

**ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**KAPALI SİSTEMDE KARABALIK (*Clarias gariepinus*) YETİŞTİRİCİLİĞİNDE
SU VE SİNDİRİM KANALINDAKİ MİKROBİYOTANIN MOLEKÜLER
ANALİZİ**

Hacer Özlem ARSLAN

SU ÜRÜNLERİ ANABİLİM DALI

**ANKARA
2018**

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Hacer Özlem ARSLAN tarafından hazırlanan “**Kapalı Sistemde Karabalık (*Clarias gariepinus*) Yetiştiriciliğinde Su ve Sindirim Kanalındaki Mikrobiyotanın Moleküler Analizi**” adlı tez çalışması 26/06/2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı’nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman: Prof Dr.ERCÜMENT GENÇ
Ankara Üniversitesi Su Ürünleri Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri:

Başkan: Prof Dr.ERCÜMENT GENÇ
Ankara Üniversitesi Su Ürünleri Anabilim Dalı

Üye: Prof.Dr.AKASYA TOPÇU
Ankara Üniversitesi Su Ürünleri Anabilim Dalı

Üye: Doç.Dr Nalan Oya SAN KESKİN
Gazi Üniversitesi Polatlı Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Atila YETİŞEMİYEN

Enstitü Müdürü

ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

26.06.2018



Hacer Özlem ARSLAN

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

KAPALI SİSTEMDE KARABALIK (*Clarias gariepinus*) YETİŞTİRİCİLİĞİNDE SU VE SİNDİRİM KANALINDAKİ MİKROBİYOTANIN MOLEKÜLER ANALİZİ

Hacer Özlem ARSLAN

Ankara Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Su Ürünleri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ercüment GENÇ

Bu çalışmada karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliğinin yürütüldüğü iki farklı kapalı devre su sirkülasyonlu yetiştiricilik sisteminden (RAS1: Kartuş filtre (50-100 µm), UV filtre, biyolojik filtreli sistem ve RAS2: Sünger filtre) alınan balık bağırsak içerikleri ve su örnekleri (eDNA, 16S rRNA) moleküler olarak analiz edilmiştir. Çalışmamız sonuçlarına göre filtrasyon düzeyi farklı RAS sistemlerindeki balık yetiştiriciliğinde; balıkların sindirim kanalı ve su ortamındaki bakteri kompozisyonunun değişimi gösterilmiştir. *Plesiomonas shigelloides*, *Polynucleobacter asymbioticus*, *Tahibacter*, *Betaproteobacterium*, *Uncultured bacterium*, *Aurantimicrobium minutum*, *Novoshpingobium naphtha*, *Microbacteriaceae bacterium*, *Cetobacterium somerae* tespit edilmiştir.

Haziran 2018, 80 sayfa

Anahtar Kelimeler: Kedi Balığı, RAS, eDNA, 16S rRNA

ABSTRACT

Master Thesis

MOLECULAR MICROBIOTA ANALYSIS FROM WATER AND INTESTINAL TRACT IN AFRICAN SHARPTOOTH CATFISH (*Clarias gariepinus*) RESIRCULATING AQUACULTURE SYSTEM

Hacer Özlem ARSLAN

Ankara University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Aquaculture

Supervisor: Prof. Dr. Ercüment GENÇ

In this study, African sharptooth catfish (*Clarias gariepinus*) intestinal contents and water samples taken from two different recirculating aquaculture systems (RAS1: Cartridge filter (50-100 µm), UV filter, biological filter system and RAS2: Sponge filter) were analyzed by using molecular method (eDNA, 16S rRNA). The results showed that usage of different filtration levels (for both RAS) were influenced on bacterial composition in the digestive tract of fish and the water environment. *Plesiomonas shigelloides*, *Polynucleobacter asymbioticus*, *Tahibacter*, *Betaproteobacterium*, *Uncultured bacterium*, *Aurantimicrobium minutum*, *Novoshpingobium naphtha*, *Microbacteriaceae bacterium*, *Cetobacterium somerae* were detected in this thesis.

June 2018, 80 pages

Key Words: Catfish, RAS, eDNA, 16S rRNA

ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR

Su ürünleri sektörü; avcılık, yetiştiricilik, işleme ve pazarlama aşamalarında faaliyet gösteren gerçek ve tüzel kişilikli tüm paydaşları kapsayan çatı bir terimdir. Bu kapsamda sektör araştırmacı, uygulamacı ve son tüketici olmak üzere temelde üç kategoride incelenebilir. Araştırmacılar; sektörün gelişimine katkıda bulunacak bilimsel ve teknolojik bilgi üretiminde birincil unsurdurlar. Uygulamacılar; güncel bilgiyi ürün ve verim artırma noktasında, çevre dostu ve etik kurallara uygun faaliyetleri yürütmekle yükümlüdürler. Son tüketici ise ürün yelpazesinin ve talebin; çeşitlilik ve miktarını uygulamacıya ve dolayısıyla araştırmacıya bildiren, muhtemelen de bu üç kategoride incelemeyi seçtiğim su ürünleri sektörünün arzına yön veren ve talebi gerçekleştiren insanlardır. Bu noktada arza yön vererek talebi gerçekleştiren insanın, aslında toplumda anne olduğunu söylemek yanlış olmaz. Beslenme alışkanlıkları başta olmak üzere dünyadaki tüm sektörleri etkileyen ve talepleri gerçekleştirenlerin kadın olduğu bilgisini bu vesile ile bu tez çalışmasını gerçekleştiren bir araştırmacı adayı ve bir kadın olarak ifade etmekten memnuniyet duyarım. Türkiye son 35 yılda su ürünleri sektöründe, dünya eğilimlerini izleyerek önemli bir yol kat etmiştir. Bugün, Avrupa’da ikinci konumdadır. Bu başarısını temel olarak Su ürünleri eğitime ve sektörün kritik elemanı olan Su Ürünleri Mühendislerine borçlu olduğunu düşünmekteyim. Fırat Üniversitesi’nde tamamladığım Su ürünleri mühendisliği lisans eğitimimi Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı yüksek lisans programına devam ederek, akademik anlamda daha fazla okuma ve araştırma yapma fırsatı buldum. Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü, Hayvan ve Haysal Ürünler Sınır Kontrol Daire Başkanlığı’nda Su Ürünleri Mühendisi olarak 1992 yılından bu yana çalışırken, bir yandan da geç de olsa çok istediğim ve hayal ettiğim lisansüstü eğitimi aldım. Bu gün ileri düzeyde çalışma yapmak üzere moleküler yöntemler konusunda temel bilgi, beceri ve donanım kazanma olanağı elde ettim. Burada; bilişsel, duyuşsal ve sosyal gelişim ile birlikte bilimsel araştırma yapma ve sunma teknikleri üzerine katkılarını gördüğüm; Danışman hocam Sayın Prof.Dr.Ercüment GENÇ (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Mühendisliği Bölümü)’e, yüksek lisans çalışmaları sürecinde benden bilgi ve ilgisini esirgemeyen değerli hocalarıma, Anabilim Dalı Başkanı Sayın Prof. Dr. Hasan H.

ATAR'a, beni her konuda destekleyen Doç. Dr. Emre KESKİN'e, Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü öğretim elemanlarından Prof. Dr. Sümer ARAS ve Araş.Gör. Ergin ŞAHİN'e şükranlarımı sunarım. Akademik çalışmalar yapmam için beni teşvik eden başta sevgili oğlum Zahir TAŞÇI olmak üzere anneme, babama ve kardeşlerime, beni destekleyen değerli mesai arkadaşlarıma en içten teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışması, Ankara Üniversitesi Hayvan Deneyleeri Yerel Etik Kurulu'nun 21.12.2016 toplantı tarihli ve 2016-25-207 karar numaralı izin ile yürütülmüştür. Bu çalışma 21.12.2017-15.08.2017 tarihleri arasında yürütülmüştür.

Hacer Özlem ARSLAN

Ankara, Haziran 2018

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	ix
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....	5
2.1 Kapalı Devre Yetiştiricilik Sistemi (RAS)	5
2.2 Mikrobiyota Teşhisinde Kullanılan Moleküler Yöntemler	7
2.3 Balık Mikrobiyolojisi Üzerine Genel Değerlendirmeler	9
3. MATERYAL VE YÖNTEM	19
3.1 Su ve Balık Materyali	19
3.2 Örnek Alma İşlemi ve Düzeni	20
3.3 DNA İzolasyonu	21
3.4 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)	22
3.5 DNA Kütüphanesinin Hazırlanması	22
3.6 PCR Ürünü Pürifikasyonu	23
3.7 Indeks PCR	23
3.8 Biyoinformatik Analizler	23
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	24
4.1 Sindirim Kanalı İçeriğindeki Bakteri Kompozisyonu	24
4.1.1 RAS1 I. örnek (n=3 balık)	24
4.1.2 RAS1 II. örnek (n=3 balık)	27
4.1.3 RAS2 I. örnek (n=3 balık)	29
4.1.4 RAS2 II. örnek (n=3 balık).	31
4.1.5 RAS1 giriş suyu.	33
4.1.6 RAS1 çıkış suyu.	33
4.1.7 RAS2 giriş suyu	34

4.1.8 RAS2 çıkış suyu	35
5. TARTIŞMA ve SONUÇ	36
KAYNAKLAR.	45
EKLER.....	54
EK 1 Onay numarası (Accession number) olmadan sekans, uzunluk ve yüzde benzeşim üzerinden (en yakın benzer nükleotid sekansları için) oluşturulan liste.....	55
EK 2 NCBI veri tabanı üzerinden en yüksek benzerlik oranı gösteren bakterilere ve balıklara ilişkin bazı örneklerin onay numaraları listesi.....	79
ÖZGEÇMİŞ.....	80



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 <i>Clarias gariepinus</i> A: önden görünüm, B: sol lateralden görünüm (Orijinal)	4
Şekil 2.1 Nitrifikasyon süreci (Schuster ve Stelz, 1998)	6
Şekil 2.2 Su ortamındaki bakterilerin etkileri (solda) yüzeyde hızlı gelişen hetetroflar ve yavaş gelişen biyofilme gömülü ototroflar (Golz, 1995'den değiştirilerek alınmıştır)	7
Şekil 3.1 Sistemdeki su ve balık örneklerinin alındığı noktalar	20
Şekil 3.2 Tanklarından su numunesi alımı	21
Şekil 4.1 RAS1 I. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu A:okuma sayısı, B: okuma oranı (n=3)	25
Şekil 4.2 RAS1 I. örnek: sindirim kanalı <i>Plesiomonas shigelloides</i> düzeyi (n=3) bakteri kompozisyonu A:okuma oranı, B:okuma sayısı (n=3).....	25
Şekil 4.3 RAS1 I. örnek: sindirim kanalı <i>Cetobacterium somerae</i> kompozisyonu (n=3).....	26
Şekil 4.4 RAS1 II. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu A:okuma oranı, B:okuma sayısı (n=3)	27
Şekil 4.5 RAS1 II. örnek sindirim kanalındaki bazı bakterilerin uzunluk okuma sayıları A: <i>Plesiomonas shigelloides</i> B: <i>Cetobacterium somerae</i> düzeyi (n=3).....	28
Şekil 4.6 RAS2 I. örnek sindirim kanalı bakteri kompozisyonu A:okuma oranı, B:okuma sayısı (n=3).....	29
Şekil 4.7 RAS2 I. örnek: sindirim kanalı <i>Cetobacterium somerae</i> düzeyi (n=3)	30
Şekil 4.8 RAS2 I. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu A:okuma oranı B:okuma sayısı (n=3).....	31
Şekil 4.9 RAS2 II. örnek: sindirim kanalı <i>Cetobacterium somerae</i> düzeyi (n=3).....	32
Şekil 4.10 RAS1 çıkış suyu A: okuma sayısı, B: okuma oranı.(n=3).....	33
Şekil 4.11 RAS2 giriş suyu A: okuma sayısı, B: okuma oranı.(n=3)	34
Şekil 4.12 RAS2 çıkış suyu A: okuma sayısı, B: okuma oranı.(n=3).....	35

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Numune alma tarihinde sistem suyunun özellikleri	19
Çizelge 5.1 NCBI veri tabanı üzerinden en yüksek benzerlik oranı gösteren organizmalara ilişkin genel liste.....	42



1. GİRİŞ

Su ürünleri, temel olarak sularda yaşayan tek hücreli ve çok hücrelilerle birlikte; bitkisel ve hayvansal organizmaların tamamı için kullanılan bir terimdir. Su ürünleri sektörü ise sularda yaşayan organizmaların insan yararına kullanımına dönük faaliyetleri yürüten organizasyonların genelini ifade eder. Sektör; dünyada akla gelebilecek hemen hemen bütün sektörlerle hammadde temin edebilen yaşamsal değeri yüksek bir iş kolu olarak da tanımlanabilir. Su ürünlerini hammadde olarak kullanan sektörler; gıda, yem, sağlık, ilaç, kozmetik, kâğıt, tekstil, boya ve elektrik-elektronik sanayileri olarak sıralanabilir. Bu anlamda dünya kamuoyunun su ürünleri ile yaşadığına ve bu sektörün birçok sektöre hammadde temin ettiği gerçeğine dikkati çekmek yerinde olacaktır.

Su ürünleri piyasası büyük bir hızla değişen, her geçen gün çok fazla tür ve ürün kompleksinden oluşan bir dinamiğe sahiptir. Piyasa değeri yüksek su ürünlerinin (salmon, ton balığı, yassı balıklar, çipura, levrek, mercan, karides, kerevit, çift kabuklular ve diğer yumuşakçalar) yanı sıra geniş çapta ticareti yapılan ürünlerin de talep gördüğü bilinmektedir. Özellikle gelişmekte olan ülkelerde düşük gelirli tüketiciye hitap eden küçük pelajik balık türlerinin de içinde olduğu tilapia, pangasius, kedibalıkları ve sazan gibi düşük piyasa değerine sahip balıkların üretiminde son yıllarda gelişmiş ve gelişmekte olan ülkelerde pazar bulma sorununun yaşanmadığı ifade edilmektedir (Anonymous 2014).

2016 yılı Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı su ürünleri istatistiklerine göre dünya su ürünleri avcılığı 2010 yılında 89.099.961 ton iken 2015 yılı itibarıyla 93.460.016 ton olarak değişirken, 59.100.786 ton olan 2010 yılı yetiştiricilik miktarı; 2015 yılına gelindiğinde 73.832.107 ton olarak değişmiştir. Avcılık miktarları ile yetiştiricilik miktarı arasındaki fark yaklaşık 30 tondan 2015 yılı itibarıyla yaklaşık 20 tona kadar düşmüştür. Türkiye’de ise 2010 yılında avcılık miktarı 485.939 ton iken 2015 yılında 431.907 ton olmuştur. Yetiştiricilik miktarı 167.141 ton dan 2015 yılına gelindiğinde 240.334 ton olarak değişerek yaklaşık 70 tonluk bir artış gözlemlenmektedir ([http://www. Tarim.gov.tr](http://www.Tarim.gov.tr) 2016).

Türkiye tarımsal faaliyetlerinde tarımın sularda yürüyen kısmını oluşturan su ürünleri sektörü günümüzde iyi bir konumdadır. Sektörün yetiştiricilik kısmı her geçen gün artan talebi karşılamak üzere daha etkili ve verimli faaliyetler yürütmektedir. Avrupa'da satılan üç balıktan birinin Türkiye orijinli olduğunun bilinmesi bu alanda bilimsel ve teknolojik çalışmaları gerçekleştirmek için araştırmacıları teşvik etmektedir.

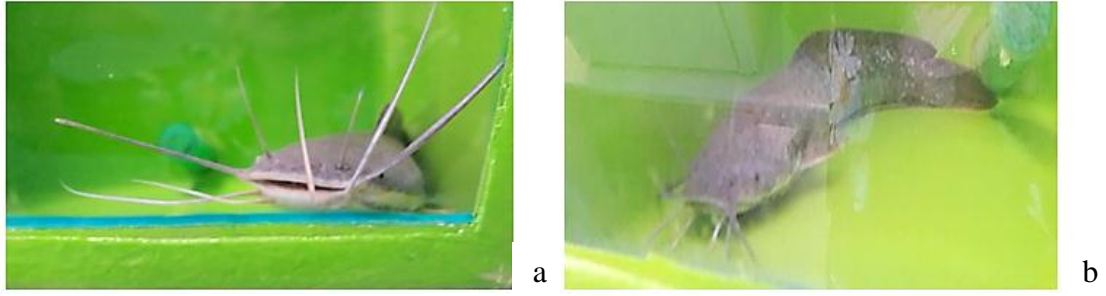
Ülkemizde su ürünleri yetiştiriciliği dünya trendlerini izlemekte olup kuluçkahane kapasitesi bakımından Avrupa'da ilk üç sırada yerini almıştır. Karada beton ve toprak havuzlarda, denizde dalyanlarda başlayan yetiştiricilik, bugün denizde ağ kafeslerde deniz kıyı alanlarında kuluçkahanelerde, karada tatlısuda ise beton ve fiberglas kuluçkahane ve semirtme havuzlarında sürdürülmektedir. Birçok avantajı yanında suyun daha kontrollü kullanımına imkan vermesi bakımından kapalı devre yetiştiricilik sistemlerinin dikkati çeker bir ölçüde ülkemizde ve dünya çapında yaygınlaşmaya başladığı izlenmektedir.

İklim değişikliği ve küresel ısınmanın dünya genelinde biyolojik çeşitliliği etkileyeceği, artan dünya nüfusunu doyuracak tarımsal faaliyetleri gerçekleştirmek için sınırlı su kaynaklarının etkili kullanımına dönük çok sayıda bilimsel çalışma yürütülmektedir. FAO ve Dünya Bankası projeksiyonlarına göre 2030 ve 2050 yılları için oluşturulan senaryolarda tatlısu kaynaklarının yetersizliği, yetiştiriciliği yapılan türlerin buna bağlı uygun koşullarda tutulmaları ve üretimin sürdürülebilirliği konuları irdelenmektedir. Bu çerçevede dünya nüfusunun bugün 7 milyar 300 milyon kişiye ulaştığı bu rakamın 2030-2050 yıllarında 9 milyarı bulacağı hatta 12 milyar sınırına yaklaşacağı tahmin edilmektedir. 9 milyar ve üstü insan nüfusunun tatlısu miktarı bakımından taşıma kapasitesi anlamına geldiği bu nedenle karada yetiştiriciliğin sınırlanacağı ifade edilmektedir.

Sınırlı kaynaklarla üretim yapılacak teknolojilerin geliştirilmesi de önem kazanmaktadır. Aksi halde yetiştiriciliğin sadece tulu sularda yani deniz ve okyanuslarla sınırlı kalacağı konusunda uyarılarda bulunmaktadır. Geleneksel yetiştiricilik yaklaşımını günümüzde kapalı devre tam kontrollü yetiştiricilik sistemleri almaya başlamış olup gelecekte karada tamamen bu yeni sistemin uygulamaya gireceği

tarafımızdan da öngörülmektedir. Tam kontrollü sistemlerde yaygın iki farklı uygulamanın yapıldığı bilinmektedir. Bunlardan birincisinde kapalı sistemde mekanik ve UV filtrasyonu sonrası suyun tanklara dönmektedir. İkincisinde ise mekanik, UV, biyolojik filtrasyon yanında ekstra havalandırılmalı koşullarda yüzey alanı genişleticiler kullanılmaktadır. Bu iki sistem mikroorganizma çeşitlilikleri bakımından farklılık arz edebilmektedir.

Tatlısu, acısu ve deniz suyu kullanılarak yapılan kapalı devre yetiştiricilik sistemlerinde mikroorganizma çeşit ve yoğunlukları üzerinde durulduğu bunun genel sağlık koşulları için bir belirteç olabileceği noktasından hareket edilerek belirlenmesinin yetiştiriciliği yapılan türün refahı bakımından da önemli olduğu vurgulanmaktadır. Ülkemizde alternatif yetiştiricilik türü olarak aday gösterilen tatlısu balıklarından biri karabalıktır. Karabalık (*Clarias gariepinus* Burchell, 1822) Claridae familyası üyesidir. Bu familya kedibalıklarının birçok türünü içinde barındırmaktadır. Kedi balıklarının bilinen 100'den fazla türü olmasına rağmen en çok üretimi yapılan iki ticari türün *Clarias gariepinus* ve *Clarias anguillaris* olduğu bilinmektedir (Genç vd. 2011). Karabalık ülkemizde de doğal dağılım göstermektedir ve genellikle karabalık, sekizbıyık, karayayını ve Afrika kedi balığı olarak tanınmaktadır. Tan (2014)'e göre tropikal ve subtropikal tatlısulara yetiştiriciliği yapılan en önemli türlerden biri karabalıktır. Afrika'nın kuzeyinden güneyine, Avrupa, Ortadoğu, ve Asya dahil dünyanın pek çok yerinde üretimi başlatılan potamodrom (ırmakgöçer) özellikli olarak da bilinen tür nehir ve ırmaklarda dabilunur. Bu tür sadece durgun sularda değil hızlı akan nehirlerde bile görülmektedir (Appelbaum ve Kamler, 2000). Ayrıca tatlısulara yaşayan bu tür labirent organı sayesinde atmosferik oksijeni suda çözerek kullanabilir, amonyak toleransı yüksek olup olumsuz çevresel koşullara da uyum sağlayabilir. Optimal büyüme sıcaklığı 28-30 °C olup, 8 °C ile 35 °C arasındaki su sıcaklıklarında 6,5-8,0 pH aralığında ve bulanık sularda yaşayabilir (Teugels, 1986, Ip vd. 2004, Anonymous 2017). *Clarias gariepinus* (Burchell 1822), sinonimi *Clarias lazera* ve *Clarias mozambicus*; 20 °C üzerindeki su sıcaklığındaki çevreye kolayca adapte olabilen tür doğal olarak tanımlanmaktadır. Morfolojik olarak anguilliform şeklinde uzunlamasına silindirik bir gövdeye sahip olan bu türün neredeyse kaudal yüzgeçe kadar uzanan dorsal ve anal yüzgeçleri bulunmaktadır (Anonymous 1996) (Şekil 1.1).



Şekil 1.1 *Clarias gariepinus* (Orijinal Fotoğraf 2017)
a. önden görünüm, b. sol lateralden görünüm

Günümüzde mikroorganizmaların hızlı, güvenli ve ekonomik identifikasyonunda moleküler yöntemler etkili bir biçimde kullanılmaya başlanmıştır (Pond vd. 2006, Austin, 2006, Navarrete vd. 2010, Nayak, 2010, Dhanasiri vd. 2011).

Anabilim Dalı'mızda karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliği için kullanılmakta olan iki adet farklı kapasitelerde ve teknik özelliklerde kapalı devre sistemi bulunmaktadır. Bu nedenle önerilen yüksek lisans tezine ait örnekler kapalı devre sistemlerde sirküle eden giriş ve çıkış suları ile bu sistemlerde yetiştirilen balıkların sindirim kanalından örnek alınmıştır. Suda ve balık bağırsak içeriğindeki dominant mikroorganizma gruplarının identifikasyonu moleküler yöntemler kullanılarak gerçekleştirilmiş, veriler analiz edilerek, değerlendirilmiştir (Keskin ve Can 2009, Keskin ve Atar 2013, Keskin vd. 2013, Genç ve Keskin 2013, Keskin vd. 2015, Aygen vd. 2016, Kaynar 2016, Kaynar vd. 2016, Genc vd. 2016).

Bu tez çalışması ile kapalı devre yetiştiricilik sistemlerinde (RAS) sirküle olan suda ve balıkların sindirim kanalındaki dominat mikrobiyotanın moleküler teknikler kullanılarak belirlenmesi amaçlanmıştır. Amacımız RAS suyunun balık yetiştiriciliği açısından izlenmesi ve balıkların sindirim kanalında sağlık koşullarından uzaklaşmasına neden olabilecek mikrobiyota yönünden kontrol edilmesi; yetiştiricilikte sağlık yönetimi ve sürdürülebilir üretimin gerçekleştirilmesine katkıda bulunacaktır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

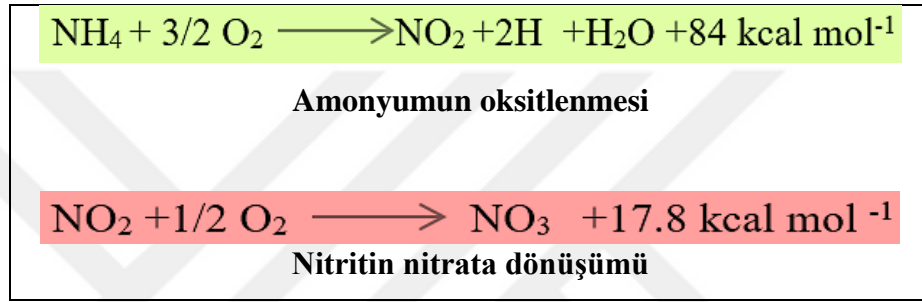
2.1 Kapalı Devre Yetiştiricilik Sistemi (RAS)

Dünya genelinde artan balık talebi ve kaynakların kısıtlı olması; entansif (yoğun) yetiştiriciliğin yaygınlaşmasına neden olmuştur. Kapalı devre yetiştiricilik sistemi (RAS) gibi yeni teknolojiler ile entansif su ürünleri yetiştiriciliğinin sürdürülebilirliği ve etkinliği geliştirilmiştir. RAS, temel olarak üretim suyunun sistem içinde geri dönerek tekrar kullanılması, deşarj suyunun çevresel etkilerinin azaltılması mantığına dayanır. Tüketilmemiş yem ve balık metabolitlerinden kaynaklanan organik maddelerin RAS içinde geri kazanılması mümkün olabilir. Nitrojen içeren organik moleküller heterotrofik bakteriler yoluyla amonyuma, amonyum ise nitrite ve o da biyolojik filtrelerdeki nitrifikasyon bakterileri tarafından nitrata dönüştürülür (Martins vd. 2013). RAS, 1950'lerden beri bilinen fakat son yıllarda ticari su ürünleri üretimindeki potansiyelinin fark edildiği bilinmektedir.

Su ürünleri kapalı devre yetiştiricilik sisteminde su ön arıtma işlemine (biyo-filtrasyon, oksijenasyon, sterilizasyon) tabi tutulur. Su, sürekli havalandırma yoluyla kültür tanklarına gönderilir. Sonra, su yem artıkları, dışkı ve sediment gibi büyük parçacıkları uzaklaştırmak için diğer mekanik filtrelere akar. Daha sonra, su, bir biyolojik filtre (biyofiltre) ve bir protein uzaklaştırıcıya akar. Biyofiltre amonyak gibi metabolik ürünlerin temizlenmesine yardımcı olur. Biyofiltreler silis kumu veya amonyak temizleyen bakteri (*Nitrosomonas*, *Nitrobacter*) içeren özel plastik halkalar içerirler (Anonymous 2016a). Su yetiştiricilik tankına alınmadan önce ozonlama yada ultraviyole (UV) lambası ile dezenfekte edilebilmektedir (Losordo vd. 1998, Qin vd. 2005, Summerfelt vd. 2009, Interdonato 2012).

Interdonato (2012)'a göre, RAS teknolojisi yüksek yoğunlukta balık yetiştiriciliğine uygun üretim şekli olarak tanımlanmaktadır. RAS, gelecekte deniz ve tatlısu balığı entansif yetiştiriciliğinde sürdürülebilir bir metod önerisidir. Yetiştiricilik sürecinde sisteminin çevre dostu yönetimi, işletimi, depolama ve atık ürünlerin sisteme geri dönüşümünü mümkün hale getirebildiğinden; bu sistem geleneksel yetiştiricilik

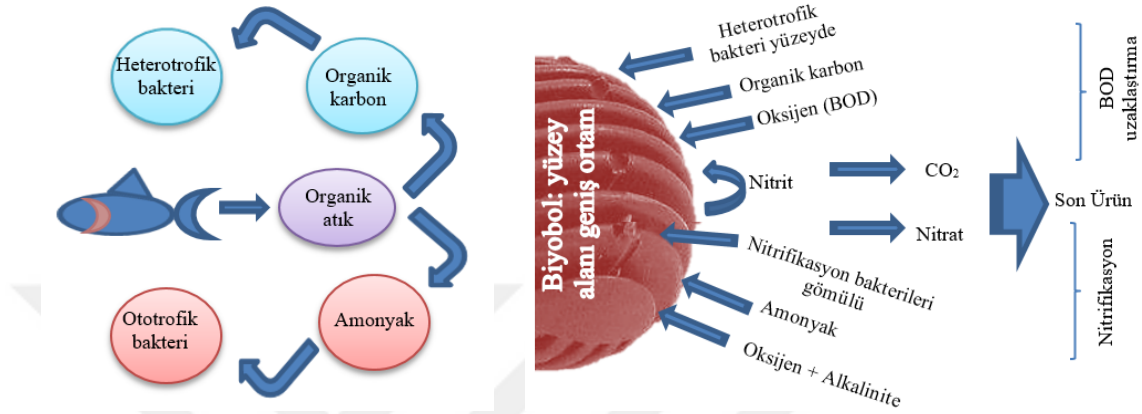
yöntemlerine alternatif olarak gelişmiştir. Ayrıca RAS ortamında heterotrofik ve ototrofik bakteri grubu olmak üzere iki ayrı bakteri grubu bulunmakta olup, bunlardan ilki tüketilen ya da tüketilmeyen yemden, ölü vücut kalıntıları ve dışkıdan kaynaklanan karbonhidrat, aminoasit ve yağları kullanan heterotrofik bakterilerdir. İkincisi ise demir, sülfür inorganik nitrojen bileşiklerinin oksidasyonundan enerji elde eden ve karbon kaynağı olarak da CO₂ kullanan ototrofik bakterilerdir (Sharrer vd. 2005; Sugita vd. 2005). Balıklar için oldukça toksik olan amonyumun daha az toksik olan nitrite, daha sonra da nitrata dönüşümü nitrifikasyon süreci olarak tanımlanabilir (Şekil 2.1).



Şekil 2.1 Nitrifikasyon süreci (Schuster ve Stelz 1998)

Interdonato (2012)'a göre organik maddeleri tüketen kemoototrofik bakteriler ile heterotrofik bakteri popülasyonları; RAS ortamındaki balıklarda hastalığa neden olan obligat (zorunlu) ve fakültatif (her ortamda üreyebilen) patojenlerin gelişimini azaltan dolayısıyla, zararlı bakterilerin üremesini önleyerek, iyi su kalitesi koşullarını sağlayan mikroorganizmalar olarak bilinmektedirler (Michaud vd. 2009, Attramadal 2011). Mikrobiyolojik çalışmalar; genel olarak balık patojenlerinin sebep olduğu hastalık etkeni ve buna karşı kullanılacak uygun ilacın belirlenmesi için yapılırken; yetiştiricilik sisteminde üreyen heterotrofik mikroflora çalışmaları ise yetiştiricilik koşullarında herhangi bir patojenin varlığını belirlemek için yapılır (Michaud vd. 2006). Balıklar tarafından üretilen ve organik karbon ve amonyum olarak iki katagoriye ayrılan çözülmüş atıklar; bakteriler tarafından enerji ve besin olarak kullanılmaktadır. Solunum için oksijeni kullanan heterotrof bakteriler enerji ve besin olarak organik karbonu kullandıkları için gereksinim duydukları oksijene “biyolojik oksijen ihtiyacı (BOD)”adı verilir. Hücre materyallerini üretmek için alkaliniteyi kullanan ikinci grup bakteri olan ototrofik bakterilerin enerji kaynağı amonyumdur ve bir grup bakteri tarafından önce

amonyum kadar yüksek toksiditeye sahip nitrite ve daha sonra başka bir grup bakteri tarafından balık için daha az toksik etkiye sahip stabil son ürün olan nitrata dönüştürüldüğü yukarıdaki bölümde ifade edilmişti. Bu noktada kapalı dolaşımli yetiştiricilik sisteminin avantajı şekil 2.2’de şematik olarak vurgulanmak istenmiştir.



Şekil 2.2 Su ortamdaki bakterilerin etkileri (solda), yüzeyde hızlı gelişen heterotroflar ve yavaş gelişen ise biyofilme gömülü ototroflar (Golz 1995’den değiştirilerek alınmıştır)

Mikroorganizmalar, hemen her yerde bulunan mikroskobik organizmalardır. Varlıkları sağlık, gıda, tarım, çevre önemlidir. Bakteriler tek hücreli canlılardır ve prokaryot olarak bilinmektedirler. Bakteriler deoksiribonükleik asit (DNA) ve ribonükleik asit (RNA) içermektedir. Bakteriler şekillerine, gram boyasına verdikleri tepkiye, beslenmelerine ve oksijen kullanımına göre sınıflandırılabilirler (Madigan vd. 2015).

2.2 Mikrobiyota Teşhisinde Kullanılan Moleküler Yöntemler

PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu); laboratuvarında spesifik DNA dizilerinin primer adı verilen sentetik oligonükleotid diziler yardımıyla çoğaltılması işlemi olarak tanımlanmaktadır. Bilindiği üzere Standart bir PCR Protokolü olmayıp ilgili bileşenler çoğaltılacak DNA bölgesinin özelliklerine göre değişim göstermektedir. Konvansiyonel PCR yönteminde; hedef DNA dizisinin her iki ucuna özgü spesifik primerler kullanılır. Bu işlemler denatürasyon, bağlanma ve uzama olmak üzere üç temel basamakta gerçekleştirilir. Standart PCR metoduyla DNA amplifikasyonunun yanısıra hedef

DNA'nın verimini artırmak için birbiri içine gömülmüş primer setlerinin kullanıldığı bir uygulama Nested PCR yöntemidir. Birçok sekansı eş zamanlı çoğaltmak amacıyla birden fazla primer çiftinin kullanıldığı yöntem ise Multiplex PCR uygulaması olarak bilinmektedir. Yeni nesil DNA dizileme (New Generation DNA Sequencing/High-throughput sequencing); Genom, transkriptom ve proteom ilişkisinin biyolojik olarak geniş kapsamlı araştırmalarının hızlı ve ucuz hale getirme çabaları kapsamında son zamanlarda oldukça yaygın hale gelen bir yöntemdir. Uzun DNA parçalarını dizilemek için kullanılan bir yöntem Shotgun tekniğidir. Zincir sonlandırma metodu olarak bilinen ve bir defada analizi yapılamayacak kadar uzun olan dizileri DNA'ları parçalara bölerek klonlayıp tek tek dizileyen yöntem ise Sanger metodu olarak bilinir. Sanger metodu genom sekansının belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmıştır. Bu metoda göre dNTPs (deoxynucleoside triphosphates) olarak adlandırılan dizilerin (dATP, dGTP, dTTP, dCTP) birbirine bağlanmasıyla DNA oluşmaktadır. 3'OH ucu içermeyen (ddNTP) dideoksinucleotid trifosfat ise DNA polimerazın zincir sonlandırıcısıdır. Yeni nesil sekanslama ile bitki, bakteri, maya, mantar, virüs gibi farklı organizmaların genomlarının ve bakteri yapay kromozomlarının çok hızlı ve daha doğru dizilenmesi mümkün olmaktadır. Bunlar; Illumina sequencing, Roch 454 Sequencing, Ion torrent, SOLID sequencing, BGISEQ, Oxford Nanopore MinION olarak örneklendirilebilir (Sanger vd. 1977, Querci vd. 2006, Üstek 2011).

Kalaycıoğlu (2013)'na göre moleküler biyoloji ve DNA sekans analizi sonucunda elde edilen nükleotid ve aminoasit sekans sonuçları uluslararası veri tabanlarındaki diğer verilerle karşılaştırılıp değerlendirilme yapılmasını mümkün kılmaktadır. Yapılan araştırma sonucu elde edilen verilerin bu sistemlere kaydedilmesi diğer araştırmacılar için veri tabanı niteliği taşımaktadır. INSDC (International Sequence Database Colloboration) çatısı altında işbirliği içinde çalışan üç veri tabanı bulunmaktadır. Bunlar; Amerika Birleşik Devletleri merkezli NCBI-GenBank, Amerikan Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi Gen Bankası, Avrupa orijinli EMBL Avrupa Moleküler Biyoloji Laboratuvarı ve Japonya merkezli DDJB Japonya veri tabanı olarak bilinmektedir. Bu veri tabanları günlük olarak çeşitli organizmalara ait dizilerin bilgilerini depolama ve organizasyon işlerini üstlenerek geniş çapta ulaşılabilir, karşılaştırma olanağı veren bir veri tabanı görevini yerine getirmektedir.

2.3 Balık Mikrobiyolojisi Üzerine Genel Değerlendirmeler

Bej vd. (1990)'e göre su kaynaklarının bakteriyolojik bakımdan güvenliğinin izlenmesi amacıyla indikatör olarak sudaki enterik patojenlerin ve fekal kontaminasyonun göstergesi olan koliform bakterilerin kullanılması gereklidir.

Novotny vd. (2004)'e göre yetiştiricilik havuzlarında kedi balıklarının (Ictaluridae) derilerine deneysel olarak yaralar açılmış ve bu yaraların neden olduğu port-antrelerden patojen *Edwardsiella tarda* bakterisinin girerek septik artrite neden olduğu bildirilmiştir (Ashford vd. 1998). İlginç bir biçimde aynı bakteri 1983 yılında Belçika'da iki aylık bir bebekteki akut diyare vakasından izole edilmiştir. Patojen etken *Edwardsiella tarda* için o dönemde olası bulaşma kaynağının evdeki akvaryumda bulunan tropikal balıklar olduğu iddia edilmiştir (Vandepitte 1983).

Austin (2006)'ya göre balık florasında bulunan mikrobiyal çeşitlilik özellikle moleküler tabanlı klasik kültür yönteminden bağımsız çalışmaların sayısındaki artışa bağlı olarak; geçmişten günümüze mevcut bilgi birikimimizi arttırmış olarak değerlendirilmektedir.. Bu çalışmalar neticesinde günümüzde balık sağlığı üzerine yeni ve çarpıcı bilgi ve bulgulara ulaşıldığı anlaşılmaktadır. Balık ile ilgili bakteriyel çeşitliliğin sayısı ve bu bakterilerin doğal olarak balık sağlığı açısından rolleri incelendiğinde birçok çalışmada balık patojenlerinin üzerinde yoğun olarak durulduğu görülürken bir kısmında ise patojen bakterilerin neredeyse tamamen göz ardı edildikleri izlenmektedir. Buna göre soğuksu hastalığı etkeni olan *Flavobacterium psychrophilum* sağlıklı Baltık salmonunun (*Salmo salar*) karaciğer, dalak, beyin, ovaryum sıvısı, döllenen yumurtaları ve sperm sıvısından izole edilmiştir. Bu anlamda mikrobiyal çeşitliliğin ortaya çıkartıldığı çalışmalar neticesinde asemptomatik taşıyıcı olma özelliklerinin de tartışmaya açıldığı yeni bir dönemde bulunduğumuz ifade edilmektedir. Bilindiği üzere balıklar sudan ve zeminden özellikle doğal veya doğala yakın dizayn edilmiş yetiştiricilik sistemlerinde sedimentten atık ve dışkı kaynaklı sürekli mikroorganizma varlığına maruz kalmaktadırlar. Anılan mikroorganizmalar kuşkusuz ki deri ve türevlerinin yüzeysel mikroflorasına katılmaktadırlar. Benzer bir biçimde sindirim kanalına su ve besinlerle dâhil olan mikroorganizmalar da bulunmaktadır. Bu

mikroorganizmaların bazılarının yumurta zarı üzerinde veya larval evrede kolonize olarak balığın gelişim evreleri süresince kaldıkları da bilinmektedir (Olafsen 2001). Bazı çalışmalar ile mikrofloranın manüple edilebileceği bu sayede balığın sağlıklı gelişim gösterebileceği üzerinde durulmaktadır. Mikroflora manüplasyonunda sindirilmeyen besin maddeleri gibi davranan prebiyotik ve canlı, yararlı mikroorganizma kültürleri olan probiyotiklerden yararlanılabilmektedir (Burr vd. 2005). Patojen mikroorganizmalar balıkta fiziksel hasarın bulunduğu açıklıklardan (portantre) giriş yapabilir veya bu alanlarda koloni oluşturabilirler. Benzer bir biçimde yetiştiricilik ortamında patojen olmayan mikroorganizmalar da hemen hemen ortamdaki tüm balık bireylerinin sindirim kanalında kolonizasyon gösterebilirler. Balık mikrobiyolojisi çalışmalarının altı temel prensip üzerinde yoğunlaşmıştır. Bunlardan ilki yüzey (deri ve solungaçlar) mikrobiyolojisi, ikincisi sindirim kanalı mikrobiyal popülasyonu (mevcut trendler çerçevesinde modern moleküler tabanlı kültürden bağımsız teknikler), üçüncüsü kasta ve içorganlarda olası mikroorganizma varlığı, dördüncüsü balık yumurtası mikroflorası, beşincisi derinsu balıkları mikroorganizma varlığı ve altıncısı ise balık besinlerindeki mikroorganizma popülasyonları üzerine gerçekleştirilmektedir. Literatürün yukarıda sayılan temel prensiplerden en az biri ve birkaçı üzerine yoğunlaştığı da bu çerçevede ifade edilmektedir. Balıklardan ya da su ortamından balıklara, diğer hayvanlara ve insana bulaşan patojenler beslenme alışkanlıklarına, bağışıklık sistemine, bireysel özelliklere, mevsime ve çevreye bağlı olarak enfeksiyonlara neden olabilirler. Bu bakteriler sıklıkla balıklarda herhangi bir hastalık belirtisi görülmesizin de bulunabilirler. Uygun koşullarda (konak direncinin düşmesi ve su kalitesinin bozulması) patojenik etkilerini gösterebilirler. Balıktan ya da su ortamından insana bulaşabilen ve patojenik etki gösteren çok sayıda bakteri mevcuttur. Yetiştiricilik ortamı ve yetiştirilen türün aşağıda sıralanan bakteriyel etkenler yönünden incelenmesinin faydalı olacağı yatsınamaz bir gerçektir. Bunlar; *Mycobacterium* spp., *Streptococcus iniae*, *Photobacterium damsela*, *Vibrio alginolyticus*, *V. vulnificus*, *V. parahaemolyticus*, *V. cholerae*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Escherichia coli*, *Aeromonas* spp., *Salmonella* spp., *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes*, *Clostridium botulinum*, *C. perfringens*, *Campylobacter jejuni*, *Delftia acidovorans*, *Edwardsiella tarda*, *Legionella pneumophila*, ve *Plesiomonas shigelloides* olarak sayılabilirler. Bu bakteriyel etkenler doğadan avcılık yolu ile elde edilen su ürünlerinin

gıda güvenliği yönünden incelenmesi anlamlı olacaktır. Anılan bakteriler aynı zamanda bakteriyel bozulmaya neden olabilecek nitelik taşıyabilecek olduklarından raf ömrünü etkilemeleri de muhtemeldir. Canlı balıklardan bulaşan patojen bakteriler; *Mycobacterium* spp., *Streptococcus iniae*, *Photobacterium damsela*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio vulnificus*, *Erysipelothrix rhusiopathiae* ile balık ve balık ürünlerinde bulunan gıda kaynaklı bakteriler; *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae*, *Escherichia coli*, *Aeromonas* spp., *Salmonellosis*, *Staphylococcus aureus*, *Listeria monocytogenes*, *Clostridium botulinum*, *Clostridium perfringens*, *Campylobacter jejuni* olup diğer bunlarla ilişkili bakteriler ise; *Delftia acidovorans*, *Edwardsiella tarda*, *Legionella pneumophila*, *Plesiomonas shigelloides*, *Shigella* spp. olarak sınıflandırılmaktadır (Novotny vd. 2004).

Karaduman ve Erdem (2008), balıkların yaşamını sürdürebilmesi için solunum yaptığı, besinini aldığı, dışkısını bıraktığı su ortamının kalitesinin hayatta kalma ve gelişimi etkilemesi yönünden oldukça önemli olduğunu su kalitesindeki bozulmaların bakteriyel enfeksiyon ihtimalini artırdığını ifade etmiştir. Klasik yöntemlerle yapılan çalışmalarda bakteriyel floranın sucul organizmaların sindirim kanalı, deri ve solungaçlarda geliştiği, balığın yaşadığı ortama, türe ve gelişim evresine bağlı olarak değişebileceği belirtilmektedir. Tatlısu balıklarının sindirim kanalında özellikle tatlı sularda geniş bir dağılım gösteren *Aeromonas* sp. ve Enterobacteriaceae familyası üyeleri bulunurken, *Actinobacter*, *Flavobacterium*, *Micrococcus*, *Moraxella* ve *Pseudomonas* gibi diğer bakteri genuslarının su ve yem kaynaklı olduğu belirtilmektedir. Koliform bakterilerin *Clarias gariepinus* gibi predatör balıklarlarda *O. niloticus* gibi omnivor balıklara kıyasla daha fazla görüldüğü bildirilmiştir. Yetiştiriciliği yapılan canlıların ve yetiştiricilik yapılan havuzun ve su ortamının mikroorganizma analizi sağlık koşullarının anlaşılması bakımından önemlidir. Su kaynakları farklı iki yetiştirme istasyonunda bazı bakteri türlerinin *Clarias gariepinus* ve *Cyprinus carpio*'nun deri ve solungaçlarındaki dağılımı" başlıklı çalışmada Karataş ve Silifke ilçelerinde bulunan drenaj ve yeraltı sularını kaynak olarak kullanan yetiştiricilik havuzlarında üretimi yapılan sazan ve karabalık solungaç, deri ve sudan alınan örneklerde MacConkey agar kullanılarak üretilmiş bakteriler petri sayım agarı (PCA) ile sayılarak kantitatif olarak belirlendiği bildirilmiştir. *Aeromonas sobria*, *Enterobacter cloacea*, *Citrobacter youngae* türlerinin

iki istasyon bakterileri karşılaştırıldığında *C. youngae* dışında önemli bir farklılık göstermediği, bunun da beslenme şekli ve su kaynaklarının farklı olmasıyla açıklanabileceği ifade edilmiştir.

Martins vd. (2013), kalkan (*Scophthalmus maximus*) ve dil balığı (*Solea senegalensis*) RAS ortamında yaptıkları çalışmada mikroorganizmaların yetiştiricilik sisteminde önemli rol oynadığı ve daha önce yapılan birçok çalışmada da özellikle sistemin bakteri topluluğuna dikkat çekildiğini ifade etmişlerdir. Bununla beraber; RAS ortamında yapılacak intensif yetiştiricilikte RAS'a ait farklı komponentlerde bakteri topluluğunun kompozisyonu ve çeşitliliği konusunda bilgi eksikliği olduğunu ifade etmişlerdir. Bu mikrobiyal toplulukların detaylı olarak incelenmesinin bize RAS ortamının mikroflora standardının bioform standardının kapsamlı olarak tanımlanmasına izin veren kalite ve miktar çıktıları sağlayarak üretim sistemlerinin mikrobiyal kalitesini anlayıp kontrol etme ve hastalık salgınlarına ilişkin riskleri azaltma yeteneğimiz geliştirebilecektir. Geleneksel (konvensiyonel) mikrobiyal teknikler temelde kültür bazlı uygulamalar olup seroloji ve histoloji gibi teknikler de su ürünleri yetiştiriciliğinde patojenlerin tespiti için kullanılmaktadır. Bu klasik teknikler hem zaman almakta hem de ciddi bir tecrübe ve işçilik gerektirmektedir. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ve gerçek zamanlı PCR (RT-PCR) gibi moleküler tekniklerin gelişmesi; araştırmacılara anılan bu zorlukların üstesinden gelmek için iyi bir olanak sağlamıştır. Fakat bu tekniklerle beklenmedik mikroorganizmaların tespit edilmesinin zor olduğu ileri sürülmektedir. Bu gereğe ile alternatif olarak mikrobiyal toplulukların moleküler parmak izi analizi (PCR-denature edici gradient jel elektroforez: PCR-DGGE) konusunda çalışmaların yoğunluk kazandığı bilgisi de mevcuttur. Bu noktada genel olarak parmak izi tekniklerinin uygun fiyatlı, hızlı ve çok sayıda örnek tipi ile farklı mikrobiyal toplulukların karakterizasyonuna imkân vermesi bakımından balık çiftliklerinde mikrobiyal toplulukların izlenmesinde kolaylıkla kullanılabileceği ifade edilmektedir. Bu uygulamalar farklı taksonomik seviyelerdeki (gruba özgü PCR-DGGE: farklı âlem, filum, sınıf, takım, aile, cins ve tür) mikroorganizmaların çeşitliliği hakkında önemli ölçüde bilgi verebilir.

Tang vd. (2014)'e göre metagenomik tekniklerin son zamanlarda gelişim göstermesi ile su ürünleri yetiştiriciliğinde bakteriyel toplulukların klasik kültür yönteminden bağımsız “genetik parmak izi” tespiti mümkün olmuştur (Metzker 2010). Dünyanın pek çok yerindeki yetiştiricilik sistemlerinin bakteriyel yapısı DGGE tekniği ile araştırılmakta olup örneğin Avustralya’da tropikal kaya istakozu; *Panulirus ornatus* (Payne 2007), Amerika Bieleşik Devletleri’nde Pasifik beyaz karidesi; *Litopenaeus vannamei* (Johnson vd. 2008), Tayland’da Asya kaplan karidesi; *Penaeus monodon* (Sakami vd. 2008), Norveç’de Atlantik kod balığı; *Gadus morhua* (Van der Meeren vd. 2011), Çin’de ot sazı; *Ctenopharyngodon idella* (Zhang vd. 2013), Güney Çin’de yetiştirilen karidesler; *Litopenaeus vannamei* ve *Penaeus orientalis* ile abalon; *Haliotis diversicolor* ve kaybalığı; *Epinephelus diacanthus* (Zeng vd. 2010) yetiştiriciliği üzerine yapılan mikroorganizma tespiti çalışmalarında; mevsim, su akış hızı ve havalandırma ile bakteri popülasyonu arasında önemli bir bağlantı olduğu bildirilmektedir. Gelişen sekans teknikleri ile okyanus, açık deniz, nehir, kaynak suları, içme suyu, atık sular gibi farklı su ortamlarının filogenetik yapısı da araştırılma imkânı bulunmuştur (Han vd. 2014).

Tan (2014)'e göre RAS ortamındaki bakterileri tespit etmek için pek çok yöntem vardır. Bakteri topluluklarını tanımlamak için bakteri kültürüne dayanan yöntemler kullanılabileceği gibi son yıllarda çok daha fazla tercih edilen moleküler metodlar da kullanılmaktadır (Kemp ve Aller2004). Akuatik bakteri çeşitliliği sudaki doğal bakteri çeşitliliğine, kullanılan canlı yemlere, kültür şartlarına göre değişim gösterir (Hahn 2006). RAS ortamında balık yetiştiriciliği metodları incelendiğinde genelde ticari sistemlerde yaygın olarak α -*Proteobacteria* ve β -*Proteobacteria* gibi heterotrofik bakteriler, nitrifikasyon bakterileri, patojenler, fakültatif (fırsatçı) bakteriler, probiyotikler identifiye edilebilmektedir (Blancheton 2013). Ayrıca RAS ortamında bakterilerin varlığının sadece yem ve kültür tekniklerine bağlı olmadığını burada çevresel faktörlerinde önemli rol oynadığı ifade edilmiştir. Tan (2014) tarafından yürütülen çalışmada, bakterilerin tamamının ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi (NCBI) tarafından konfirme edilemediğini ancak SILVA veri tabanının bunları (özellikle de kültürü yapılamayanları) tür seviyesinde genel olarak eşleştirebildiğini bildirmiştir. Yetiştiricilik sistemlerinden alınan bütün örneklerin taksonomik analizinde; tanımlanan bakterilerin moleküler sistem veri tabanları ile örtüşmekte olduğunu, canlı yem kaynağı

olarak su piresi (*Moina* sp.) üretilen ortamlardan ve balık yetiştiriciliği yapılan ortamlardan alınan örneklerde; kaynağının dış çevre olduğu belirlenen toprak bakterilerinin izole edildiği ifade etmiştir. Bunların kültürlerinin yapılmasının zor olduğu belirtilerek, ancak moleküler yöntemlerle belirlenebildiğini kayıt etmiştir. Su kaynağı dikkate alındığında yeraltısuyu ve *Moina* kültür suyunda siyanobakterilerin bulunmasının normal karşılanması gerektiğini kayıt etmiştir. Tespit ettiği bakterilerin α -*Proteobacteria*, β -*Proteobacteria*, γ -*Proteobacteria* ve δ -*Proteobacteria* olduğunu, diğerlerinin ise *Actinobacteria*, *Armatimonadetes*, *Bacteroidetes* filumuna ait olduğunu, *Armatimonadetes*, *Chloroflexi*, *Cyanobacteria*, *Fibrobacteres*, *Firmicutes*, *Planctomycetes*, *Spirochates* ve *Verrumicrobia* gibi grupların da aday bölüm oluşturacak grup içinde (OP10) sınıflandırabildiğini ifade etmiştir. Çalışmasında balıklarda hastalığa neden olan fırsatçı bakteri varlığına dair bir veri elde edilemediğini, yine de kültür süresince önleyici tedbirler ile olası sağlık koşullarından uzaklaşma yaratacak durumlardan kaçınılması gerektiğini bildirmiştir.

Kristensen (2015)'e göre insan ve hayvanların vücutlarının içinde ve dışında simbiyotik şekilde yaşayan bakteriler patojenik etkiye sahip olsun olmasın konağın yaşamını sürdürmesi için önemli rol oynamaları nedeniyle çok geniş çaplı bilimsel çalışmalara konu olmaktadır. Sindirim sisteminde yer alan bakterilerin besinin parçalanmasını ve kan dolaşımına aktarılmasında faydalı etkiler göstermeleri nedeniyle hayati bir değer taşıdıkları bilinmektedir (Ray vd. 2012).

Estruch vd. (2015), günlük diyetin mikrobiota kompozisyonu üzerine etkilerini göstermek üzere bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışmalarında alternatif yem kaynağı arayışları kapsamında çipuranın bitkisel kökenli hammaddelerle beslendiğinde sindirim kanalı bakteri kompozisyonunun değişimini moleküler yöntem kullanılarak (high through put sekans analizi) belirlemişlerdir. Kapalı devre yetiştiricilik sistemindeki (RAS) suyun dominant mikrobiyal kompozisyonunun balığın gastrointestinal içeriğinin mikrobiyal kompozisyonundan tamamen farklı olduğunu bildirmişlerdir. RAS ortamındaki mikrobiyal komünite; yem tipine, beslenme programına, sistemin düzenlenme şekline, sistemin günlük yönetim düzenine, sistem su parametrelerine, yemleme ekipmanına, balık türünün kendine özgü bakteri kompozisyonuna ve

ziyaretçilerin kontamasyonu gibi etkenlere baęlı olarak deęişkenlik gösterebilir (Sharrer 2005; Sugita vd. 2005; Schreier vd. 2010; Attramadal vd. 2012). Ayrıca numune alma ve analiz metodunun da bakterilerin varlığının belirlenmesi ve oranını önemli ölçüde etkileyebileceęi bu anlamda sistemler arasındaki farklılıkların realistik olarak ortaya konulmasının zorluklarının dikkate alınması gerektięi de birçok arařtırmacı tarafından ifade edilmiřtir (Biesbroek 2012, Blancheton 2013, Carda-Diéquez vd. 2014)

Badiola vd. (2015), sürekli olarak büyüme ve gelişme gösteren su ürünleri endüstrisinde ekonomiklik, çevre duyarlılığı ve sosyal sürdürülebilirlik konularının bir kalite göstergesi olduğunu ifade etmişlerdir. Geleneksel yöntemlere kıyasla kapalı sirkülasyonlu sistemlerde (RAS) atıksu deęarj miktarı ile dezenfektan ve dięer kimyasalların kullanım miktarının az olmasının, üretimi yapılan balıkların ve dięer su ürünlerinin ve olası patojenlerin doğal su kaynaklarına karışmasının mümkün olmaması bakımından çevre dostu bir üretim yöntemi olarak önerildięi ifade edilmiştir.

Ramírez-Castillo (2015), dünya çapında su kaynaklı patojenler ve hastalıklara ilişkin olarak hastalığı önleme ve tedavi işlemleri için oldukça fazla çaba harcandığını buna rağmen su kaynaklı salgınların günümüzde rapor edildiğini; sudaki patojen varlığının değerlendirilmesine ilişkin en uygun yöntemin seçilmesi ve su kalitesinin sürekli olarak izlenmesinin gerekli olduğunu belirtmiştir. Sudaki patojen varlığının göstergesi olarak hem kültür hem de moleküler metodlar kullanılarak *Escherichia coli* gibi indikatörler kullanılsa da virüs ya da protozoa ile kontamine olmuş bir suyun patojensiz olarak tanımlanmasının mümkün olmadığına ilişkin yorum yapmıştır (McLellan ve Eren 2014).

Chitmanat vd. (2015), sucul mikroorganizmaların su kalitesi ile birlikte balığın fizyolojik durumunu, sağlığını hatta hasat sonrası kalitesini bile etkileyebildiğini ifade etmişlerdir (Al-Harbi ve Uddin, 2005). Ayrıca balık ve bitkinin beraberce üretildięi akuaponik sistemlerinde balıkların atıklarından kaynaklı toksik bileşenlerin bakteriler tarafından parçalanarak bitkilerin kullanacağı besin maddelerine dönüřtürüldüğüne bazı bakterilerin bu mekanizma ile ilişkisinin arařtırılması hatta balık hasatlıklarına neden olabilecek bakterilerin bu gibi yetiřtiricilik sistemlerinde tespit edilmesinin önemli

olduğunu vurgulamışlardır. Tatlısu akuaponik sistemlerinde bu bakterilerin belirtilen özellikler bakımından araştırılmasının sonucunda farklı stok yoğunluğunda Afrika kedi balığı ile marul yetiştirilen ve marul yetiştirilmeyen akuaponik sistemlerin bakteriyel yükünün Tryptic Soy Agar (TSA) besi yerinde, 28 °C’de 24-36 saat inkübasyonun akabinde koloni sayım yöntemi kullanarak, ticari DNA izolasyonu (Wizard®Genomik DNA Pürifikasyon kiti Promega, USA) ile DNA ekstraksiyonunu takiben PCR-amplifiye 16S rDNA bakteri fragmantlarının bantları elde etmişler ve bakterilerin ilgili filogenetik ağacını elde ettiklerini bildirmişlerdir. Ayrıca kimyasal testler ve AQPI 20 E strip kit ile yaptıkları tanımlamada *Aeromonas hydrophila*, *Pseudomonas fluorescens*, *Plesiomonas shigelloides*, *Escherichia coli*, *Acinetobacter baumannii*, *Salmonella* sp., *Staphylococcus* sp., *Micrococcus* sp. ve tanımlanamayan bakterilerin bulunduğunu rapor etmişlerdir. Çalışmalarında TSA besi yerinde kültürü yapılamayan bakterilerin varlığından da söz etmişler, dört farklı balık bulunan tankdan rastgele aldıkları su örnekleri için DGGE yöntemi ile bakteri kompozisyonlarını araştırmışlar ve bu noktada dört farklı örneğin 16S rDNA fragmantlarında bir miktar farklılık tespit edildiğini ancak bu farklı örneklerin benzer pozisyonlarda bantlaşma gösterdiğini, muhtemel bakterilere ilişkin filogeninin *Pseudomonas* spp., *Staphylococcus* spp. ve *Aeromonas* spp. olarak dallandığını kayıt etmişlerdir.

Sha vd. (2016)’ne göre konak ile bağırsağındaki bakteriler arasındaki etkileşim canlının sağlığının sürekliliği ve iyileştirilmesi için önemlidir.

Lamiaa vd. (2016), su ürünleri endüstrisinde bakteriyel balık hastalıklarıyla mücadele kapsamında PCR kullanımının teşhis ve tanımlamada geçerli bir teknik olarak tanınmasında Akdeniz ülkeleri arasında Mısır’ın ilk sırada olduğu bildirilmiştir. Araştırmacılar, çalışmada 121 adet hasta ve sağlıklı Nil tilapyası (*Oreochromis niloticus*) ve karabalık (*Clarias gariepinus*) ile çalışmış, karabalıktan en çok elde edilen bakteri türlerinin *Pseudomonas flourescens* ve *Proteus vulgaris* olduğunu, bunların yanında *Vibrio fluvialis*, *Pseudomonas flourescens* ve *Aeromonas hydrophila* türlerinin de başarılı bir şekilde ayrımı ve tanımlamasının yapıldığı bildirilmiştir.

Anonymous (2016b)'a göre dünyanın birçok yerinde olduğu gibi Amerika'da da salgınlara neden olduğu bilinen su kaynaklı hastalık ve patojenlerin tespiti için yoğun mücadele yürütüldüğü bilindiğinden; özellikle artım sonrası yeniden kullanılan sular için insan, hayvan ve bitki sağlığı açısından eDNA testi ile patojenlerin arandığı çalışmalar listelenmiştir. Buna göre çok sayıda su kaynaklı bakteri, protozoa, helmint ve virüsün sudaki çevresel DNA metodlarına göre tespit edilmesinin hızlı ve güvenilir olması bakımından tavsiye edildiği anlaşılmaktadır. Örneğin sadece tek bir hedef patojenin tespiti için temel PCR kullanılabilirken next generation DNA sekans ve micro-array gibi kapsamlı yöntemlerin kullanılması ile daha çok organizmanın eDNA yoluyla tespit edilmesinin mümkün olduğunun literatürden anlaşıldığı belirtilmiştir. Bu yöntemin avantajları yanında dezavantajların da bulunduğunu başka bir ifade ile numunelerde eDNA tespitini etkileyen sıcaklık, güneş ışığı (UV), tuzluluk, biyotik faktörler ile kimyasalların inhibe edici etkisinin göz önünde bulundurulması gerektiği belirtilmektedir.

Akinyemi vd. (2016)'a göre Yewa Nehri (Nijerya)'nden avlanan *Clarias gariepinus* solungaç, deri ve bağırsaklarından bakteri izolatu elde etmek için aldıkları numuneleri Solidifiye nutrient agar ve MacConkey agar kullanarak bakterileri kültürü elde ettiklerini sonra DNA ekstraksiyonu ile 16S rRNA primerleri kullanarak PCR amplifikasyonunun yapıldığını ifade etmişlerdir. Bu yöntem kullanılarak, solungaç, deri ve bağırsak örneklerinden *Comamonas* sp. (% 25), *Proteus* sp. (% 15), *Delftia tsuruhatensis* (% 5), *Stenotrofomonas maltophilia* (% 5), *Pseudomonas* sp. (% 5), *Morganella morgani* (%5), *Candidatus nitrosoarchaeum* (% 5), *Aeromonas hydrophila* (% 5) identifikasyonunun yapıldığını kayıt etmişlerdir.

Purty ve Cahtterjee (2016), derlemelerinde; klasik taksonomik çalışmaların DNA barkodlama gibi moleküler tekniklerle hızlandırıldığı ve doğruluğunun birçok veri kaynağı ve bankasından teyit edilebildiği bu sayede dünyamızın organizmalarına ilişkin populasyon göstergeleri ve biyoçeşitliliğin ortaya çıkartılmasında önemli bir yol katetmemizi sağlayacak yeni bir sürece girildiğini ifade etmişlerdir. DNA barkodunun genomda bir veya az sayıda kısa gen sekanslarını bulunduran türün tanımlanmasında yeterli olacak eşsiz bir bölge olduğunu belirtmişlerdir. DNA barkodunun hayvan (COI),

bitki (matK, rbcL, psbA-trnH, ITS), bakteri (COI, rpoB, 16S, cpn60, tuf, RIF, gnd), fungi (ITS, RPB1, RPB2, 18S), virüs (henüz DNA ve RNA üzerine çalışmalar devam etmektedir), ve protistalar (ITS, COI, rbcL, 18S, 28S) için kullanılabilir ayırıcı özelliklerini ve avantajlarını açıklamışlardır. Bunun yanında birtakım özel durumları belirterek; DNA barkodunun tür tanımlamada bazen türler arası, tür içi genetik varyasyonlardan ve hibridizasyondan kaynaklanan problemlerden dolayı sınırlandığı özel durumlara da değinmişlerdir.



3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Su ve Balık Materyali

Su ve balık materyali, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Araştırma ve Uygulama Ünitesi'nde faaliyet gösteren karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliğinin yürütüldüğü kapalı devre su sirkülasyonlu yetiştiricilik sistemlerinden (RAS) temin edilmiştir (Çizelge 3.1).

RAS1: 22 adet 50 L kapasiteli araştırma tankı, iki adet 300 L hacimli depo tankı ve bir adet 1000 L hacimli denge tankından oluşmaktadır. Bu sistemde 2700 L su sirküle olmaktadır. Balıkların ortalama canlı ağırlıkları 20 ± 2 g olarak ölçülmüştür. Deneme tanklarında stok miktarı 20 adet karabalık/tank düzeyindeydi. Toplam biyokütle ise (440 adet balık) 8,800 gram olarak bulunmuştur.

RAS2: 12 adet 200 L kapasiteli araştırma tankı ve bir adet 800 L hacimli denge tankından oluşmaktadır. Bu sistemde 2960 L su sirküle olmaktadır. Balıkların ortalama canlı ağırlıkları 30 ± 4 g olarak ölçülmüştür. Deneme tanklarında stok miktarı 45 adet karabalık/tank düzeyindeydi. Toplam biyokütle ise (576 adet balık) 17,280 gram olarak bulunmuştur.

Çizelge 3.1 Numune alma tarihinde sistem suyunun özellikleri

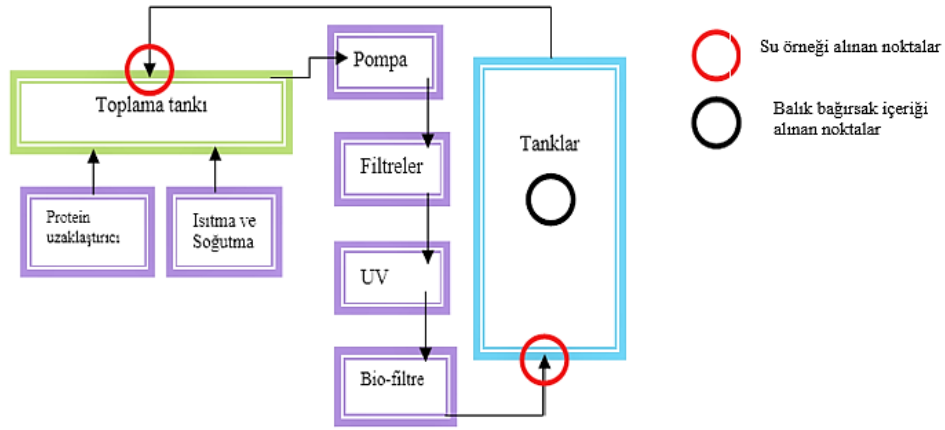
RAS1*	Saturasyon %	O₂ ppm	T °C
Giriş Suyu	107±1,41	9,35±0,07	22,75±0,21
Çıkış Suyu	138±0,00	11,9±0,28	22,25±0,35
RAS2**	Saturasyon %	O₂ ppm	T °C
Giriş Suyu	94±2,83	8,0±0,14	23,3±0,99
Çıkış Suyu	79,5±3,54	6,75±1,03	23,5±0,14

*RAS1: Kartuş filtre (50-100m), UV filtre, biyolojik filtreli sistem

**RAS2: Sünger filtre

3.2 Örnek Alma İşlemi ve Düzeni

12 adet balık örneği alınarak bağırsak içeriği mikrobiyolojik analiz uygulanmıştır. Bu uygulama için iki ayrı RAS ortamından altışar balık dışkı örneği ikili olarak birleştirilerek analiz edilmiştir. Bir başka ifade ile RAS 1'den alınan toplam altı adet balık örneğinden çıkartılan dışkıları ilk üç balık için RAS 1 birinci örnek (RAS1 I. örnek), ikinci üç balık için ise RAS 1 ikinci örnek (RAS1 II. örnek) olarak isimlendirilmiştir. Diğer RAS sistemi ise RAS 2 olarak isimlendirilmiş, bu sistemden de 6 balığa ait dışkı örnekleri üçerli olarak gruplandırılarak RAS2 I. örnek ve RAS2 II. örnek adı ile analize alınmışlardır. Her iki RAS'dan da alınan altışar balık anestezi altında (hafif anestezi: 5 mg/L karanfil yağı) ventral bölgeye uygulanan bir miktar baskı ile anüsten dışkı çıkışı gerçekleştirilmiştir. Bu içerik hızlı bir biçimde DNA guard içerisine alınmış bu sayede moleküler analiz için saklamaya uygun bir preparat haline getirilmiştir (Şekil 3.1 - 3.2). RAS1 ve RAS2 giriş ve çıkış sularından sterivex filtrasyon ile 1 litre sudan filtratlar elde edilmiş ve aynı şekilde DNA guard içerisine alınmıştır. Su örneklerinden her sistem için sadece birer numune alınmıştır.



Şekil 3.1 Sistemdeki su ve balık örneklerinin alındığı noktalar



Şekil 3.2 Tanklardan su numunesi alımı

Bu tez çalışması ile Austin (2006) tarafından önerilen balıkların bakteriyel mikrofloralarının tesbitinde son yıllarda yaygın ve güvenilir bir biçimde uygulanan “sindirim kanalı mikrobiyal popülasyonunun modern moleküler tabanlı ve kültürden bağımsız teknikler kullanılarak; ülkemizde ilk kez kapalı sistemlerde yetiştirilen karabalık kapalı devre yetiştiricilik suları ve sindirim kanalı içerikleri mikroorganizma çeşitliliklerinin karşılaştırılması gerçekleştirilmiştir. Konvansiyonel yöntemin uluslararası literatürde güven aralığı sınırları bakımından moleküler yöntemler ile yer değiştirmeye başladığı noktadan hareketle mikroorganizmalar çalışmamızda moleküler karakteristik özelliklerine göre tanımlanmışlardır. Bu çalışmada; karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliğinin yürütüldüğü iki farklı kapalı devre su sirkülasyonlu yetiştiricilik sisteminden (RAS 1: Kartuş filtre (50-100m), UV filtre, biyolojik filtreli sistem ve RAS 2: Sünger filtre) alınan balık bağırsak içerikleri ve su örnekleri aşağıda verilen Klindworth vd. (2013)’e göre ilgili moleküler yöntem kullanılarak analiz edilmiştir.

3.3 DNA İzolasyonu

İzolasyon için ticari kit olan Qiagen DNeasy Blood & Tissue Kit kullanılmıştır. Örnekler için modifiye edilmiş protokol (Spens vd. 2017) referans alınarak protokol optimizasyon işlemi yapılan ön denemelerle optimize edilmiştir. Örnekler 2 ml’lik boş bir tüpe aktarılmıştır. Çözeltiler, 6000xg (8000 rpm)’de 30-45 dakika arası santrifüjlenerek sıvı faz dökülür ve katı çökelti kurumaya bırakılmıştır. Her örnek için

180 µL ATL tamponu ve 20 µL proteinase K karışımı hazırlanmıştır. Hazırlanan 200 µL lizis karışımı çökeltiye eklenerek 15 saniye vortekslenmiştir. Örnekler döner halde, 56 °C'de 24 saat inkübe edilmiştir. Örnekler 15 saniye vortekslenmiştir. Şırınga yardımı ile kapsül içerisindeki bütün sıvı giriş kısmından çekilerek hacmi ölçülüp ve 5 ml'lik tüplere aktarılmıştır. Örnekler birkaç saniye vortekslenmiştir. Örnekle aynı hacimde %99'luk soğuk etanol ve AL tamponu eklenmiştir. Örnekler güçlü bir şekilde çalkalanmıştır. Bir defada en fazla 650 µL alınarak, 2 ml'lik DNeasy Mini Spin Column'lara aktarılmıştır. 4 °C ve 6000xg (8000 rpm)'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. Sıvı kısım atılmıştır. Protokoldeki 10-12. basamaklar bütün hacim filtrelenene kadar tekrarlanmıştır. DNeasy spin column 2 ml'lik yeni tüplere aktarılarak, üzerine 500 µL AW1 tamponu eklenmiş ve 6000xg (8000 rpm)'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. DNeasy spin column 2 ml'lik yeni tüplere aktarılarak, üzerine 500 µL AW2 tamponu eklenmiş ve 20000xg (14000 rpm)'de 3 dakika santrifüjlenerek membranın kuruması sağlanmıştır. Ardından spin column'lar yeni tüplere aktarılarak 17000 g (13000 rpm)'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. Spin column'lar 1.5 veya 2 ml'lik yeni tüplere aktarılmıştır. Tüplerin üzerlerine 50 µl AE tamponu eklenir. Spin column'lar oda sıcaklığında 10 dakika inkübe edilmiştir. Örnekler 6000xg (8000 rpm)'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. Spin column atılmıştır. DNA temiz tüplere aktarılarak -20 °C'de saklanmıştır.

3.4 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

DNA izolasyonu yapılan örnekler bakteriler için evrensel metabarkodlama primerleri olan ILL 16SV3F CCTACGGGNGGCWGCAG ve ILL 16SV3R GACTACHVGGGTATCTAATCC primerleri kullanılmıştır (Klindworth vd. 2013).

3.5 DNA Kütüphanesinin Hazırlanması

DNA Kütüphanesi aşağıda protokolü verilen ikili-PCR metodu ile hazırlanmıştır (Miya vd. 2015, Bourlat vd. 2016; Illumina 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation protocol). Reaksiyon karışımı, örnek başına 12.5 ul KAPA HiFi HotStart ReadyMix (2X), 5 ul (1uM) ileri ve geri primerler ve 2.5 ul DNA içermektedir.

- İlk denatürasyon: 95 °C, 3 dakika
- Denatürasyon: 95 °C, 30 saniye (x25)
- Eşleşme: 55 °C, 30 saniye (x25)
- Sentez: 72 °C, 30 saniye (x25)
- Son sentez: 72 °C, 5 dakika

3.6 PCR Ürünü Pürifikasyonu

PCR ürünlerinin pürifikasyonunda AMPure XP (Agencourt) kiti ve üretici tarafından önerilen protokol kullanılmıştır.

3.7 İndeks PCR

Örnek başına 5 ul PCR ürününe, 25 ul KAPA HiFi HotStart ReadyMix (2X), 5'er ul İndeks 1 ve İndeks 2 primeri ve 10 ul PCR-grade su eklenerek aşağıda verilen koşullarla PCR gerçekleştirilmiştir. Buna göre;

- İlk denatürasyon: 95°C, 3 dakika
- Denatürasyon: 95°C, 30 saniye (x8)
- Eşleşme: 55°C, 30 saniye (x8)
- Sentez: 72°C, 30 saniye (x8)
- Son sentez: 72°C, 5 dakika

3.8 Biyoinformatik Analizler

Miya vd. (2015) tarafından geliştirilen ve paylaşılan biyoinformatik iş akışı, primerler ayarları ve eşik değerleri modifiye edilerek kullanılmıştır. Gerekli betikler “<http://dx.doi.org/10.5061/dryad.n245j>” adresinden sağlanmıştır. İş akışında ayrıca “FastQC”, “FLASH” ve “NCBI BLAST” programları kullanılmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

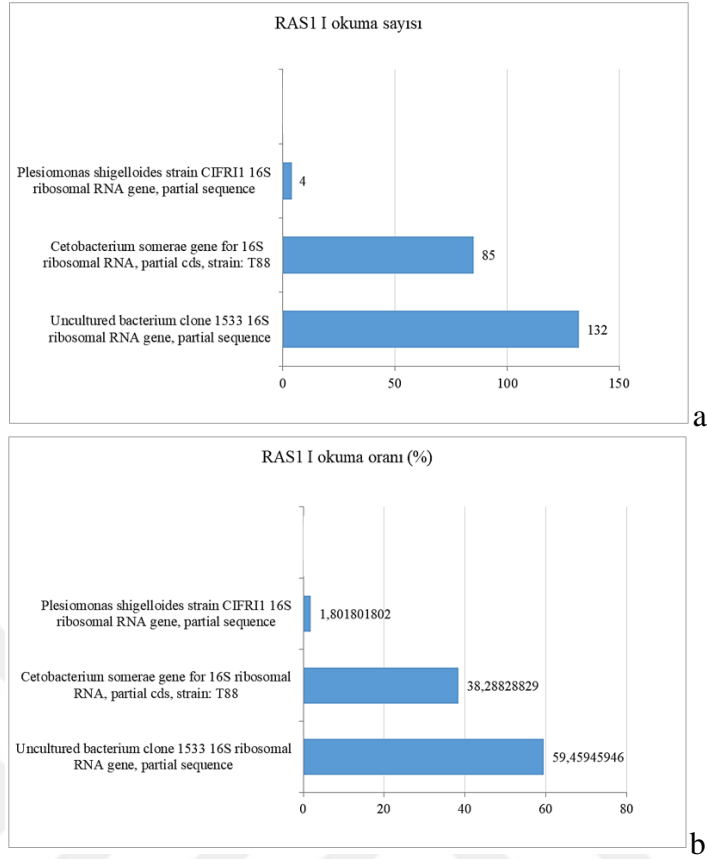
4.1 Sindirim Kanalı İçeriğindeki Bakteri Kompozisyonu

RAS1 için toplamda 6 balık örneği kullanılarak alınan bağırsak içeriği (dışkı) örneklerinden gerçekleştirilen analiz sonuçları sayısal ve oransal bir biçimde ifade edilmiştir.

4.1.1 RAS1 I. örnek (n=3 balık)

RAS1'den alınan örnekler üçerli olarak birleştirildiğinden iki ayrı birleştirilmiş örnek (paçal) olarak listelenmişlerdir. Listeleme sayısal ve oransal olacak şekilde ifade edilmiştir. RAS1 I. örnek için sindirim kanalı içeriğindeki bakteri kompozisyonu sayısal ve oransal olarak şekil 4.1 - 4.2'de sunulmuştur.

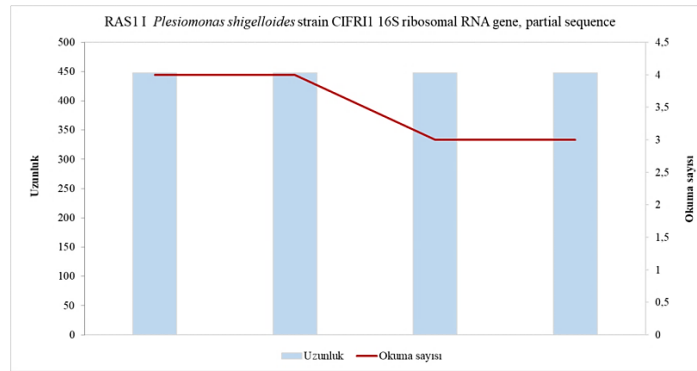
Sayısal olarak kültüre edilememiş bakteriler 132 adet bulunurken, *Cetobacterium somerae* türü 85 adet ile ikinci sırada ve *Plesiomonas shigelloides* türü ise 4 adet ile üçüncü sırada yer almıştır. Oransal olarak kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium clone: Ubc ve uncultured procaryote cone: Upc) % 59,459 bulunurken, *Cetobacterium somerae* türü % 38,288 ile ikinci sırada ve *Plesiomonas shigelloides* türü ise % 1,801 ile üçüncü sırada yer almıştır. Bulunan ve 4. sırada görünen tür ise balık türü % 0,450 oranındadır ve balık türü olduğu için dikkate alınmamıştır (Şekil 4.1).



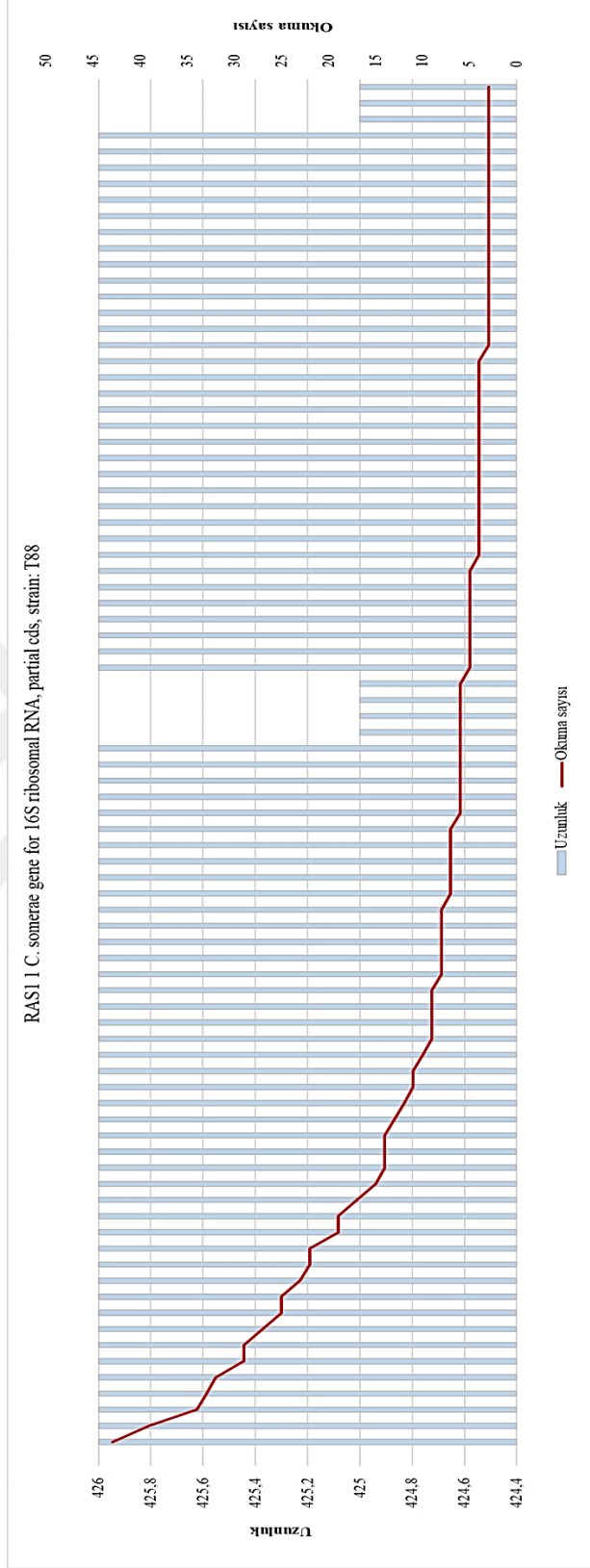
Şekil 4.1 RAS1 I. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu

a. okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)

RAS1 I. örnek: sindirim kanalı *Plesiomonas shigelloides* düzeyi şekil 4.2’de, *Cetobacterium somerae* kompozisyonu ise şekil 4.3’de sunulmuştur.



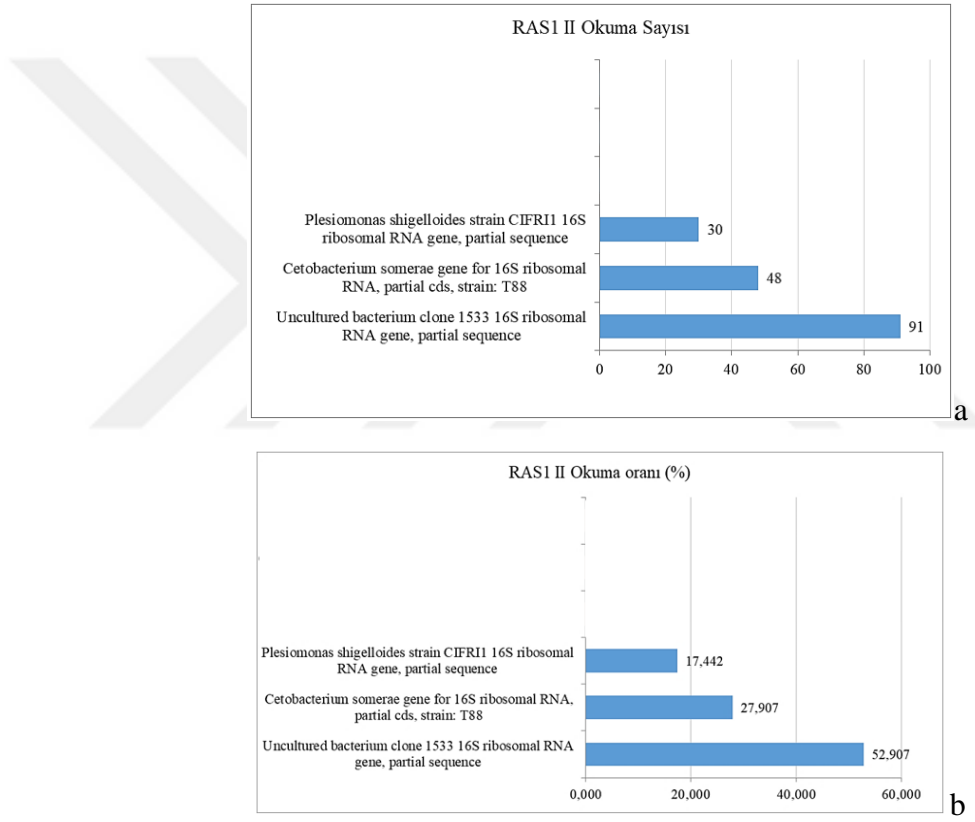
Şekil 4.2 RAS1 I. örnek sindirim kanalı *Plesiomonas shigelloides* düzeyi (n=3)



Şekil 4.3 RAS1 I. örnek: sindirim kanalı *Cetobacterium somerae* kompozisyonu

4.1.2 RAS1 II. örnek (n=3 balık)

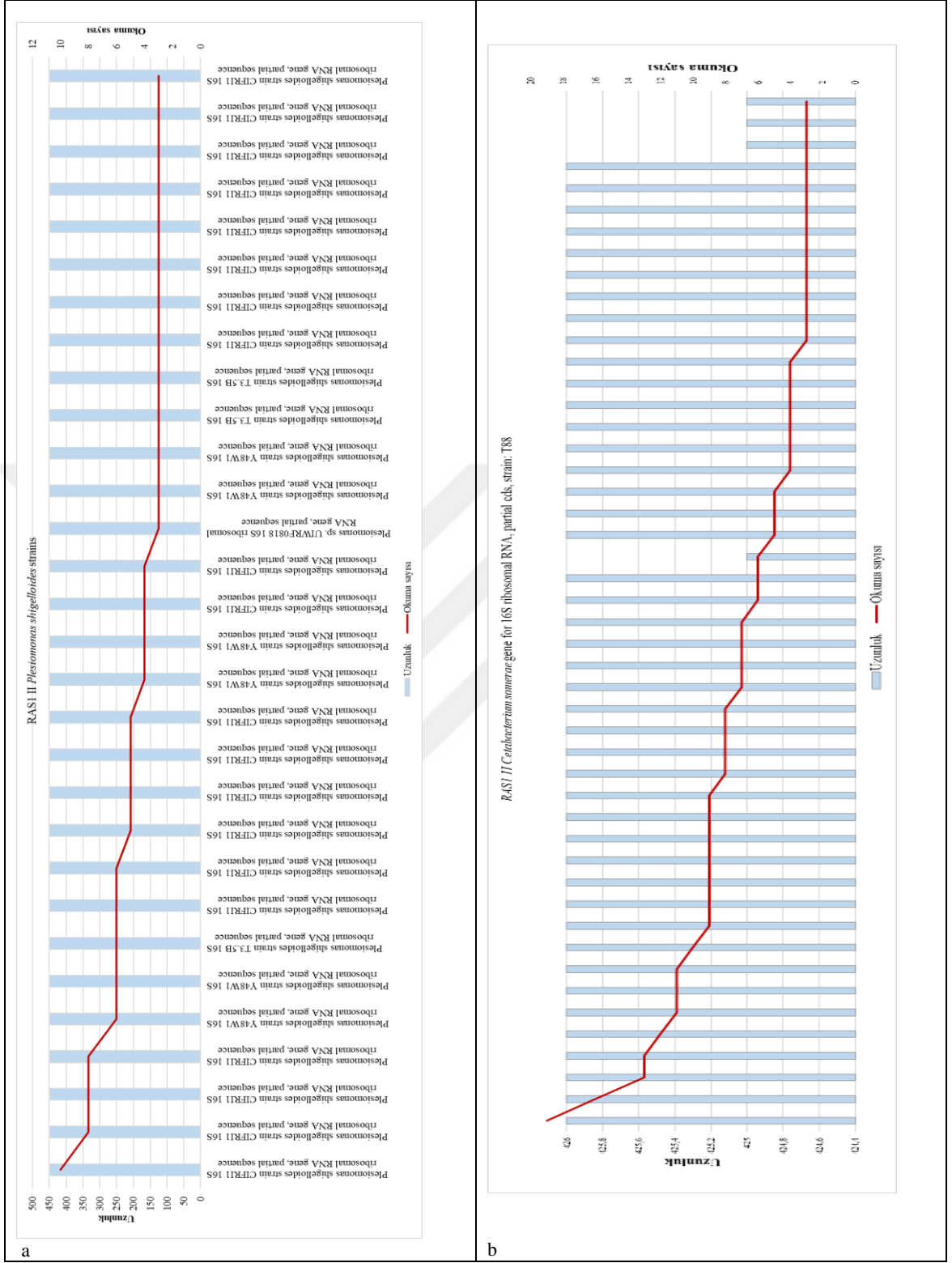
Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (Ubc-Upc) 91 adet bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü 48 adet ve üçüncü sırada ise *Plesiomonas shigelloides* türü 30 adet ile yer almıştır. Oransal olarak kültüre edilememiş bakteriler (Ubc-Upc) % 52,907 bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü % 27,907 ve üçüncü sırada *Plesiomonas shigelloides* türü ise % 17,442 ile yer almıştır. Bulunan balık türleri ise dikkate alınmamıştır (Şekil 4.4).



Şekil 4.4 RAS1 II. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu

a. okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)

RAS1 II. örnek: sindirim kanalından belirlenen balık türleri gözardı edilmiştir. Sindirim kanalı *Plesiomonas shigelloides* ve *Cetobacterium somerae* düzeyleri (Şekil 4.5) ve sindirim kanalı Ubc-Upc kompozisyonu (EK 1) verilmiştir.

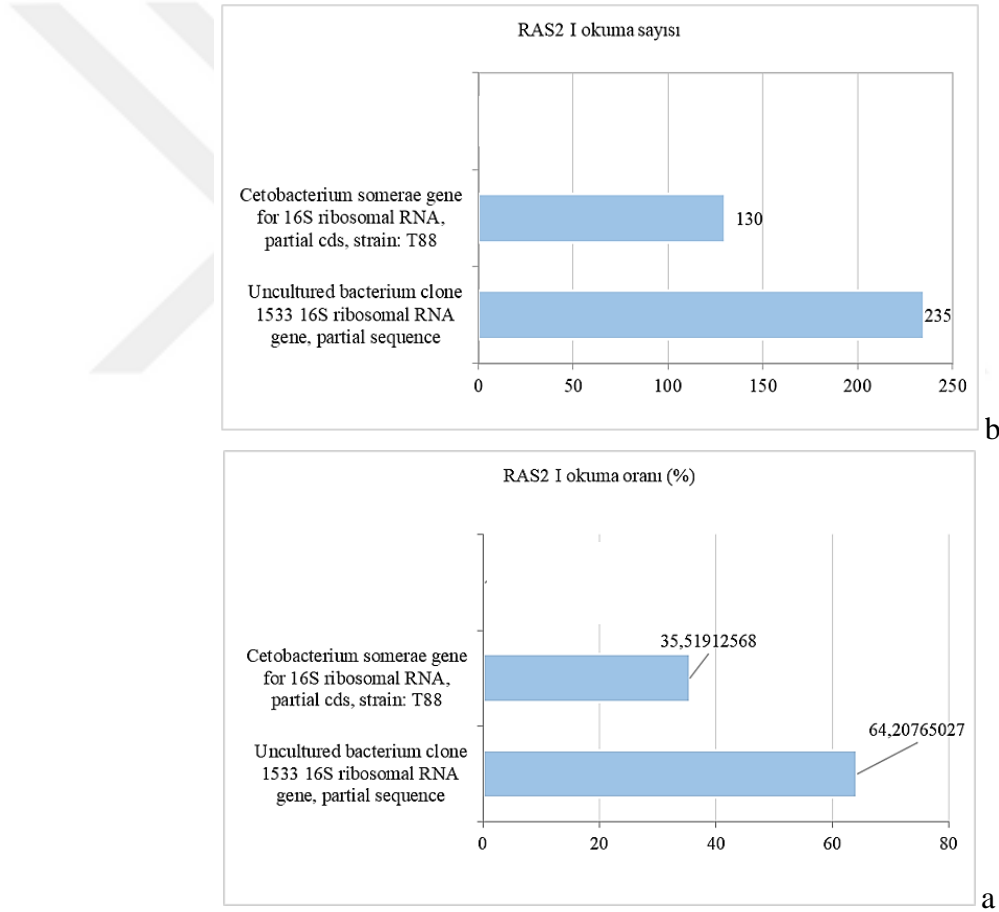


Şekil 4.5 RAS1 II. örnek: sindirim kanalındaki bazı bakterilerin uzunluk ve okuma sayıları

a. *Plesiomonas shigelloides*, b. *Cetobacterium somerae* (n=3)

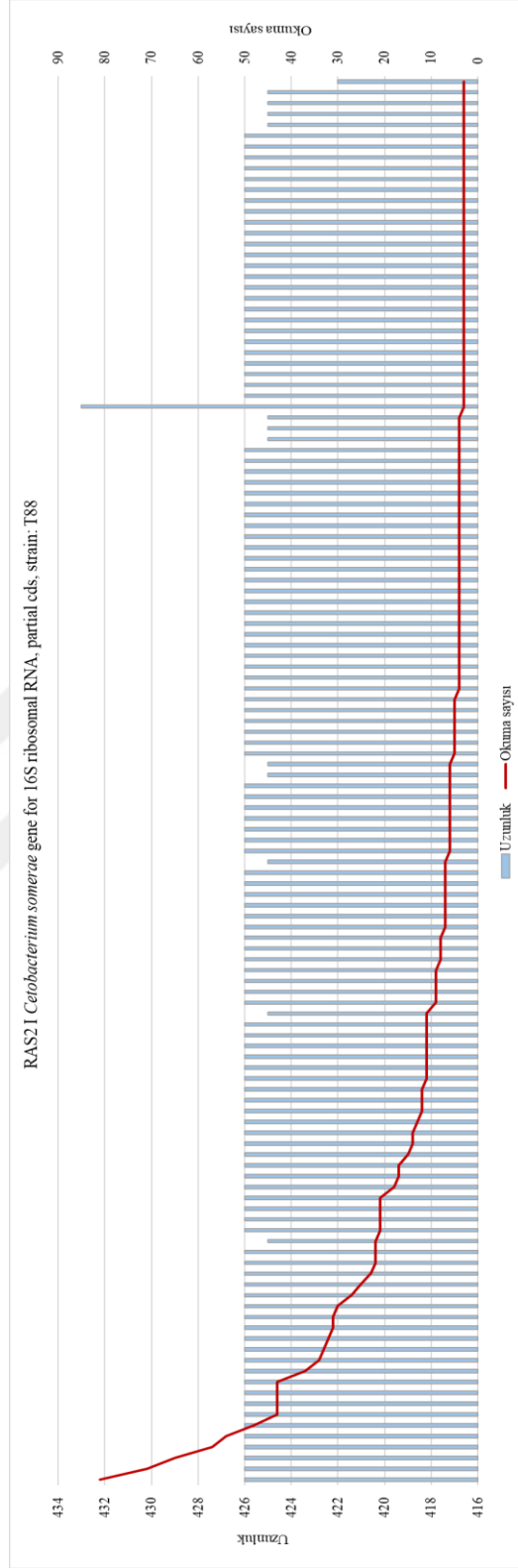
4.1.3 RAS2 I. örnek (n=3 balık)

Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) 235 adet bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü 130 adet ile yer almıştır. Oransal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) %64,208 bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü % 35,519 yer almıştır (Şekil 4.6). Sindirim kanalından bulunan balık türleri dikkate alınmamıştır. Sindirim kanalı Ubc-Upc kompozisyonu (EK 1) ve sindirim kanalı *C. somerae* düzeyi ise şekil 4.7’de görüldüğü gibi belirlenmiştir.



Şekil 4.6 RAS2 I. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu

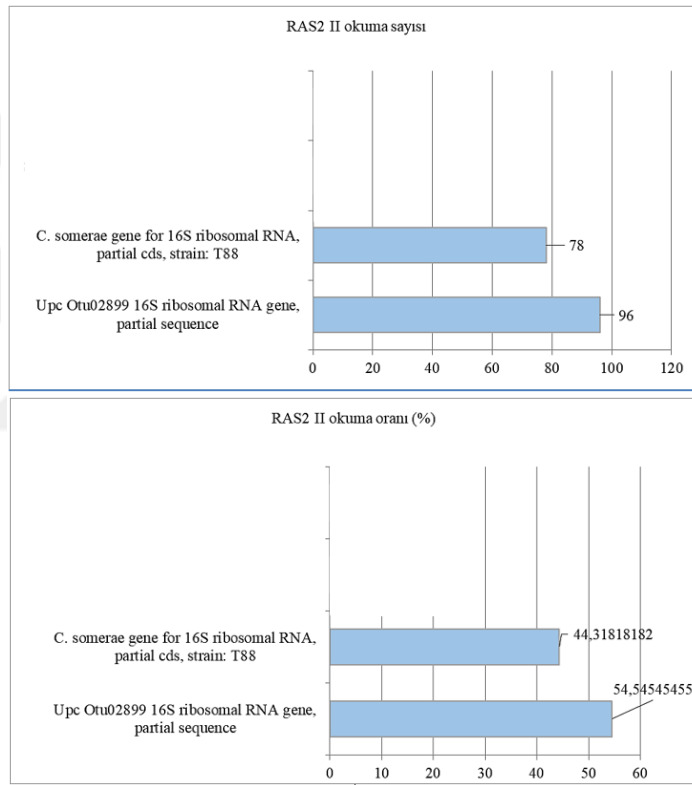
a.okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)



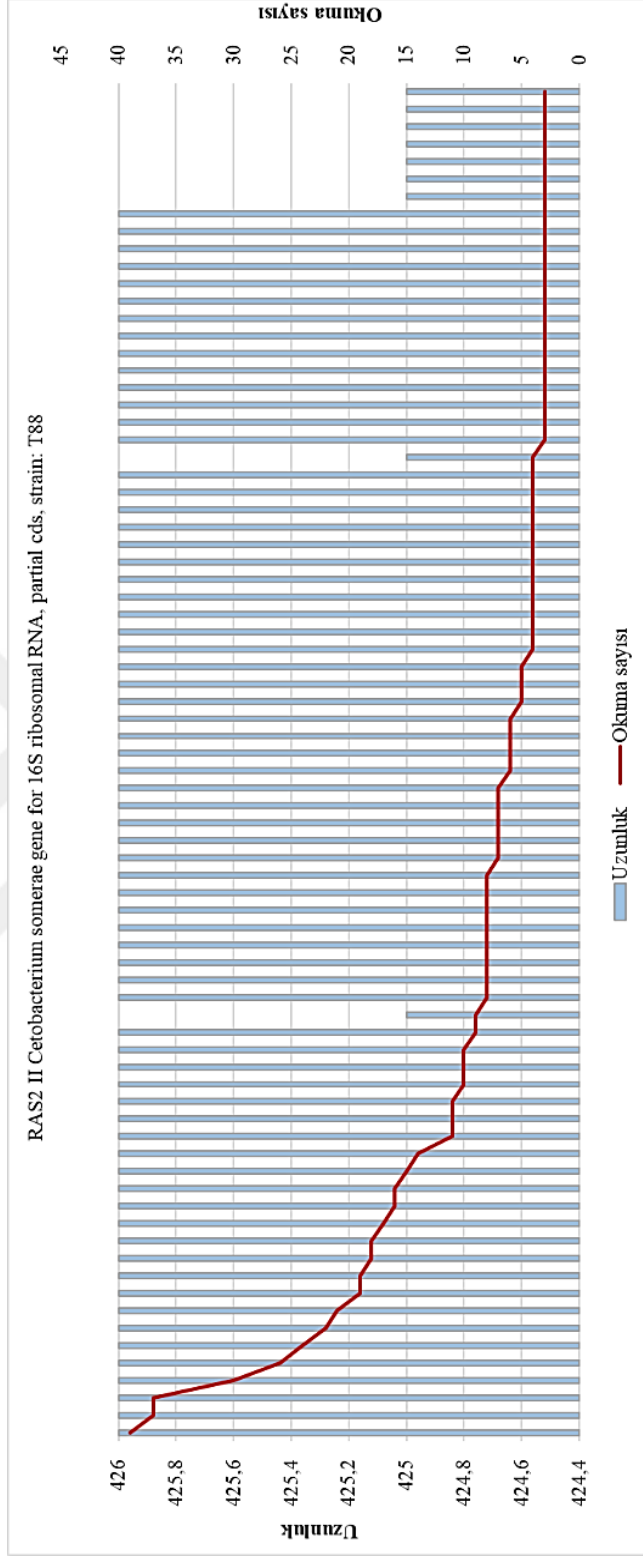
Şekil 4.7 RAS2 I. örnek: sindirim kanalı *Cetobacterium somerae* düzeyi (n=3)

4.1.4 RAS2 II. örnek (n=3 balık)

Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) 96 adet bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü 78 adet ile yer almıştır. Oransal olarak kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) % 54,545 bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü % 44,318 ile Balık türü ise dikkate alınmamıştır (Şekil 4.8). RAS2 II. örnekler için sindirim kanalından bulunan Ubc-Upc kompozisyonu (Ek 1) ve *Cetobacterium somerae* düzeyi şekil 4.9’da görüldüğü gibidir.



Şekil 4.8 RAS2 II. örnek: sindirim kanalı bakteri kompozisyonu A: okuma sayısı, B: okuma oranı (n=3)



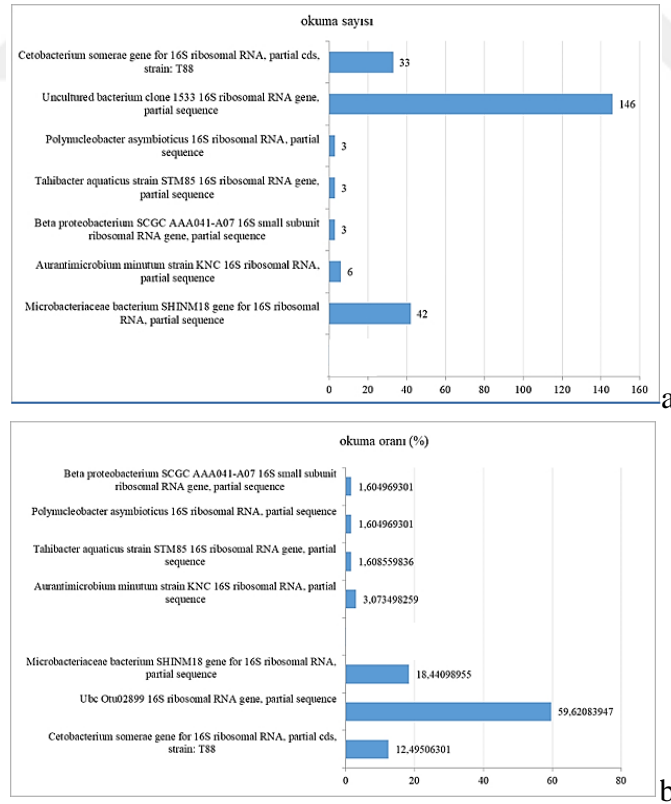
Şekil 4.9 RAS2 II. örnek: sindirim kanalı *Cetobacterium somerae* düzeyi (n=3)

4.1.5 RAS1 giriş suyu

RAS1 sisteminden tanklara giren sudan herhangi bir izolasyon gerçekleştirilememiştir. Bu tam olarak filtrasyonun ve UV filtrasyonun etkisi olarak değerlendirilmiştir.

4.1.6 RAS1 çıkış suyu

Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) 146 adet (% 59,62) bulunurken, ikinci sırada Microbacteriaceae bacterium 42 defa (% 18,44) bulunurken, üçüncü sırada *Cetobacterium somerae* türü 33 (% 12,49) adet olarak bulunmuştur. Bakteri gruplarından *Aurantimicrobium minutum* 6 (% 3,073), *Tahibacter aquaticus* 3 (% 1,608), *Polynucleobacter asymbioticus* 3 (% 1,604) ve Betaproteobacterium 3 (% 1,604) okumada elde edilmiştir. Balık türü sonuçları ise dikkate alınmamıştır (Şekil 4.10).

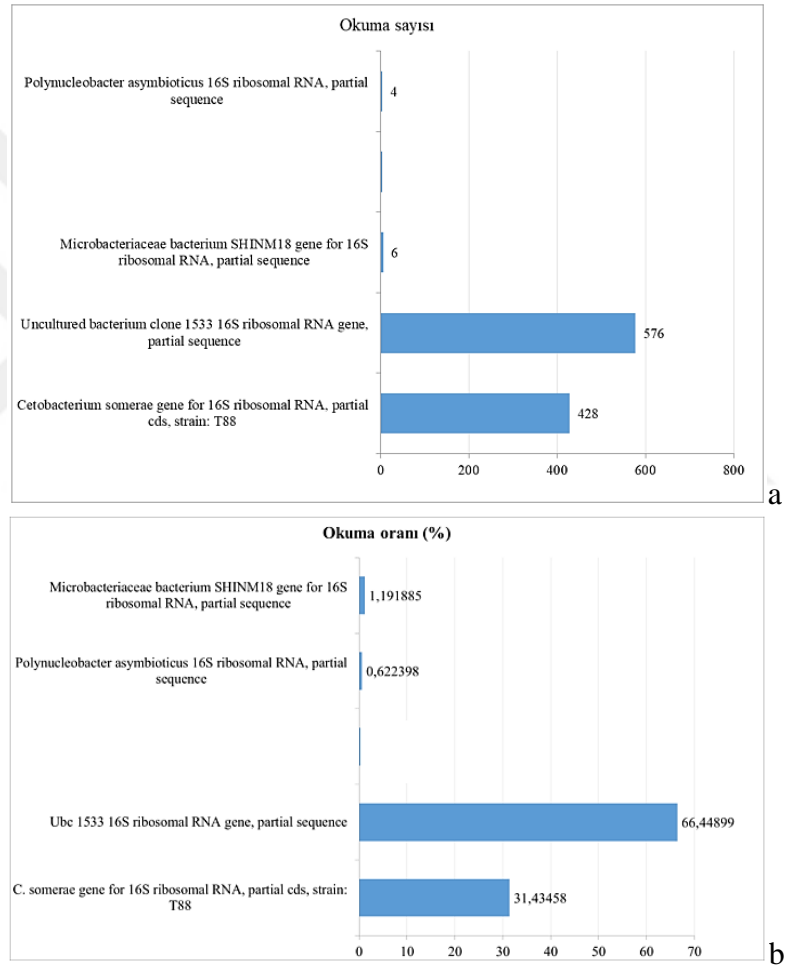


Şekil 4.10 RAS1 çıkış suyu

a. okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)

4.1.7 RAS2 giriş suyu

Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) 576 adet (%66,449) bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü 428 adet (% 31,435) ile yer almıştır. *Polynucleobacter asymbioticus* 4 (% 0,622), Microbacteriaceae bacterium 6 (% 1,192) ve *Sander lucioperca* 14 (% 0,302) olarak bulunmuştur (Şekil 4.11). Tüm sonuçlara ilişkin bilgi EK 1’de verilmiştir.

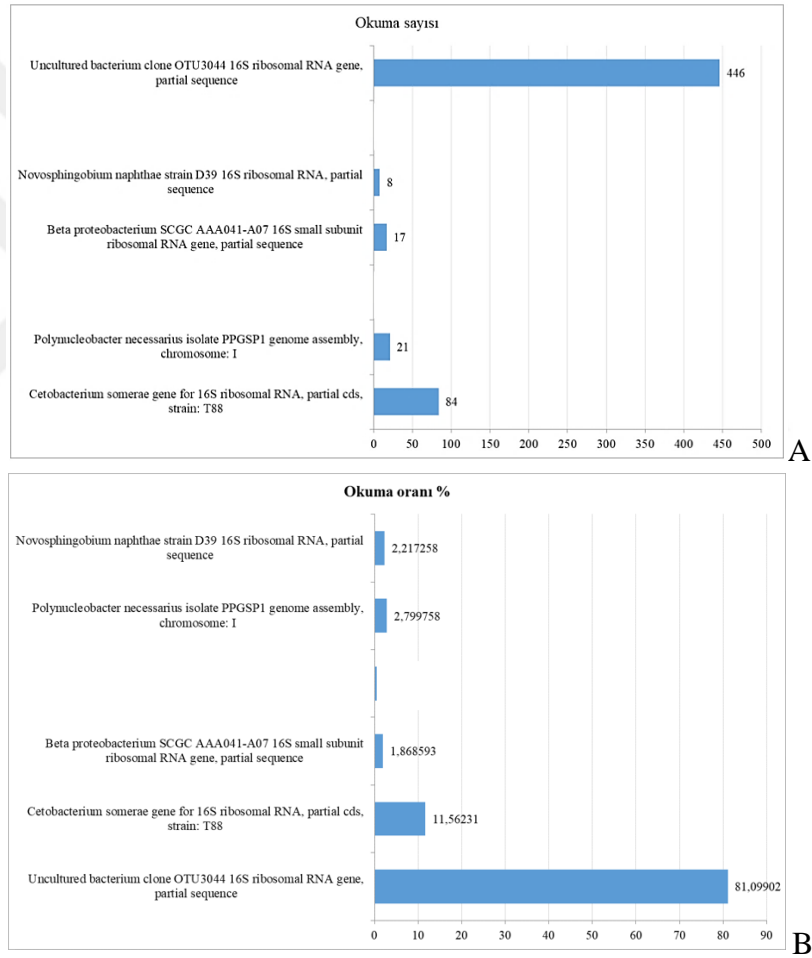


Şekil 4.11 RAS2 giriş suyu

a. okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)

4.1.8 RAS2 çıkış suyu

Sayısal olarak ilk sırada kültüre edilememiş bakteriler (uncultured bacterium) 446 adet (% 81,099) bulunurken, ikinci sırada *Cetobacterium somerae* türü 84 adet (% 11,562) ile yer almıştır. *Polynucleobacter asymbiomaticus* 21 (% 2,799), *Betaproteobacterium* 17 (% 1,868), *Sander lucioperca* 9 (% 0,453), *Novoshpingobium naphthae* 8 (% 2,217) ve homo sapiens haplogrup 4 okumada (oransal olarak dikkate alınmamıştır) bulunmuştur (Şekil 4.12). Tüm sonuçlara ilişkin liste EK 1’de verilmiştir.



Şekil 4.12 RAS2 çıkış suyu

a. okuma sayısı, b. okuma oranı (n=3)

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliğinin yürütüldüğü iki farklı kapalı devre su sirkülasyonlu yetiştiricilik sisteminden moleküler tabanlı kültürden bağımsız teknikler kullanılarak yapılan tür tanımlama çalışmasında uncultured olarak tanımlanan türler arası ve tür içi genetik varyasyonların olduğu gözlemlenmiştir.

Moleküler tanımlama tekniği ile elde edilen diziler, RDP (Ribosomal Database Project) ve NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri tabanları kullanılarak sınıflandırılmış ve NCBI BLAST'ın algoritması kullanılarak NCBI nükleotid veritabanındaki bilinen dizilerle karşılaştırılarak mikrobiyotaya tür tespiti gerçekleştirilmiştir. Fakat Tan (2014) tarafından yürütülen çalışmada, bakterilerin tamamının ulusal biyoteknoloji bilgi merkezi (NCBI) tarafından konfirme edilemediğini belirtmesi nedeniyle SILVA veri tabanından da kontroller yapılmıştır.

Estruch vd. (2015), kapalı devre yetiştiricilik sistemindeki (RAS) suyun dominant mikrobiyal kompozisyonunun balığın gastrointestinal içeriğinin mikrobiyal kompozisyonundan tamamen farklı olduğunu bildirmişlerdir. Fakat bizim çalışmamızda *C. somerae* ve balık türleri açısından su ve mikrobiyal komünite arasında benzerlik gözlemlenmiştir. Bunun da yemden ve suyun sistem içinde dolaşım halinde olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Bu anlamda Estruch vd. (2015)'nin sonuçları ile mevcut bulgularımız örtüşmemektedir.

RAS ortamındaki mikrobiyal komünite; yem tipine, beslenme programına, sistemin düzenlenme şekline, sistemin günlük yönetim düzenine, sistem su parametrelerine, yemleme düzenine, balık türünün kendine özgü bakteri kompozisyonuna ve ziyaretçilerin kontaminyonu gibi etkenlere bağlı olarak değişkenlik gösterebilir (Sharrer 2005, Sugita vd. 2005, Schreier vd. 2010, Attramadal vd. 2012). Çalışmamızda tespit edilen bakteri varlığı ve diğer bulunan tür kompozisyonlarının çeşitliliği ve düzeyi literatür ile bu anlamda uyumluluk göstermektedir (Sharrer 2005, Sugita vd. 2005, Schreier vd. 2010, Attramadal vd. 2012). Bu tez çalışması ile iki farklı filtrasyon sistemine sahip RAS'a ait karabalık bağırsak içeriği ve su ortamında bulunan bakteri

kompozisyonunun belirlenmesini amaçlamıştır. Çalışmada analiz sonuçlarından sadece %98 ve üzeri benzerlik gösteren veriler (tanımlanabilen ya da uncultured olarak tanımlanabilen diziler üzerinden) değerlendirilmeye alınmış ve sunulmuştur.

Anonymous (2018)'a göre bakterilerin en büyük grubunu; tamamı Gram-negatif olan Proteobacteria oluşturmaktadır. 1980'li yıllarda nucleotid sekans-homoloji temelli olarak Carl Woese tarafından bulunmuştur. Bunlar *Escherichia*, *Salmonella*, *Vibrio*, *Helikobacter* ve serbest yaşayan ve nitrojen fiksasyonundan sorumlu bakteriler gibi çok geniş bir alanı kapsamaktadır. *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria*, *Epsilonproteobacteria* ve *Zetaproteobacteria* gibi ileri düzeyde sınıflandırılmış olup takım, aile, cins ve türlerine ayrılmışlardır. Molina vd. (2007)'ne göre amonyumu oksidize eden Beta proteobacterium, oksijenin minimum olduğu zonda nitrojen döngüsünde önemli rol oynadığı, amonyumu oksidasyonu yanında ve NO₂ ile N₂O üretimine de katkı yaptığı bildirmektedir (Lipschultz vd. 1990, Naqvi vd. 1998, Ward vd. 1989). Çalışmamızda Betaproteobacterium bağırsak içeriğinde belirlenememiştir. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 1,604, RAS2 giriş suyunda bulunamazken, RAS2 çıkış suyunda %1,868 düzeyinde bulunmuştur.

Eck (2017)'e göre Fusobacterium familyasına ait olan *Cetobacterium somerae* tatlısu balıklarının bağırsaklarında ve insan dışkıında bulunan bir bakteri olarak tanımlanmaktadır. Bu bakterinin B12 vitamini üretiminde etkili olabileceği bildirilmektedir (Itoi vd. 2007, Tsuchiye vd. 2008, Schmutz vd. 2016a, Schmutz vd. 2016b, Finegold vd. 2003). *Cetobacterium somerae* bu tez çalışmasında tüm örneklerden belirlenmiştir. Tatlı su balıklarının bağırsak içeriğinde çok yaygın olarak bulunabildiği bilgisi mevcut çalışmamız sonuçları ile uyumluluk göstermektedir. Çalışmamızda *Cetobacterium somerae* bağırsak içeriğinde RAS1 I'de % 38,288, RAS1 II'de % 27,907, RAS2 I'de % 35,519 ve RAS2 II'de % 44,318 yoğunlukta görülmüştür. Bu anlamda *C. somerae* görülme oranı %27-44 aralığında bulunmuştur. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 12,495, RAS2 giriş suyunda % 31,434 ve RAS2 çıkış suyunda % 11,562 düzeyinde bulunmuştur.

Murdoch ve Lang (2018)'e göre *Plesiomonas* cinsine ait tek tür olan *Plesiomonas shigelloides*; *Aeromonas* ile birlikte *Vibrionaceae* ailesi mensubu olarak kabul edilmişken, son yıllarda yapılan ribosomal RNA sekansları ile *Enterobacteriaceae* familyasına daha yakın olduğu bulunduğu rapor edilen bir türdür. Martinez-Murcia vd. (1992) ve Ruimy (1994), ilk kez 1947 yılında 62 yaşındaki bir kadının balık kemiği ile yaralandıktan sonra kanından *Plesiomonas shigelloides*, *Pseudomonas shigelloides*, *Fergusonia shigelloides*, *Pseudomonas michigani* ve C27.8 olarak bilinen *Aeromonas shigelloides* türlerinin izole edildiğini rapor etmişlerdir. Büyükyörük ve Temelli (2004)'ye göre; Ellner ve McCarthy (1973) bu bakterinin ancak 1962 yılında *Plesiomonas shigelloides* adı ile onaylandığını kayıt ederek, insanlarda su ve su ürünlerinden kaynaklanan diyare gibi hastalıklara neden olduğunu ifade etmişlerdir. Çalışmamızda *Plesiomonas shigelloides* bağırsak içeriğinde RAS1 I'de % 1,801, RAS1 II'de % 17,442, RAS2 I'de ve RAS2 II'de bulunmamıştır. Su örneklerinde de bulunamamıştır.

Makk vd. (2011), taksonomik olarak Gammaproteobacteria sınıfına ait olan *Tahibacter* cinsinin gram-negatif, aerobik, hareketsiz, sporsuz, çubuk şekilli bir bakteri olduğunu, ilk kez de Macaristan'da Budapeşte şehrinin içme suyu sistemlerinden izole edilmiş olduğunu rapor etmişlerdir. Yaptıkları 16S rRNA gen sekans analizine göre 3 farklı suşun taksonomik pozisyonlarını araştırmışlardır. Elde ettikleri isolatların benzerliklerinden (DNA'nın G+C içeriği, sekans benzerliği, optimal büyüme sıcaklığı, ve pH benzerlikleri gibi) yola çıkarak bu 3 suşun birbirleriyle filogenetik, fenotipik ve genetik benzerlikleri ve ayrılıklarından Gammaproteobacteria sınıfına ait yeni bir cins olan, *Tahibacter aquaticus* gen. nov., sp. nov., olarak isimlendirme yapmışlardır. Çalışmamızda *Tahibacter* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda %1,608, RAS2 giriş suyunda ve RAS2 çıkış suyunda bulunmamıştır.

Meinke vd (2012)'ne göre *Polynucleobacter asymbioticus*; taksonomik olarak Bacteria, Proteobacteria, Betaproteobacteria, Burkholderiales, Burkholderiaceae ve Polynucleobacter olarak sınıflandırılmaktadır. *Polynucleobacter asymbioticus* suşları (QLW-P1DMWA-1T) göl, havuz ve akarsu gibi tatlı su sistemlerinde, dünyanın her

bölgesinde ve iklim koşullarında bulunabilen hetetrofik planktonik bakteri grubu olarak tanımlanmaktadır. Burkholderiaceae ailesinin bir üyesi olan ve yine Betaproteobacteria sınıfına ait planktonik bir diğer tatlısu bakterisi de *Polynucleobacter necessarius* subsp. *asymbioticus* alt türüdür. Bu alt tür bütün tatlısu sistemlerinde dağılım göstermektedir. *Polynucleobacter asymbioticus* serbest yüzen bir tatlı su bakterisi olduğu halde *Polynucleobacter necessarius* subsp. *necessarius*; bir siliat türü olan *Euplotes aediculatus* için zorunlu bir endo-simbiont olarak tanımlanmaktadır. Fakat yaşam biçimleri yönünden birbirlerinden ayrılan bu iki alt tür tüm genom sekansı yönünden *Polynucleobacter* cinsine ait olduğu gerekçesiyle günümüzde *Polynucleobacter necessarius* subsp. *asymbioticus* olarak isimlendirilmektedir. Çalışmamızda *Polynucleobacter necessarius* subsp. *Asymbioticus* bağırsak içeriğinde RAS1 I'de, RAS1 II'de, RAS2 I'de ve RAS2 II'de bulunmamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 1,604, RAS2 giriş suyunda %0,623 ve RAS2 çıkış suyunda % 2,799 düzeyinde bulunmuştur.

Evtushenko ve Takeuchi (2006)'ye göre Microbacteriaceae grubunun bazı türleri bitki patojeni olarak bilinmektedir. Schmutz vd. (2016b), Microbacteriaceae familyasına ait örnekleri Hollanda'da (Bacteria, Actinobacteria, Micrococcales ve Microbacteriaceae gibi) Wageningen kedi balığı araştırma istasyonundaki filtrelerden izole etmişlerdir. Çalışmamızda Microbacteriaceae bağırsak içeriğinde RAS1 I'de, RAS1 II'de, RAS2 I'de ve RAS2 II'de bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 18,440, RAS2 giriş suyunda % 1,192 ve RAS2 çıkış suyunda %0 düzeyinde bulunmuştur.

Nakai vd. (2016) tarafından Japonya'nın batı bölgesindeki nehirlerde yapılan çalışmada bir planktonik Ultramicrobacterium olan *Aurantimicrobium minutum* izole edilmiştir. Actinobacteria suda yaşayan bakteri toplulukları içinde sayı bakımından tatlısu ekosistemleri değerlendirildiğinde dünya genelinde yaygın hatta baskın düzeyde bulunabilecek bir tür olarak bildirilmektedir (Allgaier 2006, Newton 2011). Çalışmamızda *Aurantimicrobium minutum* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 3,073, RAS2 giriş suyunda ve RAS2 çıkış suyunda % 0 düzeyinde bulunmuştur.

Chaudhary (2016)'a göre *Novosphingobium*; Alphaproteobacteria'ya ait bir cinstir (Xie 2014). Bu tür Güney Kore'de Gusan'ın petrolle kirlenmiş topraklarında hidrokarbon parçalayan bakterilere ilişkin yapılan bir çalışmada belirlemiştir. Buldukları türün *Novosphingobium* cinsine ait yeni bir tür olduğu ifade ederek, bu türe *Novosphingobium naphthae* ismini vermişlerdir. Çalışmamızda *Novosphingobium naphthae* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda ve RAS1 çıkış suyunda bulunamazken, RAS2 giriş suyunda % 0 ve RAS2 çıkış suyunda ise % 2,217 düzeyinde bulunmuştur.

Çalışmamızda uncultured bacterium bağırsak içeriğinde RAS1 I'de % 59,459, RAS1 II'de % 52,907, RAS2 I'de % 35,519 ve RAS2 II'de % 44,318 yoğunlukta görülmüştür. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 59,620, RAS2 giriş suyunda % 66,448 ve RAS2 çıkış suyunda % 81,099 düzeyinde bulunmuştur.

Analiz sonuçlarına göre sudak balığı (*Sander lucioperca* mitochondrion), havuz balığı (*Carassius auratus*), sazan (*Cyprinus carpio* isolate), Atlantik ringası (*Clupea harengus* isolate) ve chengtui olan adlandırılan bir Cypriniformes olan *Opsarichtys* sp. türü olmak üzere beş adet teleost balık (Geldiay ve Balık, 1999) izole edilmiştir. Çalışmamızda *Sander lucioperca* mitochondrion, *Carassius auratus*, *Cyprinus carpio* isolate, *Clupea harengus* isolate ve *Opsarichtys* sp. bağırsak içeriğinden ve su örneklerinden bulunmuştur. Sistemimizde başka bir tür balık bulunmadığı için moleküler analiz neticesinde bulunan bu türlerin yem hammaddesi içinden geldiği düşünülmektedir (Sharrer 2005, Sugita vd. 2005, Schreier vd. 2010, Attramadal vd. 2012).

Sonuç olarak; özetle uncultured bacterium bağırsak içeriğinde RAS1 I'de % 59,459, RAS1 II'de % 52,907, RAS2 I'de % 64,207 ve RAS2 II'de % 54,318 yoğunlukta görülmüştür. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 59,620, RAS2 giriş suyunda % 66,448 ve RAS2 çıkış suyunda %81,099 düzeyinde bulunmuştur.

Beta proteobacterium bağırsak içeriğinde belirlenememiştir. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 1,604, RAS2 giriş suyunda bulunamazken, RAS2 çıkış suyunda % 1,868 düzeyinde bulunmuştur. *Cetobacterium somerae* bağırsak içeriğinde RAS1 I'de % 38,288, RAS1 II'de % 27,907, RAS2 I'de % 35,519 ve RAS2 II'de % 44,318 yoğunlukta görülmüştür. Bu anlamda *C. somerae* görülme oranı % 27-44 aralığında bulunmuştur. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 12,495, RAS2 giriş suyunda % 66,448 ve RAS2 çıkış suyunda % 11,562 düzeyinde bulunmuştur. *Tahibacter* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 1,608, RAS2 giriş suyunda ve RAS2 çıkış suyunda bulunmamıştır. *Polynucleobacter necessarius* subsp. *asymbiomaticus* bağırsak içeriğinde RAS1 I'de, RAS1 II'de, RAS2 I'de ve RAS2 II'de bulunmamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 1,604, RAS2 giriş suyunda % 0,623 ve RAS2 çıkış suyunda % 2,799 düzeyinde bulunmuştur. Microbacteriaceae bağırsak içeriğinde RAS1 I'de, RAS1 II'de, RAS2 I'de ve RAS2 II'de bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 18,440, RAS2 giriş suyunda % 1,192 ve RAS2 çıkış suyunda %0 düzeyinde bulunmuştur. Çalışmamızda *Aurantimicrobium minutum* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda bulunamazken, RAS1 çıkış suyunda % 3,073, RAS2 giriş suyunda ve RAS2 çıkış suyunda % 0 düzeyinde bulunmuştur. Çalışmamızda *Novosphingobium naphtha* bağırsak içeriğinde bulunamamıştır. Su örneklerinde ise RAS1 giriş suyunda ve RAS1 çıkış suyunda bulunamazken, RAS2 giriş suyunda %0 ve RAS2 çıkış suyunda ise % 2,217 düzeyinde bulunmuştur.

Bu çalışmada; karabalık (*Clarias gariepinus*) yetiştiriciliğinin yürütüldüğü iki farklı kapalı devre su sirkülasyonlu yetiştiricilik sisteminden (RAS 1: Kartuş filtre (50-100m), UV filtre, biyolojik filtreli sistem ve RAS 2: Sünger filtre) alınan balık bağırsak içerikleri ve su örnekleri moleküler yöntemler kullanılarak (eDNA, 16S rRNA) analiz edilmiş ve elde edilen veriler değerlendirilmiştir.

İki farklı RAS düzeneğinden alınan anlık numuneler RAS düzeneklerinde filtrasyon varlığının ve yokluğunun mikrobiota üzerine etkilerini ortaya koymayı amaçlayan

çalışmamız sonuçları ile filtrasyonu farklı RAS sistemlerindeki balık yetiştiriciliğinde; sindirim kanalı ve su ortamındaki bakteri kompozisyonunun değişimini göstermiştir. Bu çalışma aynı zamanda RAS ortamında *Clarias gariepinus* yetiştiriciliğinde ortamın bakteriyal kompozisyonunu hakkında bilgi sağlayacaktır. Belli bir hedefe yönelik PCR ile yapılan analizlerin aksine kullanılan evrensel primerler ile çok sayıda bakterinin aynı anda tespit edilebilmesine olanak veren bu metod aynı zamanda hem masraflı olduğu hem de çok iyi biyoinformatik analiz gerektirdiği gerçeğini de beraberinde getirmektedir.

Çizelge 5.1 NCBI veri tabanı üzerinden en yüksek benzerlik oranı gösteren organizmalara ilişkin genel liste*

	Bağırsak içeriği				Giriş suyu	Çıkış suyu	Giriş suyu	Çıkış suyu
	RAS1 I	RAS1 II	RAS2 I	RAS2 II	RAS1	RAS1	RAS2	RAS2
<i>Betaproteobacterium</i>	-	-	-	-	-	1,604	-	1,868
<i>Cetobacterium somerae</i>	38,288	27,907	35,519	44,318	-	12 495	31,434	11,562
<i>Plesiomonas shigelloides</i>	1,801	17,442	-	-	-	-	-	-
<i>Tahibacter</i>	-	-	-	-	-	1,608	-	-
<i>Polynucleobacter</i>	-	-	-	-	-	1,604	0,623	2,799
<i>Microbacreiaceae</i>	-	-	-	-	-	18,440	% 1,192	0
<i>Aurantimicrobium minutum</i>	-	-	-	-	-	3,073	-	-
<i>Novosphingobium naphthae</i>	-	-	-	-	-	-	-	2,217
Ubc-Upc	59,459	52,907	64,207	54,545	-	59,620	66,448	81,099
Balıklar (<i>Sander lucioperca</i> , <i>Carassius auratus</i> , <i>Cyprinus carpio</i> , <i>Opsarichthys</i> sp.)	Sistemimizde karabalık (<i>Clarias gariepinus</i>) dışında başka bir balık türü bulunmadığından balık türlerine ilişkin analiz sonuçlarının literatüre (Sharrer 2005; Sugita vd. 2005; Schreier vd. 2010; Attramadal vd. 2012) göre yem hammaddesinden kaynaklandığı düşünülmektedir.							

*Oran (%)

Kalaycıoğlu (2013)'e göre moleküler biyoloji ve DNA sekans analizi sonucunda elde edilen nükleotid ve aminoasit sekans sonuçları uluslararası veri tabanlarındaki diğer verilerle karşılaştırılıp değerlendirilme yapılmasını mümkün kılmaktadır. Yapılan araştırma sonucu elde edilen verilerin bu sistemlere kaydedilmesi diğer araştırmacılar için veri tabanı oluşturacaktır.

Bu kapsamda RAS1 II için nükleotid sekans verilerimizden bir tanesi örnek olarak NCBI veri tabanına submit edilmiş olup onay numarası SUB4133354 Uncultured MH457136 olarak değerlendirilmiştir. Verilerimizin tamamı bilahare sisteme kaydedilerek sonraki araştırmalar ve araştırmacılar için veri tabanına katkı sağlaması planlanmaktadır. Onay numarası (Accession number) olmadan sekans, uzunluk ve yüzde benzeşim üzerinden (en yakın benzer nükleotid sekansları için) oluşturulan liste EK 1’de yer almaktadır. NCBI BLAST’ın algoritması kullanılarak NCBI nükleotid veritabanındaki bilinen dizilerle karşılaştırılarak mikrobiyotalara en yakın tür tespiti gerçekleştirilen bazı organizmaların onay numaralarına (accession number) ilişkin örnek liste EK 2’de yer almaktadır.

RAS ile yapılan su ürünleri yetiştiriciliği; yeni teknolojilerin ve mekanizasyonun kullanılması ile entansif yetiştiricilik teknikleri ve etkinliği de gelişmektedir. RAS, temel olarak üretim suyunun sistem içinde geri dönerek tekrar kullanılması, deşarj suyunun çevresel etkilerinin azaltılması ile çevre dostu bir üretim şekli olarak tanınmaktadır.

RAS suyun ön arıtma (biyo-filtrasyon, oksijenlendirme, sterilizasyon) işlemine tabi tutulması prensibi ile çalışmaktadır. Su, sürekli havalandırma yoluyla kültür tanklarına gönderilir. Sonra, su yem artıkları, dışkı ve sediment gibi büyük parçacıkları uzaklaştırmak için mekanik filtreler doğru pompalanır. Sonra, su, ultra viole (UV: ışıkla sterilizasyon), bio-filtre ve bir de protein uzaklaştırıcıya yönlendirilir. Biyofiltre amonyak gibi metabolik ürünlerin temizlenmesine yardımcı olur. Biyofiltre içerisinde amonyaklı bileşikler uzaklaştırmak için bakteri (*Nitrosomonas* sp., *Nitrobacter* sp.) içeren özel plastik halkalar kullanılabilir. Biyolojik filtrelerde birinci grup organik maddeleri sindiren bakteriler ile ikinci grup toksik amonyumu nitrata dönüştüren bakteriler beraberce yer alırlar. Birinci grup bakteriler amonyum indirgeyen nitrifikasyon bakterilerinden çok daha hızlı gelişebilirler.

Geleneksel mikrobiyolojik teknikleri kültür bazlı uygulamalar, seroloji ve histoloji gibi teknikleri içermekte ve su ürünleri yetiştiriciliğinde patojenlerin identifikasyon için de kullanılmaktadır. Bu teknikler zaman almakta ve özel eğitim ve tecrübe getirmektedir.

Moleküler tekniklerin gelişmesi ile araştırmacılara özel uzmanlık gerektiren mikrobiyota analizlerini gerçekleştirmek için imkan sağlanmış durumdadır. Bu tekniklerle veri tabanında kayıt edilmiş mikrobiyota hızla tanımlanabilmekte ve yeni bir kayıt eldesi durumunda ise gen bankasına yeni bilgi girişi mümkün olmaktadır.

Solea senegalensis (dil balığı) ve *Scophthalmus maximus* (kalkan) üzerine yürütülmüş türe özgü çalışmaların sonuçlarından yola çıkarak (Martins vd. 2013), ülkemizde RAS sistemi içerisinde yetiştiriciliği yapılan karabalık ve sistem suyuna özgü mikrobiyotanın belirlenmesi, muhtemel patojen varlığı açısından değerlendirilmesi, yetiştiricilikte erken uyarı ve izlemeye olanak tanınmasına ve maddi kayıpların en aza indirilmesi için gerekli önlemlerin alınmasına olanak sağlayacaktır.

Bu çalışma ile şebeke suyunun kullanıldığı ve doğal yollarla mikrobiyota kontaminasyon riskinin oldukça düşük olduğunu öngördüğümüz iki farklı RAS ortamında yetiştirilen karabalıkların bağırsak içeriği ve yetiştirildikleri sudaki dominant mikroorganizmaları moleküler tekniklerle belirlenmiştir. Bu Yüksek Lisans tez çalışması ile elde edilen verilerin sürekli izleme programlarının başlatılması ve kaynak olarak kullanılabilir olması bakımından önemli olduğu düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Akinyemi, A.A., Ekelemu, J.K., Oyelakin, O.O., Oloyede, A.R. and Green, B.M. 2016. Molecular characterization of bacteria associated with African catfish *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822) From Yewa-Mata Station On Yewa River by 16S rRNA gene sequencing method. *Global Journal of Bio-Science and Biotechnology* (G.J.B.B.), 5(3), 295-300.
- Al-Harbi, A.H. and Uddin, N. 2005. Bacterial diversity of tilapia (*Oreochromis niloticus*) cultured in brackish water in Saudi Arabia. *Aquaculture*, 250(3), 566-572.
- Allgaier, M. and Grossart, H.P. 2006. Diversity and seasonal dynamics of *Actinobacteria* populations in four lakes in northeastern Germany. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(5), 3489-3497.
- Anonim. 2016. Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı 2016 yılı Su Ürünleri İstatistikleri <http://www.tarim.gov.tr/sgb/Belgeler/SagMenuVeriler/BSGM.pdf> Erişim tarihi: 03.09.2016
- Anonymous. 1996. Fisheries Technical Paper 362, Rome, 1996 Web file: <http://www.nefisc.org/downloads/Clarias.PDF> Erişim tarihi: 12.11.2017.
- Anonymous. 2014. The State of World Fisheries and Aquaculture, Food and Agricultural Organization, Rome, Italy.
- Anonymous. 2016a. Recirculating Aquaculture Systems (RAS) Technology Web adresi: <https://matlss.com/technology/ras-recirculating-aquaculture-systems/> Erişim tarihi: 03.09.2016
- Anonymous. 2016b. eDNA testing for Pathogens in Reused Water. U.S. Department of the Interior Bureau of Reclamation Research and Development Office. September 2016 Web adresi: <https://www.usbr.gov/research/projects/downloadproduct.cfm?id=2513> Erişim tarihi: 23.05.2017.
- Anonymous. 2017. The State of World Fisheries and Aquaculture (FAO) Web sitesi: <http://www.fao.org/3/a-i3720e.pdf> Sayfa (75) Erişim Tarihi: 10.04.2017
- Anonymous. 2018. Proteobacteria. Web adresi: <https://courses.lumenlearning.com/microbiology/chapter/proteobacteria/> Erişim Tarihi: 04.04.2018
- Appelbaum, S. and Kamler, E. 2000. Survival, growth, metabolism and behaviour of *Clarias gariepinus* (Burchell 1822) early stages under different light conditions. *Aquacultural Engineering*, 22(4), 269-287.
- Ashford, R.U., Sargeant, P.D. and Lum, G.D. 1998. Septic arthritis of the knee caused by *Edwardsiella tarda* after a catfish puncture wound. *The Medical journal of Australia*, 168(9), 443-444.

- Attramadal, K. J., Salvesen, I., Xue, R., Øie, G., Størseth, T. R., Vadstein, O. and Olsen, Y. 2012. Recirculation as a possible microbial control strategy in the production of marine larvae. *Aquacultural engineering*, 46, 27-39.
- Attramadal, K.J.K. 2011. Water treatment as an approach to increase microbial control in the culture of cold water marine larvae. Norwegian University of Science and Technology Faculty of Natural Sciences and Technology Department of Biology (Doctoral dissertation).
- Austin, B. 2006. The bacterial microflora of fish, revised. *The Scientific World Journal*, 6; 931-945.
- Austin, B. 2006. The bacterial microflora of fish, revised. *The Scientific World Journal*, 6; 931-945.
- Aygen, T. Ünal, E.M., Kaynar, S., Genc, E. and Keskin, E. 2016. Using biological filters as a source for environmental DNA in recirculating aquaculture systems. *International Symposium on Fisheries and Aquatic Science FABA*, Antalya, Turkey.
- Badiola, M., Albaum, B. and Mendiola, D.A 2015. Sustainability evaluation, based on environmental indicators, of recirculating aquaculture systems (RAS) applied to all countries and all species. 3rd. Nordic RAS Workshop on Recirculating Aquaculture Systems, 30 Spt.-1 Oct. 2015, Molde, Norway.
- Bej, A.K., Steffan, R.J., DiCesare, J., Haff, L. and Atlas, R.M. 1990. Detection of coliform bacteria in water by polymerase chain reaction and gene probes. *Applied and Environmental Microbiology*, 56(2), 307-314.
- Blancheton, J.P., Attramadal, K.J.K., Michaud, L., d'Orbcastel, E.R. and Vadstein, O. 2013. Insight into bacterial population in aquaculture systems and its implication. *Aquacultural engineering*, 53, 30-39.
- Bourlat, S.J. Haenel, Q., Finnman, J. and Leray, M. 2016. Preparation of amplicon libraries for metabarcoding of marine eukaryotes using Illumina MiSeq: the dual-PCR method. In *Marine Genomics* (pp. 197-207). Humana Press, New York, NY.
- Burr, G., Gatlin, S. and ve Ricke, S. 2005. Microbial ecology of the gastrointestinal tract of fish and the potential application of prebiotics and probiotics in finfish aquaculture. *J. World Aquacult. Soc.* 36, 425–436.
- Büyükörük, S. and Temelli, S. 2004. *Plesiomonas shigelloides* ve Halk Sağlığı Açısından Önemi. *Uludag Univ. J. Fac. Vet. Med.*, 23 (1-2-3): 143-148.
- Chaudhary, D.K. and Kim, J. 2016. *Novosphingobium naphthae* sp. nov., from oil-contaminated soil. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 66(8), 3170-3176.

- Chitmanat, C., Pimpimol, T. and Chaibu, P. 2015. Investigation of bacteria and fish pathogenic bacteria found in freshwater aquaponic system. *Journal of Agricultural Science*, 7(11), 254.
- Dhanasiri, A.K., Brunvold, L., Brinchmann, M.F., Korsnes, K., Bergh, Ø. and Kiron, V. 2011. Changes in the intestinal microbiota of wild Atlantic cod *Gadus morhua* L. upon captive rearing. *Microbial ecology*, 61(1); 20-30.
- Eck, M. 2017. Taxonomic characterisation of bacteria communities from water of diversified aquaponic systems. Master thesis of the Gembloux Agro-Bio Tech (GxABT). Université de Liège, Liège, Belgique.
- Ellner, P.D. and McCarthy, L.R. 1973. *Aeromonas shigelloides* bacteremia: a casereport. *American journal of clinical pathology*, 59(2), 216-218.
- Estruch, G., Collado, M.C., Peñaranda, D.S., Vidal, A.T., Cerdá, M.J., Martínez, G.P. and Martínez-Llorens, S. 2015. Impact of fishmeal replacement in diets for gilthead sea bream (*Sparus aurata*) on the gastrointestinal microbiota determined by pyrosequencing the 16S rRNA gene. *PloS one*, 10(8), e0136389.
- Evtushenko, L. and Takeuchi, M. 2006. ‘The family Microbacteriaceae’, in Dworkin, M., Falkow, S., Rosenberg, E., Schleifer, K.-H., and Stackebrandt, E. (eds) *The Prokaryotes: Other Major Lineages of Bacteria and the Archae*. Springer New York, pp. 1020–1098.
- Finegold, S.M., Vaisanen, M.L., Molitoris, D.R., Tomzynski, T.J., Song, Y., Liu, C., Collins, M.D. and Lawson, P.A. 2003. *Cetobacterium somerae* sp. nov. from human feces and emended description of the genus *Cetobacterium*. *Systematic and applied microbiology*, 26(2): 177-181.
- Geldiay, R. ve Balık, S. 1999. Türkiye Tatlı Su Balıkları, Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Yayınları No: 46, III. Baskı, İzmir.
- Genc, E., Koyuncu, C.E. and Keskin, E. 2016. Molecular Identification of Gnathiid Specimens Isolated from Sparid Fish Species of Eastern Mediterranean Sea Using DNA Barcoding. *International Symposium on Fisheries and Aquatic Science FABA*, Antalya, Turkey.
- Genç, E. and Keskin, E. 2013. *Philometra lateolabracis* Steindachner, 1878 (Nematoda: Philometridae) in *Epinephelus costae* (Osteichthyes, Serranidae): First Molecular Identification of the Histozoic Parasite from Iskenderun Bay, Northeast Mediterranean Sea. *Aqua 2012*, Prague, Czech Republic Sep. 1-5, 2012 (pp: 695).
- Genç, E., Genç, M.A., Aktaş, M., Bircan-Yıldırım, Y. ve İkizdoğan, A.T. 2011. Su ürünleri yetiştiriciliğinde mannan-oligosakkarit (MOS) kullanımı üzerine Türkiye’de farkındalık yaratma. *Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi*, 7(1), pp.18-24.
- Golz, W.J. 1995. Biological treatment in recirculating aquaculture systems. *Recirculating Aquaculture*.

- Hahn, M.W. 2006. The microbial diversity of inland waters. *Current opinion in biotechnology*, 17(3), 256-261.
- Han, D., Kang, I., Ha, H.K., Kim, H.C., Kim, O.S., Lee, B.Y., Cho, J.C., Hur, H.G. and Lee, Y.K. 2014. Bacterial communities of surface mixed layer in the Pacific sector of the western Arctic ocean during sea-ice melting. *PLoS One*, 9, e86887.
- Interdonato, F. 2012. Recirculating aquaculture system (RAS) biofilters: focusing on bacterial communities complexity and activity (Doctoral dissertation, Università degli studi di Messina).
- Ip, Y.K., Zubaidah, R. M., Liew, P.C., Loong, A.M., Hiong, K.C., Wong, W.P. and Chew, S. F. 2004. African sharptooth catfish *Clarias gariepinus* does not detoxify ammonia to urea or amino acids but actively excretes ammonia during exposure to environmental ammonia. *Physiological and Biochemical Zoology*, 77(2), 242-254.
- Itoi, S., Ebihara, N., Washio, S. and Sugita, H. 2007. Nitrite-oxidizing bacteria, *Nitrospira*, distribution in the outer layer of the biofilm from filter materials of a recirculating water system for the goldfish *Carassius auratus*. *Aquaculture*, 264(1-4): 297-308.
- Johnson, C.N., Barnes, S., Ogle, J., Grimes, D.J., Chang, Y.J., Peacock, A.D. and Kline, L. 2008. Microbial community analysis of water, foregut, and hindgut during growth of pacific White Shrimp, *Litopenaeus vannamei*, in closed- system aquaculture. *Journal of the World Aquaculture Society*, 39(2), 251-258.
- Kalaycıoğlu, A.T. 2013. Nükleotid Dizilerinin Aminoasit Formatına Dönüştürülmesi ve Dünya Veri Tabanlarındaki Verilerle Karşılaştırılması. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 19(2) 359-363.
- Karaduman, U. ve Erdem, C. 2008. Su Kaynakları Farklı İki Yetiştirme İstasyonunda Bazı Bakteri Türlerinin *Clarias Gariepinus* Ve *Cyprinus Carpio*'nun Deri Ve Solungaçlarındaki Dağılımı. *Ç.Ü Fen Bilimleri Enstitüsü dergisi* 18(3): 43-53.
- Kaynar S., Ünal, E.M., Aygen, T., Genc, E. and Keskin, E. 2016. Species detection using environmental DNA from stool samples. *International Symposium on Fisheries and Aquatic Science FABAs*, Antalya, Turkey.
- Kaynar, S. 2016. *Zostera* spp. ekstraktı uygulanan *Artemia* Larvalarına ait baskın bakteri türlerinin DNA barkodlama tekniği ile analizi. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Anabilim Dalı, 42 s. Ankara.
- Kemp, P.F. and Aller, J.Y. 2004. Bacterial diversity in aquatic and other environments: what 16S rDNA libraries can tell us. *FEMS Microbiology Ecology*, 47(2), 161-177.
- Keskin, E. and Atar, H.H. 2013. DNA barcoding commercially important fish species of Turkey. *Molecular Ecology Resources*, 13(5); 788-797.

- Keskin, E. and Can, A. 2009. Phylogenetic relationships among four species and a sub-species of Mullidae (Actinopterygii; Perciformes) based on mitochondrial cytochrome B, 12S rRNA and cytochrome oxidase II genes. *Biochemical Systematics and Ecology*, 37(5); 653-661.
- Keskin, E., Genc, E. and Unal, E.M. 2013. Identification of anisakis simplex using dna barcoding. EAS 2013 Trondheim, Norway.
- Keskin, E., Koyuncu, C.E. and ve Genc, E. 2015. Molecular identification of *Hysterothylacium aduncum* specimens isolated from commercially important fish species of Eastern Mediterranean Sea using mtDNA cox1 and ITS rDNA gene sequences. *Parasitology international*, 64(2); 222-228.
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M. and Glöckner, F.O. 2013. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic acids research*, 41(1), e1-e1.
- Kristensen, E. 2015. Temporal Development of the Gut Microbiota in European Lobster (*Homarus gammarus*) Juveniles Exposed to Two Different Water Treatment Systems (Master's thesis, NTNU).
- Lamiaa A.O, Ammar A., Maha A. El-Hady, Samir A., Samy A. A., Abdelmegeid M. and El-Jakee J. 2016. Identification of Common Fish Bacterial Pathogens In Kafr El Sheikh Governorate Egypt Using PCR. *IJBPAS*, February, 2016, 5(2):522-537.
- Lipschultz, F., Wofsy, S.C., Ward, B.B., Codispoti, L.A., Friedrich, G. and Elkins, J. W. 1990. Bacterial transformations of inorganic nitrogen in the oxygen-deficient waters of the Eastern Tropical South Pacific Ocean. *Deep Sea Research Part A. Oceanographic Research Papers*, 37(10), 1513-1541.
- Losordo, T.M., Masser, M.P. and Rakocy, J. 1998. Recirculating aquaculture tank production systems. An overview of critical considerations. *SRAC, USDA, USA*.
- Madigan, M.T., Martinko, J.M., Stahl, D.A. and Clark, D.P. 2012. A Brief Journey to the Microbial World. *MADIGAN, MT et al.*—Brock Biology of Microorganisms. 13^a Ed. Benjamin Cummings, 24-46.
- Makk, J., Homonnay, Z.G., Kéki, Z., Lejtovicz, Z., Márialigeti, K., Spröer, C., Schumann, P. and Tóth, E.M. 2011. *Tahibacter aquaticus* gen. nov., sp. nov., a new gammaproteobacterium isolated from the drinking water supply system of Budapest (Hungary). *Systematic and applied microbiology*, 34(2): 110-115.
- Martins, P., Cleary, D.F., Pires, A.C., Rodrigues, A.M., Quintino, V., Calado, R. and Gomes, N.C. 2013. Molecular analysis of bacterial communities and detection of potential pathogens in a recirculating aquaculture system for *Scophthalmus maximus* and *Solea senegalensis*. *PloS one*, 8(11), e80847.
- Meincke, L., Copeland, A., Lapidus, A., Lucas, S., Berry, K.W., Del Rio, T.G., Hammon, N., Dalin, E., Tice, H., Pitluck, S. and Richardson, P. 2012. Complete

- genome sequence of *Polynucleobacter necessarius* subsp. *asymbioticus* type strain (QLW-P1DMWA-1 T). *Standards in genomic sciences*, 6(1), p.74.
- Metzker, M.L. 2010. Sequencing technologies-the next generation. *Nature reviews genetics*, 11(1), 31-46.
- Michaud, L., Blancheton, J.P., Bruni, V. and Piedrahita, R. 2006. Effect of particulate organic carbon on heterotrophic bacterial populations and nitrification efficiency in biological filters. *Aquacultural Engineering*, 34(3), 224-233.
- Michaud, L., Lo Giudice, A., Troussellier, M., Smedile, F., Bruni, V. and Blancheton, J. P. 2009. Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system. *Journal of applied microbiology*, 107(6), 1935-1946.
- Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J.Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., Araki, H. and Kondoh, M. 2015. MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society open science*, 2(7), p.150088.
- Molina, V., Ulloa, O., Farías, L., Urrutia, H., Ramírez, S., Junier, P. and Witzel, K.P. 2007. Ammonia-oxidizing β -proteobacteria from the oxygen minimum zone off northern Chile. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(11), 3547-3555.
- Murdoch, D.R. and Lang, S.D. R. 2018. *Plesiomonas shigelloides*. Web adresi: <http://www.antimicrobe.org/b224.asp> Erişim tarihi 04.04.2018
- Nakai, R., Fujisawa, T., Nakamura, Y., Nishide, H., Uchiyama, I., Baba, T., Toyoda, A., Fujiyama, A., Naganuma, T. and Niki, H. 2016. Complete genome sequence of *Aurantimicrobium minutum* type Strain KNCT, a planktonic ultramicrobacterium isolated from river water. *Genome announcements*, 4(3), pp.e00616-16.
- Naqvi, S.W.A., Yoshinari, T., Jayakumar, D.A., Altabet, M.A., Narvekar, P.V., Devol, A.H., Brandes, J.A. and Codispoti, L.A. 1998. Budgetary and biogeochemical implications of N₂O isotope signatures in the Arabian Sea. *Nature*, 394(6692), p.462.
- Navarrete, P., Magne, F., Mardones, P., Riveros, M., Opazo, R., Suau, A., Pochart, P. and Romero, J. 2010. Molecular analysis of intestinal microbiota of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *FEMS microbiology ecology*, 71(1); 148-156.
- Nayak, S.K. 2010. Role of gastrointestinal microbiota in fish. *Aquaculture Research*, 41(11); 1553-1573.
- Newton, R.J., Jones, S.E., Eiler, A., McMahon, K.D. and Bertilsson, S. 2011. A guide to the natural history of freshwater lake bacteria. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 75(1), 14-49.

- Novotny, L., Dvorska, L., Lorencova, A., Beran, V. and Pavlik, I. 2004. Fish: a potential source of bacterial pathogens for human beings. *Veterinarni Medicina-Praha*, 49(9), 343-358.
- Olafsen, J.A. 2001. Interactions between fish larvae and bacteria in marine aquaculture. *Aquaculture* 200, 223–247.
- Payne, M.S., Hall, M.R., Sly, L. and Bourne, D.G. 2007. Microbial diversity within early-stage cultured *Panulirus ornatus* phyllosomas. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(6), 1940-1951.
- Pond, M.J., Stone, D.M. and Alderman, D.J. 2006. Comparison of conventional and molecular techniques to investigate the intestinal microflora of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture*, 261(1); 194-203.
- Purty, R. S. ve Chatterjee, S. 2016. DNA Barcoding: An effective technique in molecular taxonomy. *Austin J Biotechnol Bioeng*, 3(1), id1059, 1-9.
- Qin, G., Liu, C. C., Richman, N. H. ve Moncur, J. E. 2005. Aquaculture wastewater treatment and reuse by wind-driven reverse osmosis membrane technology: a pilot study on Coconut Island, Hawaii. *aquacultural engineering*, 32(3), 365-378.
- Querci, M., Jermini, M. ve Van den Eede, G. 2006. The analysis of food samples for the presence of genetically modified organisms. *Training course*, 33.
- Ramírez-Castillo, F. Y., Loera-Muro, A., Jacques, M., Garneau, P., Avelar-González, F. J., Harel, J. ve Guerrero-Barrera, A.L. 2015. Waterborne pathogens: detection methods and challenges. *Pathogens*, 4(2), 307-334.
- Ray, A. K., Ghosh, K. ve Ringø, E. 2012. Enzyme- producing bacteria isolated from fish gut: a review. *Aquaculture Nutrition*, 18(5), 465-492.
- Sakami, T., Fujioka, Y. ve Shimoda, T. 2008. Comparison of microbial community structures in intensive and extensive shrimp culture ponds and a mangrove area in Thailand. *Fisheries Science*, 74(4), 889-898.
- Sanger, F., Nicklen, S. ve Coulson, A. R. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the national academy of sciences*, 74(12), 5463-5467.
- Schmautz, Z., Graber, A., Jaenicke, S., Goesmann, A., Junge, R. ve Smits, T. H. M. 2016b. Microbial diversity in different compartments of an aquaponics system. *Archives of Microbiology*. 613-620.
- Schmautz, Z., Loeu, F., Liebisch, F., Graber, A., Mathis, A., Bulc, T.G. ve Junge, R. 2016a. 'Tomato productivity and quality in aquaponics: Comparison of three hydroponic methods. *Water*. 8, 533.

- Schreier, H. J., Mirzoyan, N. ve Saito, K. 2010. Microbial diversity of biological filters in recirculating aquaculture systems. *Current opinion in biotechnology*, 21(3), 318-325.
- Schuster, C. ve Stelz, H. 1998. Reduction in the make-up water in semi-closed recirculating aquaculture systems. *Aquacultural Engineering*, 17(3), 167-174.
- Sha, Y., Wang, B. ve Qi, C. 2016. Bacterial Population in Intestines of *Litopenaeus vannamei* Fed Different Probiotics or Probiotic Supernatant. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 26(10), 1736-1745.
- Sharrer, M. J., Summerfelt, S. T., Bullock, G. L., Gleason, L. E. ve Taeuber, J. 2005. Inactivation of bacteria using ultraviolet irradiation in a recirculating salmonid culture system. *Aquacultural Engineering*, 33(2), 135-149.
- Spens, J., Evans, A. R., Halfmaerten, D., Knudsen, S. W., Sengupta, M. E., Mak, S. S., Sigsgaard, E. E. ve Hellström, M. 2017. Comparison of capture and storage methods for aqueous microbial eDNA using an optimized extraction protocol: advantage of enclosed filter. *Methods in Ecology and Evolution*, 8(5), pp.635-645.
- Sugita, H., Nakamura, H. ve Shimada, T. 2005. Microbial communities associated with filter materials in recirculating aquaculture systems of freshwater fish. *Aquaculture*, 243(1), 403-409.
- Summerfelt, S.T., Sharrer, M.J., Tsukuda, S.M. ve Gearheart, M. 2009. Process requirements for achieving full-flow disinfection of recirculating water using ozonation and UV irradiation. *Aquacultural Engineering*, 40(1), 17-27.
- Tan, E. T. 2014. Molecular characterisation of microbial communities associated with live feed and fish larvae in a commercial fish farming system (Doctoral dissertation, UTAR).
- Tang, Y., Tao, P., Tan, J., Mu, H., Peng, L., Yang, D., Tong, S. ve Chen, L. 2014. Identification of bacterial community composition in freshwater aquaculture system farming of *Litopenaeus vannamei* reveals distinct temperature-driven patterns. *International journal of molecular sciences*, 15(8), 13663-13680.
- Teugels, G. G. 1986. A systematic revision of the African species of the genus *Clarias* (Pisces; Clariidae). *Annales-Musee Royal de l'Afrique Centrale. Sciences Zoologiques (Belgium)*.
- Tsuchiya, C., Sakata, T. ve Sugita, H., 2008. Novel ecological niche of *Cetobacterium somerae*, an anaerobic bacterium in the intestinal tracts of freshwater fish. *Letters in applied microbiology*, 46(1): 43-48.
- Üstek, D. 2011. Yeni Nesil DNA Dizileme (New Generation DNA Sequencing). *Deneysel Tıp Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 1(1), 11-18.

- Van der Meeren, T., Brunvold, L., Sandaa, R. A., Bergh, Ø., Castberg, T., Thyrhaug, R. ve Mangor-Jensen, A. 2011. Water quality and microbial community structure in juvenile Atlantic cod (*Gadus morhua* L.) cultures. *Aquaculture*, 316(1), 111-120.
- Vandepitte, J., Lemmens, P. ve De Swert, L. 1983. Human Edwardsiellosis traced to ornamental fish. *Journal of Clinical Microbiology*, 17(1), 165-167.
- Ward, B. B., Glover, H. E. ve Lipschultz, F. 1989. Chemoautotrophic activity and nitrification in the oxygen minimum zone off Peru. *Deep Sea Research Part A. Oceanographic Research Papers*, 36(7), 1031-1051.
- Xie, F., Quan, S., Liu, D., He, W., Wang, Y., Ma, H., Chen, G., Chao, Y. ve Qian, S., 2014. *Novosphingobium kunmingense* sp. nov., isolated from a phosphate mine. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(7), pp.2324-2329.
- Zeng, Y., Ma, Y., Wei, C., Jiao, N., Tang, K., Wu, Z. ve Jian, J. 2010. Bacterial diversity in various coastal mariculture ponds in Southeast China and in diseased eels as revealed by culture and culture-independent molecular techniques. *Aquaculture Research*, 41(9), e172-e186.
- Zhang, X., Fu, L., Deng, B., Liang, Q., Zheng, J., Sun, J., Zhu, H., Peng, L., Wang, Y., Wenying, S. ve Li, W. 2013. *Bacillus subtilis* SC02 supplementation causes alterations of the microbial diversity in grass carp water. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 29(9), pp.1645-1653.

EKLER

EK 1 Onay numarası (Accession number) olmadan sekans, uzunluk ve yüzde benzeşim üzerinden (en yakın benzer nükleotid sekansları için) oluşturulan liste

EK 2 NCBI veri tabanı üzerinden en yüksek benzerlik oranı gösteren bakterilere ve balıklara ilişkin bazı örneklerin onay numaraları listesi

EK 1 Onay numarası (Accession number) olmadan sekans, uzunluk ve yüzde benzeşim üzerinden (en yakın benzer nükleotid sekansları için) oluşturulan liste

55

RAS1 B1				
Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Okuma sayısı	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	51	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	43	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	42	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	39	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	39	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	38	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	34	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	33	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	32	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	31	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	29	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	29	
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	27	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	27	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	25	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	25	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	24	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	23	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	23	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	23	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	22	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,765	22	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	22	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	19	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	19	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	19	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	17	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	16	

Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	15	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	15	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	15	
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	14	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	14	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	14	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	14	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	14	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	13	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	13	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	13	
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	12	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	12	
Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	12	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	12	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	11	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	11	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	10	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	10	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	10	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	10	
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	10	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	10	
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	9	
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	9	
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	9	
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	9	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	9	
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9	

	sequence			
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,122	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	97,653	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	97,418	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	3
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,777	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	3
	Uncultured bacterium clone JFR0501_aaa02a02 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	447	98,658	3
	Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	3
	Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,764	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	3

	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,294	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99,059	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	3
RAS1 B2				
	Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Okuma sayısı
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	23

Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	22
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	19
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	16
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	15
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	15
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	14
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	13
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	13
Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	13
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	13
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	13
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	12
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	11
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	10
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	10
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	10
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	10
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	10
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	9
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9

Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	8
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	8
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	8
Clupea harengus isolate SE_UMEA_9 mitochondrion, complete genome	220	100	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	8
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	7
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	7
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	7
Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	7
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	6
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	6
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	6
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	6
Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	6
Plesiomonas shigelloides strain T3.5B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	6

Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	6
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	6
Cyprinus carpio isolate NEFC F16-248 mitochondrion, complete genome	221	100	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,765	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	6
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	5
Uncultured bacterium clone LIB103_017_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	5
Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	5
Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	5
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,777	5
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	5
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	5
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	5
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	4
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	4
Uncultured Clostridium sp. clone BDYFP7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	422	99,526	4
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	4
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4

Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	4
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	4
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	4
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	4
Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	4
Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	4
Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	4
Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	4
Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	4
Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	4
Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	4
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	4
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	4
Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	4
Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	4
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	4
Plesiomonas shigelloides strain CIFRII 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	3
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA	426	98,826	3

	gene, partial sequence			
	Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,588	3
	Uncultured Clostridium sp. clone BDYFP7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	421	98,575	3
	Uncultured bacterium clone PB1_aai26d10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,588	3
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,777	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_034_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone LIB103_017_P1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Uncultured bacterium clone LIB063_A_E07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,214	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,107	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,438	3
	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,214	3

	Uncultured bacterium clone GP_1aaa02d07 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	440	99,091	3
	Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	3
	Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,588	3
	Plesiomonas sp. UIWRF0818 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	3
	Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	3
	Plesiomonas shigelloides strain Y48W1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Plesiomonas shigelloides strain T3.5B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	3
	Plesiomonas shigelloides strain T3.5B 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,33	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,884	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	98,661	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3

	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	97,887	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	3
RAS2 B1				
	Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Okuma sayısı
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	83
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	81
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	73
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	71
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	65
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	60
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	57
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	54
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	48
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	46
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	43
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	43
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	43
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	43
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	43
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	39
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	39
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	38
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	37
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	37

	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	36
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	36
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	36
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	34
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	33
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,765	32
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	31
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	31
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	30
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	30
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	30
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	27
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	27
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	25
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	25
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	24
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	23
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	23
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	22
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	22
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	22
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	22
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	21
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	21
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	21
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	21
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	21
	Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	19
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	19
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	18

Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	18
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	18
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	17
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	17
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	17
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	16
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	15
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	15
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	15
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	14
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	14
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	14
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	14
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	13
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	13
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	13
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	12
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	12
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	12
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	98,649	11
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	11
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	11
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,588	11
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	11
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	11

Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	11
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	98,423	10
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	10
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	10
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,55	9
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,324	9
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	9
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	9
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	9
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,55	8
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,324	8
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	8
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	8
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	8
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	8
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	7
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	7
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,55	7
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	7
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	7
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	7

Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	14
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	14
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	11
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	11
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	11
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	11
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	10
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	10
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	10
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,765	10
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	10
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	10
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	9
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	8
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	8
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	98,649	7
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	7
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	7

Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	7
Carassius auratus auratus isolate J14 mitochondrion, complete genome	221	100	7
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	6
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	6
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	6
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	6
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,55	5
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	99,324	5
Uncultured bacterium clone Y4C_50 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	444	98,874	5
Uncultured bacterium clone SSB0301-02 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	5
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	5
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	5
Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	5

Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,122	3
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	97,887	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99,294	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99,294	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99,059	3

Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99,059	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,824	3
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	3
RASI Çıkış Suyu			
Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Okuma sayısı
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	7
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	7
Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	7
Uncultured bacterium clone B47 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	6
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	6
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	5
Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,533	5
Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,533	5
Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,299	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	5
Uncultured Rhodobacteraceae bacterium clone Id_93013 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	4
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4
Uncultured bacterium clone NC24d2_18949 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	97,545	4
Uncultured bacterium clone HN4-3-07-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.16943 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	445	96,404	4
Uncultured bacterium clone E28 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial	443	99,323	4

	sequence			
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	4
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,871	4
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	4
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	4
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	4
	Uncultured Rhodobacteraceae bacterium clone Id_100409 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
	Uncultured Paracoccus sp. clone 1c_94467 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
	Uncultured bacterium clone W16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	97,098	3
	Uncultured bacterium clone NC24d2_18949 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	97,991	3
	Uncultured bacterium clone NC24d2_18949 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	96,875	3
	Uncultured bacterium clone HN4-3-07-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
	Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
	Uncultured bacterium clone B47 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
	Uncultured bacterium clone B47 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,871	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	3
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,194	3
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	3
	Tahibacter aquaticus strain STM85 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99,554	3

	Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	215	100	3
	Polynucleobacter asymbioticus 16S ribosomal RNA, partial sequence	447	99,329	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,533	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,299	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,065	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,065	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	98,832	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	98,832	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	98,598	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	98,364	3
	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	98,364	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	3
	Beta proteobacterium SCGC AAA041-A07 16S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	447	98,658	3
	Aurantimicrobium minutum strain KNC 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,533	3
	Aurantimicrobium minutum strain KNC 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99,299	3
RAS2 Giriş Suyu				
	Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Okuma sayısı
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	27
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	24
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	22
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	21
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	20
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	20
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	20
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	17

	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	17
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	16
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	16
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	16
	Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	14
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	14
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	13
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	13
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	13
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,765	13
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	12
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	12
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	12
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	12
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	11
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	11
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	11
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	9
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	9
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	9
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	9
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	98,588	9
	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	8
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	8
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	8
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	8
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	8
	Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	7
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial	443	99,774	7

	sequence			
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	7
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	7
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	7
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	7
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	7
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	7
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	6
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	6
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,871	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	6
	Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	6
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	6
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	6
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	6
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	6
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	6
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	6
	Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	5

Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	5
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	5
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,646	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	5
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	5
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	5
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	4
Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,549	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,323	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	99,097	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,871	4
Uncultured bacterium clone 32-M13_F.ab1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	98,42	4

sequence			
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	4
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	4
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	4
Polynucleobacter asymbioticus 16S ribosomal RNA, partial sequence	447	99,329	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Uncultured prokaryote clone FW-FD-D3-P1-M13r-1_H08 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
Uncultured bacterium clone TW6_92 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	3
Uncultured bacterium clone QH2 32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	438	99,543	3
Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	99,059	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,588	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,357	3

Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	11
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	10
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	10
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	9
Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	9
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	9
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	8
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	8
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	8
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	8
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	7
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	7
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,765	7
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	97,897	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	7
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	7
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	6
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	6
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	6
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	6
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	6
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	6
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	6
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	6
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	97,897	6
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,531	6

Uncultured bacterium gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence, clone: Fei_13Dec90m_53	426	98,122	5
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	5
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,527	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	5
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	422	98,578	5
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	99,065	5
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	5
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	5
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,598	5
Uncultured Polynucleobacter sp. clone 3d_38969 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	447	98,434	4
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,592	4
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,109	4
Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,531	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	4
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	4

Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,296	4
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99,061	4
Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	425	98,824	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	99,065	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,832	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,598	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,598	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	4
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	4
Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	447	99,553	4
Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	447	98,881	4
Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	447	98,658	4
Novosphingobium naphthae strain D39 16S ribosomal RNA, partial sequence	423	99,291	4
Novosphingobium naphthae strain D39 16S ribosomal RNA, partial sequence	423	98,818	4
Homo sapiens haplogroup H1J6 mitochondrion, complete genome	216	99,074	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,592	4
Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,357	4
Beta proteobacterium SCGC AAA041-A07 16S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	447	98,658	4
Beta proteobacterium BIWA24 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	448	99,33	4
Uncultured Polynucleobacter sp. clone 3d_38969 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	447	99,329	3
Uncultured Polynucleobacter sp. clone 3d_38969 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	447	99,105	3
Uncultured Nitrospira sp. clone 1d_97616 16S ribosomal RNA gene, partial	438	99,315	3

sequence			
Uncultured bacterium gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence, clone: Fei_13Dec90m_53	426	98,122	3
Uncultured bacterium clone T1_0911_92 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	97,291	3
Uncultured bacterium clone T1_0911_92 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	97,065	3
Uncultured bacterium clone T1_0911_92 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	443	97,065	3
Uncultured bacterium clone QZ-126 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	449	99,332	3
Uncultured bacterium clone QZ-126 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	449	98,886	3
Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98,826	3
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,345	3
Uncultured bacterium clone OTU3044 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	422	98,341	3
Uncultured bacterium clone HN4-3-07-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,291	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,764	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99,054	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,818	3
Uncultured bacterium clone Espejo_1_17_12_Water.162433 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	98,582	3
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,598	3
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	3
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	3
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	3
Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	3

	WETLE-6L			
	Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,364	3
	Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,131	3
	Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,131	3
	Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,131	3
	Uncultured actinobacterium partial 16S rRNA gene, isolate DGGE band WETLE-6L	428	98,131	3
	Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	447	99,553	3
	Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	447	99,105	3
	Polynucleobacter necessarius isolate PPGSP1 genome assembly, chromosome: I	446	98,655	3

	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,296	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99,061	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	98,826	3
	Beta proteobacterium SCGC AAA041-A07 16S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	447	99,553	3
	Beta proteobacterium SCGC AAA041-A07 16S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence	447	99,553	3
	Beta proteobacterium BIWA24 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	448	98,661	3

EK 2 NCBI veri tabanı üzerinden en yüksek benzerlik oranı gösteren bakterilere ve balıklara ilişkin bazı örneklerin onay numaraları listesi

	Tür	Uzunluk	Yüzde eşleşme	Accession numarası
1	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	426	99	LC210638.1
2	Uncultured bacterium clone 1533 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	KU506747.1
3	Uncultured prokaryote clone FW-FD-D6-P3-M13r-1_B12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	98	KC600461.1
4	Uncultured bacterium clone E-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	KT013205.1
5	Uncultured bacterium clone AD206 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	423	99	KX780345.1
6	Uncultured bacterium clone Otu02899 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	KX997655.1
7	Uncultured bacterium clone E-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	KT013204.1
8	Uncultured bacterium clone OTU770 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	MF454941.1
9	Uncultured bacterium clone OTU697 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	426	99	MF692494.1
10	Cyprinus carpio isolate NEFC F16-248 mitochondrion, complete genome	221	100	MG570427.1
11	Clupea harengus isolate SE_UMEA_9 mitochondrion, complete genome	220	100	MG570435.1
12	Sander lucioperca mitochondrion, complete genome	217	100	KM410087.1
13	Plesiomonas shigelloides strain CIFRI1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	448	99	MG890256.1
14	Aurantimicrobium minutum strain KNC 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99	NR_145615.1
15	Carassius auratus auratus isolate J14 mitochondrion, complete genome	221	100	MF443771.1
16	Cetobacterium somerae gene for 16S ribosomal RNA, partial cds, strain: T88	425	99	LC210638.1
17	Microbacteriaceae bacterium SHINM18 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence	428	99	LC094522.1

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Hacer Özlem ARSLAN

Doğum Yeri : Elazığ

Doğum Tarihi : 25.06.1969

Medeni Hali : Bekâr

Yabancı Dili : İngilizce YÖKDİL-78/ Fransızca/DELF B1 Sertifikası

Eğitim Durumu

Lise :Elazığ Mehmet Akif Ersoy Lisesi

Lisans :Fırat Üniversitesi, Su Ürünleri Fakültesi, (1990)

Lisans :Anadolu Üniversitesi İşletme Fakültesi (2017)

Lisans :Gazi Üniversitesi Fransız Dili ve Edebiyatı Birinci Sınıf,

Yüksek Lisans :Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri
Anabilim Dalı (2015)

Çalışma Durumu

İçişleri Bakanlığı Keban/Elazığ Sivil Savunma Memurluğu (1990-1992)

Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı İl Müdürlüğü (1992-2005) Elazığ

Gıda, Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü (2005-)
Ankara