



MARMARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TUZ GÖLÜ VE TUZLALARININ KİMYASAL ANALİZLERİ, BAKTERİ VE ARKE ÇEŞİTLİLİKLERİ

CAN AKPOLAT

DOKTORA TEZİ

Biyoloji Anabilim Dalı

Biyoloji Programı

DANIŞMAN

Prof. Dr. Meral BİRBİR

EŞ-DANIŞMAN

Prof. Dr. Antonio VENTOSA

İSTANBUL, 2022



MARMARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



TUZ GÖLÜ VE TUZLALARININ KİMYASAL ANALİZLERİ, BAKTERİ VE ARKE ÇEŞİTLİLİKLERİ

CAN AKPOLAT
(720114001)

DOKTORA TEZİ

Biyoloji Anabilim Dalı
Biyoloji Programı

DANIŞMAN

Prof. Dr. Meral BİRBİR

EŞ-DANIŞMAN

Prof. Dr. Antonio VENTOSA

İSTANBUL, 2022

TEŞEKKÜR

Üniversite hayatımın ilk adımlarından itibaren karşıma çıkan her türlü engeli aşmamda yüce gönüllülüğü ile değerli yardımlarını hiçbir zaman esirgemeyen, yetişmemde büyük emekleri olan, hayatıma çok önemli değerler katan, dürüstlüğü, hoşgörüsü, adanmışlığı, çalışkanlığı, bilime, hayata ve insanlığa olan inancı, sabrı, paylaşımcılığı, yardımseverliği, iyi kalpliliği, yol göstericiliği, ilham vericiliği, azmi, cesareti, merhameti, sevgisi ve şefkati ile her zaman örnek aldığım rol modelim Kıymetli Hocam Prof. Dr. Meral BİRBİR'e,

Yüksek Lisans çalışmalarım için laboratuvarını sonsuz bir cömertlikle açarak değeri sözcüklerle betimlenemeyecek kadar önemli bir deneyim elde etmemi sağlayan ve Doktora çalışmalarım süresince de yetişmemde ve deneyim kazanmamda yüce gönüllülüğü, iyi kalpliliği ve yardımseverliği ile bilimsel eşsiz katkılarını ve desteklerini hiçbir zaman esirgemeyerek beni yalnız bırakmayan ve akademik hayatımda her zaman örnek alacağım Çok Değerli Hocam Prof. Dr. Antonio VENTOSA'ya,

Çalışmanın mükemmel hâle getirilmesi için büyük bir özveriyle kıymetli vaktini ayırarak pek muteber desteğini ve katkılarını iyi kalpliliği ve yardımseverliği ile cömertçe paylaşan Dr. Ana Beatriz FERNÁNDEZ'e,

Tez çalışmam boyunca karşılaştığım çeşitli sorunların üstesinden gelebilmem için kıymetli vakitlerini ayırarak değerli yol gösterici önerilerini her daim yüce gönüllülükle paylaşmaktan çekinmeyen Kıymetli Hocalarım Prof. Dr. Barış ÇALLI'ya ve Prof. Dr. Gülşen ALTUĞ'a

Üniversite yaşamım boyunca yetişmemde önemli katkıları ve emekleri bulunan ve desteklerini her zaman cömertlikle paylaşan başta Biyoloji Bölüm Başkanı Prof. Dr. Nagihan GÜLSOY, Prof. Dr. Filiz VARDAR ve Prof. Dr. Yıldız AYDIN olmak üzere Bölümümüzdeki Değerli Hocalarıma,

Yüksek Lisans ve Doktora çalışmalarım boyunca değerli desteğini ve yardımlarını esirgemeyen ve tüm bilgi birikimini benimle paylaşan Doç. Dr. Pınar ÇAĞLAYAN'a,

Yüksek Lisans ve Doktora sürecimde değerli yardımlarını gördüğüm başta Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü Değerli Hocam Prof. Dr. Bülent EKİCİ

olmak üzere Enstitümüzdeki Kıymetli Hocalarıma ve Enstitü Çalışanlarına,

Çalışmamızı Tuz Gölü ve Tuzlalarının Metagenomik Analizi başlıklı, FEN-C-DRP-120417-0186 numaralı, 40850.78 TL bütçeli projesiyle destekleyen Marmara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne ve Birimin Değerli Hocalarına ve Çalışanlarına,

Çalışmanın analizlerini gerçekleştirmede pek değerli destek ve yardımlarını gördüğüm Dr. Öğretim Üyesi İlker KARACAN'a ve Dr. Araştırma Görevlisi Hatice YEŞİL'e,

Örnek toplama sürecinde büyük bir yardımseverlikle kıymetli desteğini esirgemeyerek beni yalnız bırakmayan Kardeşim Emrah KESKİNSOY'a,

Örneklerin araştırma bölgelerinden toplanma ve laboratuvara sevk edilme süreçlerinde değerli yardımlarını gördüğüm Ahmet İSMAİLOĞLU, Ahmet SOLAK, Birol MUTLU, Erdem CAN, Fatih HAKTAN, İlker ÖZKEÇECİGİL, Muharrem DURUKAN, Muzaffer MUTLU, Ozan ATILGAN, Tufan GÖK ve Yusuf Sinan DOĞAN'a,

Okuduğunuz yazıyı yazabilmemi ve okuyabilmemi borçlu olduğum, yetişmemde eşsiz katkıları bulunan, çocukluk kahramanım, İlkokul Öğretmenim Birten ERTEN'e,

Meslek ve üniversite seçimi sürecinde rasyonel, gerçekçi, yüreklendirici ve ileri görüşlü önerileriyle yol göstericim olan Biyoloji Öğretmenim Emine GÜLER DURMAZ'a,

Yetişmemde paha biçilemez emekleri bulunan ve benim için değerleri kelimelerle ifade edilemeyecek kadar büyük olan tüm Saygıdeğer Hocalarıma,

Çalışma boyunca değerli desteklerini ve anlayışlarını asla esirgemeyen Gökkuşluğu Koleji ve İstanbul Gelişim Üniversitesi'nin Kıymetli Kurucuları Abdulkadir GAYRETLİ ve Şule GAYRETLİ, Gökkuşluğu Koleji Genel Müdürü Mesut DÖNER, Lise Müdürü Zikri BÜYÜK ve Uluslararası Programlar Koordinatörü Murat KOTAN'a, Cesaretlendirici sözleri ve davranışlarıyla desteklerini daima yanımda hissettiğim ve varlıklarına sonsuz şükürler ettiğim Sevgili Öğrencilerime,

Yanımda oldukları sürece her türlü zorluğa göğüs gerebilme cesaretini her zaman hissettiğim, maddi ve manevi desteklerini hiçbir zaman esirgemeyen ve ebedî sabır ve anlayışlarıyla her zaman yanımda olan Sevgili Aileme teşekkürü bir borç bilirim.

Haziran, 2022

Can AKPOLAT

İÇİNDEKİLER

TEŞEKKÜR.....	i
İÇİNDEKİLER.....	iii
ÖZET	v
ABSTRACT	vi
YENİLİK BEYANI	vii
SEMBOLLER.....	viii
KISALTMALAR.....	x
ŞEKİL LİSTESİ	xi
TABLO LİSTESİ.....	xx
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Hipersalin Ortamlar.....	5
1.2. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları	6
1.3. Tuz Gölü ve Tuzlaları ile İlgili Yapılan Çalışmalar.....	13
1.4. Çalışmamızda Saptanan Taksonlara Ait Bilgiler	22
2. MATERYAL ve YÖNTEM.....	39
2.1. Örnekleme Alanının Belirlenmesi.....	39
2.2. Tuzlu Su Örneklerinin Toplanması	39
2.3. Örnekleme Noktalarının Koordinatlarının Belirlenmesi.....	39
2.4. Tuzlu Su Örneklerinin Kodlarının Belirlenmesi	40
2.5. Tuzlu Su Örneklerinin Sıcaklık Değerlerinin Saptanması	40
2.6. Tuzlu Su Örneklerinin pH Değerlerinin Saptanması	40
2.7. Tuzlu Su Örneklerinin Toplam Tuzluluk Değerlerinin Saptanması	40
2.8. Tuzlu Su Örneklerinin Farklı Kimyasal Analizlerinin Yapılması.....	41
2.9. Tuzlu Su Örneklerinden Hücrelerin Toplanması	41

2.10. Tuzlu Su Örneklerinden Toplanan Hücrelerden DNA Ekstraksiyonunun Yapılması.....	42
2.11. Ekstre Edilen DNA’lardan 16S rRNA Amplikonlarının Çoğaltılması	43
2.12. Veri Tabanları Kullanılarak Metagenomik Okumaların Karşılaştırmalı Analizlerinin Yapılması.....	44
2.13. Farklı Değişkenler Arası İstatistiksel ve Temel Bileşenler Analizlerinin Yapılması.....	45
2.14. Dizi Verilerine Erişilebilirliğin Sağlanması	45
3. BULGULAR ve TARTIŞMA.....	46
4. SONUÇLAR	279
KAYNAKLAR.....	281
ÖZ GEÇMİŞ	

ÖZET

TUZ GÖLÜ VE TUZLALARININ KİMYASAL ANALİZLERİ, BAKTERİ VE ARKE ÇEŞİTLİLİKLERİ

Tuz Gölü (Türkiye) ekolojik olarak değerli bir hipersalin ekosistemdir. Tuz Gölü'nün özgün özelliklerini ortaya çıkarmak için Tuz Gölü, Derin Bölge ve Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından 30 adet tuzlu su örneği toplanarak prokaryotik topluluklar ve fizikokimyasal özellikler sırasıyla 16S rRNA ampikon dizileme tekniği ve standart yöntemler kullanılarak analiz edilmiştir. 16S rRNA genlerinden (Illumina Kimya) elde edilen verilere göre bu habitatlarda *Archaea* (okumaların %98.41'i), *Bacteria* (okumaların %1.38'i) göre daha baskın olarak bulunmuştur. *Euryarchaeota* şubesinin temsilcileri en baskın cinsler olarak tespit edilirken, okumaların sırasıyla %59.48'i ve %1.32'si 18 arke ve 19 bakteri cinsine atanmıştır. *Euryarchaeota* şubesine ait *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Halolamina* ve *Halobacterium* arkeal cinsleri ve *Rhodothermaeota* şubesine ait *Salinibacter* bakteriyel cinsi örneklerde %1'in üzerinde dizi ile temsil edilmiştir. *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri tüm örneklerde bulunmuştur. *Haloquadratum*, *Haloarcula* ve *Halorhabdus* cinsleri en bol bulunan cinslerken, iki adet kültüre edilmemiş Tuz Gölü *Halobacteria* (TGH-1 ve TGH-2) taksonları yüksek miktarda saptanmıştır ve kültüre edilmemiş Tuz Gölü *Halobacteria* (TGH-3) taksonu daha az miktarda bulunmuştur. *Haloquadratum*, *Halorhabdus* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 taksonu birbirleriyle pozitif korelasyonlar gösterirken, *Haloarcula*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halomicrobium*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Halosimplex*, *Natronomonas* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 taksonu ile negatif korelasyonlar göstermiştir. *Halonotius* cinsi ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 taksonu, *Halorubrum* ile *Natronomonas* cinsleri, *Halolamina* ile *Halobacterium* cinsleri arasında güçlü pozitif korelasyonlar saptanırken, *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* haricindeki diğer cinslerin birbirleriyle genellikle pozitif korelasyonlar gösterdikleri saptanmıştır. Sonuç olarak, Tuz Gölü arkeal cins çeşitliliğinin daha baskın olduğu özgün bir talasohalin göldür.

Haziran, 2022

Can AKPOLAT

ABSTRACT

CHEMICAL ANALYSES, BACTERIAL AND ARCHAEAL DIVERSITY OF THE TUZ LAKE AND ITS SALTURNS

Tuz Lake (Türkiye) is an ecologically valuable hypersaline ecosystem. To reveal Tuz Lake's unique characteristics, prokaryotic communities, and physico-chemical characteristics of 30 brine samples collected from the Tuz Lake, Deep Zone, and Kayacik, Kaldirim, and Yavsan saltens were respectively analyzed using 16S rRNA amplicon sequencing and standard methods. According to data obtained from 16S rRNA genes (Illumina chemistry), *Archaea* (98.41% of reads) was found to be more dominant than *Bacteria* (1.38% of reads) in these habitats. Representatives of the phylum *Euryarchaeota* were detected as the most dominant genera, with 59.48% and 1.32% of the reads assigned to 18 archaeal and 19 bacterial genera, respectively. Archaeal genera, belonging to *Euryarchaeota*, *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Halolamina*, and *Halobacterium* and bacterial genus, belonging to *Rhodothermaeota*, *Salinibacter* were represented with more than 1% sequences in the samples. Genera *Haloquadratum* and *Halorhabdus* were found in all brine samples. While *Haloquadratum*, *Haloarcula*, and *Halorhabdus* were the most abundant genera, two uncultured Tuz Lake *Halobacteria* (TLH-1 and TLH-2) taxa were detected in high abundance, and an additional uncultured Tuz Lake *Halobacteria* (TLH-3) taxon was found as a minor abundant uncultured taxon. While genera *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, and uncultured TLH-2 taxon showed positive correlations with each other, genera *Haloarcula*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halomicrobium*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Halosimplex*, *Natronomonas*, and uncultured *Halobacteria* TLH-1 demonstrated negative correlations with each other. While strong positive correlations were found between the genus *Halonotius* and the uncultured taxon *Halobacteria* TLH-1, the genera *Halorubrum* and *Natronomonas*, and the genera *Halolamina* and *Halobacterium*, other genera except *Haloquadratum* and *Halorhabdus* generally showed positive correlations with each other. In conclusion, Tuz Lake is a unique thalassohaline lake with more archaeal genus diversity.

June, 2022

Can AKPOLAT

YENİLİK BEYANI

TUZ GÖLÜ VE TUZLALARININ KİMYASAL ANALİZLERİ, BAKTERİ VE ARKE ÇEŞİTLİLİKLERİ

Bu çalışma, Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan 30 adet tuzlu su örneklerinde 16S rRNA amplikon dizileme yöntemi ile prokaryotik çeşitliliğin detaylı olarak ortaya konulduğu ilk çalışmadır. Tuz Gölü örneklerinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halolamina*, *Salinibacter* ve *Halobacterium*; Derin Bölge örneklerinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus*; Kayacık Tuzlası örneklerinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula* ve *Halorubrum*; Kaldırım Tuzlası örneklerinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halolamina*, *Halorubrum*, *Halosimplex* ve *Salinibacter* ve Yavşan Tuzlası örneklerinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Salinibacter* ve *Halonotius* cinsleri %1'in üstünde bolluklarda tespit edilmiştir. Ayrıca çalışmamızda 3 adet kültüre edilmemiş *Halobacteria* taksonu (TGH-1, TGH-2 ve TGH-3) bulunmuş ve ilk kez raporlanmıştır. Çalışmamızda ayrıca 30 tuzlu su örneğinin standart metotlar kullanılarak fizikokimyasal analizleri de gerçekleştirilmiştir. Bunlara ek olarak çalışmamızda, alfa-beta çeşitlilik indeksleri ile yüzde bollukları, temel bileşenler analizleri, fizikokimyasal parametreler ile tuzlu su örnekleri ve tespit edilen cinsler ve taksonlar arasındaki korelasyon analizleri yapılmıştır.

Haziran, 2022

Prof. Dr. Meral BİRBİR

Prof. Dr. Antonio VENTOSA

Can AKPOLAT

SEMBOLLER

α	: Alfa
$\pm$	: Artı-eksi
β	: Beta
$^{\circ}\text{C}$	: Derece santigrat
D	: Doğu
-	: Eksi
=	: Eşit
γ	: Gama
g	: Gram
Ca^{2+}	: Kalsiyum iyonu
km^2	: Kilometrekare
Cl^-	: Klorür iyonu
K	: Kuzey
<	: Küçüktür
L	: Litre
Mg^{2+}	: Magnezyum iyonu
m	: Metre
m^2	: Metrekare
μm	: Mikrometre

mg	: Miligram
ml	: Mililitre
mm	: Milimetre
M	: Molar
nm	: Nanometre
K⁺	: Potasyum iyonu
®	: Tescilli ticari marka işareti
cm	: Santimetre
cm³	: Santimetreküp
Na⁺	: Sodyum iyonu
NaCl	: Sodyum klorür
%	: Yüzde

KISALTMALAR

DNA	: Deoksiribonükleik asit
F	: İleri (Forward)
KT	: Kaldırım Tuzlası
KYT	: Kayacık Tuzlası
OTU	: Operasyonel taksonomik birim
PCA	: Temel bileşenler analizi
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
FÇ	: Filogenetik çeşitlilik
pH	: Hidrojen iyon konsantrasyonunun eksi logaritması
R	: Geri (Reverse)
rpm	: Dakikadaki devir sayısı
rRNA	: Ribozomal ribonükleik asit
S	: Svedberg ünitesi
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
sp	: Tür (Species)
TG	: Tuz Gölü
TGH	: Tuz Gölü <i>Halobacteria</i>
V	: Değişken
YT	: Yavşan Tuzlası

ŞEKİL LİSTESİ

- Şekil 1.1.** Güneş buharlaşma (solar evaporasyon) yöntemi ile tuz üretim akış şeması.. **12**
- Şekil 2.1.** Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan 30 adet tuzlu su numunesinin örnekleme bölgelerinin Google Haritalar uygulamasından elde edilen uydu görüntüleri. **39**
- Şekil 3.1.** Seyreltme eğrileri; **(A)** PD Whole Tree indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi; **(B)** Chao 1 indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi; **(C)** Observed OTUs indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi..... **58**
- Şekil 3.2.** Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen prokaryotik toplulukların şube dağılımları..... **68**
- Şekil 3.3.** Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin ortalama yüzde bollukları. **80**
- Şekil 3.4.** TG1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları. **82**
- Şekil 3.5.** TG1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları. **83**
- Şekil 3.6.** TG1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları. **85**
- Şekil 3.7.** TG1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları. **86**
- Şekil 3.8.** Tuz Gölü'nün TG1 bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları..... **88**
- Şekil 3.9.** Tuz Gölü'nün TG1 bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları. **89**
- Şekil 3.10.** TG2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları. **91**

Şekil 3.11. TG2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	92
Şekil 3.12. TG2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	94
Şekil 3.13. TG2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	95
Şekil 3.14. Tuz Gölü'nün TG2 bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	97
Şekil 3.15. Tuz Gölü'nün TG2 bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	98
Şekil 3.16. TG3A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	100
Şekil 3.17. TG3A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	101
Şekil 3.18. TG3B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	103
Şekil 3.19. TG3B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	104
Şekil 3.20. Tuz Gölü'nün TG3 bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	106
Şekil 3.21. Tuz Gölü'nün TG3 bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	107
Şekil 3.22. TG4A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	109

Şekil 3.23. TG4A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	110
Şekil 3.24. TG4B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	112
Şekil 3.25. TG4B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	113
Şekil 3.26. Tuz Gölü'nün TG4 bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	115
Şekil 3.27. Tuz Gölü'nün TG4 bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	116
Şekil 3.28. TG5A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	118
Şekil 3.29. TG5A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	119
Şekil 3.30. TG5B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	121
Şekil 3.31. TG5B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	122
Şekil 3.32. Tuz Gölü'nün TG5 bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	124
Şekil 3.33. Tuz Gölü'nün TG5 bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	125
Şekil 3.34. TG6A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	127

Şekil 3.35. TG6A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	128
Şekil 3.36. TG6B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	130
Şekil 3.37. TG6B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	131
Şekil 3.38. Tuz Gölü'nün TG6 bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	133
Şekil 3.39. Tuz Gölü'nün TG6 bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	134
Şekil 3.40. TG7A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	136
Şekil 3.41. TG7A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	137
Şekil 3.42. TG7B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	139
Şekil 3.43. TG7B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	140
Şekil 3.44. Tuz Gölü'nün TG7 bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	142
Şekil 3.45. Tuz Gölü'nün TG7 bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	143
Şekil 3.46. TG8A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	153

Şekil 3.47. TG8A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	154
Şekil 3.48. TG8B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	156
Şekil 3.49. TG8B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	157
Şekil 3.50. Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	159
Şekil 3.51. Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	160
Şekil 3.52. TG9A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	162
Şekil 3.53. TG9A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	163
Şekil 3.54. TG9B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	165
Şekil 3.55. TG9B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	166
Şekil 3.56. Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	168
Şekil 3.57. Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	169
Şekil 3.58. KYT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	173

Şekil 3.59. KYT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	174
Şekil 3.60. KYT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	176
Şekil 3.61. KYT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	177
Şekil 3.62. Kayacık Tuzlasının KYT1 bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	179
Şekil 3.63. Kayacık Tuzlasının KYT1 bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	180
Şekil 3.64. KYT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	182
Şekil 3.65. KYT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	183
Şekil 3.66. KYT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	185
Şekil 3.67. KYT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	186
Şekil 3.68. Kayacık Tuzlasının KYT2 bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	188
Şekil 3.69. Kayacık Tuzlasının KYT2 bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	189
Şekil 3.70. KT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	195

Şekil 3.71. KT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	196
Şekil 3.72. KT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	198
Şekil 3.73. KT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	199
Şekil 3.74. Kaldırım Tuzlasının KT1 bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	201
Şekil 3.75. Kaldırım Tuzlasının KT1 bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	202
Şekil 3.76. KT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	204
Şekil 3.77. KT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	205
Şekil 3.78. KT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	207
Şekil 3.79. KT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	208
Şekil 3.80. Kaldırım Tuzlasının KT2 bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	210
Şekil 3.81. Kaldırım Tuzlasının KT2 bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	211
Şekil 3.82. YT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	217

Şekil 3.83. YT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	218
Şekil 3.84. YT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	220
Şekil 3.85. YT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	221
Şekil 3.86. Yavşan Tuzlasının YT1 bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	223
Şekil 3.87. Yavşan Tuzlasının YT1 bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	224
Şekil 3.88. YT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	226
Şekil 3.89. YT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	227
Şekil 3.90. YT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	229
Şekil 3.91. YT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	230
Şekil 3.92. Yavşan Tuzlasının YT2 bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	232
Şekil 3.93. Yavşan Tuzlasının YT2 bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.	233
Şekil 3.94. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen cinslerin taksonomik sınıflandırılmaları.	260

Şekil 3.95. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen prokaryotik toplulukların taksonomik profilleri.....	261
Şekil 3.96. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde en az %1 16S rRNA dizisi ile tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin yüzde bollukları.....	262
Şekil 3.97. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin temel bileşenler analizi. (A) Ağırlıklandırılmamış UniFrac, (B) Ağırlıklandırılmış UniFrac.....	265
Şekil 3.98. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %1'in üzerinde dizilerle temsil edilen cinsler ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'ler arasındaki istatistiksel korelasyonlar.	267
Şekil 3.99. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örnekleri ve fizikokimyasal parametrelerinin PCA grafiği.....	269

TABLO LİSTESİ

Tablo 3.1. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin çevresel ve fizikokimyasal parametreleri.	50
Tablo 3.2. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin sıcaklık (°C), pH ve tuzluluk (%) değerleri ile sodyum (Na^+), potasyum (K^+), magnezyum (Mg^{2+}), kalsiyum (Ca^{2+}) ve klorür (Cl^-) konsantrasyonlarının standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.	53
Tablo 3.3. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaraları.	55
Tablo 3.4. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaralarının standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.	56
Tablo 3.5. %97 benzerlikteki OTU kümelerine dayanan prokaryotik zenginlik ve çeşitlilik tahminleri.	63
Tablo 3.6. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin alfa çeşitlilik indekslerinin (PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance) standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.	66
Tablo 3.7. Tuz Gölü'nden toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.	71
Tablo 3.8. Derin Bölge'den toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.	73
Tablo 3.9. Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.	78
Tablo 3.10. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin ortalama yüzde dağılımları ve standart hataları.	79

Tablo 3.11. Tuz Gölü'nden toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	144
Tablo 3.12. Tuz Gölü tuzlu su örneklerinden tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.....	148
Tablo 3.13. Derin Bölge'den toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	170
Tablo 3.14. Derin Bölge tuzlu su örneklerinden tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.....	171
Tablo 3.15. Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	190
Tablo 3.16. Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.....	192
Tablo 3.17. Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	212
Tablo 3.18. Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.....	214
Tablo 3.19. Yavşan Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH'lerin yüzde bollukları.	234
Tablo 3.20. Yavşan Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.....	236
Tablo 3.21. Tuz Gölü örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	241
Tablo 3.22. Derin Bölge örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	242
Tablo 3.23. Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	243

Tablo 3.24. Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	244
Tablo 3.25. Yavşan Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	245
Tablo 3.26. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları örneklerinde tespit edilen kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1, kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2 ve kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3 ortalama yüzde bollukları ve standart hataları.	247
Tablo 3.27. Tuz Gölü örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	250
Tablo 3.28. Derin Bölge örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	251
Tablo 3.29. Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	252
Tablo 3.30. Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	253
Tablo 3.31. Yavşan Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	254
Tablo 3.32. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile saptanan cins düzeyindeki taksonomik dağılımın standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.	258
Tablo 3.33. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile saptanan cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.....	259
Tablo 3.34. Fizikokimyasal parametrelerin temel bileşenler analizi.	270

1. GİRİŞ

Tuz, uygarlığın ekonomik ve sosyopolitik gelişiminde anahtar rol oynayan ve bu önemli rolünü tarih boyunca hiç kaybetmemiş, cam, çelik, deri, gıda, kâğıt, kauçuk, kimya, kozmetik, tarım ve tekstil gibi sektörlerde tahmin edilen 14000 farklı kullanım alanı bulunan, oldukça kayda değer bir mineral olarak değerlendirilmektedir (Ergin, 1988; Avcı, 2003; Gölbaş ve Başbüyük, 2012).

Doğal tuz göllerinden ve tuzlalardan elde edilen tuzlar, gıdalardaki ve derilerdeki su içeriğini düşürerek bakteriyel faaliyetleri en az indirmek amacıyla kullanılmaktadır. Böylece tuzlanmış gıdalar ve tuzlanmış deriler de yapay olarak oluşturulmuş diğer tuzlu ortamlar olarak tanımlanmaktadır.

Tuzlu ortamlar olan tuz gölleri, tuzlalar, tuzcul topraklar, tuzlanmış gıdalar, tuzlanmış deriler ve derin-deniz tuzlu su havuzları ile ilgili literatürde pek çok mikrobiyolojik çalışma bulunmaktadır (Berber ve Birbir, 2010; Berber ve ark., 2010; Amoozegar ve ark., 2012; Akpolat ve ark., 2015; Çağlayan ve ark., 2015; Birbir ve ark., 2016; Shahinpei ve ark., 2017; Çağlayan ve ark., 2018; Berber ve Birbir, 2019; Birbir ve ark., 2020; Berber, 2020; Enquahone ve ark., 2020). Bu çalışmalarda tuzlu ortamlarda bakteriler ve arkeler gibi prokaryotik mikroorganizmaların yaygın olarak bulunduğu açıklanmaktadır. Bununla birlikte, fotosentetik ve heterotrofik protistalar, mantarlar ve virüsler de bu ortamlarda bulunduğu araştırmacılar tarafından saptanmıştır (Ventosa, 2006; Cho ve ark., 2008; De la Haba ve ark., 2011; Santos ve ark., 2012; Luk ve ark., 2014).

Tuz Gölü'ndeki mikrobiyal popülasyonlarla ilgili ilk deneyler, 20. yüzyılın son çeyreğinde görülmektedir. Tuz Gölü'nün prokaryotik popülasyonları, fenotipik özellikler, polar lipid içerikleri, 16S rRNA gen dizilerine göre en çok kültüre bağımlı yöntemler kullanılarak araştırılmıştır (Aksöz ve Kolonkaya, 1984; Birbir ve ark., 2002; Birbir ve Sesal, 2003; Birbir ve ark., 2007; Özcan ve ark., 2007; İspirli ve ark., 2019).

Dundas'ın kompleks besiyerinde gelişen Gram negatif ılımlı halofil bakterilerin Tuz Gölü'nden izolasyonu ilk olarak 1984 yılında Aksöz ve Kolonkaya tarafından gerçekleştirilmiştir.

Diğer bir çalışmada, Tuz Gölü'nün tuzlu su ve tuz kristali örneklerinden aşırı halofil 32

arkeal suş izole edilmiş ve geleneksel test yöntemleri kullanılarak incelenmiştir (Birbir ve Sesal, 2003). Bu izolatların farklı antibiyotiklere karşı fenotipik özellikleri ve antibiyotik duyarlılıkları belirlenmiştir. Tüm izolatların lipaz enzimi ve izolatların %72'si jelatinaz, %14'ü selülaz ve %7'si β -galaktosidaz enzimleri ürettikleri belirtilmiştir (Birbir ve Sesal, 2003). Birbir ve arkadaşlarının 2007 yılında yaptıkları çalışmada Tuz Gölü'nden 14 izolat, Kaldırım Tuzlasından 9 izolat ve Kayacık Tuzlasından 4 izolat olarak izole edilen toplam 27 kırmızı/pembe renkli aşırı halofil arke fenotipik özellikleri, filogenetik analizleri, polar lipit içerikleri ve farklı antibiyotiklere karşı antibiyotik duyarlılıkları ile karakterize edilmiştir (Birbir ve ark., 2007). Filogenetik analizlerin sonuçlarına göre (16S rRNA gen dizileme) çoğu suş *Haloarcula*, *Halorubrum* ve *Halobacterium* cinslerinin üyeleriyle yüksek dizi benzerliği gösterdiği belirtilmiştir. *Haloarcula* cinsinin Tuz Gölü, Kaldırım ve Kayacık Tuzlalarında en baskın cins olarak tespit edildiği raporlanmıştır. Ayrıca izolatların %85'inin lipaz, %78'inin proteaz, %78'inin selülaz, %74'ünün amilaz, %56'sının DNaz, %15'inin β -galaktosidaz ve %15'inin kazeinaz gibi endüstriyel açıdan önemli enzimleri ürettikleri bildirilmiştir (Birbir ve ark., 2007).

2007 yılında Tuz Gölü'nde yapılan bir başka çalışmada gölün kuzeyinden toplanan tuzlu su ve tuz kristalleri örneklerindeki arkelerin morfolojik analizleri, biyokimyasal reaksiyonları, lipit analizleri, plazmit içerikleri, farklı antimikrobiyal ajanlara karşı duyarlılıkları ve 16S rDNA gen dizileri incelenmiştir (Özcan ve ark., 2007). Araştırmacılar, *Natrialba*, *Natrinema*, *Haloterrigena*, *Haloferax*, *Halorubrum*, *Halomicrobium* ve *Haloarcula* cinslerinin üyeleri ile yüksek dizi benzerliği gösteren 11 izolatu elde ettiklerini bildirmişlerdir. Tüm izolatların katalaz ve oksidaz enzimlerini ürettikleri belirtilirken, bazı izolatların lipaz, proteaz, kazeinaz, amilaz ve farklı karbon kaynaklarından asit ürettikleri belirtilmiştir (Özcan ve ark., 2007).

İspirli ve arkadaşları 2019 yılında *Halobacterium salinarum*, *Halobacterium* sp., *Haloarcula salaria*, *Haloarcula* sp., *Halorubrum* sp. ile yüksek benzerlik gösteren ve bakteriyorodopsin üreten 11 suşu Tuz Gölü'nden izole ettiklerini açıklamışlardır (İspirli ve ark., 2019).

Bir başka çalışmada araştırmacılar, Tuz Gölü'nden izole edilen *Bacillus subtilis* H1 suşu ve *Bacillus thuringiensis* H2 suşunun biyoremediasyon potansiyeline sahip

olduklarını vurgulamışlardır. Çalışmada halotolerant *Bacillus subtilis* H1 suşu ve *Bacillus thuringiensis* H2 suşunun ayrışmayan haloalkanoik asitler (α -haloalkanoik ve β -haloalkanoik asitler), haloasetatlar (monokloroasetat ve trikloroasetat) ve klorpirifosları degrade ettiklerini raporlamışlardır. Her iki *Bacillus* izolatının da pH 8.0 ve 30 °C’de 2,2-dikloropropiyonik asiti optimum olarak degrade ettikleri belirtilmiştir (Oyewusi ve ark., 2020).

Araştırmacılar, bahsedilen çalışmaların yanı sıra kültürden bağımsız yöntemler kullanarak Tuz Gölü’ndeki arke ve bakteri popülasyonlarını incelemişlerdir (Mutlu ve ark., 2008; Çınar ve Mutlu, 2020; Ünal ve Küçükyıldırım, 2020; Oyewusi ve ark., 2021). Mutlu ve arkadaşları 2008 yılında yaptıkları çalışmada FISH metodu ile tespit edilen arkeal topluluk yüzdesinin bakteriyel topluluk yüzdesinden daha yüksek bulduklarını bildirmişlerdir. Çalışmada 16S rRNA gen kütüphanesi verilerine dayanarak, Tuz Gölü’nde Walsby grubunun kare haloarke üyeleri ve *Salinibacter ruber* ile ilgili filotipler baskın mikroorganizmalar olarak bulunmuştur (Mutlu ve ark., 2008).

Yakın zamanda yapılan bir başka çalışmada ise Tuz Gölü’nün Cihanbeyli ve Şereflikoçhisar bölgelerinden toplanan 11 sediment örneğinde bulunan arke ve bakteri çeşitliliği, Illumina MiSeq dizileme platformu ve klonlama kullanılarak 16S rRNA geninin V4 bölgesinin karşılaştırılması incelenmiştir. *Gammaproteobacteria*, *Bipolaricaulia*, *Desulfovibrionia*, aday bölüm MSBL-1, *Bacteroidia* ve *Desulfobacteria* en bol bulunan sınıflar olarak tespit edilirken, *Gemmatimonadota_c*, *Rhodothermia*, *Alphaproteobacteria*, *Methanonatronarchaeia*, *Thermoplasmata*, *Halanaerobiia*, *Desulfobulbia* ve *Bacilli* sınıfları ise düşük bollukta tespit edilmiştir (Çınar ve Mutlu, 2020).

Tuz Gölü’nde gerçekleştirilen kültürden bağımsız başka bir çalışmada, 16S rDNA metabarkodlama tekniği kullanılarak yaklaşık 29 arkeal ve 23 bakteriyel OTU tespit edildiği araştırmacılar tarafından bildirilmiştir. Çalışmada Tuz Gölü’nden toplanan beş tuzlu su örneğinde en çok *Haloquadratum walsbyi* ve *Salinibacter* cinsine ait OTU’lar tespit edilmiştir (Ünal ve Küçükyıldırım, 2020).

Kültürden bağımsız yöntemlerle gerçekleştirilen bir başka çalışmada Oyewusi ve arkadaşları Tuz Gölü’nün bakteriyel kompozisyonunu bakteriyel 16S rRNA geninin V3-V4 değişken bölgeleri ile incelemişlerdir. Çalışmada bakterilere özgü ileri primer

27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') ve geri primer 1492R (3'-GGTTACCTTGTTACGACTT-5') kullanılarak amplikonlar oluşturulmuştur. Araştırmacılar 16S rRNA amplikon dizileme tekniğini kullanarak Tuz Gölü'nden topladıkları iki tuzlu su örneğinde *Firmicutes* (%84, %70), *Fusobacteria* (%9, %22) ve *Proteobacteria* (%6, %7) şubelerinin en bol bakteri şubeleri olarak belirlendiğini bildirmişlerdir. Bununla birlikte, incelenen tuzlu su örneklerinde daha az baskın olarak *Bacteroidetes* (%0.6) şubesi tespit edildiği belirtilmiştir. Çalışmada *Romboutsia* (%45, %35), *Clostridium sensu stricto 1* (%8, %8), *Cetobacterium* (%9, %22) ve *Photobacterium* (2%, 3%) cinsleri tuzlu su örneklerinde en bol bulunan cinsler olarak raporlanmıştır (Oyewusi ve ark., 2021).

Yukarıda bahsedilen çalışmalarda görüldüğü üzere, Tuz Gölü üzerinde yapılan çalışmaların çoğunun kültüre bağlı metotlar kullanılarak prokaryotik çeşitliliği karakterize etme eğilimi gösterdiği görülmektedir (Aksöz ve Kolonkaya, 1984; Birbir ve ark., 2002; Birbir ve Sesal, 2003; Birbir ve ark., 2007; Özcan ve ark., 2007). Doğal ortamlarda bulunan mikroorganizmaların büyük çoğunluğunun laboratuvar kültürlerinde yetiştirilemediği iyi bilinmektedir (Schloss ve Handelsman, 2005a). Ayrıca, kültürden bağımsız analizlerle gerçekleştirilen önceki mikrobiyolojik çalışmalarda Tuz Gölü'ndeki prokaryotik toplulukların varlığı, Tuz Gölü'nün büyük uzantısına kıyasla birkaç örnek veya örnekleme alanıyla ve Tuz Gölü'nün bakteri veya sedimentlerinin incelenmesiyle sınırlı kalmıştır (Mutlu ve ark., 2008; Çınar ve Mutlu, 2020; Ünal ve Küçükyıldırım, 2020; Oyewusi ve ark., 2021). 16S rRNA amplikon dizilimi kullanılarak Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının farklı örnekleme alanlarındaki prokaryotik topluluklarının tespiti, arkeal ve bakteriyel çeşitliliğinin anlaşılmasına büyük katkı sağlayacaktır. Çeşitli çevresel değişiklikler ve artan baskılara maruz kalan bu su ortamlarındaki değişimlerin etkili bir şekilde gözlenebilmesi ve anlamlandırılmasının mikrobiyal toplulukların karakterizasyonuna bağlı olduğu düşünülmektedir. Bu nedenle, çalışmamızda Tuz Gölü (7 farklı örnekleme alanından toplanan 14 farklı tuzlu su örneği), Derin Bölge (2 farklı örnekleme alanından toplanan 4 farklı tuzlu su örneği), Kayacık Tuzlası (2 farklı örnekleme alanından toplanan 4 farklı tuzlu su örneği), Kaldırım Tuzlası (2 farklı örnekleme alanından toplanan 4 farklı tuzlu su örneği) ve Yavşan Tuzlası (2 farklı örnekleme alanından toplanan 4 farklı tuzlu su örneği) örnekleme alanlarından toplanan tuzlu su örneklerinde

toplam sodyum, potasyum, magnezyum, kalsiyum ve klorür konsantrasyonlarını saptamayı, arkeal ve bakteriyel topluluklarının çeşitliliğini ve yapısını Illumina platformunda 16S rRNA gen tabanlı ampikon dizileme tekniğini kullanarak değerlendirmesi amaçlanmıştır. Ayrıca çalışmamızda tuzlu su örnekleri ile fizikokimyasal analizler arasındaki ilişkilerin ve saptanan taksonların kendi aralarındaki ilişkilerin ortaya konması amaçlanmıştır.

1.1. Hipersalin Ortamlar

Tuz gölleri, tuzlu topraklar, güneş tuzlaları, aşırı tuzlu soda gölleri, tuz madenleri ve derin deniz ve petrol rezervuar tuzlu suları gibi aşırı tuzlu habitatlar, yalnızca sodyum klorürün değil pH, sıcaklık, besinler, radyasyon, basınç veya ağır metallerin ve diğer toksik bileşiklerin varlığı gibi diğer çevresel faktörlerin de mikrobiyotalarını sınırladığı aşırı ortamlar olarak nitelendirilmektedir (Rodríguez-Valera, 1988; Ventosa, 2006; Ventosa ve ark., 2014; Ventosa ve ark., 2015; Amoozegar ve ark., 2017; Vera-Gargallo ve Ventosa, 2018; La Cono ve ark., 2019; Vera-Gargallo ve ark., 2019).

Hipersalin su ortamları, deniz suyuna göre nispi oranlarda tuzlara sahip deniz kökenli olan talasohalin habitatlar ile deniz suyundan çok farklı tuz oranlarına sahip, deniz kökenli olmayan ve çok farklı jeolojik kökenlerini yansıtan atalasohalin habitatlar olarak sınıflandırılmaktadır. Talasohalin habitatlar, deniz suyunun buharlaşıp tuzunun çöktüğü bir seri sığ göllerden oluşturulan tuzlalarlardır. Bununla birlikte presipitasyon tuzların çözünürlüğüne bağlı olduğundan bütün tuzlar aynı konsantrasyonda çökmemektedir. Bu yüzden, talasohalin tuzlaların tuzluluğu sadece ilk tuzların çöktüğü seviyeye kadardır. Atalasohalin habitatların çoğu çeşitli tuzlar içeren ve tatlı suların geçiş jeolojisi ve coğrafik yerleşimine bağlı olan terminal göllerdir (Rodríguez-Valera, 1988; Ventosa, 2006; Ventosa ve ark., 2015).

Hipersalin göller üzerine yapılan çalışmaların çoğu Ölü Deniz (Dead Sea), Antarktika'daki hipersalin ve alkali (soda) gölleri, Magadi Gölü gibi Doğu Afrika gölleri, Natrun Vadisi, Avustralya veya Çin'in özellikle İç Moğolistan bölgesindeki gölleri ve derin deniz gölleri gibi athalassohalin göllere odaklanmıştır (Rodríguez-Valera, 1988; Javor, 1989; Grant, 1990; Oren, 2002; Ventosa, 2006; Pagaling ve ark.,

2009; Podell ve ark., 2013; Cavicchioli, 2015; La Cono ve ark., 2019).

Archaea ve *Bacteria* domainlerine ait çok çeşitli mikroorganizmaları barındıran bu ortamlar, mikrobiyal çeşitlilik ve yüksek tuz konsantrasyonlarına adaptasyonları ile bu ekstremofilik mikroorganizmaların biyoteknolojik ve endüstriyel uygulamaları açısından son yıllarda oldukça büyük ilgi görmektedirler (Amoozegar ve ark., 2017; Oren, 2013; Amoozegar ve ark., 2019; Corral ve ark., 2020). Bununla birlikte, Türkiye'deki hipersalin Tuz Gölü ve tuzlalarındaki prokaryotik çeşitlilik hakkında nispeten daha az şey bilinmektedir.

1.2. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları

Tuz Gölü ve çevresinde tarımın ve yerleşik yaşıntının başladığı Neolitik dönemde (MÖ 6000–10000) Ilıcınar, Çatalhöyük ve Sapmazköy adlı üç yerleşim yeri bulunmaktaydı. Ilıcınar'ın tuz ticareti ve üretimiyle ilgili bir yerleşim birimi olduğu ve halkının obsidyen ve yarı değerli taşlarla tuz takası yaptığı düşünülmektedir. Tuz Gölü'nün yakınlarında bulunan Kulu ilçesi Galatların önemli bir yerleşim bölgesiydi ve Galatların Tektosag boyundan kabilelerin tuz üretimiyle uğraştıkları bilinmektedir. Bugün hâlâ faaliyet gösteren Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarını ise ilk kez Romalıların kullandığı tahmin edilmektedir. Antikçağ döneminde Kaldırım Tuzlasından Tuz Gölü'nün karşı kıyısına sütunlu bir yol yapılmıştır ve bu tuzlaya yakın adanın üzerinde Roma kalıntıları bulunmaktadır. Ortaçağ döneminde ise Bizanslılar “Tatta Lacus” olarak adlandırdıkları Tuz Gölü'nden imparatorluğun tuz ihtiyacının büyük bölümünü karşılamaktaydılar ve ordudaki askerlere maaşları bazen tuz olarak ödenmekteydi. Latince'de “tuz maaşı” anlamına gelen “salarium” kelimesinin İngilizcede maaş anlamına gelen “salary” sözcüğüne evrildiği, hatta dilimizde fiyatı yüksek ürünleri nitelendirmek için kullanılan “tuzlu” ifadesinin de buradan türediği düşünülmektedir. Osmanlı Dönemi'nde ise 1487 yılında İmparatorluğun sınırlarına katılan Tuz Gölü'nden tuz üretimi açık arttırma usulü ile belirli kişilere kiralanarak gerçekleştirilmekteydi. Tuz üretiminin ve ticaretinin yapıldığı, memleha olarak adlandırılan tuzlalar, 10 Mart 1862 tarihli Tuz Nizamnamesi ile devlet tekeline alınmış ve böylelikle tuz kaçakçılığının da önüne geçilmiştir. Cumhuriyet Dönemi'nde ise tuz üretimi ve ticareti, Tuz Nizamnamesi'nin yerine geçecek, 11 Aralık 1936 tarihli 3078 sayılı, tuz üretim

sürecindeki ham tuz standartlarının bulunduğu Tuz Kanunu'na bağlanmıştır ve kanun 26 Haziran 2001 tarihine kadar yürürlükte kalmıştır. Tuz Kanunu'nun yürürlükten kaldırılması ile birlikte tuz üretimi 4683 sayılı Maden Kanunu kapsamına dâhil edilmiştir ve 2005 yılında devlet tekelinden çıkarılmıştır (Erkut, 1990; Adshead, 1992; Avcı, 2003; Brandau ve Schickert, 2003; Erdoğan ve ark., 2003; Kurlansky, 2003; Gürsoy-Naskali, 2004; Gölbaş ve Başbüyük, 2012; Kasım, 2016; Keskin Köylü, 2017; Atılğan, 2019; Gölçek ve Gölçek, 2019).

Orta Anadolu Yarımadası'nda Konya Kapalı Havzası'nda bulunan hipersalin Tuz Gölü, 1665 km² maksimum yüzey alanı ile Türkiye'nin en büyük tuz gölü ve ikinci büyük gölüdür (Çınar ve Mutlu, 2020). Tuz Gölü, ortalama 905 m yüksekliğe sahip olup doğudan Kızılırmak, güneyden Obruk Yaylası, batıdan Cihanbeyli Yaylası ve kuzeyden Haymana Yaylası ile çevrilidir (Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018).

Tuz Gölü, suyun kısmen toprağa süzülmesi, kısmen de buharlaştığı kapalı bir su havzasıdır. Göl çoğunlukla yer altı sularından beslenmektedir. Ayrıca göl, Konya Kapalı Havzası ve Obruk Yaylası'ndan gelen küçük akarsulardan da beslenmektedir. İnsuyu, Peçeneközü, Ulırmak ve Melendiz Tuz Gölü'nü besleyen başlıca akarsulardır (Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018). Yaz aylarında gölü besleyen su kaynaklarının çoğu kurumakta ve dolayısıyla göle ulaşamamaktadır. Aşırı buharlaşma sebebiyle göl neredeyse tamamen kurumakta ve gölde yaklaşık 30 cm kalınlığında tuz tabakaları oluşmaktadır. Göl suyunun ortalama tuz içeriği %32.4 ve yoğunluğu 2-2.5 g/cm³ olarak belirtilmektedir (TVKGM, 2011).

Göl çevresinde bulunan çeşitli kaynaklardan bir miktar kirlilik yükü Tuz Gölü'ne ulaşmaktadır. Bunlar güneybatıda bulunan sodyum sülfat üretim tesisinin sülfat açısından zengin atık suyu ile gölü besleyen küçük derelere boşaltılan kısmen arıtılmış evsel atık sularıdır. Ayrıca madencilik faaliyetlerinden kaynaklanan metal kalıntıları ile bölgedeki tarımsal faaliyetlerden kaynaklanan gübre ve pestisit kalıntılarının Tuz Gölü'ne ulaştığı düşünülmektedir (Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018).

Tuz Gölü Havzasının Geç Kretase döneminde oluştuğu bildirilmiştir (Kılıç ve Kılıç, 2010). Tuz Gölü Havzası'nın temeli, orta kesimde Üst Paleosen-Orta Eosen sığ denizel

istifi ile ara katmanlı Üst Kretase ofiyolit birimleri ve Paleozoyik metamorfik kayalardan oluşmaktadır (Özsayın ve ark., 2019). Tuz Gölü ve çevresindeki küçük göl ve akarsuları içeren Tuz Gölü Havzası, Ramsar Sözleşmesine göre A Sınıfı sulak alan olarak belirlenmiştir. 7414 km²'lik bu havza, 2001 yılında Özel Koruma Alanı olarak ilan edilmiş ve UNESCO Dünya Mirası Listesi'ne geçici olarak tescil edilmiştir (Resmi Gazete, 2000; Gorji ve ark., 2017; Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018).

Tuz Gölü'nü çevreleyen alan, tuz endüstrisi, şeker pancarı ve buğday ekimi, hayvancılık ve turizm açısından önemli bir bölgedir. Ayrıca bu alanda birçok halofitik bitki, 38 endemik bitki türü, 129 böcek türü (4 endemik) ve 15 memeli türü bulunmaktadır. Tuz Gölü Havzası ayrıca 85 farklı göçmen kuş türü için yuva ve üreme alanları sunmaktadır (<https://tvk.csb.gov.tr/tuz-golu-i-400>). Bu nedenle Tuz Gölü Havzası, Türkiye'deki en nadir yaşam alanlarından biridir (Özhatay ve ark., 2005; Tuz Gölü Biyolojik Çeşitliliğin Tespiti Projesi Final Raporu, 2007; Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı, 2014-2018). Bu havza insanlardan izole değildir ve bölgede yaklaşık 429000 kişi yaşamaktadır (TÜİK, 2021).

Bölgedeki meteoroloji istasyonlarından elde edilen yıllık yağış verilerine göre Tuz Gölü ve çevresi (ortalama yıllık yağış, 324 mm/m²) Türkiye'nin en kurak bölgeleri olarak belirlenmiştir (Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı, 2014-2018). Bölgede en bol yağışlar Nisan, Mayıs ve Aralık aylarında, en düşük yağışlar ise Temmuz, Ağustos ve Eylül aylarında görülmektedir. Tuz Gölü bölgelere göre değişmekle birlikte son on yılda %40–80 oranında daha az yağış almaktadır. Bölgede görülen yarı karasal iklim nedeniyle yazlar sıcak, kışlar soğuk geçmektedir (Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı, 2014-2018).

Meteoroloji Genel Müdürlüğü'nden 1991–2020 yılları arasında elde edilen meteorolojik verilere göre bölgedeki ortalama en düşük sıcaklık Ocak ayında -3.0 °C, ortalama en yüksek sıcaklık Temmuz ve Ağustos aylarında 31.3 °C olarak ölçülmüştür. Kış mevsiminde ortalama sıcaklık 2.1 °C olarak ölçülürken, yaz mevsiminde ortalama sıcaklık 23.3 °C olarak ölçülmüştür. Yıllık ortalama sıcaklık ise 12.8 °C olarak raporlanmıştır (<https://www.mgm.gov.tr/veridegerlendirme/il-ve-ilceler-istatistik.aspx?k=H&m=AKSARAY>).

Tuz Gölü Havzası kuzey, kuzeybatı ve doğudan gelen rüzgârların etkisi altındadır. Havzanın doğu kısmındaki dağ yükseltileri ve Kırşehir Masifi yükseltileri bu yönden gelen hava akımlarına karşı koyabilseler de saha korumasız olarak batıya ve güneye açılmaktadır. Hâkim rüzgârların Tuz Gölü'ndeki su hareketleri üzerindeki etkileri oldukça ilginç olarak değerlendirilmektedir. Bazı durumlarda göl kıyı şeridinin yüzlerce metrelik göl suyu çekilerek susuz kalması söz konusu olmaktadır (Fizibilite Etüdü, 1997; Kılıç ve Uyanık, 2001).

Tuz Gölü, ilkbahar mevsiminde yaklaşık 70 cm derinliğinde bir su kütlesine ulaşan Ana Bölge (Main Zone) ve gölün ana bölgesinin orta-doğu kesiminde, gölden bir eşik ile ayrılmış olarak bulunan, ilkbaharda derinliği yaklaşık 100 cm'yi aşan bir su kütlesi olan Derin Bölge (Deep Zone) olarak adlandırılan ve sularının farklı bileşimlerde olduğu iki ayrı bölgeden oluşmaktadır (Erol, 1969; Uygun ve Şen, 1978; Kılıç ve Kılıç, 2010).

Tuz Gölü ve gölün kıyısında bulunan tuzlaları (Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları) Türkiye'deki tuz üretiminin başlıca kaynaklarıdır ve ülkenin tuz ihtiyacının %70'i bu kaynaklardan sağlanmaktadır (Koday, 1999; Birbir ve ark., 2007; Karakaya ve ark., 2019). Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları Tuz Gölü'nün sırasıyla orta-doğu, kuzey-doğu ve orta-batı kesimlerinde yer almaktadır.

2005 yılına kadar TEKEL'e ait olan Kaldırım, Kayacık ve Yavşan Tuzlaları 2005 yılında sırasıyla 154, 155 ve 156 numaralarıyla Resmi Gazete'de yayımlanan Özelleştirme Yüksek Kurulu Kararları ile özelleştirilmiştir (<https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-47.htm>; <https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-48.htm>; <https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-49.htm>).

Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlaları günümüzde sırasıyla Mutlucan Tuz Anonim Şirketi, Koyuncu Nakliye Pazarlama Ticaret Anonim Şirketi Kaldırım Tuz İşletmesi ve Cihanbeyli Madencilik Tuz Nakliyat Kimya Sanayi Ticaret Anonim Şirketi adlarıyla faaliyetlerini sürdürmektedir. Her bir tuzlada gerçekleştirilen ham ve işlenmiş tuz üretimleri sırasıyla yıllık ortalama 1.5 milyon ve 300 bin ton olarak ifade edilmektedir.

Tuzlalarda doğal ham tuz, endüstriyel tuz, sıvı tuz, gıda tuzu, buzlanmayı önleyici yol tuzu, hayvan besleme tuzu, sondaj tuzu, havuz tuzu, su arıtma ve yumuşatma tuzu olarak üretilen tuzlar ülkemizin muhtelif alanlardaki tuz ihtiyacını karşılamasının yanı

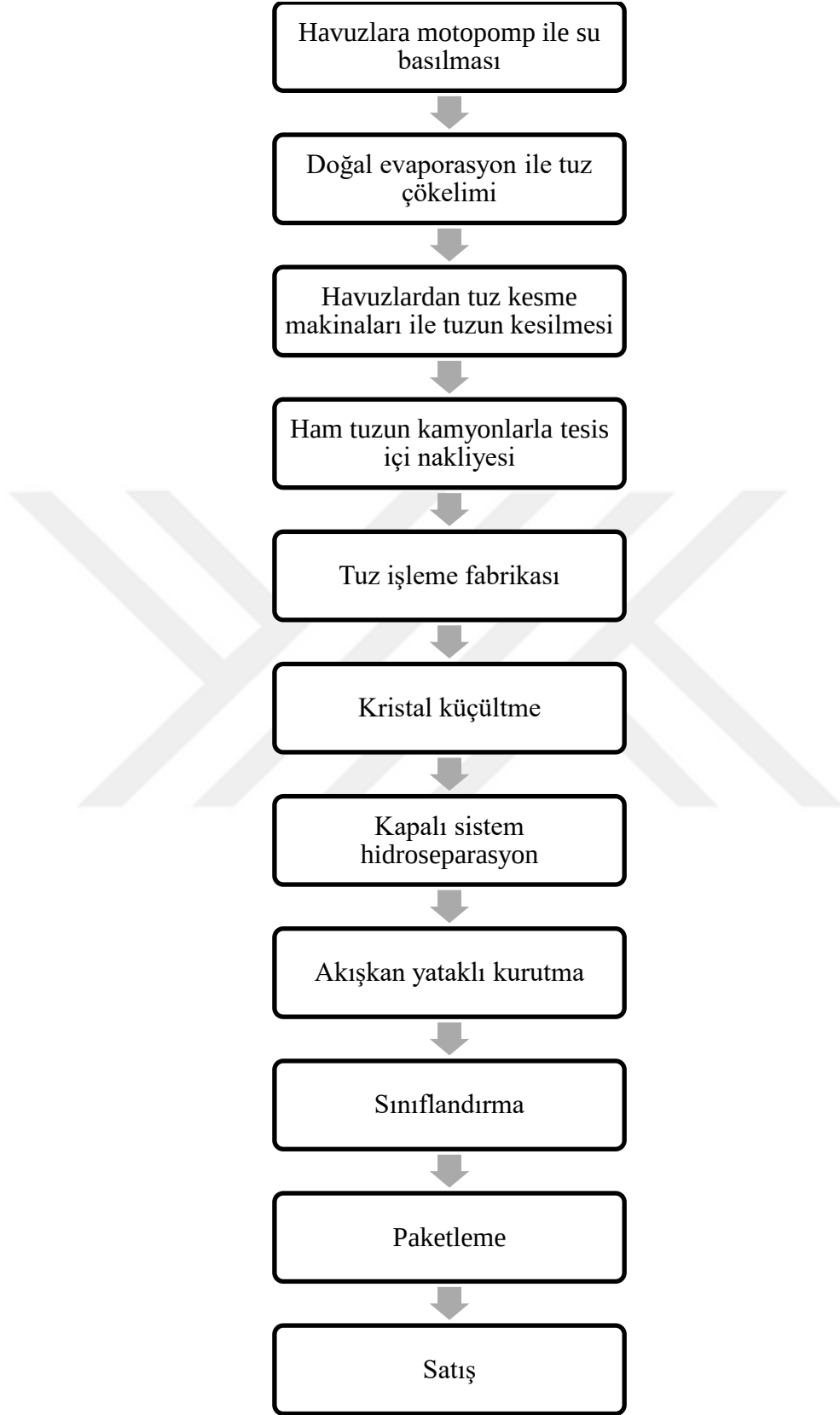
sıra Amerika Birleşik Devletleri, Rusya, Orta Doğu, Avrupa, Asya ve Afrika gibi birçok farklı pazarlara ihraç edilmektedir. Tuzlar gıda ve mutfak, tekstil, deri, kimya, sağlık, su rejenerasyonu ve yem sanayi gibi çeşitli endüstrilerde farklı amaçlarla kullanılmaktadır (<http://www.mutlucantuz.com.tr/tr/>; <https://www.koyuncutuz.com/>; <https://www.cihanbeylituz.com.tr/>).

Güneş buharlaştırma (solar evaporasyon) metodu, ekonomik olması ve kolaylığı açısından tuz üretiminin en geleneksel ve yaygın yöntemi olarak dünyanın pek çok yerinde kullanılmaktadır. Yöntemin veriminin maksimizasyonu ve tuz üretim hızı açısından eğimi düşük ancak yüzey alanı bakımından genişliği fazla alanların varlığı, salamura geçirgenliğinin düşüklüğü, güneş ışınlarına maruziyetin fazlalığının sağlanması bakımından yaz mevsimlerinin uzunluğu ve yüksek sıcaklıkta geçmesi, üretim bölgesinde yağış miktarının azlığı, buharlaşmanın verimliliği açısından yönü değişken rüzgârların sürekliliği ve süratliliği gibi faktörlerin dikkate alınması gerekmektedir. İlgili etmenlerin değişkenliğine bağlı olarak buharlaşma sürati ve oluşan tuzun kalitesinde değişiklikler gözlenebilmektedir. Meydana gelen tuz kristallerinin fiziksel özellikleri buharlaşmanın sürati ile değişmektedir. Buharlaşmanın süratli bir şekilde gerçekleştiği durumlarda küçük ve dayanırlığı (mukavemeti) düşük tuz kristalleri oluşurken, buharlaşmanın daha yavaş olması hâlinde büyük ve dayanırlığı yüksek tuz kristalleri oluşmaktadır (Ergin, 1988; Yalçın ve Ertem, 1997; Koday, 1999; Avcı, 2003; Atılğan, 2019).

Tuzlalarda tuz üretimi güneş buharlaştırma yöntemi ile gerçekleştirilmektedir. Tuzlalarda bulunan tuz havuzlarına her yıl yağışlı mevsimlerin ardından (Şubat ayında) gölün su seviyesi yükselince motopomp ile gölden tuzlu su basılmaktadır. Havuzlara suyun basılmasının ardından doğal buharlaşma yöntemi ile salamurada bulunan su buharlaşmakta ve tuz çökertilmektedir. Buharlaşma sürecinde salamuranın tuz konsantrasyonu ve bomesi (salamuradaki tuz yoğunluğunu ifade eden ölçü birimi) artmaktadır. Tuzlu suyun bomesi 25 dereceye ulaştığında tuz zeminde kristalleşmeye başlamaktadır. Tuz oluşumu Mart ayı gibi başlamakta ve Haziran ayı civarında tamamlanmaktadır. Kristalleşerek çöken tuz mevsimsel değişiklikler olsa da ortalama 8–10 cm kalınlığında bir tuz tabakası oluşturmaktadır. Havuzlarda oluşan tuz tabakasının yaklaşık 6 cm'si suyun çekildiği Temmuz ayında modern tuz kesme makineleri ile kesilmektedir ve kamyonlara yüklenerak tuzun tesis içi nakliyesi

gerçekleştirilmektedir. Her biri yaklaşık 20 ton tuz alan kamyonlar üç saat içinde 1000 tona yakın tuz hasat etmiş olmaktadır. Hasat edilen tuzlar yaklaşık 12 metrelik dev koloniler hâlinde istiflenmektedir. Son basamak olarak tuz işleme fabrikasına gelen tuz, kullanım amacına göre çeşitli işleme basamaklarından geçirildikten sonra sınıflanarak paketlenmekte ve satışa hazır hâle getirilmektedir (Şekil 1.1).

Tropik ve subtropiklerde kıyı bölgelerindeki sığ havuzlarda deniz suyunun buharlaştırılmasıyla tuz üretimi binlerce yıldır var olan ve bilinen bir teknoloji olarak değerlendirilmektedir (Bass-Becking, 1931; Oren, 2010). Tuzlu su doygunluğa ulaştığında ve tuz kristalleşmeye başladığında tuzlu sular kırmızı renge dönmektedir. Bu kırmızı renge 50 karbonlu karotenoidler (bakteriyoruberin ve türevleri) ve bazen de retinal protein bakteriyorodopsin içeren aşırı halofil arkeler, β -karoten zengini, tek hücreli ve yeşil flagellat alg *Dunaliella salina* ve benzersiz C-40 karotenoid açıl glikozit içeren kırmızı halofil bakteri *Salinibacter ruber* katkıda bulunmaktadır. Farklı mikroorganizma türlerinin hasat edilen tuzun kalitesini ve miktarını belirlemede oynadığı rollerin anlaşılması, tuzlaların işletilmesi için biyolojik yöntem uygulamalarının geliştirilmesine olanak sağlayacağı bildirilmiştir. Kristalleştirici havuzlardaki kırmızı mikroorganizmaların planktonik topluluklarının genellikle tuz üretim süreci için faydalı olduğu düşünülmektedir. Karotenoid pigmentler ışık enerjisini emmekte ve böylelikle su sıcaklığını yükselterek buharlaşma oranlarının artmasına neden olmaktadır. Halofil arkelerin halitin kristalizasyonunda doğrudan rol oynayabileceğini gösteren raporların varlığı da bildirilmektedir (Oren, 2010).



Şekil 1.1. Güneş buharlaşma (solar evaporasyon) yöntemi ile tuz üretim akış şeması (<https://www.koyuncutuz.com/nasil-uretiyoruz>).

Ülkemizin ve dünyanın önemli doğal miraslarından biri olan Tuz Gölü, özellikle son yıllarda karşılaşılan ekolojik ve antropojenik kökenli sorunlar sebebiyle ne yazık ki yok olma tehlikesi ile karşı karşıya kalmaktadır. Göl ve çevresinin yaşamını devam ettirebilmesi için azami öneme sahip olan yer altı sularının azalması ve Tuz Gölü Fay Zonu etkinliği ile obrukların çoğalması, özellikle küresel iklim değişiklikleri sebebiyle bölgedeki yağışların önemli oranda düşmesi ve buharlaşma oranının yüksek olması, nüfus artışı ve sürdürülebilir olmayan tarımsal etkinliklerinin yürütülmesi sebebiyle gerçekleştirilen sulama faaliyetleri hem ekonomik hem de ekolojik bir değer olan Tuz Gölü'nün varlığını tehdit etmektedir (Arslan ve Göçmez, 2007; Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018; Akın, 2019).

1.3. Tuz Gölü ve Tuzlaları ile İlgili Yapılan Çalışmalar

Tuz Gölü'nden toplanan tuz ve tuzlu su örneklerinde pH, toplam sertlik, organik madde, iletkenlik, toplam çözünmüş madde, Na^+ , K^+ , Cl^- analizleri yapılmış ve analiz sonuçları sırasıyla 7.6 ve 7.0, 387 F ve 2812 F, 9.3 mg/L ve 10 mg/L'den yüksek, 214 mS/cm ve 518.4 mS/cm, 107 g/L ve 259.2 g/L, 47767 mg/L ve 82386 mg/L, 0.05 mEq/L ve 3.1 mEq/L, 66033 mg/L ve 225000 mg/L olarak saptanmıştır (Kallı, 2000). Araştırmacılar, gerçekleştirdikleri çalışmada tuz ve tuzlu su örneklerinden toplam olarak 18 adet aşırı halofil arke suşunun izolasyonunu gerçekleştirmişlerdir. Kompleks besiyerinde gelişen aşırı halofil arke suşlarının koloni şekillerinin tümünün yuvarlak, koloni yüksekliklerinin %6'sında düz ve %11'inde kubbeli, %22'sinde kabarık ve %61'inde konveks, koloni yoğunluklarının %28'inin şeffaf ve %72'sinin mat, koloni kenar şekillerinin %11'inin dalgalı ve %89'unun düzgün kenarlı, koloni renklerinin %44'ünün açık pembe, %39'unun krem, %11'inin kırmızı ve %5'inin portakal kırmızısı olduğu gözlenmiştir. Optimum gelişim koşullarında organizmaların koloni boyutlarının 1–4 mm arasında olduğu belirtilmiştir. Suşların hücre boyutlarının 3–5 μm arasında değiştiği ve tümünün Gram negatif, hareketli ve düzensiz çomaklar olduğu gözlenmiştir. Suşların %0.5, %8, %15 ve %25 NaCl içeren kompleks besiyerinde farklı tuz konsantrasyonlarındaki gelişimleri incelenmiş ve suşların tamamının %15 ve %25 NaCl içeren besiyerlerinde geliştiği bildirilmiştir. Ayrıca suşların 7.0, 9.0 ve 11.0 gibi farklı pH değerlerinde gelişimleri incelendiğinde pH 7.0'de üredikleri ancak pH 9.0 ve 11.0

değerlerinde üremedikleri belirtilmiştir. Araştırmacılar izolasyonu gerçekleştirilen suşlarının %70'inin arjinin, %72'sinin Tween 80, %89'unun kazein ve %94'ünün jelatin hidrolizasyonu gerçekleştirebildiklerini bildirmişlerdir. Suşların tamamı negatif nişasta hidrolizi, Voges-Proskauer reaksiyonu ve DNaz aktivitesi gösterirken, tümü pozitif metil kırmızı reaksiyonu göstermişlerdir. Suşların yaklaşık %70'inin lizin dekarboksilaz ve çoğunun oksidaz ve katalaz aktiviteleri pozitifdir. Suşların %39'u nitrattan gaz oluşumu ile nitrit, %89'u glikozdan ve %56'sı maltozdan asit üretmiştir. Buna karşın, sadece birkaç suşun laktoz, sukroz ve D-mannitol'den asit ürettiği bildirilmiştir. Antibiyotik duyarlılık test sonuçlarına göre suşların çoğunun basitrasine ve rifampisine karşı duyarlı, novobiosine, ampisiline, eritromisine, kloramfenikole, penisilin G'ye, neomisine, gentamisine, sefadroksile, trimetoprim/sulfametoksazole, tetrasikline, siprofloksasine ve amikasinine karşı dirençli oldukları bildirilmiştir. Araştırmacılar elde edilen bulgulara göre Tuz Gölü'nden izole edilen aşırı halofil suşların *Halobacteriaceae* familyasına ve *Halobacterium* cinsine ait olduğunu düşündüklerini belirtmişlerdir (Kallı, 2000; Birbir ve ark., 2002).

Tuz Gölü'nden toplanan 6 tuz kristal örneği ile 3 tuzlu su örneği ile gerçekleştirilen çalışmada tuz örneklerindeki aşırı halofil sayısı gramda 10^4 – 10^6 koloni oluşturma birimi (kob/g) iken tuzlu su örneklerinde 10^3 – 10^5 kob/ml olarak bulunduğu ve kolonilerin kırmızı ve pembenin farklı tonlarında olduğu belirtilmiştir. Kiremit kırmızısı renge sahip olan kolilerin gölde bolca bulunduğu ve gölün farklı mikroorganizmalar içerdiği çalışmada tespit edilmiştir. 82 adet saf, aerobik ve halofil suşunun ayrımının yapıldığı fakat 32 tanesinin yapılan çalışmada detaylıca incelendiği bildirilmiştir. Suşların %25 tuzlulukta, 40 °C'de ve pH 7.5'da optimum gelişim gösterdikleri, Gram negatif, hareketli, düzensiz çomaklar olduğu ve büyük çoğunluğunun 1–2 mm çaplı, yuvarlak, konveks, parlak ve düzgün kenarlı koloniler oluşturdıkları ve 17 tanesinin gelişim gösterebilmek için en az %10 tuz konsantrasyonuna ihtiyaç duydukları raporlanmıştır. İncelenen suşların bazılarının endüstriyel önemi bulunan lipaz (32 adet), jelatinaz (23 adet), selüloz (14 adet) ve β -galaktosidaz (1 adet) gibi enzimleri ürettiği ve triptofandan indol oluşturduğu (10 adet) bildirilmiştir. Suşların tümünün negatif Voges-Proskauer reaksiyonu gösterdiği belirtilirken, 23 adedinin pozitif metil red reaksiyonu gösterdiği belirtilmiştir. Çalışmada incelenen suşların tamamının amikasin, siprofloksasin, neomisin ve spiramisinine dirençli olduğu ortaya konurken, suşların çoğunun ampisilin,

kloramfenikol, sefadroksil, eritromisin, penisilin G ve streptomisine dirençli olduğu ortaya konmuştur. Suşların çoğunun basitrasın ve novobiosine duyarlı olduğu tespit edilirken, yarısının sulfametoksazol ve trimetoprime duyarlı olduğu raporlanmıştır (Birbir ve Sesal, 2003).

Birbir ve Erdoğan, 2003 yılında gerçekleştirdikleri çalışmada, Tuz Gölü'nden 4 adet, gıda endüstrisinde salamura imalatında kullanılan tuzlardan 5 adet, Tuzla Organize Deri Sanayi'nde deri tuzlamada kullanılan tuzlardan 4 adet ve Sivas ilinde bulunan Cedit Tuzlasından 1 adet olmak üzere toplam 14 adet tuz örneğinde gerçekleştirdikleri kimyasal analizler neticesinde ortalama pH, nem, sertlik, sodyum, magnezyum, kalsiyum, bikarbonat, klorür ve sülfat iyonlarını sırasıyla 7.32, %3.01, 852 F, 275 g/kg, 0.56 g/kg, 2.31 g/kg, 49.04 g/kg, 608 g/kg ve 61 g/kg olarak saptamışlardır. Örneklerden halofil izolasyonu için farklı içerikte 4 adet sıvı besiyeri kullanılmış ve Brown sıvı besiyerinin halofil organizmaların gelişimi için en uygun ortam olduğu tespit edilmiştir. Bir gram tuz örneğinde ortalama bakteri, kırmızı renkli bakteri ve krem renkli bakteri sayıları sırasıyla 2.8×10^4 , 2.8×10^4 ve 1.15×10^2 kob olarak bildirilmiştir. Numunelerden 12 adet saf kültür izolasyonu gerçekleştirildiği ve suşların koloni şekillerinin tamamının yuvarlak, %82'sinin konveks, %9'unun göbeklenmiş, %9'unun kabarık, koloni kenarlarının %92'sinin tam düz, %8'inin dalgalı olarak gözlemlendiği bildirilmiştir. Ayrıca kolonilerin 0.5–5 µm boyutlarında olduğu ve %42'sinin parlak, %33'ünün mat, %17'sinin yarı şeffaf ve %8'inin şeffaf olarak görüldüğü belirtilmiştir. İzolasyonu gerçekleştirilen suşların %25'inin pastel pembe, %17'sinin portakal, %17'sinin kızılımsı koyu kiremit-kırmızı, %17'sinin açık kiremit-kırmızı, %8'inin kan kırmızı, %8'inin sarımsı krem ve %8'inin koyu krem renkte koloniler oluşturduğu raporlanmıştır. Optimum koşullarda gelişen suşların %92'sinin Gram negatif reaksiyon verdiği ve hücre boyutlarının genelde 2.5×5.0 µm olduğu saptanmıştır. Ayrıca bu suşların %92'sinin hareketli, düzensiz çomaklar, üçgen, kare veya kok şeklinde hücreler olduğu belirtilmiştir. Suşların tamamının tuz içerneyen ve %3 NaCl içeren besiyerinde üreyemedikleri, %8'inin %10 NaCl içeren besiyerinde, %100'ün de %15 ve %25 NaCl içeren besiyerinde ürediği bildirilmiştir. Suşların tamamının pozitif katalaz ve %83'ünün pozitif oksidaz reaksiyonu gösterdikleri belirtilmiştir. Suşların tamamının metisilin, oksolinik asit, penisilin, sefadroksil, spiramisin ve streptomisine karşı dirençli, %83'ünün ise novobiosine karşı duyarlı

olarak tespit edildiği raporlanmıştır. Araştırmacılar çalışmanın sonuçlarına göre çeşitli tuz örneklerinden izolasyonlarını gerçekleştirdikleri suşların *Haloarcula*, *Halococcus*, *Halogeometricum* ve *Natronema* cinslerine ait olduklarını düşündüklerini bildirmişlerdir.

2003 yılında gerçekleştirilen çalışmada Tuz Gölü, Kaldırım ve Kayacık Tuzlaları ve Tuzköy Tuz Madeni'nden izolasyonu yapılan 56 aşırı halofil arke suşunun hem *Halobacterium salinarum* NRC817'e karşı hem de birbirlerine karşı halosin üretimleri incelenmiştir. Suşların yaklaşık %38'inin *Halobacterium salinarum* NRC817'e karşı halosin ürettikleri çalışmada saptanmıştır. Genel olarak kırmızı, pembe veya portakal renkli kolonilerin halosin ürettiği belirtilmiştir. Tuz Gölü, Kaldırım Tuzlası, Kayacık Tuzlası ve Tuzköy Tuz Madeni'nden izole edilen suşların sırasıyla 7, 16, 2 ve 10'unun aynı örnekleme bölgesinde izolasyonu gerçekleştirilen diğer suşlara karşı halosin ürettikleri bildirilmiştir. Halosin üretimini en fazla gerçekleştiren suşların habitatlarının Kaldırım Tuzlası ve Tuzköy Tuz Madeni olduğu çalışmada saptanmıştır. Araştırmada tüm suşların yaklaşık %61'inin üremesini engelleyen ve Kaldırım Tuzlasından izole edilen 1KT3 suşu tarafından üretilen halosin, en geniş spektrumlu halosin olarak değerlendirilmiştir. *Halobacterium salinarum* NRC817'e karşı 2 cm'den daha büyük inhibisyon zonunu, Tuz Gölü'nden izole edilen 19 suşun 3'ünün, Kaldırım Tuzlasından izole edilen 18 suşun 7'sinin ve Tuzköy Tuz Madeni'nden izole edilen 12 suşun 2'sinin oluşturduğu bildirilmiştir. 5.5 cm çaplı en büyük inhibisyon zonlarının 1 Tuz Gölü ve 3 Kaldırım Tuzlası suşunda görüldüğü belirtilmiştir. Halosin üretimi gerçekleştiren suşların tümünün hareketli ve Gram negatif ve genellikle düzensiz hücre morfolojisine sahip oldukları araştırmacı tarafından saptanmıştır. Halosin üreten suşların %57'sinin pozitif oksidaz ve katalaz reaksiyon gösterdikleri ve jelatin hidrolizasyonu gerçekleştirebildikleri raporlanmıştır. Suşların sırasıyla %81, %71 ve %43'ü selüloz, Tween 80 ve kazein hidrolizasyonu gerçekleştirdiği, %33'ünün DNaz ve %14'ünün ise β -galaktosidaz aktivitesi gösterdiği araştırmada ortaya konulmuştur. Halosin üretimi yapan suşların %48'i triptofandan indol üretimi gerçekleştirirken, %52'si pozitif metil kırmızısı reaksiyonu gösterdikleri belirtilmiştir. Halosin üreten suşların %76, %62, %33 ve %14'ünün sırasıyla glikozu, maltozu, laktozu ve sükrozu kullandıkları çalışmada tespit edilmiştir. Antibiyotik duyarlılık test sonuçlarına göre suşların çoğunun eritromisin, kloramfenikol, streptomisin, penisilin ve tetrasikline karşı dirençli oldukları

saptanırken, basitrasin ve novobiosine karşı duyarlı oldukları saptanmıştır. Jelatinaz, kazeinaz, amilaz, esteraz ve selüloz enzimlerini üretmeyen suşların sırasıyla jelatinaz, kazeinaz, amilaz, esteraz ve selüloz enzimlerini üreten suşlara karşı halosin aktivitesi gösterdikleri çalışmada ortaya konmuştur. Araştırmacı bu suşların veya ürettikleri konsantre halosinlerin deri ve gıda endüstrilerinde çeşitli amaçlarla kullanılan salamura sıvılarında kullanımlarının aşırı halofil kaynaklı bozulmaları önleyebileceğini çalışmada bildirmiştir (Eryılmaz, 2003).

Tuz gölleri, tuzlalar ve tuz madenleri tuzlarının kan ve tuğla kırmızısı gibi kırmızının çeşitli tonlarında, kırmızı-turuncu, turuncu, uçuk pembe ve pembe gibi renklerde halofil arkeleler içerdiği belirtilmiştir. Tuz Gölü, Kayacık Tuzlası, Kaldırım Tuzlası ve Tuzköy Tuz Madeni'nden toplanan tuz örneklerinde sırasıyla 10^4 – 10^7 , 10^5 , 10^5 – 10^7 ve 10^5 – 10^6 kob/g aşırı halofil arke bulunduğu ve bu tuz örneklerindeki proteolitik ve lipolitik aşırı halofil arke sayılarının ise çoğunlukla 10^2 – 10^3 kob/g olduğu bildirilmiştir (Birbir, 2004).

Birbir ve Elevi Bardavid, 2005 yılında gerçekleştirdikleri çalışmada Kayacık (2 adet tuz örneği) ve Kaldırım (3 adet tuz ve 1 adet tuzlu su örneği) Tuzlalarından toplanan toplam 5 adet tuz ve 1 adet tuzlu su örneklerinin kimyasal analizlerini yapmışlar, tuz ve tuzlu sularda bulunan aşırı halofil sayısını, aşırı halofillerin fenotipik ve fizyolojik özelliklerini belirlemişler, biyokimyasal ve antibiyotik duyarlılık testleriyle mikroorganizmaların endüstriyel öneme sahip olan enzimleri üretilip üretilmediğini ve antibiyotik hassasiyetlerini saptamışlardır. Kayacık ve Kaldırım Tuzlalarından toplanan tuz örneklerinde ortalama pH, nem içeriği, sertlik, organik madde, sodyum, potasyum, magnezyum, kalsiyum, bikarbonat ve klorür iyon içeriklerinin sırasıyla 8.46 ve 8.59, %1.01 ve %2.1, 1800 F ve 2066 F, 0.440 g/kg ve 0.450 g/kg, 370 g/kg ve 364 g/kg, 0.5 g/kg ve 0.6 g/kg, 2.97 g/kg ve 1.30 g/kg, 2.3 g/kg ve 5.1 g/kg, 37.82 g/kg ve 51.24 g/kg, 571 g/kg ve 561 g/kg olarak hesaplanırken, Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneğinde ise ortalama pH, sertlik, organik madde, sodyum, potasyum, magnezyum, kalsiyum, bikarbonat ve klorür iyon içeriklerinin sırasıyla 7.32, 2600 F, 0.98 g/L, 77.5 g/L, 3.3 g/L, 4.86 g/L, 2.4 g/L, 39.04 g/L ve 120 g/L olarak hesaplanmıştır. Tuz ve tuzlu su örneklerinde kırmızı, kan kırmızı, kiremit kırmızı, portakal kırmızısı, pembe, pastel pembe, krem, koyu sarımsız krem, beyaz ve renksiz gibi farklı renklerdeki kolonilerin toplam sayıları 1 mililitre tuzlu su veya 1 g tuz örneğinde 1.1×10^5 ile 1.56×10^7 kob olarak saptanmıştır. Kayacık Tuzlasından toplanan tuz örneklerinde Kaldırım

Tuzlasından toplanan tuz örneklerine göre daha az mikroorganizma bulunduğu tespit edilmiştir. Kayacık (4 adet) ve Kaldırım (8 adet) Tuzlası örneklerinden izole edilen 12 adet aşırı halofil suşu kültürel, morfolojik, fizyolojik, biyokimyasal özellikleri ve farklı antibiyotiklere karşı duyarlılıkları açısından incelenmiştir. Suşların tamamının %0–8 tuzlulukta ve pH 4.5'te üremedikleri, çoğunun %10–25 NaCl içeren Brown besiyerinde geliştikleri ancak optimum gelişimin 40 °C'de, pH 7.5'da ve %25 NaCl içeren Brown besiyerinde gerçekleştiği gözlenmiştir. Gelişen suşların genelde 1–4 mm boyutlarında, yuvarlak, konveks ve parlak, portakal ve kırmızı renkte olduğu belirtilmiştir. Hareketli, 1.0–5.0 x 2.5–12.00 µm uzunluğunda, düzensiz çomaklar veya düzensiz hücreler Gram negatif reaksiyonu göstermişlerdir. Suşların tamamının pozitif oksidaz ve katalaz aktivitesi, büyük çoğunluğunun pozitif jelatinaz, amilaz ve selüloz aktivitesi, yarısının pozitif DNaz aktivitesi ve yalnızca birkaç suşun da pozitif kazeinaz ve esteraz aktivitesi gösterdikleri raporlanmıştır. Yalnızca bir suş pozitif β-galaktosidaz aktivitesi gösterirken, suşların yarısından fazlası pozitif indol ve pozitif metil kırmızısı reaksiyonu göstermiştir. Suşların tamamının peptondan amonyak ürettiği ve nitrit içeren Brown besiyerinde gaz oluşturduğu gözlenirken, çoğunun anaerobik şartlarda nitratı nitrite indirgeyerek gaz oluşturduğu gözlenmiştir. Suşların çoğunun D-glukozdan asit üretmelerine rağmen, yarısının maltozdan veya laktozdan, birkaçının ise sukrozdan asit ürettikleri saptanmıştır. Analiz edilen suşların 20 farklı antibiyotiğe karşı duyarlılıkları disk difüzyon tekniği ile tespit edilmiştir. Aşırı halofil suşların tamamı amikasin, ampiciline, metisiline, oleandomisine, oksalinik aside, pefloksasine, sefadroksile, siprofloksasine, gentamisine, spiramisine ve tetrasikline karşı dirençli; %83'ünün kloramfenikole ve eritromisine karşı dirençli, %92'sinin neomisine, karbenisiline, penisilin G'ye ve streptomisine karşı dirençli oldukları bulunmuştur. Suşların %84'ünün basitrasine ve novobiosine, yarısının da trimetoprim/sulfametoksazole karşı hassas bulundukları raporlanmıştır. Çalışmada aşırı halofil suşlarının tuz gereksinimlerinin %10'un üzerinde olması ve optimum gelişimlerinin %25 tuz konsantrasyonlarında gerçekleşmelerinden dolayı bu suşlar aşırı halofil olarak tanımlanmış ve *Halobacteriaceae* familyasına ait arkeler oldukları düşünülmüştür.

Özyaral ve Birbir (2005), Türkiye'deki deri endüstrisi için önemli tuz kaynaklarından olan Tuz Gölü ve Kaldırım ve Kayacık Tuzlalarından topladıkları 10 adet tuz kristali ve 5 adet tuzlu su örneklerinde fungus türlerini araştırmışlardır. Tuz Gölü, Kaldırım ve

Kayacık Tuzlalarının örnekleme alanlarının sıcaklıklarının sırasıyla 32 °C, 28.5 °C ve 29 °C olarak ölçüldüğü belirtilmiştir. Çalışmada örnekleme alanlarından toplanan tuz ve tuzlu su örneklerinin pH ve organik madde değerlerinin sırasıyla 8.09–8.76, 227–485 mg/L ve 7.02–7.67, 154–220 mg/L arasında değiştiği saptanmıştır. Ayrıca tuz örneklerinin nem içeriklerinin de 0.32–3.29 arasında olduğu belirtilmiştir. Araştırmacılar, Tuz Gölü, Kaldırım ve Kayacık Tuzlalarından topladıkları tuz örneklerinde gram başına sırasıyla 10^3 kob, 10^4 kob ve 10^4 kob ve Tuz Gölü'nden alınan tuzlu su örneğinde mililitre başına 10^2 kob fungus saptadıklarını raporlamışlardır. Araştırmacılar, örneklerde 10 cinse ait toplam 18 tür saptadıklarını ve örneklerden *Absidia spp.*, *Acremonium spp.*, *Alternaria spp.*, *Aspergillus spp.*, *Cladosporium spp.*, *Eupenicillium spp.*, *Eurotium spp.*, *Penicillium spp.*, *Stachybotrys spp.*, *Trichoderma spp.* ve *Ulocladium spp.* izole edildiğini ve tanımlandığını bildirmişlerdir. Bu çalışma ile Tuz Gölü ve tuzlalarının çeşitli fungus topluluklarını içerdiği araştırmacılar tarafından ortaya konularak, derilerin ekonomik kayıplara uğramadan korunması ve işlenmesi için kullanılan tuzların arıtılarak süreçlere dâhil edilmeleri önerilmiştir.

Birbir ve arkadaşları (2007), Orta Anadolu Bölgesi'nde yer alan, özellikle yiyecek ve deri sanayilerindeki endüstriyel uygulamaları için başlıca tuz kaynaklarından olan Tuz Gölü ve onun Kaldırım ve Kayacık Tuzlalarında mikrobiyal toplulukların ayrıntılı karakterizasyonunu yapmışlardır. Araştırmacılar, aşırı halofil arkelerin çeşitliliği üzerine yaptıkları araştırma için 1999 yılının Eylül ayında Tuz Gölü'nün 6, Kaldırım Tuzlasının 3 ve Kayacık Tuzlasının 2 farklı bölgesinden tuz örnekleri ile Tuz Gölü'nden 3 ve Kaldırım Tuzlasından 1 tuzlu su örneği toplamışlardır. Tuz Gölü'nden toplanan tuzlu su örneklerinde 7×10^3 – 1.8×10^5 kob/ml, Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneğinde ise 1.5×10^5 kob/ml mikroorganizma tespit etmişlerdir. Tuz Gölü'nden toplanan tuz örneklerinde 7×10^4 – 1.1×10^6 kob/g, Kaldırım Tuzlasından toplanan tuz örneklerinde 1.5×10^5 – 1.6×10^7 kob/g ve Kayacık Tuzlasından toplanan tuz örneklerinde ise 1.1×10^5 – 3.5×10^5 kob/g mikroorganizma saptamışlardır. Elde edilen kolonilerin %95'inden fazlasının pembe-kırmızı veya turuncu pigmentli olduğu ancak Tuz Gölü'nün tuz örneklerinden birinde ve Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneğinde pigmentsiz koloniler de görüldüğü raporlanmıştır. Tuz Gölü'nden 14, Kaldırım Tuzlasından 9 ve Kayacık Tuzlasından 4 koloni olmak üzere toplam 27 koloninin koloni şekillerine, boyutlarına, koyuluk ve pigmentasyonlarına göre

seçildiğini, saf kültürde izolasyonlarının gerçekleştirildiğini ve fenotipik ve filogenetik karakteristiklerine (16S rRNA genlerini), polar lipid içeriklerine ve antibiyotik duyarlılıklarına göre karakterize edildiğini bildirmişlerdir. Araştırmacılar, izolatların tümünün optimal olarak 40 °C’de %25 tuzlulukta ve 7.5 pH’da geliştiğini, hareketli ve Gram negatif olduklarını, oksidaz ve katalaz pozitif reaksiyonlar gösterdiklerini, basitrasin ve novobiyosine duyarlı ancak ampisilin, kloramfenikol, siprofloksasin, eritromisin, neomisin, penisilin, spiramisin ve streptomisine karşı dirençli olduklarını belirtmişlerdir. Kırmızı veya pembe renkli koloni pigmentasyonu ve yüksek tuz konsantrasyonları gerekliliği ile birlikte bu özellikler izolatların tümünün *Halobacteriaceae* familyasına ait olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca, araştırmacılar izolatlardaki farklılıkları DGGE analizi ile taramışlardır. Filogenetik analizler sonucunda, izolatların çoğunun *Haloarcula*, *Halorubrum* ve *Halobacterium* cinslerine ait olduğu bulunmuştur. *Haloarcula* cinsinin hem Tuz Gölü’nde hem de Tuzlalarında baskın olduğu bulunmuştur. *Halorubrum* türleri Tuz Gölü ve Kaldırım Tuzlasından izole edilirken, *Halobacterium* türleri Tuz Gölü ve Kayacık Tuzlasından izole edilmişlerdir. Araştırmacılar, bütün suşların deri ve gıda ürünlerinde kullanılan ham tuzun zararlı etkilerinden sorumlu olan proteaz, amilaz ve selüloz gibi çeşitli hidrolitik enzim aktivitelerini gösterdiklerini ortaya koymuşlardır.

Mutlu ve arkadaşları (2008), Türkiye’de üretilen tuzun önemli bir kısmını sağlayan, İç Anadolu Bölgesi’nde bulunan ve bir iç talasohalin su kütlesi olan Tuz Gölü’nün mikrobiyotasını FISH, PZR ile çoğaltılmış 16S rRNA gen fragmentlerinin DGGE analizi ve 16S rRNA gen klon kütüphanesi analizi ile incelemişlerdir. Araştırmacılar, 1 mililitredeki toplam hücre sayısını 1.38×10^7 kob olarak saptamışlar ve bu sayıyı tuzcul ortamlar için normal aralıkta bulduklarını bildirmişlerdir. FISH yöntemi ile saptanan bakteri-arke oranı 1/3 olarak tespit edilmiştir. 16S rRNA gen klon kütüphaneleri, arkeal topluluğun bazı diğer grup üyeleri de bulunmasına rağmen, Walsby grubunun kare şekilli haloarke üyeleri tarafından, bakteri topluluğunun ise *Salinibacter ruber* ve ilgili filotiplerinde dâhil olduğu *Bacteroidetes* üyeleri tarafından temsil edildiğini göstermektedir. *Bacteroidetes* üyeleri farklı tuzcul çevrelerde yaygın olarak bulunduğundan, benzersiz bir küme oluşturup oluşturmadıklarını tespit etmek amacıyla bu çevrelerden alınan *Bacteroidetes* üyelerinin 16S rRNA gen dizilerinin analizini yapmışlardır. Araştırmada, Tuz Gölü’nden elde edilen diziler ve diğer tuzcul

çevrelerden elde edilen bir diziler grubu, *Bacteroidetes* şubesi içerisinde bir “halofil dal” olarak düşünülebilecek bir dalda bir araya getirildiğini vurgulamaktadır.

Biyolojik olarak parçalanabilen polihidroksialkanoatlar (PHA) gibi polimerler, günden güne artan potansiyel uygulama alanlarıyla dikkat çekmekte ve atık sorununa bir çözüm olarak önerilmektedir (Luengo ve ark., 2003). Biyobozunur poli(3-hidroksibütirat) (PHB) ve 3-hidroksivaleratlı (PHBV) kopolimerleri, PHA'ların en iyi bilinen üyeleri olarak belirtilmektedir (Bonartsev ve ark., 2007). PHA'lar hücre içinde üretilmekte ve birçok bakteri tarafından karbon ve enerji rezervi olarak depolanmaktadır. Hücre sitoplazmasında bulunan bu hücre inklüzyonu, hareketli, amorf, sıvı granül olup, genellikle hücresel büyüme, besin eksikliği ve aşırı karbon kaynağı varlığında kısıtlandığında stres koşulları altında mikrobiyal hayatta kalmaya olanak sağlamaktadır (Rodríguez-Valera ve Lillo, 1992). Halofil arkeler, PHA üretimi için potansiyel bir kaynak sunmaktadırlar. Bu sebeple araştırmacılar en yüksek PHA üreten suşu belirlemek için Tuz Gölü'nden 2, Kayacık Tuzlasından 2 ve Tuzköy'den 1 olmak üzere toplam 5 aşırı halofil arke izolatu seçmişlerdir. Her izolatu PHA üretimini mısır nişastası, sakkaroz, peynir altı suyu, elma, kavun ve domates atıkları gibi ucuz karbon kaynaklarında ayrı ayrı incelemişler ve mısır nişastasının PHA üretimi için oldukça etkili bir substrat olduğunu bulmuşlardır. Araştırmada kullanılan suşlar arasında PHA biyosentez kapasitesi en yüksek olan suşun Kayacık Tuzlasından izole edilen 1KYS1 suşu olduğu ve bu suşun 16S rRNA gen dizisi karşılaştırmasına dayanan filogenetik analizi ile *Natrinema* cinsinin türleriyle yakından ilişkili olduğu gösterilmiştir. %99 benzerlikle suşa en yakın benzerliğin *Natrinema pallidum* JCM 8980 suşu olduğu belirtilmiştir. 1KYS1'in PHA içeriğinin, karbon kaynağı olarak nişasta kullanıldığında hücre kuru ağırlığının yaklaşık %53,14'ü kadar olduğu raporlanmıştır. Büyük ve tek biçimli PHA granüllerinin oluşumunun, transmisyon elektron mikroskobu ile doğrulandığı ve biyopolimer, poli(3-hidroksibütirat-ko-hidroksivalerat) (PHBV) olarak tanımlandığı bildirilmiştir. 1KYS1 tarafından üretilen PHBV'nin, ilaç dağıtımı için biyoyumlu filmler hazırlamak amacıyla düşük molar kütleli polietilen glikol (PEG 300) ile harmanlandığı, model ilaç olarak rifampisin kullanılarak pH 7.4 ve 37 °C'de PHBV filmlerinden salınımının araştırıldığı belirtilmiştir. 1KYS1'den elde edilen PHBV filmlerinin ilaç dağıtımı için oldukça etkili bulunduğu ve ilaç dağıtım uygulamalarında potansiyel bir kullanımı olabileceği vurgulanmıştır (Danış ve ark., 2015).

1.4. Çalışmamızda Saptanan Taksonlara Ait Bilgiler

Çalışmamızda saptanan taksonlara ait bilgiler aşağıda şube, sınıf, takım, familya ve cins seviyelerinde ayrı ayrı olarak sunulmaktadır.

Şube *Euryarchaeota*

Archaea domainin şubelerinden biri olan *Euryarchaeota*, fizyolojik ve morfolojik olarak heterojen bir prokaryotlar grubundan oluşmaktadır. *Euryarchaeota* şubesinin 2018 yılı Temmuz ayı itibariyle, 7 sınıf, 13 takım, 27 familya, 107 cins ve 522 türden oluştuğu bildirilmektedir. 4 sınıftan oluşan metanojenik arkeler, elektron vericisi olarak hidrojenle karbondioksitin indirgenmesiyle veya format, asetat, metanol veya metillenmiş aminlerden metan üreten zorunlu anaeroblar olarak tanımlanmaktadır. Aşırı halofil arke sınıfı olan *Halobacteria* bu şubeye dâhildir ve esasen aerobik kırmızı pigmentli kemoheterotroflardan oluşmaktadır. *Thermococci*, *Archaeoglobi* ve *Thermoplasmata*, kemoototrofik veya heterotrofik metabolizmaya sahip birçok termofil ve hipertermofil içermektedir. Bazıları aşırı asidofilik veya termoasidofiliktir. Bazı üyelerde bir psödomurein hücre duvarı mevcuttur. Diğer üyeler bir protein S tabakası ile çevriliyken, bazılarında ise hücre duvarı bulunmamaktadır. Son keşifler, aşırı halofil *Euryarchaeota* grubunun metabolik olarak daha önce varsayıldığından çok daha çeşitli olduğunu ve kültürden bağımsız çalışmalar, kültüre edilmiş organizmalar tarafından henüz temsil edilmeyen ilave *Euryarchaeota* gruplarının varlıklarını göstermektedir (Oren, 2019a).

Sınıf *Halobacteria*

Archaea domaini, *Euryarchaeota* şubesi ve *Halobacteria* sınıfının üyeleri olan halofilik arkeler, tuzlu topraklar, tuzlu sular, tuz gölleri, soda gölleri ve tuzlalar gibi yüksek tuz konsantrasyonlarına sahip yerlerde yaşayan ve bu ortamlarda yüksek hücre yoğunluklarına ulaşarak C₅₀ karotenoidlerinin varlığı sebebiyle kırmızı pigmentlerini suya çeşitli kırmızı tonları hâlinde aksettiren, tuz ihtiyacı oldukça fazla olan ve tuza dirençli mikroorganizmalar olarak tanımlanmaktadır (Oren, 2014; Grant ve ark., 2015a; Gupta ve ark., 2015). Halofilik arkeler, atalasohalin ve talasohalin ortamlarda

görülmekte ve büyüme ve yapısal stabilite için en az %15'lik tuz konsantrasyonlarına ihtiyaç duymaktadırlar (Oren ve ark., 2009). Sınıfın çoğu üyesi 1.5 M NaCl üzerindeki konsantrasyonlarda gelişim gösterebilmektedirler (Gupta ve ark., 2015).

Doğal tuzlu ortamlar, tuz konsantrasyonları, pH, sıcaklık gibi çevresel etkenler ve kimyasal bileşimleri bakımından farklılık göstermekte ve bu değişkenlere göre yerleşik haloarke türleri, popülasyon kompozisyonları ve yapıları da büyük ölçüde değişmektedir. Teorik ve uygulamalı araştırmalar için oldukça önemli kaynaklar olan bu çeşitli halofilik arke türlerinin taksonomik ve metabolik özelliklerini ve doğal ortamlarındaki çeşitliliklerini değerlendirmek, geleneksel metotlarla oldukça zor olmaktadır. Çevresel genomik tabanlı yüksek verimli dizileme teknolojileri, farklı tuzcul ortamlardaki halofilik arkelerin dağılım ve topluluk bileşimlerinin ortaya konmasına olanak tanımıştır. Yine de halofil arkelerin kültüre edilimi yavaş ve zahmetli bir süreç olarak değerlendirilebilse bile, yeni türlerin tanımlanmasının geleneksel yolu olarak kabul edilmekte ve ayrıntılı çalışmalar için suşlar sağlamaktadır (Cui ve Dyall-Smith, 2021).

Halobacteria sınıfı, küçük alt birim rRNA gen dizisi benzerliği, üyelerinin yüksek tuz gereksinimi, fizyolojik ve kemotaksonomik özellikleri temelinde sınırlandırılmıştır. Tüm genom filogenetik analizlerine, korunmuş proteinlerine ve insersiyon ve delesyonlarına dayalı olarak *Halobacteria* sınıfı *Halobacteriales* (tip takımı), *Haloferacales* ve *Natrialbales* olarak üç takıma ayrılmıştır (Gupta ve ark., 2015; Oren, 2019b). Daha yakın zamanlarda, takım seviyesinde iki ilave taksonlar tespit edildiği ancak resmi olarak tanımlanmaya devam edildiği bildirilmiştir (Aouad ve ark., 2018). 2020 yılında *Halobacteria* sınıfı %49.8'i kıyı güneş tuzlaları gibi talasohalin deniz tuzu ortamlarından ve %50.2'si pek çoğu atalasohalin ve yüksek alkali soda gölleri gibi iç tuz ortamlarından izole edilen 71 cins ve 275 tür içermektedir (Soliman ve Trüper, 1982; Vavourakis ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017; Cui ve Dyall-Smith, 2021).

Aerobik veya fakültatif anaerobik olan *Halobacteria* sınıfının üyeleri hareketli veya hareketsiz olabilmekte ve çomak ve kok morfolojilerinin yanı sıra disk, üçgen ve kare gibi çeşitli morfolojiler göstermektedirler. Bazı üyelerin gaz vezikülleri içerdikleri bildirilmiştir. Bu sınıfın üyeleri DNA topoizomera VI (Top 2), nükleotit şeker dehidrojenaz, ribozomal protein L10e (Rpl10e), RecJ benzeri ekzonükleaz (RecJ4),

ribozomal protein S15 (Rps15), adenilosüksinat sentetaz (PurA), fosfopirüvat hidrataz (Eno), RNA ilişkili protein, treonin sentaz (ThrS), aspartat aminotransferaz (AspC), prekorin-8x metilmutaz (CbiC), protoporfirin IX magnezyum şelataz (HmcA) ve geranilgeranilgliseril fosfat sentaz benzeri protein (PcrB) gibi proteinlerde korunmuş insersiyon ve delesyonlarının mevcudiyetleri ile halofilik bakterilerin yanı sıra diğer tüm halofilik arkelerden ayırt edilebilmektedir (Gupta ve ark., 2015). Ayrıca Gupta ve arkadaşları, 2015 yılında yayımladıkları çalışmada, 2 numaralı tabloda listelenen 68 proteinin homologlarının da bu sınıfın hemen hemen tüm üyelerinde benzersiz bir şekilde bulunduğunu açıklamışlardır.

Halobacteria sınıfına ait olan çoğu türün aerobik heterotrof olduğu bilinmesine rağmen *Halorhabdus tiamatea* SARL4B^T gibi anoksik, alışla gelmedik bir atalasohalin derin deniz suyu ortamından izole edilen, anaerobik koşullar altında optimum gelişim gösteren, mikroaerofilik koşullar altında da büyüeyebilen ancak aerobik büyümesi zayıf olan ve bu tür aşırı biyotopa yüksek derecede uyum sağlama yeteneği olan suş varlıkları da bilinmektedir (Antunes ve ark., 2008). Ayrıca zorunlu anaerobik asetotrofik olan *Halanaeroarchaeum* ve zorunlu anaerobik lithoheterotrofik olan *Halodesulfurarchaeum* arke cinsleri de tanımlanmıştır (Sorokin ve ark., 2016; Sorokin ve ark., 2017). Yıllık ortalama sıcaklığın -15 °C olduğu, %32 tuzluluğa sahip bir Antarktika Gölü olan Derin Göl'den izole edilen *Halorubrum lacusprofundi* haloarke türü, düşük sıcaklıktaki aşırı tuzlu ortamların da haloarkeleri barındırdığına dair bir kanıt olarak sunulmaktadır (Bowman ve ark., 2000; DeMaere ve ark., 2013). Bahsedilen tüm örnekler hem atalasohalin hem de talasohalin ortamların bol ve çeşitli halofil arke topluluklarına ev sahipliği yaptıklarını göstermektedir (Cui ve Dyall-Smith, 2021).

Takım *Halobacteriales*

Tip cinsinin *Halobacterium* olarak belirlendiği *Halobacteriales* takımı önceleri sadece *Halobacteriaceae* familyasını içermekteydi (Elazari-Volcani, 1957; Skerman ve ark., 1980; Larsen ve Grant, 1989). Takımın üyeleri tuz gölü tortulları, soda gölleri, deniz tuzlaları, deniz suyu, güneş tuzlaları ve kükürt bakımından zengin kaynaklar gibi yüksek tuz konsantrasyonuna sahip olan farklı tuzcul ortamlardan izole edilmişlerdir. Üyelerin optimal gelişim gösterebilmeleri için 2.5 M üzerinde bir NaCl

konsantrasyonuna ihtiyaç duyulmaktadır. Üyelerin çoğunun nötr pH değerlerinde gelişim gösterdiği, bazılarının ise asidik veya alkali pH'da da gelişim gösterdikleri bildirilmiştir. Takımın üyeleri kemoorganotroflardır ve çoğu aerobik veya zorunlu aerobiktir, hareketli veya hareketsiz olabilirler ve çomak, kok veya pleomorfik morfoloji göstermektedirler. Üyelerin DNA G+C içerikleri, %52–67 arasında değişmektedir. *Halobacteriales* takımının üyeleri, 16S rRNA geni ve RpoC, EF-Tu, GyrA, EF-2/EF-G ve UvrD proteinlerine dayanan filogenetik ağaçlarda *Haloferacales* ve *Natrialbales* takımlarından ayrı olarak dallanmaktadır. Bu takımın üyeleri ayrıca *Haloferacales* ve *Natrialbales* takımlarına özgü olan korunmuş insersiyonlar/delesyonlar ve korunmuş proteinler gibi moleküler imzalardan yoksundurlar (Gupta ve ark., 2015).

Dünya çapındaki tuzlu ortamların mikrobiyal çeşitliliği, ekosistemlerdeki mikrobiyal topluluklar üzerinde kritik bir çevresel filtre işlevi gören tuzluluk, pH ve oksijen seviyeleri dâhil olmak üzere belirli jeokimyasal özelliklere bağlıdır. Artan tuzluluk ile mikrobiyal çeşitliliğin azaldığı ve buna *Euryarchaeota* şubesinden *Halobacteriales* takımının artan oranlarının eşlik ettiği görülmüştür (Benlloch ve ark., 2002; Lozupone ve Knight, 2007; Fernández ve ark., 2016; Zhong ve ark., 2016; Vera-Gargallo ve ark., 2019; Banda ve ark., 2021; Zhang ve ark., 2021; Song ve ark., 2022). Yüksek tuz konsantrasyonlarına ek olarak 9–10 veya üzeri yüksek pH değerleri gerektiren haloalkalifilik türler esasen *Halobacteriales* ve *Natrialbales* takımlarında bulunmaktadır. Takım, yaklaşık 4.5 pH değerlerinde yaşamayı tercih eden ılımlı asidofilik birkaç temsilcinin yanı sıra anaerobik bir yaşam tarzını tercih eden birkaç tür de içermektedir (Oren, 2019b). Takıma ait olduğu düşünülen yeni taksonların karakterizasyonları önerilen minimum standartlara göre gerçekleştirilmektedir (Oren ve ark., 1997). *Halobacteriales* takımı, *Haloarculaceae*, *Halobacteriaceae* ve *Halococcaceae* familyalarını içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Familiya *Haloarculaceae*

Haloarculaceae familyasının üyeleri, tuz gölü çökeltileri, deniz tuzları, soda gölleri ve sofr tuzu gibi yüksek tuzlu ortamlardan izole edilmişlerdir. Üyelerin optimal

gelişimleri için en az 2.5 M NaCl ve nötr veya alkali pH gerekmektedir. Üyeler kemoorganotroflardır ve çoğu aerobiktir ancak *Halorhabdus* cinsinin bazı üyeleri anaerobik bir yaşam tarzını tercih etmektedirler. Üyelerin çoğu gelişim için nötr pH değerlerini tercih ederken, *Natronomonas* cinsi alkalifilik türler içermektedir. Bu familyanın üyeleri 16S rRNA geni ve RpoC, EF-Tu, GyrA, EF-2/EF-G ve UvrD proteinlerine dayalı filogenetik ağaçlarda *Halobacteriales* takımındaki diğer familyalardan ayrı olarak dallanmaktadır. Üyelerin DNA G+C içerikleri %57.0–69.1 arasında değişmektedir (Oren ve Ventosa, 2017a). Familyanın üyeleri, Oren ve Ventosa'nın 2017'de yayımladıkları çalışmada listelenen 10 korunmuş insersiyonlar/delesyonlar ve 20 korunmuş protein ile *Halobacteriaceae* ve diğer tüm arkelerden ayrılmaktadır. *Haloarculaceae* familyası, *Haloarcula* (familyanın tip cinsi), *Halapricum*, *Halomicroarcula*, *Halomicrobium*, *Halorhabdus*, *Halorientalis*, *Halosimplex* ve *Natronomonas* cinslerini içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017; Oren ve Ventosa, 2017a).

Cins *Haloarcula*

Haloarcula hücreleri sıvı kültürde çomak şeklinde olabilmekte ancak aşırı derecede pleomorfiktir. Çapları 1–3 µm boyutunda ve genellikle düz olan hücreler, üçgenler ve karelerden düzensiz disklere kadar çeşitli şekillerde olabilmektedir. Hücreler, hareketli veya hareketsiz, aerobik veya fakültatif anaerobik olabilmektedir. Hücreler, oksidaz ve katalaz pozitif reaksiyon göstermekte ve Gram negatif boyanmaktadır. Aşırı halofil olan *Haloarcula*, 2.0–5.2 M NaCl içeren besiyerinde gelişim gösterirken optimum gelişimi 2.5–3.0 M NaCl konsantrasyonlarında göstermektedir. Hücrelerin gelişimi için gereken sıcaklık ve pH aralıklarının sırasıyla 30–55 °C ve 5.0–8.0 olduğu belirtilirken optimum sıcaklık ve pH aralıklarının sırasıyla 40–45 °C ve 7.0–7.5 olduğu vurgulanmıştır. Gelişim için gerekli minimum Mg^{2+} iyon konsantrasyonu 0.005–0.05 M olarak belirtilmiştir. Kemoorganotrofik olan hücreler, birçok substratı karbon ve enerji kaynağı olarak kullanmaktadır. Şekerlerden asit üretirler. Gelişmeleri için amino asitler gerekli değildir. DNA G+C içerikleri %60.1–65.0 arasında değişmekte iken minör bir DNA bileşeninin mevcudiyeti de söz konusu olabilmektedir. *Haloarcula* cinsinin tip türü *Haloarcula vallismortis* olarak belirlenmiştir (Gonzalez ve ark., 1978; Ventosa, 2015).

Haloarcula cinsi, ana stres etkeni tuz olan halofillerin arařtırmalarında, gelişimi kolay olması sebebiyle model organizma olarak kullanılmaktadır (Ma ve ark., 2010).

Cins *Halomicrobium*

Halomicrobium hücreleri Gram negatif, çomak şekilli, nitrat varlığında aerobik veya fakültatif anaerobik olabilen heterotrofik hücrelerdir. Bakteriyoruberin türevleri varlığı sebebiyle kırmızı pigmentlidirler ve retina proteinleri içerebilmektedirler. Aşırı halofil olan *Halomicrobium*, oksidaz ve katalaz pozitif reaksiyon vermektedir. DNA G+C içerikleri %65.0 olarak belirtilmektedir. *Halomicrobium* cinsinin tip türü *Halomicrobium mukohataei* olarak belirlenmiştir (Oren ve ark., 2002).

Cins *Halorhabdus*

Halorhabdus hücreleri oldukça pleomorfiktir. Bazı suşlar için kok veya çomak şekilli hücrelerin baskınlığı söz konusudur. Hücreler, tek bir kamçı ile hareketli veya hareketsiz, Gram negatif, öncelikle aerobik veya fakültatif anaerobiktir. Bazı suşlar, aerobik koşullar altında çok zayıf gelişim göstermektedir. Koloniler kırmızı veya pigmentsizdir ve kemoorganotroftir. Bazı suşlar, gelişim için çok indirgenmiş organik substrata aralığına ihtiyaç duymaktadır. Fermentatif kapasite mevcudiyeti mümkün olabilmektedir. *Halorhabdus* hücreleri katalaz pozitif reaksiyon verirken bazı suşlar oksidaz pozitifdir. Hücreler nitratı nitrite indirgeme yeteneğine sahiptir ve bazı suşlar nitriti de indirgemektedir. Aşırı halofil olan *Halorhabdus* hücreleri suda hızlıca parçalanmaktadır. Gelişim için magnezyum ya hiç gerekli değildir ya da çok düşük konsantrasyonlarda (0.002 M) gereklidir. Gelişim sıcaklık aralığı 15.0–57.5 °C olarak belirtilmiştir. Poli-β-hidroksibütirat (PHB) üretimi gerçekleştirilmektedir. Mevcut solunum lipokinonu MK-8(VIII-H2) olarak belirtilmiştir, ayrıca bazı suşlarda MK-8 mevcuttur. Ana polar lipidler olarak farklı difitanil eter lipidleri bulunmaktadır. Fosfatidilgliserol sülfat her zaman bulunmamaktadır. *Halorhabdus* cinsleri aşırı tuzlu göllerdeki tortular, derin deniz tuzlu suları ve tuz madeni sondaj kuyuları dâhil olmak üzere pek çok çeşitli aşırı tuzlu ortamlarda bulunmaktadır. DNA G+C içerikleri genom dizileme tabanlı olarak %60.4–62.9 arasında değişmekte iken HPLC tabanlı olarak %60.8–64.0 arasında değişmektedir. *Halorhabdus* cinsinin tip türü *Halorhabdus*

utahensis olarak belirlenmiştir (Wainø ve ark., 2000; Antunes ve ark., 2016).

Cins *Halosimplex*

Halosimplex cinsinin tüm türleri 3.1–4.3 M NaCl konsantrasyon aralığında değişen optimum tuz konsantrasyonları ile aşırı halofil olarak tanımlanmaktadır. Hücreler, optimal gelişim koşulları altında çomak şekilli veya pleomorfik ve Gram negatiftir. Bazı türler hareketlidir. Hücreler distile suda parçalanmaktadır. Türler aerobik heterotroflardır ve nitratı nitrite veya azota indirgememektedir. Koloniler pembe-kırmızı, küçük, dairesel, opak, pürüzsüz, parlak ve kabarıktır. 25–50 °C arasındaki sıcaklıklar ve 5.5–9.0 arasındaki pH değerleri gelişimi desteklemektedir. Türler katalaz ve oksidaz pozitifdir. Bazı türler şekerleri metabolize ederken, diğerleri çok sınırlı bir katabolik yetenek sergilemektedir. Basitrasin, novobiyosin ve rifampine duyarlılık göstermektedir. Tüm *Halosimplex* türleri fosfatidilgliserol, fosfatidilgliserol metil ester ve dört ana glikolipidin dieter türevlerine ve en az iki farklı 16S rRNA genine sahiptir. Türler arasındaki dizi benzerlikleri %92.7–99.3 arasında değişirken, RpoB' gen dizisi benzerlikleri %95.7–96.1 arasında değişmektedir. Türler, sterilize edilmemiş 250 milyon yıllık antik tuz kristallerinden, bir deniz tuzlasından ve tuzlanmış kahverengi alglardan izole edilmiştir. DNA G+C içerikleri %62.5–67.7 arasında değişmektedir. *Halosimplex* cinsinin tip türü *Halosimplex carlsbadense* olarak belirlenmiştir (Vreeland ve ark., 2002; Vreeland ve Cui, 2016).

Cins *Natronomonas*

Natronomonas türleri, Gram negatif reaksiyon gösteren, kısa çomaklar, düz şekiller, tetragonlar ve koklar dâhil olmak üzere pleomorfik şekillidir. *Natronomonas* kolonileri kırmızı pigmentlidir. *Natronomonas* türleri kemoorganotrofik, aerobik ve gelişim için en az 2.0 M NaCl konsantrasyonuna ihtiyaç duyan halofil arkelerdir. Alkalifilik veya nötrofilik olarak değerlendirilmektedir. *Natronomonas pharaonis* gibi alkalifilik türler gelişim için 8.0–11.0 arasında pH değerlerine ihtiyaç duyarken, *Natronomonas moolapensis* ve *Natronomonas gomsonensis* gibi nötrofilik türler 5.5–8.5 arasında pH değerlerine ihtiyaç duymaktadır. Alkalifilik türlerin optimum gelişimi için pH aralığı 8.5–9.0 iken nötrofilik türlerin optimum gelişimi için pH aralığı 7.0–7.5 olarak

belirtilmektedir. Membran polar lipidleri, fosfatidilgliserol, fosfatidilgliserolfosfat metil ester ve fosfatidik asidin gliserol dieter analoglarıdır. Fitanyl-sesterterpanil parçaları ($C_{20}C_{25}$) mevcut iken, bilinmeyen fosfolipitler veya glikolipit mevcut olabilmektedir. DNA G+C içerikleri %61.8–64.3 arasında değişmektedir. *Natronomonas* cinsinin tip türü *Natronomonas pharaonis* olarak belirlenmiştir (Soliman ve Trüper, 1982; Minegishi ve Kamekura, 2018).

Familiya *Halobacteriaceae*

Halobacteriaceae familyasına dâhil olan üyelerin hücreleri, taze sıvı kültürde optimal koşullar altında değişen uzunluklarda çomaklardır. Pleomorfik ve kokoid formlar eski sıvı kültürde ve agarda yetiştirilen kültürlerde görülebilmektedir. Hücreler hareketli, homojen olarak Gram negatif boyanmakta ve damıtılmış suda parçalanmaktadır. Gelişim için amino asitler gerekmede ve magnezyum iyonu gereksinimi 5–50 mM arasında değişmektedir. Optimum büyüme için tuz konsantrasyonu 3.5–4.5 M arasında değişirken, pH aralığı 5.0–8.0 arasında değişmektedir. Hücrelerde karakteristik olarak sülfatlanmış triglikosil ve tetraglikosil dieterler mevcudiyeti bildirilmektedir (Grant ve ark., 2015b). *Halobacteriaceae* familyası, *Halobacterium* (familyanın tip cinsi), *Haladaptatus*, *Halalkalicoccus*, *Haloarchaeobius*, *Halarchaeum*, *Halomarina*, *Halorubellus*, *Halorussus*, *Halovenus*, *Natronoarchaeum*, *Salarchaeum* ve *Salinarubrum* cinslerini içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Cins *Halobacterium*

Halobacterium cinsi, bakteriyoruberin karotenoidleri tarafından kırmızı-pembe pigmentli koloniler oluşturan, polar veya peritrik kamçıya sahip olan hareketli ve çomak şekilli hücrelerden oluşmaktadır. Hücrelerde bakteriyorodopsin ve halorodopsin gibi retinal pigmentler de bulunmaktadır. Tüm *Halobacterium* türleri, 2.5–5.2 M NaCl konsantrasyonunda gelişim gösteren aşırı halofiller olarak tanımlanmaktadır ve suşların çoğu 3.5–4.5 M NaCl konsantrasyonunda optimum gelişim göstermektedir. Gelişim için optimum magnezyum konsantrasyonu 0.05–0.06 M arasında değişmektedir. 15–55 °C sıcaklık ve 5.2–8.5 pH aralıklarındaki değerler gelişimi desteklemektedir. Hücreler

distile suda parçalanmaktadır ve bazı izolatlar gaz vezikülleri üretmektedir. Cinsin üyeleri oksidaz reaksiyonu için pozitif veya negatif olarak değişkenlik göstermekle birlikte katalaz pozitif reaksiyon göstermektedir ve aerobtur. Bazı suşlar, elektron alıcısı olarak nitrat veya dimetilsülfoksit ile anaerobik solunum yoluyla moleküler oksijenin yokluğunda gelişim gösterebilmekte ve çoğu izolat arjinin fermentasyonu ile anaerobik olarak gelişim gösterebilmektedir. Ana solunum kinonları MK-8 ve MK-8[H₂] olarak belirtilmektedir. Cinsin türleri kemoorganotrofiktir ve gelişim için amino asitler gerekmektedir. Çoğu *Halobacterium* türünün gelişim için karmaşık gereksinimleri bulunmaktadır. Çoğu tür tarafından şekerler zayıf bir şekilde metabolize edilmektedir ve şekerlerden asit oluşumu gözlenmemektedir. Polar lipidleri, fosfatidilgliserolün difitanil dieter türevleri, fosfatidilgliserol fosfatın metil esteri, fosfatidilgliserol sülfat, sülfatlanmış triglikosil- ve tetraglikosil dieter lipidleri ve diğer glikolipitlerdir. Cinsin izolatları tuzlanmış balık ve balık ürünlerinden, tuzlanmış derilerden, kaya tuzundan, doğal tuz göllerinden ve deniz tuzlarından izole edilmiştir. DNA G+C içerikleri %54.3–71.2 arasında değişmektedir. *Halobacterium* cinsinin tip türü *Halobacterium salinarum* olarak belirlenmiştir (Harrison ve Kennedy, 1922; Elazari-Volcani, 1957; Oren ve Litchfield, 1999; Grant, 2015; Oren ve Ventosa, 2017d).

Doğal olarak oluşan, protein yapısında olan gaz veziküllerinin, fotosentetik ve mezofilik bakterilerin yanı sıra halofil arkelerde de bulunduğu ve bu organizmaların sudaki hareketinde önemli rol oynadığı açıklanmıştır (Pfeifer, 2012). *Halobacterium salinarum*, *Halobacterium mediterranei*, *Halorubrum vacuolatum* ve *Haloquadratum walsbyi* gibi gaz vezikülleri ürettiği bilinen 4 halofil arke türünden yalnızca *Halobacterium salinarum*'un potansiyel biyoteknolojik uygulamaları araştırmak için yoğun bir şekilde kullanıldığı belirtilmiştir (Stuart ve ark., 2001, 2004; Sremac ve Stuart, 2008, 2010; Childs ve Webley, 2012; DasSarma ve ark., 2013, 2014; Pecher ve ark., 2016; Pfeifer ve ark., 2021). Gelişimi kolay olan *Halobacterium* cinsi, halofil araştırmalarında arkeler için model organizma olarak kullanılmaktadır. Ayrıca *Halobacterium* cinsinin, bakteriyorodopsin üretiminde kullanıldığı da rapor edilmiştir (Ma ve ark., 2010; Oren, 2010).

Takım *Haloferacales*

Haloferacales takımının üyeleri, yüksek tuzluluğa sahip ortamlarda, özellikle deniz güneş tuzlarında ve Ölü Deniz’de bulunmaktadır. Bu takımın üyeleri çomaklar, koklar ve düz kareler olmak üzere çeşitli morfolojiler göstermektedirler. Üyelerin optimum gelişim gösterdiği pH nötr aralıkta bulunmaktadır ve üyeler hem heterotrofik hem de kemoorganotrofik olarak gelişebilirler (Gupta ve ark., 2015). Takımın sadece birkaç üyesi yüksek tuz ve yüksek pH değerlerinde yaşama adapte olabilmektedir (Oren, 2019b). Takımın bazı üyeleri hareketli olup gaz vezikülleri içermektedir. Üyelerin DNA G+C içerikleri %55.0–66.0 arasında değişmektedir. Bu takımın üyeleri 16S rRNA gen dizilerine, EF-Tu, RpoC, UvrD, EF-2/EF-G ve GyrA gibi protein dizilerine ve birleştirilmiş protein dizilerine dayanan filogenetik ağaçlarda bir bölüm oluşturmaktadır. Bu takımın üyeleri DNA giraz B, prolil t-RNA sentetaz, açıl-CoA sentetaz ve aspartil/glutamil-tRNA amindotransferaz alt birim B gibi proteinlerde korunmuş insersiyon ve delesyonların benzersiz ortak mevcudiyeti ile *Halobacteria* sınıfındaki diğer tüm takımlardan ve diğer prokaryotlardan ayırt edilebilmektedir (Gupta ve ark., 2015). Ayrıca Gupta ve arkadaşlarının 2015 yılında yayımladıkları çalışmada listelenen proteinlerin homologlarının ve çinko parmak proteini 330 benzeri proteininin bu takımın ayırt edici karakteristiklerinden olduğu bildirilmiştir. *Haloferacales* takımı, *Haloferacaceae* ve *Halorubraceae* olmak üzere iki familya içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Familya *Haloferacaceae*

Familyanın üyeleri, tuz gölleri ve deniz tuzları olmak üzere yüksek tuzlu ortamlardan izole edilmişlerdir. Üyelerin optimal gelişimleri için en az 0.9–2.4 M NaCl ve nötr pH gerekmektedir. Üyelerin çoğu pleomorfik şekilli kemoorganotrofik aeroblar olmakla birlikte koklar, düz kareler veya dikdörtgen hücreler de olabilmektedir. Üyelerin polar lipidleri sülfatlanmış mannosil glukosil dieter S-DGD-1’in varlığı ve genellikle fosfatidilgliserol sülfatın yokluğu ile karakterize edilmektedir. Bu familyanın üyeleri, 16S rRNA genine dayalı filogenetik ağaçlarda ve bir dizi housekeeping geninin multilokus dizi analizine dayalı olarak *Halobacteria* sınıfındaki diğer familyalardan ayrı olarak dallanmaktadır. Üyelerin DNA G+C içerikleri %47.9–66.2 arasında

değişmektedir (Oren ve Ventosa, 2017b). *Haloferacaceae* familyası, *Haloferax* (familyanın tip cinsi), *Halobellus*, *Halogeometricum*, *Halogramum*, *Halopelagius*, *Haloplanus*, *Haloquadratum* ve *Halosarcina* cinslerini içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Cins *Haloplanus*

Haloplanus cinsi, kırmızı veya pembe pigmentli, düz, pleomorfik ve Gram negatif hücrelerden oluşmaktadır. Türlerinin tümünün 0.9–5.1 M NaCl konsantrasyonunda gelişim gösteren aşırı halofiller olduğu, çoğu suş için optimum gelişimin 2.1–3.1 NaCl konsantrasyonunda görüldüğü, çoğunun gaz vezikülleri oluşturduğu ve bazılarının hareketli olduğu raporlanmıştır. 20–52 °C sıcaklık ve 5.5–9.5 pH aralıklarındaki değerler gelişimi desteklemektedir. Hücreler distile suda parçalanmaktadır. Katalaz ve oksidaz pozitif, aerobik, heterotroflardır ancak bazı türler için nitrat, dimetil sülfoksit (DMSO) veya arjinin mevcudiyetinde anaerobik gelişme bildirilmiştir. Şekerler, bazı durumlarda asit oluşumu ile metabolize edilmektedir. Polar lipidler, fosfatidilgliserolün difitanil dieter türevleri, fosfatidilgliserol fosfatın metil esteri, fosfatidilgliserol sülfat ve sülfatlanmış mannosil glukosil dieter lipid S-DGD-1 ile kromatografik olarak aynı olan bir ana glikolipittir. Filogenetik açıdan en yakın akraba olarak *Halogramum*, *Haloferax* ve *Halopelagius* cinsleri belirtilmektedir. Türlerin çoğu izolatları deniz tuzlarından elde edilmiştir. DNA G+C içerikleri %62.1–67.2 arasında değişmektedir. *Haloplanus* cinsinin tip türü *Haloplanus natans* olarak belirlenmiştir (Elevi Bardavid ve ark., 2007; Oren, 2016).

Cins *Haloquadratum*

Haloquadratum cinsinin tanımlanan tek üyesi olan *Haloquadratum walsbyi*, dünya çapında NaCl'ye doymuş talasik göllerde hâkim olan bir türdür. Tuz göllerinde ve tuz kristalleştirici havuzlarda bulunmaktadır. Hücreler, kendilerine özgü yassı ve posta pulu gibi kare şekilleriyle benzersiz olup gaz vezikülleri ve poli-β-hidroksialkanoat (PHA) granülleri içermektedir. *Haloquadratum walsbyi* bakteriyoruberin karotenoidleri ve bakteriyorodopsin mevcudiyeti sebebiyle kırmızı-pembe pigmentlidir. Gram negatif boyanan, aerobik heterotroflardır. Oksidaz ve katalaz negatif reaksiyon göstermektedir.

Mililitre başına 10^8 hücre sayısına erişebilen en başarılı halofil popülasyonlarının ilk sıralarında yer almaktadır. Bununla birlikte, laboratuvarındaki kültür ortamlarında çok yavaş gelişim göstermelerinden dolayı saf kültürlerini elde etmek için son derece titiz çalışmalar yapılması gerekliliği vurgulanmıştır. İlk iki suşun izolasyonundan 10 yıl sonra bile, izolasyonu için kanıtlanmış protokollerin varlığı ve tuzcul ekosistemlerdeki muazzam bolluğuna rağmen sadece 4 *Haloquadratum* suşu izole edildiği bildirilmektedir. Cins hakkındaki mevcut bilgilerin çoğu genom ve metagenom dizilemelerinden elde edilmektedir. İlk iki saf kültürün genomları, *Halobacteria* sınıfının çoğu üyesi gibi fotoheterotrof olduklarını göstermektedir. Organizmanın başarılarının, güneş enerjisinin rodopsinler yoluyla verimli bir şekilde kullanılmasından ve tuzlu suda hafif ve organik besin hasatını kolaylaştıracak geniş yüzey/hacim oranlarından kaynaklanabileceği bildirilmiştir. Başlıca polar lipitleri, fosfatidilgliserol (PG) ve S-DGD-1 ile kromatografik olarak aynı olan bir glikolipittir. DNA G+C içeriği %47.9 olarak belirtilmektedir. *Haloquadratum* cinsinin tip türü *Haloquadratum walsbyi* olarak belirlenmiştir (Burns ve ark., 2007; Rodríguez-Valera ve ark., 2016).

Haloquadratum cinsinin, %13.1–36.0 arasında değişen tuzluluktaki Margherita di Savoia tuzlasının %36 tuzluluk içeren havuzunda yaklaşık %63 ile en yüksek nispi bollukta bulunduğu bildirilmiştir (Leoni ve ark., 2020). Araştırmacılar, İtalya'nın güneydoğu kıyısında bulunan Margherita di Savoia tuzlasının fonksiyonel metagenom analizi sırasında *Haloquadratum walsbyi*'e ait amilomaltaz geninin varlığını tespit etmişlerdir. Bu amilomaltaz geninin kendine özgü ekstra dizileri olduğu saptanmıştır (Leoni ve ark., 2020). *Haloquadratum* amilomaltazının BLAST analizinin, halofil *Archaea* domainine özgü olduğu ve termofil mikroorganizmalarda bulunmadığı açıklanmıştır (Leoni ve ark., 2021). Leoni ve arkadaşları 2022 yılında *Haloquadratum walsbyi*'e ait olan amilomaltaz geninin *Escherichia coli* hücrelerinde ekspresyonunu açıklamışlardır. Amilomaltazlar, GH77 ailesinin prokaryotik 4- α -glukanotransferazları olarak tanımlanmaktadır. Amilomaltazlar, nişastayı modifiye etme yetenekleri sayesinde, biyoteknolojik uygulamalar için büyük ilgi gören bir enzim grubudur (Leoni ve ark., 2022).

Familiya *Halorubraceae*

Familiyanın üyeleri, tuz gölleri ve deniz tuzlaları olmak üzere yüksek tuzlu ortamlardan izole edilmişlerdir. Üyelerin optimal gelişimleri için en az 0.9–2.7 M NaCl ve hemen hemen tüm türler için nötr pH gerekmektedir. Üyeler kemoorganotrofik aeroblar, çomaklar veya pleomorfiktirler. Üyelerin polar lipidleri genellikle S-DGD-1 ve DGD-1'in varlığı ve genellikle fosfatidilgliserol sülfatın varlığı ile karakterize edilmektedir. Bu familiyanın üyeleri, 16S rRNA genine dayalı filogenetik ağaçlarda ve bir dizi housekeeping geninin multilokus dizi analizinde *Halobacteria* sınıfındaki diğer familyalardan ayrı olarak dallanmaktadır. Üyelerin DNA G+C içerikleri %58.4–71.2 arasında değişmektedir (Oren ve Ventosa, 2017c). *Halorubraceae* familyası, *Halorubrum* (familiyanın tip cinsi), *Halobaculum*, *Halohasta*, *Halolamina*, *Halonotius*, *Halopenitus* ve *Salinigranum* cinslerini içermektedir (Gupta ve ark., 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Cins *Halolamina*

Hücreler, optimal gelişim koşulları altında pleomorfik ve ince dilim şeklinde olmakta ve Gram negatif boyanmaktadır. Aerobik heterotrof olan hücreler, distile suda parçalanmaktadır. Oksidaz ve katalaz testleri pozitifdir. 1.4–5.1 M NaCl konsantrasyonlarında gelişim gösteren hücreler aşırı halofildir ve bilinen suşların optimal gelişimleri 3.4–3.9 M NaCl konsantrasyon aralığında görülmektedir. Optimum magnezyum konsantrasyonu 0.01–0.05 M arasında değişmektedir. 25–50 °C sıcaklık ve 5.5–9.5 pH aralığındaki değerler gelişimi desteklemektedir. Şekerler, bazı durumlarda asit oluşumu ile metabolize edilmektedir. Polar lipidler fosfatidik asit, fosfatidilgliserol, fosfatidilgliserol fosfat metil ester, fosfatidilgliserol sülfat ve sekiz glikolipittir; bu glikolipitlerden üçü SDGD-1, TGD-1 ve DGD-1 ile kromatografik olarak aynıdır. DNA G+C içerikleri %62.7–64.8 arasında değişmektedir. Bilinen suşlar deniz tuzlarından izole edilmiştir. *Halolamina* cinsinin tip türü *Halolamina pelagica* olarak belirlenmiştir (Cui ve ark., 2011).

Cins *Halonotius*

Halonotius cinsi, agar besiyerinde kırmızı pigmentli koloniler üreten, Gram negatif boyanan, genellikle yuvarlak uçlu, yassı çomaklar şeklinde olup, bir polar kamçı ile zayıfça hareketli olan zorunlu aerobik heterotroflardır. Oksidaz ve katalaz testleri negatiftir. İnce tabaka kromatografisi ile belirlenen polar lipidleri fosfatidilgliserol, fosfatidilgliserol fosfat metil ester ve sülfatlı diglikosil dieterdir. Yüksek performanslı sıvı kromatografisi metoduyla belirlenen DNA G+C içerikleri %58.4–58.7 arasında değişmektedir. Bilinen habitatları tuz örnekleri, tuz gölleri ve tuzlaların tuz kristalleştirici havuzlarıdır. *Halonotius* cinsinin tip türü *Halonotius pteroides* olarak belirlenmiştir (Burns ve ark., 2010; Durán-Viseras ve ark., 2019). Vitamin B₁₂ sentezleyen *Halonotius* cinsine ait yeni türlerin, tuzlu ortamlarda bol miktarda bulunmaları ve izolasyon yöntemlerindeki gelişmelerin sayesinde günümüzde kolayca izole edilebildiği araştırmacılar tarafından açıklanmıştır (Durán-Viseras ve ark., 2019, 2021).

Cins *Halorubrum*

Halorubrum hücreleri, optimal gelişim koşulları altında çomak şeklinde veya pleomorfiktir ve Gram negatif boyanmaktadır. Bazı türlerinin hareketli olduğu bilinmektedir. Koloniler, bakteriyoruberin karotenoidlerinin varlığı sebebiyle genellikle kırmızı-turuncu renktedir, ancak bazı türler neredeyse renksizdir ve retina pigmentlerinin de mevcudiyeti söz konusu olabilmektedir. Bazı suşlar gaz vezikülleri üretmektedir. 1.0–5.2 M NaCl konsantrasyon aralığında gelişim gösteren *Halorubrum* türleri aşırı halofil olarak değerlendirilmektedir. Optimum magnezyum konsantrasyonu 0.005–0.6 M arasında değişmektedir. Hücreler distile suda parçalanmaktadır. *Halorubrum* cinsi hem nütrofilik hem de alkalifilik türler içermektedir. Türlerin hepsi aerobik kemoorganotroflardır. Bazı türler tek karbon kaynağı kullanarak gelişebilirler. Çoğu türler şekerleri kullanmaktadır ve bazıları şekerlerden asit üretirler. Başlıca polar lipidler (C₂₀C₂₀ ve bazen C₂₀C₂₅), fosfatidilgliserolün (PG), fosfatidilgliserol fosfat metil esterin (PGP-Me), fosfatidilgliserol sülfatın (PGS) (çoğu türde) gliserol dieter türevleri ve S-DGD-3 gibi sülfatlanmış bir glukosil mannosil dieterdir. Optimal olarak pH 8.5–9.0 veya üzerindeki değerlerde gelişim gösteren alkalifilik türler, PGS ve

glikolipitlerden yoksundur. DNA G+C içerikleri %60.2–71.2 arasında değişmektedir. *Halorubrum* cinsinin türleri deniz tuzlalarından, tuz göllerinden, soda göllerinden, tuzlu topraklardan, kaya tuzundan, tuzlu yiyeceklerden ve diğer aşırı tuzlu ortamlardan izole edilmiştir. *Halorubrum* cinsinin tip türü *Halorubrum saccharovorum* olarak belirlenmiştir (Tomlinson ve Hochstein, 1976; McGenity ve Grant, 1995; Oren, 2018). *Halorubrum* cinsi, tüm haloarke cinsleri arasında en fazla sayıda tür içermektedir. *Halorubrum* cinsinin, poli- β -hidroksibütirat (biyoplastik) ve *Halorubrum* zarından türetilen polar lipidlerden arkeozom hazırlama gibi potansiyel biyoteknolojik uygulamaları hakkında çeşitli raporlar bulunmaktadır (Gonzalez ve ark., 2009; Patadia ve Dave, 2016; Amozegar ve ark., 2017).

Şube *Rhodothermaeota*

Bacteroidetes'in taksonomik sınıflandırılması, 29 ortolog protein dizisi ile bağlantılı olarak 16S rRNA ve 23S rRNA genlerine dayalı olarak revize edilmiştir ve bu revizyon *Bacteroidetes* içinde birkaç yeni taksonun yanı sıra *Rhodothermaeota* adlı yeni bir şube önerisiyle sonuçlanmıştır (Munoz ve ark., 2016; García-López ve ark., 2019). *Rhodothermaeota* şubesi, 16S rRNA ve 23S rRNA genlerinin filogenisi, sıralı 16S ve 23S rRNA işaretçilerinin filogenisi, 29 ortolog proteinin çoklu lokus dizi analizi, AtpD ve AlaS proteinlerindeki karakteristik insersiyon ve delesyonların varlığı ve 16S rRNA dizisindeki karakteristik nükleotidleri temelinde sınırlandırılmıştır. Şubenin üyeleri, deniz veya denizle ilgili habitatlarda gelişebilmek için NaCl'ye ihtiyaç duyan ve genellikle tuz, sıcaklık veya yüksek pH'a göre ekstremofilik görünen Gram negatif çomaklar, aeroblar veya fakültatif anaeroblardır. Üyelerin DNA G+C içerikleri %64–68 arasında değişmektedir (Munoz ve ark., 2016).

Sınıf *Rhodothermia*

Rhodothermia sınıfı, *Rhodothermaeota* şubesinin bir sınıfı olarak tanımlanmaktadır. Sınıfın tip takımı *Rhodothermales*'tir. *Rhodothermia* sınıfı, 16S rRNA ve 23S rRNA gen filogenileri ile sınırlandırılmıştır ve sınıfın üyelerinin tanımları *Rhodothermales* takımıyla aynıdır (Munoz ve ark., 2016).

Takım *Rhodothermales*

Rhodothermia sınıfına ait olan *Rhodothermales* takımı *Salinibacteraceae*, *Rhodothermaceae* ve *Rubricoccaceae* familyalarını içermektedir. Takım, 16S rRNA ve 23S rRNA filogenileri ve 29 ortolog proteinin çoklu lokus dizi analizi ile sınırlandırılmıştır. Üyeler Gram negatif çomaklar, kemoheterotrofik aeroblar, spor oluşturan, genellikle kırmızı–pembe pigmentli, hareketsiz veya kamçılı hareketli olarak tanımlanmaktadır. Üyeler halofilik (*Salinibacteraceae*), termofilik (*Rhodothermaceae*) veya mezofilik (*Rubricoccaceae*) olabilmektedir ancak üyelerin tümünün gelişim için %0.6–15 (0.1–2.5 M) konsantrasyon aralığında NaCl ihtiyacı bulunmaktadır. Üyelerin DNA G+C içerikleri %64–68 arasında değişmektedir. Takımın tip cinsi *Rhodothermus* olarak belirlenmiştir (Munoz ve ark., 2016).

Familya *Salinibacteraceae*

Familyanın üyeleri dünya çapında aşırı tuzlu ortamlarda tespit edilmiş olup Avrupa, Asya ve Amerika tuzlalarından ve tuz göllerinden kültüre edilmiştir (Mora-Ruiz ve ark., 2018; Viver ve ark., 2019). Familyanın üyelerinin hücreleri karotenoid pigmente sahip olmalarından ötürü kırmızı/turuncu renkli uzun çomaklardır ve Gram negatif boyanmaktadır. Familyanın üyeleri aerobiktir. Endospor oluşumu gözlenmemektedir. Oksidaz ve katalaz testlerinde pozitif reaksiyonlar görülmektedir. Familyanın üyeleri, retina bazlı ışık güdümlü proton pompası barındırmalarına ve dolayısıyla farazi olarak ışıktan enerji üretimi gerçekleştirmelerine rağmen kemoheterotrofiktir. Halofil veya aşırı halofil olarak değerlendirilen üyeler, %5–35 NaCl konsantrasyon aralığında gelişim gösterebilmektedirler. 27–47 °C sıcaklık aralığında gelişim gösteren üyeler mezofilik veya hafif termofilik olarak nitelendirilmektedir. Bu familya, 16S rRNA gen filogenisi, çoklu lokus dizi analizi ve tüm genom filogenetik analizleri temelinde sınırlandırılmaktadır. Üyelerin genom dizisinden hesaplanan DNA G+C içerikleri %63–67 arasında değişmektedir. *Salinibacteraceae* familyası, *Salinibacter* (familyanın tip cinsi), *Salinivenus* ve *Salisaeta* cinslerini içermektedir (Antón ve ark., 2002; Viver ve ark., 2019).

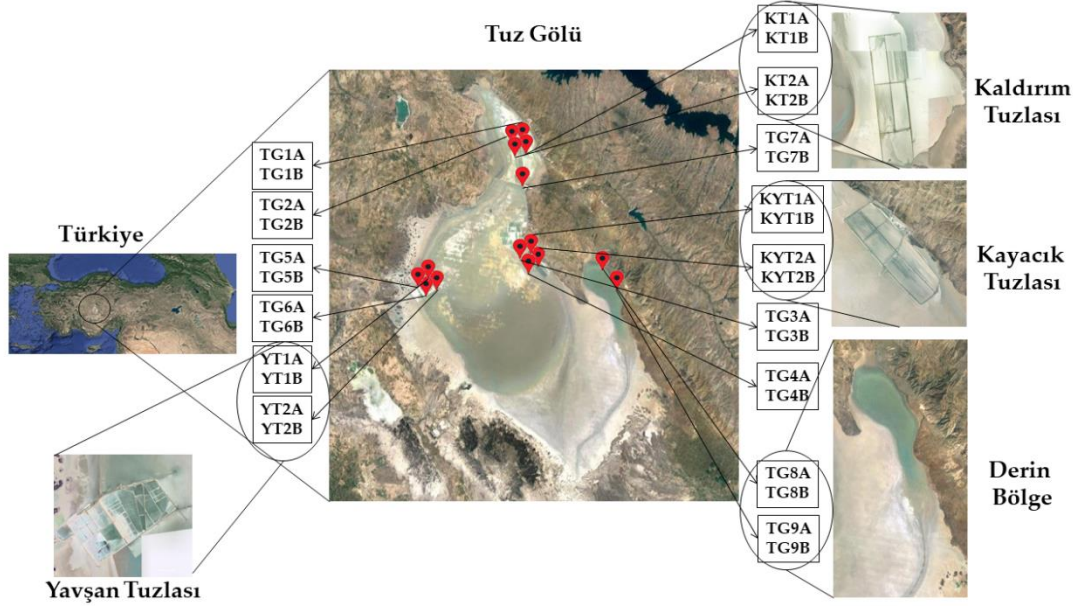
Cins *Salinibacter*

Üyeler, tuz gölleri ve tuzlalarda yaşayan, filogenetik olarak *Rhodothermaeota* şubesine, *Rhodothermia* sınıfına, *Rhodothermales* takımına ve *Salinibacteraceae* familyasına bağlı olan, çomak şekilli veya kavisli, Gram negatif boyanan, oksidaz ve katalaz pozitif, aerobik ve heterotrofik bakterilerdir. Üyeler son derece halofiliktirler ve gelişim için en az 150 g/L tuz konsantrasyonuna ihtiyaç duymaktadırlar. Hücreler, ortamdaki yüksek NaCl konsantrasyonunu dengelemek amacıyla yaklaşık olarak 10.7–12.6 $\mu\text{mol K}^+$ (mg protein)⁻¹ gibi konsantrasyonda KCl içermektedir. Hücreler karotenoid pigmentler üretmektedir. Tek solunum kinonu MK-7 olarak tanımlanmaktadır. Polar lipidleri difosfatidilgliserol, fosfatidilkolin ve bir dizi tanımlanmamış glikolipit ve lipidler olarak belirtilmektedir. Tip türlerin DNA G+C içerikleri %66.5 olarak saptanmıştır. Cinsin tip türü *Salinibacter ruber* olarak belirlenmiştir (Antón ve ark., 2002; Makhdoumi-Kakhki ve ark., 2012a; Munoz ve ark., 2016).

2. MATERYAL ve YÖNTEM

2.1. Örnekleme Alanının Belirlenmesi

Çalışmamızın örnekleme alanı, Türkiye'nin İç Anadolu Bölgesi'nde bulunan Tuz Gölü'nün yedi farklı bölgesi, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının ikiye farklı bölgesi olarak belirlenmiştir (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan 30 adet tuzlu su numunesinin örnekleme bölgelerinin Google Haritalar uygulamasından elde edilen uydu görüntüleri.

2.2. Tuzlu Su Örneklerinin Toplanması

Çalışmamızda kullanılan tuzlu su örnekleri belirlenen toplam 15 farklı örnekleme bölgesinden, 2017 yılının Temmuz ayında, çift tekrarlı olacak şekilde, steril şişeler ile toplanmış, karanlık ve soğuk zincirde laboratuvarımıza getirilmiştir.

2.3. Örnekleme Noktalarının Koordinatlarının Belirlenmesi

Örnekleme noktalarının koordinatları Google Haritalar uygulaması vasıtasıyla örneklerin alımı esnasında eş zamanlı olarak tespit edilmiştir.

2.4. Tuzlu Su Örneklerinin Kodlarının Belirlenmesi

Çalışmamızda Tuz Gölü örnekleri için TG, Kayacık Tuzlası örnekleri için KYT, Kaldırım Tuzlası örnekleri için KT ve Yavşan Tuzlası örnekleri için YT kodları kullanılmıştır. Kodlar ve birlikte kullanılan numaralar örnekleme bölgelerini, numaralarla birlikte kullanılan A ve B harfleri ise aynı örnekleme noktasından toplanan iki farklı örnek olduğunu belirtmektedir. 7 farklı örnekleme bölgesinden toplanan Tuz Gölü örnekleri TG1A–TG1B, TG2A–TG2B, TG3A–TG3B, TG4A–TG4B, TG5A–TG5B, TG6A–TG6B, TG7A–TG7B (14 adet); 2 farklı örnekleme bölgesinden toplanan Derin Bölge örnekleri TG8A–TG8B, TG9A–TG9B (4 adet); 2 farklı örnekleme bölgesinden toplanan Kayacık Tuzlası örnekleri KYT1A–KYT1B, KYT2A–KYT2B (4 adet); 2 farklı örnekleme bölgesinden toplanan Kaldırım Tuzlası örnekleri KT1A–KT1B, KT2A–KT2B (4 adet); 2 farklı örnekleme bölgesinden toplanan Yavşan Tuzlası örnekleri YT1A–YT1B, YT2A–YT2B (4 adet) şeklinde kodlanmışlardır (Şekil 2.1).

2.5. Tuzlu Su Örneklerinin Sıcaklık Değerlerinin Saptanması

Tuzlu su örneklerinin sıcaklıkları, örneklemenin yapıldığı anda eş zamanlı olarak termometre ile ölçülmüştür.

2.6. Tuzlu Su Örneklerinin pH Değerlerinin Saptanması

Tuzlu su örneklerinin pH değerleri, örneklemenin yapıldığı anda eş zamanlı olarak taşınabilir pH metre ile (PT 10, Sartorius Professional Meter PP–50 AG, Goettingen, Germany) ile ölçülmüştür.

2.7. Tuzlu Su Örneklerinin Toplam Tuzluluk Değerlerinin Saptanması

Tuzlu su örneklerinin toplam tuzluluk değerleri, örneklemenin yapıldığı anda eş zamanlı olarak el refraktometresi (Reef Octopus, China) ile ölçülmüştür.

2.8. Tuzlu Su Örneklerinin Farklı Kimyasal Analizlerinin Yapılması

Tuzlu su örneklerindeki toplam sodyum, potasyum, magnezyum ve kalsiyum konsantrasyonları kantitatif olarak alevli atomik absorpsiyon spektroskopisi (Flame Atomic Absorption Spectroscopy, FAAS, Perkin Elmer, AAS 400, Waltham, MA, USA) ile ölçülmüştür (Yeşil ve Tuğtaş, 2019). Na^+ , K^+ , Mg^{2+} ve Ca^{2+} analizlerinde kullanılan doğrusal aralıklar sırasıyla 10–100, 1–20, 0.1–2 ve 20–100 mg/L olarak belirlenmiştir. Klorür değeri arjantometrik yöntemlerden Mohr yöntemi ile kantitatif olarak ölçülmüştür (Clarke, 1950; APHA, 2005).

2.9. Tuzlu Su Örneklerinden Hücrelerin Toplanması

Toplanan her bir tuzlu su örneğinden 1.5 litre numune alınarak 5 µm por çaplı filtreden geçirilmiş ve süzüntü steril şişelere toplanmıştır. Steril şişelere toplanan ve 5 µm'den büyük partiküllerden arındırılmış süzüntü 0.22 µm por çaplı filtreden geçirilmiştir. Filtre üzerinde biriken mikroorganizmalar su akışını azaltacak şekilde dolduğunda filtre kâğıdı değiştirilerek yeni steril filtre ile filtrasyona devam edilmiştir. Mikroorganizmaların üzerinde biriktiği filtre kâğıtları steril makas ile uygun boyutlarda kesilerek üzerindeki mikroorganizmalar toplanarak içerisinde 10 ml steril örnek süzüntüsü bulunan 50 ml'lik steril falkon tüplere konulmuştur. Filtrasyon işleminin sonunda filtre kâğıtlarının içinde toplandığı falkon tüpleri orta hızda 30 saniye kadar vortekslenmiştir. Vorteksleme işleminden sonra falkon tüplerinin içerisindeki filtre kâğıtları steril pens yardımıyla toplanmıştır. Falkon tüplerinin içerisinde kalan bakteri süspansiyonu, 1.5 ml'lik steril Eppendorf tüplerine konulmuştur. Eppendorf tüpleri 13.000 rpm'de 30 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra tüplerdeki süpernatant dikkatlice mikropipet ile çekilerek uzaklaştırılmıştır. Tüplerde kalan pelletler mikropipet aracılığıyla ile tek bir Eppendorf tüpünde birleştirilmiştir. Pellet içeren Eppendorf tüpleri numaralandırılarak DNA ekstraksiyon işlemine kadar -20 °C'de saklanmıştır (Ghai ve ark., 2011; Fernández ve ark., 2014a; Vavourakis ve ark., 2016).

2.10. Tuzlu Su Örneklerinden Toplanan Hücrelerden DNA Ekstraksiyonunun Yapılması

Tuzlu su örneklerinden toplanan mikroorganizmaların DNA ekstraksiyonu DNeasy® PowerSoil® kiti ile gerçekleştirilmiştir. DNA ekstraksiyon işlemi sırasında üretici protokolü takip edilmiştir. Eppendorf tüplerindeki pelletler, içerisinde steril bilyelerle birlikte katı parçacıkların dağılmasına yardım eden ve nükleik asitleri degradasyondan koruyan bir tampon çözeltisi bulunan tüplere aktarılmıştır. Daha sonra tüpler hafifçe vortekslenerek homojenizasyon sağlanmıştır. Sonrasında tüplere hücrelerin tamamen parçalanabilmesi için gerekli olan SDS (Sodyum dodesil sülfat, pek çok organizmanın hücre zarındaki yağ asitlerini ve lipitleri parçalayan anyonik bir deterjandır) ve diğer parçalayıcı ajanları içeren C1 çözeltisinden 60 µl eklenmiş ve tüpler maksimum hızda 10 dakika vortekslenmiştir. Vorteksleme işlemi homojenizasyon ve hücre parçalanması için oldukça önemlidir. Vorteksleme işlemi etkinliğinin maksimizasyonu yüksek oranda DNA verimliliğini beraberinde getirmektedir. Vorteksleme işleminden sonra süpernatantlar temiz ve steril 2 ml'lik toplama tüplerine aktarılmıştır. Toplama tüplerine DNA haricindeki organik ve inorganik materyallerinin presipitasyonunu sağlayıcı ajanları içeren C2 çözeltisinden 250 µl eklenmiş ve tüpler 5 saniye vortekslenmiştir. Bu aşamanın en önemli fonksiyonu, DNA saflığını düşürebilecek kontamine organik ve inorganik madde varlığından kurtulmaktır. Vorteksleme işleminin ardından tüpler 10.000 x g hızında 1 dakika santrifüjlenmiştir. Santrifüjleme işleminden sonra 750 µl'lik süpernatantlar temiz ve steril 2 ml'lik toplama tüplerine aktarılmıştır. Bu aşamanın en önemli amacı, DNA haricindeki organik ve inorganik materyal içeren pelleti tamamen uzaklaştırmaktır. Pelletin hiçbir şekilde yeni toplama tüpüne aktarılması DNA verimi ve kalitesi açısından önem arz etmektedir. Sonrasında tüplere DNA haricindeki ilave organik ve inorganik materyallerinin presipitasyonunu sağlayıcı ajanları içeren C3 çözeltisinden 200 µl eklenmiş ve tüpler hafifçe vortekslenmiştir. Vorteksleme işleminin ardından tüpler 10.000 x g hızında 1 dakika santrifüjlenmiştir. Santrifüjleme işleminin ardından 750 µl'lik süpernatantlar temiz ve steril 2 ml'lik toplama tüplerine aktarılmıştır. Bu aşamanın en önemli fonksiyonu, DNA haricindeki organik ve inorganik materyal içeren pelleti tamamen uzaklaştırmaktır. Pelletin hiçbir şekilde yeni toplama tüpüne aktarılması DNA verimi ve kalitesi açısından önem arz etmektedir. Sonrasında tüplere yüksek konsantrasyonda bir tuz çözeltisi olan C4

çözeltilisinden 1200 µl eklenmiş ve tüpler 5 saniye vortekslenmiştir. DNA yüksek tuz konsantrasyonlarında silika membrana sıkıca bağlandığından ötürü bu işlemin amacı, DNA'nın tutunmasını sağlamaktır ancak bu basamakta hâlâ düşük seviyelerde DNA haricindeki organik ve inorganik materyal bulunmaktadır. Vorteksleme işleminden sonra tüplerden 675 µl numune alınarak spin kolonlar üzerine yüklenmiş ve kolonlar 10.000 x g hızında 1 dakika santrifüjlenmiştir. Santrifüjleme işleminin ardından sıvı kısım dökülmüştür. Bu işlemler tüm örnek bitinceye kadar tekrarlanmıştır. Sonrasında kolonların üzerine etanol içeren bir yıkama çözeltisi olan C5 çözeltisinden 500 µl eklenmiş ve kolonlar 10.000 x g hızında 30 saniye santrifüjlenmiştir. Bu aşamanın en önemli fonksiyonu, etanol içerikli yıkama çözeltisinin etkisi ile tuz kalıntılarını ve diğer kontaminantları ortamdan uzaklaştırarak silika membrana bağlı DNA'yı temizlemektir. Santrifüjleme işleminin ardından sıvı kısım atılarak kolonlar tekrar 10.000 x g hızında 1 dakika santrifüjlenmiştir. Santrifüjleme işleminin ardından spin kolonlar dikkatli bir şekilde temiz ve steril 2 ml'lik toplama tüplerine yerleştirilmiştir. Ardından beyaz filtre membranın tam merkezine gelecek şekilde steril yıkama tamponu olan ve DNA'nın membrandan tamamen salınmasını sağlayan C6 çözeltisinden 60 µl eklenmiş ve tüpler oda sıcaklığında 10.000 x g hızında 30 saniye santrifüjlenmiştir. Santrifüjleme işleminin ardından spin kolonlar atılarak içerisinde DNA'nın bulunduğu tüplerin ağızları kapatılmıştır. Elde edilen DNA örneklerinin kalite ve konsantrasyon ölçümü NanoDrop spektrofotometre cihazında (NanoDrop 2000) gerçekleştirilmiş ve konsantrasyon, 260/280 nm ve 260/230 nm absorbans oranları kaydedilmiştir. DNA örnekleri takip eden uygulamalara kadar -20 °C'de saklanmıştır (Klindworth ve ark., 2013).

2.11. Ekstre Edilen DNA'lardan 16S rRNA Amplikonlarının Çoğaltılması

Tuzlu su örneklerinden elde edilen *Archaea* ve *Bacteria* domainlerine ait olan mikroorganizmaların 16S rRNA genlerinin V6–V8 değişken bölgeleri, universal 926F (5'–AAA CTY AAA KGA ATT GRC GG–3') ve 1392R (5'– ACG GGC GGT GTG TRC–3') primerleri kullanarak ve ileri primerlere eklenmiş barkod dizileri ile amplifiye edilmiştir (Tremblay ve ark., 2015; Vavourakis ve ark., 2016). PZR amplifikasyonları HotStarTaq Plus Master Mix (Qiagen, USA) kullanılarak PZR cihazında 94 °C'de 3 dakika başlangıç denatürasyonunu takiben, 28 döngü 94 °C'de 30 saniye, 53 °C'de 40

saniye ve 72 °C’de 60 saniye, sonrasında son uzatma aşaması olarak 72 °C’de 5 dakika bekletilerek gerçekleştirilmiştir. Amplifikasyon sonrası PZR ürünleri %2’lik agaroz jelde yürütülerek amplifikasyon kontrol edilmiş, her örneğe ait ürünlerin konsantrasyonları ölçülmüş ve ekimolar miktarda karıştırılmıştır. Birleştirilen ampikonlar kit ile birlikte gelmiş olan AMPure XP (Beckman Coulter, Brea, CA, USA) manyetik boncukları kullanılarak saflaştırılmıştır. Elde edilen birleştirilmiş ve saflaştırılmış örnekler, DNA kütüphanesi hazırlama kiti protokollerine göre dizilemeye hazır hâle getirilmiştir. Yeni nesil DNA dizileme (Next Generation Sequencing–NGS, Macrogen Inc., Seoul, Korea), MiSeq cihazında her örnek için ortalama 2x300 baz çiftlik okuma elde edilecek şekilde gerçekleştirilmiştir (Fernández ve ark., 2014a; Fernández ve ark., 2014b; Tremblay ve ark., 2015; Vavourakis ve ark., 2016).

2.12. Veri Tabanları Kullanılarak Metagenomik Okumaların Karşılaştırmalı Analizlerinin Yapılması

Dizileme sonrasında elde edilen her fragmanın ileri ve geri dizileri birleştirilmiş, birleştirme öncesi ve sonrası tüm dizinin kalite kontrolü FASTQC programında gerçekleştirilmiştir (<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>). 16S rRNA ampikon verisi, QIIME (Caporaso ve ark., 2010) yazılım paketi kullanılarak analiz edilmiştir. İlk olarak demultipleksleme işlemi ile dizilerdeki barkod bilgisi kullanılarak her örneğe ait diziler ayrılmıştır. Bu aşamada ileri/geri primer ve barkod dizilerinin tamamının eşleşmediği fragmanlar analiz dışı tutulmuş ve fragmanlardaki adaptör ve barkod dizileri kesilerek analize hazır hâle getirilmiştir. Fragmanlar UCLUST (Edgar, 2010) yazılımı ile %97 benzerlik seviyesinde OTU (operational taxonomic unit, operasyonel taksonomik birim) birimlerine kümelendirilmiştir. Her OTU’yu temsil eden dizi seçilerek PyNAST (DeSantis ve ark., 2006) yazılımı kullanılarak, Greengenes veritabanına hizalaması (alignment) gerçekleştirilmiştir. Kimerik okumalar ChimeraSlayer (Haas ve ark., 2011) algoritması kullanılarak tespit edilmiş ve temizlenmiştir. Ayrıca yalnızca 1 dizi içeren OTU birimleri tespit edilerek analize dâhil edilmemiştir. Ardından örneklerin her OTU kümesindeki dizilerinin miktarları belirlenerek OTU tablosu oluşturulmuştur. OTU tablosundaki OTU birimlerinin taksonomik sınıflandırması yine Greengenes veritabanı ve UCLUST

algoritması kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Taksonomik seviyelerin görselleştirilmesi bar ve alan grafikleri şeklinde yapılmıştır. Örneklerin alfa-çeşitlilik analizleri yine QIIME yazılımı ile OTU tablosu kullanılarak belirlenmiş olup çeşitlilik seviyelerini belirten PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance indekslerinin hesaplanması yapılmıştır.

2.13. Farklı Değişkenler Arası İstatistiksel ve Temel Bileşenler Analizlerinin Yapılması

Çalışmada tuzlu su örneklerinden saptanan arke ve bakteri cinslerinin bollukları arasındaki istatistiksel korelasyonlar R yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Farklı değişkenler arasındaki korelasyonlar R yazılımının “cor” fonksiyonu ile analiz edilmiştir. Temel bileşenler analizleri “prcomp” fonksiyonu ile yapılmıştır (Venables ve Ripley, 2013).

2.14. Dizi Verilerine Erişilebilirliğin Sağlanması

Çalışmada elde edilen tüm dizi verileri PRJNA705280 erişim numarası altında Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (National Center for Biotechnology Information, NCBI) Avrupa Nükleotit Arşivi (European Nucleotide Archive, ENA) veri tabanında ücretsiz olarak erişime açık hâlde bulunmaktadır.

3. BULGULAR ve TARTIŞMA

Çalışmamızda Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan 30 adet tuzlu su örneğinin çevresel ve fizikokimyasal karakteristikleri tespit edilmiştir. Tüm tuzlu su örneklerinde yüksek tuzluluk oranları ve nötr ile hafif alkali pH değerleri gözlenmiştir. Tuz Gölü ve Derin Bölge'den alınan örneklerin tuzluluğu %30 ile %38 arasında değişirken, tuzlalardan toplanan örneklerin tuzluluğu %30 ile %36 arasında değişmiştir. Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan örneklerin tuzluluk oranları sırasıyla %30–32, %32–36 ve %32 oranlarında tespit edilmiştir. Numunelerin pH değerleri yaklaşık 6.9 ile 7.4 arasında değişirken, sıcaklıkları 22 °C ve 24 °C olarak tespit edilen bazı Tuz Gölü örnekleri ve Derin Bölge'nin tüm örnekleri haricinde numunelerin sıcaklık değerlerinin 25 °C ile 27 °C arasında değişen sıcaklık değerlerinde epeyce sabit olduğu gözlenmiştir. Na^+ ve Cl^- içerikleri tüm tuzlu su örneklerinde oldukça yüksek olarak bulunmuştur. K^+ ve Mg^{2+} içerikleri orta düzeyde bulunmasına rağmen çalışılan tüm numunelerde Ca^{2+} konsantrasyonları düşük olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.1). Çalışmamızdan elde edilen fizikokimyasal analiz verileri özellikle nötral pH ve Na^+ ve Cl^- içeriklerinin yüksek konsantrasyonları (divalent kationların aksine) Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının talasohalin karakterini desteklemektedir.

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin sıcaklıkları 22 °C ile 27 °C arasında değişmiştir. En düşük sıcaklık değerleri 22 °C olarak TG7A ve TG7B örneklerinde ölçülürken, en yüksek sıcaklık değerleri 27 °C olarak TG3A, TG3B, TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilmiştir. Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin sıcaklıkları sırasıyla 24 °C, 27 °C, 25 °C ve 25 °C olarak ölçülmüştür (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin pH değerleri 6.85 ile 7.34 arasında değişmiştir. En düşük pH değerleri 6.85 olarak TG7A ve TG7B örneklerinde ölçülürken, en yüksek pH değerleri 7.34 olarak TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilmiştir. Derin Bölge örneklerinin tümünde pH değerleri 7.40 olarak bulunmuştur. Kayacık Tuzlasının iki örneğinde (KYT1A ve KYT1B) pH değerleri 7.34 olarak bulunmuşken, diğer iki örneğinde (KYT2A ve KYT2B) pH değerleri 7.40 olarak bulunmuştur. Kaldırım Tuzlasının iki örneğinde (KT1A ve KT1B) pH değerleri 7.30 olarak saptanmışken,

diğer iki örneğinde (KT2A ve KT2B) pH değerleri 6.90 olarak saptanmıştır. Yavşan Tuzlasından elde edilen tuzlu su örneklerindeki pH değerleri ise 7.36 (YT1A ve YT1B) ve 7.34 (YT2A ve YT2B) olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin toplam tuzluluk değerleri %32 ile %38 arasında değişmiştir. En düşük tuzluluk değerleri %32 ile TG3A, TG3B, TG4A ve TG4B örneklerinde görülürken, en yüksek tuzluluk değerleri %38 ile TG7A ve TG7B örneklerinde görülmüştür. Ara değerler olan %34 tuzluluk değeri TG1A, TG1B, TG2A, TG2B, TG6A ve TG6B örneklerinde saptanırken, %36 tuzluluk değeri ise TG5A ve TG5B örneklerinde saptanmıştır. Derin Bölge örneklerinin tümünde (TG8A, TG8B, TG9A ve TG9B) toplam tuzluluk %30 olarak tespit edilmiştir. Kayacık Tuzlasının iki örneğinde (KYT1A ve KYT1B) toplam tuzluluk değerleri %32 olarak bulunmuşken, diğer iki örneğinde (KYT2A ve KYT2B) toplam tuzluluk değerleri %30 olarak bulunmuştur. Kaldırım Tuzlasının iki örneğinde (KT1A ve KT1B) toplam tuzluluk değerleri %32 olarak saptanırken diğer iki örneğinde (KT2A ve KT2B) toplam tuzluluk değerleri %36 olarak saptanmıştır. Yavşan Tuzlası örneklerinin tümünde (YT1A, YT1B, YT2A ve YT2B) toplam tuzluluk değerleri %32 olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin sodyum konsantrasyonları 62449 mg/L (TG7A) ile 96333 mg/L (TG3B) arasında değişmiştir. Derin Bölge örneklerinin sodyum konsantrasyonları 91878 mg/L (TG8A) ile 122228 mg/L (TG9A) arasında tespit edilmiştir. Kayacık Tuzlası örneklerinde sodyum konsantrasyonları 90000 mg/L (KYT1A) ile 95875 mg/L (KYT2A) arasında bulunmuşken, Kaldırım Tuzlası örneklerinde sodyum konsantrasyonları 59980 mg/L (KT2B) ile 80319 mg/L (KT1B) arasında bulunmuştur. Yavşan Tuzlası örneklerinde sodyum konsantrasyonları 88311 mg/L (YT1B) ile 91974 mg/L (YT1A) arasında değişmiştir. TG9B, TG8B, KYT2A, TG3B ve TG9A örneklerinde yüksek sodyum içeriği (94000–122228 mg/L) gözlemlenirken, KT2B, TG7A, TG7B ve KT2A örneklerinde düşük sodyum içeriği (59980–64649 mg/L) gözlenmiştir (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin potasyum konsantrasyonları 3767 mg/L (TG7A) ile 11520 mg/L (TG5A) arasında değişmiştir. Derin Bölge örneklerinin potasyum konsantrasyonları 4976 mg/L (TG8A) ile 13869 mg/L (TG8B) arasında tespit edilmiştir.

Kayacık Tuzlası örneklerinde potasyum konsantrasyonları 3118 mg/L (KYT2B) ile 6540 mg/L (KYT1B) arasında bulunmuşken, Kaldırım Tuzlası örneklerinde potasyum konsantrasyonları 3227 mg/L (KT1B) ile 11950 mg/L (KT2A) arasında bulunmuştur. Yavşan Tuzlası örneklerinde potasyum konsantrasyonları 3636 mg/L (YT1A) ile 5891 mg/L (YT2A) arasında değişmiştir. KT1A, TG1A, TG5A, KT2A ve TG8B örneklerinde yüksek potasyum içeriği (10757–13869 mg/L) tespit edilmişken, KYT2B, KT1B, YT1A ve TG7A örneklerinde düşük potasyum içeriği (3118–3767 mg/L) tespit edilmiştir (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin magnezyum konsantrasyonları 7981 mg/L (TG3B) ile 31424 mg/L (TG7B) arasında değişmektedir. Derin Bölge örneklerinin magnezyum konsantrasyonları 8161 mg/L (TG8B) ile 8995 mg/L (TG8A) arasında tespit edilmiştir. Kayacık Tuzlası örneklerinde magnezyum konsantrasyonları 6652 mg/L (KYT2B) ile 12139 mg/L (KYT1A) arasında bulunmuşken, Kaldırım Tuzlası örneklerinde magnezyum konsantrasyonları 23115 mg/L (KT1B) ile 34404 mg/L (KT2A) arasında bulunmuştur. Yavşan Tuzlası örneklerinde magnezyum konsantrasyonları 8333 mg/L (YT1A) ile 12756 mg/L (YT2A) arasında değişmiştir. KT1A, KT2B, TG7A, TG7B ve KT2A örneklerinde magnezyum içeriği (26212–34404 mg/L) yüksek olarak bulunurken, KYT2B, TG3B, TG8B ve KYT2A örneklerinde (6652–8246 mg/L) düşük olarak bulunmuştur (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin kalsiyum konsantrasyonları 130 mg/L (TG7B) ile 295 mg/L (TG3B) arasında değişmiştir. Derin Bölge örneklerinin kalsiyum konsantrasyonları 281 mg/L (TG9B) ile 322 mg/L (TG9A) arasında tespit edilmiştir. Kayacık Tuzlası örneklerinde kalsiyum konsantrasyonları 273 mg/L (KYT1A) ile 462 mg/L (KYT2A) arasında bulunmuşken, Kaldırım Tuzlası örneklerinde kalsiyum konsantrasyonları 128 mg/L (KT2B) ile 188 mg/L (KT1A) arasında bulunmuştur. Yavşan Tuzlası örneklerinde kalsiyum konsantrasyonları 335 mg/L (YT2A) ile 491 mg/L (YT1B) arasında değişmiştir. YT2B, YT1A, KYT2B, KYT2A ve YT1B örneklerinde kalsiyum içeriği (375–491 mg/L) yüksek olarak bulunmuşken, KT2B, TG7B, TG7A, TG5B ve KT2A örneklerinde (128–141 mg/L) düşük olarak bulunmuştur (Tablo 3.1).

Tuz Gölü tuzlu su örneklerinin klorür konsantrasyonları 173329 mg/L (TG7A) ile 214928 mg/L (TG3B) arasında değişmiştir. Derin Bölge örneklerinin klorür konsantrasyonları 203042 mg/L (TG9A) ile 210636 mg/L (TG8B) arasında tespit edilmiştir. Kayacık Tuzlası örneklerinde klorür konsantrasyonları 202052 mg/L (KYT1A) ile 211956 mg/L (KYT2A) arasında bulunmuşken, Kaldırım Tuzlası örneklerinde klorür konsantrasyonları 196439 mg/L (KT1A) ile 206344 mg/L (KT2B) arasında bulunmuştur. Yavşan Tuzlası örneklerinde klorür konsantrasyonları 202382 mg/L (YT1B) ile 204693 mg/L (YT1A) arasında değişmiştir. TG3A, KYT1B, TG9B, TG8B, KYT2A ve TG3B örnekleri diğer örneklerden yüksek klorür değerleri (209315–214928 mg/L) içerirken, TG7A, TG7B ve TG1A örnekleri diğer örneklerden düşük klorür değerleri (173329–179932 mg/L) içermiştir (Tablo 3.1).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin enlem, boylam, sıcaklık (°C), pH ve tuzluluk (%) değerleri ile sodyum (Na^+), potasyum (K^+), magnezyum (Mg^{2+}), kalsiyum (Ca^{2+}) ve klorür (Cl^-) konsantrasyonları Tablo 3.1’de gösterilmektedir.

Tablo 3.1. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin çevresel ve fizikokimyasal parametreleri.

Örnek	Enlem	Boylam	Sıcaklık (°C)	pH	Tuzluluk (%)	Na ⁺ (mg/L)	K ⁺ (mg/L)	Mg ²⁺ (mg/L)	Ca ²⁺ (mg/L)	Cl ⁻ (mg/L)
Tuz Gölü										
TG1A	39° 00' 40.0" K	33° 24' 53.2" D	25	7.15	34	74000	11025	22859	186	179932
TG1B	39° 00' 40.0" K	33° 24' 53.2" D	25	7.15	34	75521	10468	25296	174	182573
TG2A	39° 00' 35.2" K	33° 23' 28.1" D	25	7.14	34	79063	7755	19381	155	196109
TG2B	39° 00' 35.2" K	33° 23' 28.1" D	25	7.14	34	79500	10391	21950	199	197430
TG3A	38° 50' 03.3" K	33° 24' 57.8" D	27	7.30	32	92663	9694	9728	230	209315
TG3B	38° 50' 03.3" K	33° 24' 57.8" D	27	7.30	32	96333	6763	7981	295	214928
TG4A	38° 48' 39.0" K	33° 26' 31.4" D	27	7.34	32	91354	8568	19559	197	203042
TG4B	38° 48' 39.0" K	33° 26' 31.4" D	27	7.34	32	85800	7945	19863	180	199080
TG5A	38° 47' 04.3" K	33° 12' 16.3" D	25	7.00	36	74154	11520	19699	158	181583
TG5B	38° 47' 04.3" K	33° 12' 16.3" D	25	7.00	36	74594	8344	20373	140	180922
TG6A	38° 46' 23.1" K	33° 13' 07.5" D	25	7.20	34	85316	7980	17351	213	199741
TG6B	38° 46' 23.1" K	33° 13' 07.5" D	25	7.20	34	82957	8339	25332	201	198090
TG7A	38° 57' 22.3" K	33° 24' 48.9" D	22	6.85	38	62449	3767	31221	134	173329
TG7B	38° 57' 22.3" K	33° 24' 48.9" D	22	6.85	38	63089	10373	31424	130	174649
Derin Bölge										
TG8A	38° 48' 27.6" K	33° 35' 40.7" D	24	7.40	30	91878	4976	8995	299	203372
TG8B	38° 48' 27.6" K	33° 35' 40.7" D	24	7.40	30	94129	13869	8161	285	210636
TG9A	38° 45' 54.1" K	33° 37' 33.5" D	24	7.40	30	122228	5391	8384	322	203042
TG9B	38° 45' 54.1" K	33° 37' 33.5" D	24	7.40	30	94000	5181	8340	281	209645

Tablo 3.1. Devamı.

Örnek	Enlem	Boylam	Sıcaklık (°C)	pH	Tuzluluk (%)	Na ⁺ (mg/L)	K ⁺ (mg/L)	Mg ²⁺ (mg/L)	Ca ²⁺ (mg/L)	Cl ⁻ (mg/L)
Kayacık										
Tuzlası										
KYT1A	38° 50' 03.3" K	33° 25' 01.4" D	27	7.34	32	90000	4821	12139	273	202052
KYT1B	38° 50' 03.3" K	33° 25' 01.4" D	27	7.34	32	93688	6540	11486	325	209645
KYT2A	38° 48' 39.0" K	33° 26' 32.8" D	27	7.40	30	95875	4357	8246	462	211956
KYT2B	38° 48' 39.0" K	33° 26' 32.8" D	27	7.40	30	91419	3118	6652	444	203703
Kaldırım										
Tuzlası										
KT1A	39° 00' 37.5" K	33° 24' 49.9" D	25	7.30	32	77865	10757	26212	188	196439
KT1B	39° 00' 37.5" K	33° 24' 49.9" D	25	7.30	32	80319	3227	23115	160	199741
KT2A	39° 00' 36.3" K	33° 23' 29.9" D	25	6.90	36	64649	11950	34404	141	204033
KT2B	39° 00' 36.3" K	33° 23' 29.9" D	25	6.90	36	59980	9395	29610	128	206344
Yavşan										
Tuzlası										
YT1A	38° 47' 01.7" K	33° 12' 16.5" D	25	7.36	32	91974	3636	8333	416	204693
YT1B	38° 47' 01.7" K	33° 12' 16.5" D	25	7.36	32	88311	4153	8370	491	202382
YT2A	38° 46' 26.6" K	33° 13' 04.0" D	25	7.34	32	90405	5891	12756	335	203042
YT2B	38° 46' 26.6" K	33° 13' 04.0" D	25	7.34	32	88813	4188	10000	375	203372

Çalışmamızda en düşük ortalama sıcaklığın (24 °C) Derin Bölge örneklerinde bulunduğu görülürken, en yüksek ortalama sıcaklığın (27 °C) Kayacık Tuzlası örneklerinde bulunduğu görülmüştür. En düşük ortalama pH (7.10) Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilirken, en yüksek ortalama pH (7.40) Derin Bölge örneklerinde tespit edilmiştir. En düşük ortalama tuzluluk %30 ile Derin Bölge örneklerinde bulunurken, en yüksek ortalama tuzluluk değeri %34.29 ile Tuz Gölü örneklerinde bulunmuştur. En düşük ortalama sodyum (Na^+) konsantrasyonu (70703 mg/L) Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilirken, en yüksek ortalama sodyum (Na^+) konsantrasyonu (100559 mg/L) Derin Bölge örneklerinde tespit edilmiştir. En düşük ortalama potasyum (K^+) konsantrasyonu (4709 mg/L) Kayacık Tuzlası örneklerinde bulunurken, en yüksek potasyum (K^+) konsantrasyonu (8832 mg/L) Kaldırım Tuzlası örneklerinde bulunmuştur. En düşük ortalama magnezyum (Mg^{2+}) konsantrasyonu (8470 mg/L) Derin Bölge örneklerinde tespit edilirken, en yüksek ortalama magnezyum (Mg^{2+}) konsantrasyonu (28335 mg/L) Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilmiştir. En düşük ortalama kalsiyum (Ca^{2+}) konsantrasyonu (154 mg/L) Kaldırım Tuzlası örneklerinde bulunmuşken, en yüksek ortalama kalsiyum (Ca^{2+}) konsantrasyonu (404 mg/L) Yavşan Tuzlası örneklerinde bulunmuştur. En düşük klorür (Cl^-) konsantrasyonu (192194 mg/L) Tuz Gölü örneklerinde tespit edilirken, en yüksek klorür (Cl^-) konsantrasyonu (206839 mg/L) Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilmiştir (Tablo 3.2).

Ortalama değerler açısından toplam iyon yükü değerlendirildiğinde en fazla iyon yükünün Derin Bölge (323354 mg/L), en az iyon yükünün Tuz Gölü (301790 mg/L) örneklerinde bulunduğu gözlenmiştir (Tablo 3.2).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlarından toplanan tuzlu su örneklerinin sıcaklık (°C), pH ve tuzluluk (%) değerleri ile sodyum (Na^+), potasyum (K^+), magnezyum (Mg^{2+}), kalsiyum (Ca^{2+}) ve klorür (Cl^-) konsantrasyonları ortalama değerleri standart hatalarıyla birlikte Tablo 3.2’de gösterilmektedir.

Tablo 3.2. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin sıcaklık (°C), pH ve tuzluluk (%) değerleri ile sodyum (Na^+), potasyum (K^+), magnezyum (Mg^{2+}), kalsiyum (Ca^{2+}) ve klorür (Cl^-) konsantrasyonlarının standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.

Örnekleme Alanı	Sıcaklık (°C)	pH	Tuzluluk (%)	Na^+ (mg/L)	K^+ (mg/L)	Mg^{2+} (mg/L)	Ca^{2+} (mg/L)	Cl^- (mg/L)
Tuz Gölü	25.14 ± 0.43	7.14 ± 0.04	34.29 ± 0.55	79771 ± 2715	8781 ± 542	20858 ± 1774	185 ± 12	192194 ± 3522
Derin Bölge	24.00 ± 0.00	7.40 ± 0.00	30.00 ± 0.00	100559 ± 7241	7354 ± 2173	8470 ± 181	297 ± 9	206674 ± 2013
Kayacık Tuzlası	27.00 ± 0.00	7.37 ± 0.02	31.00 ± 0.58	92745 ± 1290	4709 ± 708	9631 ± 1308	376 ± 46	206839 ± 2359
Kaldırım Tuzlası	25.00 ± 0.00	7.10 ± 0.11	34.00 ± 1.16	70703 ± 4961	8832 ± 1940	28335 ± 2419	154 ± 13	201639 ± 2208
Yavşan Tuzlası	25.00 ± 0.00	7.35 ± 0.01	32.00 ± 0.00	89876 ± 829	4467 ± 491	9865 ± 1039	404 ± 33	203372 ± 486

Çalışmamızda Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen 1282558 16S rRNA gen dizilimi %97 benzerlik oranında 17488 OTU ile kümelenmiştir.

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaraları Tablo 3.3'te gösterilmektedir.

Tuz Gölü örneklerinden TG4A (26179), Derin Bölge örneklerinden TG8B (27288), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1B (28766), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (33096), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (34372) kodlu tuzlu su örneklerinin en az dizi sayılarına sahip oldukları görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG2B (56319), Derin Bölge örneklerinden TG9B (50080), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (44804), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B (41618) Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A (97361) kodlu tuzlu su örneklerinin en fazla dizi sayılarına sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.3).

Tuz Gölü örneklerinden TG1A (1517), Derin Bölge örneklerinden TG8B (707), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (1453), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (2900), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (1321) örneklerinin en az OTU numarasına sahip oldukları tespit edilirken, Tuz Gölü örneklerinden TG2B (4539), Derin Bölge örneklerinden TG9B (1008), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A (3488), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B (4242), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A (5725) örneklerinin en fazla OTU numarasına sahip oldukları tespit edilmiştir (Tablo 3.3).

Tuz Gölü örneklerinden TG4A örneğinin tüm örnekler arasında dizi sayısı (26179) açısından en az değere sahip olduğu görülürken, Derin Bölge örneklerinden TG8B örneğinin tüm örnekler arasında OTU numarası (707) açısından en az değere sahip olduğu görülmüştür. Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A örneğinin tüm örnekler arasında hem dizi sayısı (97361) hem de OTU numarası (5725) açısından en fazla değere sahip olduğu Tablo 3.3'te görülmektedir.

Tablo 3.3. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaraları.

Örnek	Dizi Sayıları	OTU Numaraları
Tuz Gölü		
TG1A	30301	1517
TG1B	41780	1753
TG2A	45242	3799
TG2B	56319	4539
TG3A	50001	2756
TG3B	35992	2881
TG4A	26179	1936
TG4B	33574	2357
TG5A	28434	3134
TG5B	38914	3930
TG6A	48359	2674
TG6B	55874	3450
TG7A	38840	2134
TG7B	46286	2241
Derin Bölge		
TG8A	44589	914
TG8B	27288	707
TG9A	36090	883
TG9B	50080	1008
Kayacık Tuzlası		
KYT1A	39844	3488
KYT1B	28766	2768
KYT2A	36860	1812
KYT2B	44804	1453
Kaldırım Tuzlası		
KT1A	40909	4026
KT1B	41618	4242
KT2A	41332	3692
KT2B	33096	2900
Yavşan Tuzlası		
YT1A	34372	1321
YT1B	53496	3174
YT2A	97361	5725
YT2B	55958	4468

Çalışmamızda Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaralarının ortalama değerleri hesaplanmıştır. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaralarının ortalama değerleri standart hatalarıyla birlikte Tablo 3.4'te gösterilmektedir.

Tuz Gölü örneklerinin 41150, Derin Bölge örneklerinin 39512, Kayacık Tuzlası örneklerinin 37569, Kaldırım Tuzlası örneklerinin 39239 ve Yavşan Tuzlası örneklerinin 60297 adet ortalama dizi sayıları sahip oldukları tespit edilirken, Tuz Gölü örneklerinin 2793, Derin Bölge örneklerinin 878, Kayacık Tuzlası örneklerinin 2380, Kaldırım Tuzlası örneklerinin 3715 ve Yavşan Tuzlası örneklerinin 3672 adet ortalama OTU numaralarına sahip oldukları tespit edilmiştir. En az ortalama dizi sayısı 37569 ile Kayacık Tuzlası örneklerinden elde edilirken, en fazla ortalama dizi sayısı 60297 ile Yavşan Tuzlası örneklerinden elde edilmiştir. En az ortalama OTU numarası 878 ile Derin Bölge örneklerinden elde edilirken, en fazla ortalama OTU numarası 3715 ile Kaldırım Tuzlası örneklerinden elde edilmiştir (Tablo 3.4).

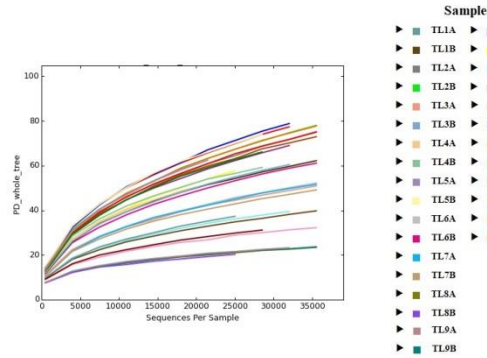
Tablo 3.4. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen dizi sayıları ve OTU numaralarının standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.

Örnekleme Alanı	Dizi Sayıları	OTU Numaraları
Tuz Gölü	41150 ± 2589	2793 ± 238
Derin Bölge	39512 ± 4988	878 ± 63
Kayacık Tuzlası	37569 ± 3360	2380 ± 462
Kaldırım Tuzlası	39239 ± 2053	3715 ± 294
Yavşan Tuzlası	60297 ± 13263	3672 ± 941

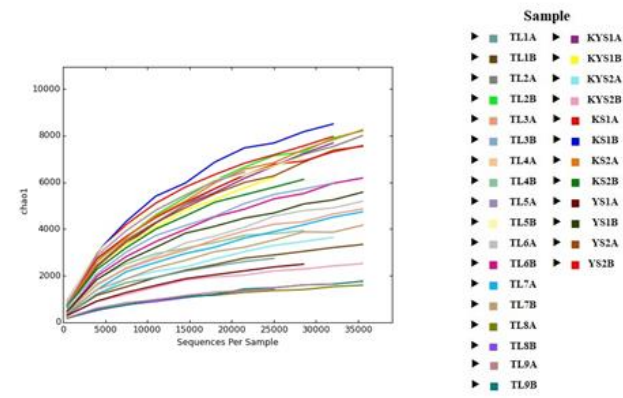
Bir çevresel DNA örneğindeki mikrobiyal topluluğun çeşitliliğini değerlendirmek amacıyla 16S rRNA geninin polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) amplifikasyonu kullanılmaktadır (Hughes ve Hellmann, 2005). Bir örnekte tespit edilen cinslerin sayısı veya herhangi bir filogenetik seviyede bulunan organizmaların sayısı, analiz edilen dizilerin sayısından oldukça önemli bir şekilde etkilenmektedir (Schloss ve Handelsman, 2005b). Herhangi bir filogenetik düzeyde gerçek azami değeri tahmin etmek için seyreltme eğrisi modellemek ve popülasyon yapısını dikkate alarak gerçek OTU zenginliğini tahmin etmek gerekmektedir ve OTU'ların tahminleri dizi sayısı ile artmaktadır (Roesch ve ark., 2007). Biz de çalışmamızda tespit edilen çeşitliliğin kapsamını değerlendirmek için seyreltme analizi gerçekleştirdik. Seyreltme (Rarefaction), mikrobiyal çalışmalarda kullanılan istatistiksel bir yöntemdir ve güven aralıklarını kullanarak standardize edilmiş bir örneklemede gözlemlenen takson zenginliğini karşılaştırmaktadır. Seyreltme (Rarefaction), büyük örneklerin, aynı topluluktan alınmış olsalar bile, küçük örneklerden daha fazla türe (veya herhangi bir taksonomik birime) sahip olduğunu açıklamaktadır (Hughes ve Hellmann, 2005).

Tuz Gölü ve Derin Bölge'den alınan tuzlu su örneklerinin seyreltme eğrileri (rarefaction curves) sifıra yakın veya hafif eğimler göstermelerine rağmen, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından alınan örneklerin eğrilerinde eğimlerin yükselmiş olması, derin dizilemenin bu numunelerdeki çeşitliliği karşılamak için yetersiz kaldığını düşündürmektedir (Şekil 3.1).

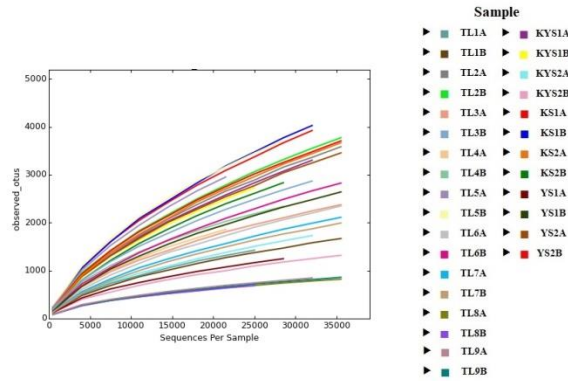
Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin alfa çeşitlilik indekslerinden PD Whole Tree, Chao 1 ve Observed OTUs indekslerine dayalı olarak elde edilen seyreltme eğrileri (rarefaction curves) Şekil 3.1'de gösterilmektedir.



(A)



(B)



(C)

Şekil 3.1. Seyreltme eğrileri; **(A)** PD Whole Tree indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi; **(B)** Chao 1 indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi; **(C)** Observed OTUs indeksi kullanılarak elde edilen seyreltme eğrisi.

Whittaker (1960, 1972), beta çeşitlilik (β -çeşitlilik) ve gama çeşitlilik (γ -çeşitlilik) terimlerini bir ortamda veya farklı ortamlarda bulunun çeşitliliği ifade etmek için kullanmıştır. Alfa çeşitlilik (α -çeşitlilik) yerel ölçekte tek bir habitatta bulunan ortalama tür çeşitliliğidir (Whittaker, 1960, 1972). Beta çeşitliliği, farklı habitatlar arasındaki çeşitliliği ifade ederken; gama çeşitliliği, birden fazla habitattan meydana gelen bir topluluğun tür çeşitliliğini ifade etmektedir (Whittaker, 1977; Gülsoy ve Özkan, 2008).

Çalışmamızda bir örnek içerisindeki mikrobiyal filogenetik çeşitlilik (FÇ veya PD: Phylogenetic Diversity) PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance indeksleri ile değerlendirilmiştir. PD Whole Tree çeşitlilik indeksi, filogenetik ağaca dayanır ve her bir örnekteki tüm OTU'ların filogenetik dal uzunluklarını toplayarak tür çeşitliliğini tahmin etmektedir (Faith, 1992; Wei ve ark., 2020). Chao 1 indeksi, yetersiz örnekleme veya dizileme nedeniyle elde edilemeyen nadir organizmaların sayısından ekstrapolasyon (bilinen verilere dayalı olarak bilinmeyen verileri tahmin etme yoluyla elde etme) yoluyla bir örnekte bulunan türlerin sayısının tahminini yansıtmaktadır (Chao, 1987). Shannon-Wiener veya Shannon çeşitlilik indeksi, mevcut türlerin hem sayısını hem de doğruluğunu göz önünde bulundurmaktadır. Üst limiti olmamasına rağmen bu indeksin değerleri genellikle 0.5 ile 5 arasında değişmektedir. İndeksin 3'ün üzerinde olması hâlinde bir topluluk veya ekosistemin çeşitli olarak değerlendirilmesi söz konusudur. Shannon çeşitlilik indeksi mikrobiyal toplulukların nadirliğini ve zenginliğini değerlendirmektedir (Shannon ve Weaver, 1949; Hill, 1973). Bir veya iki türün baskın olduğu bir topluluğun, birkaç farklı türün benzer bolluğa sahip olduğu bir topluluktan daha az farklı olduğu düşünülmektedir. Simpson çeşitlilik indeksi, mevcut türlerin sayısını ve her türün nispi bolluğunu dikkate alan bir çeşitlilik ölçüsüdür. Örnekteki tür zenginliği ve doğruluğu arttıkça çeşitlilik de artmaktadır. İndeksin değeri 0 ile 1 arasında değişmektedir. 0 değeri örnekte hiç çeşitliliğin olmadığını ifade ederken, 1 değeri örnekte sonsuz çeşitliliğin olduğunu ifade etmektedir (Simpson, 1949). "Observed OTUs" (gözlenen OTU'lar), bir örnekteki alfa çeşitliliği ölçmek amacıyla o örnekte gözlenen OTU'ların sayıldığı bir indekstir. Bu indekste her bir OTU'nun gözlemlenip gözlemlenmediği dikkate alınarak, OTU'ların kaç kez gözlenmiş oldukları dikkate alınmamaktadır. Alfa çeşitlilik indekslerinden bir diğeri olan "dominance" (baskınlık), her bir OTU'nun frekanslarının karelerinin toplamı olarak hesaplanmaktadır (Fernández ve ark., 2016). Bu indeksler

genellikle belirli bir çeşitliliği karakterize etmek için kullanılsalar da diğer topluluk özelliklerine veya taksonomik seviyelere uygulanabilmektedirler (Krause ve ark., 2008).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin alfa çeşitlilik indekslerinden PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance indeksleri Tablo 3.5'te gösterilmektedir.

PD Whole Tree alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG1A (39.02), Derin Bölge örneklerinden TG8B (20.61), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (34.26), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (67.12), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (32.29) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG2B (88.63), Derin Bölge örneklerinden TG9B (26.09), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A (71.63), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B (81.74), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A (104.00) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5).

Chao 1 alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG1A (2879.40), Derin Bölge örneklerinden TG8B (1480.57), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (2669.73), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (6241.22), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (2572.08) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG2B (9402.42), Derin Bölge örneklerinden TG9B (2007.02), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A (8049.00), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B (8825.45), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A (10259.51) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5).

Observed OTUs (Gözlenen OTU'lar) alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG1A (1517.00), Derin Bölge örneklerinden TG8B (707.00), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (1453.00), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (2900.00), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (1321.00) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG2B (4539.00), Derin Bölge örneklerinden TG9B (1008.00), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A (3488.00), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B (4242.00), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A (5725.00) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5). Shannon alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG7B (5.24), Derin Bölge örneklerinden TG8B (4.29), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2B (5.31),

Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (6.66), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (5.16) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG5B (8.46), Derin Bölge örneklerinden TG9A (4.65), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A (6.98), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1A (8.27), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2B (7.28) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5).

Simpson alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG6A (0.77), Derin Bölge örneklerinden TG8B (0.79), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2A ve KYT2B (0.90), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (0.91), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (0.82) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG5A ve TG5B (0.98), Derin Bölge örneklerinden TG9A (0.85), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A ve KYT1B (0.91), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1A (0.98), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A ve YT2B (0.92) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5).

Dominance (baskınlık) alfa çeşitlilik indeksine göre Tuz Gölü örneklerinden TG6A (0.23), Derin Bölge örneklerinden TG8B (0.21), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2A ve KYT2B (0.10), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT2B (0.09), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A (0.18) örneklerinin en az çeşitliliğe sahip olduğu görülürken, Tuz Gölü örneklerinden TG5A ve TG5B (0.02), Derin Bölge örneklerinden TG9A (0.15), Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A ve KYT1B (0.09), Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1A (0.02), Yavşan Tuzlası örneklerinden YT2A ve YT2B (0.08) örneklerinin en fazla çeşitliliğe sahip oldukları görülmüştür (Tablo 3.5).

Alfa çeşitlilik indekslerinden PD Whole Tree, Chao 1 ve Observed OTUs indekslerine göre sırasıyla Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan TG1A, TG8B, KYT2B, KT2B ve YT1A örneklerinin en az çeşitliliğe sahip oldukları, TG2B, TG9B, KYT1A, KT1B ve YT2A örneklerinin ise en fazla çeşitliliğe sahip oldukları tespit edilmiştir (Tablo 3.5).

Alfa çeşitlilik indekslerinden Simpson ve Dominance indekslerine göre Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan TG6A, TG8B, KYT2A–KYT2B, KT2B ve YT1A örneklerinin en az çeşitliliğe sahip oldukları, TG5A–TG5B, TG9A, KYT1A–KYT1B, KT1A ve YT2A–YT2B örneklerinin ise en fazla çeşitliliğe

sahip oldukları görülmüştür. Bunlardan farklı olarak Shannon alfa çeşitlilik indeksinde Tuz Gölü örneklerinden TG7B örneğinin en az çeşitliliğe sahip olduğu bulunmuştur (Tablo 3.5).

PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs ve Shannon indekslerine göre en az çeşitliliğe sahip olan örnek TG8B iken en fazla çeşitliliğe sahip olan örneğin (Shannon indeksi hariç) YT2A olduğu tespit edilmiştir. Chao 1 ve Shannon indekslerine göre en yüksek çeşitlilik gösteren örnekleme bölgeleri TG2 (Tuz Gölü) ve KT1 (Kaldırım Tuzlası) iken, en düşük çeşitlilik gösteren örnekleme bölgelerinin TG8 ve TG9 (Derin Bölge) örnekleme bölgeleri olduğu bulunmuştur. Derin Bölge'den toplanan tuzlu su numuneleri, Tuz Gölü ve tuzlalarından toplanan tuzlu su numunelerinden daha düşük OTU numaralarına sahiptir ve sonuç olarak, birkaç OTU'nun baskınlığı nedeniyle bu bölgede daha düşük prokaryotik çeşitlilik tespit edilmiştir (Tablo 3.5).

Tablo 3.5. %97 benzerlikteki OTU kümelerine dayanan prokaryotik zenginlik ve çeşitlilik tahminleri.

Örnek	PD Whole Tree	Chao 1	Observed OTUs	Shannon	Simpson	Dominance
Tuz Gölü						
TG1A	39.02	2879.40	1517.00	6.22	0.94	0.06
TG1B	41.00	3388.46	1753.00	6.09	0.94	0.06
TG2A	77.94	8354.98	3799.00	7.50	0.95	0.05
TG2B	88.63	9402.42	4539.00	7.82	0.96	0.04
TG3A	56.38	5378.22	2756.00	6.31	0.90	0.10
TG3B	60.63	5983.23	2881.00	7.23	0.95	0.05
TG4A	53.08	3761.75	1936.00	6.75	0.95	0.05
TG4B	59.47	3958.28	2357.00	7.23	0.96	0.04
TG5A	64.97	6757.91	3134.00	8.11	0.98	0.02
TG5B	76.81	7325.52	3930.00	8.46	0.98	0.02
TG6A	57.09	5566.74	2674.00	5.38	0.77	0.23
TG6B	69.76	7010.20	3450.00	6.15	0.84	0.16
TG7A	51.98	4779.82	2134.00	5.73	0.89	0.11
TG7B	53.02	4555.30	2241.00	5.24	0.80	0.20
Derin Bölge						
TG8A	24.94	1805.01	914.00	4.43	0.82	0.18
TG8B	20.61	1480.57	707.00	4.29	0.79	0.21
TG9A	23.76	1684.02	883.00	4.65	0.85	0.15
TG9B	26.09	2007.02	1008.00	4.55	0.83	0.17

Tablo 3.5. Devamı.

Örnek	PD Whole Tree	Chao 1	Observed OTUs	Shannon	Simpson	Dominance
Kayacık Tuzlası						
KYT1A	71.63	8049.00	3488.00	6.98	0.91	0.09
KYT1B	58.10	6263.30	2768.00	6.94	0.91	0.09
KYT2A	40.67	3763.57	1812.00	5.52	0.90	0.10
KYT2B	34.26	2669.73	1453.00	5.31	0.90	0.10
Kaldırım Tuzlası						
KT1A	78.75	8057.13	4026.00	8.27	0.98	0.02
KT1B	81.74	8825.45	4242.00	8.19	0.97	0.03
KT2A	78.01	8276.09	3692.00	7.24	0.94	0.06
KT2B	67.12	6241.22	2900.00	6.66	0.91	0.09
Yavşan Tuzlası						
YT1A	32.29	2572.08	1321.00	5.16	0.82	0.18
YT1B	70.16	6340.94	3174.00	5.98	0.85	0.15
YT2A	104.00	10259.51	5725.00	7.17	0.92	0.08
YT2B	85.79	8352.18	4468.00	7.28	0.92	0.08

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının çeşitlilik ve zenginliğini araştırmak amacıyla hesaplanan alfa çeşitlilik indekslerinin (PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance) ortalama değerleri standart hatalarıyla birlikte hesaplanmıştır. Buna göre, tüm indekslerin ortalama değerlerine göre en az çeşitlilik Derin Bölge’de görülürken, en fazla çeşitlilik Kaldırım Tuzlasında görülmüştür (Tablo 3.6).

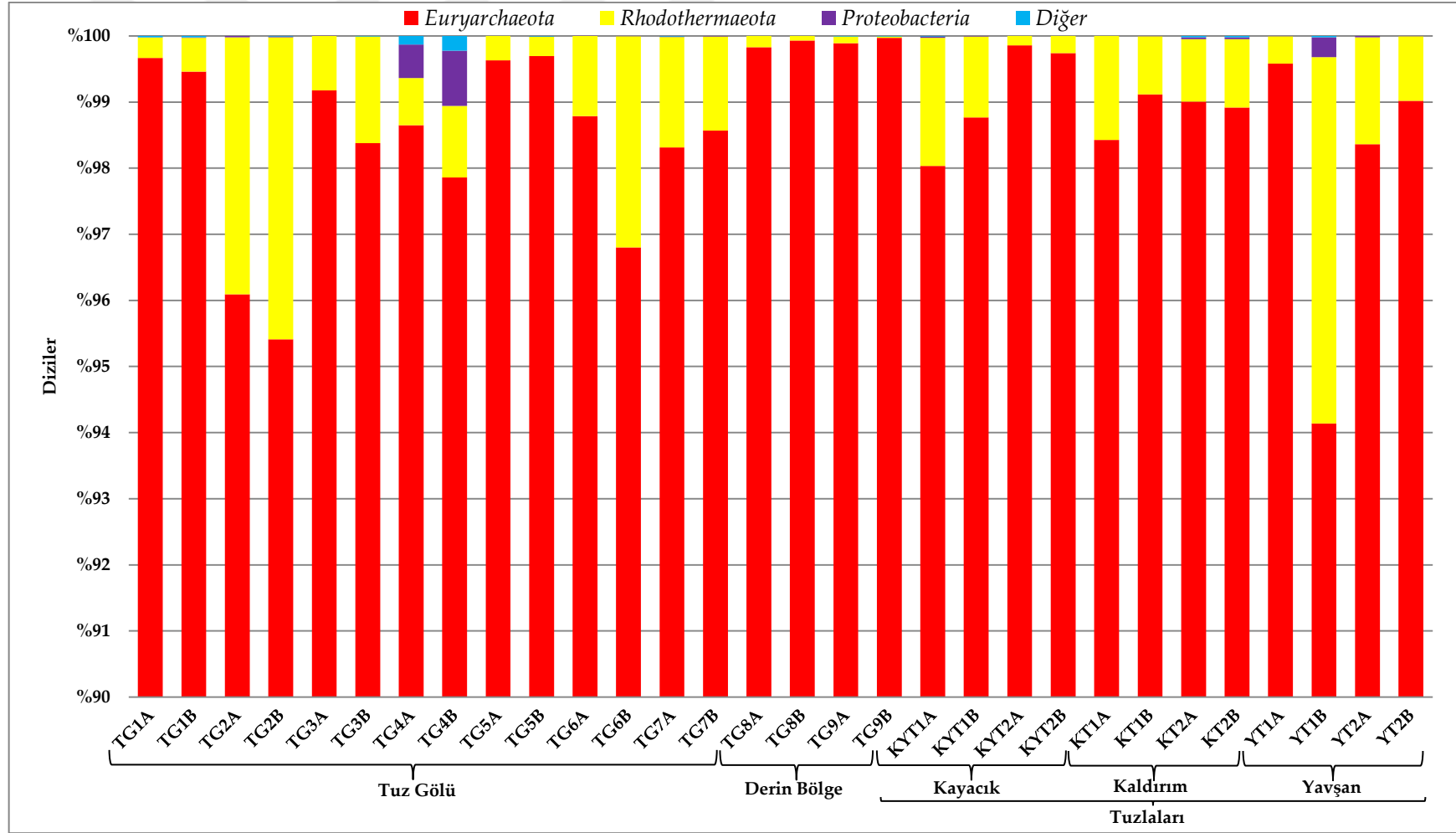
Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin alfa çeşitlilik indekslerinden PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance indekslerinin standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri Tablo 3.6’da gösterilmektedir.



Tablo 3.6. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin alfa çeşitlilik indekslerinin (PD Whole Tree, Chao 1, Observed OTUs, Shannon, Simpson ve Dominance) standart hatalarıyla birlikte ortalama değerleri.

Örnekleme Alanı	PD Whole Tree	Chao 1	Observed OTUs	Shannon	Simpson	Dominance
Tuz Gölü	60.70 ± 3.72	5650.16 ± 517.24	2792.93 ± 237.97	6.73 ± 0.27	0.92 ± 0.02	0.08 ± 0.02
Derin Bölge	23.85 ± 1.18	1744.16 ± 110.26	878.00 ± 62.89	4.48 ± 0.08	0.82 ± 0.01	0.18 ± 0.01
Kayacık Tuzlası	51.16 ± 8.48	5186.40 ± 1214.92	2380.00 ± 461.89	6.19 ± 0.45	0.90 ± 0.00	0.10 ± 0.00
Kaldırım Tuzlası	76.40 ± 3.20	7849.97 ± 560.07	3715.00 ± 294.28	7.59 ± 0.39	0.95 ± 0.02	0.05 ± 0.02
Yavşan Tuzlası	73.06 ± 15.25	6881.18 ± 1644.11	3672.00 ± 940.91	6.40 ± 0.51	0.88 ± 0.03	0.12 ± 0.03

Çalışmamızda Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinden elde edilen 16S rRNA dizilerinin çoğu (%98.41) *Archaea* ait olarak sınıflandırılmış ve 16939 OTU hâlinde kümelenmiştir. Buna karşın, dizilerin sadece %1.38'si, 218 OTU hâlinde kümelenmiştir ve *Bacteria* ait olarak atanmıştır. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin tümünde *Halobacteria* sınıfına ait olan 51 OTU ve *Salinibacteraceae* familyasına ait olan 1 OTU tespit edilmiştir. Örneklerde arkeal *Euryarchaeota* (%93.76–99.94, ortalama 98.41 ± 0.27), *Parvarchaeota* (%0.00–0.003) ve bakteriyel *Actinobacteria* (%0.00–0.008, 0.001 ± 0.0003), *Cyanobacteria* (%0.00–0.01, 0.001 ± 0.0005), *Firmicutes* (%0.00–0.33, 0.02 ± 0.01), *Lentisphaerae* (%0.00–0.11, 0.009 ± 0.005), *Proteobacteria* (%0.00–0.83, 0.06 ± 0.03), *Rhodothermaeota* (%0.02–5.52, 1.28 ± 0.25) ve *Spirochaetes* (%0.00–0.004) şubeleri bulunmuştur. Arkeal şubelerden *Parvarchaeota* ve bakteriyel şubelerden *Actinobacteria*, *Cyanobacteria* ve *Spirochaetes* sadece birkaç örnekte çok düşük bolluklarda bulunmuştur. Arkeal şube *Euryarchaeota* ve bakteriyel şube *Rhodothermaeota* tüm örneklerde en bol bulunan şubeler olarak tespit edilmiştir (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen prokaryotik toplulukların şube dağılımları.

Tuz Gölü'nden toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları Tablo 3.7'de gösterilmektedir.

Tuz Gölü'nün TG1 örnekleme bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.57 ve %99.36 *Euryarchaeota*, %0.31 ve %0.51 *Rhodothermaeota*, %0.01 ve %0.02 *Firmicutes*, %0.003 ve %0.01 *Proteobacteria*, %0.09 ve %0.07 atanamamış, %0.02 ve %0.02 diğer olarak saptanmıştır. Ayrıca TG1B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Lentisphaerae* (%0.01) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG2 örnekleme bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %95.94 ve %95.23 *Euryarchaeota*, %3.88 ve %4.56 *Rhodothermaeota*, %0.02 ve %0.008 *Firmicutes*, %0.02 ve %0.01 *Proteobacteria*, %0.14 ve %0.18 atanamamış olarak saptanmıştır. TG2B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Lentisphaerae* (%0.006) ve diğer şubeler de (%0.01) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG3 örnekleme bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.06 ve %98.26 *Euryarchaeota*, %0.82 ve %1.61 *Rhodothermaeota*, %0.11 ve %0.12 atanamamış olarak saptanmıştır. TG3A örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Firmicutes* (%0.004), *Proteobacteria* (%0.002) ve TG3B örneğinde diğer şubeler de (%0.01) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG4 örnekleme bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %97.83 ve %97.00 *Euryarchaeota*, %0.71 ve %1.07 *Rhodothermaeota*, %0.01 ve %0.01 *Cyanobacteria*, %0.14 ve %0.33 *Firmicutes*, %0.11 ve %0.09 *Lentisphaerae*, %0.5 ve %0.83 *Proteobacteria*, %0.57 ve %0.44 atanamamış, %0.13 ve %0.22 diğer olarak saptanmıştır. TG4B örneğinde ayrıca arkeal şubelerden *Parvarchaeota* (%0.003) ve bakteriyel şubelerden *Spirochaetes* (%0.003) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG5 örnekleme bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.37 ve %99.60 *Euryarchaeota*, %0.37 ve %0.29 *Rhodothermaeota*, %0.26 ve %0.09 atanamamış olarak saptanmıştır. TG5B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Firmicutes* (%0.006),

Proteobacteria (%0.003) ve diğer şubeler de (%0.01) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG6 örnekleme bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %98.70 ve %96.67 *Euryarchaeota*, %1.21 ve %3.19 *Rhodothermaeota*, %0.002 ve %0.006 *Proteobacteria*, %0.002 ve %0.002 *Actinobacteria*, %0.09 ve %0.13 atanamamış olarak saptanmıştır. TG6B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Firmicutes* (%0.004) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü'nün TG7 örnekleme bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %98.20 ve %98.46 *Euryarchaeota*, %1.67 ve %1.42 *Rhodothermaeota*, %0.01 ve %0.007 *Firmicutes*, %0.005 ve %0.01 *Proteobacteria*, %0.1 ve %0.1 atanamamış olarak saptanmıştır. TG7A örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Actinobacteria* (%0.003), *Lentisphaerae* (%0.003) ve diğer şubeler de (%0.01) tespit edilmiştir (Tablo 3.7).

Tuz Gölü örneklerinin tümünde arkeal şube *Euryarchaeota* diğer şubelere oranla baskın olarak bulunmuştur. Bu şubeyi takiben tüm örneklerde bakteriyel şube *Rhodothermaeota* görülmüştür. Arkeal şube *Parvarchaeota* (TG4B), bakteriyel şubeler *Actinobacteria* (TG6A, TG6B ve TG7A), *Cyanobacteria* (TG4A ve TG4B), *Lentisphaerae* (TG1B, TG2B, TG4A, TG4B ve TG7A) ve *Spirochaetes* (TG4B) sadece birkaç örnekte oldukça düşük bolluklarda görülmüştür. Bakteriyel şubelerden *Firmicutes* şubesi TG3B, TG5A ve TG6A; *Proteobacteria* şubesi TG3B ve TG5A örnekleri haricindeki tüm örneklerde bulunmuştur (Tablo 3.7).

En baskın arkeal şube *Euryarchaeota* Tuz Gölü örneklerinden TG2B örneğinde (%95.23) en az bollukta görülürken, TG5B örneğinde (%99.60) en fazla bollukta görülmüştür. Bakteriyel şubelerden *Rhodothermaeota* Tuz Gölü örneklerinden TG5B örneğinde (%0.29) en az bollukta görülürken, TG2B örneğinde (%4.56) en fazla bollukta görülmüştür (Tablo 3.7).

Tuz Gölü örnekleme bölgesinden tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama bulunma yüzdeleri ve standart hataları $\%98.09 \pm 0.37$ *Euryarchaeota*, $\%1.54 \pm 0.37$ *Rhodothermaeota*, $\%0.10 \pm 0.07$ *Proteobacteria*, $\%0.04 \pm 0.02$ *Firmicutes* ve $\%0.02 \pm 0.01$ *Lentisphaerae* şeklinde hesaplanmıştır (Tablo 3.10).

Tablo 3.7. Tuz Gölü’nden toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.

Örnek	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Parvarchaeota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rhodothermaeota</i>	<i>Cyanobacteria</i>	<i>Firmicutes</i>	<i>Lentisphaerae</i>	<i>Proteobacteria</i>	<i>Spirochaetes</i>	Atanamamış	Diğer
TG1A	99.570	-	-	0.310	-	0.010	-	0.003	-	0.090	0.020
TG1B	99.360	-	-	0.510	-	0.020	0.010	0.010	-	0.070	0.020
TG2A	95.940	-	-	3.880	-	0.020	-	0.020	-	0.140	-
TG2B	95.230	-	-	4.560	-	0.008	0.006	0.010	-	0.180	0.010
TG3A	99.060	-	-	0.820	-	0.004	-	0.002	-	0.110	-
TG3B	98.260	-	-	1.610	-	-	-	-	-	0.120	0.010
TG4A	97.830	-	-	0.710	0.010	0.140	0.110	0.500	-	0.570	0.130
TG4B	97.000	0.003	-	1.070	0.010	0.330	0.090	0.830	0.003	0.440	0.220
TG5A	99.370	-	-	0.370	-	-	-	-	-	0.260	-
TG5B	99.600	-	-	0.290	-	0.006	-	0.003	-	0.090	0.010
TG6A	98.700	-	0.002	1.210	-	-	-	0.002	-	0.090	-
TG6B	96.670	-	0.002	3.190	-	0.004	-	0.006	-	0.130	-
TG7A	98.200	-	0.003	1.670	-	0.010	0.003	0.005	-	0.100	0.010
TG7B	98.460	-	-	1.420	-	0.007	-	0.010	-	0.100	-

Derin Bölge'den toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları Tablo 3.8'de gösterilmektedir.

Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.79 ve %99.90 *Euryarchaeota*, %0.17 ve %0.07 *Rhodothermaeota*, %0.04 ve %0.03 atanamamış olarak saptanmıştır (Tablo 3.8).

Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.72 ve %99.94 *Euryarchaeota*, %0.10 ve %0.02 *Rhodothermaeota*, %0.17 ve %0.03 atanamamış, %0.01 ve %0.01 diğer şubeler olarak saptanmıştır. Ayrıca TG9B örneğinde %0.002 oranında *Firmicutes* şubesi tespit edilmiştir (Tablo 3.8).

En baskın arkeal şube *Euryarchaeota* Derin Bölge örneklerinden TG9A örneğinde (%99.72) en az bollukta görülürken, TG8B örneğinde (%99.90) en fazla bollukta görülmektedir. Bakteriyel şubelerden *Rhodothermaeota* Derin Bölge örneklerinden TG9B örneğinde (%0.02) en az bollukta görülürken, TG8A örneğinde (%0.17) en fazla bollukta saptanmıştır (Tablo 3.8).

Derin Bölge örnekleme bölgesinden tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama bulunma yüzdeleri ve standart hataları 99.84 ± 0.05 *Euryarchaeota* ve 0.09 ± 0.03 *Rhodothermaeota* olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.10).

Tablo 3.8. Derin Bölge’den toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.

Örnek	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Parvarchaeota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rhodothermaeota</i>	<i>Cyanobacteria</i>	<i>Firmicutes</i>	<i>Lentisphaerae</i>	<i>Proteobacteria</i>	<i>Spirochaetes</i>	Atanamamış	Diğer
TG8A	99.790	-	-	0.170	-	-	-	-	-	0.040	-
TG8B	99.900	-	-	0.070	-	-	-	-	-	0.030	-
TG9A	99.720	-	-	0.100	-	-	-	-	-	0.170	0.010
TG9B	99.940	-	-	0.020	-	0.002	-	-	-	0.030	0.010

Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları Tablo 3.9’da gösterilmektedir.

Kayacık Tuzlasının KYT1 örnekleme bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %97.80 ve %97.89 *Euryarchaeota*, %1.93 ve %1.21 *Rhodothermaeota*, %0.02 ve %0.01 *Proteobacteria*, %0.008 ve %0.008 *Firmicutes*, %0.006 ve %0.004 *Cyanobacteria*, %0.22 ve %0.87 atanamamış olarak saptanmıştır. KYT1A örneğinde ayrıca arkeal şubelerden *Parvarchaeota* (%0.003), bakteriyel şubelerden *Lentisphaerae* (%0.006) ve diğer şubeler (%0.01); KYT1B örneğinde bakteriyel şubelerden *Actinobacteria* (%0.008) tespit edilmiştir (Tablo 3.9).

Kayacık Tuzlasının KYT2 örnekleme bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.66 ve %99.59 *Euryarchaeota*, %0.14 ve %0.26 *Rhodothermaeota*, %0.002 ve %0.004 *Firmicutes*, %0.20 ve %0.15 atanamamış olarak saptanmıştır. KYT2A örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Actinobacteria* (%0.002) tespit edilmiştir (Tablo 3.9).

En baskın arkeal şube *Euryarchaeota* Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT1A örneğinde (%97.80) en az bollukta görülürken, KYT2A örneğinde (%99.66) en fazla bollukta görülmüştür. Bakteriyel şubelerden *Rhodothermaeota* Kayacık Tuzlası örneklerinden KYT2A örneğinde (%0.14) en az bollukta görülürken, KYT1A örneğinde (%1.93) en fazla bollukta görülmüştür (Tablo 3.9).

Kayacık Tuzlası örnekleme bölgesinden tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama bulunma yüzdeleri ve standart hataları 98.74 ± 0.51 *Euryarchaeota*, 0.89 ± 0.42 *Rhodothermaeota*, 0.01 ± 0.00 *Firmicutes* ve 0.01 ± 0.00 *Proteobacteria* olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.10).

Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları Tablo 3.9’da gösterilmektedir.

Kaldırım Tuzlasının KT1 örnekleme bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %98.33 ve %99.02 *Euryarchaeota*, %1.57 ve %0.88 *Rhodothermaeota*, %0.1 ve %0.09 atanamamış olarak saptanmıştır. KT1B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden

Proteobacteria (%0.005), *Actinobacteria* (%0.003), *Firmicutes* (%0.003) ve *Lentisphaerae* (%0.003) tespit edilmiştir (Tablo 3.9).

Kaldırım Tuzlasının KT2 örnekleme bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %98.86 ve %98.65 *Euryarchaeota*, %0.94 ve %1.03 *Rhodothermaeota*, %0.03 ve %0.03 *Proteobacteria*, %0.02 ve %0.02 *Lentisphaerae*, %0.01 ve %0.01 *Firmicutes*, %0.12 ve %0.24 atanamamış, %0.02 ve %0.02 diğer şubeler olarak saptanmıştır. KT2B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Cyanobacteria* (%0.003) tespit edilmiştir (Tablo 3.9).

En baskın arkeal şube *Euryarchaeota* Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1A örneğinde (%98.33) en az bollukta görülürken, KT1B örneğinde (%99.02) en fazla bollukta görülmüştür. Bakteriyel şubelerden *Rhodothermaeota* Kaldırım Tuzlası örneklerinden KT1B örneğinde (%0.88) en az bollukta görülürken, KT1A örneğinde (%1.57) en fazla bollukta görülmüştür (Tablo 3.9).

Kaldırım Tuzlası örnekleme bölgesinden tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama bulunma yüzdeleri ve standart hataları 98.72 ± 0.15 *Euryarchaeota*, 1.11 ± 0.16 *Rhodothermaeota*, 0.02 ± 0.01 *Proteobacteria*, 0.01 ± 0.00 *Firmicutes* ve 0.01 ± 0.01 *Lentisphaerae* olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.10).

Yavşan Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları Tablo 3.9'da gösterilmektedir.

Yavşan Tuzlasının YT1 örnekleme bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %99.54 ve %93.76 *Euryarchaeota*, %0.41 ve %5.52 *Rhodothermaeota*, %0.006 ve %0.3 *Proteobacteria*, %0.04 ve %0.33 atanamamış olarak saptanmıştır. YT1B örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Firmicutes* (%0.06), *Lentisphaerae* (%0.01), *Spirochaetes* (%0.004) ve diğer şubeler de (%0.02) tespit edilmiştir (Tablo 3.9).

Yavşan Tuzlasının YT2 örnekleme bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde bollukları sırasıyla %98.01 ve %98.66 *Euryarchaeota*, %1.61 ve %0.97 *Rhodothermaeota*, %0.02 ve %0.006 *Proteobacteria*, %0.001 ve %0.002 *Actinobacteria*, %0.31 ve %0.36 atanamamış olarak saptanmıştır. YT2A örneğinde ayrıca bakteriyel şubelerden *Firmicutes* (%0.05) tespit edilmiştir

(Tablo 3.9).

En baskın arkeal şube *Euryarchaeota* Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1B örneğinde (%93.76) en az bollukta görülürken, YT1A örneğinde (%99.54) en fazla bollukta görülmüştür. Bakteriyel şubelerden *Rhodothermaeota* Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A örneğinde (%0.41) en az bollukta görülürken, YT1B örneğinde (%5.52) en fazla bollukta görülmüştür (Tablo 3.9).

Yavşan Tuzlası örnekleme bölgesinden tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama bulunma yüzdeleri ve standart hataları 97.49 ± 1.28 *Euryarchaeota*, 2.13 ± 1.16 *Rhodothermaeota*, 0.08 ± 0.07 *Proteobacteria* ve 0.03 ± 0.02 *Firmicutes* olarak hesaplanmıştır (Tablo 3.10).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin tümü arkeal ve bakteriyel şubelerin yüzde dağılımları açısından incelendiğinde, en baskın arkeal şube olan *Euryarchaeota* en az YT1B örneğinde (%93.76), en fazla TG9B örneğinde (%99.94) görülürken, bakteriyel şube *Rhodothermaeota* en az TG9B örneğinde (%0.02), en fazla YT1B örneğinde (%5.52) görülmüştür.

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örnekleri arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama yüzde bollukları açısından incelendiğinde en baskın arkeal şube olan *Euryarchaeota* en az Yavşan Tuzlası örnekleme bölgesinde (%97.49), en fazla Derin Bölge örnekleme bölgesinde (%99.84) görülürken, bakteriyel şube *Rhodothermaeota* en az Derin Bölge örnekleme bölgesinde (%0.09), en fazla Yavşan Tuzlası örnekleme bölgesinde (%2.13) görülmüştür (Şekil 3.3).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel şubelerin ortalama yüzde bollukları Şekil 3.3'te gösterilmektedir.

Tuz Gölü, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan toplanan tuzlu su örneklerinin tümünde tespit edilen şubeler benzerlik gösterirken, Derin Bölge'den toplanan tuzlu su örnekleri *Euryarchaeota* baskınlığıyla bu örneklerden farklılaşmaktadır. Bakteriyel şube *Rhodothermaeota* Tuz Gölü'nün TG2, TG3, TG4, TG6 ve TG7, Kayacık Tuzlasının KYT1, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının tüm

örnekleme bölgelerinde biraz daha bol bulunmuştur (Şekil 3.2). Örnekleme bölgelerinden toplanan çift tekrarların benzer şube bileşimlerine sahip oldukları tespit edilmiştir. Örneklerde en bol bulunan arkeal şube olan *Euryarchaeota* ile bakteriyel şube olan *Rhodothermaeota* arasında negatif bir korelasyon bulunmuştur.

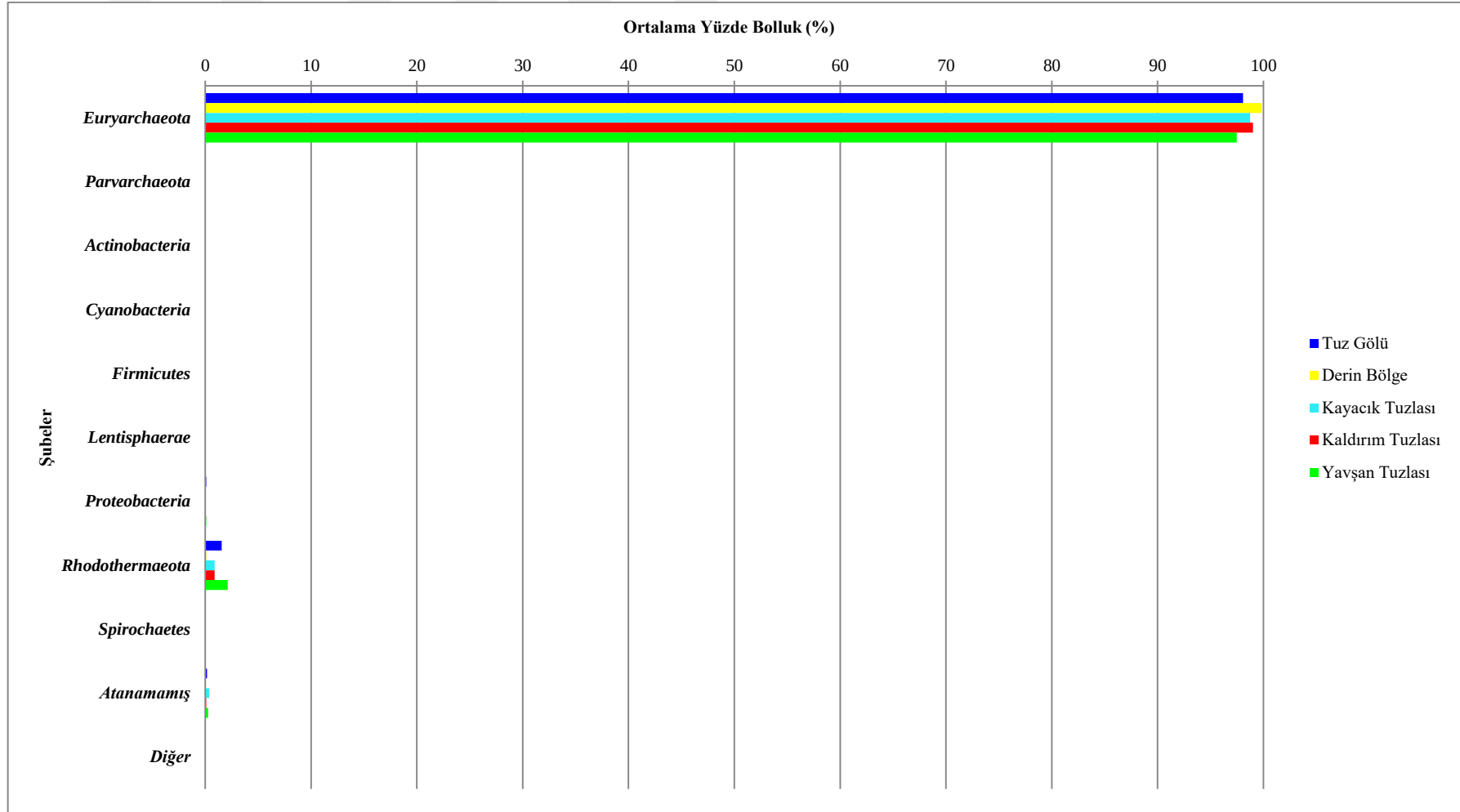


Tablo 3.9. Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin yüzde dağılımları.

Örnek	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Parvarchaeota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rhodothermaeota</i>	<i>Cyanobacteria</i>	<i>Firmicutes</i>	<i>Lentisphaerae</i>	<i>Proteobacteria</i>	<i>Spirochaetes</i>	Atanamamış	Diğer
Kayacık Tuzlası											
KYT1A	97.800	0.003	-	1.930	0.006	0.008	0.006	0.020	-	0.220	0.010
KYT1B	97.890	-	0.008	1.210	0.004	0.008	-	0.010	-	0.870	-
KYT2A	99.660	-	0.002	0.140	-	0.002	-	-	-	0.200	-
KYT2B	99.590	-	-	0.260	-	0.004	-	-	-	0.150	-
Kaldırım Tuzlası											
KT1A	98.330	-	-	1.570	-	-	-	-	-	0.100	-
KT1B	99.020	-	0.003	0.880	-	0.003	0.003	0.005	-	0.090	-
KT2A	98.860	-	-	0.940	-	0.010	0.020	0.030	-	0.120	0.020
KT2B	98.650	-	-	1.030	0.003	0.010	0.020	0.030	-	0.240	0.020
Yavşan Tuzlası											
YT1A	99.540	-	-	0.410	-	-	-	0.006	-	0.040	-
YT1B	93.760	-	-	5.520	-	0.060	0.010	0.300	0.004	0.330	0.020
YT2A	98.010	-	0.001	1.610	-	0.050	-	0.020	-	0.310	-
YT2B	98.660	-	0.002	0.970	-	-	-	0.006	-	0.360	-

Tablo 3.10. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin ortalama yüzde dağılımları ve standart hataları.

Örnekleme Bölgesi	<i>Euryarchaeota</i>	<i>Parvarchaeota</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Rhodothermaeota</i>	<i>Cyanobacteria</i>	<i>Firmicutes</i>	<i>Lentisphaerae</i>	<i>Proteobacteria</i>	<i>Spirochaetes</i>	Atanamamış	Diğer
Tuz Gölü	98.09 ± 0.37	< 0.01	< 0.01	1.54 ± 0.37	< 0.01	0.04 ± 0.02	0.02 ± 0.01	0.10 ± 0.07	< 0.01	0.18 ± 0.04	0.03 ± 0.02
Derin Bölge	99.84 ± 0.05	-	-	0.09 ± 0.03	-	< 0.01	-	-	-	0.07 ± 0.03	0.01 ± 0.00
Kayacık Tuzlası	98.74 ± 0.51	< 0.01	< 0.01	0.89 ± 0.42	< 0.01	0.01 ± 0.00	< 0.01	0.01 ± 0.00	-	0.36 ± 0.17	< 0.01
Kaldırım Tuzlası	98.72 ± 0.15	-	< 0.01	1.11 ± 0.16	< 0.01	0.01 ± 0.00	0.01 ± 0.01	0.02 ± 0.01	-	0.14 ± 0.03	0.01 ± 0.01
Yavşan Tuzlası	97.49 ± 1.28	-	< 0.01	2.13 ± 1.16	-	0.03 ± 0.02	< 0.01	0.08 ± 0.07	< 0.01	0.26 ± 0.07	0.01 ± 0.01

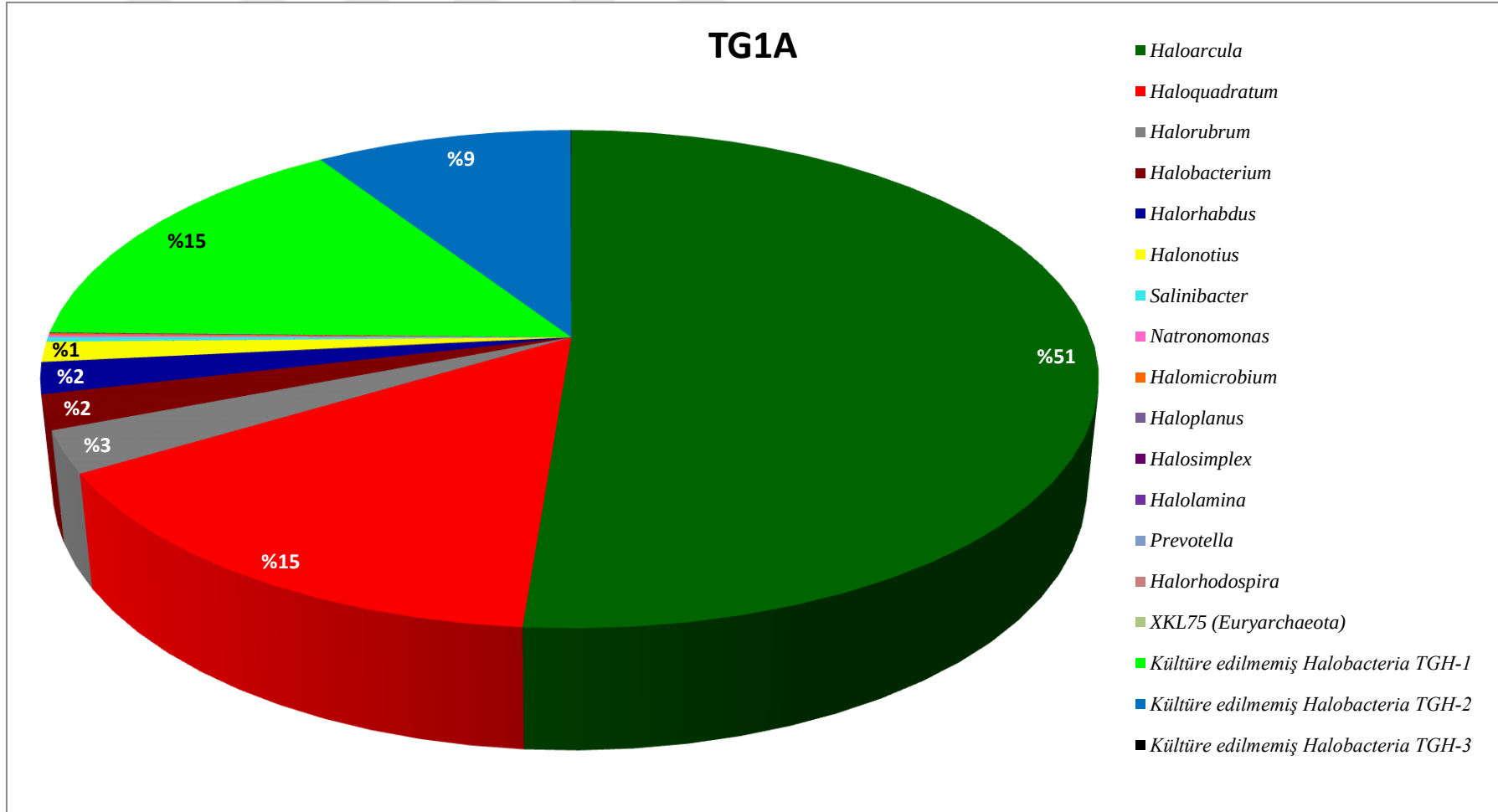


Şekil 3.3. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen şubelerin ortalama yüzde bollukları.

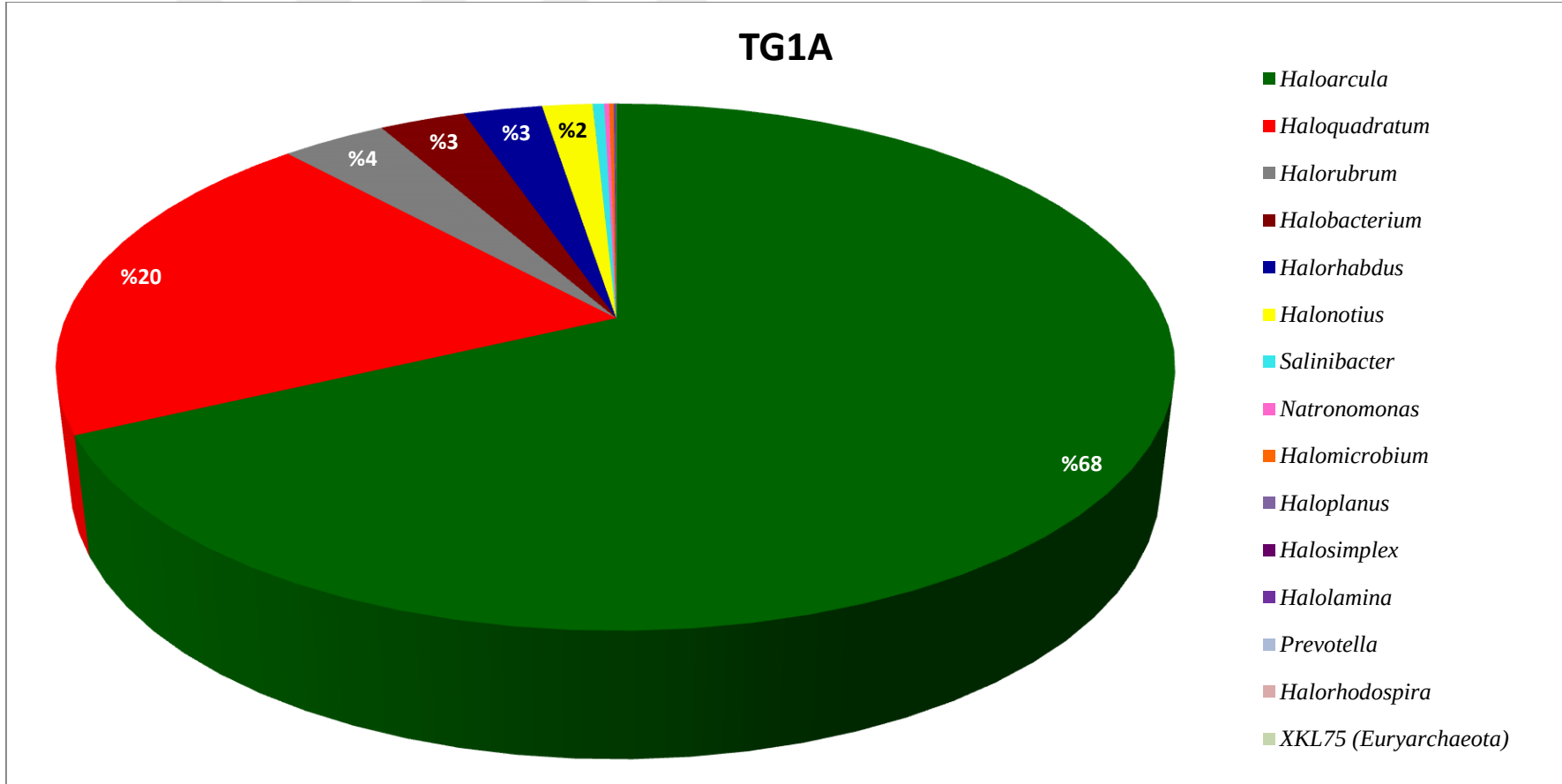
Tuz Gölü'nün TG1 örnekleme bölgesinden toplanan TG1A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %51.16'sının *Haloarcula*, %15.13'ünün *Haloquadratum*, %2.72'sinin *Halorubrum*, %2.24'ünün *Halobacterium*, %2.04'ünün *Halorhabdus*, %1.31'inin *Halonotius*, %0.3'ünün *Salinibacter*, %0.13'ünün *Natronomonas*, %0.11'inin *Halomicrobium*, %0.03'ünün *Haloplanus*, %0.02'sinin *Halosimplex*, %0.01'inin *Halolamina*, %0.003'ünün *Prevotella* ve %0.003'ünün *Halorhodospira* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.003 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait XKL75 saptanmıştır. Numunede %15.44 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %9.18 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.4).

TG1A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %68.02'sinin *Haloarcula*, %20.12'sinin *Haloquadratum*, %3.62'sinin *Halorubrum*, %2.98'inin *Halobacterium*, %2.71'inin *Halorhabdus*, %1.74'ünün *Halonotius*, %0.4'ünün *Salinibacter*, %0.17'sinin *Natronomonas*, %0.15'inin *Halomicrobium*, %0.04'ünün *Haloplanus*, %0.03'ünün *Halosimplex*, %0.01'inin *Halolamina*, %0.004'ünün *Prevotella* ve %0.004'ünün *Halorhodospira* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.004 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.5).

TG1A örneğinde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Halobacterium*, *Halorhabdus* ve *Halonotius* arkeal cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslerin de aynı olduğu görülmüştür.



Şekil 3.4. TG1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

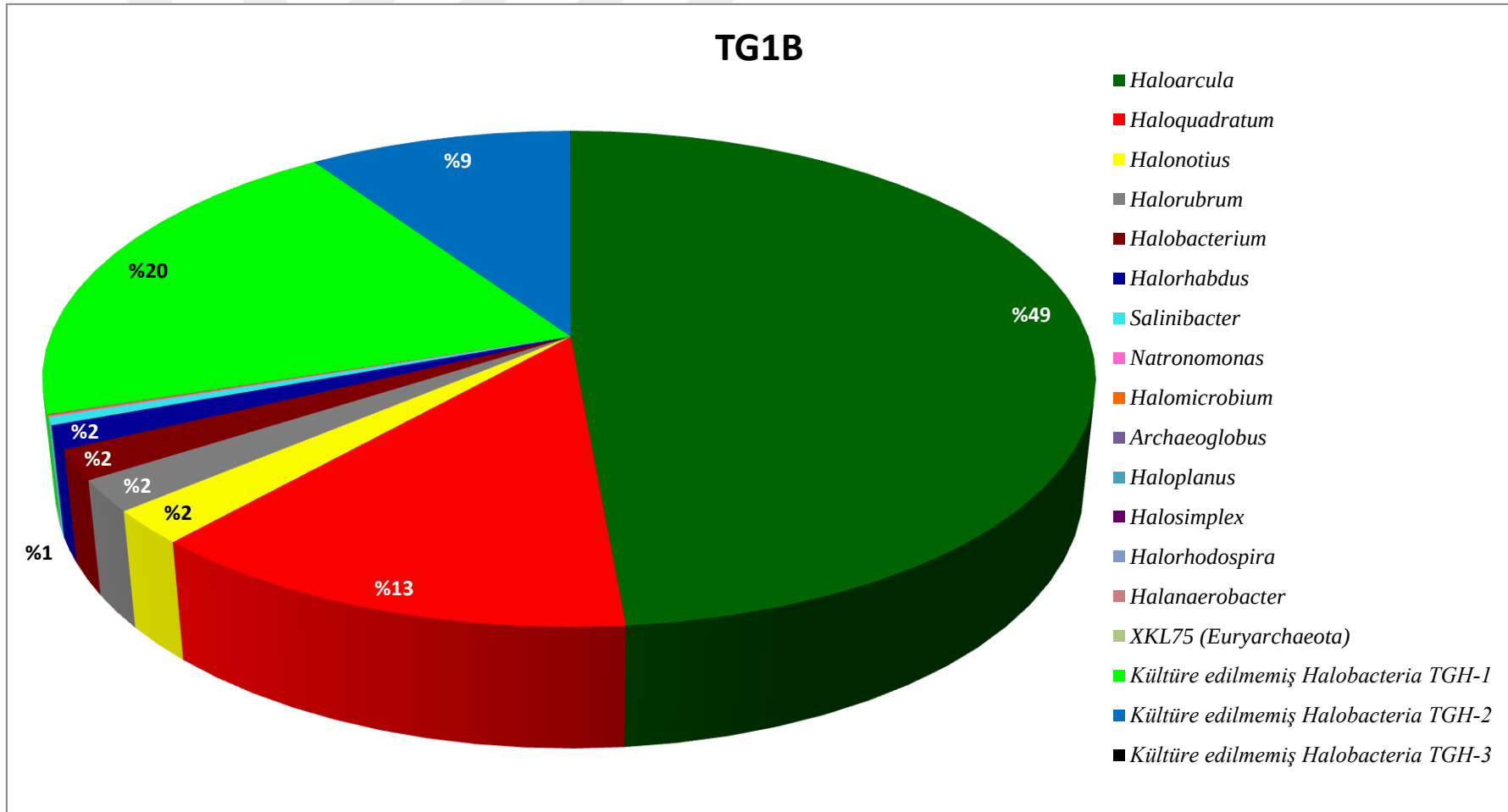


Şekil 3.5. TG1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

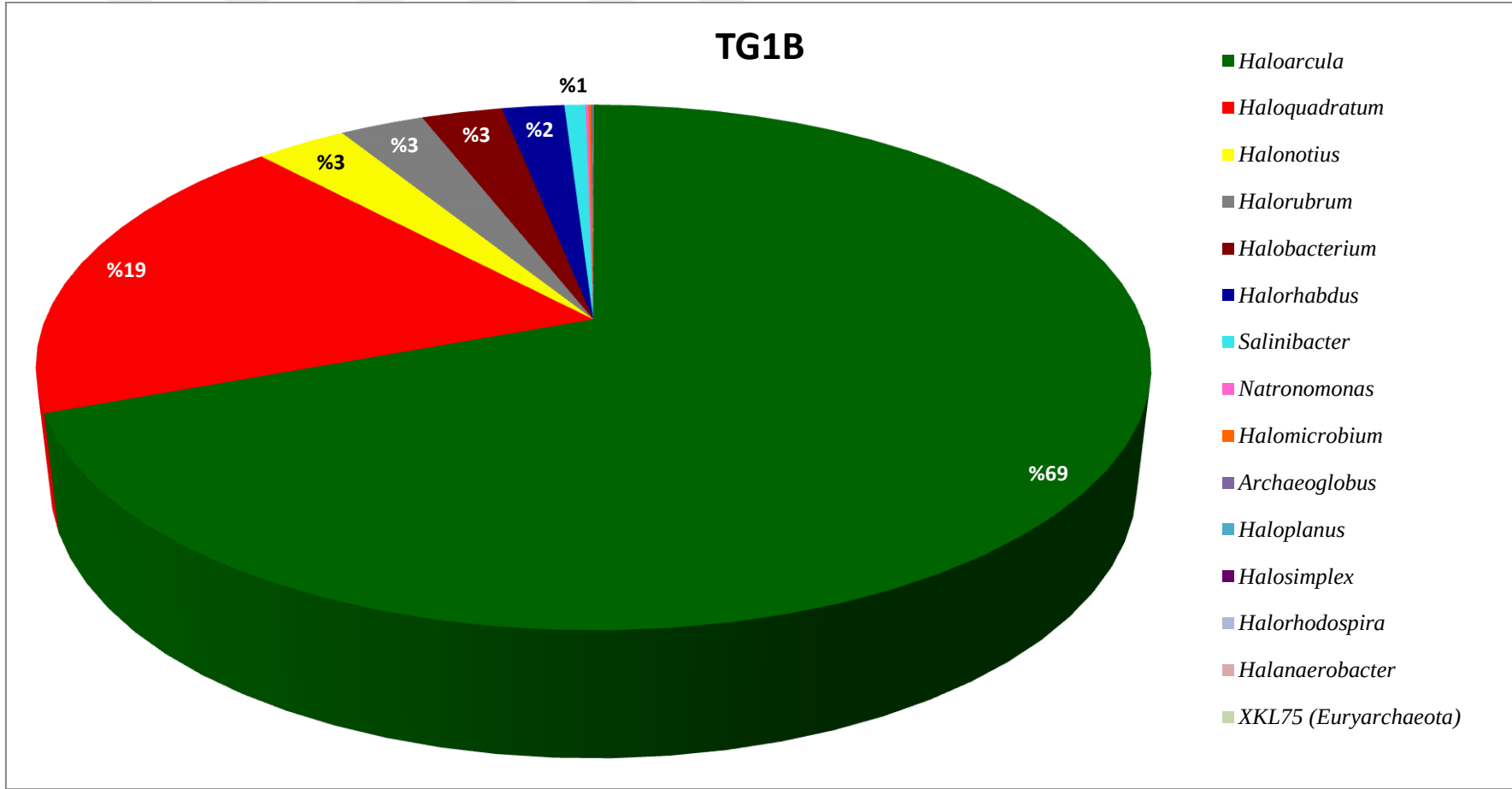
Tuz Gölü'nün TG1 örnekleme bölgesinden toplanan TG1B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %48.51'inin *Haloarcula*, %13'ünün *Haloquadratum*, %2.21'inin *Halonotius*, %2.05'inin *Halorubrum*, %1.96'sının *Halobacterium*, %1.51'inin *Halorhabdus*, %0.51'inin *Salinibacter*, %0.07'sinin *Natronomonas*, %0.07'sinin *Halomicrobium*, %0.013'ünün *Archaeoglobus*, %0.01'inin *Haloplanus*, %0.01'inin *Halosimplex*, %0.005'inin *Halorhodospira* ve %0.005'inin *Halanaerobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.005 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %20.39 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %9.48 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.01 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.6).

TG1B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %69.36'sının *Haloarcula*, %18.59'unun *Haloquadratum*, %3.16'sının *Halonotius*, %2.93'ünün *Halorubrum*, %2.80'inin *Halobacterium*, %2.16'sının *Halorhabdus*, %0.73'ünün *Salinibacter*, %0.1'inin *Natronomonas*, %0.1'inin *Halomicrobium*, %0.019'unun *Archaeoglobus*, %0.014'ünün *Haloplanus*, %0.014'ünün *Halosimplex*, %0.007'sinin *Halorhodospira* ve %0.007'sinin *Halanaerobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.007 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.7).

TG1B örneğinde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Halobacterium* ve *Halorhabdus* arkeal cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslerin de aynı olduğu görülmüştür.



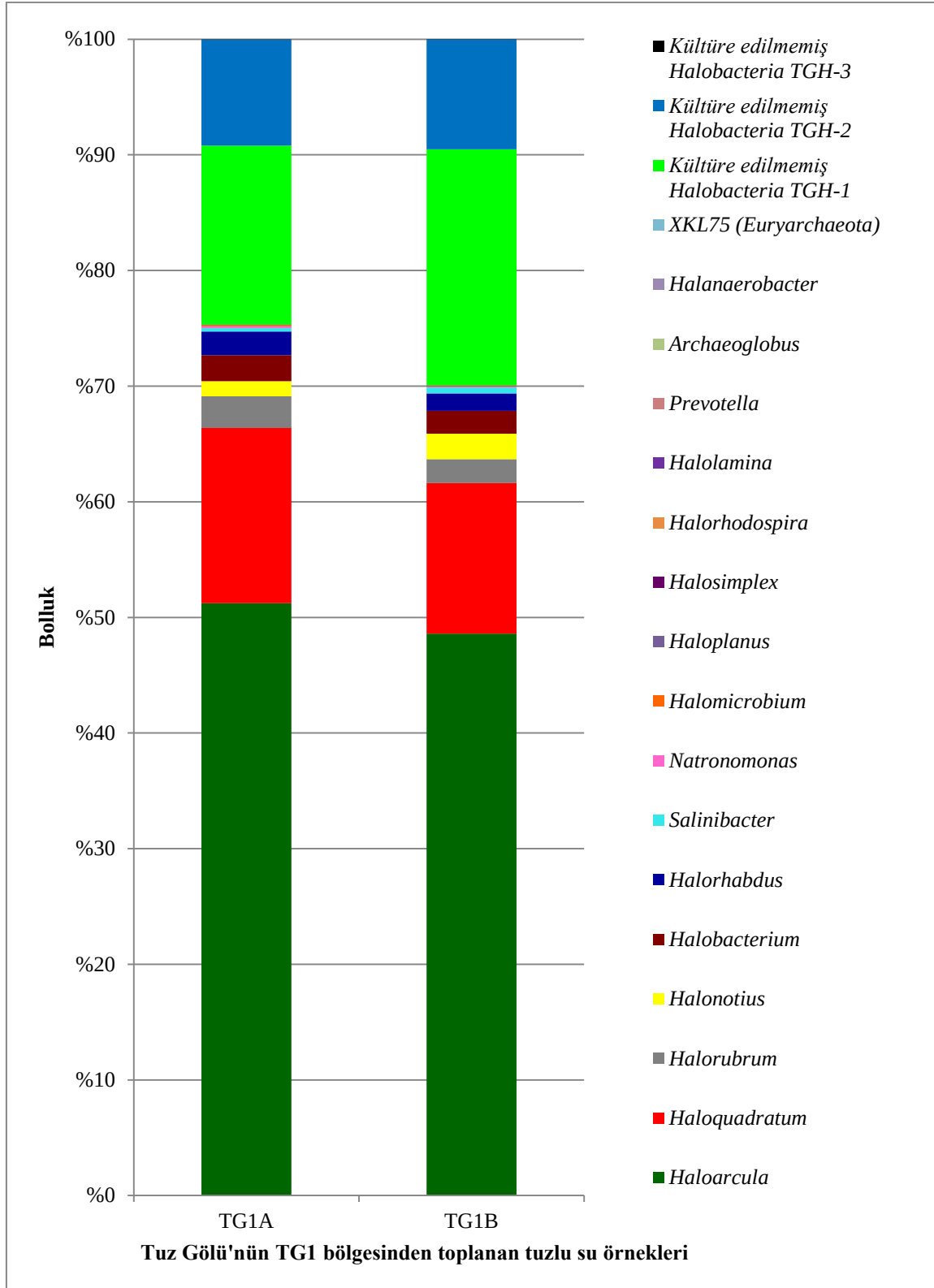
Şekil 3.6. TG1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



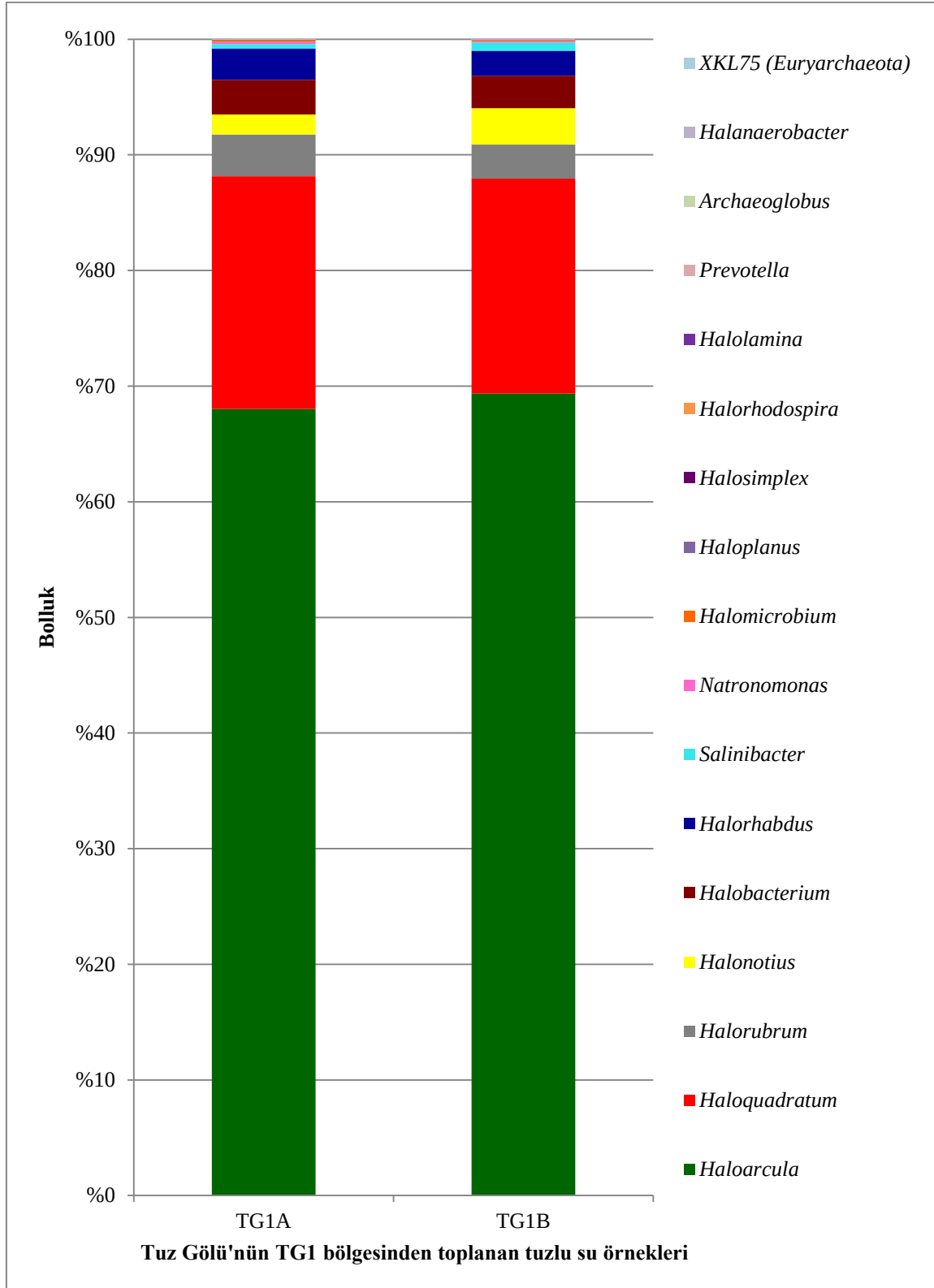
Şekil 3.7. TG1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG1 bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Halobacterium*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Natronomonas*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halosimplex* ve *Halorhodospira* cinsleri ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca XKL75 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Halolamina* ve *Prevotella* cinsleri bu iki örnekten sadece TG1A örneğinde tespit edilirken, *Archaeoglobus* ve *Halanaerobacter* cinsleri sadece TG1B örneğinde tespit edilmiştir.

TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.8'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.9'da gösterilmektedir.



Şekil 3.8. Tuz Gölü'nün TG1 bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacterium* TGH'lerin yüzde bollukları.

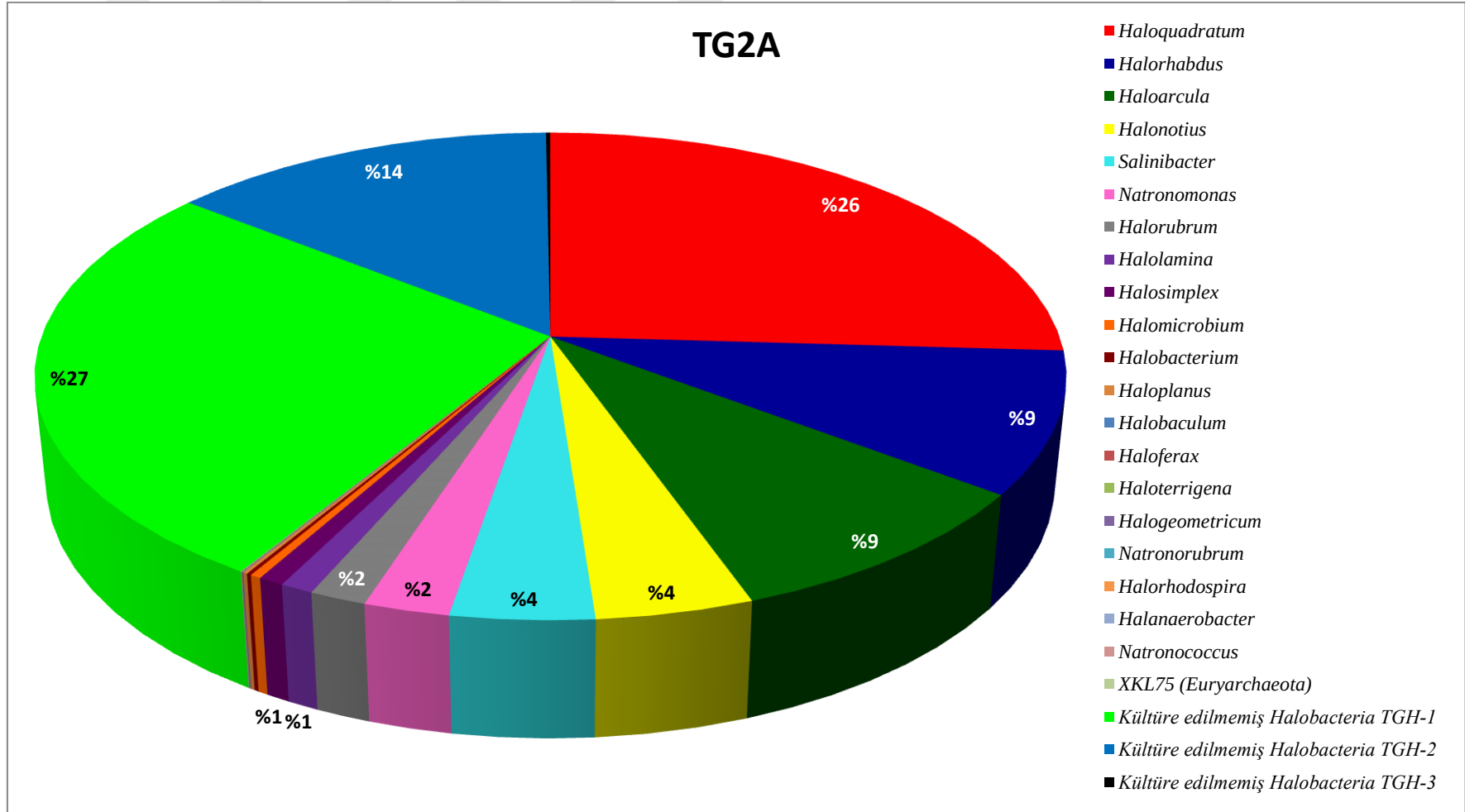


Şekil 3.9. Tuz Gölü'nün TG1 bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

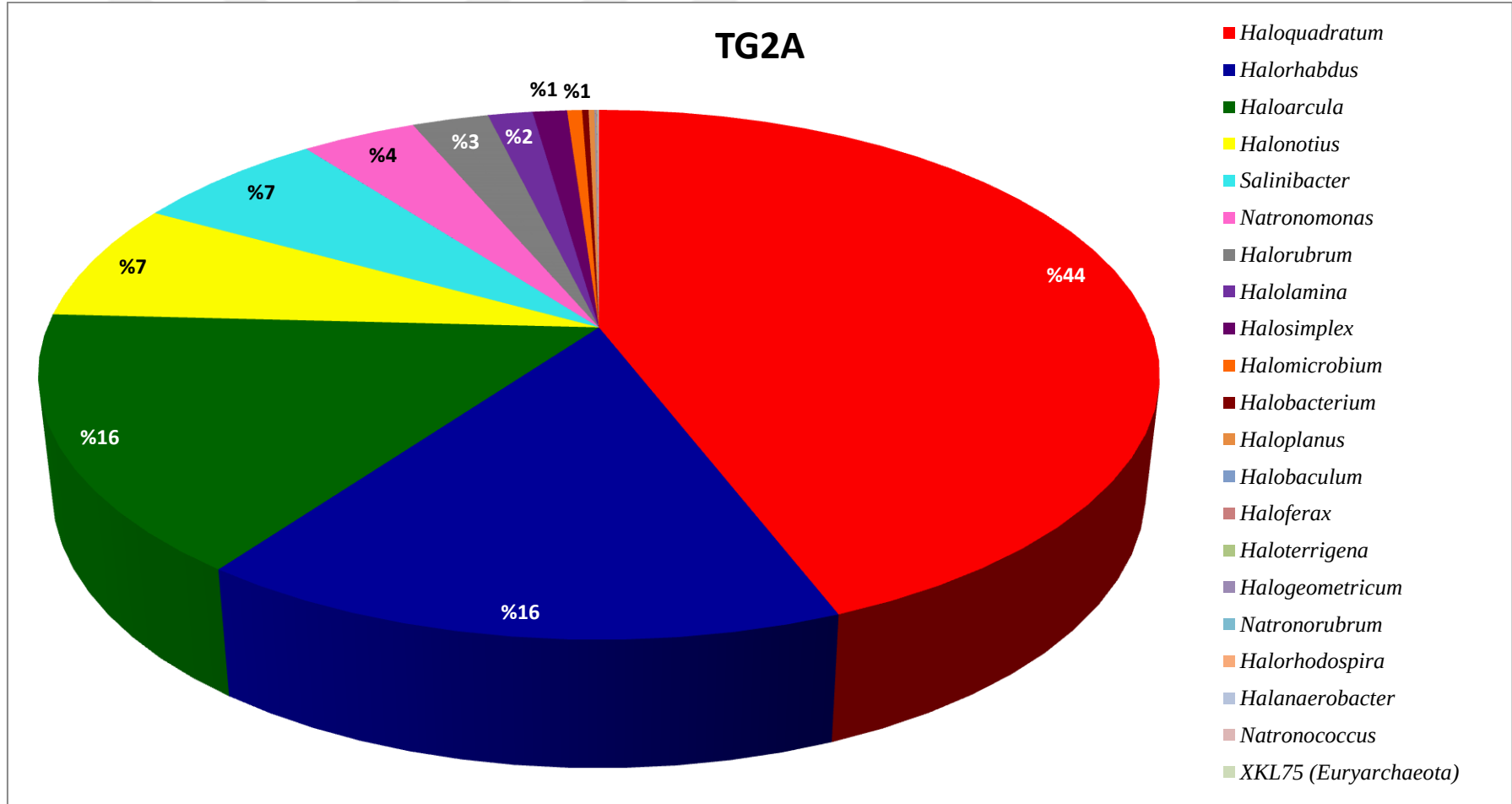
Tuz Gölü'nün TG2 örnekleme bölgesinden toplanan TG2A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %25.86'sının *Haloquadratum*, %9.34'ünün *Halorhabdus*, %9.25'inin *Haloarcula*, %4.24'ünün *Halonotius*, %3.86'sının *Salinibacter*, %2.31'inin *Natronomonas*, %1.54'ünün *Halorubrum*, %0.9'unun *Halolamina*, %0.69'unun *Halosimplex*, %0.3'ünün *Halomicrobium*, %0.13'ünün *Halobacterium*, %0.12'sinin *Haloplanus*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.012'sinin *Haloterrigena*, %0.008'inin *Halogeometricum*, %0.008'inin *Natronorubrum*, %0.005'inin *Halorhodospira*, %0.005'inin *Halanaerobacter* ve %0.002'sinin *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.008 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %26.84 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %14.13 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.16 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.10).

TG2A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %44.11'inin *Haloquadratum*, %15.93'ünün *Halorhabdus*, %15.78'inin *Haloarcula*, %7.23'ünün *Halonotius*, %6.58'inin *Salinibacter*, %3.94'ünün *Natronomonas*, %2.63'ünün *Halorubrum*, %1.54'ünün *Halolamina*, %1.18'inin *Halosimplex*, %0.51'inin *Halomicrobium*, %0.22'sinin *Halobacterium*, %0.20'sinin *Haloplanus*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.01'inin *Halogeometricum*, %0.01'inin *Natronorubrum*, %0.01'inin *Halorhodospira*, %0.01'inin *Halanaerobacter* ve %0.003'ünün *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.01 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.11).

TG2A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Natronomonas* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halolamina* ve *Halosimplex* cinsleri de eklenmiştir.



Şekil 3.10. TG2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

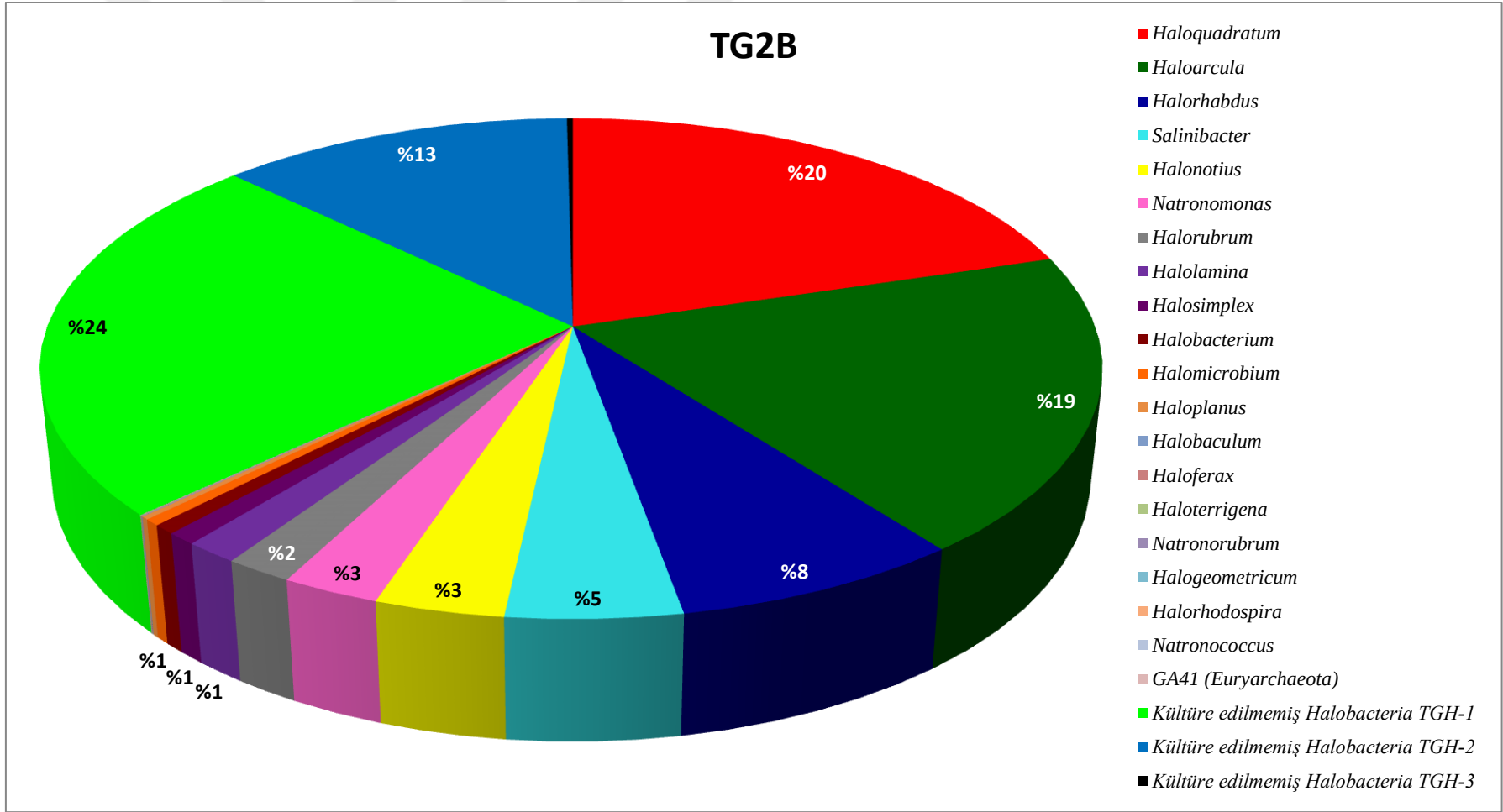


Şekil 3.11. TG2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

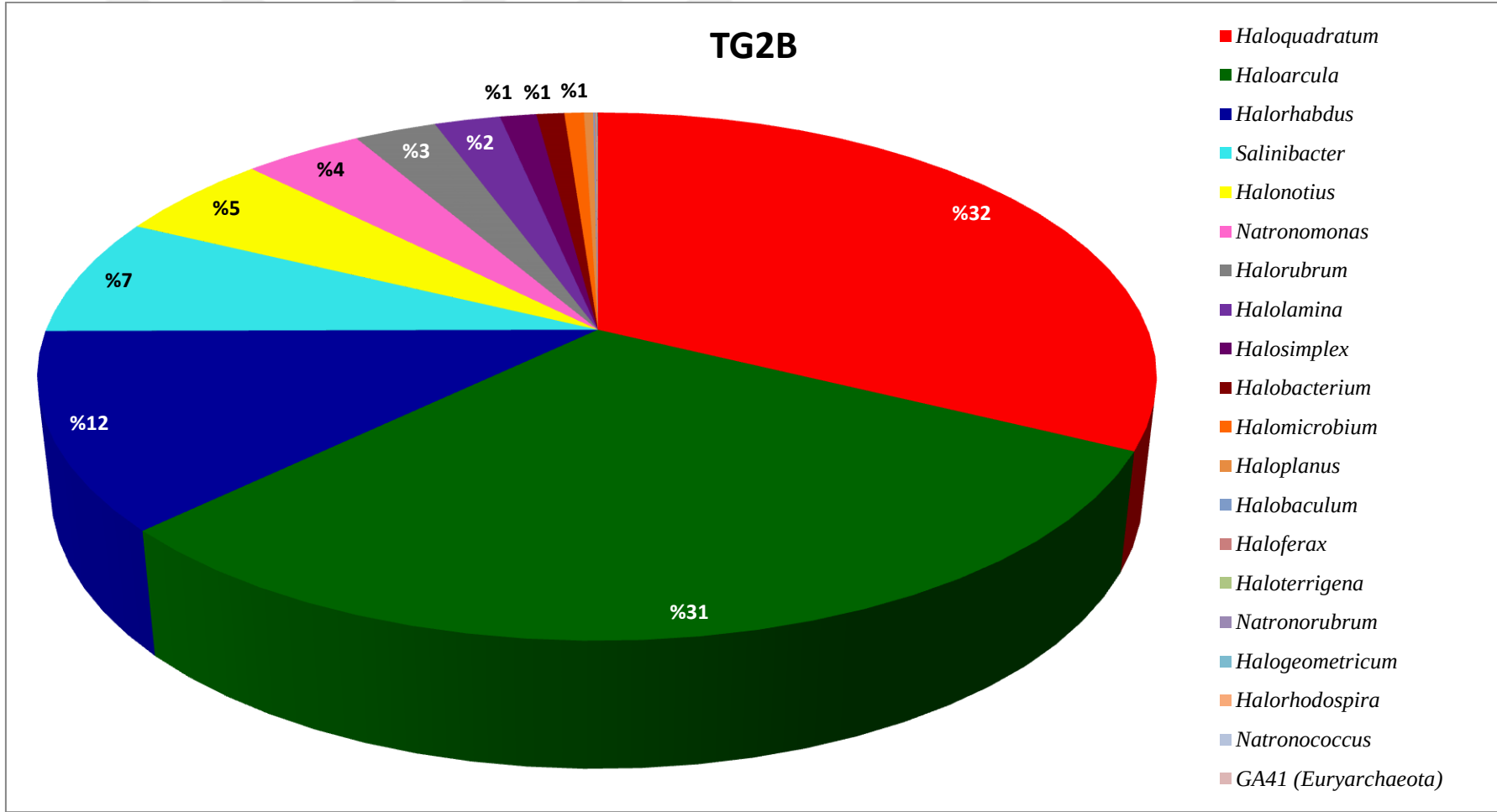
Tuz Gölü'nün TG2 örnekleme bölgesinden toplanan TG2B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %20.24'ünün *Haloquadratum*, %19.25'inin *Haloarcula*, %7.56'sının *Halorhabdus*, %4.55'inin *Salinibacter*, %3.36'sının *Halonotius*, %2.55'inin *Natronomonas*, %1.77'sinin *Halorubrum*, %1.42'sinin *Halolamina*, %0.78'inin *Halosimplex*, %0.60'ının *Halobacterium*, %0.42'sinin *Halomicrobium*, %0.2'sinin *Haloplanus*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.016'sının *Haloterrigena*, %0.01'inin *Natronorubrum*, %0.006'sının *Halogeometricum*, %0.004'ünün *Halorhodospira* ve %0.002'sinin *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.002 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait GA41 saptanmıştır. Numunede %24.15 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %12.57 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.21 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.12).

TG2B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %32.23'ünün *Haloquadratum*, %30.65'inin *Haloarcula*, %12.04'ünün *Halorhabdus*, %7.25'inin *Salinibacter*, %5.35'inin *Halonotius*, %4.06'sının *Natronomonas*, %2.82'sinin *Halorubrum*, %2.26'sının *Halolamina*, %1.24'ünün *Halosimplex*, %0.96'sının *Halobacterium*, %0.67'sinin *Halomicrobium*, %0.32'sinin *Haloplanus*, %0.05'inin *Halobaculum*, %0.05'inin *Haloferax*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Natronorubrum*, %0.01'inin *Halogeometricum*, %0.01'inin *Halorhodospira* ve %0.003'ünün *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.003 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.13).

TG2B örneğinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Salinibacter*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halorubrum* ve *Halolamina* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halosimplex* cinsi de eklenmiştir.



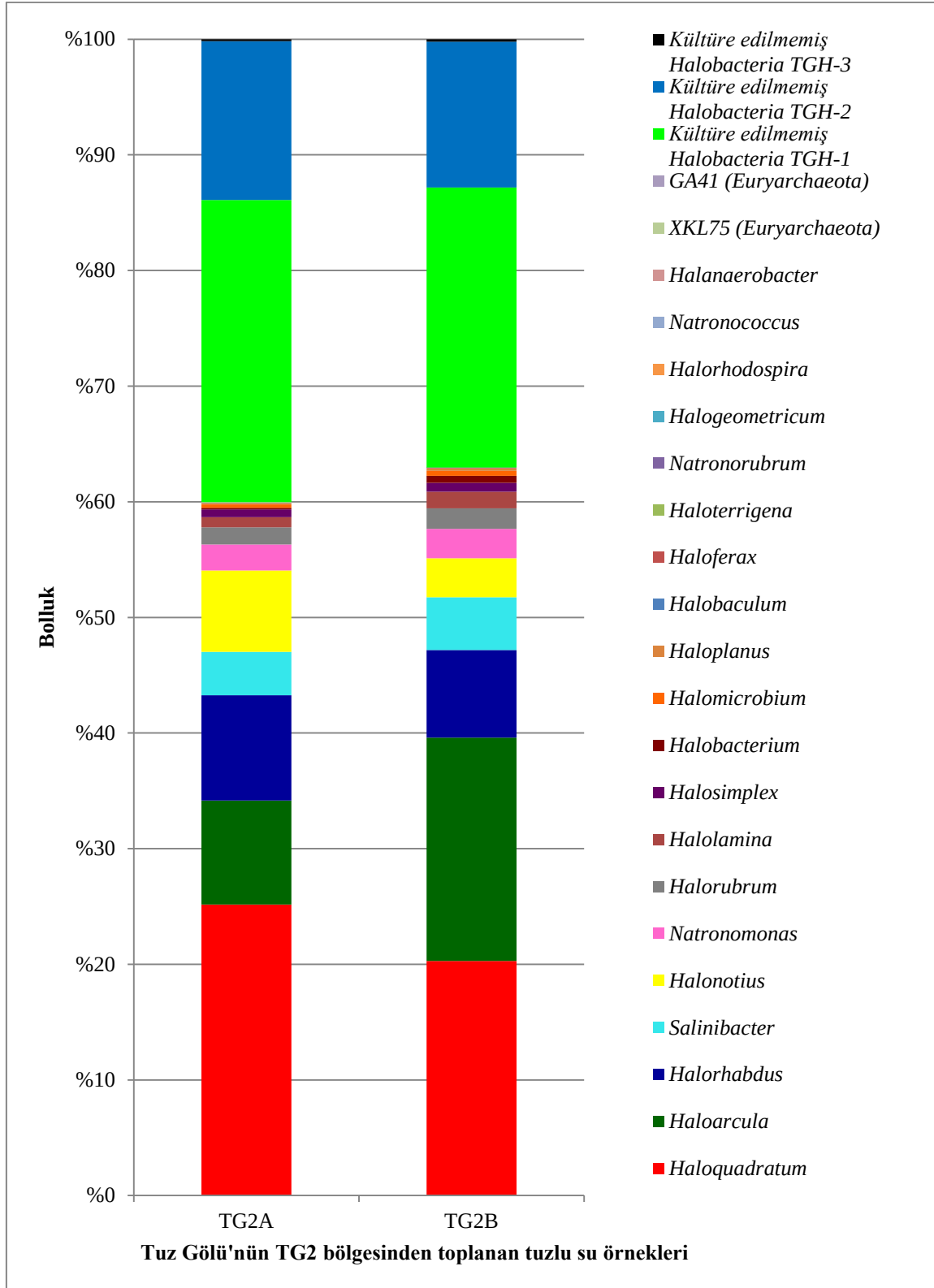
Şekil 3.12. TG2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



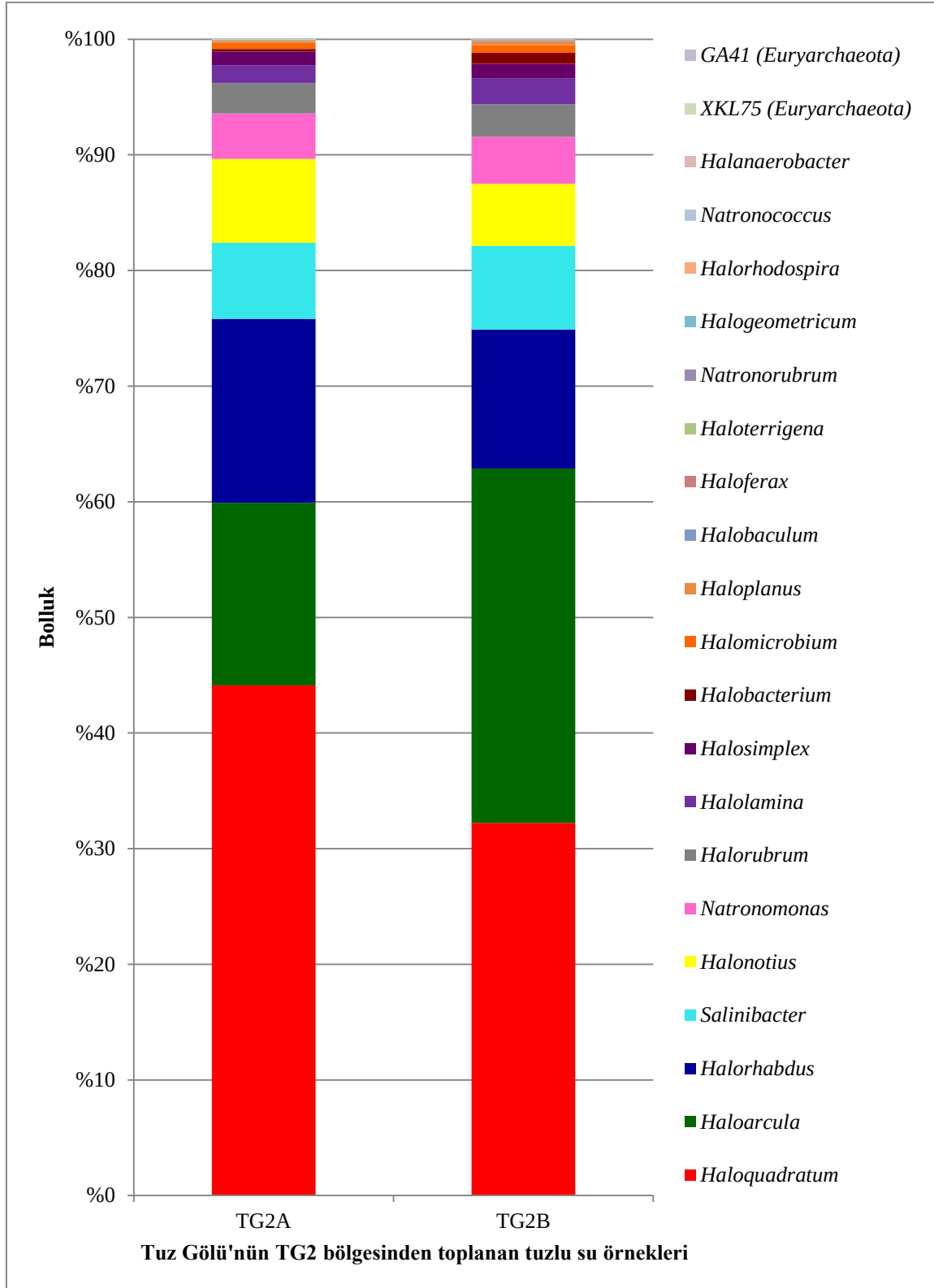
Şekil 3.13. TG2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG2 bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Salinibacter*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Halolamina*, *Halosimplex*, *Halobacterium*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halobaculum*, *Haloferax*, *Haloterrigena*, *Natronorubrum*, *Halogeometricum*, *Halorhodospira* ve *Natronococcus* cinsleri ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. XKL75 bu iki örnekten sadece TG2A örneğinde bulunurken, GA41 sadece TG2B örneğinde bulunmuştur. *Halanaerobacter* cinsi ise bu iki örnekten sadece TG2A örneğinde tespit edilmiştir.

TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.14'te, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.15'te gösterilmektedir.



Şekil 3.14. Tuz Gölü'nün TG2 bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacterium* TGH'lerin yüzde bollukları.

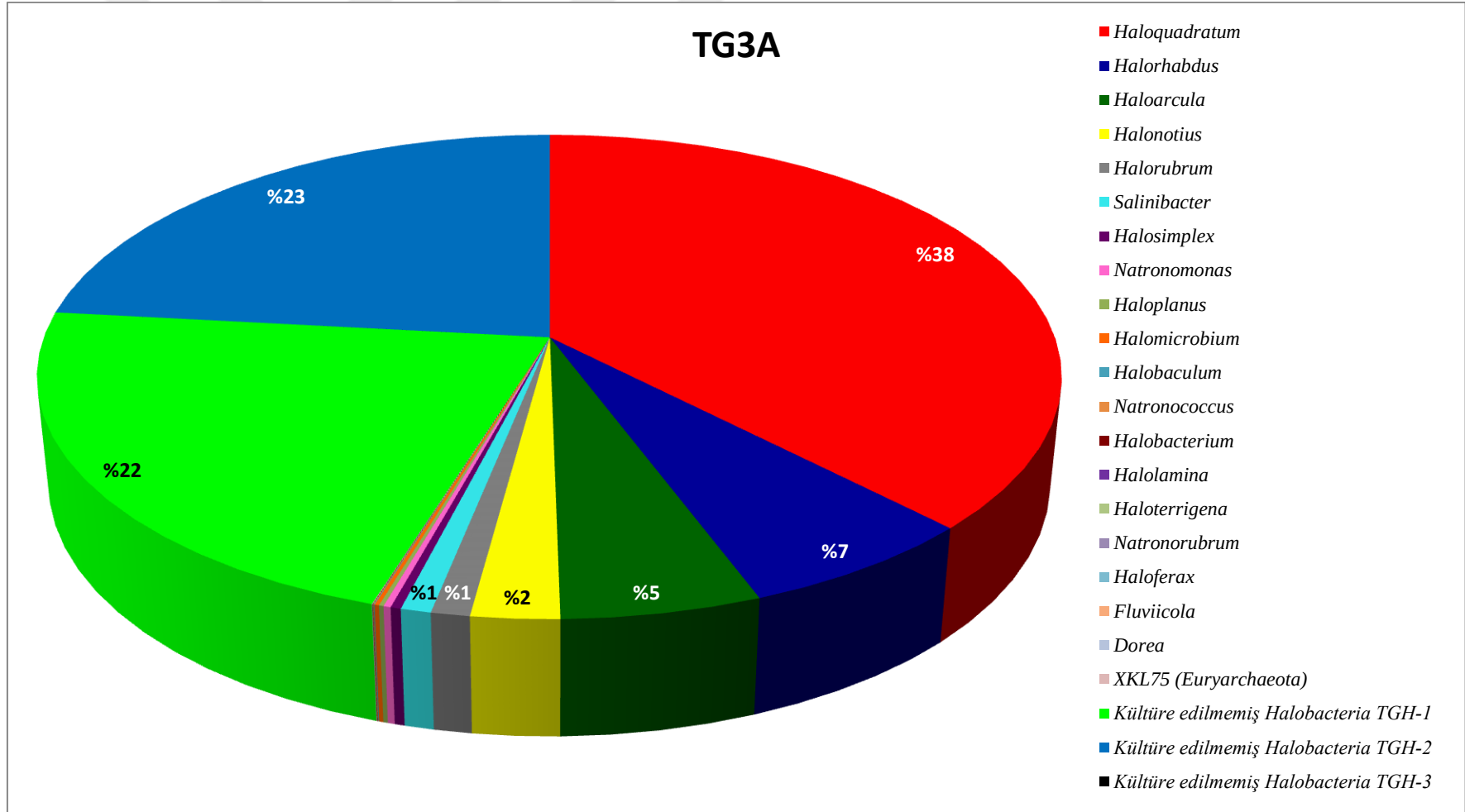


Şekil 3.15. Tuz Gölü'nün TG2 bölgesinden toplanan TG2A ve TG2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

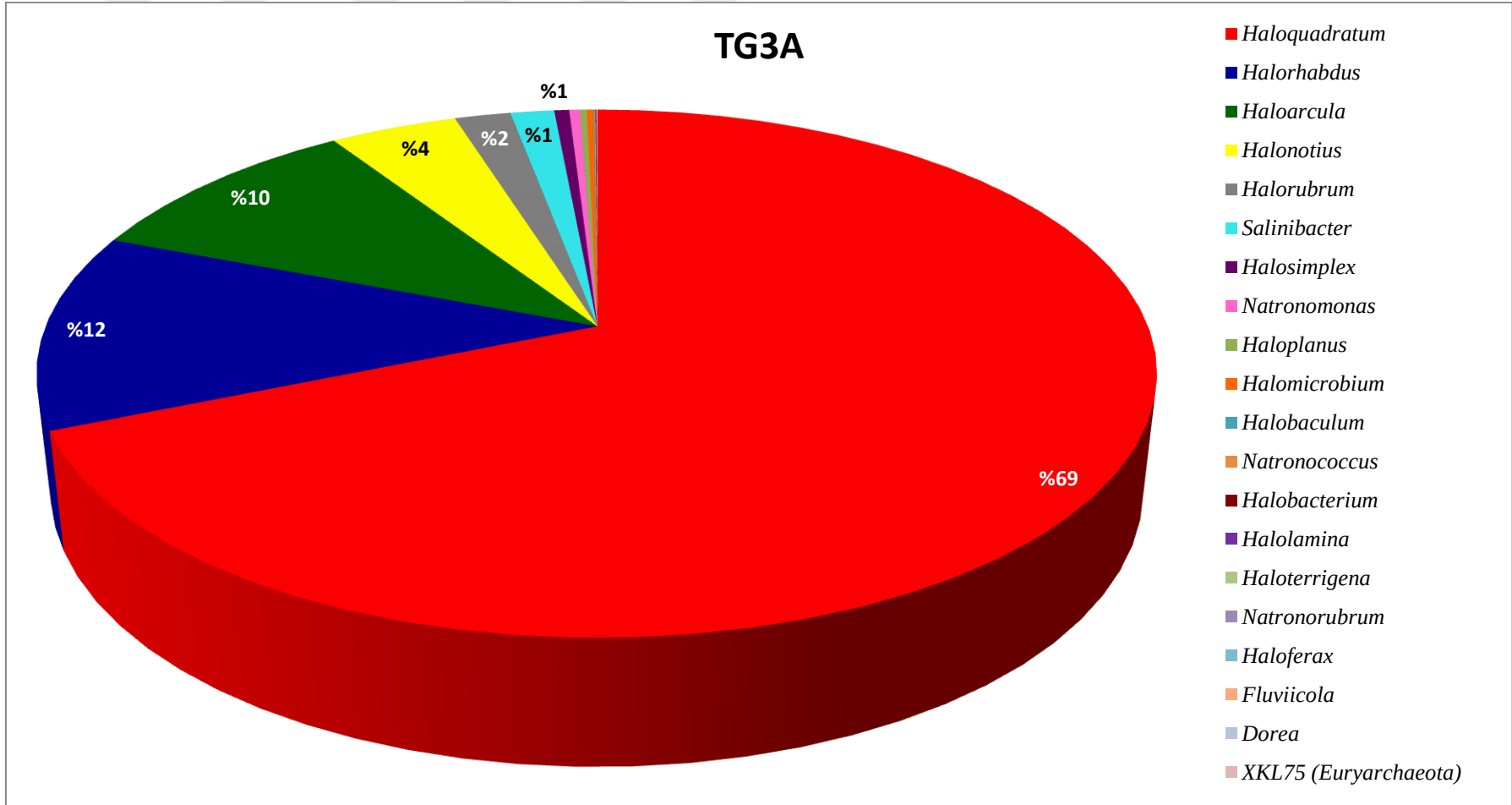
Tuz Gölü'nün TG3 örnekleme bölgesinden toplanan TG3A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %37.63'ünün *Haloquadratum*, %6.6'sının *Halorhabdus*, %5.42'sinin *Haloarcula*, %2.39'unun *Halonotius*, %1.05'inin *Halorubrum*, %0.82'sinin *Salinibacter*, %0.28'inin *Halosimplex*, %0.2'sinin *Natronomonas*, %0.13'ünün *Haloplanus*, %0.12'sinin *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Natronococcus*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.006'sinin *Halolamina*, %0.004'ünün *Haloterrigena*, %0.004'ünün *Natronorubrum*, %0.002'sinin *Haloferax*, %0.002'sinin *Fluviicola* ve %0.002'sinin *Dorea* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.008 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %23.24 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %21.89 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.006 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.16).

TG3A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %68.77'sinin *Haloquadratum*, %12.06'sinin *Halorhabdus*, %9.9'unun *Haloarcula*, %4.37'sinin *Halonotius*, %1.92'sinin *Halorubrum*, %1.5'inin *Salinibacter*, %0.51'inin *Halosimplex*, %0.37'sinin *Natronomonas*, %0.24'ünün *Haloplanus*, %0.22'sinin *Halomicrobium*, %0.04'ünün *Halobaculum*, %0.04'ünün *Natronococcus*, %0.018'inin *Halobacterium*, %0.01'inin *Halolamina*, %0.007'sinin *Haloterrigena*, %0.007'sinin *Natronorubrum*, %0.004'ünün *Haloferax*, %0.004'ünün *Fluviicola* ve %0.004'ünün *Dorea* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.015 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.17).

TG3A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Salinibacter* cinsi de eklenmiştir.



Şekil 3.16. TG3A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

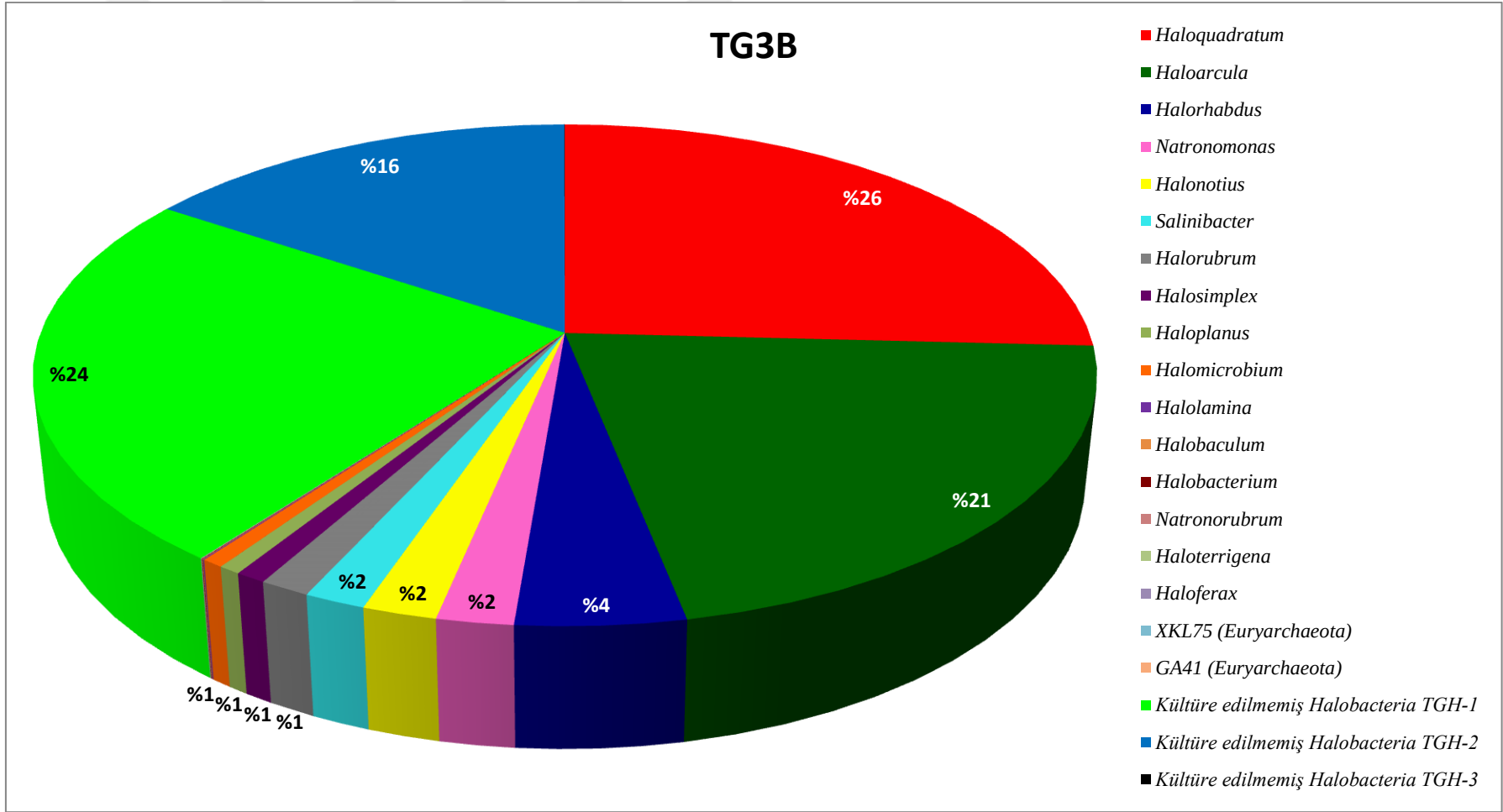


Şekil 3.17. TG3A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

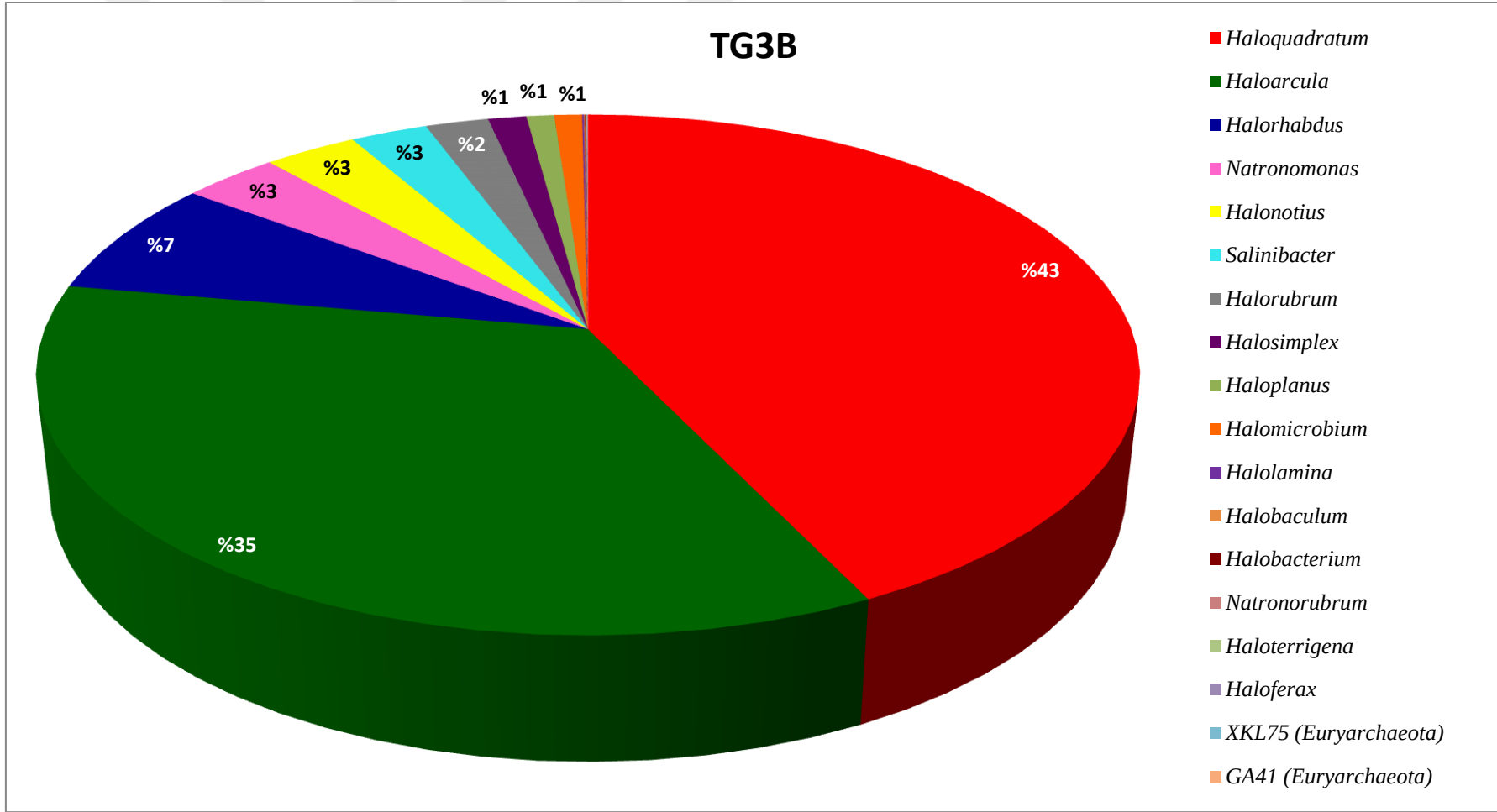
Tuz Gölü'nün TG3 örnekleme bölgesinden toplanan TG3B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %25.77'sinin *Haloquadratum*, %21.03'ünün *Haloarcula*, %4.4'ünün *Halorhabdus*, %2'sinin *Natronomonas*, %1.94'ünün *Halonotius*, %1.61'inin *Salinibacter*, %1.32'sinin *Halorubrum*, %0.8'inin *Halosimplex*, %0.58'inin *Haloplanus*, %0.58'inin *Halomicrobium*, %0.04'ünün *Halolamina*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Halobacterium*, %0.006'sinin *Natronorubrum*, %0.003'ünün *Haloterrigena* ve %0.003'ünün *Haloferax* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 ve %0.006 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %24.1 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %15.56 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.18).

TG3B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %42.84'ünün *Haloquadratum*, %34.96'sinin *Haloarcula*, %7.32'sinin *Halorhabdus*, %3.33'ünün *Natronomonas*, %3.23'ünün *Halonotius*, %2.68'inin *Salinibacter*, %2.19'unun *Halorubrum*, %1.33'ünün *Halosimplex*, %0.96'sinin *Haloplanus*, %0.96'sinin *Halomicrobium*, %0.07'sinin *Halolamina*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Halobacterium*, %0.01'inin *Natronorubrum*, %0.005'inin *Haloterrigena* ve %0.005'inin *Haloferax* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.03 oranında XKL75 ve %0.01 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.19).

TG3B örneğinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halonotius*, *Salinibacter* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halosimplex* cinsi de eklenmiştir. *Haloplanus* ve *Halomicrobium* cinslerinin de yaklaşık %1 bolluğa sahip olduğu tespit edilmiştir.



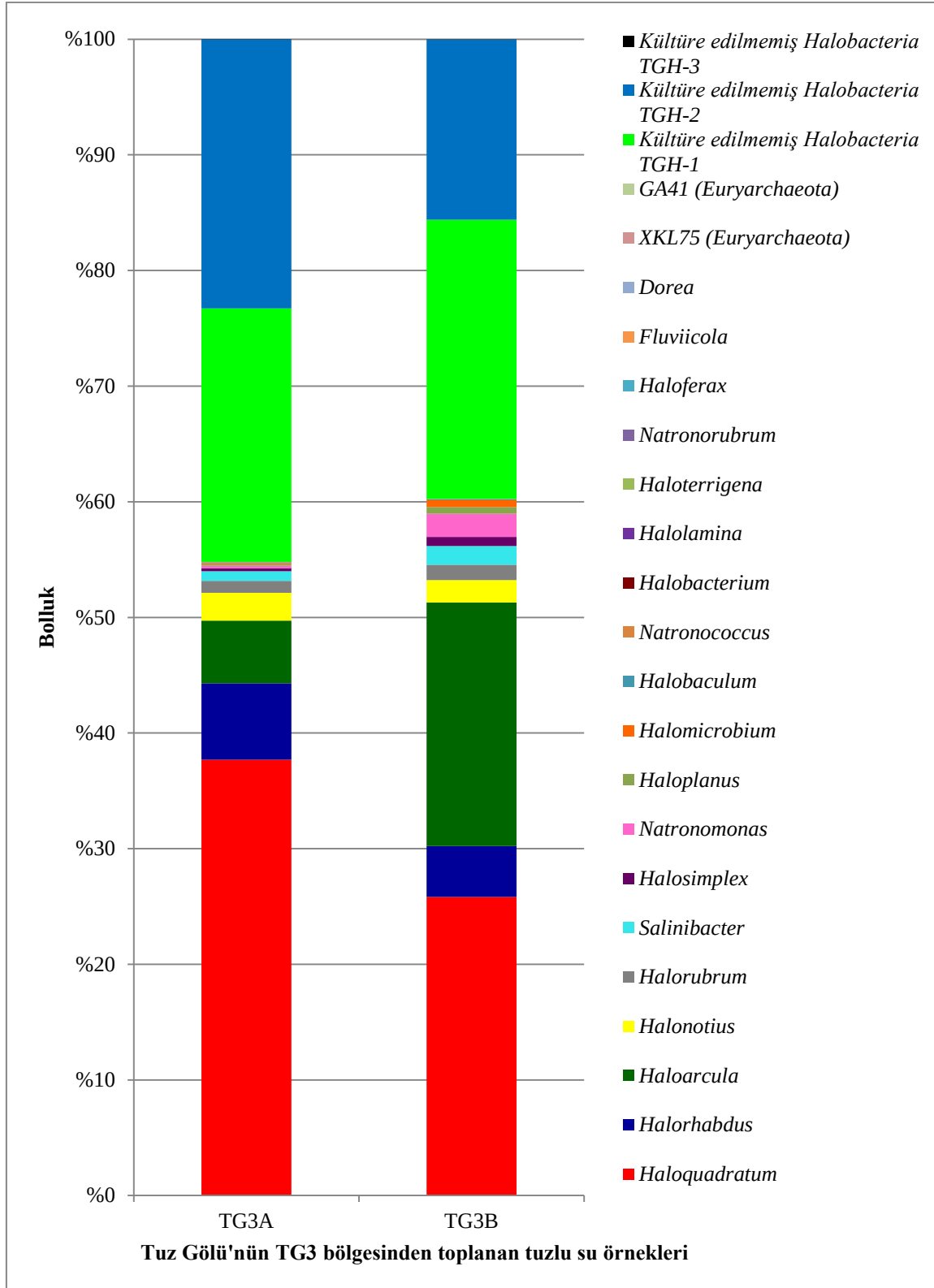
Şekil 3.18. TG3B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



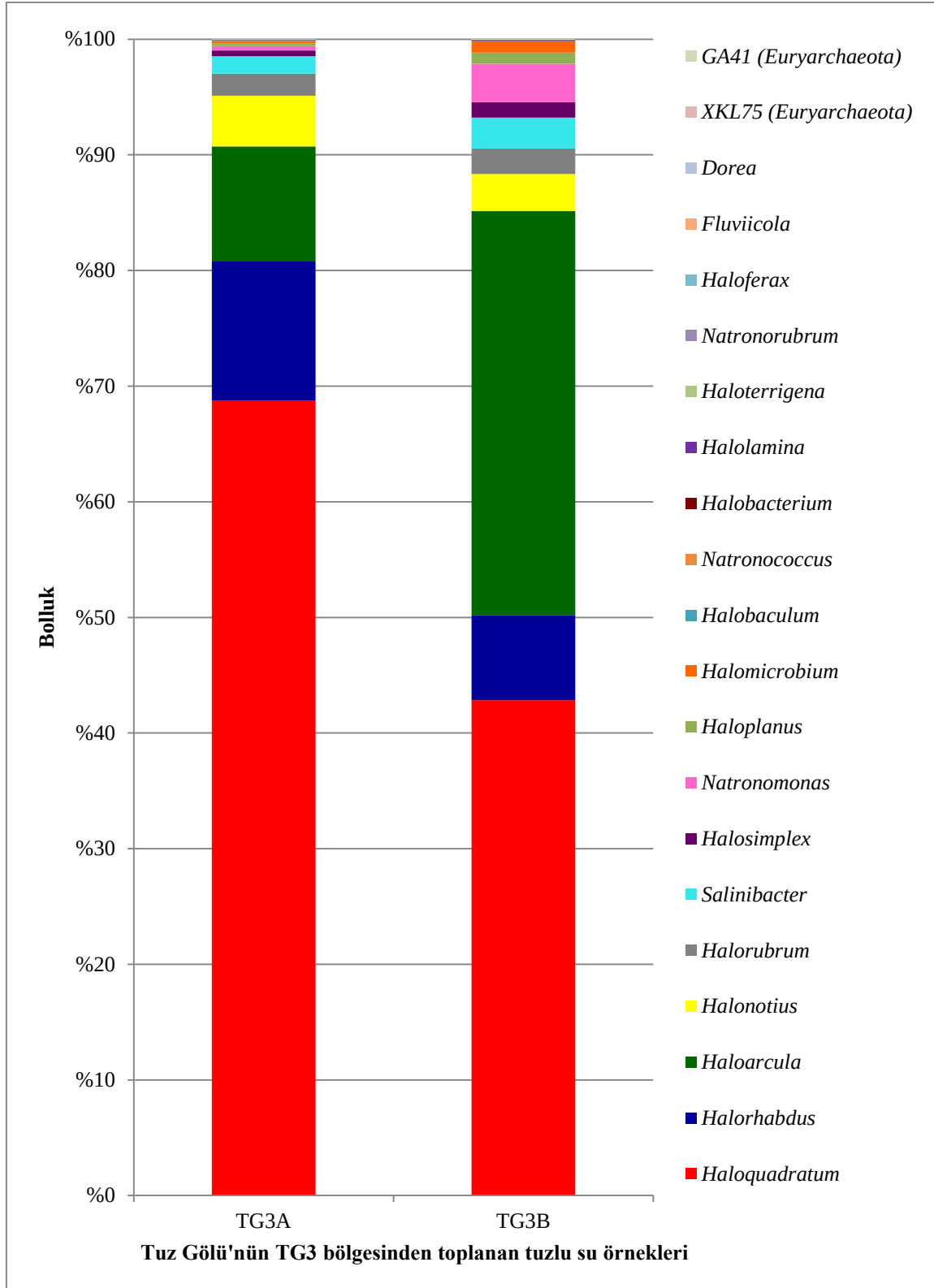
Şekil 3.19. TG3B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG3 bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Halorubrum*, *Halosimplex*, *Haloplanus*, *Halomicrobium*, *Halolamina*, *Halobaculum*, *Halobacterium*, *Natronorubrum*, *Haloterrigena*, *Haloferax* cinsleri ile XKL75 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Natronococcus*, *Fluviicola* ve *Dorea* cinsleri bu iki örnekten sadece TG3A örneğinde bulunurken, GA41 sadece TG3B örneğinde bulunmuştur.

TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.20'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.21'de gösterilmektedir.



Şekil 3.20. Tuz Gölü'nün TG3 bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

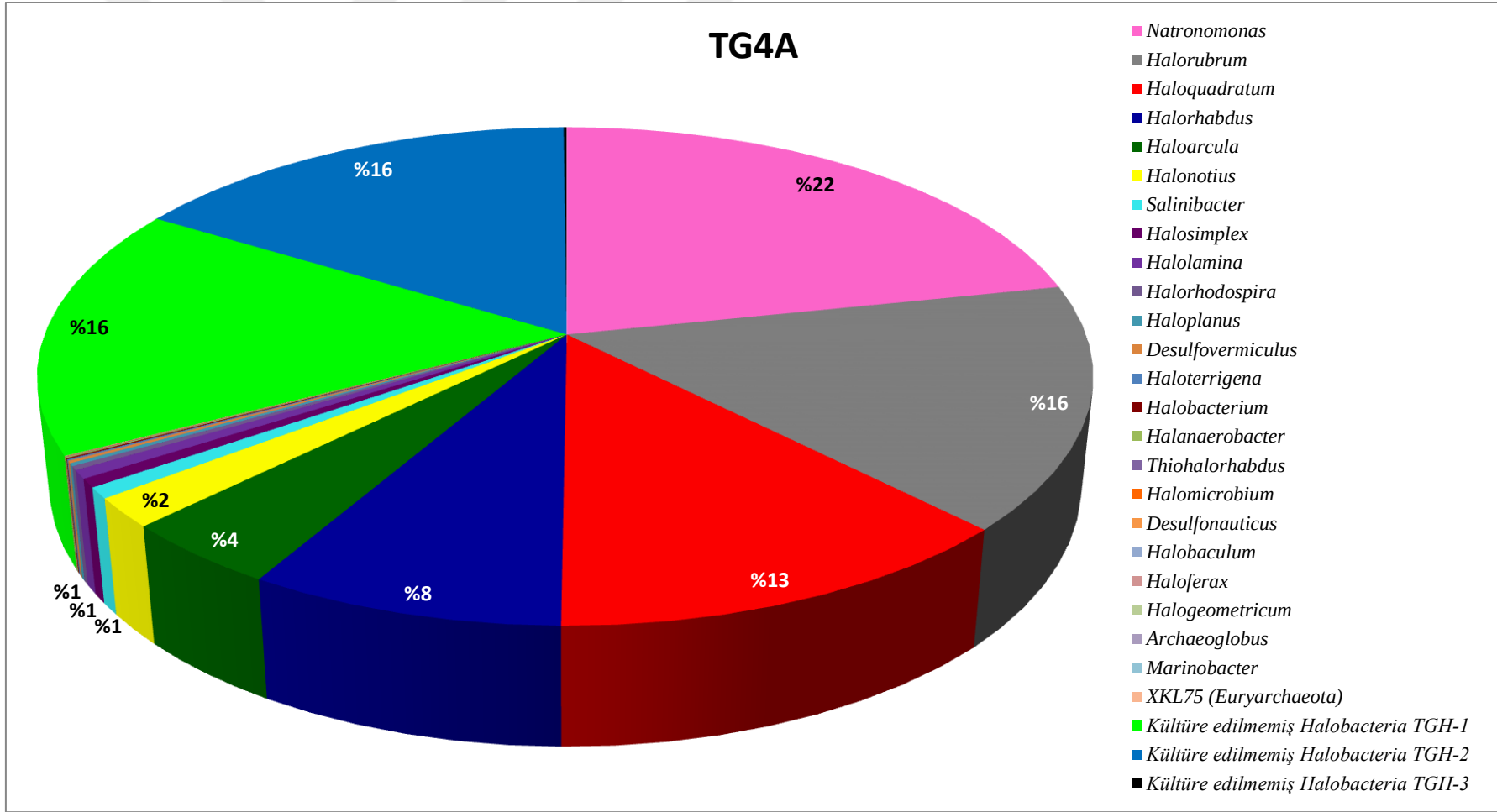


Şekil 3.21. Tuz Gölü'nün TG3 bölgesinden toplanan TG3A ve TG3B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

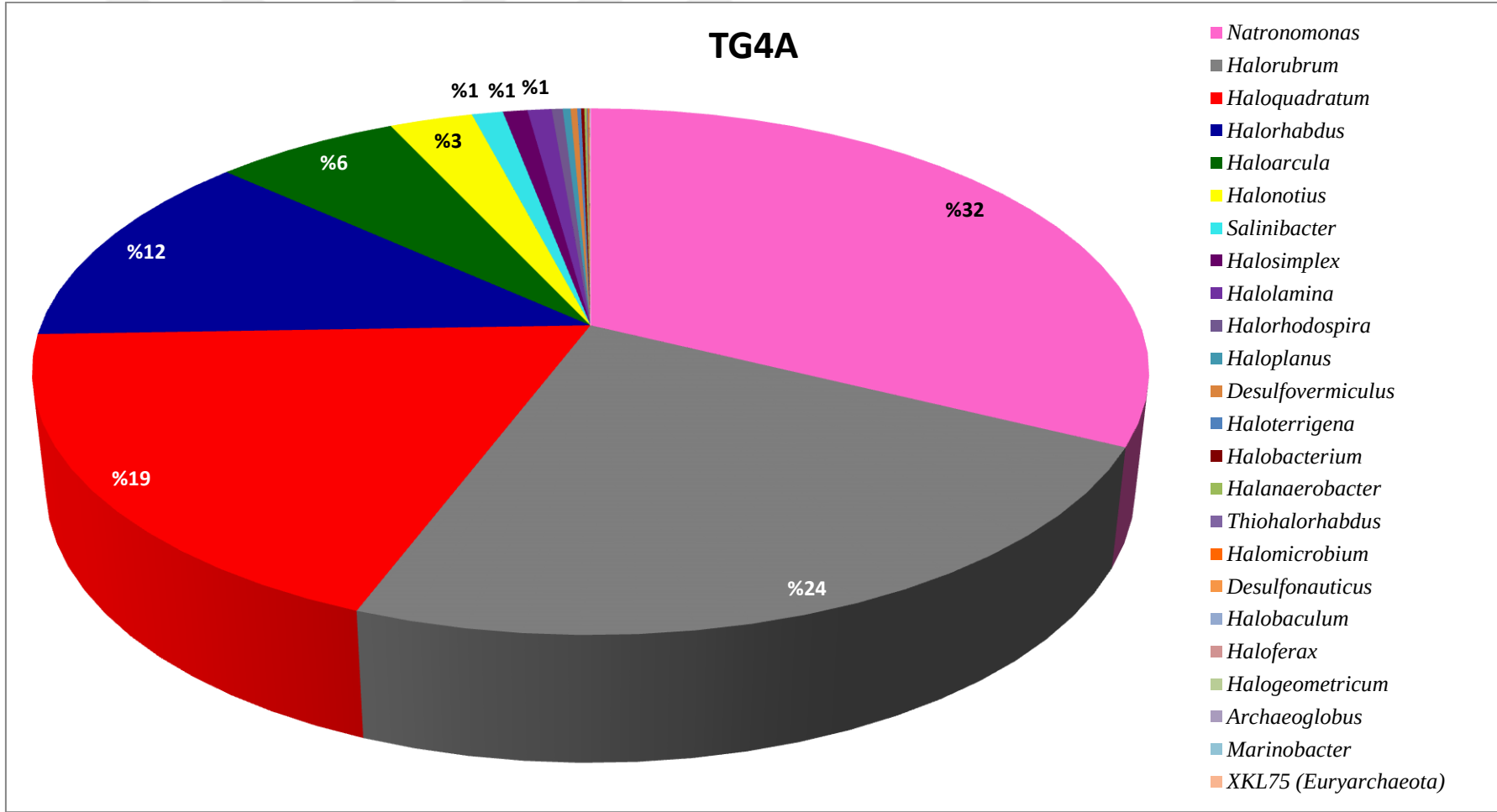
Tuz Gölü'nün TG4 örnekleme bölgesinden toplanan TG4A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %21.45'inin *Natronomonas*, %15.62'sinin *Halorubrum*, %12.41'inin *Haloquadratum*, %8.15'inin *Halorhabdus*, %4.22'sinin *Haloarcula*, %1.9'unun *Halonotius*, %0.71'inin *Salinibacter*, %0.56'sının *Halosimplex*, %0.55'inin *Halolamina*, %0.25'inin *Halorhodospira*, %0.18'inin *Haloplanus*, %0.15'inin *Desulphuvermiculus*, %0.09'unun *Haloterrigena*, %0.07'sinin *Halobacterium*, %0.06'sının *Halanaerobacter*, %0.026'sının *Thiohalorhabdus*, %0.02'sinin *Halomicrobium*, %0.009'unun *Desulfonauticus*, %0.004'ünün *Halobaculum*, %0.004'ünün *Haloferax*, %0.004'ünün *Halogeometricum*, %0.004'ünün *Archaeoglobus* ve %0.004'ünün *Marinobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.009 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %16.14 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %15.97 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.11 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.22).

TG4A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %32.28'inin *Natronomonas*, %23.51'inin *Halorubrum*, %18.68'inin *Haloquadratum*, %12.26'sının *Halorhabdus*, %6.35'inin *Haloarcula*, %2.86'sının *Halonotius*, %1.07'sinin *Salinibacter*, %0.84'ünün *Halosimplex*, %0.83'ünün *Halolamina*, %0.38'inin *Halorhodospira*, %0.27'sinin *Haloplanus*, %0.23'ünün *Desulphuvermiculus*, %0.14'ünün *Haloterrigena*, %0.11'inin *Halobacterium*, %0.09'unun *Halanaerobacter*, %0.04'ünün *Thiohalorhabdus*, %0.03'ünün *Halomicrobium*, %0.01'inin *Desulfonauticus*, %0.006'sının *Halobaculum*, %0.006'sının *Haloferax*, %0.006'sının *Halogeometricum*, %0.006'sının *Archaeoglobus* ve %0.006'sının *Marinobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.01 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.23).

TG4A örneğinde *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula* ve *Halonotius* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Salinibacter* cinsi de eklenmiştir.



Şekil 3.22. TG4A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

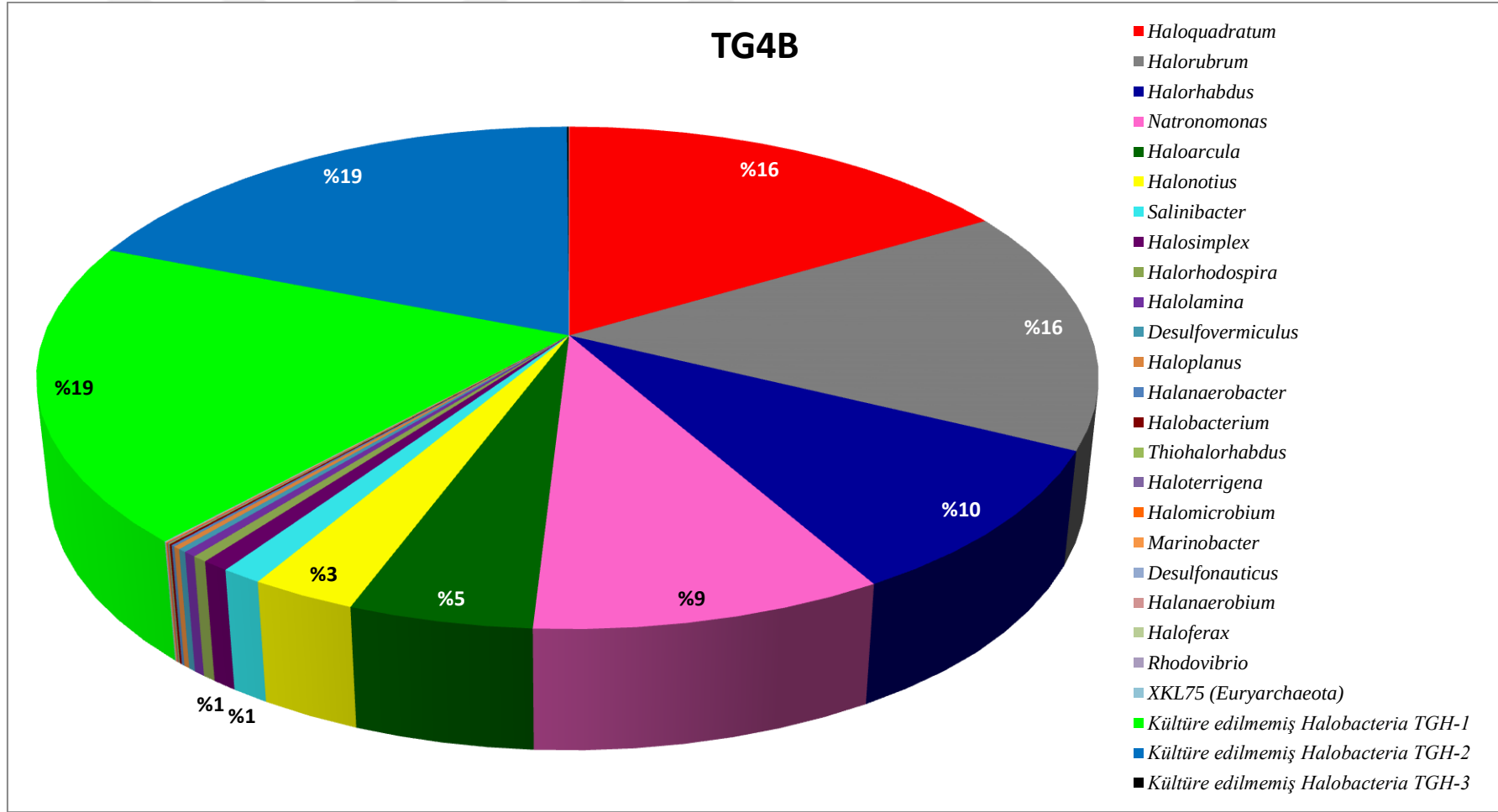


Şekil 3.23. TG4A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

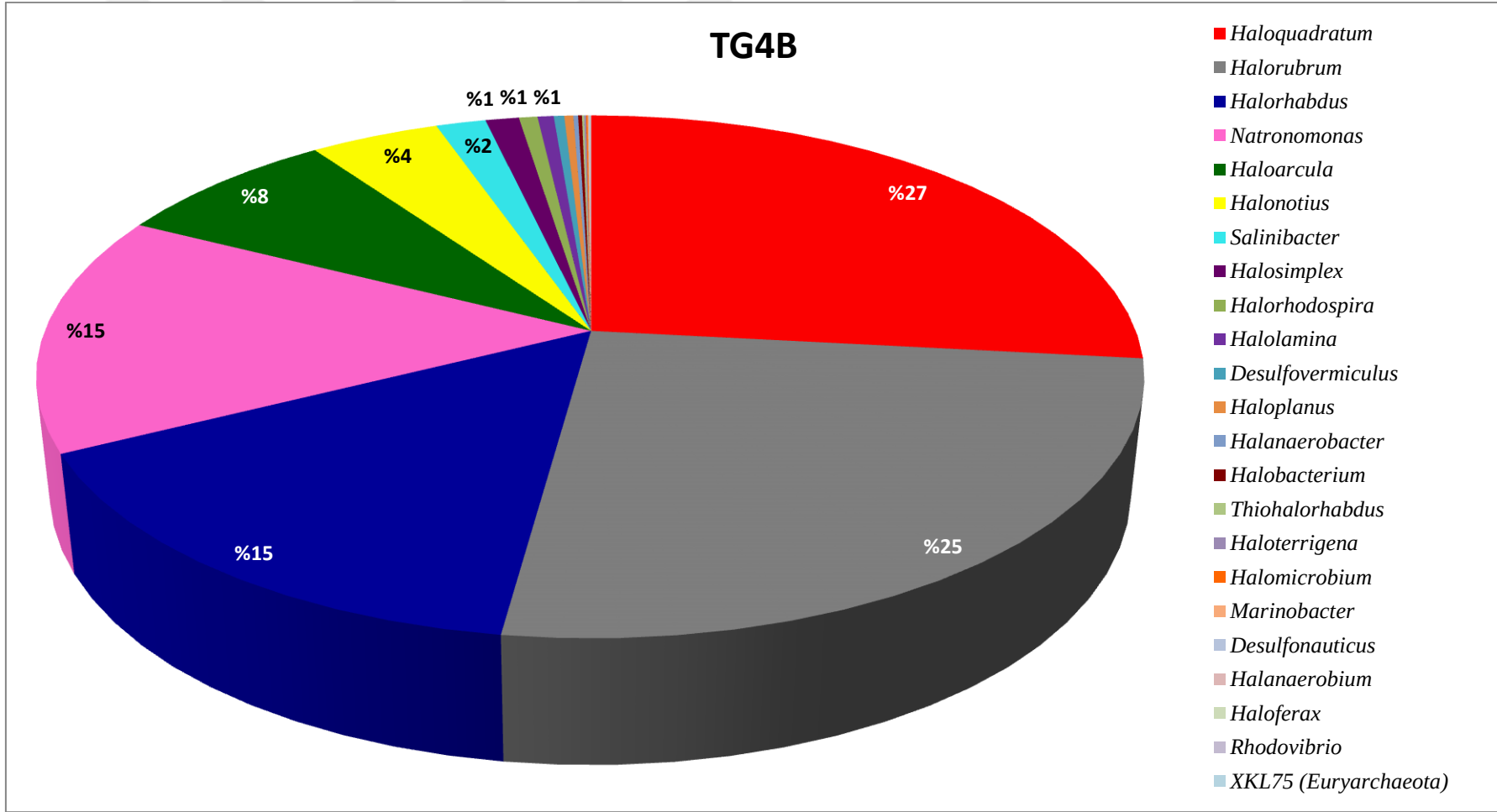
Tuz Gölü'nün TG4 örnekleme bölgesinden toplanan TG4B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %16.24'ünün *Haloquadratum*, %15.5'inin *Halorubrum*, %9.39'unun *Halorhabdus*, %9.02'sinin *Natronomonas*, %4.71'inin *Haloarcula*, %2.71'inin *Halonotius*, %1.05'inin *Salinibacter*, %0.7'sinin *Halosimplex*, %0.39'unun *Halorhodospira*, %0.34'ünün *Halolamina*, %0.22'sinin *Desulfovulvermiculus*, %0.19'unun *Haloplanus*, %0.1'inin *Halanaerobacter*, %0.08'inin *Halobacterium*, %0.045'inin *Thiohalorhabdus*, %0.04'ünün *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Marinobacter*, %0.01'inin *Desulfonauticus*, %0.01'inin *Halanaerobium*, %0.003'ünün *Haloferax* ve %0.003'ünün *Rhodovibrio* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.03 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %18.98 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %18.6 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.08 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.24).

TG4B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %26.70'inin *Haloquadratum*, %25.48'inin *Halorubrum*, %15.44'ünün *Halorhabdus*, %14.83'ünün *Natronomonas*, %7.74'ünün *Haloarcula*, %4.46'sının *Halonotius*, %1.73'ünün *Salinibacter*, %1.15'inin *Halosimplex*, %0.64'ünün *Halorhodospira*, %0.56'sının *Halolamina*, %0.36'sının *Desulfovulvermiculus*, %0.31'inin *Haloplanus*, %0.16'sının *Halanaerobacter*, %0.13'ünün *Halobacterium*, %0.07'sinin *Thiohalorhabdus*, %0.07'sinin *Haloterrigena*, %0.05'inin *Halomicrobium*, %0.03'ünün *Marinobacter*, %0.02'sinin *Desulfonauticus*, %0.02'sinin *Halanaerobium*, %0.005'inin *Haloferax* ve %0.005'inin *Rhodovibrio* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.05 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.25).

TG4B örneğinde *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Haloarcula*, *Halonotius* ve *Salinibacter* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halosimplex* cinsi de eklenmiştir.



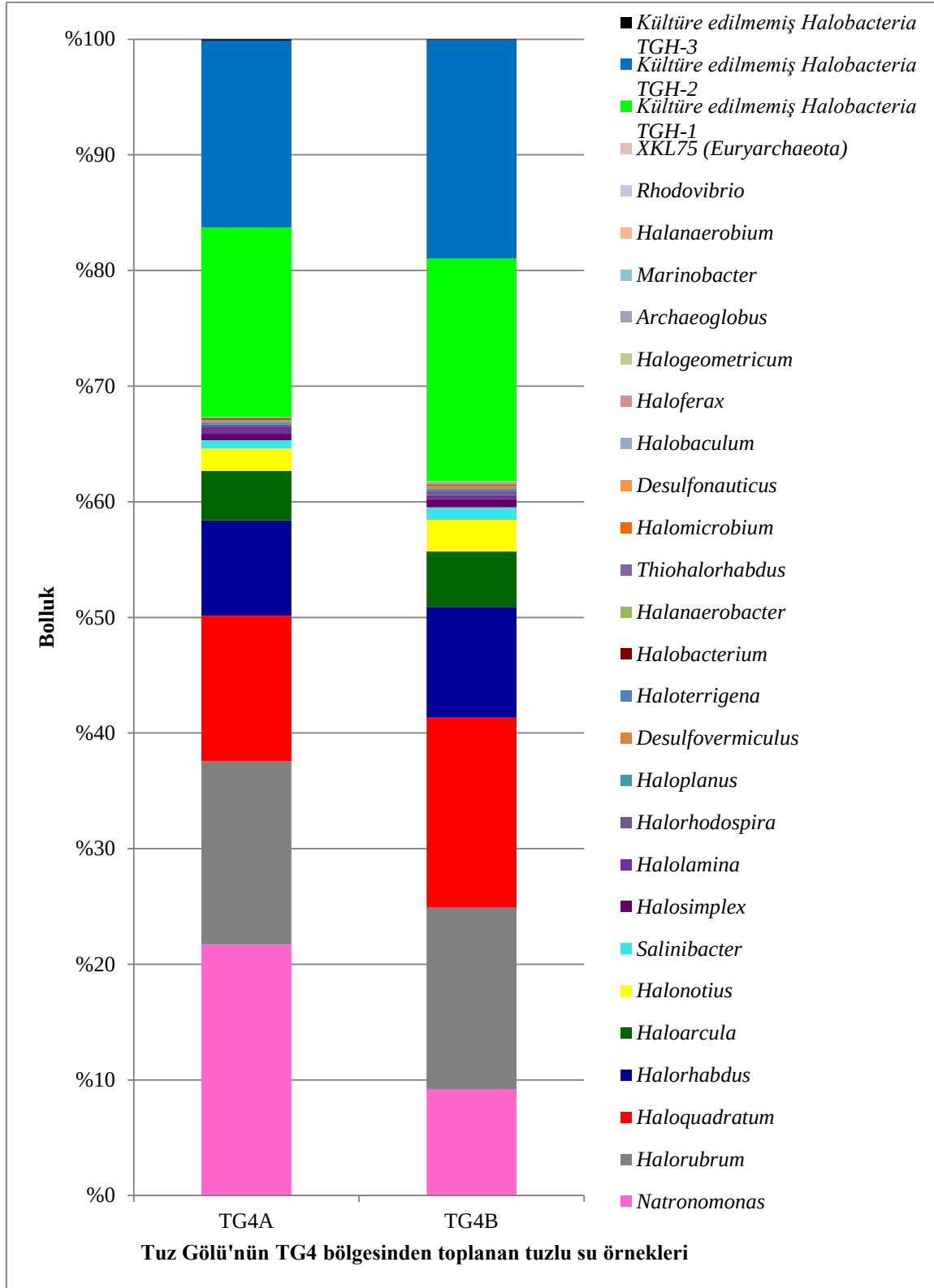
Şekil 3.24. TG4B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



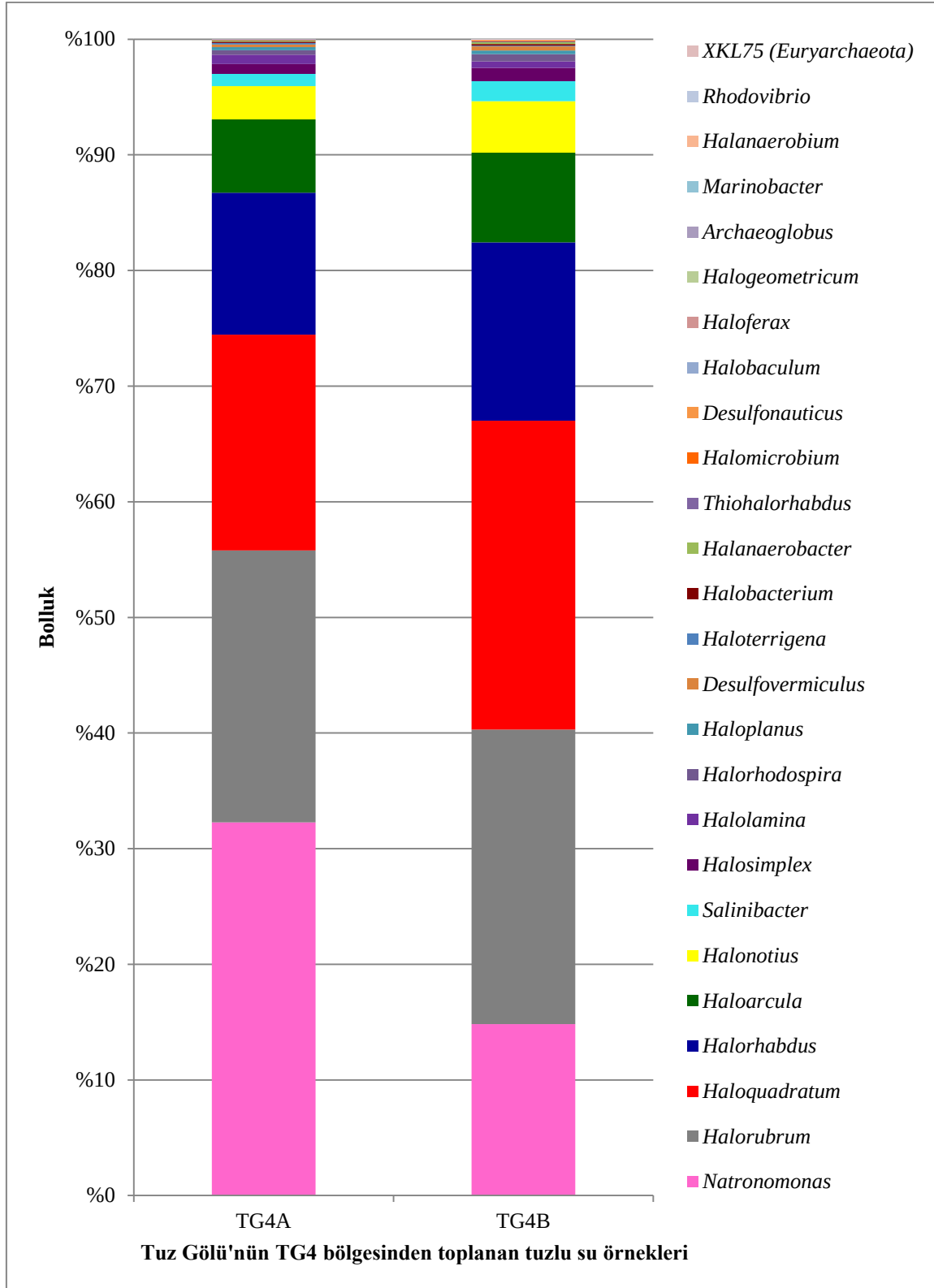
Şekil 3.25. TG4B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG4 bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Halosimplex*, *Halolamina*, *Halorhodospira*, *Haloplanus*, *Desulfuvermiculus*, *Haloterrigena*, *Halobacterium*, *Halanaerobacter*, *Thiohalorhabdus*, *Halomicrobium*, *Desulfonauticus*, *Haloferax* ve *Marinobacter* cinsleri ile XKL75 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Halobaculum*, *Halogeometricum* ve *Archaeoglobus* cinsleri bu iki örnekten sadece TG4A örneğinde bulunurken, *Halanaerobium* ve *Rhodovibrio* cinsleri sadece TG4B örneğinde bulunmuştur.

TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.26'da, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.27'de gösterilmektedir.



Şekil 3.26. Tuz Gölü'nün TG4 bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

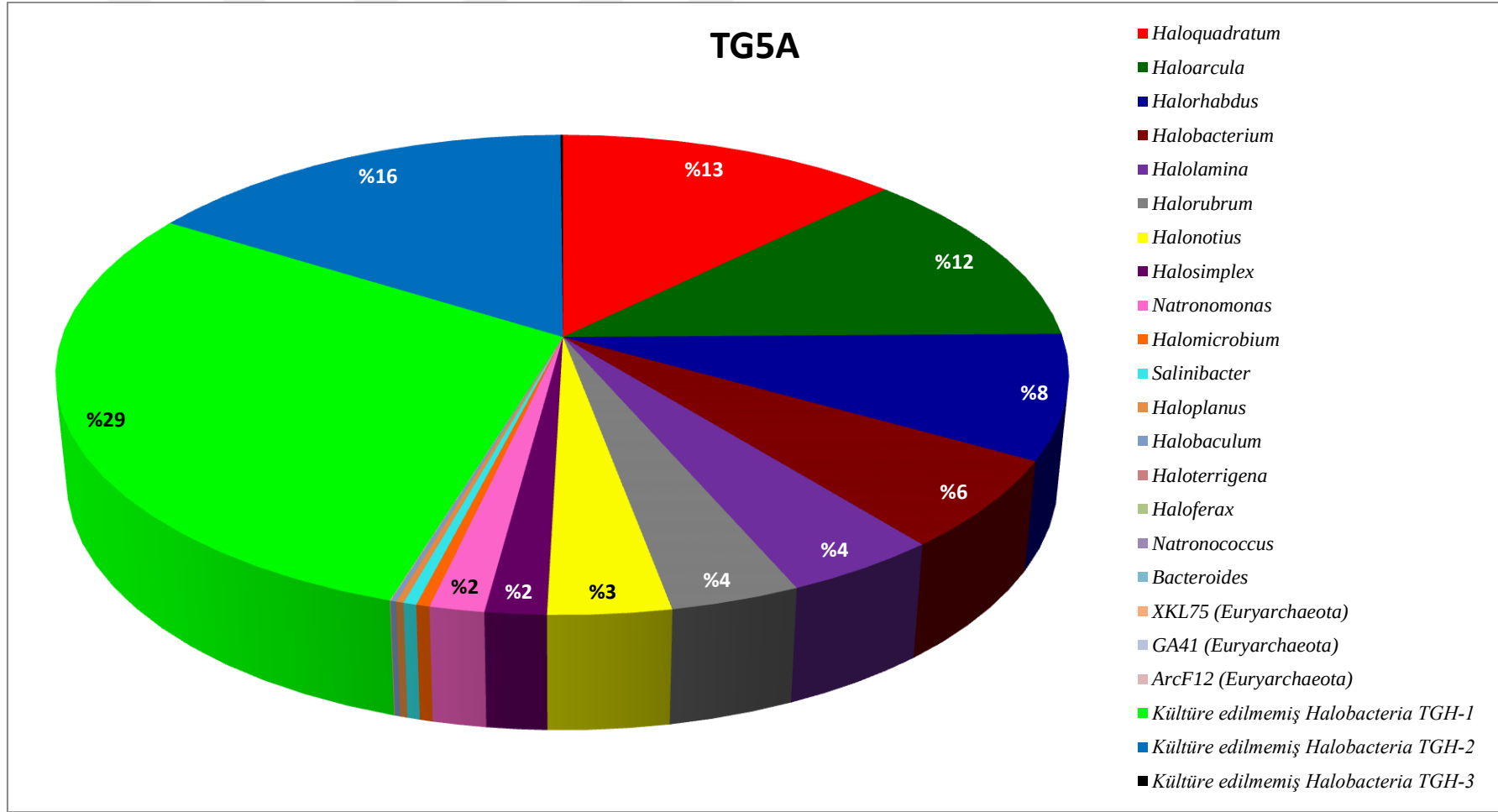


Şekil 3.27. Tuz Gölü'nün TG4 bölgesinden toplanan TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

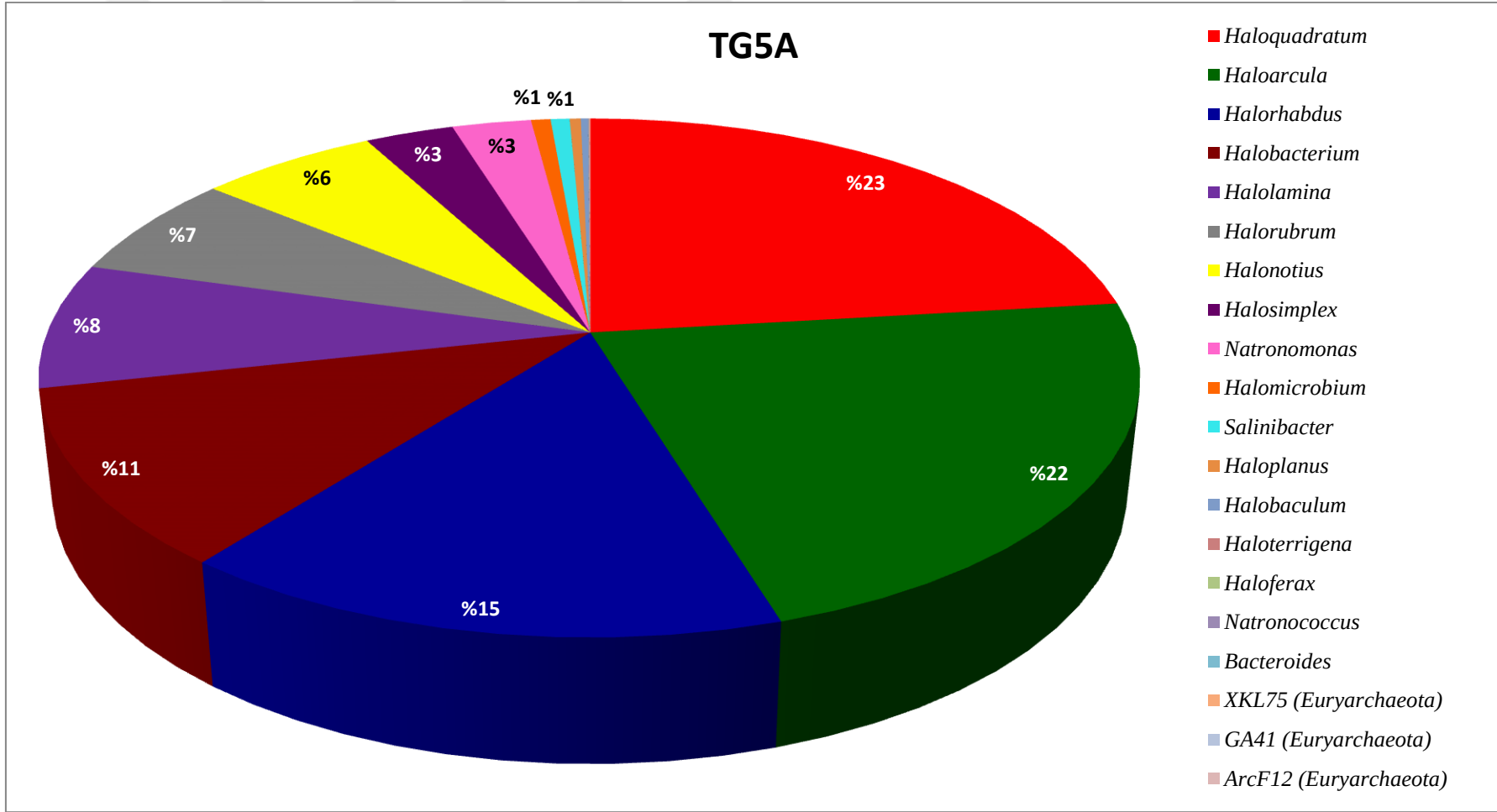
Tuz Gölü'nün TG5 örnekleme bölgesinden toplanan TG5A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %12.62'sinin *Haloquadratum*, %12.09'unun *Haloarcula*, %8.34'ünün *Halorhabdus*, %6.01'inin *Halobacterium*, %4.28'inin *Halolamina*, %3.57'sinin *Halorubrum*, %3.37'sinin *Halonotius*, %1.68'inin *Halosimplex*, %1.5'inin *Natronomonas*, %0.37'sinin *Halomicrobium*, %0.36'sının *Salinibacter*, %0.21'inin *Haloplanus*, %0.14'ünün *Halobaculum*, %0.008'inin *Haloterrigena*, %0.004'ünün *Haloferax*, %0.004'ünün *Natronococcus* ve %0.004'ünün *Bacteroides* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.01 oranında XKL75, %0.004 oranında GA41 ve %0.004 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait ArcF12 saptanmıştır. Numunede %29.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %16.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.09 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.28).

TG5A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %23.12'sinin *Haloquadratum*, %22.15'inin *Haloarcula*, %15.28'inin *Halorhabdus*, %11.01'inin *Halobacterium*, %7.84'ünün *Halolamina*, %6.54'ünün *Halorubrum*, %6.17'sinin *Halonotius*, %3.08'inin *Halosimplex*, %2.75'inin *Natronomonas*, %0.68'inin *Halomicrobium*, %0.66'sının *Salinibacter*, %0.38'inin *Haloplanus*, %0.26'sının *Halobaculum*, %0.015'inin *Haloterrigena*, %0.007'sinin *Haloferax*, %0.007'sinin *Natronococcus* ve %0.007'sinin *Bacteroides* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.018 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait olan XKL75, %0.007 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait olan GA41 ve %0.007 oranında *Euryarchaeota* şubesine ait olan ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.29).

TG5A örneğinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Halosimplex* ve *Natronomonas* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslerin de aynı olduğu görülmüştür.



Şekil 3.28. TG5A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kulture edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

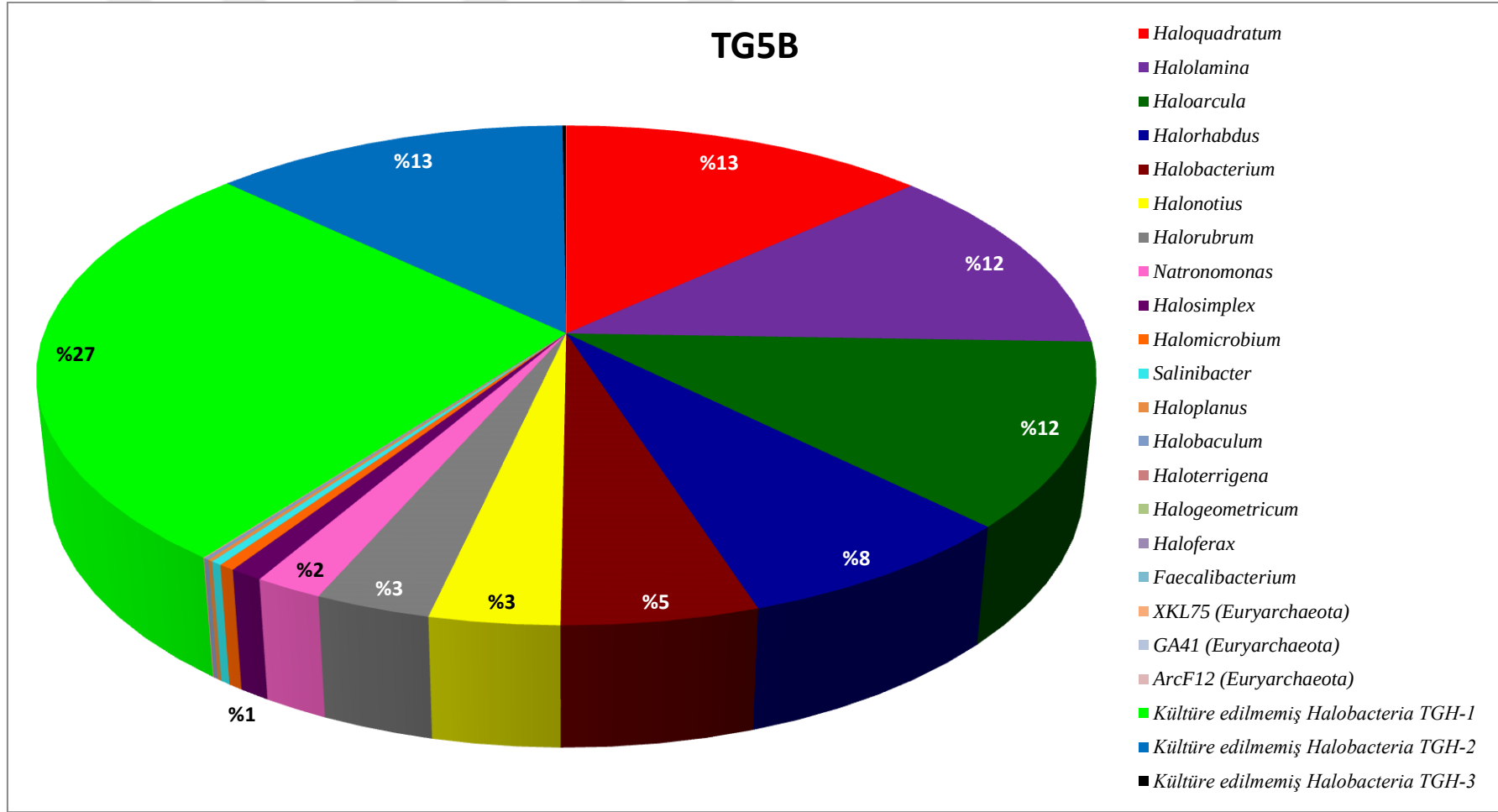


Şekil 3.29. TG5A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

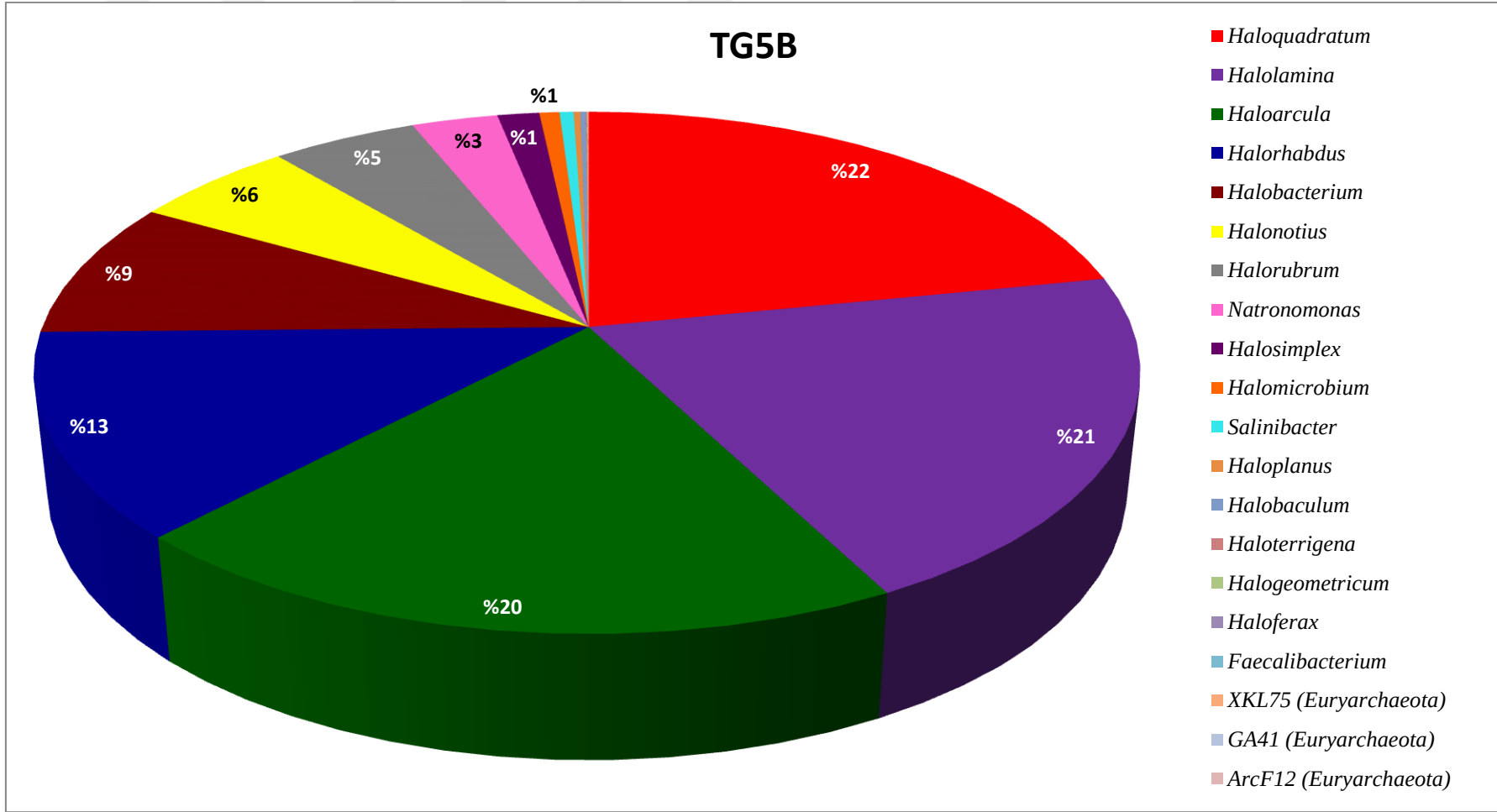
Tuz Gölü'nün TG5 örnekleme bölgesinden toplanan TG5B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %13.14'ünün *Haloquadratum*, %12.36'sının *Halolamina*, %11.85'inin *Haloarcula*, %7.60'ının *Halorhabdus*, %5.13'ünün *Halobacterium*, %3.39'unun *Halonotius*, %3.03'ünün *Halorubrum*, %1.79'unun *Natronomonas*, %0.87'sinin *Halosimplex*, %0.42'sinin *Halomicrobium*, %0.29'unun *Salinibacter*, %0.14'ünün *Haloplanus*, %0.11'inin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.006'sının *Halogeometricum*, %0.003'ünün *Haloferax* ve %0.003'ünün *Faecalibacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75, %0.006 oranında GA41 ve %0.003 oranında ArcF12 saptanmıştır. Numunede %26.81 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %12.75 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.13 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.30).

TG5B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %21.83'ünün *Haloquadratum*, %20.54'ünün *Halolamina*, %19.69'unun *Haloarcula*, %12.63'ünün *Halorhabdus*, %8.52'sinin *Halobacterium*, %5.63'ünün *Halonotius*, %5.03'ünün *Halorubrum*, %2.97'sinin *Natronomonas*, %1.45'inin *Halosimplex*, %0.7'sinin *Halomicrobium*, %0.48'inin *Salinibacter*, %0.23'ünün *Haloplanus*, %0.18'inin *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.01'inin *Halogeometricum*, %0.005'inin *Haloferax* ve %0.005'inin *Faecalibacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.03 oranında XKL75, %0.01 oranında GA41 ve %0.005 oranında ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.31).

TG5B örneğinde *Haloquadratum*, *Halolamina*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halobacterium*, *Halonotius*, *Halorubrum* ve *Natronomonas* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halosimplex* cinsi de eklenmiştir.



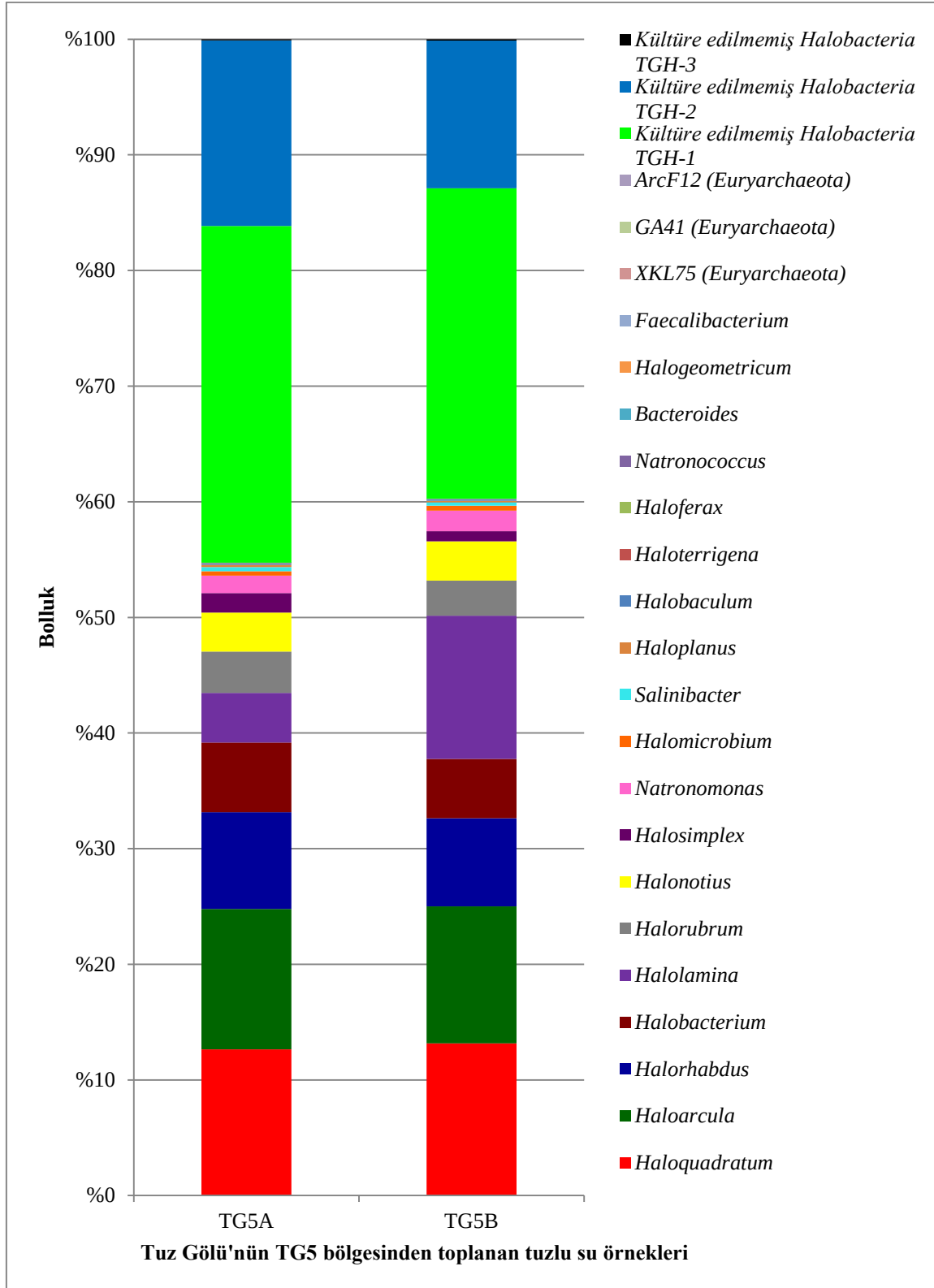
Şekil 3.30. TG5B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



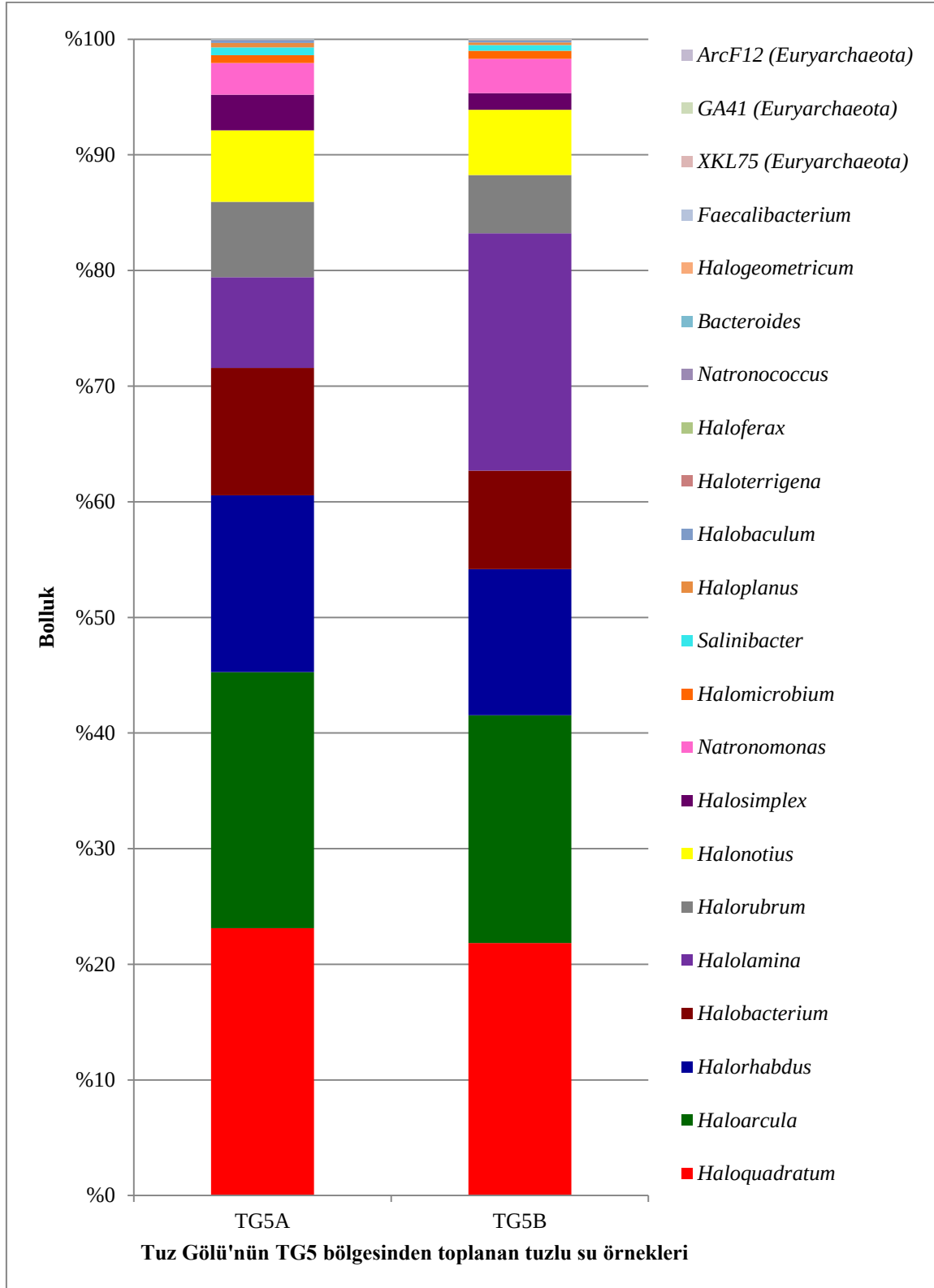
Şekil 3.31. TG5B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG5 bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Halosimplex*, *Natronomonas*, *Halomicrobium*, *Salinibacter*, *Haloplanus*, *Halobaculum*, *Haloterrigena* ve *Haloferax* cinsleri ile *Euryarchaeota* şubesine ait olan XKL75, GA41 ve ArcF12 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Natronococcus* ve *Bacteroides* cinsleri bu iki örnekten sadece TG5A örneğinde bulunurken, *Halogeometricum* ve *Faecalibacterium* cinsleri sadece TG5B örneğinde bulunmuştur.

TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.32'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.33'te gösterilmektedir.



Şekil 3.32. Tuz Gölü'nün TG5 bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacterium* TGH'lerin yüzde bollukları.

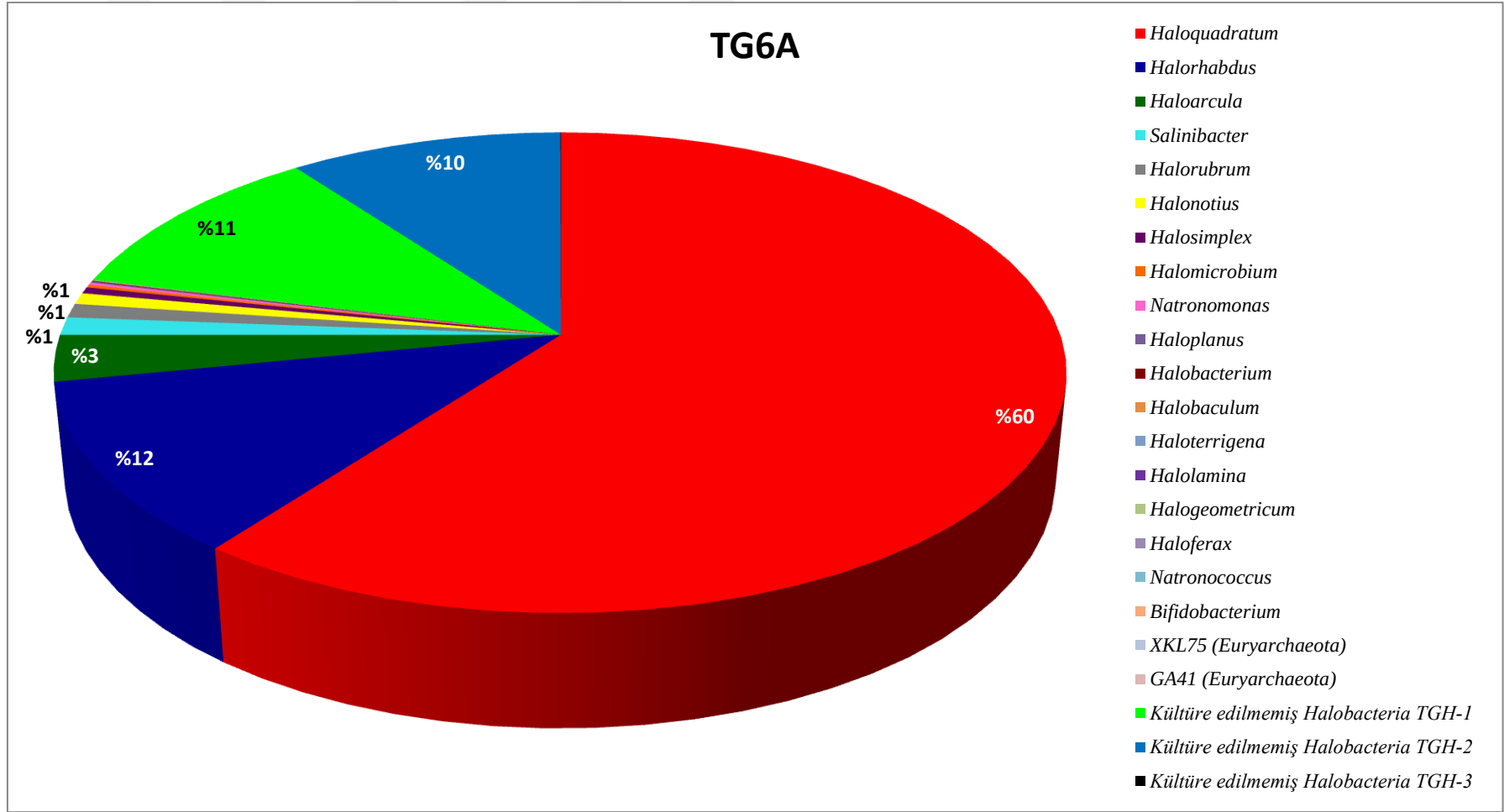


Şekil 3.33. Tuz Gölü'nün TG5 bölgesinden toplanan TG5A ve TG5B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

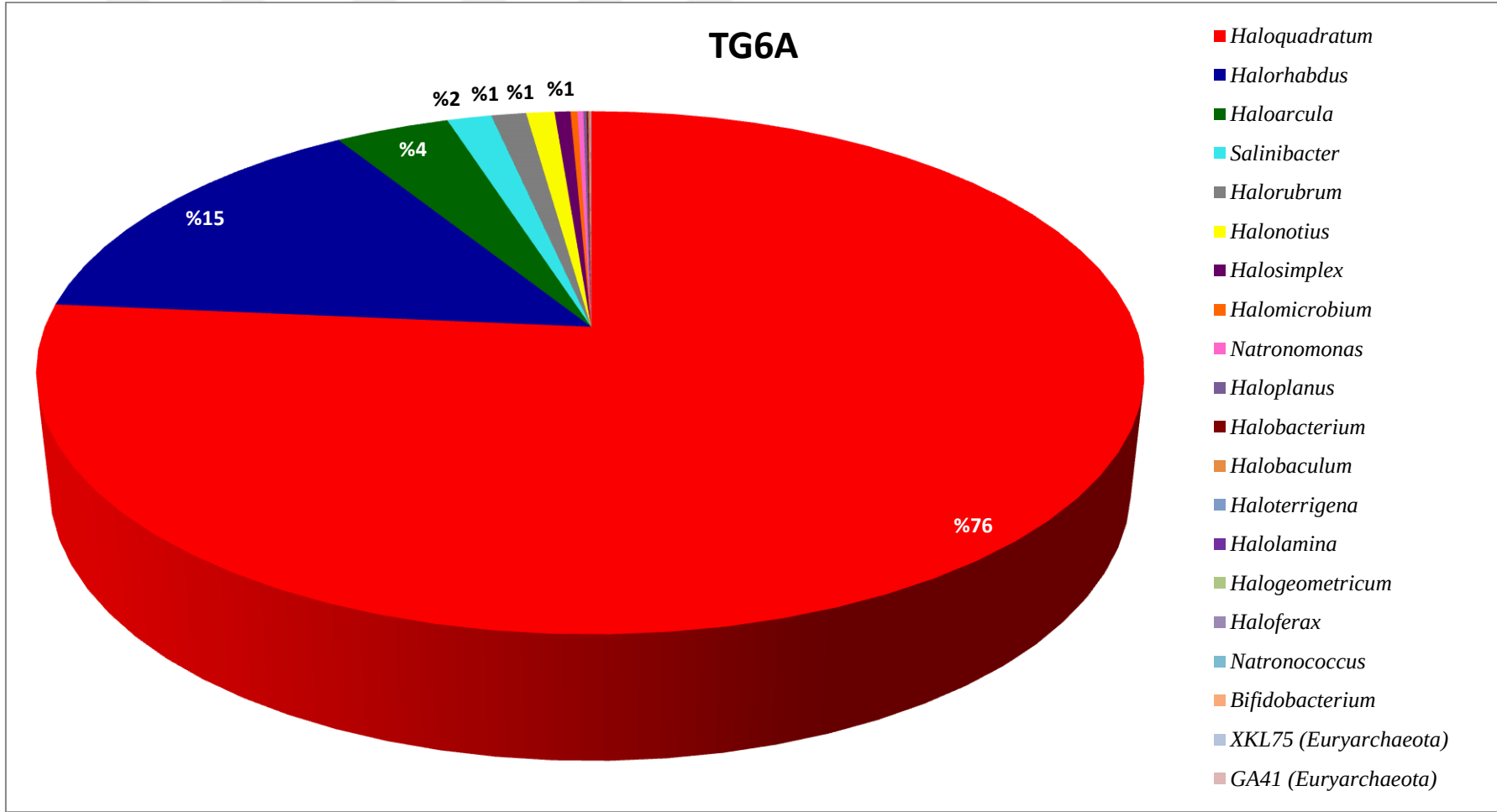
Tuz Gölü'nün TG6 örnekleme bölgesinden toplanan TG6A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %60.24'ünün *Haloquadratum*, %11.55'inin *Halorhabdus*, %3.11'inin *Haloarcula*, %1.21'inin *Salinibacter*, %0.95'inin *Halorubrum*, %0.77'sinin *Halonotius*, %0.43'ünün *Halosimplex*, %0.19'unun *Halomicrobium*, %0.16'sinin *Natronomonas*, %0.09'unun *Haloplanus*, %0.04'ünün *Halobacterium*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.004'ünün *Halolamina*, %0.004'ünün *Halogeometricum*, %0.004'ünün *Haloferax*, %0.004'ünün *Natronococcus* ve %0.002'sinin *Bifidobacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 ve %0.002 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %10.9 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %10.14 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.34).

TG6A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %76.43'ünün *Haloquadratum*, %14.65'inin *Halorhabdus*, %3.95'inin *Haloarcula*, %1.54'ünün *Salinibacter*, %1.21'inin *Halorubrum*, %0.98'inin *Halonotius*, %0.55'inin *Halosimplex*, %0.24'ünün *Halomicrobium*, %0.2'sinin *Natronomonas*, %0.11'inin *Haloplanus*, %0.05'inin *Halobacterium*, %0.04'ünün *Halobaculum*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.005'inin *Halolamina*, %0.005'inin *Halogeometricum*, %0.005'inin *Haloferax*, %0.005'inin *Natronococcus* ve %0.003'ünün *Bifidobacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.025 oranında XKL75 ve %0.003 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.35).

TG6A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula* ve *Salinibacter* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halorubrum* cinsi de eklenmiştir. *Halonotius* cinsinin de yaklaşık %1 bolluğa sahip olduğu belirlenmiştir.



Şekil 3.34. TG6A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

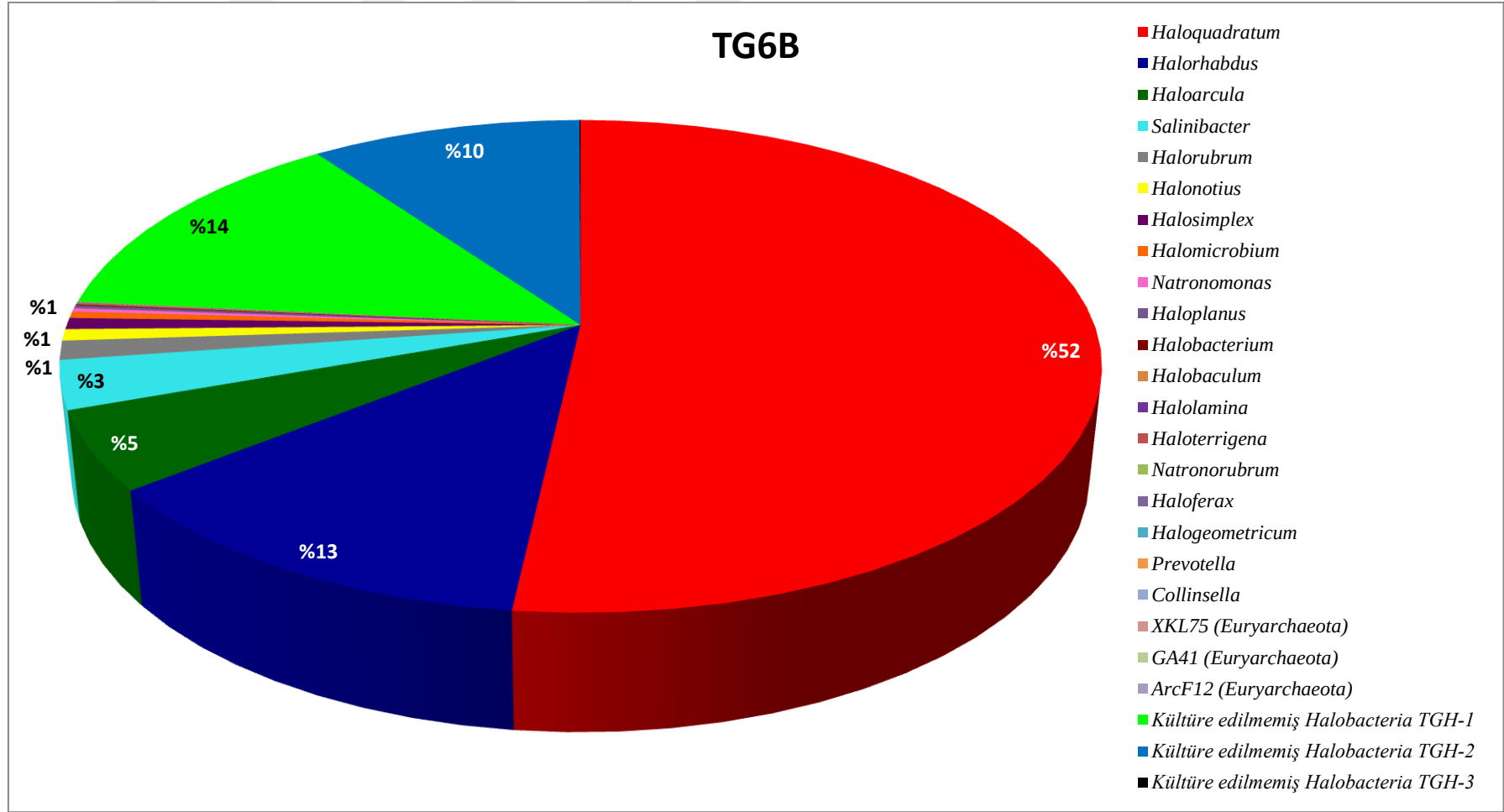


Şekil 3.35. TG6A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

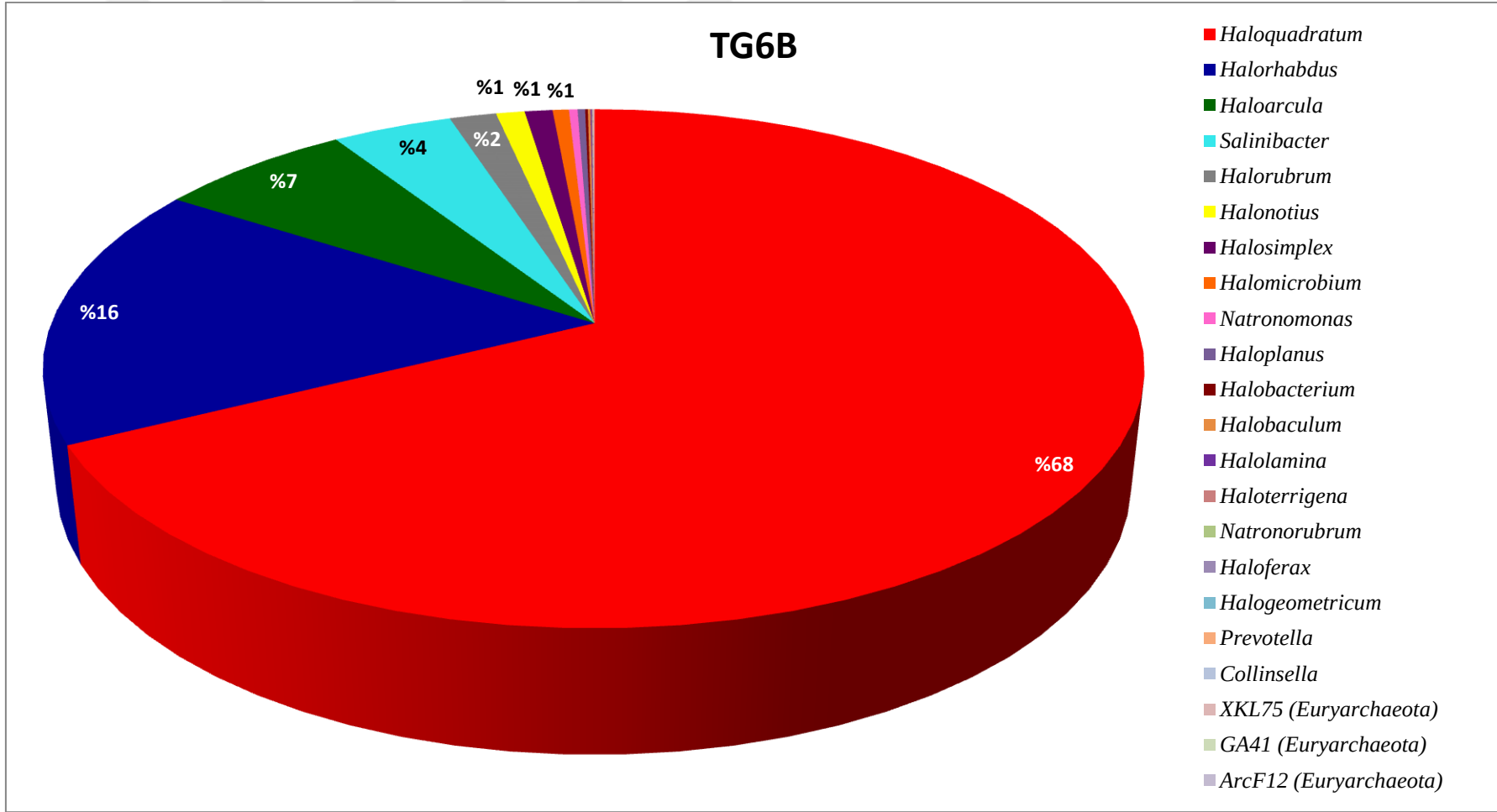
Tuz Gölü'nün TG6 örnekleme bölgesinden toplanan TG6B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %51.67'sinin *Haloquadratum*, %12.55'inin *Halorhabdus*, %5.17'sinin *Haloarcula*, %3.18'inin *Salinibacter*, %1.24'ünün *Halorubrum*, %0.76'sinin *Halonotius*, %0.74'ünün *Halosimplex*, %0.43'ünün *Halomicrobium*, %0.23'ünün *Natronomonas*, %0.2'sinin *Haloplanus*, %0.07'sinin *Halobacterium*, %0.07'sinin *Halobaculum*, %0.03'ünün *Halolamina*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.008'inin *Natronorubrum*, %0.006'sinin *Haloferax*, %0.002'sinin *Halogeometricum*, %0.002'sinin *Prevotella* ve %0.002'sinin *Collinsella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.04 oranında XKL75, %0.006 oranında GA41 ve %0.002 oranında ArcF12 saptanmıştır. Numunede %13.49 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %9.85 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.04 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.36).

TG6B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %67.61'inin *Haloquadratum*, %16.42'sinin *Halorhabdus*, %6.77'sinin *Haloarcula*, %4.16'sinin *Salinibacter*, %1.62'sinin *Halorubrum*, %0.99'unun *Halonotius*, %0.97'sinin *Halosimplex*, %0.56'sinin *Halomicrobium*, %0.3'ünün *Natronomonas*, %0.26'sinin *Haloplanus*, %0.09'unun *Halobacterium*, %0.09'unun *Halobaculum*, %0.04'ünün *Halolamina*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.01'inin *Natronorubrum*, %0.008'inin *Haloferax*, %0.003'ünün *Halogeometricum*, %0.003'ünün *Prevotella* ve %0.003'ünün *Collinsella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.05 oranında XKL75, %0.008 oranında GA41 ve %0.003 oranında ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.37).

TG6B örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Salinibacter* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Yaklaşık %1 bolluğa sahip olan cinslerin *Halonotius* ve *Halosimplex* olduğu belirlenmiştir.



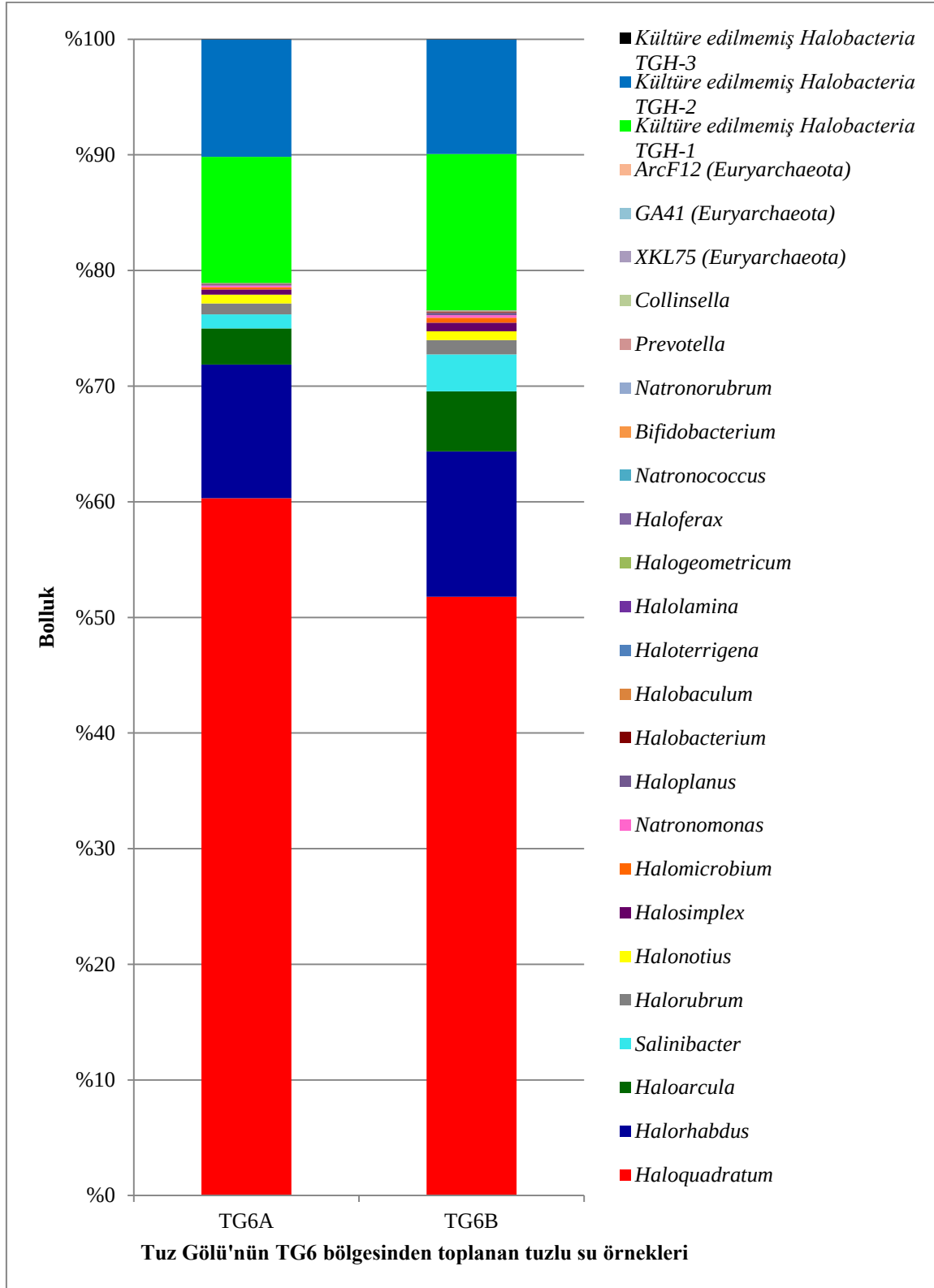
Şekil 3.36. TG6B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



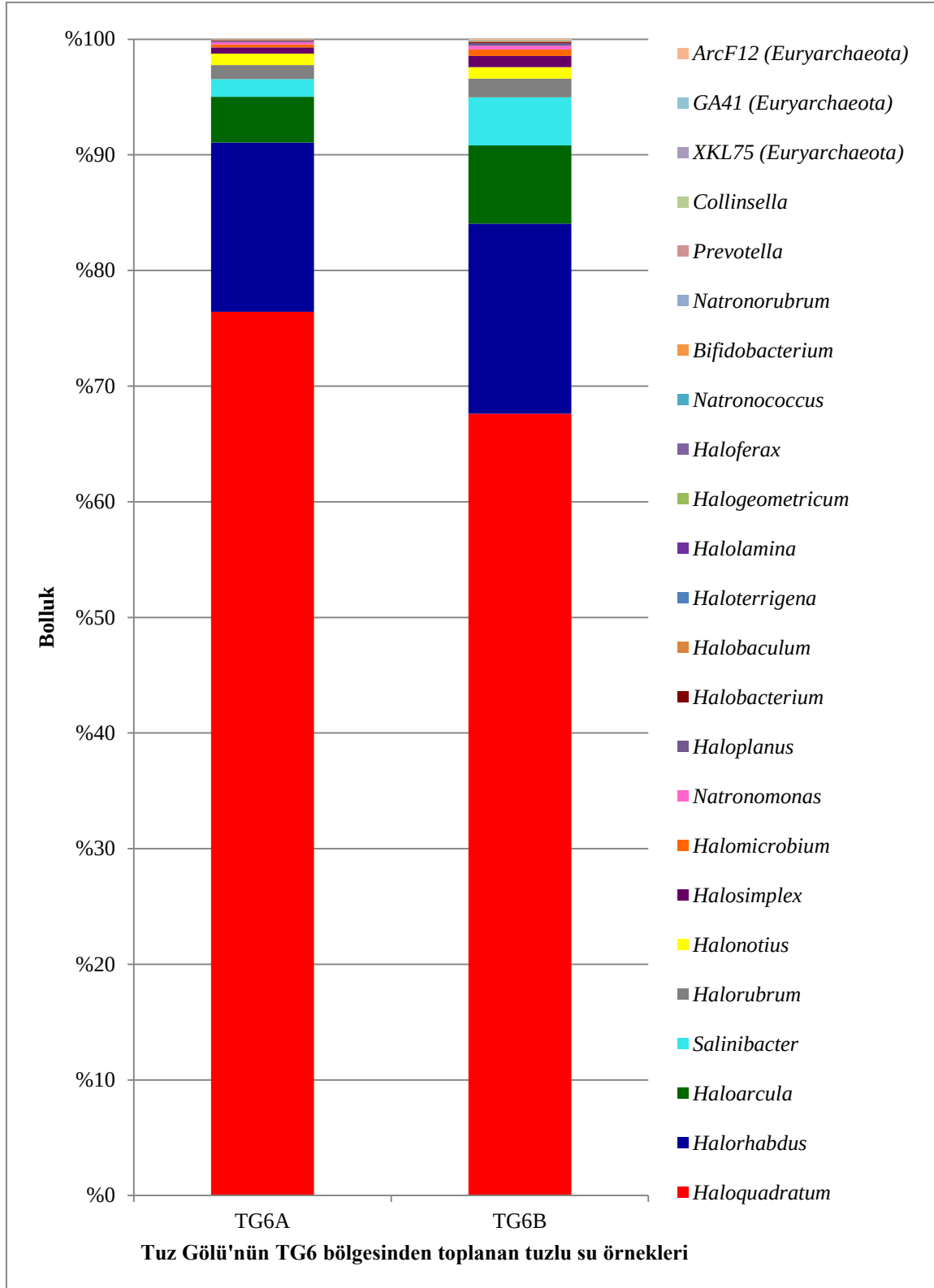
Şekil 3.37. TG6B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG6 bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Salinibacter*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Natronomonas*, *Haloplanus*, *Halobacterium*, *Halobaculum*, *Haloterrigena*, *Halolamina*, *Halogeometricum* ve *Haloferax* cinsleri ile XKL75 ve GA41 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Natronococcus* ve *Bifidobacterium* cinsleri bu iki örnekten sadece TG6A örneğinde bulunurken, *Natronorubrum*, *Prevotella* ve *Collinsella* cinsleri ile ArcF12 sadece TG6B örneğinde bulunmuştur.

TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.38'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.39'da gösterilmektedir.



Şekil 3.38. Tuz Gölü'nün TG6 bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacterium* TGH'lerin yüzde bollukları.

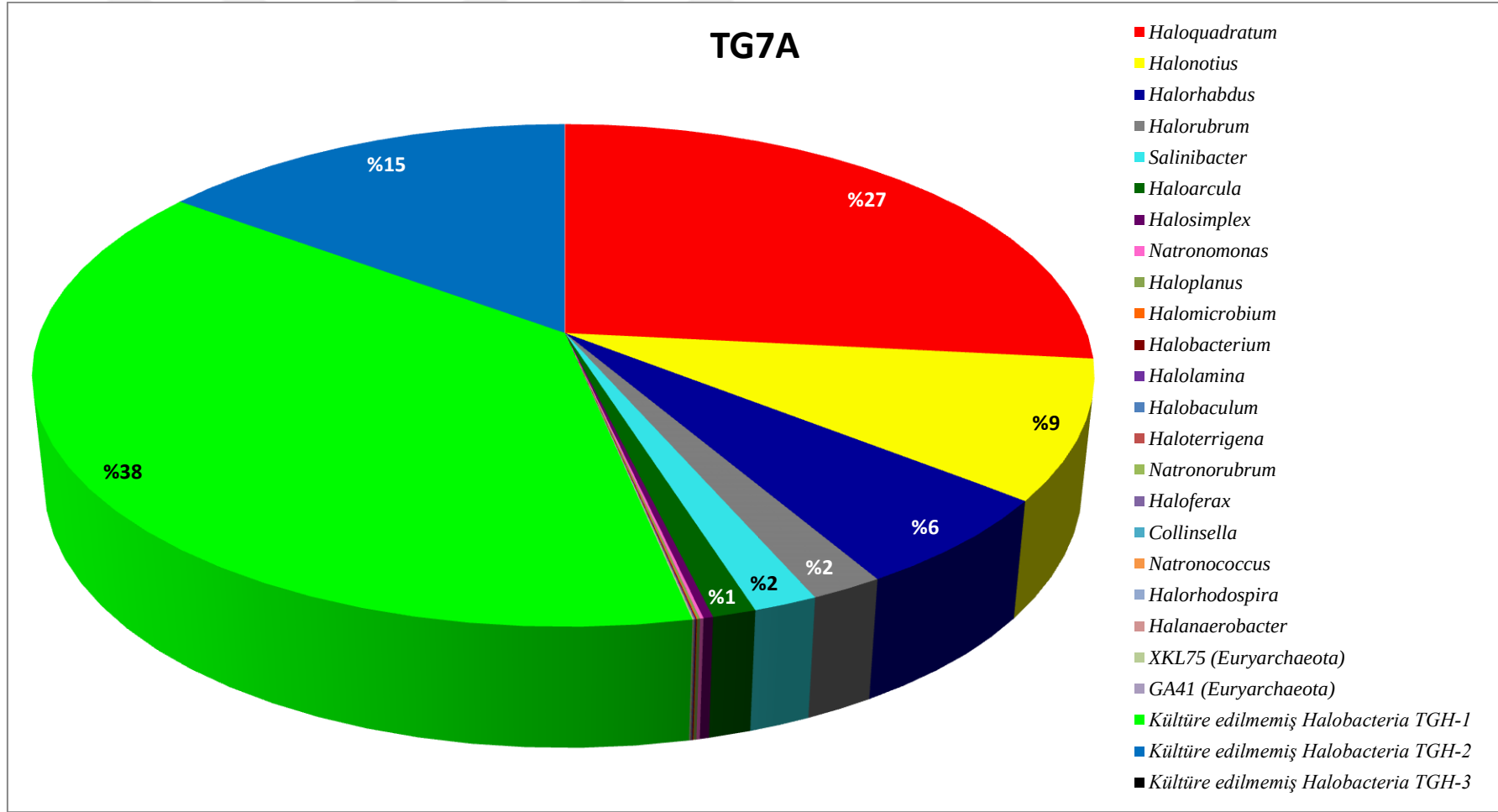


Şekil 3.39. Tuz Gölü'nün TG6 bölgesinden toplanan TG6A ve TG6B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

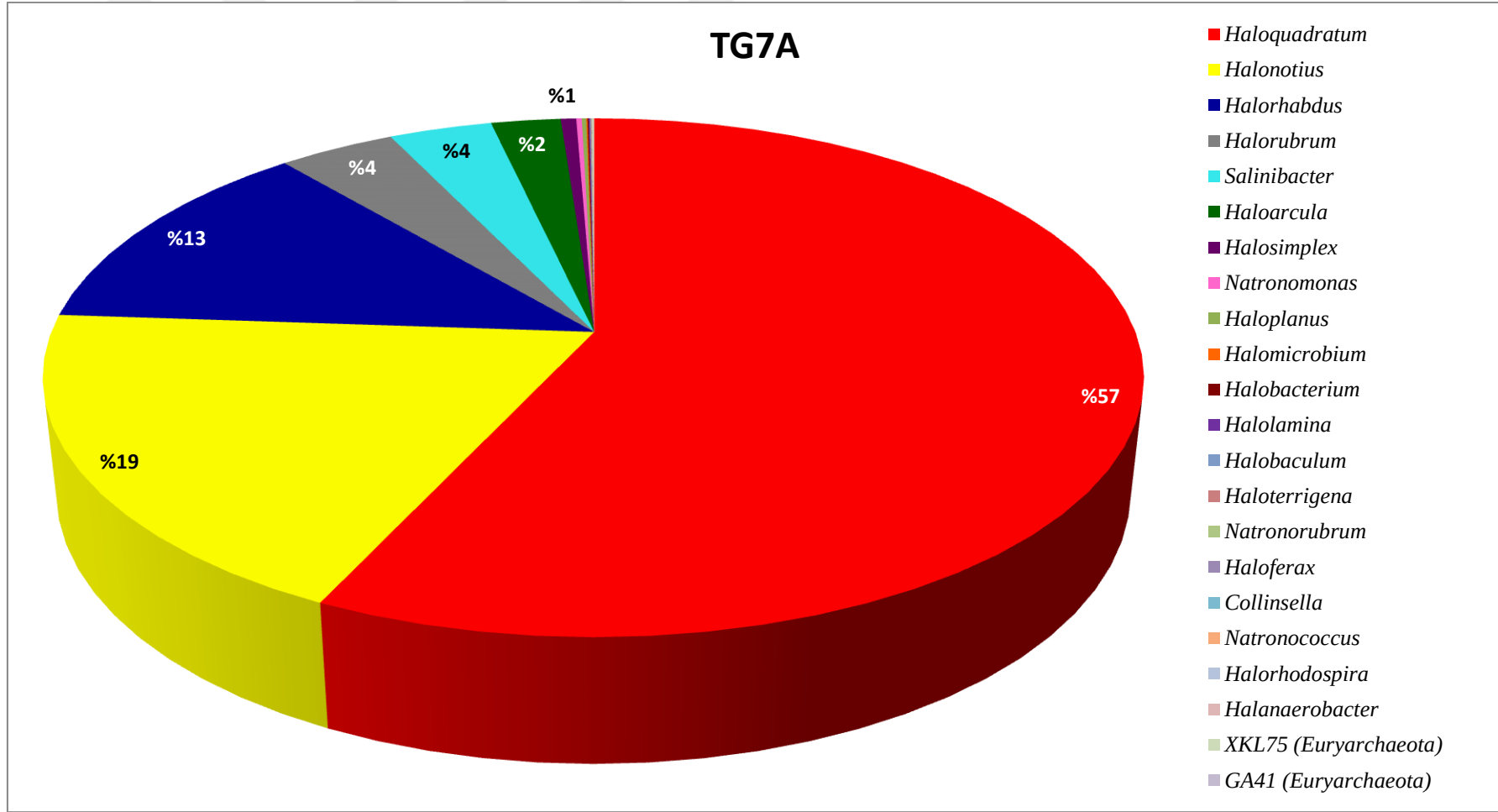
Tuz Gölü'nün TG7 örnekleme bölgesinden toplanan TG7A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %26.57'sinin *Haloquadratum*, %8.92'sinin *Halonotius*, %5.92'sinin *Halorhabdus*, %1.89'unun *Halorubrum*, %1.67'sinin *Salinibacter*, %1.13'ünün *Haloarcula*, %0.25'inin *Halosimplex*, %0.09'unun *Natronomonas*, %0.07'sinin *Haloplanus*, %0.02'sinin *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Halobacterium*, %0.02'sinin *Halolamina*, %0.01'inin *Halobaculum*, %0.008'inin *Haloterrigena*, %0.003'ünün *Natronorubrum*, %0.003'ünün *Haloferax*, %0.003'ünün *Collinsella*, %0.003'ünün *Natronococcus*, %0.003'ünün *Halorhodospira* ve %0.003'ünün *Halanaerobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.03 oranında XKL75 ve %0.003 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %38.23 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %14.87 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.01 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.40).

TG7A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %56.97'sinin *Haloquadratum*, %19.13'ünün *Halonotius*, %12.69'unun *Halorhabdus*, %4.05'inin *Halorubrum*, %3.58'inin *Salinibacter*, %2.42'sinin *Haloarcula*, %0.54'ünün *Halosimplex*, %0.19'unun *Natronomonas*, %0.15'inin *Haloplanus*, %0.04'ünün *Halomicrobium*, %0.04'ünün *Halobacterium*, %0.04'ünün *Halolamina*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.006'sinin *Natronorubrum*, %0.006'sinin *Haloferax*, %0.006'sinin *Collinsella*, %0.006'sinin *Natronococcus*, %0.006'sinin *Halorhodospira* ve %0.006'sinin *Halanaerobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.06 oranında XKL75 ve %0.006 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.41).

TG7A örneğinde *Haloquadratum*, *Halonotius*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Salinibacter* ve *Haloarcula* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.40. TG7A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

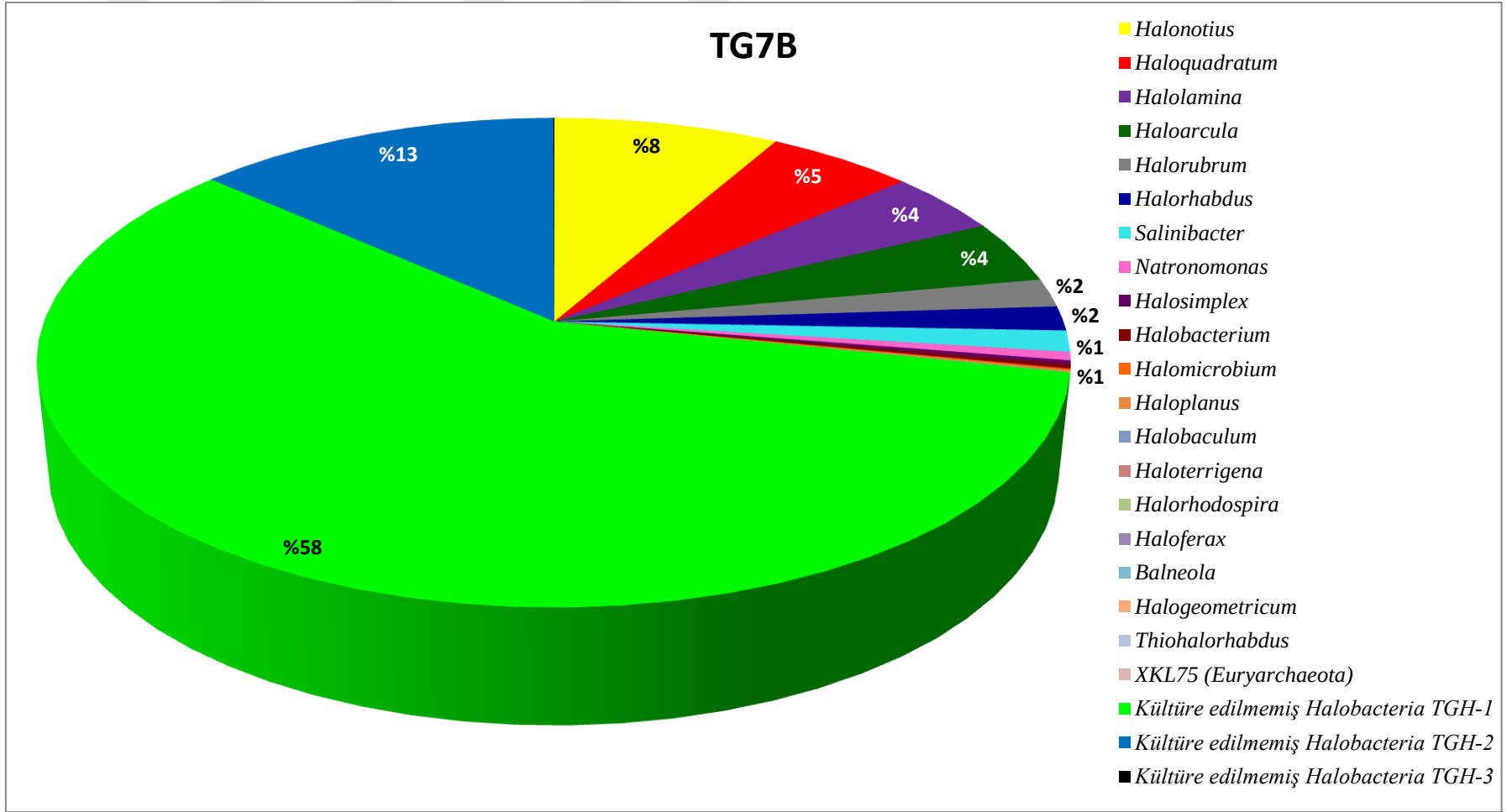


Şekil 3.41. TG7A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

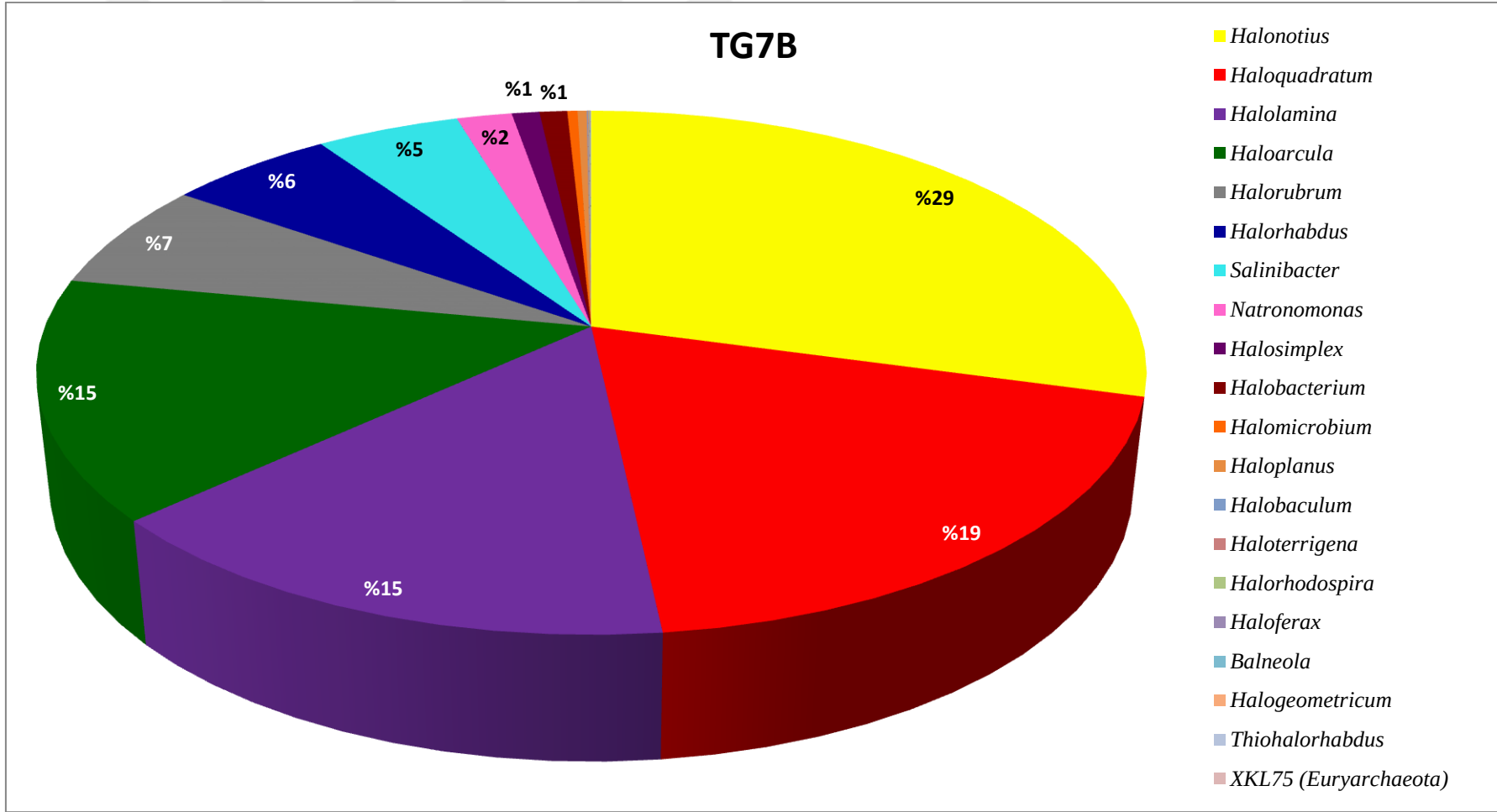
Tuz Gölü'nün TG7 örnekleme bölgesinden toplanan TG7B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %8.27'sinin *Halonotius*, %5.38'inin *Haloquadratum*, %4.22'sinin *Halolamina*, %4.18'inin *Haloarcula*, %1.89'unun *Halorubrum*, %1.62'sinin *Halorhabdus*, %1.4'ünün *Salinibacter*, %0.54'ünün *Natronomonas*, %0.27'sinin *Halosimplex*, %0.27'sinin *Halobacterium*, %0.1'inin *Halomicrobium*, %0.09'unun *Haloplanus*, %0.009'unun *Halobaculum*, %0.009'unun *Haloterrigena*, %0.009'unun *Halorhodospira*, %0.007'sinin *Haloferax*, %0.004'ünün *Balneola*, %0.002'sinin *Halogeometricum* ve %0.002'sinin *Thiohalorhabdus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.002 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %58.15 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %13.39 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.04 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.11, Şekil 3.42).

TG7B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %29.25'inin *Halonotius*, %19.03'ünün *Haloquadratum*, %14.93'ünün *Halolamina*, %14.79'unun *Haloarcula*, %6.69'unun *Halorubrum*, %5.73'ünün *Halorhabdus*, %4.95'inin *Salinibacter*, %1.91'inin *Natronomonas*, %0.96'sinin *Halosimplex*, %0.96'sinin *Halobacterium*, %0.35'inin *Halomicrobium*, %0.32'sinin *Haloplanus*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Halorhodospira*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.01'inin *Balneola*, %0.007'sinin *Halogeometricum* ve %0.007'sinin *Thiohalorhabdus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.007 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.12, Şekil 3.43).

TG7B örneğinde *Halonotius*, *Haloquadratum*, *Halolamina*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halorhabdus* ve *Salinibacter* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Natronomonas* cinsi eklenmiştir. Bu örnekte, yaklaşık %1 bolluğa sahip olan cinslerin ise *Halosimplex* ve *Halobacterium* olduğu saptanmıştır.



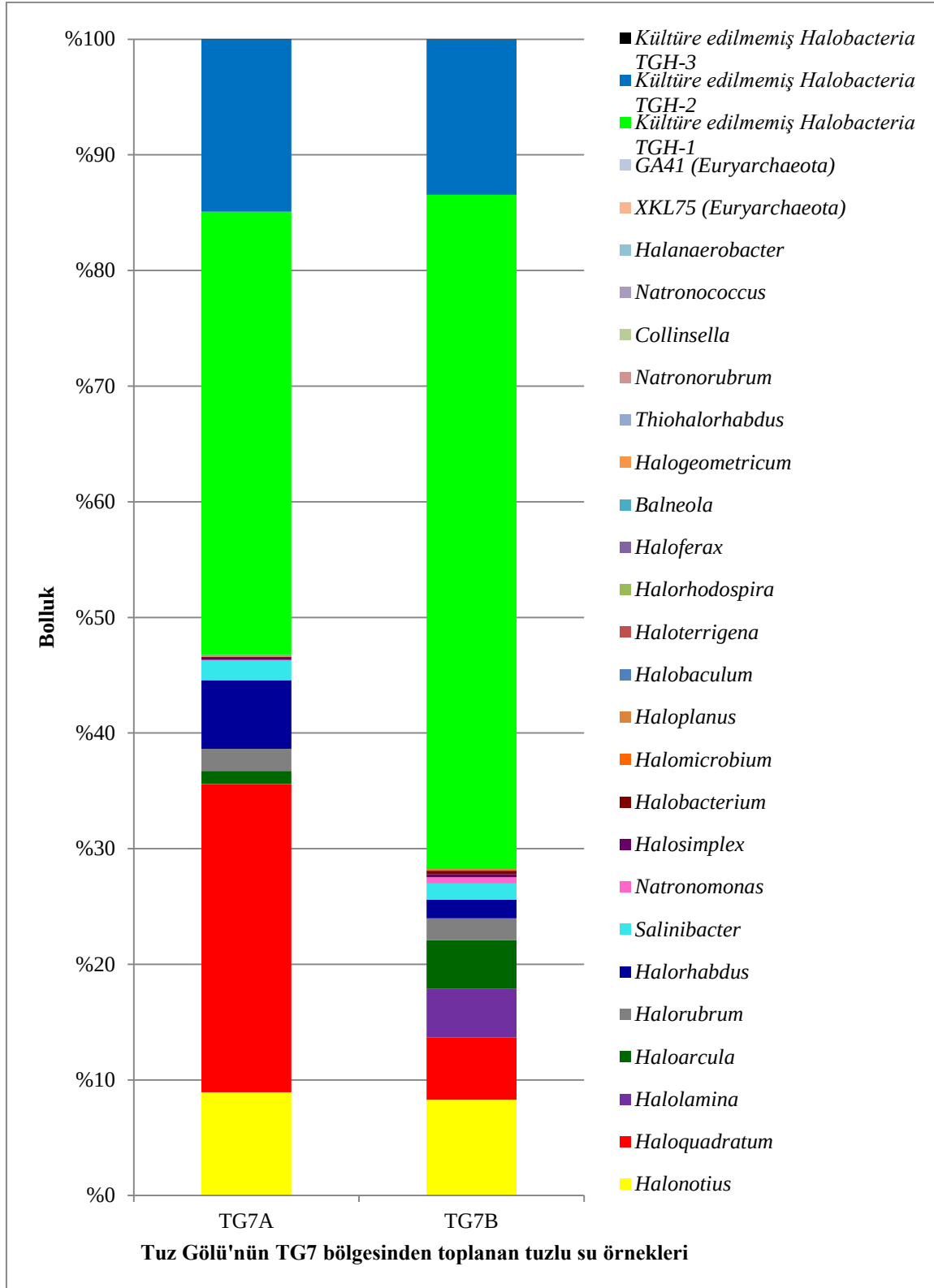
Şekil 3.42. TG7B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



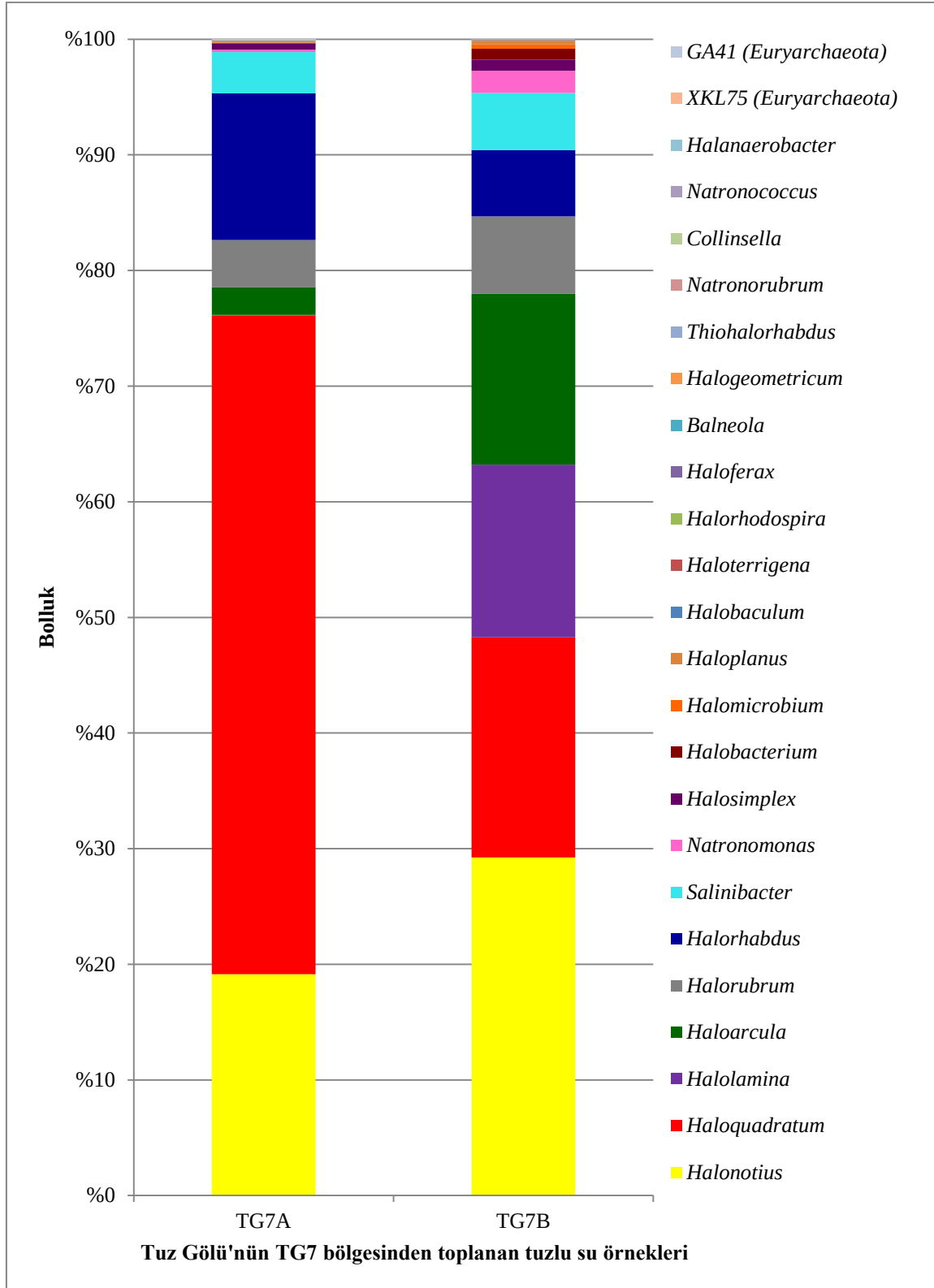
Şekil 3.43. TG7B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tuz Gölü'nün TG7 bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Halonotius*, *Haloquadratum*, *Halolamina*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halorhabdus*, *Salinibacter*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Halobacterium*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halobaculum*, *Haloterrigena*, *Halorhodospira* ve *Haloferax* cinsleri ile XKL75 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Natronorubrum*, *Collinsella*, *Natronococcus*, *Halanaerobacter* cinsleri ile GA41 bu iki örnekten sadece TG7A örneğinde bulunurken, *Balneola*, *Halogeometricum* ve *Thiohalorhabdus* cinsleri sadece TG7B örneğinde bulunmuştur.

TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.44'te, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.45'te gösterilmektedir.



Şekil 3.44. Tuz Gölü'nün TG7 bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



Şekil 3.45. Tuz Gölü'nün TG7 bölgesinden toplanan TG7A ve TG7B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tablo 3.11. Tuz Gölü'nden toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

TG1A	%	TG1B	%	TG2A	%	TG2B	%
<u><i>Haloarcula</i>*</u>	51.1600	<u><i>Haloarcula</i></u>	48.5100	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	26.8400	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	24.1500
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH*-1</u>	15.4400	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	20.3900	<u><i>Haloquadratum</i></u>	25.8600	<u><i>Haloquadratum</i></u>	20.2400
<u><i>Haloquadratum</i></u>	15.1300	<u><i>Haloquadratum</i></u>	13.0000	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	14.1300	<u><i>Haloarcula</i></u>	19.2500
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	9.1800	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	9.4800	<u><i>Halorhabdus</i></u>	9.3400	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	12.5700
<u><i>Halorubrum</i></u>	2.7200	<u><i>Halonotius</i></u>	2.2100	<u><i>Haloarcula</i></u>	9.2500	<u><i>Halorhabdus</i></u>	7.5600
<u><i>Halobacterium</i></u>	2.2400	<u><i>Halorubrum</i></u>	2.0500	<u><i>Halonotius</i></u>	4.2400	<u><i>Salinibacter</i></u>	4.5500
<u><i>Halorhabdus</i></u>	2.0400	<u><i>Halobacterium</i></u>	1.9600	<u><i>Salinibacter</i></u>	3.8600	<u><i>Halonotius</i></u>	3.3600
<u><i>Halonotius</i></u>	1.3100	<u><i>Halorhabdus</i></u>	1.5100	<u><i>Natronomonas</i></u>	2.3100	<u><i>Natronomonas</i></u>	2.5500
<u><i>Salinibacter</i></u>	0.3000	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.5100	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.5400	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.7700
<u><i>Natronomonas</i></u>	0.1300	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.0700	<u><i>Halolamina</i></u>	0.9000	<u><i>Halolamina</i></u>	1.4200
<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.1100	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.0700	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.6900	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.7800
<u><i>Haloplanus</i></u>	0.0300	<u><i>Archaeoglobus</i></u>	0.0130	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.3000	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.6000
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.0200	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.0100	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.1600	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.4200
<u><i>Halosimplex</i></u>	0.0200	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.0100	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.1300	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.2100
<u><i>Halolamina</i></u>	0.0100	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.0100	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.1200	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.2000
<u>XXL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0030	<u>XXL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0050	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0200	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0300
<u><i>Prevotella</i></u>	0.0030	<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0050	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0200	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0300
<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0030	<u><i>Halanaerobacter</i></u>	0.0050	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0120	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0160
				<u>XXL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0080	<u><i>Natronorubrum</i></u>	0.0100
				<u><i>Halogeometricum</i></u>	0.0080	<u><i>Halogeometricum</i></u>	0.0060
				<u><i>Natronorubrum</i></u>	0.0080	<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0040
				<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0050	<u><i>Natronococcus</i></u>	0.0020
				<u><i>Halanaerobacter</i></u>	0.0050	<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0020
				<u><i>Natronococcus</i></u>	0.0020		

* %1'in üzerinde bolluğa sahip cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin altı çizilmiştir.

Tablo 3.11. Devamı.

TG3A	%	TG3B	%	TG4A	%	TG4B	%
<u>Haloquadratum</u>	37.6300	<u>Haloquadratum</u>	25.7700	<u>Natronomonas</u>	21.4500	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-1</u>	18.9800
<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-2</u>	23.2400	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-1</u>	24.1000	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-1</u>	16.1400	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-2</u>	18.6000
<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-1</u>	21.8900	<u>Haloarcula</u>	21.0300	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-2</u>	15.9700	<u>Haloquadratum</u>	16.2400
<u>Halorhabdus</u>	6.6000	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-2</u>	15.5600	<u>Halorubrum</u>	15.6200	<u>Halorubrum</u>	15.5000
<u>Haloarcula</u>	5.4200	<u>Halorhabdus</u>	4.4000	<u>Haloquadratum</u>	12.4100	<u>Halorhabdus</u>	9.3900
<u>Halonotius</u>	2.3900	<u>Natronomonas</u>	2.0000	<u>Halorhabdus</u>	8.1500	<u>Natronomonas</u>	9.0200
<u>Halorubrum</u>	1.0500	<u>Halonotius</u>	1.9400	<u>Haloarcula</u>	4.2200	<u>Haloarcula</u>	4.7100
<u>Salinibacter</u>	0.8200	<u>Salinibacter</u>	1.6100	<u>Halonotius</u>	1.9000	<u>Halonotius</u>	2.7100
<u>Halosimplex</u>	0.2800	<u>Halorubrum</u>	1.3200	<u>Salinibacter</u>	0.7100	<u>Salinibacter</u>	1.0500
<u>Natronomonas</u>	0.2000	<u>Halosimplex</u>	0.8000	<u>Halosimplex</u>	0.5600	<u>Halosimplex</u>	0.7000
<u>Haloplanus</u>	0.1300	<u>Haloplanus</u>	0.5800	<u>Halolamina</u>	0.5500	<u>Halorhodospira</u>	0.3900
<u>Halomicrobium</u>	0.1200	<u>Halomicrobium</u>	0.5800	<u>Halorhodospira</u>	0.2500	<u>Halolamina</u>	0.3400
<u>Halobaculum</u>	0.0200	<u>Halolamina</u>	0.0400	<u>Haloplanus</u>	0.1800	<u>Desulfovermiculus</u>	0.2200
<u>Natronococcus</u>	0.0200	<u>Halobaculum</u>	0.0200	<u>Desulfovermiculus</u>	0.1500	<u>Haloplanus</u>	0.1900
<u>Halobacterium</u>	0.0100	<u>Halobacterium</u>	0.0200	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-3</u>	0.1100	<u>Halanaerobacter</u>	0.1000
XKL75 (Euryarchaeota)	0.0080	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-3</u>	0.0200	<u>Haloterrigena</u>	0.0900	<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-3</u>	0.0800
<u>Halolamina</u>	0.0060	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0200	<u>Halobacterium</u>	0.0700	<u>Halobacterium</u>	0.0800
<u>Kültüre edilmemiş Halobacteria TGH-3</u>	0.0060	<u>Natronorubrum</u>	0.0060	<u>Halanaerobacter</u>	0.0600	<u>Thiohalorhabdus</u>	0.0450
<u>Haloterrigena</u>	0.0040	GA41 (Şube: Euryarchaeota)	0.0060	<u>Thiohalorhabdus</u>	0.0260	<u>Haloterrigena</u>	0.0400
<u>Natronorubrum</u>	0.0040	<u>Haloterrigena</u>	0.0030	<u>Halomicrobium</u>	0.0200	<u>Halomicrobium</u>	0.0300
<u>Haloferax</u>	0.0020	<u>Haloferax</u>	0.0030	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0090	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0300
<u>Fluviicola</u>	0.0020			<u>Desulfovermiculus</u>	0.0090	<u>Marinobacter</u>	0.0200
<u>Dorea</u>	0.0020			<u>Halobaculum</u>	0.0040	<u>Desulfovermiculus</u>	0.0100
				<u>Haloferax</u>	0.0040	<u>Halanaerobium</u>	0.0100
				<u>Halogeometricum</u>	0.0040	<u>Haloferax</u>	0.0030
				<u>Archaeoglobus</u>	0.0040	<u>Rhodovibrio</u>	0.0030
				<u>Marinobacter</u>	0.0040		

Tablo 3.11. Devamı.

TG5A	%	TG5B	%	TG6A	%	TG6B	%
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	29.0200	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	26.8100	<u><i>Haloquadratum</i></u>	60.2400	<u><i>Haloquadratum</i></u>	51.6700
<u>TGH-1</u>		<u>TGH-1</u>					
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	16.0200	<u><i>Haloquadratum</i></u>	13.1400	<u><i>Halorhabdus</i></u>	11.5500	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	13.4900
<u>TGH-2</u>						<u>TGH-1</u>	
<u><i>Haloquadratum</i></u>	12.6200	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	12.7500	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	10.9000	<u><i>Halorhabdus</i></u>	12.5500
<u><i>Haloarcula</i></u>	12.0900	<u>TGH-2</u>		<u>TGH-1</u>			
		<u><i>Halolamina</i></u>	12.3600	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	10.1400	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	9.8500
<u><i>Halorhabdus</i></u>	8.3400			<u>TGH-2</u>		<u>TGH-2</u>	
<u><i>Halobacterium</i></u>	6.0100	<u><i>Haloarcula</i></u>	11.8500	<u><i>Haloarcula</i></u>	3.1100	<u><i>Haloarcula</i></u>	5.1700
<u><i>Halolamina</i></u>	4.2800	<u><i>Halorhabdus</i></u>	7.6000	<u><i>Salinibacter</i></u>	1.2100	<u><i>Salinibacter</i></u>	3.1800
<u><i>Halorubrum</i></u>	3.5700	<u><i>Halobacterium</i></u>	5.1300	<u><i>Halorubrum</i></u>	0.9500	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.2400
<u><i>Halonotius</i></u>	3.3700	<u><i>Halonotius</i></u>	3.3900	<u><i>Halonotius</i></u>	0.7700	<u><i>Halonotius</i></u>	0.7600
<u><i>Halosimplex</i></u>	1.6800	<u><i>Halorubrum</i></u>	3.0300	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.4300	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.7400
<u><i>Natronomonas</i></u>	1.5000	<u><i>Natronomonas</i></u>	1.7900	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.1900	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.4300
<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.3700	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.8700	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.1600	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.2300
<u><i>Salinibacter</i></u>	0.3600	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.4200	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.0900	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.2000
<u><i>Haloplanus</i></u>	0.2100	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.2900	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.0400	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.0700
<u><i>Halobaculum</i></u>	0.1400	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.1400	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0300	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0700
		<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	0.1300	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	0.0200	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	0.0400
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i></u>	0.0900	<u>TGH-3</u>		<u>TGH-3</u>		<u>TGH-3</u>	
<u>TGH-3</u>		<u><i>Halobaculum</i></u>	0.1100	<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0200	<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0400
<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0100	<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0200	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0100	<u><i>Halolamina</i></u>	0.0300
<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0080	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0200	<u><i>Halolamina</i></u>	0.0040	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0100
<u><i>Haloferax</i></u>	0.0040	<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0060	<u><i>Halo geometricum</i></u>	0.0040	<u><i>Natronorubrum</i></u>	0.0080
<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0040	<u><i>Halo geometricum</i></u>	0.0060	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0040	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0060
<u><i>Natronococcus</i></u>	0.0040	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0030	<u><i>Natronococcus</i></u>	0.0040	<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0060
<u>ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0040	<u>ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0030	<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0020	<u><i>Halo geometricum</i></u>	0.0020
<u><i>Bacteroides</i></u>	0.0040	<u><i>Faecalibacterium</i></u>	0.0030	<u><i>Bifidobacterium</i></u>	0.0020	<u>ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0020
						<u><i>Prevotella</i></u>	0.0020
						<u><i>Collinsella</i></u>	0.0020

Tablo 3.11. Devamı.

TG7A	%	TG7B	%
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	38.2300	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	58.1500
<u><i>Haloquadratum</i></u>	26.5700	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	13.3900
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	14.8700	<u><i>Halonotius</i></u>	8.2700
<u><i>Halonotius</i></u>	8.9200	<u><i>Haloquadratum</i></u>	5.3800
<u><i>Halorhabdus</i></u>	5.9200	<u><i>Halolamina</i></u>	4.2200
<u><i>Halorubrum</i></u>	1.8900	<u><i>Haloarcula</i></u>	4.1800
<u><i>Salinibacter</i></u>	1.6700	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.8900
<u><i>Haloarcula</i></u>	1.1300	<u><i>Halorhabdus</i></u>	1.6200
<u><i>Halosimplex</i></u>	0.2500	<u><i>Salinibacter</i></u>	1.4000
<u><i>Natronomonas</i></u>	0.0900	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.5400
<u><i>Haloplanus</i></u>	0.0700	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.2700
<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0300	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.2700
<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.0200	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.1000
<u><i>Halobacterium</i></u>	0.0200	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.0900
<u><i>Halolamina</i></u>	0.0200	<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.0400
<u>Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3</u>	0.0100	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0090
<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0100	<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0090
<u><i>Haloterrigena</i></u>	0.0080	<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0090
<u><i>Natronorubrum</i></u>	0.0030	<u><i>Haloferax</i></u>	0.0070
<u><i>Haloferax</i></u>	0.0030	<u><i>Balneola</i></u>	0.0040
<u>GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0030	<u>XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)</u>	0.0020
<u><i>Collinsella</i></u>	0.0030	<u><i>Halogeometricum</i></u>	0.0020
<u><i>Natronococcus</i></u>	0.0030	<u><i>Thiohalorhabdus</i></u>	0.0020
<u><i>Halorhodospira</i></u>	0.0030		
<u><i>Halanaerobacter</i></u>	0.0030		

Tablo 3.12. Tuz Gölü tuzlu su örneklerinden tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

TG1A	%	TG1B	%	TG2A	%	TG2B	%
<u>Haloarcula*</u>	68.0200	<u>Haloarcula</u>	69.3600	<u>Haloquadratum</u>	44.1100	<u>Haloquadratum</u>	32.2300
<u>Haloquadratum</u>	20.1200	<u>Haloquadratum</u>	18.5900	<u>Halorhabdus</u>	15.9300	<u>Haloarcula</u>	30.6500
<u>Halorubrum</u>	3.6200	<u>Halonotius</u>	3.1600	<u>Haloarcula</u>	15.7800	<u>Halorhabdus</u>	12.0400
<u>Halobacterium</u>	2.9800	<u>Halorubrum</u>	2.9300	<u>Halonotius</u>	7.2300	<u>Salinibacter</u>	7.2500
<u>Halorhabdus</u>	2.7100	<u>Halobacterium</u>	2.8000	<u>Salinibacter</u>	6.5800	<u>Halonotius</u>	5.3500
<u>Halonotius</u>	1.7400	<u>Halorhabdus</u>	2.1600	<u>Natronomonas</u>	3.9400	<u>Natronomonas</u>	4.0600
<u>Salinibacter</u>	0.4000	<u>Salinibacter</u>	0.7300	<u>Halorubrum</u>	2.6300	<u>Halorubrum</u>	2.8200
<u>Natronomonas</u>	0.1700	<u>Natronomonas</u>	0.1000	<u>Halolamina</u>	1.5400	<u>Halolamina</u>	2.2600
<u>Halomicrobium</u>	0.1500	<u>Halomicrobium</u>	0.1000	<u>Halosimplex</u>	1.1800	<u>Halosimplex</u>	1.2400
<u>Haloplanus</u>	0.0400	<u>Archaeoglobus</u>	0.0190	<u>Halomicrobium</u>	0.5100	<u>Halobacterium</u>	0.9600
<u>Halosimplex</u>	0.0300	<u>Haloplanus</u>	0.0140	<u>Halobacterium</u>	0.2200	<u>Halomicrobium</u>	0.6700
<u>Halolamina</u>	0.0100	<u>Halosimplex</u>	0.0140	<u>Haloplanus</u>	0.2000	<u>Haloplanus</u>	0.3200
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0040	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0070	<u>Halobaculum</u>	0.0300	<u>Halobaculum</u>	0.0500
<u>Prevotella</u>	0.0040	<u>Halorhodospira</u>	0.0070	<u>Haloferax</u>	0.0300	<u>Haloferax</u>	0.0500
<u>Halorhodospira</u>	0.0040	<u>Halanaerobacter</u>	0.0070	<u>Haloterrigena</u>	0.0200	<u>Haloterrigena</u>	0.0300
				XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0100	<u>Natronorubrum</u>	0.0200
				<u>Halogeometricum</u>	0.0100	<u>Halogeometricum</u>	0.0100
				<u>Natronorubrum</u>	0.0100	<u>Halorhodospira</u>	0.0100
				<u>Halorhodospira</u>	0.0100	<u>Natronococcus</u>	0.0030
				<u>Halanaerobacter</u>	0.0100	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030
				<u>Natronococcus</u>	0.0030		

* %1'in üzerinde bolluğa sahip cinslerin altı çizilmiştir.

Tablo 3.12. Devamı.

TG3A	%	TG3B	%	TG4A	%	TG4B	%
<i>Haloquadratum</i>	68.7700	<i>Haloquadratum</i>	42.8400	<i>Natronomonas</i>	32.2800	<i>Haloquadratum</i>	26.7000
<i>Halorhabdus</i>	12.0600	<i>Haloarcula</i>	34.9600	<i>Halorubrum</i>	23.5100	<i>Halorubrum</i>	25.4800
<i>Haloarcula</i>	9.9000	<i>Halorhabdus</i>	7.3200	<i>Haloquadratum</i>	18.6800	<i>Halorhabdus</i>	15.4400
<i>Halonotius</i>	4.3700	<i>Natronomonas</i>	3.3300	<i>Halorhabdus</i>	12.2600	<i>Natronomonas</i>	14.8300
<i>Halorubrum</i>	1.9200	<i>Halonotius</i>	3.2300	<i>Haloarcula</i>	6.3500	<i>Haloarcula</i>	7.7400
<i>Salinibacter</i>	1.5000	<i>Salinibacter</i>	2.6800	<i>Halonotius</i>	2.8600	<i>Halonotius</i>	4.4600
<i>Halosimplex</i>	0.5100	<i>Halorubrum</i>	2.1900	<i>Salinibacter</i>	1.0700	<i>Salinibacter</i>	1.7300
<i>Natronomonas</i>	0.3700	<i>Halosimplex</i>	1.3300	<i>Halosimplex</i>	0.8400	<i>Halosimplex</i>	1.1500
<i>Haloplanus</i>	0.2400	<i>Haloplanus</i>	0.9600	<i>Halolamina</i>	0.8300	<i>Halorhodospira</i>	0.6400
<i>Halomicrobium</i>	0.2200	<i>Halomicrobium</i>	0.9600	<i>Halorhodospira</i>	0.3800	<i>Halolamina</i>	0.5600
<i>Halobaculum</i>	0.0400	<i>Halolamina</i>	0.0700	<i>Haloplanus</i>	0.2700	<i>Desulfovermiculus</i>	0.3600
<i>Natronococcus</i>	0.0400	<i>Halobaculum</i>	0.0300	<i>Desulfovermiculus</i>	0.2300	<i>Haloplanus</i>	0.3100
<i>Halobacterium</i>	0.0180	<i>Halobacterium</i>	0.0300	<i>Haloterrigena</i>	0.1400	<i>Halanaerobacter</i>	0.1600
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0150	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0300	<i>Halobacterium</i>	0.1100	<i>Halobacterium</i>	0.1300
<i>Halolamina</i>	0.0100	<i>Natronorubrum</i>	0.0100	<i>Halanaerobacter</i>	0.0900	<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0700
<i>Haloterrigena</i>	0.0070	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0100	<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0400	<i>Haloterrigena</i>	0.0700
<i>Natronorubrum</i>	0.0070	<i>Haloterrigena</i>	0.0050	<i>Halomicrobium</i>	0.0300	<i>Halomicrobium</i>	0.0500
<i>Haloferax</i>	0.0040	<i>Haloferax</i>	0.0050	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0100	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0500
<i>Fluviicola</i>	0.0040			<i>Desulfonauticus</i>	0.0100	<i>Marinobacter</i>	0.0300
<i>Dorea</i>	0.0040			<i>Halobaculum</i>	0.0060	<i>Desulfonauticus</i>	0.0200
				<i>Haloferax</i>	0.0060	<i>Halanaerobium</i>	0.0200
				<i>Halogeometricum</i>	0.0060	<i>Haloferax</i>	0.0050
				<i>Archaeoglobus</i>	0.0060	<i>Rhodovibrio</i>	0.0050
				<i>Marinobacter</i>	0.0060		

Tablo 3.12. Devamı.

TG5A	%	TG5B	%	TG6A	%	TG6B	%
<u>Haloquadratum</u>	23.1200	<u>Haloquadratum</u>	21.8300	<u>Haloquadratum</u>	76.4300	<u>Haloquadratum</u>	67.6100
<u>Haloarcula</u>	22.1500	<u>Halolamina</u>	20.5400	<u>Halorhabdus</u>	14.6500	<u>Halorhabdus</u>	16.4200
<u>Halorhabdus</u>	15.2800	<u>Haloarcula</u>	19.6900	<u>Haloarcula</u>	3.9500	<u>Haloarcula</u>	6.7700
<u>Halobacterium</u>	11.0100	<u>Halorhabdus</u>	12.6300	<u>Salinibacter</u>	1.5400	<u>Salinibacter</u>	4.1600
<u>Halolamina</u>	7.8400	<u>Halobacterium</u>	8.5200	<u>Halorubrum</u>	1.2100	<u>Halorubrum</u>	1.6200
<u>Halorubrum</u>	6.5400	<u>Halonotius</u>	5.6300	<u>Halonotius</u>	0.9800	<u>Halonotius</u>	0.9900
<u>Halonotius</u>	6.1700	<u>Halorubrum</u>	5.0300	<u>Halosimplex</u>	0.5500	<u>Halosimplex</u>	0.9700
<u>Halosimplex</u>	3.0800	<u>Natronomonas</u>	2.9700	<u>Halomicrobium</u>	0.2400	<u>Halomicrobium</u>	0.5600
<u>Natronomonas</u>	2.7500	<u>Halosimplex</u>	1.4500	<u>Natronomonas</u>	0.2000	<u>Natronomonas</u>	0.3000
<u>Halomicrobium</u>	0.6800	<u>Halomicrobium</u>	0.7000	<u>Haloplanus</u>	0.1100	<u>Haloplanus</u>	0.2600
<u>Salinibacter</u>	0.6600	<u>Salinibacter</u>	0.4800	<u>Halobacterium</u>	0.0500	<u>Halobacterium</u>	0.0900
<u>Haloplanus</u>	0.3800	<u>Haloplanus</u>	0.2300	<u>Halobaculum</u>	0.0400	<u>Halobaculum</u>	0.0900
<u>Halobaculum</u>	0.2600	<u>Halobaculum</u>	0.1800	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0250	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0500
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0180	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0300	<u>Haloterrigena</u>	0.0100	<u>Halolamina</u>	0.0400
<u>Haloterrigena</u>	0.0150	<u>Haloterrigena</u>	0.0300	<u>Halolamina</u>	0.0050	<u>Haloterrigena</u>	0.0100
<u>Haloferax</u>	0.0070	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0100	<u>Halogeometricum</u>	0.0050	<u>Natronorubrum</u>	0.0100
GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0070	<u>Halogeometricum</u>	0.0100	<u>Haloferax</u>	0.0050	<u>Haloferax</u>	0.0080
<u>Natronococcus</u>	0.0070	<u>Haloferax</u>	0.0050	<u>Natronococcus</u>	0.0050	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0080
ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0070	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0050	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<u>Halogeometricum</u>	0.0030
<u>Bacteroides</u>	0.0070	<u>Faecalibacterium</u>	0.0050	<u>Bifidobacterium</u>	0.0030	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030
						<u>Prevotella</u>	0.0030
						<u>Collinsella</u>	0.0030

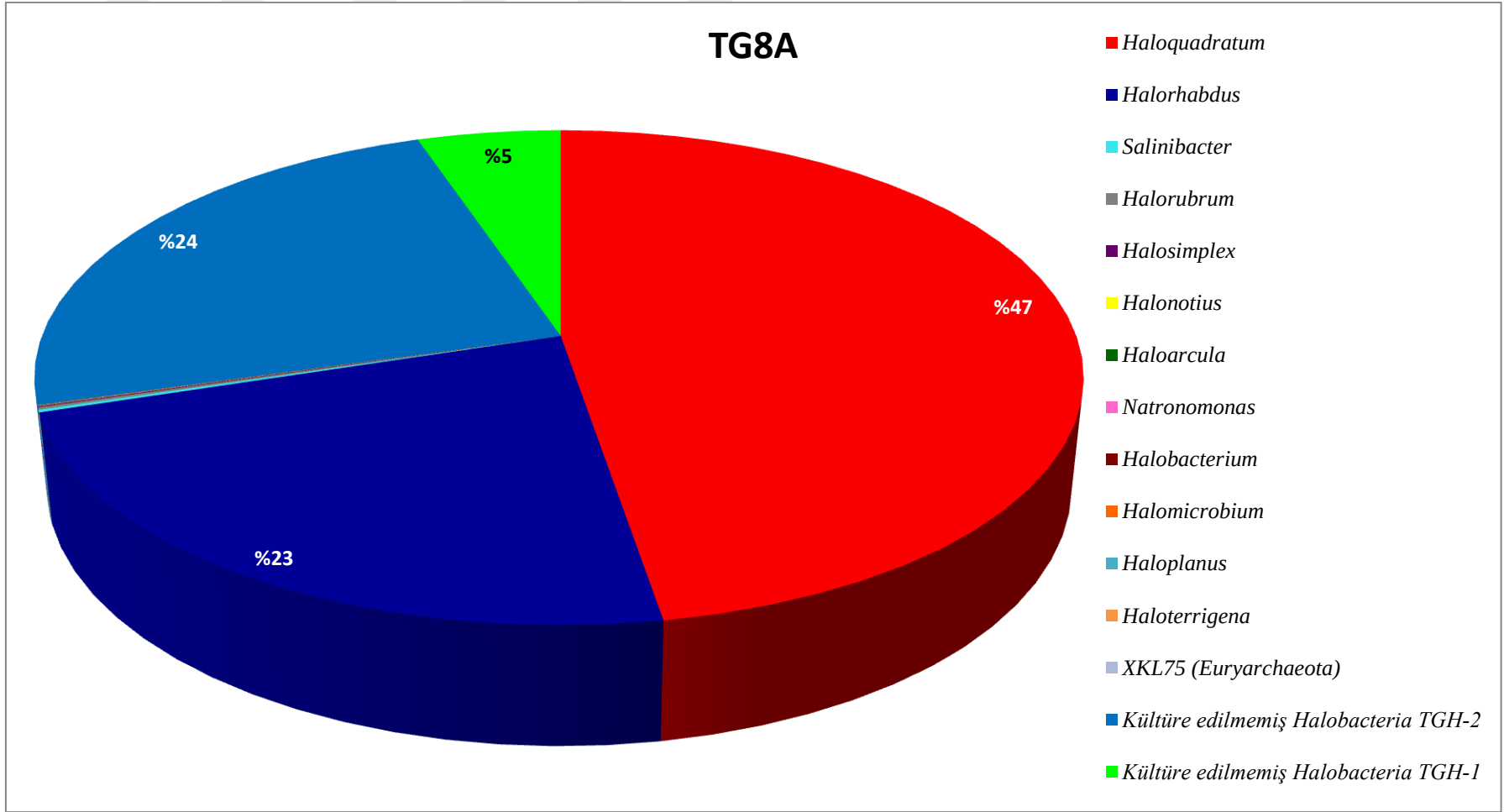
Tablo 3.12. Devamı.

TG7A	%	TG7B	%
<u>Haloquadratum</u>	56.9700	<u>Halonotius</u>	29.2500
<u>Halonotius</u>	19.1300	<u>Haloquadratum</u>	19.0300
<u>Halorhabdus</u>	12.6900	<u>Halolamina</u>	14.9300
<u>Halorubrum</u>	4.0500	<u>Haloarcula</u>	14.7900
<u>Salinibacter</u>	3.5800	<u>Halorubrum</u>	6.6900
<u>Haloarcula</u>	2.4200	<u>Halorhabdus</u>	5.7300
<u>Halosimplex</u>	0.5400	<u>Salinibacter</u>	4.9500
<u>Natronomonas</u>	0.1900	<u>Natronomonas</u>	1.9100
<u>Haloplanus</u>	0.1500	<u>Halosimplex</u>	0.9600
XKL75 (Euryarchaeota)	0.0600	<u>Halobacterium</u>	0.9600
<u>Halomicrobium</u>	0.0400	<u>Halomicrobium</u>	0.3500
<u>Halobacterium</u>	0.0400	<u>Haloplanus</u>	0.3200
<u>Halolamina</u>	0.0400	<u>Halobaculum</u>	0.0300
<u>Halobaculum</u>	0.0200	<u>Haloterrigena</u>	0.0300
<u>Haloterrigena</u>	0.0200	<u>Halorhodospira</u>	0.0300
<u>Natronorubrum</u>	0.0060	<u>Haloferax</u>	0.0200
<u>Haloferax</u>	0.0060	<u>Balneola</u>	0.0100
GA41 (Euryarchaeota)	0.0060	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0070
<u>Collinsella</u>	0.0060	<u>Halogeometricum</u>	0.0070
<u>Natronococcus</u>	0.0060	<u>Thiohalorhabdus</u>	0.0070
<u>Halorhodospira</u>	0.0060		
<u>Halanaerobacter</u>	0.0060		

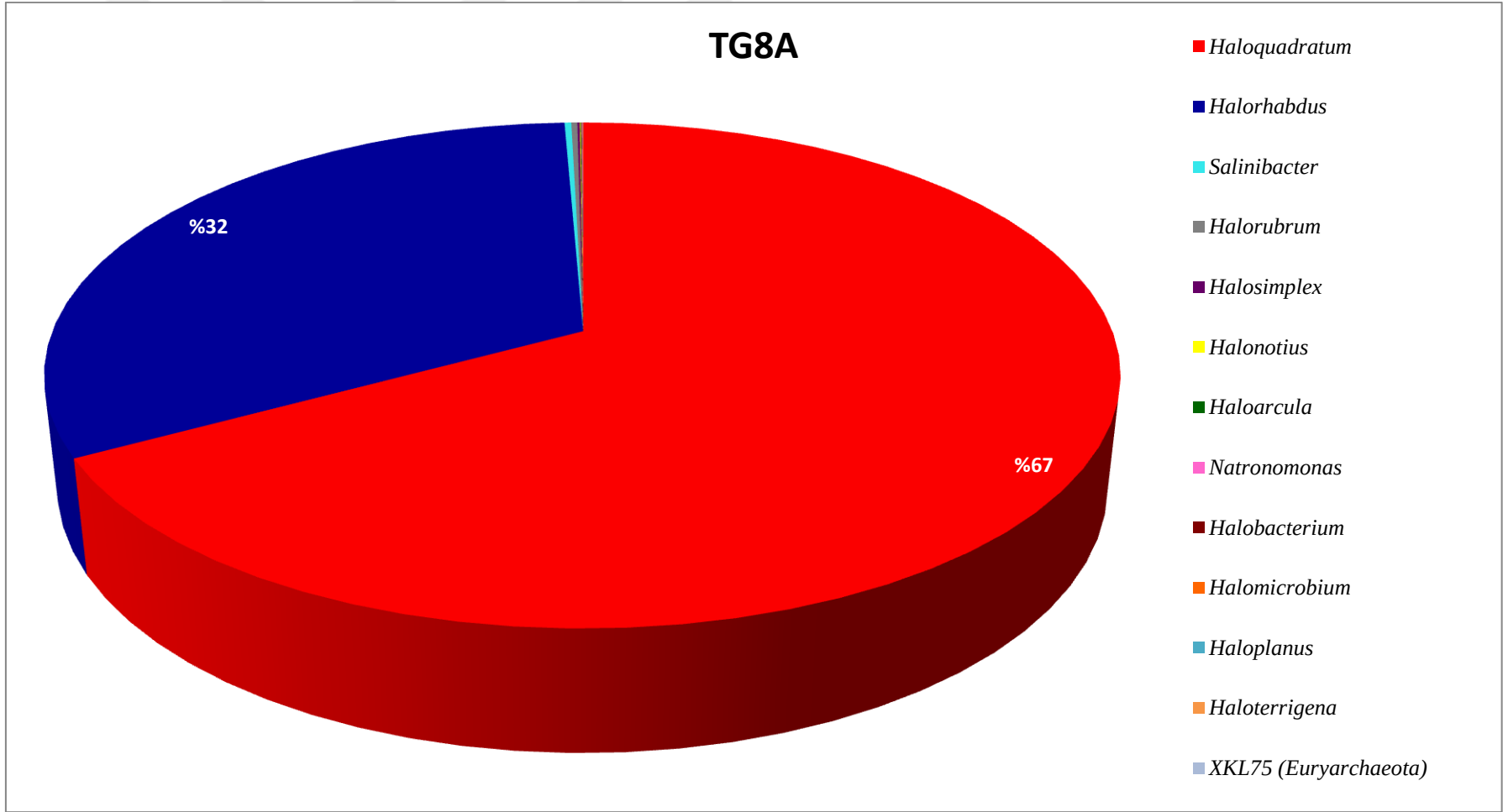
Derin Bölge'nin TG8 örnekleme bölgesinden toplanan TG8A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %47.33'ünün *Haloquadratum*, %22.74'ünün *Halorhabdus*, %0.17'sinin *Salinibacter*, %0.15'inin *Halorubrum*, %0.06'sının *Halosimplex*, %0.02'sinin *Halonotius*, %0.02'sinin *Haloarcula*, %0.02'sinin *Natronomonas*, %0.007'sinin *Halobacterium*, %0.005'inin *Halomicrobium*, %0.005'inin *Haloplanus* ve %0.005'inin *Haloterrigena* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.002 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %24.22 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %5.18 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 bulunmuştur (Tablo 3.13, Şekil 3.46).

TG8A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %67.11'inin *Haloquadratum*, %32.24'ünün *Halorhabdus*, %0.24'ünün *Salinibacter*, %0.21'inin *Halorubrum*, %0.09'unun *Halosimplex*, %0.03'ünün *Halonotius*, %0.03'ünün *Haloarcula*, %0.03'ünün *Natronomonas*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.007'sinin *Halomicrobium*, %0.007'sinin *Haloplanus* ve %0.007'sinin *Haloterrigena* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.003 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.14, Şekil 3.47).

TG8A örneğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.46. TG8A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kulture edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

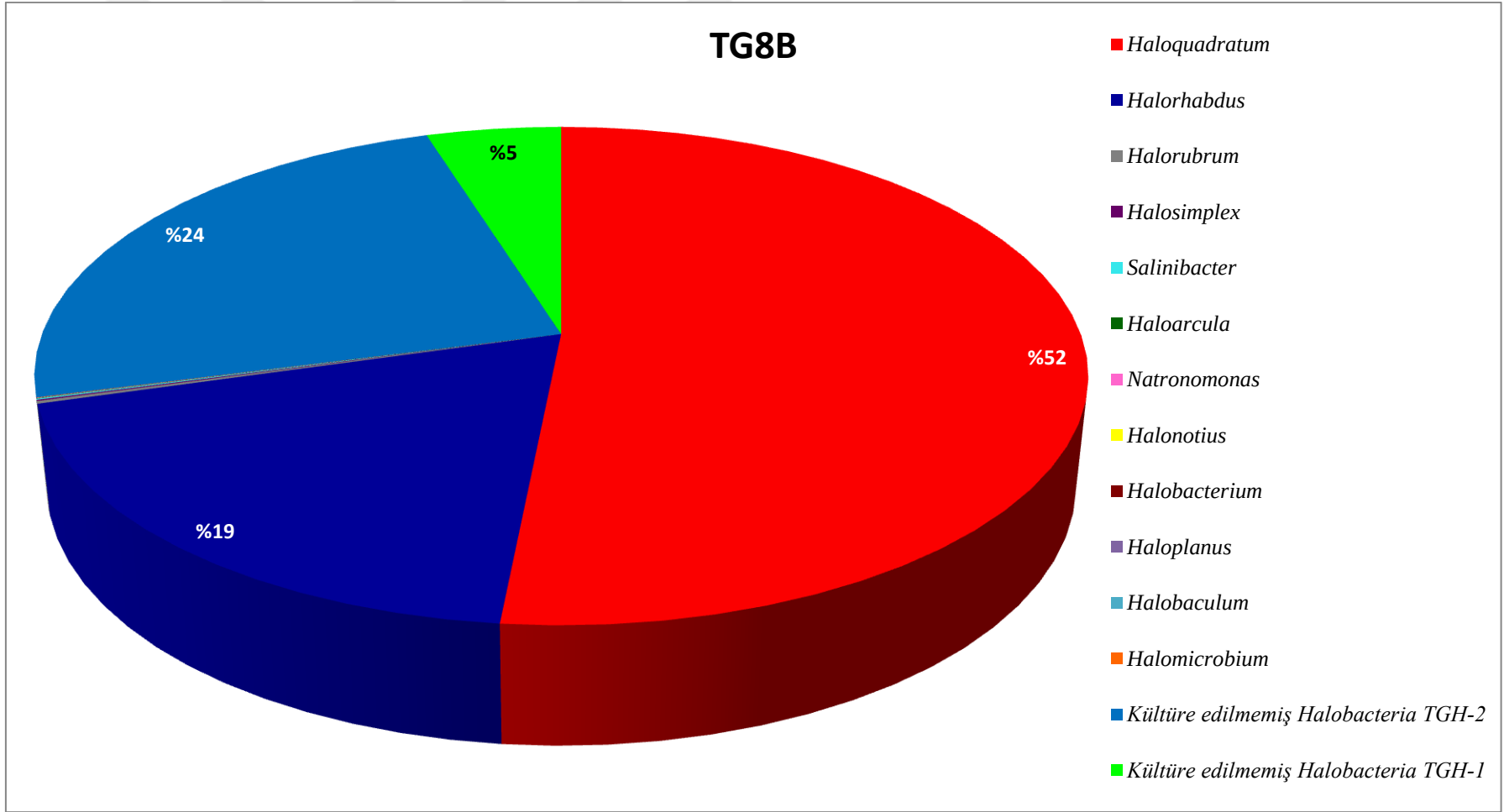


Şekil 3.47. TG8A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

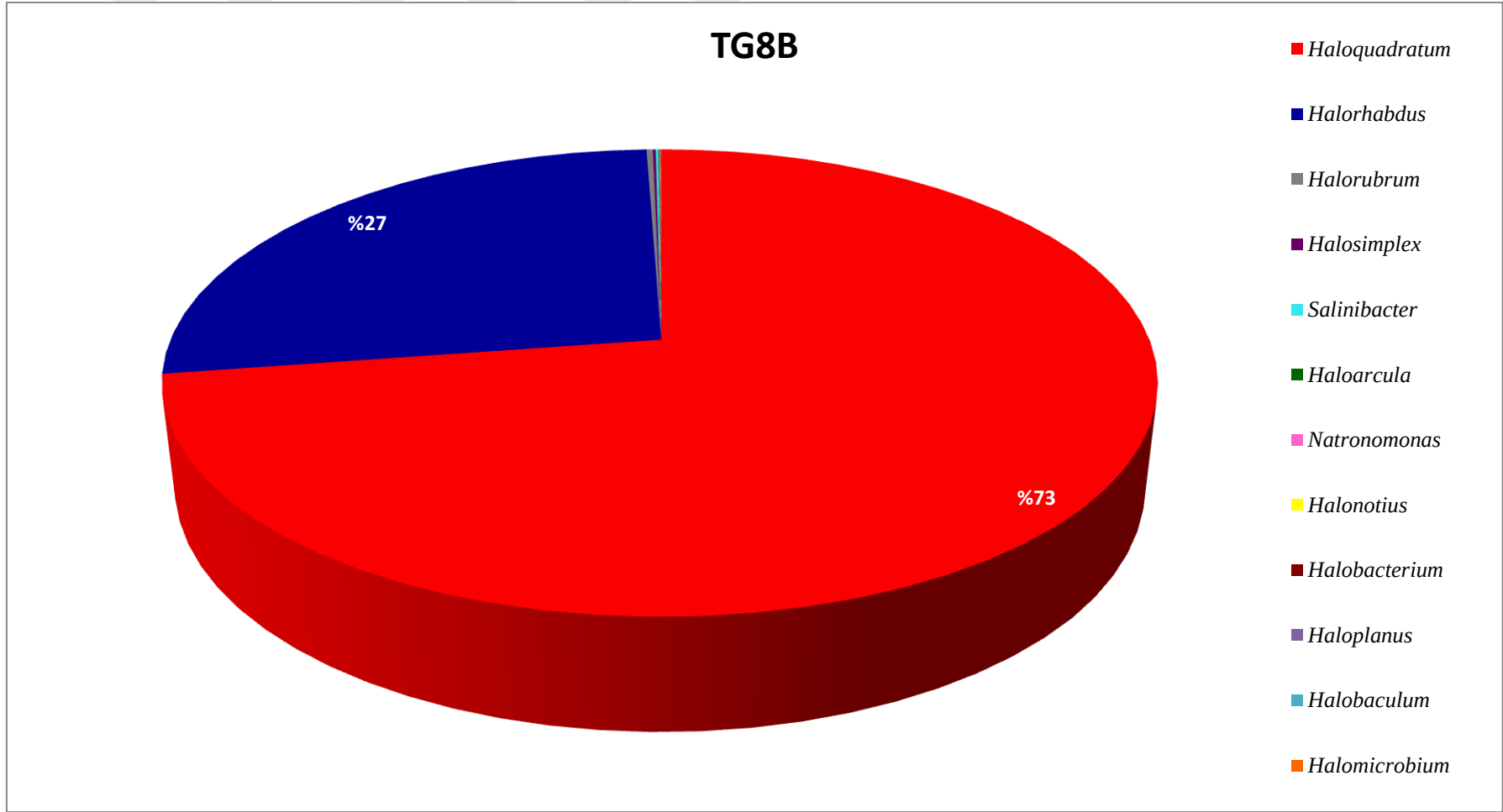
Derin Bölge'nin TG8 örnekleme bölgesinden toplanan TG8B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %51.54'ünün *Haloquadratum*, %19'unun *Halorhabdus*, %0.17'sinin *Halorubrum*, %0.08'inin *Halosimplex*, %0.07'sinin *Salinibacter*, %0.02'sinin *Haloarcula*, %0.02'sinin *Natronomonas*, %0.01'inin *Halonotius*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.01'inin *Haloplanus*, %0.007'sinin *Halobaculum* ve %0.004'ünün *Halomicrobium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Numunede %24.15 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %4.86 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 bulunmuştur (Tablo 3.13, Şekil 3.48).

TG8B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %72.65'inin *Haloquadratum*, %26.78'inin *Halorhabdus*, %0.24'ünün *Halorubrum*, %0.11'inin *Halosimplex*, %0.1'inin *Salinibacter*, %0.03'ünün *Haloarcula*, %0.03'ünün *Natronomonas*, %0.01'inin *Halonotius*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.01'inin *Haloplanus*, %0.01'inin *Halobaculum* ve %0.006'sının *Halomicrobium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir (Tablo 3.14, Şekil 3.49).

TG8B örneğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



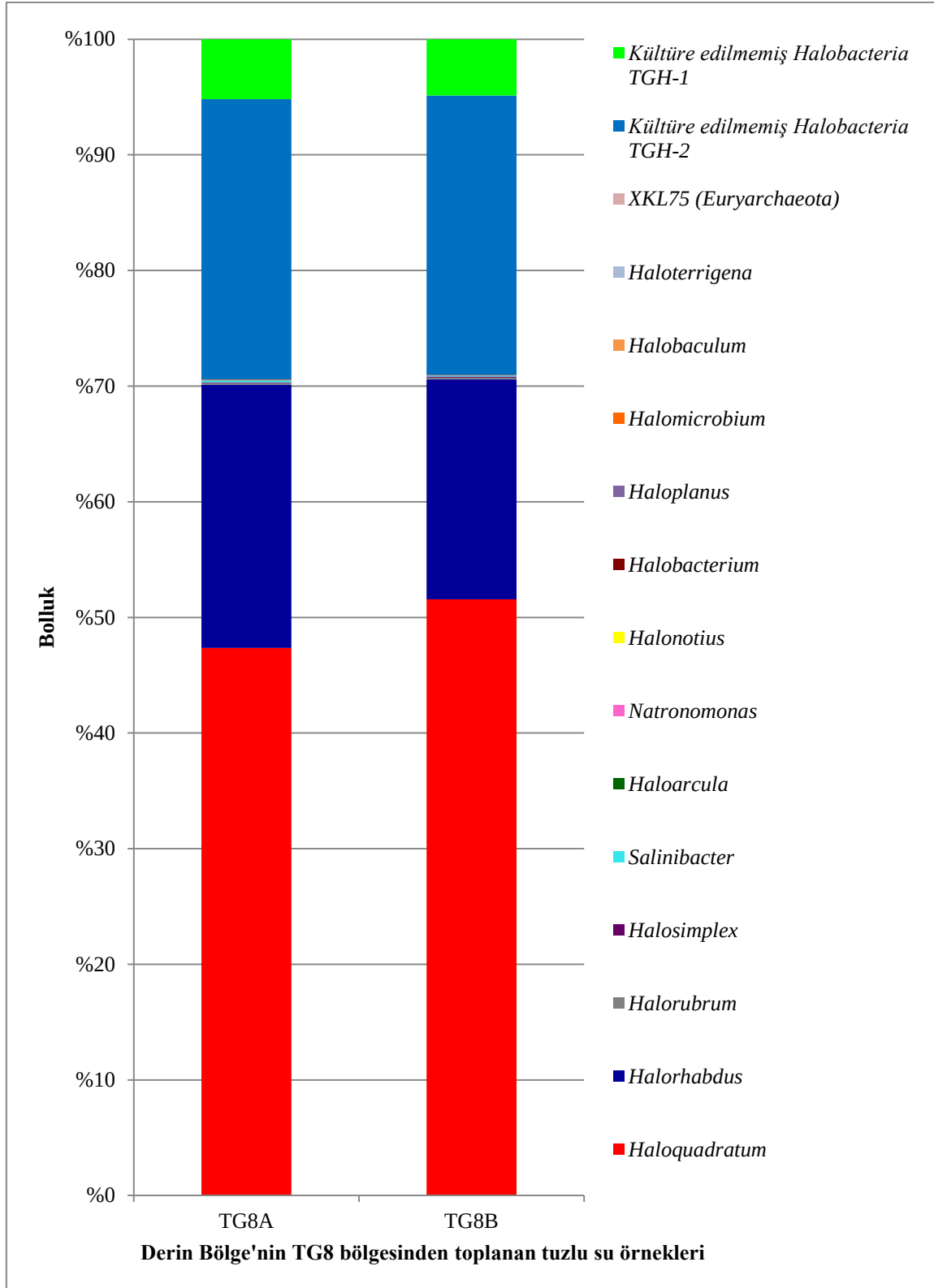
Şekil 3.48. TG8B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



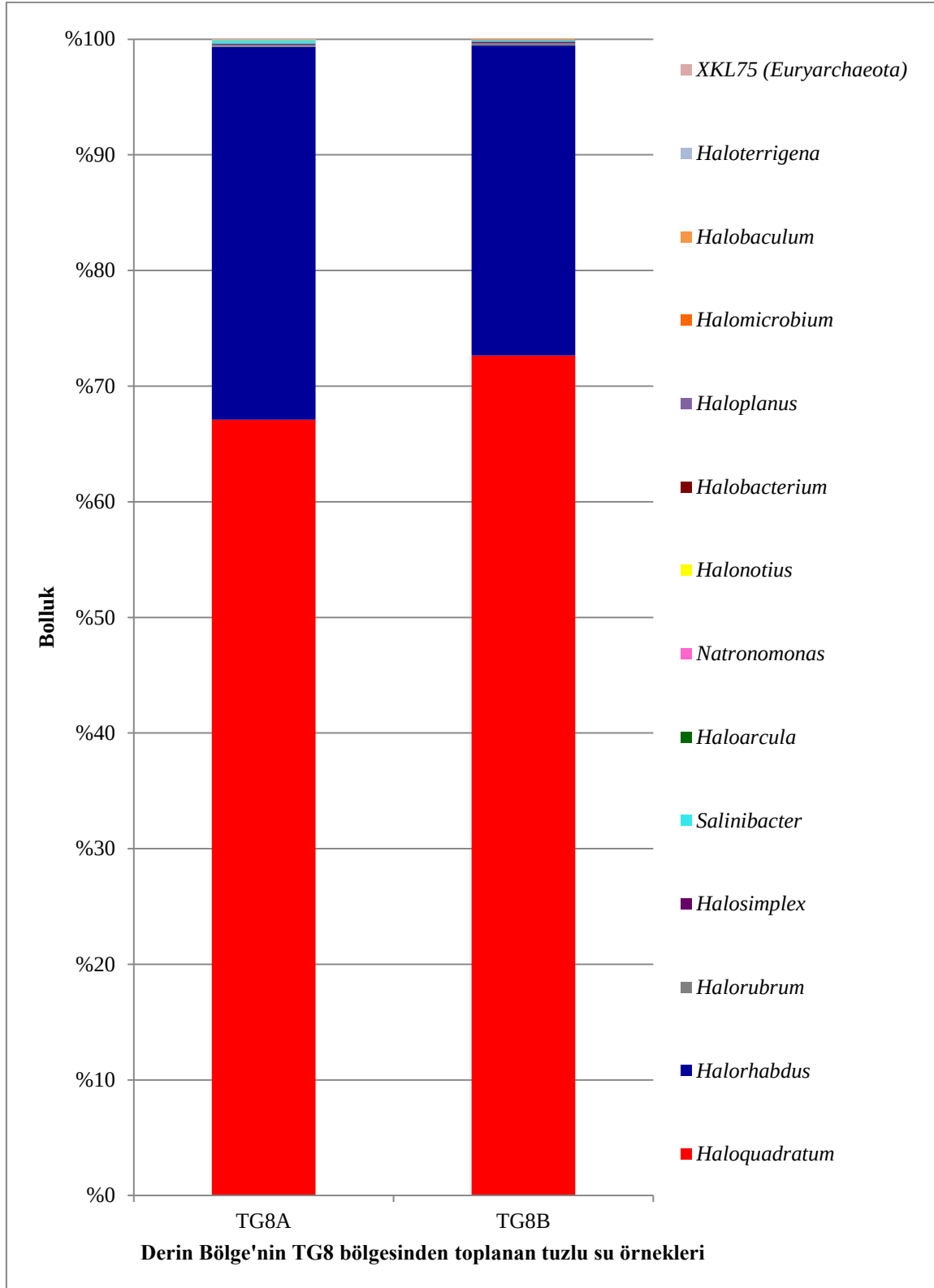
Şekil 3.49. TG8B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Halosimplex*, *Salinibacter*, *Haloarcula*, *Natronomonas*, *Halonotius*, *Halobacterium*, *Haloplanus* ve *Halomicrobium* cinsleri ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 her iki örnekte de saptanmıştır. *Haloterrigena* cinsi ile XKL75, bu iki örnekten sadece TG8A örneğinde bulunurken, *Halobaculum* cinsi sadece TG8B örneğinde bulunmuştur.

TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.50'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.51'de gösterilmektedir.



Şekil 3.50. Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

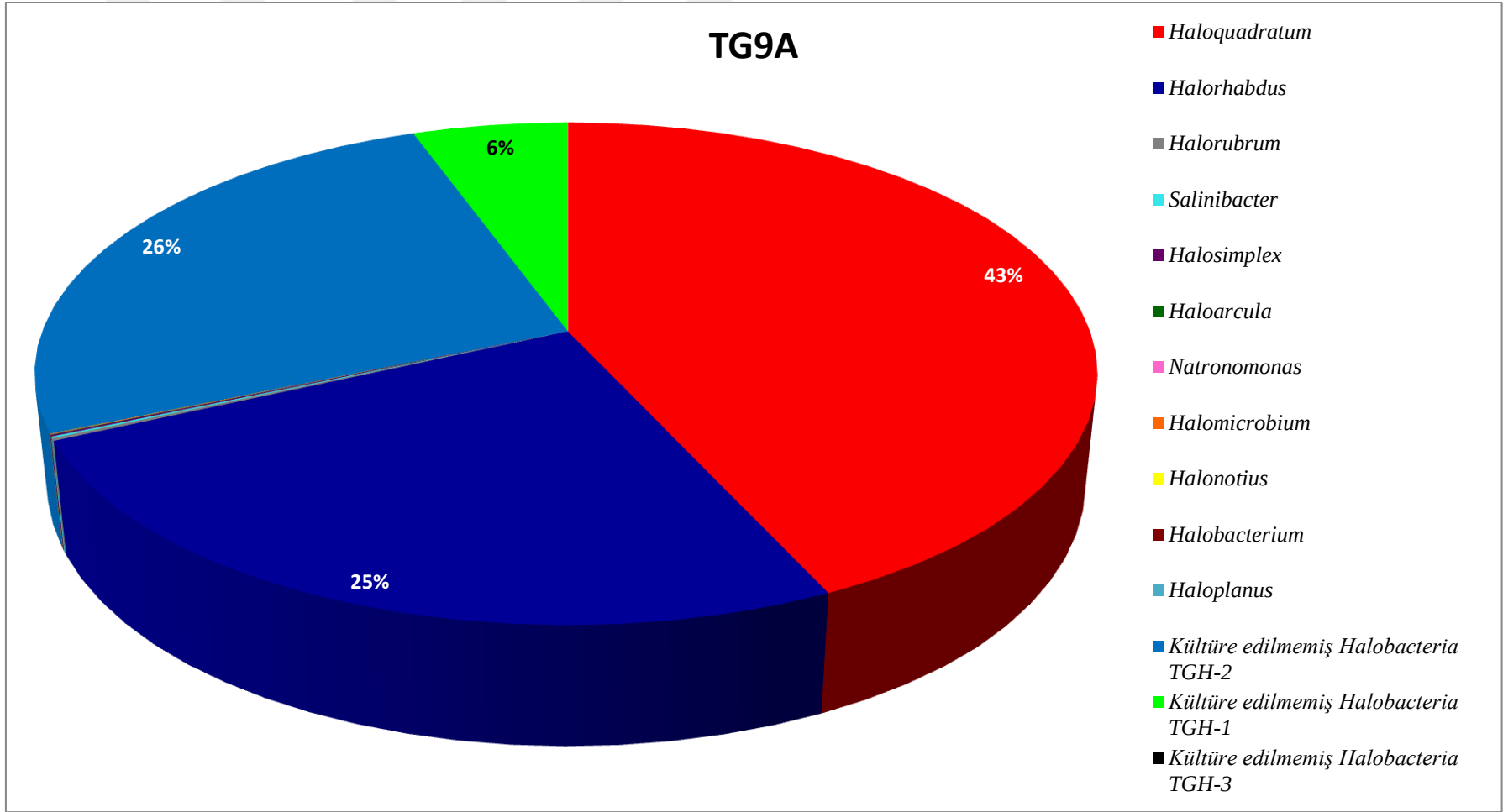


Şekil 3.51. Derin Bölge'nin TG8 bölgesinden toplanan TG8A ve TG8B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

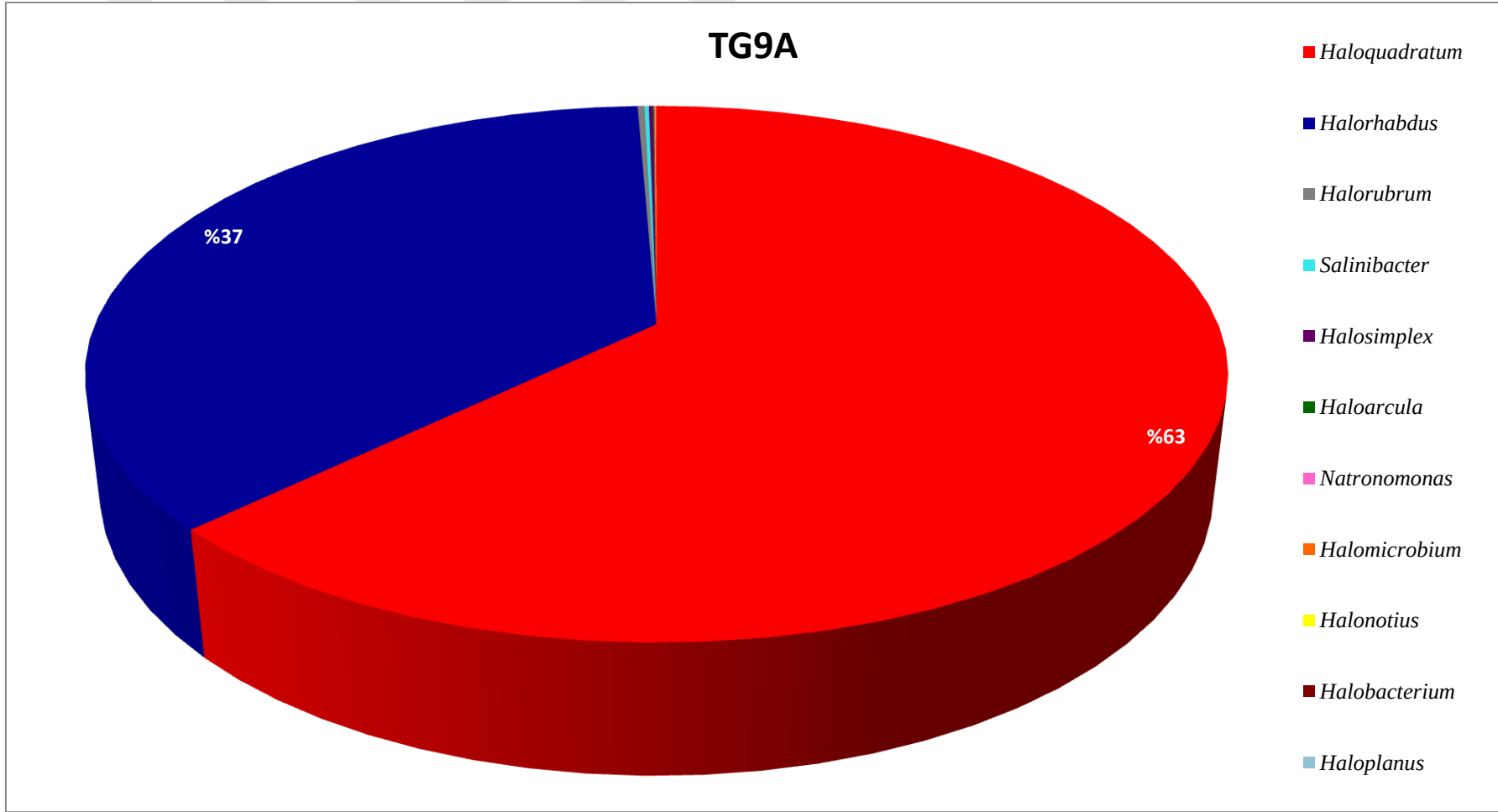
Derin Bölge'nin TG9 örnekleme bölgesinden toplanan TG9A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %43.03'ünün *Haloquadratum*, %25'inin *Halorhabdus*, %0.16'sının *Halorubrum*, %0.1'inin *Salinibacter*, %0.09'unun *Halosimplex*, %0.03'ünün *Haloarcula*, %0.02'sinin *Natronomonas*, %0.02'sinin *Halomicrobium*, %0.01'inin *Halonotius*, %0.003'ünün *Halobacterium* ve %0.003'ünün *Haloplanus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Numunede %25.82 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %5.52 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.01 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.13, Şekil 3.52).

TG9A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %62.85'inin *Haloquadratum*, %36.51'inin *Halorhabdus*, %0.23'ünün *Halorubrum*, %0.15'inin *Salinibacter*, %0.13'ünün *Halosimplex*, %0.04'ünün *Haloarcula*, %0.03'ünün *Natronomonas*, %0.03'ünün *Halomicrobium*, %0.01'inin *Halonotius*, %0.004'ünün *Halobacterium* ve %0.004'ünün *Haloplanus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir (Tablo 3.14, Şekil 3.53).

TG9A örneğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.52. TG9A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

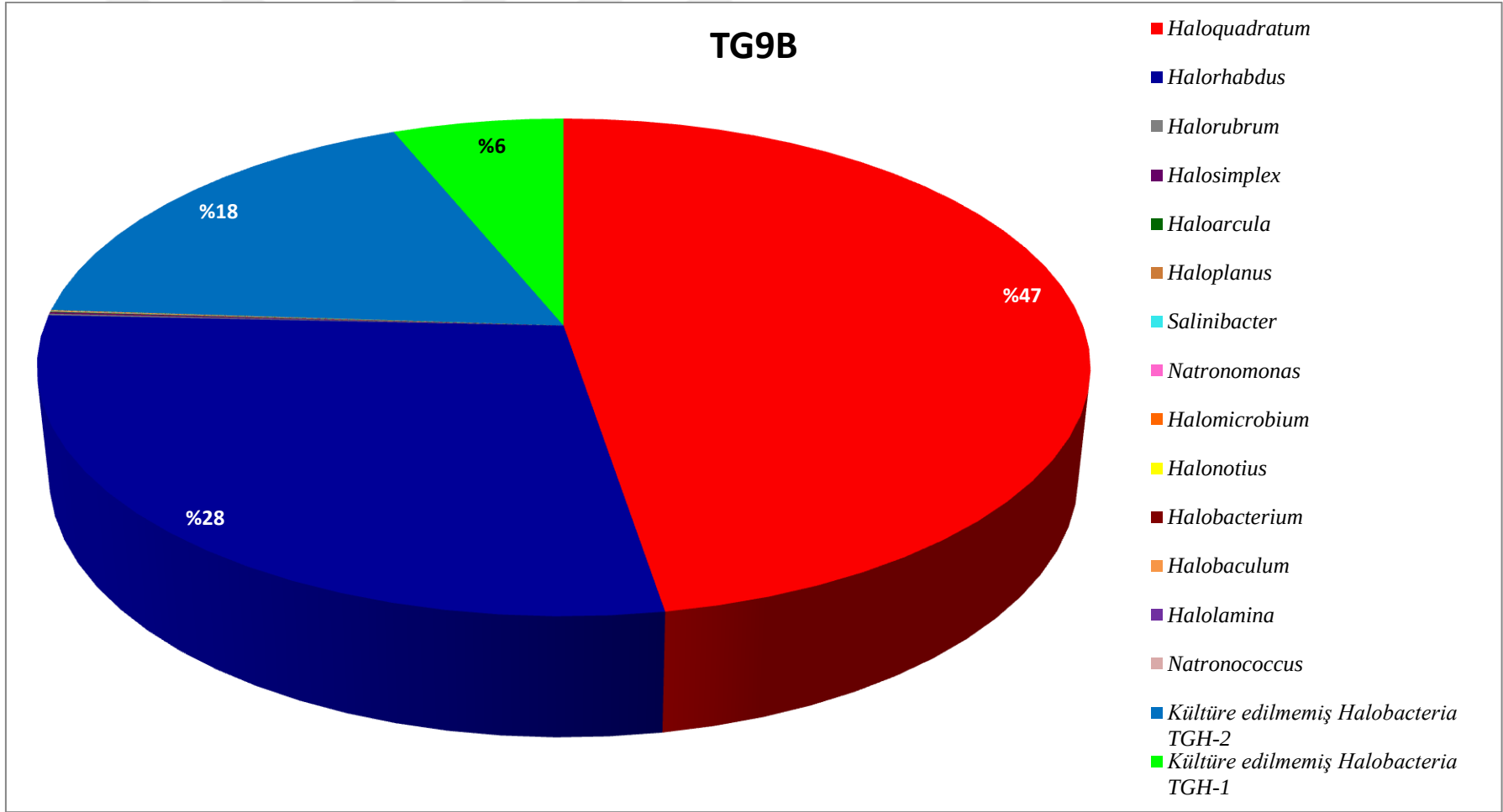


Şekil 3.53. TG9A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

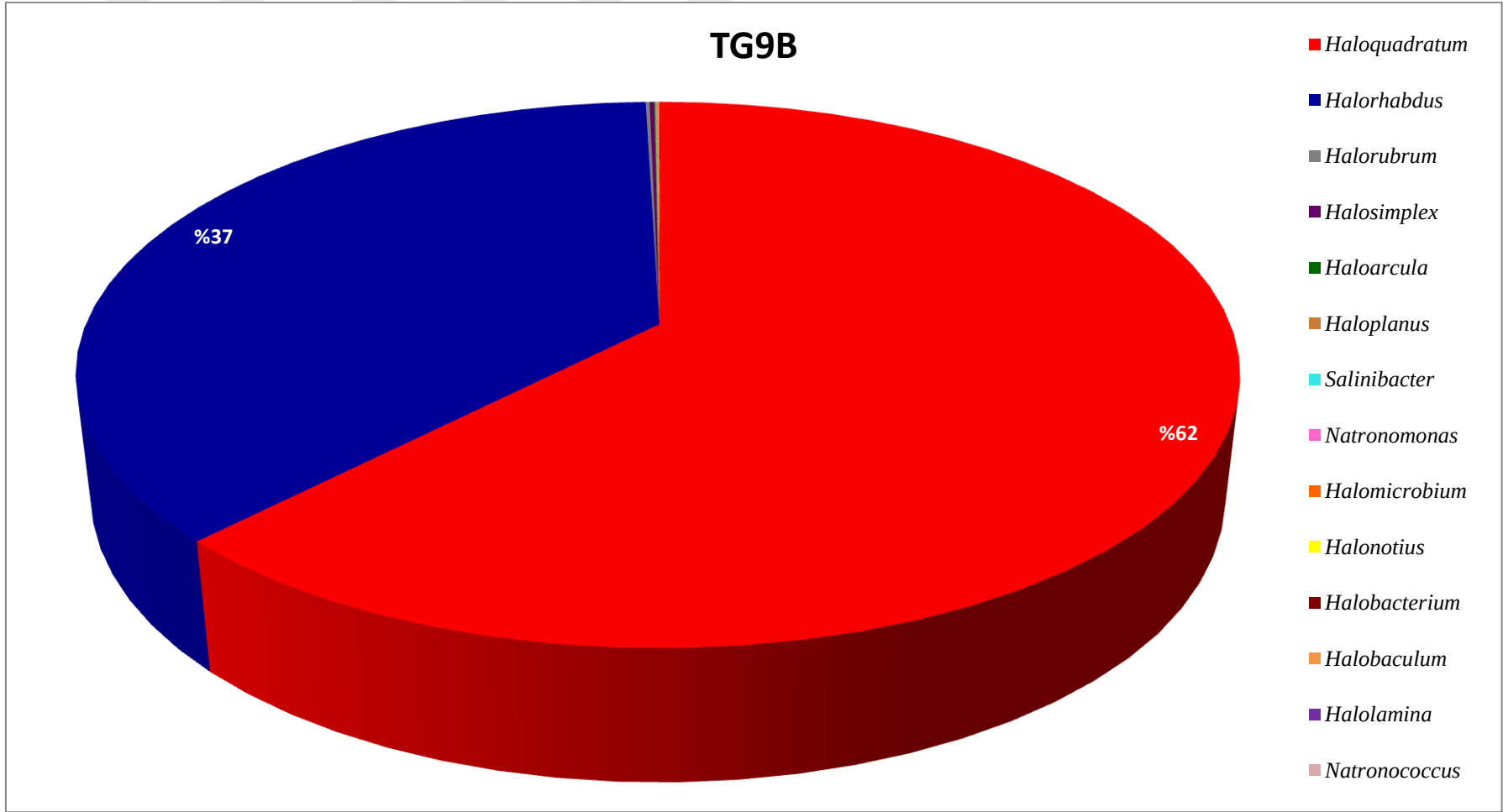
Derin Bölge'nin TG9 örnekleme bölgesinden toplanan TG9B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %47.37'sinin *Haloquadratum*, %28.29'unun *Halorhabdus*, %0.1'inin *Halorubrum*, %0.1'inin *Halosimplex*, %0.03'ünün *Haloarcula*, %0.025'inin *Haloplanus*, %0.02'sinin *Salinibacter*, %0.02'sinin *Natronomonas*, %0.02'sinin *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Halonotius*, %0.004'ünün *Halobacterium*, %0.002'sinin *Halobaculum*, %0.002'sinin *Halolamina* ve %0.002'sinin *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Numunede %17.78 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %6.17 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 bulunmuştur (Tablo 3.13, Şekil 3.54).

TG9B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %62.33'ünün *Haloquadratum*, %37.22'sinin *Halorhabdus*, %0.13'ünün *Halorubrum*, %0.13'ünün *Halosimplex*, %0.04'ünün *Haloarcula*, %0.03'ünün *Haloplanus*, %0.03'ünün *Salinibacter*, %0.03'ünün *Natronomonas*, %0.03'ünün *Halomicrobium*, %0.03'ünün *Halonotius*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.003'ünün *Halobaculum*, %0.003'ünün *Halolamina* ve %0.003'ünün *Natronococcus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir (Tablo 3.14, Şekil 3.55).

TG9B örneğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



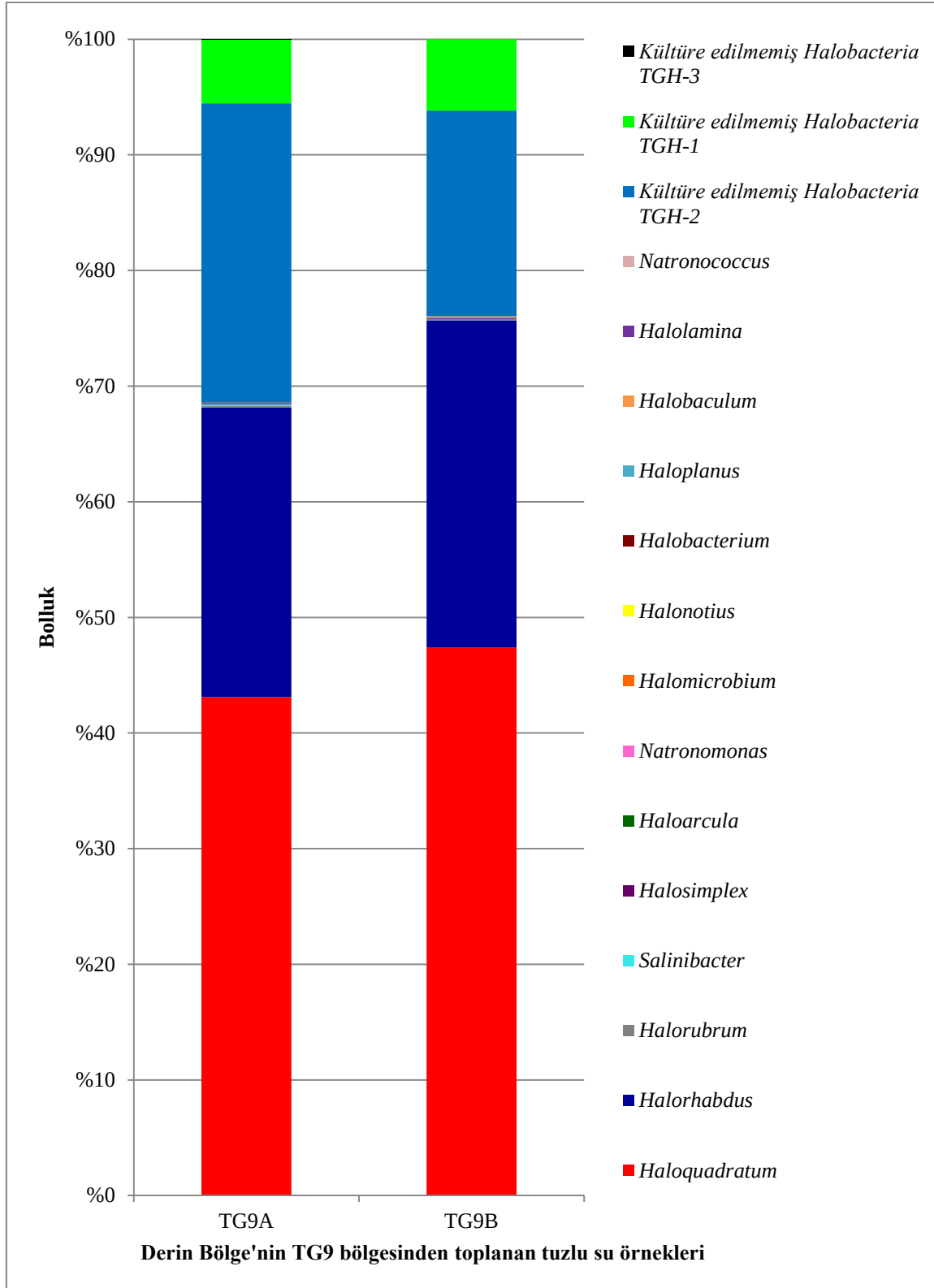
Şekil 3.54. TG9B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



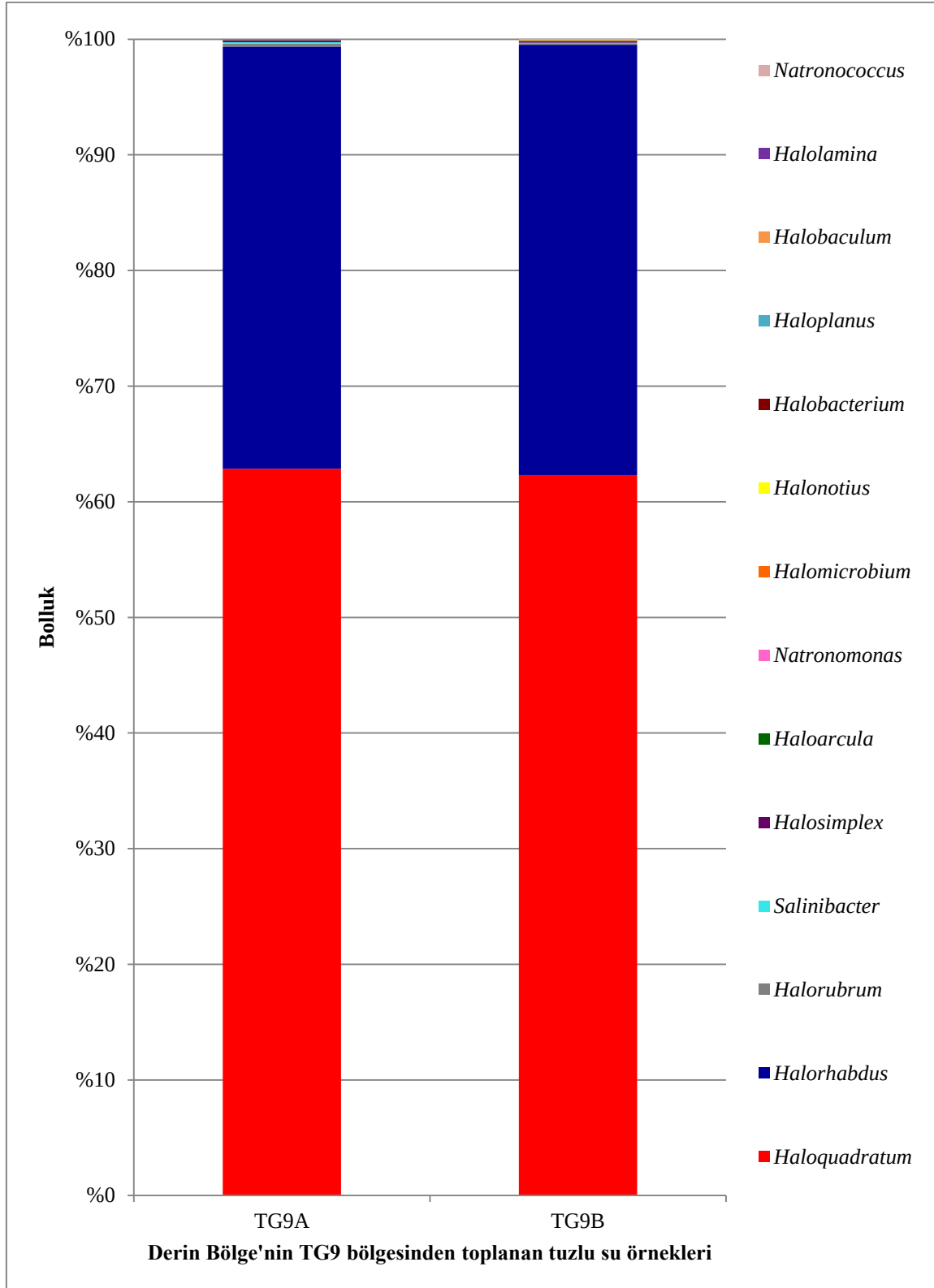
Şekil 3.55. TG9B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Salinibacter*, *Halosimplex*, *Haloarcula*, *Natronomonas*, *Halomicrobium*, *Halonotius*, *Halobacterium* ve *Haloplanus* cinsleri ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 her iki örnekte de saptanmıştır. Kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bu iki örnekten sadece TG9A örneğinde bulunurken, *Halobaculum*, *Halolamina* ve *Natronococcus* cinsleri sadece TG9B örneğinde bulunmuştur.

TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.56'da, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.57'de gösterilmektedir.



Şekil 3.56. Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



Şekil 3.57. Derin Bölge'nin TG9 bölgesinden toplanan TG9A ve TG9B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tablo 3.13. Derin Bölge’den toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH’lerin yüzde bollukları.

TG8A	%	TG8B	%	TG9A	%	TG9B	%
<u><i>Haloquadratum</i></u>	47.3300	<u><i>Haloquadratum</i></u>	51.5400	<u><i>Haloquadratum</i></u>	43.0300	<u><i>Haloquadratum</i></u>	47.3700
<u>Kültüre edilmemiş</u>	24.2200	<u>Kültüre edilmemiş</u>	24.1500	<u>Kültüre edilmemiş</u>	25.8200	<u><i>Halorhabdus</i></u>	28.2900
<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>			
<u><i>Halorhabdus</i></u>	22.7400	<u><i>Halorhabdus</i></u>	19.0000	<u><i>Halorhabdus</i></u>	25.0000	<u>Kültüre edilmemiş</u>	17.7800
						<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	
<u>Kültüre edilmemiş</u>	5.1800	<u>Kültüre edilmemiş</u>	4.8600	<u>Kültüre edilmemiş</u>	5.5200	<u>Kültüre edilmemiş</u>	6.1700
<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	
<i>Salinibacter</i>	0.1700	<i>Halorubrum</i>	0.1700	<i>Halorubrum</i>	0.1600	<i>Halorubrum</i>	0.1000
<i>Halorubrum</i>	0.1500	<i>Halosimplex</i>	0.0800	<i>Salinibacter</i>	0.1000	<i>Halosimplex</i>	0.1000
<i>Halosimplex</i>	0.0600	<i>Salinibacter</i>	0.0700	<i>Halosimplex</i>	0.0900	<i>Haloarcula</i>	0.0300
<i>Halonotius</i>	0.0200	<i>Haloarcula</i>	0.0200	<i>Haloarcula</i>	0.0300	<i>Haloplanus</i>	0.0250
<i>Haloarcula</i>	0.0200	<i>Natronomonas</i>	0.0200	<i>Natronomonas</i>	0.0200	<i>Salinibacter</i>	0.0200
<i>Natronomonas</i>	0.0200	<i>Halonotius</i>	0.0100	<i>Halomicrobium</i>	0.0200	<i>Natronomonas</i>	0.0200
<i>Halobacterium</i>	0.0070	<i>Halobacterium</i>	0.0100	<i>Halonotius</i>	0.0100	<i>Halomicrobium</i>	0.0200
<i>Halomicrobium</i>	0.0050	<i>Haloplanus</i>	0.0100	Kültüre edilmemiş	0.0100	<i>Halonotius</i>	0.0200
				<u><i>Halobacteria</i> TGH-3</u>			
<i>Haloplanus</i>	0.0050	<i>Halobaculum</i>	0.0070	<i>Halobacterium</i>	0.0030	<i>Halobacterium</i>	0.0040
<i>Haloterrigena</i>	0.0050	<i>Halomicrobium</i>	0.0040	<i>Haloplanus</i>	0.0030	<i>Halobaculum</i>	0.0020
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0020					<i>Halolamina</i>	0.0020
						<i>Natronococcus</i>	0.0020

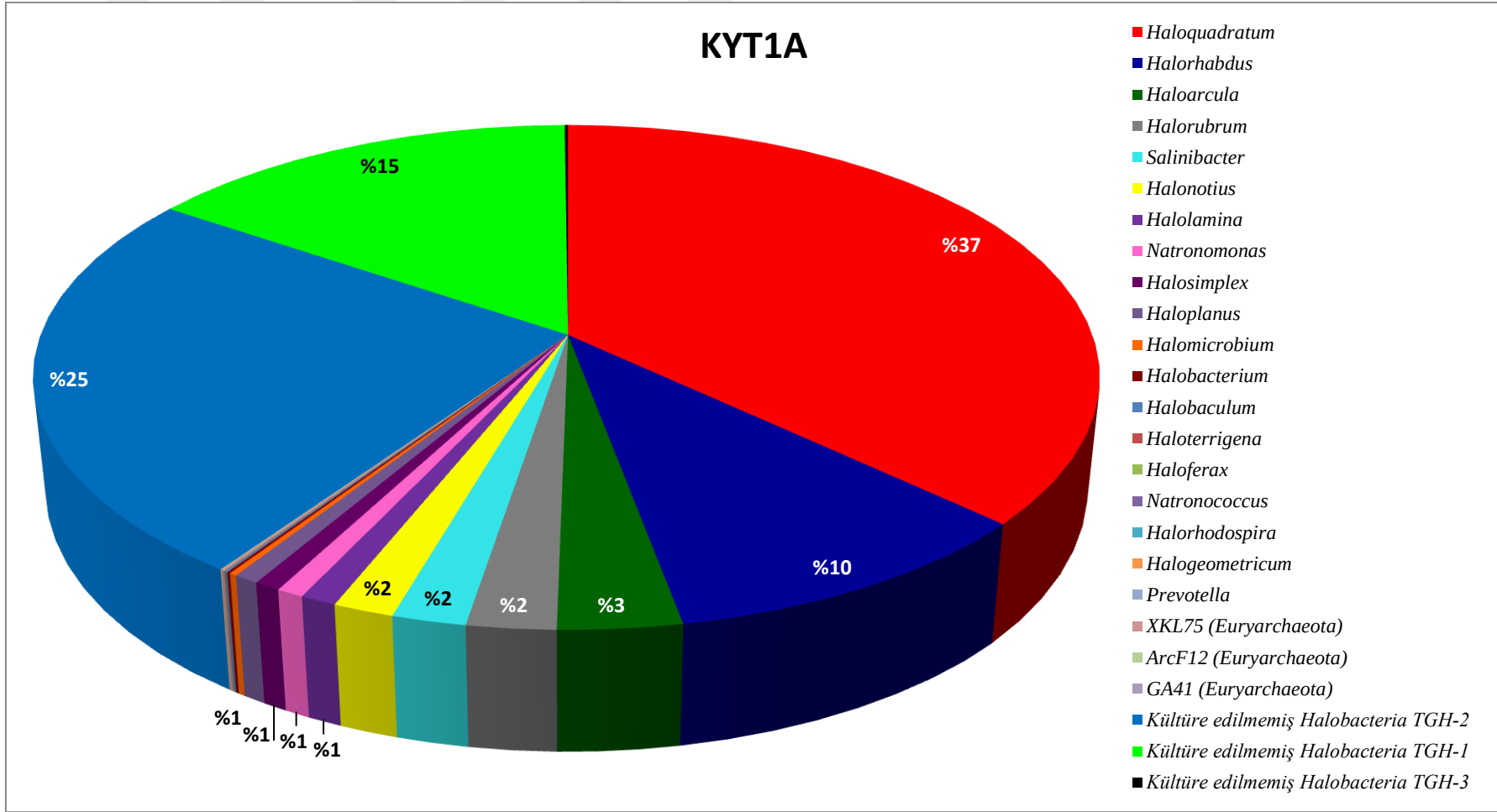
Tablo 3.14. Derin Bölge tuzlu su örneklerinden tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

TG8A	%	TG8B	%	TG9A	%	TG9B	%
<i>Haloquadratum</i>	67.1100	<i>Haloquadratum</i>	72.6500	<i>Haloquadratum</i>	62.8500	<i>Haloquadratum</i>	62.3300
<i>Halorhabdus</i>	32.2400	<i>Halorhabdus</i>	26.7800	<i>Halorhabdus</i>	36.5100	<i>Halorhabdus</i>	37.2200
<i>Salinibacter</i>	0.2400	<i>Halorubrum</i>	0.2400	<i>Halorubrum</i>	0.2300	<i>Halorubrum</i>	0.1300
<i>Halorubrum</i>	0.2100	<i>Halosimplex</i>	0.1100	<i>Salinibacter</i>	0.1500	<i>Halosimplex</i>	0.1300
<i>Halosimplex</i>	0.0900	<i>Salinibacter</i>	0.1000	<i>Halosimplex</i>	0.1300	<i>Haloarcula</i>	0.0400
<i>Halonotius</i>	0.0300	<i>Haloarcula</i>	0.0300	<i>Haloarcula</i>	0.0400	<i>Haloplanus</i>	0.0300
<i>Haloarcula</i>	0.0300	<i>Natronomonas</i>	0.0300	<i>Natronomonas</i>	0.0300	<i>Salinibacter</i>	0.0300
<i>Natronomonas</i>	0.0300	<i>Halonotius</i>	0.0100	<i>Halomicrobium</i>	0.0300	<i>Natronomonas</i>	0.0300
<i>Halobacterium</i>	0.0100	<i>Halobacterium</i>	0.0100	<i>Halonotius</i>	0.0100	<i>Halomicrobium</i>	0.0300
<i>Halomicrobium</i>	0.0070	<i>Haloplanus</i>	0.0100	<i>Halobacterium</i>	0.0040	<i>Halonotius</i>	0.0300
<i>Haloplanus</i>	0.0070	<i>Halobaculum</i>	0.0100	<i>Haloplanus</i>	0.0040	<i>Halobacterium</i>	0.0100
<i>Haloterrigena</i>	0.0070	<i>Halomicrobium</i>	0.0060			<i>Halobaculum</i>	0.0030
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030					<i>Halolamina</i>	0.0030
						<i>Natronococcus</i>	0.0030

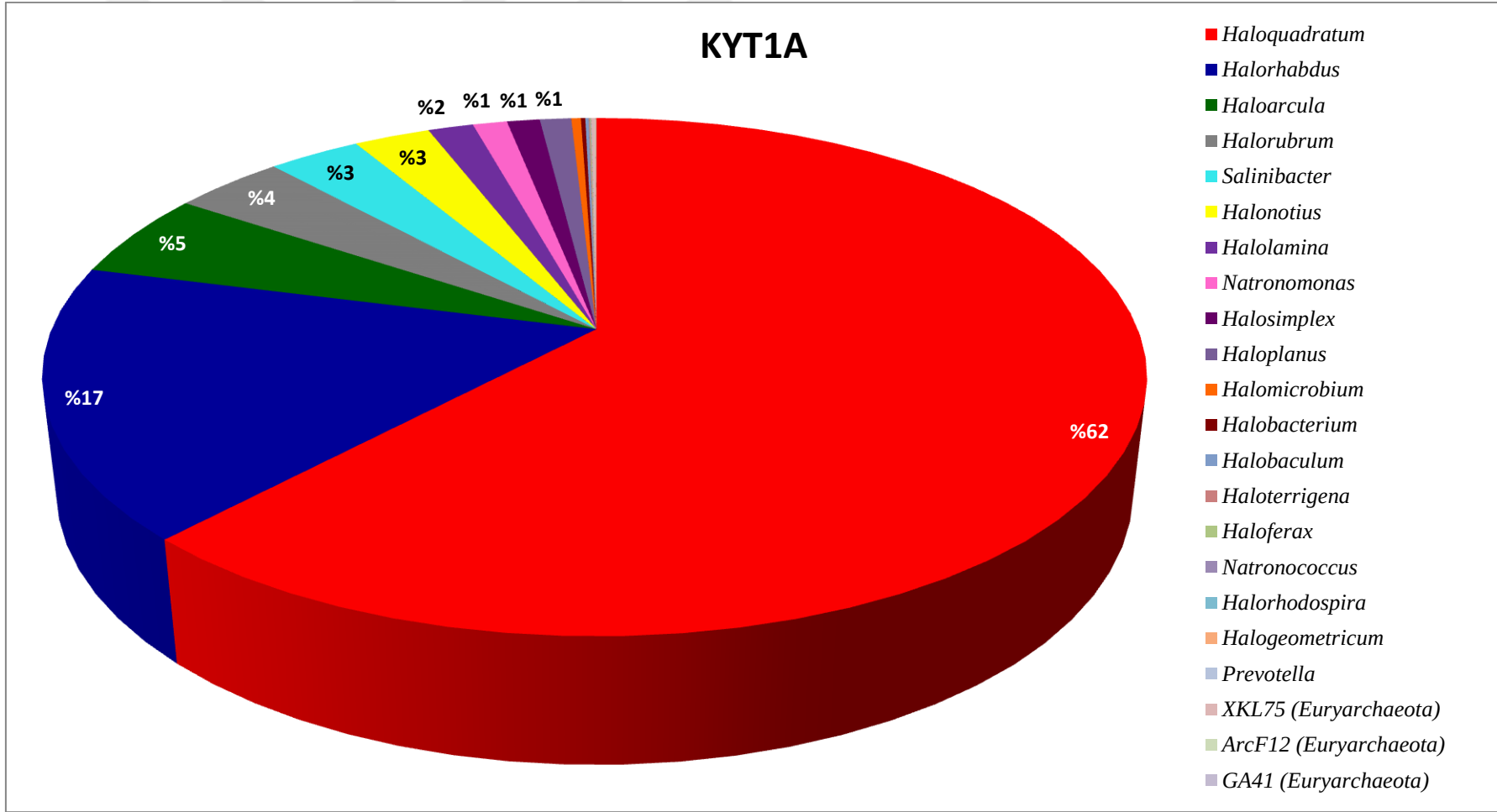
Kayacık Tuzlasının KYT1 örnekleme bölgesinden toplanan KYT1A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %36.85'inin *Haloquadratum*, %10.08'inin *Halorhabdus*, %3.19'unun *Haloarcula*, %2.3'ünün *Halorubrum*, %1.91'inin *Salinibacter*, %1.58'inin *Halonotius*, %0.94'ünün *Halolamina*, %0.71'inin *Natronomonas*, %0.68'inin *Halosimplex*, %0.65'inin *Haloplanus*, %0.2'sinin *Halomicrobium*, %0.09'unun *Halobacterium*, %0.07'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.006'sinin *Natronococcus*, %0.003'ünün *Halorhodospira*, %0.003'ünün *Halogeometricum* ve %0.003'ünün *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.08 oranında XKL75, %0.02 oranında ArcF12 ve %0.003 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %24.82 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %15.33 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.12 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.15, Şekil 3.58).

KYT1A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %62.03'ünün *Haloquadratum*, %16.97'sinin *Halorhabdus*, %5.37'sinin *Haloarcula*, %3.87'sinin *Halorubrum*, %3.21'inin *Salinibacter*, %2.66'sinin *Halonotius*, %1.58'inin *Halolamina*, %1.20'sinin *Natronomonas*, %1.14'ünün *Halosimplex*, %1.09'unun *Haloplanus*, %0.34'ünün *Halomicrobium*, %0.15'inin *Halobacterium*, %0.12'sinin *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.01'inin *Natronococcus*, %0.005'inin *Halorhodospira*, %0.005'inin *Halogeometricum* ve %0.005'inin *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.13 oranında XKL75, %0.03 oranında ArcF12 ve %0.005 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.16).

KYT1A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Salinibacter* ve *Halonotius* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halolamina*, *Natronomonas*, *Halosimplex* ve *Haloplanus* cinsleri eklenmiştir.



Şekil 3.58. KYT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

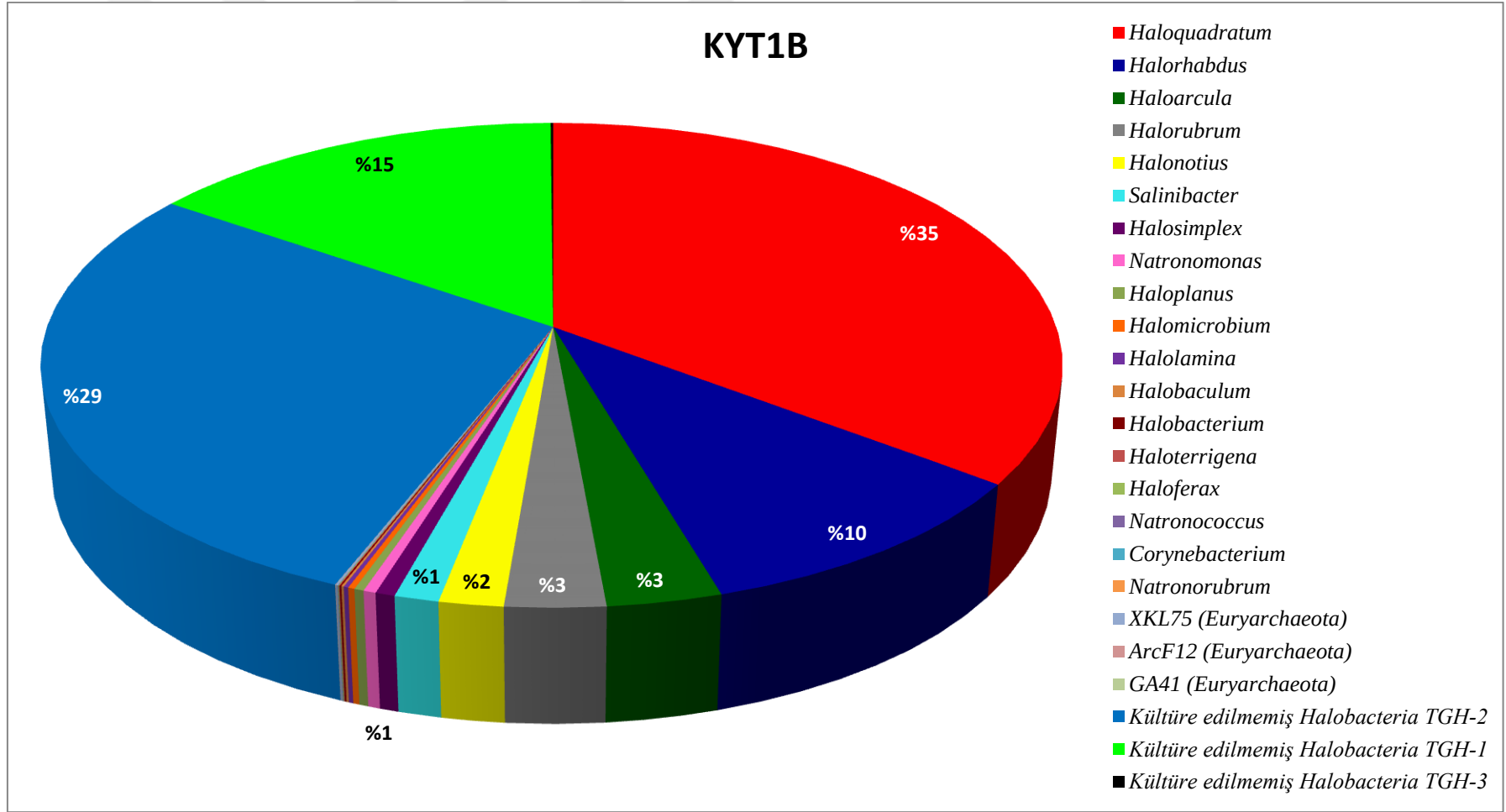


Şekil 3.59. KYT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

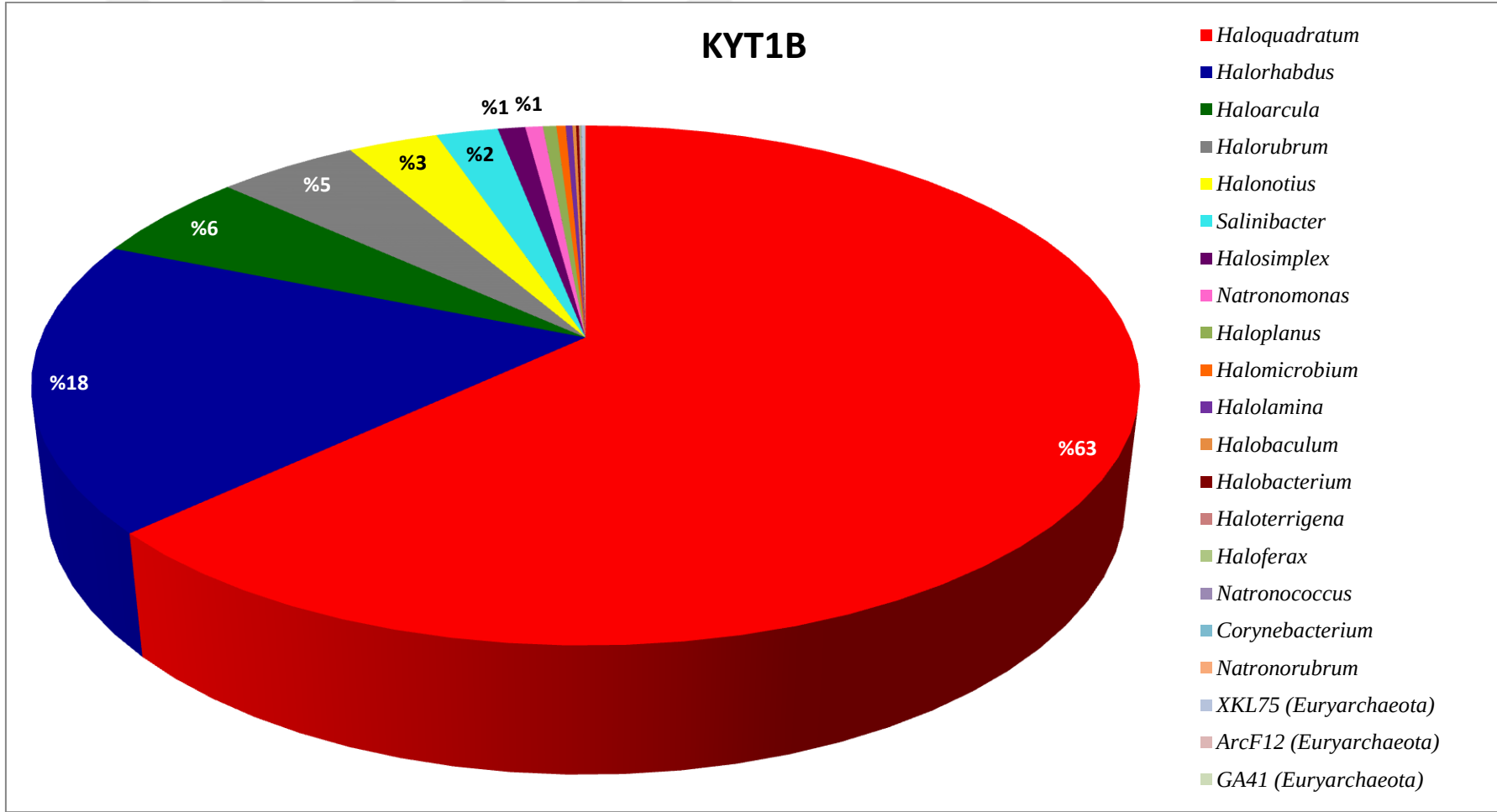
Kayacık Tuzlasının KYT1 örnekleme bölgesinden toplanan KYT1B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %34.98'inin *Haloquadratum*, %10.05'inin *Halorhabdus*, %3.1'inin *Haloarcula*, %2.71'inin *Halorubrum*, %1.74'ünün *Halonotius*, %1.2'sinin *Salinibacter*, %0.53'ünün *Halosimplex*, %0.34'ünün *Natronomonas*, %0.26'sinin *Haloplanus*, %0.18'inin *Halomicrobium*, %0.13'ünün *Halolamina*, %0.07'sinin *Halobaculum*, %0.05'inin *Halobacterium*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.008'inin *Natronococcus*, %0.008'inin *Corynebacterium* ve %0.004'ünün *Natronorubrum* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.06 oranında XKL75, %0.008 oranında ArcF12 ve %0.004 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %28.37 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %15.15 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.09 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.15, Şekil 3.60).

KYT1B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %63.06'sının *Haloquadratum*, %18.12'sinin *Halorhabdus*, %5.59'unun *Haloarcula*, %4.89'unun *Halorubrum*, %3.14'ünün *Halonotius*, %2.16'sinin *Salinibacter*, %0.96'sinin *Halosimplex*, %0.61'inin *Natronomonas*, %0.47'sinin *Haloplanus*, %0.32'sinin *Halomicrobium*, %0.23'ünün *Halolamina*, %0.13'ünün *Halobaculum*, %0.09'unun *Halobacterium*, %0.04'ünün *Haloterrigena*, %0.04'ünün *Haloferax*, %0.01'inin *Natronococcus*, %0.01'inin *Corynebacterium* ve %0.01'inin *Natronorubrum* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.11 oranında XKL75, %0.01 oranında ArcF12 ve %0.01 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.16, Şekil 3.61).

KYT1B örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halonotius* ve *Salinibacter* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere herhangi bir cins eklenmemiştir ancak yaklaşık %1 bolluğa sahip olan cins olarak *Halosimplex* cinsi saptanmıştır.



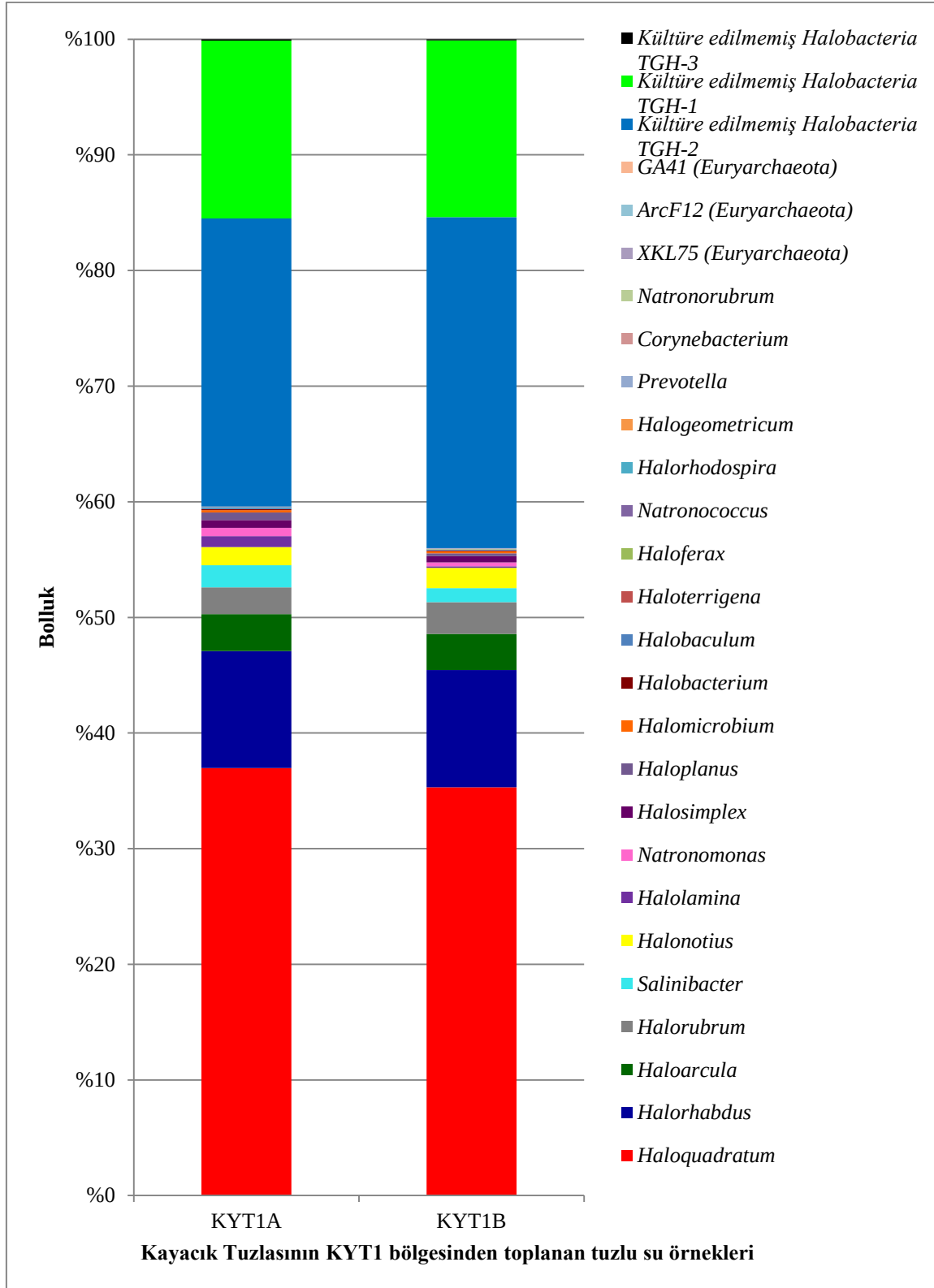
Şekil 3.60. KYT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



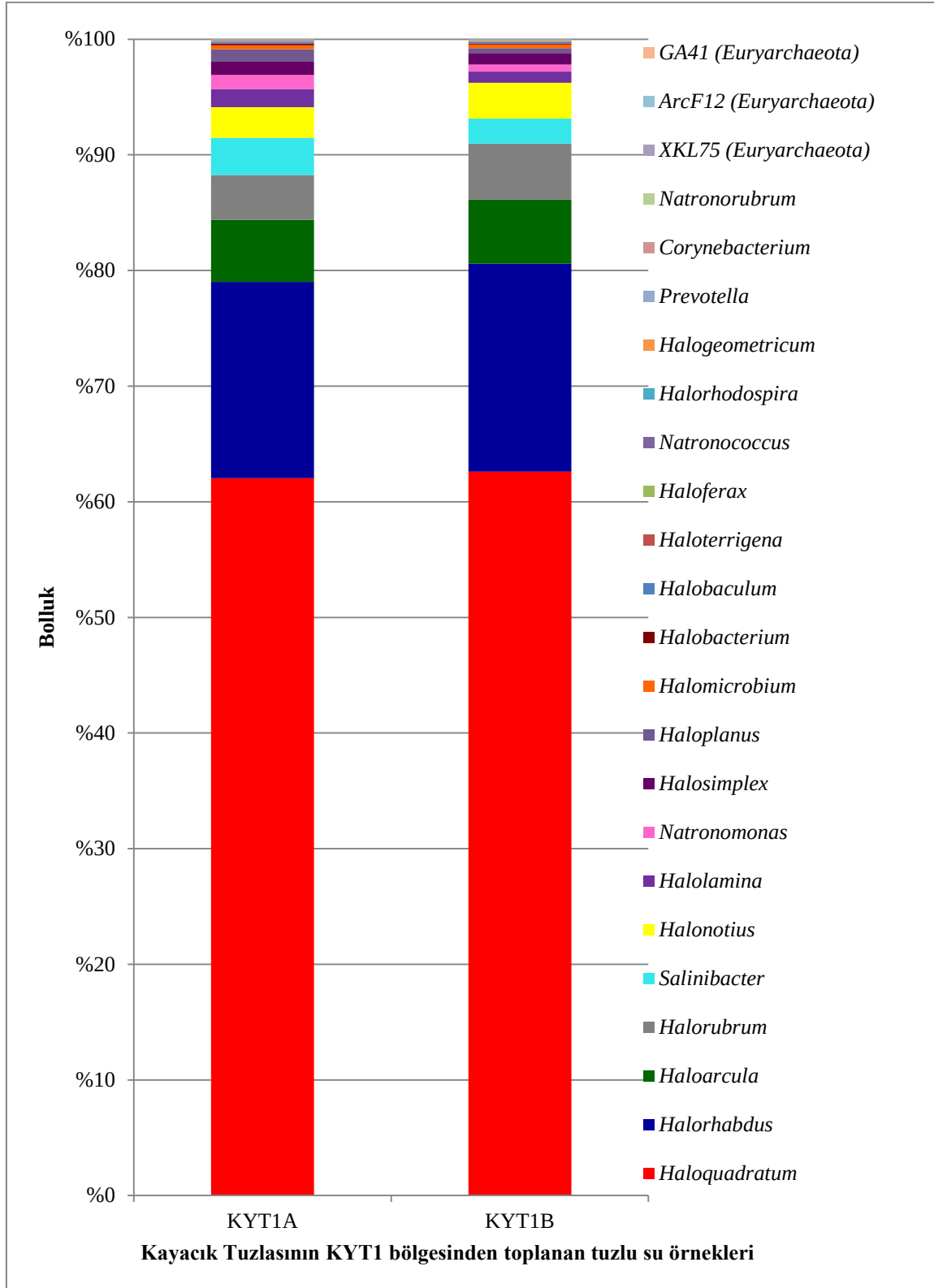
Şekil 3.61. KYT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Kayacık Tuzlasının KYT1 bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Salinibacter*, *Halonotius*, *Halolamina*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Haloplanus*, *Halomicrobium*, *Halobacterium*, *Halobaculum*, *Haloterrigena*, *Haloferax* ve *Natronococcus* cinsleri ile *Euryarchaeota* şubesine ait olan XKL75, ArcF12 ve GA41 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Halorhodospira*, *Halogeometricum* ve *Prevotella* cinsleri bu iki örnekten sadece KYT1A örneğinde bulunurken, *Corynebacterium* ve *Natronorubrum* cinsleri sadece KYT1B örneğinde bulunmuştur.

KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.62'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.63'te gösterilmektedir.



Şekil 3.62. Kayacık Tuzlasının KYT1 bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

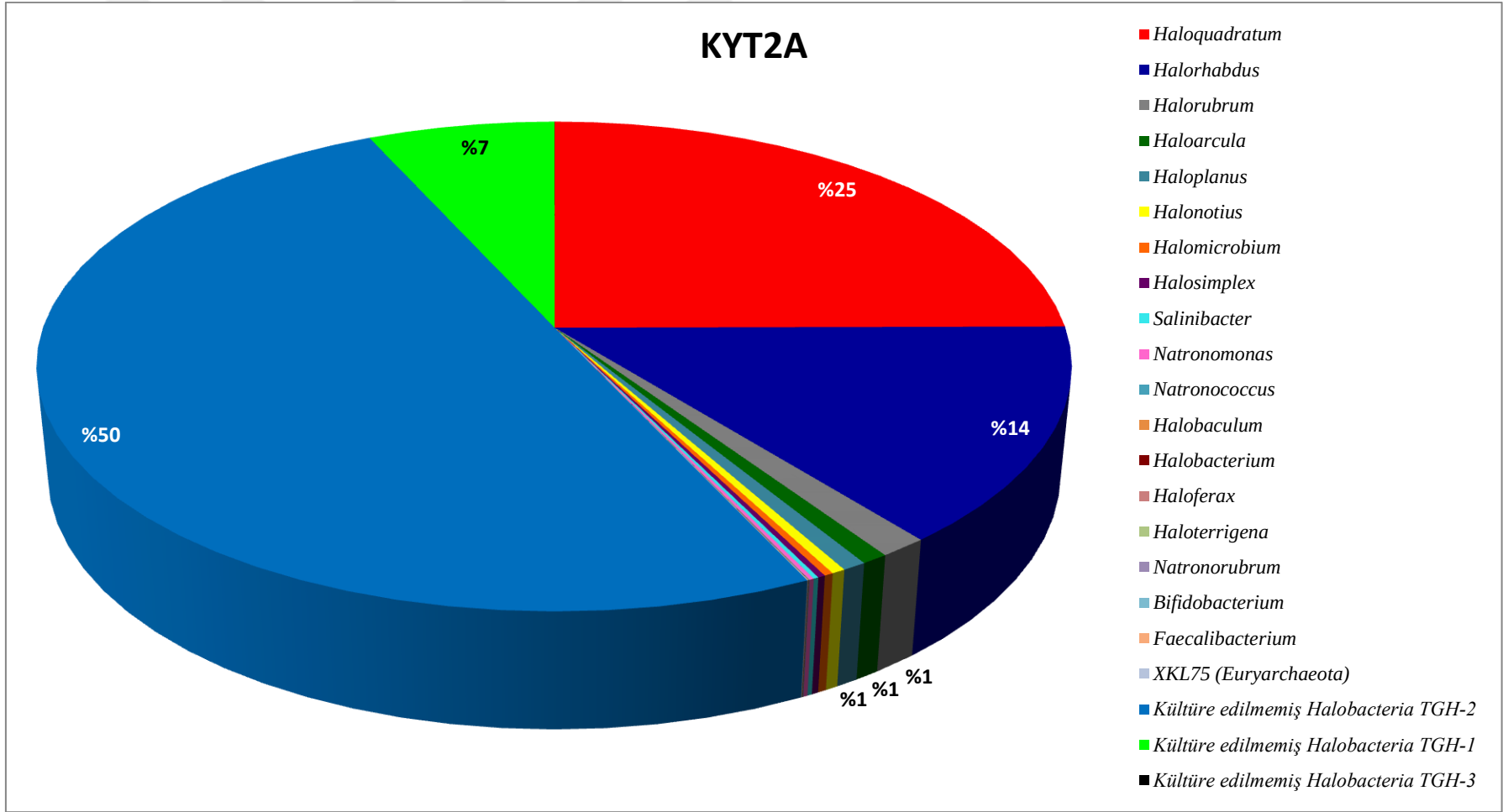


Şekil 3.63. Kayacık Tuzlasının KYT1 bölgesinden toplanan KYT1A ve KYT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

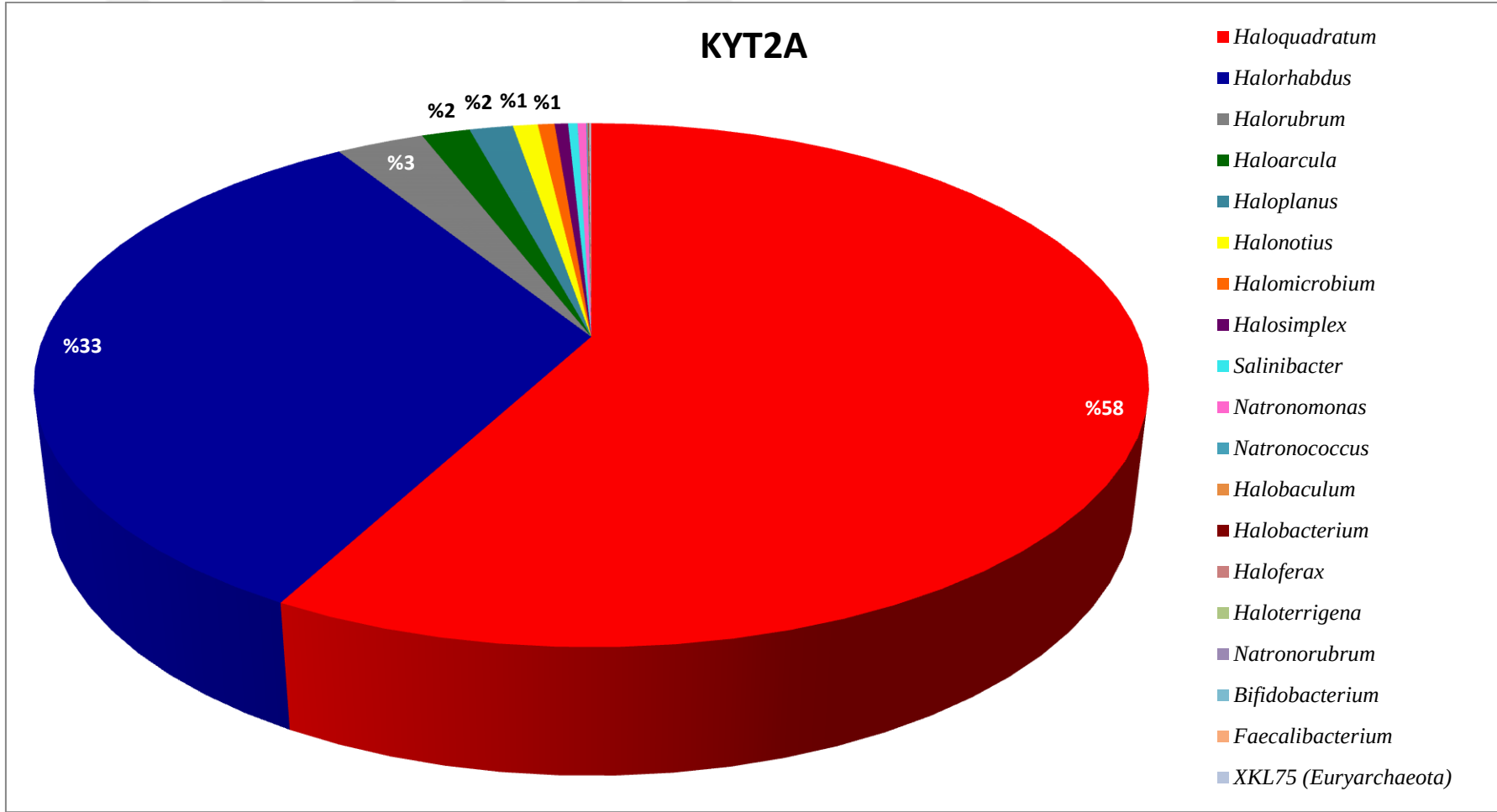
Kayacık Tuzlasının KYT2 örnekleme bölgesinden toplanan KYT2A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %24.87'sinin *Haloquadratum*, %14.26'sinin *Halorhabdus*, %1.31'inin *Halorubrum*, %0.72'sinin *Haloarcula*, %0.65'inin *Haloplanus*, %0.37'sinin *Halonotius*, %0.25'inin *Halomicrobium*, %0.2'sinin *Halosimplex*, %0.14'ünün *Salinibacter*, %0.13'ünün *Natronomonas*, %0.02'sinin *Natronococcus*, %0.01'inin *Halobaculum*, %0.006'sinin *Halobacterium*, %0.006'sinin *Haloferax*, %0.003'ünün *Haloterrigena*, %0.003'ünün *Natronorubrum*, %0.003'ünün *Bifidobacterium* ve %0.003'ünün *Faecalibacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %50.04 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %6.78 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.01 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.15, Şekil 3.64).

KYT2A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %57.88'inin *Haloquadratum*, %33.19'unun *Halorhabdus*, %3.05'inin *Halorubrum*, %1.68'inin *Haloarcula*, %1.51'inin *Haloplanus*, %0.86'sinin *Halonotius*, %0.58'inin *Halomicrobium*, %0.47'sinin *Halosimplex*, %0.33'ünün *Salinibacter*, %0.3'ünün *Natronomonas*, %0.05'inin *Natronococcus*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.01'inin *Haloferax*, %0.007'sinin *Haloterrigena*, %0.007'sinin *Natronorubrum*, %0.007'sinin *Bifidobacterium* ve %0.007'sinin *Faecalibacterium* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.05 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.16, Şekil 3.65).

KYT2A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Haloarcula* ve *Haloplanus* cinsleri eklenmiştir.



Şekil 3.64. KYT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

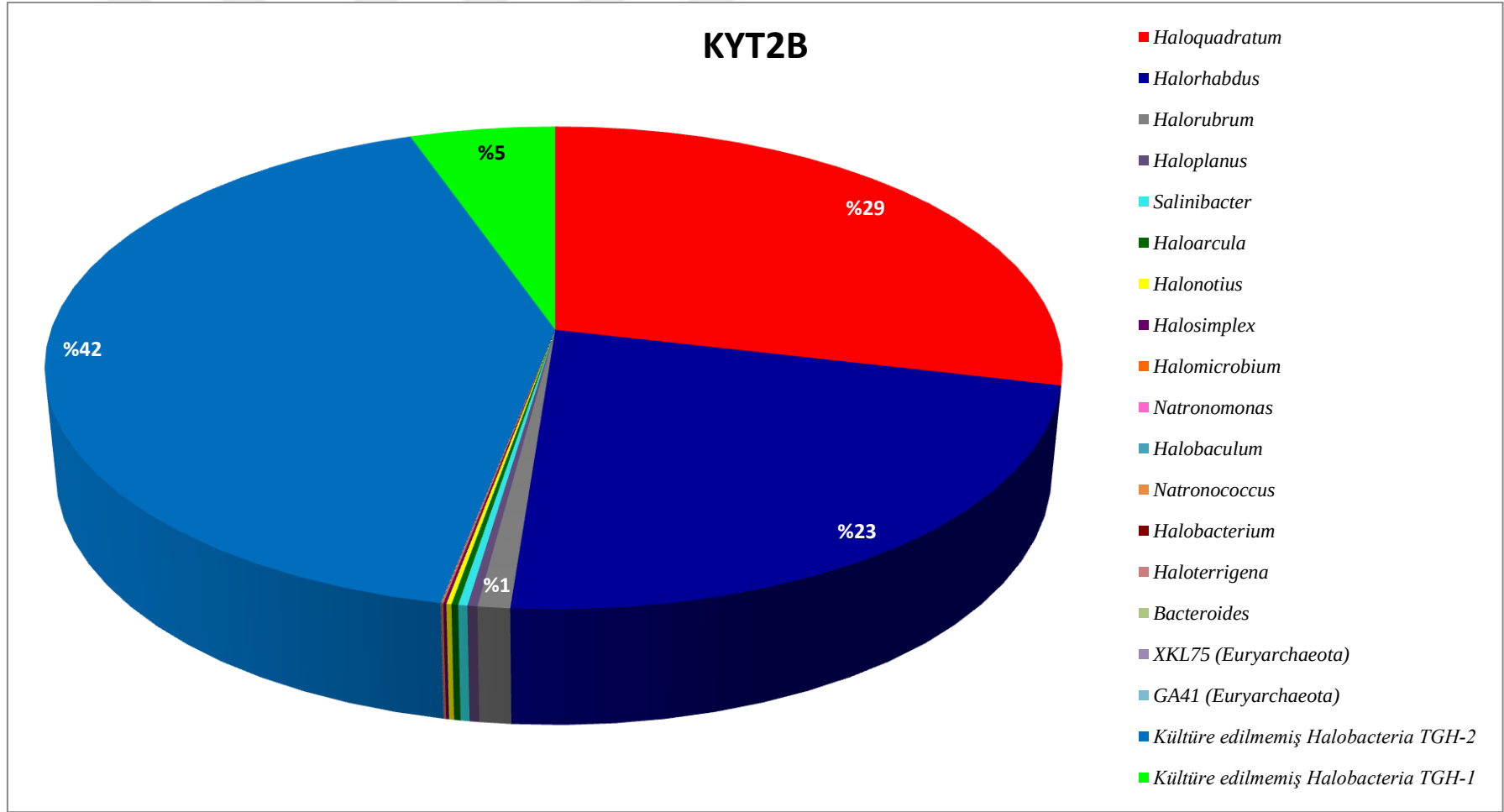


Şekil 3.65. KYT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

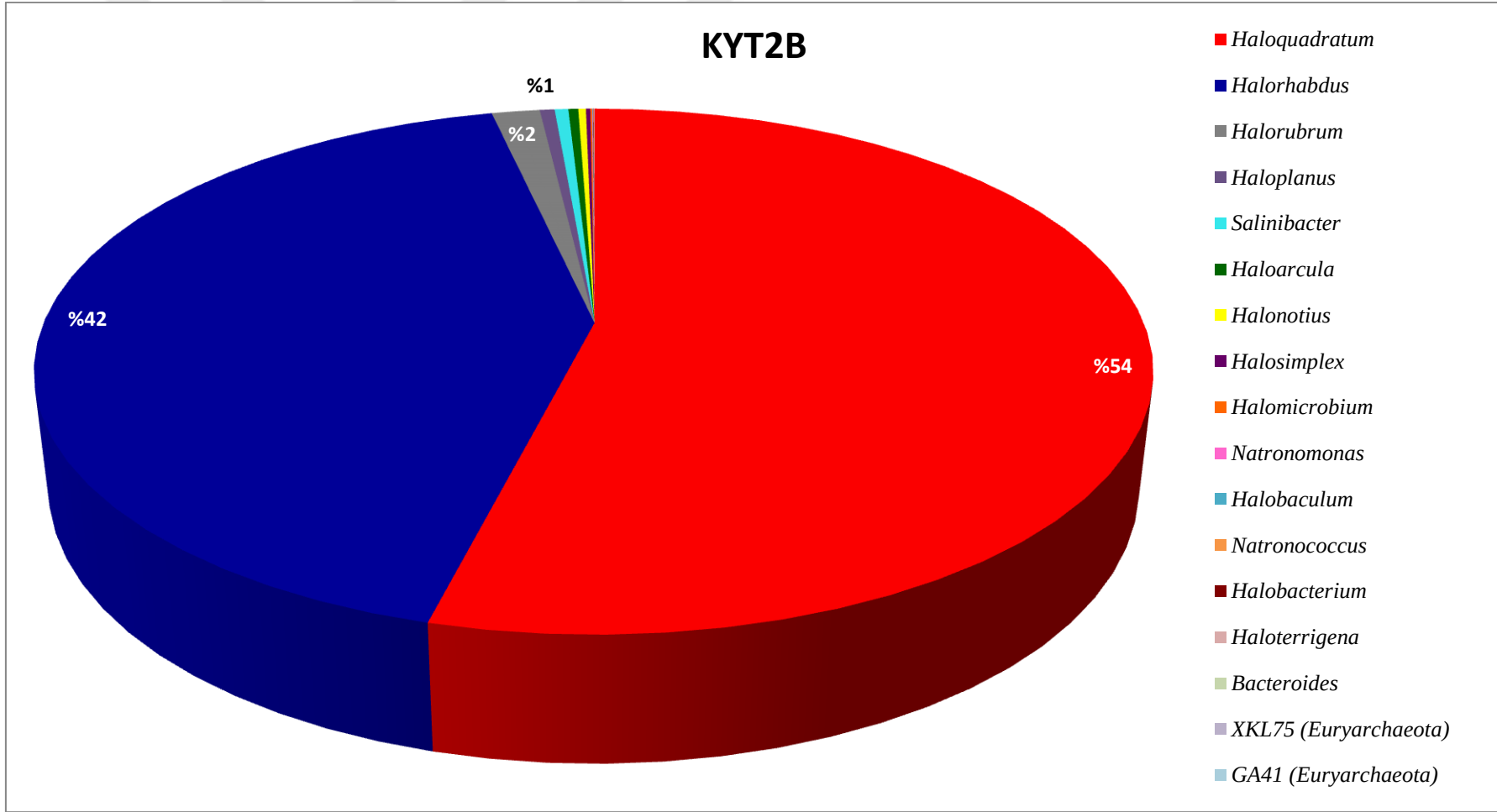
Kayacık Tuzlasının KYT2 örnekleme bölgesinden toplanan KYT2B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %28.61'inin *Haloquadratum*, %22.5'inin *Halorhabdus*, %0.88'inin *Halorubrum*, %0.27'sinin *Haloplanus*, %0.25'inin *Salinibacter*, %0.18'inin *Haloarcula*, %0.14'ünün *Halonotius*, %0.08'inin *Halosimplex*, %0.03'ünün *Halomicrobium*, %0.01'inin *Natronomonas*, %0.01'inin *Halobaculum*, %0.007'sinin *Natronococcus*, %0.005'inin *Halobacterium*, %0.002'sinin *Haloterrigena* ve %0.002'sinin *Bacteroides* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.009 oranında XKL75 ve %0.002 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %41.49 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %5.35 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 bulunmuştur (Tablo 3.15, Şekil 3.66).

KYT2B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %53.99'unun *Haloquadratum*, %42.46'sının *Halorhabdus*, %1.66'sının *Halorubrum*, %0.51'inin *Haloplanus*, %0.47'sinin *Salinibacter*, %0.34'ünün *Haloarcula*, %0.26'sının *Halonotius*, %0.15'inin *Halosimplex*, %0.06'sının *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Natronomonas*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.01'inin *Natronococcus*, %0.01'inin *Halobacterium*, %0.004'ünün *Haloterrigena* ve %0.004'ünün *Bacteroides* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 ve %0.004 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.16, Şekil 3.67).

KYT2B örneğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halorubrum* cinsi eklenmiştir.



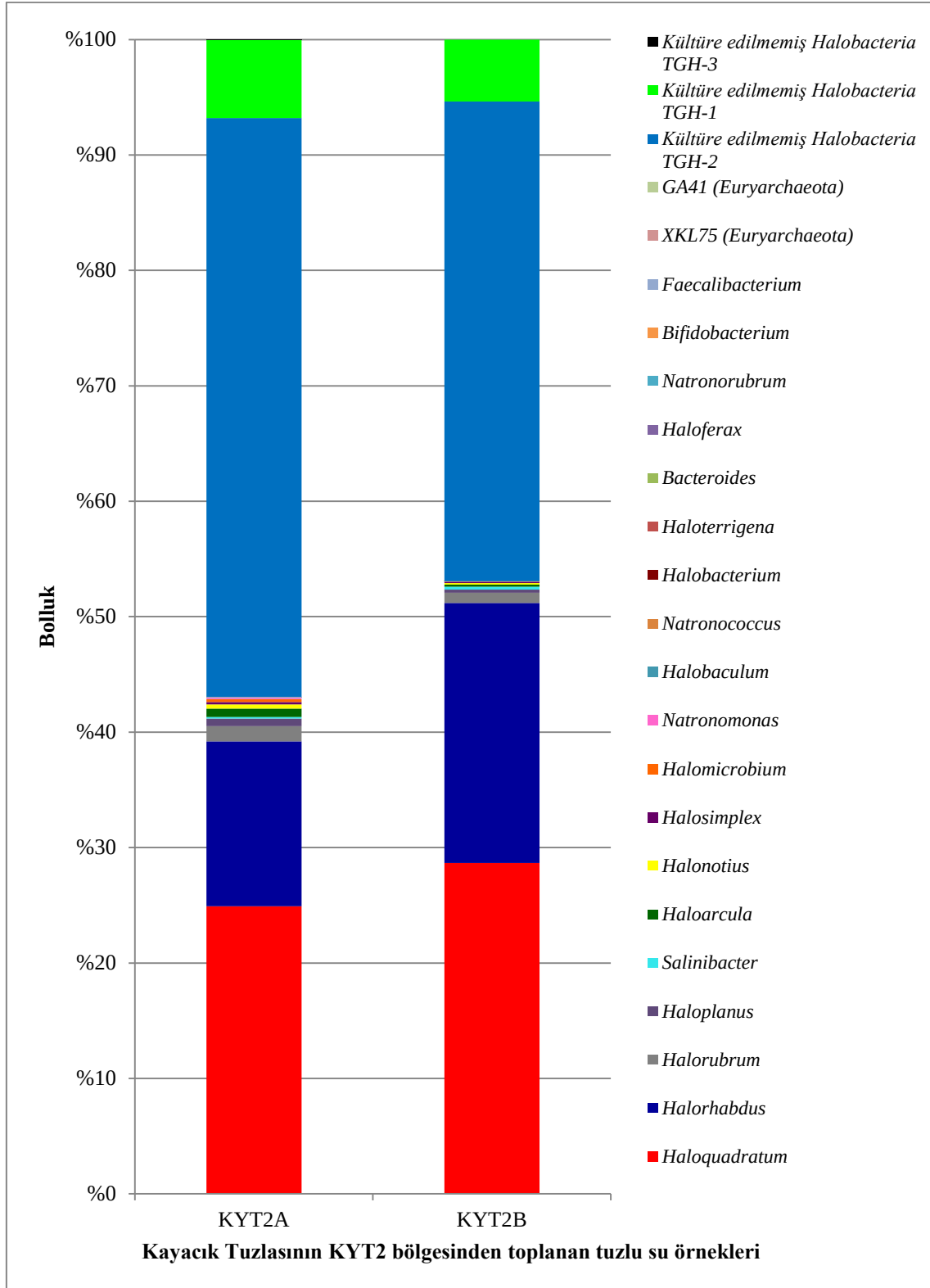
Şekil 3.66. KYT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



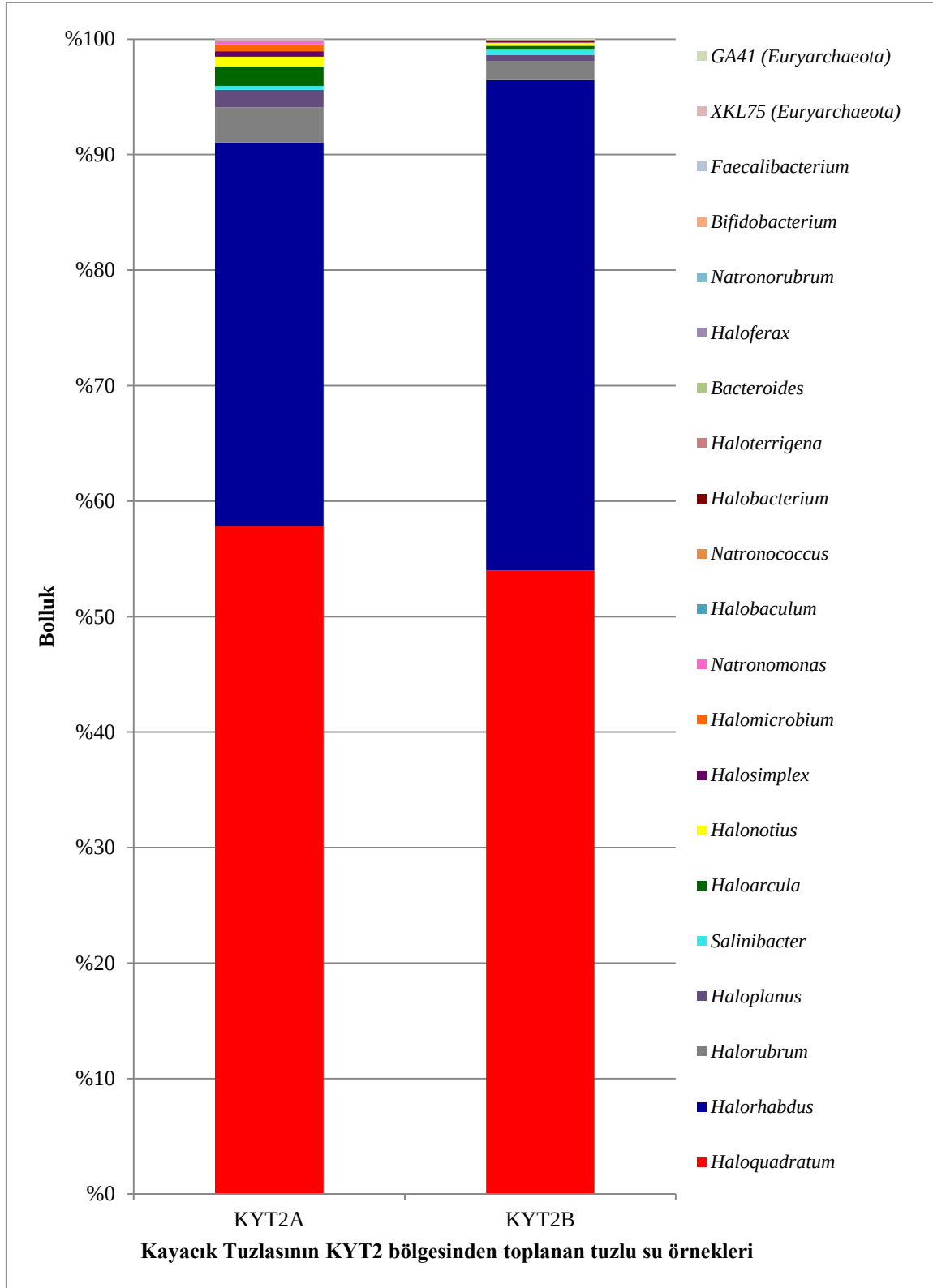
Şekil 3.67. KYT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Kayacık Tuzlasının KYT2 bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Haloplanus*, *Salinibacter*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Natronomonas*, *Halobaculum*, *Natronococcus*, *Halobacterium* ve *Haloterrigena* cinsleri ile XKL75 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 her iki örnekte de saptanmıştır. *Haloferax*, *Natronorubrum*, *Bifidobacterium* ve *Faecalibacterium* cinsleri ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bu iki örnekten sadece KYT2A örneğinde bulunurken, *Bacteroides* cinsi ile GA41 sadece KYT2B örneğinde bulunmuştur.

KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.68'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.69'da gösterilmektedir.



Şekil 3.68. Kayacık Tuzlasının KYT2 bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



Şekil 3.69. Kayacık Tuzlasının KYT2 bölgesinden toplanan KYT2A ve KYT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tablo 3.15. Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

KYT1A	%	KYT1B	%	KYT2A	%	KYT2B	%
<u><i>Haloquadratum</i></u>	36.8500	<u><i>Haloquadratum</i></u>	34.9800	<u>Kültüre edilmemiş</u>	50.0400	<u>Kültüre edilmemiş</u>	41.4900
				<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	
<u>Kültüre edilmemiş</u>	24.8200	<u>Kültüre edilmemiş</u>	28.3700	<u><i>Haloquadratum</i></u>	24.8700	<u><i>Haloquadratum</i></u>	28.6100
<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>					
<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.3300	<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.1500	<u><i>Halorhabdus</i></u>	14.2600	<u><i>Halorhabdus</i></u>	22.5000
<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>					
<u><i>Halorhabdus</i></u>	10.0800	<u><i>Halorhabdus</i></u>	10.0500	<u>Kültüre edilmemiş</u>	6.7800	<u>Kültüre edilmemiş</u>	5.3500
				<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	
<u><i>Haloarcula</i></u>	3.1900	<u><i>Haloarcula</i></u>	3.1000	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.3100	<u><i>Halorubrum</i></u>	0.8800
<u><i>Halorubrum</i></u>	2.3000	<u><i>Halorubrum</i></u>	2.7100	<u><i>Haloarcula</i></u>	0.7200	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.2700
<u><i>Salinibacter</i></u>	1.9100	<u><i>Halonotius</i></u>	1.7400	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.6500	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.2500
<u><i>Halonotius</i></u>	1.5800	<u><i>Salinibacter</i></u>	1.2000	<u><i>Halonotius</i></u>	0.3700	<u><i>Haloarcula</i></u>	0.1800
<u><i>Halolamina</i></u>	0.9400	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.5300	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.2500	<u><i>Halonotius</i></u>	0.1400
<u><i>Natronomonas</i></u>	0.7100	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.3400	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.2000	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.0800
<u><i>Halosimplex</i></u>	0.6800	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.2600	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.1400	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.0300
<u><i>Haloplanus</i></u>	0.6500	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.1800	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.1300	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.0100
<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.2000	<u><i>Halolamina</i></u>	0.1300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0200	<u><i>Halobaculum</i></u>	0.0100

Tablo 3.15. Devamı.

KYT1A	%	KYT1B	%	KYT2A	%	KYT2B	%
Kültüre edilmemiş	0.1200	Kültüre edilmemiş	0.0900	<i>Natronococcus</i>	0.0200	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0090
<i>Halobacteria</i> TGH-3		<i>Halobacteria</i> TGH-3					
<i>Halobacterium</i>	0.0900	<i>Halobaculum</i>	0.0700	<i>Halobaculum</i>	0.0100	<i>Natronococcus</i>	0.0070
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0800	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0600	Kültüre edilmemiş	0.0100	<i>Halobacterium</i>	0.0050
				<i>Halobacteria</i> TGH-3			
<i>Halobaculum</i>	0.0700	<i>Halobacterium</i>	0.0500	<i>Halobacterium</i>	0.0060	<i>Haloterrigena</i>	0.0020
<i>Haloterrigena</i>	0.0200	<i>Haloterrigena</i>	0.0200	<i>Haloferax</i>	0.0060	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0020
<i>Haloferax</i>	0.0200	<i>Haloferax</i>	0.0200	<i>Haloterrigena</i>	0.0030	<i>Bacteroides</i>	0.0020
ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0200	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0080	<i>Natronorubrum</i>	0.0030		
<i>Natronococcus</i>	0.0060	<i>Natronococcus</i>	0.0080	<i>Bifidobacterium</i>	0.0030		
<i>Halorhodospira</i>	0.0030	<i>Corynebacterium</i>	0.0080	<i>Faecalibacterium</i>	0.0030		
<i>Halogeometricum</i>	0.0030	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0040				
GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<i>Natronorubrum</i>	0.0040				
<i>Prevotella</i>	0.0030						

Tablo 3.16. Kayacık Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

KYT1A	%	KYT1B	%	KYT2A	%	KYT2B	%
<i>Haloquadratum</i>	62.0300	<i>Haloquadratum</i>	63.0600	<i>Haloquadratum</i>	57.8800	<i>Haloquadratum</i>	53.9900
<i>Halorhabdus</i>	16.9700	<i>Halorhabdus</i>	18.1200	<i>Halorhabdus</i>	33.1900	<i>Halorhabdus</i>	42.4600
<i>Haloarcula</i>	5.3700	<i>Haloarcula</i>	5.5900	<i>Halorubrum</i>	3.0500	<i>Halorubrum</i>	1.6600
<i>Halorubrum</i>	3.8700	<i>Halorubrum</i>	4.8900	<i>Haloarcula</i>	1.6800	<i>Haloplanus</i>	0.5100
<i>Salinibacter</i>	3.2100	<i>Halonotius</i>	3.1400	<i>Haloplanus</i>	1.5100	<i>Salinibacter</i>	0.4700
<i>Halonotius</i>	2.6600	<i>Salinibacter</i>	2.1600	<i>Halonotius</i>	0.8600	<i>Haloarcula</i>	0.3400
<i>Halolamina</i>	1.5800	<i>Halosimplex</i>	0.9600	<i>Halomicrobium</i>	0.5800	<i>Halonotius</i>	0.2600
<i>Natronomonas</i>	1.2000	<i>Natronomonas</i>	0.6100	<i>Halosimplex</i>	0.4700	<i>Halosimplex</i>	0.1500
<i>Halosimplex</i>	1.1400	<i>Haloplanus</i>	0.4700	<i>Salinibacter</i>	0.3300	<i>Halomicrobium</i>	0.0600
<i>Haloplanus</i>	1.0900	<i>Halomicrobium</i>	0.3200	<i>Natronomonas</i>	0.3000	<i>Natronomonas</i>	0.0200
<i>Halomicrobium</i>	0.3400	<i>Halolamina</i>	0.2300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0500	<i>Halobaculum</i>	0.0200
<i>Halobacterium</i>	0.1500	<i>Halobaculum</i>	0.1300	<i>Natronococcus</i>	0.0500	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0200
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.1300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.1100	<i>Halobaculum</i>	0.0200	<i>Natronococcus</i>	0.0100
<i>Halobaculum</i>	0.1200	<i>Halobacterium</i>	0.0900	<i>Halobacterium</i>	0.0100	<i>Halobacterium</i>	0.0100
<i>Haloterrigena</i>	0.0300	<i>Haloterrigena</i>	0.0400	<i>Haloferax</i>	0.0100	<i>Haloterrigena</i>	0.0040

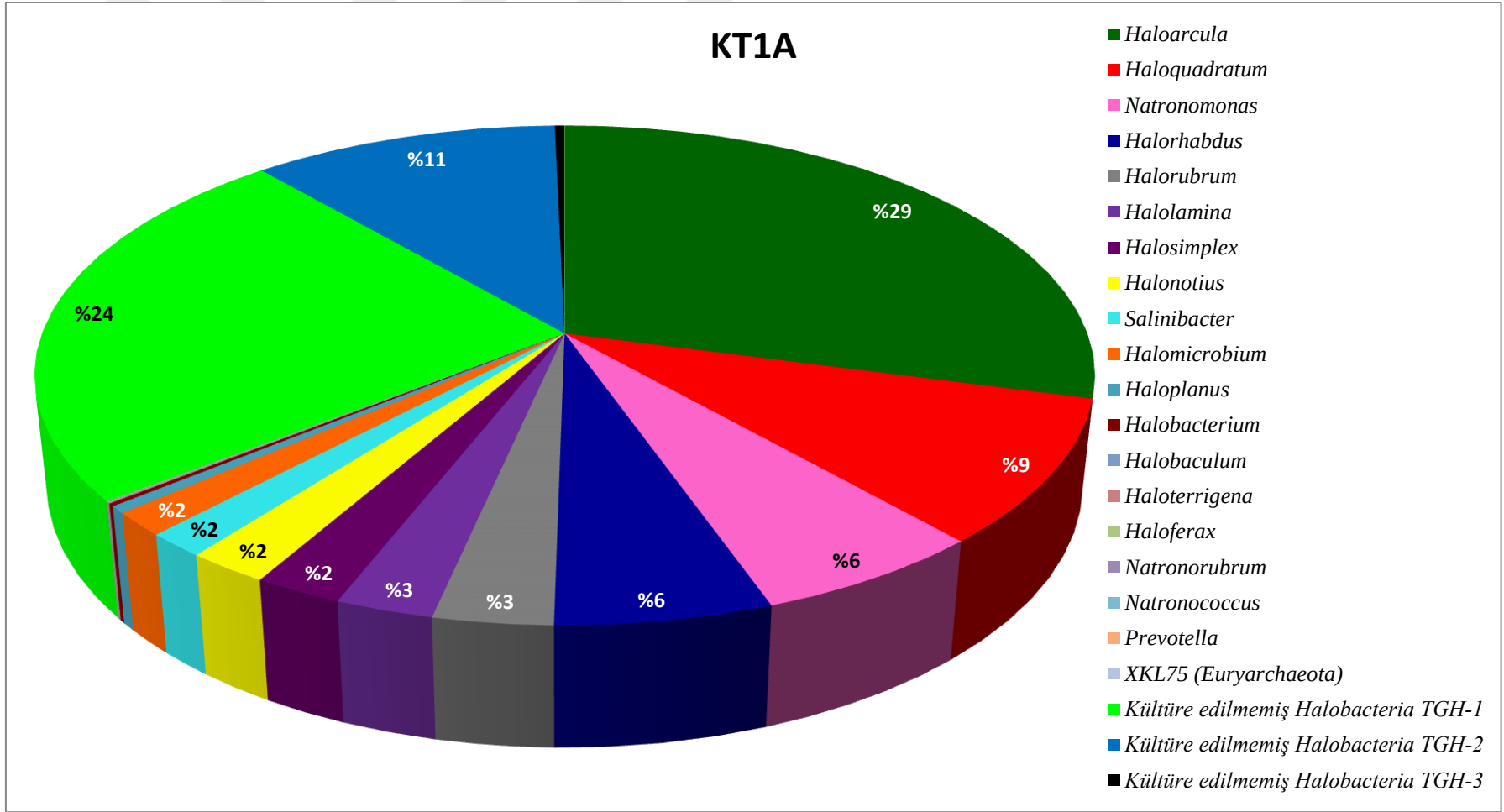
Tablo 3.16. Devamı.

KYT1A	%	KYT1B	%	KYT2A	%	KYT2B	%
<i>Haloferax</i>	0.0300	<i>Haloferax</i>	0.0400	<i>Haloterrigena</i>	0.0070	GA41 (Euryarchaeota)	0.0040
<i>ArcF12 (Euryarchaeota)</i>	0.0300	<i>ArcF12 (Euryarchaeota)</i>	0.0100	<i>Natronorubrum</i>	0.0070	<i>Bacteroides</i>	0.0040
<i>Natronococcus</i>	0.0100	<i>Natronococcus</i>	0.0100	<i>Bifidobacterium</i>	0.0070		
<i>Halorhodospira</i>	0.0050	<i>Corynebacterium</i>	0.0100	<i>Faecalibacterium</i>	0.0070		
<i>Halogeometricum</i>	0.0050	GA41 (Euryarchaeota)	0.0100				
GA41 (Euryarchaeota)	0.0050	<i>Natronorubrum</i>	0.0100				
<i>Prevotella</i>	0.0050						

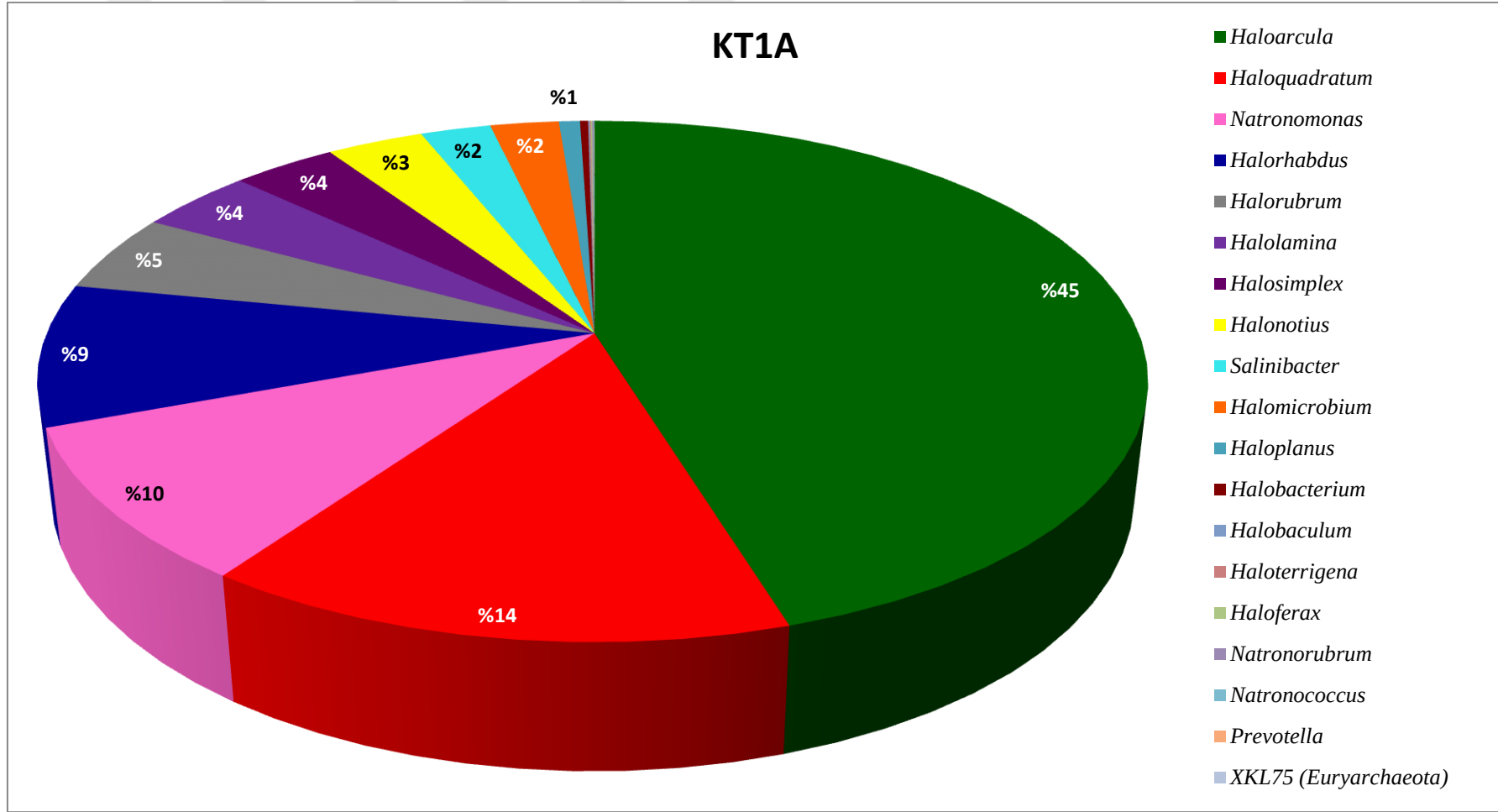
Kaldırım Tuzlasının KT1 örnekleme bölgesinden toplanan KT1A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %29.1'inin *Haloarcula*, %9.32'sinin *Haloquadratum*, %6.12'sinin *Natronomonas*, %5.67'sinin *Halorhabdus*, %3.13'ünün *Halorubrum*, %2.57'sinin *Halolamina*, %2.32'sinin *Halosimplex*, %2.16'sinin *Halonotius*, %1.57'sinin *Salinibacter*, %1.53'ünün *Halomicrobium*, %0.47'sinin *Haloplanus*, %0.18'unun *Halobacterium*, %0.03'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.03'ünün *Natronorubrum*, %0.009'unun *Natronococcus* ve %0.003'ünün *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.01 oranında XKL75 saptanmıştır. Numunede %24.27 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %10.98 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.35 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.17, Şekil 3.70).

KT1A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %45.27'sinin *Haloarcula*, %14.5'inin *Haloquadratum*, %9.52'sinin *Natronomonas*, %8.82'sinin *Halorhabdus*, %4.87'sinin *Halorubrum*, %4'ünün *Halolamina*, %3.61'inin *Halosimplex*, %3.36'sinin *Halonotius*, %2.44'ünün *Salinibacter*, %2.38'inin *Halomicrobium*, %0.73'ünün *Haloplanus*, %0.28'inin *Halobacterium*, %0.05'inin *Halobaculum*, %0.05'inin *Haloterrigena*, %0.05'inin *Haloferax*, %0.05'inin *Natronorubrum*, %0.01'inin *Natronococcus* ve %0.005'inin *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 saptanmıştır (Tablo 3.18, Şekil 3.71).

KT1A örneğinde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Natronomonas*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Halolamina*, *Halosimplex*, *Halonotius*, *Salinibacter* ve *Halomicrobium* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.70. KT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

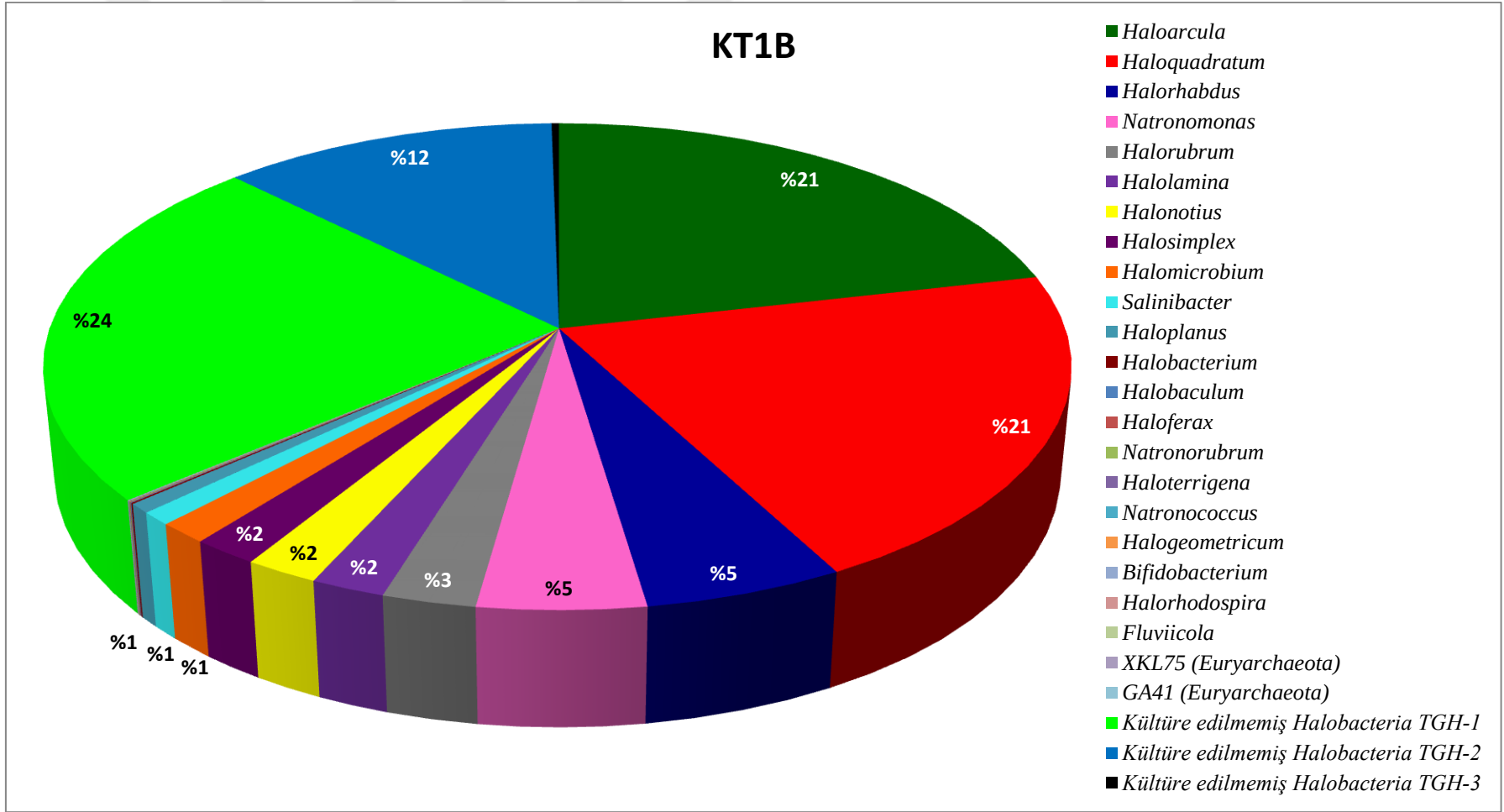


Şekil 3.71. KT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

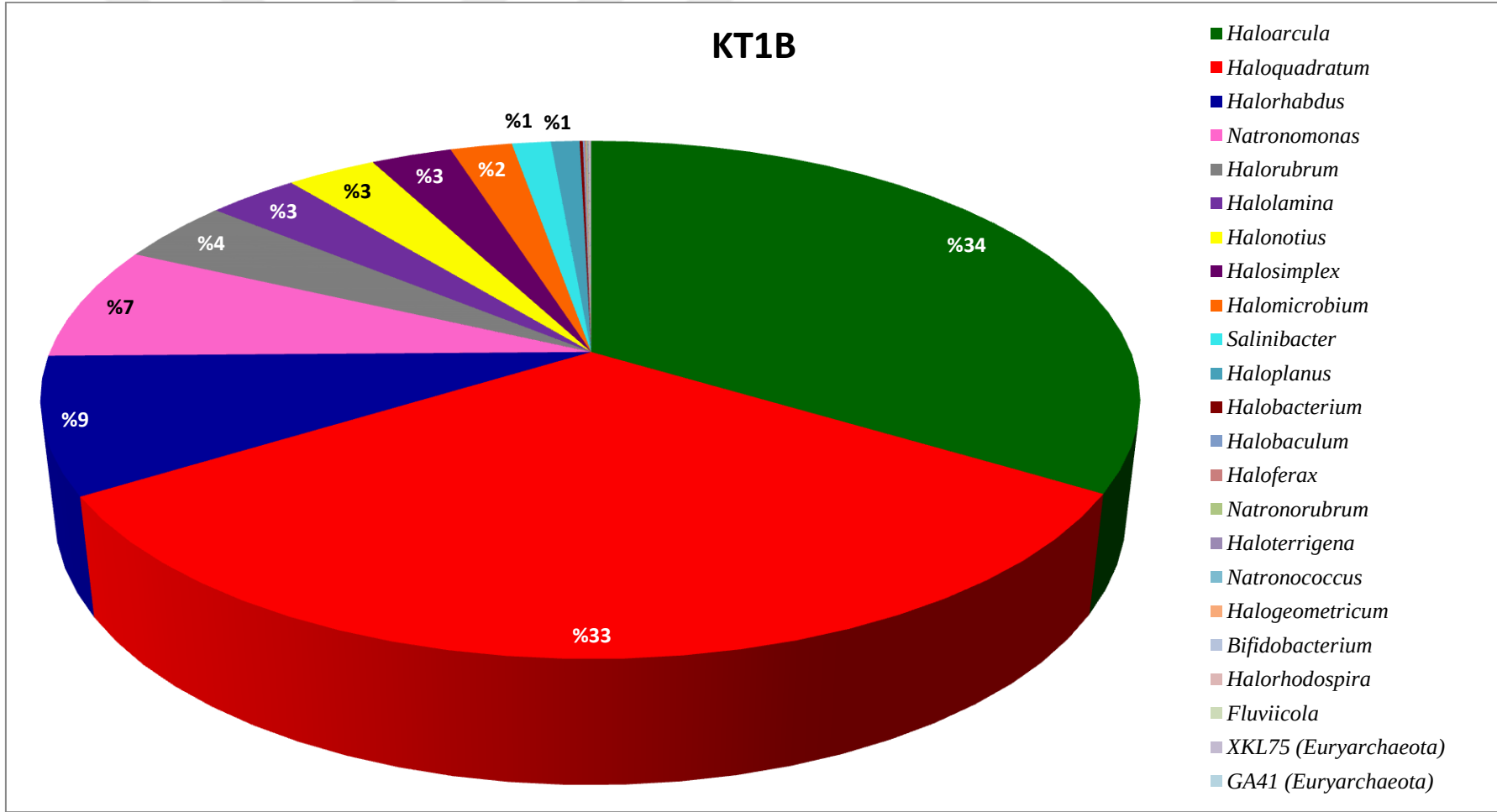
Kaldırım Tuzlasının KT1 örnekleme bölgesinden toplanan KT1B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %21.38'inin *Haloarcula*, %20.8'inin *Haloquadratum*, %5.42'sinin *Halorhabdus*, %4.55'inin *Natronomonas*, %2.54'ünün *Halorubrum*, %2.02'sinin *Halolamina*, %2'sinin *Halonotius*, %1.81'inin *Halosimplex*, %1.38'inin *Halomicrobium*, %0.87'sinin *Salinibacter*, %0.64'ünün *Haloplanus*, %0.07'sinin *Halobacterium*, %0.04'ünün *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.03'ünün *Natronorubrum*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.01'inin *Natronococcus*, %0.006'sinin *Halogeometricum*, %0.003'ünün *Bifidobacterium*, %0.003'ünün *Halorhodospira* ve %0.003'ünün *Fluviicola* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.04 oranında XKL75 ve %0.003 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %23.72 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %12.23 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.27 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.17, Şekil 3.72).

KT1B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %33.58'inin *Haloarcula*, %32.67'sinin *Haloquadratum*, %8.51'inin *Halorhabdus*, %7.15'inin *Natronomonas*, %3.99'unun *Halorubrum*, %3.17'sinin *Halolamina*, %3.14'ünün *Halonotius*, %2.84'ünün *Halosimplex*, %2.17'sinin *Halomicrobium*, %1.37'sinin *Salinibacter*, %1.01'inin *Haloplanus*, %0.11'inin *Halobacterium*, %0.06'sinin *Halobaculum*, %0.05'inin *Haloferax*, %0.05'inin *Natronorubrum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Natronococcus*, %0.009'unun *Halogeometricum*, %0.005'inin *Bifidobacterium*, %0.005'inin *Halorhodospira* ve %0.005'inin *Fluviicola* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.06 oranında XKL75 ve %0.005 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.18, Şekil 3.73).

KT1B örneğinde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halorubrum*, *Halolamina*, *Halonotius*, *Halosimplex* ve *Halomicrobium* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Salinibacter* ve *Haloplanus* cinsleri eklenmiştir.



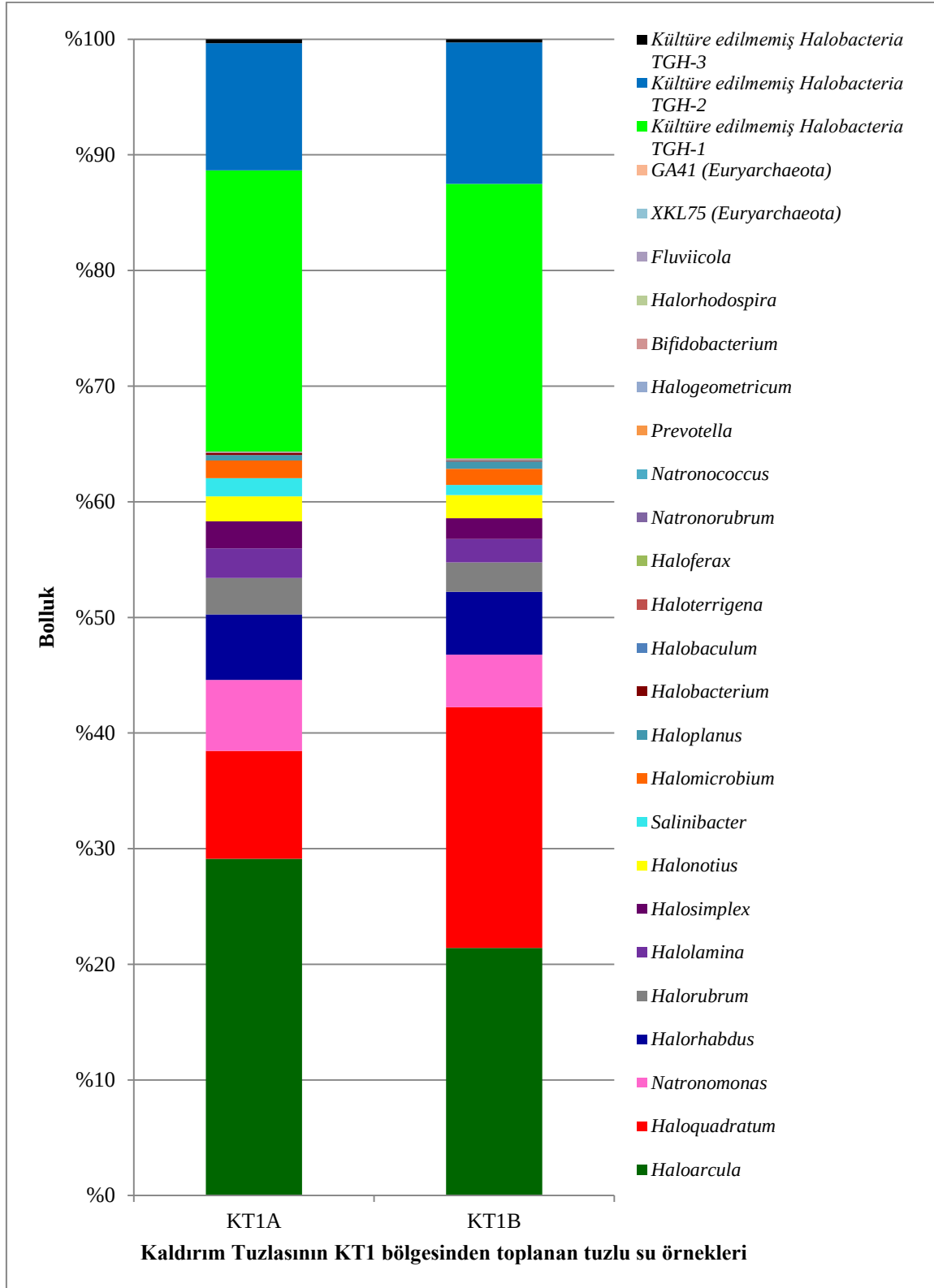
Şekil 3.72. KT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



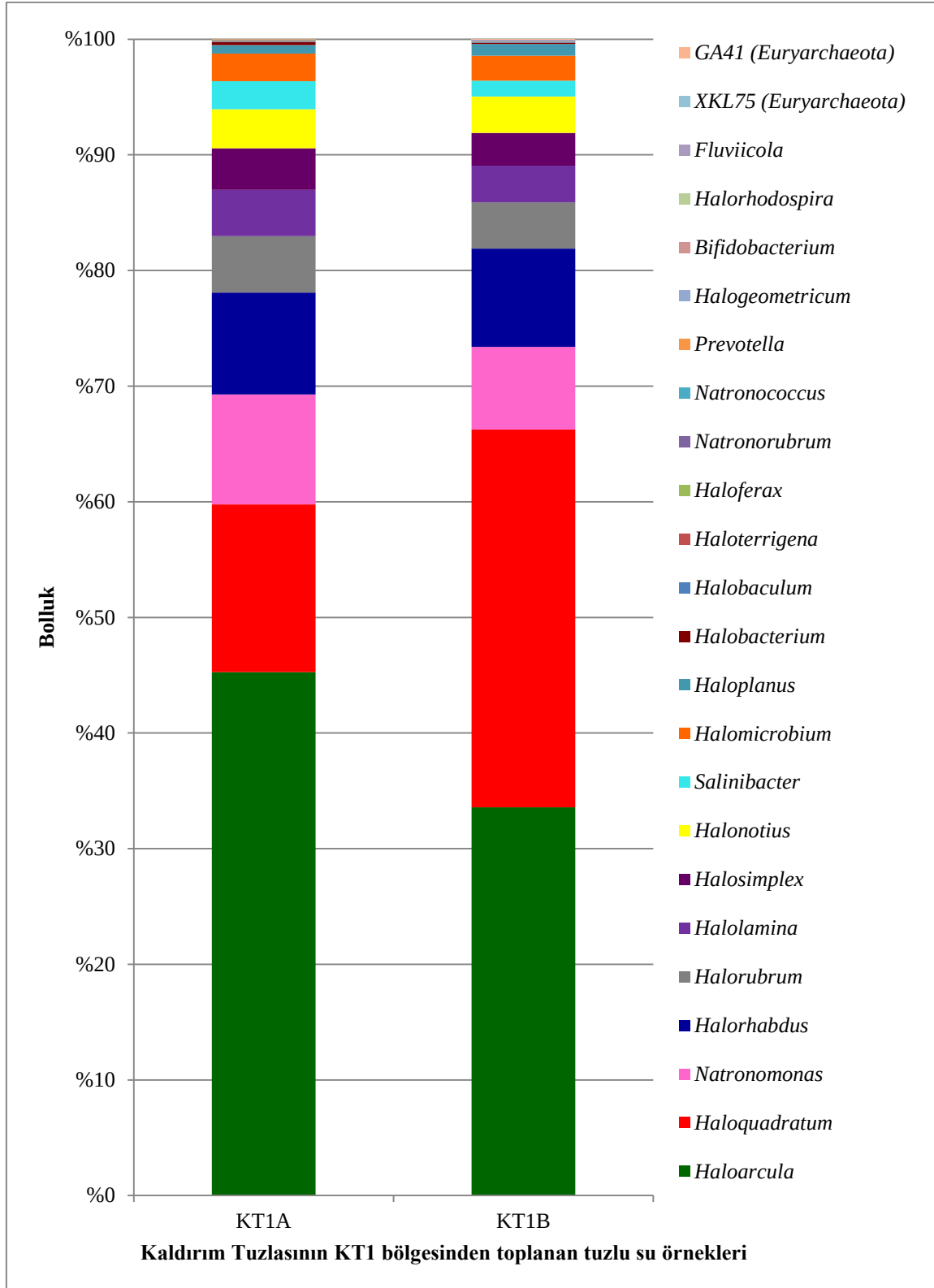
Şekil 3.73. KT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Kaldırım Tuzlasının KT1 bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloarcula*, *Haloquadratum*, *Natronomonas*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Halolamina*, *Halosimplex*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halobacterium*, *Halobaculum*, *Haloterrigena*, *Haloferax*, *Natronorubrum* ve *Natronococcus* cinsleri ile XKL75 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Prevotella* cinsi bu iki örnekten sadece KT1A örneğinde bulunurken, *Halogeometricum*, *Bifidobacterium*, *Halorhodospira* ve *Fluviicola* cinsleri ile GA41 sadece KT1B örneğinde bulunmuştur.

KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.74'te, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.75'te gösterilmektedir.



Şekil 3.74. Kaldırım Tuzlasının KT1 bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

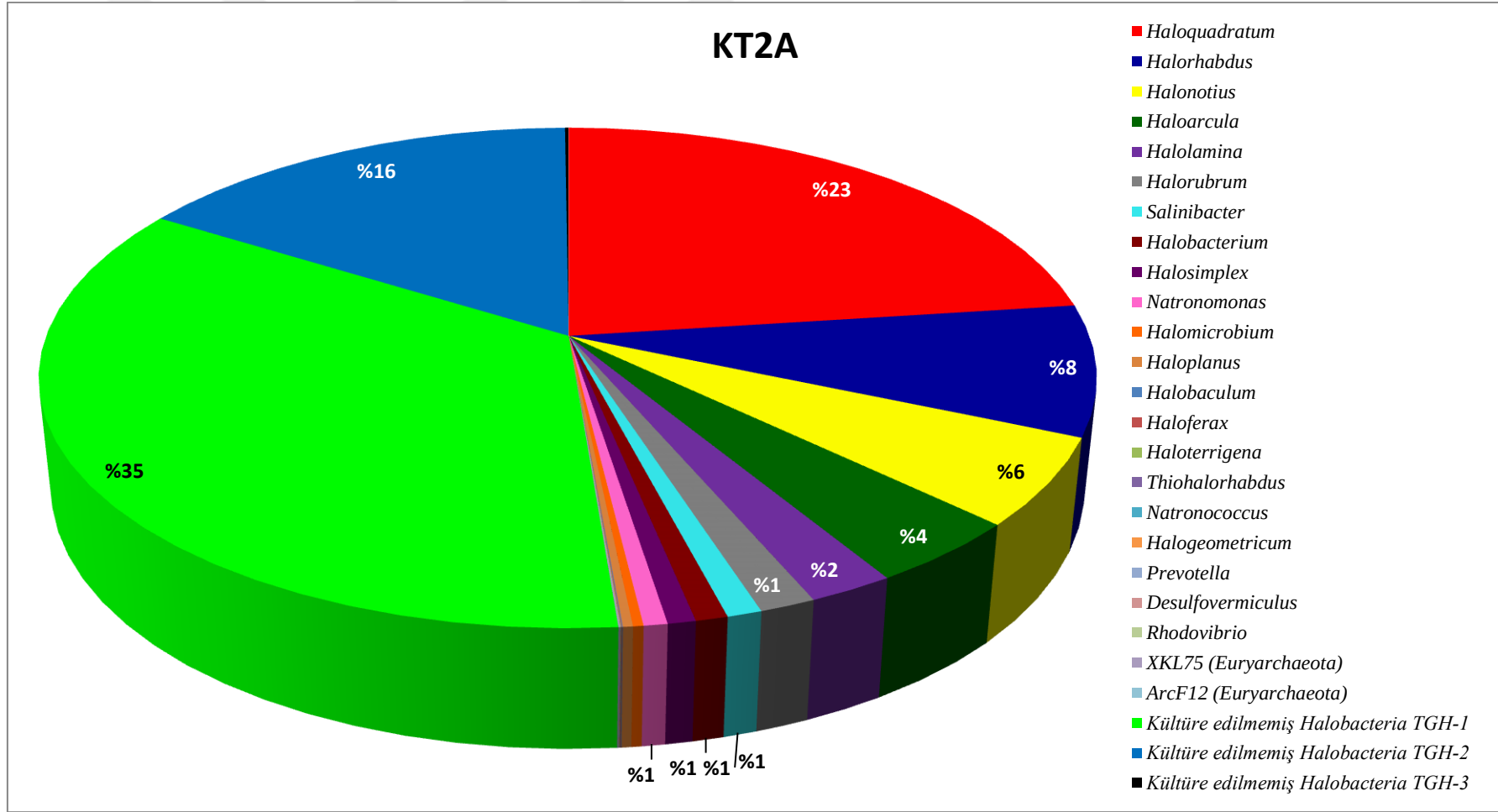


Şekil 3.75. Kaldırım Tuzlasının KT1 bölgesinden toplanan KT1A ve KT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

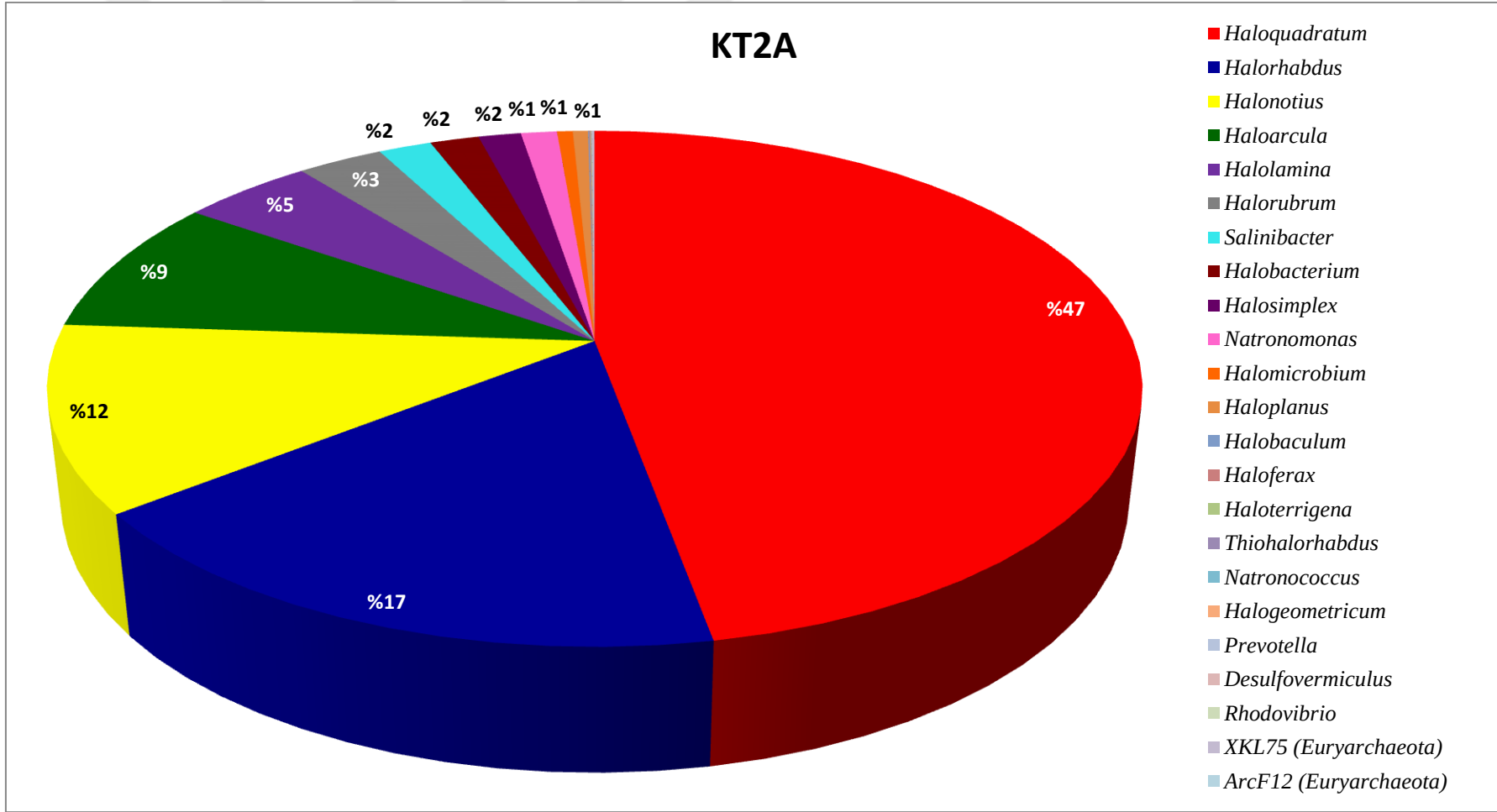
Kaldırım Tuzlasının KT2 örnekleme bölgesinden toplanan KT2A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %22.9'u *Haloquadratum*, %8.42'sinin *Halorhabdus*, %5.65'inin *Halonotius*, %4.18'inin *Haloarcula*, %2.25'inin *Halolamina*, %1.47'sinin *Halorubrum*, %0.91'inin *Salinibacter*, %0.84'ünün *Halobacterium*, %0.73'ünün *Halosimplex*, %0.62'sinin *Natronomonas*, %0.27'sinin *Halomicrobium*, %0.26'sinin *Haloplanus*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.005'inin *Thiohalorhabdus*, %0.003'ünün *Natronococcus*, %0.003'ünün *Halogeometricum*, %0.003'ünün *Prevotella*, %0.003'ünün *Desulfovermiculus* ve %0.003'ünün *Rhodovibrio* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.04 oranında XKL75 ve %0.003 oranında ArcF12 saptanmıştır. Numunede %34.98 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %16.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.13 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.17, Şekil 3.76).

KT2A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %47.11'inin *Haloquadratum*, %17.32'sinin *Halorhabdus*, %11.62'sinin *Halonotius*, %8.6'sinin *Haloarcula*, %4.63'ünün *Halolamina*, %3.02'sinin *Halorubrum*, %1.87'sinin *Salinibacter*, %1.73'ünün *Halobacterium*, %1.5'inin *Halosimplex*, %1.28'inin *Natronomonas*, %0.56'sinin *Halomicrobium*, %0.53'ünün *Haloplanus*, %0.04'ünün *Halobaculum*, %0.04'ünün *Haloferax*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.01'inin *Thiohalorhabdus*, %0.006'sinin *Natronococcus*, %0.006'sinin *Halogeometricum*, %0.006'sinin *Prevotella*, %0.006'sinin *Desulfovermiculus* ve %0.006'sinin *Rhodovibrio* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.08 oranında XKL75 ve %0.006 oranında ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.18, Şekil 3.77).

KT2A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Haloarcula*, *Halolamina* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Salinibacter*, *Halobacterium*, *Halosimplex* ve *Natronomonas* cinsleri eklenmiştir.



Şekil 3.76. KT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

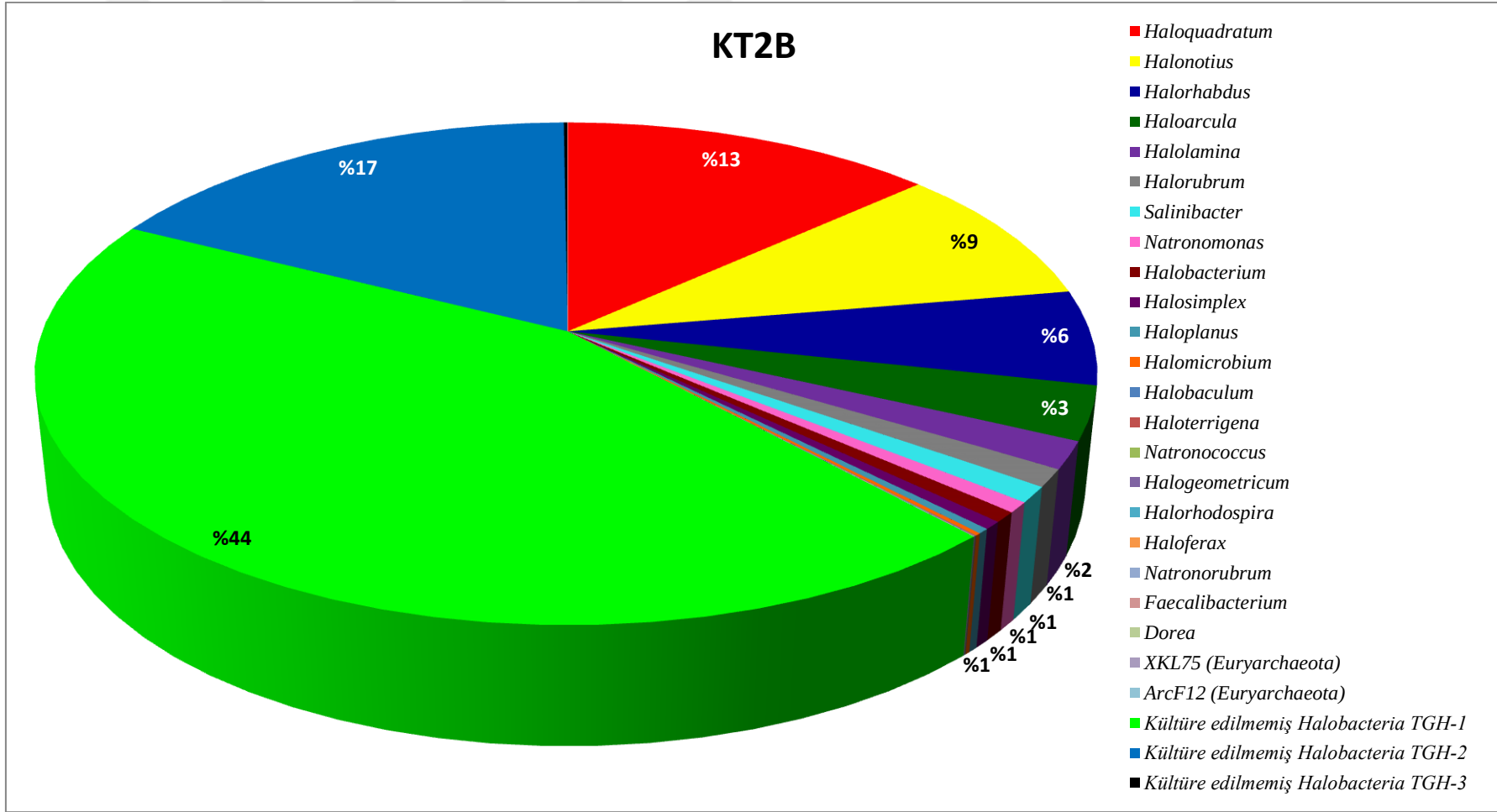


Şekil 3.77. KT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

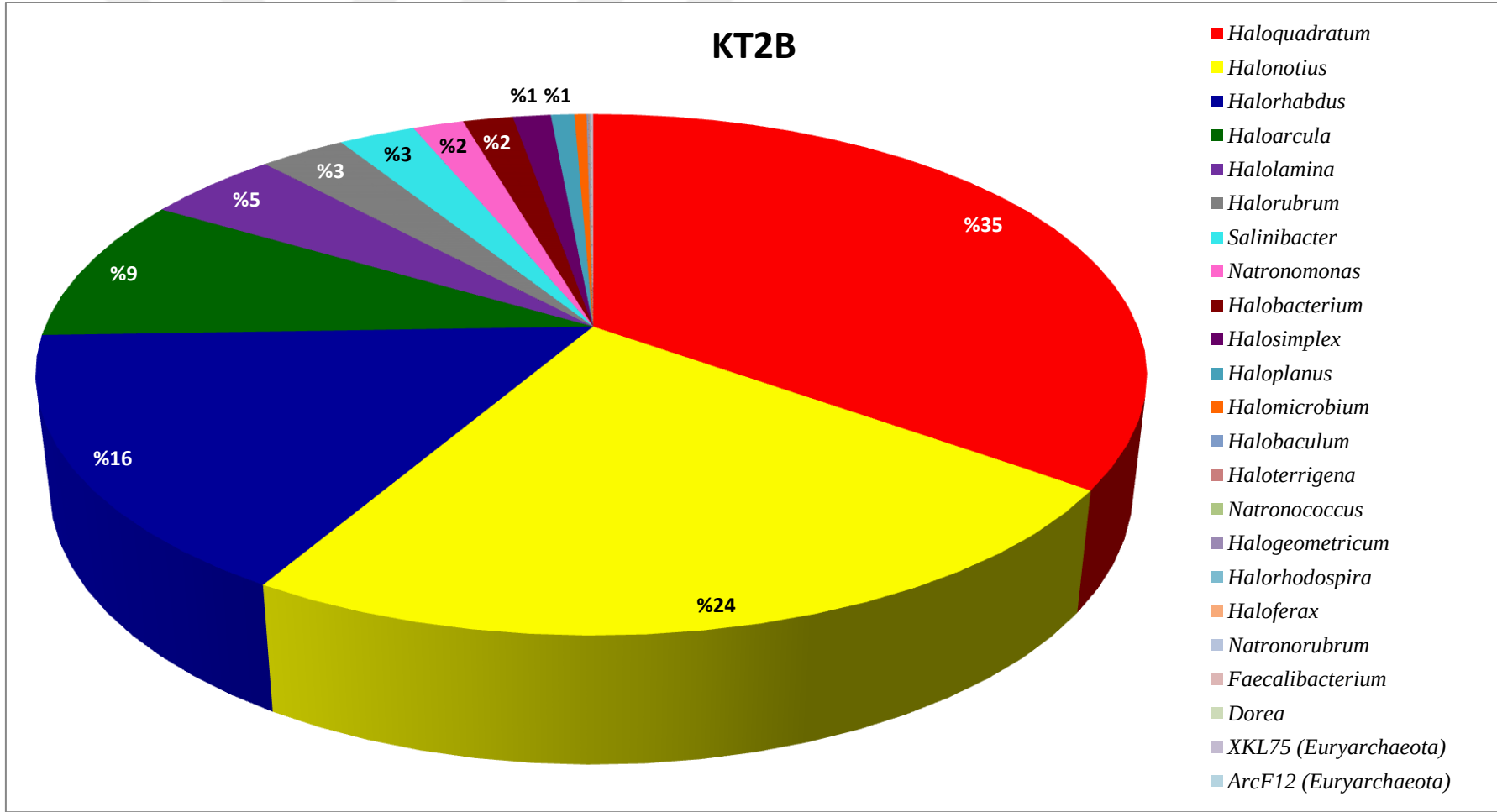
Kaldırım Tuzlasının KT2 örnekleme bölgesinden toplanan KT2B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %13.26'sının *Haloquadratum*, %8.96'sının *Halonotius*, %6.09'unun *Halorhabdus*, %3.43'ünün *Haloarcula*, %1.75'inin *Halolamina*, %1.13'ünün *Halorubrum*, %1.01'inin *Salinibacter*, %0.67'sinin *Natronomonas*, %0.66'sinin *Halobacterium*, %0.5'inin *Halosimplex*, %0.31'inin *Haloplanus*, %0.16'sinin *Halomicrobium*, %0.02'sinin *Halobaculum*, %0.01'inin *Haloterrigena*, %0.007'sinin *Natronococcus*, %0.007'sinin *Halogeometricum*, %0.007'sinin *Halorhodospira*, %0.003'ünün *Haloferax*, %0.003'ünün *Natronorubrum*, %0.003'ünün *Faecalibacterium* ve %0.003'ünün *Dorea* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 ve %0.003 oranında ArcF12 saptanmıştır. Numunede %44.11 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %17.32 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.14 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.17, Şekil 3.78).

KT2B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %34.88'inin *Haloquadratum*, %23.57'sinin *Halonotius*, %16.02'sinin *Halorhabdus*, %9.02'sinin *Haloarcula*, %4.6'sinin *Halolamina*, %2.97'sinin *Halorubrum*, %2.66'sinin *Salinibacter*, %1.76'sinin *Natronomonas*, %1.74'ünün *Halobacterium*, %1.32'sinin *Halosimplex*, %0.82'sinin *Haloplanus*, %0.42'sinin *Halomicrobium*, %0.05'inin *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Natronococcus*, %0.02'sinin *Halogeometricum*, %0.02'sinin *Halorhodospira*, %0.008'inin *Haloferax*, %0.008'inin *Natronorubrum*, %0.008'inin *Faecalibacterium* ve %0.008'inin *Dorea* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.05 oranında XKL75 ve %0.008 oranında ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.18, Şekil 3.79).

KT2B örneğinde *Haloquadratum*, *Halonotius*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halolamina*, *Halorubrum* ve *Salinibacter* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Natronomonas*, *Halobacterium* ve *Halosimplex* cinsleri eklenmiştir.



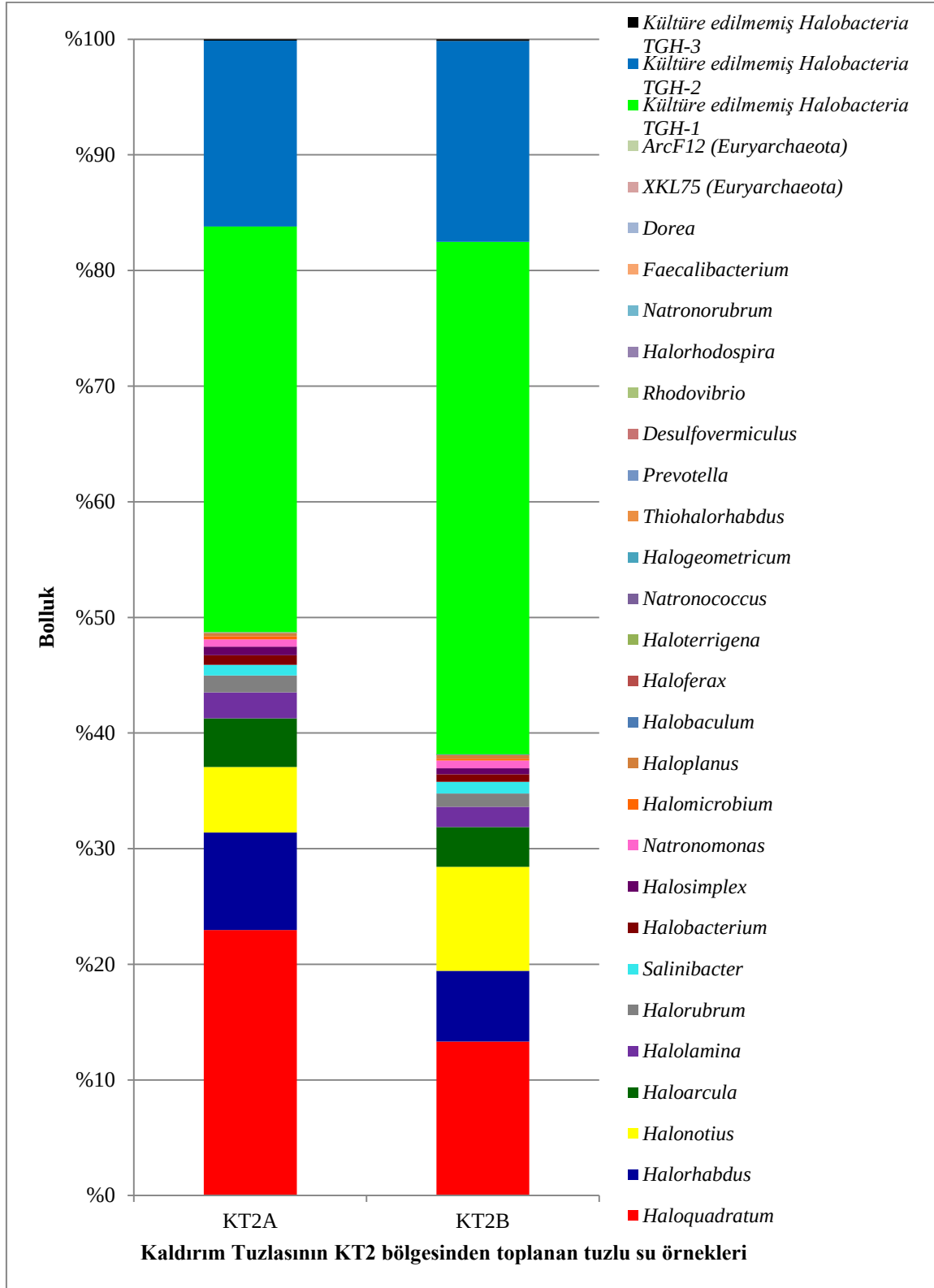
Şekil 3.78. KT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



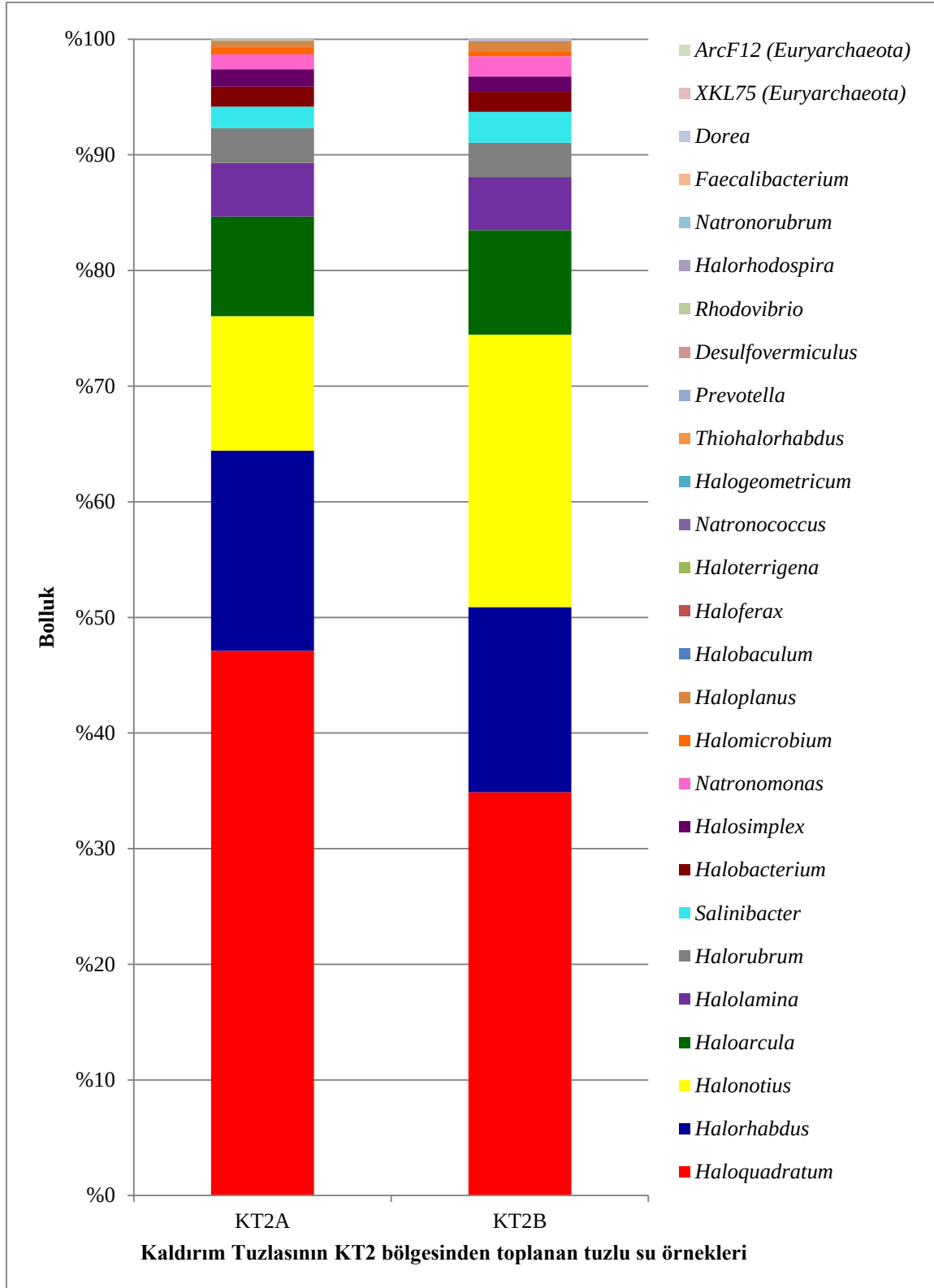
Şekil 3.79. KT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Kaldırım Tuzlasının KT2 bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Haloarcula*, *Halolamina*, *Halorubrum*, *Salinibacter*, *Halobacterium*, *Halosimplex*, *Natronomonas*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halobaculum*, *Haloferax*, *Haloterrigena*, *Natronococcus* ve *Halogeometricum* cinsleri ile XKL75 ve ArcF12 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Thiohalorhabdus*, *Prevotella*, *Desulfovermiculus* ve *Rhodovibrio* cinsleri bu iki örnekten sadece KT2A örneğinde bulunurken, *Halorhodospira*, *Natronorubrum*, *Faecalibacterium* ve *Dorea* cinsleri sadece KT1B örneğinde bulunmuştur.

KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.80'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.81'de gösterilmektedir.



Şekil 3.80. Kaldırım Tuzlasının KT2 bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacterium* TGH'lerin yüzde bollukları.



Şekil 3.81. Kaldırım Tuzlasının KT2 bölgesinden toplanan KT2A ve KT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tablo 3.17. Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH’lerin yüzde bollukları.

KT1A	%	KT1B	%	KT2A	%	KT2B	%
<u><i>Haloarcula</i></u>	29.1000	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	23.7200	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	34.9800	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	44.1100
<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	24.2700	<u><i>Haloarcula</i></u>	21.3800	<u><i>Haloquadratum</i></u>	22.9000	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	17.3200
<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	10.9800	<u><i>Haloquadratum</i></u>	20.8000	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	16.0200	<u><i>Haloquadratum</i></u>	13.2600
<u><i>Haloquadratum</i></u>	9.3200	<u>Kültüre edilmemiş</u> <u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	12.2300	<u><i>Halorhabdus</i></u>	8.4200	<u><i>Halonotius</i></u>	8.9600
<u><i>Natronomonas</i></u>	6.1200	<u><i>Halorhabdus</i></u>	5.4200	<u><i>Halonotius</i></u>	5.6500	<u><i>Halorhabdus</i></u>	6.0900
<u><i>Halorhabdus</i></u>	5.6700	<u><i>Natronomonas</i></u>	4.5500	<u><i>Haloarcula</i></u>	4.1800	<u><i>Haloarcula</i></u>	3.4300
<u><i>Halorubrum</i></u>	3.1300	<u><i>Halorubrum</i></u>	2.5400	<u><i>Halolamina</i></u>	2.2500	<u><i>Halolamina</i></u>	1.7500
<u><i>Halolamina</i></u>	2.5700	<u><i>Halolamina</i></u>	2.0200	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.4700	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.1300
<u><i>Halosimplex</i></u>	2.3200	<u><i>Halonotius</i></u>	2.0000	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.9100	<u><i>Salinibacter</i></u>	1.0100
<u><i>Halonotius</i></u>	2.1600	<u><i>Halosimplex</i></u>	1.8100	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.8400	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.6700
<u><i>Salinibacter</i></u>	1.5700	<u><i>Halomicrobium</i></u>	1.3800	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.7300	<u><i>Halobacterium</i></u>	0.6600
<u><i>Halomicrobium</i></u>	1.5300	<u><i>Salinibacter</i></u>	0.8700	<u><i>Natronomonas</i></u>	0.6200	<u><i>Halosimplex</i></u>	0.5000
<u><i>Haloplanus</i></u>	0.4700	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.6400	<u><i>Halomicrobium</i></u>	0.2700	<u><i>Haloplanus</i></u>	0.3100

Tablo 3.17. Devamı.

KT1A	%	KT1B	%	KT2A	%	KT2B	%
Kültüre edilmemiş	0.3500	Kültüre edilmemiş	0.2700	<i>Haloplanus</i>	0.2600	<i>Halomicrobium</i>	0.1600
<i>Halobacteria</i> TGH-3		<i>Halobacteria</i> TGH-3					
<i>Halobacterium</i>	0.1800	<i>Halobacterium</i>	0.0700	Kültüre edilmemiş	0.1300	Kültüre edilmemiş	0.1400
				<i>Halobacteria</i> TGH-3		<i>Halobacteria</i> TGH-3	
<i>Halobaculum</i>	0.0300	<i>Halobaculum</i>	0.0400	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0400	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0200
<i>Haloterrigena</i>	0.0300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0400	<i>Halobaculum</i>	0.0200	<i>Halobaculum</i>	0.0200
<i>Haloferax</i>	0.0300	<i>Haloferax</i>	0.0300	<i>Haloferax</i>	0.0200	<i>Haloterrigena</i>	0.0100
<i>Natronorubrum</i>	0.0300	<i>Natronorubrum</i>	0.0300	<i>Haloterrigena</i>	0.0100	<i>Natronococcus</i>	0.0070
XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0100	<i>Haloterrigena</i>	0.0200	<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0050	<i>Halogeometricum</i>	0.0070
<i>Natronococcus</i>	0.0090	<i>Natronococcus</i>	0.0100	<i>Natronococcus</i>	0.0030	<i>Halorhodospira</i>	0.0070
<i>Prevotella</i>	0.0030	<i>Halogeometricum</i>	0.0060	<i>Halogeometricum</i>	0.0030	<i>Haloferax</i>	0.0030
		GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<i>Prevotella</i>	0.0030	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030
		<i>Bifidobacterium</i>	0.0030	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<i>Natronorubrum</i>	0.0030
		<i>Halorhodospira</i>	0.0030	<i>Desulfovermiculus</i>	0.0030	<i>Faecalibacterium</i>	0.0030
		<i>Fluviicola</i>	0.0030	<i>Rhodovibrio</i>	0.0030	<i>Dorea</i>	0.0030

Tablo 3.18. Kaldırım Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

KT1A	%	KT1B	%	KT2A	%	KT2B	%
<u>Haloarcula</u>	45.2700	<u>Haloarcula</u>	33.5800	<u>Haloquadratum</u>	47.1100	<u>Haloquadratum</u>	34.8800
<u>Haloquadratum</u>	14.5000	<u>Haloquadratum</u>	32.6700	<u>Halorhabdus</u>	17.3200	<u>Halonotius</u>	23.5700
<u>Natronomonas</u>	9.5200	<u>Halorhabdus</u>	8.5100	<u>Halonotius</u>	11.6200	<u>Halorhabdus</u>	16.0200
<u>Halorhabdus</u>	8.8200	<u>Natronomonas</u>	7.1500	<u>Haloarcula</u>	8.6000	<u>Haloarcula</u>	9.0200
<u>Halorubrum</u>	4.8700	<u>Halorubrum</u>	3.9900	<u>Halolamina</u>	4.6300	<u>Halolamina</u>	4.6000
<u>Halolamina</u>	4.0000	<u>Halolamina</u>	3.1700	<u>Halorubrum</u>	3.0200	<u>Halorubrum</u>	2.9700
<u>Halosimplex</u>	3.6100	<u>Halonotius</u>	3.1400	<u>Salinibacter</u>	1.8700	<u>Salinibacter</u>	2.6600
<u>Halonotius</u>	3.3600	<u>Halosimplex</u>	2.8400	<u>Halobacterium</u>	1.7300	<u>Natronomonas</u>	1.7600
<u>Salinibacter</u>	2.4400	<u>Halomicrobium</u>	2.1700	<u>Halosimplex</u>	1.5000	<u>Halobacterium</u>	1.7400
<u>Halomicrobium</u>	2.3800	<u>Salinibacter</u>	1.3700	<u>Natronomonas</u>	1.2800	<u>Halosimplex</u>	1.3200
<u>Haloplanus</u>	0.7300	<u>Haloplanus</u>	1.0100	<u>Halomicrobium</u>	0.5600	<u>Haloplanus</u>	0.8200
<u>Halobacterium</u>	0.2800	<u>Halobacterium</u>	0.1100	<u>Haloplanus</u>	0.5300	<u>Halomicrobium</u>	0.4200
<u>Halobaculum</u>	0.0500	<u>Halobaculum</u>	0.0600	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0800	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0500
<u>Haloterrigena</u>	0.0500	XKL75 (Euryarchaeota)	0.0600	<u>Halobaculum</u>	0.0400	<u>Halobaculum</u>	0.0500
<u>Haloferax</u>	0.0500	<u>Haloferax</u>	0.0500	<u>Haloferax</u>	0.0400	<u>Haloterrigena</u>	0.0300

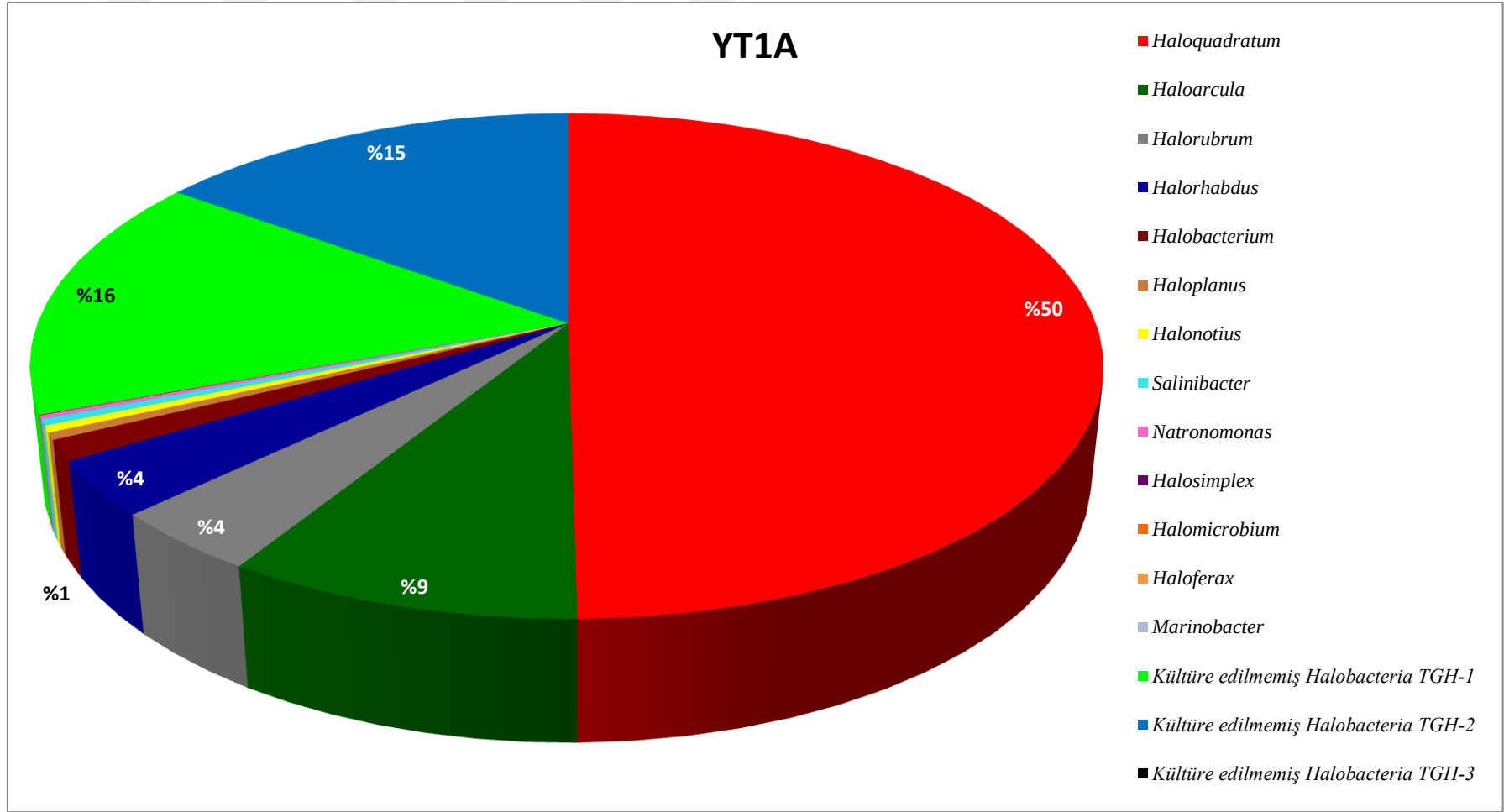
Tablo 3.18. Devamı.

KT1A	%	KT1B	%	KT2A	%	KT2B	%
<i>Natronorubrum</i>	0.0500	<i>Natronorubrum</i>	0.0500	<i>Haloterrigena</i>	0.0200	<i>Natronococcus</i>	0.0200
XKL75	0.0200	<i>Haloterrigena</i>	0.0300	<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0100	<i>Halogeometricum</i>	0.0200
(Euryarchaeota)							
<i>Natronococcus</i>	0.0100	<i>Natronococcus</i>	0.0200	<i>Natronococcus</i>	0.0060	<i>Halorhodospira</i>	0.0200
<i>Prevotella</i>	0.0050	<i>Halogeometricum</i>	0.0090	<i>Halogeometricum</i>	0.0060	<i>Haloferax</i>	0.0080
		GA41 (Euryarchaeota)	0.0050	<i>Prevotella</i>	0.0060	ArcF12	0.0080
						(Euryarchaeota)	
		<i>Bifidobacterium</i>	0.0050	ArcF12 (Euryarchaeota)	0.0060	<i>Natronorubrum</i>	0.0080
		<i>Halorhodospira</i>	0.0050	<i>Desulfovermiculus</i>	0.0060	<i>Faecalibacterium</i>	0.0080
		<i>Fluviicola</i>	0.0050	<i>Rhodovibrio</i>	0.0060	<i>Dorea</i>	0.0080

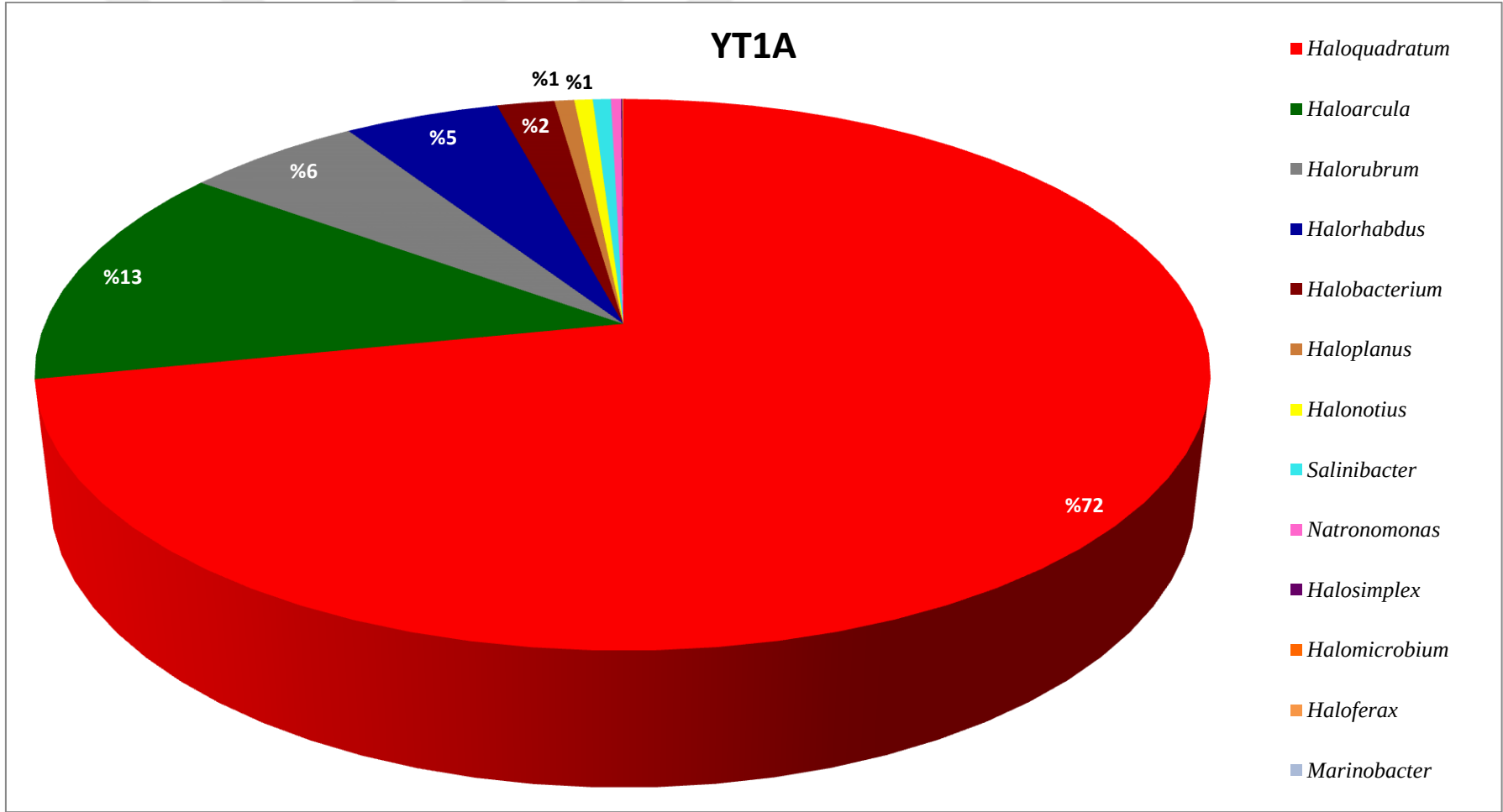
Yavşan Tuzlasının YT1 örnekleme bölgesinden toplanan YT1A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %49.75'inin *Haloquadratum*, %9.14'ünün *Haloarcula*, %4'ünün *Halorubrum*, %3.53'ünün *Halorhabdus*, %1.31'inin *Halobacterium*, %0.45'inin *Haloplanus*, %0.42'sinin *Halonotius*, %0.41'inin *Salinibacter*, %0.23'ünün *Natronomonas*, %0.03'ünün *Halosimplex*, %0.01'inin *Halomicrobium*, %0.006'sının *Haloferax* ve %0.006'sının *Marinobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Numunede %15.64 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %15.02 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.003 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.19, Şekil 3.82).

YT1A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %71.8'inin *Haloquadratum*, %13.19'unun *Haloarcula*, %5.77'sinin *Halorubrum*, %5.09'unun *Halorhabdus*, %1.89'unun *Halobacterium*, %0.65'inin *Haloplanus*, %0.61'inin *Halonotius*, %0.59'unun *Salinibacter*, %0.33'ünün *Natronomonas*, %0.04'ünün *Halosimplex*, %0.01'inin *Halomicrobium*, %0.009'unun *Haloferax* ve %0.009'unun *Marinobacter* cinslerine atandığı tespit edilmiştir (Tablo 3.20, Şekil 3.83).

YT1A örneğinde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halorhabdus* ve *Halobacterium* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.82. YT1A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kùltùre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

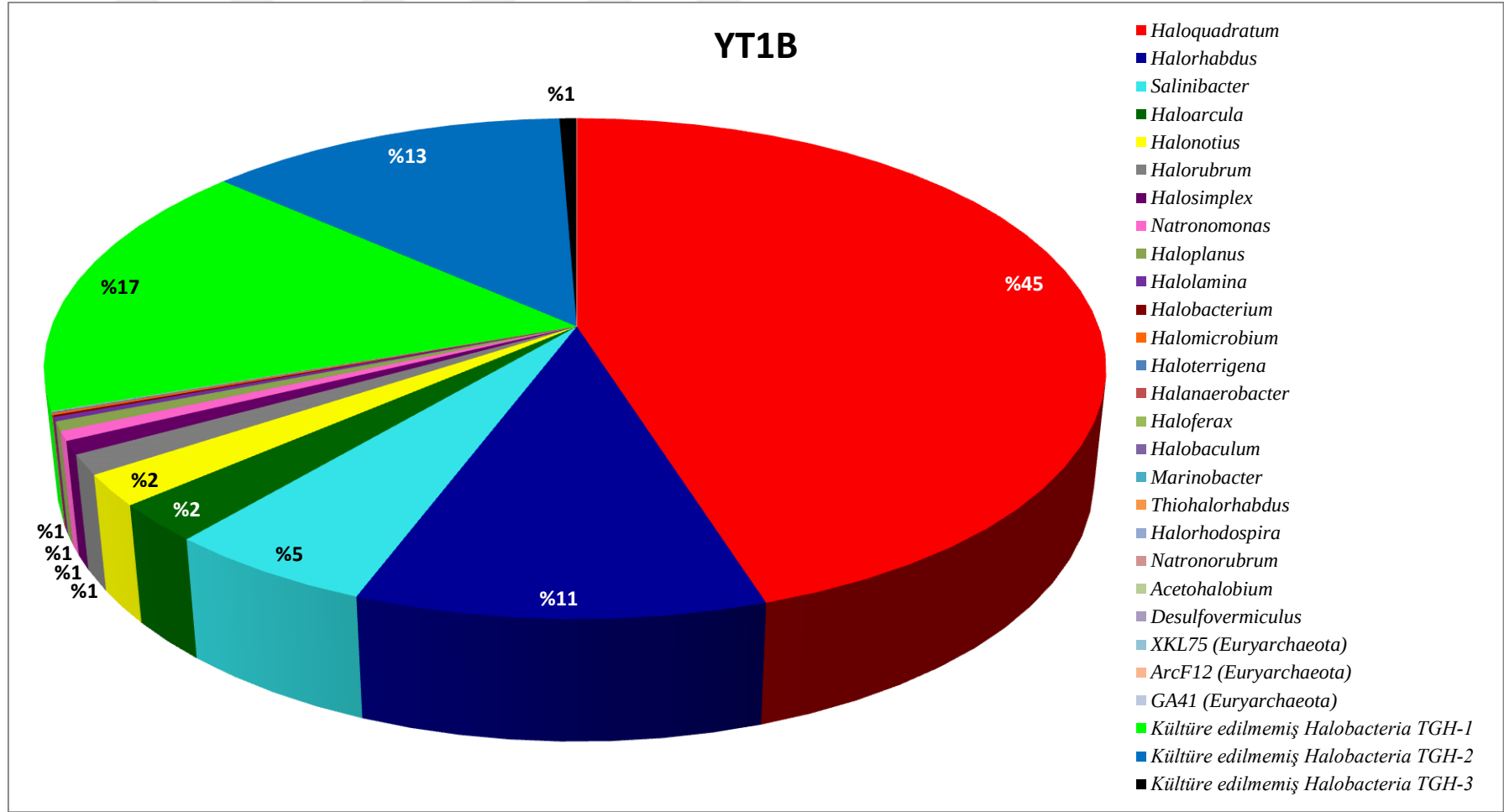


Şekil 3.83. YT1A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

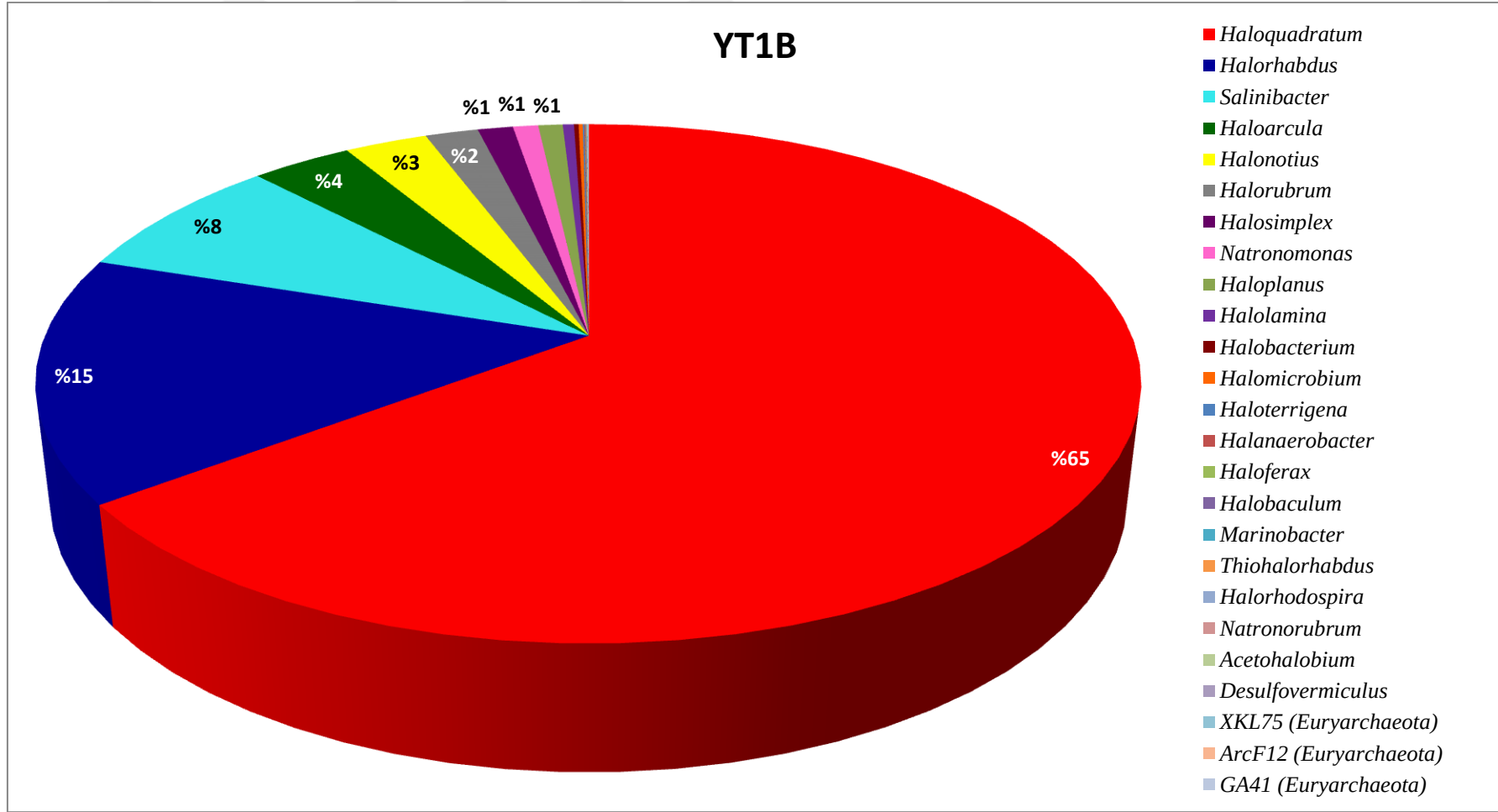
Yavşan Tuzlasının YT1 örnekleme bölgesinden toplanan YT1B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %44.73'ünün *Haloquadratum*, %10.55'inin *Halorhabdus*, %5.41'inin *Salinibacter*, %2.43'ünün *Haloarcula*, %2'sinin *Halonotius*, %1.28'inin *Halorubrum*, %0.85'inin *Halosimplex*, %0.61'inin *Natronomonas*, %0.59'unun *Haloplanus*, %0.27'sinin *Halolamina*, %0.11'inin *Halobacterium*, %0.1'inin *Halomicrobium*, %0.04'ünün *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Halanaerobacter*, %0.01'inin *Haloferax*, %0.01'inin *Halobaculum*, %0.006'sının *Marinobacter*, %0.006'sının *Thiohalorhabdus*, %0.004'ünün *Halorhodospira*, %0.004'ünün *Natronorubrum*, %0.004'ünün *Acetohalobium* ve %0.002'sinin *Desulfovermiculus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.04 oranında XKL75, %0.002 oranında ArcF12 ve %0.002 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %16.74 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %12.73 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.61 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.19, Şekil 3.84).

YT1B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %64.75'inin *Haloquadratum*, %15.27'sinin *Halorhabdus*, %7.83'ünün *Salinibacter*, %3.52'sinin *Haloarcula*, %2.9'unun *Halonotius*, %1.85'inin *Halorubrum*, %1.23'ünün *Halosimplex*, %0.88'inin *Natronomonas*, %0.85'inin *Haloplanus*, %0.39'unun *Halolamina*, %0.16'sının *Halobacterium*, %0.14'ünün *Halomicrobium*, %0.06'sının *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Halanaerobacter*, %0.01'inin *Haloferax*, %0.01'inin *Halobaculum*, %0.009'unun *Marinobacter*, %0.009'unun *Thiohalorhabdus*, %0.006'sının *Halorhodospira*, %0.006'sının *Natronorubrum*, %0.006'sının *Acetohalobium* ve %0.003'ünün *Desulfovermiculus* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.06 oranında XKL75, %0.003 oranında ArcF12 ve %0.003 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.20, Şekil 3.85).

YT1B örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Salinibacter*, *Haloarcula*, *Halonotius* ve *Halorubrum* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Halosimplex* cinsi eklenmiştir.



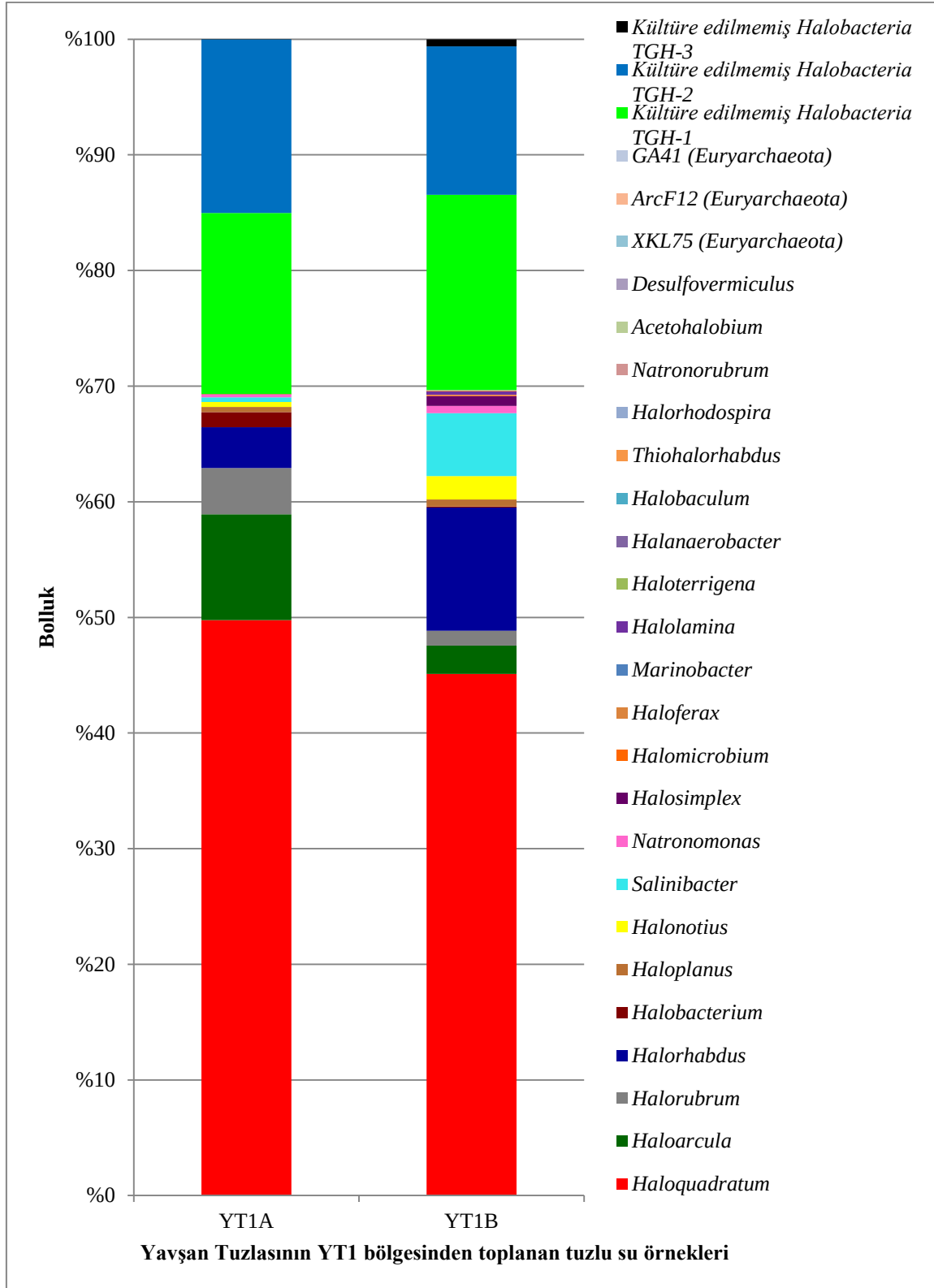
Şekil 3.84. YT1B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



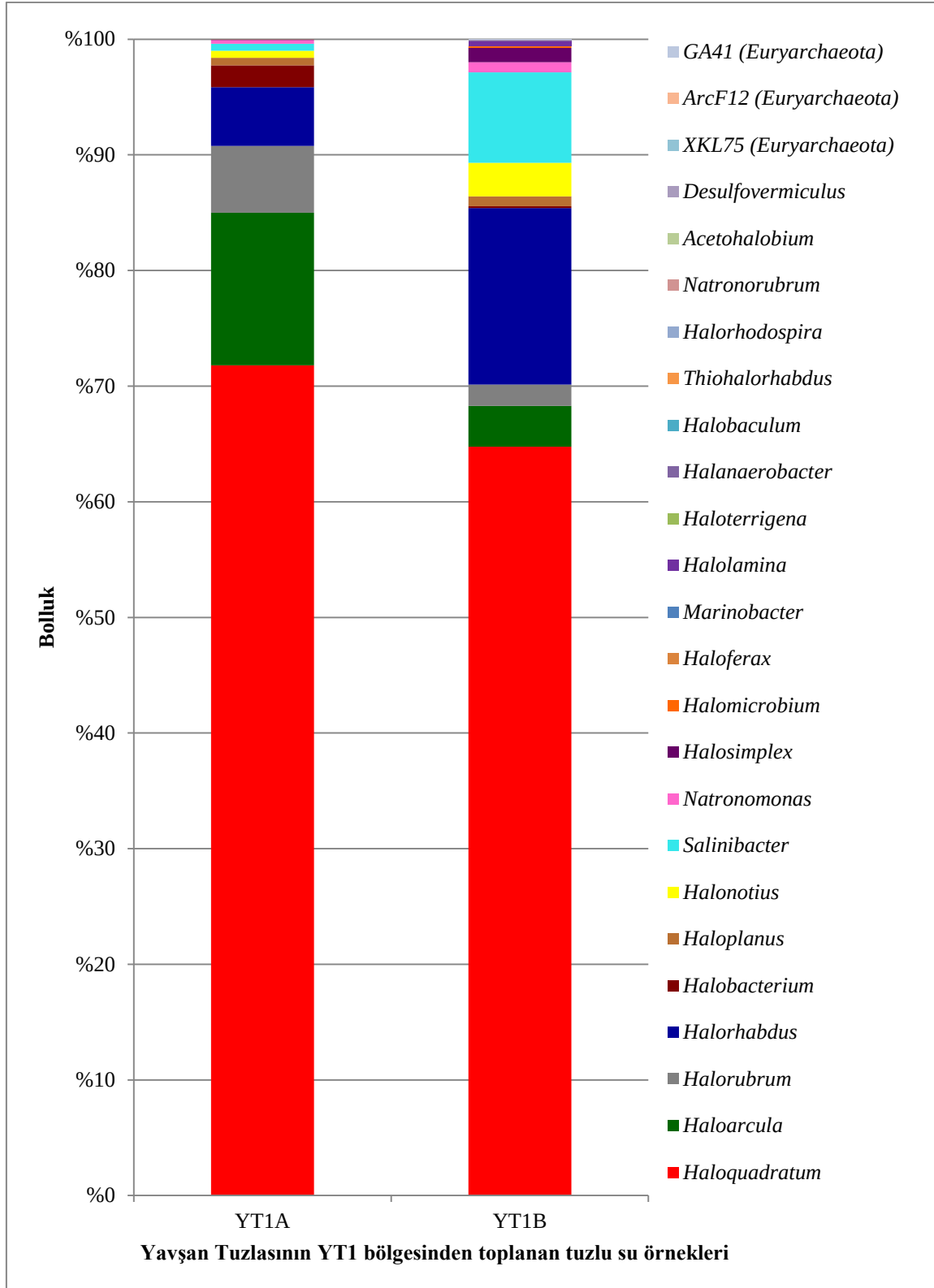
Şekil 3.85. YT1B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Yavşan Tuzlasının YT1 bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halorhabdus*, *Halobacterium*, *Haloplanus*, *Halonotius*, *Salinibacter*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Haloferax* ve *Marinobacter* cinsleri ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Halolamina*, *Haloterrigena*, *Halanaerobacter*, *Halobaculum*, *Thiohalorhabdus*, *Halorhodospira*, *Natronorubrum*, *Acetohalobium* ve *Desulfovermiculus* cinsleri ile XKL75, ArcF12 ve GA41 bu iki örnekten sadece YT1B örneğinde bulunmuştur.

YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.86'da, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.87'de gösterilmektedir.



Şekil 3.86. Yavşan Tuzlasının YT1 bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

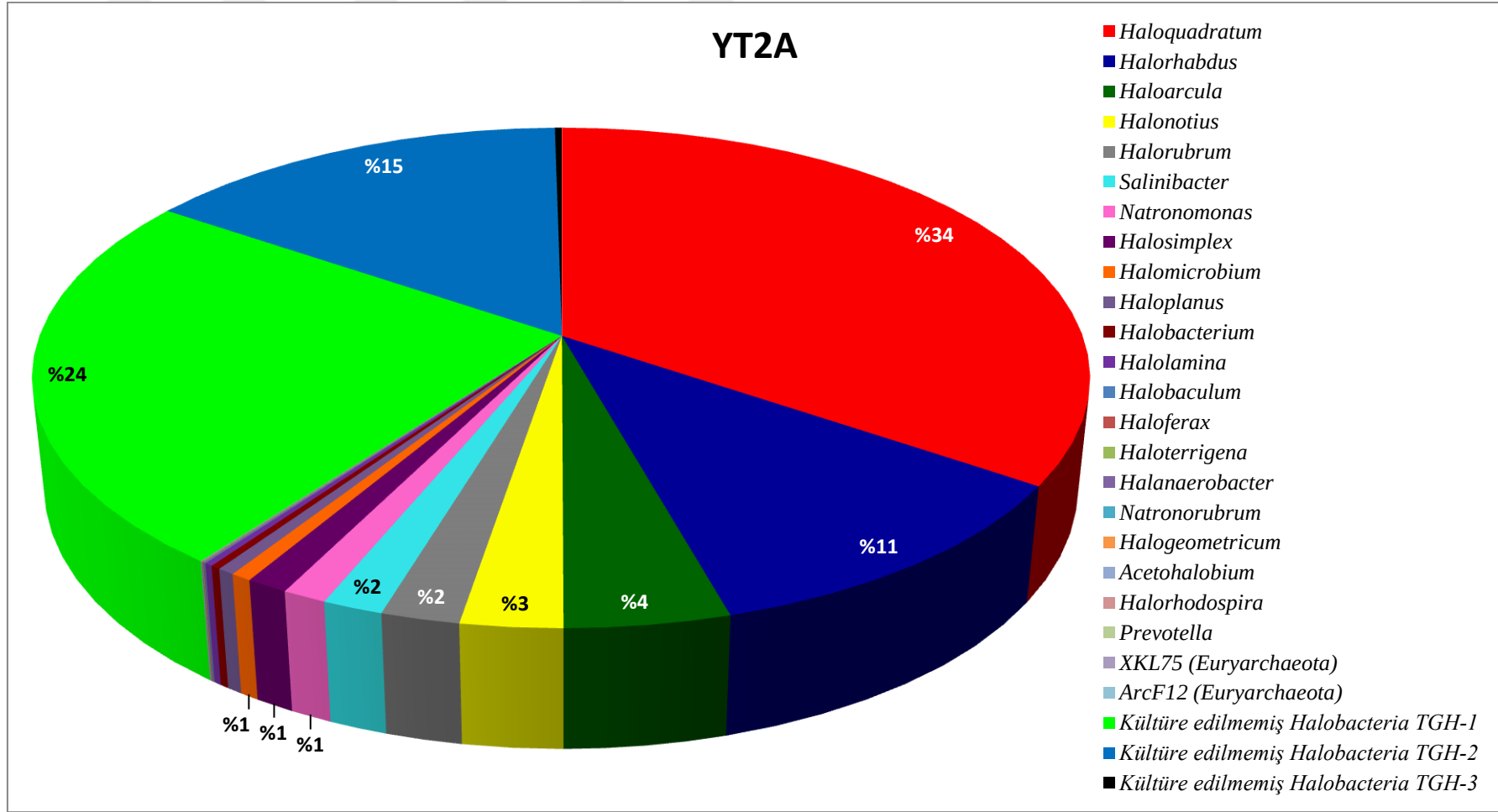


Şekil 3.87. Yavşan Tuzlasının YT1 bölgesinden toplanan YT1A ve YT1B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

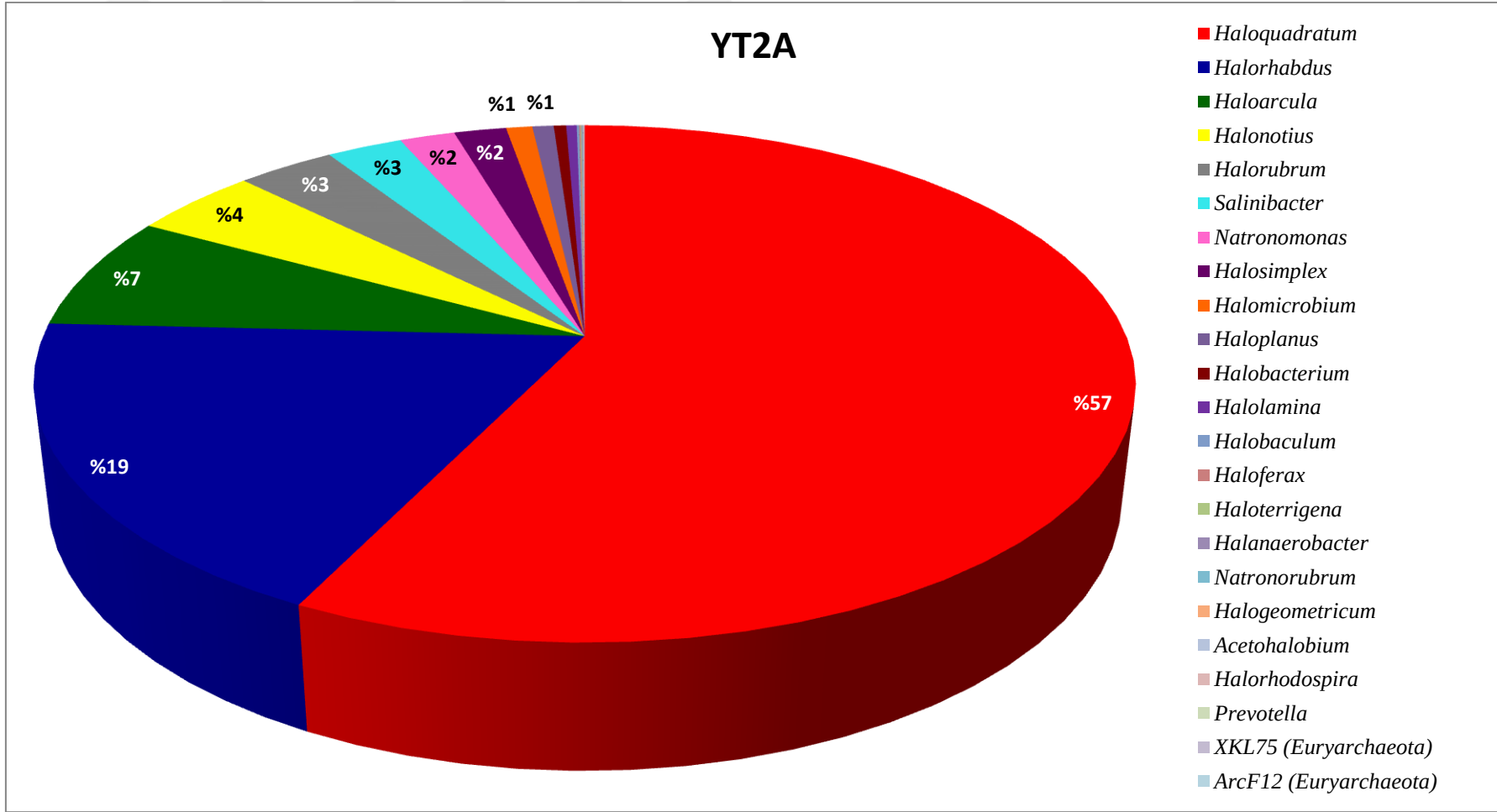
Yavşan Tuzlasının YT2 örnekleme bölgesinden toplanan YT2A örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %34.32'sinin *Haloquadratum*, %11.12'sinin *Halorhabdus*, %4.3'ünün *Haloarcula*, %2.65'inin *Halonotius*, %2.05'inin *Halorubrum*, %1.59'unun *Salinibacter*, %1.16'sının *Natronomonas*, %1.1'inin *Halosimplex*, %0.55'inin *Halomicrobium*, %0.45'inin *Haloplanus*, %0.26'sının *Halobacterium*, %0.22'sinin *Halolamina*, %0.05'inin *Halobaculum*, %0.03'ünün *Haloferax*, %0.02'sinin *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Halanaerobacter*, %0.014'ünün *Natronorubrum*, %0.005'inin *Halogeometricum*, %0.003'ünün *Acetohalobium*, %0.002'sinin *Halorhodospira* ve %0.001'inin *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.02 oranında XKL75 ve %0.002 oranında ArcF12 saptanmıştır. Numunede %24.2 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, %15.17 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve %0.25 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.19, Şekil 3.88).

YT2A örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %57.26'sının *Haloquadratum*, %18.55'inin *Halorhabdus*, %7.17'sinin *Haloarcula*, %4.42'sinin *Halonotius*, %3.42'sinin *Halorubrum*, %2.65'inin *Salinibacter*, %1.94'ünün *Natronomonas*, %1.84'ünün *Halosimplex*, %0.92'sinin *Halomicrobium*, %0.75'inin *Haloplanus*, %0.43'ünün *Halobacterium*, %0.37'sinin *Halolamina*, %0.08'inin *Halobaculum*, %0.05'inin *Haloferax*, %0.03'ünün *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Halanaerobacter*, %0.02'sinin *Natronorubrum*, %0.008'inin *Halogeometricum*, %0.005'inin *Acetohalobium*, %0.003'ünün *Halorhodospira* ve %0.002'sinin *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.03 oranında XKL75 ve %0.003 oranında ArcF12 saptanmıştır (Tablo 3.20, Şekil 3.89).

YT2A örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Salinibacter*, *Natronomonas* ve *Halosimplex* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir.



Şekil 3.88. YT2A örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.

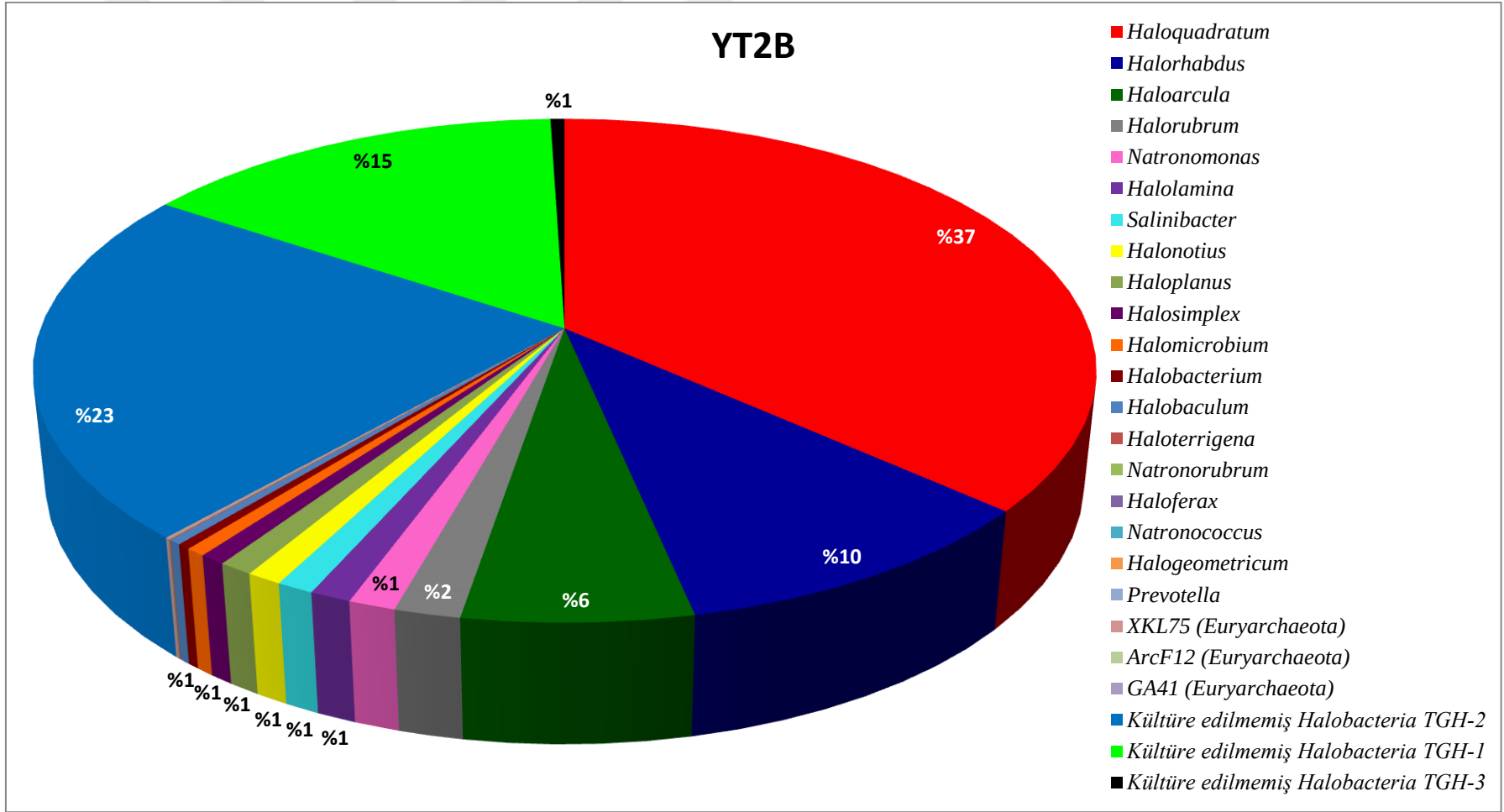


Şekil 3.89. YT2A örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

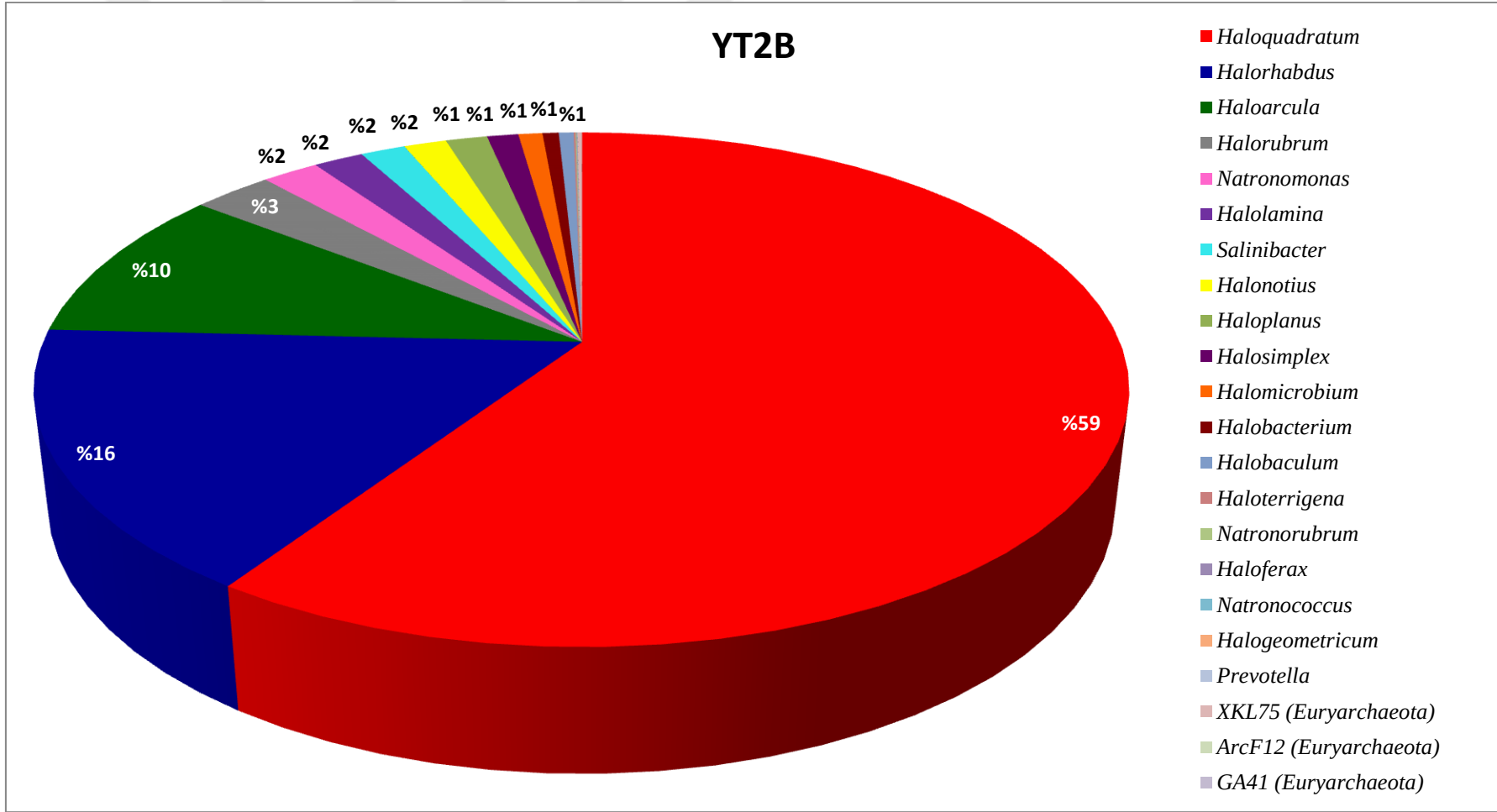
Yavşan Tuzlasının YT2 örnekleme bölgesinden toplanan YT2B örneğinin analiz sonucunda numune içerisindeki mikroorganizmaların %36.41'inin *Haloquadratum*, %10.07'sinin *Halorhabdus*, %5.97'sinin *Haloarcula*, %1.72'sinin *Halorubrum*, %1.23'ünün *Natronomonas*, %1.08'sinin *Halolamina*, %0.97'sinin *Salinibacter*, %0.92'sinin *Halonotius*, %0.9'unun *Haloplanus*, %0.68'inin *Halosimplex*, %0.52'sinin *Halomicrobium*, %0.35'inin *Halobacterium*, %0.32'sinin *Halobaculum*, %0.04'ünün *Haloterrigena*, %0.02'sinin *Natronorubrum*, %0.01'inin *Haloferax*, %0.01'inin *Natronococcus*, %0.004'ünün *Halogeometricum* ve %0.002'sinin *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.09 oranında XKL75, %0.004 oranında ArcF12 ve %0.004 oranında GA41 saptanmıştır. Numunede %22.66 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2, %15.12 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve %0.5 oranında kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 bulunmuştur (Tablo 3.19, Şekil 3.90).

YT2B örneğinde sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alınarak analiz gerçekleştirildiğinde örnek içerisindeki mikroorganizmaların %59.38'inin *Haloquadratum*, %16.42'sinin *Halorhabdus*, %9.74'ünün *Haloarcula*, %2.8'inin *Halorubrum*, %2.01'inin *Natronomonas*, %1.76'sinin *Halolamina*, %1.58'inin *Salinibacter*, %1.5'inin *Halonotius*, %1.47'sinin *Haloplanus*, %1.11'inin *Halosimplex*, %0.85'inin *Halomicrobium*, %0.57'sinin *Halobacterium*, %0.52'sinin *Halobaculum*, %0.07'sinin *Haloterrigena*, %0.03'ünün *Natronorubrum*, %0.02'sinin *Haloferax*, %0.02'sinin *Natronococcus*, %0.007'sinin *Halogeometricum* ve %0.003'ünün *Prevotella* cinslerine atandığı tespit edilmiştir. Ayrıca örnekte %0.15 oranında XKL75, %0.007 oranında ArcF12 ve %0.007 oranında GA41 saptanmıştır (Tablo 3.20, Şekil 3.91).

YT2B örneğinde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Natronomonas* ve *Halolamina* cinslerinin bollukları %1'in üzerinde tespit edilirken, diğer arkeal ve bakteriyel cinslerin bollukları %1'in altında tespit edilmiştir. Sadece bir cinse atanmış olan mikroorganizmalar bir bütün hâlinde dikkate alındığında %1'in üzerinde olan cinslere *Salinibacter*, *Halonotius*, *Haloplanus* ve *Halosimplex* cinsleri eklenmiştir.



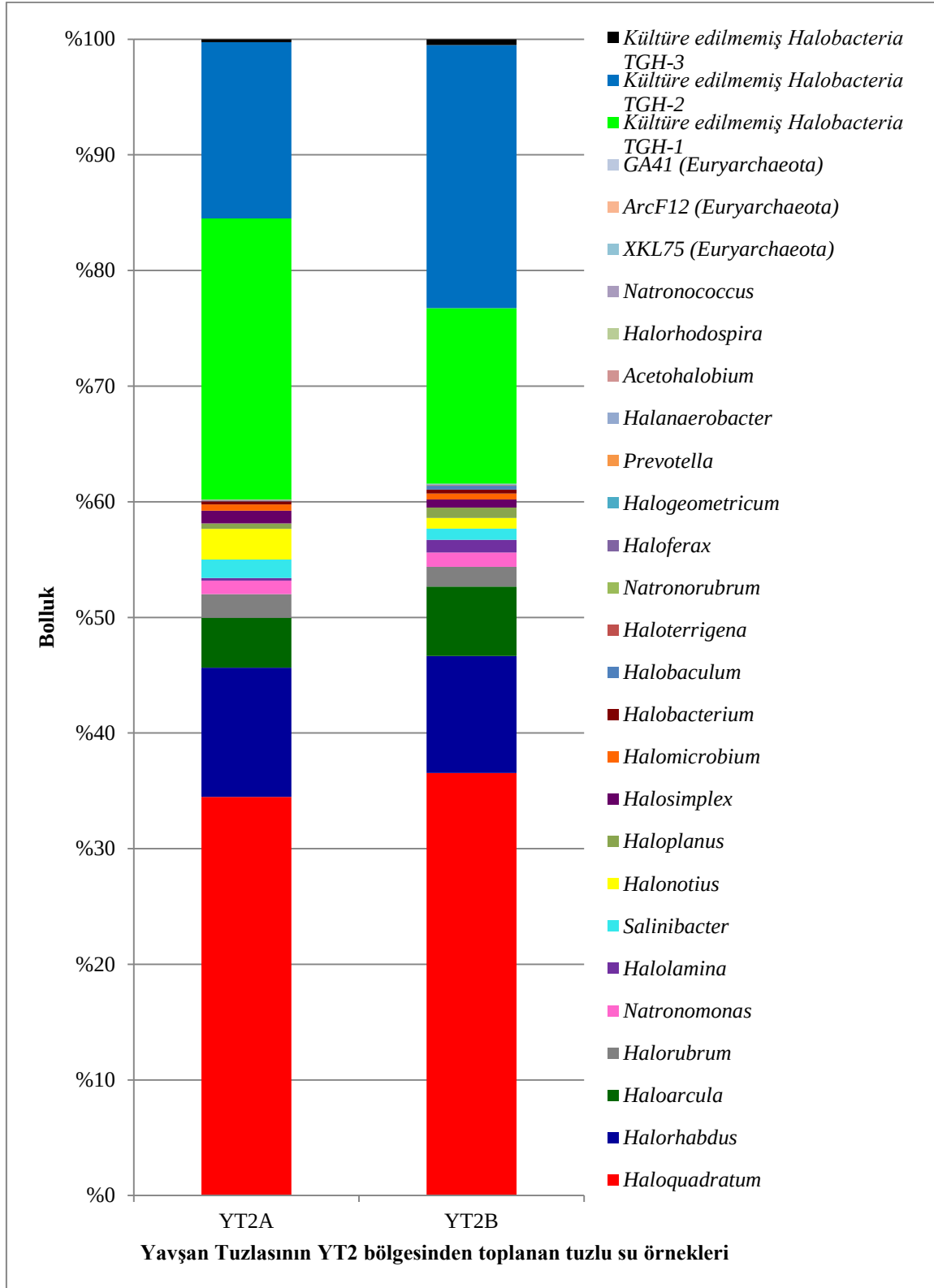
Şekil 3.90. YT2B örneğinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



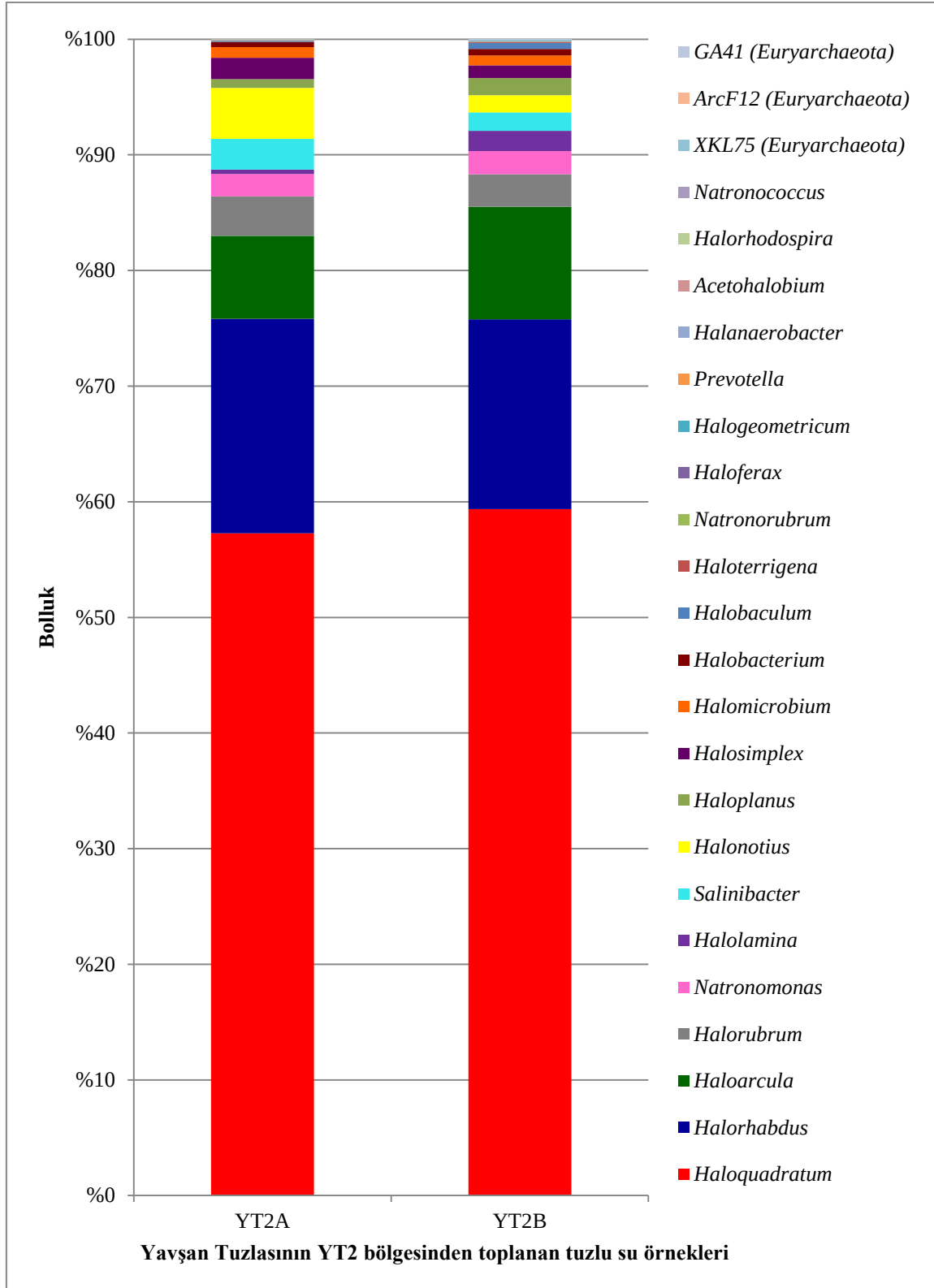
Şekil 3.91. YT2B örneğinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Yavşan Tuzlasının YT2 bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örnekleri incelendiğinde örneklerde *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Salinibacter*, *Natronomonas*, *Halosimplex*, *Halomicrobium*, *Haloplanus*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halobaculum*, *Haloferax*, *Haloterrigena*, *Natronorubrum* ve *Prevotella* cinsleri ile XKL75 ve ArcF12 ortak olarak bulunmuştur. Ayrıca kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 her iki örnekte de saptanmıştır. *Halanaerobacter*, *Acetohalobium* ve *Halorhodospira* cinsleri bu iki örnekten sadece YT2A örneğinde bulunmuşken, *Natronococcus* cinsi ile GA41 sadece YT2B örneğinde bulunmuştur.

YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları Şekil 3.92'de, tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları Şekil 3.93'te gösterilmektedir.



Şekil 3.92. Yavşan Tuzlasının YT2 bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinsler ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'lerin yüzde bollukları.



Şekil 3.93. Yavşan Tuzlasının YT2 bölgesinden toplanan YT2A ve YT2B örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

Tablo 3.19. Yavşan Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH’lerin yüzde bollukları.

YT1A	%	YT1B	%	YT2A	%	YT2B	%
<u><i>Haloquadratum</i></u>	49.7500	<u><i>Haloquadratum</i></u>	44.7300	<u><i>Haloquadratum</i></u>	34.3200	<u><i>Haloquadratum</i></u>	36.4100
<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.6400	<u>Kültüre edilmemiş</u>	16.7400	<u>Kültüre edilmemiş</u>	24.2000	<u>Kültüre edilmemiş</u>	22.6600
<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>	
<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.0200	<u>Kültüre edilmemiş</u>	12.7300	<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.1700	<u>Kültüre edilmemiş</u>	15.1200
<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-2</u>		<u><i>Halobacteria</i> TGH-1</u>	
<u><i>Haloarcula</i></u>	9.1400	<u><i>Halorhabdus</i></u>	10.5500	<u><i>Halorhabdus</i></u>	11.1200	<u><i>Halorhabdus</i></u>	10.0700
<u><i>Halorubrum</i></u>	4.0000	<u><i>Salinibacter</i></u>	5.4100	<u><i>Haloarcula</i></u>	4.3000	<u><i>Haloarcula</i></u>	5.9700
<u><i>Halorhabdus</i></u>	3.5300	<u><i>Haloarcula</i></u>	2.4300	<u><i>Halonotius</i></u>	2.6500	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.7200
<u><i>Halobacterium</i></u>	1.3100	<u><i>Halonotius</i></u>	2.0000	<u><i>Halorubrum</i></u>	2.0500	<u><i>Natronomonas</i></u>	1.2300
<i>Haloplanus</i>	0.4500	<u><i>Halorubrum</i></u>	1.2800	<u><i>Salinibacter</i></u>	1.5900	<u><i>Halolamina</i></u>	1.0800
<i>Halonotius</i>	0.4200	<i>Halosimplex</i>	0.8500	<u><i>Natronomonas</i></u>	1.1600	<i>Salinibacter</i>	0.9700
<i>Salinibacter</i>	0.4100	Kültüre edilmemiş	0.6100	<u><i>Halosimplex</i></u>	1.1000	<i>Halonotius</i>	0.9200
		<i>Halobacteria</i> TGH-3					
<i>Natronomonas</i>	0.2300	<i>Natronomonas</i>	0.6100	<i>Halomicrobium</i>	0.5500	<i>Haloplanus</i>	0.9000
<i>Halosimplex</i>	0.0300	<i>Haloplanus</i>	0.5900	<i>Haloplanus</i>	0.4500	<i>Halosimplex</i>	0.6800
<i>Halomicrobium</i>	0.0100	<i>Halolamina</i>	0.2700	<i>Halobacterium</i>	0.2600	<i>Halomicrobium</i>	0.5200
<i>Haloferax</i>	0.0060	<i>Halobacterium</i>	0.1100	Kültüre edilmemiş	0.2500	Kültüre edilmemiş	0.5000
				<i>Halobacteria</i> TGH-3		<i>Halobacteria</i> TGH-3	

Tablo 3.19. Devamı.

YT1A	%	YT1B	%	YT2A	%	YT2B	%
<i>Marinobacter</i>	0.0060	<i>Halomicrobium</i>	0.1000	<i>Halolamina</i>	0.2200	<i>Halobacterium</i>	0.3500
Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i>	0.0030	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0400	<i>Halobaculum</i>	0.0500	<i>Halobaculum</i>	0.3200
TGH-3							
		<i>Haloterrigena</i>	0.0400	<i>Haloferax</i>	0.0300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0900
		<i>Halanaerobacter</i>	0.0200	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0200	<i>Haloterrigena</i>	0.0400
		<i>Haloferax</i>	0.0100	<i>Haloterrigena</i>	0.0200	<i>Natronorubrum</i>	0.0200
		<i>Halobaculum</i>	0.0100	<i>Halanaerobacter</i>	0.0200	<i>Haloferax</i>	0.0100
		<i>Marinobacter</i>	0.0060	<i>Natronorubrum</i>	0.0140	<i>Natronococcus</i>	0.0100
		<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0060	<i>Halogeometricum</i>	0.0050	<i>Halogeometricum</i>	0.0040
		<i>Halorhodospira</i>	0.0040	<i>Acetohalobium</i>	0.0030	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0040
		<i>Natronorubrum</i>	0.0040	<i>Halorhodospira</i>	0.0020	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0040
		<i>Acetohalobium</i>	0.0040	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0020	<i>Prevotella</i>	0.0020
		ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0020	<i>Prevotella</i>	0.0010		
		<i>Desulfovermiculus</i>	0.0020				
		GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0020				

Tablo 3.20. Yavşan Tuzlasından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen cinslerin bir cinse atanmış olan arkeal ve bakteriyel cinsleri bir bütün hâlinde alındığında yüzde dağılımları.

YT1A	%	YT1B	%	YT2A	%	YT2B	%
<u>Haloquadratum</u>	71.8000	<u>Haloquadratum</u>	64.7500	<u>Haloquadratum</u>	57.2600	<u>Haloquadratum</u>	59.3800
<u>Haloarcula</u>	13.1900	<u>Halorhabdus</u>	15.2700	<u>Halorhabdus</u>	18.5500	<u>Halorhabdus</u>	16.4200
<u>Halorubrum</u>	5.7700	<u>Salinibacter</u>	7.8300	<u>Haloarcula</u>	7.1700	<u>Haloarcula</u>	9.7400
<u>Halorhabdus</u>	5.0900	<u>Haloarcula</u>	3.5200	<u>Halonotius</u>	4.4200	<u>Halorubrum</u>	2.8000
<u>Halobacterium</u>	1.8900	<u>Halonotius</u>	2.9000	<u>Halorubrum</u>	3.4200	<u>Natronomonas</u>	2.0100
<u>Haloplanus</u>	0.6500	<u>Halorubrum</u>	1.8500	<u>Salinibacter</u>	2.6500	<u>Halolamina</u>	1.7600
<u>Halonotius</u>	0.6100	<u>Halosimplex</u>	1.2300	<u>Natronomonas</u>	1.9400	<u>Salinibacter</u>	1.5800
<u>Salinibacter</u>	0.5900	<u>Natronomonas</u>	0.8800	<u>Halosimplex</u>	1.8400	<u>Halonotius</u>	1.5000
<u>Natronomonas</u>	0.3300	<u>Haloplanus</u>	0.8500	<u>Halomicrobium</u>	0.9200	<u>Haloplanus</u>	1.4700
<u>Halosimplex</u>	0.0400	<u>Halolamina</u>	0.3900	<u>Haloplanus</u>	0.7500	<u>Halosimplex</u>	1.1100
<u>Halomicrobium</u>	0.0100	<u>Halobacterium</u>	0.1600	<u>Halobacterium</u>	0.4300	<u>Halomicrobium</u>	0.8500
<u>Haloferax</u>	0.0090	<u>Halomicrobium</u>	0.1400	<u>Halolamina</u>	0.3700	<u>Halobacterium</u>	0.5700
<u>Marinobacter</u>	0.0090	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0600	<u>Halobaculum</u>	0.0800	<u>Halobaculum</u>	0.5200
		<u>Haloterrigena</u>	0.0600	<u>Haloferax</u>	0.0500	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.1500
		<u>Halanaerobacter</u>	0.0300	XKL75 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0300	<u>Haloterrigena</u>	0.0700
		<u>Haloferax</u>	0.0100	<u>Haloterrigena</u>	0.0300	<u>Natronorubrum</u>	0.0300

Tablo 3.20. Devamı.

YT1A	%	YT1B	%	YT2A	%	YT2B	%
		<i>Halobaculum</i>	0.0100	<i>Halanaerobacter</i>	0.0300	<i>Haloferax</i>	0.0200
		<i>Marinobacter</i>	0.0090	<i>Natronorubrum</i>	0.0200	<i>Natronococcus</i>	0.0200
		<i>Thiohalorhabdus</i>	0.0090	<i>Halogeometricum</i>	0.0080	<i>Halogeometricum</i>	0.0070
		<i>Halorhodospira</i>	0.0060	<i>Acetohalobium</i>	0.0050	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0070
		<i>Natronorubrum</i>	0.0060	<i>Halorhodospira</i>	0.0030	GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0070
		<i>Acetohalobium</i>	0.0060	ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<i>Prevotella</i>	0.0030
		ArcF12 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030	<i>Prevotella</i>	0.0020		
		<i>Desulfovermiculus</i>	0.0030				
		GA41 (<i>Euryarchaeota</i>)	0.0030				

Tuz Gölü örneklerinde saptanan cinslerin şubeleri, ortalama yüzde bollukları ile standart hataları, *Haloquadratum* (Euryarchaeota, 23.99 ± 4.25), *Haloarcula* (Euryarchaeota, 14.36 ± 4.32), *Halorhabdus* (Euryarchaeota, 6.90 ± 0.93), *Halorubrum* (Euryarchaeota, 3.87 ± 1.34), *Halonotius* (Euryarchaeota, 3.25 ± 0.66), *Natronomonas* (Euryarchaeota, 3.00 ± 1.55), *Halolamina* (Euryarchaeota, 1.73 ± 0.91), *Salinibacter* (Rhodothermaeota, 1.54 ± 0.37), *Halobacterium* (Euryarchaeota, 1.19 ± 0.53), *Halosimplex* (Euryarchaeota, 0.58 ± 0.11), *Halomicrobium* (Euryarchaeota, 0.23 ± 0.05), *Haloplanus* (Euryarchaeota, 0.16 ± 0.04), *Halorhodospira* (Proteobacteria, 0.05 ± 0.03), *Desulfovermiculus* (Proteobacteria, 0.03 ± 0.02), *Halobaculum* (Euryarchaeota, 0.03 ± 0.01), *Haloterrigena* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.01), *Halanaerobacter* (Firmicutes, 0.01 ± 0.01), *Haloferax* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00) ve *Thiohalorhabdus* (Proteobacteria, 0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Natronorubrum* (Euryarchaeota), *Natronococcus* (Euryarchaeota), *Halogeometricum* (Euryarchaeota), *Marinobacter* (Proteobacteria), *Desulfonauticus* (Proteobacteria), *Archaeoglobus* (Euryarchaeota), *Prevotella* (Bacteroidetes), *Halanaerobium* (Firmicutes), *Faecalibacterium* (Firmicutes), *Bifidobacterium* (Actinobacteria), *Bacteroides* (Bacteroidetes), *Rhodovibrio* (Proteobacteria), *Collinsella* (Actinobacteria), *Fluviicola* (Bacteroidetes), *Dorea* (Firmicutes) ve *Balneola* (Balneolaeota) cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.21).

Derin Bölge örneklerinde saptanan cinslerin ortalama yüzde bollukları ile standart hataları, *Haloquadratum* (Euryarchaeota, 47.32 ± 1.74), *Halorhabdus* (Euryarchaeota, 23.76 ± 1.95), *Halorubrum* (Euryarchaeota, 0.15 ± 0.02), *Salinibacter* (Rhodothermaeota, 0.09 ± 0.03), *Halosimplex* (Euryarchaeota, 0.08 ± 0.01), *Haloarcula* (Euryarchaeota, 0.03 ± 0.00), *Halonotius* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.00), *Natronomonas* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.00), *Halobacterium* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00), *Halomicrobium* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00) ve *Haloplanus* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halolamina* (Euryarchaeota), *Halobaculum* (Euryarchaeota), *Haloterrigena* (Euryarchaeota) ve *Natronococcus* (Euryarchaeota) cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.22).

Kayacık Tuzlası örneklerinde saptanan cinslerin ortalama yüzde bollukları ile standart hataları, *Haloquadratum* (Euryarchaeota, 31.33 ± 2.78), *Halorhabdus* (Euryarchaeota, 14.22 ± 2.93), *Haloarcula* (Euryarchaeota, 1.80 ± 0.79), *Halorubrum* (Euryarchaeota, 1.80 ± 0.42), *Halonotius* (Euryarchaeota, 0.96 ± 0.41), *Salinibacter* (Rhodothermaeota, 0.88 ± 0.42), *Haloplanus* (Euryarchaeota, 0.46 ± 0.11), *Halosimplex* (Euryarchaeota, 0.37 ± 0.14), *Natronomonas* (Euryarchaeota, 0.30 ± 0.15), *Halolamina* (Euryarchaeota, 0.27 ± 0.23), *Halomicrobium* (Euryarchaeota, 0.17 ± 0.05), *Halobacterium* (Euryarchaeota, 0.04 ± 0.02), *Halobaculum* (Euryarchaeota, 0.04 ± 0.02), *Haloterrigena* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.01), *Haloferax* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.01) ve *Natronococcus* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halorhodospira* (Proteobacteria), *Natronorubrum* (Euryarchaeota), *Halogeometricum* (Euryarchaeota), *Prevotella* (Bacteroidetes), *Faecalibacterium* (Firmicutes), *Corynebacterium* (Actinobacteria), *Bifidobacterium* (Actinobacteria) ve *Bacteroides* (Bacteroidetes) cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.23).

Kaldırım Tuzlası örneklerinde saptanan cinslerin ortalama yüzde bollukları ile standart hataları, *Haloquadratum* (Euryarchaeota, 16.57 ± 3.18), *Haloarcula* (Euryarchaeota, 14.52 ± 6.39), *Halorhabdus* (Euryarchaeota, 6.40 ± 0.69), *Halonotius* (Euryarchaeota, 4.69 ± 1.65), *Natronomonas* (Euryarchaeota, 2.99 ± 1.39), *Halolamina* (Euryarchaeota, 2.15 ± 0.17), *Halorubrum* (Euryarchaeota, 2.07 ± 0.46), *Halosimplex* (Euryarchaeota, 1.34 ± 0.43), *Salinibacter* (Rhodothermaeota, 1.09 ± 0.16), *Halomicrobium* (Euryarchaeota, 0.84 ± 0.36), *Halobacterium* (Euryarchaeota, 0.44 ± 0.19), *Haloplanus* (Euryarchaeota, 0.42 ± 0.09), *Halobaculum* (Euryarchaeota, 0.03 ± 0.00), *Haloferax* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.01), *Natronorubrum* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.01), *Haloterrigena* (Euryarchaeota, 0.02 ± 0.00) ve *Natronococcus* (Euryarchaeota, 0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halorhodospira* (Proteobacteria), *Desulfovermiculus* (Proteobacteria), *Thiohalorhabdus* (Proteobacteria), *Halogeometricum* (Euryarchaeota), *Prevotella* (Bacteroidetes), *Faecalibacterium* (Firmicutes), *Bifidobacterium* (Actinobacteria), *Rhodovibrio* (Proteobacteria), *Fluviicola* (Bacteroidetes) ve *Dorea* (Firmicutes) cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.24).

Yavşan Tuzlası örneklerinde saptanan cinslerin ortalama yüzde bollukları ile standart hataları, *Haloquadratum* (*Euryarchaeota*, 41.30 ± 3.60), *Halorhabdus* (*Euryarchaeota*, 8.82 ± 1.78), *Haloarcula* (*Euryarchaeota*, 5.46 ± 1.42), *Halorubrum* (*Euryarchaeota*, 2.26 ± 0.60), *Salinibacter* (*Rhodothermaeota*, 2.10 ± 1.13), *Halonotius* (*Euryarchaeota*, 1.50 ± 0.51), *Natronomonas* (*Euryarchaeota*, 0.81 ± 0.24), *Halosimplex* (*Euryarchaeota*, 0.67 ± 0.23), *Haloplanus* (*Euryarchaeota*, 0.60 ± 0.11), *Halobacterium* (*Euryarchaeota*, 0.51 ± 0.27), *Halolamina* (*Euryarchaeota*, 0.39 ± 0.24), *Halomicrobium* (*Euryarchaeota*, 0.30 ± 0.14), *Halobaculum* (*Euryarchaeota*, 0.10 ± 0.08), *Haloterrigena* (*Euryarchaeota*, 0.03 ± 0.01), *Haloferax* (*Euryarchaeota*, 0.01 ± 0.01), *Halanaerobacter* (*Firmicutes*, 0.01 ± 0.01) ve *Natronorubrum* (*Euryarchaeota*, 0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halorhodospira* (*Proteobacteria*), *Desulfovermiculus* (*Proteobacteria*), *Natronococcus* (*Euryarchaeota*), *Thiohalorhabdus* (*Proteobacteria*), *Halogeometricum* (*Euryarchaeota*), *Marinobacter* (*Proteobacteria*), *Prevotella* (*Bacteroidetes*) ve *Acetohalobium* (*Firmicutes*) cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.25).

Tablo 3.21. Tuz Gölü örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata	Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	23.99 ± 4.25	<i>Natronorubrum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	14.36 ± 4.32	<i>Natronococcus</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	6.90 ± 0.93	<i>Halogeometricum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	3.87 ± 1.34	<i>Marinobacter</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	3.25 ± 0.66	<i>Desulfonauticus</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	3.00 ± 1.55	<i>Archaeoglobus</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	1.73 ± 0.91	<i>Prevotella</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	1.54 ± 0.37	<i>Halanaerobium</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	1.19 ± 0.53	<i>Faecalibacterium</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	0.58 ± 0.11	<i>Bifidobacterium</i>	Actinobacteria	< 0.01
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.23 ± 0.05	<i>Bacteroides</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.16 ± 0.04	<i>Rhodovibrio</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halorhodospira</i>	Proteobacteria	0.05 ± 0.03	<i>Collinsella</i>	Actinobacteria	< 0.01
<i>Desulfovermiculus</i>	Proteobacteria	0.03 ± 0.02	<i>Fluviicola</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Halobaculum</i>	Euryarchaeota	0.03 ± 0.01	<i>Dorea</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Haloterrigena</i>	Euryarchaeota	0.02 ± 0.01	<i>Balneola</i>	Balneolaeota	< 0.01
<i>Halanaerobacter</i>	Firmicutes	0.01 ± 0.01			
<i>Haloferax</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.00			
<i>Thiohalorhabdus</i>	Proteobacteria	0.01 ± 0.00			

Tablo 3.22. Derin Bölge örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	47.32 $\pm$ 1.74	<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	23.76 $\pm$ 1.95	<i>Halobaculum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	0.15 $\pm$ 0.02	<i>Haloterrigena</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	0.09 $\pm$ 0.03	<i>Natronococcus</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	0.08 $\pm$ 0.01			
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	0.03 $\pm$ 0.00			
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	0.02 $\pm$ 0.00			
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	0.02 $\pm$ 0.00			
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	0.01 $\pm$ 0.00			
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.01 $\pm$ 0.00			
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.01 $\pm$ 0.00			

Tablo 3.23. Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata	Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	31.33 ± 2.78	<i>Halorhodospira</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	14.22 ± 2.93	<i>Natronorubrum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	1.80 ± 0.79	<i>Halogeometricum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	1.80 ± 0.42	<i>Prevotella</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	0.96 ± 0.41	<i>Faecalibacterium</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	0.88 ± 0.42	<i>Corynebacterium</i>	Actinobacteria	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.46 ± 0.11	<i>Bifidobacterium</i>	Actinobacteria	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	0.37 ± 0.14	<i>Bacteroides</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	0.30 ± 0.15			
<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	0.27 ± 0.23			
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.17 ± 0.05			
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	0.04 ± 0.02			
<i>Halobaculum</i>	Euryarchaeota	0.04 ± 0.02			
<i>Haloterrigena</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.01			
<i>Haloferax</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.01			
<i>Natronococcus</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.00			

Tablo 3.24. Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	16.57 $\pm$ 3.18	<i>Halorhodospira</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	14.52 $\pm$ 6.39	<i>Desulfovermiculus</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	6.40 $\pm$ 0.69	<i>Thiohalorhabdus</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	4.69 $\pm$ 1.65	<i>Halogeometricum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	2.99 $\pm$ 1.39	<i>Prevotella</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	2.15 $\pm$ 0.17	<i>Faecalibacterium</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	2.07 $\pm$ 0.46	<i>Bifidobacterium</i>	Actinobacteria	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	1.34 $\pm$ 0.43	<i>Rhodovibrio</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	1.09 $\pm$ 0.16	<i>Fluviicola</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.84 $\pm$ 0.36	<i>Dorea</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	0.44 $\pm$ 0.19			
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.42 $\pm$ 0.09			
<i>Halobaculum</i>	Euryarchaeota	0.03 $\pm$ 0.00			
<i>Haloferax</i>	Euryarchaeota	0.02 $\pm$ 0.01			
<i>Natronorubrum</i>	Euryarchaeota	0.02 $\pm$ 0.01			
<i>Haloterrigena</i>	Euryarchaeota	0.02 $\pm$ 0.00			
<i>Natronococcus</i>	Euryarchaeota	0.01 $\pm$ 0.00			

Tablo 3.25. Yavşan Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinslerin şubeleri ve standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata	Cins	Şube	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	41.30 ± 3.60	<i>Halorhodospira</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	8.82 ± 1.78	<i>Desulfovermiculus</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	5.46 ± 1.42	<i>Natronococcus</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	2.26 ± 0.60	<i>Thiohalorhabdus</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	2.10 ± 1.13	<i>Halogeometricum</i>	Euryarchaeota	< 0.01
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	1.50 ± 0.51	<i>Marinobacter</i>	Proteobacteria	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	0.81 ± 0.24	<i>Prevotella</i>	Bacteroidetes	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	0.67 ± 0.23	<i>Acetohalobium</i>	Firmicutes	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.60 ± 0.11			
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	0.51 ± 0.27			
<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	0.39 ± 0.24			
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.30 ± 0.14			
<i>Halobaculum</i>	Euryarchaeota	0.10 ± 0.08			
<i>Haloterrigena</i>	Euryarchaeota	0.03 ± 0.01			
<i>Haloferax</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.01			
<i>Halanaerobacter</i>	Firmicutes	0.01 ± 0.01			
<i>Natronorubrum</i>	Euryarchaeota	0.01 ± 0.00			

Tuz Gölü örneklerinde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla sırasıyla 24.61 ± 3.20 , 13.98 ± 1.04 , 0.07 ± 0.02 olarak belirlenmişken, Derin Bölge örneklerinde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla sırasıyla 5.43 ± 0.28 , 22.99 ± 1.78 , 0.00 ± 0.00 olarak saptanmıştır.

Kayacık Tuzlası örneklerinde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla sırasıyla 10.65 ± 2.66 , 36.18 ± 5.85 , 0.06 ± 0.03 olarak; Kaldırım Tuzlası örneklerinde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla sırasıyla 31.77 ± 4.86 , 14.14 ± 1.51 , 0.22 ± 0.05 olarak; Yavşan Tuzlası örneklerinde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla sırasıyla 17.93 ± 2.12 , 16.40 ± 2.16 , 0.34 ± 0.14 olarak tespit edilmiştir.

Kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ortalama olarak en fazla Kaldırım Tuzlası örneklerinde görülürken, en az Derin Bölge örneklerinde görülmüştür. Kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ortalama olarak en fazla Kayacık Tuzlası örneklerinde görülürken, en az Tuz Gölü örneklerinde görülmüştür. Kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama olarak en fazla Yavşan Tuzlası örneklerinde görülürken, en az Derin Bölge örneklerinde görülmüştür (Tablo 3.26).

Tablo 3.26. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzları örneklerinde tespit edilen kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3 ortalama yüzde bollukları ve standart hataları.

Örnekleme Alanı	Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1	Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2	Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3
Tuz Gölü	24.61 ± 3.20	13.98 ± 1.04	0.07 ± 0.02
Derin Bölge	5.43 ± 0.28	22.99 ± 1.78	0.00 ± 0.00
Kayacık Tuzlası	10.65 ± 2.66	36.18 ± 5.85	0.06 ± 0.03
Kaldırım Tuzlası	31.77 ± 4.86	14.14 ± 1.51	0.22 ± 0.05
Yavşan Tuzlası	17.93 ± 2.12	16.40 ± 2.16	0.34 ± 0.14

Tuz Gölü örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin ortalama yüzde bollukları standart hatalarıyla birlikte *Haloquadratum* (38.36 ± 5.64), *Haloarcula* (22.32 ± 5.86), *Halorhabdus* (11.24 ± 1.29), *Halorubrum* (6.45 ± 2.10), *Halonotius* (6.75 ± 2.11), *Natronomonas* (4.81 ± 2.35), *Halolamina* (3.48 ± 1.73), *Salinibacter* (2.67 ± 0.61), *Halobacterium* (1.99 ± 0.93), *Halosimplex* (0.99 ± 0.20), *Halomicrobium* (0.38 ± 0.08), *Haloplanus* (0.27 ± 0.06), *Halorhodospira* (0.08 ± 0.05), *Halobaculum* (0.06 ± 0.02), *Desulfovermiculus* (0.04 ± 0.03), *Haloterrigena* (0.03 ± 0.01), *Halanaerobacter* (0.02 ± 0.01), *Thiohalorhabdus* (0.01 ± 0.01) ve *Haloferax* (0.01 ± 0.00) şeklinde tespit edilmiştir. *Natronorubrum*, *Natronococcus*, *Halogeometricum*, *Marinobacter*, *Desulfonauticus*, *Archaeoglobus*, *Prevotella*, *Halanaerobium*, *Faecalibacterium*, *Bifidobacterium*, *Bacteroides*, *Rhodovibrio*, *Collinsella*, *Fluviicola*, *Dorea* ve *Balneola* cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.27).

Derin Bölge örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edilerek cinslerin ortalama yüzde bollukları ve standart hataları, *Haloquadratum* (66.24 ± 2.39), *Halorhabdus* (33.19 ± 2.40), *Halorubrum* (0.20 ± 0.02), *Salinibacter* (0.13 ± 0.04), *Halosimplex* (0.12 ± 0.01), *Haloarcula* (0.04 ± 0.00), *Halonotius* (0.02 ± 0.01), *Natronomonas* (0.03 ± 0.00), *Halobacterium* (0.01 ± 0.00), *Halomicrobium* (0.02 ± 0.01) ve *Haloplanus* (0.01 ± 0.01) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halolamina*, *Halobaculum*, *Haloterrigena* ve *Natronococcus* cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.28).

Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edilerek cinslerin ortalama yüzde bollukları ve standart hataları, *Haloquadratum* (59.24 ± 2.08), *Halorhabdus* (27.69 ± 6.16), *Halorubrum* (3.37 ± 0.68), *Haloarcula* (3.25 ± 1.32), *Halonotius* (1.73 ± 0.69), *Salinibacter* (1.54 ± 0.69), *Haloplanus* (0.90 ± 0.25), *Halosimplex* (0.68 ± 0.23), *Natronomonas* (0.53 ± 0.25), *Halolamina* (0.45 ± 0.38), *Halomicrobium* (0.33 ± 0.11), *Halobacterium* (0.07 ± 0.03), *Halobaculum* (0.07 ± 0.03), *Haloterrigena* (0.02 ± 0.01), *Haloferax* (0.02 ± 0.01) ve *Natronococcus* (0.02 ± 0.01) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halorhodospira*, *Natronorubrum*, *Halogeometricum*, *Prevotella*, *Faecalibacterium*, *Corynebacterium*, *Bifidobacterium* ve *Bacteroides* cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.29).

Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edilerek cinslerin ortalama yüzde bollukları ve standart hataları, *Haloquadratum* (32.29 ± 6.73), *Haloarcula* (24.12 ± 9.15), *Halorhabdus* (12.67 ± 2.33), *Halonotius* (10.42 ± 4.81), *Natronomonas* (4.93 ± 2.03), *Halolamina* (4.10 ± 0.34), *Halorubrum* (3.71 ± 0.45), *Halosimplex* (2.32 ± 0.55), *Salinibacter* (2.09 ± 0.29), *Halomicrobium* (1.38 ± 0.52), *Halobacterium* (0.97 ± 0.45), *Haloplanus* (0.77 ± 0.10), *Halobaculum* (0.05 ± 0.00), *Haloferax* (0.04 ± 0.01), *Natronorubrum* (0.03 ± 0.01), *Haloterrigena* (0.03 ± 0.01), *Natronococcus* (0.01 ± 0.00) ve *Halorhodospira* (0.01 ± 0.00) cinslerinde tespit edilmiştir. *Desulfovermiculus*, *Thiohalorhabdus*, *Halogeometricum*, *Prevotella*, *Faecalibacterium*, *Bifidobacterium*, *Rhodovibrio*, *Fluviicola* ve *Dorea* cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.30).

Yavşan Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edilerek cinslerin ortalama yüzde bollukları ve standart hataları, *Haloquadratum* (63.30 ± 3.24), *Halorhabdus* (13.83 ± 2.99), *Haloarcula* (8.41 ± 2.04), *Halorubrum* (3.46 ± 0.83), *Salinibacter* (3.16 ± 1.61), *Halonotius* (2.36 ± 0.83), *Natronomonas* (1.29 ± 0.41), *Halosimplex* (1.06 ± 0.37), *Haloplanus* (0.93 ± 0.18), *Halobacterium* (0.76 ± 0.39), *Halolamina* (0.63 ± 0.39), *Halomicrobium* (0.48 ± 0.24), *Halobaculum* (0.15 ± 0.12), *Haloterrigena* (0.04 ± 0.02), *Haloferax* (0.02 ± 0.01), *Halanaerobacter* (0.02 ± 0.01) ve *Natronorubrum* (0.01 ± 0.01) cinslerinde tespit edilmiştir. *Halorhodospira*, *Desulfovermiculus*, *Natronococcus*, *Thiohalorhabdus*, *Halogeometricum*, *Marinobacter*, *Prevotella* ve *Acetohalobium* cinslerinin ortalama yüzde bollukları 0.01'den daha az bulunmuştur (Tablo 3.31).

Tablo 3.27. Tuz Gölü örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	38.36 $\pm$ 5.64	<i>Natronorubrum</i>	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	22.32 $\pm$ 5.86	<i>Natronococcus</i>	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	11.24 $\pm$ 1.29	<i>Halogeometricum</i>	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	6.45 $\pm$ 2.10	<i>Marinobacter</i>	< 0.01
<i>Halonotius</i>	6.75 $\pm$ 2.11	<i>Desulfonauticus</i>	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	4.81 $\pm$ 2.35	<i>Archaeoglobus</i>	< 0.01
<i>Halolamina</i>	3.48 $\pm$ 1.73	<i>Prevotella</i>	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	2.67 $\pm$ 0.61	<i>Halanaerobium</i>	< 0.01
<i>Halobacterium</i>	1.99 $\pm$ 0.93	<i>Faecalibacterium</i>	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	0.99 $\pm$ 0.20	<i>Bifidobacterium</i>	< 0.01
<i>Halomicrobium</i>	0.38 $\pm$ 0.08	<i>Bacteroides</i>	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	0.27 $\pm$ 0.06	<i>Rhodovibrio</i>	< 0.01
<i>Halorhodospira</i>	0.08 $\pm$ 0.05	<i>Collinsella</i>	< 0.01
<i>Halobaculum</i>	0.06 $\pm$ 0.02	<i>Fluviicola</i>	< 0.01
<i>Desulfovermiculus</i>	0.04 $\pm$ 0.03	<i>Dorea</i>	< 0.01
<i>Haloterrigena</i>	0.03 $\pm$ 0.01	<i>Balneola</i>	< 0.01
<i>Halanaerobacter</i>	0.02 $\pm$ 0.01		
<i>Thiohalorhabdus</i>	0.01 $\pm$ 0.01		
<i>Haloferax</i>	0.01 $\pm$ 0.00		

Tablo 3.28. Derin Bölge örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	66.24 $\pm$ 2.39	<i>Halolamina</i>	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	33.19 $\pm$ 2.40	<i>Halobaculum</i>	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	0.20 $\pm$ 0.02	<i>Haloterrigena</i>	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	0.13 $\pm$ 0.04	<i>Natronococcus</i>	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	0.12 $\pm$ 0.01		
<i>Haloarcula</i>	0.04 $\pm$ 0.00		
<i>Halonotius</i>	0.02 $\pm$ 0.01		
<i>Natronomonas</i>	0.03 $\pm$ 0.00		
<i>Halobacterium</i>	0.01 $\pm$ 0.00		
<i>Halomicrobium</i>	0.02 $\pm$ 0.01		
<i>Haloplanus</i>	0.01 $\pm$ 0.01		

Tablo 3.29. Kayacık Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	59.24 $\pm$ 2.08	<i>Halorhodospira</i>	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	27.69 $\pm$ 6.16	<i>Natronorubrum</i>	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	3.37 $\pm$ 0.68	<i>Halogeometricum</i>	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	3.25 $\pm$ 1.32	<i>Prevotella</i>	< 0.01
<i>Halonotius</i>	1.73 $\pm$ 0.69	<i>Faecalibacterium</i>	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	1.54 $\pm$ 0.69	<i>Corynebacterium</i>	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	0.90 $\pm$ 0.25	<i>Bifidobacterium</i>	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	0.68 $\pm$ 0.23	<i>Bacteroides</i>	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	0.53 $\pm$ 0.25		
<i>Halolamina</i>	0.45 $\pm$ 0.38		
<i>Halomicrobium</i>	0.33 $\pm$ 0.11		
<i>Halobacterium</i>	0.07 $\pm$ 0.03		
<i>Halobaculum</i>	0.07 $\pm$ 0.03		
<i>Haloterrigena</i>	0.02 $\pm$ 0.01		
<i>Haloferax</i>	0.02 $\pm$ 0.01		
<i>Natronococcus</i>	0.02 $\pm$ 0.01		

Tablo 3.30. Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata	Cins	Ortalama Yüzde Bolluk $\pm$ Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	32.29 $\pm$ 6.73	<i>Desulfovermiculus</i>	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	24.12 $\pm$ 9.15	<i>Thiohalorhabdus</i>	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	12.67 $\pm$ 2.33	<i>Halogeometricum</i>	< 0.01
<i>Halonotius</i>	10.42 $\pm$ 4.81	<i>Prevotella</i>	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	4.93 $\pm$ 2.03	<i>Faecalibacterium</i>	< 0.01
<i>Halolamina</i>	4.10 $\pm$ 0.34	<i>Bifidobacterium</i>	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	3.71 $\pm$ 0.45	<i>Rhodovibrio</i>	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	2.32 $\pm$ 0.55	<i>Fluviicola</i>	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	2.09 $\pm$ 0.29	<i>Dorea</i>	< 0.01
<i>Halomicrobium</i>	1.38 $\pm$ 0.52		
<i>Halobacterium</i>	0.97 $\pm$ 0.45		
<i>Haloplanus</i>	0.77 $\pm$ 0.10		
<i>Halobaculum</i>	0.05 $\pm$ 0.00		
<i>Haloferax</i>	0.04 $\pm$ 0.01		
<i>Natronorubrum</i>	0.03 $\pm$ 0.01		
<i>Haloterrigena</i>	0.03 $\pm$ 0.01		
<i>Natronococcus</i>	0.01 $\pm$ 0.00		
<i>Halorhodospira</i>	0.01 $\pm$ 0.00		

Tablo 3.31. Yavşan Tuzlası örneklerinde tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

Cins	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata	Cins	Ortalama Yüzde Bolluk ± Standart Hata
<i>Haloquadratum</i>	63.30 ± 3.24	<i>Halorhodospira</i>	< 0.01
<i>Halorhabdus</i>	13.83 ± 2.99	<i>Desulfovermiculus</i>	< 0.01
<i>Haloarcula</i>	8.41 ± 2.04	<i>Natronococcus</i>	< 0.01
<i>Halorubrum</i>	3.46 ± 0.83	<i>Thiohalorhabdus</i>	< 0.01
<i>Salinibacter</i>	3.16 ± 1.61	<i>Halogeometricum</i>	< 0.01
<i>Halonotius</i>	2.36 ± 0.83	<i>Marinobacter</i>	< 0.01
<i>Natronomonas</i>	1.29 ± 0.41	<i>Prevotella</i>	< 0.01
<i>Halosimplex</i>	1.06 ± 0.37	<i>Acetohalobium</i>	< 0.01
<i>Haloplanus</i>	0.93 ± 0.18		
<i>Halobacterium</i>	0.76 ± 0.39		
<i>Halolamina</i>	0.63 ± 0.39		
<i>Halomicrobium</i>	0.48 ± 0.24		
<i>Halobaculum</i>	0.15 ± 0.12		
<i>Haloterrigena</i>	0.04 ± 0.02		
<i>Haloferax</i>	0.02 ± 0.01		
<i>Halanaerobacter</i>	0.02 ± 0.01		
<i>Natronorubrum</i>	0.01 ± 0.01		

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen arkeal cinslerin *Archaea* domaini, *Euryarchaeota* şubesi ve *Halobacteria* sınıfından olan *Halobacteriales* ve *Haloferacales* takımlarına ait oldukları görülmüştür. Örneklerde *Halobacteriales* takımına ait olan *Haloarculaceae* familyasından *Haloarcula*, *Halomicrobium*, *Halorhabdus*, *Halosimplex* ve *Natronomonas* cinsleri görülürken, *Halobacteriaceae* familyasından sadece *Halobacterium* cinsi görülmüştür. Numunelerde *Haloferacales* takımına ait olan *Haloferacaceae* familyasından *Haloplanus* ve *Haloquadratum* cinsleri saptanırken, *Halorubraceae* familyasından *Halolamina*, *Halonotius* ve *Halorubrum* cinsleri saptanmıştır. *Bacteria* domaini, *Rhodothermaeota* şubesi, *Rhodothermia* sınıfı, *Rhodothermales* takımı ve *Salinibacteraceae* familyasına ait olan *Salinibacter* cinsi örneklerde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen tespit edilen tek bakteri cinsi olarak bulunmuştur. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen arkeal ve bakteriyel cinslerin domainden cins seviyesine kadar taksonomik sınıflandırılmaları Şekil 3.94'te gösterilmektedir.

Analiz edilen dizilerin çoğunun şube seviyesinde *Euryarchaeota* şubesinde sınıflandırıldığı görülmektedir. Bu şubeye ait olan OTU'lar çoğunlukla *Haloquadratum* cinsine atanmıştır ve bu cinsin numunelerin çoğunda dikkate değer şekilde bol miktarda bulunduğu saptanmıştır (Şekil 3.95). Bununla birlikte, bilinen herhangi bir cinse atanamayan OTU'larda kümelenmiş çok sayıda dizi (dizilerin %39'u) olduğu tespit edilmiştir. Bu sebeple, bu çalışmada elde edilen dizilerin sadece %61'i daha önce tanımlanan cinslere atanmıştır veya bu cinslerle yakından ilişkilidir. *Halobacteria* sınıfına ait olduğu tespit edilen iki kültüre edilmemiş taksonun (kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2) numunelerde yaygın bir şekilde temsil edildiği görülmüştür. Ayrıca örneklerde tespit edilen pek çok dizinin *Haloarcula* ve *Halorhabdus* cinslerine atandığı da saptanmıştır. Buna karşın, dizilerin yalnızca %1.38'inin *Bacteria* domainine atandığı ve bakteriyel dizilerin çoğunun *Salinibacter* cinsine ait olduğu bulunmuştur (Tablo 3.32).

%1'in üzerinde bolluğa sahip olan diziler dikkate alındığında tuzlu su örneklerimizin çoğunda *Haloquadratum*, *Halorhabdus*, *Haloarcula*, *Halonotius*, *Halorubrum* ve *Salinibacter* cinsleri tespit edilmiştir (Şekil 3.95). Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık,

Kaldırım ve Yavşan Tuzlarında *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri tespit edilirken; *Haloarcula*, *Halonotius*, *Halorubrum* ve *Salinibacter* cinsleri Derin Bölge örneklerinde tespit edilmemiştir. *Halomicrobium* cinsi sadece Kaldırım Tuzlasında tespit edilmiştir. *Halobacterium* cinsi Tuz Gölü örneklerinde tespit edilirken, *Halosimplex* cinsi Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilmiştir. *Halolamina* cinsi Tuz Gölü ve Kaldırım Tuzlası örneklerinde tespit edilirken *Natronomonas* cinsi Tuz Gölü, Kaldırım ve Yavşan Tuzları örneklerinde tespit edilmiştir (Tablo 3.32).

Tuz Gölü örneklerinde *Haloquadratum* (%23.99) ve *Haloarcula* (%14.36) arkeal cinsleri en baskın cinsler olarak tespit edilirken, *Halorhabdus* (%6.90), *Halorubrum* (%3.87), *Halonotius* (%3.25), *Natronomonas* (%3.00), *Halolamina* (%1.73) ve *Halobacterium* (%1.19) arkeal cinsleri ile *Salinibacter* (%1.54) bakteri cinsinin en az %1 dizi ile temsil edilen cinsler arasında bulunduğu saptanmıştır. Ayrıca örneklerde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 taksonu (%24.61) baskın olarak bulunurken, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 taksonunun (%13.98) daha düşük yüzde oranında bulunduğu saptanmıştır (Tablo 3.32).

Derin Bölge örneklerinde *Haloquadratum* (%47.32) ve *Halorhabdus* (%23.76) cinsleri ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 (%22.90) taksonunun yüksek oranda bulunduğu dikkat çekmektedir.

Kayacık Tuzlası örneklerinde de aynı durum gözlemlenmiştir ancak bu örneklerde kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 (%36.18) taksonu bolluğunun diğer örneklerle göre daha dikkat çekici olduğu söylenebilir. Yavşan Tuzlası örneklerinde de benzer bir bileşim bulunmuştur ancak kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 (%17.93) taksonu büyük bir bollukta bulunmuştur.

Kaldırım Tuzlası örneklerinde en bol bulunan taksonların, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1, *Haloquadratum* cinsi ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 olduğu saptanmıştır. Ayrıca *Haloarcula* cinsinin Kaldırım Tuzlasından alınan KT1A ve KT1B örneklerinde oldukça baskın olduğu gözlenmiştir (Tablo 3.32, Şekil 3.95).

Özet olarak, *Haloquadratum* %47.32 ile %16.57 arasında değişen bolluklarda çoğu örnekleme sahasında en baskın olarak görülen arke cinsi olarak temsil edilirken, *Salinibacter* nispeten daha düşük bolluklarda tek bakteri cinsi olarak temsil edilmiştir. Son olarak, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria*

TGH-2 olarak adlandırılan, henüz izole edilmemiş iki takson, sırasıyla Tuz Gölü ile Kaldırım Tuzlasında ve Kayacık Tuzlasında baskın olarak tespit edilmişlerdir.

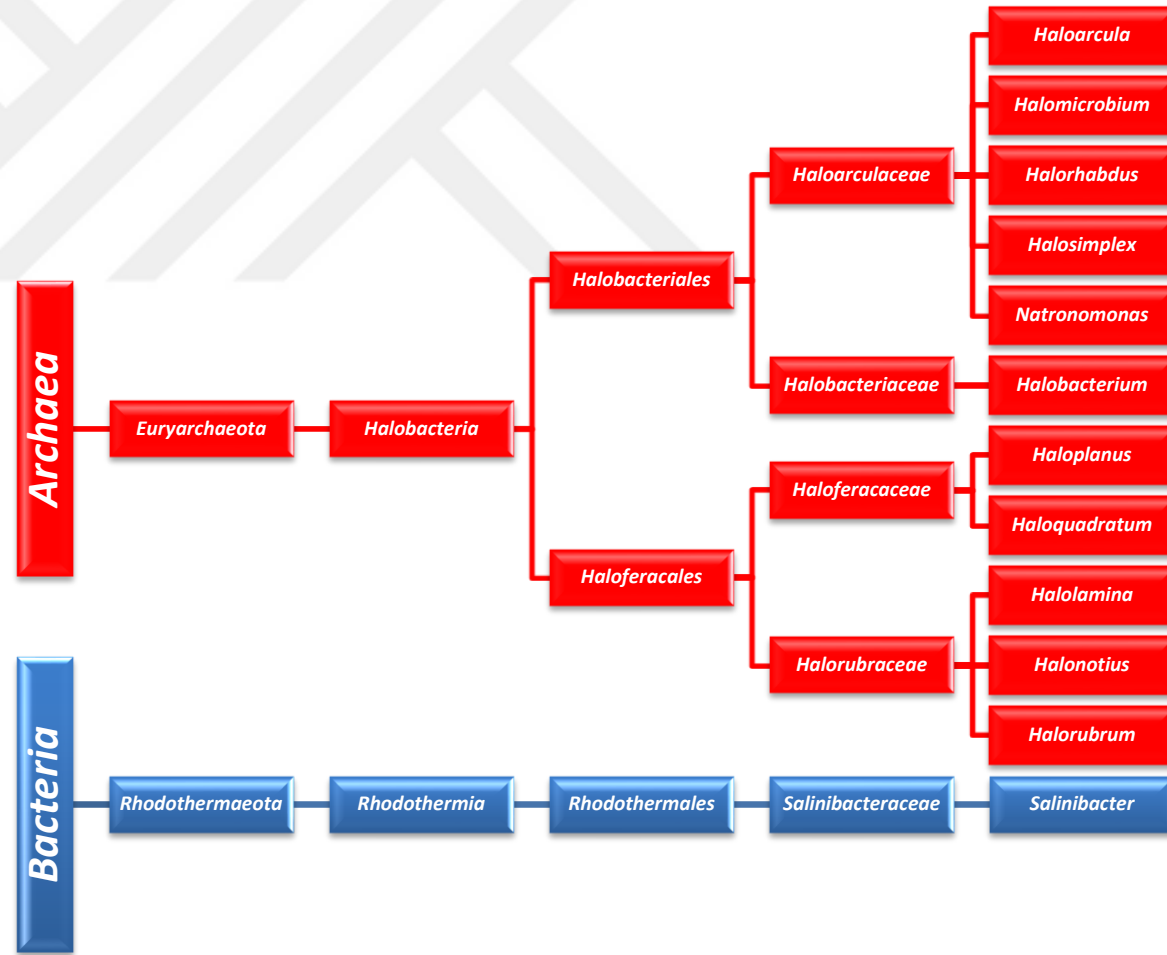
Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen cinslerden sadece bir cinse atanmış olanlar bir bütün hâlinde analiz edildiğinde *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri; *Haloarcula*, *Halorubrum*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halosimplex* ve *Salinibacter* cinsleri (Derin Bölge hariç); *Halolamina* ve *Halobacterium* cinsleri (Derin Bölge ve Kayacık Tuzlası hariç) tüm örnekleme bölgelerinde yaklaşık %1 veya %1'in üzerinde ortalama bollukta tespit edilmiştir. *Halomicrobium* cinsi sadece Kaldırım Tuzlası örnekleme bölgesinde %1'in üzerinde ortalama bollukta bulunurken, *Haloplanus* cinsi sadece Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarında yaklaşık %1 bollukta bulunmuştur (Tablo 3.33, Şekil 3.96).

Tablo 3.32. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile saptanan cins düzeyindeki taksonomik dağılımın standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

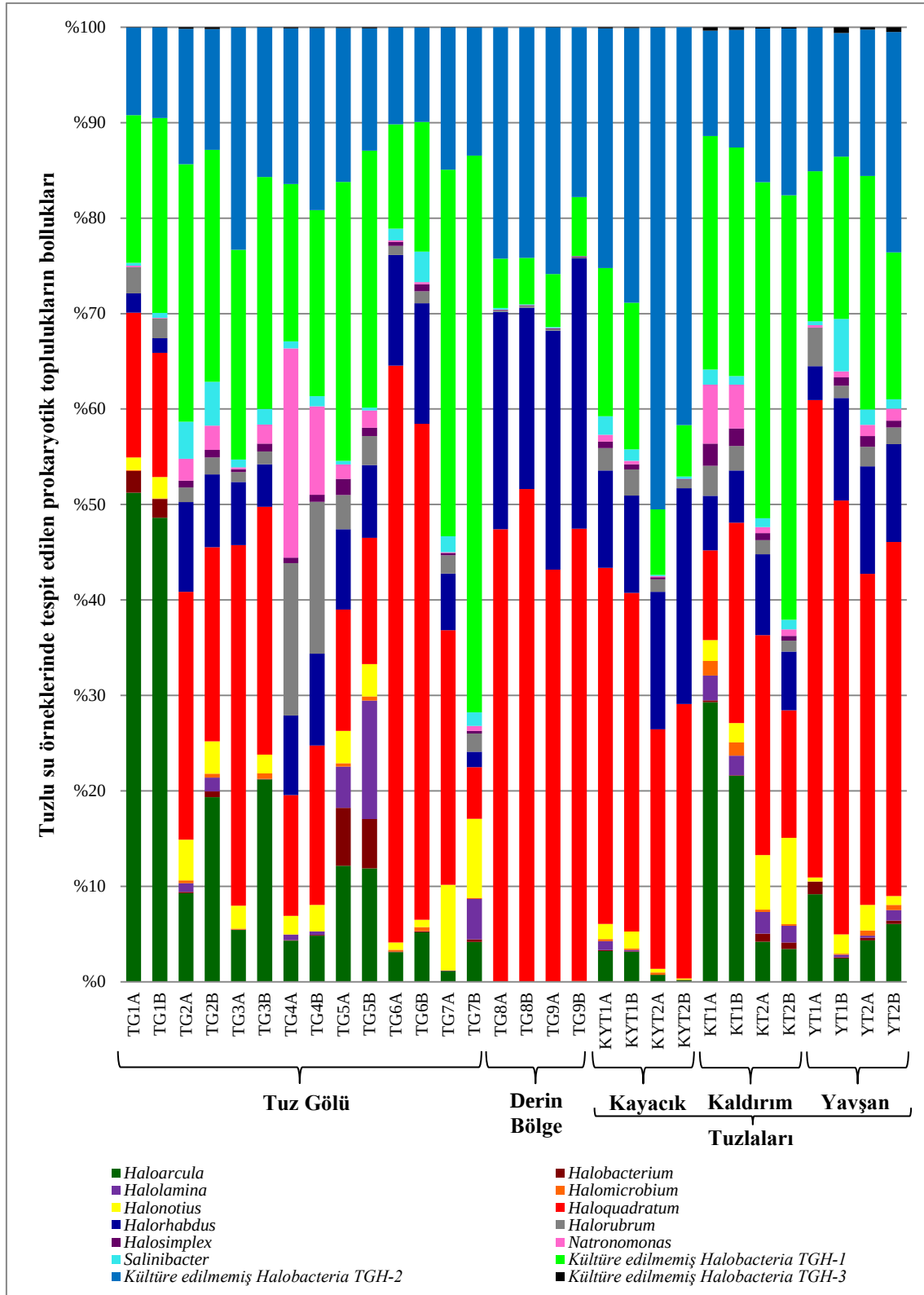
Cins/Takson	Şube	Tuz Gölü	Derin Bölge	Kayacık Tuzlası	Kaldırım Tuzlası	Yavşan Tuzlası
Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-1	<i>Euryarchaeota</i>	24.61 ± 3.20	5.43 ± 0.28	10.65 ± 2.66	31.77 ± 4.86	17.93 ± 2.12
<i>Haloquadratum</i>	<i>Euryarchaeota</i>	23.99 ± 4.25	47.32 ± 1.74	31.33 ± 2.78	16.57 ± 3.18	41.30 ± 3.60
<i>Haloarcula</i>	<i>Euryarchaeota</i>	14.36 ± 4.32	0.03 ± 0.00	1.80 ± 0.79	14.52 ± 6.39	5.46 ± 1.42
Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-2	<i>Euryarchaeota</i>	13.98 ± 1.04	22.99 ± 1.78	36.18 ± 5.85	14.14 ± 1.51	16.40 ± 2.16
<i>Halorhabdus</i>	<i>Euryarchaeota</i>	6.90 ± 0.93	23.76 ± 1.95	14.22 ± 2.93	6.40 ± 0.69	8.82 ± 1.78
<i>Halorubrum</i>	<i>Euryarchaeota</i>	3.87 ± 1.34	0.15 ± 0.02	1.80 ± 0.42	2.07 ± 0.46	2.26 ± 0.60
<i>Halonotius</i>	<i>Euryarchaeota</i>	3.25 ± 0.66	0.02 ± 0.00	0.96 ± 0.41	4.69 ± 1.65	1.50 ± 0.51
<i>Natronomonas</i>	<i>Euryarchaeota</i>	3.00 ± 1.55	0.02 ± 0.00	0.30 ± 0.15	2.99 ± 1.39	0.81 ± 0.24
<i>Halolamina</i>	<i>Euryarchaeota</i>	1.73 ± 0.91	< 0.01	0.27 ± 0.23	2.15 ± 0.17	0.39 ± 0.24
<i>Salinibacter</i>	<i>Rhodothermaeota</i>	1.54 ± 0.37	0.09 ± 0.03	0.88 ± 0.42	1.09 ± 0.16	2.10 ± 1.13
<i>Halobacterium</i>	<i>Euryarchaeota</i>	1.19 ± 0.53	0.01 ± 0.00	0.04 ± 0.02	0.44 ± 0.19	0.51 ± 0.27
<i>Halosimplex</i>	<i>Euryarchaeota</i>	0.58 ± 0.11	0.08 ± 0.01	0.37 ± 0.14	1.34 ± 0.43	0.67 ± 0.23
<i>Halomicrobium</i>	<i>Euryarchaeota</i>	0.23 ± 0.05	0.01 ± 0.00	0.17 ± 0.05	0.84 ± 0.36	0.30 ± 0.14
<i>Haloplanus</i>	<i>Euryarchaeota</i>	0.16 ± 0.04	0.01 ± 0.00	0.46 ± 0.11	0.42 ± 0.09	0.60 ± 0.11
Kültüre edilmemiş <i>Halobacteria</i> TGH-3	<i>Euryarchaeota</i>	0.07 ± 0.02	0.00 ± 0.00	0.06 ± 0.03	0.22 ± 0.05	0.34 ± 0.14

Tablo 3.33. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile saptanan cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin standart hatalarıyla birlikte ortalama yüzde bollukları.

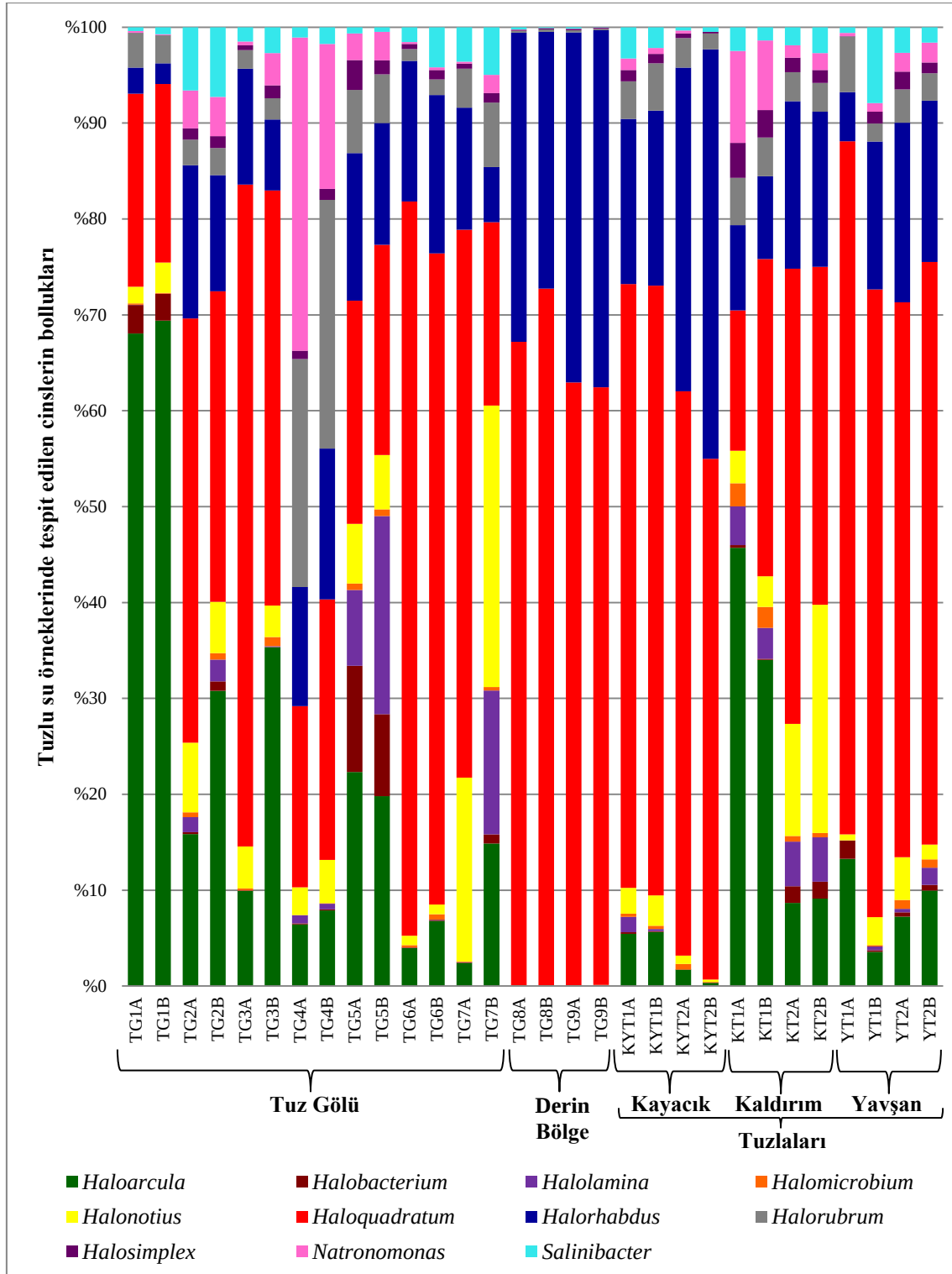
Cins/Takson	Şube	Tuz Gölü	Derin Bölge	Kayacık Tuzlası	Kaldırım Tuzlası	Yavşan Tuzlası
<i>Haloquadratum</i>	Euryarchaeota	38.36 ± 5.64	66.24 ± 2.39	59.24 ± 2.08	32.29 ± 6.73	63.30 ± 3.24
<i>Haloarcula</i>	Euryarchaeota	22.32 ± 5.86	0.04 ± 0.00	3.25 ± 1.32	24.12 ± 9.15	8.41 ± 2.04
<i>Halorhabdus</i>	Euryarchaeota	11.24 ± 1.29	33.19 ± 2.40	27.69 ± 6.16	12.67 ± 2.33	13.83 ± 2.99
<i>Halorubrum</i>	Euryarchaeota	6.45 ± 2.10	0.20 ± 0.02	3.37 ± 0.68	3.71 ± 0.45	3.46 ± 0.83
<i>Halonotius</i>	Euryarchaeota	6.75 ± 2.11	0.02 ± 0.01	1.73 ± 0.69	10.42 ± 4.81	2.36 ± 0.83
<i>Natronomonas</i>	Euryarchaeota	4.81 ± 2.35	0.03 ± 0.00	0.53 ± 0.25	4.93 ± 2.03	1.29 ± 0.41
<i>Halolamina</i>	Euryarchaeota	3.48 ± 1.73	< 0.01	0.45 ± 0.38	4.10 ± 0.34	0.63 ± 0.39
<i>Salinibacter</i>	Rhodothermaeota	2.67 ± 0.61	0.13 ± 0.04	1.54 ± 0.69	2.09 ± 0.29	3.16 ± 1.61
<i>Halobacterium</i>	Euryarchaeota	1.99 ± 0.93	0.01 ± 0.00	0.07 ± 0.03	0.97 ± 0.45	0.76 ± 0.39
<i>Halosimplex</i>	Euryarchaeota	0.99 ± 0.20	0.12 ± 0.01	0.68 ± 0.23	2.32 ± 0.55	1.06 ± 0.37
<i>Halomicrobium</i>	Euryarchaeota	0.38 ± 0.08	0.02 ± 0.01	0.33 ± 0.11	1.38 ± 0.52	0.48 ± 0.24
<i>Haloplanus</i>	Euryarchaeota	0.27 ± 0.06	0.01 ± 0.01	0.90 ± 0.25	0.77 ± 0.10	0.93 ± 0.18



Şekil 3.94. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlarından toplanan tuzlu su örneklerinde %0.3'ün üzerinde dizi ile temsil edilen cinslerin taksonomik sınıflandırılmaları.



Şekil 3.95. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen prokaryotik toplulukların taksonomik profilleri.



Şekil 3.96. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde en az %1 16S rRNA dizisi ile tespit edilen cinsler bir bütün hâlinde analiz edildiğinde cinslerin yüzde bollukları.

Farklı örnekler arasındaki çeşitliliği ifade eden β (beta) çeşitliliğin ölçüleri olan ağırlıklandırılmış ve ağırlıklandırılmamış UniFrac, prokaryotik toplulukları topluluklar içinde bulunan arke ve bakterilerin filogenetik ilişkilerine dayanarak karşılaştırmaktadır. Temel bileşenler analizi (Principal Components Analysis, PCA) grafikleri örnekler arasında toplulukların ilişkilerinin genel bir bakışla görselleştirilmesini sağlamaktadır (Lozupone ve ark., 2011; Roldán Ahumada ve Avendaño Garrido, 2019; Knecht ve ark., 2019).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde tespit edilen arke ve bakteri topluluklarının örnekler arası çeşitlilik açısından karşılaştırılabilmesi amacıyla ağırlıklandırılmış ve ağırlıklandırılmamış yöntemler kullanılarak UniFrac mesafeleri oluşturulmuş ve PCA grafikleri üzerinde işaretlenmiştir (Şekil 3.97).

Bizim bu çalışmamızda, ağırlıklandırılmamış UniFrac metriği tuzlu su örneklerinde saptanan arke ve bakteri cinslerinin varlığını veya yokluğunu göz önünde bulundurmaktadır ancak cinslerin bolluklarını hesaba katmamaktadır. Ağırlıklandırılmış UniFrac metriği hem arke ve bakteri cinslerinin varlık ve yokluklarını hem de cinslerin numunelerdeki bolluklarını hesaba katmaktadır (Şekil 3.97).

Tuz Gölü örnekleri gölün farklı konumlarından toplanmaları nedeniyle göreceli kümelenmeler göstermekte iken Yavşan Tuzlasından alınan YT1A örneği hem Yavşan Tuzlasının diğer örneklerinden hem de diğer tuzlu su örneklerinden sınırlı taksonomik çeşitliliği ile ayrı olarak konumlanmaktadır. Ayrıca özellikle Tuz Gölü'nden toplanan TG1A ve TG1B tuzlu su örnekleri gölden toplanan diğer tuzlu su örneklerine kıyasla varyanslarında yani prokaryotik çeşitliliklerinde daha büyük bir farklılık göstermektedir. Derin Bölge, Kayacık ve Kaldırım Tuzlalarından toplanan örnekler göreceli olarak birbirlerine yakın gruplanmışlardır (Şekil 3.97).

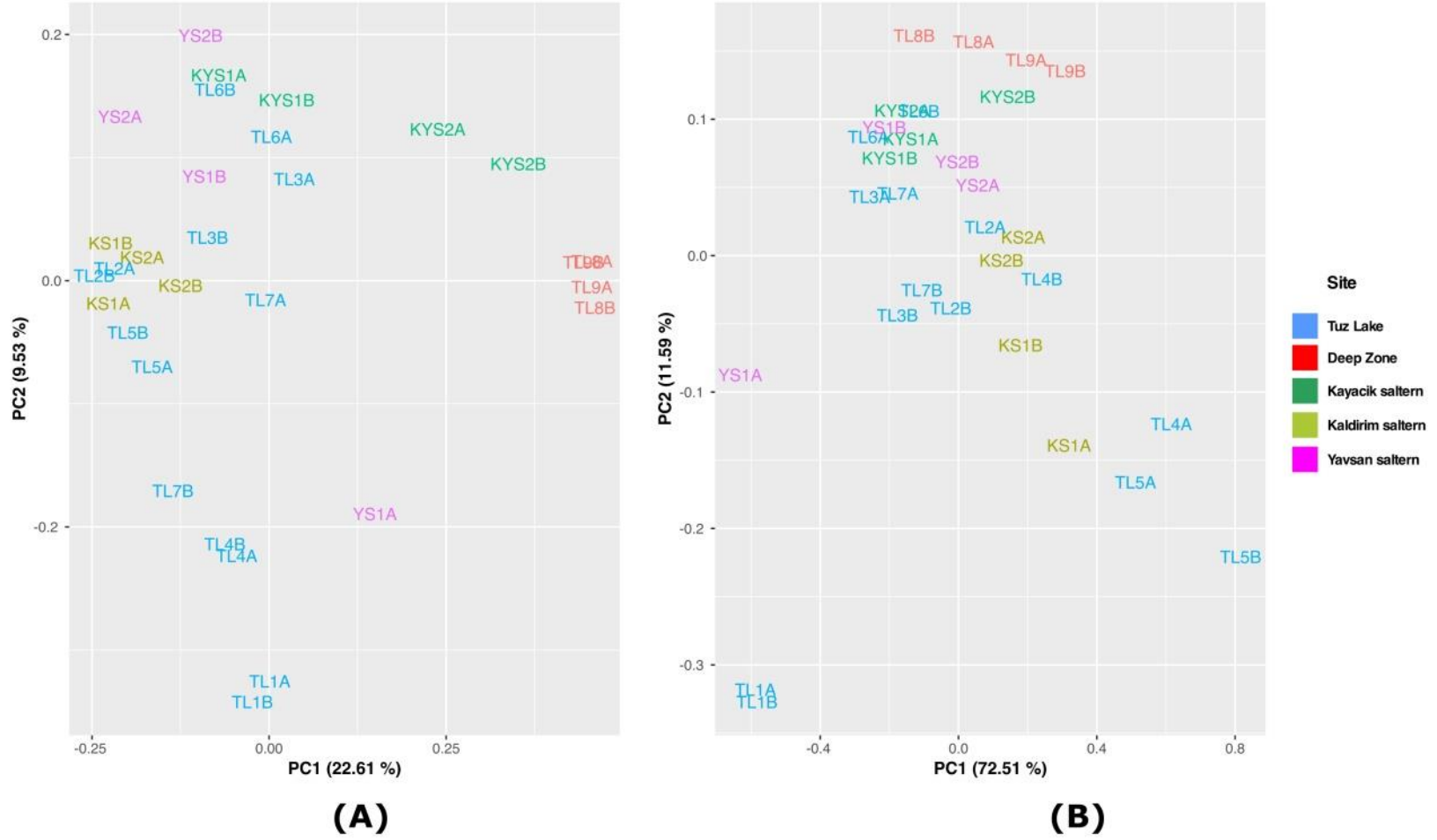
Ağırlıklandırılmış UniFrac PCA grafiğinde (Şekil 3.97B), ilk iki ana bileşen kullanılarak (PC1 ve PC2) ağırlıklandırılmamış UniFrac PCA grafiğine (Şekil 3.97A) göre daha yüksek bir varyans (%84.1) elde edilmiştir. Ağırlıklandırılmış UniFrac PCA grafiğinde Tuz Gölü örneklerinden TG1A, TG1B, TG4A, TG5A ve TG5B ile Yavşan Tuzlası örneklerinden YT1A örnekleri diğer tuzlu su örneklerine çok yakın olarak kümelenme göstermemişlerdir (Şekil 3.97B).

Tuz Gölü'nün TG1 örnekleme bölgesinden toplanan TG1A ve TG1B örnekleri, diğer tuzlu su örneklerinden bağımsız olarak gruplandırılırken hem ağırlıklandırılmamış hem de ağırlıklandırılmış UniFrac grafiklerinde (Şekil 3.97) *Haloarcula* cinsinin diğer tuzlu su örneklerinden belirgin şekilde baskınlığı nedeniyle birbirleriyle yakın olarak kümelenmişlerdir.

Çalışmamızda toplanan tuzlu su numuneleri arasında *Halorubrum* ve *Natronomonas* cinslerinin en yüksek bollukları TG4A ve TG4B örneklerinde tespit edilmiş ve bu cinsler arasında güçlü pozitif korelasyon bulunmuştur (Şekil 3.97). Bu tuzlu su numunelerinin birbirine çok yakın ancak ağırlıklandırılmamış UniFrac grafiğinde diğer örneklerden farklı bir konumda kümelendiği görülmektedir (Şekil 3.97). Bununla birlikte, ağırlıklandırılmış UniFrac grafiğinde TG4A ve TG4B arasındaki kümelenmenin o kadar sıkı olmadığı çünkü bu örneklerde saptanan cinslerin bolluklarının, özellikle *Natronomonas* cinsinin, nispeten farklı olduğu gözlemlenmiştir (Şekil 3.97).

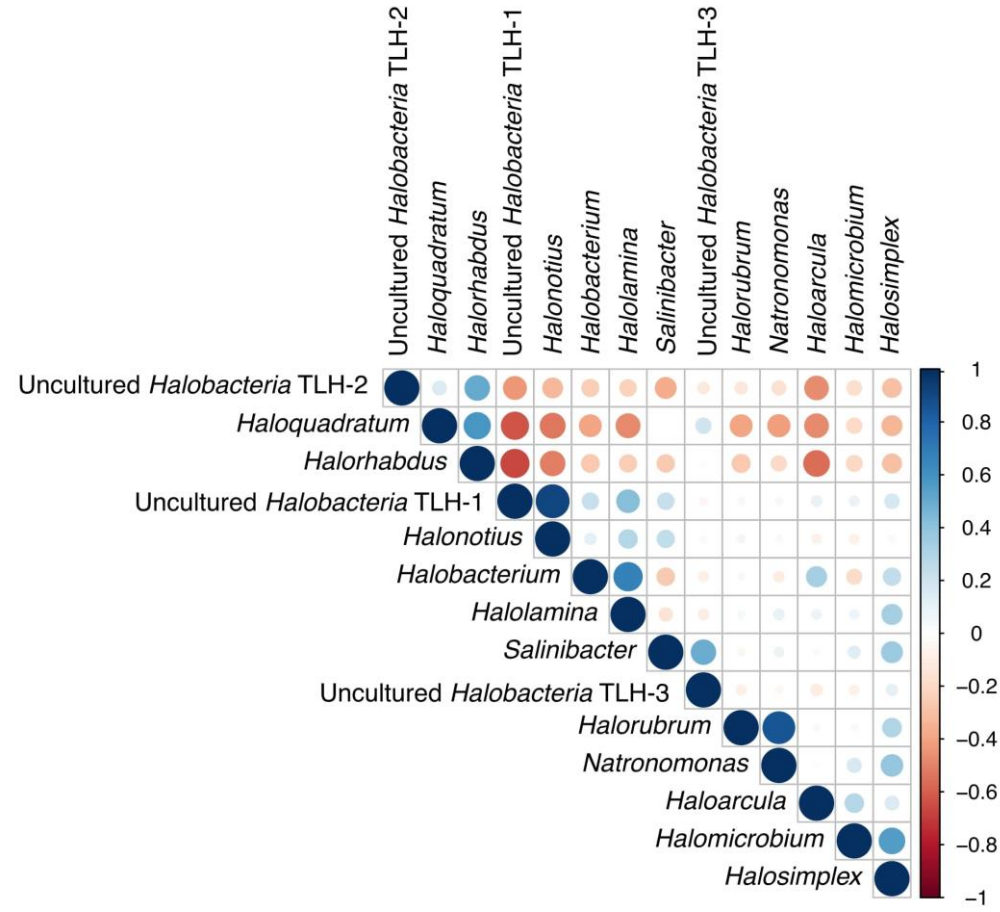
Çalışmamızda Derin Bölge'den toplanan tuzlu su örneklerinde (TG8A, TG8B, TG9A ve TG9B) açıkça görülen *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerinin baskınlığı, bu numunelerin birbirine çok yakın ve diğer tuzlu su örneklerinden ayrı olarak kümelenmesine izin vermiştir (Şekil 3.97). *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri arasındaki pozitif korelasyon da bu kümelenmeyi desteklemektedir (Şekil 3.97).

Çalışmamızda Yavşan Tuzlasından toplanan YT1A tuzlu su numunesi, diğer tuzlu su örneklerine göre (Derin Bölge tuzlu su örnekleri hariç) daha az prokaryotik çeşitliliğe sahip olması nedeniyle Yavşan Tuzlası tuzlu su numuneleri ve diğer bölgelerden toplanan tuzlu su örnekleri ile kümelenme göstermemiştir (Şekil 3.97).



Şekil 3.97. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinin temel bileşenler analizi. **(A)** Ağırlıklandırılmamış UniFrac, **(B)** Ağırlıklandırılmış UniFrac.

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %1'in üzerinde dizilerle temsil edilerek tespit edilen cinslerin istatistiksel korelasyonları R yazılımının 3.6.2 versiyonu kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 3.98). Mikrobiyal toplulukların çeşitliliği ve bolluğu, her bir örnekleme alanında tespit edilen arke ve bakteri cinsleri arasındaki pozitif ve negatif korelasyonlara göre değişim göstermektedir ($P < 0.05$). *Halonotius* cinsi ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ($r = 0.917$); *Halorubrum* cinsi ile *Natronomonas* cinsi ($r = 0.857$); *Halolamina* cinsi ve *Halobacterium* cinsi ($r = 0.676$) arasında güçlü pozitif korelasyonlar bulunmuştur. Ayrıca *Haloquadratum* cinsi ile *Halorhabdus* cinsi ($r = 0.582$) ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ($r = 0.159$) arasında pozitif korelasyon tespit edilmiştir. Bununla birlikte, *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2'nin artan varlıkları *Haloarcula*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halomicrobium*, *Halonotius*, *Halorubrum*, *Halosimplex*, *Natronomonas* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 bollukları ile negatif korelasyon göstermişlerdir. Bu cinslerin *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 ile negatif korelasyonları olmasına rağmen, genel olarak birbirleriyle pozitif korelasyonları bulunmuştur (Şekil 3.98).

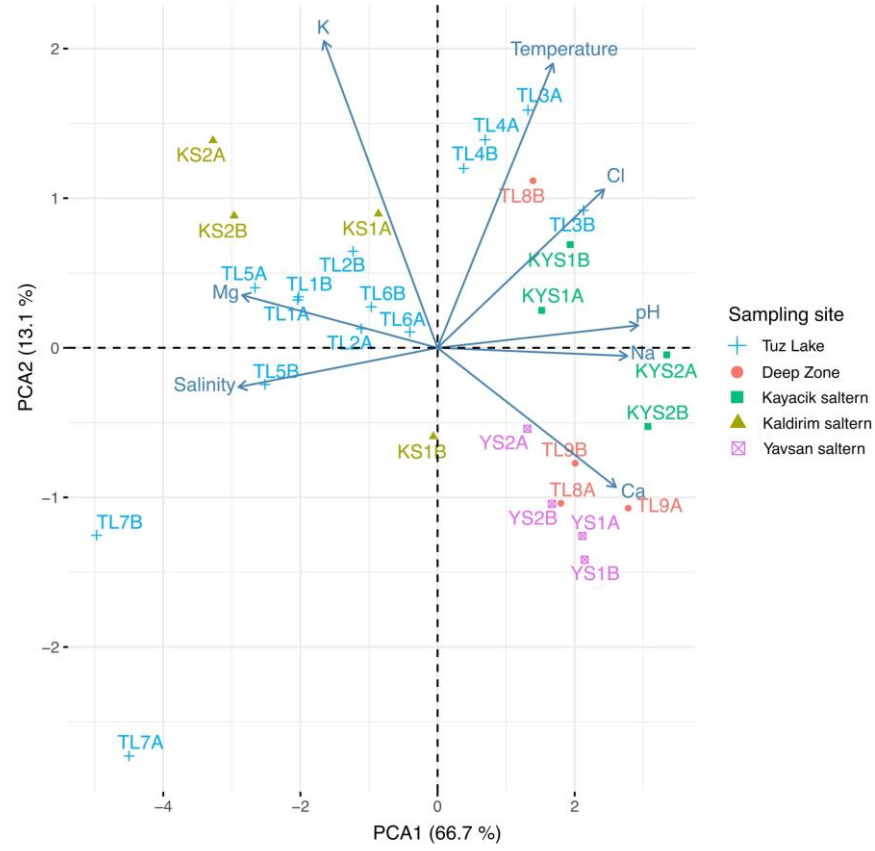


Şekil 3.98. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örneklerinde %1'in üzerinde dizilerle temsil edilen cinsler ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH'ler arasındaki istatistiksel korelasyonlar.

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örnekleri sıcaklık, pH, tuzluluk, sodyum, potasyum, magnezyum, kalsiyum ve klorür konsantrasyonları gibi sekiz farklı fizikokimyasal parametre açısından da analiz edilmiştir. PCA analizine göre bu fizikokimyasal değişkenler, Dim1 ve Dim2 olmak üzere iki ana bileşene indirgenmiştir (Şekil 3.99). Bu iki ana bileşen toplam varyansın %79.8'ini açıklamaktadır. İlk bileşen (Dim1) varyansın çoğunu (%66.7) açıklarken, ikinci bileşen (Dim2) varyansın %13.1'ini açıklamaktadır. Birinci bileşende (Dim1) pH, tuzluluk ve sodyum en güçlü parametreler olarak tespit edilirken, ikinci bileşende (Dim2) potasyum ve sıcaklık parametreleri güçlü olarak tespit edilmiştir (Tablo 3.34).

Derin Bölge, Kayacık Tuzlası (KYT2A ve KYT2B) ve Yavşan Tuzlası örnekleri pH, sıcaklık, sodyum, kalsiyum ve klorür konsantrasyonları ile pozitif korelasyon göstermektedir. Kaldırım Tuzlası örneklerinin tuzluluk, potasyum ve magnezyum konsantrasyonları artışıyla daha yüksek bir korelasyona sahip olduğu Şekil 3.99'da görülmektedir.

TG7A ve TG7B örnekleri farklı fizikokimyasal karakteristikleri sebebiyle ayrı olarak konumlandırılmışlardır (Şekil 3.99). Bu örnekleme alanından toplanan örnekler yüksek tuzluluk ve magnezyum konsantrasyonlarına sahip olmalarına rağmen, sıcaklık, pH, sodyum, kalsiyum ve klorür konsantrasyonları açısından düşük olarak bulunmuşlardır (Tablo 3.1). TG3A, TG4A ve TG4B örnekleri sıcaklık ve klorür konsantrasyonu ile güçlü pozitif korelasyona sahiplerdir. TG1A, TG1B, TG2A, TG2B, TG5A ve TG5B örnekleri tuzluluk, potasyum ve magnezyum konsantrasyonları ile pozitif korelasyon göstermektedirler (Şekil 3.99).



Şekil 3.99. Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarından toplanan tuzlu su örnekleri ve fizikokimyasal parametrelerinin PCA grafiği (Mavi oklar fizikokimyasal parametreleri göstermektedir).

Tablo 3.34. Fizikokimyasal parametrelerin temel bileşenler analizi.

Fizikokimyasal Parametreler	Temel Bileşenler	
	Dim1	Dim2
Sıcaklık (°C)	0.236	0.600
pH	0.409	0.047
Tuzluluk (%)	-0.407	-0.083
Sodyum (mg/L)	0.388	-0.017
Potasyum (mg/L)	-0.232	0.648
Magnezyum (mg/L)	-0.399	0.111
Kalsiyum (mg/L)	0.364	-0.294
Klorür (mg/L)	0.340	0.335

Deniz suyundan türetilen talasohalin göller, sodyum ve klorür iyonlarının baskınlığı ve deniz suyuna benzer orantılı bir iyon bileşimi ile karakterize edilmektedir (Grant, 2004; Ventosa, 2006). Talasohalin göllerde potasyum, kalsiyum, magnezyum önemli katyonlar olarak belirtilirken, florür, bromür, bikarbonat ve sülfat iyonları bu göllerdeki önemli anyonlar olarak belirtilmektedir (Ventosa ve Arahal, 2009). Önemli katyonlar olarak potasyum, kalsiyum ve magnezyum içeren Tuz Gölü, çalışmamızda sodyum ve klorür iyonlarının baskınlığının açıkça görülebildiği bir talasohalin ortamdır (Tablo 3.1). Tuz Gölü'nün yakın tarihli bir çalışmasında benzer fizikokimyasal özellikler görüldüğü belirlenmiştir (Oyewusi ve ark., 2021).

Çalışmamızda tespit edilen Tuz Gölü fizikokimyasal karakteristikleri (sıcaklık: 22–27 °C, pH: 6.85–7.34, tuzluluk: %32–38, sodyum konsantrasyonu: 62449–96333 mg/L, potasyum konsantrasyonu: 3767–11520 mg/L, magnezyum konsantrasyonu: 7981–31424 mg/L, kalsiyum konsantrasyonu: 130–295 mg/L ve klorür konsantrasyonu: 173329–214928 mg/L) daha önceki bir Tuz Gölü çalışmasından elde edilen sonuçlar (sıcaklık: 26 °C, pH: 8.36, sodyum konsantrasyonu: 114250 mg/L, potasyum konsantrasyonu: 6550 mg/L, magnezyum konsantrasyonu: 11440 mg/L, kalsiyum konsantrasyonu: 320 mg/L ve klorür konsantrasyonu: 201670 mg/L) (Oyewusi ve ark., 2021) ve talasohalin Büyük Tuz Gölü'nün Kuzey Kolu'ndan (North Arm of the Great Salt Lake) elde edilen sonuçlar (sıcaklık: 20 °C, pH: 7.9, tuzluluk: %31.4, sodyum konsantrasyonu: 101000 mg/L, potasyum konsantrasyonu: 6900 mg/L, magnezyum konsantrasyonu: 8500 mg/L, kalsiyum konsantrasyonu: 280 mg/L ve klorür konsantrasyonu: 175000 mg/L) (Baxter ve ark., 2005; Lindsay ve ark., 2017; Baxter ve Zalar, 2019) ile benzerlik göstermektedir.

Tuzluluk oranının %30 ve üzerinde olması sebebiyle Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının hepsinde oldukça benzer ve az sayıda bir şube kompozisyonu saptanmıştır. Araştırma bölgemizde, *Euryarchaeota* şubesinin yüksek baskınlığını gösteren oldukça sınırlı bir prokaryotik çeşitlilik belirlenmiştir. Çalışmamızdan elde edilen veriler daha önce gerçekleştirilen Türkiye'deki %32 tuzluluğa sahip Tuz Gölü çalışmaları (Mutlu ve ark., 2008; Ünal ve Küçükyıldırım, 2020) ve İspanya'daki %37 tuzluluğa sahip Santa Pola Tuzlası (Ghai ve ark., 2011; Fernández ve ark., 2013) ve Arjantin'deki %30'dan fazla tuzluluğa sahip Salitral Negro, Colorada Grande ve Guatraché Tuzlaları (Di Meglio ve ark., 2016) çalışmaları ile

uyumluluk göstermektedir. Çeşitli araştırmacılar tarafından farklı tuzluluklara sahip tuzcul ortamlarda gerçekleştirilen ve yukarıda sözü edilen çalışmaların tümünde *Euryarchaeota* şubesinin yüksek baskınlığının saptandığı bildirilmiştir.

Çalışmamızda en bol bulunan sınıf olan *Halobacteria* sınıfı Tuz Gölü (Mutlu ve ark., 2008; Ünal ve Küçükyıldırım, 2020), Büyük Tuz Gölü (Baxter ve ark., 2005; Almeida-Dalmet ve ark., 2015; Baxter ve Zalar, 2019), Tyrell Gölü (Narasingarao ve ark., 2012; Podell ve ark., 2013; Podell ve ark., 2014), Aran-Bidgol Tuz Gölü (Makhdoumi-Kakhki ve ark., 2012b), Meyghan Gölü (Naghoni ve ark., 2017) gibi talasohalin göller ve Santa Pola Tuzlası (Ghai ve ark., 2011; Fernández ve ark., 2014a; Fernández ve ark., 2014b) ve Isla Cristina Tuzlası (Fernández ve ark., 2014b; Fernández ve ark., 2014c) gibi tuzlalar ile yapılan önceki çalışmalarda da baskın sınıf olarak belirtilmiştir.

Çalışmamızda Tuz Gölü örnekleme alanında *Haloquadratum* (%24) ve *Salinibacter* (%1.5) cinsleri sırasıyla en bol arkeal ve bakteriyel cinsleri olarak bulunmuştur. Araştırma sonuçlarımızın, Mutlu ve arkadaşları tarafından 2008 yılında Türkiye’deki Tuz Gölü’nde yapılan çalışma sonuçlarına oldukça benzer olduğu görülmektedir. Mutlu ve arkadaşları (2008) Tuz Gölü’nün batı ve doğu kıyılarının iki farklı bölgelerinden toplanan tuzlu su örneklerinde DGGE ve 16S rRNA gen kütüphanelerine göre yaptıkları çalışmada, ana cinsler olarak *Haloquadratum* ve *Salinibacter* cinslerini tespit ederken, *Halorubrum* cinsini de düşük bollukta tespit etmişlerdir. Araştırmacılar arkeal klonların %69’unun *Haloquadratum walsbyi* ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir (Mutlu ve ark., 2008). Tuz Gölü’nde yapılan bir başka çalışmada *Halobacterium*, *Haloquadratum*, *Halorhabdus* ve *Halorubrum* cinslerinin saptandığı bildirilmiştir (Ünal ve Küçükyıldırım, 2020). Tuz Gölü’nün farklı bölgelerinden çok örnek alarak gerçekleştirdiğimiz bu detaylı araştırmamızda önceki çalışmalara göre Tuz Gölü’nde cins seviyesinde daha büyük bir çeşitlilik saptanmıştır (Tablo 3.32, Şekil 3.95).

Avustralya’daki talasohalin Tyrrell Gölü’nde diğer haloarkeal cinsler tespit edilmesine rağmen, sırasıyla *Haloquadratum* (%38) ve *Salinibacter* (%0.8) en baskın arkeal ve bakteriyel cinsler olarak bulunmuştur (Podell ve ark., 2013). Araştırmacılar talasohalin Büyük Tuz Gölü’nün %31.4 oranında tuzluluğa sahip Kuzey Kolu’ndan toplanan tuzlu su örneklerinin hem *Haloplanus*, *Haloquadratum*, *Halorubrum* ve *Natronococcus* gibi arkeal cinsler hem de *Salinibacter* gibi bakteriyel cins içerdiğini belirtmişlerdir

(Almeida-Dalmet ve ark., 2015). Öte yandan, diğer talasohalin göllerin prokaryotik bileşimlerinde büyük farklılıklar gözlenmiştir. İran'daki %30-33 tuzluluğa sahip olan talasohalin Aran-Bidgol Gölü'ndeki arkeal dizilerin *Halorhabdus* (%16), *Haloquadratum* (%10), *Halorubrum* (%5), *Haloarcula* (%5), *Natronomonas* (%5) ve *Halobacterium* (%5) cinsleriyle ilişkili iken bakteriyel dizilerin *Salinibacter* (%40), *Halorhodospira* (%7), *Desulfovermiculus* (%7), *Halanaerobium* ve *Halocella* (%7) cinsleriyle ilişkili olduğu bildirilmiştir (Makhdoumi-Kakhki ve ark., 2012b). Ayrıca yine İran'daki %30 tuzluluğa sahip olan talasohalin Meyghan Gölü'nde *Halorubrum* (%22.2), *Haloferax* (%11.5), *Natronorubrum* (%5.6), *Natronomonas* (%4.1), *Natronolimnobi*us (%3.4), *Halobacterium* (%2.8), *Haloquadratum* (%2.1), *Halosimplex* (%1.9) ve *Haloterrigena* (%1.5) cinsleri tespit edilmiştir (Naghoni ve ark., 2017).

Türkiye'nin Doğu Anadolu Bölgesi'nde konumlanan %25 tuzluluğa sahip Bingöl, %27 tuzluluğa sahip Fadlum ve Kemah ve %20 tuzluluğa sahip Tuzlagözü tuzlalarındaki prokaryotik topluluklar 454 pirosekanslama tekniği ile incelenmiştir. Bu tuzlalar talasohalin çevrelerdekine benzer bir tuz bileşimine sahip olmaları nedeniyle talasohalin ortamlar olarak belirtilmişlerdir. Araştırmacılar tarafından Bingöl Tuzlasında arkeal cinsler olarak *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Natronomonas*, *Haloarcula*, *Haloplanus* ve bakteriyel cinsler olarak *Salinibacter*, *Salisaeta*, *Sphingobacteria*, *Rhodovibria*, *Euhalothece*; Fadlum Tuzlasında arkeal cinsler olarak *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Natronomonas*, *Haloarcula*, *Haloplanus*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Halomicrobium*, *Halobellus* ve bakteriyel cinsler olarak *Salinibacter*, *Sphingobacteria*, *Limimonas*, *Halovibrio*; Kemah Tuzlasında arkeal cinsler olarak *Halonotius*, *Halorubrum*, *Haloarcula*, *Halomicrobium* ve bakteriyel cinsler olarak *Salinibacter*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Stenotrophomonas*, *Sphingobium*, *Arthrobacter*, *Acinetobacter*, *Brevundimonas*, *Comamonas*, *Lysobacter* ve Tuzlagözü Tuzlasında arkeal cinsler olarak *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Haloarcula*, *Haloplanus*, *Halorhabdus* ve bakteriyel cinsler olarak *Salinibacter*, *Salisaeta*, *Limimonas*, *Spiribacter* tespit edildiği bildirilmiştir (Çınar ve Mutlu, 2016).

Bu çalışmamızda, Tuz Gölü tuzlalarında tespit edilen *Haloquadratum*, *Halorubrum*, *Natronomonas*, *Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Halonotius*, *Halomicrobium* ve *Salinibacter* cinsleri Bingöl, Fadlum, Kemah ve Tuzlagözü tuzlalarında da tespit edilirken (Çınar ve Mutlu, 2016), Kaldırım Tuzlasında tespit edilen *Halosimplex* ve *Halolamina* cinsleri bu

tuzlalarda tespit edilmemiştir (Çınar ve Mutlu, 2016). Bununla birlikte, Bingöl, Fadlum, Kemah ve Tuzlagözü Tuzlalarında Tuz Gölü'nün tuzlalarına göre daha geniş bir cins çeşitliliği tespit edilmiştir.

Haloquadratum cinsinin baskın varlığı İspanya'nın Alicante şehri yakınlarındaki Santa Pola Tuzlasının %37 tuzluluğa sahip olan NaCl doymuş kristalleştirici havuzunda (Ghai ve ark., 2011) ve Arjantin'deki Salitral Negro (SN), Colorada Grande (CG) ve Guatraché (G) adlı tuzlalarında (Di Meglio ve ark., 2016) gözlenmiştir. Araştırmacılar, İspanya'daki Isla Cristina ve Santa Pola deniz tuzlalarında sırasıyla *Halorubrum* ve *Haloquadratum* cinslerini baskın cins olarak bulduklarını belirtmişlerdir (Fernández ve ark., 2014b). Ayrıca Amerika Birleşik Devletleri'nin Kaliforniya eyaletinin San Diego şehri yakınlarında bulunan Chula Vista Tuzlalarının kristalleştirici havuzlarında *Haloquadratum*, *Haloarcula*, *Natronomonas* ve *Halorubrum* cinslerinin dominant cinsler olarak bulunduğu açıklanmıştır (Pašić ve ark., 2009). İspanya'nın Alicante şehrindeki Bras del Port'un tuzluluğu %19 ile %37 arasında değişen aşırı tuzlu kristalleştirici havuzlarında yüksek *Salinibacter* bolluğu önceki çalışmalarda da bildirilmiştir (Antón ve ark., 1999; Benlloch ve ark., 2002; Legault ve ark., 2006; Ghai ve ark., 2011). Araştırmacılar, aşırı halofil bakteri cinsi olan *Salinibacter*'in aşırı halofil arke cinsi olan *Haloquadratum* ile aynı habitatı paylaştığını belirtmişlerdir (Antón ve ark., 2008; Ventosa ve ark., 2014). *Salinibacter* cinsini enfekte eden fajların *Haloquadratum* cinsini enfekte eden fajlardan daha aktif olması sebebiyle, her iki mikroorganizmanın gelişimini destekleyen ortamda *Haloquadratum* sayısının *Salinibacter* sayısından daha yüksek olduğu araştırmacılar tarafından vurgulanmıştır (Ma ve ark., 2010). Aşırı tuzlu ortamlarda yüksek *Haloquadratum* prevalansı, *Haloquadratum walsbyi*'nin düşük su aktivitesi sınırlarında büyümesini sağlayan halomusin üretimiyle ilişkili olabilir. Halomusin, *Haloquadratum* hücrelerini aşırı tuzlu ortamlarda bulunan katyonlara ve halofajlara karşı koruyabilir (Zenke ve ark., 2015).

Tuz Gölü'nde *Haloquadratum* cinsinin hâkimiyetine ve *Salinibacter* cinsinin düşük bolluğuna ek olarak, *Haloarcula* ve *Halorhabdus* cinslerinin yüksek bolluğu; *Halorubrum*, *Halonotius*, *Natronomonas*, *Halolamina* ve *Halobacterium* cinslerinin ise düşük bollukları çalışmamızda tespit edilmiştir. Tuz Gölü'nde yapılan önceki çalışmalardan farklı olarak *Halobacteria* sınıfına ait kültüre edilmemiş ve muhtemelen bu ortamdaki heterotrofik aktiviteye katkıda bulunan iki yeni baskın taksonun (kültüre

edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2) ve daha az bolluktaki üçüncü bir taksonun (kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-3) varlığı çalışmamızda ilk kez saptanmıştır (Tablo 3.26).

Yaklaşık %10 NaCl konsantrasyonundan doymuş tuz konsantrasyonuna kadar gelişim gösteren, en halofilik mikroorganizmalar olarak kabul edilen ve haloarke olarak da adlandırılan aşırı halofil arkeler, taksonomik olarak *Euryarchaeota* şubesinin bir sınıfı olan *Halobacteria* içerisinde sınıflandırılmaktadırlar. *Halobacteria* sınıfı 6 aile ve 50'den fazla cins içeren *Halobacteriales*, *Haloferacales* ve *Natrialbales* adlı üç takımdan oluşmaktadır (Amoozegar ve ark., 2017; Oren ve ark., 2017). *Halobacteria* sınıfının son yıllarda yapılan pan-genom analizi ve atasal durum rekonstrüksiyonu çalışması sonucunda, *Natrialbales* ve *Halobacteriales* takımlarından oluşan yeni bir süper-takım önerilmektedir (Gaba ve ark., 2020).

Çalışmamızda tespit edilen haloarkeal cinslerin, bu ortamın mikrobiyotasının bir parçası olduğu (Tablo 3.32, Şekil 3.95) ve taksonomik bağlantılarına göre çok çeşitli oldukları görülmektedir. Bu araştırmamızda bulunan haloarkeal cinsler *Haloferacales* ve *Halobacteriales* takımlarında yer almaktadırlar. *Haloferacales* takımının temsilcileri *Haloferacaceae* (*Haloquadratum* ve *Haloplanus* cinsleri) ve *Halorubraceae* (*Halorubrum*, *Halonotius* ve *Halolamina* cinsleri) familyalarında yer alırken, *Halobacteriales* takımının temsilcileri *Halobacteriaceae* (*Halobacterium* cinsi) ve *Haloarculaceae* (*Haloarcula*, *Halorhabdus*, *Natronomonas*, *Halosimplex* ve *Halomicrobium* cinsleri) familyalarında yer almaktadırlar. Bulgularımız, daha önce Tuz Gölü'nde ve diğer benzer talasohalin göllerde gözlemlenenlerden çok daha çeşitli bir arke topluluğunu açıkça ortaya koymuştur.

Çalışmamızda diğer örnekleme bölgelerine kıyasla oldukça yüksek sodyum ve klorür konsantrasyonları (Tablo 3.1) tespit edilen Derin Bölge örneklerinde daha az çeşitlilikte aşırı halofil arke cinsleri saptanmıştır (Tablo 3.32, Şekil 3.95). *Haloquadratum* bilinen en aşırı halofilik organizmadır ve aşırı doymuş tuz göllerinde egemendir ve diğer halofilik arkelerin yaşamaya elverişsiz koşullar tarafından elendiği yerlerde yaşamaktadır (Bolhuis ve ark., 2017). Ayrıca suyun buharlaşması nedeniyle kristalleştirici havuzlarda NaCl konsantrasyonu sonuçta sodyum klorür (halit) çökmesine neden olur ve netice itibarıyla magnezyum klorür bakımından zengin bir

tuzlu su üretilmiş olur. Magnezyum klorürce zengin tuzlu sular steril hâle gelmeden önce *Haloquadratum* hâkimdir ve toplam mikrobiyal biyokütlenin neredeyse %80'ini oluşturabilmektedir (Bolhuis ve ark., 2004; Ghai ve ark., 2011; Fernández ve ark., 2014a; Fernández ve ark., 2014b). Bu yüzden, çok yüksek tuzluluk oranlarında magnezyum iyonu (Mg^{2+}) ile kompleksleşme nedeniyle fosfatlar gibi bazı temel besinler kullanılamaz hâle gelmektedir (Bolhuis ve ark., 2006). Araştırmacılar, Derin Bölge'deki suyun kimyasal bileşiminin önemli ölçüde farklı olduğunu ve bu farkın çökeltme reaksiyonlarını etkilediğini bildirmişlerdir. Ayrıca Derin Bölge'de magnezyum ve kalsiyum çökeltilerinin oluştuğunu da ifade etmişlerdir (Uygun ve Şen, 1978). Çalışmamızda Derin Bölge örneklerinin sodyum, kalsiyum ve klorür konsantrasyonlarının ortalama değerleri Tuz Gölü örneklerinininkilerden yüksek bulunurken, potasyum ve magnezyum konsantrasyonlarının ortalama değerleri Tuz Gölü örneklerinininkilerden daha düşük bulunmuştur. Bulgularımız Bolhuis ve arkadaşlarının 2006 yılında yaptıkları çalışmanın sonucunu desteklemektedir ve bazı temel besin maddelerinin Derin Bölge'de biyolojik olarak bulunmayabileceğini ve bazı aşırı halofillerin seçilmesine neden olabileceğini belirtmektedir. Bu yüzden, Derin Bölge'deki yüksek sodyum konsantrasyonları ve bazı temel besin eksikliklerinden dolayı aşırı halofil arke cinslerinin daha az çeşitlilikte tanımlandığını ve Derin Bölge örneklerindeki dizilerin neredeyse tümünün *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* cinslerine atanan OTU'lara ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 taksonuna ait olduğunu düşünmekteyiz (Şekil 3.95). Ayrıca, kuzey-güney doğrultusundaki su seviyesinin yıllar içinde düşmesi nedeniyle Derin Bölge'yi Tuz Gölü'nden ayırdığı için Derin Bölge'deki halofil çeşitliliğinin Tuz Gölü'nden etkilenmediği açıkça görülmektedir.

Diğer yandan, aşırı tuzlu habitatların haloarkeal taksonomik kompozisyonunu etkileyebilecek başka bir faktör, bazı haloarkeaların hücre dışı DNA metabolizmasıdır. Aşırı tuzlu su ortamlarının yüksek hücre dışı DNA konsantrasyonları içerdiği ve bu DNA'nın ana fosfor kaynağı olarak kullanılabileceği bildirilmiştir. Mikroorganizmalar, metillenmiş DNA'ya göre hücre dışındaki DNA'yı daha çok fosfor kaynağı olarak kullanmayı tercih ederler (Chimileski ve ark., 2014). Hua ve arkadaşlarının 2021 yılında yayımladıkları çalışmada, İspanya'daki Isla Cristina Tuzlasının mikrobiyal toplulukların, bir fosfor kaynağı olarak yalnızca hücre dışı DNA'yı kullandığı açıklanmıştır. Bu toplulukların taksonomik bileşiminin, inorganik fosfor veya hücre dışı

DNA'nın mevcudiyeti ile deđiřtiđi önemle vurgulanmıřtır. Arařtırmacılar, hücre dıřı DNA'nın belirli haloarkeal taksonlardan yani özellikle en bol olanlarından tercihi olarak alındıđını belirtmiřlerdir. Arařtırmacılar, bazı haloarkeaların yakinen iliřkili taksonlardan hücre dıřı DNA'yı tercih ettiđini açıklayarak mikrobiyal topluluktaki mikroorganizmaların karbon, hücre dıřı DNA ve inorganik fosfor dâhil olmak üzere mevcut kaynaklar tarafından yönlendirildiđi sonucuna varmıřtır (Hua ve ark., 2021).

Çalıřmamızda *Haloquadratum* cinsi, *Halorhabdus* cinsi hariç olmak üzere, tüm haloarkeal cinsler ve kültüre edilmemiř *Halobacteria* TGH-1 ile negatif korelasyon göstermiřtir (řekil 3.98). Arařtırıcılar, Tyrrell Gölü'nde bulunan *Haloquadratum* cinsinin *Haloarcula*, *Halobaculum*, *Halorubrum*, *Halonotius* ve *Salinibacter* cinsleri ile negatif korelasyon gösterdiđini belirtmiřlerdir. Çalıřmamızdan elde edilen negatif korelasyon verisi, bu çalıřma ile uyumlu bulunmuřtur (Podell ve ark., 2014).

Tuz Gölü, Derin Bölge, Kayacık, Kaldırım ve Yavřan Tuzlalarında bulunan cinslerin varlıđı ve bolluđu, bu bölgelerde bulunan arke suřlarının ürettiđi halosinlerden de etkilenmiř olabilir. Halosinler, ilk olarak 1982 yılında Francisco Rodríguez-Valera ve arkadaşları tarafından keřfedilen ve yaygın olarak haloarkeler tarafından üretilen dođal proteinli antimikrobiyallerdir (Torreblanca ve ark., 1994). Tuz Gölü, Kaldırım ve Kayacık Tuzlalarında yapılan önceki çalıřmalarda bu bölgelerin tuzlu sularında bulunan arkeal popölasyonların halosin üretiminin yaygın olduđu arařtırıcılar tarafından tespit edilmiřtir. Arařtırmacılar 19 Tuz Gölü suřunun 7'sinin, 18 Kaldırım Tuzlası suřunun 16'sının ve 7 Kayacık Tuzlası suřunun 2'sinin birbirine karřı halosin ürettiklerini saptamıřlardır. 7 Tuz Gölü suřundan 5'i, 19 suřun 12 ila 16'sının büyümesini inhibe ederek halosin ürettiđi, geri kalan iki suřun ise yalnızca 1 ila 2 suřu inhibe ettiđini gözlemlemiřlerdir. Kaldırım Tuzlasının halosin üreticilerinden 3 suřu 9 ila 13 suřun büyümesini inhibe ederken, 13 suř 1 ila 9 suřun büyümesini inhibe ettiđi belirtilmiřtir. 7 Kayacık Tuzlası suřundan 2'sinin Kayacık Tuzlasında 5 suřun büyümesini inhibe eden halosin ürettiđi bildirilmiřtir (Birbir ve ark., 2004; Birbir ve Eryılmaz, 2007). Arařtırmacılar tarafından yapılan bir diđer çalıřmada ise 40 ařırı halofil arke suřu birbirlerine karřı halosin üretimi için taranmıř ve 40 suřtan 7'sinin diđer 39 suřa karřı halosin ürettiđi bildirilmiřtir. 7 halosin üreticisinden beři suřların 19 ila 35 suř gibi büyük bir kısmını inhibe ederken, kalan 2 suřun sadece 1 ila 3 suřu inhibe ettiđi belirtilmiřtir (Rodríguez-Valera ve ark., 1982). Arařtırmacılar, halosinlerin rakipleri

parçalayarak rekabeti azalttığını ve üretici suşları için ortamı zenginleştirdiğini vurgulamışlardır (Rodríguez-Valera ve ark., 1982).



4. SONUÇLAR

Çalışmamızda Türkiye'nin en büyük aşırı tuzlu gölü olan Tuz Gölü'nün farklı bölgelerindeki prokaryotik topluluklarının yanı sıra Derin Bölge ve Tuz Gölü'nün kıyısında konumlanan Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarının prokaryotik toplulukları hakkındaki ilk ayrıntılı veriler 16S rRNA ampikon dizilim tekniği kullanılarak ortaya konulmuştur. Ayrıca örnekleme bölgelerinden toplanan tuzlu su numunelerinin çeşitli fizikokimyasal parametreleri standart metotlar kullanılarak çalışmamızda saptanmıştır.

Çalışılan örnekleme alanlarının yüksek tuzluluk (%30–38) ve diğer fizikokimyasal ve çevresel özellikleri, baskın popülasyon olarak aşırı halofil arke ve daha az ölçüde bakteri (özellikle *Salinibacter* cinsi) temsilcileri ile bu aşırı tuzlu habitatların çeşitliliğini sınırlamaktadır.

Örnekleme alanlarının prokaryotik (arke ve bakteri) çeşitliliği yaz mevsiminde, yüksek radyasyon ve kuruma etkisi altında belirlenmiştir ve örnekler arasında benzer bir mikrobiyal kompozisyon bulunmuştur.

Başta Tuz Gölü (%24), Derin Bölge (%47), Kayacık (%31) ve Yavşan (%41) Tuzlaları olmak üzere tüm örnekleme alanlarında belirlenen haloarkeal cins *Haloquadratum*'un temsilcilerinin yüksek oranda bulunmasının yanı sıra, *Haloarcula*, *Halobacterium*, *Halolamina*, *Halomicrobium*, *Halonotius*, *Haloplanus*, *Halorhabdus*, *Halorubrum*, *Halosimplex* ve *Natronomonas* gibi diğer haloarkeal cinsler de bu ekstrem habitatlarda belirlenmiştir.

Daha önce açıklanan taksonlarla ilgili dizilerin yanı sıra, kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 olarak adlandırılan kültüre edilmemiş iki aşırı halofil taksonun özellikle sırasıyla Tuz Gölü, Kaldırım Tuzlası ve Derin Bölge, Kayacık Tuzlasında bol olarak bulunması bu çalışmamızın en önemli sonuçlarından biridir.

Çalışmamızda saptanan cinslerin ve kültüre edilmemiş taksonların aralarındaki istatistiksel ilişkiler de oldukça önem taşımaktadır. *Haloquadratum*, *Halorhabdus* cinsleri ve kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-2 taksonu birbirleriyle pozitif korelasyonlar gösterirken, saptanan diğer cinsler ile negatif korelasyonlar gösterdikleri

bulunmuştur. Ayrıca *Halonotius* cinsi ile kültüre edilmemiş *Halobacteria* TGH-1 taksonu, *Halorubrum* ile *Natronomonas* cinsleri, *Halolamina* ile *Halobacterium* cinsleri arasında güçlü pozitif korelasyonlar saptanırken, *Haloquadratum* ve *Halorhabdus* haricindeki diğer cinslerin birbirleriyle genellikle pozitif korelasyonlar gösterdikleri saptanmıştır.

Bundan sonraki çalışmalarımızda, kültüre edilmemiş taksonların kültüre edilebilmesi ve tür seviyesinde tanımlanması için yeni besiyerleri ve farklı kültür koşulları kullanarak yeni suşların izolasyonunu hedeflemekteyiz. Saf kültür olarak izole edilen bu mikroorganizmaların incelediğimiz ekosistem içindeki önemlerinin ve biyokimyasal reaksiyonlarının araştırılmasına, endüstriyel süreçlerde olası kullanımlarının belirlenmesine ve korunan bir alan olmasına rağmen sanayi ve insani yerleşim bölgelerine nispeten yakın olan bu habitatlarda çevresel değişikliklerin veya kirliliklerin artmasının biyoindikatörleri olarak kullanımlarına odaklanacağız. Ayrıca Tuz Gölü'ndeki, Derin Bölge'deki ve Kayacık, Kaldırım ve Yavşan Tuzlalarındaki mikroorganizmaların biyoteknolojik ve biyomedikal potansiyellerini keşfetmeyi ve ekolojik rollerini aydınlatmayı bundan sonraki çalışmalarımızda amaçlamaktayız.

KAYNAKLAR

- [1] Adshead, S. A. M. (1992). Salt and civilization. St. Martin's Press, New York, USA.
- [2] Akin, B. (2019). Tuz Gölü Havzası'nın kuraklık analizi. *Ulusal Çevre Bilimleri Araştırma Dergisi*, 2(1), 44-56.
- [3] Akpolat, C., Ventosa, A., Birbir, M., Sánchez-Porro, C., & Çağlayan, P. (2015). Molecular identification of moderately halophilic bacteria and extremely halophilic archaea isolated from salted sheepskins containing red and yellow discolorations. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 110(07), 211-226.
- [4] Aksöz, N., & Kolonkaya, N. (1984). Ilımlı tuzcul karakterli bir bakterinin Tuz Gölünden (Türkiye) izolasyonu. *Mikrobiyoloji Bülteni*, 18, 107-113.
- [5] Almeida-Dalmet, S., Sikaroodi, M., Gillevet, P. M., Litchfield, C. D., & Baxter, B. K. (2015). Temporal study of the microbial diversity of the North Arm of Great Salt Lake, Utah, US. *Microorganisms*, 3(3), 310-326.
- [6] Amoozegar, M. A., Makhdoumi-Kakhki, A., Fazeli, S. A. S., Azarbaijani, R., & Ventosa, A. (2012). *Halopenitus persicus* gen. nov., sp. nov., an archaeon from an inland salt lake. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(8), 1932-1936.
- [7] Amoozegar, M. A., Safarpour, A., Noghabi, K. A., Bakhtiary, T., & Ventosa, A. (2019). Halophiles and their vast potential in biofuel production. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1895.
- [8] Amoozegar, M. A., Siroosi, M., Atashgahi, S., Smidt, H., & Ventosa, A. (2017). Systematics of haloarchaea and biotechnological potential of their hydrolytic enzymes. *Microbiology*, 163(5), 623-645.
- [9] Antón, J., Llobet-Brossa, E., Rodríguez-Valera, F., & Amann, R. (1999). Fluorescence *in situ* hybridization analysis of the prokaryotic community inhabiting crystallizer ponds. *Environmental Microbiology*, 1(6), 517-523.
- [10] Antón, J., Oren, A., Benlloch, S., Rodríguez-Valera, F., Amann, R., & Rosselló-Mora, R. (2002). *Salinibacter ruber* gen. nov., sp. nov., a novel, extremely halophilic member of the *Bacteria* from saltern crystallizer ponds. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 52(2), 485-491.

- [11] Antón, J., Peña, A., Santos, F., Martínez-García, M., Schmitt-Kopplin, P., & Rosselló-Mora, R. (2008). Distribution, abundance and diversity of the extremely halophilic bacterium *Salinibacter ruber*. *Saline Systems*, 4(1), 1-10.
- [12] Antunes, A., Ferrer, M., & Yarza, P. (2016). *Halorhabdus*. *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-9), Eds. Garrity, G. et al. John Wiley & Sons, Ltd., Chichester, UK.
- [13] Antunes, A., Taborda, M., Huber, R., Moissl, C., Nobre, M. F., & da Costa, M. S. (2008). *Halorhabdus tiamatea* sp. nov., a non-pigmented, extremely halophilic archaeon from a deep-sea, hypersaline anoxic basin of the Red Sea, and emended description of the genus *Halorhabdus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 58(1), 215-220.
- [14] Aouad, M., Taib, N., Oudart, A., Lecocq, M., Gouy, M., & Brochier-Armanet, C. (2018). Extreme halophilic archaea derive from two distinct methanogen Class II lineages. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127, 46-54.
- [15] APHA. (2005). Standard methods for the examination of water and wastewater, 21st edition. *American Public Health Association*, Washington DC, USA.
- [16] Arslan, V., & Göçmez, G. (2007). Tuzgölü Havzasında yeraltı suyunun yok oluşu (Eşmekaya-Sultan Hanı örneği). *Selçuk Üniversitesi Mühendislik, Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 22(1), 153-164.
- [17] Atılğan, O. (2019). Tuz Gölü suyundan yüksek saflıkta tuz eldesi ve tuz kalitesinin öngörülmesi. Yüksek Lisans Tezi. Hitit Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- [18] Avcı, S., (2003). Ekonomik Coğrafya Açısından Önemli Bir Maden: Tuz (Tarihi, Önemi ve Dünya Tuz Ekonomisi). *Coğrafya Dergisi*, 11, 21-45.
- [19] Banda, J. F., Zhang, Q., Ma, L., Pei, L., Du, Z., Hao, C., & Dong, H. (2021). Both pH and salinity shape the microbial communities of the lakes in Badain Jaran Desert, NW China. *Science of The Total Environment*, 791, 148108.
- [20] Bass-Becking, L. G. M. (1931). Historical notes on salt and salt-manufacture. *The Scientific Monthly*, 32(5), 434-446.
- [21] Baxter, B. K., & Zalar, P. (2019). The extremophiles of Great Salt Lake: Complex microbiology in a dynamic hypersaline ecosystem. *Model Ecosystems in Extreme Environments*, 57-99.

- [22] Baxter, B. K., Litchfield, C. D., Sowers, K., Griffith, J. D., Dassarma, P. A., & Dassarma, S. (2005). Microbial diversity of great salt lake. In *Adaptation to life at high salt concentrations in Archaea, Bacteria, and Eukarya* (pp. 9-25). Springer, Dordrecht.
- [23] Benlloch, S., López-López, A., Casamayor, E. O., Øvreås, L., Goddard, V., Daae, F. L., Smerdon, G., Massana, R., Joint, I., Thingstad, F., Pedros-Alio, C., & Rodríguez-Valera, F. (2002). Prokaryotic genetic diversity throughout the salinity gradient of a coastal solar saltern. *Environmental Microbiology*, 4(6), 349-360.
- [24] Berber, D. (2020). Antibacterial activities of lichen derived extracts against different *Bacillus* species from soak liquor samples. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 115(03), 96-104.
- [25] Berber, D., & Birbir, M. (2010). Examination of bacterial populations in salt, salted hides, soaked hides and soak liquors. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 105(10), 320-326.
- [26] Berber, D., & Birbir, M. (2019). Determination of major problems of raw hide and soaking process in leather industry. *International Journal of Advances in Engineering and Pure Sciences*, 31(2), 118-125.
- [27] Berber, D., Birbir, M., & Mertoglu, B. (2010). Examination of bacterial and archaeal populations in salt, salted and soaked hide and soak liquors via fluorescent *in situ* hybridization. *Journal of the Society of Leather Technologists and Chemists*, 94(6), 259-261.
- [28] Birbir M. & Erdoğan, H. (2003). Doğal tuzlu ortamlarda bulunan halofilik bakterilerin izolasyon tekniklerinin araştırılması. Bilimsel Araştırma Projesi (Proje No: 2001 FEN BSE-075/171001), Marmara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyon Başkanlığı, İstanbul, Türkiye.
- [29] Birbir, M. & Elevi Bardavid, R. (2005). Kaldırım ve Kayacık Tuzlasından izole edilen aşırı halofil bakterilerin biyokimyasal testleri ve antibiyotiklere karşı duyarlılıkları. Bilimsel Araştırma Projesi (Proje No: 2005 FEN BSE-072/171001), Marmara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyon Başkanlığı, İstanbul, Türkiye.
- [30] Birbir, M. (2004). Examination of amylase, caseinase and cellulase enzyme

production of extremely halophilic strains isolated from Tuz Lake, Kaldırım and Kayacık Salterns and Tuzköy salt mine. *Marine Bacteriology*, 25-27.

- [31] Birbir, M., & Eryılmaz, S. (2007). Inhibiting lipolytic haloarchaeal damage on brine cured hides with halocin producer strains. *Journal Society of Leather Technologists and Chemists*, 91, 69-72.
- [32] Birbir, M., & Sesal, C. (2003). Extremely halophilic bacterial communities in Şereflikoçhisar Salt Lake in Turkey. *Turkish Journal of Biology*, 27(1), 7-22.
- [33] Birbir, M., Çağlayan, P., & Birbir, Y. (2020). The destructive effects of extremely halophilic archaeal strains on sheepskins, and proposals for remedial curing processes: use of sterile brine or direct electric current to prevent red heat damage on salted sheepskins. *Johnson Matthey Technology Review*, 64(4), 489-503.
- [34] Birbir, M., Çallı, B., Mertoğlu, B., Bardavid, R. E., Oren, A., Öğmen, M. N., & Ogan, A. (2007). Extremely halophilic *Archaea* from Tuz Lake, Turkey, and the adjacent Kaldırım and Kayacık salterns. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 23(3), 309–316.
- [35] Birbir, M., Eryılmaz, S., & Ogan, A. (2004). Prevention of halophilic microbial damage on brine cured hides by extremely halophilic halocin producer strains. *Journal Society of Leather Technologists and Chemists*, 88, 99-104.
- [36] Birbir, M., Kallı, N., & Johansson, C. (2002). Examination of salt quality of Şereflikoçhisar Lake used in the Turkish leather industry. *Journal of the Society of Leather Technologists and Chemists*, 86(3), 112-117.
- [37] Birbir, M., Ulusoy, K., & Çağlayan, P. (2016). Examination of multidrug-resistant *Enterobacteriaceae* isolated from salted cattle hides and sheep skins. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 111(09), 334–344.
- [38] Bolhuis, H., Martín-Cuadrado, A. B., Rosselli, R., Pašić, L., & Rodríguez-Valera, F. (2017). Transcriptome analysis of *Haloquadratum walsbyi*: vanity is but the surface. *BMC Genomics*, 18(1), 1-14.
- [39] Bolhuis, H., Palm, P., Wende, A., Falb, M., Rampp, M., Rodríguez-Valera, F., Pfeiffer, F., & Oesterhelt, D. (2006). The genome of the square archaeon *Haloquadratum walsbyi*: life at the limits of water activity. *BMC Genomics*, 7(1), 1-12.

- [40] Bolhuis, H., Poele, E. M. T., & Rodríguez-Valera, F. (2004). Isolation and cultivation of Walsby's square archaeon. *Environmental Microbiology*, 6(12), 1287-1291.
- [41] Bonartsev, A. P., Myshkina, V. L., Nikolaeva, D. A., Furina, E. K., Makhina, T. A., Livshits, V. A., Boskhomdzhiev, A. P., Ivanov, E. A., Iordanskii, A. L., & Bonartseva, G. A. (2007). Biosynthesis, biodegradation, and application of poly (3-hydroxybutyrate) and its copolymers-natural polyesters produced by diazotrophic bacteria. *Communicating Current Research and Educational Topics and Trends in Applied Microbiology*, 1, 295-307.
- [42] Bowman, J. P., McCammon, S. A., Rea, S. M., & McMeekin, T. A. (2000). The microbial composition of three limnologically disparate hypersaline Antarctic lakes. *FEMS Microbiology Letters*, 183(1), 81-88.
- [43] Brandau, B. & Schickert, H. (2003). Hititler (Bilinmeyen Bir Dünya İmparatorluğu) (Çev. Nazife Mertoğlu), Arkadaş Yayınevi, Ankara.
- [44] Burns, D. G., Janssen, P. H., Itoh, T., Kamekura, M., Echigo, A., & Dyll-Smith, M. L. (2010). *Halonotus pteroides* gen. nov., sp. nov., an extremely halophilic archaeon recovered from a saltern crystallizer. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 60(5), 1196-1199.
- [45] Burns, D. G., Janssen, P. H., Itoh, T., Kamekura, M., Li, Z., Jensen, G., Rodríguez-Valera, F., Bolhuis, H. & Dyll-Smith, M. L. (2007). *Haloquadratum walsbyi* gen. nov., sp. nov., the square haloarchaeon of Walsby, isolated from saltern crystallizers in Australia and Spain. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(2), 387-392.
- [46] Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., Fierer, N., Peña, A. G., Goodrich, J. K., Gordon, J. I., Huttley, G. A., Kelley, S. T., Knights, D., Koenig, J. E., Ley, R. E., Lozupone, C. A., McDonald, D., Muegge, B. D., Pirrung, M., Reeder, J., Sevinsky, J. R., Turnbaugh, P. J., Walters, W. A., Widmann, J., Yatsuenlo, T., Zaneveld, J. & Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7(5), 335-336.
- [47] Cavicchioli, R. (2015). Microbial ecology of Antarctic aquatic systems. *Nature Reviews Microbiology*, 13(11), 691-706.

- [48] Chao, A. (1987). Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability. *Biometrics*, 43, 783-791.
- [49] Childs, T. S., & Webley, W. C. (2012). In vitro assessment of halobacterial gas vesicles as a *Chlamydia* vaccine display and delivery system. *Vaccine*, 30(41), 5942-5948.
- [50] Chimileski, S., Dolas, K., Naor, A., Gophna, U., & Papke, R. T. (2014). Extracellular DNA metabolism in *Haloferax volcanii*. *Frontiers in Microbiology*, 5, 57.
- [51] Cho, B. C., Park, J. S., Xu, K., & Choi, J. K. (2008). Morphology and molecular phylogeny of *Trimyema koreanum*. sp., a ciliate from the hypersaline water of a solar saltern. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 55(5), 417-426.
- [52] Clarke, F. E. (1950). Determination of chloride in water improved colorimetric and titrimetric methods. *Analytical Chemistry*, 22(4), 553-555.
- [53] Corral, P., Amoozegar, M. A., & Ventosa, A. (2020). Halophiles and their biomolecules: Recent advances and future applications in biomedicine. *Marine Drugs*, 18(1), 33.
- [54] Cui, H. L., & Dyll-Smith, M. L. (2021). Cultivation of halophilic archaea (class *Halobacteria*) from thalassohaline and athalassohaline environments. *Marine Life Science & Technology*, 3(2), 243-251.
- [55] Cui, H. L., Gao, X., Yang, X., & Xu, X. W. (2011). *Halolamina pelagica* gen. nov., sp. nov., a new member of the family *Halobacteriaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 61(7), 1617-1621.
- [56] Çağlayan, P., Birbir, M., Sánchez-Porro, C., Ventosa, A., & Birbir, Y. (2018). Investigation of moderately halophilic bacteria causing deterioration of the salted sheep and goat skins and their extermination via electric current applications. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 113(02), 41-52.
- [57] Çağlayan, P., Sánchez-Porro, C., Ventosa, A. & Birbir, M. (2015). Characterization of moderately halophilic bacteria from the salt-pack cured hides. *Journal of the Society of Leather Technologists and Chemists*, 99(5), 250-254.
- [58] Çınar, S., & Mutlu, M. B. (2016). Comparative analysis of prokaryotic diversity

- in solar salterns in eastern Anatolia (Turkey). *Extremophiles*, 20(5), 589-601.
- [59] Çınar, S., & Mutlu, M. B. (2020). Prokaryotic community compositions of the hypersaline sediments of Tuz Lake demonstrated by cloning and high-throughput sequencing. *Microbiology*, 89(6), 756-768.
- [60] Danış, Ö., Ogan, A., Tatlıcan, P., Attar, A., Çakmakçı, E., Mertoğlu, B., & Birbir, M. (2015). Preparation of poly (3-hydroxybutyrate-co-hydroxyvalerate) films from halophilic archaea and their potential use in drug delivery. *Extremophiles*, 19(2), 515-524.
- [61] DasSarma, P., Negi, V. D., Balakrishnan, A., Karan, R., Barnes, S., Ekulona, F., Chakravorty, D. & DasSarma, S. (2014). Haloarchaeal gas vesicle nanoparticles displaying *Salmonella* SopB antigen reduce bacterial burden when administered with live attenuated bacteria. *Vaccine*, 32(35), 4543-4549.
- [62] DasSarma, S., Karan, R., DasSarma, P., Barnes, S., Ekulona, F., & Smith, B. (2013). An improved genetic system for bioengineering buoyant gas vesicle nanoparticles from *Haloarchaea*. *BMC Biotechnology*, 13(1), 1-10.
- [63] De la Haba, R., Sánchez-Porro, C., Marquez M. C. & Ventosa, A. (2011). Taxonomy of Halophiles. In *Extremophiles Handbook* (pp. 344-361). Eds. Horikoshi, K., Antranikian, G., Bull, A., Robb, F., Stetter, K. Springer.
- [64] DeMaere, M. Z., Williams, T. J., Allen, M. A., Brown, M. V., Gibson, J. A. E., Rich, J., Lauro, F. M., Dyall-Smith, M., Davenport, K. W., Woyke, T., Kyrpides, N. C., Tringe, S. G., & Cavicchioli, R. (2013). High level of intergenera gene exchange shapes the evolution of haloarchaea in an isolated Antarctic lake. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(42), 16939-16944.
- [65] DeSantis, T. Z., Hugenholtz, P., Larsen, N., Rojas, M., Brodie, E. L., Keller, K., Huber, T., Dalevi, D., Hu, P., & Andersen, G. L. (2006). Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(7), 5069-5072.
- [66] Di Meglio, L., Santos, F., Gomariz, M., Almansa, C., López, C., Antón, J., & Nercissian, D. (2016). Seasonal dynamics of extremely halophilic microbial communities in three Argentinian salterns. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(12), fiw184.

- [67] Durán-Viseras, A., Andrei, A. S., Ghai, R., Sánchez-Porro, C., & Ventosa, A. (2019). New *Halonotius* species provide genomics-based insights into cobalamin synthesis in haloarchaea. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1928.
- [68] Durán-Viseras, A., Andrei, A. S., Vera-Gargallo, B., Ghai, R., Sánchez-Porro, C., & Ventosa, A. (2021). Culturomics-based genomics sheds light on the ecology of the new haloarchaeal genus *Halosegnis*. *Environmental Microbiology*, 23(7), 3418-3434.
- [69] Edgar, R. C. (2010). Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26(19), 2460-2461.
- [70] Elazari-Volcani, B. (1957). Genus XII. *Halobacterium* Elazari-Volcani, 1940. In *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* (pp. 207-212), Seventh edition, Eds. Breed, R. S., Murray, E. G. D., & Smith, N. E. Wilkins Co., Baltimore.
- [71] Elevi Bardavid, R., Mana, L., & Oren, A. (2007). *Haloplanus natans* gen. nov., sp. nov., an extremely halophilic, gas-vacuolate archaeon isolated from Dead Sea–Red Sea water mixtures in experimental outdoor ponds. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(4), 780-783.
- [72] Enquahone, S., van Marle, G., Gessesse, A., & Simachew, A. (2020). Molecular identification and evaluation of the impact of red heat damage causing halophilic microbes on salted hide and skin. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 150, 104940.
- [73] Erdoğan, B., Özbaşaran, M., Erdoğan, R., & Chapman, J. (2003). Prehistoric salt exploitation in Tuz Gölü, central Anatolia: preliminary investigations. *Anatolia antiqua. Eski Anadolu*, 11(1), 11-19.
- [74] Ergin, Z. (1988). Tuzun üretim teknolojisi ve insan sağlığındaki yeri. *Bilimsel Madencilik Dergisi*, 27(1), 9-30.
- [75] Erkut, S. (1990). Hititlerde Tuz ve Kullanımı. *Belleten*, 54(209), 1-8.
- [76] Erol, O. (1969). Tuzgölü Havzasının jeolojisi ve jeomorfolojisi [Geology and geomorphology of Tuzgölü Basin]. Ankara, *TÜBİTAK-MTA Report No. 4220*, 26, 284.
- [77] Eryılmaz, S. (2003). Halosin ve farklı enzimler üreten aşırı halofilik bakteriler üzerinde çalışmalar. Yüksek Lisans Tezi, Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul, Türkiye.

- [78] Faith, D. P. (1992). Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1), 1-10.
- [79] Fernández, A. B., Ghai, R., Martin-Cuadrado, A. B., Sánchez-Porro, C., Rodríguez-Valera, F., & Ventosa, A. (2014a). Prokaryotic taxonomic and metabolic diversity of an intermediate salinity hypersaline habitat assessed by metagenomics. *FEMS Microbiology Ecology*, 88(3), 623-635.
- [80] Fernández, A. B., Ghai, R., Martin-Cuadrado, A. B., Sánchez-Porro, C., Rodríguez-Valera, F., & Ventosa, A. (2013). Metagenome sequencing of prokaryotic microbiota from two hypersaline ponds of a marine saltern in Santa Pola, Spain. *Genome Announcements*, 1(6), e00933-13.
- [81] Fernández, A. B., León, M. J., Vera, B., Sánchez-Porro, C., & Ventosa, A. (2014c). Metagenomic sequence of prokaryotic microbiota from an intermediate-salinity pond of a saltern in Isla Cristina, Spain. *Genome Announcements*, 2(1), e00045-14.
- [82] Fernández, A. B., Rasuk, M. C., Visscher, P. T., Contreras, M., Novoa, F., Poire, D. G., Patterson, M. M., Ventosa, A., & Farias, M. E. (2016). Microbial diversity in sediment ecosystems (evaporites domes, microbial mats, and crusts) of hypersaline Laguna Tebenquiche, Salar de Atacama, Chile. *Frontiers in Microbiology*, 7, 1284.
- [83] Fernández, A. B., Vera-Gargallo, B., Sánchez-Porro, C., Ghai, R., Papke, R. T., Rodríguez-Valera, F., & Ventosa, A. (2014b). Comparison of prokaryotic community structure from Mediterranean and Atlantic saltern concentrator ponds by a metagenomic approach. *Frontiers in Microbiology*, 5, 196.
- [84] Fizibilite Etüdü. (1997). Göl Tuzları Yığın Yapma ve Taşıma Sistemleri Modernizasyonu. *Tekel Tuz Sanayi Müessesesi Müdürlüğü*.
- [85] Gaba, S., Kumari, A., Medema, M., & Kaushik, R. (2020). Pan-genome analysis and ancestral state reconstruction of class *Halobacteria*: probability of a new super-order. *Scientific Reports*, 10(1), 1-16.
- [86] García-López, M., Meier-Kolthoff, J. P., Tindall, B. J., Gronow, S., Woyke, T., Kyrpides, N. C., Hahnke, R. L., & Göker, M. (2019). Analysis of 1,000 type-strain genomes improves taxonomic classification of *Bacteroidetes*. *Frontiers in Microbiology*, 10, 2083.

- [87] Ghai, R., Pašić, L., Fernández, A. B., Martin-Cuadrado, A. B., Mizuno, C. M., McMahon, K. D., Papke, R. T., Stepanauskas, R., Rodriguez-Brito, B., Rohwer, F., Sánchez-Porro, C., Ventosa, A., & Rodríguez-Valera, F. (2011). New abundant microbial groups in aquatic hypersaline environments. *Scientific Reports*, 1(1), 135.
- [88] Gonzalez, C., Gutierrez, C., & Ramirez, C. (1978). *Halobacterium vallismortis* sp. nov. An amylolytic and carbohydrate-metabolizing, extremely halophilic bacterium. *Canadian Journal of Microbiology*, 24(6), 710-715.
- [89] Gonzalez, R. O., Higa, L. H., Cutrullis, R. A., Bilen, M., Morelli, I., Roncaglia, D. I., Corral, R. S., Morilla, M. J., Petray, P. B., & Romero, E. L. (2009). Archaeosomes made of *Halorubrum tebenquichense* total polar lipids: a new source of adjuvancy. *BMC Biotechnology*, 9(1), 1-12.
- [90] Gorji, T., Sertel, E., & Tanik, A. (2017). Interpolation approaches for characterizing spatial variability of soil properties in Tuz Lake Basin of Turkey. *IOP Conference Series. Earth and Environmental Science*, 95(6), 062010.
- [91] Gölbaş, A., & Başbüyük, Z. (2012). Anadolu kültür oluşumunda tuzun rolü. *Batman Üniversitesi Yaşam Bilimleri Dergisi*, 1(1), 45-54.
- [92] Gölçek, Ş. G., & Gölçek, A. G. (2019). Erken Cumhuriyet Dönemi Tekel Uygulamaları: 1920-1950 Döneminde tuz, ispiro ve ispirotlu içkiler ile kibrit. *Cumhuriyet Tarihi Araştırmaları Dergisi*, 15(30), 253-288.
- [93] Grant, W. D. (1990). General view of halophiles. In *Superbugs. Microorganisms in extreme environments* (pp. 15-37). Eds. Horikoshki, K. & Grant, W. D. Tokyo, Japan: Springer.
- [94] Grant, W. D. (2004). Life at low water activity. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 359(1448), 1249-1267.
- [95] Grant, W. D. (2015). *Halobacterium*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-11), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. John Wiley & Sons, Ltd., Chichester, UK.
- [96] Grant, W. D., Kamekura, M., McGenity, T. J., & Ventosa, A. (2015a).

- Halobacteria* class. nov. *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, 1-1.
- [97] Grant, W. D., Kamekura, M., McGenity, T. J., & Ventosa, A. (2015b). *Halobacteriaceae*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-3), Ed. Gibbons, N. E. Wiley, New York, USA.
- [98] Gupta, R. S., Naushad, S., & Baker, S. (2015). Phylogenomic analyses and molecular signatures for the class *Halobacteria* and its two major clades: a proposal for division of the class *Halobacteria* into an emended order *Halobacteriales* and two new orders, *Haloferacales* ord. nov. and *Natrialbales* ord. nov., containing the novel families *Haloferacaceae* fam. nov. and *Natrialbaceae* fam. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65, 1050-1069.
- [99] Gupta, R. S., Naushad, S., Fabros, R., & Adeolu, M. (2016). A phylogenomic reappraisal of family-level divisions within the class *Halobacteria*: proposal to divide the order *Halobacteriales* into the families *Halobacteriaceae*, *Haloarculaceae* fam. nov., and *Halococcaceae* fam. nov., and the order *Haloferacales* into the families, *Haloferacaceae* and *Halorubraceae* fam. nov. *Antonie van Leeuwenhoek*, 109(4), 565-587.
- [100] Gülsoy, S., & Özkan, K. (2008). Tür çeşitliliğinin ekolojik açıdan önemi ve kullanılan bazı indisler. *Türkiye Ormancılık Dergisi*, 9(1), 168-178.
- [101] Gürsoy-Naskali, E. (2004). Tuz Kitabı (Ed. Gürsoy-Naskali, E. & Şen, M.). Kitabevi Yayınları, İstanbul, Türkiye.
- [102] Haas, B. J., Gevers, D., Earl, A. M., Feldgarden, M., Ward, D. V., Giannoukos, G., Ciulla, D., Highlander S. K., Sodergren, E., Methé, B., DeSantis, T. Z., The Human Microbiome Consortium, Petrosino, J. F., Knight, R. & Birren, B. W. (2011). Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons. *Genome Research*, 21(3), 494-504.
- [103] Harrison, F. C., & Kennedy, M. E. (1922). The red discolouration of cured codfish. *Proc Trans R Soc Can Sect V*, 16, 101-152.
- [104] Hill, M. O. (1973). Diversity and evenness: a unifying notation and its consequences. *Ecology*, 54(2), 427-432.
- [105] <http://www.cihanbeylituz.com.tr/>, 21 Mart 2021.

- [106] <http://www.mutlucantuz.com.tr/tr/>, 21 Mart 2021.
- [107] <https://tvk.csb.gov.tr/tuz-golu-i-400>, 18 Şubat 2021.
- [108] <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>, 25 Şubat 2021.
- [109] <https://www.koyuncutuz.com/>, 21 Mart 2021.
- [110] <https://www.koyuncutuz.com/nasil-uretiyoruz>, 21 Mart 2021.
- [111] <https://www.mgm.gov.tr/veridegerlendirme/il-ve-ilceler-istatistik.aspx?k=H&m=AKSARAY>, 18 Şubat 2021.
- [112] <https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-47.htm>, 21 Mart 2021.
- [113] <https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-48.htm>, 21 Mart 2021.
- [114] <https://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2005/12/20051231-49.htm>, 21 Mart 2021.
- [115] Hua, Z., Ouellette, M., Makkay, A. M., Papke, R. T., & Zhaxybayeva, O. (2021). Nutrient supplementation experiments with saltern microbial communities implicate utilization of DNA as a source of phosphorus. *The ISME Journal*, 15(10), 2853-2864.
- [116] Hughes, J. B., & Hellmann, J. J. (2005). The application of rarefaction techniques to molecular inventories of microbial diversity. *Methods in Enzymology*, 397, 292-308.
- [117] İspirli, N. H., Güllüce, M., Karadayı, M., & Demir, A. Y. (2019). Culturable bacteriorhodopsin-producing haloarchaea of Tuz Lake (Turkey). *Geomicrobiology Journal*, 36(9), 831-836.
- [118] Javor, B. J. (1989). Hypersaline environments: microbiology and biogeochemistry. Berlin, Germany: Springer.
- [119] Kallı, N. (2000). Tuz Gölü'nden izole edilen aşırı halofilik bakterilerin izolasyon ve identifikasyon yöntemlerinin geliştirilmesi. Yüksek Lisans Tezi, Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul, Türkiye.
- [120] Karakaya, M. Ç., Bozdağ, A., Ercan, H. Ü., Karakaya, N., & Delikan, A. (2019). Origin of Miocene halite from Tuz Gölü basin in Central Anatolia, Turkey: Evidences from the pure halite and fluid inclusion geochemistry. *Journal of Geochemical Exploration*, 202, 1-12.

- [121] Kasım, E. (2016). 1862 tarihli Tuz Nizamnamesi ve önemi. *Gazi Üniversitesi Sosyal Bilimler Dergisi*, 3(7), 2-30.
- [122] Keskin Köylü, M. (2017). Tuz Gölü'nün finansal yatırım değeri ve ekonomik büyümeye katkısı. *International Journal of Academic Value Studies (Javstudies JAVS)*, 3(15), 127-137.
- [123] Kılıç, A. M., & Uyanık, E. (2001). Tuz Gölü'nde oluşan kirlenmenin göl üzerindeki etkilerinin araştırılması. 4. *Endüstriyel Hammaddeler Sempozyumu*, 18-19.
- [124] Kılıç, O., & Kılıç, A. M. (2010). Salt crust mineralogy and geochemical evolution of the Salt Lake (Tuz Gölü), Turkey. *Scientific Research and Essays*, 5(11), 1317-1324.
- [125] Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & 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.
- [126] Knecht, V. R., McGinniss, J. E., Shankar, H. M., Clarke, E. L., Kelly, B. J., Imai, I., Fitzgerald, A. S., Bittinger, K., Bushman, F. D., & Collman, R. G. (2019). Molecular analysis of bacterial contamination on stethoscopes in an intensive care unit. *Infection Control & Hospital Epidemiology*, 40(2), 171-177.
- [127] Koday, S. (1999). Tuz Gölü tuzlaları. *Marmara Coğrafya Dergisi*, 2, 128-149.
- [128] Krause, L., Diaz, N. N., Goesmann, A., Kelley, S., Nattkemper, T. W., Rohwer, F., Edwards, R. A., & Stoye, J. (2008). Phylogenetic classification of short environmental DNA fragments. *Nucleic Acids Research*, 36(7), 2230-2239.
- [129] Kurlansky, M. (2003). Tuz-İnsanlığın Tuzlu Tarihi. (Çev. A. Çakıroğlu), Aykırı Yayıncılık, İstanbul.
- [130] La Cono, V., Bortoluzzi, G., Messina, E., La Spada, G., Smedile, F., Giuliano, L., Borghini, M., Stumpp, C., Schmitt-Kopplin, P., Harir, M., O'Neill, W. K., Hallsworth, J. E., & Yakimov, M. (2019). The discovery of Lake Hephaestus, the youngest athalassohaline deep-sea formation on Earth. *Scientific Reports*, 9(1), 1-11.
- [131] Larsen, H. & Grant, W. D. (1989). Genus I. *Halobacterium* Elazari-Volcani 1959, 207^{AL}. In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* (pp. 2219-2224),

First edition, vol. 3, Eds. Staley, J. T., Bryant, M. P., Pfennig, N. & Holt, J. G. The Williams & Wilkins Co., Baltimore.

- [132] Legault, B. A., Lopez-Lopez, A., Alba-Casado, J. C., Doolittle, W. F., Bolhuis, H., Rodríguez-Valera, F., & Papke, R. T. (2006). Environmental genomics of "*Haloquadratum walsbyi*" in a saltern crystallizer indicates a large pool of accessory genes in an otherwise coherent species. *BMC Genomics*, 7(1), 1-13.
- [133] Leoni, C., Gattulli, B. A., Pesole, G., Ceci, L. R., & Volpicella, M. (2021). Amylomaltases in extremophilic microorganisms. *Biomolecules*, 11(9), 1335.
- [134] Leoni, C., Manzari, C., Tran, H., Golyshin, P. N., Pesole, G., Volpicella, M., & Ceci, L. R. (2022). Identification of an amyloamylase from the halophilic archaeon *Haloquadratum walsbyi* by functional metagenomics: Structural and functional insights. *Life*, 12(1), 85.
- [135] Leoni, C., Volpicella, M., Fosso, B., Manzari, C., Piancone, E., Dileo, M. C., Arcadi, E., Yakimov, M., Pesole, G., & Ceci, L. R. (2020). A differential metabarcoding approach to describe taxonomy profiles of bacteria and archaea in the saltern of Margherita di Savoia (Italy). *Microorganisms*, 8(6), 936.
- [136] Lindsay, M. R., Anderson, C., Fox, N., Scofield, G., Allen, J., Anderson, E., Bueter, L., Poudel, S., Sutherland, K., Munson-McGee, J. H., van Nostrand, J. D., Zhou, J., Spear, J. R., Baxter, B. K., Lageson, D. R., & Boyd, E. S. (2017). Microbialite response to an anthropogenic salinity gradient in Great Salt Lake, Utah. *Geobiology*, 15(1), 131-145.
- [137] Lozupone, C. A., & Knight, R. (2007). Global patterns in bacterial diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(27), 11436-11440.
- [138] Lozupone, C., Lladser, M. E., Knights, D., Stombaugh, J., & Knight, R. (2011). UniFrac: an effective distance metric for microbial community comparison. *The ISME Journal*, 5(2), 169-172.
- [139] Luengo, J. M., García, B., Sandoval, A., Naharro, G., & Olivera, E. R. (2003). Bioplastics from microorganisms. *Current Opinion in Microbiology*, 6(3), 251-260.
- [140] Luk, A. W., Williams, T. J., Erdmann, S., Papke, R. T., & Cavicchioli, R. (2014). Viruses of haloarchaea. *Life*, 4(4), 681-715.

- [141] Ma, Y., Galinski, E. A., Grant, W. D., Oren, A., & Ventosa, A. (2010). Halophiles 2010: life in saline environments. *Applied and Environmental Microbiology*, 76(21), 6971-6981.
- [142] Makhdoumi-Kakhki, A., Amoozegar, M. A., & Ventosa, A. (2012a). *Salinibacter iranicus* sp. nov. and *Salinibacter luteus* sp. nov., isolated from a salt lake, and emended descriptions of the genus *Salinibacter* and of *Salinibacter ruber*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(7), 1521-1527.
- [143] Makhdoumi-Kakhki, A., Amoozegar, M. A., Kazemi, B., Pašić, L., & Ventosa, A. (2012b). Prokaryotic diversity in Aran-Bidgol salt lake, the largest hypersaline playa in Iran. *Microbes and Environments*, 27(1), 87-93.
- [144] McGenity, T. J., & Grant, W. D. (1995). Transfer of *Halobacterium saccharovorum*, *Halobacterium sodomense*, *Halobacterium trapanicum* NRC 34021 and *Halobacterium lacusprofundi* to the genus *Halorubrum* gen. nov., as *Halorubrum saccharovorum* comb. nov., *Halorubrum sodomense* comb. nov., *Halorubrum trapanicum* comb. nov., and *Halorubrum lacusprofundi* comb. nov. *Systematic and Applied Microbiology*, 18(2), 237-243.
- [145] Minegishi, H., & Kamekura, M. (2018). *Natronomonas*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-8), Ed. Kamekura, M. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc.
- [146] Mora-Ruiz, M. D. R., Cifuentes, A., Font-Verdera, F., Pérez-Fernández, C., Farias, M. E., González, B., Orfila, A., & Rosselló-Móra, R. (2018). Biogeographical patterns of bacterial and archaeal communities from distant hypersaline environments. *Systematic and Applied Microbiology*, 41(2), 139-150.
- [147] Munoz, R., Rosselló-Móra, R., & Amann, R. (2016). Revised phylogeny of *Bacteroidetes* and proposal of sixteen new taxa and two new combinations including *Rhodothermaeota* phyl. nov. *Systematic and Applied Microbiology*, 39(5), 281-296.
- [148] Mutlu, M. B., Martínez-García, M., Santos, F., Peña, A., Güven, K., & Antón, J. (2008). Prokaryotic diversity in Tuz Lake, a hypersaline environment in Inland

- Turkey. *FEMS Microbiology Ecology*, 65(3), 474-483.
- [149] Naghoni, A., Emtiazi, G., Amoozegar, M. A., Cretoiu, M. S., Stal, L. J., Etemadifar, Z., Shahzadeh Fazeli, S. A., & Bolhuis, H. (2017). Microbial diversity in the hypersaline Lake Meyghan, Iran. *Scientific Reports*, 7(1), 1-13.
- [150] Narasingarao, P., Podell, S., Ugalde, J. A., Brochier-Armanet, C., Emerson, J. B., Brocks, J. J., Heidelberg, K. B., Banfield, J. F., & Allen, E. E. (2012). De novo metagenomic assembly reveals abundant novel major lineage of *Archaea* in hypersaline microbial communities. *The ISME Journal*, 6(1), 81-93.
- [151] Oren, A. (2002). Halophilic microorganisms and their environments. Dordrecht: Kluwer Scientific Publishers.
- [152] Oren, A. (2010). Industrial and environmental applications of halophilic microorganisms. *Environmental Technology*, 31(8-9), 825-834.
- [153] Oren, A. (2013). Life at high salt concentrations. Rosenberg, E., Delong, E. F., Lory, S., Stackebrandt, E., & Thompson, F. (Eds.), In *The Prokaryotes – Prokaryotic Communities and Ecophysiology* (pp. 421-440). Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag.
- [154] Oren, A. (2014). Taxonomy of halophilic *Archaea*: current status and future challenges. *Extremophiles*, 18(5), 825-834.
- [155] Oren, A. (2016). *Haloplanus*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-10), Eds. Whitman, W. B., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B. & Dedysh, S. John Wiley & Sons, Inc.
- [156] Oren, A. (2018). *Halorubrum*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-48), Ed. Whitman, W. B. John Wiley & Sons, Inc.
- [157] Oren, A. (2019a). *Euryarchaeota*. *Encyclopedia of Life Sciences*, 1-17.
- [158] Oren, A. (2019b). Halophilic *Archaea*. In *Reference Module in Life Sciences* (pp. 495-503). Encyclopedia of Microbiology, Fourth edition, Elsevier.
- [159] Oren, A., & Litchfield, C. D. (1999). A procedure for the enrichment and isolation of *Halobacterium*. *FEMS Microbiology Letters*, 173(2), 353-358.
- [160] Oren, A., & Ventosa, A. (2017a). *Haloarculaceae*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-5), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. Hoboken: John Wiley & Sons, Inc.

- [161] Oren, A., & Ventosa, A. (2017b). *Haloferacaceae*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-5), Ed. Whitman, W. B., John Wiley & Sons, Inc.
- [162] Oren, A., & Ventosa, A. (2017c). *Halorubraceae*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-4), Ed. Whitman, W. B. Chichester: John Wiley & Sons, Ltd.
- [163] Oren, A., & Ventosa, A. (2017d). *Halobacterium*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-12), Ed. Grant, W. D. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Inc.
- [164] Oren, A., Arahall, D. R., & Ventosa, A. (2009). Emended descriptions of genera of the family *Halobacteriaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(3), 637-642.
- [165] Oren, A., Elevi, R., Watanabe, S., Ihara, K., & Corcelli, A. (2002). *Halomicrobium mukohataei* gen. nov., comb. nov., and emended description of *Halomicrobium mukohataei*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 52(5), 1831-1835.
- [166] Oren, A., Ventosa, A., & Grant, W. D. (1997). Proposed minimal standards for description of new taxa in the order *Halobacteriales*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 47(1), 233-238.
- [167] Oren, A., Ventosa, A., Kamekura, M. (2017). Class *Halobacteria*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-5), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, New Jersey, USA.
- [168] Oyewusi, H. A., Abdul Wahab, R., Edbeib, M. F., Mohamad, M. A. N., Abdul Hamid, A. A., Kaya, Y., & Huyop, F. (2021). Functional profiling of bacterial communities in Lake Tuz using 16S rRNA gene sequences. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(1), 1-10.
- [169] Oyewusi, H. A., Wahab, R. A., Kaya, Y., Edbeib, M. F., & Huyop, F. (2020). Alternative bioremediation agents against haloacids, haloacetates and chlorpyrifos using novel halogen-degrading bacterial isolates from the hypersaline Lake Tuz. *Catalysts*, 10(6), 651.
- [170] Özcan, B., Özcengiz, G., Çöleri, A., & Çökmüş, C. (2007). Diversity of

- halophilic Archaea from six hypersaline environments in Turkey. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 17(6), 985-992.
- [171] Özhatay, N., Byfield, A., & Atay, S. (2005). Türkiye'nin 122 Önemli Bitki Alanı. *WWF Türkiye, İstanbul*, 476.
- [172] Özsayın, E., Gürbüz, A., Kuzucuoglu, C., & Erdoğan, B. (2019). Salted landscapes in the tuz gölü (central Anatolia): The end stage of a tertiary basin. In *World Geomorphological Landscapes* (pp. 339-351). Cham: Springer International Publishing.
- [173] Özyaral, O., & Birbir, M. (2005). Examination of the fungal community on salt used in Turkish leather industry. *Journal of the Society of Leather Technologists and Chemists*, 89(6), 237-241.
- [174] Pagaling, E., Wang, H., Venables, M., Wallace, A., Grant, W. D., Cowan, D. A., Jones, B. E., Ma, Y., Ventosa, A., & Heaphy, S. (2009). Microbial biogeography of six salt lakes in Inner Mongolia, China, and a salt lake in Argentina. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(18), 5750-5760.
- [175] Pašić, L., Rodriguez-Mueller, B., Martin-Cuadrado, A. B., Mira, A., Rohwer, F., & Rodríguez-Valera, F. (2009). Metagenomic islands of hyperhalophiles: the case of *Salinibacter ruber*. *BMC Genomics*, 10(1), 1-11.
- [176] Patadia, A., & Dave, B. P. (2016). Isolation, screening and quantification of Poly- β -hydroxybutyrate (PHB) from extreme halophilic archaea. *Int J Sci Res*, 5, 92-96.
- [177] Pecher, W. T., Kim, J. M., DasSarma, P., Karan, R., Sinnis, P., & DasSarma, S. (2016). *Halobacterium* expression system for production of full-length *Plasmodium falciparum* circumsporozoite protein. In *Biotechnology of Extremophiles*: (pp. 699-709). Springer, Cham.
- [178] Pfeifer, F. (2012). Distribution, formation and regulation of gas vesicles. *Nature Reviews Microbiology*, 10(10), 705-715.
- [179] Pfeifer, K., Ergal, I., Koller, M., Basen, M., Schuster, B., & Simon, K. M. R. (2021). Archaea biotechnology. *Biotechnology Advances*, 47, 107668.
- [180] Podell, S., Emerson, J. B., Jones, C. M., Ugalde, J. A., Welch, S., Heidelberg, K. B., Banfield, J. F., & Allen, E. E. (2014). Seasonal fluctuations in ionic concentrations drive microbial succession in a hypersaline lake community. *The*

ISME Journal, 8(5), 979-990.

- [181] Podell, S., Ugalde, J. A., Narasingarao, P., Banfield, J. F., Heidelberg, K. B., & Allen, E. E. (2013). Assembly-driven community genomics of a hypersaline microbial ecosystem. *PloS One*, 8(4), e61692.
- [182] Resmi Gazete. (2000). Tuz Gölü'nün Özel Çevre Koruma Bölgesi Olarak Tespit ve İlânına İlişkin 2000/1381 Bakanlar Kurulu Kararı, T.C Başbakanlık Mevzuatı Geliştirme ve Yayın Genel Müdürlüğü. <http://www.resmigazete.gov.tr/eskiler/2000/11/20001102.htm#6>, 18 Şubat 2021.
- [183] Rodríguez-Valera, F. (1988). Characteristics and microbial ecology of hypersaline environments. In Rodríguez-Valera F. (Ed.), *Halophilic Bacteria* (pp. 3–30). Boca Raton, FL: CRC Press.
- [184] Rodríguez-Valera, F., & Lillo, J. A. (1992). Halobacteria as producers of polyhydroxyalkanoates. *FEMS Microbiology Reviews*, 103, 181-186.
- [185] Rodríguez-Valera, F., Juez, G., & Kushner, D. J. (1982). Halocins: salt-dependent bacteriocins produced by extremely halophilic rods. *Canadian Journal of Microbiology*, 28(1), 151-154.
- [186] Rodríguez-Valera, F., Martin-Cuadrado, A. B., & Bolhuis, H. (2016). *Haloquadratum*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-11), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. Hoboken: John Wiley & Sons, Ltd.
- [187] Roesch, L. F., Fulthorpe, R. R., Riva, A., Casella, G., Hadwin, A. K., Kent, A. D., Daroub, S. H., Camargo, F. A. O., Farmerie, W. G., & Triplett, E. W. (2007). Pyrosequencing enumerates and contrasts soil microbial diversity. *The ISME Journal*, 1(4), 283-290.
- [188] Roldán Ahumada, J. A., & Avendaño Garrido, M. L. (2019). A commentary on diversity measures UniFrac in very small sample size. *Evolutionary Bioinformatics*, 15, 1176934319843515.
- [189] Santos, F., Yarza, P., Parro, V., Meseguer, I., Rosselló-Móra, R., & Antón, J. (2012). Culture-independent approaches for studying viruses from hypersaline environments. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(6), 1635-1643.
- [190] Schloss, P. D., & Handelsman, J. (2005a). Metagenomics for studying unculturable microorganisms: cutting the Gordian knot. *Genome Biology*, 6(8),

- [191] Schloss, P. D., & Handelsman, J. (2005b). Introducing DOTUR, a computer program for defining operational taxonomic units and estimating species richness. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(3), 1501-1506.
- [192] Shahinpei, A., Amoozegar, M. A., Fazeli, S. A. S., Schumann, P., Spröer, C., & Ventosa, A. (2017). *Aliidiomarina sedimenti* sp. nov., a haloalkaliphilic bacterium in the family *Idiomarinaceae*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(7), 2087-2092.
- [193] Shannon, C. & Weaver, W. (1949). *The mathematical theory of communication*. University of Illinois Press.
- [194] Simpson, E. H. (1949). Measurement of diversity. *Nature*, 163(4148), 688.
- [195] Skerman, V. B. D., McGowan, V., & Sneath, P. H. A. (1980). Approved lists of bacterial names. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 30(1), 225-230.
- [196] Soliman, G. S., & Trüper, H. G. (1982). *Halobacterium pharaonis* sp. nov., a new, extremely haloalkaliphilic archaebacterium with low magnesium requirement. *Zentralblatt Für Bakteriologie Mikrobiologie Und Hygiene: I. Abt. Originale C: Allgemeine, Angewandte Und Ökologische Mikrobiologie*, 3(2), 318-329.
- [197] Song, T., Liang, Q., Du, Z., Wang, X., Chen, G., Du, Z., & Mu, D. (2022). Salinity gradient controls microbial community structure and assembly in coastal solar salterns. *Genes*, 13(2), 385.
- [198] Sorokin, D. Y., Kublanov, I. V., Yakimov, M. M., Rijpstra, W. I. C., & Damsté, J. S. S. (2016). *Halanaeroarchaeum sulfurireducens* gen. nov., sp. nov., the first obligately anaerobic sulfur-respiring haloarchaeon, isolated from a hypersaline lake. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(6), 2377-2381.
- [199] Sorokin, D. Y., Messina, E., Smedile, F., Roman, P., Damsté, J. S. S., Ciordia, S., Mena, M. C., Ferrer, M., Golyshin, P. N., Kublanov, I. V., Samarov, N. I., Toshchakov, S. V., La Cono, V., & Yakimov, M. M. (2017). Discovery of anaerobic lithoheterotrophic haloarchaea, ubiquitous in hypersaline habitats. *The ISME Journal*, 11(5), 1245-1260.

- [200] Sremac, M., & Stuart, E. S. (2008). Recombinant gas vesicles from *Halobacterium* sp. displaying SIV peptides demonstrate biotechnology potential as a pathogen peptide delivery vehicle. *BMC Biotechnology*, 8(1), 1-14.
- [201] Sremac, M., & Stuart, E. S. (2010). SIVsm Tat, Rev, and Nef1: functional characteristics of r-GV internalization on isotypes, cytokines, and intracellular degradation. *BMC Biotechnology*, 10(1), 1-16.
- [202] Stuart, E. S., Morshed, F., Sremac, M., & DasSarma, S. (2001). Antigen presentation using novel particulate organelles from halophilic archaea. *Journal of Biotechnology*, 88(2), 119-128.
- [203] Stuart, E. S., Morshed, F., Sremac, M., & DasSarma, S. (2004). Cassette-based presentation of SIV epitopes with recombinant gas vesicles from halophilic archaea. *Journal of Biotechnology*, 114(3), 225-237.
- [204] Tomlinson, G. A., & Hochstein, L. I. (1976). *Halobacterium saccharovororum* sp. nov., a carbohydrate-metabolizing, extremely halophilic bacterium. *Canadian Journal of Microbiology*, 22(4), 587-591.
- [205] Torreblanca, M., Meseguer, I., & Ventosa, A. (1994). Production of halocin is a practically universal feature of archaeal halophilic rods. *Letters in Applied Microbiology*, 19(4), 201-205.
- [206] Tremblay, J., Singh, K., Fern, A., Kirton, E. S., He, S., Woyke, T., Lee, J., Chen, F., Dangl, J. L., & Tringe, S. G. (2015). Primer and platform effects on 16S rRNA tag sequencing. *Frontiers in Microbiology*, 6, 771.
- [207] Tuz Gölü Biyolojik Çeşitliliğin Tespiti Projesi Final Raporu, Özel Çevre Koruma Kurumu Başkanlığı, AKS Planning Engineering, 2007, Ankara.
- [208] Tuz Gölü Özel Çevre Koruma Bölgesi Yönetim Planı 2014-2018, Türkiye Cumhuriyeti Çevre, Şehircilik ve İklim Değişikliği Bakanlığı, Tabiat Varlıklarını Koruma Genel Müdürlüğü.
- [209] TÜİK. (2021). 2021 Yılı Nüfus İstatistikleri. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Adrese-Dayali-Nufus-Kayit-Sistemi-Sonuclari-2021-45500>.
- [210] TVKGM. (2011). Tabiat Varlıklarını Koruma Genel Müdürlüğü Resmi İnternet Sitesi. <https://tvk.csb.gov.tr/>.
- [211] Uygun, A., & Şen, E. (1978). Tuz Gölü Havzası ve Doğal Kaynakları I: Tuz

- Gölu suyunun jeokimyası. *Bulletin of the Geological Society of Turkey*, 21, 113-120.
- [212] Ünal, H. & Küçükyıldırım, S. (2020). Metabarkodlama yaklaşımıyla Tuz Gölü, Türkiye mikroorganizmalarının belirlenmesi için bir pilot çalışma. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (19), 366-374.
- [213] Vavourakis, C. D., Ghai, R., Rodríguez-Valera, F., Sorokin, D. Y., Tringe, S. G., Hugenholtz, P., & Muyzer, G. (2016). Metagenomic insights into the uncultured diversity and physiology of microbes in four hypersaline soda lake brines. *Frontiers in Microbiology*, 7, 211.
- [214] Venables, W. N., & Ripley, B. D. (2013). *Modern applied statistics with S-PLUS*. Springer Science & Business Media.
- [215] Ventosa, A. (2006). Unusual micro-organisms from unusual habitats: hypersaline environments. In N. A. Logan, H. M. Lappin-Scott, & P. C. F. Oyston (Eds.), *Prokaryotic Diversity: Mechanisms and Significance* (pp. 223-254). Cambridge: Cambridge University Press.
- [216] Ventosa, A. (2015). *Haloarcula*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp.1-10), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. Hoboken: John Wiley & Sons, Inc.
- [217] Ventosa, A., & Arahal, D. R. (2009). Physico-chemical characteristics of hypersaline environments and their biodiversity. *Extremophiles*, 2, 247-262.
- [218] Ventosa, A., de la Haba, R. R., Sánchez-Porro, C., & Papke, R. T. (2015). Microbial diversity of hypersaline environments: a metagenomic approach. *Current Opinion in Microbiology*, 25, 80-87.
- [219] Ventosa, A., Fernández, A. B., León, M. J., Sánchez-Porro, C., & Rodríguez-Valera, F. (2014). The Santa Pola saltern as a model for studying the microbiota of hypersaline environments. *Extremophiles: Life under Extreme Conditions*, 18(5), 811-824.
- [220] Vera-Gargallo, B., & Ventosa, A. (2018). Metagenomic insights into the phylogenetic and metabolic diversity of the prokaryotic community dwelling in hypersaline soils from the odiel saltmarshes (SW Spain). *Genes*, 9(3), 152.
- [221] Vera-Gargallo, B., Chowdhury, T. R., Brown, J., Fansler, S. J., Durán-Viseras,

- A., Sánchez-Porro, C., Bailey, V. L., Jansson, J. K., & Ventosa, A. (2019). Spatial distribution of prokaryotic communities in hypersaline soils. *Scientific Reports*, 9(1), 1-12.
- [222] Viver, T., Rosselló-Móra, R., & Antón, J. (2019). *Salinibacteraceae*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp.1-4), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. Hoboken: John Wiley & Sons, Inc.
- [223] Vreeland, R. H., & Cui, H. (2016). *Halosimplex*. In *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* (pp. 1-10), Eds. Whitman, W. D., Rainey, F., Kämpfer, P., Trujillo, M., Chun, J., DeVos, P., Hedlund, B., & Dedysh, D. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, Ltd.
- [224] Vreeland, R. H., Straight, S., Krammes, J., Dougherty, K., Rosenzweig, W. D., & Kamekura, M. (2002). *Halosimplex carlsbadense* gen. nov., sp. nov., a unique halophilic archaeon, with three 16S rRNA genes, that grows only in defined medium with glycerol and acetate or pyruvate. *Extremophiles*, 6(6), 445-452.
- [225] Wainø, M., Tindall, B. J., & Ingvorsen, K. (2000). *Halorhabdus utahensis* gen. nov., sp. nov., an aerobic, extremely halophilic member of the Archaea from Great Salt Lake, Utah. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50(1), 183-190.
- [226] Wei, Y. F., Wang, A. L., & Liao, S. A. (2020). Effect of different carbon sources on microbial community structure and composition of ex-situ biofloc formation. *Aquaculture*, 515, 734492.
- [227] Whittaker, R. H. (1960). Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California. *Ecological Monographs*, 30(3), 279-338.
- [228] Whittaker, R. H. (1972). Evolution and measurement of species diversity. *Taxon*, 21(2-3), 213-251.
- [229] Whittaker, R. H. (1977). Evolution of species diversity in land communities. *Evolutionary Biology*, 10, 1-67.
- [230] Yalçın, E., & Ertem, M. E. (1997). Deniz tuzlalarının Türkiye tuz potansiyelindeki yeri. *Endüstriyel Hammaddeler Sempozyumu, İzmir*.
- [231] Yeşil, H., & Tuğtaş, A. E. (2019). Removal of heavy metals from leaching effluents of sewage sludge via supported liquid membranes. *Science of The*

Total Environment, 693, 133608.

- [232] Zenke, R., von Gronau, S., Bolhuis, H., Gruska, M., Pfeiffer, F., & Oesterhelt, D. (2015). Fluorescence microscopy visualization of halomucin, a secreted 927 kDa protein surrounding *Haloquadratum walsbyi* cells. *Frontiers in Microbiology*, 6, 249.
- [233] Zhang, G., Bai, J., Tebbe, C. C., Zhao, Q., Jia, J., Wang, W., Wang, X., & Yu, L. (2021). Salinity controls soil microbial community structure and function in coastal estuarine wetlands. *Environmental Microbiology*, 23(2), 1020-1037.
- [234] Zhong, Z. P., Liu, Y., Miao, L. L., Wang, F., Chu, L. M., Wang, J. L., & Liu, Z. P. (2016). Prokaryotic community structure driven by salinity and ionic concentrations in plateau lakes of the Tibetan Plateau. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(6), 1846-1858.

ÖZ GEÇMİŞ

Adı Soyadı

: Can AKPOLAT

Öğrenim Durumu

Derece	Bölüm/Program	Üniversite/Lise	Mezuniyet Yılı
Lise	Fen	Fahrettin Kerim Gökay Anadolu Lisesi	2006
Lisans	Biyoloji	Marmara Üniversitesi	2011
	Kimya (ÇAP)	Marmara Üniversitesi	2011
	İşletme	Anadolu Üniversitesi	2014
Yüksek Lisans	Biyoloji	Marmara Üniversitesi	2014

Yüksek Lisans Tezi

- [1] Akpolat, C. (2014). Tuzlanmış Derilerin Zarar Görmüş Bölgelerinden Halofil Bakterilerin ve Arkelerin İzolasyonu ve Tanımlanması. Danışmanlar: Prof. Dr. Meral Birbir ve Prof. Dr. Antonio Ventosa. Yüksek Lisans Tezi, Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, İstanbul, Türkiye.

Makaleler

- [1] Akpolat, C., Fernández, A. B., Çağlayan, P., Calli, B., Birbir, M., & Ventosa, A. (2021). Prokaryotic Communities in the Thalassohaline Tuz Lake, Deep Zone, and Kayacik, Kaldirim and Yavsan Salterns (Turkey) Assessed by 16S rRNA Amplicon Sequencing. *Microorganisms*, 9(7), 1525.
- [2] Akpolat, C., Ventosa, A., Birbir, M., Sánchez-Porro, C., & Çağlayan, P. (2015). Molecular Identification of Moderately Halophilic Bacteria and Extremely Halophilic Archaea Isolated from Salted Sheep Skins Containing Red and Yellow Discolorations. *Journal of the American Leather Chemists Association*, 110(07), 211-220.

Bildiriler

- [1] Saygan, E., Çağlayan, P., Akpolat, C., & Birbir, M. (2022). Total Counts of Cellulolytic Non-Halophilic Bacteria, Moderately Halophilic Bacteria and Extremely Halophilic Archaea in the Brine and Salt Samples of Ayvalık Saltern in Türkiye. II. International Biology Congress, 18-20 Mayıs, Kırgızistan-Türkiye Manas Üniversitesi, Bişkek, Kırgızistan.
- [2] Akpolat, C., Birbir, Y., Birbir, M., Ventosa, A., Çağlayan, P., & Sánchez-Porro, C. (2014). Characterization and Electrochemical Inactivation of Antibiotic Resistant-*Acinetobacter johnsonii* Isolated from Salted Sheep Skins. Fourth International Meeting on Pharmacy & Pharmaceutical Sciences (IMPPS-4), 18-21 Eylül, Marmara Üniversitesi Eczacılık Fakültesi, İstanbul, Türkiye.
- [3] Akpolat, C., Sánchez-Porro, C., Çağlayan, P., Birbir, M., & Ventosa, A. (2013). Actividad Enzimática y Diversidad de Bacterias y Arqueas en Pielles Tratadas con Sal. XXIV Congreso de Microbiología de la Sociedad Española de Microbiología, 10-13 Temmuz, L'Hospitalet de Llobregat, Barselona, İspanya.
- [4] Akpolat, C., Sánchez-Porro, C., Çağlayan, P., Birbir, M., & Ventosa, A. (2013). Diversidad de Procariotas en Pielles Tratadas con Sal. XI Reunión de la Red Nacional de Microorganismos Exremófilos, 8-10 Mayıs, Busquistar, Granada, İspanya.