,83	99,86	---	48/1345	42/1467	63/1465
S3501	99,18	96,07	96,52	96,80	94,75	96,01	95,46	92,83	96,81	95,62	96,21	96,43	---	41/1360	50/1344
S3703	97,23	95,77	96,04	96,91	94,76	96,26	96,02	95,03	99,21	96,77	96,98	97,14	96,99	---	57/1481
S2801	96,75	96,35	96,58	97,16	96,29	97,98	97,97	95,58	96,08	98,11	95,55	95,70	96,28	96,15	---
S2802	96,89	96,03	96,23	96,83	95,90	97,65	97,78	95,20	95,76	97,78	95,76	95,56	95,91	95,83	99,80
S3801	96,89	96,08	96,30	96,89	96,15	97,84	97,70	95,26	95,94	97,84	95,75	95,56	96,13	96,01	99,73
S3812	97,02	95,28	95,74	95,40	93,82	94,69	94,65	94,89	95,09	94,26	95,20	95,40	97,10	95,09	95,05
S4702	95,71	95,72	95,81	96,53	96,20	95,87	95,51	95,05	96,67	96,47	96,67	96,79	95,32	96,74	95,92
S1412	94,19	94,69	94,97	95,16	94,56	93,68	93,99	94,21	93,75	93,87	94,35	94,54	94,08	93,75	94,07
S2704	95,07	94,63	94,83	94,90	94,69	94,26	93,80	93,67	93,84	93,83	94,76	94,96	94,60	93,71	94,67
SD308	98,58	96,54	96,79	96,94	95,53	96,48	96,06	95,72	96,81	95,66	96,75	96,84	98,06	96,74	96,47
S3101	99,80	96,64	96,97	97,38	94,43	96,40	95,95	95,27	96,05	96,17	96,63	96,79	98,61	96,45	96,82
S1109	95,54	94,83	95,24	96,03	99,53	95,84	95,95	94,20	95,84	96,24	95,29	95,43	95,11	95,77	96,42
S1108	95,61	94,83	95,25	96,03	98,74	95,72	95,95	94,22	95,22	96,24	95,49	95,63	95,19	95,22	96,42
S1103	95,50	94,88	95,22	95,90	99,66	95,71	95,90	94,18	95,84	96,18	95,37	95,42	95,09	95,77	96,32
S1101	95,33	95,29	95,67	95,97	97,34	95,24	96,02	94,43	95,14	96,03	95,16	95,43	94,96	95,07	96,62
S2406	97,16	95,84	95,88	96,84	95,44	96,31	96,22	95,21	99,60	96,97	96,91	97,07	96,89	99,73	96,22
<i>A.geliboluensis</i>	89,75	89,65	89,80	89,97	89,81	90,29	89,68	89,04	90,02	90,60	89,44	89,63	89,26	90,23	89,76

Çizelge 4.9 (devam). *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

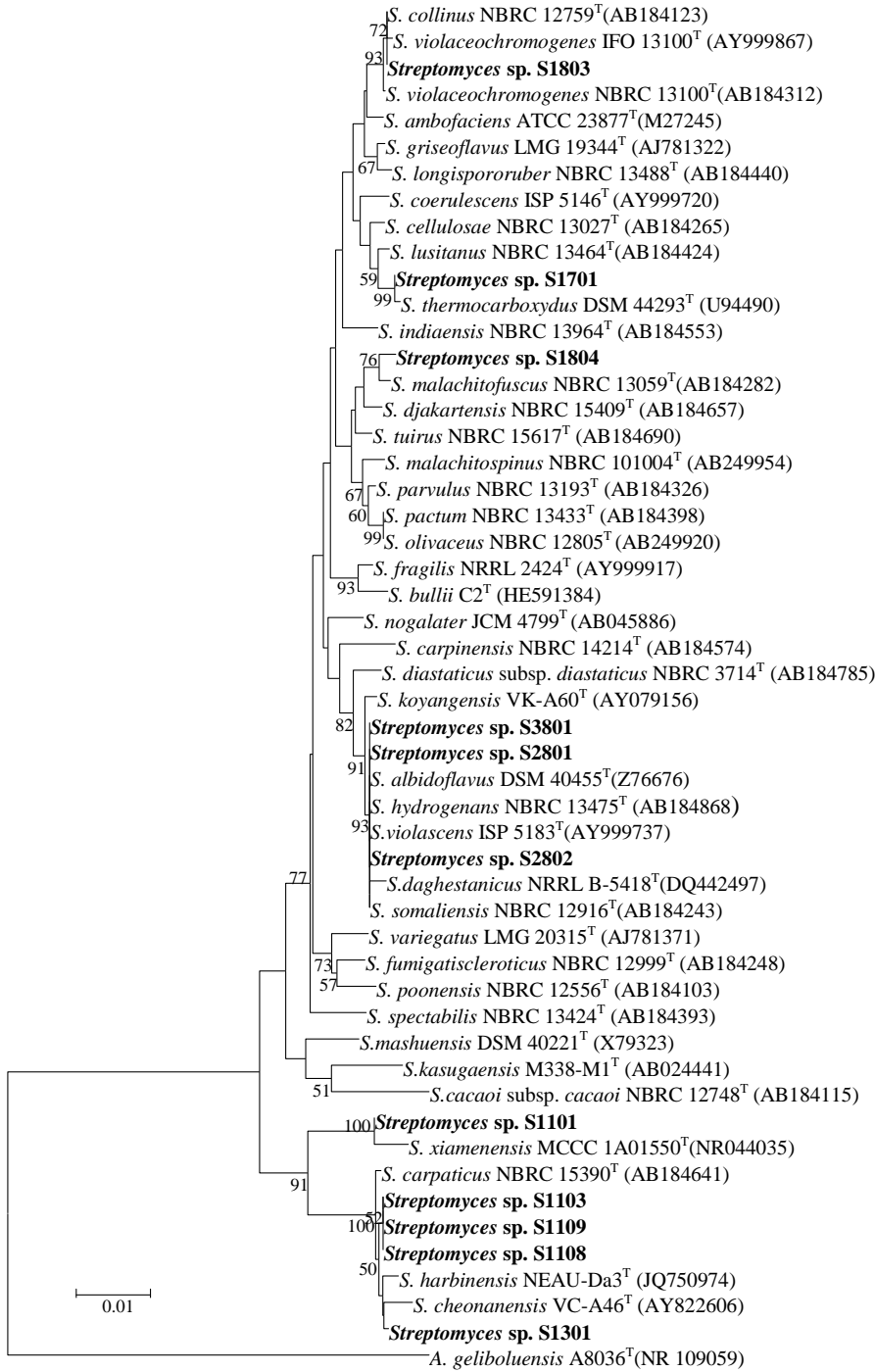
	S2802	S3801	S3812	S4702	S1412	S2704	SD308	S3101	S1109	S1108	S1103	S1101	S2406	<i>A.geliboluensis</i>
S1601	46/1479	46/1479	44/1475	63/1469	85/1463	73/1481	21/1475	3/1482	66/1480	65/1480	66/1466	69/1479	42/1478	149/1453
S2201	59/1486	58/1480	70/1482	63/1473	78/1470	80/1491	51/1473	50/1489	77/1489	77/1490	75/1465	70/1487	62/1489	151/1459
S4601	53/1407	52/1404	60/1407	59/1407	71/1411	73/1411	45/1400	43/1417	67/1409	67/1412	67/1403	61/1408	58/1409	143/1402
S4703	47/1483	46/1477	68/1479	51/1470	71/1467	76/1490	45/1470	39/1488	59/1486	59/1488	60/1462	60/1487	47/1485	146/1455
S1301	61/1486	57/1480	92/1488	56/1475	80/1471	80/1507	66/1475	84/1508	7/1493	19/1508	5/1469	40/1502	68/1492	149/1462
S1804	35/1488	32/1482	79/1489	61/1476	93/1472	86/1497	52/1476	54/1498	62/1491	64/1496	63/1467	71/1491	55/1491	142/1462
S1803	33/1484	34/1480	79/1476	66/1470	88/1464	92/1484	58/1472	60/1482	60/1483	60/1483	60/1464	59/1482	56/1482	150/1453
S4403	62/1291	61/1288	66/1292	64/1292	75/1296	82/1296	55/1285	62/1312	75/1294	75/1297	75/1288	72/1293	62/1294	141/1287
S2517	63/1485	60/1479	73/1486	49/1473	92/1471	93/1510	47/1473	60/1518	62/1490	72/1507	61/1466	73/1501	6/1495	146/1463
S1701	33/1486	32/1480	85/1481	52/1474	90/1468	92/1490	64/1474	57/1487	56/1488	56/1488	56/1465	59/1486	45/1486	137/1457
OD307	63/1486	63/1482	71/1478	49/1473	83/1468	78/1488	48/1475	50/1485	70/1486	67/1486	68/1468	72/1487	46/1487	154/1458
OD337	65/1465	65/1465	67/1457	47/1465	80/1466	74/1467	46/1457	47/1464	67/1465	64/1465	67/1464	67/1467	43/1466	151/1456
S3501	55/1346	52/1343	39/1345	63/1347	80/1351	73/1351	26/1340	19/1364	66/1349	65/1351	66/1343	68/1348	42/1349	144/1341
S3703	62/1486	59/1480	73/1487	48/1474	92/1472	95/1510	48/1474	54/1521	63/1490	72/1507	62/1466	74/1501	4/1495	143/1464
S2801	3/1483	4/1482	73/1474	60/1472	87/1466	79/1482	52/1474	47/1480	53/1481	53/1481	54/1466	50/1480	56/1480	149/1455
S2802	---	2/1482	78/1479	64/1474	92/1468	85/1487	54/1475	52/1485	58/1486	58/1486	55/1466	56/1485	61/1485	154/1457
S3801	99,87	---	75/1473	61/1471	89/1465	81/1481	53/1473	49/1479	55/1480	55/1480	55/1466	54/1479	58/1479	151/1454
S3812	94,73	94,91	---	86/1467	97/1463	98/1487	25/1477	49/1490	88/1483	93/1487	85/1459	90/1482	70/1483	178/1458
S4702	95,66	95,85	94,14	---	84/1468	76/1476	67/1465	63/1473	57/1475	56/1475	57/1468	60/1475	47/1473	146/1458
S1412	93,73	93,92	93,37	94,28	---	62/1474	82/1458	84/1470	76/1469	77/1471	76/1463	85/1469	93/1471	152/1463
S2704	94,28	94,53	93,41	94,85	95,79	---	71/1476	85/1509	79/1492	90/1508	76/1468	84/1502	85/1494	148/1465
SD308	96,34	96,40	98,31	95,43	94,38	95,19	---	22/1477	66/1475	68/1475	65/1459	66/1474	49/1473	157/1452
S3101	96,50	96,69	96,71	95,72	94,29	94,37	98,51	---	65/1490	76/1507	66/1466	75/1499	45/1490	150/1461
S1109	96,10	96,28	94,07	96,14	94,83	94,71	95,53	95,64	---	3/1493	3/1469	33/1491	64/1490	144/1459
S1108	96,10	96,28	93,75	96,20	94,77	94,03	95,39	94,96	99,80	---	6/1469	39/1501	65/1492	144/1462
S1103	96,25	96,25	94,17	96,12	94,81	94,82	95,54	95,50	99,80	99,59	---	30/1469	61/1466	146/1453
S1101	96,23	96,35	93,93	95,93	94,21	94,41	95,52	95,00	97,79	97,40	97,96	---	69/1490	154/1459
S2406	95,89	96,08	95,28	96,81	93,68	94,31	96,67	96,98	95,70	95,64	95,84	95,37	---	142/1462
<i>A.geliboluensis</i>	89,43	89,61	87,79	89,99	89,61	89,90	89,19	89,73	90,13	90,15	89,95	89,44	90,29	---



Şekil 4.11. Sekansı yapılan *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendrogram (1. grup). Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Çizelge 4.10. *Streptomyces* cinsine ait izolatların 1. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

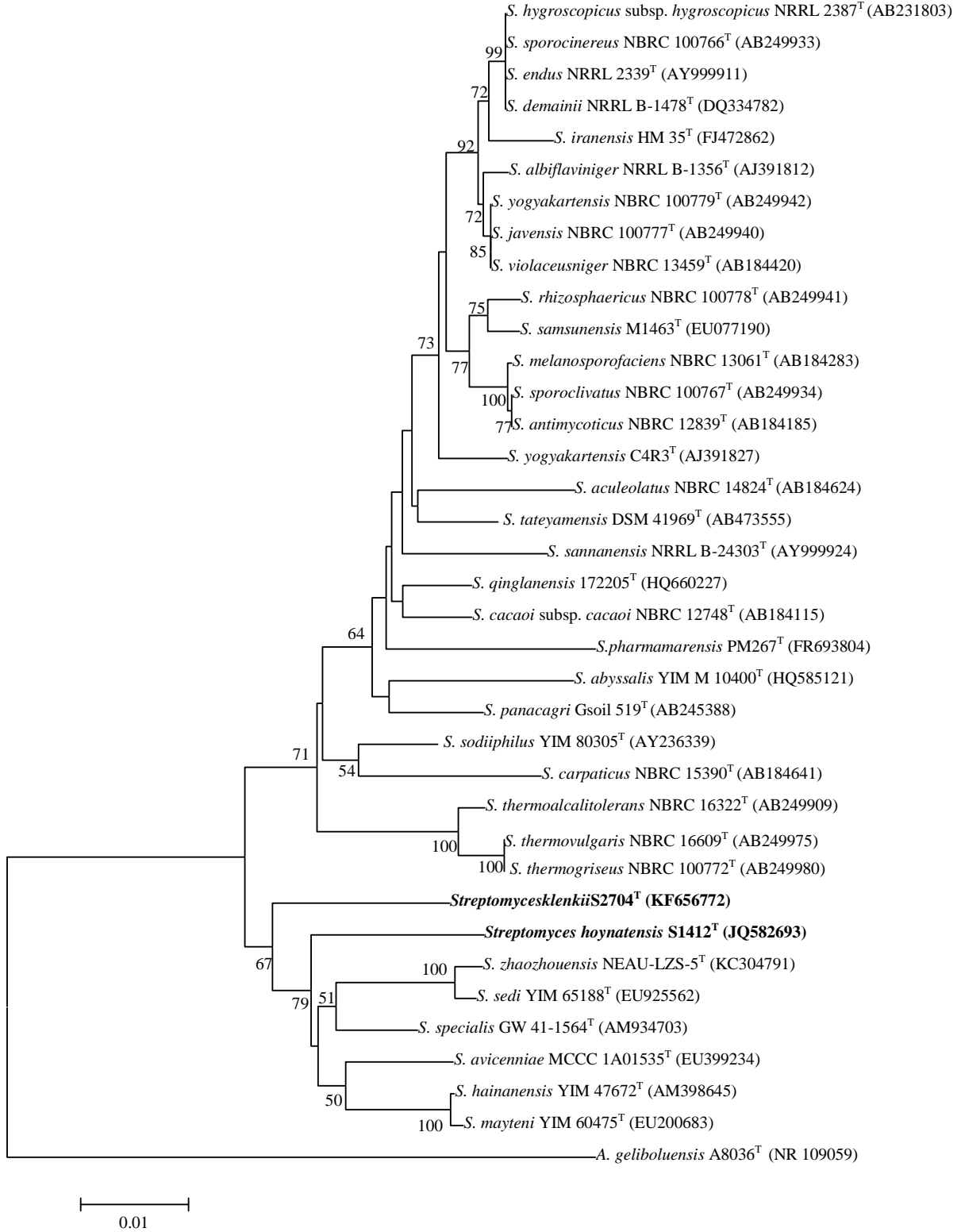
No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
S1601 izolatu				
1	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T	AB249934	99,80	3/1465
2	<i>Streptomyces antimycoticus</i> NBRC 12839 ^T	AB184185	99,79	3/1461
3	<i>Streptomyces castelarensis</i> DSM 40830 ^T	AY508511	99,79	3/1461
S3101 izolatu				
1	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T	AB249934	99,93	1/1465
2	<i>Streptomyces antimycoticus</i> NBRC 12839 ^T	AB184185	99,93	1/1461
3	<i>Streptomyces castelarensis</i> DSM 40830 ^T	AY508511	99,86	2/1461
S3501 izolatu				
1	<i>Streptomyces sporoclivatus</i> NBRC 100767 ^T	AB249934	99,85	2/1344
2	<i>Streptomyces antimycoticus</i> NBRC 12839 ^T	AB184185	99,85	2/1343
3	<i>Streptomyces melanosporofaciens</i> NBRC 13061 ^T	AB184283	99,78	3/1341
S3812 izolatu				
1	<i>Streptomyces samsunensis</i> M1463 ^T	EU077190	98,47	22/1441
2	<i>Streptomyces malaysiensis</i> NBRC 16446 ^T	AB249918	97,85	31/1444
3	<i>Streptomyces rhizosphaericus</i> NBRC 100778 ^T	AB249941	97,39	38/1458
SD308 izolatu				
1	<i>Streptomyces samsunensis</i> M1463 ^T	EU077190	100	0/1441
2	<i>Streptomyces malaysiensis</i> NBRC 16446 ^T	AB249918	99,38	9/1444
3	<i>Streptomyces rhizosphaericus</i> NBRC 100778 ^T	AB249941	98,90	16/1458
S2406 izolatu				
1	<i>Streptomyces bingchenggensis</i> BCW-1 ^T	CP002047	99,32	10/1474
2	<i>Streptomyces sparsogenes</i> NBRC 13086 ^T	AB184301	99,24	11/1452
3	<i>Streptomyces aldersoniae</i> NRRL 18513 ^T	EU170123	99,23	11/1436
S2517 izolatu				
1	<i>Streptomyces aldersoniae</i> NRRL 18513 ^T	EU17012	99,37	9/1436
2	<i>Streptomyces sparsogenes</i> NBRC 13086 ^T	AB184301	99,24	11/1452
3	<i>Streptomyces bingchenggensis</i> BCW-1 ^T	CP002047	99,19	12/1476
S3703 izolatu				
1	<i>Streptomyces aldersoniae</i> NRRL 18513 ^T	EU17012	99,30	10/1436
2	<i>Streptomyces sparsogenes</i> NBRC 13086 ^T	AB184301	99,17	12/1452
3	<i>Streptomyces cuspidosporus</i> NBRC 12378 ^T	AB184090	99,03	14/1440
OD307 izolatu				
1	<i>Streptomyces albus</i> NRRL B-2365 ^T	DQ026669	99,93	1/1471
2	<i>Streptomyces qinglanensis</i> 172205 ^T	HQ660227	98,23	26/1467
3	<i>Streptomyces sclerotialis</i> DSM 43032 ^T	AJ621608	98,02	29/1463
OD337 izolatu				
1	<i>Streptomyces albus</i> NRRL B-2365 ^T	DQ026669	99,93	1/1471
2	<i>Streptomyces qinglanensis</i> 172205 ^T	HQ660227	98,23	26/1467
3	<i>Streptomyces sclerotialis</i> DSM 43032 ^T	AJ621608	98,02	29/1463
S4703 izolatu				
1	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	AB184624	99,31	10/1448
2	<i>Streptomyces synnematoformans</i> S155 ^T	EF121313	98,99	14/1385
3	<i>Streptomyces morookaense</i> LMG 20074 ^T	AJ781349	98,08	28/1457
S2201 izolatu				
1	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	AB184624	99,52	7/1455
2	<i>Streptomyces albospinus</i> NBRC 13846 ^T	AB184527	97,22	40/1439
3	<i>Streptomyces yogyakartensis</i> NBRC 100779 ^T	AB249942	97,20	41/1464
S4601 izolatu				
1	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824 ^T	AB184624	99,79	3/1396
2	<i>Streptomyces synnematoformans</i> S155 ^T	EF121313	98,43	21/1340
3	<i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i> NBRC 12748 ^T	AB184115	97,86	30/1403
S4403 izolatu				
1	<i>Streptomyces aculeolatus</i> NBRC 14824	AB184624	99,45	7/1283
2	<i>Streptomyces synnematoformans</i> S155 ^T	EF121313	97,18	36/1275
3	<i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i> NBRC 12748 ^T	AB184115	96,98	39/1290
S4702 izolatu				
1	<i>Streptomyces qinglanensis</i> 172205 ^T	HQ660227	97,58	32/1470
2	<i>Streptomyces marinus</i> DSM 41970 ^T	AB47355	97,59	35/1451
3	<i>Streptomyces abyssalis</i> YIM M 10400 ^T	HQ585121	97,53	36/1460



Şekil 4.12. Sekansı yapılan *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram (2. grup). Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Çizelge 4.11. *Streptomyces* cinsine ait izolatların 2. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

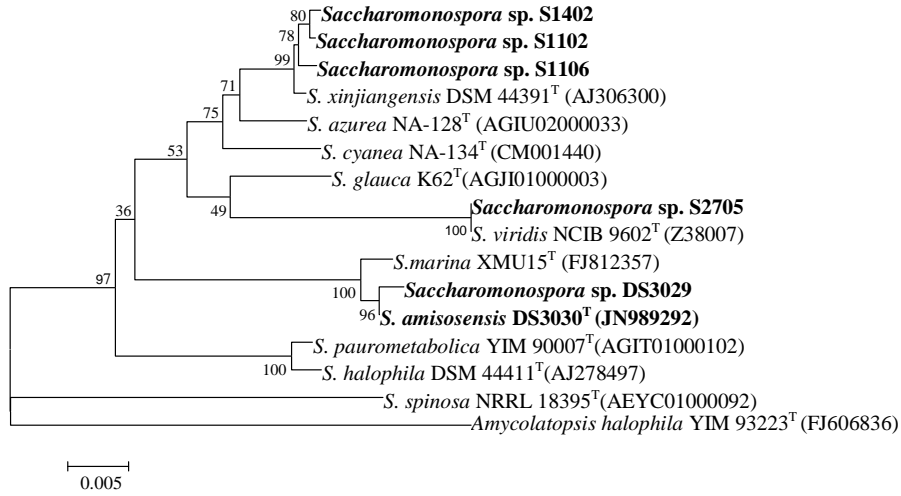
No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
S1108 izolatu				
1	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T	AB184641	99,79	3/1458
2	<i>Streptomyces cheonanensis</i> VC-A46 ^T	AY822606	99,25	11/1469
3	<i>Streptomyces harbinensis</i> NEAU-Da3 ^T	JQ750974	99,19	12/1475
S1103 izolatu				
1	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T	AB184641	99,79	3/1458
2	<i>Streptomyces harbinensis</i> NEAU-Da3 ^T	AY822606	98,98	15/1466
3	<i>Streptomyces cheonanensis</i> VC-A46 ^T	AY822606	98,84	17/1463
S1109 izolatu				
1	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T	AB184641	99,86	2/1458
2	<i>Streptomyces harbinensis</i> NEAU-Da3 ^T	AY822606	99,18	12/1472
3	<i>Streptomyces cheonanensis</i> VC-A46 ^T	AY822606	99,05	14/1469
S1301 izolatu				
1	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T	AB184641	99,79	3/1458
2	<i>Streptomyces cheonanensis</i> VC-A46 ^T	AY822606	99,05	14/1469
3	<i>Streptomyces harbinensis</i> NEAU-Da3 ^T	JQ750974	98,98	15/1477
S1101 izolatu				
1	<i>Streptomyces xiamenensis</i> MCCC 1A01550 ^T	EF012099	99,52	7/1472
2	<i>Streptomyces carpaticus</i> NBRC 15390 ^T	AB184641	98,08	28/1458
3	<i>Streptomyces harbinensis</i> NEAU-Da3 ^T	JQ750974	97,62	35/1471
S1803 izolatu				
1	<i>Streptomyces collinus</i> NBRC 12759 ^T	AB184123	99,93	1/1452
2	<i>Streptomyces violaceochromogenes</i> NBRC13100 ^T	AB184312	99,79	3/1454
3	<i>Streptomyces violaceochromogenes</i> IFO 13100 ^T	AY999867	99,57	6/1389
S1701 izolatu				
1	<i>Streptomyces thermocarboxydus</i> DSM 44293 ^T	U94490	99,93	1/1466
2	<i>Streptomyces lusitanus</i> NBRC 13464 ^T	AB184424	99,58	6/1443
3	<i>Streptomyces indiaensis</i> NBRC 13964 ^T	AB184553	99,32	10/1463
S1804 izolatu				
1	<i>Streptomyces djakartensis</i> NBRC 15409 ^T	AB184657	99,30	10/1435
2	<i>Streptomyces malachitofuscus</i> NBRC 13059 ^T	AB184282	99,25	11/1459
3	<i>Streptomyces tuius</i> NBRC 15617 ^T	AB184690	99,17	12/1454
S2801 izolatu				
1	<i>Streptomyces somaliensis</i> NBRC 12916 ^T	AB184243	100	0/1464
2	<i>Streptomyces violascens</i> ISP 5183 ^T	AY999737	100	0/1433
3	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T	Z76676	100	0/1460
S2802 izolatu				
1	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T	Z76676	100	0/1460
2	<i>Streptomyces violascens</i> ISP 5183 ^T	AY999737	100	0/1433
3	<i>Streptomyces somaliensis</i> NBRC 12916 ^T	AB184243	99,93	1/1464
S3801 izolatu				
1	<i>Streptomyces albidoflavus</i> DSM 40455 ^T	Z76676	100	0/1460
2	<i>Streptomyces violascens</i> ISP 5183 ^T	AY999737	99,93	1/1433
3	<i>Streptomyces somaliensis</i> NBRC 12916 ^T	AB184243	99,80	3/1464



Şekil 4.13. Sekansı yapılan *Streptomyces* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram (3. grup). Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

Çizelge 4.12. *Streptomyces* cinsine ait izolatların 3. grubunun 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

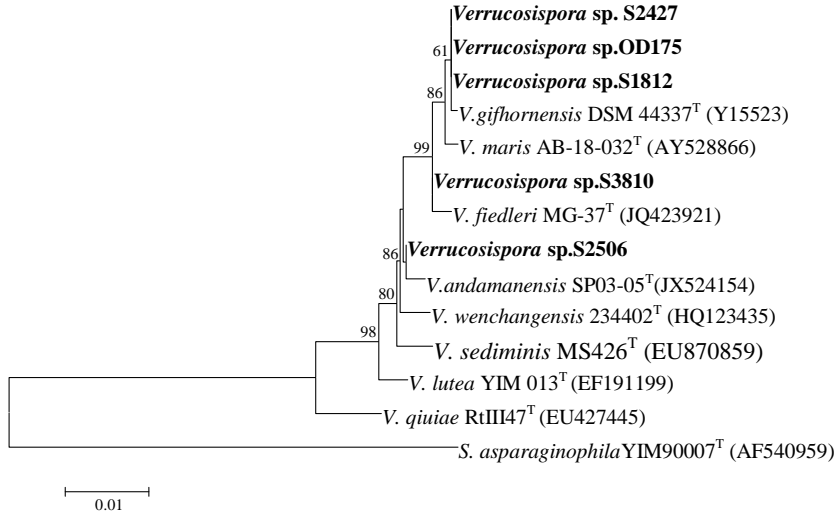
No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Streptomyces</i> sklenkii S2704^T (KF656772)				
1	<i>Streptomyces specialis</i> GW 41-1564 ^T	AM934703	97,08	43/1472
2	<i>Streptomyces hainanensis</i> YIM 47672 ^T	AM398645	96,50	51/1456
3	<i>Streptomyces avicenniae</i> MCCC 1A01535 ^T	EU399234	96,40	53/1474
4	<i>Streptomyces hygrosopicus</i> subsp. <i>hygrosopicus</i> NRRL 2387 ^T	AB231803	95,97	59/1465
5	<i>Streptomyces sporocinereus</i> NBRC 100766 ^T	AB249933	95,97	59/1465
6	<i>Streptomyces zhaozhouensis</i> NEAU-LZS-5 ^T	KC304791	95,87	61/1476
7	<i>Streptomyces sedi</i> YIM 65188 ^T	EU925562	95,86	59/1425
8	<i>Streptomyces endus</i> NRRL 2339 ^T	AY999911	95,86	61/1473
9	<i>Streptomyces qinglanensis</i> 172205 ^T	HQ660227	95,86	61/1473
10	<i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T	JQ582693	95,79	62/1474
11	<i>Streptomyces mayteni</i> YIM 60475 ^T	EU200683	95,79	58/1378
12	<i>Streptomyces cacaoi</i> subsp. <i>cacaoi</i> NBRC 12748 ^T	AB184115	95,77	62/1466
13	<i>Streptomyces yogyakartensis</i> NBRC 100779 ^T	AB249942	95,70	63/1465
14	<i>Streptomyces javensis</i> NBRC 100777 ^T	AB249940	95,70	63/1465
15	<i>Streptomyces violaceusniger</i> NBRC 13459 ^T	AB184420	95,69	63/1463



Şekil 4.14. Sekansı yapılan *Saccharomonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendrogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

Çizelge 4.13. *Saccharomonospora* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	S1402	---	21/1507	10/1506	54/1479	57/1488	50/1467	22/1472	40/1472	53/1470	27/1472	59/1471	83/1462	10/1472	56/1471	54/1472
2	S1106	98,61	---	15/1507	53/1479	59/1488	51/1467	27/1481	43/1481	57/1479	30/1481	63/1481	86/1471	13/1481	59/1480	59/1481
3	S1102	99,34	99,00	---	53/1479	56/1488	54/1466	19/1471	35/1471	49/1469	22/1471	55/1471	82/1461	5/1471	51/1470	51/1471
4	S2705	96,35	96,42	96,42	---	86/1481	78/1468	55/1468	45/1467	52/1464	53/1466	53/1466	91/1459	52/1466	0/1468	80/1468
5	DS3029	96,17	96,03	96,24	94,19	---	3/1477	57/1469	59/1468	67/1467	64/1467	65/1469	91/1464	45/1467	87/1489	9/1475
6	DS3030	96,38	96,32	96,32	94,41	99,80	---	57/1468	58/1467	64/1466	62/1466	64/1467	88/1463	46/1467	82/1467	6/1475
7	<i>S. azurea</i>	98,51	98,18	98,71	96,25	96,12	96,12	---	30/1482	47/1479	25/1481	49/1477	79/1473	21/1471	55/1468	61/1481
8	<i>S. glauca</i>	97,28	97,10	97,62	96,93	95,98	96,05	97,98	---	50/1479	30/1481	54/1477	92/1472	37/1471	46/1467	62/1480
9	<i>S. paurometabolica</i>	96,39	96,15	96,66	96,45	95,84	95,63	96,82	96,62	---	47/1479	6/1477	84/1471	54/1469	54/1464	69/1479
10	<i>S. cyanea</i>	98,17	97,97	98,50	96,38	95,64	95,77	98,31	97,97	96,82	---	49/1477	85/1471	21/1471	53/1466	63/1479
11	<i>S. halophila</i>	95,99	95,75	96,26	96,38	95,58	95,64	96,68	96,34	99,59	96,68	---	85/1470	54/1470	55/1466	69/1478
12	<i>S. spinosa</i>	94,32	94,15	94,39	93,76	93,78	93,98	94,64	93,75	94,29	94,22	94,22	---	77/1461	91/1459	91/1477
13	<i>S. xinjiangensis</i>	99,32	99,12	99,66	96,45	96,52	96,86	98,57	97,48	96,32	98,57	96,33	94,73	---	52/1485	50/1489
14	<i>S. viridis</i>	96,19	96,01	96,53	100	94,16	94,41	96,25	96,86	96,31	96,38	96,25	93,76	96,50	---	83/1489
15	<i>S. marina</i>	96,33	96,02	96,53	94,55	99,39	99,46	95,88	95,81	95,33	95,74	95,33	93,84	96,64	94,43	---

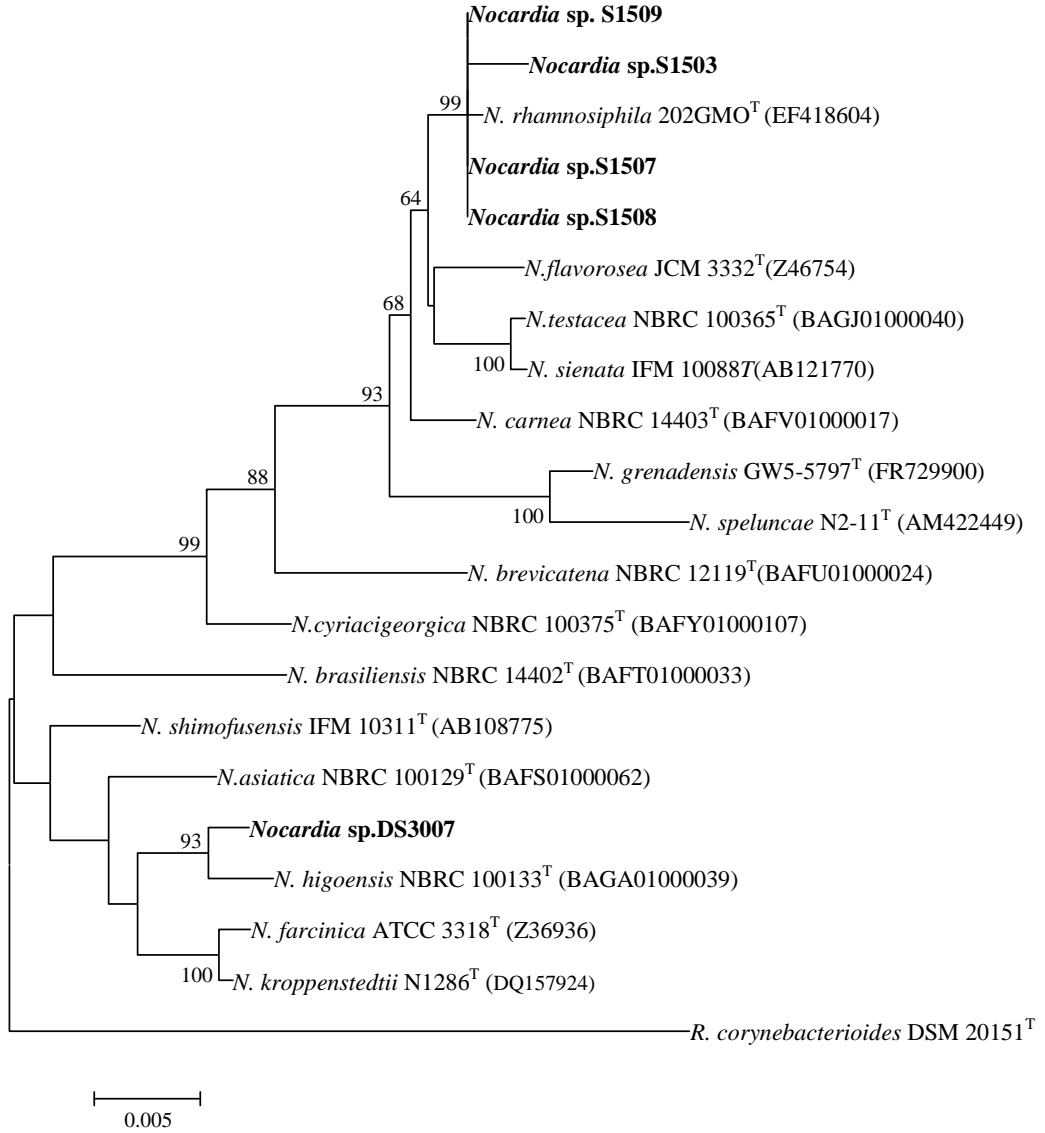


Şekil 4.15. Sekansı yapılan *Verrucosipora* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

16S rRNA gen dizi analizine göre S1812 izolatı, S2427 izolatına % 99,66 (5/1490) benzerlik göstermiş, OD175 izolatına % 99,93 (1/1467) benzerlik göstermiş, S3810 izolatına % 99,73 (4/1473) benzerlik göstermiş, S2506 izolatına % 99,06 (14/1482) benzerlik göstermiştir.

Çizelge 4.14. *Verrucosiporacinsine* ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Verrucosipora</i> sp. S1812				
1	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T	Y15523	99,79	3/1453
2	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T	JQ423921	99,50	7/1397
3	<i>Verrucosipora maris</i> AB-18-032 ^T	CP002638	99,39	9/1471
4	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T	JX52415	99,14	12/1401
5	<i>Verrucosipora wenchangensis</i> 234402 ^T	HQ123435	98,71	19/1471
<i>Verrucosipora</i> sp. S2427				
1	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T	Y15523	99,86	2/1453
2	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T	JQ423921	99,57	6/1397
3	<i>Verrucosipora maris</i> AB-18-032 ^T	CP002638	99,52	7/1467
4	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T	JX52415	99,21	11/1401
5	<i>Verrucosipora wenchangensis</i> 234402 ^T	HQ123435	98,84	17/1468
<i>Verrucosipora</i> sp. OD175				
1	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T	Y15523	99,86	2/1453
2	<i>Verrucosipora maris</i> AB-18-032 ^T	CP002638	99,79	3/1455
3	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T	JQ423921	99,57	6/1397
4	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T	JX52415	99,21	11/1398
5	<i>Verrucosipora wenchangensis</i> 234402 ^T	HQ123435	99,11	13/1456
<i>Verrucosipora</i> sp. S3810				
1	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T	JQ423921	99,79	3/1397
2	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T	Y15523	99,66	5/1453
3	<i>Verrucosipora maris</i> AB-18-032 ^T	CP002638	99,59	6/1455
4	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T	JX52415	99,43	8/1398
5	<i>Verrucosipora wenchangensis</i> 234402 ^T	HQ123435	99,31	10/1456
<i>Verrucosipora</i> sp. S2506				
1	<i>Verrucosipora andamanensis</i> SP03-05 ^T	JX52415	99,71	4/1401
2	<i>Verrucosipora wenchangensis</i> 234402 ^T	HQ123435	99,52	7/1460
3	<i>Verrucosipora fiedleri</i> MG-37 ^T	JQ423921	99,43	8/1397
4	<i>Verrucosipora gifhornensis</i> DSM 44337 ^T	Y15523	99,31	10/1453
5	<i>Verrucosipora sediminis</i> MS426 ^T	EU870859	99,31	10/1445



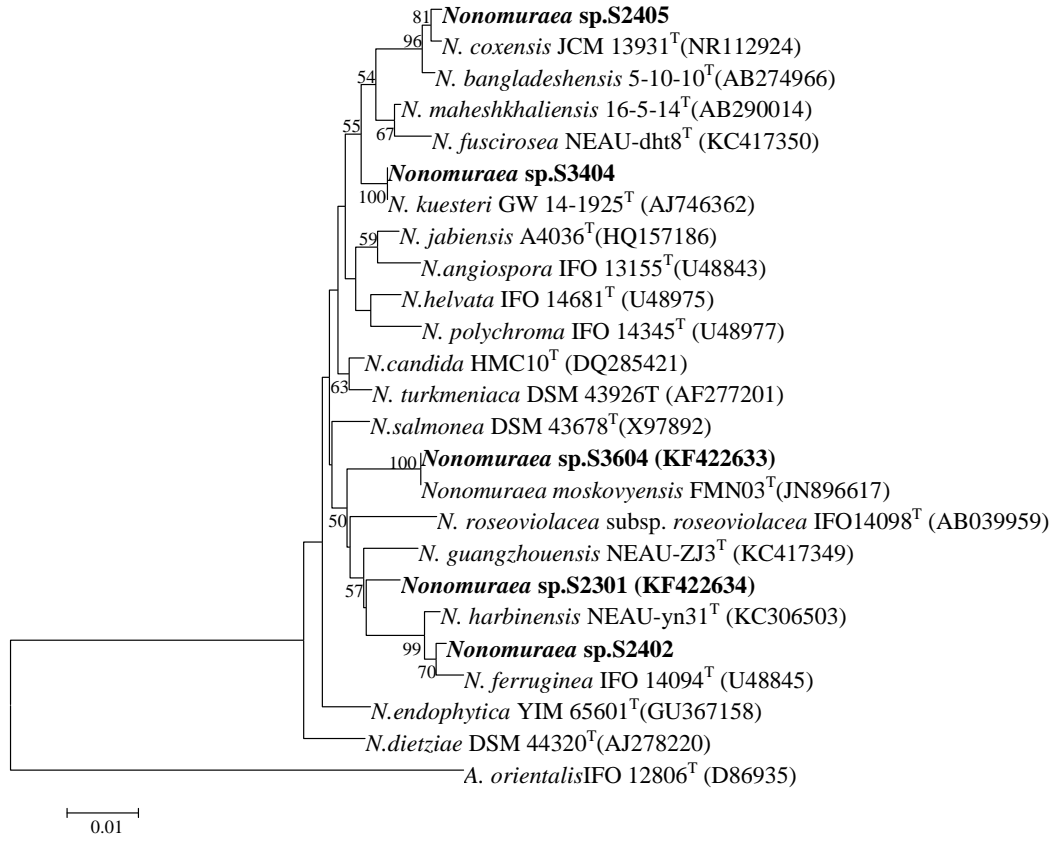
Şekil 4.16. Sekansı yapılan *Nocardiacinsine* ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

Çizelge 4.15. *Nocardia* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

	S1509	<i>N. rhamnosiphila</i>	<i>N. carnea</i>	<i>N. testacea</i>	<i>N. flavorosea</i>	<i>N. sienata</i>	<i>N. grenadensis</i>	<i>N. cyriacigeorgica</i>	<i>N. brevicatena</i>	<i>N. speluncae</i>
S1509	---	1/1454	8/1456	9/1456	9/1455	9/1415	18/1432	23/1456	25/1456	25/1407
<i>N. rhamnosiphila</i>	99,93	---	10/1464	11/1464	10/1453	10/1415	19/1432	25/1464	27/1464	26/1407
<i>N. carnea</i>	99,45	99,32	---	12/1475	12/1455	12/1415	20/1432	23/1475	26/1475	24/1407
<i>N. testacea</i>	99,38	99,25	99,19	---	12/1455	2/1415	21/1432	25/1475	30/1475	30/1407
<i>N. flavorosea</i>	99,38	99,31	99,18	99,18	---	12/1415	23/1432	24/1455	26/1455	28/1407
<i>N. sienata</i>	99,36	99,29	99,15	99,86	99,15	---	23/1412	25/1415	30/1415	30/1407
<i>N. grenadensis</i>	98,74	98,67	98,60	98,53	98,39	98,37	---	35/1432	36/1432	12/1407
<i>N. cyriacigeorgica</i>	98,42	98,29	98,44	98,31	98,35	98,23	97,56	---	23/1477	40/1407
<i>N. brevicatena</i>	98,28	98,16	98,24	97,97	98,21	97,88	97,49	98,44	---	41/1407
<i>N. speluncae</i>	98,22	98,15	98,29	97,87	98,01	97,87	99,15	97,16	97,09	---
DS3007	96,70	96,51	96,73	96,46	96,43	96,47	96,79	97,28	96,60	96,23
<i>N. higoensis</i>	96,63	96,52	96,81	96,54	96,36	96,40	96,72	97,36	96,68	96,16
<i>N. shimofusensis</i>	97,39	97,27	97,56	97,29	97,11	97,17	97,49	98,10	97,43	96,94
<i>N. asiatica</i>	96,84	96,72	97,29	96,75	96,84	96,61	96,93	97,97	97,43	96,45
<i>N. farcinica</i>	96,77	96,70	96,63	96,63	96,70	96,54	96,58	98,08	96,77	96,16
<i>N. kroppenstedtii</i>	96,84	96,72	96,75	96,75	96,91	96,61	96,65	98,17	96,89	96,23
<i>N. brasiliensis</i>	97,05	96,93	97,02	96,75	96,70	96,68	96,79	98,04	96,89	96,45
S1507	100	99,59	99,11	99,04	99,38	99,36	98,74	98,09	97,95	98,22
S1508	100	99,73	99,25	99,18	99,38	99,36	98,74	98,23	98,09	98,22
S1503	99,73	99,45	98,98	98,91	99,11	99,08	98,46	97,95	97,81	97,94

Çizelge 4.15 (devam). *Nocardia* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

	DS3007	<i>N. higoensis</i>	<i>N. shimofusensis</i>	<i>N. asiatica</i>	<i>N. farcinica</i>	<i>N. kroppenstedtii</i>	<i>N. brasiliensis</i>	S1507	S1508	S1503
S1509	48/1456	49/1456	38/1456	46/1456	47/1455	46/1456	43/1456	0/1456	0/1456	4/1456
<i>N. rhamnosiphila</i>	51/1461	51/1464	40/1464	48/1464	48/1453	48/1464	45/1464	6/1463	4/1463	8/1462
<i>N. carnea</i>	48/1468	47/1475	36/1475	40/1475	49/1455	48/1475	44/1475	13/1465	11/1465	15/1464
<i>N. testacea</i>	52/1468	51/1475	40/1475	48/1475	49/1455	48/1475	48/1475	14/1465	12/1465	16/1464
<i>N. flavorosea</i>	52/1455	53/1455	42/1455	46/1455	48/1455	45/1455	48/1455	9/1455	9/1455	13/1455
<i>N. sienata</i>	50/1415	51/1415	40/1415	48/1415	49/1415	48/1415	47/1415	9/1415	9/1415	13/1415
<i>N. grenadensis</i>	46/1432	47/1432	36/1432	44/1432	49/1432	48/1432	46/1432	18/1432	18/1432	22/1432
<i>N. cyriacigeorgica</i>	40/1470	39/1477	28/1477	30/1477	28/1457	27/1477	29/1477	28/1465	26/1465	30/1464
<i>N. brevicatena</i>	50/1470	49/1477	38/1477	38/1477	47/1457	46/1477	46/1477	30/1465	28/1465	32/1464
<i>N. speluncae</i>	53/1407	54/1407	43/1407	50/1407	54/1407	53/1407	50/1407	25/1407	25/1407	29/1407
DS3007	---	9/1470	12/1470	14/1470	14/1457	15/1470	28/1470	51/1462	50/1462	53/1461
<i>N. higoensis</i>	99,39	---	11/1477	19/1477	17/1457	16/1477	33/1477	54/1465	52/1465	56/1464
<i>N. shimofusensis</i>	99,18	99,26	---	22/1477	18/1457	17/1477	36/1477	43/1465	41/1465	45/1464
<i>N. asiatica</i>	99,05	98,71	98,51	---	18/1457	17/1477	22/1477	51/1465	49/1465	53/1464
<i>N. farcinica</i>	99,04	98,83	98,76	98,76	---	3/1457	29/1457	47/1455	47/1455	51/1455
<i>N. kroppenstedtii</i>	98,98	98,92	98,85	98,85	99,79	---	28/1477	51/1465	49/1465	53/1464
<i>N. brasiliensis</i>	98,10	97,77	97,56	98,51	98,01	98,10	---	48/1465	46/1465	50/1464
S1507	96,51	96,31	97,06	96,52	96,77	96,52	96,72	---	2/1465	8/1464
S1508	96,58	96,45	97,20	96,66	96,77	96,66	96,86	99,86	---	6/1464
S1503	96,37	96,17	96,93	96,38	96,49	96,38	96,58	99,45	99,59	---

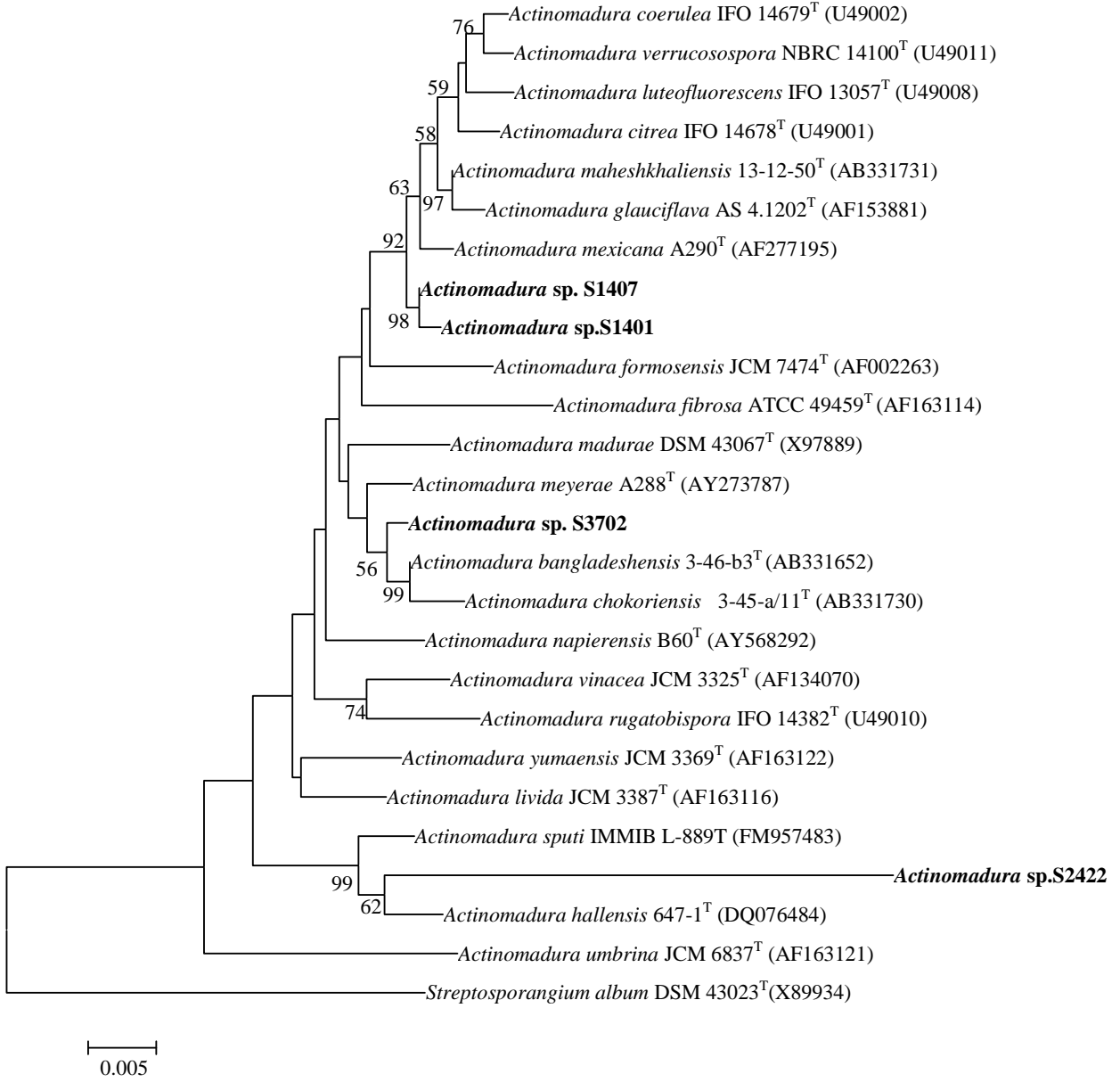


Şekil 4.17. Sekansı yapılan *Nonomuraea* cinsine ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.01'dir.

16S rRNA gen dizi analizine göre S2402 izolatı, S3404 izolatına % 96,17 (56/1464) benzerlik göstermiş, S2301 izolatına % 97,27 (40/1466) benzerlik göstermiş, S3604 izolatına % 96,17 (56/1464) benzerlik göstermiş, S2405 izolatına % 96,24 (55/1463) benzerlik göstermiştir.

Çizelge 4.16. *Nonomuraea* acinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Nonomuraea</i> sp. S2402				
1	<i>Nonomuraea harbinensis</i> NEAU-yn31 ^T	KC306503	99,66	5/1467
2	<i>Nonomuraea ferruginea</i> IFO 14094 ^T	U48845	99,43	8/1414
3	<i>Nonomuraea guangzhouensis</i> NEAU-ZJ3 ^T	KC417349	97,81	32/1464
4	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	97,79	32/1448
5	<i>Nonomuraea candida</i> HMC10 ^T	DQ285421	97,79	31/1402
<i>Nonomuraea</i> sp. S2301				
1	<i>Nonomuraea candida</i> HMC10 ^T	DQ285421	98,57	20/1401
2	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,41	23/1449
3	<i>Nonomuraea turkmeniaca</i> DSM 43926 ^T	AF277201	98,39	23/1432
4	<i>Nonomuraea guangzhouensis</i> NEAU-ZJ3 ^T	KC417349	98,36	24/1463
5	<i>Nonomuraea harbinensis</i> NEAU-yn31 ^T	KC306503	98,16	27/1466
<i>Nonomuraea</i> sp. S3604				
1	<i>Nonomuraea moskovyensis</i> FMN03 ^T	JN896617	100	0/1468
2	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,07	28/1449
3	<i>Nonomuraea maheshkhaliensis</i> 16-5-14 ^T	AB29001	97,79	32/1449
4	<i>Nonomuraea kuesteri</i> GW 14-1925 ^T	AJ746362	97,75	33/1466
5	<i>Nonomuraea endophytica</i> YIM 65601 ^T	GU367158	97,68	34/1466
<i>Nonomuraea</i> sp. S2405				
1	<i>Nonomuraea coxensis</i> DSM 45129 ^T	AB50522	99,58	6/1434
2	<i>Nonomuraea bangladeshensis</i> 5-10-10 ^T	AB27496	99,45	8/1465
3	<i>Nonomuraea wenchangensis</i> 210417 ^T	FJ26195	99,18	12/1470
4	<i>Nonomuraea fusciosea</i> NEAU-dht8 ^T	KC41735	98,30	25/1467
5	<i>Nonomuraea maheshkhaliensis</i> 16-5-14 ^T	AB290014	98,21	26/1450
<i>Nonomuraea</i> sp. S3404				
1	<i>Nonomuraea kuesteri</i> GW 14-1925 ^T	AJ74636	100	0/1468
2	<i>Nonomuraea maheshkhaliensis</i> 16-5-14 ^T	AB290014	99,45	8/1451
3	<i>Nonomuraea salmonea</i> DSM 43678 ^T	X97892	98,76	18/1449
4	<i>Nonomuraea candida</i> HMC10 ^T	DQ285421	98,72	18/1406
5	<i>Nonomuraea turkmeniaca</i> DSM 43926 ^T	AF277201	98,67	19/1430

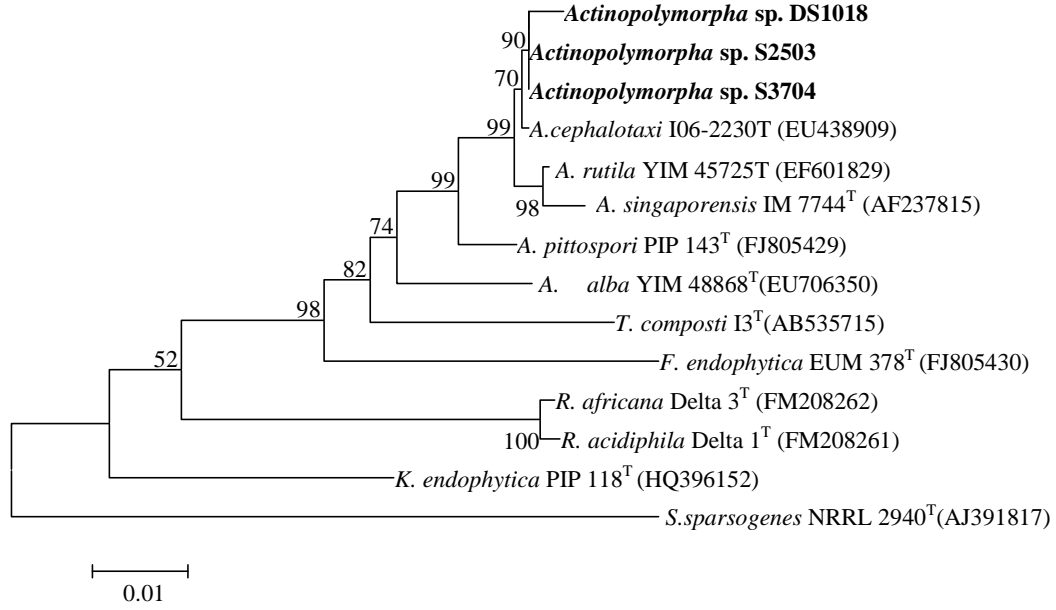


Şekil 4.18. Sekansı yapılan *Actinomaduracinsine* ait izolatların 16S rRNA gen dizi analizine dayalı filogenetik ilişkilerini gösteren dendogram. Neighbor-joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi. Nükleotit pozisyon değişimi 0.005'dir.

16S rRNA gen dizi analizine göre S1407 izolatı, S1401 izolatına % 99,49 (7/1367) benzerlik göstermiş, S3702 izolatına % 98,29 (25/1461) benzerlik göstermiş, S2422 izolatına % 93,09 (101/1462) benzerlik göstermiştir.

Çizelge 4.17. *Actinomaduracinsine* ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotitsayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Actinomadura sp.S1401</i>				
1	<i>Actinomadura mexicana</i> A290 ^T	AF277195	99,48	7/1341
2	<i>Actinomadura maheshkhaliensis</i> 13-12-50 ^T	AB331731	99,20	11/1375
3	<i>Actinomadura glauciflava</i> AS 4.1202 ^T	AF153881	99,10	12/1338
4	<i>Actinomadura coerulea</i> IFO 14679 ^T	U49002	99,02	13/1325
5	<i>Actinomadura citrea</i> IFO 14678 ^T	U49001	98,87	15/1326
<i>Actinomadura sp.S1407</i>				
1	<i>Actinomadura mexicana</i> A290 ^T	AF277195	99,44	8/1421
2	<i>Actinomadura maheshkhaliensis</i> 13-12-50 ^T	AB331731	99,38	9/1461
3	<i>Actinomadura coerulea</i> IFO 14679 ^T	U49002	99,22	11/1409
4	<i>Actinomadura glauciflava</i> AS 4.1202 ^T	AF153881	99,08	13/1420
5	<i>Actinomadura citrea</i> IFO 14678 ^T	U49001	99,08	13/1409
<i>Actinomadura sp.S3702</i>				
1	<i>Actinomadura meyeræ</i> A288 ^T	AY273787	99,58	6/1437
2	<i>Actinomadura bangladeshensis</i> 3-46-b3 ^T	AB33165	99,45	8/1455
3	<i>Actinomadura geliboluensis</i> A8036 ^T	HQ157187	98,77	18/1462
4	<i>Actinomadura chokoriensis</i> 3-45-a/11 ^T	AB331730	98,69	19/1452
5	<i>Actinomadura maduræ</i> DSM 43067 ^T	X97889	98,62	20/1445
<i>Actinomadura sp.S2422</i>				
1	<i>Actinomadura sputi</i> IMMIB L-889 ^T	FM957483	95,70	63/1464
2	<i>Actinomadura hallensis</i> H647-1 ^T	DQ076484	95,13	72/1478
3	<i>Actinomadura bangladeshensis</i> 3-46-b3 ^T	AB331652	94,49	80/1452
4	<i>Actinomadura livida</i> JCM 3387 ^T	AF163116	94,48	80/1449
5	<i>Actinomadura napierensis</i> B60 ^T	AY568292	94,35	76/1344

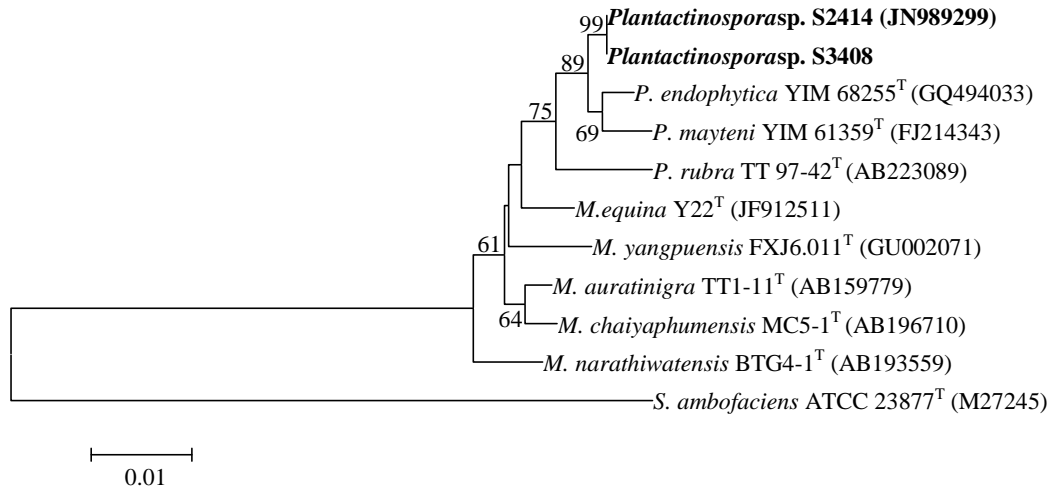


Şekil 4.19. *Actinopolymorpha* cinsine ait izolatların filogenetik dendogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

Çizelge 4.18. *Actinopolymorpha* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Actinopolymorpha</i> sp. S2503				
1	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T	EU438909	99,51	7/1441
2	<i>Actinopolymorpha rutila</i> YIM 45725 ^T	EF601829	99,09	13/1429
3	<i>Actinopolymorpha singaporensis</i> IM7744 ^T	AF237815	98,75	18/1441
4	<i>Actinopolymorpha pittospori</i> PIP 143 ^T	FJ805429	98,37	23/1407
5	<i>Actinopolymorpha alba</i> YIM 48868(T)	EU706350	96,83	45/1420
<i>Actinopolymorpha</i> sp. S3704				
1	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T	EU438909	99,86	2/1441
2	<i>Actinopolymorpha rutila</i> YIM 45725 ^T	EF601829	99,44	8/1429
3	<i>Actinopolymorpha singaporensis</i> IM7744 ^T	AF237815	99,10	13/1441
4	<i>Actinopolymorpha pittospori</i> PIP 143 ^T	FJ805429	98,65	19/1407
5	<i>Actinopolymorpha alba</i> YIM 48868(T)	EU706350	97,11	41/1420
<i>Actinopolymorpha</i> sp. DS1018				
1	<i>Actinopolymorpha cephalotaxi</i> I06-2230 ^T	EU438909	99,51	7/1441
2	<i>Actinopolymorpha rutila</i> YIM 45725 ^T	EF601829	99,09	13/1429
3	<i>Actinopolymorpha singaporensis</i> IM7744 ^T	AF237815	98,75	18/1441
4	<i>Actinopolymorpha pittospori</i> PIP 143 ^T	FJ805429	98,37	23/1407
5	<i>Actinopolymorpha alba</i> YIM 48868(T)	EU706350	96,83	45/1420

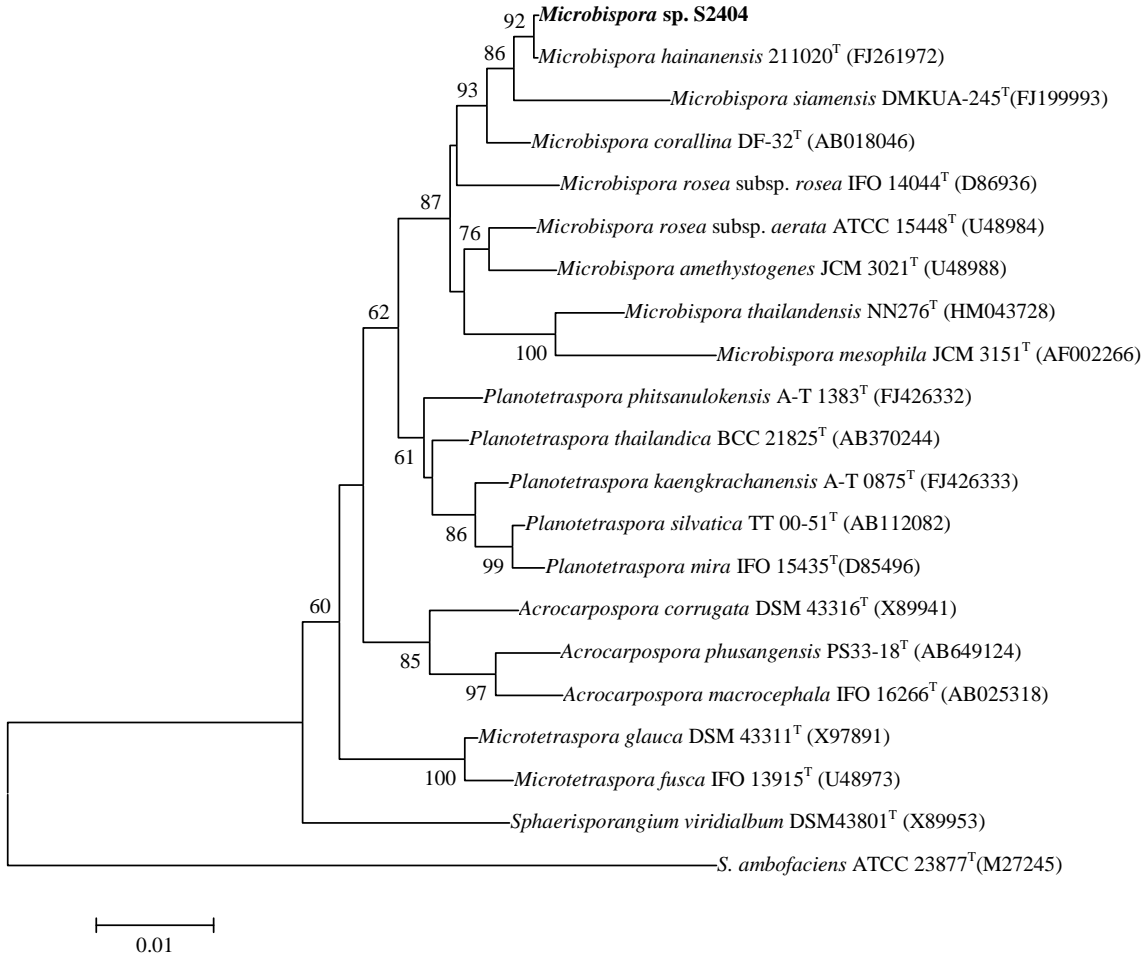
değerleri ve nükleotit sayısı



Şekil 4.20. *Plantactinospora* cinsine ait izolatların filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

Çizelge 4.19. *Plantactinosporacinsine* ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Plantactinospora</i> sp.S2414 (JN989299)				
1	<i>Plantactinospora endophytica</i> YIM 68255 ^T	GQ494033	99,51	7/1431
2	<i>Plantactinospora mayteni</i> YIM 61359 ^T	FJ214343	99,02	14/1425
3	<i>Polymorphospora rubra</i> TT 97-42 ^T	AB223089	98,60	20/1431
4	<i>Micromonospora auratinigra</i> TT1-11 ^T	AB159779	98,53	21/1439
5	<i>Micromonospora equina</i> Y22 ^T	JF912511	98,47	21/1454
<i>Plantactinospora</i> sp.S3408				
1	<i>Plantactinospora endophytica</i> YIM 68255 ^T	GQ494033	99,52	7/1456
2	<i>Plantactinospora mayteni</i> YIM 61359 ^T	FJ214343	98,95	15/1426
3	<i>Polymorphospora rubra</i> TT 97-42 ^T	AB223089	98,62	20/1454
4	<i>Micromonospora auratinigra</i> TT1-11 ^T	AB159779	98,56	21/1454
5	<i>Micromonospora equina</i> Y22 ^T	JF912511	98,56	21/1454



Şekil 4.21. *Microbispora* cinsine ait izolatların filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

Çizelge 4.20. *Microbispora* cinsine ait izolatların 16S rRNA sekansına bağlı benzerlik değerleri ve nükleotit sayısı

No	İsim	Gen Bank	% benzerlik	Nt. farkı
<i>Microbispora</i> sp. S2404				
1	<i>Microbispora hainanensis</i> 211020 ^T	FJ261972	99,45	8/1466
2	<i>Microbispora corallina</i> DF-32 ^T	AB018046	98,68	19/1440
3	<i>Microbispora rosea</i> subsp. <i>rosea</i> IFO 14044 ^T	D86936	98,48	22/1452
4	<i>Microbispora rosea</i> subsp. <i>aerata</i> ATCC 15448 ^T	U48984	98,16	26/1413
5	<i>Microbispora siamensis</i> DMKUA-245 ^T	FJ19999	97,88	31/1465

4.1.6 DNA-DNA homolojisi

16S rRNA geni dizi verilerine göre filogenetik pozisyonu belirlenen izolatların, yeni tür olup olmadığının kesinleştirilebilmesi için filogenetik olarak en yakın akrabaları ile DNA-DNA hibridizasyon deneyleri gerçekleştirildi(Çizelge 4.21).

Çizelge 4.21. Bazı izolatlarının DNA-DNA hibridizasyon yüzdeleri

DNA-DNA Hibridizasyonu (%)	<i>Streptomyces</i> sp.S4702	Standart sapma
<i>Streptomyces qinglanensis</i> DSM 42035 ^T	16,8 (16,5)	± 0,21
<i>Streptomyces marinus</i> DSM 419687 ^T	23,8 (18,0)	± 4,10

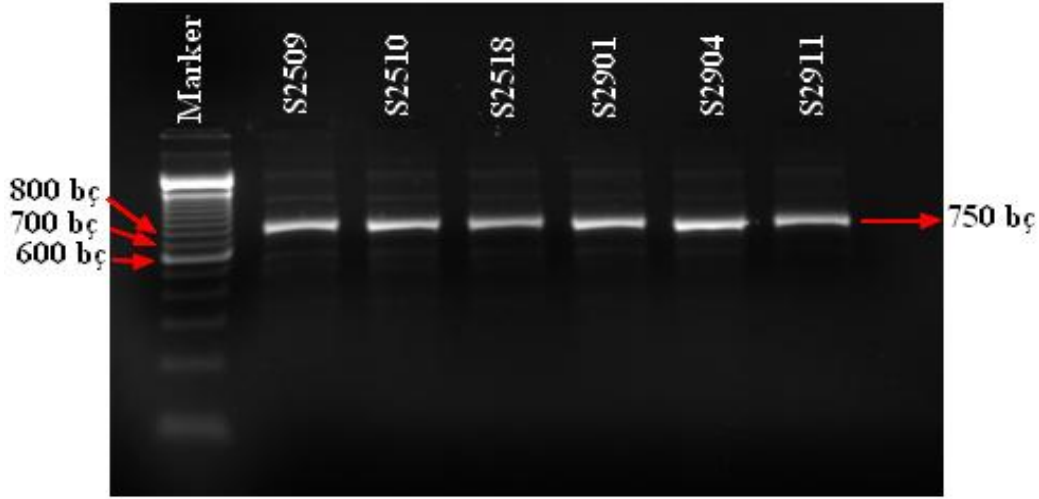
DNA-DNA Hibridizasyonu (%)	<i>Streptomyces</i> sp. S3812	Standart sapma
<i>Streptomyces samsunensis</i> DSM 42010 ^T	84,8 (93,8)	± 6,36
<i>Streptomyces malaysiensis</i> DSM 41697 ^T	62,4 (68,2)	± 4,10

DNA-DNA Hibridizasyonu (%)	<i>Micromonospora</i> sp. S4803	Standart sapma
<i>Micromonospora siamensis</i> DSM 45097 ^T	16,7 (12,3)	± 3,11
<i>Micromonospora coxensis</i> DSM 45161 ^T	58,5 (52,4)	± 4,31

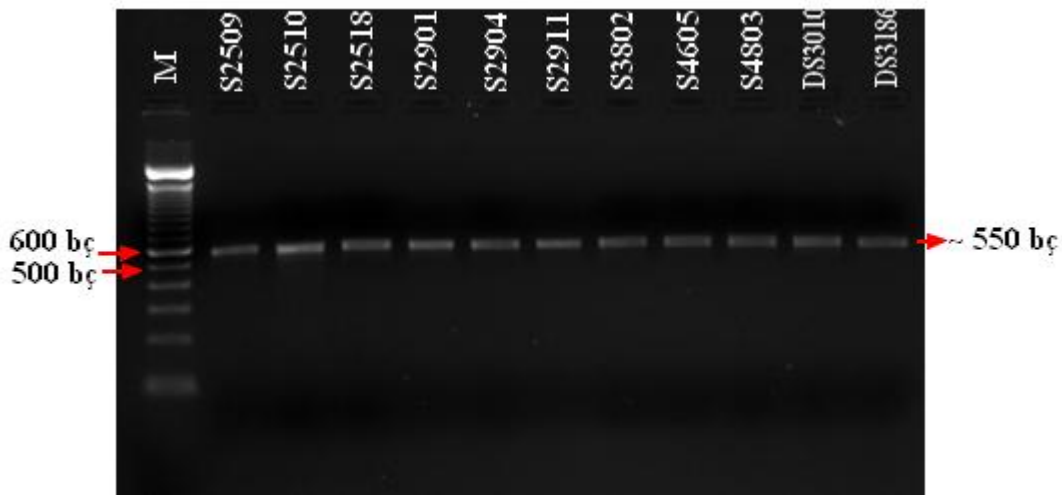
4.1.7. *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin PZR amplifikasyonu ve saflaştırılması

13 test izolatının ve Genbanklarda gen bölgeleri nükleotit dizileri bulunmayan tiptürlerinin *rpoB* ve *gyrB* gen bölgeleri PZR amplifikasyonları MyGenie96 (Bioneer, MyGenie96 Thermal Block, Korea)'da gerçekleştirildi. PZR ürünleri % 1,5'luk agaroz jelde PZR markör ile birlikte 100 voltta 45 dakikayürütülerek UV-transillüminatör (DNR, MiniLumi Bio-Imaging Systems, Israel) görüntülendi ve kaydedildi (Şekil 4.22-4.24).

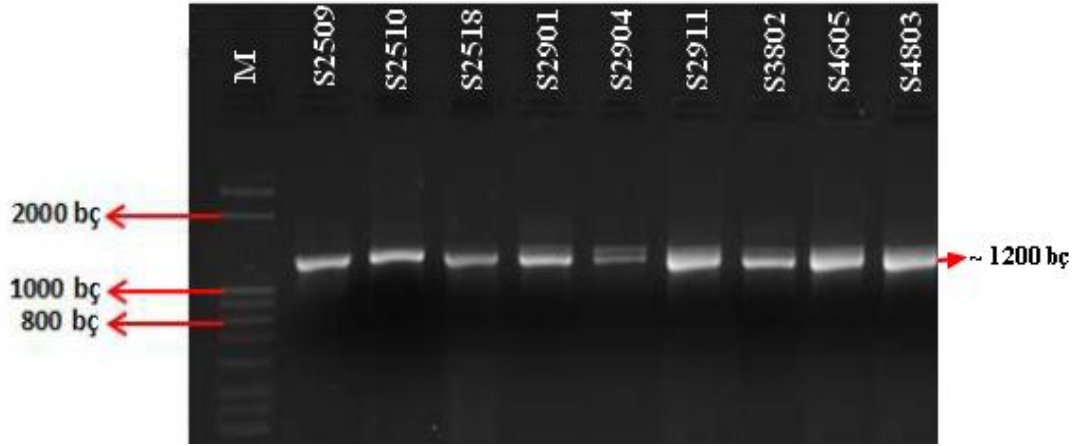
Elde edilen *gyrB* ve *rpoB* gen bölgelerinin saflaştırılması ve baz dizi analizi G. Kore'de Macrogen Inc. firmasından hizmet alımı şeklinde gerçekleştirildi.



Şekil 4.22. İzolatların *rpoB* gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1,5'luk agaroz jeldeki görüntüsü



Şekil 4.23. Bazı izolatların *gyrB1* gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1,5'luk agaroz jeldeki görüntüsü

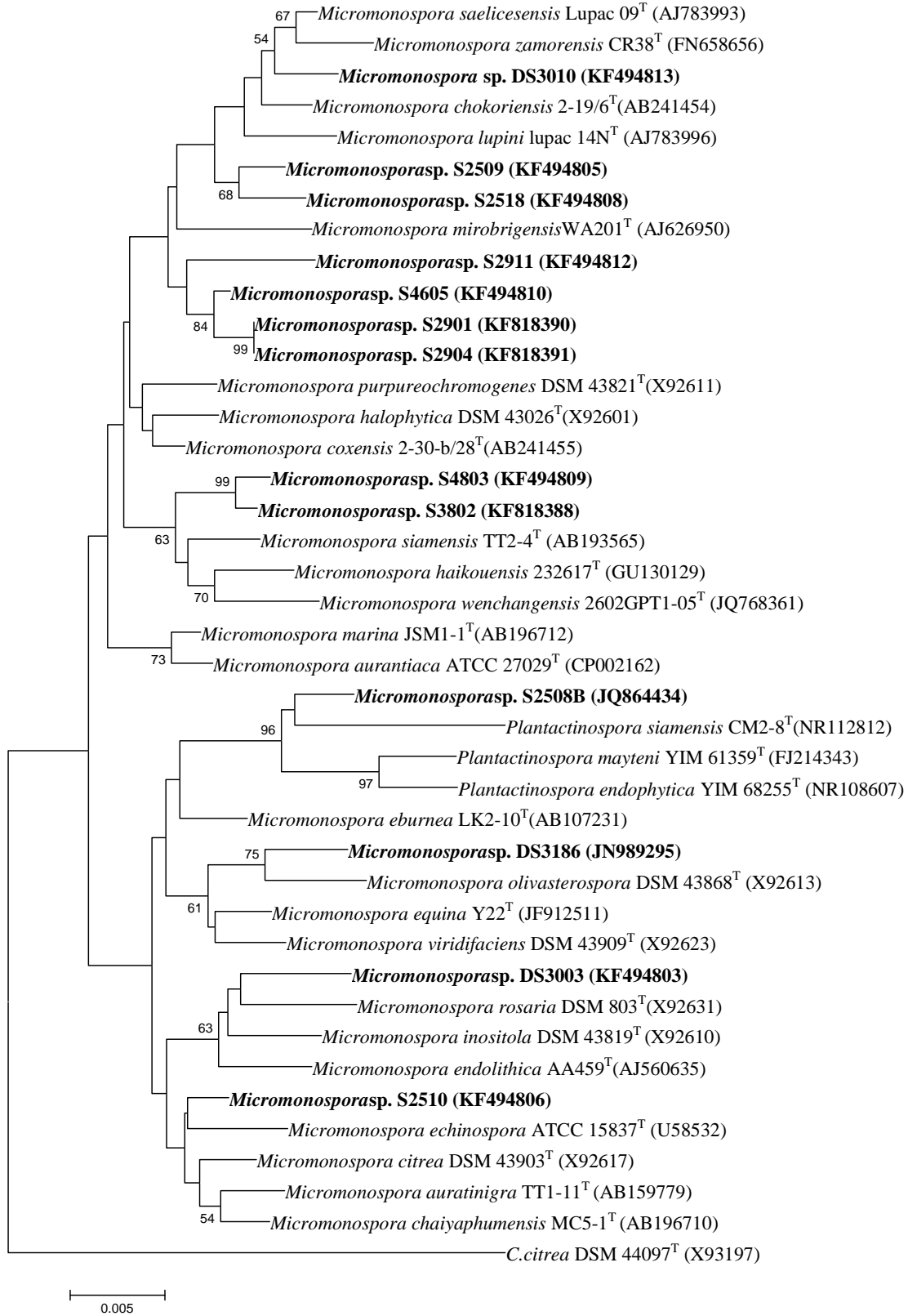


Şekil 4.24. Bazı izolatların *gyrB2* gen bölgesi PZR ürünlerinin % 1,5'lük agaroz jeldeki görüntüsü

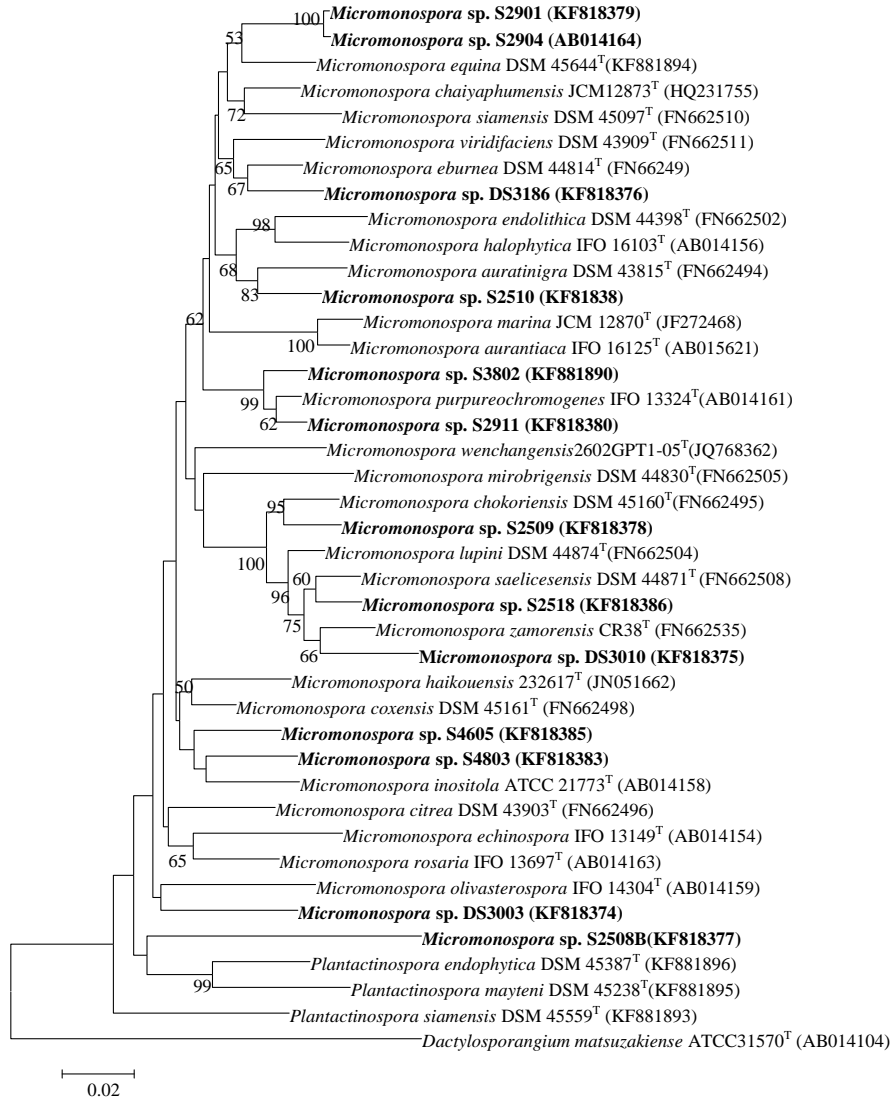
4.1.7.1 *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin sekans verilerinin analize filogenetik dendrogram oluşturulması

16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizi sonucu *Micromonospora* cinsine ait olduğu belirlenen 13 izolatın ve izolatların en yakın oldukları tip türlerinin NCBI/GenBank gibi veritabanlarından *rpoB* ve *gyrB* gen bölgesi nükleotit baz dizileri bulunmayanların baz dizileri PHYDIT (Chun, 2001) programları kullanılarak karşılaştırmalı bir şekilde manuel olarak hizalandı.

İki primer kullanılarak elde edilen baz dizi verileri yan yana getirilerek yaklaşık 650 bp'den oluşan *rpoB* gen bölgesi, 5 primer ile baz dizi verileri elde edilen yaklaşık 1150 bp'den oluşan *gyrB* gen bölgesi nükleotit baz dizileri elde edildi. Tek dizi haline dönüştürülen *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin nükleotit baz dizileri filogenetik dendrogramın oluşturulması için kullanıldı. Test izolatları ve *Micromonospora* tip türlerinin *rpoB* ve *gyrB* gen bölgelerinin sekans analizine bağlı filogenetik dendrogramları için filogenetik uzaklık matrisi olarak Jukes ve Cantor (1969) modeli kullanıldı. Test izolatlarının *rpoB* ve *gyrB*, gen bölgeleri nükleotit dizilerine dayalı oluşturulan Neighbour-joining (Jukes ve Cantor, 1969; Saitou ve Nei, 1987) filogenetik dendrogramları Şekil 4.25-4.28'de verildi. Dış grup olarak *Dactylosporangium matsuzakiense* ATCC31570^T tip türü veri setine dahil edilmiştir.



Şekil 4.25. *Micromonospora* cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.



Şekil 4.26. *Micromonospora* cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin *gyrB* gen bölgesine dayalı filogenetik dendrogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

Çizelge 4.22. *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgesine bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

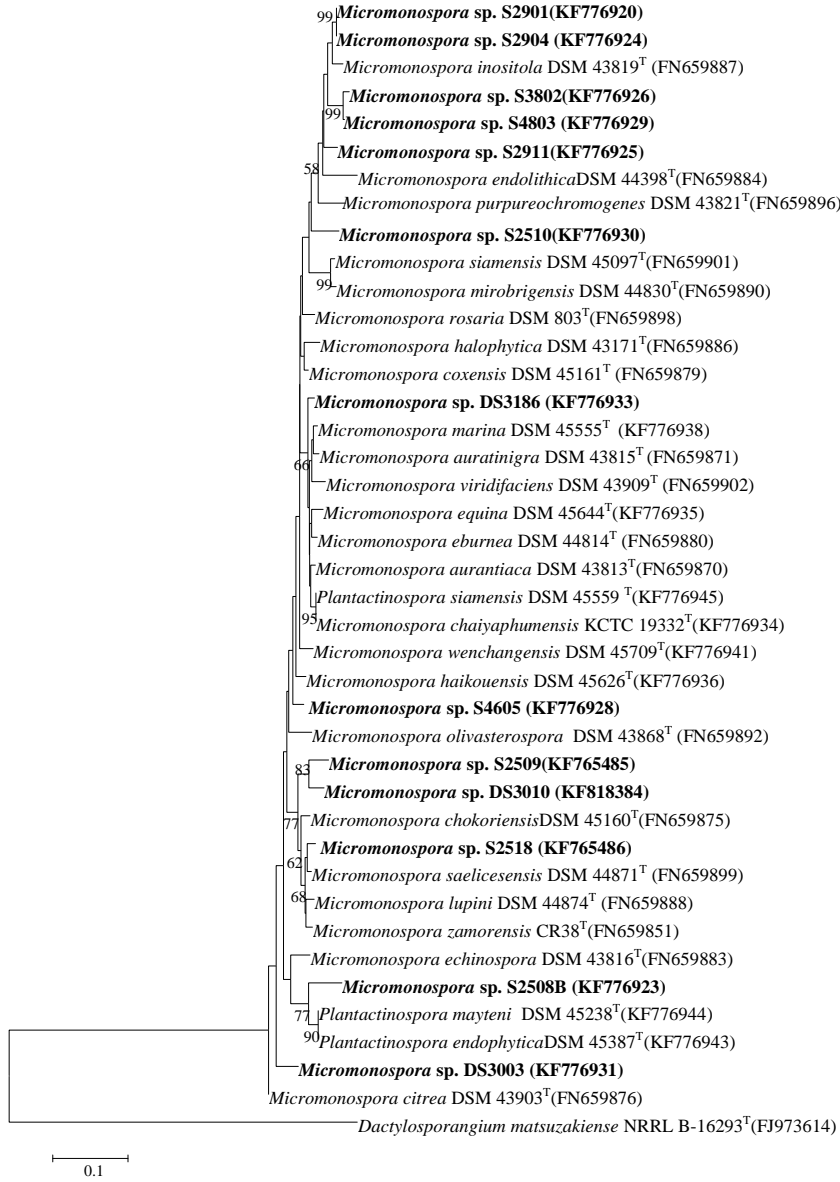
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1. S4803	---	76/863	83/920	57/920	61/918	59/868	64/874	74/874	78/918	164/912	74/918	71/918	75/918	60/874	64/918
2. <i>M.endolithica</i>	91.19	---	86/863	61/863	78/865	79/865	77/865	83/865	84/865	152/859	68/865	66/865	39/865	56/865	54/865
3. <i>M.echinospora</i>	90.98	90.03	---	70/933	88/930	66/868	74/874	78/874	85/919	169/936	92/918	87/927	92/942	65/874	92/930
4. <i>M.haikouensis</i>	93.80	92.93	92.50	---	69/930	66/868	68/874	73/874	81/919	156/925	76/918	78/927	76/931	54/874	66/930
5. <i>M.wenchangensis</i>	93.36	90.98	90.54	92.58	---	72/997	69/1056	77/1091	78/1112	186/1155	90/1098	93/1158	89/1161	82/1105	78/1119
6. <i>M.chokoriensis</i>	93.20	90.87	92.40	92.40	92.78	---	37/997	47/997	50/997	162/991	96/997	89/997	85/997	74/997	78/997
7. <i>M.lupini</i>	92.68	91.10	91.53	92.22	93.47	96.29	---	24/1056	32/1056	169/1050	99/1054	82/1056	85/1056	81/1056	71/1056
8. <i>M.saelicesensis</i>	91.53	90.40	91.08	91.65	92.94	95.29	97.73	---	36/1067	180/1085	105/1054	99/1091	89/1091	90/1091	80/1063
9. <i>M.zamorensis</i>	91.50	90.29	90.75	91.19	92.99	94.98	96.97	96.63	---	185/1106	109/1098	98/1112	93/1112	87/1067	92/1108
10. <i>D. matsuzakiense</i>	82.02	82.31	81.94	83.14	83.90	83.65	83.90	83.41	83.27	---	189/1092	191/1152	192/1173	165/1099	183/1113
11. <i>M. marina</i>	91.94	92.14	89.98	91.72	91.80	90.37	90.61	90.04	90.07	82.69	---	30/1098	85/1098	76/1054	81/1098
12. <i>M. aurantiaca</i>	92.27	92.37	90.61	91.59	91.97	91.07	92.23	90.93	91.19	83.42	97.27	---	79/1158	67/1105	73/1116
13. <i>M. halophytica</i>	91.83	95.49	90.23	91.84	92.33	91.47	91.95	91.84	91.64	83.63	92.26	93.18	---	58/1105	62/1119
14. <i>M. eburnea</i>	93.14	93.53	92.56	93.82	92.58	92.58	92.33	91.75	91.85	84.99	92.79	93.94	94.75	---	50/1063
15. <i>M. chalybaphumensis</i>	93.03	93.76	90.11	92.0	93.03	92.18	93.28	92.47	91.70	83.56	92.62	93.46	94.46	95.30	---
16. <i>M. citrea</i>	92.92	92.36	92.46	93.27	92.66	92.13	91.80	91.41	90.73	84.56	93.24	93.05	92.86	93.73	93.05
17. <i>M. siamensis</i>	91.94	93.05	90.90	92.28	93.27	91.76	93.14	92.17	92.37	84.63	92.94	93.54	94.63	94.54	95.74
18. <i>M.purpureochromogenes</i>	93.46	93.41	90.76	93.56	94.06	93.18	93.66	93.13	92.63	84.31	92.90	93.35	94.32	94.48	95.08
19. <i>M. mirobrigensis</i>	93.15	91.10	90.53	92.24	93.33	92.58	93.14	92.48	92.48	84.39	90.76	91.52	92.10	93.05	93.24
20. <i>M.coxensis</i>	95.52	93.29	93.11	96.10	94.08	93.28	93.22	92.93	92.36	84.25	92.93	93.60	94.17	95.32	94.75
21. <i>M. olivasterospora</i>	91.91	89.68	91.59	92.78	92.66	91.85	91.55	91.18	90.80	84.31	90.41	91.00	90.90	92.11	90.77
22. <i>M. viridifaciens</i>	93.00	92.83	91.62	93.11	92.73	91.47	92.06	91.29	90.91	84.02	92.25	93.21	94.16	95.60	95.12
23. <i>M.auratinigra</i>	92.79	94.10	89.93	92.11	92.51	92.08	92.42	91.95	91.57	82.86	91.94	92.88	95.13	94.38	94.64
24. S2911	93.11	93.53	90.82	93.33	93.98	92.88	93.18	92.56	91.97	83.97	92.51	93.27	94.24	94.58	95.02
25. S2509	93.14	90.40	92.05	92.16	93.37	96.49	96.12	95.31	95.32	83.91	90.80	91.78	91.34	92.36	92.05
26. S2518	91.50	90.84	90.73	90.95	92.31	95.47	96.77	97.32	95.91	83.09	89.78	90.97	91.77	91.69	91.78
27. DS3010	90.41	89.13	89.43	89.87	91.37	94.48	95.55	95.93	95.95	82.74	88.52	89.86	90.57	91.02	90.97
28. S2510	92.90	94.10	90.49	92.68	92.64	91.98	92.52	91.80	91.61	84.48	92.15	93.08	94.23	94.66	94.75
29. DS3186	93.03	93.53	91.50	93.25	92.33	92.18	91.95	91.20	91.36	84.15	91.99	93.39	94.36	96.88	95.12
30. DS3003	91.58	89.33	90.93	91.04	91.52	92.05	92.40	91.91	91.52	84.68	90.96	91.87	91.43	93.66	92.75
31. S2508B	88.25	86.23	87.71	88.69	88.15	88.37	88.74	88.68	87.31	82.31	86.61	88.15	88.41	89.80	88.72
32. <i>P. endophytica</i>	90.89	88.75	90.67	91.00	90.18	92.35	92.78	91.96	91.38	83.71	88.89	90.54	90.54	92.05	90.80
33. <i>P. mayteni</i>	89.87	87.59	89.76	90.20	89.43	90.95	91.26	90.98	90.26	83.04	88.86	89.52	89.15	91.36	90.35
34. <i>P. siamensis</i>	90.62	87.82	88.85	89.40	91.68	91.45	91.07	90.30	89.90	84.57	89.87	90.43	89.18	91.04	90.14
35. <i>M.equina</i>	93.64	92.95	91.45	92.98	92.44	91.78	91.95	91.44	91.22	83.99	92.86	94.04	93.77	96.04	95.91
36. <i>M.inositola</i>	95.00	91.68	91.63	93.03	93.20	93.18	92.52	92.48	91.91	84.48	91.26	92.31	93.30	94.21	93.30
37. <i>M.rosaria</i>	92.72	91.54	93.43	93.14	92.15	93.07	93.07	93.02	92.16	84.29	91.61	92.39	93.20	94.20	92.39
38. S4605	94.43	92.60	91.58	93.88	93.35	93.08	92.52	92.17	91.88	84.66	91.87	93.26	93.79	94.94	93.84
39. S3802	93.33	93.06	90.27	93.22	93.52	93.08	93.37	92.91	92.24	84.39	92.69	93.17	93.97	94.66	94.75
40. S2901	92.89	92.83	90.78	92.11	92.00	91.17	91.19	90.70	90.58	82.46	92.13	93.08	93.08	95.03	95.22
41. S2904	92.85	92.72	90.98	92.30	92.06	91.07	91.10	90.61	90.56	82.24	92.19	93.13	92.86	94.94	94.90

Çizelge 4.22 (devam). *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgesine bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
1. S4803	61/862	70/868	60/918	60/876	39/871	74/915	61/871	63/874	63/915	63/918	77/906	88/918	65/915	64/918
2. <i>M.endolithica</i>	66/864	60/863	57/865	77/865	58/865	89/862	62/865	51/865	56/865	83/865	79/862	94/865	51/865	56/865
3. <i>M.echinospora</i>	65/862	79/868	87/942	83/876	60/871	79/939	73/871	88/874	84/915	73/918	84/906	97/918	87/915	78/918
4. <i>M.haikouensis</i>	58/862	67/868	60/931	68/876	34/871	67/928	60/871	69/874	61/915	72/918	82/906	93/918	67/915	62/918
5. <i>M.wenchangensis</i>	76/1036	74/1099	69/1161	70/1050	62/1047	85/1158	76/1045	80/1068	68/1129	75/1131	86/1118	97/1124	83/1127	87/1135
6. <i>M.chokoriensis</i>	78/991	82/995	68/997	74/997	67/997	81/994	85/997	79/997	71/997	35/997	45/994	55/997	80/997	78/997
7. <i>M.lupini</i>	85/1036	72/1050	67/1056	72/1050	71/1047	89/1053	83/1045	80/1056	72/1056	41/1056	34/1053	47/1056	79/1056	85/1056
8. <i>M.saelicesensis</i>	89/1036	85/1085	75/1091	79/1050	74/1047	96/1088	91/1045	86/1068	81/1088	51/1087	29/1083	44/1080	89/1086	96/1091
9. <i>M.zamorensis</i>	96/1036	81/1061	82/1112	79/1050	80/1047	102/1109	95/1045	90/1067	89/1108	52/1111	45/1099	45/1111	93/1108	96/1111
10. <i>D. matsuzakense</i>	159/1030	168/1093	184/1173	163/1044	164/1041	184/1173	166/1039	182/1062	180/1123	181/1125	188/1112	193/1118	174/1121	179/1129
11. <i>M.marina</i>	70/1036	74/1048	78/1098	97/1050	74/1047	105/1095	81/1045	85/1054	82/1095	101/1098	111/1086	126/1098	86/1095	88/1098
12. <i>M.aurantiaca</i>	72/1036	71/1099	77/1158	89/1050	67/1047	104/1155	71/1045	76/1068	76/1129	93/1131	101/1118	114/1124	78/1127	75/1135
13. <i>M.halophytica</i>	74/1036	59/1099	67/1179	83/1050	61/1047	107/1176	61/1045	52/1068	65/1129	98/1131	92/1118	106/1124	65/1127	64/1135
14. <i>M.eburnea</i>	65/1036	60/1099	61/1105	73/1050	49/1047	87/1102	46/1045	60/1068	59/1088	83/1087	90/1083	97/1080	58/1086	34/1091
15. <i>M.chaiyaphumensis</i>	72/1036	45/1057	55/1119	71/1050	55/1047	103/1116	51/1045	57/1063	55/1104	88/1107	90/1095	100/1107	58/1104	54/1107
16. <i>M.citrea</i>	---	72/1034	74/1036	85/1036	54/1036	81/1033	71/1036	75/1036	70/1036	85/1036	91/1033	105/1036	71/1036	69/1036
17. <i>M.siamensis</i>	93.04	---	52/1099	67/1044	61/1044	90/1096	62/1042	58/1062	53/1082	81/1081	90/1077	98/1074	62/1080	65/1085
18. <i>M.purpureochromogenes</i>	92.86	95.27	---	69/1050	48/1047	96/1176	60/1045	50/1068	16/1129	80/1131	79/1118	94/1124	51/1127	66/1135
19. <i>M.mirobrigensis</i>	91.80	93.58	93.43	---	68/1047	95/1047	76/1045	79/1050	68/1050	71/1050	80/1047	95/1050	75/1050	75/1050
20. <i>M.coxensis</i>	94.79	94.16	95.42	93.51	---	61/1044	55/1045	57/1047	51/1047	73/1047	78/1044	91/1047	48/1047	56/1047
21. <i>M.olivasterospora</i>	92.16	91.79	91.84	90.93	94.16	---	88/1042	92/1065	88/1126	99/1128	104/1115	113/1121	100/1124	99/1132
22. <i>M.viridifaciens</i>	93.15	94.05	94.26	92.73	94.74	91.55	---	66/1045	62/1045	92/1045	94/1042	106/1045	56/1045	43/1045
23. <i>M.auratinigra</i>	92.76	94.54	95.32	92.48	94.56	91.36	93.68	---	54/1068	90/1068	82/1065	94/1068	43/1068	64/1068
24. S2911	93.24	95.10	98.58	93.52	95.13	92.18	94.07	94.94	---	82/1128	84/1118	99/1121	52/1127	67/1129
25. S2509	91.80	92.51	92.93	93.24	93.03	91.22	91.20	91.57	92.73	---	60/1118	67/1124	92/1127	93/1131
26. S2518	91.19	91.64	92.93	92.36	92.53	90.67	90.98	92.30	92.49	94.63	---	45/1112	94/1118	103/1118
27. DS3010	89.86	90.88	91.64	90.95	91.31	89.92	89.86	91.20	91.17	94.04	95.95	---	103/1121	109/1124
28. S2510	93.15	94.26	95.47	92.86	95.42	91.10	94.64	95.97	95.39	91.84	91.59	90.81	---	65/1127
29. DS3186	93.34	94.01	94.19	92.86	94.65	91.25	95.89	94.01	94.07	91.78	90.79	90.30	94.23	---
30. DS3003	92.55	92.79	92.40	91.02	93.87	92.23	92.61	91.64	92.10	91.76	91.66	91.17	91.90	92.84
31. S2508B	88.91	87.97	88.50	88.25	90.38	88.50	89.39	88.87	88.56	87.79	88.02	87.46	88.65	88.50
32. <i>P.endophytica</i>	90.71	90.89	91.16	89.93	92.62	90.54	91.65	90.52	90.63	91.79	92.01	91.03	90.18	91.16
33. <i>P.mayteni</i>	89.84	89.49	90.07	89.36	92.05	89.06	90.69	90.12	89.34	91.08	90.41	89.52	89.52	90.17
34. <i>P.siamensis</i>	91.87	91.55	90.79	90.45	91.76	90.06	90.40	90.33	90.34	91.32	90.22	89.39	90.16	89.98
35. <i>M.equina</i>	93.73	94.63	94.48	92.38	94.94	91.61	95.60	93.63	94.66	91.99	90.97	89.80	94.75	95.37
36. <i>M.inositola</i>	92.66	93.45	94.40	93.94	95.32	92.60	93.49	93.63	94.33	92.48	91.86	90.75	92.72	94.01
37. <i>M.rosaria</i>	93.33	92.62	93.12	92.76	94.83	92.33	93.29	92.87	93.43	93.18	92.83	91.09	92.09	93.38
38. S4605	94.11	93.43	94.76	93.24	96.18	92.88	93.68	94.10	94.59	92.37	91.95	91.26	94.68	93.97
39. S3802	92.76	94.72	98.49	93.43	95.32	91.90	93.88	94.94	97.52	92.72	92.67	91.26	95.21	94.32
40. S2901	93.24	93.89	94.78	91.81	94.27	90.26	94.35	94.10	94.42	90.56	90.35	89.33	94.51	94.96
41. S2904	93.34	93.89	94.56	91.71	94.36	90.16	94.45	94.01	94.20	90.45	90.07	89.06	94.38	94.92

Çizelge 4.22 (devam). *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *gyrB* gen bölgesine bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41
1. S4803	77/915	107/911	83/911	92/908	85/906	58/912	46/920	67/920	51/915	61/915	64/900	65/909
2. <i>M. endolithica</i>	92/862	118/857	97/862	107/862	105/862	61/865	72/865	73/863	64/865	60/865	62/865	63/865
3. <i>M. echinospora</i>	83/915	112/911	85/911	93/908	101/906	78/912	79/944	62/944	77/915	89/915	83/900	82/909
4. <i>M. haikouensis</i>	82/915	103/911	82/911	89/908	96/906	64/912	65/933	64/933	56/915	62/915	71/900	70/909
5. <i>M. wenchangensis</i>	96/1132	133/1122	110/1120	115/1088	93/1118	85/1124	79/1161	91/1159	75/1127	73/1127	89/1112	89/1121
6. <i>M. chokoriensis</i>	79/994	115/989	76/994	90/994	85/994	82/997	68/997	69/995	69/997	69/997	88/997	89/997
7. <i>M. lupini</i>	80/1053	118/1048	76/1053	92/1053	94/1053	85/1056	79/1056	73/1054	79/1056	70/1056	93/1056	94/1056
8. <i>M. saelicesensis</i>	88/1088	122/1078	87/1082	95/1053	105/1083	93/1086	82/1091	76/1089	85/1086	77/1086	101/1086	102/1086
9. <i>M. zamorensis</i>	94/1108	140/1103	95/1102	106/1088	111/1099	97/1105	90/1112	87/1110	90/1108	86/1108	103/1093	104/1102
10. <i>D. matsuzakiense</i>	173/1129	198/1119	182/1117	184/1085	172/1115	179/1118	182/1173	184/1171	172/1121	175/1121	194/1106	198/1115
11. <i>M. marina</i>	99/1095	146/1090	121/1089	121/1086	110/1086	78/1092	96/1098	92/1096	89/1095	80/1095	85/1080	85/1089
12. <i>M. aurantiaca</i>	92/1132	133/1122	106/1120	114/1088	107/1118	67/1124	89/1158	88/1156	76/1127	77/1127	77/1112	77/1121
13. <i>M. halophytica</i>	97/1132	130/1122	106/1120	118/1088	121/1118	70/1124	79/1179	80/1177	70/1127	68/1127	77/1112	80/1121
14. <i>M. eburnea</i>	69/1088	110/1078	86/1082	91/1053	97/1083	43/1086	64/1105	64/1103	55/1086	58/1086	54/1086	55/1086
15. <i>M. chaiyaphumensis</i>	80/1104	124/1099	101/1098	105/1088	108/1095	45/1101	75/1119	85/1117	68/1104	58/1104	52/1089	56/1098
16. <i>M. citrea</i>	77/1033	114/1028	96/1033	105/1033	84/1033	65/1036	76/1036	69/1034	61/1036	75/1036	70/1036	69/1036
17. <i>M. siamensis</i>	78/1082	129/1072	98/1076	110/1047	91/1077	58/1080	72/1099	81/1097	71/1080	57/1080	66/1080	66/1080
18. <i>M. purpureochromogenes</i>	86/1132	129/1122	99/1120	108/1088	103/1118	62/1124	66/1179	81/1177	59/1127	17/1127	58/1112	61/1121
19. <i>M. mirobrigensis</i>	94/1047	123/1047	106/1053	112/1053	100/1047	80/1050	64/1056	76/1050	71/1050	69/1050	86/1050	87/1050
20. <i>M. coxensis</i>	64/1044	100/1039	77/1044	83/1044	86/1044	53/1047	49/1047	54/1045	40/1047	49/1047	60/1047	59/1047
21. <i>M. olivasterospora</i>	88/1132	129/1122	106/1120	119/1088	111/1117	94/1121	87/1176	90/1174	80/1124	91/1124	108/1109	110/1118
22. <i>M. viridifaciens</i>	77/1042	110/1037	87/1042	97/1042	100/1042	46/1045	68/1045	70/1043	66/1045	64/1045	59/1045	58/1045
23. <i>M. auratinigra</i>	89/1065	118/1060	101/1065	104/1053	103/1065	68/1068	68/1068	76/1066	63/1068	54/1068	63/1068	64/1068
24. S2911	89/1126	128/1119	105/1120	116/1088	108/1118	60/1124	64/1129	74/1127	61/1127	28/1127	62/1112	65/1121
25. S2509	93/1128	137/1122	92/1120	97/1088	97/1118	90/1124	85/1131	77/1129	86/1127	82/1127	105/1112	107/1121
26. S2518	93/1115	133/1110	89/1114	104/1085	109/1115	101/1118	91/1118	80/1116	90/1118	82/1118	107/1109	111/1118
27. DS3010	99/1121	140/1116	100/1115	114/1088	118/1112	114/1118	104/1124	100/1122	98/1121	98/1121	118/1106	122/1115
28. S2510	91/1124	127/1119	110/1120	114/1088	110/1118	59/1124	82/1127	89/1125	60/1127	54/1127	61/1112	63/1121
29. DS3186	81/1132	129/1122	99/1120	107/1088	112/1118	52/1124	68/1135	75/1133	68/1127	64/1127	56/1112	57/1121
30. DS3003	---	126/1122	92/1120	102/1088	94/1117	86/1121	87/1132	91/1130	68/1124	82/1124	87/1109	91/1118
31. S2508B	88.77	---	126/1120	127/1088	137/1112	131/1116	137/1127	110/1121	113/1119	129/1119	131/1104	135/1113
32. <i>P. endophytica</i>	91.79	88.75	---	64/1094	104/1116	103/1120	100/1126	88/1120	90/1120	99/1120	109/1108	110/1117
33. <i>P. mayteni</i>	90.63	88.33	94.15	---	110/1087	109/1088	102/1094	91/1088	101/1088	109/1088	110/1079	111/1088
34. <i>P. siamensis</i>	91.58	87.68	90.68	89.88	---	105/1118	100/1118	102/1116	89/1118	99/1118	111/1109	113/1118
35. <i>M. equina</i>	92.33	88.26	90.80	89.98	90.61	---	66/1124	77/1122	62/1124	64/1124	51/1112	52/1121
36. <i>M. inositola</i>	92.31	87.84	91.12	90.68	91.06	94.13	---	66/1179	54/1127	67/1127	76/1112	78/1121
37. <i>M. rosaria</i>	91.95	90.19	92.14	91.64	90.86	93.14	94.40	---	72/1125	77/1125	85/1110	85/1119
38. S4605	93.95	89.90	91.96	90.72	92.04	94.48	95.21	93.60	---	58/1127	73/1112	75/1121
39. S3802	92.70	88.47	91.16	89.98	91.14	94.31	94.06	93.16	94.85	---	60/1112	63/1121
40. S2901	92.16	88.13	90.16	89.81	89.99	95.41	93.17	92.34	93.44	94.60	---	3/1112
41. S2904	91.86	87.87	90.15	89.80	89.89	95.36	93.04	92.40	93.31	94.38	99.73	---



Şekil 4.27. *Micromonospora* cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin *rpoB* gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramı. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

Çizelge 4.23. *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgesi sekansına bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

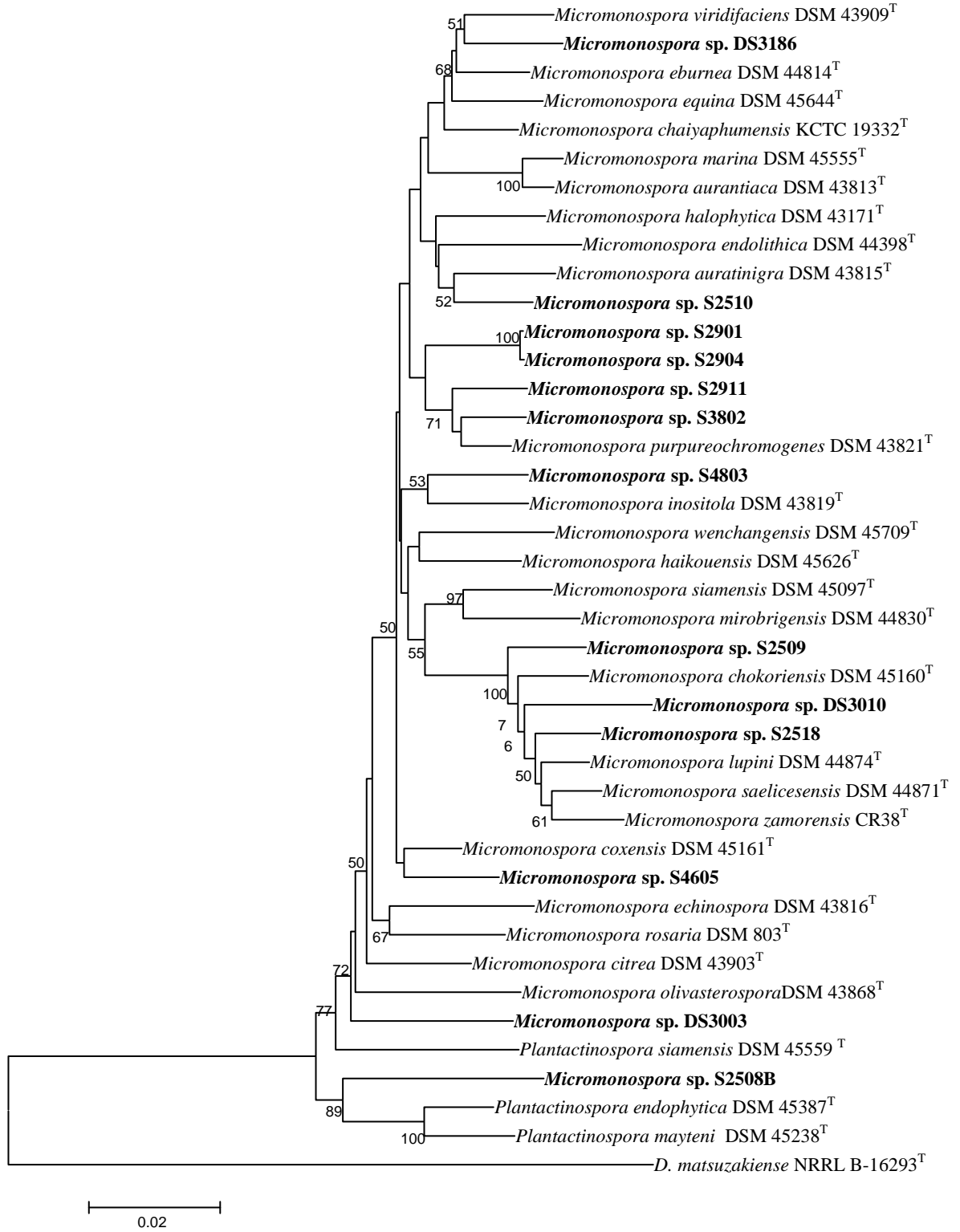
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1. S2901	---	0/646	34/641	26/646	20/646	47/634	45/634	50/647	33/647	23/646	50/647	62/647	30/646	53/646	53/646
2. S2904	100.00	---	34/640	26/646	20/646	47/634	45/634	50/646	33/646	23/646	50/646	62/646	30/646	53/646	53/646
3. S2510	94.70	94.69	---	40/640	32/640	50/628	46/628	49/641	36/641	35/640	53/641	62/641	34/640	57/640	57/640
4.S3802	95.98	95.98	93.75	---	23/646	48/634	49/634	49/646	38/646	5/646	52/646	59/646	40/646	51/646	51/646
5. S2911	96.90	96.90	95.00	96.44	---	44/634	44/634	49/646	32/646	20/646	56/646	60/646	30/646	52/646	52/646
6. S2509	92.59	92.59	92.04	92.43	93.06	---	39/634	29/634	45/634	43/634	54/634	52/634	54/634	52/634	52/634
7. S2518	92.90	92.90	92.68	92.27	93.06	93.85	---	40/634	36/634	45/634	47/634	57/634	45/634	49/634	49/634
8. DS3010	92.27	92.26	92.36	92.41	92.41	95.43	93.69	---	45/647	44/646	51/649	74/647	58/646	67/646	67/646
9. S4605	94.90	94.89	94.38	94.12	95.05	92.90	94.32	93.04	---	37/646	33/647	50/647	25/646	42/646	42/646
10. S4803	96.44	96.44	94.53	99.23	96.90	93.22	92.90	93.19	94.27	---	51/646	58/646	39/646	50/646	50/646
11. DS3003	92.27	92.26	91.73	91.95	91.33	91.48	92.59	92.14	94.90	92.11	---	62/647	52/646	56/646	56/646
12. S2508B	90.42	90.40	90.33	90.87	90.71	91.80	91.01	88.56	92.27	91.02	90.42	---	61/646	35/646	35/646
13.P.siamensis	95.36	95.36	94.69	93.81	95.36	91.48	92.90	91.02	96.13	93.96	91.95	90.56	---	51/646	51/646
14.P.mayteni	91.80	91.80	91.09	92.11	91.95	91.80	92.27	89.63	93.50	92.26	91.33	94.58	92.11	---	0/646
15. P.endophytica	91.80	91.80	91.09	92.11	91.95	91.80	92.27	89.63	93.50	92.26	91.33	94.58	92.11	100.00	---
16.M.wenchangensis	95.05	95.05	94.38	93.81	95.36	93.22	94.16	91.95	95.82	93.81	92.11	91.02	95.82	91.95	91.95
17.M.marina	94.27	94.27	93.75	92.72	94.74	91.01	93.38	91.49	95.82	92.88	91.80	89.94	97.06	91.64	91.64
18.M.haikouensis	95.67	95.67	95.31	93.96	95.36	92.43	93.69	92.41	96.75	94.27	93.81	90.87	96.13	92.26	92.26
19.M.equina	94.27	94.27	93.91	93.65	95.67	92.59	92.59	91.80	96.13	93.81	91.80	90.71	96.59	91.64	91.64
20. M.chaiyaphumensis	95.36	95.36	94.69	93.81	95.36	91.48	92.90	91.02	96.13	93.96	91.95	90.56	100.00	92.11	92.11
21.M.siamensis	94.42	94.42	94.06	93.18	94.11	92.10	94.15	92.09	94.26	93.95	92.56	89.92	93.80	90.70	90.70
22.M.viridifaciens	93.71	93.71	93.23	93.06	94.52	90.65	92.90	90.48	95.32	93.23	93.55	89.68	96.13	91.45	91.45
23.M.eburnea	94.69	94.69	94.36	93.08	94.85	91.14	92.43	90.98	95.81	93.56	92.43	89.69	97.26	91.79	91.79
24.M.endolithica	94.39	94.39	94.07	94.71	95.67	91.65	92.30	91.03	92.95	94.87	90.22	90.06	93.43	91.67	91.67
25.M.halophytica	94.35	94.35	96.12	92.57	94.83	91.76	92.73	91.44	95.32	93.38	91.44	89.66	96.12	90.47	90.47
26. DS3186	93.97	93.96	94.07	93.19	94.58	91.17	93.38	91.37	95.67	93.34	92.91	89.64	96.59	91.33	91.33
27.M.auratinigra	94.81	94.81	94.32	93.34	95.62	91.07	93.34	90.91	95.62	93.83	92.05	89.61	97.08	91.40	91.40
28. M.aurantiaca	94.15	94.15	93.52	92.26	94.47	91.30	93.24	90.84	95.26	92.42	91.63	90.05	97.00	91.94	91.94
29. M.purpureochromogenes	96.51	96.51	94.09	96.20	95.88	92.55	93.03	91.92	95.72	96.35	92.39	91.13	93.82	92.71	92.71
30.M.mirobrigensis	94.53	94.53	94.05	93.25	93.57	91.63	93.56	91.80	94.21	94.05	92.28	89.55	93.73	90.35	90.35
31.M.chokoriensis	93.01	93.01	92.48	93.01	93.79	94.32	97.16	94.25	93.94	93.79	92.39	90.84	92.86	92.08	92.08
32.M.lupini	92.67	92.67	92.34	92.36	92.82	94.12	97.62	94.07	93.92	92.98	92.36	90.33	92.51	91.11	91.11
33.M.saelicesensis	93.22	93.22	92.83	91.96	93.38	94.48	97.95	93.53	94.16	92.74	92.59	91.01	93.22	91.48	91.48
34.M.zamorensis	93.04	93.03	93.14	92.26	93.34	93.69	98.42	93.37	94.44	93.03	92.45	91.04	92.88	91.95	91.95
35.M.coxensis	95.27	95.27	96.18	94.16	95.74	91.96	93.22	91.80	96.37	94.64	92.74	89.91	96.53	91.17	91.17
36.M.inositola	97.62	97.62	93.60	96.83	97.46	92.71	92.55	91.60	94.29	97.31	91.60	90.17	94.45	91.44	91.44
37.M.citrea	94.76	94.76	93.45	93.81	94.13	93.33	93.33	93.33	97.46	93.97	94.76	91.90	94.76	93.17	93.17
38.M.echinosporea	94.29	94.29	93.76	93.82	93.98	93.03	93.03	91.76	95.56	93.98	93.19	93.19	93.98	93.50	93.50
39.M.rosaria	94.36	94.36	93.24	93.72	94.85	91.14	92.43	91.30	95.65	94.20	93.24	90.02	94.52	92.27	92.27
40.M.olivasterosporea	93.50	93.50	94.24	93.34	93.82	92.87	93.19	93.19	96.51	93.66	93.50	91.92	94.61	93.50	93.50
41.D.matsuzakiense	47.59	47.59	48.23	47.91	45.98	48.55	47.91	47.27	50.16	47.91	49.52	47.91	48.23	49.84	49.84

Çizelge 4.23 (devam). *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgesi sekansına bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29
1. S2901	32/646	37/646	28/646	37/646	30/646	36/645	39/620	33/621	35/624	35/619	39/647	32/616	37/633	22/631
2. S2904	32/646	37/646	28/646	37/646	30/646	36/645	39/620	33/621	35/624	35/619	39/646	32/616	37/633	22/631
3. S2510	36/640	40/640	30/640	39/640	34/640	38/640	42/620	35/621	37/624	24/619	38/641	35/616	41/633	37/626
4.S3802	40/646	47/646	39/646	41/646	40/646	44/645	43/620	43/621	33/624	46/619	44/646	41/616	49/633	24/631
5. S2911	30/646	34/646	30/646	28/646	30/646	38/645	34/620	32/621	27/624	32/619	35/646	27/616	35/633	26/631
6. S2509	43/634	57/634	48/634	47/634	54/634	50/633	58/620	55/621	52/623	51/619	56/634	55/616	54/621	47/631
7. S2518	37/634	42/634	40/634	47/634	45/634	37/633	44/620	47/621	48/623	45/619	42/634	41/616	42/621	44/631
8. DS3010	52/646	55/646	49/646	53/646	58/646	51/645	59/620	56/621	56/624	53/619	56/649	56/616	58/633	51/631
9. S4605	27/646	27/646	21/646	25/646	25/646	37/645	29/620	26/621	44/624	29/619	28/647	27/616	30/633	27/631
10. S4803	40/646	46/646	37/646	40/646	39/646	39/645	42/620	40/621	32/624	41/619	43/646	38/616	48/633	23/631
11. DS3003	51/646	53/646	40/646	53/646	52/646	48/645	40/620	47/621	61/624	53/619	46/649	49/616	53/633	48/631
12. S2508B	58/646	65/646	59/646	60/646	61/646	65/645	64/620	64/621	62/624	64/619	67/647	64/616	63/633	56/631
13.P.siamensis	27/646	19/646	25/646	22/646	0/646	40/645	24/620	17/621	41/624	24/619	22/646	18/616	19/633	39/631
14.P.mayteni	52/646	54/646	50/646	54/646	51/646	60/645	53/620	51/621	52/624	59/619	56/646	53/616	51/633	46/631
15. P.endophytica	52/646	54/646	50/646	54/646	51/646	60/645	53/620	51/621	52/624	59/619	56/646	53/616	51/633	46/631
16.M.wenchangensis	---	34/646	25/646	30/646	27/646	37/645	38/620	32/621	43/624	28/619	36/646	30/616	31/633	33/631
17.M.marina	94.74	---	33/646	31/646	19/646	36/645	22/620	27/621	45/624	34/619	15/646	15/616	10/633	40/631
18.M.haikouensis	96.13	94.89	---	26/646	25/646	40/645	32/620	27/621	44/624	25/619	30/646	27/616	32/633	34/631
19.M.equina	95.36	95.20	95.98	---	22/646	44/645	26/620	20/621	46/624	30/619	30/646	26/616	30/633	42/631
20. M.chaiyaphumensis	95.82	97.06	96.13	96.59	---	40/645	24/620	17/621	41/624	24/619	22/646	18/616	19/633	39/631
21.M.siamensis	94.26	94.42	93.80	93.18	93.80	---	38/620	42/621	44/624	33/619	39/645	32/616	42/633	37/631
22.M.viridifaciens	93.87	96.45	94.84	95.81	96.13	93.87	---	23/620	46/620	33/619	21/620	17/616	25/618	43/620
23.M.eburnea	94.85	95.65	95.65	96.78	97.26	93.24	96.29	---	47/621	29/619	27/621	25/616	27/619	44/620
24.M.endolithica	93.11	92.79	92.95	92.63	93.43	92.95	92.58	92.43	---	43/619	44/624	39/616	48/622	37/622
25.M.halophytica	95.48	94.51	95.96	95.15	96.12	94.67	94.67	95.32	93.05	---	35/619	29/616	34/618	41/619
26. DS3186	94.43	97.68	95.36	95.36	96.59	93.95	96.61	95.65	92.95	94.35	---	16/616	17/633	41/631
27.M.auratinigra	95.13	97.56	95.62	95.78	97.08	94.81	97.24	95.94	93.67	95.29	97.40	---	18/616	38/616
28. M.aurantiaca	95.10	98.42	94.94	95.26	97.00	93.36	95.95	95.64	92.28	94.50	97.31	97.08	---	40/620
29. M.purpureochromogenes	94.77	93.66	94.61	93.34	93.82	94.14	93.06	92.90	94.05	93.38	93.50	93.83	93.55	---
30.M.mirobrigensis	93.25	94.37	93.73	92.77	93.73	99.04	94.03	93.40	92.93	94.35	93.89	94.97	93.06	93.87
31.M.chokoriensis	93.17	92.55	93.48	92.70	92.86	94.56	92.58	92.11	92.47	92.89	92.70	93.51	92.55	92.87
32.M.lupini	93.14	92.67	93.76	92.82	92.51	93.76	92.42	91.79	91.67	92.57	93.14	93.34	92.42	92.98
33.M.saelicesensis	93.85	92.74	93.85	92.90	93.22	94.31	92.90	92.43	92.30	93.21	93.22	93.83	92.91	92.55
34.M.zamorenensis	93.50	93.65	93.65	92.88	92.88	94.42	93.06	92.75	91.99	93.05	93.68	93.67	93.36	92.87
35.M.coxensis	96.69	94.95	96.69	95.58	96.53	94.63	95.32	96.14	94.06	97.09	95.43	96.59	95.33	94.61
36.M.inositola	94.14	93.50	94.77	93.98	94.45	93.81	93.37	93.85	94.35	93.53	93.34	94.16	93.55	96.03
37.M.citrea	94.60	94.29	95.08	94.44	94.76	94.29	93.38	94.18	93.08	94.02	94.13	93.83	94.19	94.44
38.M.echinospora	93.50	93.03	94.77	93.66	93.98	93.33	93.69	93.37	92.90	94.01	93.50	93.17	93.54	95.07
39.M.rosaria	94.85	94.52	94.85	93.88	94.52	93.88	94.83	94.83	92.75	94.18	94.52	95.13	94.19	93.88
40.M.olivasterospora	94.93	93.82	96.04	94.77	94.61	93.65	93.69	94.34	92.26	94.01	94.29	93.99	93.71	93.16
41.D.matsuzakiense	48.55	48.23	49.20	48.87	48.23	47.59	48.23	48.55	47.59	49.20	49.20	48.87	49.20	47.91

Çizelge 4.23 (devam). *Micromonospora* cinsine ait olan 13 test izolatu ve tip türlerinin *rpoB* gen bölgesi sekansına bağlı % benzerlik ve nükleoit sayısı farklılıkları

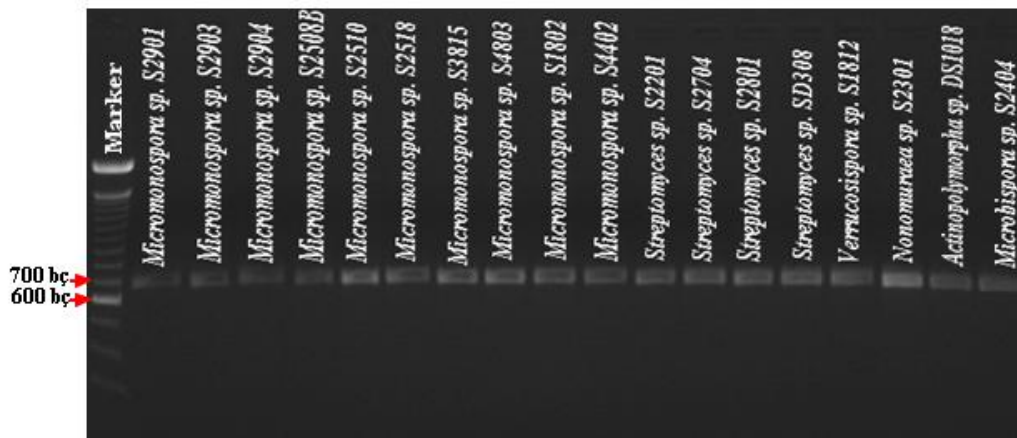
	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41
1. S2901	34/622	45/644	47/641	43/634	45/647	30/634	15/631	33/630	36/631	35/621	41/631	163/311
2. S2904	34/622	45/644	47/641	43/634	45/646	30/634	15/631	33/630	36/631	35/621	41/631	163/311
3. S2510	37/622	48/638	49/640	45/628	44/641	24/628	40/625	41/626	39/625	42/621	36/625	161/311
4.S3802	42/622	45/644	49/641	51/634	50/646	37/634	20/631	39/630	39/631	39/621	42/631	162/311
5. S2911	40/622	40/644	46/641	42/634	43/646	27/634	16/631	37/630	38/631	32/621	39/631	168/311
6. S2509	52/621	36/634	37/629	35/634	40/634	51/634	46/631	42/630	44/631	55/621	45/631	160/311
7. S2518	40/621	18/634	15/629	13/634	10/634	43/634	47/631	42/630	44/631	47/621	43/631	162/311
8. DS3010	51/622	37/644	38/641	41/634	43/649	52/634	53/631	42/630	52/631	54/621	43/631	164/311
9. S4605	36/622	39/644	39/641	37/634	36/647	23/634	36/631	16/630	28/631	27/621	22/631	155/311
10. S4803	37/622	40/644	45/641	46/634	45/646	34/634	17/631	38/630	38/631	36/621	40/631	162/311
11. DS3003	48/622	49/644	49/641	47/634	49/649	46/634	53/631	33/630	43/631	42/621	41/631	157/311
12. S2508B	65/622	59/644	62/641	57/634	58/647	64/634	62/631	51/630	43/631	62/621	51/631	162/311
13.P.siamensis	39/622	46/644	48/641	43/634	46/646	22/634	35/631	33/630	38/631	34/621	34/631	161/311
14.P.mayteni	60/622	51/644	57/641	54/634	52/646	56/634	54/631	43/630	41/631	48/621	41/631	156/311
15. P.endophytica	60/622	51/644	57/641	54/634	52/646	56/634	54/631	43/630	41/631	48/621	41/631	156/311
16.M.wenchangensis	42/622	44/644	44/641	39/634	42/646	21/634	37/631	34/630	41/631	32/621	32/631	160/311
17.M.marina	35/622	48/644	47/641	46/634	41/646	32/634	41/631	36/630	44/631	34/621	39/631	161/311
18.M.haikouensis	39/622	42/644	40/641	39/634	41/646	21/634	33/631	31/630	33/631	32/621	25/631	158/311
19.M.equina	45/622	47/644	46/641	45/634	46/646	28/634	38/631	35/630	40/631	38/621	33/631	159/311
20. M.chaiyaphumensis	39/622	46/644	48/641	43/634	46/646	22/634	35/631	33/630	38/631	34/621	34/631	161/311
21.M.siamensis	6/622	35/643	40/641	36/633	36/645	34/633	39/630	36/630	42/630	38/621	40/630	163/311
22.M.viridifaciens	37/620	46/620	47/620	44/620	43/620	29/620	41/618	41/619	39/618	32/619	39/618	161/311
23.M.eburnea	41/621	49/621	51/621	47/621	45/621	24/621	38/618	36/619	41/618	32/619	35/618	160/311
24.M.endolithica	44/622	47/624	52/624	48/623	50/624	37/623	35/620	43/621	44/620	45/621	48/620	163/311
25.M.halophytica	35/619	44/619	46/619	42/619	43/619	18/619	40/618	37/619	37/618	36/619	37/618	158/311
26. DS3186	38/622	47/644	44/641	43/634	41/649	29/634	42/631	37/630	41/631	34/621	36/631	158/311
27.M.auratinigra	31/616	40/616	41/616	38/616	39/616	21/616	36/616	38/616	42/615	30/616	37/616	159/311
28. M.aurantiaca	43/620	47/631	48/633	44/621	42/633	29/621	40/620	36/620	40/619	36/620	39/620	158/311
29. M.purpureochromogenes	38/620	45/631	44/627	47/631	45/631	34/631	25/629	35/629	31/629	38/621	43/629	162/311
30.M.mirobrigensis	---	38/622	43/622	39/621	39/622	32/621	39/618	35/619	39/618	41/619	40/618	162/311
31.M.chokoriensis	93.89	---	14/639	12/634	16/644	46/634	43/631	42/630	46/631	46/621	43/631	158/311
32.M.lupini	93.09	97.81	---	15/629	13/641	46/629	47/626	46/627	45/626	51/621	46/626	161/311
33.M.saelicesensis	93.72	98.11	97.62	---	12/634	44/634	44/631	41/630	44/631	48/621	43/631	159/311
34.M.zamorensis	93.73	97.52	97.97	98.11	---	44/634	44/631	40/630	43/631	48/621	44/631	160/311
35.M.coxensis	94.85	92.74	92.69	93.06	93.06	---	33/631	33/630	38/631	24/621	33/631	159/311
36.M.inositola	93.69	93.19	92.49	93.03	93.03	94.77	---	39/629	39/630	36/620	45/631	166/311
37.M.citrea	94.35	93.33	92.66	93.49	93.65	94.76	93.80	---	35/629	35/621	25/629	153/311
38.M.echinospora	93.04	92.71	92.81	93.03	93.19	93.98	93.81	94.44	---	38/620	39/630	159/310
39.M.rosaria	93.38	92.59	91.79	92.27	92.27	96.14	94.19	94.36	93.87	---	35/620	163/311
40.M.olivasterospora	93.53	93.19	92.65	93.19	93.03	94.77	92.87	96.03	93.81	94.35	---	158/311
41.D.matsuzakiense	47.91	49.20	48.23	48.87	48.55	48.87	46.62	50.80	48.71	47.59	49.20	---



Şekil 4.28. *Micromonospora* cinsine ait izole edilen suşların ve yakın ilişkili tip türlerinin *gyrB*, *rpoB* ve 16S rRNA gen bölgeleri dizilerinin birleştirilmesine dayalı filogenetik dendrogram. Neighbor joining algoritmasına göre çizilmiş ağaçta, % 50'nin üzerinde desteklenen dallanma noktaları için bootstrap değerleri verildi.

4.1.8 3-amino-5-hidroksibenzoik acid (AHBA) gen bölgesinin dejenere primerler ile çoğaltılması

Test izolatlarında AHBA gen bölgesinin varlığı, PZR amplifikasyonu sonucu belirlendi. Elde edilen PZR ürünlerine ait jel görüntülerine göre, farklı cins üyesi izolatların bazılarının AHBA gen kümesini içerdiği tespit edildi (Şekil 4.29). AHBA gen bölgesinin varlığı 10 tane *Micromonospora* cinsi üyesi izolatta, 4 tane *Streptomyces* cinsi üyesi izolatta, 1'er tanede *Verrucosipora*, *Nonomuraea*, *Actinopolyspora* ve *Microbispora* cinsi üyesi izotlarda belirlendi. Test izolatlarından hangisinin AHBA gen bölgesini içerdiği Çizelge 4.24'te verildi.



Şekil 4.29. Bazı izolatların AHBA gen bölgesinin PZR amplifikasyonları. Marker, Invitrogen 100 bç DNA Ladder.

Çizelge 4.24.Test izolatlarının AHBAgen bölgesi PZR amlifikasyonu

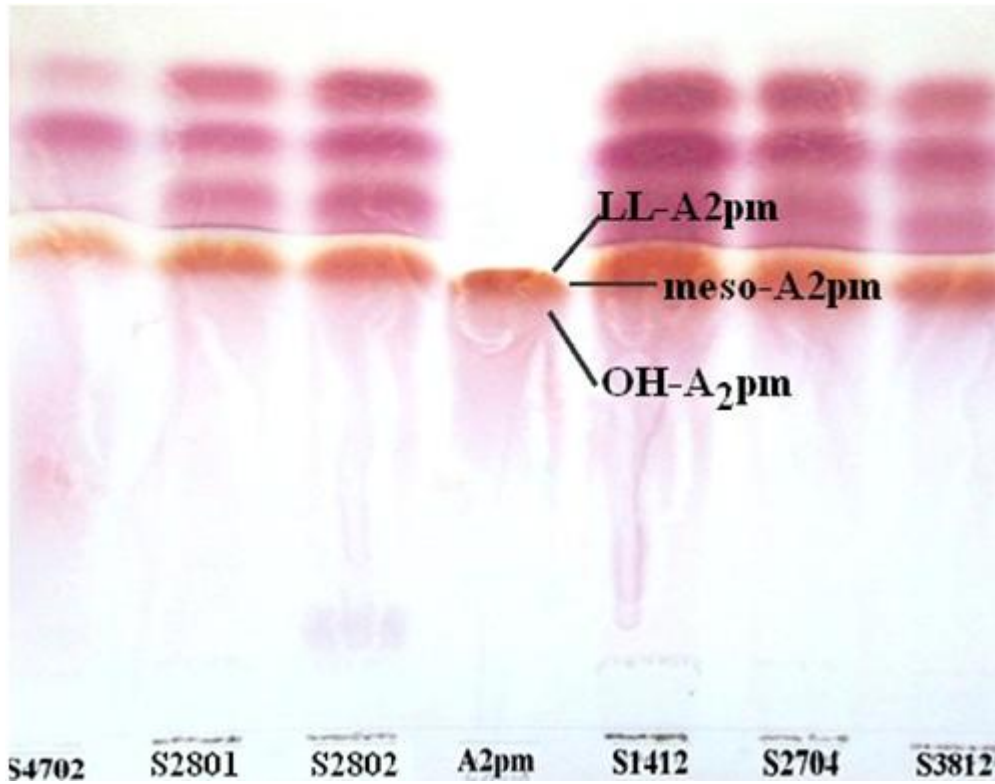
	İzolatlar	AHBA		İzolatlar	AHBA
1	<i>Micromonospora</i> sp. S2911	-	48	<i>Streptomyces</i> sp. S2802	-
2	<i>Micromonospora</i> sp. DS3010	-	49	<i>Streptomyces</i> sp. S3801	-
3	<i>Micromonospora</i> sp. S4401	-	50	<i>Streptomyces</i> sp. S3703	-
4	<i>Micromonospora</i> sp. S3806	-	51	<i>Streptomyces</i> sp. S2517	-
5	<i>Micromonospora</i> sp. DS3005	-	52	<i>Streptomyces</i> sp. S3812	-
6	<i>Micromonospora</i> sp. S4602	-	53	<i>Streptomyces</i> sp. SD308	+
7	<i>Micromonospora</i> sp. DS3012	-	54	<i>Streptomyces</i> sp. OD307	-
8	<i>Micromonospora</i> sp. S2518	+	55	<i>Streptomyces</i> sp. OD337	-
9	<i>Micromonospora</i> sp. S2509	-	56	<i>Streptomyces</i> sp. S1804	-
10	<i>Micromonospora</i> sp. S2903	+	57	<i>Streptomyces</i> sp. S4702	-
11	<i>Micromonospora</i> sp. S2904	+	58	<i>Streptomyces</i> sp. S2406	-
12	<i>Micromonospora</i> sp. S4605	-	59	<i>Streptomyces</i> sp. S1101	-
13	<i>Micromonospora</i> sp. S3802	-	60	<i>Streptomyces</i> sp. S1701	-
14	<i>Micromonospora</i> sp. S3815	+	61	<i>Streptomyces</i> sp. S1803	-
15	<i>Micromonospora</i> sp. S4606	-	62	<i>Streptomyces</i> sp. S2801	+
16	<i>Micromonospora</i> sp. S4404	-	63	<i>Saccharomonospora</i> sp. S1106	-
17	<i>Micromonospora</i> sp. S2516	-	64	<i>Saccharomonospora</i> sp. S1402	-
18	<i>Micromonospora</i> sp. S1602	-	65	<i>Saccharomonospora</i> sp. S1102	-
19	<i>Micromonospora</i> sp. S3502	-	66	<i>Saccharomonospora</i> sp. S2705	-
20	<i>Micromonospora</i> sp. DS3002	-	67	<i>Saccharomonospora</i> sp. DS3029	-
21	<i>Micromonospora</i> sp. S3301	-	68	<i>Saccharomonospora</i> sp. DS3030	-
22	<i>Micromonospora</i> sp. S1802	+	69	<i>Verrucosipora</i> sp. S2427	-
23	<i>Micromonospora</i> sp. S3807	-	70	<i>Verrucosipora</i> sp. OD175	-
24	<i>Micromonospora</i> sp. S2508B	+	71	<i>Verrucosipora</i> sp. S1812	+
25	<i>Micromonospora</i> sp. DS3003	-	72	<i>Verrucosipora</i> sp. S3810	-
26	<i>Micromonospora</i> sp. S2901	+	73	<i>Verrucosipora</i> sp. S2506	-
27	<i>Micromonospora</i> sp. S4803	+	74	<i>Nocardia</i> sp. S1503	-
28	<i>Micromonospora</i> sp. S2909	-	75	<i>Nocardia</i> sp. S1507	-
29	<i>Micromonospora</i> sp. S1510	-	76	<i>Nocardia</i> sp. S1508	-
30	<i>Micromonospora</i> sp. S4402	+	77	<i>Nocardia</i> sp. S1509	-
31	<i>Micromonospora</i> sp. DS3001	-	78	<i>Nocardia</i> sp. DS3007	-
32	<i>Micromonospora</i> sp. S2905	-	79	<i>Nonomuraea</i> sp. S2301	+
33	<i>Micromonospora</i> sp. S2510	+	80	<i>Nonomuraea</i> sp. S2402	-
34	<i>Micromonospora</i> sp. DS3186	-	81	<i>Nonomuraea</i> sp. S2405	-
35	<i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412	-	82	<i>Nonomuraea</i> sp. S3404	-
36	<i>Streptomyces klenkii</i> S2704	+	83	<i>Nonomuraea</i> sp. S3604	-
37	<i>Streptomyces</i> sp. S1103	-	84	<i>Actinomadura</i> sp. S1401	-
38	<i>Streptomyces</i> sp. S1108	-	85	<i>Actinomadura</i> sp. S1407	-
39	<i>Streptomyces</i> sp. S1301	-	86	<i>Actinomadura</i> sp. S2422	-
40	<i>Streptomyces</i> sp. S1109	-	87	<i>Actinomadura</i> sp. S3702	-
41	<i>Streptomyces</i> sp. S4703	-	88	<i>Actinopolymorpha</i> sp. S2503	-
42	<i>Streptomyces</i> sp. S2201	+	89	<i>Actinopolymorpha</i> sp. S3704	-
43	<i>Streptomyces</i> sp. S4403	-	90	<i>Actinopolymorpha</i> sp. DS1018	+
44	<i>Streptomyces</i> sp. S4601	-	91	<i>Plantactinospira</i> sp. S3408	-
45	<i>Streptomyces</i> sp. S1601	-	92	<i>Plantactinospira</i> sp. S2414	-
46	<i>Streptomyces</i> sp. S3501	-	93	<i>Microbispora</i> sp. S2404	+
47	<i>Streptomyces</i> sp. S3101	-			

4.1.9 Kemotaksonomik karakterizasyon

İzolatların, ait oldukları cinslerin karakteristik kimyasal özelliklerinin belirlenmesi için kemotaksonomik analizleri gerçekleştirildi. Bu analizler diaminopimelik asit, şeker, yağ asiti profili, polar lipidve menakinon analizlerini kapsamaktadır(Çizelge 4.30).

4.1.9.1 Diaminopimelik asit (DAP) analizi

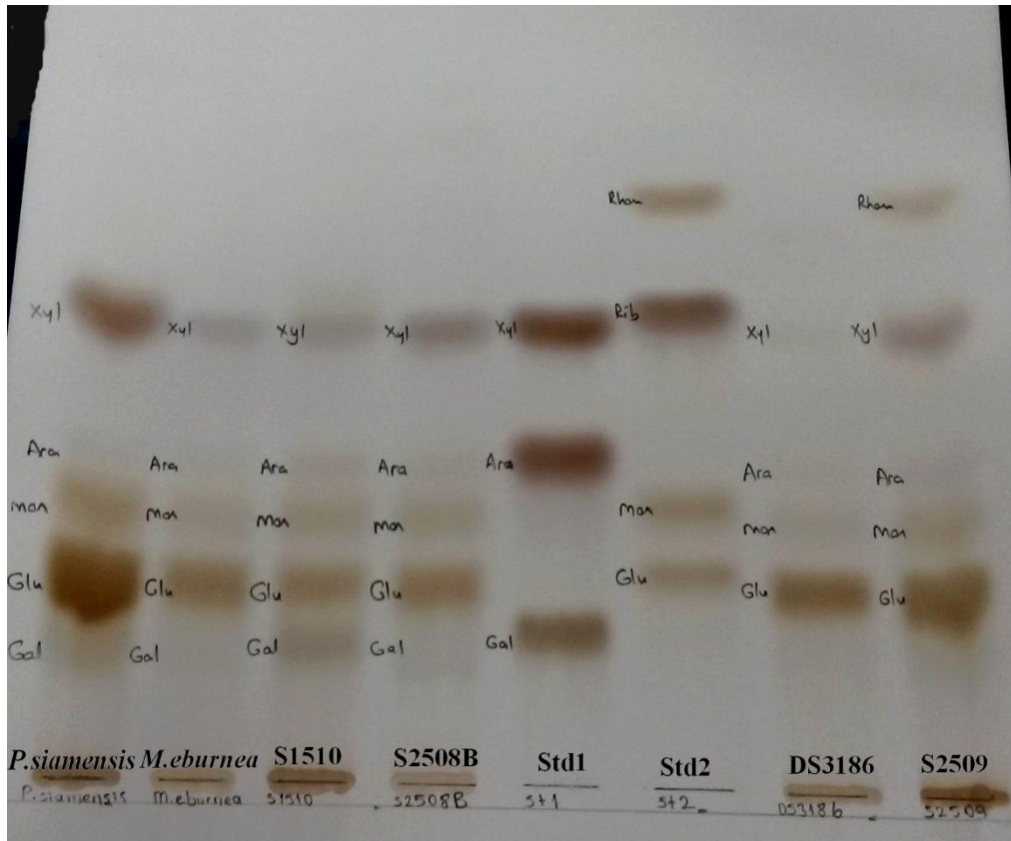
İzolatların kendi cinsine ait hücre duvarı kemotipine uygun olup olmadığının belirlenmesi için yapılan DAP analizinde, tek boyutlu ince tabaka kromatografisinde oluşan bantların pozisyonu standart A₂pm solüsyonu ile kıyaslandığında ilgili spotlar belirlendi. Şekilde *Streptomyces* cinsine ait izolatlarınLL-A₂pm içeriğinin görüldüğü tek boyutlu TLC kromatogramı verildi (Şekil 4.30).



Şekil 4.30. *Streptomyces* izolatlarının A₂pm izomerlerinin tek boyutlu ince tabaka kromatogramı. Standart : A₂pm(Diaminopimelik asit) -Sigma

4.1.9.2 Şeker analizi

Hücre duvarı kemotipi içerisinde ele alınan tüm hücre şeker profili, tek boyutlu ince tabaka kromatografisinde aktinomisetler için belirlenen yedi tane standart şekerle kıyaslanarak belirlendi. Şekilde görüldüğü gibi *Micromonospora* cinsine ait olan S1510 ve S2508B izolatlarının galaktoz, glikoz, arabinoz, mannoz ve ksiloz içerdiği belirlendi. Bu izolatlardan farklı olarak yine *Micromonospora* üyesi olan DS3186 izolatının glikoz, arabinoz, mannoz ve ksiloz içerdiği S2509 izolatının ise glikoz, arabinoz, mannoz, ksiloz ve ramnoz içerdiği belirlendi (Şekil 4.31).

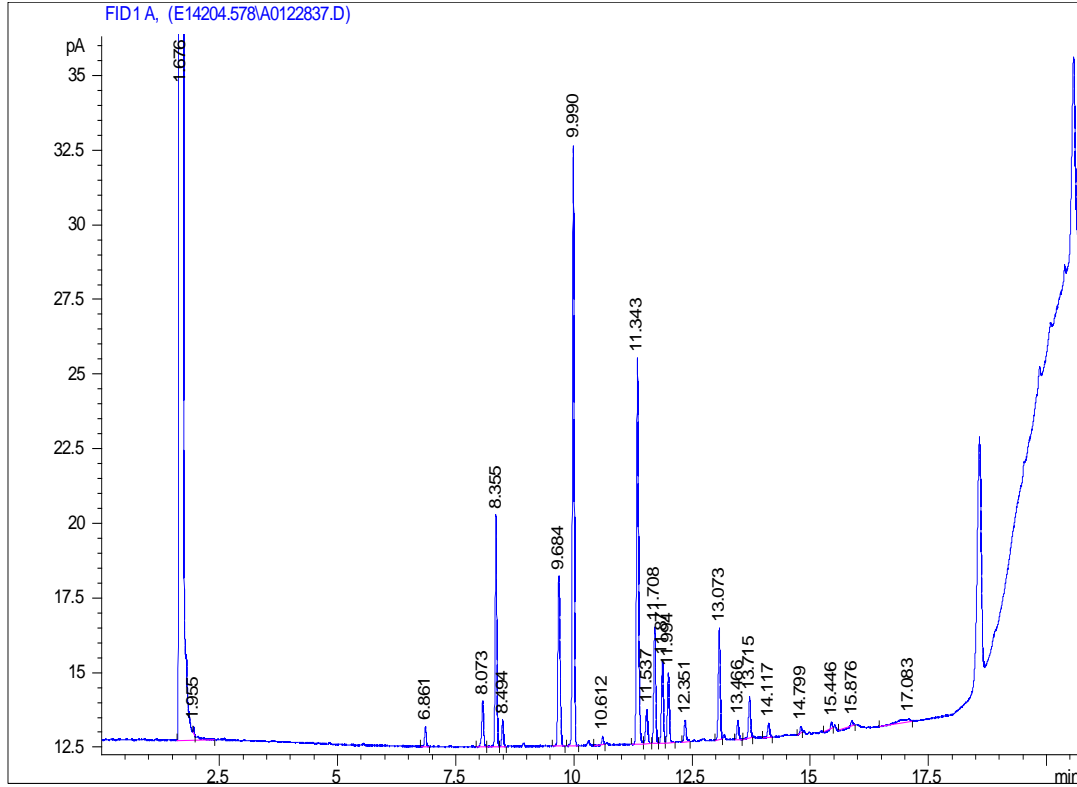


Şekil 4.31. *Micromonospora* cinsine ait olan bazı test izolatlarının ve tip türlerinin şeker profilinin tek boyutlu ince tabaka kromatogramı. Std 1: Gal; galaktoz; Ara; arabinoz; Xyl; ksiloz; Std 2: Glu; glikoz; Man, mannoz; Rib, riboz; Rham, ramnoz.

4.1.9.3 Yağ asiti

Gaz kromatografisi verilerine göre bazı test izolatların ve en yakın akraba tip türlerinin yağ asiti metil esteri profilleri Çizelge 4.25- 4.29'da verildi.

Çizelge 4.25.Yağ asiti profili *Micromonospora* sp. S4803



RT	Response	Ar/H	RFac	ECL	Peak Name	Perce	Comment1	Comment2
1.676	3.727E+8	0.026	----	7.009	SOLVENT PEAK	----	< min rt	
1.955	694	0.022	----	7.553		----	< min rt	
6.861	3142	0.037	0.972	13.61	14:0 ISO	0.87	ECL deviates -0.001	Reference -0.002
8.073	8475	0.042	0.954	14.44	15:1 ISO G	2.30	ECL deviates 0.000	
8.355	37913	0.038	0.950	14.62	15:0 ISO	10.24	ECL deviates 0.001	Reference 0.000
8.494	4582	0.040	0.949	14.71	15:0 ANTEISO	1.24	ECL deviates 0.001	Reference -0.001
9.684	36803	0.048	0.940	15.44	16:1 ISO G	9.83	ECL deviates 0.002	
9.990	104581	0.041	0.938	15.62	16:0 ISO	27.90	ECL deviates 0.001	Reference -0.001
10.61	1046	0.030	0.936	15.99	16:0	0.28	ECL deviates -0.002	Reference -0.004
11.34	76793	0.048	0.934	16.41	16:0 9? METHYL	20.39	ECL deviates 0.003	
11.53	7250	0.049	0.934	16.53	17:1 ANTEISO C	1.92	ECL deviates 0.006	
11.70	22363	0.045	0.934	16.62	17:0 ISO	5.93	ECL deviates 0.000	Reference -0.002
11.87	15486	0.045	0.933	16.72	17:0 ANTEISO	4.11	ECL deviates 0.001	Reference -0.001
11.99	13383	0.044	0.933	16.79	17:1 CIS 9	3.55	ECL deviates 0.002	
12.35	4450	0.048	0.933	16.99	17:0	1.18	ECL deviates -0.001	Reference -0.003
13.07	21697	0.045	0.933	17.40	17:0 10METHYL	5.75	ECL deviates -0.002	
13.46	3640	0.043	0.933	17.63	18:0 ISO	0.97	ECL deviates -0.001	Reference -0.004
13.71	8267	0.047	0.933	17.77	18:1 CIS 9	2.19	ECL deviates 0.003	
14.11	3015	0.044	0.933	17.99	18:0	0.80	ECL deviates -0.001	Reference -0.003
14.79	1008	0.037	0.934	18.38	TBSA 18:0	0.27	ECL deviates -0.004	
15.44	642	0.031	0.934	18.75	Sum In Feature 8	0.17	ECL deviates 0.000	unknown
15.87	411	0.025	0.934	19.00	19:0	0.11	ECL deviates 0.001	Reference -0.002
17.08	4015	0.244	----	19.69		----	> max ar/ht	
----	642	---	----	----	Summed Feature 8	0.17	unknown	19:1 CIS

Çizelge 4.26.Bazı *Micromonospora* izolatlarının yağ asiti profilleri.1. S1510; 2. S2508B; 3. DS3003; 4. S3502; 5. S3301; 6. S3807; 7. DS3002; 8. S2901; 9. S2903; 10. S4605; 11. S3802; 12. S2509;13. S2518; 14.S4602;15.S2911;16. S4404

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Saturated																
C _{14:0}	-	0.62	-	-	-	-	-	-	0.13	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:0}	2.20	2.15	0.74	-	-	0.50	0.51	0.24	0.38	-	0.26	0.29	0.74	0.40	0.33	1.29
C _{16:0}	1.14	3.69	0.42	0.86	1.54	1.66	2.41	0.44	0.91	0.71	0.32	0.37	0.88	2.04	0.42	0.51
C _{17:0}	9.50	11.20	0.68	1.22	3.12	6.45	8.40	0.32	0.52	1.57	1.98	1.48	4.78	3.35	1.50	3.24
C _{18:0}	1.25	2.57	-	2.33	3.41	2.47	5.29	0.27	0.73	1.13	0.90	0.87	0.64	2.22	1.45	-
C _{19:0}	0.82	-	-	-	0.42	-	0.64	-	-	0.49	0.39	-	-	-	0.30	-
Unsaturated																
C _{16:1} 2OH	4.41	-	2.74	-	-	-	-	0.15	0.20	-	-	0.45	-	-	1.93	-
C _{12:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	0.17	0.32	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:0} 3OH	-	1.54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.26	-	-
C _{15:1} B	-	-	-	-	-	-	-	0.12	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{16:1} cis 9	0.37	-	-	0.48	-	-	-	0.51	0.90	0.47	-	0.45	0.54	-	-	-
C _{17:1} cis 9	7.20	5.66	1.64	2.67	1.17	0.90	0.84	1.36	1.79	4.34	4.57	6.58	11.32	-	-	0.74
C _{18:1} cis 9	2.53	4.05	-	2.20	1.25	-	0.38	0.40	1.32	3.16	2.68	3.17	1.61	1.06	1.88	14.81
Branched														0.37	1.20	0.92
iso C _{12:0}	-	-	-	-	-	-	-	0.16	0.23	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{13:0}	-	-	0.25	-	-	-	-	0.30	0.23	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{14:0}	1.30	3.37	0.79	1.32	-	-	-	4.93	5.22	-	0.35	1.19	0.79	0.35	-	-
iso C _{15:0}	22.60	10.55	37.11	19.15	31.48	34.51	29.59	13.67	9.62	33.09	12.85	10.95	26.22	1.38	1.33	1.39
iso C _{16:0}	13.12	15.31	14.56	34.83	3.47	4.42	3.73	31.37	35.48	3.70	24.85	41.04	19.14	33.09	11.58	18.43
iso C _{17:0}	2.73	0.94	8.16	10.59	15.13	15.99	18.62	2.50	1.64	16.98	9.18	4.15	5.23	33.58	30.67	28.79
iso C _{18:0}	0.39	-	-	1.59	-	-	-	0.81	0.85	-	0.57	0.73	-	10.70	4.82	2.31
iso C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	0.46	0.38	1.81	-	-	-	0.75	0.73	-
iso C _{15:1} G	1.46	1.55	-	-	-	-	-	-	-	-	1.65	-	0.64	-	0.70	-
iso C _{16:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	0.16	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.26 (devam). Bazı *Micromonospora* izolatlarının yağ asiti profilleri. **1.** S1510; **2.** S2508B; **3.** DS3003; **4.** S3502; **5.** S3301; **6.** S3807; **7.** DS3002; **8.**S2901; **9.** S2903; **10.** S4605; **11.** S3802; **12.** S2509;**13.** S2518; **14.**S4602;**15.**S2911;**16.** S4404

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
<i>iso</i> C _{16:1} H	-	-	1.48	1.98	-	-	-	9.48	11.21	-	-	1.22	0.73	-	3.42	1.92
<i>iso</i> C _{16:1} G	2.38	4.66	-	-	-	-	-	-	-	0.64	6.06	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{18:1} H	-	-	-	-	-	-	-	0.32	0.39	-	-	-	-	-	0.87	-
<i>iso</i> C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	0.12	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{17:0} 2OH	-	0.36	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	-	-	-	-	-	-	0.14	0.16	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{15:0}	14.44	23.36	7.17	4.95	12.13	13.53	9.46	9.17	6.70	2.63	1.45	4.19	9.06	4.51	2.67	9.46
<i>anteiso</i> C _{17:0}	9.98	5.86	10.98	6.92	19.66	16.18	18.35	5.77	4.73	11.10	5.50	8.11	9.80	3.89	5.66	5.46
<i>anteiso</i> C _{15:1} A	0.38	0.92	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} A	1.15	1.14	-	-	-	-	-	-	-	1.95	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} C	-	-	-	0.60	1.16	-	-	3.70	3.19	-	1.65	0.82	1.13	-	1.81	0.79
C _{16:0} 9-methyl	-	-	2.85	5.45	5.04	1.94	1.36	9.00	6.56	13.20	18.91	4.65	4.29	0.93	13.94	3.00
C _{16:0} 10-methyl	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{17:0} 10-methyl	-	-	8.46	2.30	0.53	0.90	0.43	3.63	4.29	1.11	4.00	7.12	2.48	1.12	9.46	6.64
C _{18:0} 10-methyl	-	-	0.49	0.57	0.51	-	-	-	0.35	1.02	0.89	1.20	-	-	1.66	-

Çizelge 4.27.Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin yağ asiti profilleri.**1.** S4606; **2.** DS3010; **3.** DS3012; **4.** S3815; **5.** S4401; **6.**DS3186;**7.**S4803;**8.** S2510;**9.**DS3001;**10.** S4402; **11.** S2905; **12.** DS3005;**13.***M.auratinigra* DSM 44815^T; **14.***M.aurantiaca* DSM 43813^T;**15.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T;**16.** *M.coxensis* DSM 45161^T

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Saturated																
C _{14:0}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.34	-	-	-	-
C _{15:0}	0.60	1.05	0.77	0.56	0.50	0.60	-	4.32	0.59	1.64	-	0.63	0.73	0.50	-	-
C _{16:0}	0.53	1.06	1.71	1.13	1.45	0.57	0.28	1.17	1.50	0.80	0.73	3.37	0.94	1.74	0.60	0.73
C _{17:0}	1.47	2.58	7.33	2.75	5.11	2.44	1.18	-	9.13	5.08	-	7.13	8.49	5.86	0.54	0.46
C _{18:0}	0.63	1.35	2.70	1.10	1.36	0.53	0.80	0.92	4.14	-	1.17	6.12	2.81	3.29	1.42	1.01
C _{19:0}	-	-	0.51	-	-	-	0.11	-	0.85	-	-	0.47	1.22	0.53	-	-
Unsaturated																
C _{16:1} 2OH	-	-	-	-	-	0.43	-	-	-	-	1.42	-	-	-	5.49	2.61
C _{12:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{18:1} 2OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.37	-	-	-
C _{15:1} A	-	0.27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{16:1} <i>cis</i> 9	-	0.75	0.92	0.68	0.63	0.42	-	1.14	-	0.77	-	0.31	-	0.77	-	0.31
C _{17:1} <i>cis</i> 9	5.86	14.34	4.81	5.16	9.80	5.89	3.55	1.84	1.95	15.63	-	2.02	0.69	3.12	0.28	1.05
C _{18:1} <i>cis</i> 9	0.77	5.25	1.87	2.50	1.74	1.28	2.19	2.02	0.58	0.78	1.36	1.87	-	1.72	0.56	1.59
Branched																
<i>iso</i> C _{12:0}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{13:0}	-	0.26	-	-	-	0.25	-	-	-	-	-	0.26	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{14:0}	1.37	0.43	0.37	0.98	-	0.97	0.87	0.94	0.28	1.03	-	1.39	0.54	-	1.09	0.66
<i>iso</i> C _{15:0}	13.42	24.07	25.88	15.39	29.90	31.94	10.24	-	26.51	34.34	38.01	27.26	26.51	31.14	24.99	12.50
<i>iso</i> C _{16:0}	44.25	13.81	8.19	37.75	7.58	17.44	27.90	53.18	8.75	13.71	12.61	15.19	19.86	2.91	29.28	36.95
<i>iso</i> C _{17:0}	2.52	6.28	12.67	5.42	8.96	8.29	5.93	3.40	16.09	3.99	13.79	10.19	16.14	18.26	11.79	4.58
<i>iso</i> C _{18:0}	0.62	-	-	0.51	-	-	0.97	2.79	0.40	-	-	0.42	1.00	-	2.12	0.61
<i>iso</i> C _{15:1} F	-	0.31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{15:1} G	-	-	-	0.49	0.53	-	-	-	-	-	3.23	2.04	-	-	-	-

Çizelge 4.27 (devam). Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin yağ asiti profilleri. **1.** S4606; **2.** DS3010; **3.** DS3012; **4.** S3815; **5.** S4401; **6.** DS3186; **7.** S4803; **8.** S2510; **9.** DS3001; **10.** S4402; **11.** S2905; **12.** DS3005; **13.** *M.auratinigra* DSM 44815^T; **14.** *M.aurantiaca* DSM 43813^T; **15.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T; **16.** *M.coxensis* DSM 45161^T

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
<i>iso</i> C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.28
<i>iso</i> C _{15:1} G	-	-	-	-	-	0.39	2.30	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} H	2.47	0.85	-	2.18	-	2.12	-	4.97	-	0.71	-	-	-	-	0.82	2.99
<i>iso</i> C _{16:1} G	-	-	-	-	-	-	9.83	-	-	-	2.83	0.82	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{18:1} H	-	-	-	-	-	-	-	0.65	-	-	-	-	-	-	-	0.68
<i>iso</i> C _{15:0} 3OH	-	0.92	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{17:0} 2OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{15:0}	6.26	4.22	12.86	4.41	7.70	5.58	1.24	1.10	9.51	9.04	2.89	7.46	4.76	10.53	2.92	1.44
<i>anteiso</i> C _{17:0}	5.30	5.93	15.97	6.08	10.99	7.49	4.11	4.26	15.98	5.81	5.08	7.58	13.87	17.21	7.95	6.88
<i>anteiso</i> C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.43	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} C	0.51	0.89	0.28	0.85	1.59	1.41	1.92	0.68	-	1.11	1.41	-	-	-	0.35	1.73
C _{16:0} 9-methyl	2.86	10.29	2.16	6.43	9.56	7.49	20.39	6.14	1.75	4.63	13.20	2.36	0.74	2.08	3.98	13.92
C _{16:0} 10-methyl	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{17:0} 10-methyl	8.25	3.55	0.59	4.39	2.60	3.31	5.75	8.97	1.70	0.95	0.61	1.44	1.33	-	3.40	4.99
C _{18:0} 10-methyl	0.49	0.70	-	0.78	-	0.69	0.27	-	0.28	-	0.88	0.89	-	-	1.22	1.25

Çizelge 4.28.Bazı *Micromonosporatip* türlerinin yağ asiti profilleri.1.*M.chokoriensis* DSM 45160^T; 2.*M.coerulea* DSM 43143^T;3.*M.citre*a DSM 43903^T;4.*M.eburnea*NRRL-B 24761^T;5.*M.echinofusca* DSM 43913^T; 6. *M.equina* DSM 45644^T; 7.*M.haikouensis* DSM 45626^T;8.*M.halotolerans* DSM 45598^T;9.*M.halophytica* DSM 43171^T;10.*M.humi* DSM 45647^T; 11.*M.krabiensis* DSM 45344^T; 12.*M.lupini* DSM 44874^T;13.*M.matsumotoense* DSM 44100^T;14.*M.marina* DSM 45555^T;15.*M.maritima* DSM 45782^T;16.*M.mirobrigensis* DSM 44830^T

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Saturated																
C _{14:0}	-	0.36	-	-	0.23	0.43	0.51	-	-	0.25	-	-	0.37	-	-	-
C _{15:0}	3.31	0.75	0.48	1.78	1.23	1.40	0.65	0.30	-	3.13	0.45	0.46	0.50	1.55	0.38	3.61
C _{16:0}	1.36	2.44	1.75	1.14	2.44	2.28	3.41	0.53	0.46	2.13	1.28	3.00	1.56	4.56	0.73	1.53
C _{17:0}	17.21	3.57	2.05	7.29	4.66	5.14	5.25	0.83	-	12.64	1.64	3.91	1.37	9.14	2.36	11.53
C _{18:0}	0.91	5.06	2.72	1.98	1.69	2.12	5.58	0.34	0.44	0.99	0.95	2.47	1.78	3.43	0.77	3.24
C _{19:0}	-	0.92	0.47	0.62	0.24	0.31	0.38	-	-	-	-	-	0.29	-	0.21	2.62
Unsaturated																
C _{16:1} 2OH	-	3.13	-	-	-	0.62	-	0.40	0.32	-	-	-	-	-	0.94	-
C _{12:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.13
C _{18:1} 2OH	-	-	-	-	0.44	-	0.45	-	-	0.79	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.37
C _{16:1} cis 9	-	-	0.38	-	1.66	0.78	-	0.47	0.71	0.34	0.45	0.38	0.73	2.34	0.37	-
C _{17:1} cis 9	2.02	0.56	2.04	6.26	6.83	3.05	1.06	3.04	1.17	2.59	1.23	2.93	8.16	9.83	3.59	4.73
C _{18:1} cis 9	-	0.86	9.59	1.87	3.43	1.22	0.44	0.75	3.56	-	0.62	0.87	12.72	4.83	1.30	0.78
Branched																
iso C _{12:0}	-	-	-	-	-	-	-	0.22	-	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{13:0}	0.34	-	-	-	0.17	-	0.23	0.86	0.32	-	0.34	-	-	-	0.20	-
iso C _{14:0}	0.42	4.21	0.43	2.20	0.45	0.43	2.65	4.17	1.65	1.79	0.39	1.39	2.58	-	-	0.67
iso C _{15:0}	42.23	17.61	16.60	29.47	24.32	34.41	19.76	31.31	16.32	25.98	39.51	24.41	16.51	25.08	33.38	18.62
iso C _{16:0}	7.32	32.61	25.16	19.10	22.02	3.33	35.90	17.90	22.54	11.32	5.84	28.30	22.78	10.04	5.31	17.54
iso C _{17:0}	11.53	6.28	12.04	5.33	12.09	8.89	7.63	8.28	5.20	3.54	12.38	7.22	4.23	9.26	12.74	10.33
iso C _{18:0}	-	1.48	1.03	-	0.46	-	1.86	0.27	-	-	-	0.60	0.45	-	-	0.94
iso C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	1.53	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{15:1} G	-	0.43	-	-	-	-	-	0.39	-	-	-	1.28	-	-	-	-

Çizelge 4.28 (devam). Bazı tip türlerinin yağ asiti profilleri. **1.***M.chokoriensis* DSM 45160^T; **2.***M.coerulea* DSM 43143^T; **3.***M.citrea* DSM 43903^T; **4.***M.eburnea* NRRL-B 24761^T; **5.***M.echinofusca* DSM 43913^T; **6.** *M.equina* DSM 45644^T; **7.***M.haikouensis* DSM 45626^T; **8.***M.halotolerans* DSM 45598^T; **9.***M.halophytica* DSM 43171^T; **10.***M.humi* DSM 45647^T; **11.***M.krabiensis* DSM 45344^T; **12.***M.lupini* DSM 44874^T; **13.***M.matsumotoense* DSM 44100^T; **14.***M.marina* DSM 45555^T; **15.***M.maritima* DSM 45782^T; **16.***M.mirobrigensis* DSM 44830^T

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
<i>iso</i> C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{15:1} G	-	-	0.67	-	-	1.71	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	0.32	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} H	-	-	-	-	0.47	-	-	1.87	2.58	-	-	-	-	-	0.26	0.38
<i>iso</i> C _{16:1} G	-	0.88	4.07	-	-	0.52	-	-	-	-	-	0.83	7.50	-	-	-
<i>iso</i> C _{18:1} H	-	-	-	-	-	-	-	-	0.36	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{17:0} 2OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	-	-	-	-	-	-	0.20	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{15:0}	7.52	4.75	2.53	9.97	4.04	10.49	5.25	6.57	2.19	22.46	15.74	10.50	4.25	7.06	5.91	4.63
<i>anteiso</i> C _{17:0}	3.20	7.29	4.31	7.12	7.15	13.20	7.53	6.24	6.54	9.76	14.89	7.74	3.14	8.63	14.73	9.88
<i>anteiso</i> C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.26	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} C	-	0.32	0.58	-	0.34	1.49	-	2.02	3.03	0.41	-	0.45	-	-	1.69	-
C _{16:0} 9-methyl	0.66	2.93	6.06	1.41	4.81	4.40	0.73	9.36	26.64	0.71	-	1.88	6.10	2.52	12.63	3.47
C _{16:0} 10-methyl	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.30	-	-	-	-	-
C _{17:0} 10-methyl	1.96	1.88	3.78	3.73	0.60	2.62	0.72	2.07	3.08	0.81	1.68	1.38	2.08	-	1.53	3.52
C _{18:0} 10-methyl	-	0.82	1.88	0.74	-	0.82	-	0.31	0.68	-	0.54	-	0.37	-	0.60	0.69

Çizelge 4.29.Bazı *Micromonospora* tip türlerinin, *Plantactinospora* tip türlerinin ve *Streptomyces* izolatlarının ve tip türlerinin yağ asiti profilleri. **1.***M.narathiwatensis* NRRL B 24763^T; **2.***M.olivasterospora* DSM 43868^T; **3.***M.rifamycinica* DSM 44983^T; **4.***M.saelicesensis* DSM 44871^T; **5.***M.tulbaghiaie* DSM 45489^T; **6.***M.wenchangensis* DSM 45709^T; **7.***M.zamorensis* DSM 45600^T; **8.***P.endophytica* DSM 45387^T; **9.***P.mayteni* DSM 45238^T; **10.***P.siamensis* DSM 45559^T; **11.***S.hoynatensis* S1412^T; **12.***S.klenkii* S2704^T; **13.***S.specialis* DSM 41924^T; **14.** *S.hainanensis* DSM 41900^T

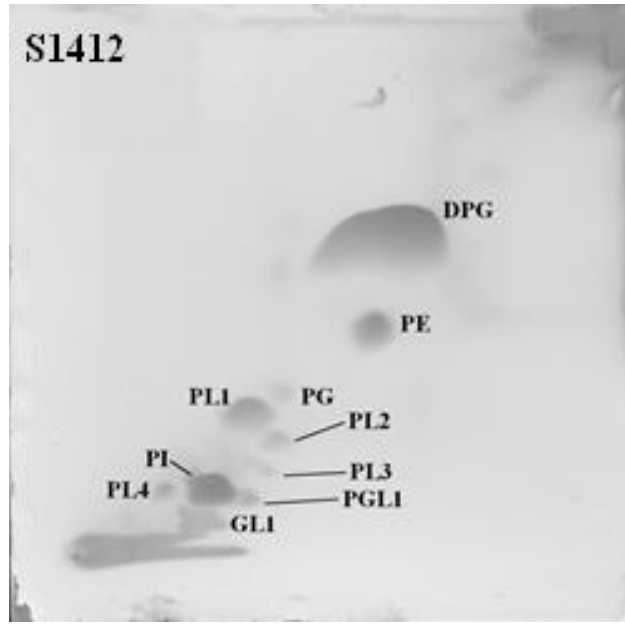
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Saturated														
C _{14:0}	-	-	0.57	-	-	1.05	-	-	-	-	-	-	-	0.33
C _{15:0}	1.43	-	0.51	1.04	-	0.65	0.36	0.57	1.30	0.78	1.96	-	-	3.29
C _{16:0}	1.37	3.24	2.93	1.50	1.73	2.95	0.73	1.26	0.96	0.65	1.62	0.45	0.71	6.82
C _{17:0}	4.74	1.21	1.26	3.39	1.93	0.97	2.24	4.80	12.75	3.82	0.73	0.10	-	1.91
C _{18:0}	1.16	3.30	2.17	1.29	2.73	1.76	0.78	3.94	1.84	0.83	-	0.06	-	-
C _{19:0}	0.34	-	-	0.44	-	-	-	1.10	1.09	0.66	-	-	-	-
Unsaturated														
C _{16:1} 2OH	3.75	0.81	-	0.37	0.47	-	-	2.04	1.59	0.58	-	-	-	-
C _{12:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{18:1} 2OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{15:1} B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
C _{16:1} cis 9	-	1.06	1.07	0.89	-	2.80	0.76	-	-	-	1.00	-	1.60	6.44
C _{17:1} cis 9	1.38	0.79	4.02	11.48	0.56	5.75	7.48	1.15	1.70	-	0.83	-	-	4.84
C _{18:1} cis 9	0.41	1.18	16.19	5.81	0.49	20.46	2.65	1.45	0.59	-	-	-	-	0.89
Branched														
iso C _{13:0}	-	-	-	-	-	-	0.31	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{14:0}	0.78	2.41	1.58	1.03	4.25	0.79	0.25	2.75	1.71	2.13	1.09	0.30	-	-
iso C _{15:0}	44.01	25.54	15.63	18.06	17.05	25.01	29.53	16.86	24.03	22.25	0.60	1.76	2.33	3.88
iso C _{16:0}	13.87	32.51	25.03	20.37	45.18	5.83	6.51	22.23	11.57	17.44	54.27	26.92	31.39	26.61
iso C _{17:0}	8.89	7.53	7.23	5.80	6.73	2.68	8.08	7.25	4.89	9.90	0.52	0.71	1.38	4.43
iso C _{18:0}	-	0.75	0.60	-	2.33	-	-	2.12	0.49	0.85	0.44	-	-	-
iso C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
iso C _{15:1} G	-	-	-	-	-	3.36	-	-	0.93	-	-	-	-	-

Çizelge 4.29 (devam). Bazı *Micromonospora* tip türlerinin, *Plantactinospora* tip türlerinin ve *Streptomyces* izolatlarının ve tip türlerinin yağ asiti profilleri. **1.***M.narathiwatensis* NRRL B 24763^T; **2.***M.olivasterospora* DSM 43868^T; **3.***M.rifamycinica* DSM 44983^T; **4.***M.saelicesensis* DSM 44871^T; **5.***M.tulbaghia* DSM 45489^T; **6.***M.wenchangensis* DSM 45709^T; **7.***M.zamorensis* DSM 45600^T; **8.***P.endophytica* DSM 45387^T; **9.***P.mayteni* DSM 45238^T; **10.***P.siamensis* DSM 45559^T; **11.***S.hoynatensis* S1412^T; **12.***S.klenkii* S2704^T; **13.***S.specialis* DSM 41924^T; **14.** *S. hainanensis* DSM 41900^T

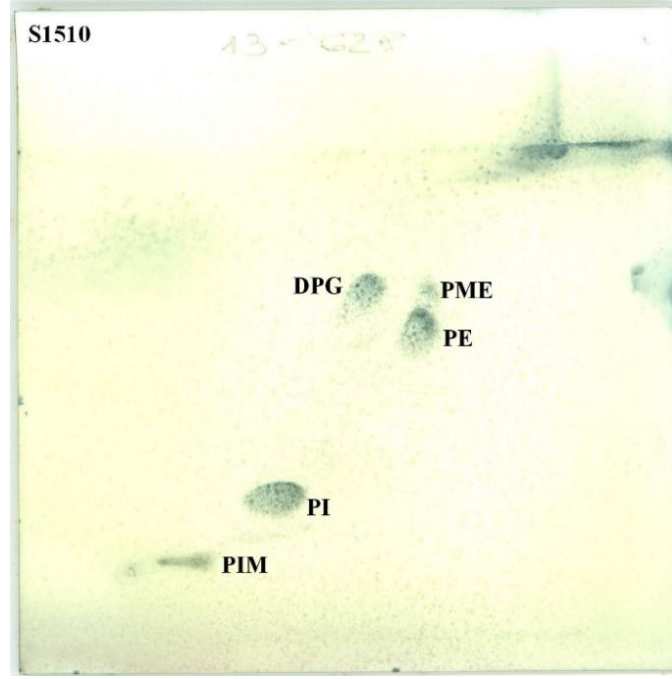
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
<i>iso</i> C _{15:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{15:1} G	-	-	0.37	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} F	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:1} H	-	1.76	-	1.32	0.33	-	0.42	-	-	-	13.57	4.81	7.89	1.24
<i>iso</i> C _{16:1} G	-	-	5.16	-	-	5.70	-	3.27	1.36	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{18:1} H	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.34	-	-	-
<i>iso</i> C _{15:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>iso</i> C _{16:0} 3OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1.33	-	-	-
<i>iso</i> C _{17:0} 2OH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{13:0}	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{15:0}	4.08	4.04	4.22	6.10	5.05	6.44	8.36	10.69	16.98	16.47	3.11	13.25	5.34	2.11
<i>anteiso</i> C _{17:0}	5.52	6.11	3.11	7.02	6.84	1.44	12.57	16.91	14.38	20.49	11.55	43.29	30.21	20.85
<i>anteiso</i> C _{15:1} A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} A	-	-	0.80	-	-	2.88	-	1.30	1.00	-	-	-	-	-
<i>anteiso</i> C _{17:1} C	-	0.67	-	0.78	-	-	2.31	-	-	-	4.75	5.58	14.34	4.91
C _{16:0} 9-methyl	2.84	4.07	4.67	5.40	1.71	-	13.53	-	-	-	0.48	0.27	2.23	4.93
C _{16:0} 10-methyl	-	-	-	-	-	5.41	-	-	-	1.03	-	-	-	-
C _{17:0} 10-methyl	4.36	0.92	2.16	5.03	1.29	1.03	2.15	-	-	2.12	0.53	-	0.51	0.58
C _{18:0} 10-methyl	1.01	0.88	0.73	1.26	0.47	2.19	0.77	-	-	-	-	-	-	1.90

4.1.9.4 Polar lipitlerin belirlenmesi

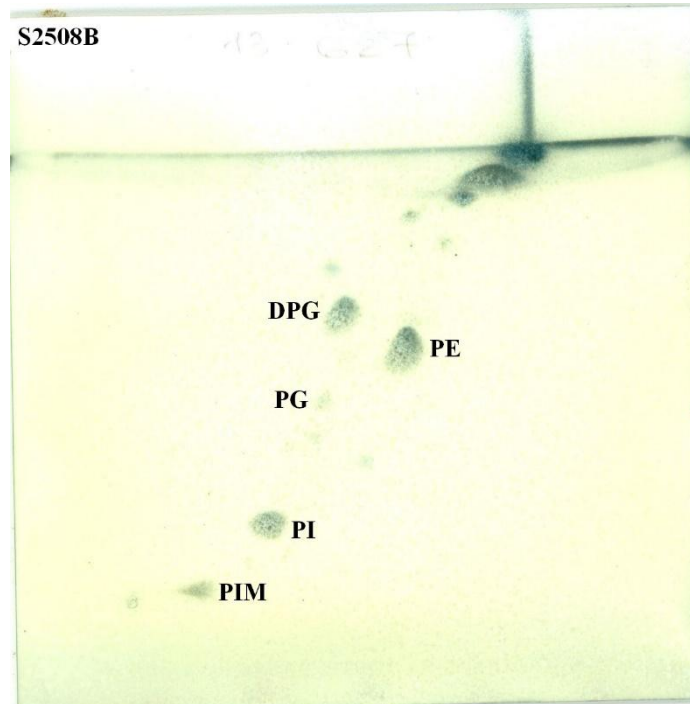
Şekil 4.32-4.35’de sırasıyla *Streptomyces hoynatensis* S1412^T, *Micromonospora* sp. S1510, *Micromonospora* sp. S2508B ve *Actinomadura* sp. S2422 suşlarının DSMZ firması tarafından gerçekleştirilen molibdofosforik asitle boyanmış tüm lipit profilleri görülmektedir. Şekil 4.36’te ise *Streptomyces klenkii* S2704^T izolatına ait molibdofosforik asit, molibden blue, anisaldehit, ninhidrin ve draggendorf ile spreyleneş polar lipit profillerinin TLC görüntüsü verildi. Amino grupları ninhidrin ile, fosfat grupları ise molibden blue ile boyanmaktadır.



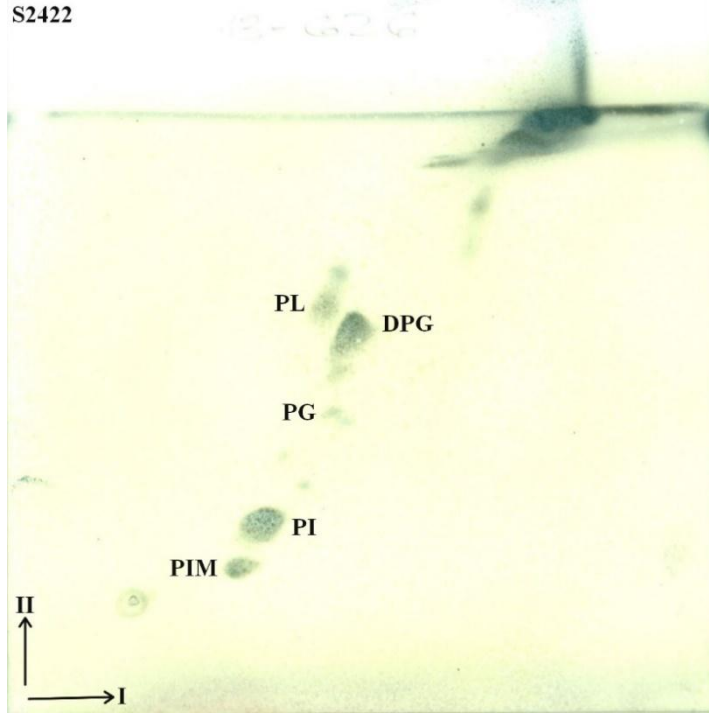
Şekil 4.32. *Streptomyces hoynatensis* S1412^T izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipit profilineş TLC görüntüsü. DPG, difosfatidilgliserol; PG, fosfatidilgliserol; PE, fosfatidiletanolamin; PI, fosfatidilinositol; PL1-4, fosfolipid; GL1, glikolipit; PGL1, fosfoglikolipit



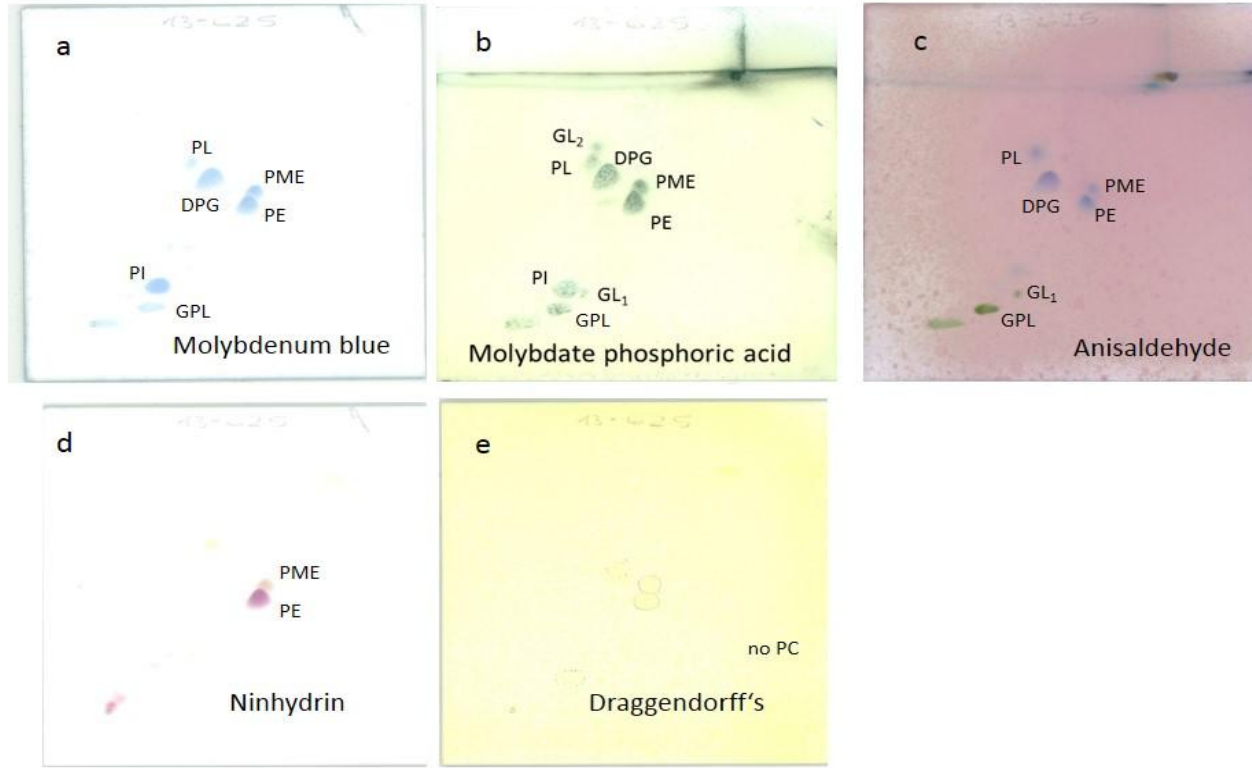
Şekil 4.33. *Micromonospora* sp. S1510 izolatına ait molibdofosforik asit ile spreylenmiş polar lipid profilinin TLC görüntüsü. DPG, difosfatidilgliserol; PME, fosfatidilmetil etanolamin; PE, fosfatidiletanolamin; PI, fosfatidilinositol; PIM, fosfatidilinozitolmannozit



Şekil 4.34. *Micromonospora* sp. S2508B izolatına ait molibdofosforik asit ile spreylenmiş polar lipid profilinin TLC görüntüsü. DPG, difosfatidilgliserol; PE, fosfatidiletanolamin; PG, fosfatidilgliserol; PI, fosfatidilinositol; PIM, fosfatidilinozitolmannozit



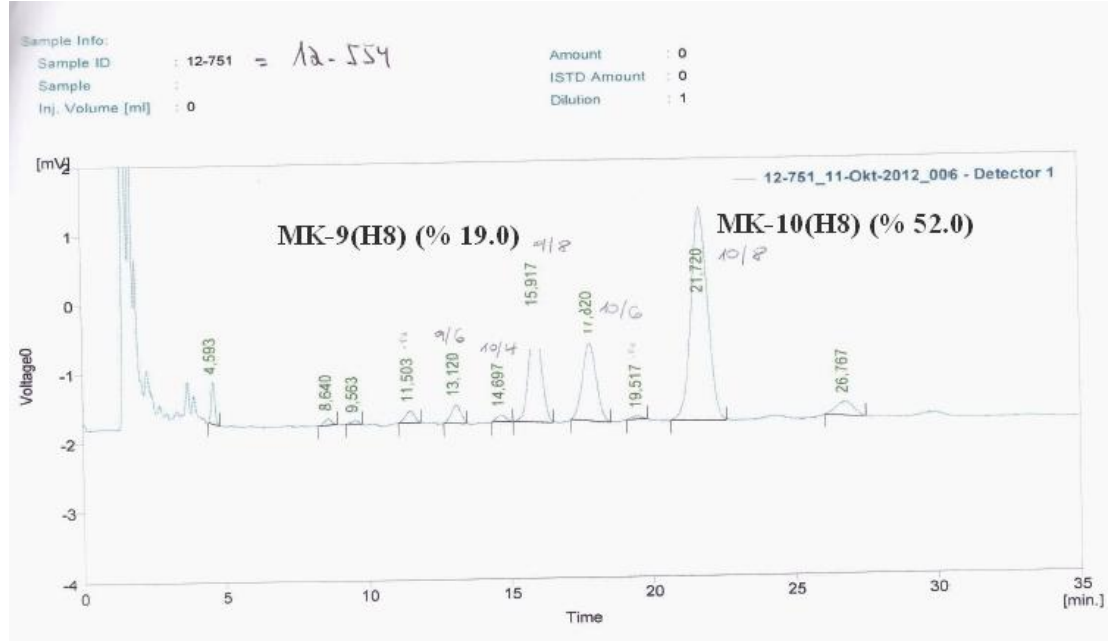
Şekil 4.35. *Actinomadura* sp. S2422 izolatına ait molibdofosforik asit ile spreyleneş polar lipid profilinin TLC görüntüsü. DPG, difosfatidilgliserol; PG, fosfatidilgliserol; PI, fosfatidilinositol; PIM, fosfatidilinozitolmannozit; PL, fosfolipit.



Şekil 4.36. *Streptomyces klenkii* S2704^T izolatına ait molibdofosforik asit, molibden blue, anisaldehit, ninhidrin ve draggendorff ile spreyleneş polar lipid profillerinin TLC görüntüsü. DPG, difosfatidilgliserol; PME, fosfatidimetil etanolamin; PE, fosfatidiletanolamin; PI, fosfatidilinositol; GPL, glikofosfolipit; PL, fosfolipit ve GL1-2, iki bilinmeyen glikolipit.

4.1.9.5 Menakinonlarının belirlenmesi

Bazı izolatların menakinonlarının belirlenmesi Almanya'nın Leibniz Institute DSMZ (German Collection of Microorganisms and Cell Cultures) firması tarafından gerçekleştirildi. Menakinonların belirlenmesiliteratür olarak Collins ve diğ. (1977) ve Tamaoka ve diğ. (1983)'e göre belirlendi. Bazı izolatlara ait menakinon profilleri Şekil 4.37- 4.41'de verildi.

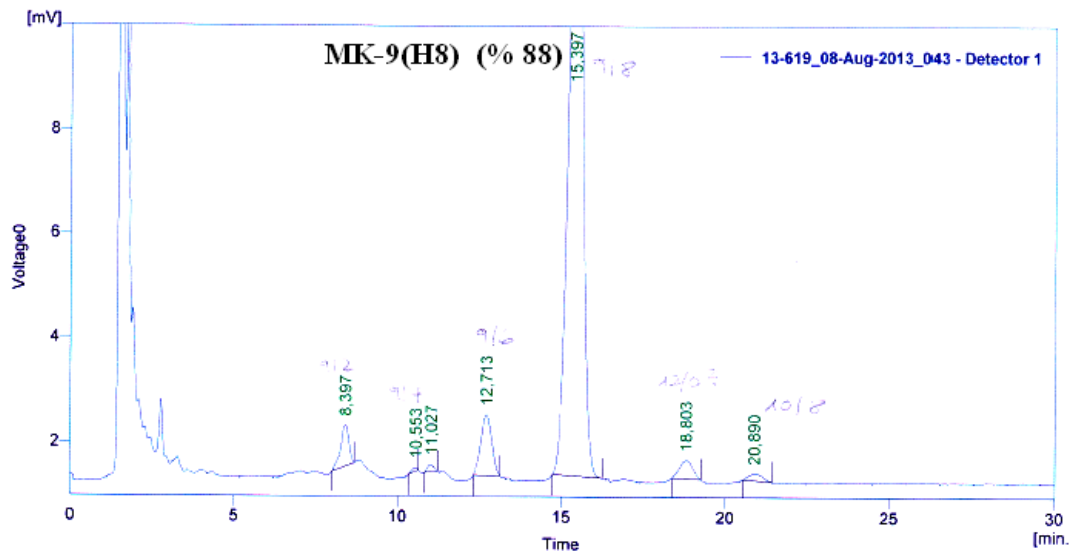


Result Table (Uncal - 12-751_11-Okt-2012_006 - Detector 1)

	Reten. Time [min]	Area [mV.s]	Height [mV]	Area [%]	Height [%]	W05 [min]
1	4,593	5,720	0,604	2,4	8,3	0,15
2	8,640	1,665	0,092	0,7	1,3	0,30
3	9,563	1,005	0,056	0,4	0,8	0,30
4	11,503	3,937	0,178	1,7	2,4	0,35
5	13,120	6,285	0,269	2,6	3,7	0,38
6	14,697	2,217	0,098	0,9	1,3	0,39
7	15,917	46,322	1,557	19,4	21,4	0,46
8	17,820	37,852	1,118	15,9	15,3	0,53
9	19,517	1,144	0,046	0,5	0,6	0,42
10	21,720	123,775	3,070	51,9	42,1	0,62
11	26,767	8,642	0,204	3,6	2,8	0,70
	Total	238,564	7,291	100,0	100,0	

Şekil 4.37. *Streptomyces hoynatensis* sp. nov. S1412^Ttürünün HPLC menakinon kromotogramı.

Sample Info:
 Sample ID : 13-619 Amount : 0
 Sample : ISTD Amount : 0
 Inj. Volume [ml] : 0 Dilution : 1

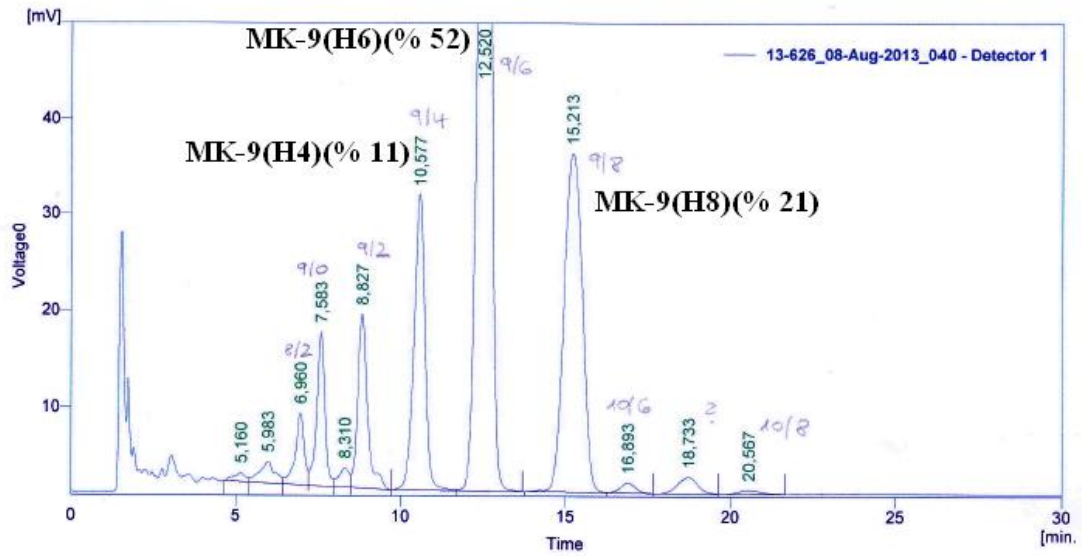


Result Table (Uncal - 13-619_08-Aug-2013_043 - Detector 1)

	Reten. Time [min]	Area [mV.s]	Height [mV]	Area [%]	Height [%]	W05 [min]
1	8,397	9,044	0,520	2,9	4,6	0,26
2	10,553	0,587	0,049	0,2	0,4	0,18
3	11,027	1,344	0,087	0,4	0,9	0,23
4	12,713	18,026	0,778	5,8	6,9	0,37
5	15,397	270,958	9,551	87,6	84,4	0,44
6	18,803	6,673	0,232	2,2	2,1	0,48
7	20,890	2,684	0,087	0,9	0,8	0,51
	Total	309,315	11,313	100,0	100,0	

Şekil 4.38. *Streptomyces* sp. S4702 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.

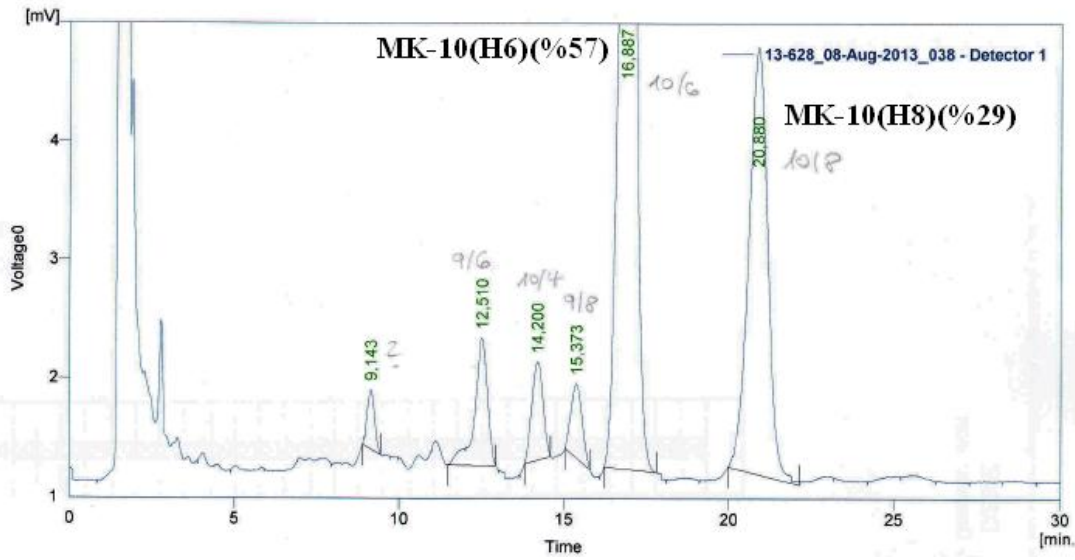
Sample Info:
 Sample ID : 13-626 Amount : 0
 Sample : ISTD Amount : 0
 Inj. Volume [ml] : 0 Dilution : 1



Result Table (Uncal - 13-626_08-Aug-2013_040 - Detector 1)

	Reten. Time [min]	Area [mV.s]	Height [mV]	Area [%]	Height [%]	W05 [min]
1	5,160	15,795	0,642	0,4	0,4	0,48
2	5,983	48,034	1,489	1,1	0,9	0,45
3	6,960	93,675	4,963	2,2	2,9	0,26
4	7,583	185,800	10,606	4,3	6,2	0,25
5	8,310	29,211	1,346	0,7	0,8	0,40
6	8,827	250,218	11,968	5,8	7,0	0,29
7	10,577	475,044	20,449	11,0	11,9	0,35
8	12,520	2248,734	94,320	51,9	55,0	0,37
9	15,213	901,322	23,453	20,8	13,7	0,62
10	16,893	23,036	0,710	0,5	0,4	0,49
11	18,733	49,241	1,143	1,1	0,7	0,67
12	20,567	12,863	0,267	0,3	0,2	0,70
	Total	4332,993	171,356	100,0	100,0	

Şekil 4.39. Actinomadurasp. S2422 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.



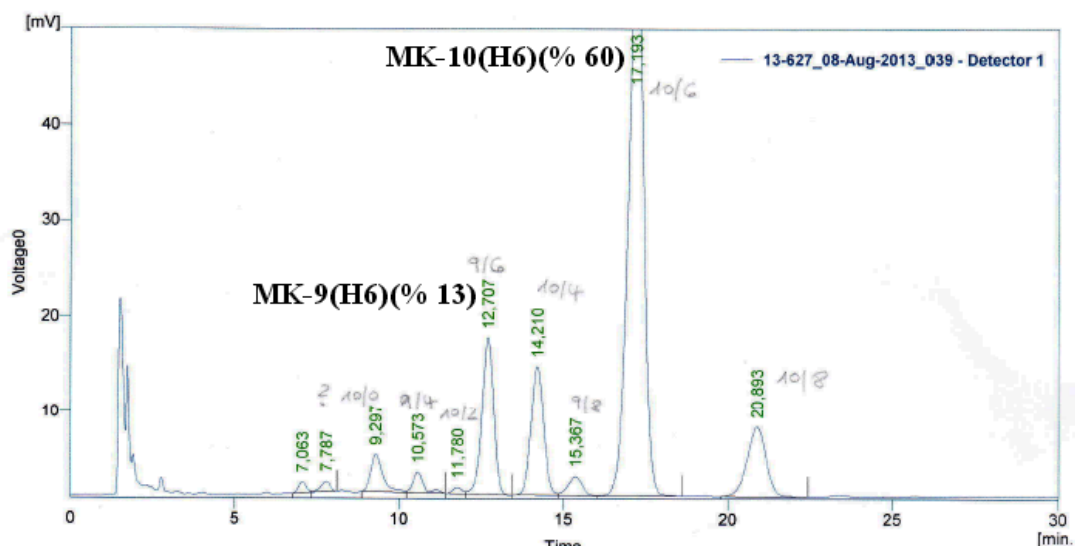
Result Table (Uncal - 13-628_08-Aug-2013_038 - Detector 1)

	Reten. Time [min]	Area [mV.s]	Height [mV]	Area [%]	Height [%]	W05 [min]
1	9,143	5,267	0,332	1,6	3,1	0,26
2	12,510	19,375	0,714	5,8	6,8	0,37
3	14,200	12,992	0,549	3,9	5,2	0,39
4	15,373	9,727	0,415	2,9	3,9	0,39
5	16,887	193,037	6,158	57,3	58,3	0,49
6	20,880	96,297	2,402	28,6	22,7	0,62
	Total	336,695	10,570	100,0	100,0	

Şekil 4.40. *Micromonospora* sp. S1510 izolatının HPLC menakinon kromotogramı.

Sample Info:
 Sample ID : 13-627 S2508B
 Sample :
 Inj. Volume [ml] : 0

Amount : 0
 ISTD Amount : 0
 Dilution : 1



Result Table (Uncal - 13-627_08-Aug-2013_039 - Detector 1)

	Reten. Time [min]	Area [mV.s]	Height [mV]	Area [%]	Height [%]	W05 [min]
1	7.063	12,056	0.761	0,6	1,1	0,24
2	7.787	13,967	0.722	0,7	1,0	0,29
3	9.297	65,988	2,585	3,1	3,7	0,36
4	10.573	31,598	1,403	1,5	2,0	0,31
5	11.780	8,594	0.426	0,4	0,6	0,34
6	12.707	271,205	10,980	12,7	15,6	0,38
7	14.210	243,153	9,021	11,4	12,8	0,42
8	15.367	40,084	1,325	1,9	1,9	0,47
9	17.193	1254,303	38,528	58,7	54,6	0,50
10	20.893	194,771	4,848	9,1	6,9	0,61
	Total	2135,719	70,599	100,0	100,0	

Şekil 4.41. *Micromonospora* sp. S2508Bizolatının HPLC menakinon kromotogramı.

Çizelge 4.30. Analizi yapılan bazı test izolatlarının kemotaksonomik özellikleri

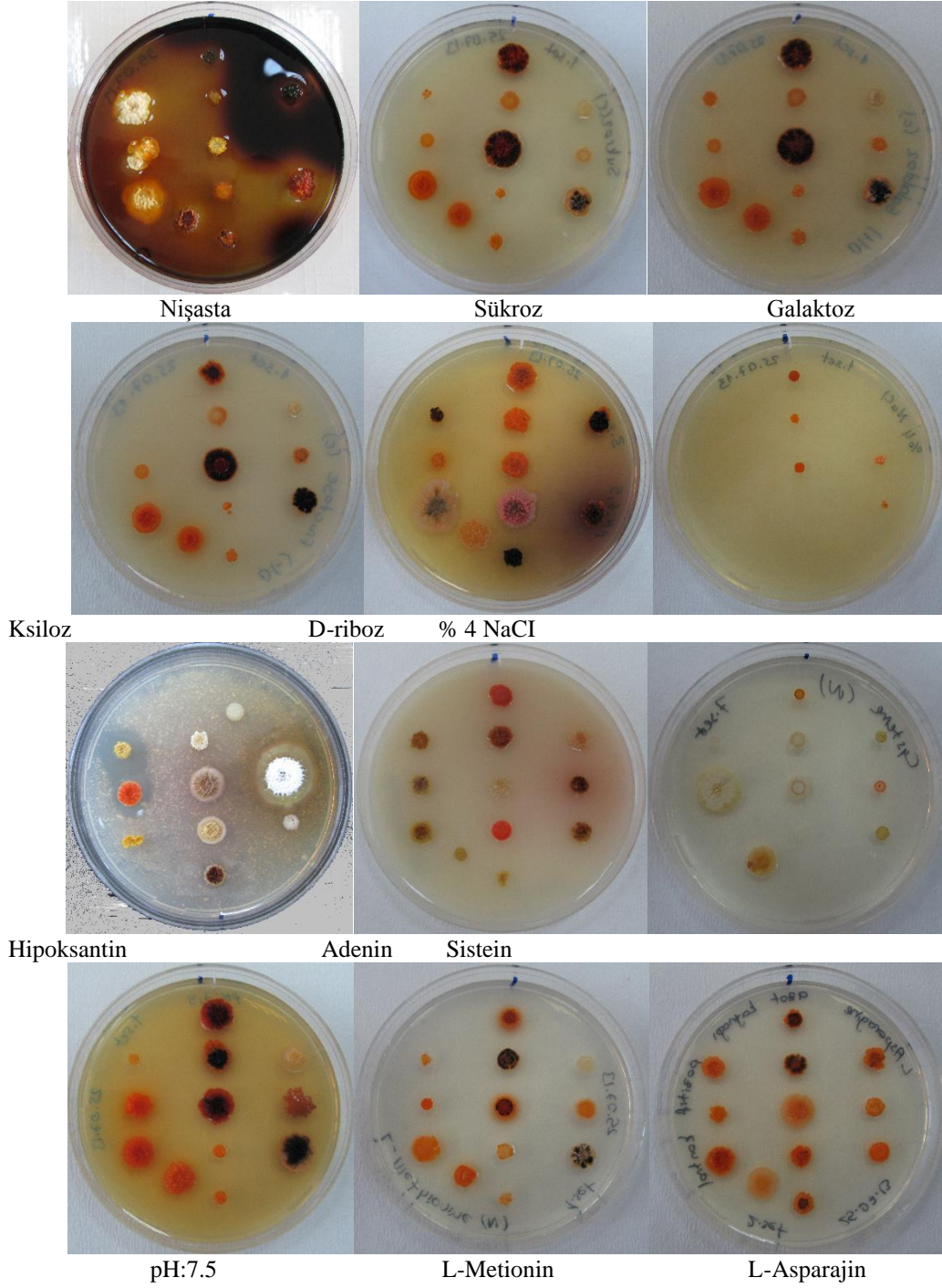
	DAP	Şeker	Majör Yağ Asitleri	Polar Lipitler	Baskın Menakinonlar*
<i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T	LL-A _{2pm}	Galaktoz, glikoz, ksiloz	<i>iso</i> -C _{16:0} , <i>iso</i> -C _{16:1H} , <i>anteiso</i> -C _{17:0}	DPG, PE, PG, PI, GL, PGL, PL1-4	MK-10(H ₈), MK-9(H ₈), MK-10(H ₆)
<i>Streptomyces klenkii</i> S2704 ^T	LL-A _{2pm}	Glikoz, mannoz, riboz	<i>anteiso</i> -C _{17:0} , <i>iso</i> -C _{16:0} , <i>anteiso</i> -C _{15:0}	PE, PME, DPG, PI, GPL, PL, GL	MK-9(H ₈), MK-10(H ₆)
<i>Streptomyces</i> sp. S4702	LL-A _{2pm}	Glikoz, riboz	<i>anteiso</i> -C _{15:0} , <i>iso</i> -C _{15:0} , <i>iso</i> -C _{16:0}	PE, DPG, PI, PIM	MK-9(H ₈)
<i>Streptomyces</i> sp. S3812	LL-A _{2pm}	Glikoz, riboz	<i>iso</i> -C _{15:0} , <i>anteiso</i> -C _{15:0} , C _{16:0}	PE, PME, PG, DPG, PI, PL, GL	MK-9(H ₈)
<i>Micromonospora</i> sp. S1510	mezo-A _{2pm}	Glikoz, galaktoz, mannoz, ksiloz, arabinoz	<i>iso</i> -C _{15:0} , <i>iso</i> -C _{16:0} , <i>anteiso</i> -C _{15:0}	PE, PME, DPG, PI, PIM, GL	MK-10(H ₆), MK-10(H ₈),
<i>Micromonospora</i> sp. S2508B	mezo-A _{2pm}	Glikoz, galaktoz, mannoz, ksiloz, arabinoz	C _{17:0} , <i>iso</i> -C _{15:0} , <i>iso</i> -C _{16:0} , <i>anteiso</i> -C _{15:0}	PE, DPG, PI, PIM, PG, GL	MK-10(H ₆), MK 9(H ₆), MK-10(H ₄)
<i>Actinomadura</i> sp. S2422	mezo-A _{2pm}	Glikoz, riboz	C _{16:0} , C _{18:1ω9c} , 10- methyl-C _{18:0}	DPG, PI, PIM, PL, PG	MK-9(H ₆), MK-9(H ₈) MK-9(H ₄)

* Menakinon değerleri % 10'dan büyük olanlar baskın menakinon olarak alındı. Yağ asiti değerleri 10'dan büyük olanlar alındı.

PE: Fosfatidiletanolamin; **PME:** Fosfatidilmetiletanolamin; **DPG:** Difosfatidilgliserol; **PI:** Fosfatidilinozitol; **PIM:** Fosfatidilinozitol mannoz; **PL:** Fosfolipit; **GL:** Glikolipit; **PG:** Fosfatidilgliserol; **GPL:** Glikofosfolipit.

4.1.10 Fenotipik karakterizasyon

16S rRNA dizi benzerliđi verileri ve filogenetik pozisyonuna gore yeni tur olma ihtimali yuksek olan test izolatları ve en yakın tip turleri 85 birim karakter uzerinden fenotipik deđerlendirmeye tabi tutuldu. Test seimleri, izolatlar arasındaki morfolojik, besinsel, biyokimyasal ve fizyolojik farklılıkları en iyi gosterecek şekilde yapıldı. Bazı izolatların fenotipik testlerin uygulandıđı petri goruntuleri **Şekil 4.42**'de verildi. Azot ve karbon kaynađında gelişim testleri negatif ve pozitif kontrol petrileri ile mukayese edilerek belirlendi. Biyokimyasal testler yapılırken 5ml'lik yatık agarlar halinde kucuk deney tupleri hazırlandı. İzolatların ekimi yapıldı ve ortamın renk deđerışimine gore pozitif ve negatif olarak deđerlendirildi. Bazı izolatların ve tip turlerinin fenotipik zellikleri **Çizelge 4.31-4.40**'da verildi.



Şekil 4.42.Bazı izolatların karbon, azot kaynağı ve degradasyon testleri

Çizelge 4.31.Bazı *Micromonospora* izolatlarının temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** S1510; **2.** S2508B; **3.** DS3003; **4.** S3502; **5.** S3301; **6.** S1802; **7.** S3807; **8.** DS3002; **9.** S2901; **10.** S2903; **11.** S2904; **12.** S4605; **13.** S3802; **14.** S2909; **15.** S2509; **16.** S2518; **17.** S4602; **18.** S2911; **19.** S4404; **20.** S4606

	% 1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Karbon Kaynakları																				
1	Adonitol	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	L-arabinoz	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	D-arabinoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+
4	D-sellobioz	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	D-fruktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
6	D-sorbitol	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	D-galaktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8	D-mannoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9	D-Mannitol	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+
10	Dekstrin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
11	Dekstran	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	İnulin	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+
13	L-sorboz	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	L-ramnoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+
15	Laktoz	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
16	L-glutamat	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	Maltoz	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
18	mezo-inositol	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19	Süksinik asit (% 0.1 w/v)	+	+	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
20	Sükroz (Sakkaroz)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
21	Ksilitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	Ksiloz	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+
23	D-riboz	-	-	-	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-

Çizelge 4.31 (devam).Bazı *Micromonospora* izolatlarının temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** S1510; **2.** S2508B; **3.** DS3003; **4.** S3502; **5.** S3301; **6.** S1802; **7.** S3807; **8.** DS3002; **9.** S2901; **10.** S2903; **11.** S2904; **12.** S4605; **13.** S3802; **14.** S2909; **15.** S2509; **16.** S2518; **17.** S4602; **18.** S2911; **19.** S4404; **20.** S4606

	% 0,1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
	Temel Azot Kaynakları																					
1	Alfa-iso-lösin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	D-fenilalanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Glisin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
4	L-alanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	L-arginin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6	L-asparajin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7	L-sistein	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8	L-histidin	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	L-hidroksiprolin	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-
10	L-metionin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-
11	L- fenilalanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+
12	L-prolin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
13	L-serin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
14	L-treonin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
15	L-valin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
16	L-tyrosin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
	Degradasyon Testleri (w/v)																					
1	Adenin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	Kazein (% 1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	Hipoksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Niştasta (% 1)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	Jelatin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	Guanin (% 0.05)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	Tween 40 (% 1)	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-
8	Tween 80 (% 1)	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-
9	Ksantin(% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	Ksilan (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.32.Bazı *Micromonospora* izolatlarının hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** S1510; **2.** S2508B; **3.** DS3003; **4.** S3502; **5.** S3301; **6.** S1802; **7.** S3807; **8.** DS3002; **9.** S2901; **10.** S2903; **11.** S2904; **12.** S4605; **13.** S3802; **14.** S2909; **15.** S2509; **16.** S2518; **17.** S4602; **18.** S2911; **19.** S4404; **20.** S4606

	Biyokimyasal Testler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	Aeskulin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	Arbutin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Allantoin hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Nitrat reduksiyonu	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-
5.	Üre hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	pH toleransı																					
1.	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	5	-	-	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-
3.	6	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
4.	6.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	7	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6.	7.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7.	8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8.	8.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9.	9	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
11.	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
12.	11	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-
	Sıcaklık																					
1.	4 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2.	10°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3.	20°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4.	28 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5.	37 °C	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-
6.	40 °C	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-
7.	45 °C	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
8.	50 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9.	55 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.32 (devam). Bazı *Micromonospora* izolatlarının hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; . **1.** S1510; **2.** S2508B; **3.** DS3003; **4.** S3502; **5.** S3301; **6.** S1802; **7.** S3807; **8.** DS3002; **9.** S2901; **10.** S2903; **11.** S2904; **12.** S4605; **13.** S3802; **14.** S2909; **15.** S2509; **16.** S2518; **17.** S4602; **18.** S2911; **19.** S4404; **20.** S4606

	NaCl (% w/v)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	0	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	1	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+
3	2	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-
4	3	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
5	4	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.33.Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** DS3010; **2.** DS3012; **3.** S3815; **4.** S4401; **5.** S3806; **6.** DS3005; **7.** S4402; **8.** S2510; **9.** S1602; **10.** S2516**11.** S2905 **12.** DS3001; **13.** DS3186; **14.** S4803; **15.** *M.auratinigra* DSM 44815^T; **16.** *M.aurantiaca* DSM 43813^T; **17.** *M.chokoriensis* DSM 45160^T; **18.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T; **19.** *M.coxensis* DSM 45161^T; **20.** *M.citreata* DSM 43903^T

	% 1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Karbon Kaynakları																				
1	Adonitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
2	L-arabinoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
3	D-arabinoz	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	+
4	D-sellobioz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	D-fruktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
6	D-sorbitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	D-galaktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8	D-mannoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9	D-Mannitol	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
10	Dekstrin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
11	Dekstran	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	İnulin	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
13	L-sorboz	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	L-ramnoz	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-
15	Laktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
16	L-glutamat	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	Maltoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
18	mezo-inositol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
19	Süksinik asit (% 0.1 w/v)	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+
20	Sükroz (Sakkaroz)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
21	Ksilitol	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
22	Ksiloz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
23	D-riboz	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

Çizelge 4.33 (devam).Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** DS3010; **2.** DS3012; **3.** S3815; **4.** S4401; **5.** S3806; **6.** DS3005; **7.** S4402; **8.** S2510; **9.** S1602; **10.** S2516; **11.** S2905; **12.** DS3001; **13.** DS3186; **14.** S4803; **15.** *M.auratinigra* DSM 44815^T; **16.** *M.aurantiaca* DSM 43813^T; **17.** *M.chokoriensis* DSM 45160^T; **18.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T; **19.** *M.coxensis* DSM 45161^T; **20.** *M.citreus* DSM 43903^T

	% 0,1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Azot Kaynakları																				
1	Alfa-iso-lösin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+
2	D-fenilalanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
3	Glisin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
4	L-alanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	L-arginin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6	L-asparajin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7	L-sistein	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8	L-histidin	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-
9	L-hidroksiprolin	-	+	+	+	-	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
10	L-metionin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+
11	L- fenilalanin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+
12	L-prolin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
13	L-serin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
14	L-treonin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
15	L-valin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
16	L-tyrosin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
	Degradasyon Testleri (w/v)																				
1	Adenin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	Kazein (% 1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-
3	Hipoksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Nişasta (% 1)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+
5	Jelatin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	Guanin (% 0.05)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	Tween 40 (% 1)	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+
8	Tween 80 (% 1)	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+
9	Ksantin(% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	Ksilan (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.34.Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri;**1.** DS3010; **2.** DS3012; **3.** S3815; **4.** S4401; **5.** S3806; **6.** DS3005; **7.** S4402; **8.** S2510; **9.** S1602; **10.** S2516;**11.** S2905; **12.** DS3001; **13.** DS3186; **14.** S4803; **15.***M.auratinigra* DSM 44815^T; **16.** *M.aurantiaca* DSM 43813^T; **17.***M.chokoriensis* DSM 45160^T; **18.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T; **19.** *M.coxensis* DSM 45161^T;**20.***M.citre*a DSM 43903^T

	Biyokimyasal Testler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	Aeskulin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	Arbutin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Allantoin hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Nitrat redüksiyonu	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-
5.	Üre hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	pH toleransı																				
6.	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7.	5	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	+	-	-	+
8.	6	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9.	6.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
10.	7	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6.	7.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7.	8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8.	8.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9.	9	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
11.	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
12.	11	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+
	Sıcaklık																				
10.	4 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11.	10°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12.	20°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13.	28 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
14.	37 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
15.	40 °C	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	-
16.	45 °C	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	+	-
17.	50 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18.	55 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.34 (devam). Bazı *Micromonospora* izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** DS3010; **2.** DS3012; **3.** S3815; **4.** S4401; **5.** S3806; **6.** DS3005; **7.** S4402; **8.** S2510; **9.** S1602; **10.** S2516; **11.** S2905; **12.** DS3001; **13.** DS3186; **14.** S4803; **15.** *M.auratinigra* DSM 44815^T; **16.** *M.aurantiaca* DSM 43813^T; **17.** *M.chokoriensis* DSM 45160^T; **18.** *M.chaiyaphumensis* KCTC 19332^T; **19.** *M.coxensis* DSM 45161^T; **20.** *M.citreus* DSM 43903^T

	NaCl (% w/v)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	0	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	1	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	2	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
4	3	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	4	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

(+; pozitif, -; negatif)

Çizelge 4.35.Bazı *Micromonospora* tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.***M.coerulea* DSM 43143^T; **2.***M. eburnea* NRRL B 24761^T; **3.***M. echinospora* DSM 43816^T; **4.***M. echinofusca* DSM 43913^T; **5.***M.equina* DSM 45644^T; **6.***M. haikouensis* DSM 45626^T; **7.** *M.humi* DSM 45647^T**8.** *M. halotolerans* DSM 45598^T; **9.** *M. halopyhtica* DSM 43171^T; **10.***M. inositola* DSM 43819^T; **11.** *M. krabiensis* DSM 45344^T; **12.** *M. lupini* DSM 44874^T; **13.** *M. matsumotoense* DSM 44100^T; **14.***M. maritima* DSM 45782^T; **15.***M. marina* DSM 45555^T; **16.***M. mirobrigensis* DSM 44830^T; **17.***M. narathiwatensis* NRRL B 24763^T; **18.***M. olivasterospora* DSM 43868^T; **19.***M. purpureochromogenes* DSM 43821^T; **20.***M. rosaria* DSM 803^T

	% 1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Karbon Kaynakları																				
1	Adonitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	L-arabinoz	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+
3	D-arabinoz	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	+	-	+
4	D-sellobioz	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+
5	D-fruktoz	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+
6	D-sorbitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	D-galaktoz	-	-	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+
8	D-mannoz	-	+	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+
9	D-Mannitol	-	-	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	-	-	+	-	+
10	Dekstrin	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+
11	Dekstran	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12	İnulin	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+
13	L-sorboz	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	L-ramnoz	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15	Laktoz	-	+	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+
16	L-glutamat	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	Maltoz	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+
18	mezo-inositol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
19	Süksinik asit (% 0.1 w/v)	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
20	Sükroz (Sakkaroz)	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+
21	Ksilitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+
22	Ksiloz	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+
23	D-riboz	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.35 (devam).Bazı *Micromonospora* tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.***M. coerulea* DSM 43143^T; **2.***M. eburnea* NRRL-B 24761^T; **3.***M. echinospora* DSM 43816^T; **4.***M. echinofusca* DSM 43913^T; **5.***M. equina* DSM 45644^T; **6.***M. haikouensis* DSM 45626^T; **7.** *M. humi* DSM 45647^T**8.** *M. halotolerans* DSM 45598^T; **9.** *M. halopyhtica* DSM 43171^T; **10.***M. inositola* DSM 43819^T; **11.** *M. krabiensis* DSM 45344^T; **12.** *M. lupini* DSM 44874^T; **13.** *M. matsumotoense* DSM 44100^T; **14.***M. maritima* DSM 45782^T; **15.***M. marina* DSM 45555^T; **16.***M. mirobrigensis* DSM 44830^T; **17.***M. narathiwatensis* NRRL B 24763^T; **18.***M. olivasterospora* DSM 43868^T; **19.***M. purpureochromogenes* DSM 43821^T; **20.***M. rosaria* DSM 803^T

	% 0,1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
	Temel Azot Kaynakları																					
1	Alfa-iso-lösin	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	
2	D-fenilalanin	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	
3	Glisin	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	
4	L-alanin	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+
5	L-arginin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6	L-asparajin	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	
7	L-sistein	+	+	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	
8	L-histidin	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	
9	L-hidroksiprolin	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
10	L-metionin	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	
11	L- fenilalanin	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+	
12	L-prolin	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	+	
13	L-serin	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
14	L-treonin	+	-	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	
15	L-valin	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+	-	-	
16	L-tyrosin	-	+	-	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+	
	Degradasyon Testleri (w/v)																					
1	Adenin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
2	Kazein (% 1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
3	Hipoksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
4	Nişasta (% 1)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	
5	Jelatin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
6	Guanin (% 0.05)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
7	Tween 40 (% 1)	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	
8	Tween 80 (% 1)	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	
9	Ksantin(% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
10	Ksilan (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	

Çizelge 4.36.Bazı *Micromonospora* tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.***M.coerulea* DSM 43143^T; **2.***M.eburnea* NRRL-B 24761^T; **3.***M.echinosporea* DSM 43816^T; **4.***M.echinofusca* DSM 43913^T; **5.***M.equina* DSM 45644^T; **6.***M.haikouensis* DSM 45626^T; **7.** *M.humi* DSM 45647^T**8.** *M.halotolerans* DSM 45598^T; **9.** *M.halopyhtica* DSM 43171^T; **10.***M.inositola* DSM 43819^T; **11.** *M.krabiensis* DSM 45344^T; **12.** *M.lupini* DSM 44874^T; **13.** *M.matsumotoense* DSM 44100^T; **14.***M.maritima* DSM 45782^T; **15.***M.marina* DSM 45555^T; **16.***M.mirobrigensis* DSM 44830^T; **17.***M.narathiwatensis* NRRL-B 24763^T; **18.***M.olivasterospora* DSM 43868^T; **19.***M.purpureochromogenes* DSM 43821^T; **20.***M.rosaria* DSM 803^T

	Biyokimyasal Testler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	Aeskulin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+
2	Arbutin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Allantoin hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Nitrat redüksiyonu	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-
5.	Üre hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	pH toleransı																				
11.	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12.	5	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+
13.	6	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
14.	6.5	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
15.	7	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6.	7.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
7.	8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8.	8.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9.	9	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
11.	10	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
12.	11	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	+	-
	Sıcaklık																				
19.	4 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
20.	10°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21.	20°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22.	28 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
23.	37 °C	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+
24.	40 °C	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+
25.	45 °C	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-
26.	50 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
27.	55 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.36 (devam).Bazı *Micromonospora* tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.***M.coerulea* DSM 43143^T; **2.***M.eburnea* NRRL-B 24761^T; **3.***M.echinospora* DSM 43816^T; **4.***M.echinofusca* DSM 43913^T; **5.***M.equina* DSM 45644^T; **6.***M.haikouensis* DSM 45626^T; **7.** *M.humi* DSM 45647^T;**8.** *M.halotolerans* DSM 45598^T ; **9.** *M.halopyhtica* DSM 43171^T; **10.***M.inositola* DSM 43819^T; **11.** *M.krabiensis* DSM 45344^T; **12.** *M.lupini* DSM 44874^T; **13.** *M.matsumotoense* DSM 44100^T; **14.***M.maritima* DSM 45782^T; **15.***M.marina* DSM 45555^T; **16.***M.mirobrigensis* DSM 44830^T; **17.***M.narathiwatensis* NRRL B 24763^T; **18.***M.olivasterospora* DSM 43868^T; **19.***M.purpureochromogenes* DSM 43821^T; **20.***M.rosaria* DSM 803^T

	NaCl (% w/v)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	0	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	1	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	2	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	-	-
4	3	-	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	-
5	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

(+; pozitif, -; negatif)

Çizelge 4.37.Bazı *Micromonospora*, *Plantactinospora* ve *Streptomycestip* türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *M.rhizosphaerae* DSM 45431^T; **2.** *M.rifamycinica* DSM 44983^T; **3.** *M.saelicesensis* DSM 44871^T; **4.** *M.siamensis* NRRL-B 24762^T; **5.** *M.tulbaghia* DSM 45489^T; **6.** *M.yangpuensis* DSM 45577^T; **7.** *M.wenchangensis* DSM 45709^T; **8.** *M.zamorensis* DSM 45600^T; **9.** *M.fulviviridis* DSM 43906^T; **10.** *M.pattaloongensis* NRRL-B 24764^T; **11.** *M.viridifaciens* DSM 43909^T; **12.** *M.echinosaurantiaca* DSM 43904^T; **13.** *M.carbonacea* DSM 43815^T; **14.** *P.endophytica* DSM 45387^T; **15.** *P.mayteni* DSM 45238^T; **16.** *P.siamensis* DSM 45559^T; **17.** *S.hoynatensis* S1412^T; **18.** *S.klenkii* S2704^T; **19.** *S.specialis* DSM 41924^T; **20.** *S.hainanensis* DSM 41900^T

	% 1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
	Temel Karbon Kaynakları																					
1	Adonitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+
2	L-arabinoz	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-
3	D-arabinoz	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	+	+
4	D-sellobioz	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+
5	D-fruktoz	+	-	+	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-
6	D-sorbitol	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-
7	D-galaktoz	+	+	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-
8	D-mannoz	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-
9	D-mannitol	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	-	-	-
10	Dekstrin	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+
11	Dekstran	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
12	İnulin	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13	L-sorboz	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
14	L-ramnoz	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-
15	Laktoz	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	-	-
16	L-glutamat	+	-	-	-	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-
17	Maltoz	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-
18	mezo-inositol	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
19	Süksinik asit (% 0.1 w/v)	-	-	+	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
20	Sükroz (Sakkaroz)	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-
21	Ksilitol	+	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
22	Ksiloz	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-
23	D-riboz	-	-	+	-	+	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	+	-

Çizelge 4.37 (devam).Bazı *Micromonospora*, *Plantactinospora* ve *Streptomyces* tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *M. rhizosphaerae* DSM 45431^T; **2.** *M. rifamycinica* DSM 44983^T; **3.** *M. saelicesensis* DSM 44871^T; **4.** *M. siamensis* NRRL-B 24762^T; **5.** *M. tulbaghiaie* DSM 45489^T; **6.** *M. yangpuensis* DSM 45577^T; **7.** *M. wenchangensis* DSM 45709^T; **8.** *M. zamorensis* DSM 45600^T; **9.** *M. fulviviridis* DSM 43906^T; **10.** *M. pattaloongensis* NRRL-B 24764^T; **11.** *M. viridifaciens* DSM 43909^T; **12.** *M. echinaurantiaca* DSM 43904^T; **13.** *M. carbonacea* DSM 43815^T; **14.** *P. endophytica* DSM 45387^T; **15.** *P. mayteni* DSM 45238^T; **16.** *P. siamensis* DSM 45559^T; **17.** *S.hoynatensis* S1412^T; **18.** *S.klenkii* S2704^T; **19.** *S. specialis* DSM 41924^T; **20.** *S. hainanensis* DSM 41900^T

	% 0,1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Azot Kaynakları																				
1	Alfa-iso-lösin	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-
2	D-fenilalanin	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-
3	Glisin	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-
4	L-alanin	+	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-
5	L-arginin	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
6	L-asparajin	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	-	+
7	L-sistein	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-
8	L-histidin	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-
9	L-hidroksiprolin	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-
10	L-metionin	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-
11	L- fenilalanin	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-
12	L-prolin	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-
13	L-serin	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-
14	L-treonin	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-
15	L-valin	-	-	+	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-
16	L-tyrosin	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	-
	Degradasyon Testleri (w/v)																				
1	Adenin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2	Kazein (% 1)	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	Hipoksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
4	Nişasta (% 1)	-	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-
5	Jelatin (% 0.5)	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	Guanin (% 0.05)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	Tween 40 (% 1)	+	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+
8	Tween 80 (% 1)	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+
9	Ksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	Ksilan (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.38.Bazı *Micromonospora*, *Plantactinospora* ve *Streptomyces* türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *M.rhizosphaerae* DSM 45431^T; **2.** *M.rifamycinica* DSM 44983^T; **3.** *M.saelicesensis* DSM 44871^T; **4.** *M.siamensis* NRRL B 24762^T; **5.** *M.tulbaghia* DSM 45489^T; **6.** *M.yangpuensis* DSM 45577^T; **7.** *M.wenchangensis* DSM 45709^T; **8.** *M. zamorensis* DSM 45600^T; **9.** *M. fulviviridis* DSM 43906^T; **10.** *M. pattaloongensis* NRRL-B 24764^T; **11.** *M. viridifaciens* DSM 43909^T; **12.** *M. echinaurantiaca* DSM 43904^T; **13.** *M. carbonacea* DSM 43815^T; **14.** *P.endophytica* DSM 45387^T; **15.** *P.mayteni* DSM 45238^T; **16.** *P.siamensis* DSM 45559^T; **17.** *S.hoynatensis* S1412^T; **18.** *S.klenkii* S2704^T; **19.** *S.specialis* DSM 41924^T; **20.** *S. hainanensis* DSM 41900^T

	Biyokimyasal Testler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	Aeskulin hidrolizi	-	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	Arbutin hidrolizi	-	-	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Allantoin hidrolizi	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	Nitrat redüksiyonu	+	+	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5.	Üre hidrolizi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
	pH toleransı																					
16.	4	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17.	5	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-
18.	6	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+
19.	6.5	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+
20.	7	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+
6.	7.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+
7.	8	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
8.	8.5	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
9.	9	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+
11.	10	-	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+
12.	11	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
	Sıcaklık																					
28.	4 °C	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29.	10°C	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
30.	20°C	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
31.	28 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
32.	37 °C	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	-
33.	40 °C	+	-	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	+			
34.	45 °C	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-
35.	50 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
36.	55 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.38 (devam).Bazı *Micromonospora*, *Plantactinospora* ve *Streptomyces* türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *M.rhizosphaerae* DSM 45431^T; **2.** *M.rifamycinica* DSM 44983^T; **3.** *M.saelicesensis* DSM 44871^T; **4.** *M.siamensis* NRRL-B 24762^T; **5.** *M.tulbaghia* DSM 45489^T; **6.** *M.yangpuensis* DSM 45577^T; **7.** *M. wenchangensis* DSM 45709^T; **8.** *M. zamorensis* DSM 45600^T; **9.** *M. fulviviridis* DSM 43906^T; **10.** *M. pattaloongensis* NRRL-B 24764^T; **11.** *M. viridifaciens* DSM 43909^T; **12.** *M. echinaurantiaca* DSM 43904^T; **13.** *M. carbonacea* DSM 43815^T; **14.** *P.endophytica* DSM 45387^T; **15.** *P.mayteni* DSM 45238^T; **16.** *P.siamensis* DSM 45559^T; **17.** *S.hoynatensis* S1412^T; **18.** *S.klenkii* S2704^T; **19.** *S.specialis* DSM 41924^T; **20.** *S. hainanensis* DSM 41900^T

	NaCl (% w/v)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	0	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	1	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	+	+	+
3	2	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	+
4	3	-	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+
5	4	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+
6	5	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
7	6	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
8	7	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
9	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
10	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
11	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+

(+; pozitif, -; negatif)

Çizelge 4.39.Bazı *Streptomyces*,*Actinomadura* ve *Nonomuraea* izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *S. mayteni* KCTC 19383^T; **2.***S. avicenniae* 41943^T **3.***S. sedi*41942^T ;**4.**S3812; **5.***S. samsunensis* M1463^T; **6,** *S. malaysiensis* DSM 41697^T**7.** S4702; **8.** *S. marinus*DSM 41968^T ^T ; **9.** *S. abikoensis* 40831^T ;**10.** *S. xishensis* DSM 42022^T; **11.** *S. ferratilis*DSM 41836^T ; **12.** *S. abyssalis* DSM 42024^T **13.** S2422; **14.** *A. sputi* DSM 45233 ^T ; **15.** S3604; **16.** S2301; **17.** *N.coxensis* DSM45129^T; **18.** *N.candida* DSM 45086^T; **19.***N. turkmeniaca* DSM 43926^T; **20.***N.rosea* DSM45177^T

	% 1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Karbon Kaynakları																				
1	Adonitol	+	+	+	+	-	+	+	+	-	-	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+
2	L-arabinoz	+	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-
3	D-arabinoz	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	D-sellobioz	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
5	D-fruktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+
6	D-sorbitol	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+
7	D-galaktoz	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	+
8	D-mannoz	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	-
9	D-Mannitol	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+
10	Dekstrin	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-
11	Dekstran	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-
12	İnulin	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+
13	L-sorboz	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
14	L-ramnoz	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
15	Laktoz	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-
16	L-glutamat	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	Maltoz	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	-
18	mezo-inositol	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+
19	Süksinik asit (% 0.1 w/v)	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-
20	Sükroz (Sakkaroz)	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+
21	Ksilitol	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	Ksiloz	+	+	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	-	+
23	D-riboz	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-

Çizelge 4.39 (devam).Bazı *Streptomyces*, *Actinomadura* ve *Nonomuraea* izolatları ve tip türlerinin temel karbon ve azot kaynaklarındaki gelişimi, bazı maddeleri degrade edebilme kabiliyetleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *S. mayteni* KCTC 19383^T; **2.** *S. avicenniae* 41943^T **3.** *S. sedi*41942^T; **4.** S3812; **5.** *S. samsunensis* M1463^T; **6.** *S. malaysiensis* DSM 41697^T7. S4702; **8.** *S. marinus* DSM 41968^T **9.** *S. abikoensis* 40831^T; **10.** *S. xishensis* DSM 42022^T; **11.** *S. ferratilis* DSM 41836^T; **12.** *S. abyssalis* DSM 42024^T **13.** S2422; **14.** *A. sputi* DSM 45233^T; **15.** S3604; **16.** S2301; **17.** *N. coxensis* DSM45129^T; **18.** *N. candida* DSM 45086^T; **19.** *N. turkmeniaca* DSM 43926^T; **20.** *N. rosea* DSM45177^T

	% 0,1 w/v	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
	Temel Azot Kaynakları																				
1	Alfa-iso-lösin	-	+	-	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	+	+
2	D-fenilalanin	+	-	-	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+
3	Glisin	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+
4	L-alanin	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
5	L-arginin	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
6	L-asparajin	+	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
7	L-sistein	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
8	L-histidin	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	+
9	L-hidroksiprolin	-	+	-	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+
10	L-metionin	+	+	-	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
11	L- fenilalanin	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+
12	L-prolin	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
13	L-serin	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+
14	L-treonin	+	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+
15	L-valin	+	+	-	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+
16	L-tyrosin	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+
	Degradasyon Testleri (w/v)																				
1	Adenin (% 0.5)	-	+	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-
2	Kazein (% 1)	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
3	Hipoksantin (% 0.4)	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
4	Nişasta (% 1)	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-
5	Jelatin (% 0.5)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6	Guanin (% 0.05)	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	Tween 40 (% 1)	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	+	-	+	+	-
8	Tween 80 (% 1)	+	+	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	Ksantin (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	Ksilan (% 0.4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.40.Bazı *Streptomyces*, *Actinomadura* ve *Nonomuraea* izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri.İzolatlar ve tip türleri; **1.** *S. mayteni* KCTC 19383^T; **2.***S. avicenniae* 41943^T **3.***S. sedi*41942^T ;**4.**S3812; **5.***S. samsunensis* M1463^T; **6.** *S. malaysiensis* DSM 41697^T**7.** S4702; **8.** *S. marinus*DSM 41968^T; **9.** *S. abikoensis* 40831^T;**10.** *S. xishensis* DSM 42022^T; **11.** *S. ferratilis*DSM 41836^T; **12.** *S. abyssalis* DSM 42024^T **13.** S2422; **14.** *A. sputi* DSM 45233^T ; **15.** S3604; **16.** S2301; **17.** *N.coxensis* DSM45129^T; **18.** *N.candida* DSM 45086^T; **19.***N. turkmeniaca* DSM 43926^T; **20.***N.rosea* DSM45177^T

	Biyokimyasal Testler	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	Aeskulin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	Arbutin hidrolizi	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
3	Allantoin hidrolizi	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
4	Nitrat redüksiyonu	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	-	+
5.	Üre hidrolizi	-	-	+	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-
	pH toleransı																					
21.	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22.	5	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23.	6	+	-	-	+	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+
24.	6.5	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
25.	7	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+
6.	7.5	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
7.	8	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
8.	8.5	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
9.	9	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
11.	10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
12.	11	+	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-
	Sıcaklık																					
37.	4 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
38.	10°C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
39.	20°C	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
40.	28 °C	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
41.	37 °C	-	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-
42.	40 °C	-			-	-	+	-	-	+	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-
43.	45 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-
44.	50 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
45.	55 °C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

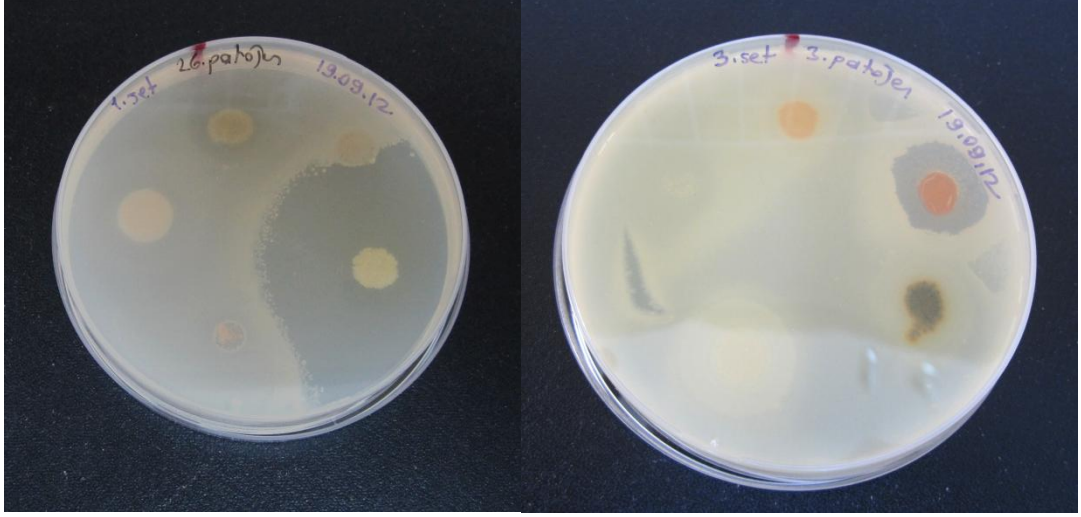
Çizelge 4.40 (devam).Bazı *Streptomyces*, *Actinomadura* ve *Nonomuraea* izolatları ve tip türlerinin hidroliz ve tolerans testleri. İzolatlar ve tip türleri; **1.** *S. mayteni* KCTC 19383^T; **2.***S. avicenniae* 41943^T **3.***S. sedi*41942^T ;**4.** S3812; **5.***S. samsunensis* M1463^T; **6.** *S. malaysiensis* DSM 41697^T**7.** S4702; **8.** *S. marinus*DSM 41968^{T T} ; **9.** *S. abikoensis* 40831^T ;**10.** *S. xishensis* DSM 42022^T; **11.** *S. ferratilis*DSM 41836^T ; **12.** *S. abyssalis* DSM 42024^T **13.** S2422; **14.** *A. sputi* DSM 45233^T ; **15.** S3604; **16.** S2301; **17.** *N.coxensis* DSM45129^T; **18.** *N.candida* DSM 45086^T; **19.***N. turkmeniaca* DSM 43926^T; **20.***N.rosea* DSM45177^T

	NaCl (% w/v)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	0	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
2	1	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
3	2	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+
4	3	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	+
5	4	-	-	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
6	5	-	-	+	+	+	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	6	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	7	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

(+; pozitif, -; negatif)

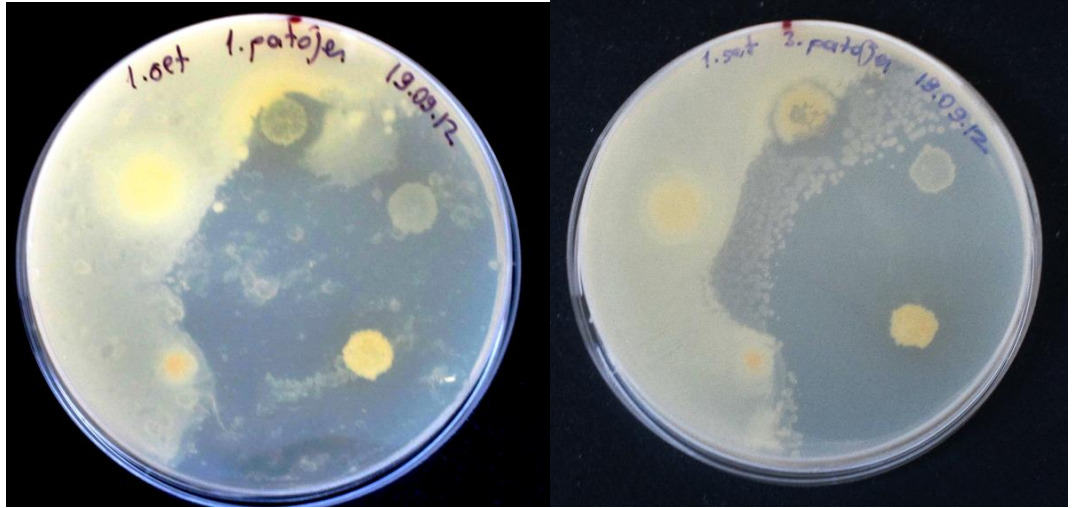
4.1.11 Antimikrobiyal aktivite

16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma olasılığı olan test izolatları, başta gram pozitif (+) bakteriler ve gram negatif (-) bakteriler, maya ve filamentli fungus olmak üzere 26 patojen organizmanın gelişmelerini inhibe etme kabiliyetlerine göre incelendi (Williams ve diğ., 1983). Ölçülen zon çapları **Çizelge 4.41**'de verildi. Bazı petrielerde ölçülen zon çapları **Şekil 4.43**'de verildi.



(a) *Bacillus subtilis* NRRL-B 209

(c) *Aspergillus niger*



(b) *Aspergillus parasiticus* NRRL-465

(d) *Lysteria monocytogenes*-klinik izolat

Şekil 4.43.Antimikrobiyal aktivite testi. (a) *Bacillus subtilis* NRRL-B 209; (b) *Aspergillus parasiticus* NRRL-465; (c) *Aspergillus niger*; (d) *Lysteria monocytogenes*-klinik izolat.

Çizelge 4.41.Antimikrobiyal aktivite sonuçlarına göre ölçülen zon çapları (mm). **1.***Bacillus cereus* NRRL-B 3711; **2.***Bacillus licheniformis* NRRL-B 1001; **3.***Bacillus pumilis* NRRL-BD 142; **4.***Bacillus subtilis* NRRL-B 209;**5.***Bacillus subtilis* NRS 744; **6.** *Bacillus subtilis* Kuan 16D III 75;**7.***Listeria monocytogenes*-medikal izolat; **8.***Micrococcus luteus* NRRL-B 1013;**9.** *Staphyococcus aureus* NRRL B-767; **10.** *Staphyococcus aureus* ATCC 29213;**11.***Staphyococcus aureus* ATCC 25923; **12.***Staphyococcus aureus* ATCC 33862;**13.** *Aspergillus niger*-izolat. (1-12 Gram pozitif; 13. Fungus)

İzolatlar	Patojen Bakteriler												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1. <i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T	18mm	-	-	-	32mm	16mm	20mm	-	36mm	-	-	-	-
2. <i>Streptomyces klenkii</i> S2704 ^T	36mm	-	-	-	30mm	40mm	32mm	-	84mm	-	-	68mm	-
3. <i>Streptomyces</i> sp. S4702	60mm	-	-	40mm	60mm	50mm	58mm	38mm	76mm	28mm	-	76mm	-
4. <i>Streptomyces</i> sp. S3812	-	22mm	-	19mm	-	-	-	-	18mm	-	-	-	-
5. <i>Micromonospora</i> sp. S1510	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6. <i>Micromonospora</i> sp. S2508B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7. <i>Micromonospora</i> sp. S2901	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8. <i>Micromonospora</i> sp. S2903	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9. <i>Micromonospora</i> sp. S2904	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10. <i>Micromonospora</i> sp. S2909	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11. <i>Micromonospora</i> sp. S2509	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12. <i>Micromonospora</i> sp. S2518	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13. <i>Micromonospora</i> sp. S2911	-	-	-	-	-	-	20mm	-	44mm	-	-	-	26mm
14. <i>Micromonospora</i> sp. DS3186	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15. <i>Micromonospora</i> sp. DS3003	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
16. <i>Micromonospora</i> sp. S4605	-	11mm	-	12mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17. <i>Micromonospora</i> sp. S4803	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
18. <i>Micromonospora</i> sp. S2510	-	12mm	-	-	-	-	20mm	-	9mm	-	-	-	-
19. <i>Micromonospora</i> sp. S3802	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
20. <i>Micromonospora</i> sp. S3815	-	14mm	-	20mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21. <i>Micromonospora</i> sp. DS3010	-	13mm	-	17mm	-	-	-	-	-	-	16mm	-	-
22. <i>Actinomadura</i> sp. S2422	-	-	-	13mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-
23. <i>Nonomuraea</i> sp. S3604	-	-	-	21mm	-	-	-	-	17mm	-	-	-	-
24. <i>Nonomuraea</i> sp. S2301	-	-	-	14mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25. <i>Saccharomonospora</i> sp. DS3030	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Çizelge 4.41 (devam). Antimikrobiyal aktivite sonuçlarına göre ölçülen zon çapları (mm). **14.***Aspergillus flavus* NRRL-1957;**15.***Aspergillus parasiticus* NRRL 465;**16.** *Candida albicans* ATCC 10231;**17.***Candida utilis* NRRL-V-900;**18.***Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853;**19.***Pseudomonas aeruginosa* NRRL-B 2679;**20.***Pseudomonas vulgaris* NRRL-B 123;**21.***Enterobacter aerogenes* NRRL B-427;**22.***Enterobacter aerogenes* NRRL B-3567;**23.***Escherichia coli* ATCC 25922;**24.***Escherichia coli* MC-4100;**25.***Citrobacter freundii* NRRL-B 2643;**26.***Providencia stuarti*. (14-17 fungus; 18-26 Gram negatif)

İzolatlar	Patojen Bakteriler												
	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1. <i>Streptomyces hoynatensis</i> S1412 ^T	-	22mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	14mm
2. <i>Streptomyces klenkii</i> S2704 ^T	-	32mm	-	-	-	-	-	-	74mm	-	-	-	24mm
3. <i>Streptomyces</i> sp. S4702	-	54mm	-	-	50mm	32mm	-	40mm	78mm	56 mm	-	-	60mm
4. <i>Streptomyces</i> sp. S3812	-	-	-	19mm	-	20mm	-	16mm	-	-	-	22mm	-
5. <i>Micromonospora</i> sp. S1510	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
6. <i>Micromonospora</i> sp. S2508B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7. <i>Micromonospora</i> sp. S2901	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8. <i>Micromonospora</i> sp. S2903	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
9. <i>Micromonospora</i> sp. S2904	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10. <i>Micromonospora</i> sp. S2909	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
11. <i>Micromonospora</i> sp. S2509	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
12. <i>Micromonospora</i> sp. S2518	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
13. <i>Micromonospora</i> sp. S2911	-	20mm	-	-	-	-	-	-	20mm	-	-	-	12mm
14. <i>Micromonospora</i> sp. DS3186	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
15. <i>Micromonospora</i> sp. DS3003	-	-	-	16mm	-	-	-	-	-	-	-	-	-
16. <i>Micromonospora</i> sp. S4605	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17. <i>Micromonospora</i> sp. S4803	-	-	-	17mm	-	15mm	-	-	-	-	-	-	-
18. <i>Micromonospora</i> sp. S2510	-	-	-	-	-	13mm	-	12mm	-	-	-	-	-
19. <i>Micromonospora</i> sp. S3802	-	-	-	-	-	12mm	-	11mm	-	-	-	-	-
20. <i>Micromonospora</i> sp. S3815	-	-	-	17mm	-	12mm	-	14mm	-	-	-	-	-
21. <i>Micromonospora</i> sp. DS3010	-	-	-	23mm	-	-	-	18mm	-	-	-	18mm	-
22. <i>Actinomadura</i> sp. S2422	-	-	-	-	-	9mm	-	13mm	-	-	-	-	-
23. <i>Nonomuraea</i> sp. S3604	-	-	-	16mm	-	16mm	-	20mm	-	-	-	-	-
24. <i>Nonomuraea</i> sp. S2301	-	-	-	-	-	-	-	16mm	-	-	-	-	-
25. <i>Saccharomonospora</i> sp. DS3030	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

4.1.12 Kltrel ve morfolojik zelliklerin belirlenmesi

4.1.12.1 İzolatların farklı besiyerlerindeki büyüme ve gelişimleri

İzolasyon agarlarından saflaştırılan ve kltre alınan bazı izolatların on farklı besiyerlerindeki kltrel ve morfolojik zellikleri incelenmek zere en yakın akraba tip trleriyle birlikte büyüme ve gelişmeleri sađlandı. On farklı besiyerinde izolatların gelişimi, spor rengi, substrat miselyum ve znr pigment rengi zellikleri belirlendi (**Çizelge 4.42-4.46**). İzolatlardan bazılarının farklı besiyerlerindeki gelişim morfolojileri **Şekil 4.44-4.48**'de verildi.

Çizelge 4.42.Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**,*Streptomyces hoynatensis* S1412^T; **2**, S2704^T; **3**, *S. specialis* GW41-1564^T; **4**,*S. hainanensis* YIM 47672^T; **5**,*S. avicenniae* MCCC 1A01535^T; **6**,*S. sedi*YIM 65188^T; **7**,*S. mayteni* YIM 60475^T; **8**,S3812 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Yeast extract-Malt extract agar (ISP 2)	Oatmeal agar (ISP 3)	İnorganic salt starch agar (ISP 4)	Glycerol asparagine agar (ISP 5)	Pepton-yeast extract iron agar(ISP 6)
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık turuncu sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Beyaz Yok Yok	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Siyah Siyah	+ Beyaz Beyaz Yok	+++ Yeşilimsi kahverengi Koyu yeşilimsi kahverengi Koyu yeşilimsi kahverengi	++ Yok Koyu yeşilimsi kahverengi Koyu yeşilimsi kahverengi	++ Yok Koyu kırmızı Açık yeşilimsi kahverengi
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Pembe-beyaz Açık turuncu sarı Turuncu-sarı	+++ Açık pembe Koyu turuncu-sarı Turuncu-sarı	++ Pembe-beyaz Açık kırmızı kahverengi Açık turuncu-sarı	+ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Koyu turuncu-kırmızı Koyu turuncu-kırmızı Koyu kahverengi	+++ Sarı-kahverengi Sarı-kahverengi Yok	+++ Yeşil Gri Yok	++ Yeşil Gri Yok	++ Yeşil Açık sarı Yeşil
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık sarı Açık sarı	+ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Beyaz Koyu turuncu Yok	++ Beyaz Kahverengimsi turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ White Turuncu sarı Yok	+++ Gri-Beyaz Koyu yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi	++ Gri Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok

Çizelge 4.42 (devam).Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1,***Streptomyces hoynatensis* S1412^T; **2,** S2704^T; **3,** *S. specialis* GW41-1564^T; **4,***S. hainanensis* YIM 47672^T; **5,***S. avicenniae* MCCC 1A01535^T; **6,***S. sedi*YIM 65188^T; **7,***S. mayteni* YIM 60475^T;**8,**S3812 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Tyrosine agar(ISP 7)	Modified Bennett's agar	Czapek's agar	Nutrient agar	TSA agar
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Kahverengimsi turuncu Açık turuncu	+++ Yok Açık turuncu sarı Yok	++ Yok Açık turuncu sarı Yok	+ Yok Açık turuncu sarı Yok	+ Yok Açık turuncu sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Beyaz Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Yok Siyah Siyah	+ Yok Koyu yeşil kahverengi Yok	++ Beyazımsı gri Koyu yeşil kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi	+++ Açık turuncu sarı Açık yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Gri Açık turuncu Koyu turuncu	++ Yok Turuncu-sarı Koyu turuncu sarı	++ Pembe-gri Turuncu-sarı Açık kahverengi	+ Beyaz Açık turuncu-sarı Yok	Gelişmedi
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Beyaz Açık turuncu sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+ Beyaz Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Açık sarı turuncu Açık sarı turuncu	+++ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık sarımsı kahverengi Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Beyaz Açık sarı Yok	++ Yok Turuncu-sarı Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	Gelişmedi	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok

Çizelge 4.43.Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**,*Streptomyces samsunensis* M1463^T; **2**,*S. malaysiensis*DSM 14697^T; **3**, S4702; **4**,*S. marinus* DSM 41968^T ; **5**, S2422; **6**, *Actinomadura sputi* DSM 45233^T; **7**, S3604; **8**, S2301 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Yeast extract-Malt extract agar(ISP 2)	Oatmeal agar (ISP 3)	İnorganic salt starch agar (ISP 4)	Glycerol asparagine agar (ISP 5)	Pepton-yeast extract iron agar(ISP 6)
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Turuncu sarı Yok	+++ Grimsi beyaz Yeşilimsi kahverengi Yeşilimsi kahverengi	+++ Grimsi beyaz Açık kahverengi Yok	++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Turuncu sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Grimsi beyaz Yeşilimsi siyah Yok	+++ Grimsi beyaz Koyu yeşilimsi kahverengi Açık yeşil kahverengi	+++ Grimsi beyaz Açık kahverengi Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Turuncu sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Beyaz Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Beyaz Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Turuncu sarı Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Açık sarı Koyu turuncu-sarı Yok	++ Açık yeşilimsi kahverengi Açık turuncu-sarı Yok	+++ Açık turuncu-sarı Açık sarı Yok	+++ Açık sarı Açık sarı Yok	++ Açık sarı Açık sarı Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+++ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi	++ Beyaz Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi	+++ Beyaz Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Açık turuncu Kahverengimsi turuncu Yok	+++ Açık yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Açık turuncu-sarı Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	++ Açık pembe Kahverengimsi turuncu Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Kırmızımsı turuncu Yok	+++ Beyaz Kırmızımsı kahverengi Yok	++ Beyaz Kırmızımsı turuncu Yok	++ Beyaz Kırmızımsı turuncu Yok	++ Yok Açık kırmızı-kahverengi Yok

Çizelge 4.43 (devam).Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**,*Streptomyces samsunensis* M1463^T; **2**,*S. malaysiensis*DSM 14697^T; **3**, S4702; **4**,*S. marinus* DSM 41968^T ; **5**, S2422; **6**, *Actinomadura sputi* DSM 45233^T; **7**, S3604; **8**, S2301 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Tyrosine agar (ISP7)	Modified Bennett's agar	Czapek's agar	Nutrient agar	TSA
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Kahverengimsi turuncu Yok	+++ Beyaz Açık sarı Yok	++ Gri Açık sarımsı kahverengi Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Beyaz Turuncu sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Kahverengimsi turuncu Yok	+++ Yok Açık kahverengi Yok	++ Gri Sarımsı kahverengi Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu kahverengi Kahverengimsi turuncu	+++ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu- sarı Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Açık kahverengi Koyu kahverengi Açık kahverengi	+++ Açık sarı Koyu turuncu-sarı Açık turuncu-sarı	+ Beyaz Beyaz Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Beyaz Koyu kahverengi Kahverengimsi turuncu	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu kahverengi Kahverengimsi turuncu	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	+++ Beyaz Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Açık sarımsı pembe Açık kahverengi Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık kahverengi Yok	++ Yok Açık kahverengi Yok	++ Yok Kahverengimsi turuncu Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Beyaz-açık pembe Kırmızımsı turuncu Yok	++ Yok Açık kırmızı Yok	+ Yok Açık kırmızı Yok	++ Yok Açık kırmızı-turuncu Yok	+++ Yok Açık kırmızı Yok

Çizelge 4.44.Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**, S1510; **2**, S2508B; **3**, S2509; **4**, S2518; **5**, S2901; **6**, S2903; **7**, S2904; **8**, S4605 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Yeast extract-Malt extract agar(ISP 2)	Oatmeal agar (ISP 3)	Inorganic salt starch agar (ISP 4)	Glycerol asparagine agar (ISP 5)	Pepton-yeast extract iron agar(ISP 6)
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Koyu turuncu-sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu kahverengi Kahverengimsi turuncu	Gelişmedi	+ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu kahverengi Açık kahverengi	Gelişmedi	+ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Canlı kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok	Gelişmedi	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Canlı kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Koyu yeşilimsi kahverengi Yok	Gelişmedi	+ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok	Gelişmedi	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok

Çizelge 4.44 (devam). Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**, S1510; **2**, S2508B; **3**, S2509; **4**, S2518; **5**, S2901; **6**, S2903; **7**, S2904; **8**, S4605 (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Tyrosine agar (ISP 7)	Modified Bennett's agar	Czapek's agar	Nutrient agar	TSA
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Koyu turuncu Açık kırmızımsı turuncu	++ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Koyu turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık sarı Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Koyu turuncu Koyu turuncu	+++ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	Gelişmedi
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Yok Koyu turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+ Yok Açık turuncu-sarı Yok	Gelişmedi
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	++ Yok Açık sarı Yok	Gelişmedi
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok

Çizelge 4.45.Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**, S3802; **2**, S3815; **3**, S4803; **4**,S2911; **5**, S2510; **6**, DS3003; **7**, DS3010; **8**,*M. eburnea* DSM 44814^T (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Yeast extract-Malt extract agar(ISP 2)	Oatmeal agar (ISP 3)	Inorganic salt starch agar (ISP 4)	Glycerol asparagine agar (ISP 5)	Pepton-yeast extract iron agar(ISP 6)
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Canlı kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Kırmızımsı siyah Yok	+++ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Yok	+++ Yok Kahverengimsi siyah Yok	++ Yok Açık turuncu Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu kahverengi Açık kahverengi	++ Yok Açık turuncu Yok	Gelişmedi	++ Yok Açık turuncu Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Yeşilimsi siyah Yok	+++ Yok Koyu kırmızımsı gri Yok	+++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	Gelişmedi
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	Gelişmedi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	Gelişmedi	+ Yok Koyu turuncu Yok
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık kahverengi Yok	+++ Yok Koyu kahverengi Yok	Gelişmedi	Gelişmedi	+ Yok Açık kahverengi Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık kahverengi Yok	+++ Yok Kahverengimsi siyah Yok	Gelişmedi	Gelişmedi	++ Yok Turuncu Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+++ Yok Açık yeşilimsi kahverengi Açık yeşilimsi kahverengi	Gelişmedi	Gelişmedi	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok

Çizelge 4.45 (devam). Bazı test suşlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**, S3802; **2**, S3815; **3**, S4803; **4**, S2911; **5**, S2510; **6**, DS3003; **7**, DS3010; **8**, *M. eburnea* DSM 44814^T (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

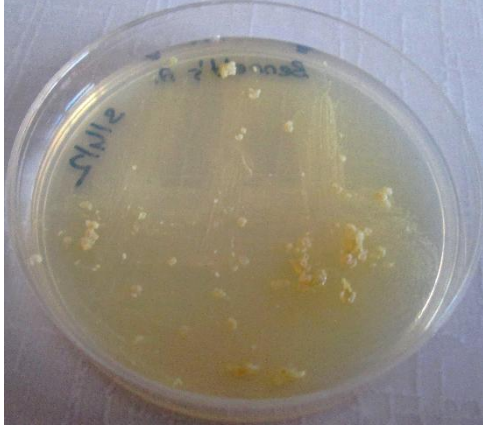
		Tyrosine agar (ISP 7)	Modified Bennett's agar	Czapek's agar	Nutrient agar	TSA
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu yeşil kahverengi Yok	+++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	++ Yok Koyu kırmızı turuncu Yok	+ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+++ Yok Koyu kahverengi Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Kırmızımsı siyah Yok	+++ Yok Açık kırmızımsı turuncu Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Açık turuncu Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	++ Yok Açık turuncu-sarı Yok	+++ Yok Açık turuncu Yok	Gelişmedi
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Koyu kırmızı turuncu Açık kırmızı turuncu	+ Yok Koyu yeşil kahverengi Yok	++ Yok Koyu kırmızımsı turuncu Yok	Gelişmedi	Gelişmedi
6	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	+ Yok Açık kahverengi Yok	Gelişmedi	+ Yok Açık kahverengi Yok	++ Yok Turuncu Yok
7	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	Gelişmedi	Gelişmedi	++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu turuncu Yok
8	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	+ Yok Açık sarı Yok	+++ Yok Açık sarı Yok	Gelişmedi	+ Yok Açık sarı Yok

Çizelge 4.46.Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1**,*M.chokoriensis* DSM 45160^T; **2**,*M.equina* DSM 45644^T; **3**,*M.citrea* DSM 43903^T; **4**, *M.saelicesensis* DSM 44869^T ; **5**,*M.olivasteropora* ATCC 21819^T (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

		Yeast extract-Malt extract agar(ISP2)	Oatmeal agar (ISP3)	Inorganic salt starch agar (ISP4)	Glycerol asparagine agar (ISP5)	Pepton-yeast extract iron agar(ISP6)
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Siyah Siyahımsı mavi	+++ Yok Turuncu Gri	Gelişmedi	Gelişmedi	+ Yok Sarı Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Turuncu Yok	+++ Yok Açık kırmızımsı kahverengi Yok	Gelişmedi	Gelişmedi	+ Yok Açık turuncu Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Siyah Yeşilimsi siyah	+++ Yok Koyu kahverengi Yok	+++ Yok Siyahımsı yeşil Yok	+ Yok Koyu turuncu Yok	++ Yok Kahverengimsi turuncu Yok
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Koyu turuncu Yok	+++ Yok Koyu grimsi kahverengi Yok	+ Yok Kahverengimsi turuncu Yok	Gelişmedi	Gelişmedi
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Koyu grimsi kırmızı Yok	+++ Yok Yeşilimsi siyah Yok	+++ Yok Yeşilimsi siyah Yok	+ Yok Açık grimsi kahverengi Yok	Gelişmedi

Çizelge 4.46 (devam). Bazı test izolatlarının ve en yakın tip türlerinin on farklı besiyerindeki kültürel ve morfolojik özellikleri: **1,***M.chokoriensis* DSM 45160^T; **2,***M.equina* DSM 45644^T; **3,***M.citreata* DSM 43903^T; **4,** *M.saelicesensis* DSM 44869^T ; **5,***M.olivasteropora* ATCC 21819^T (+++; Gelişimi çok iyi, ++; Gelişimi orta düzeyde, +, Gelişimi zayıf)

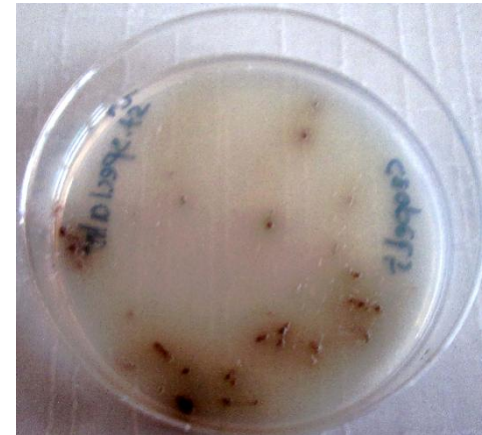
		Tyrosine agar (ISP7)	Modified Bennett's agar	Czapek's agar	Nütrient agar	TSA
1	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	++ Yok Siyah Yok	+++ Yok Kahverengi Mavi	++ Yok Açık kahverengi Yok	++ Yok Açık kahverengi Yok
2	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	+ Yok Krem Yok	Gelişmedi	Gelişmedi	++ Yok Turuncu Yok
3	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+++ Yok Siyahımsı yeşil Yok	+ Yok Açık kahverengi Yok	++ Yok Kahverengimsi turuncu Yok	++ Yok Kahverengimsi siyah Yok	+++ Yok Koyu turuncu Açık turuncu-sarı
4	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	Gelişmedi	+ Yok Kahverengimsi turuncu Yok	+++ Yok Kahverengimsi turuncu Yok	+ Yok Kahverengimsi turuncu Yok	++ Yok Koyu turuncu Yok
5	Gelişimi Spor rengi Substrat miselyum rengi Çözünür pigment rengi	+ Yok Koyu grimsi kırmızı Yok	+++ Yok Yeşilimsi siyah Yok	+++ Yok Yeşilimsi siyah Yok	+++ Yok Kırmızımsı siyah Yok	++ Yok Açık turuncu Yok



S. hoynatensis S1412^T Bennett's agar

S. hoynatensis S1412^TISP 2 agar

S. hoynatensis S1412^T Czapek's agar

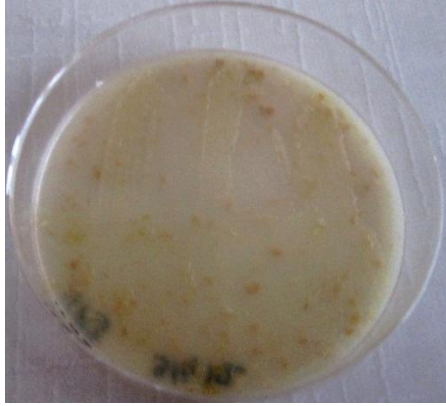


*S. specialis*DSM 41924^T Bennett's agar

*S. specialis*DSM 41924^TISP 2 agar

*S. specialis*DSM 41924^T Czapek's agar

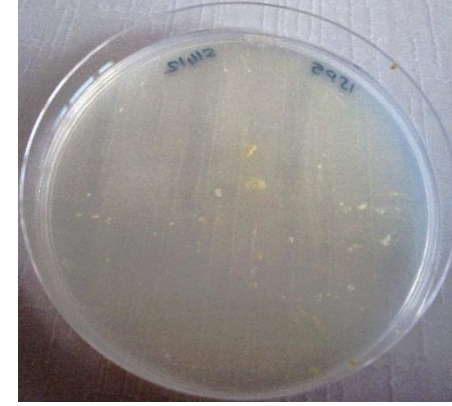
Şekil 4.44. *Streptomyces hoynatensis* S1412^T ve en yakın tip türü *S. specialis* DSM 41924^T'inon farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



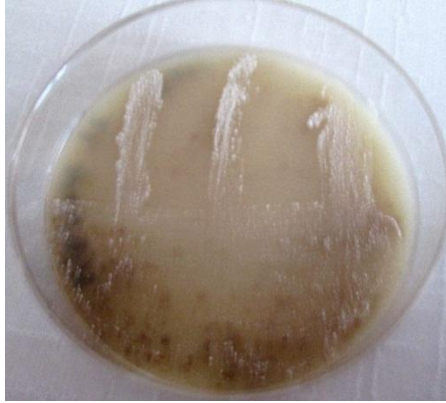
S. hoynatensis S1412^T ISP3 agar



S. hoynatensis S1412^T ISP4 agar



S. hoynatensis S1412^T ISP5 agar



S. specialis DSM 41924^T ISP3 agar

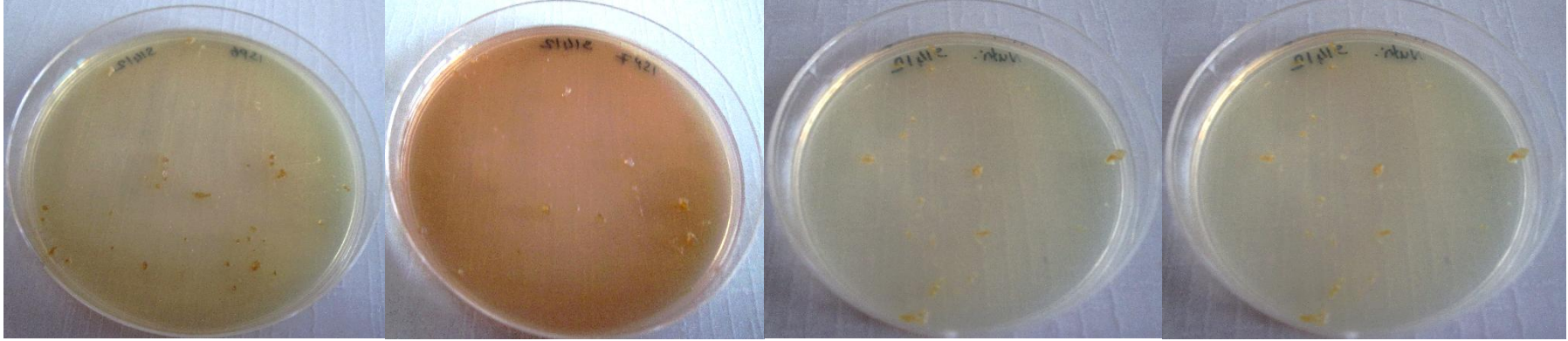


S. specialis DSM 41924^T ISP4 agar

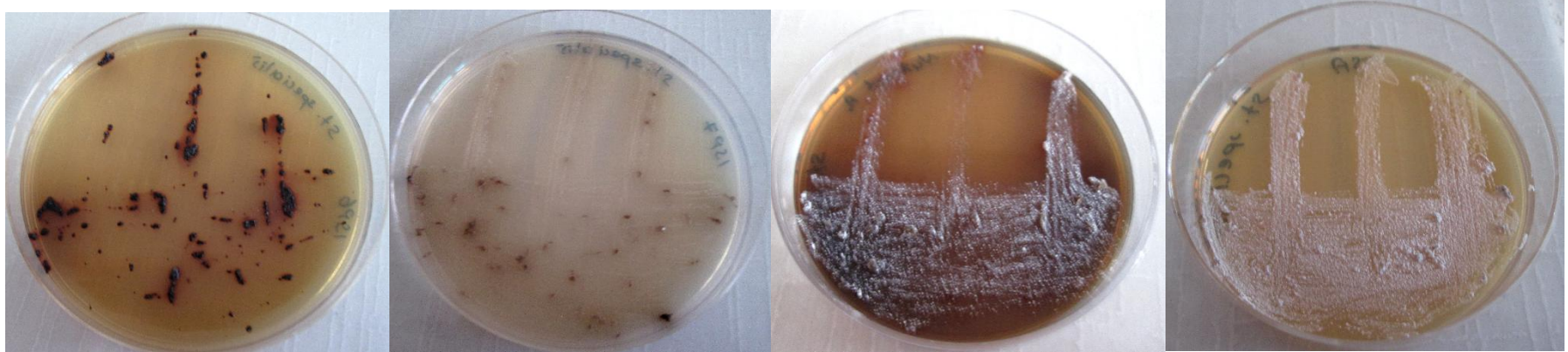


S. specialis DSM 41924^T ISP5 agar

Şekil 4.44 (devam). *Streptomyces hoynatensis* S1412^T ve en yakın tip türü *S. specialis* DSM 41924^T'in on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü

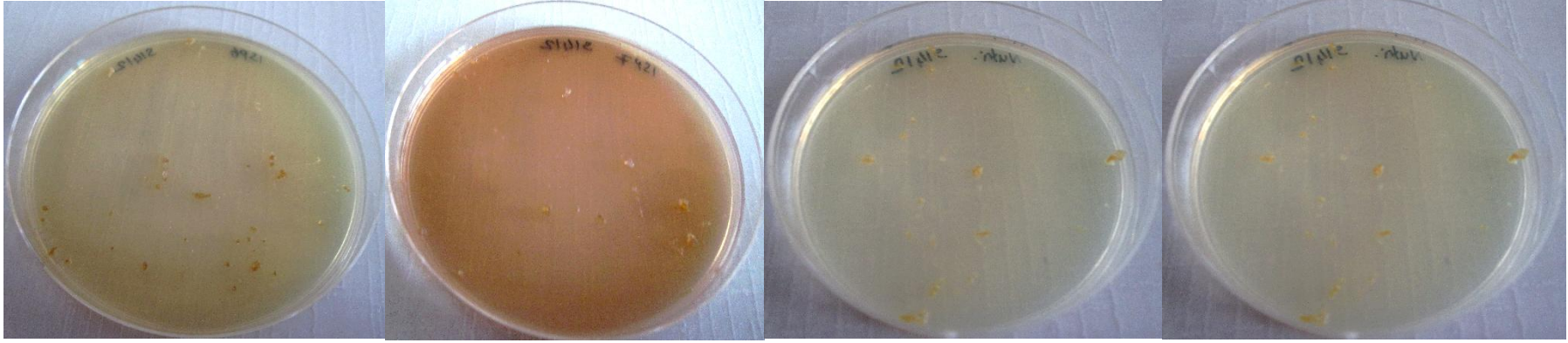


S. hoynatensis S1412^T ISP 6 agar *S. hoynatensis* S1412^T ISP 7 agar *S. hoynatensis* S1412^T Nütrient agar *S. hoynatensis* S1412^T TSA agar

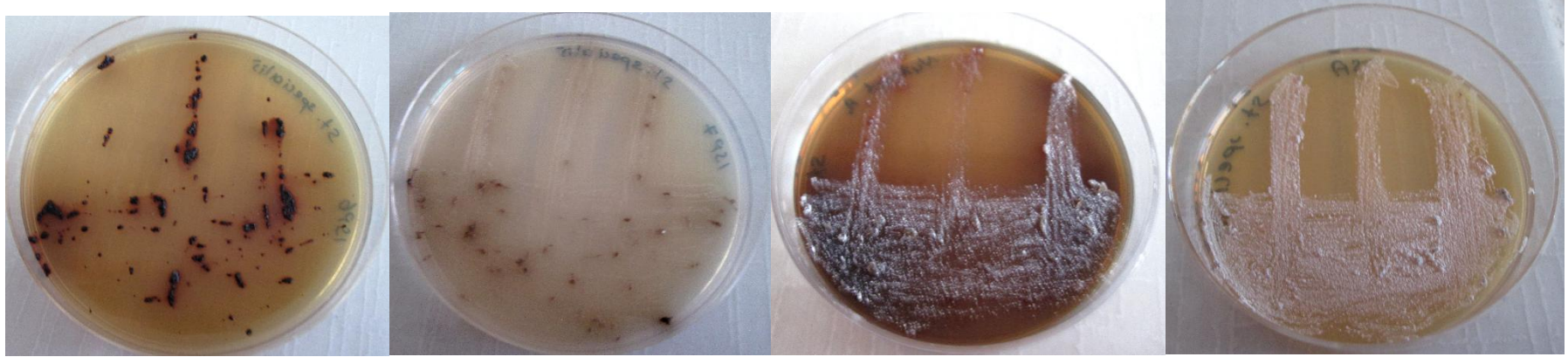


S. specialis DSM 41924^T ISP 6 agar *S. specialis* DSM 41924^T ISP 7 agar *S. specialis* DSM 41924^T Nütrient agar *S. specialis* DSM 41924^T TSA agar

Şekil 4.44 (devam). *Streptomyces hoynatensis* S1412^T ve en yakın tip türü *S. specialis* DSM 41924^T'in on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



S. hoynatensis S1412^T ISP6 agar *S. hoynatensis* S1412^T ISP7 agar *S. hoynatensis* S1412^T Nütrient agar *S. hoynatensis* S1412^T TSA agar



S. specialis DSM 41924^T ISP6 agar *S. specialis* DSM 41924^T ISP7 agar *S. specialis* DSM 41924^T Nütrient agar *S. specialis* DSM 41924^T TSA agar

Şekil 4.44 (devam). *Streptomyces hoynatensis* S1412^T ve en yakın tip türü *S. specialis* DSM 41924^T'in on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



S4702 Bennett's agar

S4702 Czapek's agar

S4702 Nutrient agar

S4702 ISP 2 agar

S4702 TSA agar



S4702 ISP3 agar

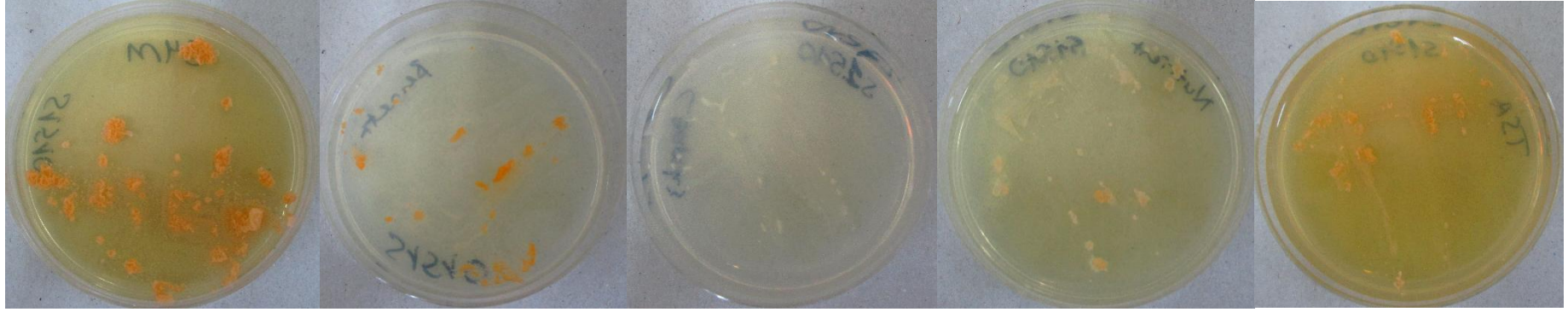
S4702 ISP4 agar

S4702 ISP5 agar

S4702 ISP6 agar

S4702 ISP7 agar

Şekil 4.45. *Streptomyces* sp. S4702 izolatının on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



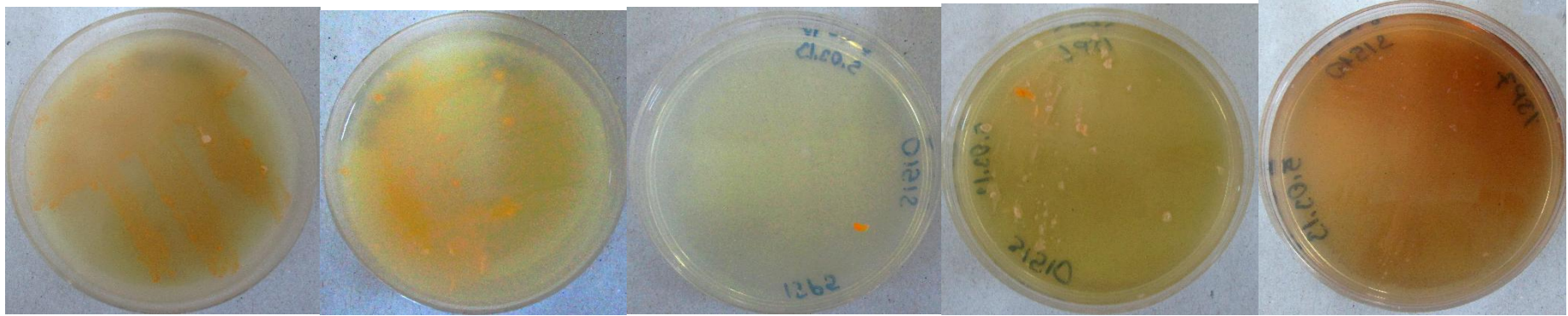
S1510 ISP 2 agar

S1510 Bennett's agar

S1510 Czapek's agar

S1510 Nutrient agar

S1510 TSA agar



S1510 ISP3 agar

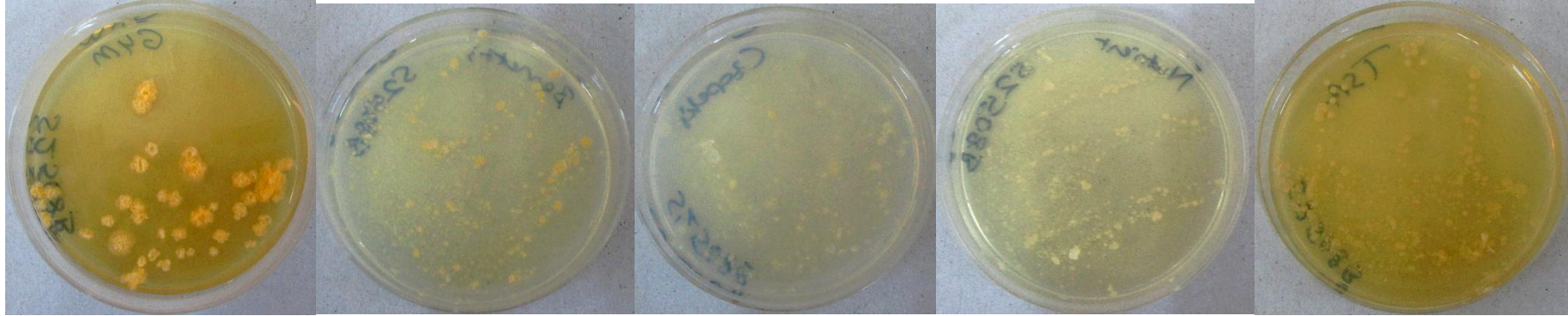
S1510 ISP4 agar

S1510 ISP5 agar

S1510 ISP6 agar

S1510 ISP7 agar

Şekil 4.46. *Micromonospora* sp. S1510 izolatının on farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



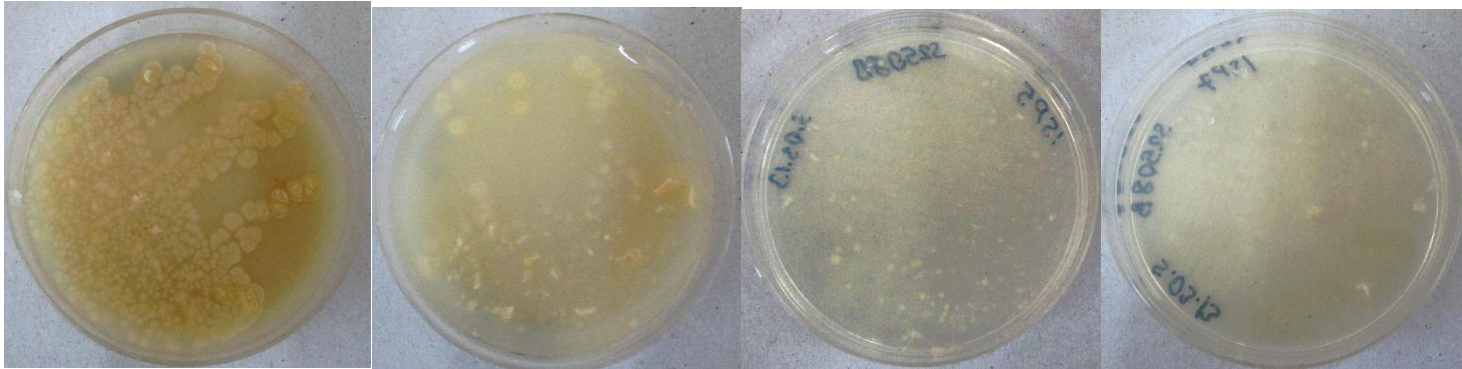
S2508B ISP 2 agar

S2508B Bennett's agar

S2508B Czapek's agar

S2508B Nutrient agar

S2508B TSA agar



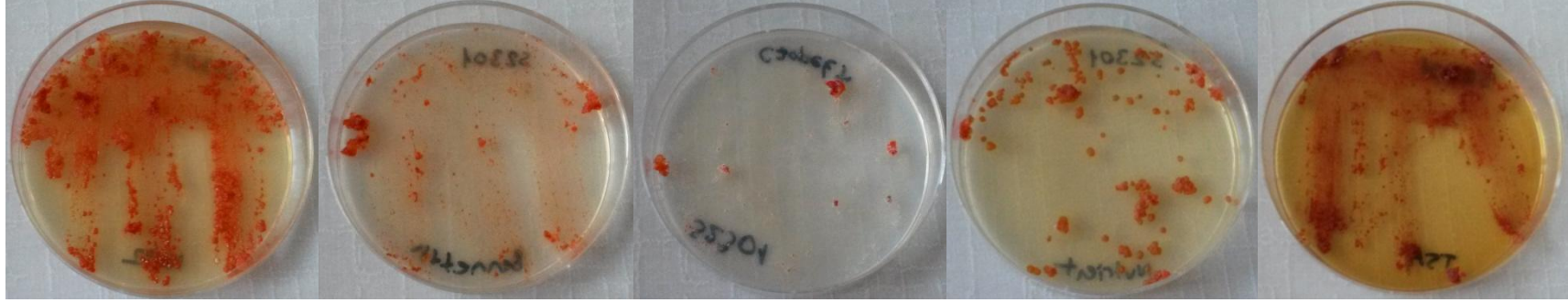
S2508B ISP3 agar

S2508B ISP4 agar

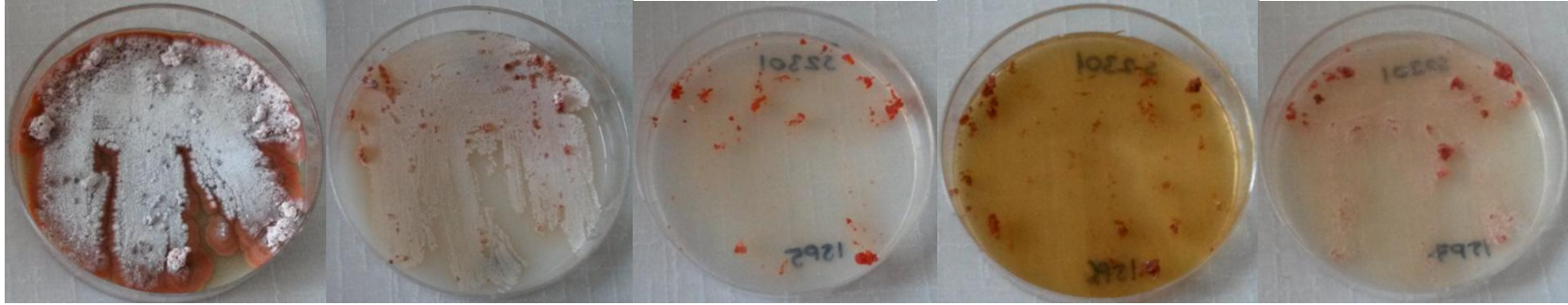
S2508B ISP5 agar

S2508BISP7 agar

Şekil 4.47. *Micromonospora* sp. S2508B izolatının dokuz farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü



S2301 ISP 2 agar S2301 Bennett's agar S2301 Czapek's agar S2301 Nütrient agar S2301 TSA agar

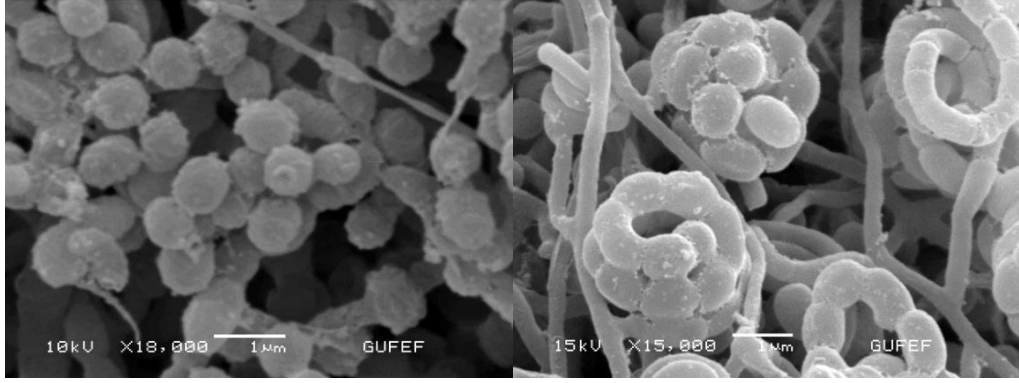


S2301 ISP3 agar S2301 ISP4 agar S2301 ISP5 agar S2301 ISP6 agar S2301 ISP7 agar

Şekil 4.48. *Nonomuraea* sp. S2301 izolatının dokuz farklı besiyerindeki morfolojik görüntüsü

4.1.12.2 Taramalı elektron mikroskopisi (SEM) ile spor morfolojisi

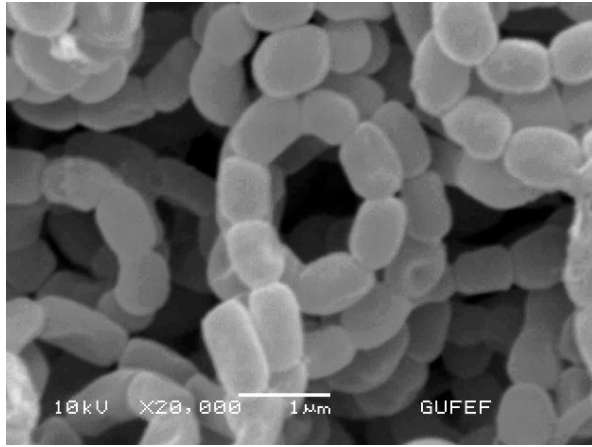
16S rRNA gen dizi analizine göre yeni tür olma potansiyeli daha fazla olan test izolatlarının aerial miselyum morfolojileri taramalı elektron mikroskobu ile belirlendi (Şekil 4.49-4.51).



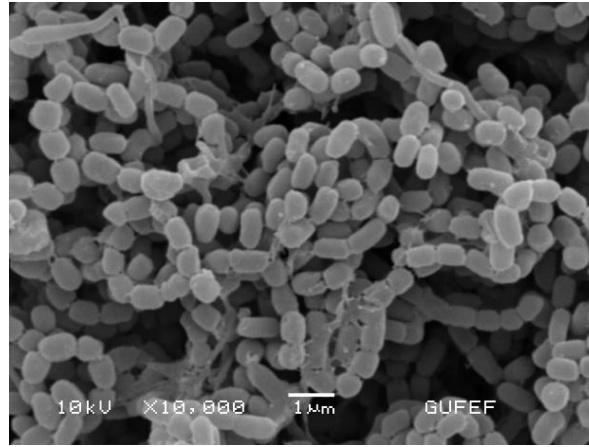
Actinomadura sp. S2422

Nonomuraea sp. S3604

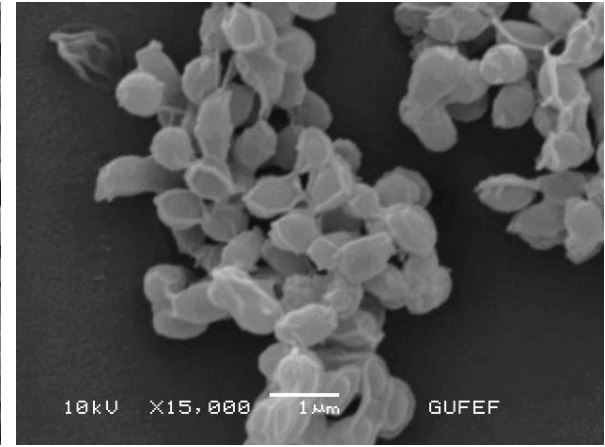
Şekil 4.49. Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiği SEM görüntüleri



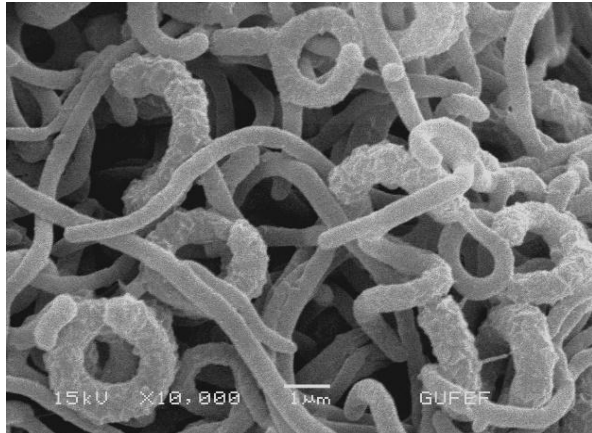
Streptomyces hoynatensis S1412^T



Streptomyces klenkii S2704^T



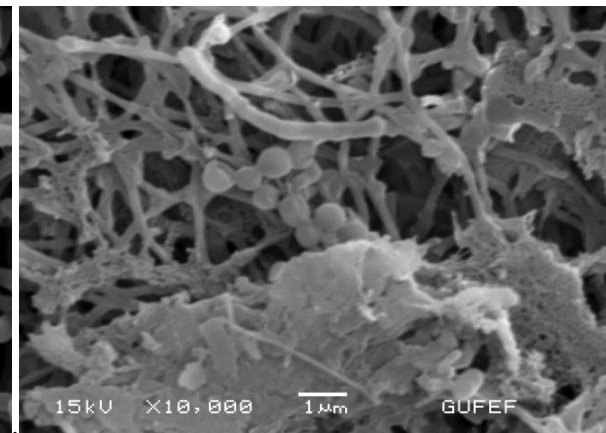
Streptomyces sp. S4702



Streptomyces sp. S3812

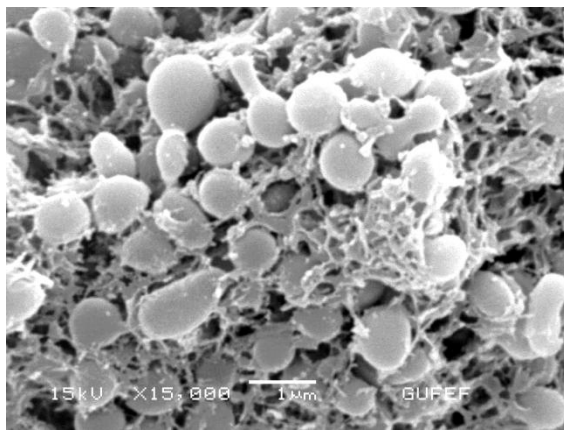


Saccharomonospora amisosensis DS3030^T

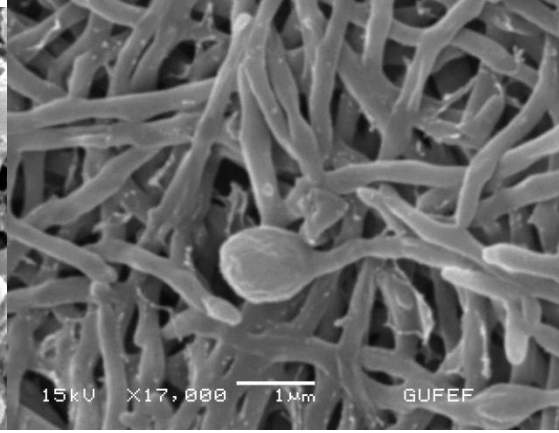


Micromonospora sp. S2901

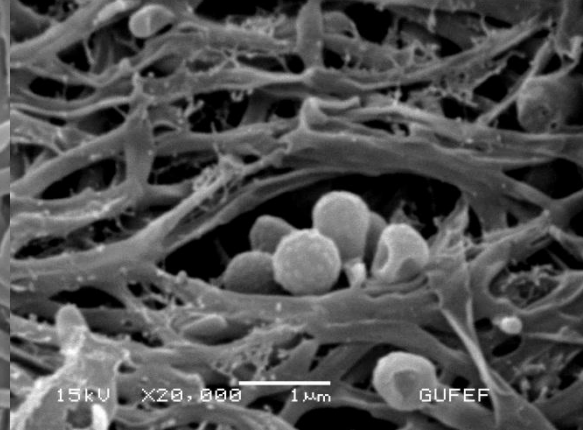
Şekil 4.50. Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiği SEM görüntüleri



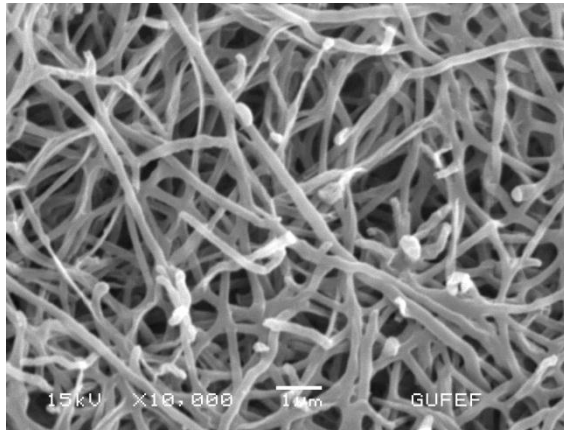
Micromonospora sp. S2903



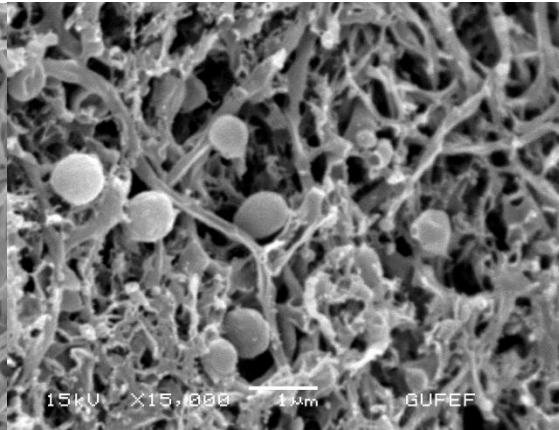
Micromonospora sp. S2508B



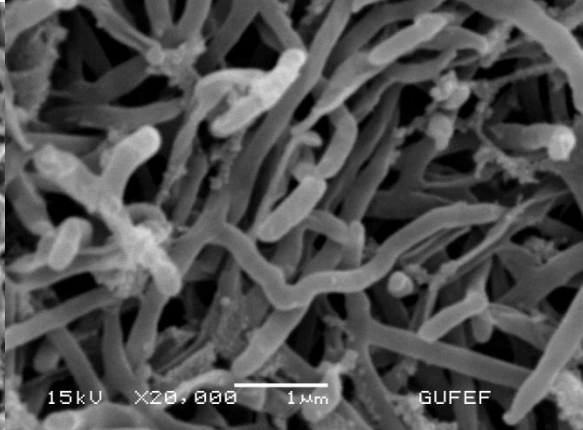
Micromonospora sp. S2509



Micromonospora sp. S4605



Micromonospora sp. DS3003



Micromonospora sp. S1510

Şekil 4.51.Bazı izolatların spor morfolojilerinin belirlendiği SEM görüntüleri

4.2. Tartışma

Son yıllarda yapılan çalışmalar ile denizlere özgü aktinomisetlerin çok farklı deniz ekosistemlerinde geniş bir dağılım gösterdiği keşfedilmiştir (Lam, 2006). Hem kültür edilebilir hem de kültürü edilemeyen bakteriler ile ilgili yapılan çalışmalar, deniz dip sedimentinden mercan kayalıklarına, omurgasızlardan bitkilere kadar okyanusların her yerinde denizlere özgü aktinomisetlerin bulunabileceğini göstermiştir. Deniz aktinomisetleri olan *Dietzia maris*, *Rhodococcus erytropolis* ve *Kocuria erythromyxa* Hokkaido'nun 1225 m derinliğinden alınan sedimentlerden izole edilmiştir (Inagaki ve diğ., 2003).

Gelişim için deniz suyuna ihtiyaç duyan *Salinospora* (Mincer ve diğ., 2002; Jensen ve diğ., 2004; Maldonado ve diğ., 2005) ve *Marimomyces* (Jensen ve diğ., 2004) cinsleri denizel habitatlardan izole edilmiştir. Gelişimi için tuza gereksinim duyan *Aeromicrobium marinum* (Bruns ve diğ., 2003) denizel habitatlardan izole edilen *Actinobacteria* üyeleri arasındadır. Son zamanlarda tanımlanan, % 10'luk tuzu tolere edebildiği halde gelişimi için tuza ihtiyaç duymayan *Salinibacterium* yine denizel habitatlardan izole edilmiş bir cinstir (Han ve diğ., 2003).

Actinobacteria üyeleri olan *Aureobacterium testaceum* ve *Dietzia maris* dünyanın en derin okyanus çukuru olan Mariana'dan (Büyük Okyanus'ta, Guam Adası'nın güney batısında, Japonya ve Endonezya arasında) ilk kez JAMSTEC grubu tarafından izole edilmiştir (Takami ve diğ., 1997).

Yeni *Actinobacteria* üyeleri olan *Rhopaloeides odorabile*, *Pseudoceratina clavata* ve *Candidaspongia flabellate* Avusturalya'nın Büyük Mercan Kayalıkları (Great Barrier Reef) süngerlerinden, *Aplysina aerophoba* ve *Theonella swinhoei* türleri ise Akdeniz süngerlerinden izole edilmiştir (Kim ve diğ., 2005; Burja ve Hill, 2001; Hentschel ve diğ., 2002; Webster ve diğ., 2001).

Maldonado ve diğ. 2009'da yaptığı bir çalışmada Koliformia (290-317 m) ve Meksika körfezlerinin (271-302 m) farklı derinliklerden elde ettiği sedimentlerden on yedi farklı seçici izolasyon besiyeri kullanarak toplam 300 aktinomiset üyesi izolat izole etmişlerdir. 16S rRNA gen dizi analizleri sonucunda bu izolatların *Actinomadura*, *Dietzia*, *Gordonia*, *Micromonospora*, *Nonomuraea*, *Rhodococcus*, *Saccharomonospora*, *Saccharopolyspora*, *Salinispora*, *Streptomyces*, *Solwaraspora* ve *Verrucosipora* cinslerinin üyesi olduğunu belirlemişlerdir. Önceki yapılan

çalışmalar deniz sedimentlerinde *Micromonospora*, *Streptomyces* ve *Rhodococcus* cinsi üyelerinin izolasyonu ile sınırlandırılmıştır. Bu çalışma deniz habitatlarının sadece bu üç *Actinobacteria* cinsleriyle sınırlı olmadığını bir kanıtı olmuştur.

Bu çalışmada Karadeniz dip sedimentinin *Actinobacteria* biyoçeşitliliğinin belirlenmesi amaçlanmış ve izolasyon için seçici besiyerleri olarak bazal's mineral salts, M3, nişasta-kazein, non-sporulating, SM1, SM2, SM3 ve rafinoz-histidin agar olmak üzere toplam sekiz besiyeri kullanılmıştır. SM3 besiyerinin saf sulu, deniz sulu ve deniz tuzlu olmak üzere üç farklı kombinasyonu kullanılmıştır. Genel olarak deniz suyunun % 3,5 tuz içerdiği (35g/1,000 ml; Instant Ocean, USA) kabul edildiğinden bu çalışmada deniz tuzlu besiyerlerinin tuz içeriği % 3,5 olarak hazırlanmıştır (Maldonado ve diğ., 2009). Besiyerlerinde kullanılan antibiyotikler ve konsantrasyonları **Çizelge 3.3**'te belirtilmiştir.

Bu çalışma için Karadeniz'in dört farklı derinliğinden (Ordu ili Melet ırmağının denize döküldüğü açıklıktan başlanarak 12 m, 45 m ve 80 m derinlikten; Samsun ilinde Mert ırmağının denize döküldüğü açıklıktan başlanarak 42 m derinlikten) alınan sediment örnekleri aseptik şartlarda laboratuvara getirildi, seçici izolasyon besiyerlerine dilüsyon plak yöntemiyle, ekimleri herbir dilüsyon için üçer plak olacak şekilde gerçekleştirildi, petripler 28 °C'de 30 gün inkübasyona bırakıldı.

İzolasyon petriplerinde gelişen kolonilerin tamamı yeniden bazal ortamlara transfer edilerek saflaştırıldı, numaralandırıldı ve % 25'lik gliserol çözeltisi içerisine stoklandı. Stoklanan 133 izolattan 40'ı aktifleşmediği için aktifleşen 93 izolat test organizması olarak bu tez kapsamında çalışıldı.

Stoklanan 93 izolattan 81'i Ordu ilinden (23 tanesi 12 m derinlikten, 41 tanesi 45 m derinlikten ve 17 tanesi de 80 m derinlikten) ve geriye kalan 12 izolat ise Samsun ilinden alınan sedimentlerden elde edildi. Ordu ilinden alınan sedimentler izole edilen koloni sayısı bakımından karşılaştırdığımızda 80 m derinlikte daha az koloni elde edildiği görülmektedir. Bu durum Karadeniz'in 100 m derinlikten itibaren anoksijenik özellik göstermesi dolayısı ile 80 m'de nisbeten daha düşük düzeyde oksijen varlığına bağlanabilir. Ordu ile Samsun ili karşılaştırıldığında Ordu ilinde 45 m derinlikten 41 organizma, Samsun ili 42 m derinliğinden ise 12 tane organizma izole edilmiştir. Bu farklılığın nedenleri arasında Samsun ilinde balıkçılıkta dip trol ile avlanmaya izin verilirken Ordu ilinde buna izin verilmemesi gösterilebilir. Ayrıca Mert ırmağının şehirselleşen ve sanayi atıklarıyla yoğun bir şekilde

kirletilmesi de neden olarak gösterilebilir. Ayrıca bunların yanında akım, ışık şiddeti, besin içeriği gibi farklılıklarda etken olarak verilebilir.

Stoklanan 93 izolatın 54 tanesi SM3 agardan, 13 tanesi nişasta-kazein agardan, 9 tanesi non-sporulating agardan, 7 tanesi bazal's mineral salts agardan, 6 tanesi SM1 agardan, 3 tanesi rafinoz-histidin agardan ve 1 tanesi M3 agardan izole edilmiştir. SM3 agardan izole edilen 54 izolatın 32 tanesi saf su ile hazırlanmış besiyerinden, 15 tanesi deniz tuzu ilave edilmiş besiyerinden ve 7 tanesinde deniz suyu ile hazırlanmış besiyerinden izole edildi. Deniz dip sedimenti çalışmalarında SM3 agarın sayısal olarak çok verimli olmasına rağmen SM2 seçici besiyerinde gelişen organizma belirlenememiştir.

16S rRNA geni, işlevsel olarak stabil, yüksek oranda korunmuş ve horizontal gen transferinden uzak olduğu için taksonomik çalışmalar için etkili bir moleküler işaretleyici olarak kullanılmaktadır. Arke ve bakterilerde gözlemlenen 16S rRNA gen sekansı varyasyonu, prokaryotların sınıflandırılması için omurga olarak kullanılmaktadır. Bu nedenle, 16S rRNA geninin filogenetik analizi çeşitli taksonomik düzeylerde bakteriyel izolatların sınıflandırılmasına yardımcı olması açısından uygun bir yöntem olarak kabul edilmektedir (Ramasamy ve diğ., 2014).

İzolasyon sonucunda stoklanan 93 izolatın genomik DNA izolasyonu, Guanidin thiosiyanat DNA izolasyon metodu ve DNA izolasyon kiti (Norgen, USA ve CANADA) ile, 16S rRNA gen bölgesi PZR amplifikasyonları ise 1525r ve 27f evrensel primerleri ile yapıldı. 16S rRNA gen bölgesi sekans analizleri ise çakışan (örtüşen) bölgelere sahip altı primer ile G. Kore'de Macrogen firmasında gerçekleştirildi. 16S rRNA gen dizi analiz sonuçlarına göre 93 izolat 10 farklı aktinobakteriyel cins içerisinde dağılım göstermiştir. Bunlardan 34 izolat *Micromonospora*, 28 izolat *Streptomyces*, 6 izolat *Saccharomonospora*, 5 izolat *Verrucosipora*, 5 izolat *Nocardia*, 5 izolat *Nonomuraea*, 4 izolat *Actinomadura*, 3 izolat *Actinopolymorpha*, 2 izolat *Plantactinospora* ve 1 izolat da *Microbispora* cinsi üyesidir.

Prokaryotik tür tanımına göre, bir izolatın yeni bir tür olması için % 3 ve üzeri 16S rRNA gen bölgesi nükleotit farklılığına sahip olması ya da % 70'in altında DNA-DNA homoloji değeri vermesi, bunu belirli derecede fenotipik farklılıklar ile desteklemesi gerekmektedir (Vandamme ve diğ., 1996; Coenye ve diğ., 2005).

Micromonospora cinsi üyesi otuz dört izolattan 21 tanesinin SM3, 6 tanesi SM1, 5 tanesi nişasta-kazein, 1 tanesi non-sporulating ve 1 tanesi de rafinoz-histidin agardan izole edildi. Kültürü yapılan *Micromonospora* cinsi üyelerinin % 62'sinin SM3 seçici besiyerinden izole edilmiş olması özellikle tatlı ve tuzlu su sedimentlerinden, literatürlerde önerilen diğer seçici besiyerleri ile birlikte *Micromonospora* cinsi üyelerinin izolasyonunda seçici besiyeri olarak kullanılabilir.

Micromonospora cinsinin üyeleri yaygın olarak nötral ve alkalın topraklardan izole edilmiştir (Jensen, 1930; 1932). Ancak *Micromonospora* cinsinin deniz ve tatlı su habitatları gibi akuatik ekosistemlerde baskın olduğu görülmektedir. Streptomyces ve nocardioformların yanında *Micromonospora* cinsi üyeleri İngiltere'de Blelham Tarn'ın dip sedimentinde baskın actinomycetes olarak belirlenmiştir (Willoughby, 1969). Bu baskınlık İngiltere'nin diğer göllerindeki daha derin dip sedimentlerindeki çalışmalarla da gösterilmiştir (Johnston ve Cross, 1976).

Micromonospora cinsine ait toplam otuz dört izolatın *Micromonospora* tip türlerinin dahil edilmediği 16S rRNA gen bölgesi filogenetik analizleri sonuçlarına göre 6'sı çok üyeli (2-4 izolat) 18'i de tek üyeli olmak üzere toplam 24 hatta ayrıldığı görülmektedir (**Şekil 4.6**). Bunlardan kendi aralarında % 100 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi benzerliği olan S3807, DS3002, S1802 ve S3301 izolatları, *Micromonospora tulbaghia* TVU1^T tip türüne % 100 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliği gösterdiğinden *Micromonospora tulbaghia* olarak tanımlanmıştır.

16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizisine dayalı filogenetik analizlere göre en yakın akrabasından en yüksek nükleotit farklılığına (1375'te 24 nt farklılık) sahip olan S1510 izolatu, *M. equina* Y22^T tip türüne % 98,25, *M. spongicola* S3-1^T tip türüne % 98,01 (1455'te 29 nt farklılık) ve *M. eburnea* LK2-10^T'ya da % 97,86 nükleotit benzerliği (1451'de 31 nt farklılığı) göstermektedir(**Çizelge 4.7-4.8**). *Micromonospora* sp. S1510 izolatu tüm hücre hidrolizatında arabinoz, galaktoz, glikoz, ksiloz ve mannoz içermektedir. İzolatın baskın menakinonu % 57 oranında MK-10(H₆)'dır (**Şekil 4.40**) ve polar lipid profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinozitol (PI), fosfatidilmetinetanolamin (PME), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinozitol mannozitol (PIM) ve bir glikolipit (GL) olarak belirlenmiştir (**Çizelge 4.33**). İzolatın majör yağ asitleri ise *iso*-C_{15:0}, *iso*-C_{16:0} ve *anteiso*-C_{15:0} dir (**Çizelge 4.26-4.28**). *Micromonospora* sp. S1510 izolatının filogenetik dendogramdaki en yakın akraba *Micromonospora* tip türü olan *M. equina* DSM 45644^T ile farklı karbon

ve azot kaynaklarını kullanma gibi bir çok fenotipik farklılıkları bulunmaktadır (**Çizelge 4.31-4.40**). *Micromonospora* sp. S1510 izolatu 16S rRNA gen bölgesi temelli filogenetik analizlere göre oluşturulan filogenetik dendogramda *Plantactinospora* cinsi üyeleriyle bir arada kümelenmiştir (**Şekil 4.7-4.9**). İzolatu ve ilgili tip türlerinin *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapıldıktan sonra en yakın filogenetik komşuları belirlenerek DNA-DNA hibridizasyonlarının tamamlanması ve yeni bir tür olarak literatüre kazandırılması planlanmaktadır.

Ribozomal RNA genleri, üniversal ve fonksiyonel olarak yüksek derecede korunmuş yapıya sahip olduğu için filogenetik çalışmalarda en iyi sonuç veren hedef yapılardandır (Woose, 1987). Modern mikrobiyal taksonomide filogenetik ilişkileri belirlemede en çok tercih edilen 16S ve 23S rRNA gen dizilerinin dışında tür içi sıkı ilişkileri çözümüleme de *Ad Hoc* komite tarafından önerilen diğer protein kodlayan gen bölgelerinin de (en az üç ya da dört gen bölgesinde (*rpoB*, *recA*, *rpoD*ve *gyrB*) analizlerinin yapılması gerekmektedir (Coenye ve LiPuma, 2002; Stackebrandt ve diğ., 2002; McTargat ve diğ., 2010).

Koch ve diğ. (1996b) tarafından yapılan 16S rRNA gen dizi analizleri göstermiştir ki *Micromonospora* suşları “filogenetik olarak birbirine çok yakın” bir cinstir ve yayınlanmış isimleriyle türlerin taksonomik statüleri doğrulanmış olmasına rağmen asıl problem suşların bazılarının alt tür olarak kabul edilmesindedir ve bu problemi çözmek için çok sayıda DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneylerine ihtiyaç duyulmaktadır. Kasai ve diğ. (2000), *Micromonospora* suşları arasındaki intragenerik ilişkiyi değerlendirmek amacı ile 15 tanımlanmış *Micromonospora* türünün ve dört alt türün *gyrB* gen dizi analizlerini gerçekleştirmişlerdir. Bu çalışma da *gyrB* genine göre oluşan filogenetik gruplar 16S rRNA genine göre oldukça farklılaşmıştır. Çok sayıda DNA-DNA hibridizasyon (DDH) deneyinin gerçekleştirilmesi, cins içindeki 16S rRNA genlerine nazaran *gyrB* tabanlı filogenetik analizlerin, filogeninin daha doğru bir şekilde ifadesini sağlamakta olduğunu göstermiştir. Bu çalışma suşların yeniden sınıflandırılmasıyla sonuçlanmıştır. On beş tanımlanmış tür ve dört alt tür revize edilerek on dörde indirilmiştir (Kasai ve diğ., 2000).

Micromonospora izolatları arasından 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası ile en fazla nükleotit farkı bulunan (8-20 nt), yeni bir takson olma olasılığı yüksek olan 13 izolatu yaklaşık 1150 bç’lik *gyrB* ve 750 bç’lik *rpoB* gen bölgesi PZR amplifikasyonları gerçekleştirilerek nükleotit dizileri

Genbank'a depozit edildi. NCBI/Genbank gibi veritabanlarında *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizileri bulunmayan akraba tip türlerinin de *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizi analizleri gerçekleştirilerek genbank'a (NCBI=National Center for Biotechnology Information, US) depozit işlemleri gerçekleştirilmiştir.

16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi temelli filogenetik analize göre S2508B izolatu *M. eburnea* LK2-10^T tip türüne % 98,83 (1351'de 17 nt farklılık) *M. spongicola* S3-1^T tip türüne % 98,76 (1455'de 18 nt) ve *Plantactinospora mayteni* YIM 61359^T'ye % 98,46 (1427'de 22 nt) nükleotit benzerliği göstermektedir. Ancak S2508B izolatu filogenetik dendogramda 16S rRNA gen bölgesi bakımından en yüksek benzerliğe sahip olduğu ilk iki sıradaki *M. eburnea* ve *M. spongicola* ile konumlanmak yerine günümüzde sadece üç türü bulunan *Plantactinospora* cinsinin üyeleriyle küme oluşturmaktadır (**Şekil 4.25**).

Benzer şekilde, izolat S2508B'nin *gyrB* gen bölgesi *M. eburnea* LK2-10^T ve *P. endophytica* YIM 68255^T'ningyrB gen bölgeleri ile karşılaştırıldığında S2508Bve *M. eburnea* LK2-10^T arasında % 89,80 nt benzerliği (1078'de 110 nt farklılık), S2508Bve *P. endophytica* YIM 68255^T arasında % 88,75 nt benzerliği (1120'de 126 nt farklılık) sahip olduğu halde, yani *gyrB* gen bölgesi nükleotit farklılığı daha yüksek olmasına rağmen (**Çizelge 4.22**)*Plantactinospora* cinsi üyeleriyle bir arada kümelenmiştir (**Şekil 4.26**). *rpoB*gen bölgesi analizleri sonucunda ise bu izolatu, karşılaştırılan 646 nt'lik bölgede *P. mayteni* YIM 61359^T tip türüne 35 nükleotit farklılık (% 94,58 nt benzerliği), 646 nt'lik bölgede *P. endophytica* YIM 68255^T tip türüne 35 nükleotit farklılık (% 94,58 nt benzerliği) göstermiştir. *rpoB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre çizilen filogenetik dendogramda da izolat *Plantactinospora* cinsi üyeleriyle bir arada kümelenmiştir (**Şekil 4.27**).

Micromonospora sp. S2508B izolatu tüm hücre hidrolizatında arabinoz, glikoz, galaktoz, mannoz ve ksiloz şekerlerini bulundurmaktadır. İzolatının baskın menakinonu % 60 oranında MK-10(H₆)'dır ve polar lipit profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilgliserol (PG), fosfatidilinositol (PI) ve fosfatidilinozitol mannozit (PIM) olarak belirlenmiştir (**Çizelge 4.34**). İzolatın majör yağ asitleri C_{17:0}, *iso*-C_{15:0}, *iso*-C_{16:0} ve *anteiso*-C_{15:0} dir (**Çizelge 4.26- 4.28**).

Ordu-Meret ırmağı açıklarında 45 m derinlikten alınan sedimentten izole edilen S2911 izolatu *M. saelicesensis* Lupac 09^T ile % 98,84 (1463'de 17 nt farklılık), *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ile % 98,64 (1468'de 20 nt farklılık) 16S rRNA gen bölgesi dizi benzerliği göstermiştir. İzolatın *gyrB* gen bölgesi analizlerine göre

en yüksek nükleotit benzerliğini sırası ile *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T (% 98,58 nt benzerliği; 1129'da 16 nt farklılık), *M. coxensis* (1047'de 52 nt farklılık) ve *M. siamensis* TT2-4^T (% 95,10 nt benzerliği; 1082'de 53 nt farklılık) ile gösterdiği, buna rağmen 16S rRNA bölgesine göre en yüksek benzerlik gösterdiği *M. saelicesensis* Lupac 09^T'a ise 1088 nükleotit uzunluğundaki *gyrB* gen bölgesinde 81 nt farklılığı gösterdiği belirlenmiştir(**Çizelge 4.22**). Bu izolatin *rpoB* gen bölgesi analizleri sonucunda ise, karşılaştırılan 631 nt'lik bölgede *M. inositola* ATCC 21773^T tip türüne 16 nükleotit farklılık (% 94,45 nt benzerliği), 631 nt'lik bölgede *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T tip türüne 26 nükleotit farklılık (% 93,82 nt benzerliği) göstermiştir(**Çizelge 4.22-4.23**; **Şekil 4.25-4.27**).

16S rRNA gen bölgesi filogenetik analizlerine göre *Micromonospora* sp. DS3010 izolatu *M. saelicesensis* Lupac 09^T tip türüne % 99,45 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi benzerliği (1460 nt'de 8 nt farklılık) ve *M. chokoriensis* 2-19/6^T tip türüne % 99,38 16S rRNA nt dizi benzerliği (1459 nt'de 9 nt farklılık) gösterdiği belirlenmiştir. *gyrB* gen bölgesi analizine göre DS3010 izolatu en yüksek benzerliği *M. saelicesensis* Lupac 09^T (% 95,93; 1080 nt'de 44 nt farklılık) ve *M. zamorensis* CR38^T ile (% 95,9; 1111 nt'de 45 nt farklılık) göstermiştir. *rpoB* gen bölgesi analiz sonucuna göre ise bu izolatin, karşılaştırılan 644 nt'lik *rpoB* gen bölgesi nükleotit dizisinde *M. chokoriensis* 2-19/6^T tip türüne 37 nükleotit farklılık (% 94,25 nt benzerliği), 641 nt'lik bölgede *M. lupini* lupac 14N^T tip türüne 38 nükleotit farklılık (% 94,07 nt benzerliği) ve 634 nt'lik bölgede *M. saelicesensis* Lupac 09^T tip türüne 41 nükleotit farklılık (% 93,53 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.22-4.23**; **Şekil 4.25-4.27**).

Şekil 4.7'de 16S rRNA gen bölgesi filogenetik analizlerinde aynı dalda kümelenen *Micromonospora* izolatları S2509 ve S2518, karşılaştırılan 1500 nt'lik 16S rRNA gen bölgesinde birbirlerine % 98,60 benzerlik (21 nt farklılık) göstermiştir (**Çizelge 4.6**). *Micromonospora* sp. S2509 izolatu en yakın akrabası olan *M. chokoriensis* 2-19/6^T'e 1469 nt'lik bölgede 14 nükleotit farklılık (% 99,05) göstermiş, ikinci en yakın akrabası olan *M. marina* JSM-1^T'ya 1437 nt'lik bölgede 14 nükleotitlik farklılık (% 99,04) göstermiştir (**Çizelge 4.7**). *gyrB* gen bölgesi analizleri sonucunda ise bu izolatin, karşılaştırılan 997 nt'lik *gyrB* gen bölgesinde *M. chokoriensis* 2-19/6^T ile 35 nükleotit (% 96,49), *M. lupini* lupac 14N^T ile 1056 nt'lik bölgede 41 nükleotit farklılığa (% 96,12) sahip olduğu görülmüştür (**Çizelge 4.22**). *rpoB* gen bölgesi analizleri sonucunda ise bu izolatin *M. chokoriensis* 2-19/6^T'e %

94,32 (634 nt'de 36 nt) ve *M. lupini* lupac 14N^T'ye % 94,12 (629 nt'de 37 nt) nükleotit benzerliği göstermiştir.

Ordu-Melet ırmağı 4 mil açığı 45 m derinlikten alınan sediment örneğinden izole edilen S2518 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizisine göre oluşturulan filogenetik dendogramda S2509 ile ayrı bir subclade oluşturmasına rağmen *M. chokoriensis* 2-19/6^T tip türüne % 98,91 (1462 nt'de 16 nt farklılık), *M. lupini* lupac 14N^T tip türüne ise % 98,89 (1437 nt'de 16 nt farklılık) benzerlik göstermiştir (**Çizelge 4.7**). *gyrB* gen bölgesi nükleotit dizi analizleri sonucunda ise 16S rRNA gen bölgesinden farklı olarak S2518 izolatu en yüksek benzerliği sırası ile *M. saelicesensis* Lupac 09^T ve *M. lupini* lupac 14N^T'ye göstermiştir. *M. saelicesensis* Lupac 09^T ile % 97,32 (1083 nt'de 29 nt farklılık) ve *M. lupini* lupac 14N^T ile % 96,77 (1053 nt'de 34 nt farklılık) nükleotit benzerliğine sahiptir (**Çizelge 4.22**). *rpoB* gen bölgesi analizine göre ise en yüksek benzerlik *M. zamorensis* CR38^T (% 98,42; 634 nt'de 10 nt farklılık) ve *M. saelicesensis* Lupac 09^T (% 97,95; 634 nt'de 13 nt farklılık) ile göstermiştir (**Çizelge 4.22-4.23; Şekil 4.25-4.27**).

16S rRNA gen dizi analizine göre aynı kümede yer alan ve % 100 nt benzerliği gösteren S2903 ve S2904 izolatları *M. coxensis* 2-30-b/28^T, *M. halophytica* DSM 43171^T ve *M. maritima* D 10-9-5^T ile sırası ile % 98,97, 98,83 ve 98,83 benzerlik ve 15, 17 ve 17 nt farklılık göstermiştir. S2903 ve S2904 izolatlarından 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizisi bakımından 5 nt farklılığa sahip S2901 izolatının filogenetik akraba türleri *M. marina* JSM1-1^T, *M. krabiensis* MA-2^T ve *M. maritima* D 10-9-5^T olup sırası ile % 98,61, 98,61 ve 98,52 nükleotit benzerliğine, 1462 nt'de 20, 20 ve 21 nt farklılığına sahiptir. 16S rRNA gen bölgesine dayalı filogenetik dendogramda bu üç izolata ayrı bir koldan bağlanarak komşu olan ve 1482 nt'lik bölgede 13 nükleotit farklılık gösteren S4605 izolatu ise en yüksek benzerliği *M. coxensis* 2-30-b/28^T, *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ve *M. aurantiaca* ATCC 27029^T gösterirken sırası ile bu türlere % 98,97, 98,84 ve 98,84 nükleotit benzerliğine ve 1462 nt'de 15, 17 ve 17 nt farklılığına sahiptir (**Çizelge 4.6**).

gyrB gen bölgesi analizleri 16S rRNA analizlerinde olduğu gibi S2901 ve S2904 izolatu arasında % 99,73 (1112 nt'de 3nt farklılık) oranında yüksek benzerlik ortaya çıkarken aynı şekilde S2901 ve S4605 izolatlarının 1112 nt'lik *gyrB* gen bölgesinin 73 nükleotit farklılık göstermesi bu iki izolatın *Micromonospora* cinsi içerisinde farklı iki taksonu temsil ettiklerini desteklemektedir. S2901 izolatının tanımlanmış türler ile *gyrB* gen bölgesi analizleri ise *M. purpureochromogenes* DSM

43821^T ve *M. coxensis* 2-30-b/28^T ile ilişkili olduğu, sırası ile 1112 nt'lik bölgede 58 ve 60 nt farklılık gösterdiği (% 94,78 ve 94,27 nt benzerliği), buna rağmen S4605 izolatının sırası ile % 96,18 ve 94,76 nükleotit benzerliği ve 1047 nt'lik bölgede 40 ve 1127 nt'de 59 nt farklılığı ile *M. coxensis* 2-30-b/28^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ile ilişkili olduğu belirlenmiştir.

rpoB gen bölgesi analizlerinde ise S2901 ve S2904 izolatı birbirine % 100, bu izolatlar S4605 izolatına ise 647 nt'lik bölgede 33 nükleotit farklılık göstermektedir. *Micromonospora* sp. S2901-S2904 izolatları karşılaştırılan 631 nt'lik bölgede *M. inositola* ATCC 21773^T'ya 15 nükleotit farklılık (% 97,62 nt benzerliği), 631 nt'lik bölgede *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T tip türüne 22 nükleotit farklılık (% 96,51 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.22-4.23; Şekil 4.25-4.27**).

Micromonospora sp. S4803 ve *Micromonospora* sp. S3802 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre çizilen filogenetik dendogramda bir arada kümelenmiştir (**Çizelge 4.25**). 16S rRNA gen dizi analizine göre bu iki izolat % 99,26 nt benzerliği (1483 nt'de 11 nt farklılık) göstermiştir. 16S rRNA gen dizi analizine göre *Micromonospora* sp. S4803 izolatı en yakın akrabası olan *M. siamensis* TT2-4^T ile 1417 nt'lik bölgede 12 nükleotit farklılık (% 99,15 nt benzerliği) ve *M. coxensis* 2-30-b/28^T tip türüne 1460 nt'lik bölgede 13 nükleotit farklılık (% 99,15 nt benzerliği) göstermiştir. S3802 izolatı ise en yakın filogenetik akrabası olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T tip türüne 1460 nt'lik bölgede 11 nükleotit farklılık (% 99,25 nt benzerliği) ve *M. siamensis* TT2-4^T tip türüne 1417 nt'lik bölgede 12 nükleotit farklılık (% 99,15 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.7**). S4803 izolatının *gyrB* gen bölgesi analizleri sonucunda ise karşılaştırılan 871 nt'lik bölgede *M. coxensis* 2-30-b/28^T ile 39 nükleotit farklılığa (% 95,52 nt benzerliği), *M. inositola* ATCC 21773^T ile 920 nt'lik bölgede 46 nükleotit farklılığa (% 95,00 nt benzerliği) sahip olduğu görülmüştür (**Çizelge 4.22**). Diğer bir izolat *Micromonospora* sp. S3802'nin *gyrB* gen bölgesi analizinde ise karşılaştırılan 1127 nt'lik bölgede *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ile 17 nükleotit farklılığa (% 98,49 nt benzerliği), *M. siamensis* TT2-4^T ile 1080 nt'lik bölgede 57 nükleotit farklılığa (% 94,72 nt benzerliği) sahip olduğu görülmüştür (**Çizelge 4.22**). *rpoB* gen bölgesine göre ise S4803, karşılaştırılan 631 nt'lik bölgede *M. inositola* ATCC 21773^T'ya 17 nükleotit farklılık (% 97,31 nt benzerliği), 631 nt'lik bölgede *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e 23 nükleotit farklılık (% 96,35 nt benzerliği) göstermiştir. *Micromonospora* sp. S4803 izolatının en yakın akraba tip türleriyle

DNA-DNA hibridizasyon deneyleri yapılmıştır. İzolatın *M. siamensis* DSM 45097^T ile DNA-DNA hibridizasyon değeri ortalama % 14,5, ikinci en yakın akrabası *M. coxensis* 2-30-b/28^T ile ise % 55,45'lik bir değer elde edilmiştir (**Çizelge 4.21**). Diğer bir izolat *Micromonospora* sp. S3802'nin *rpoB* gen bölgesi analizleri sonucunda ise karşılaştırılan 631 nt'lik bölgede *M. inositol* ATCC 21773^T'ya 20 nükleotit farklılık (% 96,83 nt benzerliği), 631 nt'lik bölgede *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e 24 nükleotit farklılık (% 96,20 nt benzerliği) göstermiştir. İki izolatın daha detaylı çalışmalarıyla yeni bir tür olarak literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır (**Çizelge 4.22-4.23; Şekil 4.25-4.27**).

16S rRNA gen dizi analizine göre DS3186 izolatı *M. olivasterospora* DSM 43868^T tip türüne % 98,97 benzerlik (1452 nt'de 15 nt farklılık) ve *M. equina* Y22^T tip türüne % 98,84 benzerlik (1375 nt'de 16 nt farklılık) göstermiştir. İzolatın *gyrB* gen bölgesi analizleri ise karşılaştırılan 1091 nt'lik bölgede *M. eburnea* LK2-10^T ile 35 nükleotit farklılık (% 96,88 nt benzerliği) ve *M. equina* Y22^T tip türü ile 1124 nt'lik bölgede 52 nükleotit farklılık (% 95,37 nt benzerliği) gösterdiği belirlenmiştir (**Çizelge 4.22; Şekil 4.26**). İzolat *rpoB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre karşılaştırılan 646 nt'lik bölgede *M. marina* JSM1-1^T tip türüne 15 nükleotit farklılık (% 97,68 nt benzerliği), 646 nt'lik bölgede *M. chalyphumensis* MC5-1^T tip türüne 22 nükleotit farklılık (% 97,06 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.23; Şekil 4.27**).

Micromonospora sp. DS3003 izolatı *M. eburnea* LK2-10^T'ya % 99,03 16S rRNA gen bölgesi (1449 nt'de 14 nt farklılık) ve *M. narathiwatensis* BGT-1^T'e % 98,97 16S rRNA gen bölgesi dizi benzerliği (1454 nt'de 15 nt farklılık) göstermiştir (**Çizelge 4.8**). İzolatın *gyrB* gen bölgesi filogenetik analizinde ise karşılaştırılan 1044 nt'lik bölgede *M. coxensis* 2-30-b/28^T ile 64 nükleotit farklılık (% 93,87 nt benzerliği) ve *M. eburnea* LK2-10^T ile 1088 nt'lik bölgede 69 nükleotit farklılık (% 93,66 nt benzerlik) belirlenmiştir (**Çizelge 4.22; Şekil 4.26**). İzolat *rpoB* gen bölgesi nükleotid dizisi filogenetik analizinde ise karşılaştırılan 630 nt'lik bölgede *M. citrea* DSM 43903^T'ya 33 nükleotit farklılık (% 94,76 nt benzerliği) ve 646 nt'lik bölgede *M. haikouensis* 232617^T'e 40 nükleotit farklılık (% 93,81 nt benzerliği) göstererek gerek 16S rRNA ve gerekse *gyrB* gen bölgesi filogenetik analizleriyle uyum göstermemiştir (**Çizelge 4.23; Şekil 4.27**).

16S rRNA gen dizi analizine göre *Micromonospora* sp. S2510 izolatı *M. citrea* DSM 43903^T tip türüne % 99,45 benzerlik, 1457 nt'lik bölgede 8 nükleotit farklılık ve *M. eburnea* LK2-10^T tip türüne % 99,38 benzerlik ve 1451 nt'lik bölgede 9

nükleotit farklılık göstermiştir (**Çizelge 4.8**). *gyrB* gen bölgesi filogenetik analizleri sonucunda ise karşılaştırılan 1068 nt'lik bölgede *M. auratinigra* TT1-11^T ile 43 nükleotit farklılık (% 95,97 nt benzerliği) ve ikinci en yakın akrabası olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T'e 1047 nt'lik bölgede 48 nükleotit farklılık (% 95,42 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.22**; **Şekil 4.26**). İzolat *rpoB* gen bölgesi dizi analizi verilerine göre karşılaştırılan 628 nt'lik bölgede *M. coxensis* 2-30-b/28^T'e 24 nükleotit farklılık (% 96,18 nt benzerliği), 640 nt'lik bölgede *M. haikouensis* 232617^T'e 30 nükleotit farklılık (% 95,31 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.23**; **Şekil 4.27**).

Micromonospora cinsi üyesi S4401, S3806, DS3005 ve DS3012 izolatları 16S rRNA gen bölgesi filogenetik analiz sonuçlarına en yakın akraba türü olan *M. saelicesensis* Lupac 09^T ile sırasıyla % 99,52 (7/1463), % 99,59 (6/1463), % 99,93 (1/1455), % 99,93 (1/1455) gen dizi benzerliği göstermektedir (**Çizelge 4.7-Çizelge 4.8**). En yakın filogenetik akrabalarından 7 ve 6 nt farklılığa sahip S4401 ve S3806 izolatlarının taksonomik pozisyonları *gyrB* ve *rpoB* gen bölgeleri nt dizi analizleri gerçekleştirildikten sonra belirlenecektir.

Micromonospora cinsi üyesi S4602 izolatı en yakın filogenetik akraba türü olan *M. chokoriensis* 2-19/6^T'e % 99,59 (6/1456) 16S rRNA gen dizi benzerliği gösterirken S3815 izolatı en yakın filogenetik akraba türü olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T'e % 99,25 (11/1460) 16S rRNA gen dizi benzerliği göstermektedir. *Micromonospora* cinsi üyesi S4606 ve S4404 izolatları en yakın filogenetik akraba türü olan *M. jinlongensis* NEAU-GRX11^T'e sırasıyla % 99,52 (7/1457), % 99,59 (6/1457) 16S rRNA gen dizi benzerliği göstermektedir (**Çizelge 4.7-Çizelge 4.8**).

Micromonospora cinsi üyesi S2516 ve S1602 izolatları *M. rifamycinica* AM105^T tip türüne sırasıyla % 99,25 (11/1461), % 99,38 (9/1454) 16S rRNA gen dizi benzerliği göstermektedir. S2516 ve S1602 izolatları yeni bir *Micromonospora* türü olma kapasitesine sahip olduğu halde -20 °C gliserol stoğundan tekrar kültürü yapılamadığından deneysel çalışmalar devam ettirilememiştir.

Filogenetik dendogramda aynı kümede yer alan S3502, DS3002, S3301, S1802 ve S3807 izolatları *M. tulbaghia* TVU1^T tip türü ile en yüksek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğine sahip olup bunlardan S3502 % 99,42 (8/1381) ve diğer dört izolat ise % 100 16S rRNA gen dizi benzerliği göstermektedir.

% 98,64 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliği (1476 nt'de 20 nt farklılık) ile S2911 izolatına komşu olan *Micromonospora* sp. S2909 izolatı, *M. coerulea* DSM

43143^T tip türüne % 99,18 (1458 nt'de 12 nt farklılık), *M. kangleipakensis* MBRL 34^T tip türüne % 98,94 nt benzerliği (1420 nt'de 15 nt farklılık) göstermektedir.

16S rRNA gen bölgesine göre oluşturulan filogenetik dendograma göre S4402 izolatu *M. lupini* lupac 14N^T tip türüne % 99,65 (5/1429), DS3001 izolatu *M. aurantiaca* ATCC 27029^T tip türüne % 100 (0/1455) ve S2905 izolatu *M. halotolerans* CR18^T tip türüne % 99,65 (5/1430) en yüksek 16S rRNA gen dizi benzerliği göstermektedir (**Çizelge 4.7- 4.8**).

Karadeniz dip sedimentinin aktinobakteriyal biyoçeşitliliğinde *Micromonospora* cinsinden sonra en büyük ikinci grubunu 28 izolat ile *Streptomyces* üyeleri oluşturmaktadır. 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi temelli filogenetik analizlere göre 28 *Streptomyces* izolatından 4'ü (SD308, S2801, S2802 ve S3801) en yakın filogenetik akraba tip türlerine % 100 16S rRNA gen bölgesi nt benzerliği gösterirken 12'si (S1601, S3101, S3501, OD307, OD337, S4601, S1108, S1103, S1109, S1301, S1803 ve S1701) 3 veya daha az sayıda nt farklılığına sahiptir. Bu 16 *Streptomyces* izolatının en yakın filogenetik akrabasına yüksek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliği göstermelerinden dolayı % 100 tanımlanmış olarak sayılabilir. S1601, S3101 ve S3501 izolatları *S. sporoclivatus* NBRC 100767^T (% 99.80-99.93), SD308 izolatu *S. samsunensis* M1463^T (% 100), OD307 ve OD337 izolatları *S. albus* NRRL B-2365^T (% 99.93), S1108, S1103, S1109 ve S1301 izolatları *S. carpaticus* NBRC 15390^T (% 99.79-99.86), S1803 izolatu *S. collinus* NBRC 12759^T (% 99.93), S1701 izolat *S. thermocarboxydus* DSM 44293^T (% 99.93), S2801 *S. somaliensis* NBRC 12916^T (% 100) ve S2802 ve S3801 *S. albidoflavus* DSM 40455^T (% 100) olarak isimlendirilmiştir.

Streptomyces sp. S1412^T izolatının 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası *S. specialis* GW41-1564^T ile 1471 nt'lik bölgede 46 nükleotitlik bir farklılığa (% 96,80 nt benzerliği) sahip olduğu belirlenmiştir. 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi farklılığı % 3 den daha fazla olduğu için *Streptomyces* cinsi içerisinde yeni bir *Streptomyces* türü olduğu kesinleşmiş, kemotaksonomik ve fenotipik verilerle de bu desteklenmiştir. S1412 izolatu *Streptomyces hoynatensis* olarak isimlendirilmiş ve IJSEM (*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*)'de literatüre kazandırılmıştır (Veyisoğlu ve Sahin, 2014).

Diğer bir *Streptomyces* üyesi olan izolat S2704, filogenetik olarak en yakın akrabası olan *S. specialis* GW41-1564^T'e % 97,08 (1472'de 43 nt farklılık), *S.*

hainanensis YIM 47672^Te% 96,50 (1456 nt'de 51 nt farklılık) benzerliği göstermiştir. 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi benzerliği % 98'den daha düşük olduğundan (Meier-Kolthoff ve diğ., 2013)*Streptomyces* cinsi üyesi yeni bir tür olma kriterleri sağlamış ve kemotaksonomik ve fenotipik verilerle de bu desteklenmiştir. *Streptomyces* sp. S2704 izolatının tüm hücre hidrolizatında glikoz, mannoz ve riboz şekerleri bulunduğu tespit edilmiştir. İzolatın molibdofosforik asitle spreylene polar lipid profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinositol (PI), fosfatidilmetiletanolamin (PME), fosfolipit (PL), glikofosfolipit (GPL) ve iki bilinmeyen glycolipitten (GL) oluşmaktadır (**Şekil 4.36**). *Streptomyces* sp. S2704 izolatının baskın menakinonu MK-9(H₈) ve MK-10(H₆) tipindedir ve majör yağ asitleri *anteiso*-C_{17:0}, *iso*-C_{16:0} ve *anteiso*-C_{15:0}'dir (**Çizelge 4.29**). S2704 izolatu 45 °C gelişim gösterirken en yakın akraba tip türü olan *S. specialis* GW41-1564^T gelişmemektedir. S2704 izolatu arbutini hidroliz edemezken en yakın tip türü edebilmektedir. S2704 izolatu karbon kaynağı olarak sınırlı sayıda karbon kaynağını kullanırken (adonitol, D-mannitol, sükroz) en yakın tip türü çok sayıda karbon kaynağını kullanmaktadır (**Çizelge 4.38**). İzolat *Streptomyces klenkii* adı ile yayınlanmak üzere işlem aşamasındadır.

Streptomyces sp. S4702 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre filogenetik akrabası olan *S. qinglanensis* 172205^T e % 97,58 (1470 nt'de 32 nt farklılık), *S. marinus* DSM 41970^Ta % 97,53 (1459 nt'de 36 nt farklılık) nt benzerliği göstermiştir. S4702 izolatu ile *S. qinglanensis* ve *S. marinus* tip türleri arasında gerçekleştirilen DNA-DNA homoloji deneylerinde *S. qinglanensis* 172205^T tip türüne % 16,6, *S. marinus* DSM 41970^T tip türüne ise % 20,9'luk bir homoloji değeri görülmüştür. Yeni tür olduğu kesinleşen S4702 izolatu tüm hücre hidrolizatında glikoz ve riboz şekerlerini içermektedir ve baskın menakinonu MK-9(H₈)'dir. Majör yağ asitleri *anteiso*-C_{15:0}, *iso*-C_{15:0} ve *iso*-C_{16:0}'dir. Polar lipid profili fosfatidiletanolamin (PE), difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinositol (PI) ve fosfatidilinozitolmannozit (PIM) olarak belirlenmiştir. *Streptomyces* sp. S4702 izolatu L-arabinoz, D-sellobioz, D-mannoz, D-mannitol, L-ramnoz, laktoz, maltoz, mezo-inositol, süksinik asit ve ksiloz karbon kaynaklarını kullanabilirken *S. marinus* DSM 41970^T tip türü kullanamamakta, azot kaynağı olan glisin, L-alanin, L-arjinin, L-asparajin, L-sistein, L-serin, L-threonini S4702 izolatu kullanırken yine *S. marinus*DSM 41970^T kullanamamaktadır. *Streptomyces* sp. S4702 izolatının nitrat redüksiyonu pozitifdir, adenin ve Tween 40'ı degede edebilirken *S. marinus* DSM

41970^T'da nitrat redüksiyonu negatiftir, adenin ve Tween 40'ı degrades edemez(**Çizelge 4.39-4.40**). Tüm karakteristik özellikleri tamamlanan izolatin kültür koleksiyon merkezlerinde deponu numaraları alındıktan sonra isimlendirilip literatüre kazandırılacaktır.

Streptomyces sp. S3812 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *S. samsunensis* M1463^T'e 1441 nt'lik bölgede 22 nükleotitlik farklılık (% 98,47) göstermiştir (**Çizelge 4.10; Şekil 4.11**). *Streptomyces* sp. S3812 izolatu *S. samsunensis* M1463^T ile % 89,3 gibi çok yüksek oranda bir homoloji değeri vermiş olduğundan S3812 izolatu *S. samsunensis* olarak tanımlanmıştır. İzolatin tüm hücre hidrolizatında glikoz ve riboz şekerlerini içerdiği belirlenmiştir. Majör yağ asitleri *iso*-C_{15:0} ve *anteiso*-C_{15:0}, C_{16:0}'dır. Baskın menakinonu MK-9(H₈)'dir. İzolatin polar lipit profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinositol (PI), fosfatidilgliserol (PG), fosfatidilmetiletanolamin (PME), fosfolipit (PL) ve glikolipitten (GL) oluşmaktadır (**Çizelge 4.30**). Bu kemotaksonomik özellikleri *S. samsunensis* M1463^T ile özdeştir.

Streptomyces cinsi üyesi S2201, S4403 ve S4703 izolatları en yüksek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğini % 99,31- 99,79 olarak *S. aculeolatus* NBRC 14824^T tip türüne (7-10 nt farklılık) gösterdiği tespit edilmiştir (**Çizelge 4.10**). Bu izolatlar ile ilgili fenotipik ve kemotaksonomik karakteristikler filogenetik akraba tip türleriyle DNA-DNA homoloji deneyleri sonucuna göre gerçekleştirilecektir.

Streptomyces sp. S2517 ve S3703, 16S rRNA gen dizi analizine göre en yüksek nükleotit benzerliğini *S. aldersoniae* NRRL 18513^T'ya sırasıyla % 99,37, % 99,30 (9-10 nt farklılık) olarak göstermektedir (**Çizelge 4.4**). S2406 izolatu ise 16S rRNA gen dizi analizine göre en yüksek benzerliğini *S. bingchengensis* BCW-1^T tip türüne % 99,32 (1474 nt'de 10 nt farklılık) olarak göstermiştir. İzolatların taksonomik statüleri ilgili tip türleriyle DNA-DNA homoloji deneylerinden sonra belirlenecektir.

16S rRNA gen dizi analizine göre S1804 izolatu *S. djakartensis* NBRC 15409^T tip türüne 1435 nt'lik bölgede 10 nt farklılık (% 99,30 nt benzerliği) göstermiş, S1101 izolatu ise 16S rRNA gen dizi analizine göre *S. xiamenensis* MCCC 1A01550^T tip türüne 1472 nt'lik bölgede 7 nükleotit farklılık (% 99,52 nt benzerliği) göstermiştir (**Çizelge 4.4**).

Saccharomonospora sp. DS3030 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *S. marina* XMU15^T ile 1475 nt'lik bölgede 6 nt (% 99,56 nt benzerliği) ve *S. xinjiangensis* XJ-54^T tip türüne ise 1467 nt'lik bölgede 46

nt farklılık (% 96,86 nt benzerliği) göstermiştir. *S. marina* XMU15^T tip türü ile DNA-DNA hibridizasyonu yapılmış ve % 56 DNA-DNA homoloji değeri elde edilerek yeni tür olduğu kesinleşmiştir. *Saccharomonospora* sp. DS3030 izolatu tüm hücre hidrolizatında arabinoz ve galaktoz içermektedir. Polar lipit profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidiletanolamin (PE), fosfatidilinositol (PI) ve fosfatidilinositol mannozitten (PIM) oluşmaktadır. Baskın menakinonu MK-9(H4) ve majör yağ asitleri iso-C_{16:0}, iso-C_{16:0} 2-OH ve C_{16:1}cis9'dur. Fenotipik analizlerle en yakın akraba tip türünden oldukça farklılaşan izolat *Saccharomonospora amisosensis* ismiyle *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* dergisinde yayımlanarak literatüre kazandırılmıştır (Veyisoğlu ve diğ., 2013).

Saccharomonospora cinsi üyesi olan S1102 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre *S. xinjiangensis* XJ-54^T tip türüne % 99,66 nt benzerliği (1471 nt'de 5 nt farklılık), *S.azurea* NA-128^T,ya % 98,71 nt benzerliği (1471 nt'de 19 nt farklılık), *S.cyanea* NA-134^T,ya % 98,50 nt benzerliği (1471 nt'de 22 nt farklılık) ve *S. glauca* K62^T,ya % 97,62 nt benzerliği (1471 nt'de 35 nt farklılık) gösterdiği tespit edilmiştir. Bu izolatu ilgili tip türleriyle DNA-DNA homoloji deneyleri yapılarak taksonomik statüsü belirlenecektir.

Saccharomonospora cinsi üyesi olan S1106 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre *S. xinjiangensis* XJ-54^T'e % 99,12 (1471 nt'de 13 nt farklılık), *S.azurea* NA-128^T,ya % 98,18 (1481 nt'de 27 nt farklılık), *S. cyanea* NA-134^T,ya % 97,97 (1481 nt'de 30nt farklılık) ve *S.glauca* K62^T,ya % 97,10 nt benzerliği (1481 nt'de 43 nt farklılık) gösterdiği tespit edilmiştir. *Saccharomonospora* cinsi üyesi olan S1402 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre *S. xinjiangensis* XJ-54^T'e % 99,32 (1472 nt'de 10 nt farklılık), *S.azurea* NA-128^T,ya % 98,51 (1472 nt'de 22 nt farklılık), *S.cyanea* NA-134^T,ya % 98,17 (1472 nt'de 27nt farklılık) ve *S.glauca* K62^T,ya % 97,28 nt benzerliği (1472 nt'de 40 nt farklılık) gösterdiği tespit edilmiştir. İzolatların ilgili tip türleriyle DNA-DNA homoloji deneylerinin yapılp yeni tür olup olmadığı belirlenecektir.

Saccharomonospora cinsi üyesi olan DS3029 izolatu en yüksek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğini *S. amisosensis* DS3030^T tip türüne % 99,80 (3/1477), S2705 izolatu'nun ise *S. viridis* DSM 43017^T tip türüne % 100 benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Verrucosipora cinsi üyesi 5 izolattan üçü S2427, OD175 ve S1812 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre *V. gifhornensis* DSM 44337^T tip türüne 2-3 nt'lik, S3810 izolatu ise *V. fiedleri* MG-37^T'e aynı şekilde 3 nt'lik, S2506 izolatu ise filogenetik olarak en yakın akrabası olan *V. andamanensis* SP03-05^T tip türüne 4 nt farklılık göstermiştir.

16S rRNA gen dizi analizine göre *Nocardia* sp. S1503, *Nocardia* sp. S1507, *Nocardia* sp. S1508 ve *Nocardia* sp. S1509 izolatları *N. rhamnosiphila* 202GMO^T tip türüne 1-8 nt'lik farklılık göstermektedir. DS3007 izolatu ise filogenetik olarak en yakın akrabası *N. higoensis* NBRC 100133^T'e 9 nt (% 99,39 nt benzerliği), *N. shimofusensis* IFM 10311^T'e 12 nt (% 99,18), *N. farcinica* ATCC 3318^T'a 14 nt (% 99,04) ve *N. kroppenstedtii* N1286^T'ye 15 nt (% 98,98) farklılık göstermektedir.

16S rRNA gen dizi analizine göre *Nonomuraea* sp. S2301 izolatının en yakın filogenetik akrabası olan *N. candida* HMC10^T tip türüne 1401 nt'lik bölgede 20 nt (% 98,57 nt benzerlik) ve *N. salmonea* DSM 43678^T tip türüne 1449 nt'lik bölgede 23 nt farklılığı (% 98,41 nt benzerliği) gösterdiği tespit edilmiştir (**Çizelge 4.16; Şekil 4.17**). *Nonomuraea* sp. S2301 izolatu ve *N. candida* DSM 45086^T tip türünün gelişim için tuza gereksinim duymadığı, ancak % 3'lük tuzu tolere edebildiği belirlenmiştir. S2301 izolatu 37 °C'ye kadar sıcaklığı tolere edebilirken *N. candida* DSM 45086^T tip türü 45°C'ye kadar sıcaklığı tolere edebilmektedir. S2301 izolatu karbon kaynağı olan D-sorbitolu kullanırken *N. candida* DSM 45086^T tip türü kullanamamaktadır. *N. candida* DSM 45086^T tip türü karbon kaynağı olan D-mannitol, dekstran ve mezo-inozitolü kullanırken *Nonomuraea* sp. S2301 izolatu kullanamamakta, alfa-iso-lösin, D-fenilalanin, L-histidin ve adenin azot kaynaklarını *N. candida* DSM 45086^T tip türü kullanırken *Nonomuraea* sp. S2301 izolatu kullanamamaktadır. S2301 izolatu nitratı redükte ederken *N. candida* DSM 45086^T edememekte, *N. candida* DSM 45086^T allantoini hidroliz ederken *Nonomuraea* sp. S2301 edememektedir (**Çizelge 4.39-4.40**). En yakın filogenetik akrabasından bir çok fenotipik karakteristiği ile farklılaşan *Nonomuraea* sp. S2301 izolatının DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılacaktır.

Nonomuraea sp. S2402 izolatu en yakın tip türü olan *N. harbiensis* NEAU-yn31^T ile arasında % 99,66'lık (5/1467) bir 16S rRNA gen bölgesi dizi benzerliği göstermiştir. Aynı cinsin üyesi olan *Nonomuraea* sp. S3604 en yakın tip türü olan *N. moscovyensis* FMN03^T tip türüne % 100'lük (0/1468) bir 16S rRNA gen bölgesi dizi benzerliği göstermiş, fenotipik ve kemotaksonomik olarak da bu benzerlik

desteklendiğinden *N. moscovyensis* olarak tanımlanmıştır. *N. kuesteri* GW 14-1925^T tip türüne % 100 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğ gösteren *Nonomuraea* sp. S3404 izolatu *N. kuesteri* olarak tanımlanırken, S2405 izolatu en yakın tip türü olan *N. coxensis* DSM 45129^T'e % 99,58 nt benzerliği (1434 nt' de 6 nt farklılık) göstermiştir (**Çizelge 4.16; Şekil 4.17**).

Actinomadura sp. S2422 izolatının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *A. sputi* IMMIB L-889^T tip türüne 1464 nt'lik bölgede 63 nükleotit farklılığı (% 96,57 nt benzerliği) gösterdiği tespit edilmiştir (**Çizelge 4.17; Şekil 4.18**). 63 nt farklılığı diğer *Actinomadura* cinsi üyelerinden farklı bir tür olduğunu göstermesine rağmen 16S rRNA gen bölgesinin ikinci kez sekansı yapılarak bu durumun teyit edilmesine ihtiyaç duyulmaktadır. S2422 izolatının tüm hücre hidrolizatında glikoz ve riboz şekerleri içerdiği tespit edilmiştir. Majör yağ asitleri C_{16:0}, C_{18:1ω9c}, 10-methyl-C_{18:0} olarak belirlenmiştir (**Çizelge 4.30**). Baskın menakinonları MK-9(H₆), MK-9(H₈) ve MK-9(H₄) tipindedir (**Şekil 4.39**). İzolata ait molibdfosforik asit ile spreyleneş polar lipid profili difosfatidilgliserol (DPG), fosfatidilinositol (PI), fosfatidilinositol mannozitten (PIM) bir fosfolipit (PL) ve bir fosfoglikolipitten (PG) oluşmaktadır (**Şekil 4.35**). İzolatın ve en yakın tip türü olan *A. sputi* DSM 45233^T'nin karşılaştırmalı fenotipik karakterizasyonları **Çizelge 4.39**'da verilmiştir.

% 99.49 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğine (1367 nt de 7 nt farklılık) sahip iki izolattan S1401 izolatu *A. mexicana* A290^T tip türüne % 99,48 nükleotit benzerliği (7/1341 nt) göstermiş, S1407 izolatu ise aynı tip türüne % 99,44 nükleotit benzerliği (8/1421 nt) ile filogenetik akraba olmuştur. S3702 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre *A. meyeræ* A288^T tip türüne % 99,58 (1437 nt de 6 nt farklılık) nükleotit benzerliği göstermiştir.

Karadeniz sedimentinden izole edilen diğer bir aktinobakteri cinsi *Actinopolymorpha* cinsidir. Bu cinse ait üç izolat, S2503, S3704 ve DS1018, 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *A. cephalotaxi* I06-2230^T tip türüne 2-7 nt'lik farklılık (% 99,51-99,86 nt benzerlik) göstermektedir.

16S rRNA gen dizi analizine göre *Plantactinospora* sp. S2414 ve *Plantactinospora* sp. S3408 izolatlarının en yakın filogenetik akrabaları olan *P. endophytica* YIM 68225^T tip türüne 7 nt'lik farklılık (% 99,51) gösterdiği tespit edilmiştir.

Tek izolat suş ile temsil edilen *Microbispora* cinsi üyesi S2404, 16S rRNA gen bölgesi nükleotit dizi analizine göre 1466 nt'lik bölgede 8 nükleotitlik farklılık (% 99,45 nt benzerliği) gösterdiği *M. hainanensis* 211020^T ile filogenetik akraba olmuştur.

16S rRNA gen dizi analizi verilerine göre tanımlanmış tip türlerinden belli oranda nükleotit farklılığı gösteren ve yeni tür olma olasılığı bulunan izolatlar ile bu izolatların filogenetik akraba türlerinin kültürel ve morfolojik özelliklerinin belirlenmesi amacıyla ISP 2, 3, 4, 5, 6 ve 7, modifiye Bennett's, Czapek's, Nutrient ve Triptik Soy Agar yüzeyine inokülasyonu gerçekleştirildi (**Çizelge 4.42-4.46; Şekil 4.44-4.48**). Test organizmalarının 28°C'de 14 gün inkübasyonundan sonra gelişimi, spor rengi, substrat miselyum ve çözünebilir pigment rengi, *Inter-Society Colour Council National Bureau of Standards (ISCC-NBS) Colour Name Charts (United States Department of Coerce, Gaithersberg, Maryland, U.S.A, 1985)* kataloğundaki renklere göre belirlendi. İzolatların ISP 6 ve ISP 7 agarda melanin pigmenti üretmedikleri gözlemlendi.

16S rRNA gen dizi analizi verilerine göre yeni tür olma olasılığı bulunan izolatların antimikrobiyal aktiviteleri, Gram (+), Gram (-) bakteriler ile maya ve küflerden oluşan patojenlere karşı belirlenmiştir. *Streptomyces* cinsi üyesi izolatların çoğu patojene karşı antimikrobiyal aktivite gösterirken, son yıllarda yeni bir çok antibiyotik elde edildiği ve yeni antibiyotikler için doğal kaynak kabul edilen olan *Micromonospora* cinsi üyesi izolatların çoğunun antimikrobiyal aktivitesi belirlenmemiştir (**Çizelge 4.41; Şekil 4.43**).

Tüm izolatların 3-amino-5-hidroksibenzoik asit(AHBA) gen bölgesinin varlığı, ilgili primerler ile PZR amplifikasyonları gerçekleştirilerek belirlendi. Elde edilen PZR ürünlerine ait jel görüntülerine göre, farklı cins üyesi izolatların bazılarının AHBA gen kümesini içerdiği tespit edildi. *Micromonospora* cinsine ait olan 10 izolatın (S1802, S2901, S2903, S2904, S2508B, S2510, S2518, S3815, S4402 ve S4803), *Streptomyces* cinsine ait 4 izolatın (S2201, S2704, S2801 ve SD308), *Microbispora* sp. S2404 izolatının, *Verrucosipora* sp. S1812 izolatının, *Actinopolymorpha* sp. DS1018 izolatının ve *Nonomuraea* sp. S2301 izolatının AHBA gen bölgesi içerdiği tespit edildi (**Çizelge 4.24; Şekil 4.29**).

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

İzolatların taksonomik kompozisyonları genomik, kemotaksonomik ve fenotipik verilerin birlikte değerlendirildiği polifazik yaklaşım ile belirlenmektedir (Petrosyan ve diğ., 2003; Lee ve diğ., 2005). Polifazik taksonomi olarak nitelendirilen bu üçlü yaklaşım ile mikroorganizmaların tür seviyelerinde tanımlanması doğru ve net olarak yapılabilmektedir (Coenye ve diğ., 2005). Polifazik taksonomik yaklaşımlara göre, 16S rRNA gen bölgesi filogenetik analizleri sonuçlarına bağlı olarak cins düzeyinde tanımlanan suşlar, % 0-3 arasında bir 16S rRNA gen bölgesi nükleotit farklılığında DNA-DNA hibridizasyon deneyleri ile tür düzeyinde tanımlanmakta ve fenotipik ve kemotaksonomik özelliklerin karakterizasyonu ile de tür tanımı tamamlanmaktadır.

Bu tez çalışmasında Karadeniz'in farklı derinliklerinden alınan sediment örneklerinden bazal mineral salts, M3, nişasta-kazein, non-sporulating, SM1, SM2, SM3 ve rafinoz-histidin agar besiyerleri kullanılarak farklı aktinomiset üyelerinin izolasyonu gerçekleştirildi. Elde edilen 133 izolat saflaştırılıp stoklandı. Ancak 40 izolat yeniden aktifleştirilemediği için 93 izolat tez çalışmasında kullanıldı. 16S rRNA gen dizi analizlerinin sonuçlarına göre, *Micromonospora* cinsi üyesi 34 izolat, *Streptomyces* cinsi üyesi 28 izolat, *Saccharomonospora* cinsi üyesi 6 izolat, *Verrucospora* cinsi üyesi 5 izolat, *Nocardia* cinsi üyesi 5 izolat, *Nonomuraea* cinsi üyesi 5 izolat, *Actinomadura* cinsi üyesi 4 izolat, *Actinopolymorpha* cinsi üyesi 3 izolat, *Plantactinospora* cinsi üyesi 2 izolat ve *Microbispora* cinsi üyesi 1 izolat elde edildi.

5.1. Sonuçlar

Yapılan çalışmalar sonucunda 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *Streptomyces specialis* GW41-1564^T ile 1471 nt'lik bölgede 46 nükleotitik farklılığa (% 96,80 nt benzerliği) sahip olan *Streptomyces* sp. S1412^T izolatının tüm genomik, kemotaksonomik ve fenotipik analizleri tamamlanmış ve *Streptomyces hoynatensis* olarak isimlendirilmiş ve *International Journal of*

Systematic and Evolutionary Microbiology dergisinde yayımlanarak literatüre kazandırılmıştır.

16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *S.marina* XMU15^T ile 1475 nt'lik bölgede 6 nükleotit farklılığa (% 99,56 nt benzerliği) sahip olan DS3030 izolatının, *S.marina* XMU15^T ile % 56 DNA-DNA homoloji değeri elde edilerek yeni tür olduğu kesinleşmiştir. İzolatın tüm genomik, kemotaksonomik ve fenotipik analizleri tamamlanmış ve *Saccharomonospora amisosensis* olarak isimlendirilmiş ve *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 'de yayımlanarak literatüre kazandırılmıştır.

Streptomyces sp. S2704 izolatı en yakın akrabası olan *S. specialis* GW41-1564^T ile 1478 nt'lik bölgede 43 nükleotitlik farklılık (% 97,08 nt benzerliği) göstermiş, izolatın tüm genomik, kemotaksonomik ve fenotipik analizleri tamamlanmış ve *Streptomyces klenkii* olarak isimlendirilmiş ve *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 'de yayınlanma aşamasındadır.

Micromonospora cinsi üyesi 34 izolattan 6 tane(S2911, DS3010, S4401, S3806, DS3005 ve DS3012) izolat 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. saelicesensis* Lupac 09^T ile 1-17 nt farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Bu izolatlardan 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabasından nükleotit farklılığı en fazla olan S2911 (17 nt) ve DS3010 (8 nt) izolatlarının *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapılmıştır. S2911 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ve *M. coxensis*. 2-30-b/28 türlerinden sırası ile 16 ve 52 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. inositola* ATCC 21773^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e sırası ile 16 ve 26 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. DS3010 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. saelicesensis* Lupac 09^T ve *M. zamorensis* CR38^T türlerinden sırası ile 44 ve 45 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. chokoriensis* 2-19/6^T ve *M. lupini* Lupac 09^T'ye sırası ile 37 ve 38 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu iki izolatın ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

Micromonospora cinsi üyesi olan S2518, S2509 ve S4602 izolatlarının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. chokoriensis* 2-19/6^T'e 6-16 nt farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. 16S rRNA gen dizi analizine

göre *M. chokoriensis* 2-19/6^T tip türüne S2509 izolatu 14 nt ve S2518 izolatu 16 nt farklılık göstermiştir. Bu iki izolatu *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapılmıştır. S2509 izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. chokoriensis* 2-19/6^T ve *M. lupini* lupac 14N^T türlerinden sırası ile 35 ve 41 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. chokoriensis* 2-19/6^T ve *M. lupini* lupac 14N^T'ye sırası ile 34 ve 37 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. S2518 izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. saelicesensis* Lupac 09^T ve *M. lupini* lupac 14N^T türlerinden sırası ile 29 ve 34 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. zamorensis* CR38^T ve *M. saelicesensis* Lupac 09^T'e sırası ile 10 ve 13 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu iki izolatu ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

16S rRNA gen dizi analizine göre S2903, S2904, S4605, S3802 ve S3815 izolatları en yakın filogenetik akrabaları olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T tip türünden 11-15 nt'lik farklılık göstermiş, izolatlardan S2903 ve S3815 hariç diğerlerinin *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapılmıştır. S2904 izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ve *M. coxensis* 2-30-b/28 türlerinden sırası ile 61 ve 59 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. inositola* ATCC 21773^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e sırası ile 15 ve 22 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. S4605 izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. coxensis* 2-30-b/28 ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T türlerinden sırası ile 40 ve 59 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. citrea* DSM 43903^T ve *M. haikouensis* 232617^T'e sırası ile 16 ve 21 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. S3802 izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ve *M. siamensis* TT2-4^T türlerinden sırası ile 17 ve 50 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. inositola* ATCC 21773^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e sırası ile 20 ve 24 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu üç izolatu ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

Micromonospora cinsi üyesi olan S2508B ve DS3003 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. eburnea* LK2-10^T tip türüne 14-17 nt'lik farklılık göstermiştir. Bu iki izolatu *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapılmıştır. S2508B izolatu'nun *gyrB* gen bölgesine göre en yakın

filogenetik akrabaları olan *M. eburnea* LK2-10^T ve *P. endophytica* YIM 68255^T türlerinden sırası ile 110 ve 126 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *P. mayteni* YIM 61359^T ve *P. endophytica* YIM 68255^T,ya sırası ile 35 ve 35 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. DS3003 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T ve *M. eburnea* LK2-10^T türlerinden sırası ile 64 ve 69 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. citrea* DSM 43903^T ve *M. haikouensis* 232617^T'e sırası ile 33 ve 40 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu iki izolatın ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

Micromonospora cinsi üyesi olan S2901, S4803, DS3186 ve S2510 izolatları sırasıyla 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. marina* JSM1-1^T, *M. siamensis* TT2-4^T, *M. olivasterospora* DSM 43868^T ve *M. citrea* DSM 43903^T tip türüne 8-20 nt'lik farklılık göstermektedir. İzolatların *gyrB* ve *rpoB* gen bölgesi dizi analizleri yapılmıştır. S2901 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T ve *M. coxensis* 2-30-b/28^T türlerinden sırası ile 58 ve 60 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. inositola* ATCC 21773^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e sırası ile 15 ve 22 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. S4803 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. coxensis* 2-30-b/28^T ve *M. inositola* ATCC 21773^T türlerinden sırası ile 39 ve 46 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. inositola* ATCC 21773^T ve *M. purpureochromogenes* DSM 43821^T'e sırası ile 17 ve 23 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. İzolatın *M. siamensis* DSM 45097^T ile DNA-DNA hibridizasyon değeri ortalama % 14.5, ikinci en yakın akrabası *M. coxensis* 2-30-b/28^T ile ise % 55,45'lik bir değer elde edilmiştir. DS3186 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. eburnea* LK2-10^T ve *M. equina* Y22^T türlerinden sırası ile 35 ve 52 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. marina* JSM1-1^T ve *M. chaiyaphumensis* MC5-1^T'e sırası ile 15 ve 22 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. S2510 izolatının *gyrB* gen bölgesine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. auratinigra* TT1-11^T ve *M. coxensis* 2-30-b/28^T türlerinden sırası ile 43 ve 48 nt farklılığı, *rpoB* gen bölgesinin ise *M. coxensis* 2-30-b/28^T ve *M. haikouensis* 232617^T'e sırası ile 24 ve 30 nt farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu dört izolatın ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojisi sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

Micromonospora sp. S1510 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine gre en yakın filogenetik akrabası olan *M. equina* Y22^T tip trne 24 nt'lik farklılık gstermektedir. İzolatu *gyrB* ve *rpoB* gen blgesi dizi analizlerinin ve ilgili tip trleriyle DNA-DNA homolojisinin yapılp tr stats belirlenerek literatre kazandırılması hedeflenmektedir.

Micromonospora cinsi yesi olan S4606 ve S4404 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine gre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. jinlongensis* NEAU-GRX11^T'e 6-7 nt'lik farklılık gstermiştir. S2516 ve S1602 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine gre en yakın filogenetik akrabaları olan *M. rifamycinica* AM105^T'ya 9-11 nt farklılık gsterdiği tespit edilmiştir.

16S rRNA gen dizi analizine gre S3502, DS3002, S3301, S1802 ve S3807 izolatları en yakın akrabaları olan *M. tulbaghia* TVU1^T tip trne S3502 izolatu hariç diğeri izolatlar % 100 benzerlik gstermiştir. S3502 izolatu *M. tulbaghia* TVU1^T tip trne % 99,42 benzerlik gstermiştir. Geriye kalan diğeri 4 *Micromonospora* izolatu en yakın filogenetik akraba trleri ile 5-12 nt farklılık gstermektedir.

Streptomyces sp. S4702 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine gre en yakın filogenetik akrabası olan *S. qinglanensis* DSM 42035^T tip tr ile 1470 nt'lik blgede 32 nkleotitlik farklılık (% 97,58) gstermiştir. *Streptomyces* sp. S4702 izolatu *S. qinglanensis* DSM 42035^T ile 16.6 homoloji değeri vermiştir. İkinci en yakın akrabası olan *S. marinus* DSM 41970^T ile de % 20,9 homoloji değeri vermiştir. İzolatu en az iki kltr koleksiyonuna depoziti gerekleřtirildikten sonra kemotaksonomik ve fenotipik testlerden eksiklerinin tamamlanarak literatre kazandırılması amalanmaktadır.

Streptomyces sp. S3812 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine gre en yakın filogenetik akrabası olan *S. samsunensis* M1463^T'e 1441 nt'lik blgede 22 nkleotitlik farklılık (% 98,47) gstermiştir. S3812 izolatu *S. samsunensis* M1463 ile % 89,3 homoloji değeri vermiş ve *S. samsunensis* olarak tanımlanmıştır.

Streptomyces cinsi yesi 28 izolattan 4 tanesi olan S1103, S1108, S1109 ve S1301 izolatları filogenetik analizlere gre *S. carpaticus* NBRC 15390^T tip tr ile en yksek 16S rRNA gen blgesi nkleotit benzerliğini % 99,79-% 99,86 (2-3 nt'lik farklılık) gstermiştir. S2201, S4403, S4601 ve S4703 izolatlarının en yksek 16S rRNA gen blgesi nkleotit benzerliğini % 99,31-% 99,79 olarak *S. aculeolatus* NBRC 14824^T tip trne (3-10 nt farklılık) gsterdiği tespit edilmiştir. Geriye kalan

diğer 16 *Streptomyces* izolatu en yakın filogenetik akraba türler ile 0-13 nt farklılık göstermektedir.

Saccharomonospora cinsi üyesi 5 izolattan 3 tanesi olan S1102, S1106 ve S1402 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *S. xinjiangensis* XJ-54^T tip türüne 5-13 nt farklılık göstermiş, DS3029 izolatu en yüksek 16S rRNA gen bölgesi nükleotit benzerliğini *S. amisosensis* DS3030^T tip türüne % 99,80 (3/1477) olarak göstermiştir. 16S rRNA gen dizi analizine göre S2705 izolatının en yakın tip türü olan *S. viridis* DSM 43017^T'e % 100 benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir.

Verrucosipora cinsi üyesi 5 izolattan üç tanesi olan S2427, OD175 ve S1812 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre *V. gifhornensis* DSM 44337^T tip türüne 2-3 nt farklılık göstermektedir. S3810 izolatu filogenetik olarak en yakın akrabası olan *V. fiedleri* MG-37^T tip türüne 3 nt farklılık, S2506 izolatu ise filogenetik olarak en yakın akrabası olan *V. andamanensis* SP03-05^T tip türüne 4 nt farklılık göstermektedir.

Nocardia cinsi üyesi 5 izolattan 4 tanesi olan S1503, S1507, S1508 ve S1509 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre *N. rhamnosiphila* 202GMO^T tip türüne 1-8 nt'lik farklılık göstermektedir. DS3007 izolatu ise filogenetik olarak en yakın akrabası olan *N. higoensis* NBRC 100133^T tip türüne 9 nt'lik farklılık göstermektedir.

Nonomuraea cinsi üyesi *Nonomuraea* sp. S2301 izolatının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *N. candida* HMC10^T tip türüne 1401 nt'lik bölgede 20 nükleotit farklılığı (% 98,57 nt benzerliği) gösterdiği tespit edilmiştir. İzolatın 16S rRNA gen dizi analizine göre çizilen dendogramdaki pozisyonu göz önünde bulundurularak ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojilerinin yapılıp yeni tür olduğu kesinleştikten sonra kemotaksonomik ve fenotipik analizlerinin tamamlanarak literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır. Diğer 4 *Nonomuraea* cinsi üyesi izolat en yakın filogenetik akraba türleri ile 0-6 nt'lik farklılık göstermektedir.

Actinomadura sp. S2422 izolatının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *A. sputi* IMMIB L-889^T tip türüne 1464 nt'lik bölgede 63 nükleotit farklılığı (% 98,57 nt benzerliği) gösterdiği tespit edilmiştir. 63 nt farklılığı diğer *Actinomadura* cinsi üyelerinden farklı bir tür olduğunu göstermesine rağmen 16S rRNA gen bölgesinin ikinci kez sekansı yapılarak bu durumun teyit edilmesine

ihtiyaç duyulmaktadır. 16S rRNA gen dizi analizi yenilendikten sonra ilgili kültür koleksiyonlarına depoziti yapıp literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır. Diğer 3 *Actinomadura* cinsi üyesi izolat en yakın filogenetik akraba türleri ile 6-8 nt'lik farklılık göstermektedir.

Actinopolymorpha cinsi üyesi S2503, S3704 ve DS1018 izolatları 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *A.cephalotaxi* I06-2230^T tip türüne 2-7 nt'lik farklılık göstermektedir.

Plantactinospora sp. S2414 ve S3408 izolatlarının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabaları olan *P. endophytica* YIM 68225^T tip türüne 7 nt'lik farklılık gösterdiği tespit edilmiştir.

Microbispora sp. S2404 izolatının 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *M. hainanensis* 211020^T tip türüne 1466 nt'lik bölgede 8 nükleotitik farklılık (% 99,45 nt benzerliği) gösterdiği tespit edilmiştir.

5.2. Öneriler

Micromonospora cinsine ait olan S1510, S2508B, S2901, S2903, S2904, S2911, S2509, S2510, S2518, S3802, DS3003, DS3010, DS3186, S4605, S4803 ve S2909 izolatları 16S rRNA gen bölgesi filogenetik analiz sonuçlarına göre en yakın filogenetik akrabasından en fazla uzaklığı bulunan izolatlardır. Bu izolatlardan S1510, S2903 ve S2909 hariç diğer 13'ünün *rpoB* ve *gyrB* gen bölgesi dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. Gen bölgeleri dizi analizleri sonucunda en yakın tip türlerinden oldukça farklılık gösterdikleri belirlenmiştir. Tip türleriyle birlikte yağ asiti analizleri ve fenotipik analizleri de yapılan izolatların ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojilerinin yapıp sonunda tür statüsü belirlenerek literatüre kazandırılması hedeflenmektedir.

Streptomyces sp. S4702 izolatı 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *S. qinglanensis* DSM 42035^T tip türüne 32 nükleotitik farklılık göstermiştir. *Streptomyces* sp. S4702 izolatı *S. qinglanensis* DSM 42035^T ile % 16,6 homoloji değeri verirken, ikinci en yakın akrabası olan *S. marinus* DSM 41970^T ile % 20,9 homoloji değeri vermiştir. Fenotipik ve kemotaksonomik analizlerinden eksik olanların tamamlanıp izolatın literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır.

Nonomuraea cinsi üyesi *Nonomuraea* sp. S2301 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *N. candida* HMC10^T tip türüne 20 nükleotit farklılık göstermiştir. İzolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre çizilen dendogramdaki pozisyonu göz önünde bulundurularak ilgili tip türleriyle DNA-DNA homolojilerinin yapıp yeni tür olduđu kesinleştikten sonra kemotaksonomik ve fenotipik analizlerinin de tamamlanarak literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır.

Actinomadura sp. S2422 izolatu 16S rRNA gen dizi analizine göre en yakın filogenetik akrabası olan *A. sputi* IMMIB L-889^T tip türüne 63 nükleotitlik bir farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. 63 nt farklılığı diğer *Actinomadura* cinsi üyelerinden farklı bir tür olduğunu göstermesine rağmen 16S rRNA gen bölgesinin ikinci kez sekansı yapılarak bu durumun teyit edilmesine ihtiyaç duyulmaktadır. 16S rRNA gen dizi analizi yenilendikten sonra eksik analizlerinin tamamlanıp literatüre kazandırılması amaçlanmaktadır.

3-amino-5-hidroksibenzoik asit (AHBA) gen bölgesine sahip olan S2901, S2903, S2904, S2518, S3815, S1802, S2508B, S4803, S4402, S2510, S2704, S2201, SD308, S2801, S1812, S2301, DS1018 ve S2404 izolatlarının hangi tipte bir sekonder metabolit üretebildikleri daha sonra yapılacak daha kapsamlı taramalarla ortaya konulmalıdır.

KAYNAKLAR

- Adékambi T., Drancourt M., Raoult D., 2008. The *rpoB* gene as a toll for clinical microbiologists. *Trends Microbiol*,17, 37-45.
- Al-Zarban S. S., Al-Musallam A. A., Abbas I., Stackebrandt E., Kroppenstedt R. M., 2002. *Saccharomonospora halophila* sp. nov., a novel halophilic actinomycete isolated from marsh soil in Kuwait. *Int J Syst Evol Microbiol*, 52, 555-558.
- Anderson A. S., Wellington E. M. H., 2001. The taxonomy of *Streptomyces* and related genera. *Int J Syst Evol Microbiol*,51, 797-814.
- Aoki H., Sakai H., Koshaka M., Konomi T., Hosoda J., Kubochi Y., *et al.*, 1976. Nocardicin A, a new monocyclin-lactam antibiotic: discovery, isolation and characterization. *J Antibiot*,29, 492-500.
- Ara I., Kudo T., 2007a. *Luedemannella* gen. nov., a new genus of the family *Micromonosporaceae* and description of *Luedemannella helvata* sp. nov. and *Luedemannella flava* sp. nov. *J Gen Appl Microbiol*,53, 39-51.
- Ara I., Kudo T., 2007b. *Krasilnikovia* gen. nov., a new member of the family *Micromonosporaceae* and description of *Krasilnikovia cinnamonea* sp. nov. *Actinomycetologica*,21, 1-10.
- Ara I., Matsumoto A., Bakir M. A., Kudo T., Omura S., Takahashi Y., 2008. *Actinomadura bangladeshensis* sp. nov. and *Actinomadura chokoriensis* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 58, 1653-1659.
- Arahal D. R., Sánchez E., Macián M. C., Garay E., 2008. Value of *recN* sequences for species identification and as a phylogenetic marker within the family “*Leuconostocaceae*”. *Int Microbiol*,11, 33-39.
- Arumugam M., Mitra A., Jaisankar P., Dasgupta S., Sen T., Gachhui R., *et al.* 2009. Isolation of an unusual metabolite 2-allyloxyphenol from a marine actinobacterium, its biological activities and applications. *Appl Microbiol Biotechnol*,86, 109-117.
- Asano K., Kawamoto I., 1986. *Catellatospora*, a new genus of the Actinomycetales. *Int J Syst Bacteriol*, 36, 512-517.
- Asolkar R. N., Jensen P. R., Kauffman C. A., Fenical W., 2006. Daryamides A-C, weakly cytotoxic polyketides from a marine-derived actinomycete of the genus *Streptomyces* strain CNQ-085. *J Nat Prod*,69, 1756-9.
- Asolkar R. N., Kirkland T. N., Jensen P. R., Fenical W., 2010. Arenimycin, an antibiotic effective against rifampin- and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from the marine actinomycete *Salinispora arenicola*. *J Antibiot (Tokyo)*, 63, 37-39.
- Atta H. M., 2007. Production of vitamin B12 by *Streptomyces fulvissimus*. *Egypt J Biomed Sci*, 23, 1-19.

- Bala S., Khanna R., Dadhwal M., Prabakaran S. R., Shivaji S., Cullum J., Lal R., 2004. Reclassification of *Amycolatopsis mediterranei* DSM 46095 as *Amycolatopsis rifamycinica* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*,54, 1145-1149.
- Balkaş T. İ., 1990. “ The Mediterranean and the Black Sea Pollution”, *State of the Art, Mediterranean in the Nineties*, Ankara: TÇSV Yayını, 181-197.
- Barcina I., Iriberrı J., Egea L., 1987. Enumeration, isolation and some physiological properties of actinomycetes from sea water and sediment. *Syst Appl Microbiol*, 10, 85-91.
- Barry C.H., Lee R.E., Mdluli K., Sampson A. E., Schroeder B. G., Slayden R. A., Yuan Y., 1998. Mycolic acids: structure, biosynthesis and physiological functions. *Progress in Lipid Research*, 37(2-3), 143-179.
- Başar E., 1996. Sürmene Koyu'ndaki Bazı Teleost Balıkların Pelajik Yumurta ve Mevsimsel Dağılımı. Yüksek Lisans Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon, 80 s.
- Becker B., Lechevalier M.P., Lechevalier H. A., 1965. Chemical composition of cell-wall preparations from strain of various form-genera of aerobic actinomycetes. *Applied Microbiol*, 13, 236-243.
- Beg Q. K., Kapoor M., Mahajan L., Hoondal G. S., 2001. Microbial xylanases and their industrial applications: a review. *Appl Microbiol Biotechnol*,56, 326-338.
- Berdy J., 1980. Recent advances in and prospects for antibiotic research. *Process Biochem*,15, 28-35.
- Berdy J., 2005. Bioactive microbial metabolites. *J Antibiot* (Tokyo), 58, 1-26.
- Betina V., 1983. The chemistry and biology of antibiotics. Amsterdam: Elsevier Scientific Pub. Co; p. 190.
- Bode H. B., Bethe B., Höfs R., Zecek A., 2002. Big effects from small changes: possible ways to explore nature's chemical diversity. *Chem Biol Chem*, 3, 619-27.
- Bolshoy A., Volkovich Z., 2009. Whole-genome prokaryotic clustering based on gene lengths. *Discrete Appl Math*, 157, 2370-2377.
- Brosius J., Palmer M. L., Kennedy P.J., Noller H.F., 1978. Complete nucleotide sequence of a 16S ribosomal RNA gene from *Escherichia coli*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*,75, 4801-4805.
- Brunakova Z., Godnay A., Timko J., 2004. An extracellular endodeoxyribonuclease from *Streptomyces aureofaciens*. *Biochim Biophys Acta*,1721, 116-23.
- Bruns A., Philipp H., Cypionka H., Brinkhoff T., 2003. *Aeromicrobium marinum* sp. nov., an abundant pelagic bacterium isolated from the German Wadden sea. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 53, 1917-23.
- Bruntner C., Binder T., Pathom-aree W., Goodfellow M., Bull A. T., Potterat O., et al., 2005. Frigocyclinone, a novel angucyclinone antibiotic produced by a *Streptomyces griseus* strain from Antarctica. *J Antibiot* (Tokyo), 58, 346-9.
- Bull A. T., Ward A. C., Goodfellow M., 2000. Search and discovery strategies for biotechnology: the paradigm shift. *Microbiol Mol Biol Rev*,64, 573-606.

- Bull A. T., Stach J. E. M., Ward A. C., Goodfellow M., 2005. Marine actinobacteria: perspectives, challenges, future directions. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 87, 65-79.
- Bull A. T., Stach J. E. M., 2007. Marine actinobacteria: new opportunities for natural product search and discovery. *Trends Microbiol*, 15, 491-9.
- Busse H.-J., Denner E. B. M., Lubitz W., 1996. Classification and identification of bacteria: current approaches to an old problem. Overview of methods used in bacterial systematics. *J Biotechnol*, 47, 3-38.
- Burja A. M., Hill R. T., 2001. Microbial symbionts of the Australian Great Barrier Reef sponge *Candidaspongia flabellate*. *Hydrobiologia*, 461, 41-47.
- Busti E., Monciardini P., Cavaletti L., Bamonte R., Lazzarini A., Sosio M., Donadio S., 2006. Antibiotic producing ability by representatives of a newly discovered lineage of actinomycetes. *Microbiol*, 152, 675-683.
- Cal S., Aparicio J. F., De Los Reyes-Gavilan C. G., Nicieza J., Sanchez A., 1995. A novel exocyttoplasmic endonuclease from *Streptomyces antibioticus*. *J Biochem*, 306, 93-100.
- Cao Y.-R., Jiang Y., Wu J.-Y., Xu L.-H., Jiang C.-L., 2009. *Actinopolymorpha alba* sp. nov., isolated from a rhizosphere soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 2200-2203.
- Carte B. K., 1996. Biomedical potential of marine natural products. *Biosciences*, 46, 271-86.
- Carro L., Spröer C., Alonso P., Trujillo M. E., 2012. 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.
- Cashion P., Holder-Franklin M. A., McCully J., Franklin M., 1977. A rapid method for the base ratio determination of bacterial DNA. *Anal Biochem*, 81, 461-466.
- Castillo U., Myera S., Brown L., Strobel G., Hess W. M., Hanks J, *et al.*, 2005. Scanning electron microscopy of some endophytic Streptomycetes in snakevine-*Kennedia nigricans*. *Scanning*, 27, 305-11.
- Chandramohan D., Ramu S., Natarajan R., 1972. Cellulolytic activity of marine streptomycetes. *Curr Sci*, 41, 245-6.
- Charoensopharat K., Thummbenjapone P., Sirithorn P., Thammasirirak S., 2008. Antibacterial substance produced by *Streptomyces* sp. No 87. *Afr J Biotechnol*, 7, 1362-1368.
- Chauhan D., Catley L., Li G., Podar K., Hideshima T., Velankar M., *et al.* 2005. A novel orally active proteasome inhibitor induces apoptosis in multiple myeloma cells with mechanisms distinct from Bortezomib. *Cancer Cell*, 8, 407-19.
- Chen S., von Bamberg D., Hale V., Breuer M., Hardt B., Muller R., Floss H.G., Reynolds K. A., Leistner E., 1999. Biosynthesis of ansatrienin (mycotrienin) and naphthomycin. Identification and analysis of two separate biosynthetic gene clusters in *Streptomyces collinus* Tü 1892. *Eur J Biochem*, 261, 98-107.
- Chimara E., Ferazoli L., Leão S. C., 2004. *Mycobacterium tuberculosis* complex differentiation using *gyrB* restriction fragment length polymorphism analysis. *Mem Inst Oswaldo Cruz*, 99, 745-748.

- Chun J., Goodfellow M., 1995. A phylogenetic analysis of the genus *Nocardia* with 16S rRNA gene sequences. *Int J Syst Bacteriol*, 45, 240-245.
- Chun W., 2001. Bacterial blight. Pp. 22-23 in Kraft, J. M. and Pflieger, F. L. (eds). *Compendium of Pea Diseases and Pests*. APS Press. 67 p.
- Cidaria D., Borgonovi G., Pirali G., 1993. AB023, novel polyene antibiotics I. Taxonomy of the producing organism, fermentation and antifungal activity. *J Antibiot*, 46, 251-254.
- Coenye T., LiPuma J. J., 2002. Use of the *gyrB* gene for the identification of *Pandoraea* species. *FEMS Microbiology Letters*, 208, 15-19.
- Coenye T., Gevers D., Van de Peer Y., Vandamme P., Swings J., 2005. Towards a prokaryotic genomictaxonomy. *FEMS Microbiol Rev*, 29, 147-167.
- Collins M.D., Pirouz T., Goodfellow M., Minnikin D.E., 1977. Distribution of menaquinones in actinomycetes and corynebacteria. *J Gen Microbiol*, 100, 221-230.
- Conville S.P., Witebsky F.G., 2010. The Complexity of *Nocardia* Taxonomy: Implications for the Clinical Microbiology Laboratory. *Clinical Microbiologynewsletter*, 32, 119-125.
- Cook A. E., Meyers P. R. 2003. Rapid identification of filamentous actinomycetes to the genus level using genus-specific 16S-rRNA gene restriction fragment patterns. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 1907-1915.
- Cook A. E., Roes M., Meyers P. R., 2005. *Actinomadura napierensis* sp. nov., isolated from soil in South Africa. *Int J Syst Evol Microbiol*, 55, 703-706.
- Coombs J. T., Franco C. M. M., 2003. Isolation and identification of *actinobacteria* from surface-sterilized wheat roots. *Appl Environ Microbiol*, 69, 5603-5608.
- Couch J. N., 1950. *Actinoplanes*. A new genus of the Actinomycetales. *J Elisha Mitchell Sci Soc*, 66, 87-92.
- Cowan S.T., Steel K.J., 1974. Manual for Identification of Medical Bacteria. Cambridge University Press, London.
- Cragg G. M., Kingston D. G. I., Newman D. J., (Eds) 2005. Anticancer Agents from Natural Products. Taylor&Francis.
- Cross T., 1981. The monosporic actinomycetes. In *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, vol. 2, pp. 2091-2102. Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag.
- Cundlife E., 1989. How antibiotic producing organisms avoid suicide. *Annu Rev Microbiol*, 43, 207-233.
- Dai H.-Q., Wang J., Xin Y.-H., Pei G., Tang S.-K., Ren B., Ward A., Ruan J.-S., Li W.-J., Zhang L.-Z., 2010. *Verrucospora sediminis* sp. nov., a novel cyclodipeptide-producing actinomycete from the South China Sea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 1807-1812.
- Das S., Lyla P. S., Khan S. A., 2006. Marine microbial diversity and ecology: importance and future perspectives. *Curr Sci*, 90, 1325-35.

- Das S., Lyla P. S., Ajmal Khan S., 2008. Distribution and generic composition of culturable marine actinomycetes from the sediments of Indian continental slope of Bay of Bengal. *Chin J Oceanol Limnol*, 26, 166-77.
- DeBoer C., Meulman P. A., Wnuk R. J., Peterson D.H., 1970. Geldanamycin, a new antibiotic. *J Antibiot*, 23, 442-447.
- Demain A. L., 2000. Small bugs, big business: The economic power of the microbe. *Biotechnol Adv*, 18, 499-514.
- Demain A. L., Zhang L., 2005. Natural products and drug discovery. In: Zhang L, Demain A, editors. Natural products: drug discovery and therapeutics medicines. Totowa, NJ: Humana Press, p. 3-32.
- De Ley J., Cattoir, H., Reynaerts A., 1970. The quantitative measurement of DNA hybridization from renaturation rates. *Eur J Biochem*, 12, 133-142.
- Donia M., Hamann M. T., 2003. Marine natural products and their potential applications as anti-infective agents. *Lancet Infect Dis*, 3, 338-348.
- Doull J. L., Singh A. K., Hoare M., Ayer S. W., 1994. Conditions for the production of jadomycin B by *Streptomyces venezuelae* ISP5230: effects of heat shock, ethanol treatment and phage infection. *Ind J Microb*, 13, 120-5.
- Duangmal K., Ward A. C., Goodfellow M., 2005. Selective isolation of members of the *Streptomyces violaceoruber* clade from soil. *FEMS Microbiol Lett*, 245, 321-327.
- Ebrahimi Zarandi M., Shahidi Bonjar G. H., Padasht Dehkaei F., Ayatollahi Moosavi S. A., Rashid Farokhi P., Aghighi S., 2009. Biological control of rice blast (*Magnaporthe oryzae*) by use of *Streptomyces sindeneusis* isolate 263 in greenhouse. *Am J Appl Sci*, 6, 194-9.
- Ellaiah P., Reddy A. P. C., 1987. Isolation of actinomycetes from marine sediments off Visakhapatnam, east coast of India. *Indian J Mar Sci*, 16, 34-135.
- Embley T. M., Stackebrandt E. 1994. The molecular phylogeny and systematics of the actinomycetes. *Annu Rev Microbiol*, 48, 257-289.
- Everest G. J., Meyers P. R., 2009. The use of *gyrB* sequence analysis in the phylogeny of the genus *Amycolatopsis*. *Antonie van Leeuwenhoek*, 95, 1-11.
- FAO 1985. Française, III. Les Peuplements De Copepodes *Harpacticodies* (Crustacea). *Vie Milieu*, 21, 377-511.
- Feling R. H., Buchanan G. O., Mincer T. J., Kauffman C. A., Jensen P. R., Fenical W., 2003. Salinosporamide A: a highly cytotoxic proteasome inhibitor from a novel microbial source, a marine bacterium of the new genus *Salinospira*. *Angew Chem Int Ed Engl*, 42, 355-357.
- Felsenstein J., 1985. Confidence limits on phylogeny: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39, 783-791.
- Felsenstein J., 1993. PHYLIP (Phylogeny inference package) version 3.5.1 (<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html> 14.10.2010).
- Fenical W., Jensen P. R., 2006. Developing a new resource for drug discovery: marine actinomycete bacteria. *Nat Chem Biol*, 2, 666-73.

- 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., 1999. 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.
- Fiedler H. P., Bruntner C., Bull A. T., Ward A. C., Goodfellow M., Potterat O., Puder C., Mihm G., 2005. Marine actinomycetes as a source of novel secondary metabolites. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 87, 37-42.
- Fiedler H. P., Bruntner C., Riedlinger J., Bull A. T., Knutsen G., Goodfellow M., et al. 2008. Proximicin A, B and C, novel aminofuran antibiotic and anticancer compounds isolated from marine strains of the actinomycete *Verrucospora*. *J Antibiot*, 61, 158-63.
- Floss H. G., 2006. From ergot to ansamycins – 45 years in biosynthesis. *J Nat Prod*, 69, 158-169.
- Fortman J. L., Magarvey N. A., Sherman D. H., 2005. Something old, something new; ongoing studies of marine actinomycetes. *Proc SIM*[Abstract S86].
- Fox G. E., Wisotzkey J. D., Jurtshuk P., Jr., 1992. How close is close: 16S rRNA sequence identity may not be sufficient to guarantee species identity. *Int J Syst Bacteriol*, 42, 166-170.
- Gandhimathi R., Arunkumar M., Selvin J., Thangavelu T., Sivaramakrishnan S., Kiran G. S., Shanmughapriya S., Natarajaseenivasa K., 2008. Antimicrobial potential of sponge associated marine actinomycetes. *J Mycol Med*, 18, 16-22.
- Garcia L. C., Martínez-Molina E., Trujillo M. E., 2010. *Micromonospora pisi* sp. nov., isolated from root nodules of *Pisum sativum*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 331-337.
- 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. 2005. Re-evaluating prokaryotic species. *Nat Rev Microbiol*, 3, 733-739.
- Gianninò V., Santagati M., Guardo G., Cascone C., Rappazzo G., Stefani S. 2003. Conservation of the mosaic structure of the four internal transcribed spacers and localisation of the *rrn* operons on the *Streptococcus pneumoniae* genome. *FEMS Microbiol Lett*, 223, 245-252.
- González I., Ayuso-Sacido A., Anderson A., Genilloud O., 2005. Actinomycetes isolated from lichens: evaluation of their diversity and detection of biosynthetic gene sequences. *FEMS Microbiol Ecol*, 54, 401-415.
- Goodfellow M., 1996. Actinomycetes: *Actinomyces*, *Actinomadura*, *Nocardia*, *Streptomyces*, and related genera. In Mackie & McCartney *Practical Medical Microbiology*, p: 357, Fourteenth Edition, Edited by J.G. Collee, A.G. Fraser, B.P. Marmion & A. Simmons. Churchill Livingstone, New York.
- Goodfellow M., Minnikin D. E., 1981. The genera *Nocardia* and *Rhodococcus*. In *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, vol. 2, pp. 2016-2027. Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag.
- Goodfellow M., Williams S. T., 1983. Ecology of actinomycetes. *Annu Rev Microbiol*, 37, 189-216.

- Goodfellow M., Cross T., 1984. Classification, *The biology of the actinomycetes*. (Edit: Goodfellow M., Mordarski J.G. and Williams S.T.). s: 7-164. *Academic Press*.
- Goodfellow M., Haynes J. A., 1984. Actinomycetes in marine sediments. In: Ortiz-ortiz L, Bojalil LF, Yokoleff V, editors. Biological, biochemical and biomedical aspects of actinomycetes. Orlando: *Academic press*, p. 453-72.
- Goodfellow M., Williams S. T., Mordarski M., 1988. Actinomycetes in biotechnology. London, UK: *Academic Press Limited*.
- Goodfellow M., Lechevalier M. P., 1989. Genus *Nocardia*. Trevisan 1889, 9AL. In Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, vol.2, pp. 1458-1471. Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe & J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins.
- Goodfellow M. L., Stanton J., Simpson K. E., Minnikin D. E., 1990. Numerical and chemical classification of *Actinoplanes* and some related actinomycetes. *J Gen Microbiol*, 136, 19-36.
- Goodfellow M., Stach J. E. M., Brown R., Naga A., Bonda V., Jones A. L., Mexson J., Fiedler H-P., Zucchi T. D., Bull A. T., 2012. *Verrucosipora maris* sp. nov., a novel deep-sea actinomycete isolated from a marine sediment which produces abyssomicins. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 101(1), 185-93.
- Gorajana A., Kurada B. V., Peela S., Jangam P., Vinjamuri S., Poluri E., *et al.*, 2005. 1-Hydroxy-1-norresistomycin, a new cytotoxic compound from a marine actinomycete, *Streptomyces chibaensis* AUBN1/7. *J Antibiot*, 58, 526-9.
- Goris J., Konstantinidis K. T., Klappenbach J. A., Coenye T., Vandamme P., Tiedje J. M., 2007. DNA-DNA hybridization values and their relationship to whole-genome sequence similarities. *Int J Syst Evol Microbiol*, 57, 81-91.
- Greiner-Mai E., Korn-Wendisch F., Kutzner H. J., 1988. Taxonomic revision of the genus *Saccharomonospora* and description of *Saccharomonospora glauca* sp. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 38, 398-405.
- Gribaldo S., Brochier C., 2009. Phylogeny of prokaryotes: does it exist and why should we care? *Res Microbiol*, 160, 513-521.
- Gürtler V., Stanisich V. A., 1996. New approaches to typing and identification of bacteria using the 16S-23S rDNA spacer region. *Microbiol*, 142, 3-16.
- Hammerschmidt R., 2007. More insight into why pathogenic *Streptomyces* succeed. *Physiol Mol Plant Pathol*, 71, 1-2.
- Han S. K., Nadashkovskaya O. I., Mikhailov V. V., Kim S. B., Bae K. S., 2003. *Salinibacterium amurskyense* gen. nov., sp. nov., a novel genus of the family *Microbacteriaceae* from the marine environment. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 2061-2066.
- Hasegawa S., Meguro A., Shimizu M., Nishimura T., Kunoh H., 2006. Endophytic actinomycetes and their interactions with host plants. *Actinomycetologia*, 20, 72-81.
- Hatsu M., Sasaki T., Watabe H., Miyadoh S., Nagasawa M., Shomura T., *et al.*, 1992. A new tetracycline antibiotic with antitumor activity I. Taxonomy and fermentation of the producing strain, isolation and characterization of SF2575. *J Antibiot*, 45, 320-4.

- Hayakawa Y., Shirasaki S., Kawasaki T., Matsuo Y., Adachi K., Shizuri Y., 2007a. Structures of new cytotoxic antibiotics, piericidins C7 and C8. *J Antibiot*, 60, 201-3.
- Hayakawa Y., Shirasaki S., Shiba S., Kawasaki T., Matsuo Y., Adachi K., et al. 2007b. Piericidins C7 and C8, new cytotoxic antibiotics produced by a marine *Streptomyces* sp. *J Antibiot*, 60, 196-200.
- He W., Wu L., Gao Q., Du Y., Wang Y., 2006. Identification of AHBA biosynthetic genes related to geldanamycin biosynthesis in *Streptomyces hygroscopicus* 17997. *Curr Microbiol*, 52, 197-203.
- Heald S. C., Brandao P. F. B., Hardicre R., Bull A. T., 2001. Physiology, biochemistry and taxonomy of deep-sea nitrile metabolising *Rhodococcus* strains. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 80, 169-83.
- Helmke E., Weyland H., 1984. *Rhodococcus marinonascens* sp. nov., an actinomycete from the sea. *Int J Syst Bacteriol*, 34, 127-38.
- Henssen A., 1957. Beiträge zur Morphologie und Systematik der thermophilen Actinomyceten. *Archiv für Mikrobiologie*, 26, 374-414.
- Hentschel U., Hopke J., Horn M., Friedrich A. B., Wagner M., Hacker J., Moore B. S., 2002. Molecular evidence for a uniform microbial community in sponges from different oceans. *Appl Environ Microbiol*, 68, 4431-4440.
- Heyndrickx M., Vauterin L., Vandamme P., Kersters K., De Vos P., 1996. Applicability of combined amplified ribosomal DNA restriction analysis (ARDRA) patterns in bacterial phylogeny and taxonomy. *J Microbiol Methods*, 26, 247-259.
- Higginbotham S. J., Murphy C. D., 2010. Identification and characterisation of a *Streptomyces* sp. isolate exhibiting activity against methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Microbiol Res*, 165, 82-6.
- Hohmann C., Schneider K., Bruntner C., Irran E., Nicholson G., Bull A. T., et al., 2009. Caboxamycin, a new antibiotic of the benzoxazole family produced by the deep-sea strain *Streptomyces* sp. NTK 937. *J Antibiot*, 62, 99-104.
- Hong K., Gao A. H., Xie Q. Y., Gao H., Zhuang L., Lin H. P., et al., 2009. Actinomycetes for marine drug discovery isolated from mangrove soils and plants in China. *Mar Drugs*, 7, 24-44.
- Hu R., 1987. *Saccharomonospora azurea* sp. nov., a new species from soil. *Int J Syst Bacteriol*, 37, 60-61.
- Hu R., Lin C., Guizhen W., 1988. *Saccharomonospora cyanea* sp. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 38, 444-446.
- Huang Y. F., Tian L., Fu H. W., Hua H. M., Pei Y. H., 2006. One new anthraquinone from marine *Streptomyces* sp. FX-58. *Nat Prod Res*, 20, 1207-10.
- Huitu Z., Linzhan W., Aiming L., Guizhi S., Feng H., Qiuping L., Yuzhen W., Huanzhang X., Qunjie G., Yiguang W., 2009. PCR screening of 3-amino-5-hydroxybenzoic acid synthase gene leads to identification of ansamycins and AHBA-related antibiotic producers in Actinomycetes. *J Appl Microbiol*, 106, 755-763.

- Huys G., Vancanneyt M., Coopman R., Janssen P., Falsen E., Altwegg M., Kersters K., 1994. 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.
- Inagaki F., Suzuki M., Takai K., Oida H., Sakamoo T., Aoki K., Nealson K. H., Horikoshi K., 2003. Microbial communities associated with geological horizons in coastal sub-seafloor sediments from the Sea of Okhotsk. *Appl Environ Microbiol*, 69, 7224-7235.
- Imai H., Suzuki K., Morioka M., Numasaki Y., Kadota S., Nagai K., *et al.*, 1987. Okilactomycin, a novel antibiotic produced by a *Streptomyces* species I. Taxonomy, fermentation, isolation and characterization. *J Antibiot*, 60, 1475-82.
- Jayasinghe B. A. T. D., Parkinson D., 2008. Actinomycetes as antagonists of litter decomposer fungi. *Appl Soil Ecol*, 38, 109-118.
- Jensen H. L., 1930. The genus *Micromonospora* Ørskov, a little known group of soil microorganisms. *Proc. Linn. Soc. N. S. Wales*, 55, 231-248.
- Jensen H., 1932. Contributions to our knowledge of the actinomycetales. III. Further observations on the genus *Micromonospora*. *Proc. Linn. Soc. N.S. Wales*, 57, 173-180.
- Jensen P.R., Mincer T.J., Williams P. G., Fenical W., 2004. Marine actinomycete diversity and natural product discovery. *Antonie van Leeuwenhoek*, 87, 43-48.
- Jensen P. R., Mincer T. J., Williams P. G., Fenical W., 2005a. Marine actinomycete diversity and natural product discovery. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 87, 43-48.
- Jensen P. R., Gontang E., Mafnas C., Mincer T. J., Fenical W., 2005b. Culturable marine actinomycetes diversity from tropical Pacific Ocean sediments. *Environ Microbiol*, 7, 1039-1048.
- Jensen P. R., Mafnas C., 2006. Biogeography of the marine actinomycetes *Salinispora*. *Environ Microbiol*, 8, 1881-1888.
- Jensen P. R., Williams P. G., Oh D. C., Zeigler L., Fenical W., 2007. Species-specific secondary metabolite production in marine actinomycetes of the genus *Salinispora*. *Appl Environ Microbiol*, 73, 1146-52.
- Jin X., Xu L.-H., Mao P.-H., Hseu T.-H., Jiang C.-L., 1998. Description of *Saccharomonospora xinjiangensis* sp. nov. based on chemical and molecular classification. *Int J Syst Bacteriol*, 48, 1095-1099.
- Jin J., Haga T., Shinjo T., Goto Y., 2004. Phylogenetic analysis of *Fusobacterium necrophorum*, *Fusobacterium varium* and *Fusobacterium nucleatum* based on *gyrB* gene sequences. *J Vet Med Sci*, 66, 1243-1245.
- Jones K. L., 1949. Fresh isolates of actinomycetes in which the presence of sporogenous aerial mycelia is a fluctuating characteristic. *Journal of Bacteriology*, 57, 141-145.
- Johnston D.W., Cross T., 1976. The occurrence and distribution of actinomycetes in lakes of the English Lake District. *Freshw Biol*, 6, 457-463.
- Jukes T. H., Cantor C. R., 1969. Evolution of protein molecules. In *Mammalian Protein Metabolism*, pp. 21-132. Edited by H. N. Munro. *Academic Press*, New York.

- Kaewkla O., Franco C.M. M., 2011. *Actinopolymorpha pittospori* sp. nov., an endophyte isolated from surface-sterilized leaves of an apricot tree (*Pittosporum phylliraeoides*). *Int J Syst Evol Microbiol*, 61, 2616–2620.
- Kaltenpoth M., Goettler W., Dale C., Stubblefield J. W., Herzner G., Roeser-Mueller K., Strohm E., 2006. ‘*Candidatus Streptomyces philanthi*’, an endosymbiotic streptomycete in the antennae of *Philanthus digger* wasps. *Int JSyst Evol Microbiol*, 56, 1403-1411.
- Kämpfer P., Kroppenstedt R. M., Grün-Wollny I., 2005. *Nonomuraea kuesteri* sp. nov. *IntJ Syst Evol Microbiol*, 55, 847-851.
- Kane W. D., 1966. A new genus of the *Actinoplanaceae*, *Pilimelia*, with a description of two species, *Pilimelia terevasa* and *Pilimelia anulata*. *J Elisha Mitchell Sci Soc*, 82, 220-230.
- Kanoh K., Matsuo Y., Adachi K., Imagawa H., Nishizawa M., Shizuri Y., 2005. Mechercharmocins A and B, cytotoxic substances from marine-derived *Thermoactinomyces* sp. YM3-251. *J Antibiot* (Tokyo), 58, 289-92.
- Kasai H., Tamura T., Harayama S., 2000. Intrageneric relationships among *Micromonospora* species deduced from *gyrB*-based phylogeny and DNA relatedness. *Int J Syst Evol Microbiol*, 50, 127-134.
- Kawamoto I., 1989. Genus *Micromonospora* Ørskov 1923, 147AL. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, vol. 4, pp. 2442-2450. Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe & J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins.
- Keswani J., Whitman W. B., 2001. Relationship of 16S rRNA sequence similarity to DNA hybridization in prokaryotes. *Int J Syst Evol Microbiol*, 51, 667-678.
- Kieser T., Bibb M. J., Butner M. J., Charter K. F., Hopwood D. A., 2000. Preparation and analysis of the genomic and plasmid DNA. In: *Practical Streptomyces genetics*. Norwich, England: *The John Innes Foundation*, p. 162-170.
- Kijjoa A., Sawangwong P., 2004. Drugs and cosmetics from the sea. *Mar Drugs*, 2, 73-82.
- Kim C. G., Kirschning A., Bergon P., Ahn Y., Wang J. J., Shibuya M., Floss H.G.J., 1992. *Am Chem Soc*, 114, 4941-4943.
- Kim C. G., Yu T. W., Fryhle C. B., Handa S., Floss H.G., 1998. 3-amino-5-hydroxybenzoic acid synthase, the terminal enzyme in the formation of the precursor of mC7N units in rifamycin and related antibiotics. *J Biol Chem*, 273, 6030-6040.
- Kim S. B., Goodfellow M., 1999. Reclassification of *Amycolatopsis rugosa* Lechevalier et al. 1986 as *Prauserella rugosa* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 49, 507-12.
- Kim K.-S., Ko K. S., Chang M.-W., Hahn T. W., Hong S. K., Kook Y.-H., 2003a. Use of *rpoB* sequences for phylogenetic study of *Mycoplasma* species. *FEMS Microbiol Lett*, 226, 299-305.
- Kim S. B., Lonsdale J., Seong C. N., Goodfellow M., 2003b. *Streptacidiphilus* gen. nov., acidophilic actinomycetes with wall chemotype I and emendation of the family *Streptomycetaceae* (Waksman and Henrici 1943AL) emend. Rainey et al. 1997. *Antonie van Leeuwenhoek*, 83, 107-116.

- Kim T. K., Garson M. J., Fuerst J. A., 2005. Marine actinomycetes related to the 'Salinospora' group from the Great Barrier Reef sponge *Pseudoceratina clavata*. *Environ Microbiol*, 7, 509-518.
- 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., 2012. Introducing EzTaxon-e: a prokaryotic 16S rRNA Gene sequence database with phylotypes that represent uncultured species. *Int J Syst Evol Microbiol*, 62, 716-721.
- Kimura K., Kanou F., Takahashi H., Esumi Y., Uramoto M., Yoshihama M., 1996. Propeptin, a new inhibitor of Prolyl endopeptidase produced by *Microbispora* I. Fermentation, isolation and biological properties. *J Antibiot*, 59, 373-8.
- Kino T., Hatanaka H., Hashimoto M., Nishiyama M., Goto T., Okuhara M., Kohsaka M., Aoki H., Imanaka H., 1987. FK-506, a novel immunosuppressant isolated from a *Streptomyces*. I. Fermentation, isolation, and physico-chemical and biological characteristics. *J Antibiot (Tokyo)* 40, 1249-1255.
- Kirby B. M., Everest G. J., Meyers P. R. 2010. Phylogenetic analysis of the genus *Kribbella* based on the *gyrB* gene - Proposal of a *gyrB*-sequence threshold for recognising new type strains of *Kribbella*. *Antonie van Leeuwenhoek*, 97, 131-142.
- Kirby B. M., Meyers P. R., 2010. *Micromonospora tulbaghia* sp. nov., isolated from the leaves of wild garlic, *Tulbaghia violacea*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 1328-1333.
- Koch C., Kroppenstedt R. M., Rainey F. A., Stackebrandt E., 1996a. 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.
- Koch C., Kroppenstedt R. M., Stackebrandt E., 1996b. Intrageneric relationships of the actinomycete genus *Micromonospora*. *Int J Syst Bacteriol*, 46, 383-387.
- Kock I., Maskey R. P., Biabani M. A., Helmke E., Laatsch H., 2005. 1-Hydroxy-1-norresistomycin and resistoflavin methyl ether: new antibiotics from marine-derived streptomycetes. *J Antibiot*, 58, 530-4.
- Komagata K., Suzuki K. I., 1987. Lipid and cell-wall analysis in bacterial systematics. In *Methods in Microbiology*, vol 19, p161-208, Edited by R. R. Colwell & R. Grigorova. London: Academic Press Limited.
- Konstantinidis K. T., Ramette A., Tiedje J. M., 2006. Towards a more robust assessment of intraspecies diversity, using fewer genetic markers. *Appl Environ Microbiol* 72, 7286-7293.
- Konstantinidis K. T., Tiedje J. M., 2007. Prokaryotic taxonomy and phylogeny in the genomic era : advancements and challenges ahead. *Curr Opin Microbiol*, 10, 504-509.
- Korn-Wendisch F., Kutzner H. J., 1992. The family *Streptomycetaceae*. In *The prokaryotes. A handbook on the biology of bacteria: ecophysiology, isolation, identification, applications*, pp. 921-995. Edited by Balows, A.; Trüper, H. G.; Dworkin, M.; Harder, W. & Schleifer, K.-H., 2nd ed., vol. 1. Springer-Verlag, New York.

- Krasil'nikov N. A., 1938. Ray *Fungi* and Related Organisms—*Actinomycetales*. Moscow: Izdatel'stvo Akademii Nauk SSSR (in Russian).
- Kroppenstedt R. M., Stackebrandt E., Goodfellow M., 1990. Taxonomic revision of the actinomycete genera *Actinomadura* and *Microtetraspora*. *Syst Appl Microbiol*, 13, 148-160.
- Kurahashi M., Fukunaga Y., Sakiyama Y., Harayama S., Yokota A., 2010. *Euzebya tangerina* gen. nov., sp. nov., a deeply branching marine actinobacterium isolated from the sea cucumber *Holothuria edulis* and proposal of *Euzebyaceae* fam. nov., *Euzebyales* ord. nov. and *Nitriliruptoridae* subclassis nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 2314-2319.
- Kurtböke D. I., 2012. Biodiscovery from rare actinomycetes: an eco-taxonomical perspective. *Appl Microbiol Biotechnol*, 93, 1843-52.
- Kurtböke D. I., French J. R. J., 2007. Use of phage battery to investigate the actinoflora layers of termite gut microflora. *J Appl Microbiol*, 103, 722-734.
- Kutzner H. J., 1981. The family *Streptomycetaceae*. In: *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, vol. 2, pp. 2028-2090. Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, & H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag.
- Küster E., Williams S.T., 1964. Selection of media for isolation of streptomycetes. *Nature*, 202, 928-929.
- Kwon H. C., Kauffman C. A., Jensen P. R., Fenical W., 2006. Marinomycins a-d, antitumor antibiotics of a new structure class from a marine actinomycete of the recently discovered genus '*Marinispora*'. *J Am Chem Soc*, 128, 1622-1632.
- Lal R., Lal S., 1994. Recent trends in rifamycin research. *Bioessays*, 16, 211-216.
- Lam K. S., 2006. Discovery of novel metabolites from marine actinomycetes. *Curr Opin Microbiol*, 9, 245-51.
- Lane D.J., 1991. 16S/23S rRNA sequencing. In: *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. Stackebrandt, E., and Goodfellow, M., eds., John Wiley and Sons, New York, NY, pp. 115-175.
- Lanoot B., Vancanneyt M., Hoste B., Vandemeulebroecke K., Cnockaert M. C., Dawyndt P., Liu Z., Huang Y., Swings J., 2005. Grouping of streptomycetes using 16S-ITS RFLP fingerprinting. *Res Microbiol*, 156, 755-762.
- Lazar G., Zähler H., Damberg M., Zeeck A., 1983. Ansatrienin A2 and A3: minor components of the ansamycin complex produced by *Streptomyces collinus*. *J Antibiot* 36, 187-189.
- Lazzarini A., Cavaletti L., Toppo G., Marinelli F., 2000. Rare genera of actinomycetes as potential producers of new antibiotics. *Antonie van Leeuwenhoek*, 78, 399-405.
- le Roes M., Meyers P. R., 2007. *Actinomadura rudentiformis* sp. nov., isolated from soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 57, 45-50.
- le Roes M., Goodwin C. M., Meyers P. R., 2008. *Gordonia lacunae* sp. nov. isolated from an estuary. *System Appl Microbiol*, 31, 17-23.

- Lechevalier H. A. 1965. Priority of the generic name *Microbispora* over *Waksmania* and *Thermopofyspora*. *Int Bull Bacteriol Nomencl Taxon*, 15, 139-142.
- Lechevalier M. P., Lechevalier H., 1957. A new genus of the *Actinomycetales*: *Waksmania* gen. nov. *Journal of General Microbiology*, 17, 104-111.
- Lechevalier M. P., Lechevalier H. A., 1970a. Chemical composition as a criterion in the classification of aerobic actinomycetes. *Int J Syst Bacteriol*, 20, 435-444.
- Lechevalier H. A., Lechevalier M. P. 1970b. A critical evaluation of the genera of aerobic actinomycetes, p. 395-405. In H. Prauser (ed.), *The Actinomycetales*. Gustav Fischer Verlag, Jena.
- Lechevalier H. A., Lechevalier M. P., 1981. Introduction to the order *Actinomycetales*. In: *The Prokaryotes: a handbook on habitats, isolation and identification of bacteria*, vol. 2, pp. 1915-1922. Edited by M. P. Starr, H. Stolp, H.G. Trüper, A. Balows, & H. G. Schlegel. Berlin, Germany: Springer-Verlag.
- Lechevalier M. P., de Bievre C., Lechevalier H. A., 1977. Chemotaxonomy of aerobic actinomycetes: phospholipid composition. *Biochem Syst Ecol*, 5, 249-260.
- Lee S. D., Hah Y. C., 2002. Proposal to transfer *Catellatospora ferrugineum* and '*Catellatospora ishikariense*' to *Asanoa* gen. nov. as *Asanoa ferrugineum* comb. nov. and *Asanoa ishikariensis* sp. nov., with the emended description of the genus *Catellatospora*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 52, 967-972.
- Lee J. Y., Jee J. Y., Jung H. W., Hawang B. K., 2005. *Streptomyces koyangensis* sp. nov., a novel actinomycete that produces 4-phenyl-3-butenoic acid *Int J Syst Evol Microbiol*, 55, 257-262.
- Lee S. D., Jeong H. S., 2006. *Actinomadura hallensis* sp. nov., a novel actinomycete isolated from Mt. Halla in Korea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 56, 259-264.
- Lemriss S., Laurent F., Couble A., Casoli E., Lancelin J. M., Saintpierre-Bonaccio D., et al. 2003. Screening of nonpolyenic antifungal metabolites produced by clinical isolates of actinomycetes. *Can J Microbiol*, 49, 669-74.
- Li W.-J., Tang S.-K., Stackebrandt E., Kroppenstedt R. M., Schumann P., Xu L.-H., Jiang C.-L., 2003. *Saccharomonospora paurometabolica* sp. nov., a moderately halophilic actinomycete isolated from soil in China. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 1591-1594.
- Li F., Maskey R. P., Qin S., Sattler I., Fiebig H. H., Maier A., et al. 2005. Chinikomycins A and B: isolation, structure elucidation, and biological activity of novel antibiotics from a marine *Streptomyces* sp. isolate M045. *J Nat Prod*, 68, 349-53.
- Li Y., He W., Wang Y., Wang Y., Shao R. J., 2008. A New Post-PKS Modification Process in the Carbamoyltransferase Gene Inactivation Strain of *Streptomyces hygroscopicus* 17997 Antibiot, 61, 347-355.
- Liao Z.-L., Tang S.-K., Guo L., Zhang Y.-Q., Tian X.-P., Jiang C.-L., Xu L.-H., Li W.-J., 2009. *Verrucosipora lutea* sp. nov., isolated from a mangrove sediment sample. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 2269-2273.

- Liu Z., Li Y., Zheng L. Q., Huang Y. J., Li W. J., 2010. *Saccharomonospora marina* sp. nov., isolated from an ocean sediment of the East China Sea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 1854-1857.
- Ludwig W., 2007. Nucleic acid techniques in bacterial systematics and identification. *Int J Food Microbiol*, 120, 225-236.
- Macherla V. R., Liu J., Bellows C., Teisan S., Lam K. S., Potts B. C. M., 2005. Glaciapyrroles A, B and C, pyrrolonesquiterpenes from a *Streptomyces* sp. isolated from an Alaskan marine sediment. *J Nat Prod*, 68, 780-783.
- Maeda A., Nagai H., Yazawa K., Tanaka Y., Imai T., Mikami Y., et al. 1994. Three new reduced anthracycline related compounds from pathogenic *Nocardia brasiliensis*. *J Antibiot*, 47, 976-981.
- Magarvey N. A., Keller J. M., Bernan V., Dworkin M., Sherman D. H., 2004. Isolation and characterization of novel marine-derived actinomycete taxa rich in bioactive metabolites. *Appl Environ Microbiol*, 70, 7520-7529.
- Maldonado L. A., Fenical W., Jensen P. R., Kauffman C. A., Mincer T. J., Ward A. C., Bull A. T., Goodfellow M., 2005. *Salinispora arenicola* gen. nov., sp. nov. and *Salinispora tropica* sp. nov., obligate marine actinomycetes belonging to the family *Micromonosporaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 55, 1759-1766.
- Maldonado L. A., Frago-Yáñez D., Pérez-García A., Rosellón-Druker J., Quintana E. T., 2009. Actinobacterial diversity from marine sediments collected in Mexico. *Antonie van Leeuwenhoek*, 95, 111-120.
- Maloney K. N., MacMillan J. B., Kauffman C. A., Jensen P. R., DiPasquale A. G., Rheingold A. L., et al. 2009. Lodopyridone, a structurally unprecedented alkaloid from a marine actinomycete. *Org Lett*, 11, 5422.
- Manam R. R., Teisan S., White D. J., Nicholson B., Grodberg J., Neuteboom S. T. C., et al. 2005. Lajollamycin, a nitro-tetraene spiro-b-lactone-g-lactam antibiotic from the marine actinomycete *Streptomyces nodosus*. *J Nat Prod*, 68, 240-243.
- Mann J., 2001. Natural products as immunosuppressive agents. *Nat. Prod. Rep.* 18, 417-430.
- Mao Y., Varoglu M., Sherman D.H., 1999. Genetic Localization and Molecular Characterization of Two Key Genes (mitAB) Required for Biosynthesis of the Antitumor Antibiotic Mitomycin C. *J Bacteriol* 1999, 181, 2199-2208.
- Marinelli F., 2009. Antibiotics and *Streptomyces*: the future of antibiotic discovery. *Microbiology Today*, 36, 20-23.
- Maskey R. P., Kock I., Helmke E., Laatsch H., 2003. Isolation and structure determination of phenazostatin D, a new phenazine from a marine actinomycete isolate *Pseudonocardia* sp. B6273. *Z Naturforsch*, 58b, 692-694.
- Matsumoto A., Takahashi Y., Shinose M., Seino A., Iwai Y., Omura S., 2003. *Longispora albida* gen. nov., sp. nov., a novel genus of the family *Micromonosporaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 1553-1559.
- McTaggart L. R., Richardson S. E., Witkowska M., Zhang S. X., 2010. Phylogeny and Identification of *Nocardia* Species on the Basis of Multilocus Sequence Analysis. *J. of Clinical Microbiol.*, 48, 4525-4533.

- Mehta V. J., Thumar J. T., Singh S. P., 2006. Production of alkaline protease from an alkaliphilic actinomycete. *Bioresour Technol*, 97, 1650-1654.
- Meier-Kolthoff J. P., Göker M., Spröer C., Klenk H.-P. (2013). When should a DDH experiment be mandatory in microbial taxonomy? *Arch Microbiol* 195, 413-418.
- Mincer T. J., Jensen P. R., Kauffman C. A., Fenical W., 2002. Widespread and persistent populations of a major new marine actinomycete taxon in ocean sediments. *Appl Environ Microbiol*, 68, 5005-5011.
- Mincer T. J., Fenical W., Jensen P. R., 2005. Culture-dependent and culture-independent diversity within the obligate marine actinomycete genus *Salinispora*. *Appl Environ Microbiol*, 71, 7019-28.
- Minnikin D. E., O'Donnell A. G., Goodfellow M., Alderson G., Athalye M., Schaal K., Parlett J. H., 1984. An integrated procedure for the extraction of bacterial isoprenoid quinones and polar lipids. *J Microbiol Methods*, 2, 233-241.
- Miyadoh S., Amano S., Tohyama H., Shomura T., 1990. A taxonomic review of the genus *Microbispora* and a proposal to transfer two species to the genus *Actinomadura* and to combine ten species into *Microbispora rosea*. *J Gen Microbiol*, 136, 1905-1913.
- Miyadoh S., Miyara T., 2001. Family *Thermomonosporaceae*. In *Identification Manual of Actinomycetes*, pp. 281-291. Edited by The Society for Actinomycetes, Japan. Tokyo: Business Center for Academic Societies.
- Mochizuki J., Kobayashi E., Furihata K., Kawaguchi A., Seto H., Otake N., 1986. New ansamycin antibiotics naphthoquinomycins A and B: inhibitors of fatty acid synthesis in *Escherichia coli*. *J Antibiot*, 39, 157-161.
- Mollet C., Drancourt M., Raoult D., 1997. *rpoB* sequence analysis as a novel basis for bacterial identification. *Mol Microbiol*, 26, 1005-1011.
- Mollet C., Drancourt M., Raoult D., 1998. Determination of *Coxiella burnetii* *rpoB* sequence and its use for phylogenetic analysis. *Gene*, 207, 97-103.
- Moran M. A., Rutherford L. T., Hodson R. E., 1995. Evidence for indigenous *Streptomyces* populations in a marine environment determined with a 16S rRNA probe. *Appl Environ Microbiol*, 61, 3695-700.
- Nash P., Krent M. M., 1991. Culture media. In *Manual of Clinical Microbiology*, 5th Edition, pp: 1268, 1270, Edited by A. Balows, W. J. Hausler, K. L. Herrmann, H. D. Isenberg & H. J. Shadomy. *American Society for Microbiology*, Washington DC.
- Nesterenko G. A., Nogina T. M., Kasumova E. J., Batrakov S. G., 1982. *Rhodococcus luteus* nom. nov. and *Rhodococcus maris* nom. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 32, 1-14.
- Nicieza R. G., Huergo J., Connolly B. A., Sanchez J., 1999. Purification, characterization and role of nucleases and serine proteases in *Streptomyces* differentiation. *J Biol Chem*, 274, 20366-20375.
- Nishiuchi Y., Baba T., Hotta H. H., Yano I., 1999. Mycolic acid analysis in *Nocardia* species: The mycolic acid compositions of *Nocardia asteroides*, *N. farcinica* and *N. nova*. *Journal of Microbiological Methods*, 37, 111-122.

- Nonomura H., Ohara Y., 1957. Distribution of actinomycetes in soil. 11. *Microbispora*, a new genus of *Streptomycetaceae*. *Journal of Fermentation Technology*, 35, 307-311.
- Nonomura H., Ohara Y., 1971. Distribution of actinomycetes in soil. X. New genus and species of monosporic actinomycetes. *J Ferment Technol*, 49, 895-903.
- Oh D. C., Gontang E. A., Kauffman C. A., Jensen P. R., Fenical W., 2008. Salinopyrones and pacificanones, mixed-precursor polyketides from the marine actinomycete *Salinispora pacifica*. *J Nat Prod*, 71, 570-5.
- Okami Y., Hotta K., 1988. Search and discovery of new antibiotics. In: Goodfellow, M., Williams, S. T., Mordaski, M., editors. *Actinomycetes in biotechnology*. London: Academic Press, p. 33-67.
- Olano C., Méndez C., Salas J. A., 2009. Antitumor compounds from actinomycetes: from gene clusters to new derivatives by combinatorial biosynthesis. *Nat Prod Rep*, 26, 628-60.
- Ørskov J., 1923. *Investigations into the Morphology of the Ray Fungi*. Copenhagen: Levin and Munksgaard.
- Ouhdouch Y., Barakate M., Finance C., 2001. Actinomycetes of Moroccan habitats: isolation and screening for antifungal activities. *Eur J Soil Biol*, 37, 69-74.
- Özcan İ., 2005. Karadeniz’de 2003 Yılı Bahar Döneminde Genç Balık ve Larva Dağılımı, Yüksek Lisans Tezi, Dokuz Eylül Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir, 58 s.
- Peláez F., 2006. The historical delivery of antibiotics from microbial natural products—Can history repeat? *Biochem Pharmacol*, 71, 981-990.
- Petrosyan P., García-Varela M., Luz-Madrigal A., Huitrón C., Flores M.E., 2003. *Streptomyces mexicanus* sp. nov., a xylanolytic micro-organism isolated from soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 269-273.
- Pimentel-Elardo S. M., Kozytska S., Bugni T. S., Ireland C. M., Moll H., Hentschel U., 2010. Antiparasitic compounds from *Streptomyces* sp. strains isolated from Mediterranean sponges. *Mar Drugs*, 8, 373-80.
- Pisano M. A., Sommer M. J., Taras L., 1992. Bioactivity of chitinolytic actinomycetes of marine origin. *Appl Microbiol Biotechnol*, 36, 553-555.
- Pitcher D. G., Saunders N. A., Owen R. J., 1989. Rapid extraction of bacterial genomic DNA with guanidium thiocyanate. *Lett. Appl. Microbiol*, 8, 151-156.
- Prabavathy V. R., Mathivanan N., Murugesan K., 2006. Control of blast and sheath blight diseases of rice using antifungal metabolites produced by *Streptomyces* sp. PM5. *Biol Control*, 39, 313-319.
- Prapagdee B., Kuekulvong C., Mongkolsuk S., 2008. Antifungal potential of extracellular metabolites produced by *Streptomyces hygroscopicus* against phytopathogenic fungi. *Int J Biol Sci*, 4, 330-337.
- Prescott L. M., Harley J. P., Klein D. A., 2002a. Microbial taxonomy. In: *Microbiology*, 5th Edition, pp. 421-449. USA: The McGraw-Hill Companies, Inc.

- Prescott L. M., Harley J. P., Klein D. A., 2002b. Bacteria: The high G + C Gram positives. In: *Microbiology*, 5th Edition, pp. 536-551. U.S.A.: The McGraw-Hill Companies, Inc.
- Pridham T. G., Anderson P., Foley C., Lindenfelser H. A., Hesseltine C. W., Benedict R. G., 1956/1957. A selection of media for maintenance and taxonomic study of *Streptomyces*. *Antibiot Ann*, 947-953.
- Pridham T. G., Hesseltine C. W., Benedict R. G., 1958. A guide for the classification of streptomycetes according to selected groups; placement of strains in morphological sections. *Appl Microbiol*, 6, 52-79.
- Promnuan Y., Kudo T., Chantawannakul P., 2009. Actinomycetes isolated from beehives in Thailand. *World J Microbiol Biotechnol*, 25, 1685-1689.
- Prudhomme J., McDaniel E., Ponts N., Bertani S., Fenical W., Jensen P., et al. 2008. Marine actinomycetes: a new source of compounds against the human malaria parasite. *PLoS One* 3, e2335.
- Qasim S. Z., 1999. The Indian Ocean: images and realities. New Delhi: Oxford and IBH; p. 57-90.
- Qin S., Zhao G. Z., Li J., Zhu W. Y., Xu L. H., Li W. J., 2009a. *Actinomadura flavalba* sp. nov., an endophytic actinomycete isolated from leaves of *Maytenus austroyunnanensis*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 2453-2457.
- Qin S., Li J., Zhang Y. Q., Zhu W. Y., Zhao G. Z., Xu L. H., Li W. J., 2009b. *Plantactinospora mayteni* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Micromonosporaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 2527-2533.
- Quintana E. T., Trujillo M. E., Goodfellow M., 2003a. *Actinomadura mexicana* sp. nov. and *Actinomadura meyerii* sp. nov., two novel soil sporoactinomycetes. *Syst Appl Microbiol*, 26, 511-517.
- Quintana E., Maldonado L., Goodfellow M., 2003b. *Nonomuraea terrinata* sp. nov., a novel soil actinomycete. *Antonie van Leeuwenhoek*, 84, 1-6.
- Quintana E. T., Wierzbicka K., Mackiewicz P., Osman A., Fahal A. H., Hamid M. E., Zakrzewska-Czerwinska J., Maldonado L. A., Goodfellow M., 2008. *Streptomyces sudanensis* sp. nov., a new pathogen isolated from patients with actinomycetoma. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 93, 305-313.
- Qun L., Zhenyu Y., Entai Y., Yueying L., 1995. Taxonomic study on the kanglemycin producing microorganism, *Nocardia mediterranei* var. *kanglensis* 1747-64. *Chin J Antibiot*, 20, 246-248.
- Radzom M., Zeeck A., Antal N., Fiedler H., 2006. Fogacin, a novel cyclic Octaketide produced by *Streptomyces* strain Tu6319. *J Antibiot*, 9, 315-7.
- Rahman H., Austin B., Mitchell W. J., Morris P. C., Jamieson D. J., Adams D. R., et al. 2010. Novel anti-infective compounds from marine bacteria. *Mar Drugs*, 8, 498-518.
- Rainey F. A., Burghardt J., Kroppenstedt R. M., Klatte S., Stackebrandt E., 1995. Phylogenetic analysis of the genera *Rhodococcus* and *Nocardia* and evidence for the evolutionary origin of the genus *Nocardia* from within the radiation of *Rhodococcus* species. *Microbiology (UK)* 141, 523-528.

- Ramesh S., Jayaprakashvel M., Mathivanan N., 2006. Microbial status in seawater and coastal sediments during pre- and post-tsunami periods in the Bay of Bengal, India. *MarEcol*, 27, 198-203.
- Ramesh S., Mathivanan N., 2009. Screening of marine actinomycetes isolated from the Bay of Bengal, India for antimicrobial activity and industrial enzymes. *World J Microbiol Biotechnol*, 25, 2103-2111.
- Ramesh S., Rajesh M., Mathivanan N., 2009. Characterization of a thermostable alkaline protease produced by marine *Streptomyces fungicidicus* MML1614. *Bioprocess Biosyst Eng*, 32, 791-800.
- Ramasamy D., Mishra A. K., Lagier J.-C., Padhmanabhan R., Rossi M., Sentausa E., Raoult D., Fournier P.-E., 2014. A polyphasic strategy incorporating genomic data for the taxonomic description of novel bacterial species. *Int J Syst Evol Microbiol*, 64, 384-391.
- Rascher A., Hu Z., Buchanan G. O., Reid R., Hutchinson C. R., 2005. Insight into the biosynthesis of the benzoquinone ansamycins geldanamycin and herbimycin, obtained by gene sequencing and disruption. *Appl Environ Microbiol*, 71, 4862-4871.
- Rateb M. E., Houssen W. E., Arnold M., Abdelrahman M. H., Deng H., Harrison W. T. A., Okoro C. K., Asenjo J. A., Andrews B. A., Ferguson G., Bull A. T., Goodfellow M., Ebel R., Marcel Jaspars M., 2011. Chaxamycins A-D, Bioactive Ansamycins from a Hyper-arid Desert *Streptomyces* sp. *J Nat Prod*, 74, 1491-1499.
- Reed J. F., Cummings R. W., 1945. Soil reaction-glass electrode and colorimetric methods for determining pH values of soils. *Soil Sci*, 59, 97-104.
- Renner M. K., Shen Y. C., Cheng X. C., Jensen P. R., Frankmoelle W., Kauffman C. A., et al. 1999. Cyclomarins A-C, new anti-inflammatory cyclic peptides produced by a marine bacterium (*Streptomyces* sp.). *J Am Chem Soc*, 121, 11273-6.
- Rheims H., Schumann P., Rohde M., Stackebrandt E., 1998. *Verrucosispora gifhornensis* gen. nov., sp. nov., a new member of the actinobacterial family *Micromonosporaceae*. *Int J Syst Bacteriol*, 48, 1119-1127.
- Richter M., Rosselló-Móra R., 2009. Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition. *Proc Natl Acad Sci USA*, 106, 19126-19131.
- Riedlinger J., Reicke A., Zahner H., Krismer B., Bull A. T., Maldonado L. A., Ward A. C., Goodfellow M., Bister B., Bischoff D., Sussmuth R. D., Fiedler H.P., 2004. Abyssomicins, inhibitors of the para-aminobenzoic acid pathway produced by the marine *Verrucosispora* strain AB- 18-032. *J Antibiot (Tokyo)*, 57, 271-279.
- Rinehart K. L., Shield L.S., 1976. Chemistry of the ansamycin antibiotics. *Fortschr Chem Org Naturst*, 33, 231-307.
- Rintala H., Nevalainen A., Rönkä E., Suutari M., 2001. PCR primers targeting the 16S rRNA gene for the specific detection of *streptomyces*. *Mol Cell Probes*, 15, 337-347.

- Roberts M. A., Crawford D. L., 2000. Use of randomly amplified polymorphic DNA as a means of developing genus- and strain-specific *Streptomyces* DNA probes. *Appl Environ Microbiol*, 66, 2555-2564.
- Rong X., Guo Y., Huang Y., 2009. 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. *solivifaciens*. *Syst Appl Microbiol*, 32, 314-322.
- Rong X., Huang Y., 2010. Taxonomic evaluation of *Streptomyces griseus* clade using multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, with proposal to reduce 29 species and 3 subspecies to 11 genomic species. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 696-703.
- Ryan R. P., Germaine K., Franks A., Ryan D. J., Dowling D. N., 2008. Bacterial endophytes: recent developments and applications. *FEMS Microbiol Lett*, 278, 1-9.
- Rowbotham T. J., Cross T., 1977. *Rhodococcus coprophilus* sp. nov.: an aerobic nocardioform actinomycete belonging to the 'rhodochrous' complex. *J Gen Microbiol*, 100, 123-138.
- Rowell D.L., 1996. *Soil Science: methods and applications*. Longman, UK
- Sacramento D. R., Coelho R. R. R., Wigg M. D., Linhares L. F. T. L., Santos M. G. M., Semedo L. T. A. S., et al. 2004. Antimicrobial and antiviral activities of an actinomycete (*Streptomyces* sp.) isolated from a Brazilian tropical forest soil. *World J Microbiol Biotechnol*, 20, 225-9.
- Saitou N., Nei M., 1987. The neighbour-joining method: a new method for constructing phylogenetic trees. *Molecular and Biological Evolution*, 4, 406-425.
- Sanglier J. J., Whitehead D., Saddler G. S., Ferguson E. V., Goodfellow M., 1992. Pyrolysis mass spectrometry as a method for the classification, identification and selection of actinomycetes. *Gene*, 115, 235-242.
- Santos S. R., Ochman H., 2004. Identification and phylogenetic sorting of bacterial lineages with universally conserved genes and proteins. *Environ Microbiol*, 6, 754-759.
- Schultz M., Tsaklakis C., 1997. *Nachr Chem Tech Lab*, 45, 159-65.
- Shen F.-T., Lu H.-L., Lin J.-L., Huang W.-S., Arun A. B., Young C.-C., 2006. Phylogenetic analysis of members of the metabolically diverse genus *Gordonia* based on proteins encoding the *gyrB* gene. *Res Microbiol*, 157, 367-375.
- Shirling E. B., Gottlieb D., 1966. Methods for characterization of *Streptomyces* species. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 16, 313-340.
- Singh S. K., Gurusiddaiah S., 1984. Production, purification and characterization of Chandramycin, a polypeptide antibiotic from *Streptomyces lydicus*. *Antimicrob Agents Chemother*, 26, 394-400.
- Singh M. P., Petersen P. J., Weiss W. J., Kong F., Greenstein M., 2000. Saccharomicins, novel heptadecaglycoside antibiotics produced by *Saccharothrix espanaensis*: antibacterial and Mechanistic activities. *Antimicrob Agents Chemother*, 44, 2154-9.

- Sohier D., Berthier F., Reitz J., 2008. Safety assessment of dairy microorganisms: bacterial taxonomy. *Int J Food Microbiol*, 126, 267-270.
- Soria-Mercado I. E., Prieto-Davo A., Jensen P. R., Fenical W., 2005. Antibiotic terpenoid chlorodihydroquinones from a new marine actinomycete. *J Nat Prod*, 68, 904-10.
- Sousa C. S., Soares A. C. F., Garrido M. S., 2008. Characterization of streptomycetes with potential to promote plant growth and biocontrol. *Sci Agric (Piracicaba, Braz)* 65, 50-5.
- Stach J. E. M., Maldonado L. A., Ward A. C., Bull A. T., Goodfellow M., 2004. *Williamsia maris* sp. nov., a novel actinomycete isolated from the sea of Japan. *Int J Syst Evol Microbiol*, 54, 191-4.
- Stackebrandt E., Ebers J., 2006. Taxonomic parameters revisited: tarnished gold standards. *Microbiology Today*, 33, 152-155.
- Stackebrandt E., Goebel B. M., 1994. Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *Int J Syst Bacteriol*, 44, 846-849.
- Stackebrandt E., Rainey F. A., Ward-Rainey N. L., 1997. Proposal for a new hierarchic classification system, *Actinobacteria* classis nov. *Int J Syst Bacteriol*, 47, 479-491.
- Stackebrandt E., Frederiksen W., Garrity G. M., Grimont P. A. D., Kämpfer P., Maiden M. C. J., Nesme X., Rosselló-Mora R., Swings J., Trüper H. G., Vauterin L., Ward A. C., Whitman W. B., 2002. Report of the *ad hoc* committee for the re-evaluation of the species definition in bacteriology. *Int J Syst Evol Microbiol*, 52, 1043-1047.
- Staley J. T., 2009. The phylogenomic species concept. *Microbiology Today*, 36, 80-83.
- Staneck J. L., Roberts G. D., 1974. Simplified approach to identification of aerobic actinomycetes by thin-layer chromatography. *Applied Microbiology*, 28, 122-131.
- Steingrube V. A., Brown B. A., Gibson J. L., Wilson R. W., Brown J., Blacklock Z., Jost K., Locke S., Ulrich R. F., Wallace R. J. Jr., 1995. DNA amplification and restriction endonuclease analysis for differentiation of 12 species and taxa of *Nocardia*, including recognition of four new taxa within the *Nocardia asteroides* complex. *J Clin Microbiol*, 33, 817-822.
- Stevenson I. L., 1967. Utilization of aromatic hydrocarbons by *Arthobacterspp.* *Can. J. Microbiol*, 13, 205-211.
- St-Onge R., Goyer C., Coffin R., Fillion M., 2008. Genetic diversity of *Streptomyces* spp. causing common scab of potato in eastern Canada. *Syst Appl Microbiol*, 31, 474-484.
- Strohl W. R., 2004. Antimicrobials. In *Microbial Diversity and Bioprospecting*. Edited by Bull AT. ASM Press, 336-355.
- Sugita T., Tanaka S., Murakami T., Miyoshi H., Ohnuki T., 1999. Immunosuppressive effects of the heat shock protein 90-binding antibiotic geldanamycin. *Biochem Mol Biol Int*, 47, 587-595.

- Sun C., Wang Y., Wang Z., Zhou J., Jin W., You X., et al. 2007. Chemomicin A, a new Angucyclinone antibiotic produced by *Nocardia mediterranei* subsp. *kanglensis* 1747-64. *J Antibiot*, 6, 211-5.
- Sun W., Dai S., Jiang S., Wang G., Liu G., Wu H., et al. 2010. Culture-dependent and culture independent diversity of actinobacteria associated with the marine sponge *Hymeniacidon perleve* from the south China sea. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 98, 65-75.
- Supong K., Suriyachadkun C., Suwanborirux K., Pittayakhajonwut P., Thawai C., 2013. *Verrucosispora andamanensis* sp. nov., isolated from a marine sponge. *Int J Syst Evol Microbiol*, 63, 3970-3974.
- Syed D. G., Tang S.-K., Cai M., Zhi X.-Y., Agasar D., Lee J.-C., Kim C.-J., Jiang C.-L., Xu L.-H., Li W.-J., 2008. *Saccharomonospora saliphila* sp. nov., a halophilic actinomycete from an Indian soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 58, 570-573.
- Takahashi I., Takahashi K., Asano K., Kawamoto I., Yasuzama T., Ashizawa T., et al. 1988. DC92- B, A new antitumor antibiotic from *Actinomadura*. *J Antibiot*, 61, 1151-3.
- Takami H., Inoue A., Fuji F., Horikoshi K., 1997. Microbialflora in the deepest sea mud of the Mariana Trench. *FEMS Microbiol Lett*, 152, 279-285.
- Takeda K., Kang Y., Yazawa K., Gono T., Mikami Y., 2010. Phylogenetic studies of genus *Nocardia* species based on *gyrB* gene analyses. *J Med Microbiol*, 59, 165-171.
- Tamaoka J., Katayama-Fujimura Y., Kuraishi H., 1983. Analysis of bacterial menaquinone mixtures by high performance liquid chromatography. *J Appl Bacteriol*, 54, 31-36.
- Tamehiro N., Hosaka T., Xu J., Hu H., Otake N., Ochi K., 2003. Innovative approach for improvement of an antibiotic – overproducing industrial strain of *Streptomyces albus*. *Appl Environ Microbiol*, 69, 6412-7.
- Tamura T., Nakagaito Y., Nishii T., Hasegawa T., Stackebrandt E., Yokota A., 1994. A new genus of the order *Actinomycetales*, *Couchioplanes* gen. nov., with descriptions of *Couchioplanes caeruleus* (Horan and Brodsky 1986) comb. nov. and *Couchioplanes caeruleus* subsp. *azureus* subsp. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 44, 193-203.
- Tamura T., Hayakawa M., Hatano K., 1997. A new genus of the order *Actinomycetales*, *Spirilliplanes* gen. nov., with description of *Spirilliplanes yamanashiensis* sp. nov. *Int J Syst Bacteriol*, 47, 97-102.
- Tamura T., Hayakawa M., Hatano K., 2001. A new genus of the order *Actinomycetales*, *Virgisporangium* gen. nov., with descriptions of *Virgisporangium ochraceum* sp. nov. and *Virgisporangium aurantiacum* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 51, 1809-1816.
- Tamura T., Hatano K., Suzuki K., 2006. A new genus of the family *Micromonosporaceae*, *Polymorphospora* gen. nov., with description of *Polymorphospora rubra* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 56, 1959-1964.

- Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S., 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Mol Bio Evol*, 28, 2731-2739.
- Tan G. Y. A., Ward A. C., Goodfellow M., 2006. Exploration of *Amycolatopsis* diversity in soil using genus-specific primers and novel selective media. *Syst Appl Microbiol*, 29, 557-569.
- Tanaka Y. T., Omura S., 1993. Agroactive compounds of microbial origin. *Annu Rev Microbiol*, 47, 57-87.
- Tanaka H., Nakahara K., Hatanaka H., Inamura N., Kuroda A., 1997a. [Discovery and development of a novel immunosuppressant, tacrolimus hydrate]. *Yakugaku Zasshi*, 117, 542-554. (PMID: 9306728. Original article in Japanese)
- Tanaka Y., Komaki H., Yazawa K., Mikami Y. 1997b. Brasilinolide A, a new macrolide antibiotic produced by *Nocardia brasiliensis*: producing strain, isolation and biological activity. *J Antibiot*, 50, 1036-41.
- Thawai C., Tanasupawat S., Itoh T., Kudo T., 2006. *Actinocatenispora thailandica* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Micromonosporaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 56, 1789-1794.
- Thiemann J. E., Pagani H., Beretta G., 1967. A new genus of the *Actinoplanaceae*: *Dactylosporangium* gen. nov. *Arch Mikrobiol*, 58, 42-52.
- Thornburg C. C., Mark Zabriskie T., McPhail K. L., 2010. Deep-sea hydrothermal vents: potential hot spots for natural products discovery. *J Nat Prod*, 73, 489-99.
- Tian X. P., Zhi X. Y., Qiu Y. Q., Zhang Y. Q., Tang S. K., Xu L. H., et al. 2009a. *Sciscionella marina* gen. nov., sp. nov., a marine actinomycete isolated from a sediment in the northern South China Sea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 222-228.
- Tian X-P, Tang S-K, Dong J-D, Zhang Y-Q, Xu L-H, Zhang S, et al. 2009b. *Marinactinospora thermotolerans* gen. nov., sp. nov., a marine actinomycete isolated from a sediment in the Northern South China Sea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 948-952.
- Trujillo M. E., Goodfellow M., 1997. Polyphasic taxonomic study of clinically significant actinomadurae including the description of *Actinomadura latina* sp. nov. *Zentralbl Bakteriologie*, 285, 212-233.
- Trujillo M. E., Goodfellow M., 2003. Numerical phenetic classification of clinically significant aerobic sporoactinomycetes and related organisms. *Antonie van Leeuwenhoek*, 84, 39-68.
- Trujillo M. E., Fernández-Molinero C., Velázquez E., Kroppenstedt R. M., Schumann P., Mateos P. F., Martínez-Molina E., 2005. *Micromonospora mirobrigensis* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 55, 877-880.
- Trujillo M. E., Kroppenstedt R. M., Schumann P., Carrol L., Martínez-Molina E., 2006. *Micromonosporacorariae* sp. nov., isolated from root nodules of *Coriaria myrtifolia*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 56, 2381-2385.
- URL-1: <http://www.google.coém.tr/black sea search/?html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).

- URL-2: <http://www.bacterio.cict.fr/a/actinomadura.html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-3: <http://www.bacterio.cict.fr/a/actinopolymorpha.html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-4: <http://www.bacterio.cict.fr/m/microbispora.html>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-5: <http://www.bacterio.cict.fr/m/micromonospora.html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-6: <http://www.bacterio.cict.fr/n/nocardia.html>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-7: <http://www.bacterio.cict.fr/n/nonomuraea.html>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-8: <http://www.bacterio.cict.fr/p/plantactinospora.html>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-9: <http://www.bacterio.cict.fr/s/saccharomonospora.html>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-10: <http://www.bacterio.cict.fr/s/streptomyces.html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-11: <http://www.bacterio.cict.fr/v/verrucosispora.html>. (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-12: <http://www.nereuspharm.com/NPI-0052.shtml>, (Ziyaret tarihi: 01 Mayıs 2014).
- URL-13: <http://eztaxon-e.ezbiocloud.net> (Ziyaret tarihi: 01 Ocak 2014).
- URL-14: <http://plaza.snu.ac.kr/~jchun/phydit> (Ziyaret tarihi: 01 Ocak 2014).
- Vandamme P., Pot B., Gillis M., Devos P., Kersters K., Swings J., 1996. Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics. *Microbiol. Rev.*, 60, 407-438.
- Veyisoglu A., Sazak A., Cetin D., Guven K., Sahin N., 2013. *Saccharomonospora amisosensis* sp. nov., isolated from Black Sea deep sediment. *Int J Syst Evol Microbiol*, 63, 3782-3786.
- Veyisoglu A., Sahin N., 2014. *Streptomyces hoynatensis* sp. nov., isolated from deep marine sediment. *Int J Syst Evol Microbiol*, 64, 819-826.
- Vickers J. C., Williams S. T., Ross G.W., 1984. A taxonomic approach to selective isolation of streptomycetes from soil. In: Ortiz-Ortiz L, Bojalil LF, Yakoleff V (eds) Bio- logical, biochemical and biomedical aspects of actinomycetes. *Academic Press*, London, 553-561.
- Volokhov D. V., Neverov A. A., George J., Kong H., Liu S. X., Anderson C., Davidson M. K., Chizhikov V., 2007. 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, 699-710.
- Vos P., Hogers R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Friters A., Pot J., Paleman J., Kuiper M., Zabeau M., 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nuc Acid Res*, 23, 4407-4414.

- Wagman G. H., Weinstein M. J., 1980. Antibiotics from *Micromonospora*. *Annu Rev Microbiol*, 34, 537-557.
- Waksman S. A., 1927. Principles of soil microbiology, Williams and Wilkins Co., Baltimore, Md.
- Waksman S. A., 1950. *The Actinomycetes. Their Nature, Occurrence, Activities, and Importance*. Waltham, MA: Chronica Botanica Company.
- Waksman S. A., Henrici A. T., 1943. The nomenclature and classification of the actinomycetes. *J Bacteriol*, 46, 337-341.
- Wang Y. M., Zhang Z. S., Xu X. L., Ruan J. S., Wang Y., 2001. *Actinopolymorpha singaporensis* gen. nov., sp. nov., a novel actinomycete from the tropical rainforest of Singapore. *Int J Syst Evol Microbiol*, 51, 467-473.
- Wang Y. X., Zhi X. Y., Chen H. H., Zhang Y. Q., Tang S. K., Jiang C. L., Xu L. H., Li W. J., 2007. *Actinomadura alba* sp. nov., isolated from soil in Yunnan, China. *Int J Syst Evol Microbiol*, 57, 1735-1739.
- Wang Y.-X., Zhang Y.-Q., Xu L.-H., Li W.-J., 2008. *Actinopolymorpha rutila* sp. nov., isolated from a forest soil. *Int J Syst Evol Microbiol*, 58, 2443-2446.
- Ward A. C., Bora N., 2006. Diversity and biogeography of marine actinobacteria. *Curr Opin Microbiol*, 9, 279-286.
- Watanabe Y., Shinzato N., Fukatsu T., 2003. Isolation of actinomycetes from termite guts. *Biosci Biotechnol Biochem*, 67, 1797-1801.
- Watve M. G., Tickoo R., Jog M. M., Bhole B. D., 2001. How many antibiotics are produced by the genus *Streptomyces*? *Arch Microbiol*, 176, 386-390.
- 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., 1987. Report of the ad hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics. *Int J Syst Bacteriol*, 37, 463-464.
- Webster N. S., Wilson K. J., Blackall L. L., Hill R. T., 2001. Phylogenetic diversity of bacteria associated with the marine sponge *Rhopaloeides odorabile*. *Appl Environ Microbiol*, 67, 434-444.
- Wellington E. M. H., Williams S. T., 1978. Preservation of actinomycete inoculum in frozen glycerol. *Microbios Lett*, 6, 151-157.
- Wellington E. M. H., Stackebrandt E., Sanders D., Wolstrup J., Jorgensen N. O. G., 1992. Taxonomic status of *Kitasatosporia*, and proposed unification with *Streptomyces* on the basis of phenotypic and 16S rRNA analysis and demarcation of *Streptomyces* Waksman and Henrici 1943, 339AL. *Int J Syst Bacteriol*, 42, 156-160.
- Wiese J., Jiang Y., Tang S. K., Thiel V., Schmaljohann R., Xu L. H., Jiang C. L., Imhoff J. F., 2008. A new member of the family *Micromonosporaceae*, *Planosporangium flavigriseum* gen. nov., sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 58, 1324-1331.
- Wildermuth H., Hopwood D. A., 1970. Septation during sporulation in *Streptomyces coelicolor*. *J. Gen. Microbiol*, 60, 51-59.

- Williams P. G., 2008. Panning for chemical gold: marine bacteria as a source of new therapeutics. *Trends Biotechnol*, 27(1), 45-52.
- Williams S. T., Goodfellow M., Alderson G., Wellington E. M. H., Sneath P. H. A., Sackin M. J., 1983. Numerical classification of *Streptomyces* and related genera. *J Gen Microbiol*, 129, 1743-1813.
- Williams S. T., Goodfellow M., Alderson G., 1989. Genus *Streptomyces* Waksman and Henrici, 1943. 339AL. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, vol. 4, pp. 2452- 2492. Edited by S. T. Williams, M. E. Sharpe, J. G. Holt. Baltimore: Williams & Wilkins.
- Williams P. G., Buchanan G. O., Feling R. H., Kauffman C. A., Jensen P. R., Fenical W., 2005. New cytotoxic salinosporamides from the marine actinomycete *Salinispora tropica*. *J Org Chem*, 70, 6196-203.
- Williams P. G., Miller E. D., Asolkar R. N., Jensen P. R., Fenical W., 2007. Arenicolides A-C, 26- membered ring macrolides from the marine actinomycete *Salinispora arenicola*. *J Org Chem*, 72, 5025-34.
- Willoughby L. G. 1969. A study of the aquatic actinomycetes of Blelham Tarn. *Hydrobiologia*, 34, 465-483.
- Wink J., Kroppenstedt R. M., Ganguli B. M., Nadkarni S. R., Schumann P., Seibert G., Stackenbrandt E., 2003. 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. *Syst Appl Microbiol*, 26, 38-46.
- Wright G. D., Sutherland A. D., 2007. New strategies for combating multidrug-resistant bacteria. *Trends Mol Med*, 13, 260-7.
- Woese R. C., 1987. Bacterial Evolution. *Microbiological Reviews*, 51, 221-271.
- Woese C. R., 1994. There must be a prokaryote somewhere: microbiology's search for itself. *Microbiol Rev*, 58, 1-9.
- Wu Z., Xie L., Xia G., Zhang J., Nie Y., Hu J., Wang S., Zhang R., 2005. A new tetrodotoxin-producing actinomycete, *Nocardioopsis dassonvillei*, isolated from the ovaries of the puffer fish *Fugu rubripes*. *Toxicon*, 45, 581-859.
- Wu S. J., Fotso S., Li F., Qin S., Kelter G., Fiebig H. H., et al. 2006. 39-N-carboxamidostaurosporine and selina-4(14),7(11)-diene-8,9-diol, new metabolites from a marine *Streptomyces* sp. *J Antibiot*, 59, 331-337.
- Xi L., Zhang L., Ruan J., Huang Y., 2012. Description of *Verrucosispora quiuae* sp. nov., isolated from mangrove swamp sediment, and emended description of the genus *Verrucosispora*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 62, 1564-1569.
- Xiao J., Luo Y., Xie S., Xu J., 2011. *Serinicoccus profundi* sp. nov., a novel actinomycete isolated from deep-sea sediment and emended description of the genus *Serinicoccus*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 61, 16-19.
- Xin Y., Huang J., Deng M., Zhang W., 2008. 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.

- Xu Y., He H., Schulz S., Liu X., Fusetani N., Xiong H., et al. 2010. Potent antifouling compounds produced by marine *Streptomyces*. *Bioresour Technol*, 101, 1331-1336.
- Yang L.-L., Zhi X.-Y., Xu L.-H., Li W.-J., 2008. Phylogenetic relationships of *Nocardiopsis* species based on partial *gyrB* and 16S rRNA gene sequences. *Actinomycetologica*, 22, 6-11.
- Yassin A. F., Spröer C., Siering C., Klenk H.-P., 2010. *Actinomadura sputi* sp. nov., isolated from the sputum of a patient with pulmonary infection. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 149-153.
- Yılmaz A., 2002. Türkiye Denizlerinin Biyojeokimyası: Dağılımlar ve Dönüşümler. *Turkish J Eng Env Sci* 26, 219-235.
- Yi H., Schumann P., Sohn K., Chun J., 2004. *Serinicoccus marinus* gen nov., sp. nov., a novel actinomycetes with 1-ornithin and 1-serine in the peptidoglycan. *Int J Syst Evol Microbiol*, 54, 1585-9.
- Yokota A., Tamura T., Hasegawa T., Huang L. H., 1993. *Catenuloplanes japonicus* gen. nov., sp. nov., nom. rev., a new genus of the order Actinomycetales. *Int J Syst Bacteriol*, 43, 805-812.
- Yoon J.-H., Park Y.-H., 2000. Comparative sequence analyses of the ribonuclease P (RNase P) genes from LL-2,6- diaminopimelic acid-containing actinomycetes. *Int J Syst Evol Microbiol*, 50, 2021-2029.
- Yu T. W., Bai L.Q., Clade D., Hoffmann D., Toelzer S., Trinh K. Q., Xu J., Moss S. J., Leistner E., Floss H.G., 2002. *Proc Natl Acad Sci U. S. A.*, 99, 7968-7973.
- Yuan L.-J., Zhang Y.-Q., Yu L.-Y., Sun C.-H., Wei Y.-Z., Liu H.-Y., Li W.-J., Zhang Y.-Q., 2010. *Actinopolymorpha cephalotaxi* sp. nov., a novel actinomycete isolated from rhizosphere soil of the plant *Cephalotaxus fortunei*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 60, 51-54.
- Zeigler D. R., 2003. Gene sequences useful for predicting relatedness of whole genomes in bacteria. *Int J Syst Evol Microbiol*, 53, 1893-1900.
- Zeigler D. R., 2005. Application of recN sequence similarity analysis to the identification of species within the bacterial genus *Geobacillus*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 55, 1171-1179.
- Zelazny A. M., Calhoun L. B., Li L., Shea Y. R., Fischer S. H., 2005. Identification of *Mycobacterium* species by *secA1* sequences. *J Clin Microbiol*, 43, 1051-1058.
- Zhang L., 2005. Integrated approaches for discovering novel drugs from microbial natural products. In: Zhang L, Demain A, editors. Natural products: drug discovery and therapeutics medicines. Totowa, NJ: *Human Press*, p. 33-56.
- Zhang Z., Wang Y., Ruan J., 1997. A proposal to revive the genus *Kitasatospora* (Omura, Takahashi, Iwai, and Tanaka 1982). *Int J Syst Bacteriol*, 47, 1048-1058.
- Zhang Z., Wang Y., Ruan J., 1998. Reclassification of *Thermomonospora* and *Microtetraspora*. *Int J Syst Bacteriol*, 48, 411-422.

- Zhang Z., Kudo T., Nakajima Y., Wang Y., 2001. Clarification of the relationship between the members of the family *Thermomonosporaceae* on the basis of 16S rDNA, 16S-23S rRNA internal transcribed spacer and 23S rDNA sequences and chemotaxonomic analyses. *Int J Syst Evol Microbiol*, 51, 373-383.
- Zhang H., Lee Y. K., Zhang W., Lee H. K., 2006. Culturable *actinobacteria* from marine sponge *Hymeniacidon perleve*: isolation and phylogenetic diversity by 16S rRNA gene-RFLP analysis. *Antonie van Leeuwenhoek*, 90, 159-169.
- Zhang M. M., Poulsen M., Currie C. R., 2007. Symbiont recognition of mutualistic bacteria by *Acromyrmex* leafcutter ants. *ISME J*, 1, 313-320.
- Zhang H., Zhang W., Jin Y., Jin M., Yu X., 2008. A comparative study on the phylogenetic diversity of culturable *actinobacteria* isolated from five marine sponge species. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 93, 241-248.
- Zhang D-F., Chen W., He J., Zhang X-M., Xiong Z-J., Sahu M. K., Sivakumar K., Li W-J., 2013. *Saccharomonospora oceani* sp. nov. isolated from marine sediments in Little Andaman, India. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 103(6), 1377-84.
- Zhi X.-Y., Li W.-J., Stackebrandt E., 2009. 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. *Int J Syst Evol Microbiol*, 59, 589-608.
- Zhu W-Y., Zhao L-X., Zhao G-Z., Duan X-W., Qin S., Li J., Xu L-H., Li W-J., 2012. *Plantactinospora endophytica* sp. nov., an actinomycete isolated from *Camptotheca acuminata* Decne., reclassification of *Actinaurispora siamensis* as *Plantactinospora siamensis* comb. nov. and emended descriptions of the genus *Plantactinospora* and *Plantactinospora mayteni*. *Int J Syst Evol Microbiol*, 62, 2435-2442.

EKLER

EK A: Seçici İzolasyon Besiyerlerinin Bileşimi, Hazırlanışı ve Sterilizasyonu

EK B: Kültür Ortamlarının Bileşimi, Hazırlanışı ve Sterilizasyonu

EK C: Çözeltilerin Bileşimi ve Hazırlanışı

EK D: 16S rRNA Gen Dizi Analizine Göre Yeni Tür Olma Olasılığı Bulunan *Micromonospora*, *Nonomuraea* *Streptomyces* ve *Saccharomonospora* Cinsi Test İzolatlarının 16S rRNA Gen Bölgesi Nükleotit Dizileri

EK E: *rpoB* ve *gyrB* Gen Bölgesi Nükleotit Dizileri

EK F: 16S rRNA Gen Dizi Analizine Göre Yeni Tür Olma Olasılığı Bulunan *Micromonospora* Cinsi Test İzolatlarının N-Z-Amine Agar Üzerindeki Görüntüleri

EK A

Basal's Mineral Salts Agar (Duangmal ve diğ., 2005)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak kullanılmıştır.

Dektran	10 g
L-histidin	1 g
Potasyum nitrat	2 g
NaCl	35 g
Magnezyum sülfat heptahidrat	0.01 g
Kalsiyum karbonat	0.02 g
Demir sülfat heptahidrat	0.01 g
Potasyum difosfat (K ₂ HPO ₄)	2 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH:	7,2

Tüm ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken agar eklendi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların ve fungusların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda steril Nistatin (50µg/ml) ve Rifampisin (5µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

M3 Agar (Rowbotham ve Cross, 1977)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak kullanılmıştır.

Monopotasyum fosfat	0,466 g
Disodyum fosfat	0,732 g
Potasyum nitrat	0,01 g
NaCl	0,29 g
Magnezyum sülfat heptahidrat	0,1 g
Kalsiyum karbonat	0,02 g
Demir sülfat heptahidrat	200 µg
Çinko sülfat heptahidrat	180 µg
Manganez sülfat heptahidrat	20 µg
Sodyum propionat	0,2 g
Deniz tuzu	35 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH:	7,2

Tüm ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken agar eklendi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların ve fungusların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda Pridham, T. G., steril Nistatin (50 µg/ml) ve sikloheksimid (50 µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

Nişasta-Kazein Agar (Küster ve Williams, 1964)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak belirlenmiştir.

Nişasta (Soluble Starch, BDH)	10 g
Kazein (Casein)	0.3 g
KNO ₃	2 g
NaCl	2 g
MgSO ₄ . 7H ₂ O	0,05 g
CaCO ₃	0,02 g
FeSO ₄ . 7H ₂ O	0,01 g
% 20'lik K ₂ HPO ₄	10 ml
Agar (Difco)	12 g
Saf su	1000 ml
pH	7,0-7,2

%20'lik K₂HPO₄, nişasta ve agar hariç diğer ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken

agar eklendi. Ölçülü miktardaki nişasta 100 ml soğuk saf su içerisinde ayrı olarak çözüldü ve hazırlanmış sıcak besiyerine karıştırarak ilave edildi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. % 20'lik K₂HPO₄ solüsyonu, besiyerlerinden ayrı olarak başka bir şişede otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Otoklav sonrası 45-50°C'ye kadar su banyosunda soğutulan besiyerlerine aseptik koşullarda % 20'lik K₂HPO₄'tan 10 ml /L olacak şekilde ilave edildi. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda steril Nalidixic acid (10 µg/ml) ve Nystatin (50 µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

Non-sporulating Agar (Sanglier ve diğ., 1992)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak kullanılmıştır.

Kazaminoasit	20 g
Nişasta	20 g
Yeast ekstrat	4 g
Deniz tuzu	35 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Tüm ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken agar eklendi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların ve fungusların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda steril Nistatin (50 µg/ml) ve Rifampisin (5µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

Stevenson's Agar (Stevenson, 1967)

67 g yeast nitrojen base ve 0,1 g casamino acid 1 litre ddH₂O'da çözülür ve filter sterilizasyonu yapılır. Steril K₂HPO₄ (200 ml, % 10 w/v) 10X Stevenson's Medium

hazırlamak için 800 ml'ye eklenir. 1x Stevenson's medium hazırlamak için, 100 ml 10 x Stevenson's medium steril erimiş agar ile karıştırılır (%1.5, w/v).

SM1: Stevenson's agar medium (1x) + D-sorbitol (1%, w/v) + neomisin sülfat (4 µg/ml). (Tan ve diğ., 2006)

SM2: Stevenson's agar medium (1x) + D-melezitose (%1, w/v) + neomisin sülfat (4 µg/ml). (Tan ve diğ., 2006)

SM3 Agar-Gauze's Agar (Tan ve diğ., 2006)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak kullanılmıştır.

Glikoz	10 g
Pepton	5 g
Tripton	3 g
Deniz tuzu	35 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH:	7,2

Tüm ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken agar eklendi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların ve fungusların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda steril Nystatin (50 µg/ml) ve Rifampicin (5µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

Rafinoz-Histidin Agar (Vickers ve diğ., 1984)

Denizel aktinomisetlerin sedimentten izolasyonunda seçici izolasyon besiyeri olarak kullanılmıştır.

Rafinoz	10 g
L-histidin	1 g
Dipotasyum fosfat dibazik	1 g
Magnezyum sülfat heptahidrat	0,5 g
Demir sülfat heptahidrat	0,01 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Tüm ortam içerikleri 900 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile pH 7,0-7,2'ye ayarlandı. Karışım ısıtılırken agar eklendi. Hazırlanan besiyeri 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde konularak 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak sterilizasyonu sağlandı. Besiyeri petrilere dökülmeden önce, aktinomisetler dışında bazı istenmeyen mikroorganizmaların ve fungusların izolasyon ortamında üremesini engellemek için besiyerine aseptik koşullarda steril Nystatin (50 µg/ml) ve Cycloheximide (50 µg/ml) antibiyotiklerinden uygun miktarlarda katıldı.

EK B

Yeast Extract-Malt Extract Agar (ISP 2) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Yeast Extract-Malt Extract Agar (ISP 2) ortamı, organizmaların stok kültürlerinin hazırlanmasında kullanılmıştır. Ayrıca organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyon içinde bu besiyeri ortamı kullanılmıştır.

Glikoz	4 g
Bacto-Yeast Extract (Difco)	4 g
Bacto-Malt Extract (Difco)	10 g
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Agar hariç diğer ortam içerikleri saf su içerisinde çözüldü. pH 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile 7,3'e ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121°C'de 15 dakika otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C'ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

Oatmeal Agar (ISP 3) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Oatmeal Agar (ISP 3) ortamı, organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıştır.

Oatmeal	20 g
Trace salt solution (Shirling ve Gottlieb,1966)	1 ml
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Oatmeal (Ticari organik ürün), 1000 ml saf su içerisinde 20 dakika kaynatılarak çözüldü ve süzgeç vasıtasıyla süzüldü. Oda sıcaklığında soğumaya bırakıldıktan sonra eksilen su miktarı tamamlanarak pH, 0,1 M NaOH veya 0,1 M HCl ile ayarlandı ve agar ilave edilerek kaynatıldı. Hazırlanan besiyeri 500 ml' lik şişelerde 121°C'de 15 dakika otoklavlandı. Otoklavdan sonra su banyosunda 45-50°C'ye kadar soğutulan besiyerlerine aseptik koşullarda Trace Salt Solution'dan 1 ml /L olacak şekilde ilave edildi ve besiyeri petrilere döküldü.

İnorganik Tuz-Niřasta Agar (ISP 4) (Inorganic Salts-Starch Agar: Shirling ve Gottlieb, 1966)

İnorganik tuz-niřasta agar (ISP4) ortamı, organizmaların bazılarının spor morfolojilerinin belirlenmesinde ve kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıřtır.

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 (Shirling ve Gottlieb, 1966)	1 ml
Agar	15 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Niřasta, Trace Salt Solution ve agar hariç diđer ortam içerikleri 800 ml saf su içerisinde çözüldü ve pH, 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile ayarlandı. Agar ilave edilerek sürekli karıřtırmak suretiyle kaynamaya bırakıldı. Niřasta, 200 ml saf su içerisinde ayrı olarak çözüldü ve sıcak besiyerine eklendi. Otoklav řiřelerine dökülen kültür ortamı, 121 °C’de 15 dakika otoklav edilerek steril edildi. Otoklavdan sonra su banyosunda 45-50 °C’ye kadar sođutulana besiyerine, aseptik kořullarda Trace Salt Solution’dan 1 ml /L olacak řekilde ilave edildi ve besiyeri petrilere döküldü.

Gliserol-asparajin Agar (ISP 5) (Pridham ve diđer., 1956/1957)

Gliserol-asparajin Agar (ISP 5) ortamı, organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıřtır.

L-asparajin	1 g
Gliserol	10 g
K ₂ HPO ₄	1 g
Trace salts solution	1 ml
Agar	20 g
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Agar hariç diđer ortam içerikleri saf su içerisinde çözüldü. pH, 0,1 M NaOH ve 0,1 M HCl ile 7,3’e ayarlandı ve karıřıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav řiřelerine dökülerek 121°C’de 15 dakika otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar sođutuldu ve aseptik kořullarda petrilere döküldü.

Pepton-Yeast Extract Iron Agar (ISP 6) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Pepton-yeast extract iron agar (ISP 6) ortamı, izolatların melanin pigmenti üretme yeteneklerini belirlemek için kullanılmıştır.

Pepton-Iron Agar	36 g
Yeast extract	1 g
Saf su	1000 ml

Uygun oranlarda hazırlanan besiyeri karışımı ısıtılarak eritildi ve 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde transfer edilerek 121°C'de 15 dk. otoklavlandı. Otoklav sonrası su banyosunda 45-50 °C'ye kadar soğutulan aseptik koşullarda Trace Salt Solution'dan 1 ml /L olacak şekilde ilave edildi ve besiyeri petrilere döküldü.

Tyrosine Agar (ISP 7) (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Pepton-yeast extract iron agar gibi tyrosine agar (ISP 7) ortamı da, izolatların melanin pigmenti üretme yeteneklerini belirlemek için kullanılmıştır.

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
Saf su	1000 ml
pH	7,2

Uygun oranlarda hazırlanan besiyeri karışımı ısıtılarak eritildi ve 500 ml'lik otoklav şişelerine 400 ml'ler halinde transfer edilerek 121 °C'de 15 dk. otoklavlandı. Otoklav sonrası su banyosunda 45-50 °C'ye kadar soğutulan besiyeri aseptik koşullarda petrilere döküldü.

Bennett's Agar (Jones, 1949)

Bennett's agar (MBA: Modified Bennett's Agar) büyüme, degradasyon, kimyasal inhibitörlere ve antibiyotiklere direnç testinde bazal ortam olarak kullanılmıştır.

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
Saf su	1000 ml
pH	7,2-7,3

Agar hariç diğer ortam içerikleri 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü. Degredasyon testi maddeleri tindalizasyonla steril edildikten sonra steril besiyerine katıldı ve petrilere döküldü. Antibiyotikler filtrasyon tekniği ile steril edildikten sonra steril besiyerine katıldı. Kimyasal inhibitör maddeleri ise, otoklav öncesi şişelere dökülmüş besiyerine ölçülü miktarda katıldı ve besiyeri karışımı kimyasal inhibitör madde ile birlikte steril edildi.

Nutrient Agar

Nutrient agar ortamı, organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıştır. Ayrıca antimikrobiyal aktivite testinde patojenleri aktifleştirmek için kullanılmıştır.

Nutrient broth	48 g
Saf su	1000 ml
Agar	18 g

Agar hariç nutrient broth 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

Triptik Soy Agar (TSA)

Triptik soy agar ortamı, organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıştır.

Triptik soy broth	30 g
Saf su	1000 ml
Agar	18 g

Agar hariç nütrient broth 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

Czapek’s Agar (Medium 130, DSMZ Katolog; Waksman, 1950)

Czapek’s agar ortamı, organizmaların kültürel ve morfolojik karakterizasyonu için kullanılmıştır.

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
Saf su	1000 ml
Agar	18 g
pH:	7,2-7,3

Agar hariç diğer içerikler 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

N-Z-Amine Agar (Medium 554, DSMZ Katolog)

Organizmaları aktifleştirmek için kullanılmıştır.

Glikoz	10 g
Nişasta	20 g
Yeast extract	5 g
N-Z-Amine	5 g
CaCO ₃	1 g
Saf su	1000 ml
Agar	18 g
pH:	7,2

Agar hariç diğer ortam içerikleri 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı.

Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

GPHF Agar (Medium 553, DSMZ Katolog)

Organizmaları aktifleştirmek için kullanılmıştır.

Glikoz	10 g
Peptone from Casein	5 g
Yeast extract (Oxoid)	5 g
Beef extract (Oxoid)	5 g
CaCl ₂ x 2 H ₂ O	0,74 g
Saf su	1000 ml
Agar	15 g
pH:	7.2

Agar hariç diğer ortam içerikleri 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH veya HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soğutuldu ve aseptik koşullarda petrilere döküldü.

Karbon Kaynağı Kullanım Ortamı (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Karbon kaynağı kullanım ortamı (ISP 9), izolatların karbon kaynağı kullanım testlerinde bazal ortam olarak kullanıldı. Test, bazal ortamın hazırlanması ve karbon kaynaklarının hazırlanıp sterilizasyonu şeklinde birbirinden ayrı iki işlemle gerçekleşmiştir.

(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

Agar ve Pridham ve Gottlieb’s Trace Salts Solüsyonu hariç diğer ortam içerikleri 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH ve HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121°C’de 15 dk. otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50°C’ye kadar soğutuldu ve soğutulan besiyerine, tindalizasyonla sterilizasyonu sağlanmış her bir karbon kaynağı ayrı olacak şekilde ilave edildi. Daha sonra besiyerine 1 ml/L

konsantrasyonunda Pridham ve Gottlieb's Trace Salts Solüsyonundan ilave edildi ve besiyeri aseptik olarak petrilere döküldü.

Azot Kaynağı Kullanım Ortamı (Williams ve diğ., 1983)

Azot kaynağı kullanım ortamı, izolatların azot kaynağı kullanım testlerinde bazal ortam olarak kullanıldı. Test, bazal ortamın hazırlanması ve azot kaynaklarının hazırlanıp sterilizasyonu şeklinde birbirinden ayrı iki işlemle gerçekleştirilmiştir.

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

Agar hariç diğer ortam içerikleri 1000 ml saf su içerisinde çözüldü. pH (0,1 M) NaOH ve HCl ile ayarlandı ve karışıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav şişelerine dökülerek 121°C'de 15 dk. otoklav edilen besiyeri, su banyosunda 45-50°C'ye kadar soğutuldu ve soğutulan besiyerine tinalizasyonla sterilizasyonu sağlanmış her bir azot kaynağı ayrı olacak şekilde aseptik olarak ilave edildi ve aseptik olarak petrilere döküldü.

Degradasyon 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. Tinalizasyon ile steril edilen her bir madde, otoklavla 121 °C'de 15 dk. steril edilmiş Bennett's Agar ortamına aseptik olarak ilave edildi ve besiyeri aseptik olarak petrilere döküldü.

Tween80 (Polysorbate-80; %1, w/v) degradasyonu için Nash ve Krent (1991) pepton agar bazal ortamı kullanıldı. Tinalizasyon ile steril edilmiş Tween 80 maddesi, otoklavla steril edilmiş bazal ortama (Nash ve Krent, 1991) aseptik olarak ilave edildi ve besiyeri aseptik olarak petrilere döküldü.

Tween-20, Tween-80 (Polysorbote-20, Polysorbote-80) deęredasyonu (Nash ve Krent, 1991)

Tween-20, Tween-80 deęredasyonunda bazal ortam olarak kullanılmıřtır.

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

Agar harię dięer ortam ięerikleri 1000 ml saf su ięerisinde ęözüldü. pH (0,1 M) NaOH ve HCl ile ayarlandı ve karıřıma agar ilave edilerek kaynamaya bırakıldı. Otoklav řiřelerine dökülerek 121 °C’de 15 dk. otoklavlanan besiyeri, su banyosunda 45-50 °C’ye kadar soęutuldu. Daha sonra tindalizasyonla sterilizasyonu saęlanmış Tween-20, Tween-80 (% 1, w/v), steril edilmiř bazal ortama aseptik olarak ilave edildi ve besiyeri aseptik olarak petrilere döküldü.

% 0,5’ lik Nutrient Agar (Williams ve dię, 1983)

Antimikrobiyal aktivite testinde, test patojeni olarak kullanılan organizmaların geliřmeleri ięin kullanılan kùltür ortamıdır.

Nutrient agar (Oxoid)	5 g
Saf su	1000 ml

Ortam ięerikleri 1000 ml saf su ięerisinde ęözüldü ve oluřan karıřım, her bir organizma ięin erlenlere transfer edildikten sonra 121 °C’de 15 dk otoklav edilerek steril edildi.

EK C

Ringer Çözeltisi

Ringer çözeltisi izolasyon çalışmasına başlamadan önce tüp dilüsyon yönteminde toprak süspansiyonunun ve testlerin uygulama aşamasından önce spor süspansiyonunun hazırlanması için kullanılmıştır.

Ringer çözeltisi (Oxoid)	1 tablet
Saf su	500 ml

1 tane Ringer tableti 500 ml saf su içerisinde çözüldü ve izolasyon için ağzı kapaklı veya pamukla kapalı cam tüplere uygun miktarlarda konularak 121 °C'de 15 dk. otoklav edildi.

K₂HPO₄ Çözeltisi

Bu çözelti, nişasta-kazein agar (Küster ve Williams, 1964) besiyeri hazırlanırken kullanılmıştır.

K ₂ HPO ₄	20 g
Saf su	100 ml

Hazırlanan çözelti 200 ml'lik ağzı kapaklı şişelere konuldu ve 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Otoklavdan sonra çözelti 4°C'de saklandı. Besiyerleri hazırlanırken bu çözelti steril edilmiş besiyeri karışımına aseptik olarak ilave edildi.

Kültür Stoklaması İçin Gliserol Çözeltisi (Wellington ve Williams, 1978)

Gliserol süspansiyonu, izolatların sporlarının ve misellerinin uzun süre -20 °C'de stok olarak saklanması için hazırlanmıştır.

Gliserol	25 ml
Saf su	75 ml

% 25'lik gliserol çözeltisi yaklaşık 1,5 ml miktarında vidalı kapağı olan küçük tüplere konularak 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi.

50 µg/ml Konsantrasyonunda Cycloheximide Stok Solüsyonu

Cycloheximide (50 µg/ml) fungusların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır.

Öncelikle 100 ml'lik otoklava dayanıklı boş bir şişe 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Daha sonra ayrı olarak 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. Şişenin kapağı sıkıca kapatılıp ve gerekirse parafinlenip 4 °C'de saklandı. Besiyer hazırlanırken, aseptik koşullarda bu stok solüsyonundan 1 ml çekilerek steril edilmiş besiyerine katıldı. Ardından besiyerinin petrilere döküm işlemi yapıldı.

50 µg/ml Konsantrasyonunda Nistatin Stok Solüsyonu

Nistatin (50 µg/ml) izolasyon besiyerlerine istenmeyen bazı mikroorganizmalarının üremesini engellemek için katılmıştır.

Öncelikle 100 ml'lik otoklava dayanıklı boş bir şişe 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Ardından ayrı olarak 100 ml saf su içerisinde 2 g nystatin çözüldü. Nistatin çözeltisi, steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı. Şişenin kapağı sıkıca kapatılıp ve gerekirse parafinlenip 4 °C'de saklandı. Besiyer hazırlanırken, aseptik koşullarda bu stok solüsyonundan 1 ml çekilerek steril edilmiş besiyerine katıldı. Ardından besiyerinin petrilere döküm işlemi yapıldı.

5 µg/ml Konsantrasyonunda Rifampicin Stok Solüsyonu

Rifampicin (0,5 µg/ml), nişasta-kazein agar (Küster ve Williams, 1964) izolasyon ortamına istenmeyen bazı mikroorganizmalarının üremesini engellemek için konulmuştur.

Öncelikle 100 ml'lik otoklava dayanıklı boş bir şişe 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Ardından ayrı olarak 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. Şişenin kapağı sıkıca kapatılıp ve gerekirse parafinlenip 4 °C'de saklandı. Besiyer hazırlanırken, aseptik koşullarda bu stok solüsyonundan 1 ml çekilerek steril edilmiş besiyerine katıldı. Ardından besiyerinin petrilere döküm işlemi yapıldı.

10 µg/ml Konsantrasyonunda Nalidiksik Asit Stok Solüsyonu

Nalidiksik asit (10 µg/ml) istenmeyen mikroorganizmaların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır.

Öncelikle 100 ml'lik otoklava dayanıklı boş bir şişe 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Daha sonra ayrı olarak 100 ml saf su içerisinde 0,4 g cycloheximide çözüldü. Nalidiksik asit çözeltisi steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı. Şişenin kapağı sıkıca kapatılıp ve gerekirse parafinlenip 4 °C'de saklandı. Besiyer hazırlanırken, aseptik koşullarda bu stok solüsyonundan 1 ml çekilerek steril edilmiş besiyerine katıldı. Ardından besiyerinin petrilere döküm işlemi yapıldı.

4 µg/ml Konsantrasyonunda Neomycin Sülfat Stok Solüsyonu

Neomycin sülfat(4 µg/ml) istenmeyen mikroorganizmaların besiyeri içerisinde üremesini engellemek için katılmıştır.

Öncelikle 100 ml'lik otoklava dayanıklı boş bir şişe 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Daha sonra ayrı olarak 100 ml saf su içerisinde 0,16 g cycloheximide çözüldü. Neomisin sülfat çözeltisi steril bir enjektöre çekildi ve önceden otoklav edilmiş boş şişeye aseptik koşullarda membran filtreden geçirilerek aktarıldı. Şişenin kapağı sıkıca kapatılıp ve gerekirse parafinlenip 4 °C'de saklandı. Besiyer hazırlanırken, aseptik koşullarda bu stok solüsyonundan 1 ml çekilerek steril edilmiş besiyerine katıldı. Ardından besiyerinin petrilere döküm işlemi yapıldı.

Trace Salt Solution (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Bu çözelti, İnorganik Tuz-Nişasta Agar (ISP 4) ve Oatmeal Agar (ISP 3) ortamlarının hazırlanmasında kullanılmıştır.

FeSO ₄ . 7H ₂ O	0,1 g
MnCl ₂ . 4H ₂ O	0,1 g
ZnSO ₄ . 7H ₂ O	0,1 g
Saf su	100 ml

Ortam içerikleri 100 ml saf su içerisinde çözüldükten sonra 121 °C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Otoklav sonrası +4°C'de saklandı.

Pridham ve Gottlieb's Trace Salts Solution (Shirling ve Gottlieb, 1966)

Bu çözelti, karbon kaynağı kullanım testi ortamlarının hazırlanmasında kullanılmıştır.

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
Saf su	100 ml

Ortam içerikleri 100 ml saf su içerisinde çözüldükten sonra 121°C'de 15 dk. otoklav edilerek steril edildi. Otoklav sonrası +4°C'de saklandı.

Lugol's İodine Ayıracı (Cowan ve Steel, 1974)

Nişasta degradasyon testinin değerlendirilmesinde kullanılmıştır.

Iodine	5 g
KI (Potassium iodine)	10 g
Saf su	1000 ml

Maddeler öncelikle 10 ml saf su içerisinde çözüldü. Daha sonra 100 ml'ye tamamlandı. 1/5 oranında sulandırılarak kullanıldı.

0.5 M EDTA, pH 8

EDTA (Merck)	186.1 g
ddH ₂ O	1000 ml

800 ml ddH₂O içerisine 186,1 g EDTA ve ~20 g NaOH pelleti ilave edilerek manyetik karıştırıcı üzerinde berraklaşmaya kadar çözüldü. Son hacim ddH₂O ile 1000 ml'ye tamamlandı. 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişelere bölünerek 121 °C'de 15 dk otoklavda steril edildi ve oda sıcaklığında saklandı.

1 M Tris, pH 8

Tris (Merck)	121,1 g
ddH ₂ O	1000 ml

800 ml ddH₂O içerisine 121,1 g tris ilave edildi ve manyetik karıştırıcı üzerinde 50 °C sıcaklık muamelesi ile berraklaşmaya kadar çözülerek oda sıcaklığında soğumaya bırakıldı. pH 8'de 1 M Tris elde etmek için solüsyon içerisine 42 ml %

38'lik HCl ilave edildi. Son hacim ddH₂O ile 1000 ml'ye tamamlandı. 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişelere bölünerek 121 °C'de 15 dk otoklavda steril edildi ve oda sıcaklığında saklandı.

TE tamponu, pH 8

0.5 M EDTA, pH 8 (Merck)	2 ml
1M Tris, pH 8	10 ml
ddH ₂ O	1000 ml

Tampon

1000 ml'ye tamamlanmadan önce pH kontrolü yapıldı. 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişelere bölünerek 121 °C'de 15 dk otoklavda steril edildi ve oda sıcaklığında saklandı

Lizozim (50 mg/ml)

Lizozim (Sigma)	500 mg
Tris, 1 mM EDTA, pH 8)	10 ml

500 mg lizozim 10 ml TE tampon içerisinde çözülerek hazırlandı. 1,5 ml'lik steril eppendorf tüplere 1'er ml bölünerek -20 °C'de kullanım zamanına kadar saklandı.

Proteinaz K (2 mg/ml)

Proteinaz K (AppliChem)	2 mg
TE tamponu	10 ml

2 mg proteinaz K 10 ml TE tamponu içerisinde çözüldü. 1,5 ml'lik steril eppendorf tüplere 1'er ml bölünerek -18 °C'de kullanım zamanına kadar saklandı.

7,5 M Amonyum asetat

Amonyum asetat (AppliChem)	57,81 g
ddH ₂ O	100 ml

57,81 g amonyum asetat 100 ml' lik ağzı kapaklı cam şişeye konularak üzerine yaklaşık 40 ml ddH₂O ilave edildi. Son hacim ddH₂O ile 100 ml'ye tamamlandı. Manyetik karıştırıcı üzerinde 50 °C sıcaklık muamelesi ile berraklaşmaya kadar çözüldü. Solüsyon 121 °C'de 15 dk otoklav edilerek +4 °C'de saklandı.

% 10'luk Sarkosil

N-laurylsarcosine (Sigma)	1 g
ddH ₂ O	10 ml

1 g N-laurylsarcosine 8 ml DDH₂O içeren 100 ml' lik ağzı kapaklı cam şişeye konularak manyetik karıştırıcı üzerinde 50 °C sıcaklık muamelesi ile berraklaşmaya kadar çözüldü ve son hacim ddH₂O ile 10 ml' ye tamamlandı. Solüsyon otoklav ile steril edildi ve şişenin etrafı alüminyum folyo kapatılarak oda sıcaklığında saklandı.

Guanidin thiosiyanat solüsyonu (5 M guanidin thiosiyanat, 100 mM EDTA, % 0.5 sarkosil)

Guanidine thiosiyanat (AppliChem)	60 g
ddH ₂ O (otoklav edilmiş)	20 ml
0,5 M EDTA, pH 8	20 ml

60 g guanidine thiosiyanat steril 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişeye konuldu ve üzerine steril 20 ml ddH₂O ve 0,5 M EDTA (pH 8) ilave edildi. Solüsyon manyetik karıştırıcıda 65 °C sıcaklık muamelesi ile berraklaşmaya kadar çözüldü ve oda sıcaklığında soğuduktan sonra,

N-Laurylsarcosine %10 v/v (otoklav edilmiş) 5 ml

Son hacim steril ddH₂O ile 100 ml'ye tamamlanarak 0,45 µm çapındaki membran filtreden geçirildi. Şişenin etrafı alüminyum folyo ile kapatılarak oda sıcaklığında saklanmıştır.

Kloroform-izo-amil alkol (24:1 v/v)

Kloroform (Merck)	24 ml
İzo-amil alkol (Merck)	1 ml

Steril 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişe içerisinde steril cam pipetler kullanılarak solüsyon hazırlandı. Şişenin etrafı alüminyum folyo ile kapatılarak +4 °C'de saklandı.

İzo-propanol

100 ml izo-propanol (J.T. Baker) steril 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişeye konuldu ve şişenin etrafı alüminyum folyo ile kapatılarak -18 °C'de saklandı.

% 70'lik etanol

% 100'lük alkol	70 ml
ddH ₂ O (otoklav edilmiş)	30 ml

Steril 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişe içerisinde steril cam pipetler kullanılarak solüsyon hazırlandı ve -18 °C'de saklandı.

RNAaz (10 mg/ml)

RNAaz (AppliChem)	10 mg
TE tamponu	10 ml

10 mg RNA az 10 ml TE tamponu içerisinde çözüldü. 1,5 ml'lik steril eppendorf tüplere 1'er ml bölünerek -18 °C'de saklandı.

8M LiCl₂

LiCl ₂ (Merck)	33,912 g
ddH ₂ O	100 ml

33,912 g LiCl₂ tartılarak bir beher içerisine konuldu ve üzerine 60 ml ddH₂O ilave edildi. Manyetik karıştırıcı üzerinde 50 °C sıcaklık muamelesi ile berraklaşınca kadar çözüldü ve son hacim 100 ml'ye tamamlanarak 100 ml'lik ağzı kapaklı cam şişeye konuldu. Solüsyon 121 °C'de 15 dk otoklav edilerek oda sıcaklığında saklandı.

Fenol-kloroform-izo-amil alkol (25:24:1 v/v)

Fenol-kloroform-izo-amil alkol (25:24:1 v/v; AppliChem) istenilen oranlarda hazır olarak alındı. Bu kimyasal madde, moleküler biyoloji çalışmalarında kullanılabilir nitelikte olmalıdır. 100 ml'lik steril edilmiş ağzı kapaklı cam şişeye aseptik şartlarda transfer edildi. Şişenin etrafı alüminyum folyo ile kapatılarak +4 °C'de saklandı.

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

Solüsyon içerikleri tartıldı ve 1000 ml'lik beher içerisinde kondu. İçerisine 500 ml ddH₂O ilave edilerek solüsyon manyetik karıştırıcı üzerinde berraklaşınca kadar tutuldu. Son hacim 1000 ml'ye tamamlandı. pH 8'e ayarlanarak +4 °C'de saklandı.

1XTBE, pH 8

10XTBE tamponu	50 ml
ddH ₂ O	450 ml

Ağız kapaklı 400 ml'lik cam şişe içine konularak oda sıcaklığında tutuldu.

Etidyum Bromür (10 mg/ml stok)

Etidyum bromür (Sigma)	100 mg
ddH ₂ O	10 ml

100 ml'lik ağız kapaklı cam şişe içerisine 100 mg etidyum bromür ve 10 ml ddH₂O su ilave edildi. Manyetik karıştırıcı üzerinde birkaç saat karıştırılarak hazırlandı. Şişenin etrafı alüminyum folyo kapatılarak +4 °C'de saklandı. Hazırlanan bu solüsyondan her 100 ml agaroz 5 µl olacak şekilde ilave edilmektedir. Agaroz hazırlarken etidyum bromürün buharlaşmasını engellemek için sıcaklık ~60 °C'ye gelince ilave edilmelidir.

Etidyum bromür son derece mutajenik bir maddedir. Çalışırken mutlaka eldiven giyilmeli ve maske takılmalıdır.

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

Toplam hacim 10 ml hazırlandıktan sonra eppendorf tüplere 500 µl şeklinde dağıtıldı ve +4 °C'de saklandı.

EK D

***Micromonospora* sp. S1510 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi** **GenBank: KF494804.1**

TTTTTGATTGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGG
GGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAA
ACCGGGGCTAATACCGAATATGACTTTTGGTGCATGACCGGGAGTGAAAAGTTTTTCGGCTTGGGATGG
GCTCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAG
GGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCA
GCAGGGACGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGT
AAGACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTCTGA
CTGTGAAAACCCACAGCTCAACTGTGGGCTTGCAGCCGATACGGGACAGGCTAGAATTCGGTAGGGGAGAC
TGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTG
GGCCGATATTGACGCTGAGGAGCGAAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCT
GTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGACCTCTCCGTTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCC
CGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCA
TGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGAAAACCTGCAGAGATG
TGGGGTCTTCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTA
AGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCGATGTTGCCAGCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGC
CGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCA
TGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGT
TCGGATCGGGGCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCG
GTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCAT
GGCCTAACCGTTTTCCGGAGGGAGTGGTCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGT
AG

***Micromonospora* sp. S2508B izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi** **GenBank: JQ864434.1**

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCAGGCTTTGGGATAACCCTCGGAAACGGGGGCT
AATACCGGATATGACCTCCTGTCGCATGGTGGGGGTGAAAAGTTTTTTCGGCTTGGGATGGGCTCGCGG
CCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGC
GGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGAC
GAAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTA
GGGCGGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTCTGACTGTGAAA
ACCCGCGGCTCAACTGTGGGCTTGCAGTCGATACGGGACAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTC
CTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATA
CTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTT
TGGGCGTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCGCTGGG
GAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGCGGATT
AATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGGTTTACATGGCCGAAAATCTTCCAGAGATGGGGGTTCC
TTCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGC
AACGAGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCA
ACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAA
TGGCCGTTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCG
GGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATAC
GTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAAC
CCGTTTTGGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S2509 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494805.1

AGAAGTTTTGTACATGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCC
CTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCAAGCTTTGGGATAACCC
CGGAAACCGGGGCTAATACCGAATATTACCCTGGCCGATGGCTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCTTG
GGATGGGCTCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
TGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCT
CTTTCAGCAGGGACGAAGCGGAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGC
CGCGGTAAGACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCG
CGTCGACCGTGAAGAACTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGACAGGCTAGAGTTCGGTAGG
GGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGG
TCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTC
CACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTTCCTGTGCCGACGTAACGCATTA
GCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGC
GGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCCA
GAGATGGGGGCTCCTTCGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTT
GGGTTAAGTCCCAGCAACGCGCAACCCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAA
GACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTT
CACGCATGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGT
CTCAGTTCGGATCGGGTCTGCAACTCGACCCGTAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAAC
GCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAA
GCCGGTGGCCCAACCCCTGTGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAA
GGTAG

***Micromonospora* sp. S2510 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494806.1

TCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGC
GGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGAAACCGGGGCTAA
TACCGAATATGACCTCCGATCGCATGGTTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGCC
ATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCC
ACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGGA
AGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAA
GCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGG
CGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTGACTGTGAAAACC
CGCAGCTCAACTGCGGGCCTGCAGTCGATACGGGACAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTG
GTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTG
ACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGG
GCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTTCCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAG
TACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAAT
TCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCGGCAGAGATGTGGGTCCTTC
GGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAAC
GAGCGCAACCCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACT
CGGAGGAAGGTGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAATGG
CCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGG
TCTGCAACTCGACCCGTAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTT
CCCAGGCTTGTACACACCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCC
TTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAG

***Micromonospora* sp. S2518 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494808.1

AAAATCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTAC
TCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCAAGCTTTGGGATAACCCCGGAAACCGG
GGCTAATACCGAATATTACCTGTGGTGCATGACTGTGGGTGGAAAGTTTTTCGGCTTGGGATGGGCTCG
CGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGA
CCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTTCAGCAGG
GACGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGAC
GTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTG
AAAACCTGGGGCTACAACCCCAAGCCTGCGGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGA
ATTCTGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCC
GATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAA
ACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGTTCCCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCC
TGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGACAAGCGCCGGAGCATGCG
GATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTACATGGCCGCAAAACCTCCAGAGATGGGGG
GTCCTTCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTC
CCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGG
GTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCAATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCT
ACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGG
ATCGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTGCCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGA
ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCC
CAACCTTGTGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAG

***Micromonospora* sp. S2901 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF818390.1

TTTTTAAACAGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCG
GGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGA
AACCAGGGCTAATACCGAATAGGACTGCTGGTGCATGACTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATG
GGCTCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGA
GGGCGACCGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGC
ACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTC
AGCAGGGACGAAGCGTAAGTACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACGTGCCAGCAGCCGCGG
TAAGACGTAGGGCGGAGCGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCG
ACCGTGAAAACCTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGA
CTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCT
GGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
TGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGTTCCCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCC
CCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGACAAGCGCGGAGC
ATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTACATGGCCGCAAAACCGGCAGAGAT
GTCGGTCTTTCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTT
AAGTCCCACAACGAGCGCAACCCTCGTTGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTG
CCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCAATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGC
ATGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAG
TTCGGATCGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTGCCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGC
GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGG
TGGCCCAACCGTAAGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S2903 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:JN989305.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATAGGACTGCTGGTCGCATGACTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTGAAAA
CTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTCCCTGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTACATGGCCGCAAAAACCGGCAGAGATGTCGGGTCCT
TCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCTCGTTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCCGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACC
CGTAAGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S2904 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF818391.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATAGGACTGCTGGTCGCATGACTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTGAAAA
CTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTCCCTGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTACATGGCCGCAAAAACCGGCAGAGATGTCGGGTCCT
TCGGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCTCGTTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCCGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACC
CGTAAGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S2909 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:JN989296.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATAGGACTGCTGGCCGCATGGCTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGTGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTGACTGTGAAAA
CCCGCAGCTCAACTGCGGGCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCCGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGTAGGTGTGGGGACCTCTCCGGTTTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCACAGAGATGTGGGGTCT
TCGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCC
ACGACGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCAATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCGGGCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACC
CGTAAAGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAATGTA

***Micromonospora* sp. S2911 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494812.1

AGAGTTGGATCATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCC
TTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCC
GGGAAACCGGGGCTAATACCGAATAGGACTGCTGGCCGCATGGCTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGG
GATGGGCTCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCT
GAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTC
TTTCAGCAGGGACGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCC
GCGGTAAGACGTAGGGTGCAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCG
GTCGACCGTGAAAACCTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGG
GAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGGT
CTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCC
ACGCTGTAAACGTTGGGCGTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTTCCCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAG
CGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGCG
GAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCACAG
AGATGTGGGGTCTTCGGGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTG
GGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAG
ACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTC
ACGATGTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCT
TCAGTTCGGATCGGGGCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACG
CTGCGGTGAATACGTTCCCGGCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAG
CCGGTGGCCCAACCCGTAAGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACA
GGTA

***Micromonospora* sp. S3802 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF818388.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATATGACCTGGCCTCGCATGAGGCTTGGTGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTGAAAA
CTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGACGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTCCCTGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAAAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCACAGAGATGTGAGGTCT
TCGGGGCGGTCACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCTCGTTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACC
CCTTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S3815 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494811.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATATGACCTGGCCTCGCATGAGGCTTGGTGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGC
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTGAAAA
CTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGACGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGCTAGGTGTGGGGGCTCTCCGGTCCCTGTGCCGCAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAAAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCACAGAGATGTGAGGTCT
TCGGGGCGGTCACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCTCGTTTCGATGTTGCCAGCGCTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACC
CCTTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S4605 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494810.1

TGTTCCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTC
GAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGAAACCGGGG
CTAATACCGAATAGGACTGCTGGTCGCATGACTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCG
GCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACC
GGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGA
CGAAGCGTGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGT
AGGGCGGAGCGTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACCGTGAA
AACTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCCGGTAGGGGAGACTGGAATT
CCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGAT
ACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACG
TTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGTTCCCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGG
GGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGAT
TAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGAAAACCGGCAGAGATGTCGGGTC
CTTCGGGGCGGTCACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCG
CAACGAGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGTC
AACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACA
ATGGCCGTTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATC
GGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATA
CGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAA
CCCCTTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. S4803 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494809.1

TGCTAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGAAACCGGGGCT
AATACCGAATATGACCTGGCCTCGCATGAGGTTTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGG
CTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGG
CCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
GAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACG
AAGCGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAG
GGCGGAGCGTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTACGTGACCGTGAAAA
CTTGGGGCTCAACCCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCCGGTAGGGGAGACTGGAATTCC
TGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATAC
TGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
GGGCGTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGTTCCCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGG
AGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTA
ATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGAAAACCTCACAGAGATGTGAGGTCCT
TCGGGGGCGGTCACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAA
CTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAAT
GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACG
TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCAAAC
CCTTGTGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. DS3003 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494803.1

AGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGG
CGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATA
CCGGATAGGACCTGGCGTCGCATGGCGCTTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGCCTAT
CAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCAC
ACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGGAAG
CCTGATGACGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAGC
GTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGGCG
CGAGCGTTGTCCGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACTGTGAAAACCCG
CGGCTCAACTGCGGGCCTGCAGTCGATACGGGAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGT
GTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGAC
GCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGC
GCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTCTCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTA
CGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTC
GATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCGGCAGAGATGTGGGTCTTCCG
GGGCGGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGA
GCGCAACCCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTCCGGCCGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGG
AGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCG
GTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCT
GCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCG
GGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCTTGT
GGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. DS3010 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF494813.1

CGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCG
AGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCAAGCTTTGGGATAACCCTCGGAAACGGGGGC
TAATACCGAATATTACTGCTGGTGCATGGCTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCTTGGGATGGGCTCGCGG
CCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGC
GGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGAC
GAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTA
GGGTGCGAGCGTTGTCCGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTGACCGTGAAA
ACTTGGGGCTCAACTCCAAGCCTGCGGTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTC
CTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATA
CTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGT
TGGGCGCTAGGTGTGGGGAGCCTCTCCGGTCTCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGG
GAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATT
AATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTGGGTTTGACATGGCCGCAAAAACCTCGCAGAGATGTGAGGTCC
TTCGGGGCGGTCACAGGTGGTGCATGGCTGTGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGC
AACGAGCGCAACCCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCA
ACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAA
TGGCCGTGACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCG
GGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATAC
GTTCCCAGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAAC
CCTTGTGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Micromonospora* sp. DS3186 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:JN989295.1

CATGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCG
GCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAAT
ACCGGATACAACCTCTGGTCGCATGACTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGCCTGGGATGGGCTCGCGGCCA
TCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCA
CACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGGAA
GCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAG
CGTAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAAGCGTAGGGC
GCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTGACTGTGAAAACCC
GCAGCTCAACTGCGGGCCTGCAGTCGATACGGGACGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGG
TGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGA
CGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGG
CGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTCCTGTGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGT
ACGGCCGAAGGCTAAAACCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAAT
CGATCAACCGGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATCGCCGGAATCCTCCAGAGATGGGGGGTCTTCG
GGGCCAATGGAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACG
AGCGCAACCCTCGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTC
GGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGC
CGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCAATCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGGT
CTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTT
CCGGGCCCTTGACACACCGCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCGT
AAGGGAGGGAGCCGTGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACA

***Nonomuraea* sp. S2301 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF422634.1

CAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCG
GCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAAT
ACCGGATATGACCGCCTCCGGCATCGGGTGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCC
TATCAGCTTGTGGTGGGGTAGTGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGC
CACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGG
AAGCCTGACGCGACGACGCCGCGTGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGA
AGTTGACGTGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACCTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGC
AAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTGGTGCCTGCTGCCGTGAAAGCCCGC
AGCTTAACTGCGGGTCTGCGGTGGATACGGGCCGGCTAGAGGTAGGTAGGGGCAAGTGAATTCCTGGTG
TAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGCTGGGCCTTACCTGACG
CTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCG
CTAGGTGTGGGGTCTTCCACGACTTCCGTGCCGGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACG
GCCGCAAGGCTAAAACCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGA
CGCAACCGGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACCCGGAACGTGCAGAGATGTGCGCCTCTTCGGAC
TGGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGC
GCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCAGCTCCTTCGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGT
CAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTAC
AATGGCCGGTACAGAGGGCTGCTAAACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGAT
TGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAAT
ACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCA
ACCGGTTCTGCCGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Nonomuraea* sp. S3604 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF422633.1

GGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCG
AGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGGATAAGCCCGGGAAACTGGGTC
TAATACCGGATACGACCGGCTCTCGCATGAGATGCTGGTGGAAAGTTTTTCGGTTGGGGATGGACTCGCG
GCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAGTGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACC
GGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCGCAATGGG
CGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGA
CGAAGTTGACGTGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGG
CGCAAGCCTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTGGTCGCGTCTGCCGTGAAAGCC
CGCAGCTTAACTGCGGGTCTGCGGTGGATACGGGCCGGCTAGAGGTAGGTAGGGGCAAGTGAATTCTTG
GTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCCTTACCTG
ACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGG
GCGCTAGGTGTGGGGATCTCCACGATCTCCGTGCCGGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGT
ACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATT
CGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGCATCACCCGAAAGCTTCAGAGATGGAGCCCTCTTCG
GACTGGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACG
AGCGCAACCCCTTGTCCATGTTGCCAGCGGCCCTTCGGGCGGCGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGG
TCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAAACATGCTA
CAATGGCCGGTACAGAGGGCTGCTAAGCCGTGAGGCGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCCGA
TTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAA
TACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCC
AACGAGCTTGTGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

***Streptomyces hoynatensis* S1412izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank: JQ582693.1

TGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGATCCGGTCTTTCGGGGCT
GGTGTAGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCGCACTCTGGGATAAGCCCGGGAAA
CTGGGTCTAATACCGGATATGACCGATGGTCGCATGGCTGTTGGTGGAAAGCTTTTTCGGGTGTGGGATGG
GCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAG
GGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCA
CAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTC
GCAGGGAAGAAGCGTGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGT
AATACGTAGGGTGCAGCGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGTCGG
TTGTGAAAGCCCGGGCTTAACTCCGGGCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGCAGGGGAGAC
TGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTG
GGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCCTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCT
GTAACCGGTGGGAAGTAGGTGTGGGCAGCATTCCACGTTGTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGTTCCC
CGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCA
TGTGGCTTAATTCAGCGAACGCGAAGAACCCTTACCAAGGCTTGCATACGCCGACAGCTGCAGAGATG
TGTTTCTCTTTGAGTCGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTCTGTCGTGAGATGTTGGGTT
AAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGTCTGTGTTGCCAGCACGCTCTTTTTGGGTGGTGGGGACTCACG
GGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGG
CTGCACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCC
GGTCTCAGTTCCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGC
ATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGTAACACCC
GAAGCCGGTGGCCCAACCCCTTGTGGGAGGGAGCCCTCAAATGTGGCACTGGCTATTGGGACAAAGTCGT
AACAGGGTA

***Streptomyces klenkii* S2704 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:KF656772.1

TTCCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAACCGGCTTCGGCTGGGG
ATTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTGACCTGCCCTGCACTCTGGGATAAGCCCGGGAAACTGG
GTCTAATACTGGATATGACCGGTGGCCGCATGGTCTGCTGGTGGAAAGCTTTTGCGGTGTGGGATGGGCC
CGCGGCCATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGT
GACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAA
TGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCA
GGGAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAT
ACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCCTGTCGCGTCGATTG
TGAAAGCCCGGGCTTAACTCCGGGTCTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGG
AATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGC
CGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTA
AACGGTGGAACTAGGTGTGGGCGACATTCACGTTGTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGTTCCTCCGCG
CTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGCACAAGCGGCGGAGCATGT
GGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATACGCCGAAATCTCTGGAGACAGGG
GCTCCCTTTTGGGCGGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCAGTCGTGCTGAGATGTTGGGTTAA
GTCCCGCAACGCGCAACCCCTTGCTCTGTGTTGCCAGCAACACCTTCGGGTGGTTGGGGACTCACGGGA
GACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAAGTGGGGAGCATCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTG
CACACGTGCTACAATGGCCGGTACAAAGGGCTGCGATGCCGTGAGGCGGAGCGAATCCAAAAAGCCGGT
CTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAGT
GCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCCGTCACGTACGAAAAGTCGGTAACACCCGAA
GCCGGTGGCCTAACCCCTTGCGGGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTA
ACAAGTA

***Streptomyces* sp.S4702 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:JN989306.1

CTCATGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGATGAAGCCCTTTCGGGGTGGATT
AGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGCACTTCGGGACAAGCCCTGGAAACGGGGT
TAATACCGGATATGACCATCGGGTGCATGCTCTGGTGGTGGAAAGCTCCGGCGGTGCAGGATGAGCCCGC
GGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGAC
CGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGAAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGG
AAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
TAGGGTGCAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCGTGTACGTCGGATGTGA
AAGCCCGGGCTTAAACCTGGGTCTGCATTGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGATCGGAAT
TCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGATCTCTGGGCCGA
TACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAC
GTTGGGCACTAGGTGTGGGCGACATTCACGTTGTCCGTGCCGCGAGCTAACGCATTAAGTCCCCGCGCTG
GGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTGGC
TTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATATGCCGGAACGGCCAGAGATGGTCGCT
CCCTTTGGCCGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGTCGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCC
CGAACGAGCGCAACCCCTTGCTCTGTGTTGCCAGCAACTCTTCGGAGGTTGGGGACTCACGGGAGACTGC
CGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCACACG
TGCTACAATGGCCGGTACAATGAGCTGCGATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCTCAAAAAGCCGGTCTCAGT
TCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCG
GTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCCGTCACGTACGAAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGT
GGCCAAACCCCTTGTGGGAGGGAATCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGGACGAAGTCGTAACAAGG
TAGCCGTA

***Saccharomonospora amisosensis* DS3030 izolatının 16S rRNA geni nükleotit dizisi**

GenBank:NR109529.1

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGGACGCTGAAGCTCAGCTTGCTGGGTGG
ATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTTCGGGATAAGCCTTGAAACGGG
GTCTAATACCGGATAGGACACATCGTCGCATGGTGGTGTGTGGAAAAGCCTTTGGGTGGTATGGGATGAGC
CCGCGGCTATCAGCTTGTTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGGTGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGG
TGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCGCC
CAGGACGAAGGGTTTCGGCTTGACGGTACTGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCG
GTAATACGTAGGGTGCAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGTCACGTC
TGCCGTGAAAACCTACGGCTTAACCGTGGGCGTGCGGTGGATACGGGCATCACTTGAGTTCGGTAGGGGA
GACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCT
CTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAC
GCTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGTGCTGTTACGCTGTCCCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCG
CCCCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGA
GCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCATCAGACGCATCCAGAG
ATGGGTGTTCCCTTGTGGTTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGG
GTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGCCTATGTTGCCAGCGGGTTATGCCGGGGACTCGTGGGAGA
CTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCA
CACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTGGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCGGTCT
CAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAGTGC
TGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGC
CCATGGCCTAACCCACGTTGGTGGGGGGAGTGGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAA
CAAGGTA

EK E

Micromonospora sp. S2509 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi

GenBank: KF765485.1

GAGAAGGCGCGTGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCACGGCGAGACCGGCACGGTCATCGGTG
TGCGGACGTTCTCCCGGAGGACGGCGACGAGCTGCCGCCGGGCGTCAACGAGCTGGTCCGGGTCTACGT
CGCCCAGAAGCGCAAGATCCAGGACGGCGACAAGCTCGCCGGCCGACACGGCAACAAGGGTGTCAATCTCG
AAGATCCTGCCGATCGAGGACATGCCGTTCTGGAGGACGGCACCCCGGTGACATCGTGTCAACCCGC
TGGGTGTGCCGAGCCGGATGAACATCGCCAGGTGTTGGAGACCCACCTCGGTTGGGTGCCAAGACCGG
TTGGAAGGTCGAAGGCGACGACACCGACTGGAAGCGGCAGCTGCGCTCGATCGACGCGCACGAGTCCGAG
GGGGACACGAACGTGGCCACCCCGGTCTTCGACGGCGCACGGGAGGCCGAGATCTCCGGCCTGCTGTCGT
CGACGCTGCCAACCGTGACGGCAAGCAGCTGATCGGTTCCAGTGGCAAGGCGCAGCTGTTTCGACGGTCG
TTCCGGTGAGCCTCTGCCGGACCCGATCGCGGTCCGGCTACATCTACATCCTGAAGCTGAACCACCTGGTC
GACG

Micromonospora sp. S2510 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi

GenBank: KF776930.1

CGCGATCTTCGGTGAGAAGGCGCGTGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCACGGCGAGACCGGC
ACGGTCATCGGTGTGCGTACCTTCTCCCGGAGGACGGCGACGAGCTGCCCCGGGCGTGAACGAGCTGG
TCCGGGTCTACGTGCGACAGAAGCGCAAGATCCAGGACGGCGACAAGCTCGCCGGCCGGCACGGCAACAA
GGGCGTCATCTCAAGATCCTGCCGATCGAGGACATGCCGTTCTGGAGGACGGGACCCCGTGCACATC
GTGCTGAACCCGCTGGGTGTGCCGTCGCGATGAACATCGCCAGGTCTGGAGACCCACCTCGGGTGGG
TGGCCAAGACCGGTTGGAAGGTCGAGGGCGACGACGCCGAATGGAAGAAGGCGTTGCGCGGATCGAGGC
GCACGAGTCGGAGCCGGACACCAACGTGGCCACCCCGGTCTTCGACGGTGCCCGCAGGAGGAGATCTCC
GGTCTGCTCGCGTCGAGCCTGCCAACCGGGACGGCAACCAGCTGATCGGTTCTCCGGCAAGGCGCAGC
TGTTGACGGTCGCTCCGGCGAGCCGCTGCCGGACCCGATCGCGGTCCGGCTACATCTACATCCTGAAGCT
CAACCACCTGG

***Micromonospora* sp. S2518 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF765486.1

GAGAAGGCGCGTGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCACGGCGAGACCGGCACGGTCATCGGTG
TGCGGACGTTCTCCCGCAGGACGGCGACGAGCTGCCGCCGGGCGTCAACGAGCTGGTCCGGGTCTACGT
CGCCCAGAAGCGCAAGATCCAGGACGGCGACAAGCTCGCCGGCCGACACGGCAACAAGGGTGTCTATCTCG
AAGATCCTGCCGATCGAGGACATGCCGTTCCCTGGAGGACGGCACCCCGGTGACATCGTGTCAACCCGC
TGGGTGTGCCGAGCCGGATGAACATCGGCCAGGTGTTGGAGACCCACCTCGGTTGGGTGCCAAGACCGG
TTGGAAGGTGGAAGGCGACGACACCGACTGGAAGCGGCAGCTGCGCTCGATCGACGCGCACGAGTCCGAG
GGGGACACGAACGTGGCCACCCCGGTCTTCGACGGCGCACGGGAGGCCGAGATCTCCGGCCTGCTGTCGT
CGACGCTGCCAACCGTGACGGCAAGCAGCTGATCGGTTCCAGTGGCAAGGCGCAGCTGTTGACGGTGC
TTCCGGTGAGCCTCTGCCGGACCCGATCGCGGTGCGCTACATCTACATCCTGAAGCTGAACCACCTGGTC
GACG

***Micromonospora* sp. S2901 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF776920.1

CGCGATCTTCGGCGAGAAGGCGCGGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCACGGCGAGACCGGC
ACGGTCATCGGTGTGCGTACCTTCTCCCGCAGGACGGCGACGAGCTGCCGCCGGGTGTCAACGAGCTGG
TCCGGGTCTACGTGCCCGAAGCGCAAGATCCAGGACGGTGACAAGCTCGCCGGCCGGCACGGCAACAA
GGGCGTCATCTCCAAGATCCTGCCGGTGCAGGACATGCCGTTCCCTCGAGGACGGCACCCCGGTGACATC
GTGCTCAACCCGCTGGGTGTGCCCTCCCGGATGAACATCGGCCAGGTCTGGAGACCCACCTCGGCTGGG
TCGCCAAGACCGGTTGGAGCGTGGACGGCGACGACGCGGCGTGGAAAGAAGCAGCTGCGCTCGATCGACGC
CCACGAGTCCGAGCCGGACCAACGTGGCCACTCCGGTCTTCGACGGTGCCCGGAGGAGGAGATCTCC
GGTCTGCTCTGTCGACCCTGCCAACCGGGACGGCAAGCAGCTGATCGGTTCCCTCGGGCAAGGCGCAGC
TGTTGACGGTCGCTCCGGCGAGCCGCTGCCGGACCCGATCGCGGTGCGCTACATCTACATCCTGAAGCT
CAACCACCTGGTCGACG

***Micromonospora* sp. DS3003 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF776931.1

CGCGCATCTTCGGCGAGAAGGCGCGGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCACGGTGAGACCG
GCACGGTCATCGGCGTGCGCACCTTCTCCCGGGAGGACGGCGACGAGCTGCCTCCGGGCGTCAACGAGCT
GGTCCGGGTCTACGTGCGCCAGAAGCGGAAGATCCAGGACGGCGACAAGCTCGCCGGCCGTACGGCAAC
AAGGGCGTCATCTCCAAGATCCTCCCGATCGAGGACATGCCGTTCCCTCGAGGACGGCACCCCGGTGACA
TCGTGCTCAACCCGCTGGGTGTGCCGAGCCGGATGAACATCGGCCAGGTGCTGGAGACGCACCTCGGCTG
GGTGGCCAAGACCGGCTGGAAGATCGAGGGCGAGGACGCCGAGTGAAGCGGCAGCTCCAGGCGATCGGC
GCCGACGAGTCCGAGCCGGACACCAACGTGGCCACCCCGGTCTTCGACGGTGCCCGCAGGAGGAGATCG
CCGGTCTGCTCGAGTCGACGCTGCCAACC CGCAGGCCAGCAGCTGATCGGCCGAGCGGCAAGGCGCG
GCTGTTGACGGCCGCTCCGGTGAGCCGCTGCCGGACCCGATCGCGGTGGCTACATCTACATCCTGAAG
CTCAACCACCTGGTCGACG

***Micromonospora* sp. DS3186 izolatının *rpoB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF776933.1

CGCGCATCTTCGGTGAGAAGGCGCGGAGGTCCGGGACACCTCGCTGAAGGTGCCGCATGGCGAGACCG
GCACGGTCATCGGCGTGCGTACCTTCTCCCGCGAGGACGGCGACGAGCTGCCCCGGGCGTGAACGAGCT
GGTCCGGGTCTACGTGGCCAGAAGCGCAAGATCCAGGACGGTGACAAGCTCGCGGGCCGCCACGGCAAC
AAGGGCGTCATCTCCAAGATCCTGCCGATCGAGGACATGCCGTTCCCTGGAGGACGGCACCCCGGTGACA
TCGTGCTGAACCCGCTGGGTGTGCCGTCGCCGATGAACATCGGCCAGGTCTGGAGACCCACCTCGGGTG
GGTGGCCAAGACCGGCTGGAGCGTGACGGTGACGACGCCGACTGGAAGCGCCAGCTCCGCTCGATCAAC
GCGCACGAGTCCGAGCCGGACACCAACGTGGCCACCCCGGTCTTCGACGGTGCCCGCAGGAGGAGATCT
CCGGTCTGCTCGAGTCGACCTGCCAACC CGGACGGCAACCAGCTGATCGGGCGCAGCGGCAAGGCGCA
GCTGTTGACGGCCGCTCCGGCGAGCCGCTGCCGGACCCGATCGCGGTGGGTACGTCTACATCCTGAAG
CTCAACCACCTGGTCGACG

***Micromonospora* sp. S2509 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818378.1

CACGGCGTCGGCGTCTCCGTCTGTCGTAACGCGCTCTCCACCCGGATGGCAGTGGAGATCCACAAGTCCGGCT
TCGTGTGGCGACAGCAGTACAACAACCTCCAAGCCGGTCTCTGGAGAAGGGTGAGACCACCGACCGCAG
CGGCTCGGCGGTCTCCTTCTGGCCCGACCCGACGTCTTCGAGACCGTCTGACTTCGACTTCAGACCATC
TACCGGCGACTCCAGGAGATGGCCTTCTCAACCGCGCTGCGCATCCACCTGCTCGACGAGCGGGTGG
CCGAGGAGGAGGACGGCCGGCAGCGGAGGTACCTTCTTCTACGAGGGCGGCATCGCCGACTTCGTCCG
GCACCTCAACGCCTCGAAGAACCCGATCCACAAGACCGTGGTTCGAGTTCGGCGCCGAGGAGGAGGGCATG
TCGGTCGAGATCGCCATGCAGTGAACGAGTCTGACGGCGAGTTCGGTCTACACCTTCGCCAACACGATCA
ACACGACGAGGGCGGCACCCACGAGGAGGGCTTCGGTCCGCGCTGACACGCGTGGTCAACCGGTACGG
CACCGACAAGAAGCTGCTCAAGGGCGACGAGAAGCTCTCCGGCGAGGACATCCGCGAAGGGCTCGCGGCG
ATCATCTCGGTCAAGTTGGCCAACCCGACGTTCGAGGGTTCAGACCAAGACCAAGCTGGGCAACACCCCGG
TGAAGAGCTTCGTGCAGCGAGTCTGCAACGAGTGGTTCGACTGGTTCGACCGTAACCCGGCCGAGGC
CAAGATGATCATCAGGAAGGCTCCAGGCTGCCGCGCCGGATCGCCGCCAGCAGGCGCGCAAGCTG
GCCGCGCAAGTTCGCTGCTGGAGTCCGGCTCGATGCCGGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCCACCGACC
CGCGCGAGTCCGAGGTGTTTCATCGTTCGAGGGCGACTCGGCAGGTGGTTCGGCCAAGCAGGGTCCGACCC
GCGCACGAGGCGATCCTGCCGATCCGCGGCAAGATCCTCAACGTGGAGAAGGCCCGGATCGACCGGGTCT
CTCAAGAACAACGAGGTCCAGGCGCTGATCACCGCGCTGGGCACCCGGCATCCACGACGACTTCGACATGG
AGAAGCTGCGC

***Micromonospora* sp. S2510 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818387.1

GGCGTCGGCGTCTCCGTGGTGAACGCCCTCTCCACGAAGATGGCGGTGGAGATCCACAAGTCCGGCTTCG
TCTGGCGGCAGCAGTACCACCACTCCAAGCCACCACCCTGGAGAAGGGCGAGTCCGACCGACCGGACCGG
CTCGGCGGTCTCCTTCTGGCCCGACCCGACGTCTTCGAGACCGTCTGACTTCGACCTCCAGACCATCTAC
CGCCGGCTCCAGGAGATGGCCTTCTCACCCGCGGCTCACCATCCACCTGCTCGACGAGCGGGTCCCGG
AGGGTGAGGAGGGCAAGATCCGCGAGGTACCTTCGCTACGAGGGCGGCATCGCCGACTTCGTCCGGCA
CCTCAACGCGTCAAGAACCCGATCCACAAGACGGTGGTTCGAGTTCGGCGCGGAGGAGGAGGGCATGTGC
CTCGAGATCGCCATGCAGTGAACGAGTCTGACGGCGAGTTCGGTCTACACCTTCGCCAACAAACATCAACA
CCCACGAGGGCGGCACCCACGAGGAGGGCTTCGGTACGCGTTGACCAGCGTTCGTAACCGGTACGGCGC
GGAGAAGAAGCTGCTCAAGGGCGACGAGAAGCTCTCCGGTGAAGGACATCCGGGAGGGCTGGCCGCGATC
ATCTCGGTGAAGCTGACCAACCCGAGTTCGAGGGCCAGACCAAGACCAAGCTGGGCAACACCCCGGTGA
AGAGTTCGTGCAGCGGGTCTGCAACGACCGGTGGTTCGACTGGTTCGACCGGAACCCGGCCGAGGCCAA
GATGATCATCCAGAAGGCGTCCAGGCGGCCGGGCGGATCGCCGCGCAGCAGGCGCGCAAGCTGGCC
CGCCCAAGTTCGCTGTTGGAGTCCGGCTCGATGCCGGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCCACCGACCCGC
GCGAGTCCGAGGTGTTTCATCGTTCGAGGGCGACTCGGCCGGCGGCTCGGCCAAGCAGGGCCGTGACCCGCG
TACCCAGGCCATCCTGCCGATCCGCGGCAAGATCCTGAACGTGGAGAAGGCCCGCATCGACCGGGTGTG
AAGAACAACGAGGTCCAGGCGCTGATCACCGCGTTGGGCACCCGGCATCCACGACGACTTCGACATGGAGA
AGCTGCG

***Micromonospora* sp. S2518 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818386.1

GGTGTCTCGGTGGTGAATGCGCTCTCCACCAAGATGTTTCGTGAGATCCACAAGTCCGGCTCCGTGTGGC
GGCAGCACTACACCAACTCCAAGCCGAGCCCCTGGAGAAGGGCGAGGCCACCGACCGCACCGGCTCGGC
CGTCTCCTTCTGGCCCGACCCCGACGTCTTCGAGACCGTCGACTTCGACTTCAGACCATCTACCGGCGC
CTGCAGGAGATGGCCTTCTCAACCGCGCCCTGCGCATTACCTTCTCGACGAGCGGGTGGCCGAGGAGG
ACGGCCGGCAGCGGAGGTACCTTCTACTACGAGGGCGGCATCGCGGACTTCGTCCGGCACCTCAACGC
CTCGAAGAGCCCGATCCACAAGACAGTGGTCGAGTTCGAGGCCGAAGAGGAGGGCATGTCCCTCGAGATC
GCCATGCAGTGGAACGAGTCGTACGGCGAGTCGGTCTACACCTTCGCCAACACGATCAACACCCACGAGG
GCGGCACCCACGAGGAGGGCTTCGGTCCGCGCTGACCAGCGTGGTCAACCGGTACGGCACCGACAAGAA
GCTGCTCAAGGGCGACGAGAAGCTCTCCGGCGAGGACATCCGGGAAGGGCTCGCGGGCATCATCTCGGT
AAGCTGGCCAACCCGCAGTTCGAGGGCCAGACCAAGACCAAGCTGGGCAACACCCCGGTGAAGAGCTTCG
TGCAGCGGGTCTGCAACGACCGGCTCGTTGACTGGTTCGACCGCAACCCGGCCGAAGCAAGATGATCAT
TACGAAGCGTCCCAGGCGGCCGTGCCGGATCGCCGCGCAGCAGGCGCGCAAGCTGGCCCGGCGCAAG
TCGCTGCTGGAGTCCGGCTCGATGCCGGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCCACCGACCCGCGGAGTCCG
AGGTCTTCATCGTCGAGGGCGACTCGGCCGGTGGTTCGGCCAAGCAGGGCCGCGACCCGCGGACCCAGGC
GATCCTGCCGATCCGGGGCAAGATCCTCAACGTGGAGAAGGCCCGGATCGACCGGGTCTGAAGAACAAC
GAGGTCCAGGCGCTGATCACCGCGCTGGGCACCGGCATCCACGACGACTTCGACATGGAGAAGCTGCG

***Micromonospora* sp. S2901 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818379.1

GTGGTGAACGCCCTCTCCACGAAGATGGCCGTGGAGATCCACAAGGACGGCTTCGTCTGGCGGCAGGAGT
ACCACCACTCCAAGCCGACCCGCTGGAGAAGGGCGAGCCGACCGACCGGACCGGCTCGCGGGTCTCCTT
CTGGCCGGACCCGGACGTCTTCGAGACCGTCGACTTCGATTTCCAGACCATCTACCGCCGGCTGCAGGAG
ATGGCCTTCTCACCCGCGGCCCTCACCATCCACCTGCTGGACGATCGGGTTCGCGGAGAGCGAGGAAGGCA
AGATCCGCGAGGCCACCTTCCACTACGACGGCGGCATCGCCGACTTCGTCCGGCACCTCAACGCCTCGAA
GAACCCGATCCACAAGACGGTGGTCGAGTTCGGCGCCGAGGAGGAGGGCATGTCCGGTCAAATCGCCATG
CAGTGGAACGAGTCGTACGGCGAGTCGGTCTACACCTTCGCCAACAAACATCAACACCCACGAGGGCGGCA
CCCACGAGGAGGGCTTCGGGGCCGCCTTGACCAGCGTCGTCAACCGGTACGGCGCGGAGAAGAAGCTGCT
CAAGAGCGACGAGAAGCTCTCCGGCGAGGACATCCGCGAGGGCCTGGCCGCGATCATCTCGGTCAAGCTG
ACCAACCCGACGTTTCGAGGGCCAGACCAAGACCAAGCTCGGCAACACCCCGGTGAAGAGCTTCGTGCAGC
GGGTCTGCAACGAGTGGTGGTCGACTGGTTCGACCGGAACCCGGCCGAGGCCAAGACCATCATCCAGAA
GGCGTCCCAGGCGGCGGGCCCGGATCGCCGCGCAGCAGGCGCGGAAGCTGGCCCGGCGCAAGTCTGCTG
CTGGAGTCCGGCTCGATGCCCGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCCACCGACCCGCGGGAGTTCGGAGGTCT
TCATCGTCGAGGGTACTCGCGGGCGGCTCGGCGAAGCAGGGGCGCGATCCCCGACCCAGGCGATCCT
GCCGATCCGCGGCAAGATCCTGAACGTGGAGAAGGCCCGGATCGACCGGGTCTGAAGAACAACGAGGT
CAGGCGCTGATCACGGCGCTCGGCACCGGTATCCACGACGACTTCGACATCGAGAAGCTGCG

***Micromonospora* sp. DS3003 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818374.1

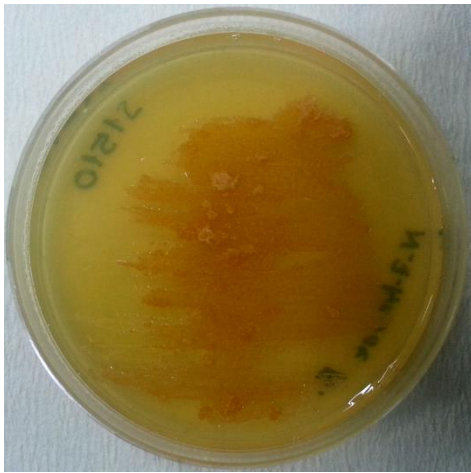
CACGGCGTCGGTGTCTCGGTCTGTAACGCGCTCTCCACGAAGATGTTCTGGAGATCCACAAGGACGGCT
TCGTGTGGCGGCAGAGCTACACGAACTCCAAGCCAGCCCGCTGGAGAAGGGCGAGTCGACCGACCGCAC
CGGCTCGGCGGTCTCGTTCTGGCCGACCCGGCCGCTTTCGAGACGGTCTGACTTCGACTTCCAGACGATC
TACCGCCGCTCCAGGAGATGGCCTTCTCAACCGCGCCTCACCATCCACCTGCTCGACGAGCGCGCGC
AGGACGAGGACGGCAAGCCGCGGAGGTGACCTTCTCTACAAGGGCGGTATCGCCGACTTCGTCCGGCA
CCTCAACGCCTCGAAGAACCCGATCCACCGCACGGTGGTTCGAGTTCGGCGCCGAGGAGGAGGGCATGTGC
GTCGAGATCGCCATGCAGTGAACGAGTCGTACGGCGAGTCGGTCTACACCTTCGCCAACACGATCAACA
CGCACGAGGGCGGCACCCACGAGGAGGGCTTCCGGGCCGCGCTCACGAGCGTCGTCAACCGGTATGGCAC
CGACCGAAGCTGCTCAAGAGCGACGAGAAGCTCTCCGGCGAGGACATCCGGGAGGGCCTCGCGGCGATC
ATCTCGGTGAAGCTCGCGAACCCGAGTTCGAGGGCCAGACCAAGACCAAGCTCGGCAACACGCCGGTGA
AGAGTTCGTGCAGCGGGTCTGCAACGAGTGGCTGGTTCGACTGGTTCGACCGAACC CGCCGAGGCGAA
GATCATCATCCAGAAGCGTCCCAGGCGGCCGGGCCGGATCGCCGCCAGCAGGCCCGCAAGCTGGCC
CGGCGCAAGTCGCTGCTGGAGTCCGGATCGATGCCGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCGACCGACCCGC
GCGAGTCCGAGGTCTTCATCGTCGAGGGCGACTCGGCGGGCGGCTCGGCGAAGCAGGGGCGCGACCCGCG
TACCCAGGCGATCCTGCCGATCCGCGGCAAGATCCTCAACGTGGAGAAGGCCCGGATCGACCGGGTGTG
AAGAACAACGAGGTCCAGGCGCTCATCAGGCGCTGGGCACCGGCATCCACGACGACTTCGACATCGAGA
AGTGCCTACC

***Micromonospora* sp. DS3186 izolatının *gyrB* geni nükleotit dizisi**

GenBank: KF818376.1

CACGGCGTCGGCGTGTCCGTGGTGAACGCCCTCTCCACCAAGATGGCGGTGGAGATCCACAAGGACGGCT
TCGTCTGGCGGCAGCAGTACCACAATTCCAAGCCGACCCCGCTGGAGAAGGGCGAGCCGACCGACCGGAC
CGGCTCGGCGGTCTCCTTCTGGCCGACCCGGACGTCTTCGAGACGGTCTGACTTCGACTTCCAGACCATC
TACCGCCGGCTCCAGGAGATGGCCTTCTCACCCGCGGCCTCACCATCCACCTGCTCGACGAGCGGGCCC
CGGACGGCGAGGAGGGCAAGCCGCGGAGGTGACCTTCCACTACGAGGGCGGCATCGCCGACTTCGTCCG
GCACCTCAACGCCTCGAAGAACCCGATCCACAAGACGGTGGTTCGAGTTCGGCGCCGAGGAGGAGGGCATG
TCGGTCGATATCGCCATGCAGTGAACGAGTCGTACGGCGAGTCGGTCTACACCTTCGCCAACACATCA
ACACCCACGAGGGCGGCACCCACGAGGAGGGCTTCCGGGCTGCGCTGACCAGCGTCATCAACCGGTACGG
CGCGGACAAGAAGCTGCTCAAGGGCGACGAGAAGCTCTCCGGCGAGGACATCCGCGAGGGCCTGGCCGCG
ATCATCTCGGTCAAGCTGACCAACCCGAGTTCGAGGGCCAGACCAAGACCAAGCTCGGCAACACGCCGG
TGAAGAGCTTCGTGCAGCGGGTCTGCAACGAGTGGCTGGTTCGACTGGCTCGACCGCAATCCGGCCGAGGC
GAAGACCATCATACCAAGCCCTCCAGGCGGCCGGGCCGAATCGCCGCCAGCAGGCGCGGAAGCTG
GCTCGACGCAAGTCCCTGCTGGAGTCCGGCTCGATGCCGGGCAAGCTGGCCGACTGCCAGTCCACCGACC
CGCGCGAGTCCGAGGTCTTCATCGTCGAGGGTACTCGGCGGGCGGCTCGGCCAAGCAGGGTCCGACCC
GCGTACCCAGGCGATCCTGCCGATTCCGCGCAAGATCCTCAACGTGGAGAAGGCCCGGATCGACCGGGT
CTGAAGAACAACGAGGTCCAGGCGCTGATCACCAGGCGTGGGCACCGGCATCCACGACGACTTCGACATCG
AGAAGCTGCCTACC

EK F



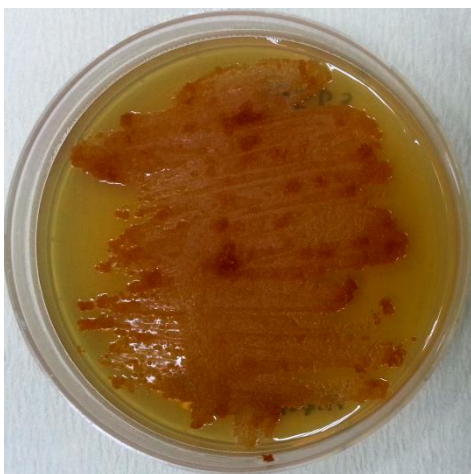
Micromonospora sp. S1510



Micromonospora sp. S2508B



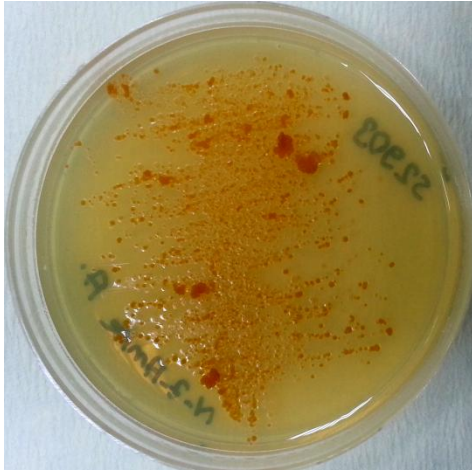
Micromonospora sp. S2510



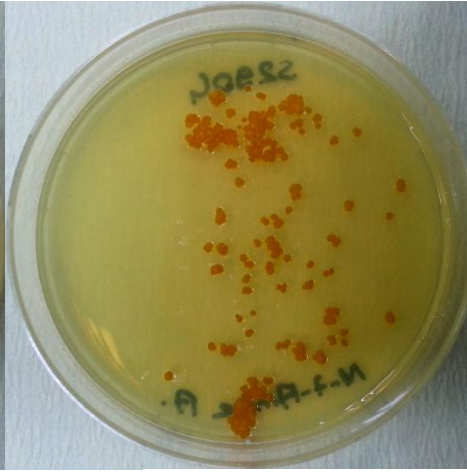
Micromonospora sp. S2518



Micromonospora sp. S2901



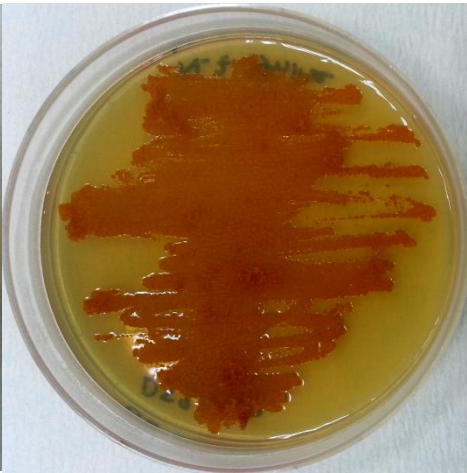
Micromonospora sp. S2903



Micromonospora sp. S2904



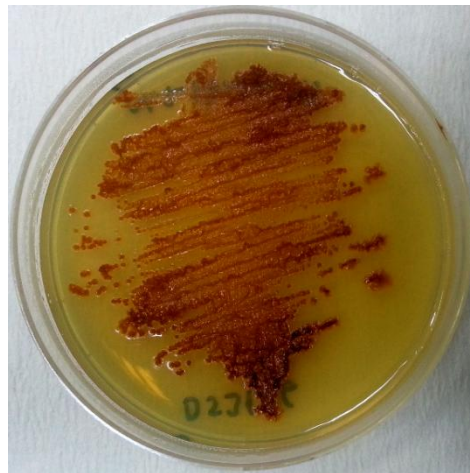
Micromonospora sp. S4605



Micromonospora sp. DS3003



Micromonospora sp. DS3010



Micromonospora sp. DS3186

ÖZGEÇMİŞ

Ad Soyad: Aysel VEYİSOĞLU

Doğum Yeri ve Tarihi: ORDU / ÜNYE - 21.11.1981

Adres: Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 55139 Kurupelit SAMSUN

E-Posta: ayselveyisoglu@gmail.com

Lisans: Selçuk Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Yüksek Lisans: Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Mesleki Deneyim: Canik Başarı Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Araştırma Görevlisi, (2012-Halen).

TEZDEN TÜRETİLEN YAYINLAR

- **Veyisoglu, A., Sazak, A., Cetin, D., Guven, K., and Sahin, N.** *Saccharomonospora amisosensis* sp. nov., isolated from Black Sea deep sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. Volume: 63 Pages: 3782-3786 (2013)
- **Veyisoglu, A. and Sahin, N.** *Streptomyces hoynatensis* sp. nov., isolated from deep marine sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. Volume:64 Pages: 819-826 (2014)

TEZDEN TÜRETİLEN SUNUMLAR

- **Veyisoglu A., Sazak A., Sahin, N.** Polyphasic taxonomic characterisation of a novel *Saccharomonospora* sp. DS3030^T isolated from Black Sea deep sediment. 1stInternational Congress of the Molecular Biology Association of Turkey, p.100, Kasım 23-24, İstanbul/Turkey, 2012. (Poster sunumu)
- **Veyisoğlu A., Sazak A., Şahin N.** Karadeniz Dip Sedimentinden Aktinobacteria Üyelerinin İzolasyonu, Moleküler ve Kemotaksonomik Yöntemlerle Tanımlanması. 21. *Ulusal Biyoloji Kongresi*, Bildiri Özet Kitabı, pp. 312-313, 3-7 Eylül, İzmir, 2012.(Sözlü Bildiri)
- **Veyisoglu A., Sahin N.** Molecular characterisation of a novel *Streptomyces* sp. S4702 isolated from Black Sea deep sediment. *the third International Molecular Biology and Biotechnology Congress*, p. 63, 2-6 Haziran, Sarajevo/ Bosnia Herzegovina, 2014.
- **Veyisoğlu A., Şahin N.** Karadeniz Sedimentinden İzole Edilen *Micromonospora* sp. S4803 İzolatının Polifazik Yöntemlerle Karakterizasyonu. 22. *Ulusal Biyoloji Kongresi*, Bildiri Özet Kitabı, pp. 358, 23-27 Haziran, Eskişehir, 2014.(Sözlü Bildiri).

