

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
BİYOTEKNOLOJİ ENSTİTÜSÜ

TEMEL BİYOTEKNOLOJİ
YÜKSEK LİSANS TEZİ

YARASA VİROMLARININ METAGENOMİK ANALİZİ

Gizem Geçgil

Danışman Öğretim Üyesi

Prof. Dr. Emre Keskin

Eş Danışman Öğretim Üyesi

Dr. Öğretim Üyesi Müge Fırat

Ocak

2024

ETİK BEYAN

Bu tez çalışmasının; akademik kural ve etik ilkelere bağılı kalınarak hazırlandığını, çalışmada yararlanılan ve bu çalışma ürünü olmayan bütün bilgiler için kaynak yayınlara atıfta bulunulmuş olduğunu beyan ederim.

Gizem Geçgil

İmzası

ONAY

Prof. Dr. Emre Keskin danışmanlığında ve Dr. Öğretim Üyesi Müge Fırat eş danışmanlığında Gizem Geçgil tarafından hazırlanan bu çalışma 04/01/2024 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda yüksek lisans tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. Hilal Özdağ SEVGİLİ

İmza:

Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü

Üye: Prof. Dr. Emre KESKİN

İmza:

Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Su Ürünleri Mühendisliği Bölümü

Üye: Prof. Dr. İbrahim Raşit BİLGİN

İmza:

Boğaziçi Üniversitesi Çevre Bilimleri Enstitüsü

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Demet CANSARAN DUMAN

Enstitü Müdürü

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

Yarasa Viromlarının Metagenomik Analizi

Gizem Geçgil

Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü

Prof. Dr. Emre Keskin

İnsanlarda ve hayvanlarda şiddetli akut solunum yolu sendromu koronavirusu (SARS-CoV), Orta Doğu solunum sendromu ile ilişkili koronavirus (MERS-CoV), Ebola virusu, Nipah virusu ve Hendra virusu gibi ciddi hastalıklara yol açan çeşitli zoonotik virusların doğal rezervuarları yarasalardır. Son yıllarda başta koronaviruslar olmak üzere bazı virusların çeşitli ara konak başka hayvanları kullanarak rezervuar konak olan yarasalardan insanlara sıçramış olabileceğinin deneyimlenmiş olması, bu memeli grubuna olan ilgiyi gün geçtikçe artırmaktadır. Türler arası bulaşma riskini aydınlatmak amacıyla farklı coğrafi bölgelerde yaşayan yarasaların barındırdıkları virusların karakterizasyonu büyük önem taşımaktadır. Son yıllarda gittikçe hız kazanan metagenomik çalışmalar bize sadece organizmaların kendilerinden değil, çevresel örneklerden de kümülatif çeşitliliği ortaya çıkarabileceğimizi göstermiştir. Yüksek Verimli Dizileme (HTS) yüksek verim ve hız sunan bir dizileme teknolojisidir; bu teknolojinin metagenomik çalışmalara adapte edilmesi ise elde edilen veriyi astronomik sayılara ulaştırmış, bu verilerin işlenmesi için de biyoinformatik araçlar gün geçtikçe gelişmeye başlamıştır. Viral metagenomik çalışmaların HTS teknolojisiyle birlikte ürettiği veri, biyoinformatik araçların ulaşılabilirliği, kullanılabilirliği ve doğrulanabilirliği gerekliliğini doğurmaktadır. Bu tez çalışmasında yerleşim yeri itibariyle insanla ilişkisi muhtemel yarasa türlerinden alınan orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örnekleri nükleik asit izolasyonuna tabi tutulmuş, tüm genom amplifikasyonu uygulanarak zenginleştirilmiş, Shotgun dizileme teknolojisi ile dizilenmiş ve pratik bir biyoinformatik iş akışına dahil edilmiştir.

2024, 216 sayfa

Anahtar kelimeler: viral metagenomik, yüksek verimli dizileme, biyoinformatik

ABSTRACT

MSc Thesis

Metagenomic Analysis of Bat Viromes

Gizem Geçgil

Ankara University Biotechnology Institute

Prof. Emre Keskin

Bats are the natural host of various zoonotic viruses, such as coronavirus, Ebola, Nipah, and Hendra, that can cause serious illnesses like acute respiratory syndrome in humans and domestic animals. In recent years, it is believed that coronaviruses such as SARS-CoV-2 may have jumped from bats to humans through intermediate hosts, leading to increasing interest in this mammal group. To understand the risk of interspecies transmission, it is important to study the viruses hosted by bats in different geographical regions. Metagenomic studies, which are becoming more popular, can reveal the cumulative diversity of organisms and environmental samples. High-Throughput Sequencing (HTS) is a technology that offers high yield and speed compared to traditional sequencing techniques and its application in metagenomic studies generates large amount of data. The data generated by viral metagenomic studies using HTS technology requires bioinformatics tools for accessibility, usability, and validation of the data. In this thesis study, oropharyngeal swab, rectal swab and fecal samples taken from bat species likely to be related to humans due to their location were subjected to nucleic acid isolation, enriched by applying whole genome amplification, sequenced with Shotgun sequencing technology and included in a practical bioinformatics workflow.

2024, 216 pages

Keywords: viral metagenomics, high-throughput sequencing, bioinformatics

TEŞEKKÜR

Attığım her adımda yanımda duran, düştüğümde elimden tutup kaldıran, sırtımı yasladığımda yıkılmayacağımi her zaman hissettiren annem Sevgi Geçgil'e, babam Mehmet Geçgil'e, kardeşim Damla Nur Geçgil'e, kedim Mathilda'ya, kuzenlerim Dr. İsmail Emre İlhan ve Dr. Derya İhan'a;

Teorik bilgimi pratiğe dökmemde emekleri olan, edindiğim deneyimleri anlamlı ve eğlenceli kılan Dr. İsmail Benli'ye, Esmâ Demirel'e ve Elif Akış'a;

Her başarımda benden daha çok mutlu olan, duyduğu gururu her zaman hissettiren Şimal Özbek'e, Dr. Yeliz Esra Taş'a ve Dr. Abdullah Ereren'e;

İnişli çıkışlı bu yolda yanımdan hiç ayrılmayan, arkamda durduğunu her zaman dile getiren ve hissettiren Buğra Güzel'e;

Benden desteğini esirgemeyen danışmanlarım Prof. Dr. Emre Keskin'e ve Dr. Öğretim Üyesi Müge Fırat'a, başta Işıl Çelik, Metehan Arıkan ve Açelya Dalgıç olmak üzere bana her zaman yardım eden Evrimsel Genetik Laboratuvarı ekibine;

Tezimin gerçekleşmesinde 1200565 numaralı TÜBİTAK 1001 projesi "Türkiye'de İnsan İlişkisi Muhtemel Yarasa Türlerinde Virom Profilinin Araştırılması" kapsamında maddi destek sağlayan TÜBİTAK'a;

Olduğum kişiye dönüşmemde satırlarıyla katkısı olan Albert Camus'ye, Alexandre Dumas'ya, Ezra Pound'a, Fernando Pessoa'ya, Fyodor Dostoevsky'e, Honoré de Balzac'a, Ivan Aleksandrovich Goncharov'a, Johann Wolfgang von Goethe'ye, José Saramago'ya, Maksim Gorki'ye, Milan Kundera'ya, Robert Louis Stevenson'a, Victor Hugo'ya ve William Blake'e;

Melodileri ile duygularıma ortak olan Amorphis'e, Anathema'ya, Andy James'e, Axel Rudi Pell'e, Black Label Society'e, Buckethead'e, David Bowie'ye, Dream Theater'a, Ghost'a, Godsmack'e, HIM'e, Leprous'a, Major Moment'a, Nightwish'e, Poets of the Fall'a, Scorpions'a, Soen'e, Solence'e, Sonata Arctica'ya, Stratovarius'a, TOOL'a, ve Travis'e;

En çok da hiçbir zaman vazgeçmediğim için kendime teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ETİK BEYAN	i
ÖZET	ii
ABSTRACT	iv
TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER	vi
SEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xv
SİMGELER DİZİNİ	xvi
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER	2
2.1. YARASALARIN FİLOGENİSİ VE TAKSONOMİSİ	2
2.2. YARASA VE VİRUSLARIN BİRLİKTE EVRİMİ	3
2.3. METAGENOMİK VE YÜKSEK VERİMLİ DİZİLEME	4
2.4. VİRAL METAGENOMİK ÇALIŞMALARDA MOLEKÜLER YAKLAŞIMLAR	6
2.4.1. POLİMERAZ ZİNCİR REAKSİYONU	6
2.4.2. SISPA	7
2.4.3. TÜM GENOM AMPLİFİKASYON	8
2.5. VERİTABANLARI	8
2.6. BİYOİNFORMATİK	9
3. GEREKÇE VE AMAC	11
4. MATERYAL VE YÖNTEM	12

4.1. MATERYAL	12
4.2. YÖNTEM	13
4.2.1. NÜKLEİK ASİT İZOLASYONU	13
4.2.1.1. Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead kiti ile nükleik asit izolasyonu.....	14
4.2.1.2. Qiagen QIAamp Viral RNA mini kit ile nükleik asit izolasyonu	15
4.2.1.3. MN (MACHEREY-NAGEL) Viral DNA ve RNA kiti ile nükleik asit izolasyonu 16	
4.2.2. TÜM GENOM AMPLİFİKASYON.....	17
4.2.3. DİZİLEME	19
4.2.4. KALİTE KONTROL	22
4.2.5. BİYOİNFORMATİK.....	23
<u>5. ARASTIRMA BULGULARI</u>	24
5.1. QUBİT ÖLÇÜM SONUÇLARI	24
5.2. FASTQC KALİTE KONTROL ANALİZİ SONUÇLARI	26
5.3. BİYOİNFORMATİK ANALİZ SONUÇLARI	28
<u>6. TARTIŞMA VE SONUC</u>	30
6.1. TARTIŞMA	30
6.1.1. NÜKLEİK ASİT İZOLASYON KİTİ OPTİMİZASYONU	30
6.1.2. TÜM GENOM AMPLİFİKASYON ETKİSİ.....	32
6.1.3. YARASA TÜRLERİNE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ	34
6.1.3.1. Pipistrellus kuhlii	34
6.1.3.2. Pipistrellus pipistrellus	40
6.1.3.3. Rousettus aegyptiacus	46

6.1.3.4. Rhinolophus ferrumequinum.....	50
6.1.4. ÖRNEK TİPİNE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ.....	56
6.1.4.1. Orofarengeal Sürüntü Havuzları.....	56
6.1.4.2. Rektal Sürüntü Havuzları.....	58
6.1.4.3. Dışkı Havuzları.....	61
6.1.5. COĞRAFİ BÖLGEYE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ.....	64
6.1.5.1. Akdeniz Bölgesi	64
6.1.5.2. Doğu Anadolu Bölgesi.....	67
6.1.5.3. Ege Bölgesi.....	69
6.2. SONUÇ.....	73
6.2.1. YARASA TÜRLERİ	74
6.2.2. VİRAL ÇEŞİTLİLİK.....	75
6.2.3. VİRAL AİLELER.....	76
6.2.4. SONUÇLARIN DEĞERLENDİRİLMESİ.....	77
KAYNAKLAR.....	81
<u>EKLER.....</u>	<u>87</u>
EK 1: NÜKLEİK İZOLASYON KİTİ VE WGA OPTİMİZASYONU SONRASI RF3.2 NUMARALI ÖRNEĞİN BLAST EŞLEŞMELERİ.....	87
EK 2: TEZ ÇALIŞMASINA DAHİL EDİLEN ÖRNEKLERİN BLAST EŞLEŞMELERİ.....	103
EK 2A: PIPISTRELLUS KUHLII ÖRNEKLERİ	103
EK 2B: PIPISTRELLUS PIPISTRELLUS ÖRNEKLERİ.....	137
EK 2C: ROUSETTUS AEGYPTIACUS ÖRNEKLERİ.....	168
EK 2D: RHINOLOPHUS FERRUMEQUINUM ÖRNEKLERİ	189

ÖZGEÇMİŞ.....210

TEZDEN ÇIKAN YAYINLAR.....212



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1. Tez çalışmasında kullanılan örneklerin lokasyonları.....	12
Şekil 5.1. Her örnek için dizi sayısı.....	27
Şekil 5.2. Okumadaki her bir bazın konumlarındaki ortalama kalite değeri.....	27
Şekil 5.3. Ortalama kalite puanına sahip okuma sayısı.....	28
Şekil 6.1. Z-RF3.2 Viral Aile Grafiği.....	30
Şekil 6.2. Q-RF3.2 Viral Aile Grafiği.....	31
Şekil 6.3. MN-RF3.2 Viral Aile Grafiği.....	31
Şekil 6.4. Z-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği.....	32
Şekil 6.5. Q-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği.....	33
Şekil 6.6. MN-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği.....	33
Şekil 6.7. PK1.1 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	34
Şekil 6.8. PK2.1 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	35
Şekil 6.9. PK3.1 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Ege Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	35
Şekil 6.10. PK1.2 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	36
Şekil 6.11. PK2.2 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	37
Şekil 6.12. PK3.2 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	37

Şekil 6.13. PK1.3 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	38
Şekil 6.14. PK2.3 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Akdeniz Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	39
Şekil 6.15. PK2.3 Numaralı <i>Pipistrellus kuhlii</i> Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	39
Şekil 6.16. PP1.1 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	40
Şekil 6.17. PP2.1 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Akdeniz Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	41
Şekil 6.18. PP3.1 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Ege Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	41
Şekil 6.19. PP1.2 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	42
Şekil 6.20. PP2.2 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	43
Şekil 6.21. PP3.2 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	43
Şekil 6.22. PP1.3 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	44
Şekil 6.23. PP2.3 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Akdeniz Bölgesi Dışkı Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	45
Şekil 6.24. PP3.3 Numaralı <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	45

Şekil 6.25. RA1.1 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Doğu Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	46
Şekil 6.26. RA2.1 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	47
Şekil 6.27. RA3.1 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Batı Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	47
Şekil 6.28. RA1.2 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	48
Şekil 6.29. RA2.2 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	49
Şekil 6.30. RA3.2 Numaralı <i>Rousettus aegyptiacus</i> Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	49
Şekil 6.31. RF1.1 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	50
Şekil 6.32. RF2.1 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	51
Şekil 6.33. RF2.1 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Ege Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	51
Şekil 6.34. RF1.2 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	52
Şekil 6.35. RF2.2 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	53
Şekil 6.36. RF3.2 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği.....	53

Şekil 6.37. RF1.3 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	54
Şekil 6.38. RF2.3 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Akdeniz Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	55
Şekil 6.39. RF3.3 Numaralı <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği.....	55
Şekil 6.40. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	56
Şekil 6.41. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	57
Şekil 6.42. <i>Rousettus aegyptiacus</i> Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	57
Şekil 6.43. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	58
Şekil 6.44. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	59
Şekil 6.45. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	59
Şekil 6.46. <i>Rousettus aegyptiacus</i> Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	60
Şekil 6.47. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği.....	60
Şekil 6.48. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Dışkı Viral Aile Grafiği.....	61
Şekil 6.49. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Dışkı Viral Aile Grafiği.....	62
Şekil 6.50. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Dışkı Viral Aile Grafiği.....	62
Şekil 6.51. Örnek Tipine Göre Shannon Endeksi Analizi.....	63
Şekil 6.52. Örnek Tipine Göre Simpson Endeksi Analizi.....	64
Şekil 6.53. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	65
Şekil 6.54. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	65
Şekil 6.55. <i>Rousettus aegyptiacus</i> Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	66

Şekil 6.56. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	66
Şekil 6.57. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	67
Şekil 6.58. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	68
Şekil 6.59. <i>Rousettus aegyptiacus</i> Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	68
Şekil 6.60. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	69
Şekil 6.61. <i>Pipistrellus kuhlii</i> Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	70
Şekil 6.62. <i>Pipistrellus pipistrellus</i> Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	70
Şekil 6.63. <i>Rousettus aegyptiacus</i> Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	71
Şekil 6.64. <i>Rhinolophus ferrumequinum</i> Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği.....	71
Şekil 6.65. Coğrafi Bölgeye Göre Shannon Endeksi Analizi.....	72
Şekil 6.66. Coğrafi Bölgeye Göre Simpson Endeksi Analizi.....	73

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 4.1. Tez çalışmasında kullanılan örnek bilgileri.....	13
Çizelge 4.2. Kit optimizasyonuna dahil edilen örnekler.....	14
Çizelge 4.3. Liziz PZR ısısal döngü cihazı koşulları.....	18
Çizelge 4.4. Pre-amplifikasyon PZR ısısal döngü cihazı koşulları.....	18
Çizelge 4.5. Amplifikasyon PZR ısısal döngü cihazı koşulları.....	19
Çizelge 4.6. TAG Protokolü.....	20
Çizelge 4.7. PTC Protokolü.....	20
Çizelge 4.8. BLT Protokolü.....	21
Çizelge 5.1. Tüm genom amplifikasyon öncesi RF3.2 numaralı örneğin Qubit ölçümleri.....	24
Çizelge 5.2. Tüm genom amplifikasyon sonrası RF3.2 numaralı örneğin Qubit ölçümleri.....	24
Çizelge 5.3. Tez örneklerinin tüm genom amplifikasyon öncesi ve sonrası Qubit ölçümleri.....	25
Çizelge 5.4. Optimizasyona dahil edilen örneklerin <i>de novo</i> yapılandırma analizi.....	28
Çizelge 5.5. Tez çalışmasına dahil edilen örneklerin <i>de novo</i> yapılandırma analizi.....	29

SİMGELER DİZİNİ

ng	Nanogram
pg	Pikogram
ml	Mililitre
μ L	Mikrolitre
μ M	Mikromolar
bç	Baz çifti
DNA	Deoksiribonükleik asit
RNA	Ribonükleik asit
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
dk	Dakika
sn	Saniye
HTS	High-Throughput Sequencing
cDNA	complementary DNA
dsDNA	double-stranded DNA
rPCR	random-PCR
ICTV	International Committee on Taxonomy of Viruses

1. GİRİŞ

Memeliler sınıfı içindeki Chiroptera takımının üyeleri olan yarasalar, kemirgenlerden sonra ikinci sırada yer alan yaklaşık 1400 türüyle son derece çeşitli ve yaygın bir biyolojik takım oluşturmaktadır ve gerçek uçuş yeteneğine sahip tek memeli grubudurlar (1). Yarasalar, SARS ve MERS koronaviruslar, Ebola ve Marburg kanamalı ateşi filovirusları, kuduz ve kuduz benzeri lyssaviruslar ve Nipah ve Hendra henipavirusları dahil olmak üzere birçok paramiksoviruslar gibi çok sayıda zoonotik patojeni barındırmaktadırlar (2–4). Yarasaların yüksek hareketlilik, geniş coğrafik dağılım, uzun yaşam süreleri, türler arasında önemli ölçüde etkileşimi teşvik eden çeşitlilik ve karmaşık sosyal davranışlar gibi ayırt edici özellikleri, onları kolektif olarak pek çok hastalığın vektörü olarak konumlandırmaktadır. Yarasalar taşıdıkları patojenlere karşı dikkate değer bir direnç sergilemekte, bu da belirli bir düzeyde immünolojik adaptasyona sahip olduklarına işaret etmektedir (5).

Öncü bir araştırma yönü olan metagenomik çalışmalar, geleneksel doku veya konak örneklerine ihtiyaçtan kaçınarak doğrudan çevreden alınan genetik materyalin incelenmesine odaklanmaktadır (6). Uzmanlaşmış bir kol olan viral metagenomik, çevreden alınan örneklerin karmaşık virom bileşimini derinlemesine incelemeyi ve viral çeşitliliğin geniş dokusunu ortaya çıkarmayı amaçlamaktadır. Bu çalışma yolu, kontrollü laboratuvar ortamlarında zahmetli viral kültür çalışmalarına gerek kalmadan virusların evrimi ve çeşitliliği hakkında değerli bilgiler sağlamaktadır. Yüksek Verimli Dizileme (HTS) teknolojileri, evrensel belirteçlerin eksikliği gibi zorlukların üstesinden gelerek viral metagenomik araştırmaların hızını artırmaktadır (7).

İleriye bakıldığında, tahminler yarasa kaynaklı virusların neden olduğu salgınlarda bir artış olacağını göstermektedir. Yüksek Verimli Dizileme (HTS) teknolojilerinin sürekli olarak geliştirilmesi ve biyoinformatik araçlarının iyileştirilmesi, yaban hayatı araştırmalarında önemli kabul edilen coğrafi bölgelerden alınan örneklerde viral çeşitliliğin daha kapsamlı bir şekilde araştırılmasına olanak verecektir.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1. YARASALARIN FİLOGENİSİ VE TAKSONOMİSİ

Yarasalar, 1400'den fazla türle tanımlanmış memeli türlerinin %20'sini oluşturmakta ve kemirgenlerden sonra ikinci en büyük memeli takımı olan Chiroptera hayvan takımına mensup canlı gruplarıdır (1). Ön ayaklarının uzun parmakları patagium adı verilen ince bir zarla kaplanmıştır ve süreç içerisinde kanatlara evrimleşmesi nedeniyle uçan tek memeli takımı olarak da bilinmektedir (8). Yarasaların boyutları değişkenlik gösterebilmektedir. Tanımlanan en küçük yarasa, "domuz burunlu yarasa" olarak da bilinen *Craseonycteris thonglongyai* türüdür ve boyu yaklaşık 30 milimetre, ağırlığı ise yaklaşık 2 gramdır (9). Tanımlanan en büyük yarasa ise yaklaşık 1.5 kilogram ağırlığında ve kanat açıklığı yaklaşık 2 metreyi bulan "uçan tilki" olarak da adlandırılan *Acerodon jubatus* türüdür (10).

Geleneksel olarak Chiroptera takımı iki alt takıma ayrılmaktadır: meyve ile beslenen megayarasalar ve ekolokasyon yapan mikroyarasalar. Yeni kayıtlar ise Chiroptera takımının megayarasaları ve birçok mikroyarasayı içine alan Yinpterochiroptera ve Yangochiroptera alt takımlarına ayrıldığını doğrulamaktadır. Yarasaların çoğu böcek yiyicidir ancak kanla beslenen vampir yarasa türleri böcek dışında diğer hayvanlarla da beslenebilmektedir. Geri kalanlar ise meyve ve nektar yiyici olarak tanımlanmaktadır (11).

Yarasa iskeletlerinin hassasiyeti nedeniyle fosilleşmiş kayıtların ancak dörtte biri türce tanımlanabilmiştir. 32 milyon yıl öncesine dayanan en eski yarasa fosilleri Archaeopteropus olarak adlandırılmaktadır ve günümüzdeki mikroyarasalara benzediği öne sürülmektedir. Yarasalar ilk başta Archonta üst takımında ağaç sivrisinekleri (Scandentia), uçar makigiller (Dermoptera) ve primatlarla birlikte sınıflandırılmakla beraber son yapılan çalışmalara göre yarasalar artık etoburlar, pangolinler, tek ve çift toynaklılar ve deniz memelilerinin de dahil olduğu Laurasiatheria üst takımında yer almaktadır. Chiroptera başka bir araştırmaya göre ise tek toynaklıların (Perissodactyla) kardeş taksonu olarak sınıflandırılmıştır (12).

Megayarasaların erken Eosen dönemde evrimleştiği düşünülmektedir. Megayarasalar (Pteropodidae), Rhinolophidae, Hipposideridae, Craseonycteridae, Megadermatidae ve Rhinopomatidae aileleri ile birlikte Yinpterochiroptera alt takımına dahil edilmektedir. Geri

kalan yarasa aileleri (ekolokasyon kullanan) ise Yangochiroptera alt takımında sınıflandırılmaktadır (13).

Ayrıcalıklı fizyolojileri nedeniyle yarasalar, kuduz da dahil olmak üzere birçok enfeksiyon için doğal birer rezervuar işlevi görürler. Kendi aralarında sosyalleşmeleri ve uzun ömürlü olmaları nedeniyle ise bu hastalıkları kolayca kendi aralarında yayabilmektedirler. İnsanlar ile yarasalar etkileşime girdiğinde ise bu özellikler potansiyel birer tehlikeye dönüşmektedir (14).

2.2. YARASA VE VİRUSLARIN BİRLİKTE EVRİMİ

Yarasalar birçok yönden, ortaya çıkan zoonotik patojenler için uygun birer rezervuar işlevi görürler. Büyük koloniler halinde yaşamaları, uçuş yoluyla yer değiştirmeleri ve uzun ömürlü olmaları nedeniyle önemli mesafelerde virusları yayabilmektedirler. Antropojenik etkiler yarasalar ve insanlar arasında ve ayrıca yarasalar ve çiftlik hayvanları arasındaki etkileşimi artırmaktadır, bu nedenle zoonotik yayılım potansiyeli yükselmektedir. Buna benzer etkenler yarasaları, ortaya çıkabilecek potansiyel hastalıkların kaynağı olarak konumlandırmaktadır (15).

Yarasalarda 130'dan fazla virus tespit edilmiştir ve bunlar arasında kuduz virusu, hala teyit edilmemekle birlikte SARS-CoV, MERS-CoV, Ebola virus, Nipah virus, Hendra virus ve Marburg virus dahil olmak üzere yaklaşık 60 zoonotik tür, insanlar üzerinde patojenik etkiye sahiptir. Bazı virus grupları ise viruslar ve yarasalar arasındaki birlikte evrim mekanizmaları yoluyla gelişmiştir. Bu viral enfeksiyonların büyük bir çoğunluğunun yarasalar üzerinde asemptomatik bir etki bıraktığı ortaya çıkmıştır ve bu viral persistens mekanizmalarının aydınlatılması amacı ile çalışmalar başlamıştır (16,17).

75 yarasa cinsinden, 5 DNA virusu ailesi ve 15 RNA virusu ailesi olmak üzere 66 cins virus izole edilmiştir. Mutasyona uğrama potansiyeli nedeniyle hatalı enzim üretimine daha yatkın olan RNA virusları, DNA viruslarına oranla yarasalarda daha yaygın olarak bulunmakta ve antijenik değişkenlik potansiyelleri nedeniyle pandemilere neden olabilmektedirler. RNA virusları ayrıca doğal bağışıklığı bloke etmekte ve normal metabolik yollaklarda sinyal modülasyonuna neden olmaktadır (18).

Diğer memeliler gibi yarasalar da çeşitli viral patojenlere karşı hassastır. Ancak diğer memeli türleri üstünde ölümcül etkileri olan viruslara karşı yarasalar, asemptomatik enfeksiyon gösterebilmektedir. Yapılan araştırmalara göre yarasalar bir bağışıklık stratejisi olarak, virus kaynaklı patolojiyi kontrol altında tutmak için, virus-toleranslı bir fenotip sergilemektedir (19).

Yarasalarda bulunan en temel immünolojik yollar; B ve T hücreleri, makrofajlar ve sinyal kaskadları hücre popülasyonlarının karşılaştırılmasına olanak vermekte ve diğer memelilerle benzerlik göstermektedir. Yarasa bağışıklık sisteminde konak-konakçı birlikte evrimine verilebilecek en iyi örnek Niemann-Pick C1 (NPC1) proteindir. Bu protein bazı yarasa türlerinde hücrelere filovirus girişi ile ilişkilendirilmiş bir reseptördür ve bünyesindeki pozitif-seçilmiş mutasyonlar nedeniyle yarasa hücreleri viral enfeksiyona daha az duyarlı olacak şekilde evrimleşmişlerdir. Bu birlikte evrim yarasalarda, bağışıklıktan kaçmaya meyilli filovirus enfeksiyonuna karşı bir direnç geliştirmiştir (20). Benzer şekilde, bazı yarasa türlerinde STAT1 geninin temel fosforilasyonu yarasa bağışıklığının her zaman açık olduğu hipotezini desteklemektedir. STAT1, hücrel tepkilerin IFN sinyal yollarına etkisini düzenlediği için, bu aktif fosforilasyonun viral replikasyonu sınırladığı ileri sürülmektedir (21).

Yarasalarda virus türlerinin uzun süre varlığını sürdürmesine yardımcı olan bağışıklık düzenlemesinin evrimi, atalardan kalma viral türlerle yeni ortaya çıkışlar arasında bir bağlantı kurmak için çalışılması gereken bir konudur (19).

2.3. METAGENOMİK VE YÜKSEK VERİMLİ DİZİLEME

Metagenomik, çevresel bir örnekte bulunan farklı organizmalara ait genomlarının doğrudan analizi olarak tanımlanmaktadır. “Metagenomik” terimi ilk defa 1998 yılında yayınlanan bir makalede Jo Handelsman ve arkadaşları tarafından kullanılmıştır ve çevreden alınarak dizilenen gen koleksiyonlarının tek bir genomun analizinde kullanılan tekniklerle analiz edilebileceği ifade edilmiştir (22). 2005 yılında ise Kevin Chen ve Lior Pachter “metagenomik” terimine daha geniş bir tanımlama getirerek mikroorganizmaların bireysel izolasyonuna ve laboratuvarında hücre ekimine ihtiyaç duyulmadan modern genetik tekniğin kullanılabilirliğini belirtmişlerdir (23).

Geleneksel dizileme yöntemleri DNA kaynağı olarak birbirine eş hücrelerin kültürlerini kullanmaktadır. Ancak erken metagenomik çalışmalar, çeşitli ortamlarda kültürlenemeyen ve bu nedenle de dizilenemeyen büyük mikroorganizma gruplarının varlığını açığa çıkarmıştır. Bu erken çalışmalar nispeten kısa, türler arasında korunan ve aynı zamanda değişiklik gösteren 16S ribozomal RNA dizilerine odaklanmıştır. Daha öncesinde tanımlanmış kültürlere ait olmayan 16S rRNA dizilerinin keşfi, henüz izole edilememiş birçok türün varlığını kanıtlamaktadır (24). DNA barkodlama olarak da bilinen bu yöntemle belirli bir gen ya da genlerden alınan kısa DNA parçaları çevresel bir örnekteki türleri tespit etmek için kullanılmaktadır. DNA barkodlamanın en güçlü yönü, bu tür ayırt edici DNA dizilerinin bir referans kitaplığı ile karşılaştırıldığında, ilgili organizmayı türler arasında tamamiyle tanımlamak için sadece tek bir dizinin kullanılabilir olmasıdır (25).

Barkodlama yöntemiyle türleri birbirinden ayırt etmek için farklı organizma türlerine göre farklı gen bölgeleri kullanılmaktadır. Hayvanlar ve bazı protistler için kullanılan en yaygın barkod bölgesi mitokondriyal DNA'da bulunan sitokrom c oksidaz I (COI) geninin bir bölümüdür (26). Mikroorganizmaları ayırt etmek için farklı genler tercih edilmektedir. Örneğin 16S rRNA geni prokaryotların tanımlanmasında yaygın olarak kullanılırken, 18S rRNA geni çoğunlukla mikrobiyal ökaryotların saptanması için kullanılmaktadır (27).

Viral metagenomik, genetik materyalin doğrudan konakçı ya da doğal rezervuar yerine doğrudan çevreden elde edilen viral genetik materyalin incelenmesine dayanmaktadır. Viral türlerin izole edilerek laboratuvarında kültürlenmesi tekniğini elimine ederek viral çeşitliliği ortaya çıkarmaktadır. Evrensel belirteçler olarak kullanılan barkod bölgelerinin eksikliğine rağmen yeni nesil dizileme teknolojilerinin katkısıyla viral çeşitlilik çalışmaları metagenomik olarak ilerleyebilmektedir (7). Shotgun metagenomik dizileme, kültürlenmemiş viral çeşitliliğin incelenmesi için alternatif bir yöntem sunmaktadır. Bu yöntemde çevresel örneklerden nükleik asit izolasyonu gerçekleştirilir ve PZR kullanarak belirli bir lokusu çoğaltmak yerine nükleik asit küçük parçalara bölünür, bu parçalar sonrasında bağımsız olarak dizilenir. Bu işlem, viral olmayanlar da dahil olmak üzere örnekte mevcut olan çeşitli genomik materyalin, genomlarda farklı yerlere hizalanan dizilere (okumalara) bölünmesiyle sonuçlanmaktadır (28). Shotgun metagenomik dizilemede elde edilen okumaların uzunluğu, kullanılan dizileme tekniğine göre 20 ila 1000 baz çifti arasında değişmektedir. Bu okumalar tek uçlu (single ended) ya da eşleştirilmiş uçlu

(paired ended) olabilmektedir. Eşleştirilmiş uçlu okumalar, genellikle tercih edilen dizileme yöntemi 250 ila 500 baz çifti arasında değişen uzun parçalar oluşturduğunda kullanılmaktadır. Eşleştirilmiş uçlu okumalardan elde edilen bu bilgi, çok sayıda kısa okuma kullanılarak orijinal dizilerin yapılandırılmasında kullanılmaktadır. *de novo* yapılandırma, bu kısa okumalardan çoğunlukla de Bruijn grafiği mekanizmasını kullanarak, bir referansa ihtiyaç duymadan bitişik diziler (kontig) oluşturmaktadır (29).

2.4. VİRAL METAGENOMİK ÇALIŞMALARA MOLEKÜLER YAKLAŞIMLAR

Viruslar, konaklarının genomik plastisisinde rol almakla beraber mikrobiyal popülasyon dinamiklerinde de önemli bir yere sahiptir. Bu nedenle viruslar büyük bir çoğunluğu henüz keşfedilmemiş geniş bir genetik çeşitliliği temsil etmektedir. Son yıllarda çevresel virom çalışmaları metagenomik alanındaki gelişmelerle hız kazanmıştır. Özellikle virus çeşitliliği ve bu çeşitliliğin fonksiyonel karakterizasyonuna artan ilgi yeni moleküler tekniklerin geliştirilmesine ve optimizasyonuna yol açmaktadır. Günümüzde virom çalışmaları hücre kültürü prosedürlerinden uzak, *in vitro* olarak metagenomik tabanlı stratejiler kullanılarak gerçekleştirilebilmektedir (30).

Literatürde virom profillemesi üç temel prosedür kullanılarak yapılmaktadır. Bunlar PZR, SISPA ve Tüm Genom Amplifikasyonu'dur.

2.4.1. POLİMERAZ ZİNCİR REAKSİYONU

Konvansiyonel ve ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PZR) prosedürleri bakteri, mantar ve viruslar gibi mikroorganizma gruplarının saptanmasında kullanılan köklü yöntemlerdir. Bu köklü yöntemler yüksek verimli dizileme teknolojisiyle birlikte birçok virusun keşfine olanak sağlamıştır. Diğer canlı gruplarını tespit ederken kullanılan korunmuş bölgelerin eksikliği nedeniyle tüm virusların tespitinde kullanılacak ortak bir evrimsel primer çifti tasarlanamamıştır. Ancak aileye-spesifik primer çiftleri kullanılarak aynı aileye ait farklı cinslerde ve türlerde virusların tespiti polimeraz zincir reaksiyonu prosedürü kullanılarak gerçekleştirilebilmektedir (31).

Koronavirusların (CoV) yarasaları konak olarak kullandıkları bilinmektedir. Antarktika dışındaki tüm kıtalarda yaşayan yarasalarda Alpha-CoV (α -CoV) ve Beta-CoV (β -CoV)

tespit edilmiştir. Son çeyrek asırda ise yarasa koronavirüsleri (BtCoV) potansiyel insan patojeni olarak sınıflandırılmaktadır. Şiddetli akut solunum sendromu koronavirüs-2 (SARS-CoV-2)'nin de COVID-19 pandemisine neden olduğu tespit edilmiştir (32).

Koronavirüsler *Nidovirales* takımında ve *Coronaviridae* ailesi altında sınıflandırılmaktadır. Genomları yaklaşık 26-32 kb uzunluğunda olup tek sarmallı, pozitif-polariteli RNA virüsleridir (33). Özellikle COVID-19 pandemisi sırasında koronavirüslerin saptanması için kullanılan yöntemler optimize edilmiştir. RT-PZR tabanlı bu analizlerde tasarlanan primer-prob setleri SARS-CoV-2'nin farklı bölgelerini hedeflemektedir: orf1(a,b), zarf (E), nükleokapsid (N), spike (S) ve RNA'ya bağımlı RNA polimeraz (Rdrp) dizileri (34).

Nükleik asit tespitine dayalı gerçek zamanlı RT-PZR prosedürü, burun ve boğaz sürüntüsü gibi klinik örneklerde viral RNA'ların tespiti için COVID-19 pandemisinde altın standart olarak kabul edilmiştir (34).

2.4.2. SISPA

Sekans-Bağımsız, Tek Primer Amplifikasyon (SISPA), 1991 yılında Reyes ve Kim tarafından geliştirilen ve viral genomun sadece birkaç adımda zenginleştirilmesine izin veren bir yöntemdir (35). Geliştirilmesinden bu yana SISPA prosedürüne, rastgele-PZR (rPCR) başta olmak üzere birçok farklı modifikasyonlar yapılmıştır. rPZR genel olarak ters transkripsiyonu; denatürasyon, bağlanma ve amplifikasyon aşamalarıyla birleştirir ve bunu yaparken rastgele heksamerleri primerlerin yerine kullanır. Bu aşamanın asıl amacı, klonlama ve dizileme için yeterli çift sarmallı cDNA üretmektir. 2013 yılında DePew ve arkadaşları SISPA protokolünü, 454 ve HiSeq Illumina platformlarını kullanarak klonlamaya ihtiyaç duymadan tek bir plaktan ekilebilir virüsleri tanımlayacak şekilde daha da modifiye etmişlerdir (36).

SISPA prosedüründe izole edilen RNA, 20 nt barkod dizisi K ile etiketlenmiş rastgele oktamerler kullanılarak ters transkripsiyon işlemine tabi tutulur, ilk-iplik cDNA sentezlenir. cDNA'nın dsDNA'ya dönüştürülmesi işlemi ise yine bu işlemde kullanılan rastgele oktamerler ve Klenow enzimi kullanılarak yapılmaktadır. Elde edilen çift iplikli cDNA tek primer, K primeri, kullanılarak rPZR işlemine tabi tutulur ve böylece nükleik asit konsantrasyonu, dizileme işlemine devam edilebilecek seviyeye çıkarılmış olur (37).

2.4.3. TM GENOM AMPLİFİKASYON

Phi29 DNA polimeraz, *Escherichia coli* bakterisinden alınmıř ve saflařtırılmıř bir proteindir ve Phi29 fajında bulunan DNA polimerazı kodlayan genin klonlanmasıyla oluřturulur. Bu spesifik polimerazın kaynađı, *Bacillus subtilis* faj Phi29'dur ve bir DNA sarmalına srekli olarak nkleotit ekleme kabiliyetinin yanı sıra bir DNA sarmalı boyunca hareket etme kabiliyetine sahip olmasıyla da bilinmektedir. Ek olarak, Phi29 DNA polimeraz ayrıca 3'→5' eksonkleaz aktivitesi nedeniyle redaksiyon yeteneđine de sahiptir (38).

Birok genetik alıřmada, arařtırma iin hangi rneklerin kullanılacađına karar vermek iin mevcut DNA miktarı kriter olarak belirlenmektedir. Bununla birlikte, byk poplasyon alıřmalarında rnek semek iin bir kriter olarak DNA verimini kullanmak, yanlı bir seime neden olabilmektedir. Ek olarak, nemli arařtırma veya klinik deđer olan bazı numune koleksiyonlarında yalnızca az miktarda DNA bulunabilir. Geliřtirilen tm genom amplifikasyonu (WGA) yntemleri, DNA miktarının kısıtlı olduđu alıřmaların ilerlemesinde kullanılmaktadır (39).

Bu amplifikasyon yntemleri PZR kullanmaz ve bunun yerine tarafsız tm genom amplifikasyonu iin Phi29 DNA polimeraz ve rastgele hegzamer primerlerine dayanır (38).

2.5. VERİTABANLARI

İnsan Genomu Projesi, insanların referans genom dizisini ve nemli model organizmaların tm dizilerini zme iin geniř lekli, ok disiplinli bir yaklařım kullanarak biyoloji alanını byk lde etkilemiřtir. Bu proje, karmařık hedeflere dođru alıřırken "byk bilim" olarak bilinen, iřbirliki abaların etkinliđinin en iyi rneđini teřkil etmektedir. Bu iddialı proje, yeni teknolojilerin ve analitik araların geliřtirilmesine yol amıř ve mhendislik, bilgisayar bilimi, matematik ve biyoloji gibi eřitli alanlardan uzmanları bir araya getirmiřtir. Ayrıca, projenin sonularını herkes iin eriřilebilir kılan aık veri paylařımı ve aık kaynaklı yazılım yaklařımı, projenin en nemli ıktılarından. İnsan Genomu Projesi ayrıca; mikroorganizmaların, bitkilerin ve hayvanların genom dizileri, mikrobiyoloji, viroloji, bulařıcı hastalık ve bitki biyolojisi dahil olmak zere eřitli bilim alanlarında nemli bir etkiye sahip olmuřtur (40).

National Center for Biotechnology Information (NCBI), Amerika Birleşik Devletleri Ulusal Tıp Kütüphanesi'nin (NLM) bir parçasıdır ve Amerika Birleşik Devletleri Milli Sağlık Enstitüsü'nün (NIH) bir koludur. Hükümet tarafından onaylanmış ve finanse edilmiştir. NCBI, Maryland, Bethesda'da yer almaktadır ve 1988 yılında ABD Kongresi üyesi Claude Pepper tarafından sponsorluk yapılan yasal düzenlemelerle kurulmuştur (41).

NCBI, biyoteknoloji ve biyomedikal alanlarına ilişkin bir dizi veritabanını barındırmaktadır ve bioinformatik araçlar ve hizmetleri için önemli bir kaynaktır. Ana veritabanları arasında DNA dizileri için GenBank ve biyomedikal literatür için bibliyografik veritabanı olan PubMed bulunmaktadır. NCBI veritabanındaki tüm veriler dünyadaki tüm araştırmacılarla paylaşılmaktadır (41).

Uluslararası Virus Taksonomisi Komitesi (ICTV), virusların sistematik olarak sınıflandırılmasını ve adlandırılmasını denetlemekten sorumludur. ICTV tüm virus gruplarını doğru şekilde tanımlamak, etiketlemek ve sınıflandırmak için tutarlı bir taksonomik çerçeve oluşturmaktadır. ICTV son derece bilgili virologlardan oluşmaktadır ve Uluslararası Mikrobiyolojik Topluluklar Birliği'nin Viroloji Bölümü altında faaliyet göstermektedir. Yeni virus kategorilerinin tanımlanması ve türlerin, cinslerin ve familyaların sınırlarının belirlenmesi gibi karmaşık görevler genellikle bu alanda uzmanlaşmış uzman gruplar tarafından yürütülmektedir (42).

2.6. BİYOİNFORMATİK

Genomikteki hızlı büyüme, çok sayıda dizi verisinin ortaya çıkmasına yol açmıştır ancak bundan anlamlı bilgilerin nasıl çıkarılacağına dair bir anlayış eksikliği vardır. Viral verilerin analizi, çok çeşitli viruslar ve mevcut veritabanlarındaki sınırlı miktarda viral çeşitlilik nedeniyle özellikle zordur. Birçok virus taksonu henüz keşfedilmemiş ve sınıflandırılmamıştır. Ek olarak, viruslardaki yüksek evrim oranı ve metagenomik örneklerdeki sınırlı miktarda genetik materyal, bu keşfi ve sınıflandırmayı daha da zorlaştırmaktadır. Yüksek Verimli Dizileme (HTS), virus tespiti için geleneksel teşhis yöntemlerine göre birçok avantajı olan güçlü ve tarafsız bir teknolojidir. HTS tabanlı araştırma yöntemleri, viral çeşitlilik anlayışımızı artırmaya yardımcı olmaktadır (43).

HTS'de mikrobiyom verilerinin analizi için birbirlerinden farklı yaklaşımları barındıran biyoinformatik iş akışları ve stratejileri vardır. VirusSeeker (44), Metavir (45) ya da LazyPipe (46) gibi geliştirilen iş akışları virom kompozisyon analizlerinde kullanılır ve bir örnekte bulunan virus türlerini ve görece bolluğunu araştırırken, MG-RAST (47) ve benzeri iş akışları bakteriyel kompozisyon analizleri için tasarlanmıştır ve bilinen tüm taksonlar için kompozisyon yapabilme kapasitesine sahiptir. Virus keşfi için ise MetaPhlan2 (48) ya da Centrifuge (49) gibi biyoinformatik iş akışları geliştirilmiştir. Tüm bu örnek verilen biyoinformatik iş akışları, yerel bir referans dizi veritabanına karşı nükleotid ve aminoasit homoloji araştırmasına dayanmaktadır.

Geneious Prime, Biomatters şirketi tarafından geliştirilmiş ve moleküler biyoloji ve genomik araştırmaları için tasarlanmış bir biyoinformatik yazılım platformudur. Geneious Prime, moleküler biyoloji ve genomik alanındaki araştırmacılara biyolojik verileri analiz etme, yönetme ve görselleştirme konusunda yardımcı olacak kapsamlı bir araç ve özellikler seti sağlamaktadır. Kullanıcılara nükleotid dizi hizalama, anotasyon, primer tasarımı ve BLAST aramaları gibi çeşitli dizi analizlerini gerçekleştirme imkanı sunmakla beraber Yüksek Verimli Dizileme verilerinin işlenmesi, filogenetik ağaç oluşturulması, proteinlerin moleküler modellenmesi için gereken bioinformatik araçları bir akış halinde, kullanıcı-odaklı arayüzüyle kolaylık sağlamaktadır (50).

3. GEREKÇE VE AMAÇ

Viruslar doğada oldukça yaygın olarak bulunmakta ve viral patojenlerin ortaya çıkışı, insan sağlığı için önemli bir endişe haline gelmektedir. Bununla birlikte, bu patojenlerle başa çıkma yaklaşımları çoğunlukla reaktif olmuştur, yani yeni bir patojen, halihazırda önemli bir salgına neden olana kadar tipik olarak tanımlanmamaktadır. PZR, immünolojik tahliller ve pan-viral mikrodiziler gibi mevcut teşhis yöntemlerinin yeni virusları tanımlamada sınırlamaları vardır. Bu durumda çevremizdeki viral çeşitliliği ortaya çıkarmak, insan sağlığı üzerindeki etkilerini anlamak için çok önemlidir. Viral nükleik asidin saflaştırılmasını ve dizilenmesini içeren bir süreç olan viral metagenomik, viral çeşitliliği anlamada ve hastalıklarda yeni virusları tanımlamada faydalı olmakta, tıp ve veterinerlikte önemli bir araç olarak kabul edilmektedir. Dizileme teknolojisindeki ilerlemeler ve biyoinformatik araçların gelişmesiyle viral metagenomik yoluyla, yeni viruslar hakkındaki bilgiler ve çevremizdeki virusların çeşitliliği, viral metagenomik yoluyla hızla artmaktadır.

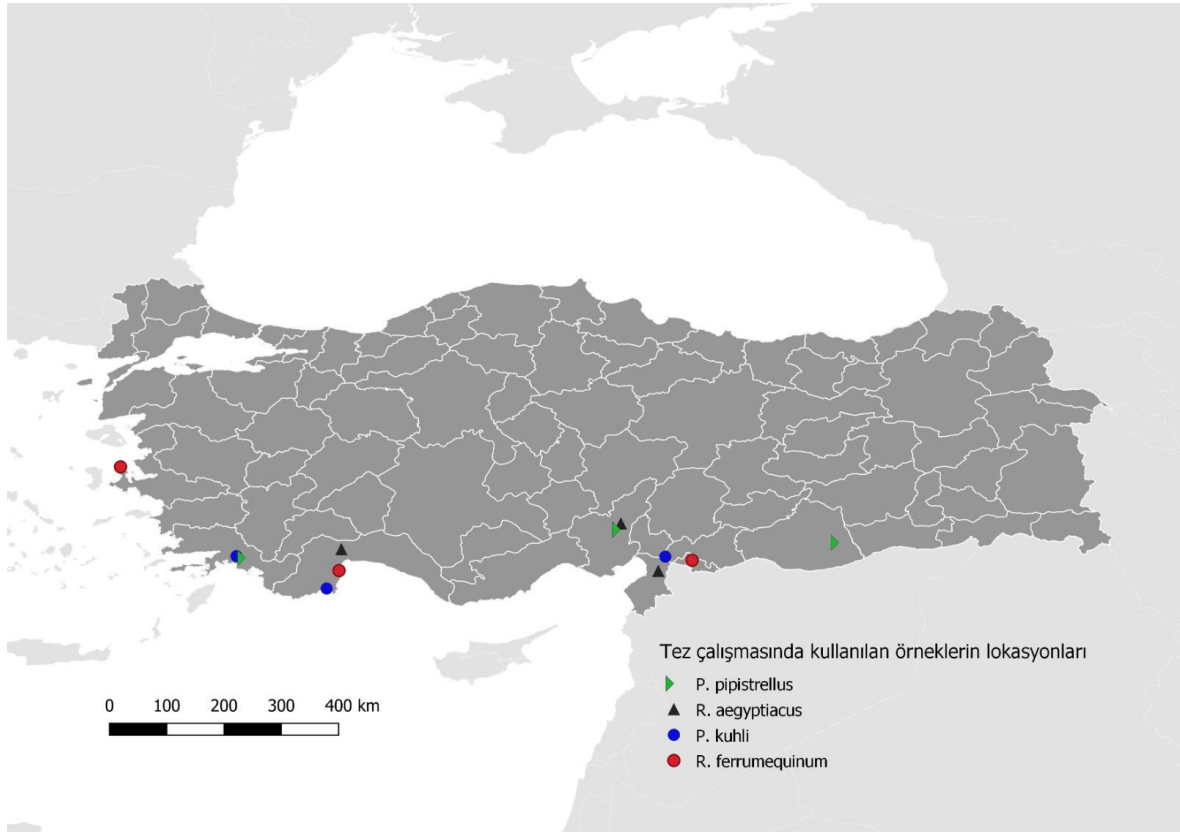
Yarasalar, evrimsel süreçleri ve metabolizmaları gereği birçok viral patojene ev sahipliği yapmakta, konaklama yerleri bakımından da insanlarla ve diğer hayvanlarla sosyal bir iletişim kurmaktadır. İnsanla ilişkisi muhtemel yarasa türlerindeki viral çeşitliliği ortaya çıkarmak, potansiyel virus taşıyıcılığının ortaya konulması ve olası yayılımının önüne geçilmesi açısından önemlidir.

Bu tez çalışmasında, TÜBİTAK tarafından desteklenen 120O565 numaralı ve “Türkiye’de İnsan İlişkisi Muhtemel Yarasa Türlerinde Virom Profiline Araştırılması” başlıklı 1001 projesi kapsamında tüm Türkiye’den toplanmış olan yarasa örnekleri arasından Ege, Akdeniz ve Doğu Anadolu Bölgelerini temsil eden lokasyonlardan havuzlanmış örnekler seçilmiş, nükleik asitleri izole edilmiş, nükleik asitleri zenginleştirilmiş, dizilenmiş ve en kapsamlı ve belirli viral çeşitlilik verisinin elde edilmesi için biyoinformatik iş akışı optimize edilmiştir.

4. MATERYAL VE YÖNTEM

4.1. MATERYAL

Bu tez çalışmasında 1200565 numaralı proje kapsamında Türkiye genelinde insanla temas olasılığı yüksek *Rousettus aegyptiacus*, *Rhinolophus ferrumequinum*, *Pipistrellus pipistrellus* ve *Pipistrellus kuhlii* yarası türlerinden Ege, Akdeniz ve Doğu Anadolu Bölgelerini temsilen seçilmiş yarası orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örneği havuzları kullanılmıştır. Havuzlarda kullanılmak üzere toplanan örneklerin lokasyonları Şekil 4.1.'de ve örnek bilgileri Çizelge 4.1.'de verilmiştir.



Şekil 4.1. Tez çalışmasında kullanılan örneklerin lokasyonları

Çizelge 4.1. Tez çalışmasında kullanılan örnek bilgileri

Yarasa Türü	Havuzlardaki Birey Sayısı	İstasyon	Temsil Edilen Coğrafi Bölge	Örnek Türü	Örnek Numarası
<i>R. aegyptiacus</i>	7	Hatay, Hassa Demrek, Dipsiz İn Mağarası	Doğu Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	RA1.1
	7			Rektal Sürüntü	RA1.2
<i>P. kuhlii</i>	8	Gaziantep, Islahiye Boğaziçi Mahallesi	Doğu Anadolu	Orofarengeal Sürüntü	PK1.1
	8			Rektal Sürüntü	PK1.2
	8			Dışkı	PK1.3
<i>R. ferrumequinum</i>	2	Kilis, Polateli Belenözü, Ravanda Kalesi	Doğu Anadolu	Orofarengeal Sürüntü	RF1.1
	2			Rektal Sürüntü	RF1.2
	2			Dışkı	RF1.3
<i>P. pipistrellus</i>	5	Şanlıurfa, Viranşehir Aslanbaba Köyü	Doğu Anadolu	Orofarengeal Sürüntü	PP1.1
	5			Rektal Sürüntü	PP1.2
	5			Dışkı	PP1.3
<i>R. aegyptiacus</i>	3	Adana, Kozan Bağözü Köyü, Kodaz Mağarası	Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	RA2.1
	3			Rektal Sürüntü	RA2.2
<i>P. kuhlii</i>	8	Antalya Kumluca	Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	PK2.1
	8			Rektal Sürüntü	PK2.2
	8			Dışkı	PK2.3
<i>R. ferrumequinum</i>	1	Antalya Göynük Kanyonu	Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	RF2.1
	1			Rektal Sürüntü	RF2.2
	1			Dışkı	RF2.3
<i>P. pipistrellus</i>	8	Adana Kozan, Turunçlu Köyü	Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	PP2.1
	8			Rektal Sürüntü	PP2.2
	8			Dışkı	PP2.3
<i>R. aegyptiacus</i>	10	Antalya Karain Mağarası	Batı Akdeniz	Orofarengeal Sürüntü	RA3.1
	10			Rektal Sürüntü	RA3.2
<i>P. kuhlii</i>	9	Muğla, Köyceğiz Hamitköy Nusret Akbaş İlköğretim Okulu çatısı	Ege	Orofarengeal Sürüntü	PK3.1
	9			Rektal Sürüntü	PK3.2
	9			Dışkı	PK3.3
<i>R. ferrumequinum</i>	2	İzmir, Karaburun Peynirini Mağarası	Ege	Orofarengeal Sürüntü	RF3.1
	2			Rektal Sürüntü	RF3.2
	2			Dışkı	RF3.3
<i>P. pipistrellus</i>	4	Muğla, Köyceğiz Yuvarlakçay kenarı	Ege	Orofarengeal Sürüntü	PP3.1
	4			Rektal Sürüntü	PP3.2
	4			Dışkı	PP3.3

4.2. YÖNTEM

4.2.1. NÜKLEİK ASİT İZOLASYONU

Nükleik asit izolasyonunun verimini optimize etmek için seçilen RF3.2 numaralı *R. ferrumequinum* rektal sürüntü havuzu deneme örneği olarak seçilmiş olup 3 farklı kit ile izolasyona tabi tutulmuştur. RF3.2 numaralı nükleik asidin bir kısmı tüm genom

amplifikasyonuna tabi tutulmadan direkt kütüphane hazırlığına dahil edilmiş, diğer kısmı ise WGA sonrası kütüphane hazırlığına dahil edilmiştir. Bu optimizasyona dahil edilen örnekler Çizelge 4.2.'de verilmiştir.

Çizelge 4.2. Kit optimizasyonuna dahil edilen örnekler

Örnek Adı	Kullanılan İzolasyon Kiti	Tüm Genom Amplifikasyon
Z-RF3.2	Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead	Dahil edilmedi
Z-RF3.2-WGA	Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead	Dahil edildi
Q-RF3.2	Qiagen QIAamp Viral RNA	Dahil edilmedi
Q-RF3.2-WGA	Qiagen QIAamp Viral RNA	Dahil edildi
MN-RF3.2	MN (MACHEREY-NAGEL) Viral DNA ve RNA	Dahil edilmedi
MN-RF3.2-WGA	MN (MACHEREY-NAGEL) Viral DNA ve RNA	Dahil edildi

4.2.1.1. Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead kiti ile nükleik asit izolasyonu

Protokol:

- 1) Havuz edilen örneklerden 400 µL alınıp plate'e konulur.
- 2) 4 µL Proteinaz K eklenir. Pipetaj yapılır.
- 3) 800 µL Viral DNA/RNA Buffer eklenir. Pipetaj yapılır.
- 4) 20 µL manyetik boncuklar (MagBinding Beads) eklenir, vortekslenir, plate'in üstü seal ile kapatılır ve 30 dakika karıştırılarak oda sıcaklığında inkübe edilir.
- 5) Plate manyetik standı alınır ve manyetik boncukların çökmesi için 1 dakika bekletilir.
- 6) Süpernatant uzaklaştırılır. 500 µL Wash I tamponu eklenir, pipetaj yapılır, plate tekrar manyetik standı alınır ve 1 dakika bekletilir.
- 7) Süpernatant uzaklaştırılır. 500 µL Wash II tamponu eklenir, pipetaj yapılır, plate tekrar manyetik standı alınır ve 1 dakika bekletilir.

- 8) Süpernatant uzaklaştırılır. 500 µL mutlak etanol eklenir, pipetaj yapılır, plate tekrar manyetik standda alınır ve 1 dakika bekletilir.
- 9) Süpernatant uzaklaştırılır. 500 µL mutlak etanol eklenir, pipetaj yapılır. Manyetik boncuklar ve tampon hepsi birlikte yeni kuyulara alınır. Plate manyetik standda alınır ve 1 dakika bekletilir.
- 10) Süpernatant uzaklaştırılır. Plate 55°C etüvde 15 dakika kurumaya bırakılır.
- 11) 50 µL DNaz/RNaz-ari su eklenir, pipetaj yapılır. Plate manyetik stand üzerine alınır ve 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edilir.
- 12) Elüte edilen nükleik asitler yeni bir tüpe aktarılır.

Elüte edilen örneklerin nükleik asit konsantrasyonları Invitrogen™ Qubit™ 3 Fluorometer cihazı kullanılarak ölçülmüştür.

4.2.1.2. Qiagen QIAamp Viral RNA mini kit ile nükleik asit izolasyonu

Protokol:

- 1) 560 µL AVL tamponu ve carrier RNA karışımı 1,5 mL'lik eppendorf tüplere eklenir.
- 2) 140 µL örnek alınarak AVL tamponu ve carrier RNA bulunan eppendorf tüplere pipetlenir. 15 saniye vorteks uygulanır.
- 3) Tüpler 10 dakika oda sıcaklığında inkübasyona bırakılır.
- 4) 560 µL %96 etanol tüplere eklenir ve 15 saniye vorteks uygulanır.
- 5) 630 µL karışım kolonlara aktarılır ve 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilir.
- 6) Kolon altındaki atık tüpü boşaltılır ve 500 µL AW1 tamponu kolonlara aktarılır, 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj edilir.
- 7) Kolon altındaki atık tüpü boşaltılır ve 500 µL AW2 tamponu kolonlara aktarılır, 14000 rpm'de 3 dakika santrifüj edilir.
- 8) Kolonlar yeni eppendorf tüplere aktarılır ve 60 µL AVE tamponu eklenir, tüpler oda sıcaklığında 1 dakika inkübasyona bırakılır.
- 9) 8000 rpm'de 1 dakika santrifüj uygulanır.

Elüte edilen örneklerin nükleik asit konsantrasyonları Invitrogen™ Qubit™ 3 Fluorometer cihazı kullanılarak ölçülmüştür.

4.2.1.3. MN (MACHEREY-NAGEL) Viral DNA ve RNA kiti ile nükleik asit izolasyonu

Protokol:

- 1) 5 µL sıvı Proteinaz K 1.5 mL'lik toplama tüpüne eklenir.
- 2) Üzerine 200 µL örnek eklenerek karıştırılır.
- 3) Üzerine 200 µL Lizis Buffer VL eklenir ve 10-15 saniye vortekslenir.
- 4) Üzerine 5,6 µL Carrier RNA stok solüsyonundan (1µg/ µL) eklenir ve karıştırılır.
- 5) Oda ısısında 3 dakika inkübe edilir.
- 6) Üzerine 200 µL etanol (%96-100) eklenir ve 10-15 saniye vortekslenir.
- 7) Oda ısısında 5 dakika inkübe edilir.
- 8) 610 µL lizat nükleospin virus kolonuna yüklenir ve 3 dakika 4000*g'de santrifüj edilir.
- 9) Nükleospin virus kolonu yeni bir toplama tüpüne alınır ve üzerine 400 µL Wash Buffer VW1 eklenir.
- 10) 30 saniye 11000*g'de santrifüj edilir.
- 11) Nükleospin virus kolonu yeni bir toplama tüpüne alınır ve üzerine 400 µL Wash Buffer VW2 eklenir.
- 12) 30 saniye 11000*g'de santrifüj edilir.
- 13) Nükleospin virus kolonu yeni bir toplama tüpüne alınır ve üzerine 200 µL Wash Buffer VW2 eklenir.
- 14) 5 dakika 20000*g'de santrifüj edilir.
- 15) Nükleospin virus kolonu yeni bir toplama tüpüne alınır ve 5 dakika 56°C'de inkübe edilir.
- 16) 30 µL DNaz/RNaz-ari su (daha önceden 70 °C'ye ısıtılmış) eklenir.
- 17) Oda ısısında 3 dakika inkübe edilir.
- 18) 3 dakika 20000*g'de santrifüj edilir.

Elüte edilen örneklerin nükleik asit konsantrasyonları Invitrogen™ Qubit™ 3 Fluorometer cihazı kullanılarak ölçülmüştür.

Çizelge 4.1.'de verilen örnek listesinde geri kalan örneklerin hepsi 4.2.1.1.'de verilen protokole uygun olarak Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead kiti kullanılarak nükleik asit izolasyonuna tabi tutulmuştur.

4.2.2. TÛM GENOM AMPLİFİKASYON

Viral nükleik asit izolasyonu sonrası tüm örneklerin DNA ve RNA konsantrasyonları Qubit dsDNA HS Assay Kit ve Qubit RNA HS Assay Kit kullanılarak Invitrogen™ Qubit™ 3 Fluorometer cihazında ölçülmüştür.

Üreticinin ölçüm protokolü her iki kit için aynıdır ve aslen uygulanmıştır, protokol aşağıdaki gibidir:

- 1) Standart 1, Standart 2 ve her bir örnek için bir adet 0,5 ml'lik boş PZR tüpleri hazırlanır.
- 2) Qubit Working Solution, standartlar da dahil olmak üzere, her bir örnek için 1 µL Qubit Reagent'ın 199 µL Qubit Buffer seyreltilerek hazırlanır.
- 3) Standart 1 ve Standart 2 için hazırlanan PZR tüplerine 190 µL, örnekler için hazırlanan tüplere ise 198 µL Working Solution eklenir.
- 4) Hazırlanan standart tüplerine 10 µL Standart 1 ve 2 solüsyonu ayrı ayrı eklenir.
- 5) Hazırlanan örnek tüplerine 2 µL nükleik asit eklenir.
- 6) Bütün tüpler 2-3 saniye vortekslenir.
- 7) Tüpler oda sıcaklığında 2 dakika inkübasyona bırakılır.
- 8) Örnekler analiz edilir.

Tüm genom amplifikasyonu TaKaRa PicoPLEX® Single Cell WGA Kit (Katalog numarası: R300671) kullanılarak yapılmıştır.

Protokol:

Tüm karışımlar buz üzerinde hazırlanır.

- 1) 15-60 pikogram (pg)/ µL DNA örnekleri hücre ekstraksiyon tamponu (cell extraction buffer) ile 5 µL'ye tamamlanır.

- 2) Örnek başına 4,8 µL ekstraksiyon enzim dilüsyon tamponu (extraction enzyme dilution buffer) ve 0,2 µL hücre ekstraksiyon enziminden (cell extraction enzyme) oluşan lizis tamponu (lysis buffer) hazırlanır.
- 3) 2,5 µL PBS/TE ve 2,5 µL hücre ekstraksiyon tamponu ile negatif kontrol hazırlanır.
- 4) Örnekler ve negatif kontrol üzerine 5 µL lizis tamponu eklenir.
- 5) Çizelge 4.3.'deki koşullarda Lizis PZR kurulur.

Çizelge 4.3. Lizis PZR ısısal döngü cihazı koşulları

Isı (°C)	Süre	Döngü sayısı
75°C	10 dakika	1
95°C	4 dakika	1
22°C	∞	

- 6) 4,8 µL pre-amplifikasyon w tamponu (pre-amp w buffer) ve 0,2 µL pre-amplifikasyon w enzimi (pre-amp w enzyme) ile pre-amplifikasyon karışımı hazırlanır.
- 7) Isısal döngü cihazından alınan örnekler ve negatif kontrol üzerine 5 µL pre-amplifikasyon karışımı eklenir.
- 8) Çizelge 4.4.'deki koşullarda Pre-amplifikasyon PZR kurulur.

Çizelge 4.4. Pre-amplifikasyon PZR ısısal döngü cihazı koşulları

Isı (°C)	Süre	Döngü sayısı
95°C	2 dakika	1
95°C	15 saniye	12
15°C	50 saniye	
25°C	40 saniye	
35°C	30 saniye	
65°C	40 saniye	
75°C	40 saniye	
4°C	∞	

- 9) 25 µL amplifikasyon tamponu (amplification buffer), 0,8 µL amplifikasyon enzimi (amplification enzyme) ve 34,2 µL su ile amplifikasyon karışımı hazırlanır.
- 10) Isısal döngü cihazından alınan örnekler ve negatif kontrol üzerine 60 µL pre-amplifikasyon karışımı eklenir.
- 11) Çizelge 4.5.'teki koşullarda Amplifikasyon PZR kurulur.

Çizelge 4.5. Amplifikasyon PZR ısısal döngü cihazı koşulları

Isı (°C)	Süre	Döngü sayısı
95°C	2 dakika	1
95°C	15 saniye	14
65°C	1 dakika	
75°C	1 dakika	
4°C	∞	

Elüte edilen örneklerin nükleik asit konsantrasyonları Invitrogen™ Qubit™ 3 Fluorometer cihazı kullanılarak ölçülmüştür.

4.2.3. DİZİLEME

Dizileme kütüphaneleri Illumina DNA Prep kit kullanılarak (Referans: 20049006) hazırlanmıştır.

Tüm prosedür toplam 4 protokolden oluşmaktadır.

Protokol 1 Tagment Genomic DNA

- 1) Örnek başına 10 µL Bead-Linked Transposomes (BLT) ve 10 µL Tagmentation Buffer 1 (TB1) ile Tagmentation Master Mix hazırlanır.
- 2) 30 µL son hacim olarak ayarlanan örneklere Tagmentation Master Mix eklenir.
- 3) 10 defa pipetleme yapılarak karıştırılır. Örnekler seal ile kapatılır.
- 4) Örnekler thermal cycler cihazında TAG programına konur.

Çizelge 4.6. TAG Protokolü

55°C	15 dk
10°C	∞

Protokol 2 Post Tagmentation Cleanup

- 1) Her bir örneğe 10 µL Tagment Stop Buffer (TSB) eklenir.
- 2) 10 defa pipetleme yapılarak karıştırılır. Örnekler seal ile kapatılır.
- 3) Örnekler thermal cycler cihazında PTC programına konur.

Çizelge 4.7. PTC Protokolü

37°C	15 dk
10°C	∞

- 4) Örnekler manyetik stant üstüne alınır ve 3 dk beklenir.
- 5) Supernatant uzaklaştırılır.
- 6) Örnekler stanttan kaldırılır ve her bir örneğe 100 µL Tagment Wash Buffer (TWB) eklenir, pipetleme yapılır.
- 7) Örnekler manyetik stant üstüne alınır ve 3 dk beklenir.
- 8) Supernatant uzaklaştırılır.
- 9) 6, 7 ve 8. adımlar tekrar edilir.
- 10) Her bir örneğe 100 µL TWB eklenir, pipetleme yapılır, plate üstü seal ile kapatılır ve plate manyetik standda yerleştirilir.

Protokol 3 Amplify Tagmented DNA

- 1) Örnek başına 20 µL Enhanced PCR Mix (EPM) ve 20 µL steril sudan oluşan PCR Master Mix hazırlanır.
- 2) Plate manyetik stant üzerindeyken supernatant uzaklaştırılır.
- 3) Örnekler manyetik stanttan kaldırılır ve her bir örneğe 40 µL PCR Master Mix eklenir, pipetleme yapılır.
- 4) Plate'in üzeri seal ile kapatılır ve 280*g'de 30 saniye santrifüj uygulanır.

- 5) Her bir örneğe 96-plex index plate'inden 10 µL pre-paired i7 and i5 index adaptörler eklenir.
- 6) 10 defa pipetleme yapılır. Plate seal ile kapatılır.
- 7) Örnekler thermal cycler cihazında BLT PCR programına konur.

Çizelge 4.8. BLT Protokolü

68°C	3 dk	5 Döngü
98°C	3 dk	
98°C	45 sn	
62°C	30 sn	
68°C	2 dk	
68°C	1 dk	
10°C	∞	

Protokol 4 Clean Up Libraries

- 1) Plate'e 280*g'de 1 dakika santrifüj uygulanır.
- 2) Plate manyetik standı yerleştirilir ve 5 dk beklenir.
- 3) Her bir örnekten 45 µL supernatant alınır ve yeni bir plate'e aktarılır.
- 4) Her bir örneğe 40 µL steril su eklenir ve pipetleme yapılır.
- 5) Her bir örneğe 45 µL Sample Purification Beads (SPB) eklenir ve 10 defa pipetleme yapılır.
- 6) Plate'in üzeri seal ile kapatılır ve 5 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılır.
- 7) Plate manyetik standı alınır ve 5 dk bekletilir.
- 8) Yeni bir plate'e her bir örnek için 15 µL SPB eklenir.
- 9) Her bir örnekten 125 µL supernatant alınarak önceden SPB eklenmiş plate'e aktarılır ve 10 defa pipetleme yapılır.
- 10) Örnekler 5 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılır.
- 11) Plate manyetik standı yerleştirilir ve 5 dk bekletilir.
- 12) Supernatant uzaklaştırılır.

- 13) Plate manyetik stant üzerindeyken 200 µL yeni hazırlanmış %80 EtOH her bir örneğe eklenir.
- 14) Plate 30 saniye oda sıcaklığında inkübe edilir.
- 15) Supernatant uzaklaştırılır. 13, 14 ve 15. adımlar tekrarlanır.
- 16) Bead'ler manyetik stant üzerinde 5 dk kurumaya bırakılır.
- 17) Plate manyetik stanttan uzaklaştırılır ve her bir örneğe 32 µL Resuspension Buffer (RSB) eklenir, pipetleme yapılır.
- 18) Plate 2 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılır.
- 19) Plate manyetik standda yerleştirilir ve 2 dk beklenir.
- 20) Her bir örnekten 30 µL supernatant yeni PZR plate'lerine aktarılır.
- 21) Örnekler dizilemeye kadar -25°C'de saklanır.

4.2.4. KALİTE KONTROL

Kütüphanesi hazırlanan örneklerin kalite kontrolü Agilent 2100 Bioanalyzer cihazında, yine bu cihaz için özel geliştirilmiş DNA çipleri kullanılarak yapılmıştır.

- 1) Gel-dye mix kullanımdan 30 dakika önce oda sıcaklığına alınır.
- 2) Çip hazırlama istasyonuna yeni bir DNA çipi yerleştirilir.
- 3) Jel için ayrılan kuyuya 9 µL gel-dye mix pipetlenir.
- 4) Pistonun 1 ml'de konumlandırıldığından emin olduktan sonra çip hazırlama istasyonu kapatılır.
- 5) Klips tarafından tutulana kadar pistonu basılır.
- 6) 60 saniye beklendikten sonra klips serbest bırakılır.
- 7) 5 saniye beklenir ve ardından piston tekrar 1 ml seviyesine çekilir.
- 8) Çip hazırlama istasyonu açılır ve 9 µL gel-dye mix jel için ayrılan kuyuya pipetlenir.
- 9) Ladder kuyucuğu da dahil olmak üzere bütün kuyucuklara 5 ul marker pipetlenir.
- 10) Kütüphane hazırlığı sonrası elde edilen ve rastgele seçilen örneklerden 1 µL DNA ilgili kuyucuklara ayrı ayrı pipetlenir.
- 11) Ladder için ayrılan kuyucuğa 1 µL ladder pipetlenir.
- 12) Çip adaptöre yatay olarak yerleştirilir ve 2400 rpm'de 1 dakika vortekslenir.
- 13) Çip Agilent 2100 Bioanalyzer cihazında çalıştırılır.

Z-RF3.2, Z-RF3.2-WGA, Q-RF3.2, Q-RF3.2-WGA, MN-RF3.2 ve MN-RF3.2-WGA örnekleri Illumina iSeq 100 platformunda 250.000 okuma sayısı istenerek dizilenirken Çizelge 4.1.'de belirtilen diğer örnekler Illumina NovaSeq 6000 platformunda 1 milyon okuma sayısı istenerek 2x150 uzunlukta dizilenmiştir.

4.2.5. BİYOİNFORMATİK

Illumina iSeq 100 ve Illumina NovaSeq 6000 platformlarında dizilenen örneklerin ileri ve geri okumalarıyla elde edilen “fast.q” dosyası çıktıları, UNIX/LINUX tabanlı işletim sistemi arayüzünde FASTQC programı kullanılarak kalite kontrolüne tabi tutulmuştur.

Her bir örneğe ait olan fast.q uzantılı ileri ve geri okuma çıktıları, Geneious Prime platformunda “paired end” opsiyonu seçilerek birleştirilmiş ve sonrasında *de novo* assembly'e tabi tutulmuştur. Bu aşamada dizilemede elde edilen okumalar kontiglere ve sonrasında da konsensus dizilere dönüştürülmüştür. Elde edilen consensus diziler NCBI Virus veritabanında maksimum çıktıların E-değeri 0.05 olacak şekilde megablast'a tabi tutulmuştur. Yarasa türleri bazında örnek tiplerine ve coğrafi bölgelere göre Shannon Endeksi ve Simpson Endeksi analizleri R programlama dilinde “tidyverse” ve “vegan” paketleri kullanılarak yapılmıştır.

5. ARAŞTIRMA BULGULARI

5.1. QUBIT ÖLÇÜM SONUÇLARI

Çizelge 4.1.'de listesi verilen örneklerin tüm genom amplifikasyon işlemi öncesi Qubit ölçüm sonuçları Çizelge 5.1.'de ve tüm genom amplifikasyon işlemi sonrası ölçüm sonuçları Çizelge 5.2.'de verilmektedir.

Çizelge 5.1. Tüm genom amplifikasyon öncesi RF3.2 numaralı örneğin Qubit ölçümleri

Örnek Adı	DNA Konsantrasyonu (ng/ µL)	RNA Konsantrasyonu (ng/ µL)
Z-RF3.2	0,42	5,43
Q-RF3.2	4,32	3,98
MN-RF3.2	4,53	6,62

Çizelge 5.2. Tüm genom amplifikasyon sonrası RF3.2 numaralı örneğin Qubit ölçümleri

Örnek Adı	DNA Konsantrasyonu (ng/ µL)
Z-RF3.2-WGA	20,6
Q-RF3.2-WGA	33,9
MN-RF3.2-WGA	43,6

Çizelge 4.1.'de verilen örneklerin tüm genom amplifikasyon öncesi ve sonrası Qubit ölçüm sonuçları Çizelge 5.3.'de verilmektedir.

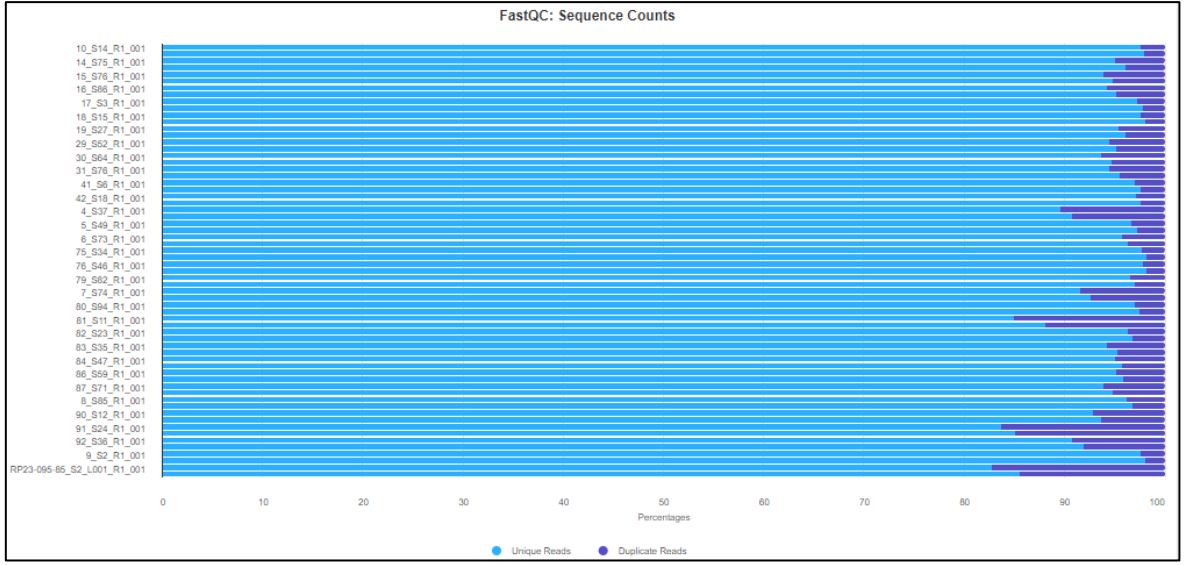
Çizelge 5.3. Tez örneklerinin tüm genom amplifikasyon öncesi ve sonrası Qubit ölçümleri

Örnek Numarası	WGA öncesi DNA Konsantrasyonu (ng/ µL)	WGA öncesi RNA Konsantrasyonu (ng/ µL)	WGA sonrası DNA Konsantrasyonu (ng/ µL)
RA1.1	2,32	7,18	3,08
RA1.2	5,16	15,1	52
PP2.1	0,259	aralık dışı	61,8
PP2.2	0,091	aralık dışı	4,63
PP2.3	2,88	aralık dışı	45,91
RA2.1	2,01	5,03	53,91
RA2.2	0,388	aralık dışı	60,46
PK1.1	2,62	11,2	57,12
PK1.2	2,76	8,08	49,21
PK1.3	3,18	2,1	41,45
RF1.2	1,5	2,2	46,3
RF1.2	8,14	11,3	49,57
RF1.3	6,4	2,4	48,16
PP1.1	1,75	5,18	47,75
PP1.2	2,29	7,28	54,2
PP1.3	4,08	aralık dışı	48,9
RF3.1	0,37	aralık dışı	51,91
RF3.3	5,49	aralık dışı	55,29
RA3.1	1,6	2,4	62,82

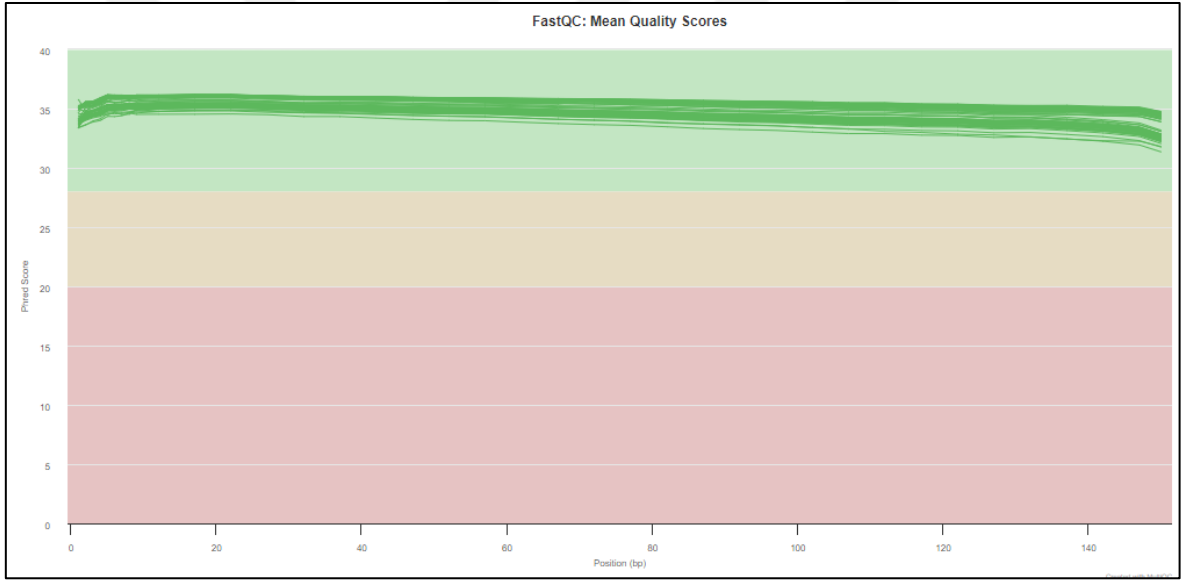
RA3.2	1,14	4,3	65,5
RF2.1	1,29	3,2	47,11
RF2.2	1,93	aralık dışı	47
RF2.3	7,92	12,2	41,31
PK2.1	5,05	aralık dışı	63,29
PK2.2	0,295	aralık dışı	51,47
PK2.3	2,28	5,82	36,5
PK3.1	3,21	4,09	58,29
PK3.2	2,01	9,7	49,5
PK3.3	1,55	7,31	57,64
PP3.1	2,47	7,13	31,03
PP3.2	3,56	5,77	56,81
PP3.3	2,95	11,9	63,5

5.2. FASTQC KALİTE KONTROL ANALİZİ SONUÇLARI

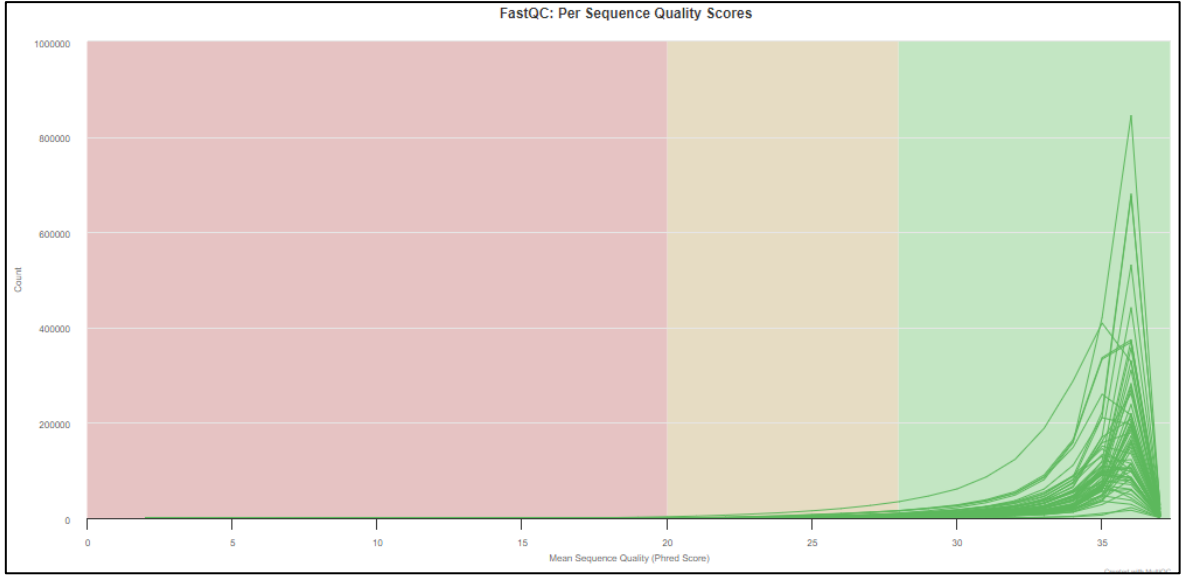
Çizelge 4.1.'de verilen örneklerin FASTQC analiz sonuçları Şekil 5.1., Şekil 5.2. ve Şekil 5.3.'de verilmektedir. Şekil 5.1.'de özgün okumaların yüzdesi turkuaz renkte gösterilirken, tekrarlı okumalar lacivert ile gösterilmektedir. Şekil 5.2.'te tüm örneklerde her bir bazın konumu için Phred skor değeri 30'un üzerinde görülmektedir. Şekil 5.3.'de ise ortalama dizi kalitesinin okuma sayısı ile oranı gösterilmektedir.



Şekil 5.1. Her örnek için dizi sayısı



Şekil 5.2. Okumadaki her bir bazın konumlarındaki ortalama kalite değeri



Şekil 5.3. Ortalama kalite puanına sahip okuma sayısı

5.3. BİYİNFORMATİK ANALİZ SONUÇLARI

Nükleik asit izolasyon kiti optimizasyonuna tabi tutulan ve alternatif tüm genom amplifikasyon uygulanan Z-RF3.2, Z-RF3.2-WGA, Q-RF3.2, Q-RF3.2-WGA, MN-RF3.2 ve MN-RF3.2-WGA numaralı örneklerden elde edilen Geneious eşleşmeleri, bu tez konusuna dahil edilen ve Çizelge 4.1.'de listelenen örneklerin Geneious eşleşmeleri ile birlikte Ek'te verilmektedir. Optimizasyona dahil edilen örneklere ait *de novo* yapılandırma analiz sonuçları Çizelge 5.4.'te ve tez çalışmasına dahil edilen örneklere ait *de novo* yapılandırma analiz sonuçları Çizelge 5.5.'te verilmiştir. Örneklerin biyoinformatik analizleri sonrası eşleşme alınan kontig dizileri NCBI Taxonomy Browser ve ICTV kullanılarak aile düzeyinde sınıflandırılmıştır.

Çizelge 5.4. Optimizasyona dahil edilen örneklerin *de novo* yapılandırma analizi

Örnek Adı	Toplam Okuma Sayısı	<i>de novo</i> Yapılandırmada Kullanılan Okuma Sayısı	Toplam Kontig Sayısı	1000 bç'den Uzun Kontig Sayısı
Z-RF3.2	1.434.236	563.305	146.495	8.072
Z-RF3.2-WGA	820.276	473.934	112.973	8.195
Q-RF3.2	817.094	464.933	117.316	8.273
Q-RF3.2-WGA	589.580	302.814	74.037	4.642
MN-RF3.2	217.918	106.031	31.251	1.134
MN-RF3.2-WGA	574.564	291.023	74.787	3.638

Çizelge 5.5. Tez çalışmasına dahil edilen örneklerin *de novo* yapılandırma analizi

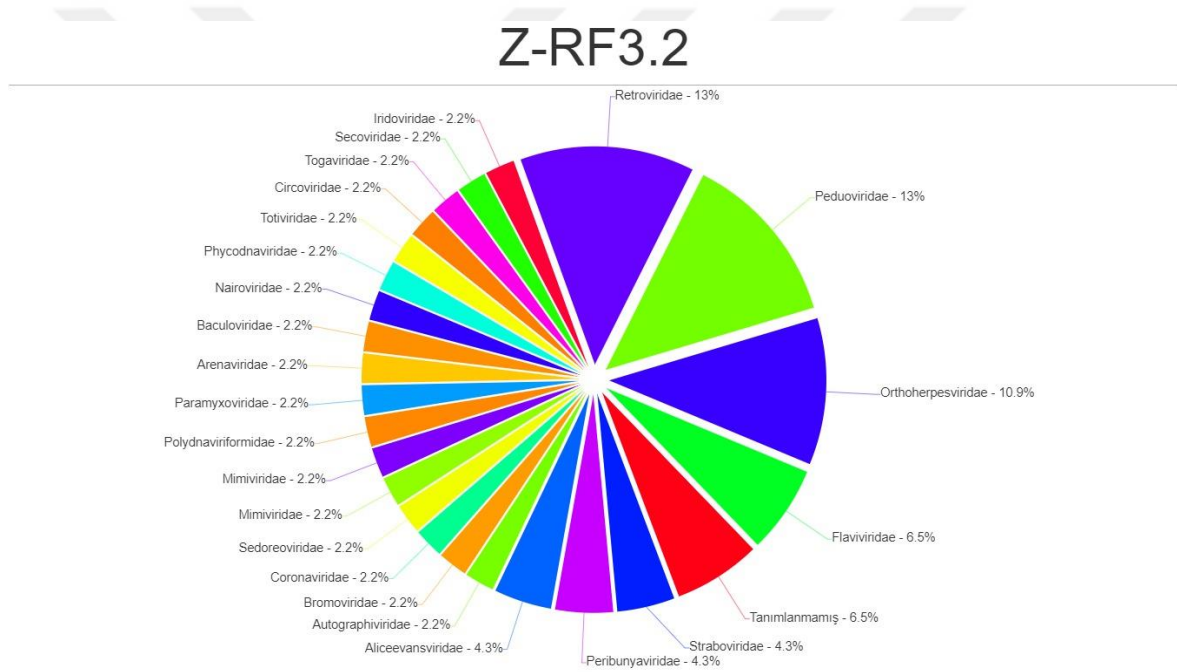
Örnek Adı	Toplam Okuma Sayısı	<i>de novo</i> Yapılandırmada Kullanılan Okuma Sayısı	Toplam Kontig Sayısı	1000 bç'den Uzun Kontig Sayısı
PK1.1	588.666	407.894	83.137	3.110
PK1.2	1.820.442	1.397.107	301.931	5.688
PK1.3	959.310	746.852	151.232	5.935
PK2.1	547.910	417.597	93.437	2.178
PK2.2	743.762	574.515	133.018	3.354
PK2.3	3.346.672	2.796.016	466.848	14.281
PK3.1	901.898	740.350	178.679	3.758
PK3.2	340.152	214.864	49.741	1.106
PK3.3	1.133.108	811.338	180.752	2.216
PP1.1	617.950	474.908	106.946	2.488
PP1.2	638.800	489.776	103.953	2.663
PP1.3	433.696	334.259	79.958	1.450
PP2.1	2.349.628	1.945.469	422.778	8.666
PP2.2	1.240.952	1.077.890	225.217	1.833
PP2.3	672.640	553.080	144.981	2.200
PP3.1	806.072	651.840	118.459	2.630
PP3.2	681.616	529.000	120.953	2.127
PP3.3	1.214.426	755.981	204.073	2.682
RA1.1	75.170	73.910	5.486	308
RA1.2	244.256	124.536	41.499	334
RA2.1	521.158	332.270	104.791	1.205
RA2.2	1.155.506	865.014	285.905	833
RA3.1	1.011.232	612.007	193.631	1.056
RA3.2	669.712	500.907	118.228	3.020
RF1.1	473.502	317.228	89.720	1.620
RF1.2	653.178	451.241	118.211	3.020
RF1.3	380.846	266.658	81.143	927
RF2.1	586.866	458.389	131.186	1.755
RF2.2	989.534	921.743	53.833	4.069
RF2.3	1.076.234	845.302	224.773	2.477
RF3.1	1.420.320	993.238	261.913	3.335
RF3.3	646.340	512.991	149.892	1.871

6. TARTIŞMA VE SONUÇ

6.1. TARTIŞMA

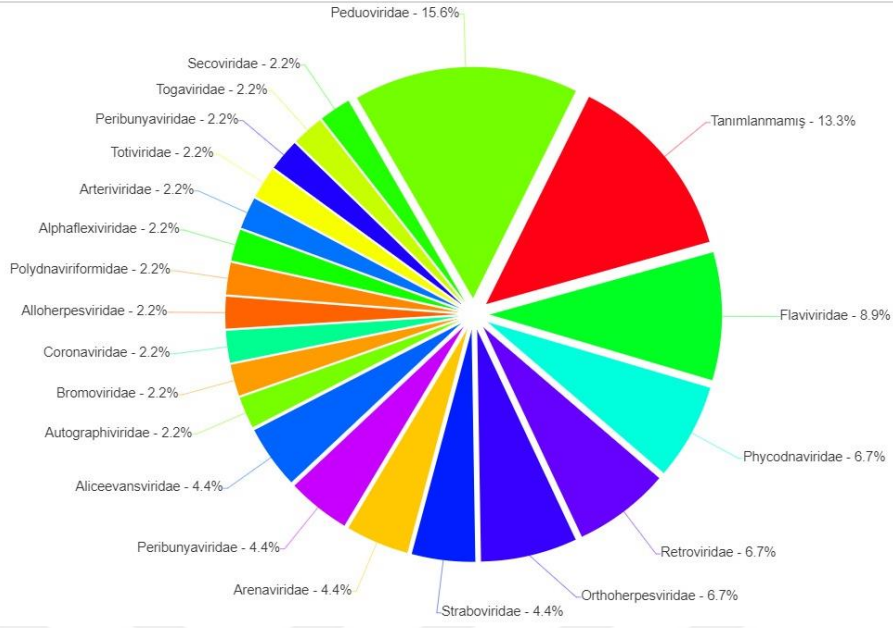
6.1.1. NÜKLEİK ASİT İZOLASYON KİTİ OPTİMİZASYONU

Bu tez çalışmasına dahil edilen RF3.2 numaralı *R. ferrumequinum* rektal sürüntü havuzu örneği deneme örneği olarak seçilmiş ve piyasada bulunan 3 farklı kit ile nükleik asit izolasyonuna tabi tutulmuştur. Tüm genom amplifikasyon uygulanmadan iSeq platformunda dizilenen Z-RF3.2, Q-RF3.2 ve MN-RF3.2 numaralı örneklerden elde edilen kontig dizilerinin Geneious aracılığı ile NCBI viral veritabanında BLAST'lanması sonucu elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.1., Şekil 6.2. ve Şekil 6.3.'te gösterilmektedir.



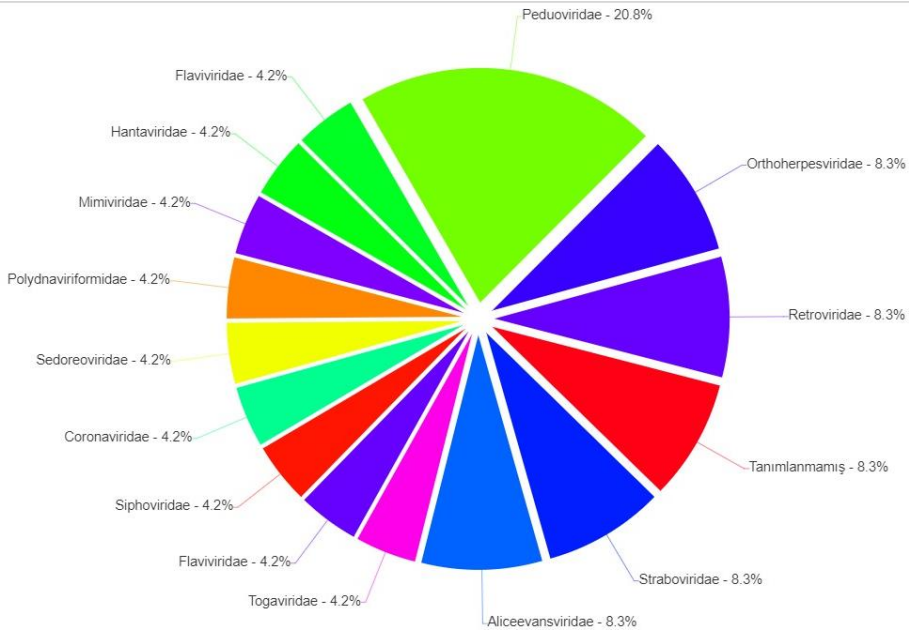
Şekil 6.1. Z-RF3.2 Viral Aile Grafiği

Q-RF3.2



Şekil 6.2. Q-RF3.2 Viral Aile Grafiği

MN-RF3.2



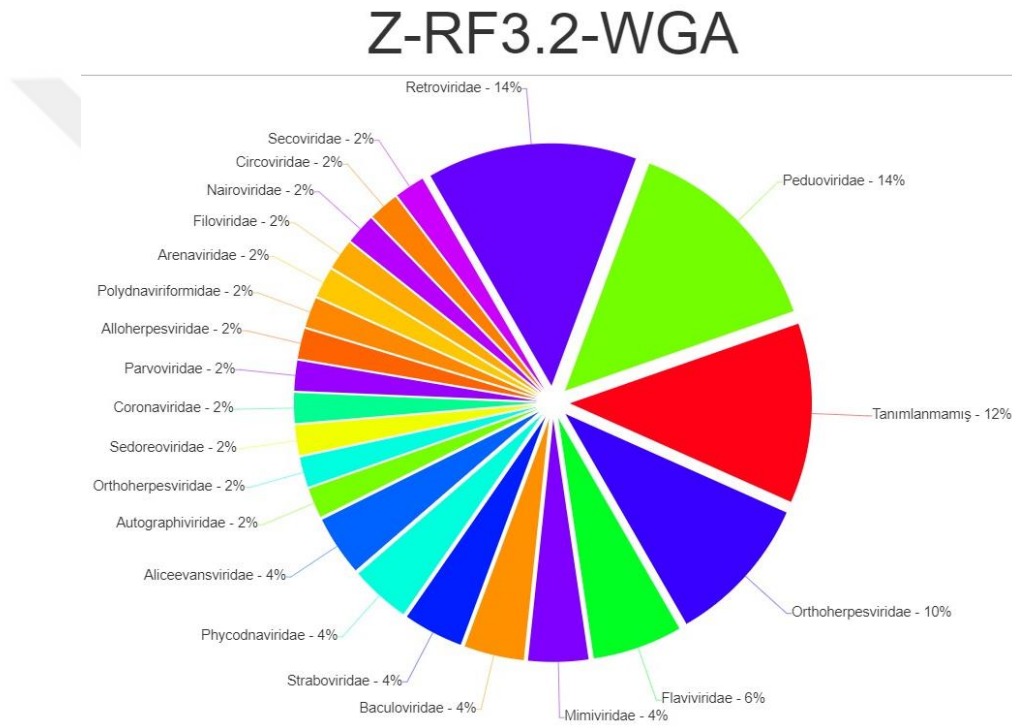
Şekil 6.3. MN-RF3.2 Viral Aile Grafiği

Z-RF3.2 örneğinde 25, Q-RF3.2 örneğinde 21 ve MN-RF3.2 örneğinde 14 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. En fazla viral aile çeşitliliği Zymo Quick-DNA/RNA Viral MagBead kiti kullanıldığında elde edilmiştir. Z-RF3.2 örneğinde *Retroviridae* ve *Pedoviridae*

ailelerine ait viral diziler baskın gelirken, Q-RF3.2 ve MN-RF3.2 örneklerinde *Peduviridae* ailesine ait viral diziler baskın gelmiştir.

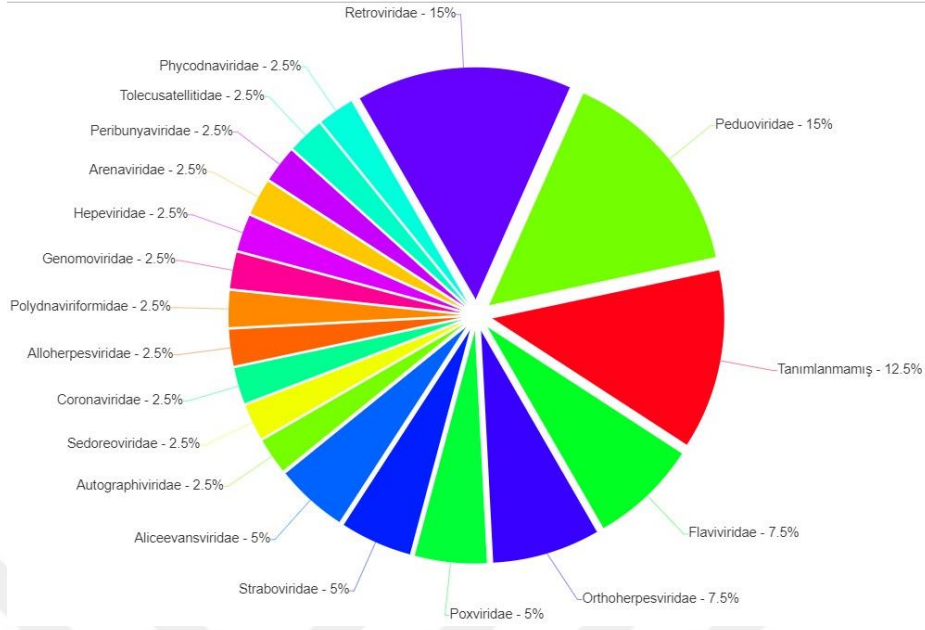
6.1.2. TÜM GENOM AMPLİFİKASYON ETKİSİ

Nükleik asit izolasyon kiti optimizasyonuna dahil edilen örnekler sonrasında tüm genom amplifikasyonuna dahil edilmiştir. Z-RF3.2-WGA, Q-RF3.2-WGA ve MN-RF3.2-WGA numaralı örneklerden elde edilen contig dizilerinin Geneious aracılığı ile NCBI viral veritabanında BLAST'lanması sonucu elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.4., Şekil 6.5. ve Şekil 6.6.'te gösterilmektedir.



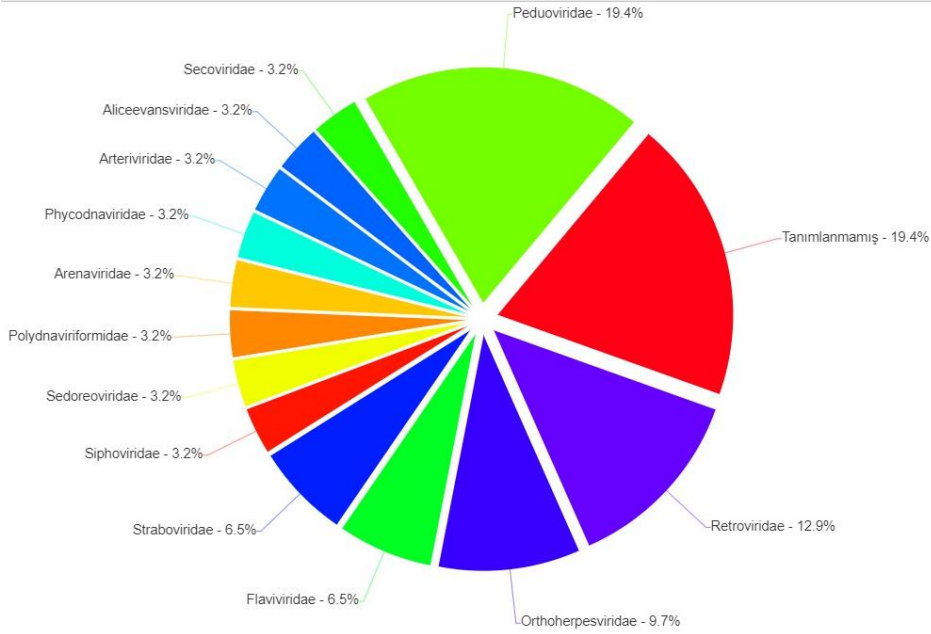
Şekil 6.4. Z-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği

Q-RF3.2-WGA



Şekil 6.5. Q-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği

MN-RF3.2-WGA



Şekil 6.6. MN-RF3.2-WGA Viral Aile Grafiği

Z-RF3.2-WGA örneğinde 21, Q-RF3.2-WGA örneğinde 18 ve MN-RF3.2-WGA örneğinde 13 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. Tüm örneklerde WGA sonrası aile çeşitliliği azalırken Z-RF3.2 numaralı örnekte *Retroviridae* ve *Peduoviridae* viral aileleri yüzdeleri

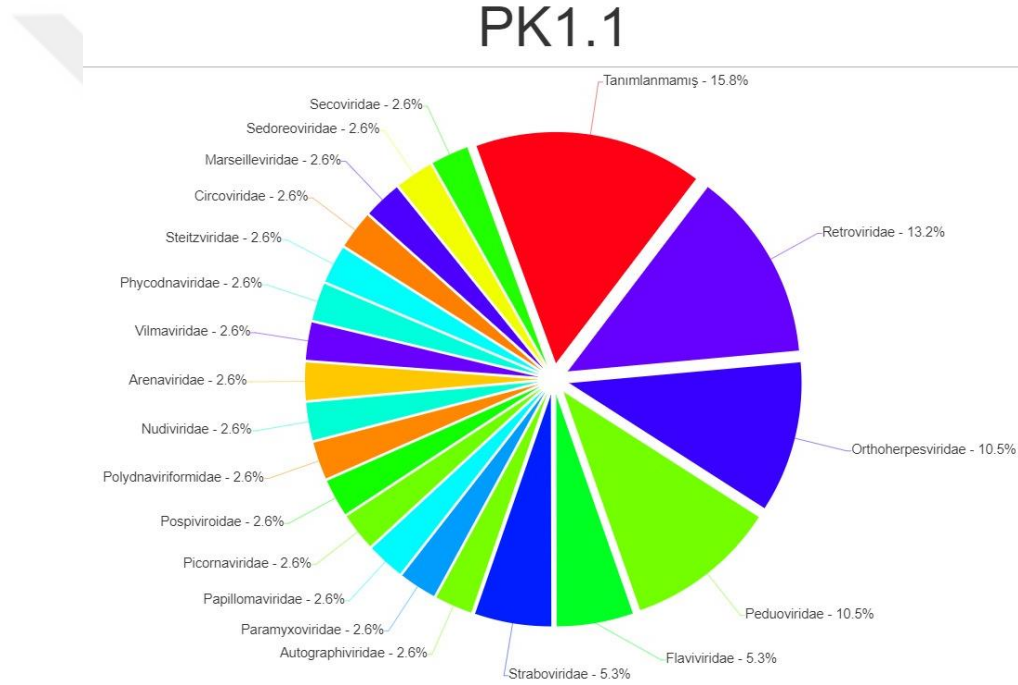
artmıştır. Q-RF3.2 örneğinde WGA sonrası *Retroviridae* viral ailesinin yüzdesi artarak *Pedoviridae* ile eşitlenmiştir.

6.1.3. YARASA TÜRLERİNE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ

6.1.3.1. *Pipistrellus kuhlii*

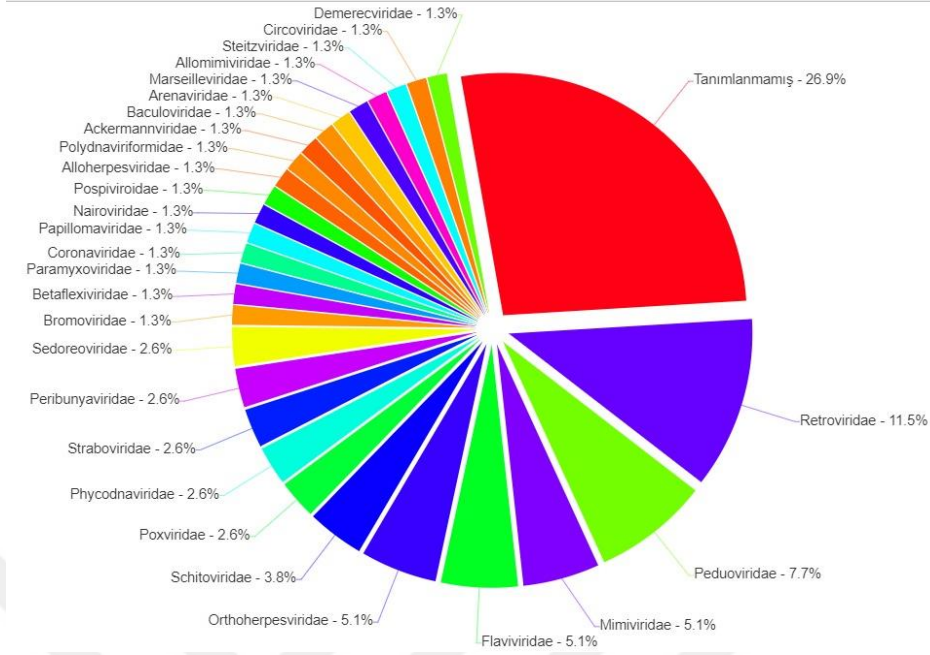
Pipistrellus kuhlii yarası türüne ait orofarengal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örneklerinde coğrafi bölgelere göre elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.7.'den 6.15.'e kadar gösterilmektedir.

Orofarengal Sürüntü Örnekleri



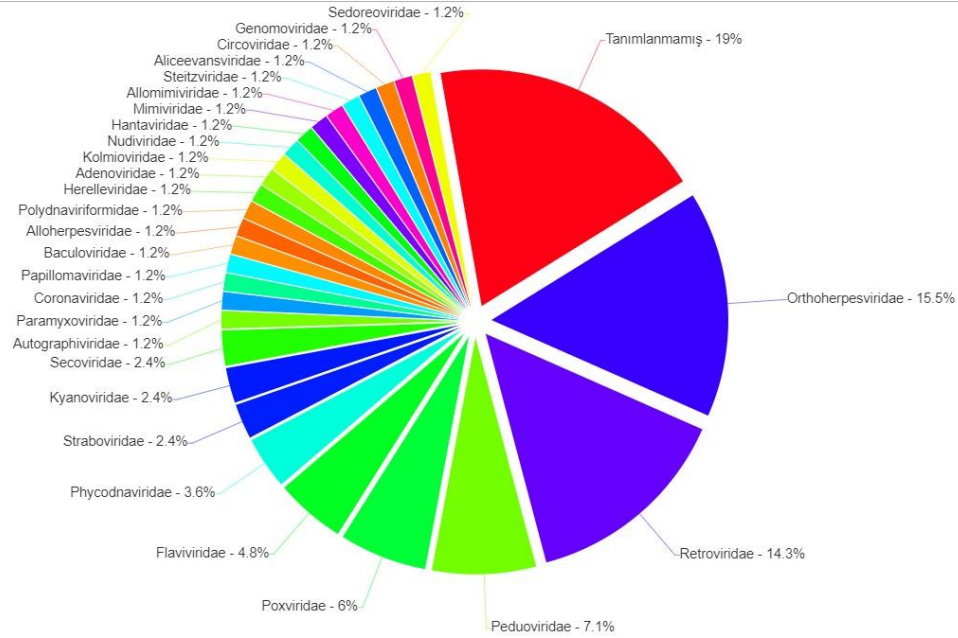
Şekil 6.7. PK1.1 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

PK2.1



Şekil 6.8. PK2.1 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

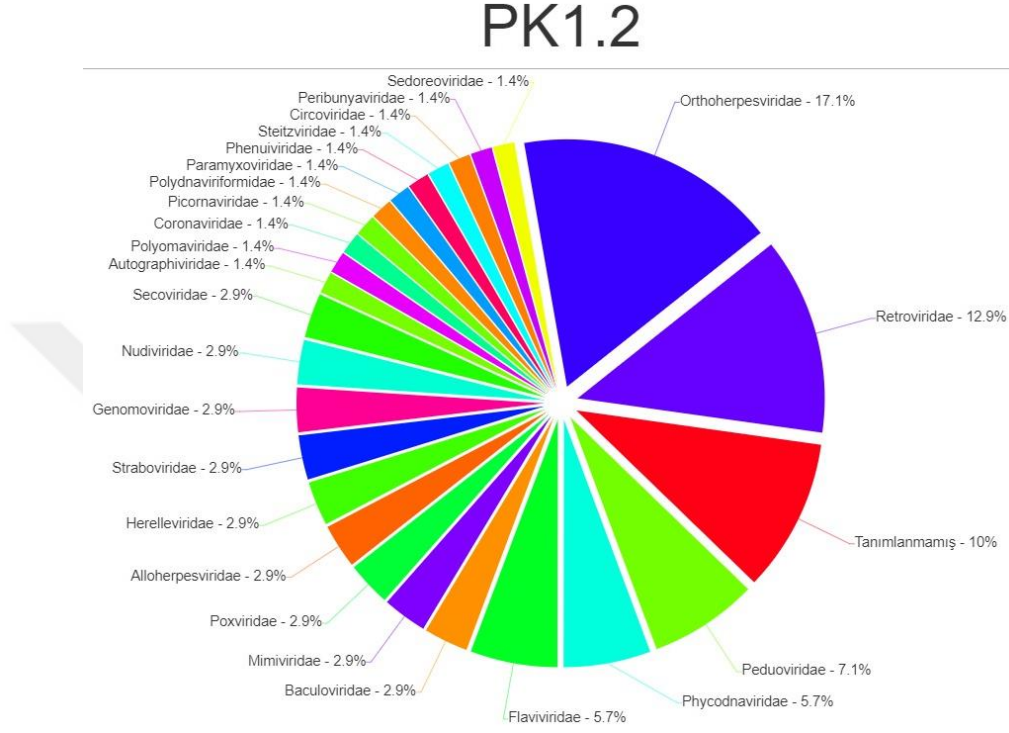
PK3.1



Şekil 6.9. PK3.1 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Ege Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

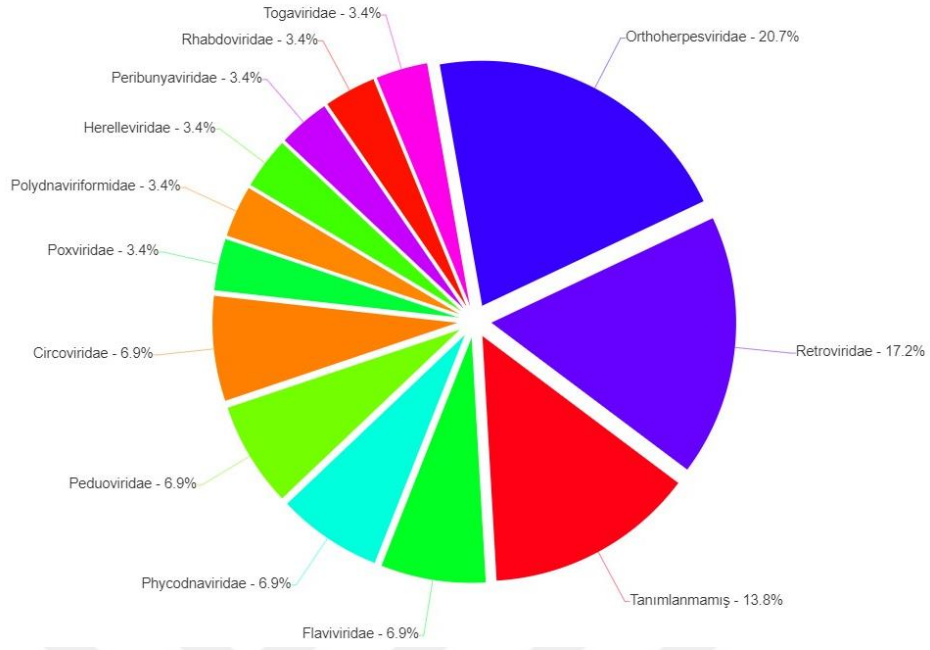
PK1.1 numaralı örnekte 20, PK2.1 numaralı örnekte 28 ve PK3.1 numaralı örnekte 28 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus kuhlii* türü yarasanın orofarengeal örnekleri arasında en az viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Doğu Anadolu Bölgesi'dir.

Rektal Sürüntü Örnekleri



Şekil 6.10. PK1.2 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

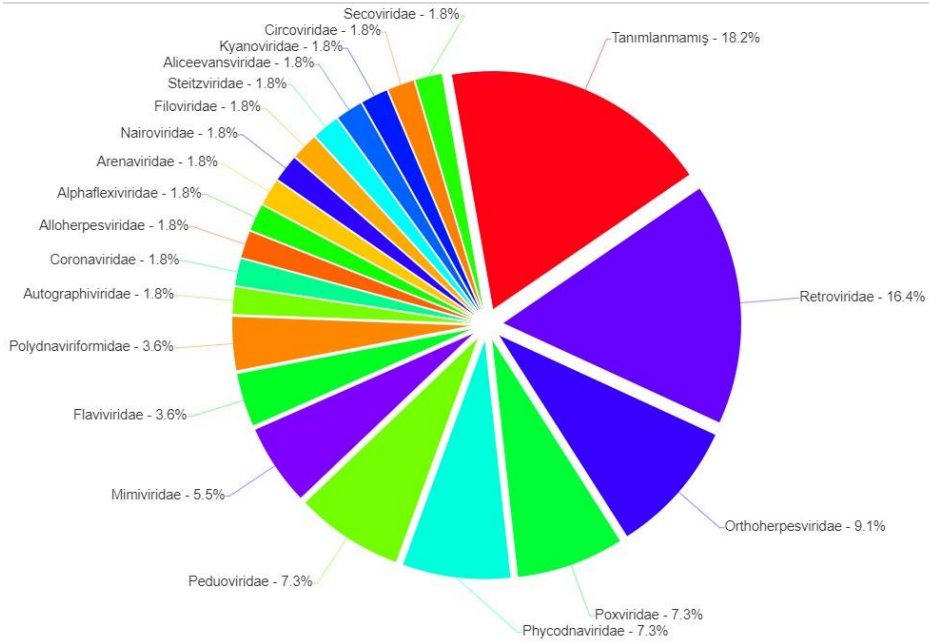
PK2.2



Şekil 6.11. PK2.2 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu

Viral Aile Grafiği

PK3.2

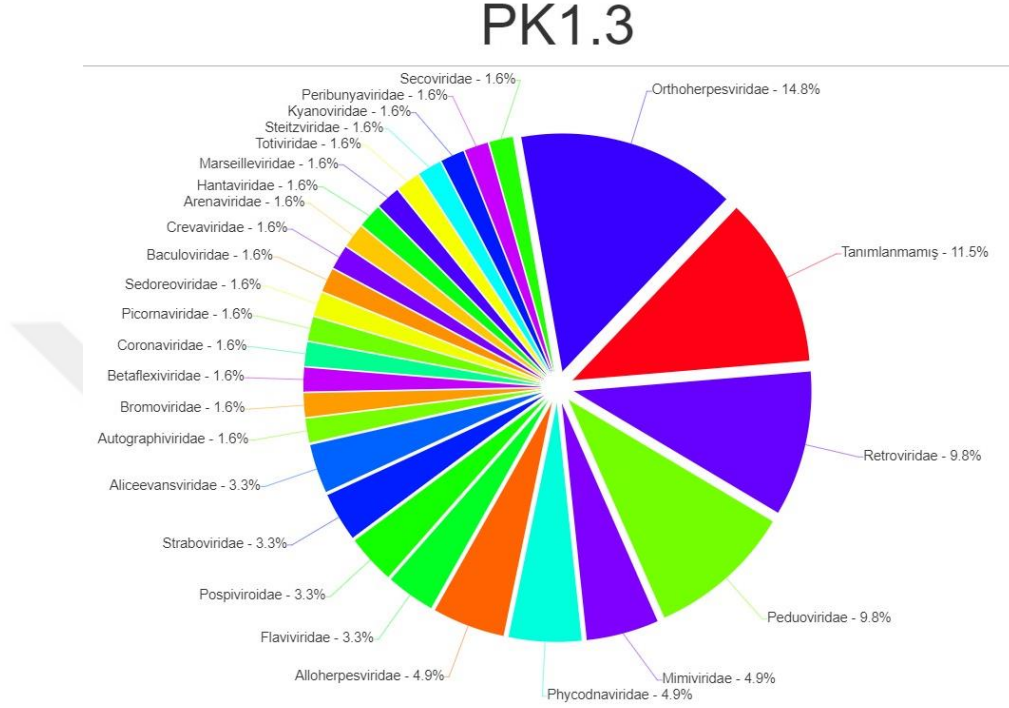


Şekil 6.12. PK3.2 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral

Aile Grafiği

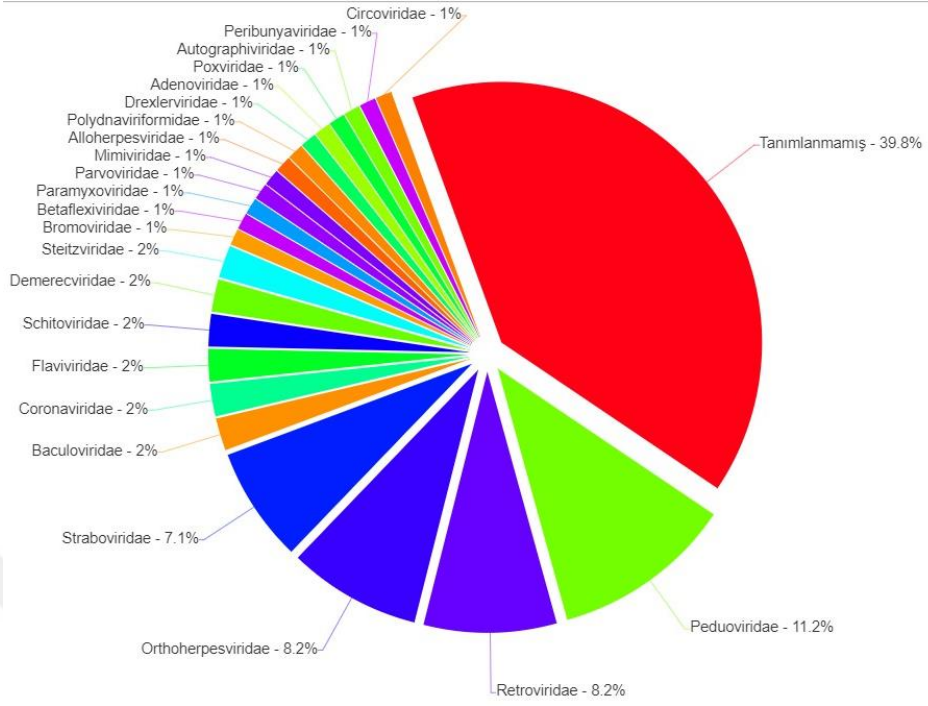
PK1.2 numaralı örnekte 25, PK2.2 numaralı örnekte 12 ve PK3.2 numaralı örnekte 20 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus kuhlii* türü yarasanın rektal örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Doğu Anadolu Bölgesi'dir.

Dışkı Örnekleri



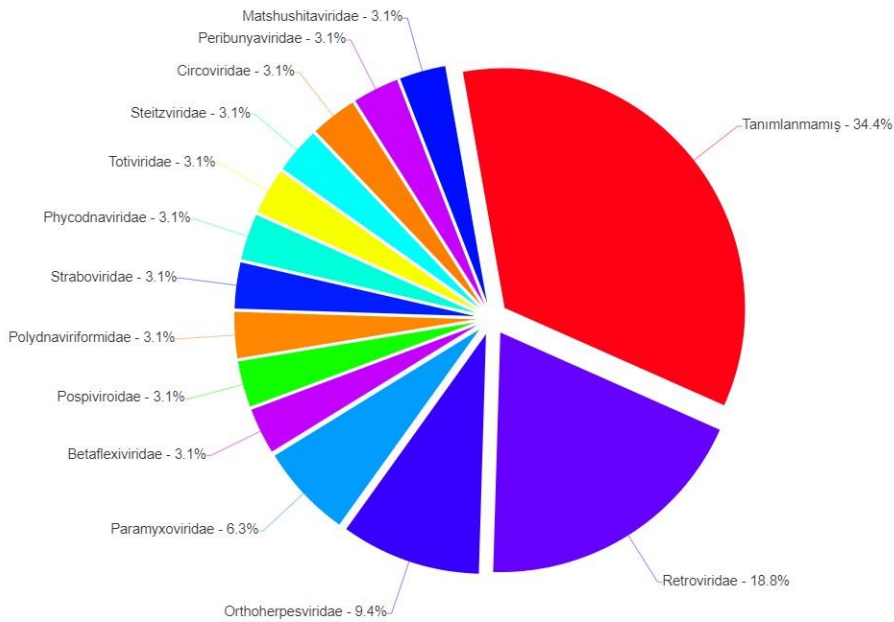
Şekil 6.13. PK1.3 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

PK2.3



Şekil 6.14. PK2.3 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Akdeniz Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

PK3.3



Şekil 6.15. PK2.3 Numaralı *Pipistrellus kuhlii* Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

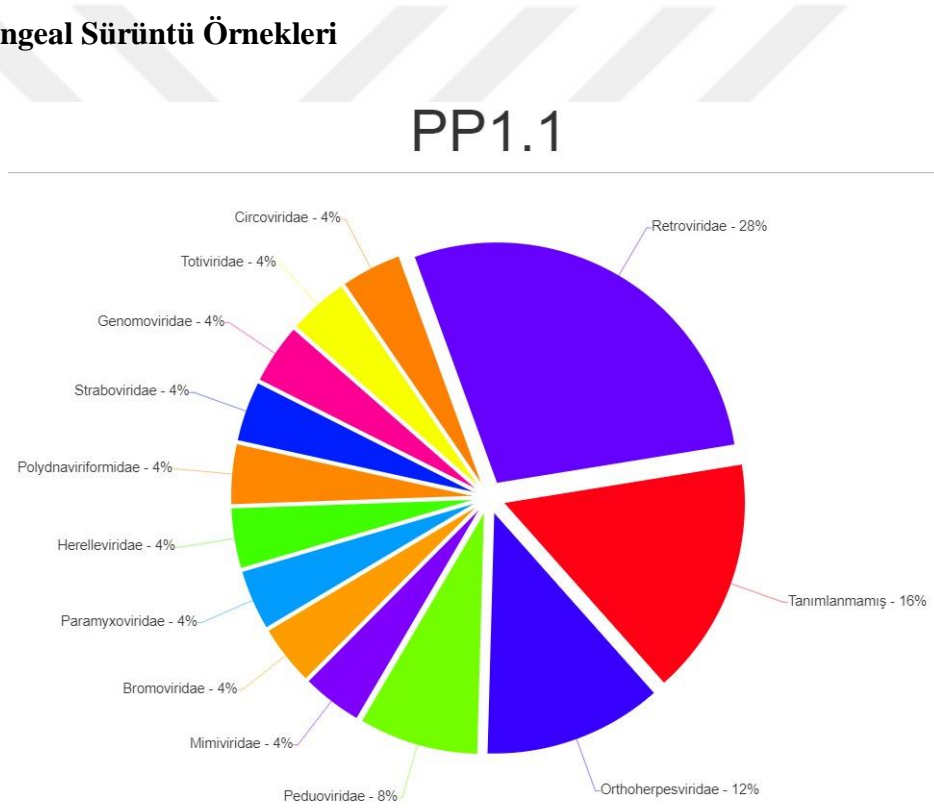
PK1.3 numaralı örnekte 26, PK2.3 numaralı örnekte 23 ve PK3.3 numaralı örnekte 13 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus kuhlii* türü yarasanın dışkı örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Doğu Anadolu Bölgesi'dir.

Pipistrellus kuhlii yarasa türüne ait örneklerden toplam 29 DNA ve 22 RNA virüsü eşleşmesi alınmıştır.

6.1.3.2. *Pipistrellus pipistrellus*

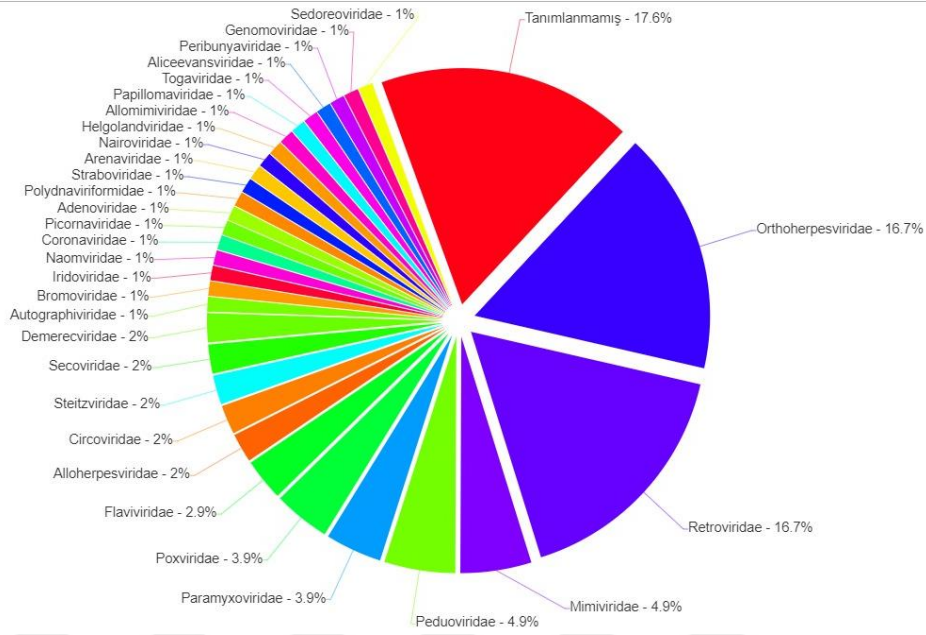
Pipistrellus pipistrellus yarasa türüne ait orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örneklerinde coğrafi bölgelere göre elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.16.'dan 6.24.'e kadar gösterilmektedir.

Orofarengeal Sürüntü Örnekleri



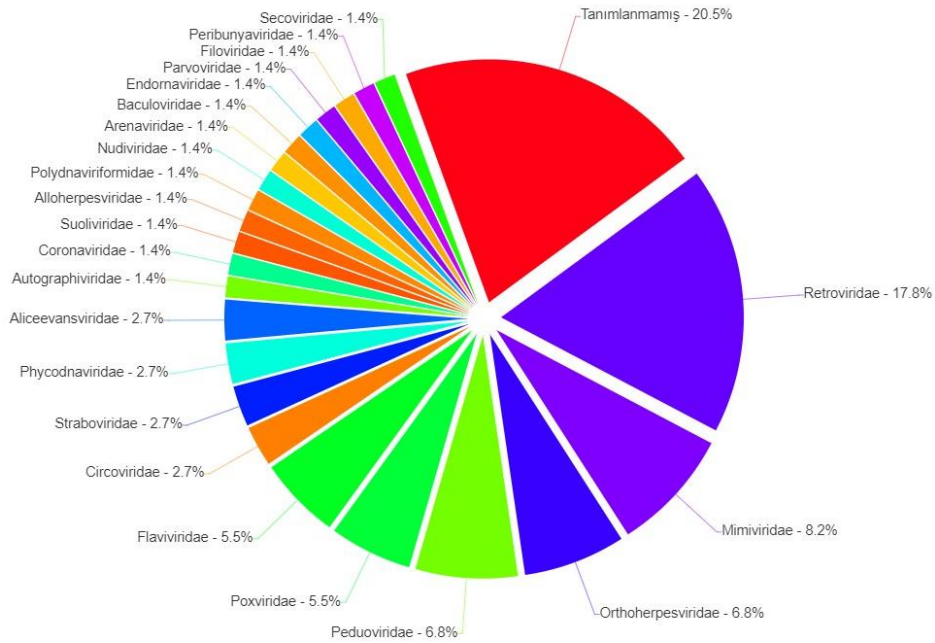
Şekil 6.16. PP1.1 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

PP2.1



Şekil 6.17. PP2.1 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Akdeniz Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

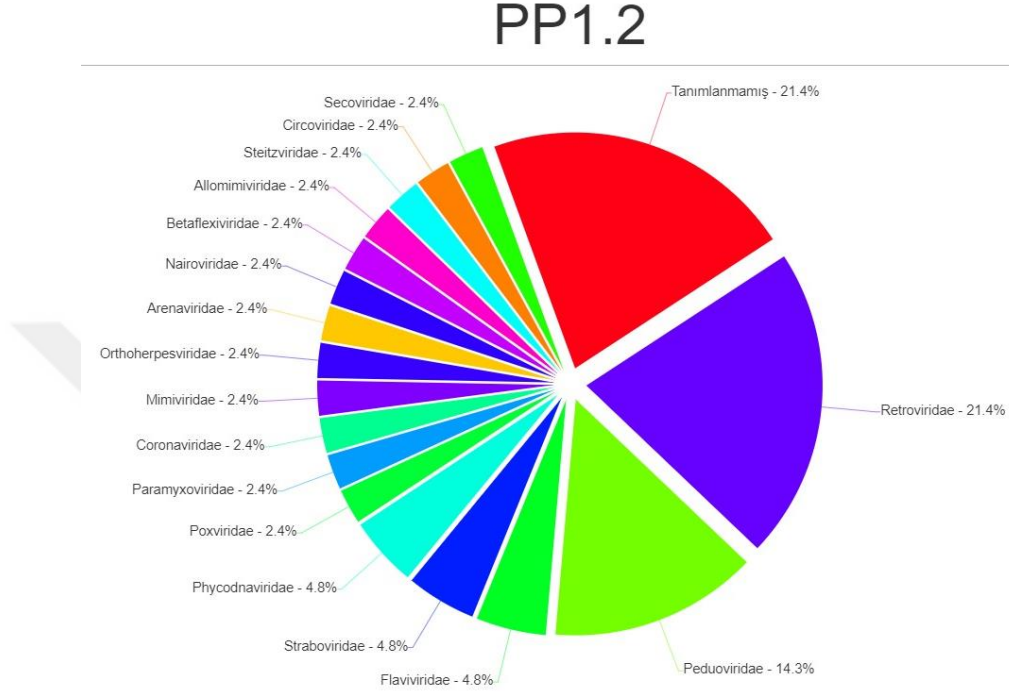
PP3.1



Şekil 6.18. PP3.1 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Ege Bölgesi Orofarengeal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

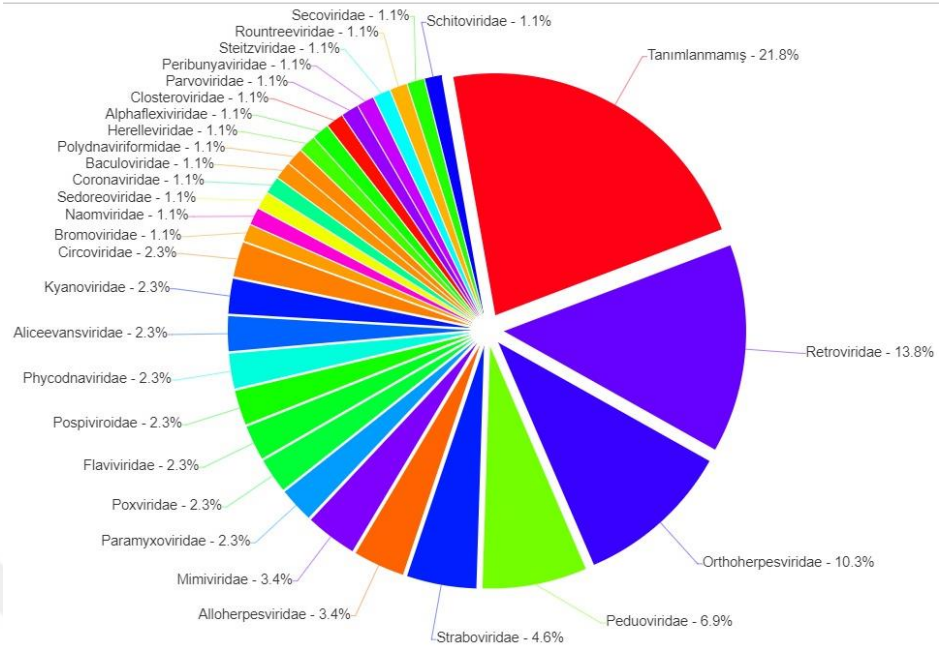
PP1.1 numaralı örnekte 12, PP2.1 numaralı örnekte 31 ve PP3.1 numaralı örnekte 23 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus pipistrellus* türü yarasanın orofarengeal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Akdeniz Bölgesi'dir.

Rektal Sürüntü Örnekleri



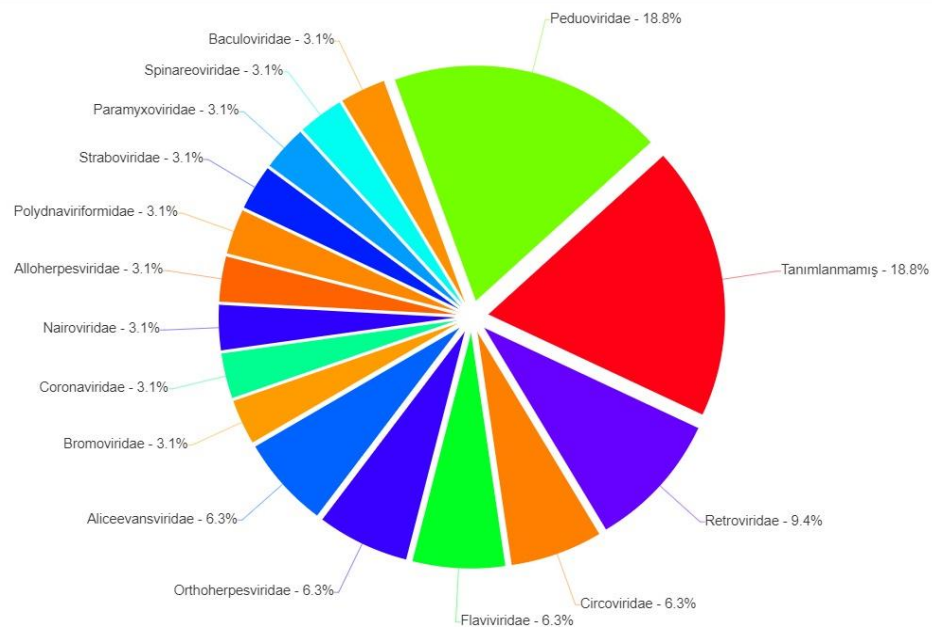
Şekil 6.19. PP1.2 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

PP2.2



Şekil 6.20. PP2.2 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

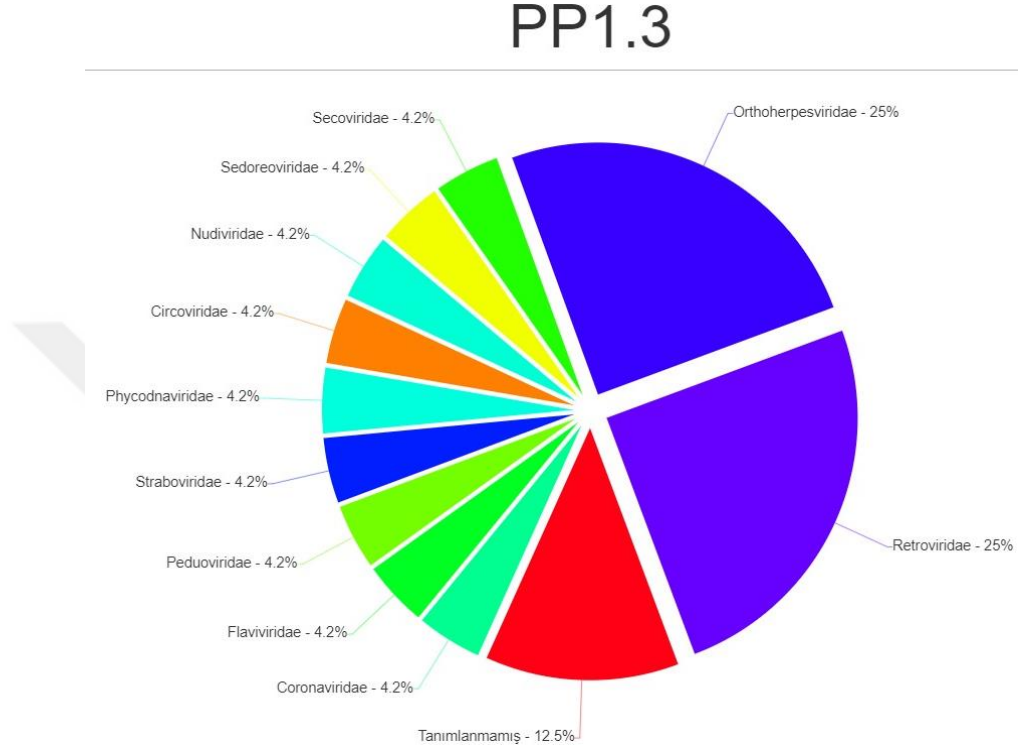
PP3.2



Şekil 6.21. PP3.2 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

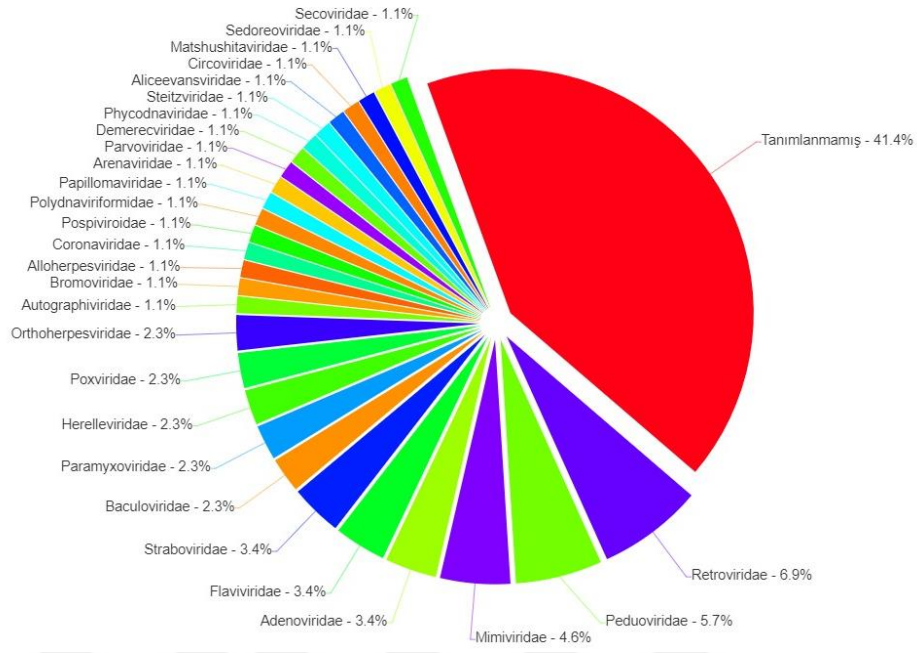
PP1.2 numaralı örnekte 17, PP2.2 numaralı örnekte 29 ve PP3.2 numaralı örnekte 15 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus pipistrellus* türü yarasanın rektal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Akdeniz Bölgesi'dir.

Dışkı Örnekleri



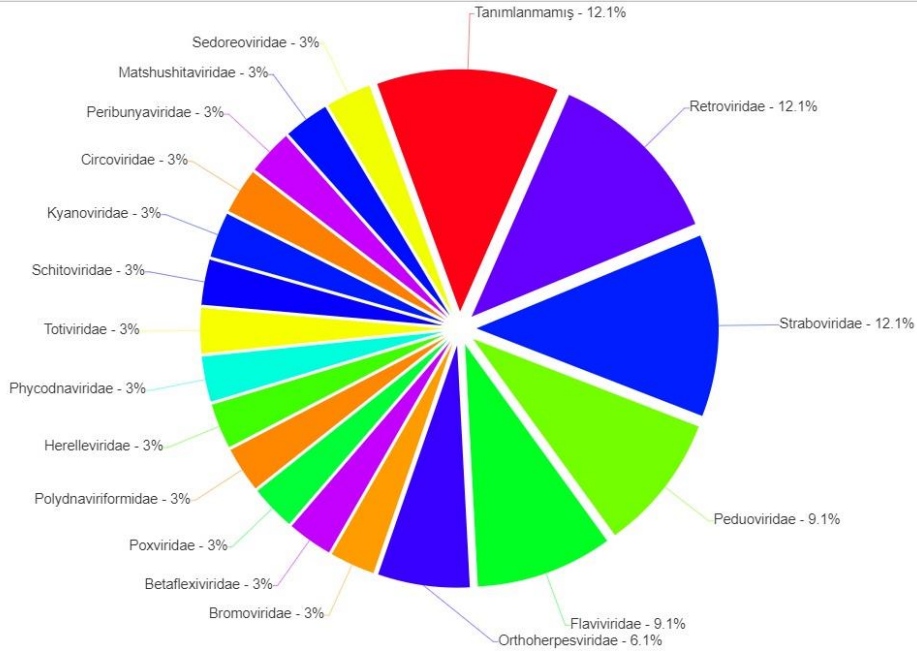
Şekil 6.22. PP1.3 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

PP2.3



Şekil 6.23. PP2.3 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Akdeniz Bölgesi Dışkı Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

PP3.3



Şekil 6.24. PP3.3 Numaralı *Pipistrellus pipistrellus* Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

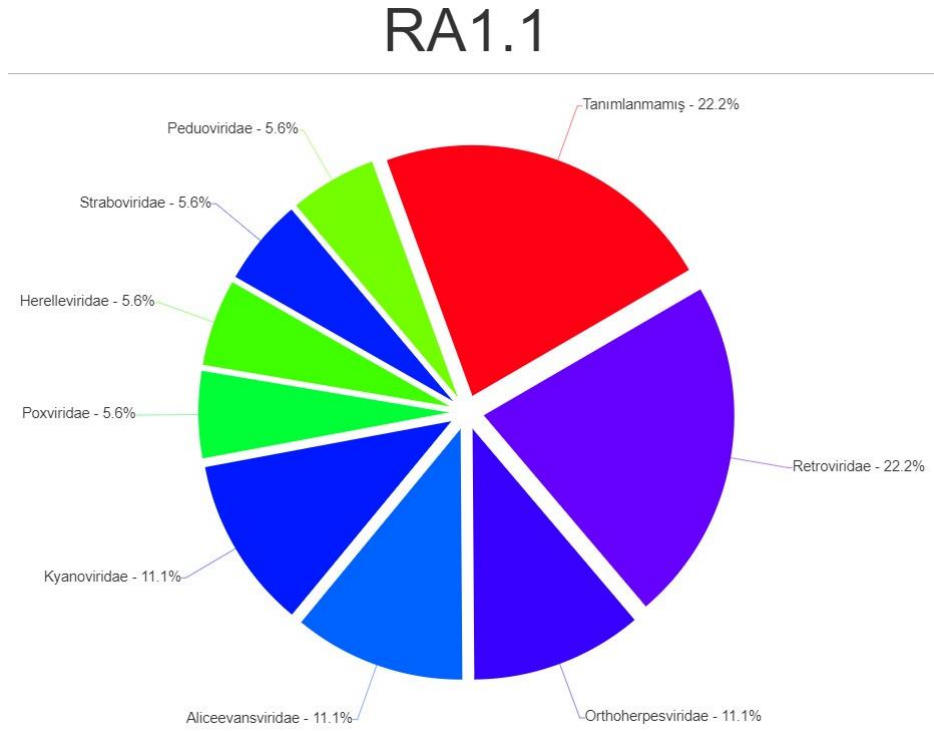
PP1.3 numaralı örnekte 11, PP2.3 numaralı örnekte 28 ve PP3.3 numaralı örnekte 18 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Pipistrellus pipistrellus* türü yarasanın dışkı örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Akdeniz Bölgesi'dir.

Pipistrellus pipistrellus yarasa türüne ait örneklerden toplam 28 DNA ve 21 RNA virüsü eşleşmesi alınmıştır.

6.1.3.3. *Rousettus aegyptiacus*

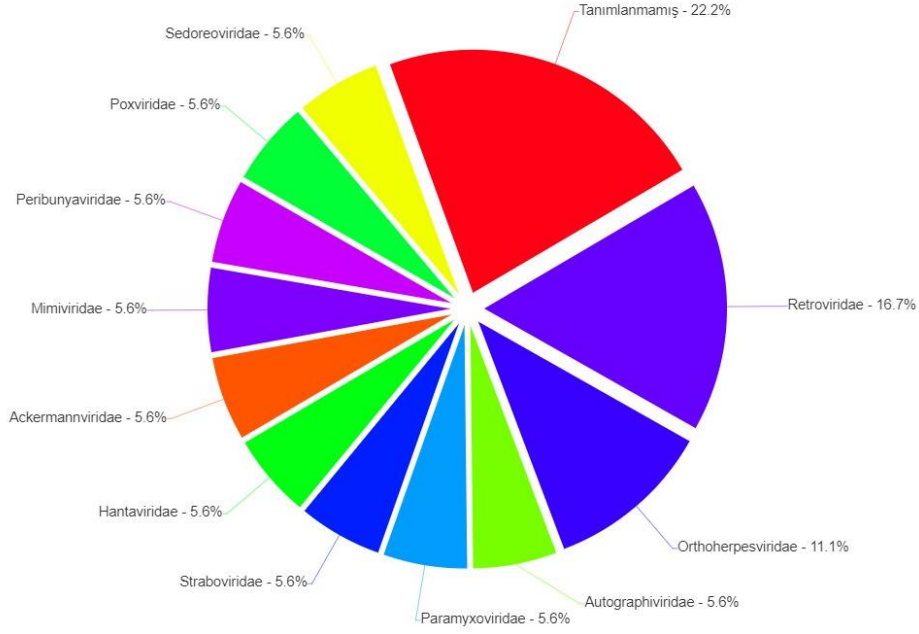
Rousettus aegyptiacus yarasa türüne ait orofarengal sürüntü ve rektal sürüntü örneklerinde coğrafi bölgelere göre elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.25.'ten 6.30.'a kadar gösterilmektedir. *Rousettus aegyptiacus* meyve ile beslenen bir yarasa türü olduğu için dışkı örneği toplanacak bir formda olmadığından örnek alınmamıştır.

Orofarengal Sürüntü Örnekleri



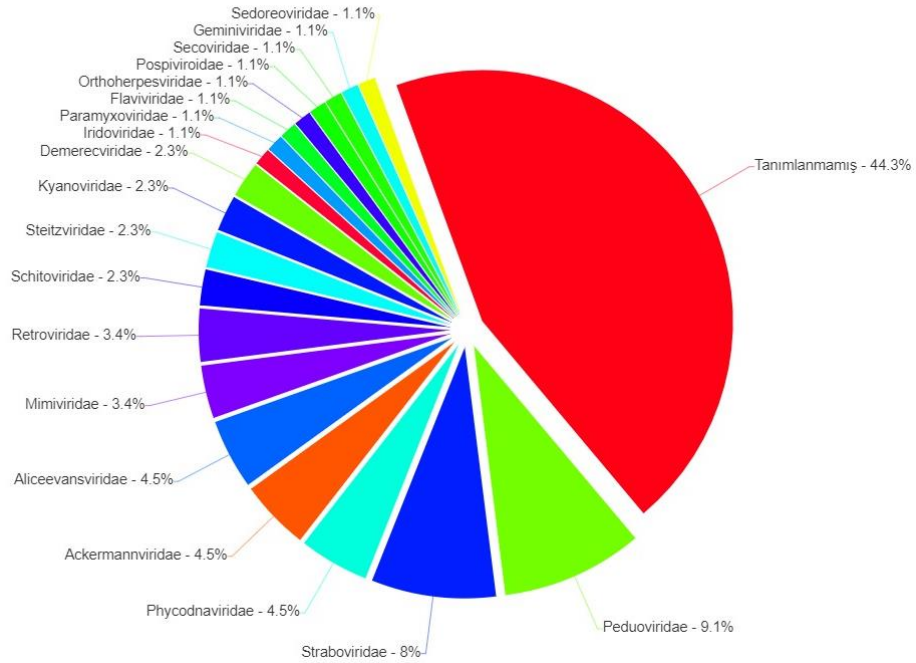
Şekil 6.25. RA1.1 Numaralı *Rousettus aegyptiacus* Doğu Akdeniz Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

RA2.1



Şekil 6.26. RA2.1 Numaralı *Roussettus aegyptiacus* Akdeniz Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

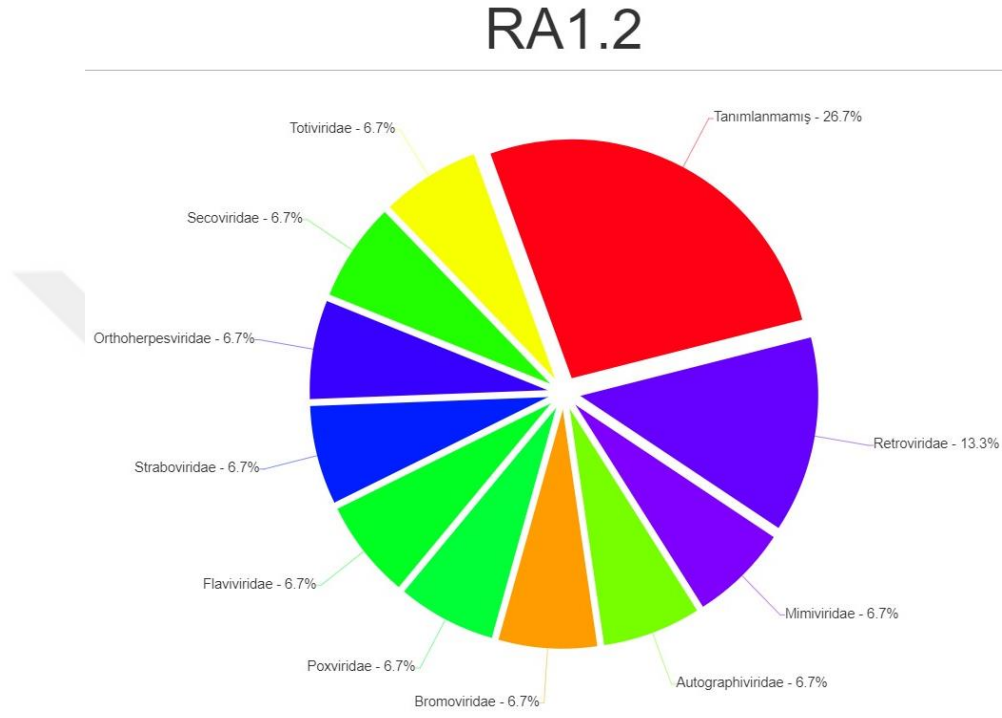
RA3.1



Şekil 6.27. RA3.1 Numaralı *Roussettus aegyptiacus* Batı Akdeniz Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

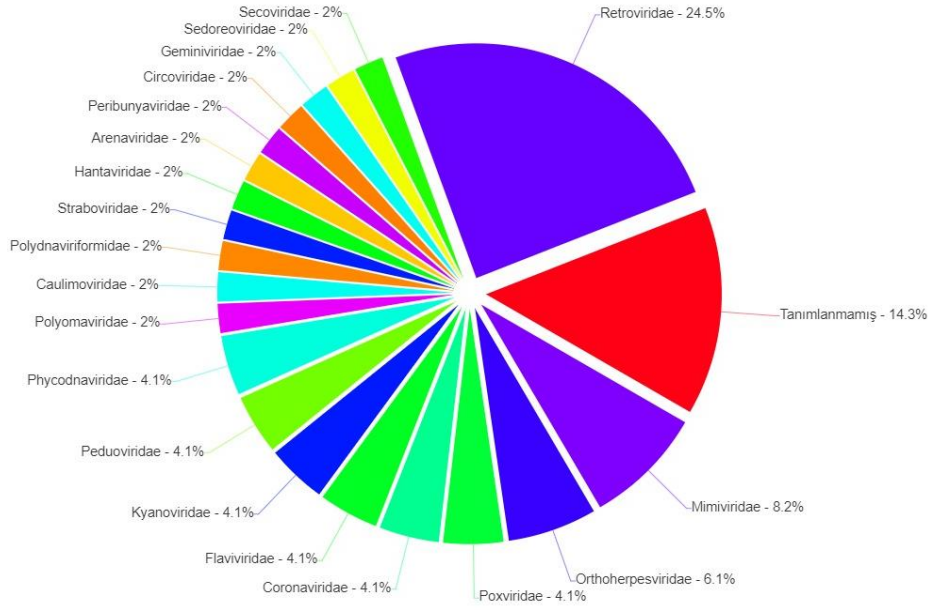
RA1.1 numaralı örnekte 8, RA2.1 numaralı örnekte 11 ve RA3.1 numaralı örnekte 19 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Rousettus aegyptiacus* türü yarasanın orofarengeal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Batı Akdeniz Bölgesi'dir.

Rektal Sürüntü Örnekleri



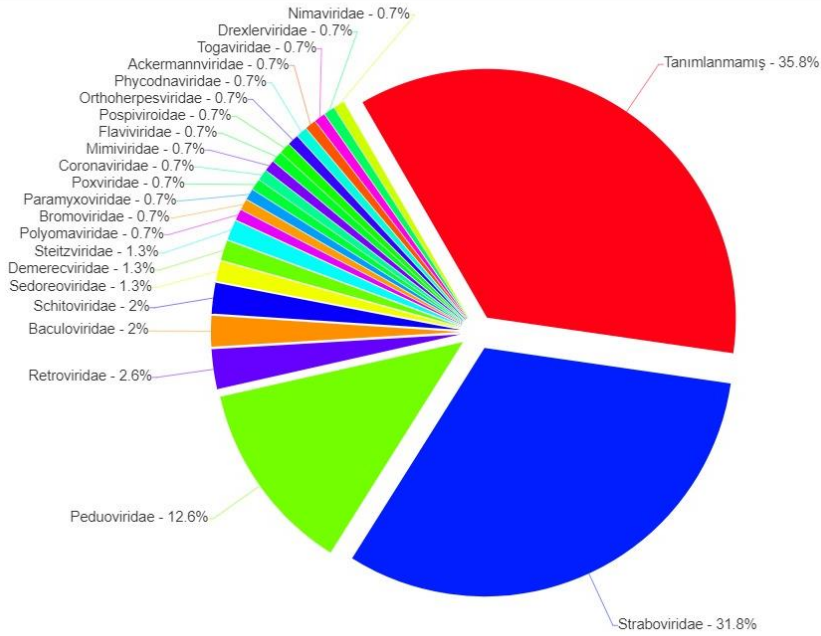
Şekil 6.28. RA1.2 Numaralı *Rousettus aegyptiacus* Doğu Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

RA2.2



Şekil 6.29. RA2.2 Numaralı *Rousettus aegyptiacus* Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

RA3.2



Şekil 6.30. RA3.2 Numaralı *Rousettus aegyptiacus* Batı Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

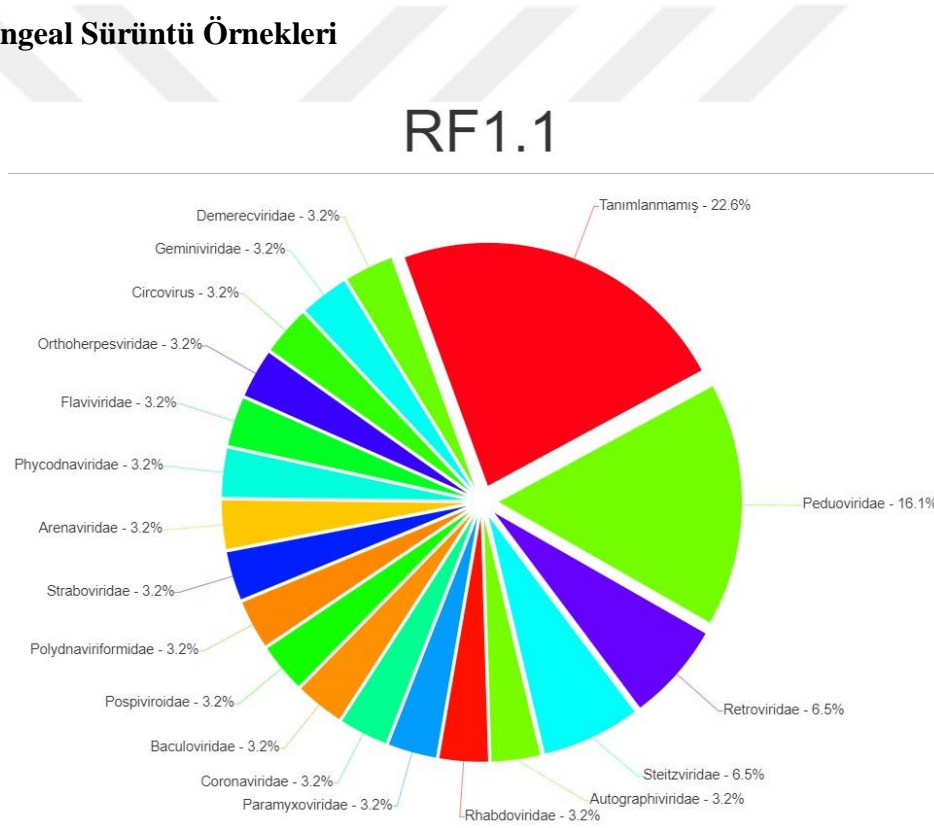
RA1.2 numaralı örnekte 10, RA2.2 numaralı örnekte 20 ve RA3.2 numaralı örnekte 22 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Rousettus aegyptiacus* türü yarasanın rektal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Batı Akdeniz Bölgesi'dir.

Pipistrellus aegyptiacus yarasa türüne ait örneklerden toplam 21 DNA ve 15 RNA virüsü eşleşmesi alınmıştır.

6.1.3.4. *Rhinolophus ferrumequinum*

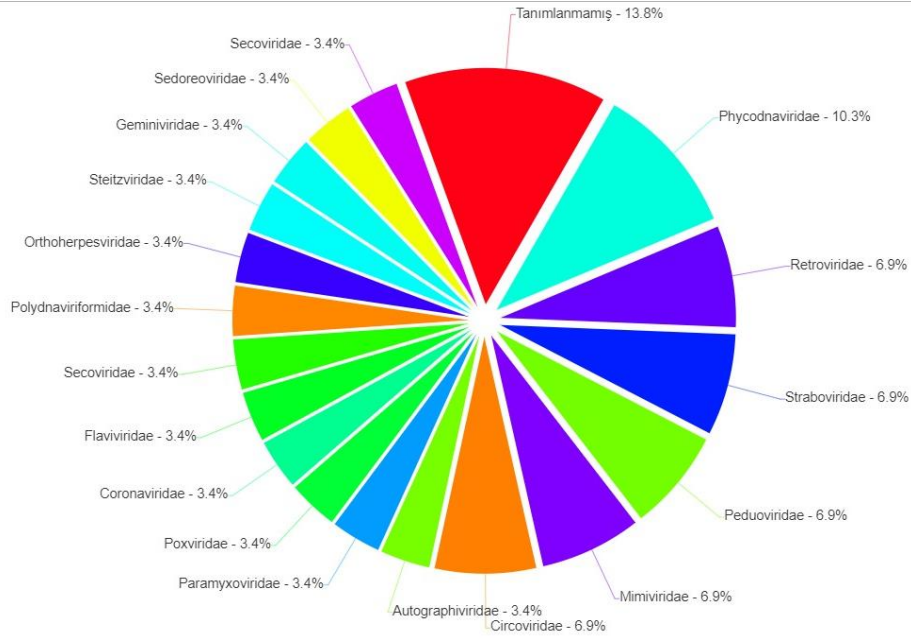
Rhinolophus ferrumequinum yarasa türüne ait orofarengal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örneklerinde coğrafi bölgelere göre elde edilen viral aile çeşitliliği grafikleri Şekil 6.31.'den 6.39.'a kadar gösterilmektedir.

Orofarengal Sürüntü Örnekleri



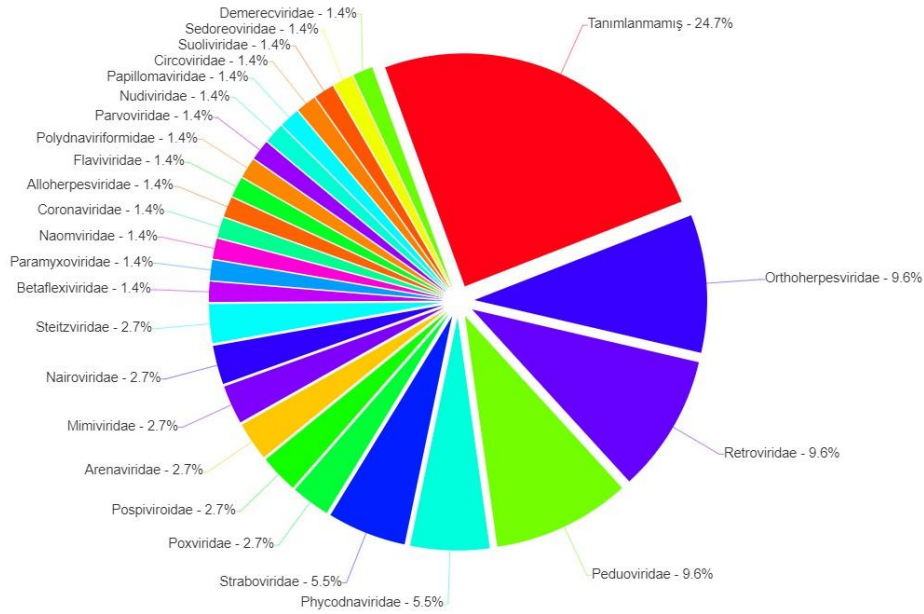
Şekil 6.31. RF1.1 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Doğu Anadolu Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

RF2.1



Şekil 6.32. RF2.1 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Akdeniz Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

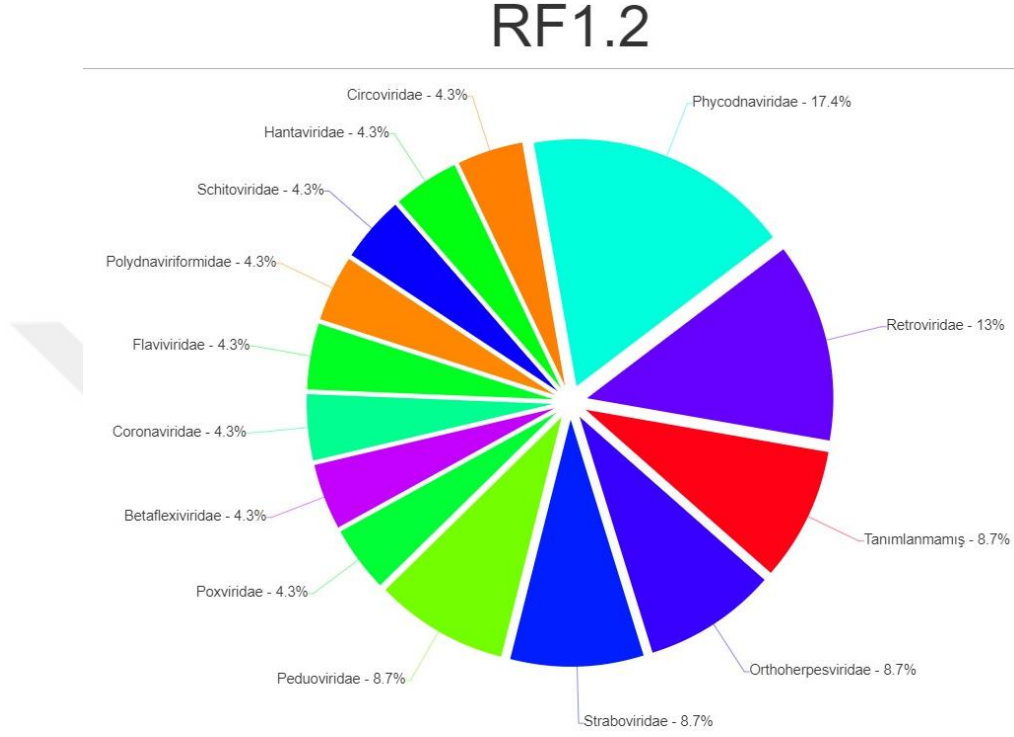
RF3.1



Şekil 6.33. RF2.1 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Ege Bölgesi Orofarengal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

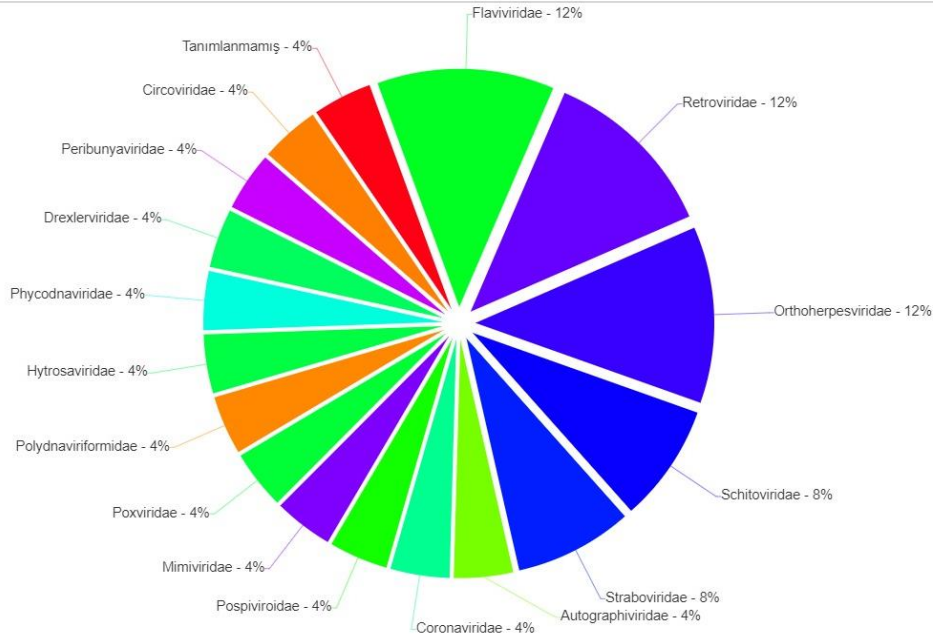
RF1.1 numaralı örnekte 18, RF2.1 numaralı örnekte 18 ve RF3.1 numaralı örnekte 25 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Rhinolophus ferrumequinum* türü yarasanın orofarengeal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Ege Bölgesi' dir.

Rektal Sürüntü Örnekleri



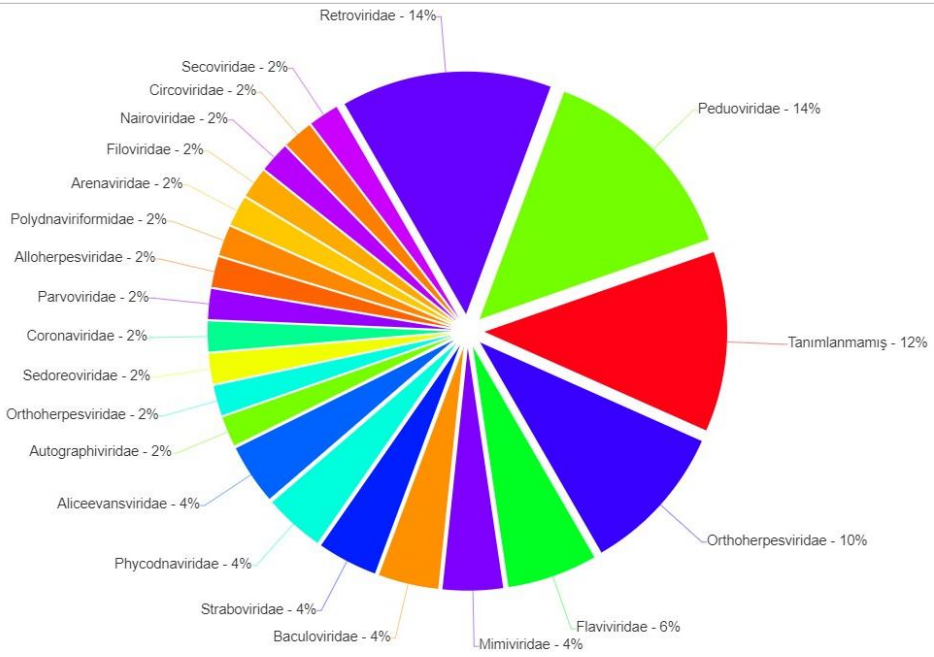
Şekil 6.34. RF1.2 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Doğu Anadolu Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

RF2.2



Şekil 6.35. RF2.2 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Akdeniz Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

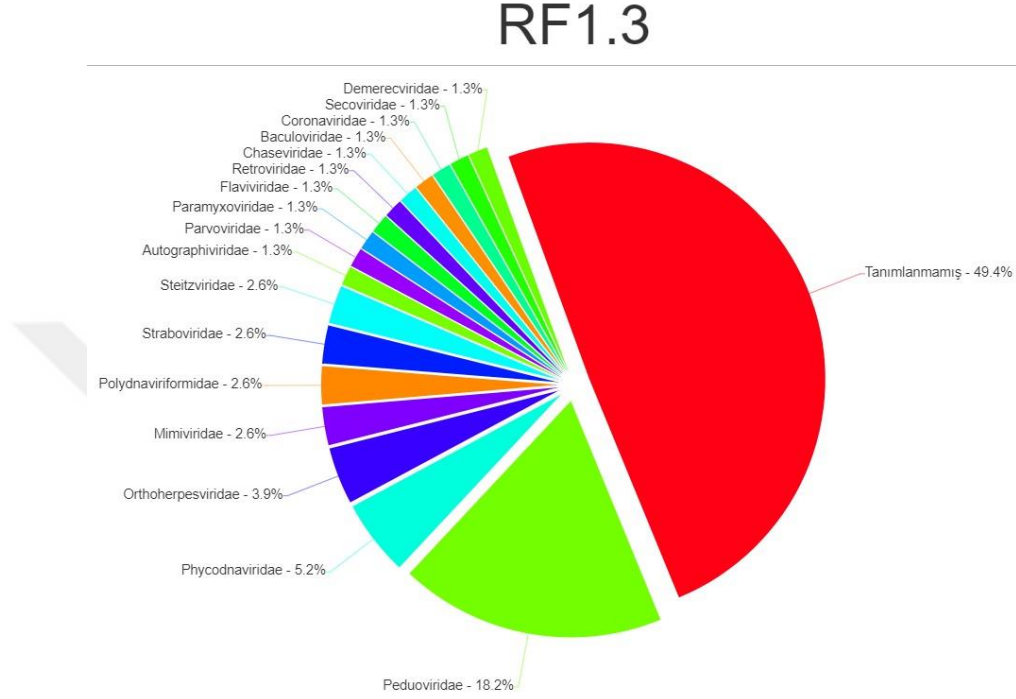
Z-RF3.2-WGA



Şekil 6.36. RF3.2 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Ege Bölgesi Rektal Sürüntü Havuzu Viral Aile Grafiği

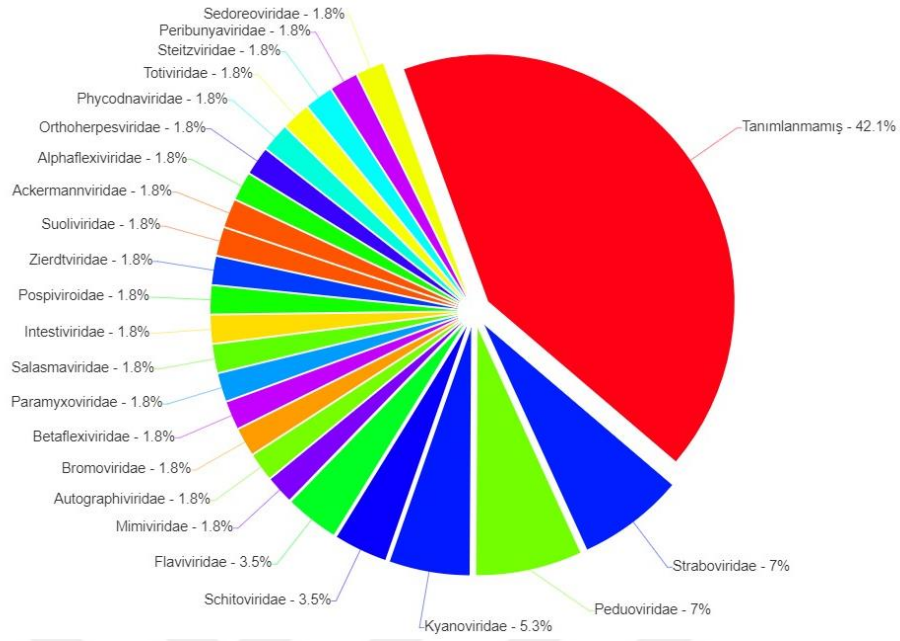
RF1.2 numaralı örnekte 13, RF2.2 numaralı örnekte 16 ve RF3.2 numaralı örnekte 20 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Rhinolophus ferrumequinum* türü yarasanın rektal sürüntü örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Ege Bölgesi'dir.

Dışkı Örnekleri



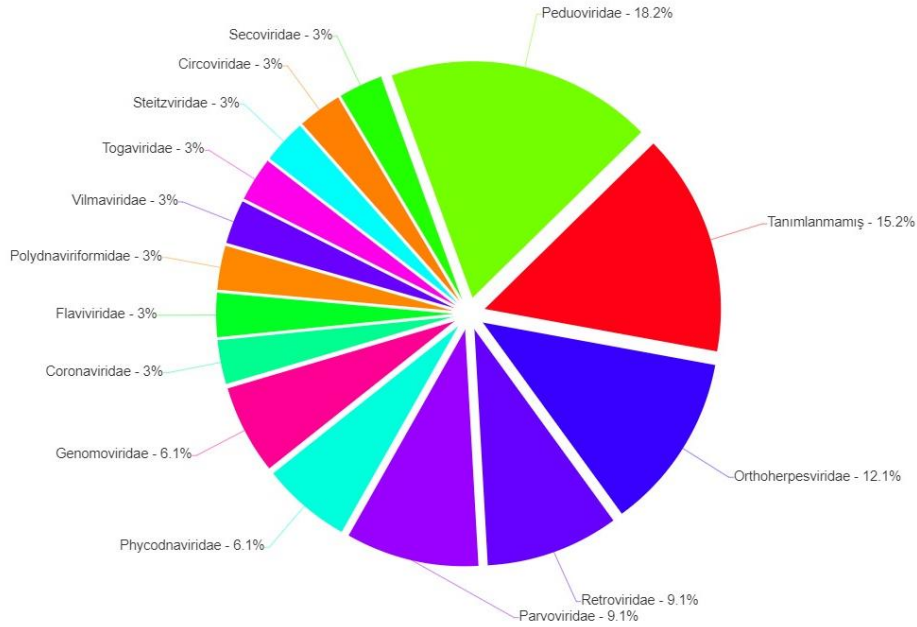
Şekil 6.37. RF1.3 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Doğu Anadolu Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

RF2.3



Şekil 6.38. RF2.3 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Akdeniz Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

RF3.3



Şekil 6.39. RF3.3 Numaralı *Rhinolophus ferrumequinum* Ege Bölgesi Dışkı Havuzu Viral Aile Grafiği

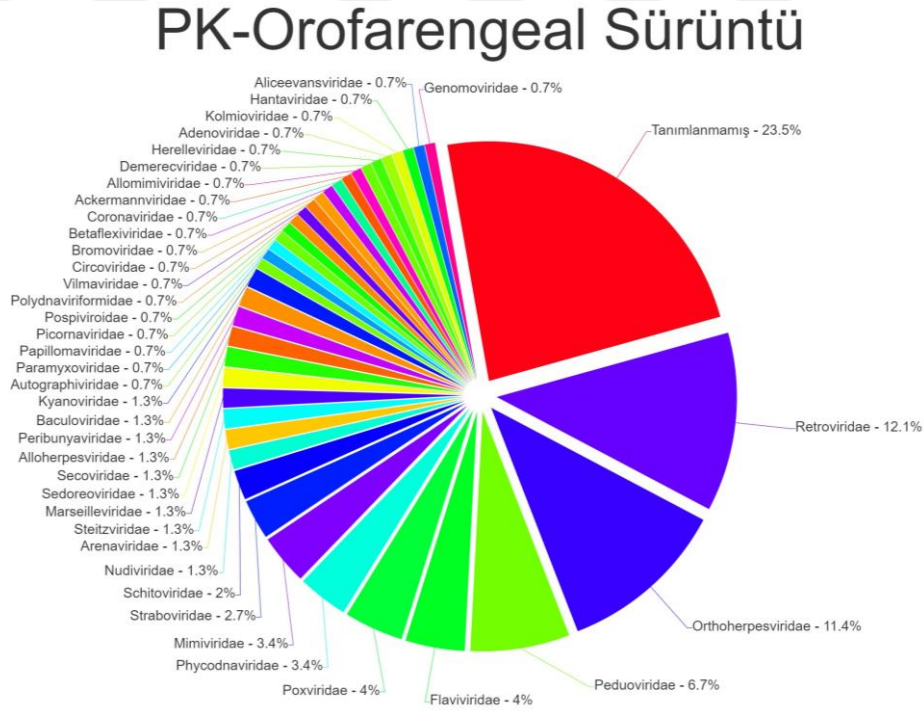
RF1.3 numaralı örnekte 17, RF2.3 numaralı örnekte 23 ve RF3.3 numaralı örnekte 14 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır. *Rhinolophus ferrumequinum* türü yarasanın dışkı örnekleri arasında en fazla viral aile çeşitliliğine sahip coğrafi bölge Akdeniz Bölgesi'dir.

Rhinolophus ferrumequinum yarasa türüne ait örneklerden toplam 29 DNA ve 20 RNA virüsü eşleşmesi alınmıştır.

6.1.4. ÖRNEK TİPİNE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ

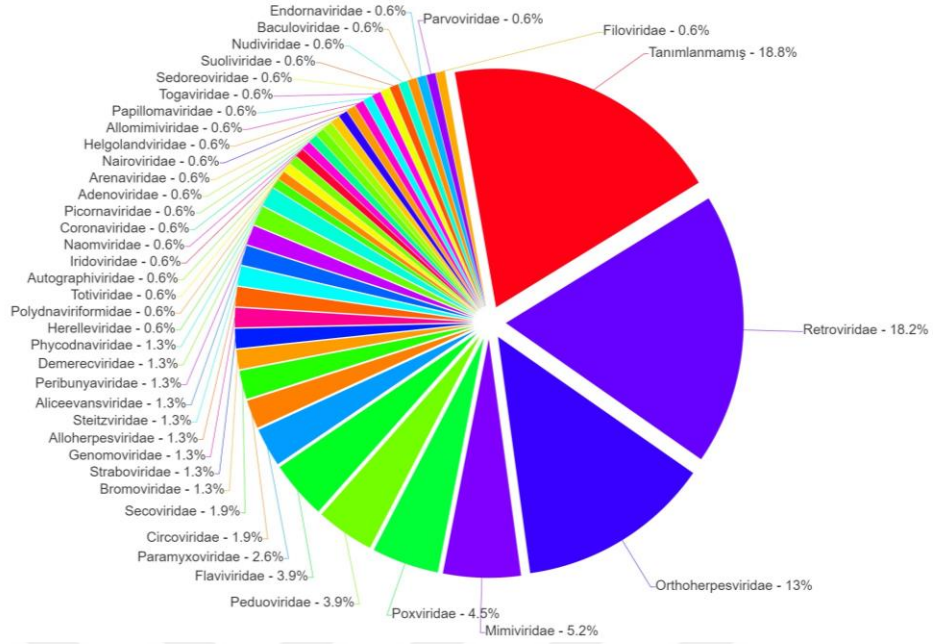
6.1.4.1. Orofarengeal Sürüntü Havuzları

Her bir yarasa türünden alınan tüm orofarengeal sürüntü verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü orofarengeal sürüntü viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.



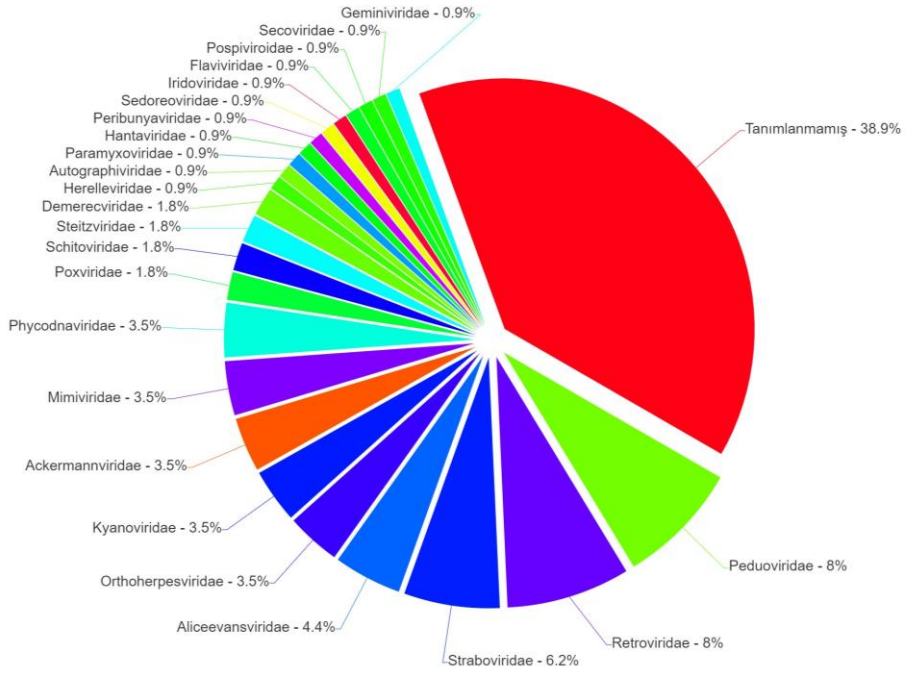
Şekil 6.40. *Pipistrellus kuhlii* Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği

PP-Orofarengeal Sürüntü



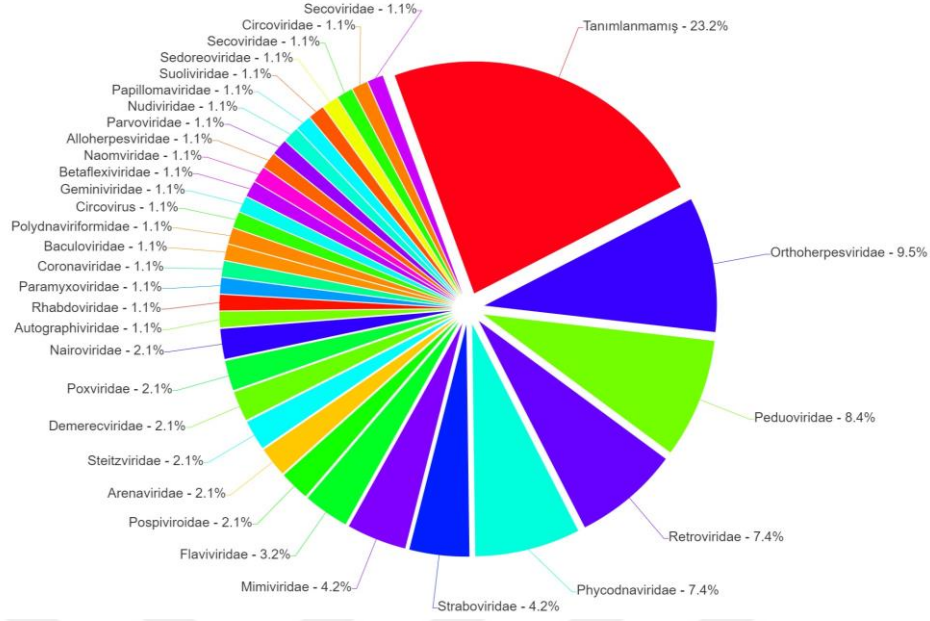
Şekil 6.41. *Pipistrellus pipistrellus* Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği

RA-Orofarengeal Sürüntü



Şekil 6.42. *Rousettus aegyptiacus* Orofarengeal Sürüntü Viral Aile Grafiği

RF-Orofarengial Sürüntü



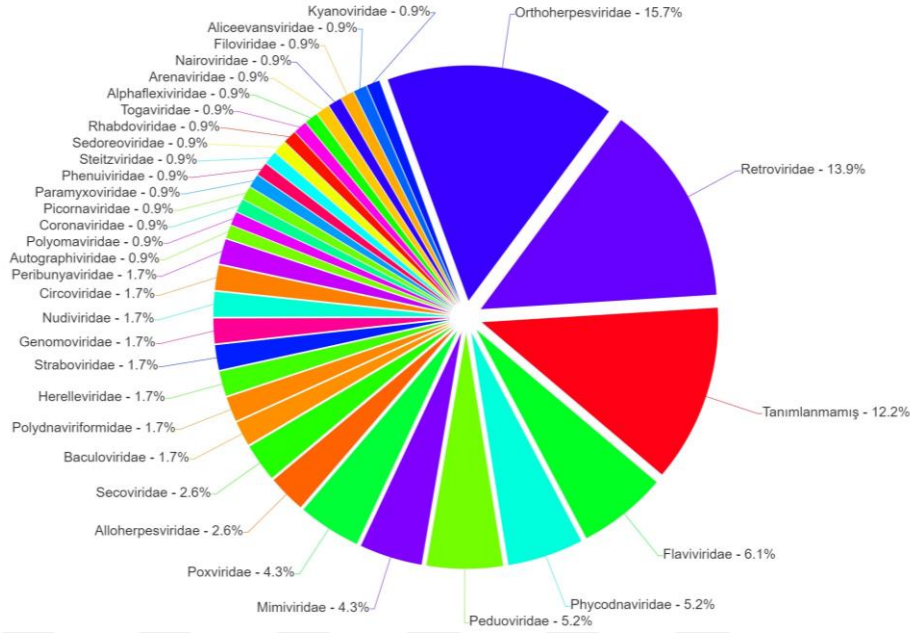
Şekil 6.43. *Rhinolophus ferrumequinum* Orofarengial Sürüntü Viral Aile Grafiği

Tüm coğrafi bölgelerden orofarengial sürüntü örnekleri birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Peduoviridae*, *Flaviviridae* ve *Poxviridae* virus aileleri başta gelmek üzere 39, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Mimiviridae*, *Poxviridae*, *Pedooviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 40, *Rousettus aegyptiacus* yarasa türünde *Peduoviridae*, *Retroviridae*, *Straboviridae* ve *Aliceevansviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 24 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Orthoherpesviridae*, *Peduoviridae*, *Retroviridae*, *Phycodnaviridae*, *Straboviridae* ve *Mimiviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 32 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

6.1.4.2. Rektal Sürüntü Havuzları

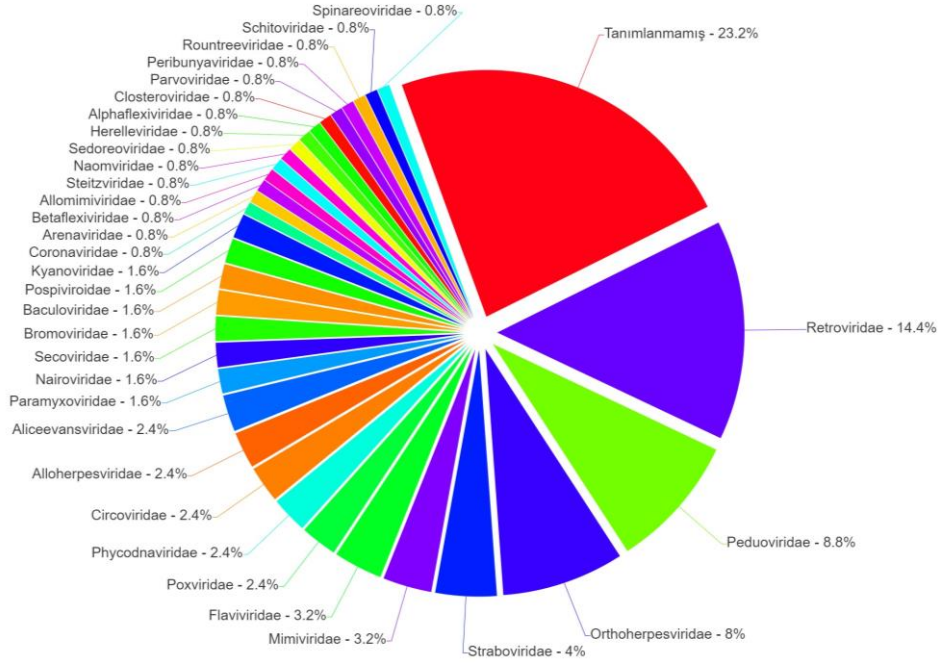
Her bir yarasa türünden alınan tüm rektal sürüntü verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü rektal sürüntü viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.

PK-Rektal Sürüntü



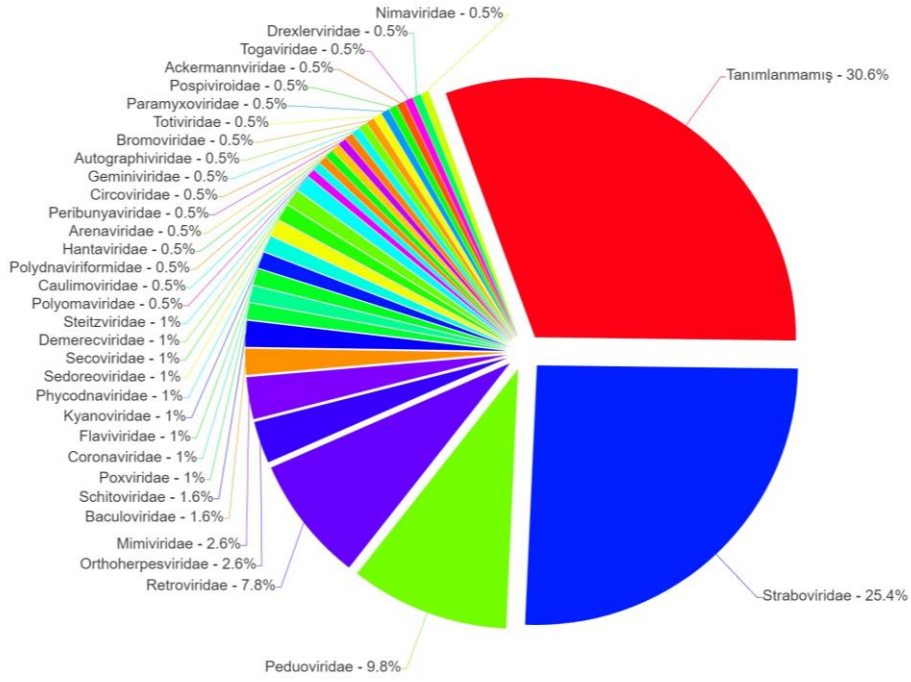
Şekil 6.44. *Pipistrellus kuhlii* Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği

PP-Rektal Sürüntü



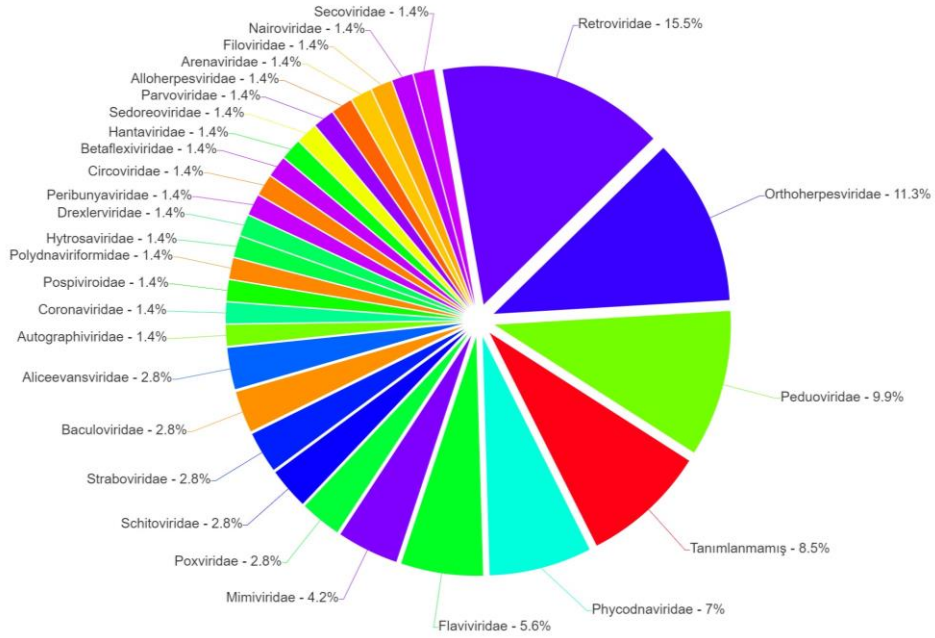
Şekil 6.45. *Pipistrellus pipistrellus* Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği

RA-Rektal Sürüntü



Şekil 6.46. *Rousettus aegyptiacus* Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği

RF-Rektal Sürüntü

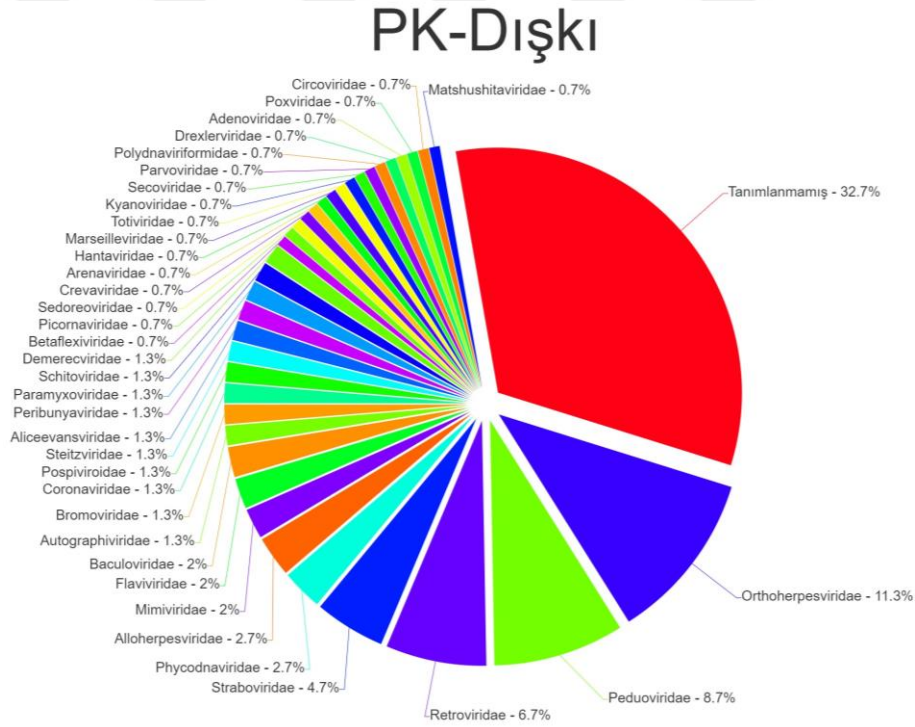


Şekil 6.47. *Rhinolophus ferrumequinum* Rektal Sürüntü Viral Aile Grafiği

Tüm coğrafi bölgelerden rektal sürüntü örnekleri birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarasa türünde *Orthoherpesviridae*, *Retroviridae*, *Flaviviridae*, *Peduoviridae* ve *Phycodnaviridae* virus aileleri başta gelmek üzere 33, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Peduoviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Straboviridae*, *Mimiviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 33, *Rousettus aegyptiacus* yarasa türünde *Straboviridae* ve *Retroviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 33 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Peduoviridae*, *Phycodnaviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 28 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

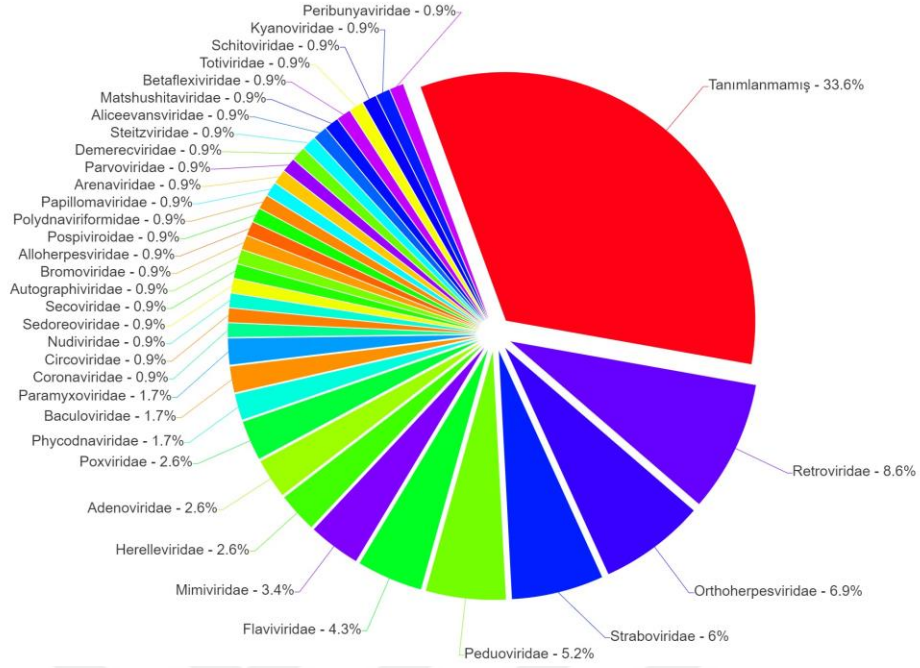
6.1.4.3. Dışkı Havuzları

Her bir yarasa türünden alınan tüm dışkı verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü rektal sürüntü viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.



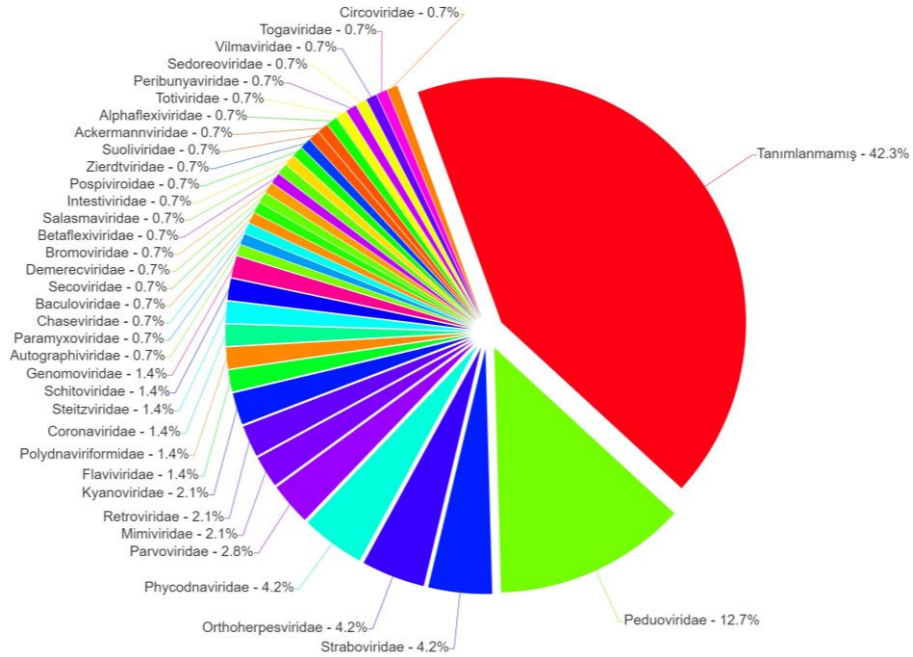
Şekil 6.48. *Pipistrellus kuhlii* Dışkı Viral Aile Grafiği

PP-Dışkı



Şekil 6.49. *Pipistrellus pipistrellus* Dışkı Viral Aile Grafiği

RF-Dışkı

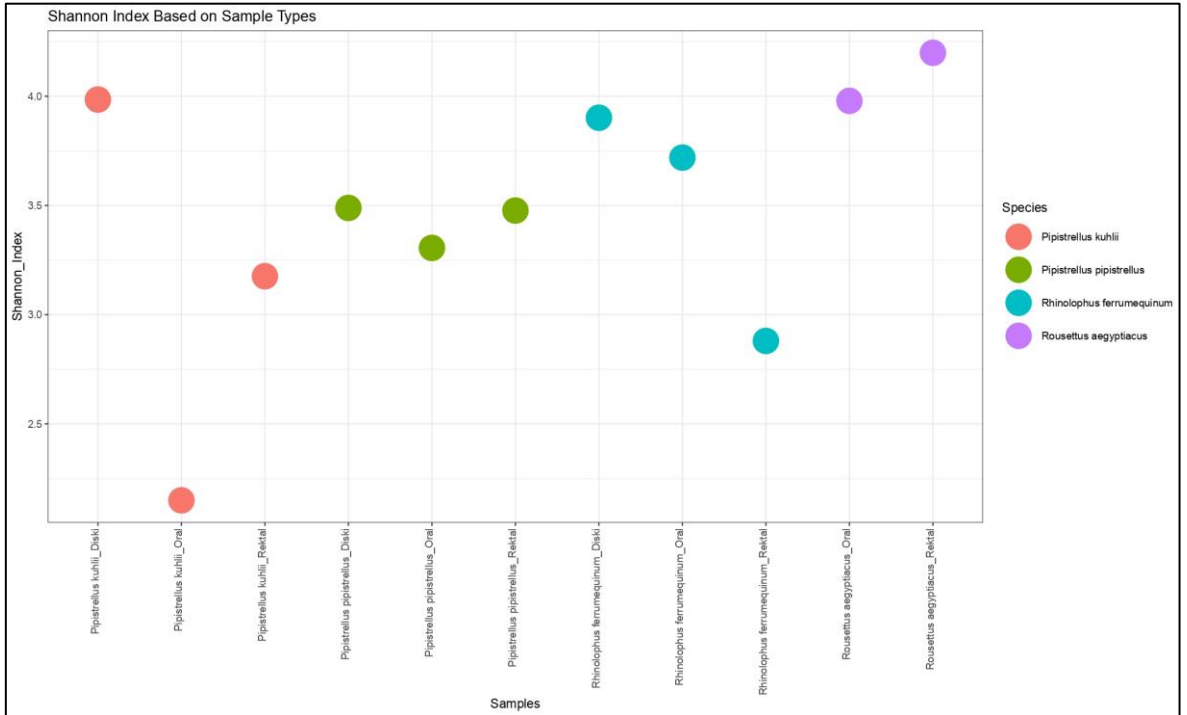


Şekil 6.50. *Rhinolophus ferrumequinum* Dışkı Viral Aile Grafiği

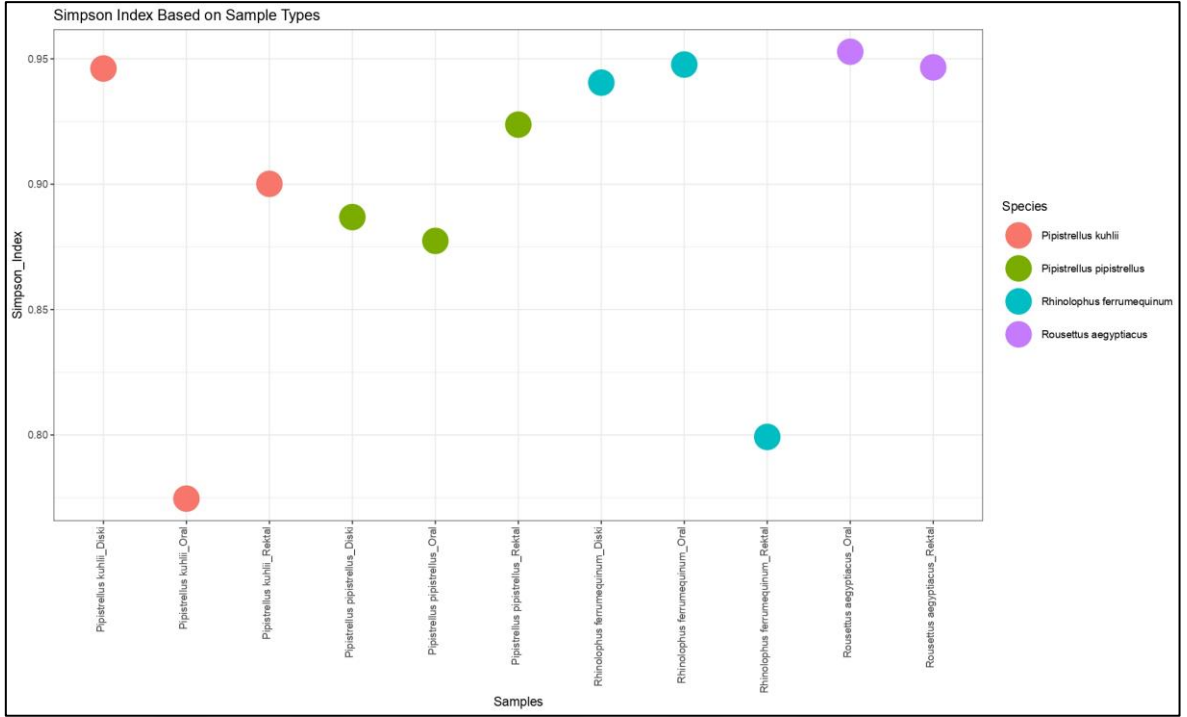
Tüm coğrafi bölgelerden dışkı sürüntü örnekleri birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarası türünde *Orthoherpesviridae*, *Peduoviridae*, *Retroviridae* ve *Straboviridae* virus aileleri

başta gelmek üzere 36, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Straboviridae*, *Peduviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 34 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Peduviridae*, *Straboviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Phycodnaviridae* ve *Parvoviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 35 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

Örnek tipine göre Shannon Endeksi ve Simpson Endeksi analiz sonuçları sırasıyla Şekil 6.51. ve Şekil 6.52.'de verilmiştir.



Şekil 6.51. Örnek Tipine Göre Shannon Endeksi Analizi



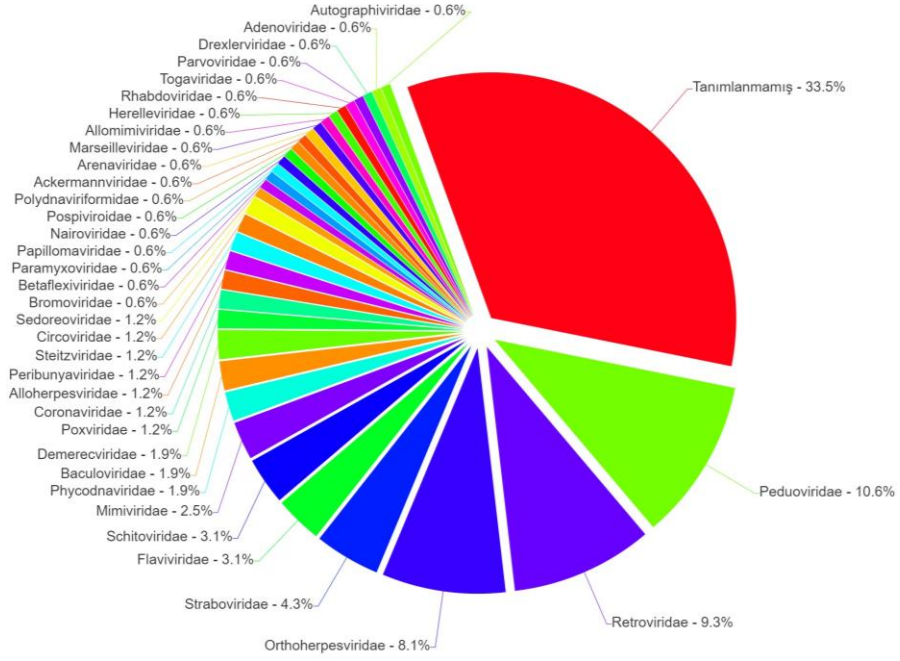
Şekil 6.52. Örnek Tipine Göre Simpson Endeksi Analizi

6.1.5. COĞRAFİ BÖLGEYE GÖRE VİRAL AİLE ÇEŞİTLİLİĞİ

6.1.5.1. Akdeniz Bölgesi

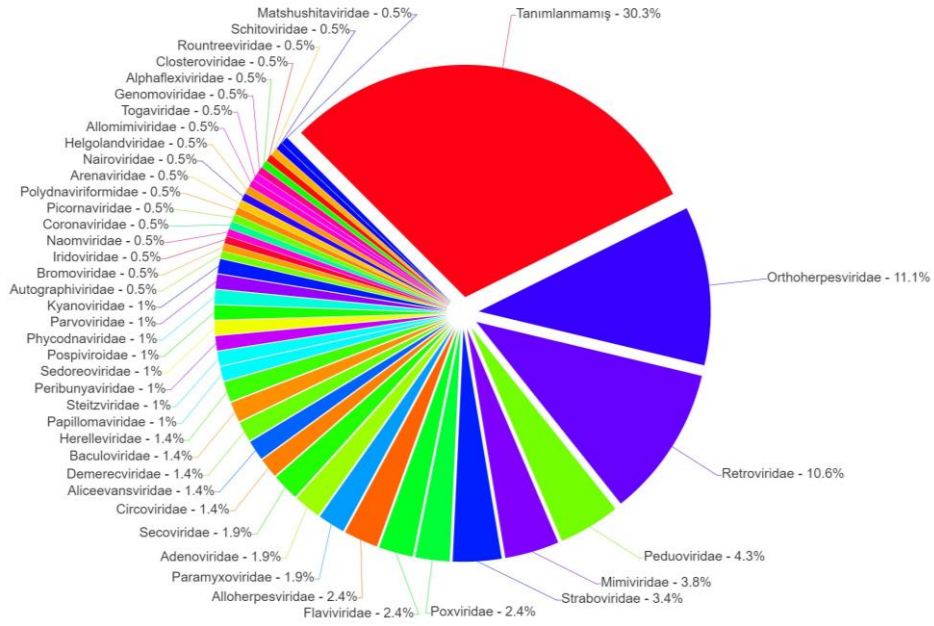
Her bir yarasa türünden alınan tüm orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü Akdeniz Bölgesi özelinde viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.

PK-Akdeniz



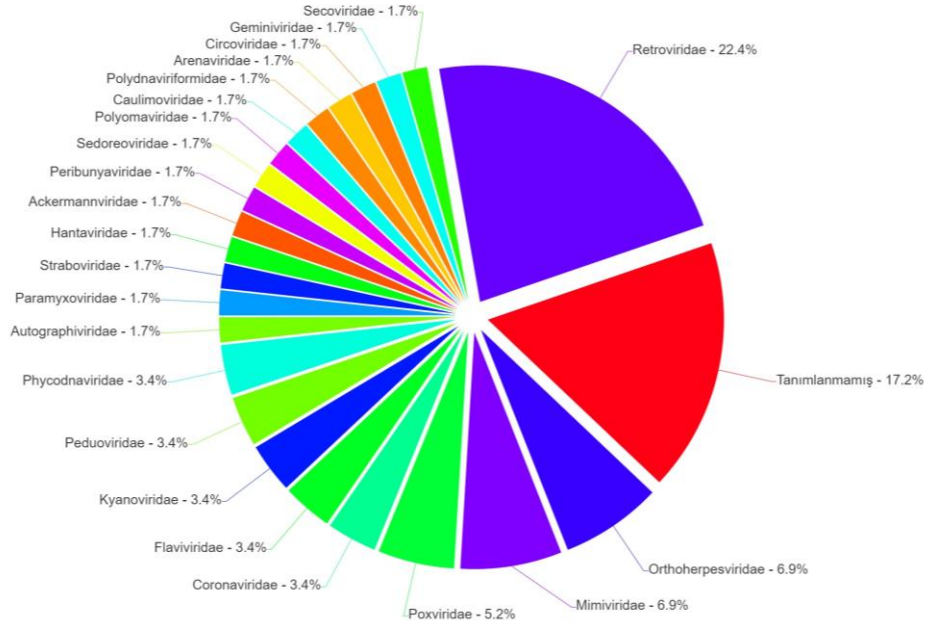
Şekil 6.53. *Pipistrellus kuhlii* Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği

PP-Akdeniz



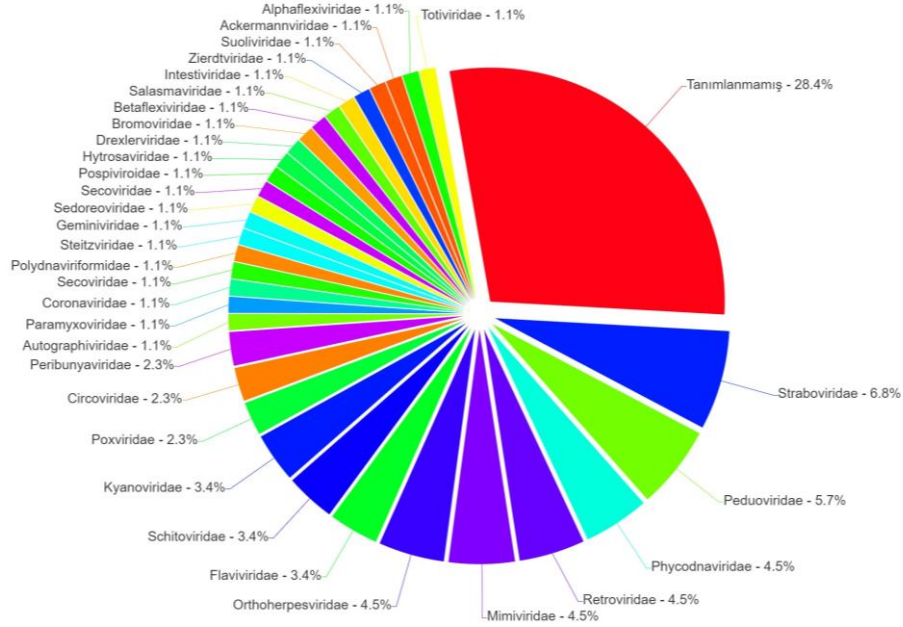
Şekil 6.54. *Pipistrellus pipistrellus* Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği

RA-Akdeniz



Şekil 6.55. *Rousettus aegyptiacus* Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği

RF-Akdeniz



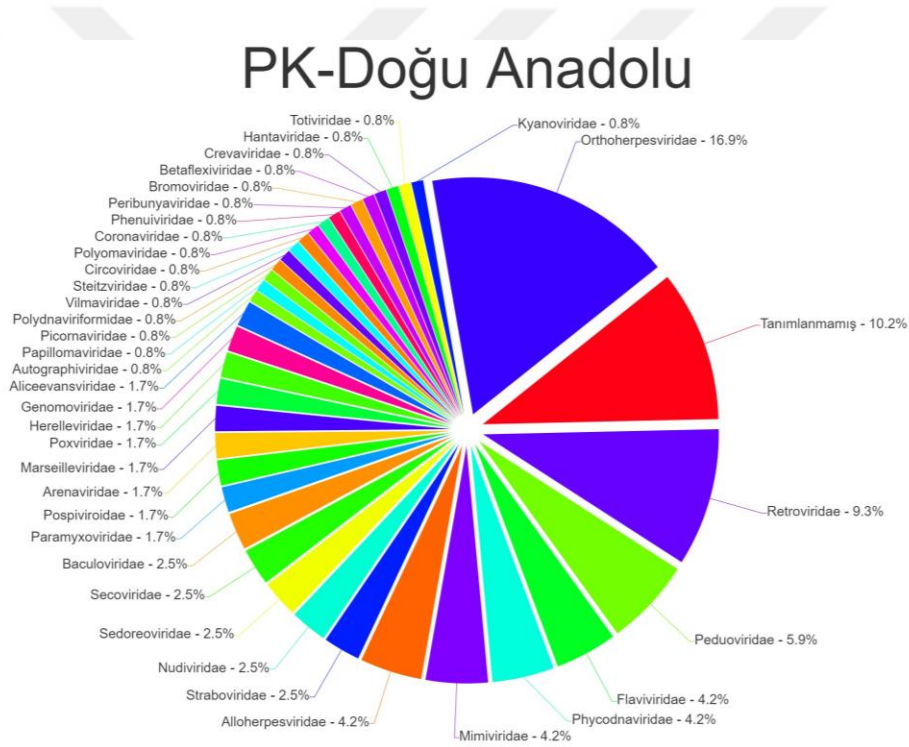
Şekil 6.56. *Rhinolophus ferrumequinum* Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği

Her bir yarasa spesifikliğinde Akdeniz bölgesinden toplanan tüm örnekler birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarasa türünde *Peduoviridae*, *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae* ve *Straboviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 35, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde

Orthoherpesviridae, *Retroviridae*, *Pedoviridae* ve *Mimiviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 42, *Rousettus aegyptiacus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Mimiviridae* ve *Poxviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 23 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Straboviridae*, *Pedoviridae*, *Phycodnaviridae*, *Retroviridae*, *Mimiviridae* ve *Orthoherpesviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 33 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

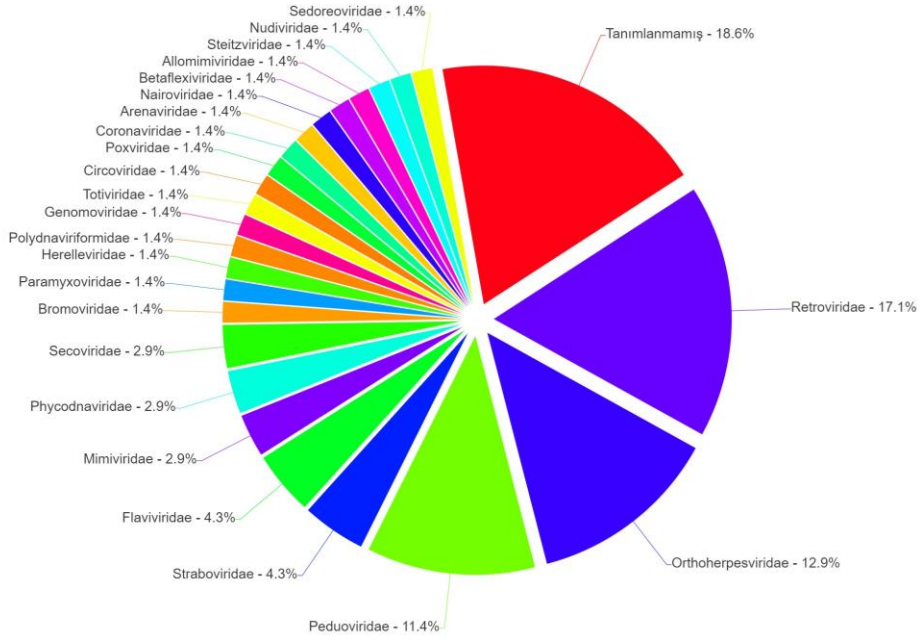
6.1.5.2. Doğu Anadolu Bölgesi

Her bir yarasa türünden alınan tüm orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü Doğu Anadolu Bölgesi özelinde viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.



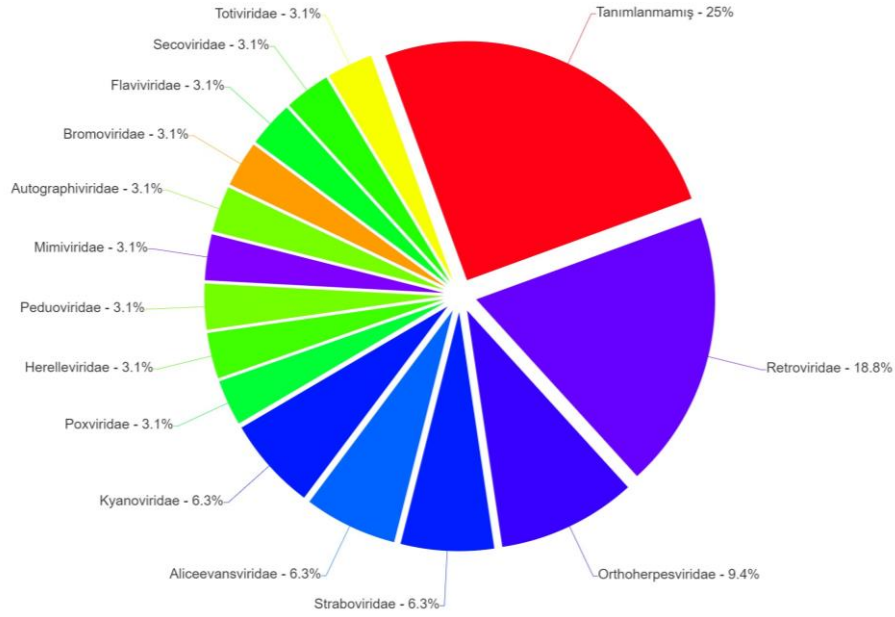
Şekil 6.57. *Pipistrellus kuhlii* Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği

PP-Doğu Anadolu



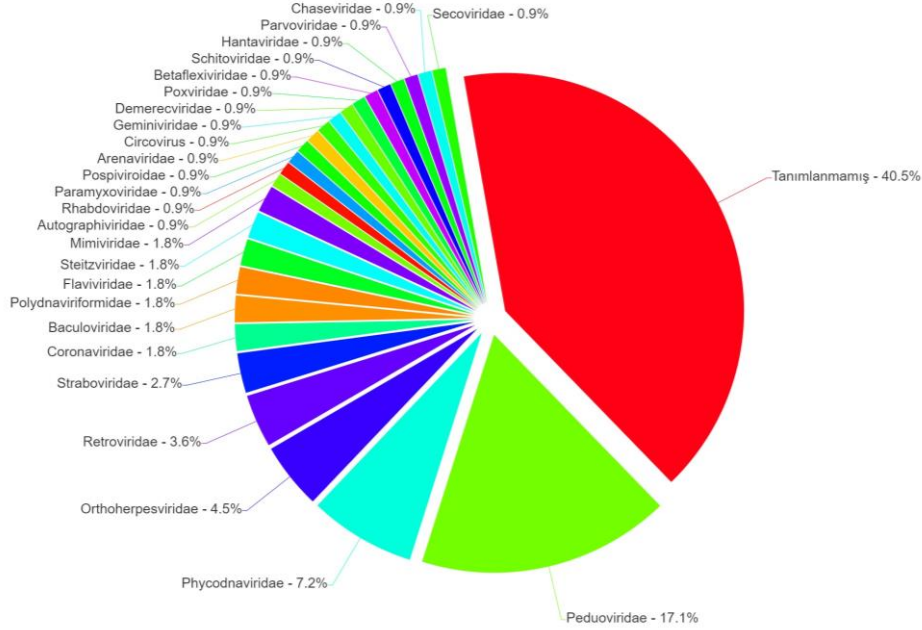
Şekil 6.58. *Pipistrellus pipistrellus* Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği

RA-Doğu Akdeniz



Şekil 6.59. *Rousettus aegyptiacus* Doğu Akdeniz Bölgesi Viral Aile Grafiği

RF-Doğu Anadolu



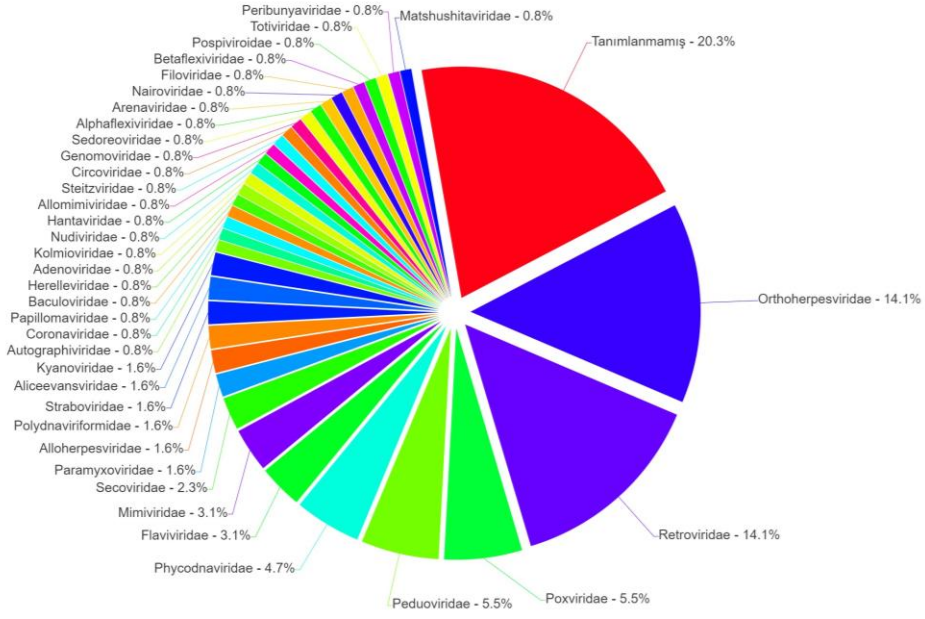
Şekil 6.60. *Rhinolophus ferrumequinum* Doğu Anadolu Bölgesi Viral Aile Grafiği

Her bir yarasa spesifiğinde Doğu Anadolu bölgesinden toplanan tüm örnekler birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarasa türünde *Orthoherpesviridae*, *Retroviridae*, *Peduoviridae*, *Flaviviridae*, *Phycodnaviridae*, *Mimiviridae* ve *Alloherpesviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 37, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Peduoviridae*, *Straboviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 24, *Rousettus aegyptiacus* yarasa türünde Doğu Akdeniz Bölgesinde *Retroviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Straboviridae*, *Aliceevansviridae* ve *Kyanoviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 14 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Peduoviridae*, *Phycodnaviridae*, *Orthoherpesviridae* ve *Retroviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 26 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

6.1.5.3. Ege Bölgesi

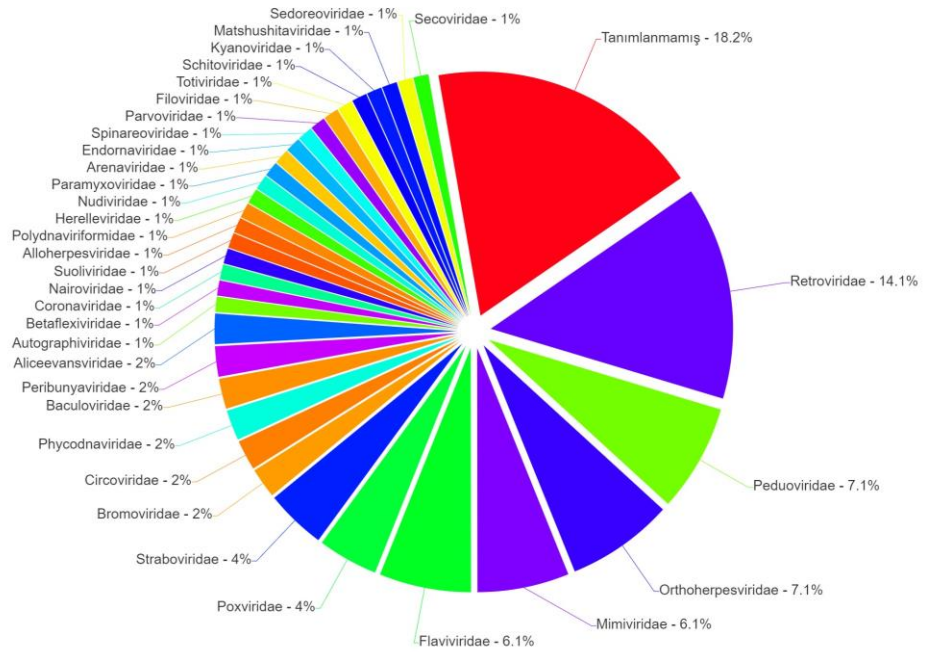
Her bir yarasa türünden alınan tüm orofarengeal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı verileri birleştirilmiş ve yarasalara özgü Ege Bölgesi özelinde viral aile çeşitlilik grafikleri verilmiştir.

PK-Ege



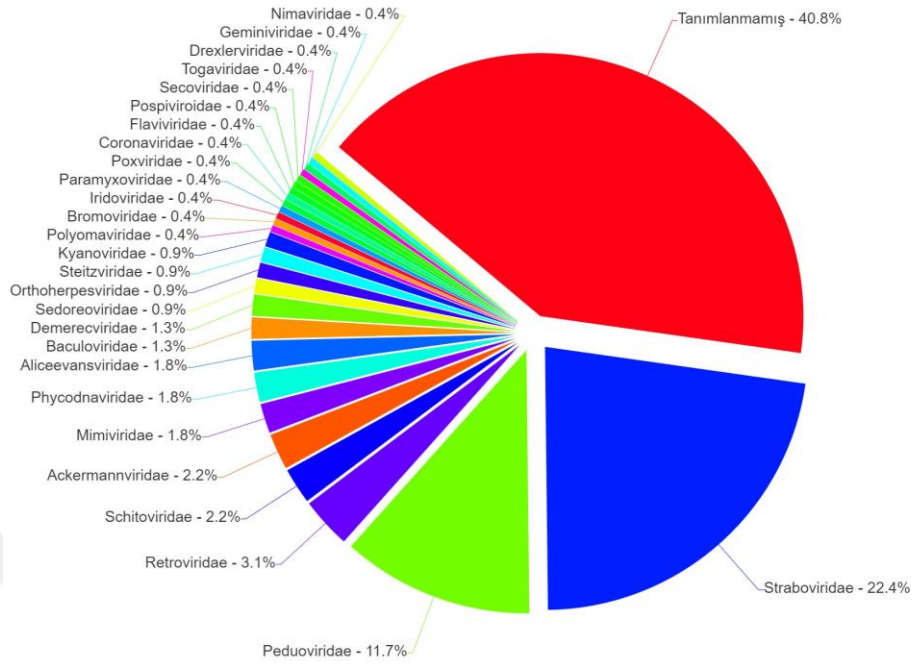
Şekil 6.61. *Pipistrellus kuhlii* Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği

PP-Ege



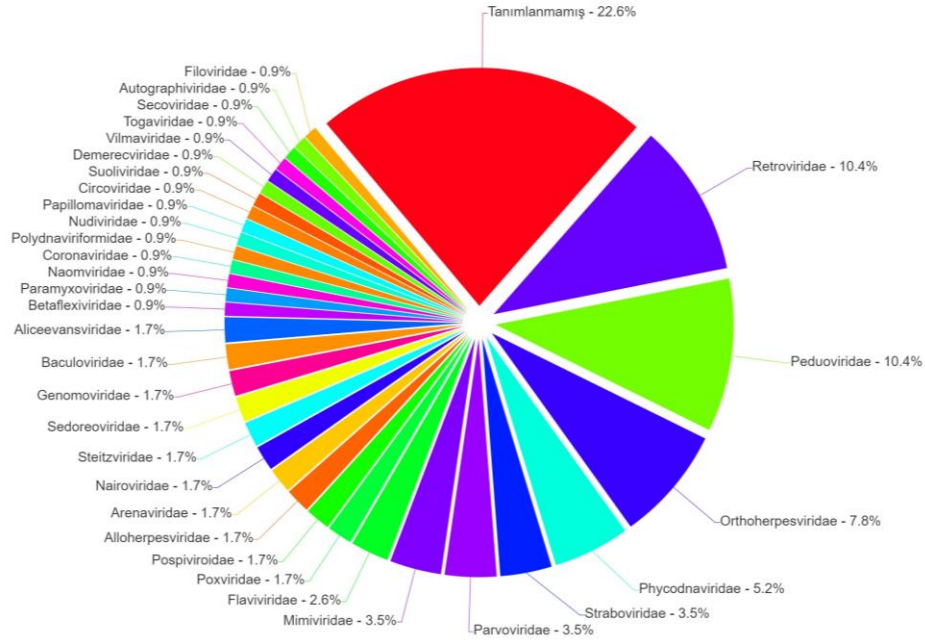
Şekil 6.62. *Pipistrellus pipistrellus* Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği

RA-Batı Akdeniz



Şekil 6.63. *Roussettus aegyptiacus* Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği

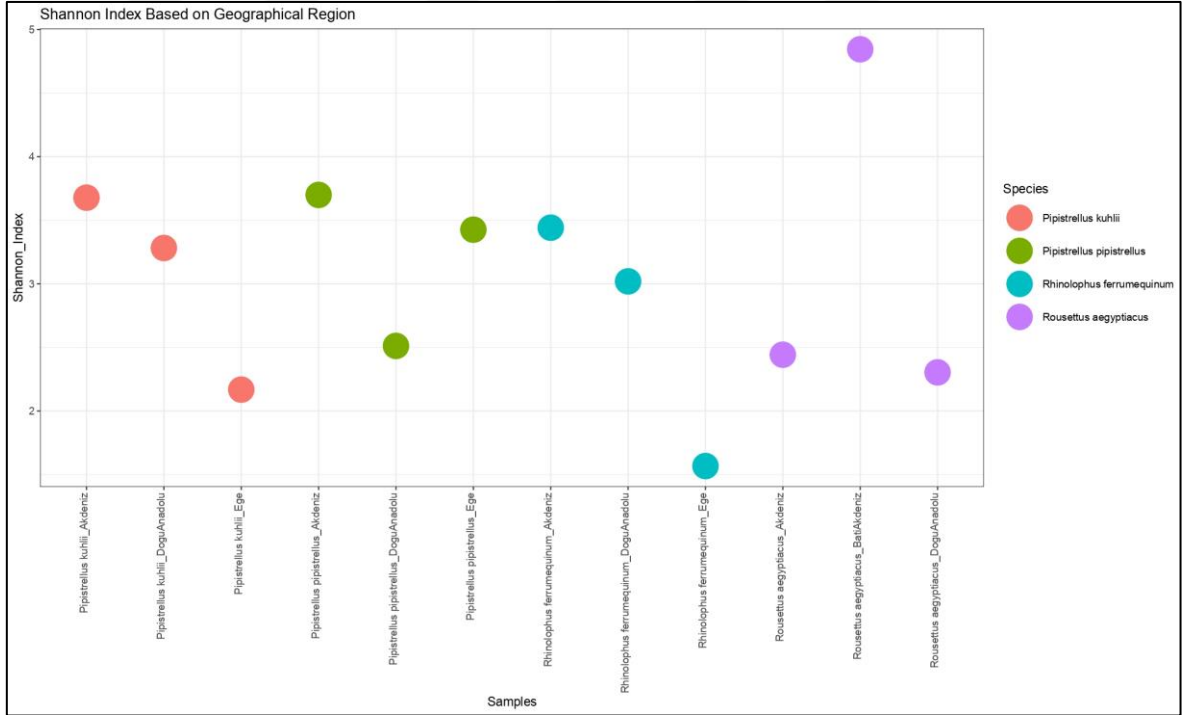
RF-Ege



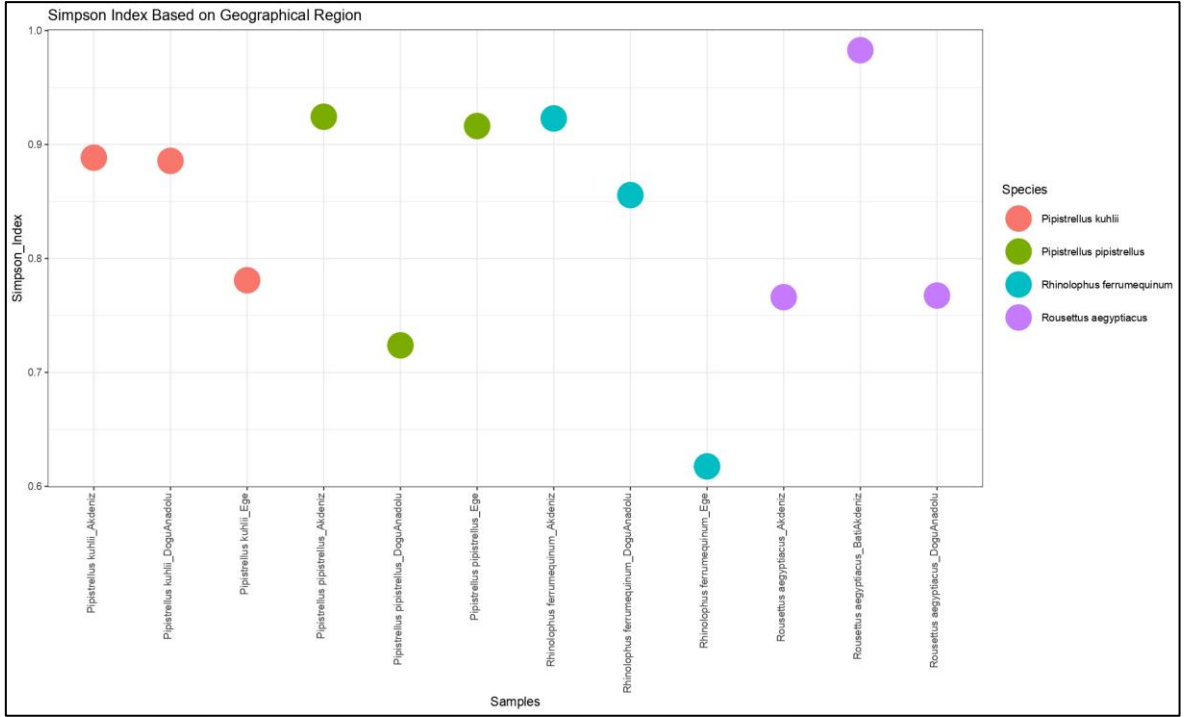
Şekil 6.64. *Rhinolophus ferrumequinum* Ege Bölgesi Viral Aile Grafiği

Her bir yarasa spesifiğinde Ege bölgesinden toplanan tüm örnekler birleştirildiğinde *Pipistrellus kuhlii* yarasa türünde *Orthoherpesviridae*, *Retroviridae*, *Poxviridae*, *Pedoviridae* ve *Phycodnaviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 37, *Pipistrellus pipistrellus* yarasa türünde *Retroviridae*, *Pedoviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Mimiviridae* ve *Flaviviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 34, *Rousettus aegyptiacus* yarasa türünde Batı Akdeniz Bölgesinde *Straboviridae*, *Pedoviridae*, *Retroviridae*, *Schitoviridae* ve *Ackermannviridae* viral aileleri başta gelmek üzere 27 ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türünde *Retroviridae*, *Pedoviridae*, *Orthoherpesviridae*, *Phycodnaviridae*, *Straboviridae*, *Parvoviridae* ve *Mimiviridae* başta gelmek üzere 33 farklı viral aile eşleşmesi alınmıştır.

Coğrafi bölgeye göre Shannon Endeksi ve Simpson Endeksi analiz sonuçları sırasıyla Şekil 6.65. ve Şekil 6.66.'da verilmiştir.



Şekil 6.65. Coğrafi Bölgeye Göre Shannon Endeksi Analizi



Şekil 6.66. Coğrafi Bölgeye Göre Simpson Endeksi Analizi

6.2. SONUÇ

Yarasalar ilkel bir evrimsel kökene sahip olan ve hayatta kalmak için kendilerine has çok çeşitli yöntemler benimsemiş uçabilen memelilerdir. Yarasa, çeşitli viral hastalıkların ortaya çıkışında önemli bir rol oynamaktadırlar ve çok sayıda virusa konaklık yapmaları nedeni ile ciddi bir çalışma konusu oluşturmaktadırlar. Konak immun yanıtının DNA ve RNA virüsleri tarafından kullanımı, yarasalarda diğer memelilerden farklı olarak viral enfeksiyonun etkisindeki farklılıkların anlaşılmasına yönelik bir başlangıçtır. Kuduz virüsü ve diğer lyssavirusların yarasalarda uzun süredir bilinen bir geçmişi vardır (16,51).

Yarasalar ayrıca SARS koronavirusu, MERS koronavirusu, Nipah virüsü, Hendra virüsü ve Ebola virüsleri ile Sosuga, Menangle ve Tioman gibi yeni ortaya çıkan pek çok zoonotik virüsün kaynağı olmaları nedeniyle de yeni konaklara bulaş açısından kapsamlı bir şekilde incelenmektedirler. Son araştırmalar, yarasaların birçok önemli RNA virüsü ailesi için birincil rezervuar olduğunu ve çiftlik hayvanları ve insanlara bulaş riskine neden olduklarını göstermektedir. Arazi kullanımının insan faaliyetleri nedeniyle değişmesi, insanlar ve çiftlik hayvanları ile bu memeli grubunun etkileşimini artırmaktadır (16).

Bu tez çalışmasında, TÜBİTAK 1001 projeleri kapsamında desteklenen 120O565 numaralı ve Türkiye’de İnsan İlişkisi Muhtemel Yarasa Türlerinde Virom Profiline Araştırılması başlıklı projeye dahil edilen *Pipistrellus kuhlii*, *Pipistrellus pipistrellus*, *Rousettus aegyptiacus* ve *Rhinolophus ferrumequinum* yarasa türlerinden elde edilen orofarengal sürüntü, rektal sürüntü ve dışkı örnekleri Türkiye’deki üç farklı coğrafi bölgeye göre sınıflandırılarak virom profili elde edilmiştir.

6.2.1. YARASA TÜRLERİ

Pipistrellus kuhlii türünün bütün verileri birleştirildiğinde 29 farklı DNA virusu ailesi ve 22 farklı RNA virusu ailesi eşleşmesi alınmıştır. Bu eşleşmelerin %12.3’ü *Orthoherpesviridae*, %9.4’ü *Retroviridae*, %6.1’i *Pedoviridae*, %3.6’sı *Flaviviridae* ve %3.2’si *Poxviridae* viral ailelerine aittir. Akdeniz Bölgesi’nde 35, Ege Bölgesi’nde 37 ve Doğu Anadolu Bölgesi’nde 37 farklı viral ailesi eşleşmesi alınmıştır. Örnek tipleri karşılaştırıldığında en çeşitli tip 39 farklı viral aile eşleşmesiyle orofarengal sürüntü örneği olup onu 36 eşleşmeyle dışkı ve 33 farklı viral aile eşleşmesiyle rektal sürüntü örneği takip etmektedir.

Pipistrellus pipistrellus türünün bütün verileri birleştirildiğinde 28 farklı DNA virusu ailesi ve 21 farklı RNA virusu ailesi eşleşmesi alınmıştır. Bu eşleşmelerin %11.2’si *Retroviridae*, %9.4’ü *Orthoherpesviridae*, %5.4’ü *Pedoviridae*, %3.6’sı *Mimiviridae* ve %3.6’sı *Straboviridae* viral ailelerine aittir. Akdeniz Bölgesi’nde 42, Ege Bölgesi’nde 34 ve Doğu Anadolu Bölgesi’nde 24 farklı viral ailesi eşleşmesi alınmıştır. Örnek tipleri karşılaştırıldığında en çeşitli tip 40 farklı viral aile eşleşmesiyle orofarengal sürüntü örneği olup onu 34 eşleşmeyle dışkı ve 33 farklı viral aile eşleşmesiyle rektal sürüntü örneği takip etmektedir.

Rousettus aegyptiacus türünün bütün verileri birleştirildiğinde 21 farklı DNA virusu ailesi ve 15 farklı RNA virusu ailesi eşleşmesi alınmıştır. Bu eşleşmelerin %18.5’si *Straboviridae*, %9.6’sı *Pedoviridae*, %7’si *Retroviridae*, %2.6’sı *Orthoherpesviridae* ve %2.6’sı *Mimiviridae* viral ailelerine aittir. Akdeniz Bölgesi’nde 23, Batı Akdeniz Bölgesi’nde 27 ve Doğu Akdeniz Bölgesi’nde 14 farklı viral ailesi eşleşmesi alınmıştır. Örnek tipleri karşılaştırıldığında en çeşitli tip 33 farklı viral aile eşleşmesiyle rektal sürüntü örneği olup onu 24 farklı viral aile eşleşmesiyle orofarengal sürüntü örneği takip etmektedir.

Rhinolophus ferrumequinum türünün bütün verileri birleştirildiğinde 29 farklı DNA virusu ailesi ve 20 farklı RNA virusu ailesi eşleşmesi alınmıştır. Bu eşleşmelerin %9.8'i *Pedoviridae*, %6.4'ü *Retroviridae*, %5.6'sı *Phycodnaviridae*, %5.6'sı *Orhoherpesviridae* ve %3.6'ü *Mimiviridae* viral ailelerine aittir. Akdeniz Bölgesi'nde 33, Ege Bölgesi'nde 33 ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde 26 farklı viral ailesi eşleşmesi alınmıştır. Örnek tipleri karşılaştırıldığında en çeşitli tip 35 farklı viral aile eşleşmesiyle dışkı örneği olup onu 32 eşleşmeyle orofarengal sürüntü ve 28 farklı viral aile eşleşmesiyle rektal sürüntü örneği takip etmektedir.

6.2.2. VİRAL ÇEŞİTLİLİK

Shannon endeksi, bir topluluğun hem zenginliğini (farklı türlerin sayısı) hem de eşitliğini (bireylerin bu türler arasındaki dağılımı) hesaba katan bir biyolojik çeşitlilik ölçüsüdür. Shannon endeksi ne kadar yüksek olursa, topluluktaki çeşitlilik de o kadar fazla olur. Simpson endeksi ise, bir topluluktaki türlerin baskınlığına daha fazla odaklanan başka bir biyolojik çeşitlilik ölçüsüdür. 0 ila 1 arasında değişir; 0, sonsuz çeşitliliği (tüm türler eşit miktarda bulunur) ve 1, çeşitliliğin olmadığını (yalnızca bir türün mevcut olduğunu) belirtir (51). *Pipistrellus kuhlii* türü özelinde, örnek tipleri Şekil 6.51. ve Şekil 6.52.'de gösterilen Shannon endeksi ve Simpson endeksi bazında incelendiğinde dışkı örneği diğer örneklere kıyasla daha fazla çeşitlilik göstermektedir ancak çeşitliliği domine eden tür eşleşmeleri görülmektedir, bunlar *Citrus exocortis Yucatan viroid*, *Desmodus rotundus endogenous retrovirus* ve *Squash mosaic virus* türleridir. Coğrafi bölge bazında Şekil 6.65. ve Şekil 6.66.'daki grafikler aracılığı ile aynı değerlendirme yapıldığında ise Akdeniz bölgesinde çeşitlilik daha çok görülmekte ve *Lyssavirus rabies*, *Rotavirus C* ve *Tadarida brasiliensis circovirus 1* türlerine ait eşleşmeler çeşitliliği domine etmektedir. *Pipistrellus pipistrellus* türünde ise rektal sürüntü ve dışkı örnekleri Shannon endeksine göre çeşitlilik bakımından birbirlerine çok yakından Simpson endekse göre rektal sürüntü örneğini domine eden tür eşleşmeleri mevcuttur, bunlar *BeAn 58058 virus* ve *Squash mosaic virus* eşleşmeleridir. Akdeniz bölgesinde çeşitlilik daha çok görülmekte ve *BeAn 58058 virus*, *Citrus exocortis Yucatan viroid*, *Escherichia phage ev017*, *Human gammaherpesvirus 4* ve *Squash mosaic virus* türlerine ait eşleşmeler çeşitliliği domine etmektedir. *Rhinolophus ferrumequinum* türünde dışkı örneğinden elde edilen eşleşmeler daha fazla çeşitlilik göstermiş olup eşleşmelerin çoğu *Citrus exocortis Yucatan viroid*, *Enzootic nasal tumour virus of goats* ve

Squash mosaic virus türlerinden gelmektedir. Coğrafi bölgeler karşılaştırıldığında Akdeniz bölgesinde çeşitlilik daha fazla olup *Citrus exocortis Yucatan viroid*, *Enzootic nasal tumour virus of goats*, *Rotavirus C* ve *Squash mosaic virus* türleri çeşitliliği domine etmektedir. Son olarak *Rousettus aegyptiacus* türüne ait veriler Şekil 6.51., Şekil 6.52., Şekil 6.65. ve Şekil 6.66.'da gösterilen analiz sonuçlarına göre değerlendirildiğinde rektal sürüntü örneği Shannon endekse göre daha fazla çeşitlilik göstermekte ve *Rotavirus C* ile *Squash mosaic virus* türlerine ait eşleşmeler çoğunluktadır. Batı Akdeniz bölgesi çeşitlilik bakımından öne çıkmakta ve *Citrus exocortis Yucatan viroid*, *Escherichia phage D6* ve *Rotavirus C* türlerine ait eşleşmeler ağırlık göstermektedir.

6.2.3. VİRAL AİLELER

Bu çalışma, yarasaların zoonotik potansiyele sahip viruslar da dahil olmak üzere birçok farklı virusun doğal rezervuarı olduğuna dair önceki bulguları desteklemektedir. Bu tez çalışmasında *Orthoherpesviridae*, *Retroviridae*, *Flaviviridae*, *Poxviridae*, *Pedoviridae*, *Mimiviridae*, *Straboviridae* ve *Phycodnaviridae* başta olmak üzere virus aileleri tespit edilmiştir. Literatürden elde edilen yarasa virom çalışmaları verileri ile karşılaştırıldığında bu tez çalışması sonuçlarında da *Herpesviridae*, *Coronaviridae*, *Poxviridae*, *Picornaviridae*, *Retroviridae*, *Flaviviridae* ve *Parvoviridae* başta olmak üzere memeli virus aileleri (52); *Iridoviridae* ve *Polydnaviridae* başta olmak üzere böcek virus aileleri (53) ve *Totiviridae* ve *Phycodnaviridae* başta olmak üzere bitki virus ailelerine (54) ait eşleşmeler alınmıştır. Ayrıca bu tez çalışmasında zoonotik potansiyeli olan üyelere sahip olan *Herpesviridae*, *Flaviviridae*, *Paramyxoviridae*, *Poxviridae* ve *Retroviridae* familyalarından virüslere ait kontigler oluşturulmuş ve BLAST eşleşmesi alınmıştır.

Dış bulaşıcı ajanlar olarak sınıflandırılan retroviruslar, omurgalılarda oldukça yaygındır (55). Hatta germ hattı boyunca gerçekleşen enfeksiyonlar sonucu oluşan endojen proviruslar, Mendel genetiği kurallarına uygun bir şekilde gelecek nesillere aktarılmaktadır ve bunlar genellikle endojen retroviruslar (ERV'ler) olarak bilinmektedirler. ERV'ler omurgalı genomlarının yaklaşık %10'unu oluşturmaktadır (56). Virüsler, endojen retroviruslar da dahil olmak üzere, insanları, bitkileri, hayvanları, mikroskopik ökaryotları ve bakteriyel virüsler olan fajları da dahil eden geniş bir çeşitlilik göstermektedir (57).

Flaviviridae viral ailesi pozitif-duyarlı RNA virusları olup çoğunluğu memelileri ve kuşları hedef almaktadır, birçoğu ise konakçıya özgüdür (58). Memeliler arasında yarasalar, filaviviruslar da dahil olmak üzere birçok zoonotik viruslar açısından zenginlik göstermektedir. Omurgalılara spesifik flaviviruslar genellikle bilinmeyen vektör (no-known-vector; NKV) flaviviruslar olarak tanımlanmakta ve yarasalar ve kemirgenlerle ilişkili olarak sınıflandırılmaktadır (59).

Poxviruslar, *Poxviridae* viral ailesine mensup DNA viruslarıdır ve geniş ölçekte omurgalıları enfekte etmektedirler, birçoğu insanlarda zoonotik hastalıklara neden olmaktadır. Poxviruslar konakçı genetik materyalini kendi genomlarına entegre ederek konakçının immün sisteminde hasara neden olurlar ancak yarasalar ve poxviruslar transpoze edilebilir elementlerin diğer türlere yatay transferini kolaylaştırıcı rol de oynamaktadırlar (60). *Orthoherpesviridae* viral ailesi de DNA virus ailesidir ve genelde konakçı ile birlikte evrimleşmektedirler. Konakçıya yüksek derecede adapte olan bu virus ailesi, çoğunlukla memelilerle, kuşlarla ve sürüngenlerle ilişkilidirler (61).

Straboviridae ve *Peduviridae* viral aileleri bakteri fajları olarak sınıflandırılmakta ve Gram-negatif bakterileri doğal konakçı olarak kullanmaktadırlar (62,63). *Mimiviridae* viral ailesi ise DNA virusu olmakla birlikte sucül ökaryotları, amoeba ve diğer protistleri konakçı olarak kullanmaktadır (64).

6.2.4. SONUÇLARIN DEĞERLENDİRİLMESİ

Viral çalışmalarda, virusların gösterdikleri farklı doku tropizmleri ve viral bulaş yolları örnekleme stratejisini belirleyen faktörlerdir. Yarasaların orofarengal sürüntü örnekleri ağız veya burun salgıları yoluyla saçılan viruslar açısından bilgi sağlarken, bu yolla saçılmayan veya başka bir saçılım rotası izleyen viruslar açısından virom bilgisinin kısıtlanmasına neden olabilir. Benzer şekilde, sadece dışkıdan yapılacak örneklemeler ise besin kaynaklı çok çeşitli viruslarla birlikte yarasaların sindirim sistemi yoluyla atılan ancak yarasaları enfekte etmeyen çok çeşitli virusları karakterize edebilir (53,65,66). Örneğin sinir dokusuna tropizm gösteren kuduz virusu için, kuduz şüpheli memelilerin beyinlerinden yapılacak örneklemelerde kuduz virusunun FAT (Floresan Antikor Tekniği) ile araştırılması altın standart yöntem olarak kabul edilmektedir (67). Bununla birlikte, bu tez çalışmasında 1200565 numaralı TÜBİTAK 1001 projesi kapsamında Ankara Üniversitesi Rektörlüğü

Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'nun 25/11/2020 tarihli 2020-18-157 numaralı Etik Kurul Kararı ile Tarım ve Orman Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nün E-21264211-288.04-3448097 sayılı Araştırma İzni kapsamında, projeye konu olan yarasalar türlerinden viral metagenomik profillemeye için orofarengeal ve rektal sürüntü örnekleri ile dışkı örneklerinin alınması onaylanmıştır. Projede tüm Türkiye'de insanla temas olasılığı yüksek olan *Rousettus aegyptiacus*, *Rhinolophus ferrumequinum*, *Pipistrellus pipistrellus* ve *Pipistrellus kuhlii* yarasalar türlerinden fazla sayıda örnekleme yapılacak olmasının planlanması sebebiyle ekolojik yönden çok önemli katkıları olan ve uzun bir hayat süresine sahip bu canlıların, hem proje kapsamında planlanmış olan yüksek sayıda örnekleme yapılması hem de metagenomik yöntemlerle daha detaylı incelenebilecek olması sebepleriyle ötenazi uygulanıp öldürülerek dokularının virus tutulumu açısından incelenmesi yerine viral metagenomik yöntemlerle virom profillerinin araştırılması tercih edilmiştir ve çalışma izinleri bu yönde alınmıştır. Günümüzde iklim değişikliği, kentleşme ve endüstriyel ve tarımsal ilerlemeler dünya çapında yarasalar popülasyonlarını büyük ölçüde etkilemiş durumdadır (68). Kentleşme sonucu insanlar yarasalar yaşam alanlarına daha çok girmeye başladıkça insanlara ve hayvanlara virusların yayılma olasılığı da artmıştır. 106 yarasalar türü IUCN'nin (Uluslararası Doğayı Koruma Birliği) kırmızı listesinde nesli tehlike altında olarak ve 110 yarasalar türü ise tehdit altında listelenmektedir. Herhangi bir potansiyel zoonotik riskten bağımsız olarak yarasalar sayısını artırma çabalarına öncelik verilmesi ve bu farklı canlı grubunun korunması, yarasaların sadece ekosisteme sağladığı faydalar açısından değil aynı zamanda viral biyolojik çeşitlilik ile evrim konusundaki anlayışımızı geliştirmek ve memeli immünolojisinin daha iyi anlaşılabilmesi açısından da önemlidir (69).

Yarasalar, zoonotik patojenlerin doğal rezervuarları olarak giderek daha fazla tanınmaktadır. Güncel olarak yarasalarla ilişkilendirilen 60 viral türden 59'u insanları da enfekte etme önemli rol oynayan RNA viruslarıdır (70). Örneklerin işlenmesinde filtrasyon, ribozomal RNA uzaklaştırılması, Dnaz uygulaması gibi RNA viruslarının zenginleştirilmesi sağlanabilmekte ve viral metagenomik çalışmalarda zoonotik RNA virusu tespiti artırılabilir (71,72). Ham verilerde sıklıkla karşılaşılan ve en uzun kontiglerin olduğu yarasalar genomlarının eliminasyonunda da yine izolasyon öncesi Dnaz uygulaması yapılması biyoinformatik analiz sürecini kolaylaştırıp çarpıtılan veri düzeyini düşürebilmektedir.

Shotgun dizileme yöntemi, bu çalışmada genetik materyalin tespit edilmesi için kullanılmıştır. Bu teknik, geniş bir genetik çeşitliliğin saptanmasını sağlamakla birlikte, veri setindeki karmaşıklığı artırmakta ve analiz sürecini zorlaştırmaktadır. Shotgun dizilemenin, kısmi veya eksik genomlar ve nadir virus türlerinin saptanmasındaki etkinliği, çalışmanın sonuçları üzerinde önemli bir rol oynamaktadır. Bu yöntemin, non-spesifik okumaları (reads) artırması, analiz sonuçlarının doğruluğu üzerinde etkili olabilir.

Bir zenginleştirme yöntemi olarak Tüm Genom Amplifikasyonu, amplifikasyon sırasında ortaya çıkan metagenomik profili çarpıtan sonuçlara neden olabilmektedir. Örneğin, amplifikasyon sırasında kimerik moleküller oluşabilmekte ve sonrasında *de novo* yapılandırma adımında karmaşaya neden olabilmektedir (73).

Bu çalışmada elde edilen verilerde, RNA viruslarına göre DNA viruslarının daha fazla bulunmasının olası nedenleri, çeşitli faktörlerden kaynaklanabilir. Bu durum, tez çalışmasına dahil edilen yarasalarda DNA viruslarının doğal olarak daha yaygın olması, kullanılan örnekleme ve dizileme yöntemlerinin DNA viruslarına karşı daha duyarlı olması veya RNA viruslarının daha hızlı mutasyona uğraması ve tanımlanmasının zor olması gibi nedenlere bağlı olabilir. Bu farklılığın arkasındaki biyolojik, metodolojik ve teknolojik nedenler, çalışmanın sonuçlarına doğrudan etki eden önemli faktörlerdir. Tez çalışmasında dizileme kütüphaneleri hazırlanırken kullanılan Illumina DNA Prep kiti tagmentasyon adımı sonrasında PZR amplifikasyon adımını içermektedir. Tagmentasyon adımı spesifik dizi motiflerini hedeflemekte ve PZR adımı ile birleştiğinde GC içeriğine göre dizi profili çarpıtılabilmektedir. Bunu önlemenin bir yolu PZR adımı içermeyen bir kütüphane kiti tercih etmektir (74).

Bu çalışmada kullanılmış olan virus veri tabanlarının yeterliliği, metagenomik analiz sonuçlarının doğruluğunu ve kapsamını önemli ölçüde etkilemektedir. Yarasa viromları üzerine yapılan bu analizde, genetik bilgileri içeren mevcut veri tabanlarının eksiklikleri ve güncel olmamaları, özellikle nadir veya yeni keşfedilen virus türlerinin doğru bir şekilde tanımlanmasını zorlaştırmaktadır. Bu, analizlerin doğruluğunu ve kapsamını etkileyen bir faktör olarak değerlendirilmelidir. Dolayısıyla, metagenomik çalışmaların başarısı, kullanılan veri tabanlarının güncelliği ve kapsamlılığı ile doğrudan ilişkilidir.

Son yıllarda gittikçe odak noktasına gelen yarasalar, antropojenik etkilerin de katkısıyla insan ve hayvan etkileşimini artırmaktadır. Potansiyel salgınların haritasını çıkarmak, önlem almak ve aksiyon planları çizmek için viral profileme bu memeli grubunda oldukça önemlidir. Bu tez çalışmasında, insanla temas etme olasılığı yüksek ve bu açıdan ilişkisi muhtemel olan dört yarasa türünün örnek tipi ve coğrafi bölge bazında viral metagenomik profileme akışı çalışılmıştır. Üç farklı nükleik izolasyon kiti kullanılarak bu çalışma için uygun akış optimize edilmiştir, pratik bir biyoinformatik iş akışı sunulmuştur. Bu araştırmanın sonuçları, biyoinformatik analizlerin önemini vurgulamaktadır. Virus veri tabanlarının yeterliliği, shotgun dizileme tekniklerinin doğası ve elde edilen veri setlerinin özellikleri, analiz sonuçlarının doğruluğu ve kapsamını etkileyen temel faktörler olarak öne çıkmaktadır. Bu çalışma, yarasa viromları üzerine yapılan metagenomik analizlerde bu faktörlerin dikkate alınmasının önemini göstermektedir. Bu sonuçlar, zoonotik virusların doğal rezervuarları olarak yarasaların rolünün daha iyi anlaşılmasına ve gelecekteki araştırmalar için yol gösterici olmasına katkıda bulunmaktadır.

KAYNAKLAR

1. Lei M, Dong D. Phylogenomic analyses of bat subordinal relationships based on transcriptome data. *Sci Rep*. 2016 Jun;6(1):27726.
2. Ge XY, Li JL, Yang XL, Chmura AA, Zhu G, Epstein JH, et al. Isolation and characterization of a bat SARS-like coronavirus that uses the ACE2 receptor. *Nature*. 2013 Nov;503(7477):535–8.
3. Halpin K, Young PL, Field HE, Mackenzie JS. Isolation of Hendra virus from pteropid bats: a natural reservoir of Hendra virus. *Journal of General Virology*. 2000 Aug 1;81(8):1927–32.
4. Leroy EM, Kumulungui B, Pourrut X, Rouquet P, Hassanin A, Yaba P, et al. Fruit bats as reservoirs of Ebola virus. *Nature*. 2005 Dec;438(7068):575–6.
5. Zhang G, Cowled C, Shi Z, Huang Z, Bishop-Lilly KA, Fang X, et al. Comparative Analysis of Bat Genomes Provides Insight into the Evolution of Flight and Immunity. *Science*. 2013 Jan 25;339(6118):456–60.
6. Sommers P, Chatterjee A, Varsani A, Trubl G. Integrating Viral Metagenomics into an Ecological Framework. *Annu Rev Virol*. 2021 Sep 29;8(1):133–58.
7. Paez-Espino D, Eloe-Fadrosh EA, Pavlopoulos GA, Thomas AD, Huntemann M, Mikhailova N, et al. Uncovering Earth’s virome. *Nature*. 2016 Aug 25;536(7617):425–30.
8. Makanya AN, Mortola JP. The structural design of the bat wing web and its possible role in gas exchange. *Journal of Anatomy*. 2007 Dec;211(6):687–97.
9. IUCN. *Craseonycteris thonglongyai*: Bates, P., Bumrungsri, S. & Francis, C.: The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T5481A22072935 [Internet]. International Union for Conservation of Nature; 2018 [cited 2023 Nov 12]. Available from: <https://www.iucnredlist.org/species/5481/22072935>
10. IUCN. *Acerodon jubatus*: Mildenstein, T. and Paguntalan, L.: The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T139A21988328 [Internet]. International Union for Conservation of Nature; 2016 [cited 2023 Nov 12]. Available from: <http://www.iucnredlist.org/details/139/0>
11. Hutcheon JM, Kirsch JAW. A moveable face: deconstructing the Microchiroptera and a new classification of extant bats. *Acta Chiropterologica*. 2006 Apr;8(1):1–10.
12. Eick GN, Jacobs DS, Matthee CA. A Nuclear DNA Phylogenetic Perspective on the Evolution of Echolocation and Historical Biogeography of Extant Bats (Chiroptera). *Molecular Biology and Evolution*. 2005 Sep 1;22(9):1869–86.

13. Teeling EC, Springer MS, Madsen O, Bates P, O'Brien SJ, Murphy WJ. A Molecular Phylogeny for Bats Illuminates Biogeography and the Fossil Record. *Science*. 2005 Jan 28;307(5709):580–4.
14. Sorn K. Phylogeny and Taxonomy of Bat. 2022;10(4):3.
15. Wynne JW, Wang LF. Bats and Viruses: Friend or Foe? Condit RC, editor. *PLoS Pathog*. 2013 Oct 31;9(10):e1003651.
16. Gupta P, Singh MP, Goyal K, Tripti P, Ansari MI, Obli Rajendran V, et al. Bats and viruses: a death-defying friendship. *VirusDis*. 2021 Sep;32(3):467–79.
17. Rodhain F. Chauves-souris et virus : des relations complexes. *Bull Soc Pathol Exot*. 2015 Oct;108(4):272–89.
18. Donaldson EF, Haskew AN, Gates JE, Huynh J, Moore CJ, Frieman MB. Metagenomic Analysis of the Viromes of Three North American Bat Species: Viral Diversity among Different Bat Species That Share a Common Habitat. *J Virol*. 2010 Dec 15;84(24):13004–18.
19. Baker ML, Schountz T, Wang LF. Antiviral Immune Responses of Bats: A Review: Antiviral Immune Responses of Bats. *Zoonoses and Public Health*. 2013 Feb;60(1):104–16.
20. Ng CT, Sullivan BM, Tejjaro JR, Lee AM, Welch M, Rice S, et al. Blockade of Interferon Beta, but Not Interferon Alpha, Signaling Controls Persistent Viral Infection. *Cell Host & Microbe*. 2015 May;17(5):653–61.
21. Schountz T, Baker ML, Butler J, Munster V. Immunological Control of Viral Infections in Bats and the Emergence of Viruses Highly Pathogenic to Humans. *Front Immunol*. 2017 Sep 11;8:1098.
22. Handelsman J, Rondon MR, Brady SF, Clardy J, Goodman RM. Molecular biological access to the chemistry of unknown soil microbes: a new frontier for natural products. *Chemistry & Biology*. 1998 Oct;5(10):R245–9.
23. Chen K, Pachter L. Bioinformatics for Whole-Genome Shotgun Sequencing of Microbial Communities. *PLoS Comp Biol*. 2005;1(2):e24.
24. Hugenholtz P, Goebel BM, Pace NR. Impact of Culture-Independent Studies on the Emerging Phylogenetic View of Bacterial Diversity. *J Bacteriol*. 1998 Sep 15;180(18):4765–74.
25. Woese CR, Kandler O, Wheelis ML. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proc Natl Acad Sci USA*. 1990 Jun;87(12):4576–9.
26. Hebert PDN, Ratnasingham S, de Waard JR. Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proc R Soc Lond B*

- [Internet]. 2003 Aug 7 [cited 2022 Dec 29];270(suppl_1). Available from: <https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rsbl.2003.0025>
27. Janda JM, Abbott SL. 16S rRNA Gene Sequencing for Bacterial Identification in the Diagnostic Laboratory: Pluses, Perils, and Pitfalls. *J Clin Microbiol*. 2007 Sep;45(9):2761–4.
 28. Sharpton TJ. An introduction to the analysis of shotgun metagenomic data. *Front Plant Sci* [Internet]. 2014 Jun 16 [cited 2023 Nov 16];5. Available from: <http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fpls.2014.00209/abstract>
 29. Vigil K, Aw TG. Comparison of de novo assembly using long-read shotgun metagenomic sequencing of viruses in fecal and serum samples from marine mammals. *Front Microbiol*. 2023 Sep 22;14:1248323.
 30. Dávila-Ramos S, Castelán-Sánchez HG, Martínez-Ávila L, Sánchez-Carbente M del R, Peralta R, Hernández-Mendoza A, et al. A Review on Viral Metagenomics in Extreme Environments. *Front Microbiol*. 2019 Oct 18;10:2403.
 31. Watzinger F, Ebner K, Lion T. Detection and monitoring of virus infections by real-time PCR. *Molecular Aspects of Medicine*. 2006 Apr;27(2–3):254–98.
 32. Hassan SA, Sheikh FN, Jamal S, Ezeh JK, Akhtar A. Coronavirus (COVID-19): A Review of Clinical Features, Diagnosis, and Treatment. *Cureus* [Internet]. 2020 Mar 21 [cited 2023 Nov 12]; Available from: <https://www.cureus.com/articles/27924-coronavirus-covid-19-a-review-of-clinical-features-diagnosis-and-treatment>
 33. Woo PCY, Huang Y, Lau SKP, Yuen KY. Coronavirus Genomics and Bioinformatics Analysis. *Viruses*. 2010 Aug 24;2(8):1804–20.
 34. Abbasi H, Tabaraei A, Hosseini SM, Khosravi A, Nikoo HR. Real-time PCR Ct value in SARS-CoV-2 detection: RdRp or N gene? *Infection*. 2022 Apr;50(2):537–40.
 35. Reyes GR, Kim JP. Sequence-independent, single-primer amplification (SISPA) of complex DNA populations. *Molecular and Cellular Probes*. 1991 Dec;5(6):473–81.
 36. DePew J, Zhou B, McCorrison JM, Wentworth DE, Purushe J, Koroleva G, et al. Sequencing viral genomes from a single isolated plaque. *Viol J*. 2013 Dec;10(1):181.
 37. Chrzastek K, Lee D hun, Smith D, Sharma P, Suarez DL, Pantin-Jackwood M, et al. Use of Sequence-Independent, Single-Primer-Amplification (SISPA) for rapid detection, identification, and characterization of avian RNA viruses. *Virology*. 2017 Sep;509:159–66.
 38. Silander K, Saarela J. Whole Genome Amplification with Phi29 DNA Polymerase to Enable Genetic or Genomic Analysis of Samples of Low DNA Yield. In: Starkey M, Elaswarapu R, editors. *Genomics Protocols* [Internet]. Totowa, NJ: Humana Press; 2008 [cited 2023 Jan 20]. p. 1–18. (Walker J, editor. *Methods in Molecular Biology*; vol. 439). Available from: http://link.springer.com/10.1007/978-1-59745-188-8_1

39. Wang X, Liu Y, Liu H, Pan W, Ren J, Zheng X, et al. Recent advances and application of whole genome amplification in molecular diagnosis and medicine. *MedComm*. 2022 Mar;3(1):e116.
40. Hood L, Rowen L. The human genome project: big science transforms biology and medicine. *Genome Med*. 2013;5(9):79.
41. National Center for Biotechnology Information [Internet]. [cited 2023 Jan 23]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
42. Lefkowitz EJ, Dempsey DM, Hendrickson RC, Orton RJ, Siddell SG, Smith DB. Virus taxonomy: the database of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *Nucleic Acids Research*. 2018 Jan 4;46(D1):D708–17.
43. Plyusnin I, Kant R, Jääskeläinen AJ, Sironen T, Holm L, Vapalahti O, et al. Novel NGS pipeline for virus discovery from a wide spectrum of hosts and sample types. *Virus Evolution*. 2020 Jul 1;6(2):veaa091.
44. Zhao G, Wu G, Lim ES, Droit L, Krishnamurthy S, Barouch DH, et al. VirusSeeker, a computational pipeline for virus discovery and virome composition analysis. *Virology*. 2017 Mar;503:21–30.
45. Roux S, Tournayre J, Mahul A, Debroas D, Enault F. Metavir 2: new tools for viral metagenome comparison and assembled virome analysis. *BMC Bioinformatics*. 2014 Dec;15(1):76.
46. Plyusnin I, Vapalahti O, Sironen T, Kant R, Smura T. Enhanced Viral Metagenomics with LazyPipe 2. *Viruses*. 2023 Feb 4;15(2):431.
47. Meyer F, Paarmann D, D'Souza M, Olson R, Glass E, Kubal M, et al. The metagenomics RAST server – a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. *BMC Bioinformatics*. 2008 Dec;9(1):386.
48. Truong DT, Franzosa EA, Tickle TL, Scholz M, Weingart G, Pasolli E, et al. MetaPhlan2 for enhanced metagenomic taxonomic profiling. *Nat Methods*. 2015 Oct;12(10):902–3.
49. Kim D, Song L, Breitwieser FP, Salzberg SL. Centrifuge: rapid and sensitive classification of metagenomic sequences. *Genome Res*. 2016 Dec;26(12):1721–9.
50. Geneious Prime Software Application [Internet]. [cited 2023 Nov 12]. Available from: <https://bioinformatics.ccr.cancer.gov/btep/resources/scientific-software/>
51. Roswell M, Dushoff J, Winfree R. A conceptual guide to measuring species diversity. *Oikos*. 2021 Mar;130(3):321–38.
52. Wu Z, Ren X, Yang L, Hu Y, Yang J, He G, et al. Virome Analysis for Identification of Novel Mammalian Viruses in Bat Species from Chinese Provinces. *J Virol*. 2012 Oct 15;86(20):10999–1012.

53. Ge X, Li Y, Yang X, Zhang H, Zhou P, Zhang Y, et al. Metagenomic Analysis of Viruses from Bat Fecal Samples Reveals Many Novel Viruses in Insectivorous Bats in China. *J Virol*. 2012 Apr 15;86(8):4620–30.
54. Hu D, Zhu C, Wang Y, Ai L, Yang L, Ye F, et al. Virome analysis for identification of novel mammalian viruses in bats from Southeast China. *Sci Rep*. 2017 Sep 7;7(1):10917.
55. Skala AM. Retroviral DNA Transposition: Themes and Variations. Sandmeyer S, Craig N, editors. *Microbiol Spectr*. 2014 Sep 19;2(5):2.6.22.
56. Johnson WE. Origins and evolutionary consequences of ancient endogenous retroviruses. *Nat Rev Microbiol*. 2019 Jun;17(6):355–70.
57. Santiago-Rodriguez TM, Hollister EB. Unraveling the viral dark matter through viral metagenomics. *Front Immunol*. 2022 Sep 16;13:1005107.
58. Simmonds P, Becher P, Bukh J, Gould EA, Meyers G, Monath T, et al. ICTV Virus Taxonomy Profile: Flaviviridae. *Journal of General Virology*. 2017 Jan 1;98(1):2–3.
59. Charles J, Tangudu CS, Nunez-Avellaneda D, Brault AC, Blitvich BJ. The host range restriction of bat-associated no-known-vector flaviviruses occurs post-entry. *Journal of General Virology* [Internet]. 2021 Sep 6 [cited 2023 Nov 16];102(9). Available from: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/jgv.0.001647>
60. Baker K, Murcia P. Poxviruses in Bats ... so What? *Viruses*. 2014 Apr 3;6(4):1564–77.
61. Gatherer D, Depledge DP, Hartley CA, Szpara ML, Vaz PK, Benkő M, et al. ICTV Virus Taxonomy Profile: Herpesviridae 2021. *Journal of General Virology* [Internet]. 2021 Oct 27 [cited 2023 Nov 16];102(10). Available from: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/jgv/10.1099/jgv.0.001673>
62. Peduoviridae | Taxonomy | UniProt [Internet]. [cited 2023 Nov 16]. Available from: <https://www.uniprot.org/taxonomy/2946167>
63. Straboviridae | Taxonomy | UniProt [Internet]. [cited 2023 Nov 16]. Available from: <https://www.uniprot.org/taxonomy/2946170>
64. Claverie JM, Abergel C. Mimiviridae: An Expanding Family of Highly Diverse Large dsDNA Viruses Infecting a Wide Phylogenetic Range of Aquatic Eukaryotes. *Viruses*. 2018 Sep 18;10(9):506.
65. Li L, Victoria JG, Wang C, Jones M, Fellers GM, Kunz TH, et al. Bat Guano Virome: Predominance of Dietary Viruses from Insects and Plants plus Novel Mammalian Viruses. *J Virol*. 2010 Jul 15;84(14):6955–65.
66. Hardmeier I, Aeberhard N, Qi W, Schoenbaechler K, Kraettli H, Hatt JM, et al. Metagenomic analysis of fecal and tissue samples from 18 endemic bat species in Switzerland revealed a diverse virus composition including potentially zoonotic viruses. Kapoor A, editor. *PLoS ONE*. 2021 Jun 16;16(6):e0252534.

67. Barnard BJ, Voges SF. A simple technique for the rapid diagnosis of rabies in formalin-preserved brain. *Onderstepoort J Vet Res.* 1982 Dec;49(4):193–4.
68. Voigt CC, Kingston T, editors. *Bats in the Anthropocene: Conservation of Bats in a Changing World* [Internet]. Cham: Springer International Publishing; 2016 [cited 2024 Jan 24]. Available from: <http://link.springer.com/10.1007/978-3-319-25220-9>
69. Van Brussel K, Holmes EC. Zoonotic disease and virome diversity in bats. *Current Opinion in Virology.* 2022 Feb;52:192–202.
70. Chomel BB, Stuckey MJ, Boulouis HJ, Aguilar- Setién A. Bat-Related Zoonoses. In: Sing A, editor. *Zoonoses - Infections Affecting Humans and Animals* [Internet]. Dordrecht: Springer Netherlands; 2015 [cited 2023 Nov 16]. p. 697–714. Available from: http://link.springer.com/10.1007/978-94-017-9457-2_28
71. Ogunbayo AE, Sabiu S, Nyaga MM. Evaluation of extraction and enrichment methods for recovery of respiratory RNA viruses in a metagenomics approach. *Journal of Virological Methods.* 2023 Apr;314:114677.
72. Roux S, Matthijnsens J, Dutilh BE. Metagenomics in Virology. In: *Encyclopedia of Virology* [Internet]. Elsevier; 2021 [cited 2023 Nov 16]. p. 133–40. Available from: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780128096338209576>
73. De Bourcy CFA, De Vlaminc I, Kanbar JN, Wang J, Gawad C, Quake SR. A Quantitative Comparison of Single-Cell Whole Genome Amplification Methods. Wang K, editor. *PLoS ONE.* 2014 Aug 19;9(8):e105585.
74. Quince C, Walker AW, Simpson JT, Loman NJ, Segata N. Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nat Biotechnol.* 2017 Sep;35(9):833–44.

EKLER

EK 1: NÜKLEİK İZOLASYON KİTİ VE WGA OPTİMİZASYONU SONRASI RF3.2 NUMARALI ÖRNEĞİN BLAST EŞLEŞMELERİ

Çizelge: MN-RF3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	37	94.6
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	63	93.7
MH559812.1	Bluetongue virus isolate BTV-28/1537/14 segment 5 NS1 gene, complete cds	37	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	37	94.6
KP175581.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 216, complete genome	89	83.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	38	97.4
NC_049394.1	Escherichia phage ESS12_ev129 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESS12_ev239 genome assembly, chromosome: 1	77	93.5
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	40	97.5
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	43	95.3
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	82	92.7

NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	36	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	30	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	32	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
NC_075368.1	Moumouvirus australiensis isolate 10A, complete genome	29	100.0
NC_043176.1	Oxbow virus strain Ng1453 glycoprotein gene, complete cds	41	97.6
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	34	100.0
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	28	100.0
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	37	100.0
KU059754.1	UNVERIFIED: Venezuelan equine encephalitis virus isolate E1/68 genomic sequence	44	97.7
MH924836.1	West Nile virus isolate ED-I-33/18-UM, complete genome	31	100.0

Çizelge: MN-RF3.2-WGA BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	36	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	150	82.0
MG693161.1	Bat rotavirus H isolate RVH/Bat-wt/CMR/CMR63/2014/GXPX VP6 VP6 gene, complete cds	33	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	50	88.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	40	95.0
KP175581.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 216, complete genome	67	88.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	96.5
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	84.0
NC_049393.1	Escherichia phage ESS12_ev040 genome assembly, chromosome: 1	44	97.7
NC_049394.1	Escherichia phage ESS12_ev129 genome assembly, chromosome: 1	56	89.3
NC_049392.1	Escherichia phage ESS12_ev239 genome assembly, chromosome: 1	70	85.7
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	47	93.6
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	38	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	43	97.7

NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	104	87.5
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	135	88.1
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	44	93.2
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	36	94.4
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	41	92.7
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
DQ838494.1	Jaagsiekte sheep retrovirus, complete genome	100	82.0
NC_048798.1	Klebsiella phage Marfa, complete genome	32	96.9
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
MK514405.1	Ostreococcus lucimarinus virus 1 isolate OIV1, complete genome	28	100.0
DQ473474.1	Porcine respiratory and reproductive syndrome virus isolate LMY, complete genome	29	100.0
NC_010821.1	Pseudomonas phage 201phi2-1, complete genome	28	100.0
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	39	92.3
CQ964469.1	Sequence 1 from Patent WO2004104032	55	92.7
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	57	87.7
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	29	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	215	92.1

Çizelge: Q-RF3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	50	88.0
KY883317.1	American plum line pattern virus isolate Q15R3 segment RNA3, complete sequence	75	94.7
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	97.6
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	34	100.0
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	110	85.5
KM200722.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY-C1, complete genome	37	97.3
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	58	89.7
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	94.2
NC_043326.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 5, complete sequence	28	100.0
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	84.0
NC_049395.1	Escherichia phage ESSI2_ev015 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	65	89.2
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	38	100.0

NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	59	89.8
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	41	97.6
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
MT279193.1	Garlic virus D isolate GarVD_BR, complete genome	87	96.6
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	31	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	35	94.3
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	28	100.0
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	65	100.0
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	183	90.7
MN161849.1	Jaagsiekte sheep retrovirus strain DL37, complete genome	95	83.2
NC_048798.1	Klebsiella phage Marfa, complete genome	28	100.0
KU746283.1	Mammarenavirus guanaritoense isolate CVH-960201 segment L, complete sequence	216	99.5
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	32	100.0

NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	39	92.3
NC_021858.1	Pandoravirus dulcis, complete genome	28	100.0
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	86	96.5
AJ237815.1	Porcine adenovirus serotype 3 complete genome, strain IAF	29	100.0
MW853952.1	Porcine parvovirus 5 strain AH-PPV520178-2, complete genome	28	100.0
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	119	98.3
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	32	100.0
NC_018464.1	Shamonda virus N and NSs genes, segment S, genomic RNA, isolate Ib An 5550	91	91.2
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	29	100.0
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	37	100.0
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	117	99.1
KU059754.1	UNVERIFIED: Venezuelan equine encephalitis virus isolate E1/68 genomic sequence	39	100.0
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	29	100.0
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	30	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	250	92.4

Çizelge: Q-RF3.2-WGA BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	33	100.0
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	39	97.4
MG693161.1	Bat rotavirus H isolate RVH/Bat-wt/CMR/CMR63/2014/GXPX VP6 VP6 gene, complete cds	34	97.1
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	114	89.5
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	49	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	29	100.0
LT837585.1	Bovine viral diarrhea virus 1 genome assembly, complete genome: monopartite	32	96.9
NC_021249.1	Choristoneura rosaceana entomopoxvirus 'L', complete genome	28	100.0
KT387800.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY, complete genome	36	97.2
KU666942.1	Dengue virus type 1 isolate TM100 polyprotein gene, complete cds	100	82.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	90.9
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	65	86.2
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	48	93.8
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	34	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	58	89.7
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	76	92.1

NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	34	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	33	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	71	93.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
KP133076.1	Gemycircularvirus SL2, complete genome	32	100.0
HQ389544.1	Hepatitis E virus strain Kernow-C1, complete genome	73	94.5
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	114	88.6
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	28	100.0
MN887110.1	HIV-1 isolate SEC11A from Peru, complete genome	98	84.7
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	154	94.2
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	30	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
D10652.1	Rous sarcoma virus - Schmidt-Ruppin D genomic RNA, complete genome	84	90.5
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	35	97.1
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar	41	100.0

NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	38	97.4
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	32	96.9
MH324447.1	Tomato leaf curl Gandhinagar betasatellite clone SY1 beta 3, complete sequence	28	100.0
NC_075546.1	UNVERIFIED: Chrysochromulina parva virus isolate BQ2, complete genome	28	100.0
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	34	97.1
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	179	91.1



Çizelge: Z-RF3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	32	100.0
KY883317.1	American plum line pattern virus isolate Q15R3 segment RNA3, complete sequence	75	94.7
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	178	80.9
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	93.9
MH559812.1	Bluetongue virus isolate BTV-28/1537/14 segment 5 NS1 gene, complete cds	41	100.0
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	28	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	38	94.7
NC_007581.1	Clostridium phage c-st, complete genome	29	100.0
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	29	100.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	85	97.6
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	65	89.2
KT324746.1	Equid alphaherpesvirus 4 isolate 3056-07, partial genome	29	93.1
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	39	94.9
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	34	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0

NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	34	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	36	100.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
MT279193.1	Garlic virus D isolate GarVD_BR, complete genome	87	96.6
MN090231.1	HIV-1 isolate 9242_wk12_5_J24 from USA, complete genome	28	100.0
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	29	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	34	97.1
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	35	100.0
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	206	91.7
DQ838494.1	Jaagsiekte sheep retrovirus, complete genome	74	85.1
A27950.1	JSRV genomic sequence	50	94.0
KU746283.1	Mammarenavirus guanaritoense isolate CVH-960201 segment L, complete sequence	327	97.9
MH118555.1	Murid betaherpesvirus 1 isolate s09_sk3086, complete genome	29	100.0

NC_005906.1	Neodiprion lecontei NPV, complete genome	48	91.7
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	39	100.0
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	28	100.0
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	135	97.8
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	35	100.0
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
KU605778.1	Simian retrovirus 8 strain SRV8/TEX/2015/V1, complete genome	116	79.3
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	39	94.9
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	36	97.2
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	43	90.7
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	117	99.1
KU059754.1	UNVERIFIED: Venezuelan equine encephalitis virus isolate E1/68 genomic sequence	44	97.7
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	41	95.1
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	510	84.1
NC_015780.1	Wiseana iridescent virus, complete genome	28	100.0

Çizelge: Z-RF3.2-WGA BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_020104.1	Acanthamoeba polyphaga moudouvirus, complete genome	32	96.9
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	28	100.0
NC_011423.1	Adoxophyes orana nucleopolyhedrovirus, complete genome	28	100.0
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	36	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	129	84.5
MG693161.1	Bat rotavirus H isolate RVH/Bat-wt/CMR/CMR63/2014/GXPX VP6 VP6 gene, complete cds	33	100.0
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	51	94.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	39	94.9
AJ564427.2	Canine parvovirus ns gene for non-structural protein 1 and vp gene for capsid polyprotein	66	100.0
KM200722.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY-C1, complete genome	31	100.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	31	100.0
KP175581.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 216, complete genome	38	94.7
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	85	97.6
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	98	85.7
KM924294.1	Equid herpesvirus 2 strain G9/92, complete genome	47	93.6
NC_049395.1	Escherichia phage ESS12_ev015 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4

NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	34	97.1
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	35	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	75	94.7
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	34	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	36	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	38	97.4
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_077067.1	Fadolivirus 1 strain FV1/VV64, partial genome	37	94.6
MN090231.1	HIV-1 isolate 9242_wk12_5_J24 from USA, complete genome	33	97.0
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	28	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	35	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	31	100.0
A27950.1	JSRV genomic sequence	50	94.0
NC_076164.1	Macacine alphaherpesvirus 1 isolate 8100812, complete genome	30	100.0

MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	96.7
Z29337.1	Marburg virus (Popp) NP, VP35, VP40, GP, VP30, VP24, L genes	31	96.8
NC_014767.1	Micromonas sp. RCC1109 virus MpV1, complete genome	57	86.0
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	42	100.0
MK514405.1	Ostreococcus lucimarinus virus 1 isolate OIV1, complete genome	32	96.9
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate OIv2, complete genome	35	94.3
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	70	97.1
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	36	100.0
KU605778.1	Simian retrovirus 8 strain SRV8/TEX/2015/V1, complete genome	102	80.4
MG554409.1	Small ruminant lentivirus isolate SRLV009, complete genome	28	100.0
NC_070727.1	Staphylococcus phage IME1354_01, complete genome	68	88.2
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	29	100.0
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	42	97.6
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	95.2
NC_077106.1	Trabala vishnou gigantina nucleopolyhedrovirus, complete genome	36	94.4
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	37	94.6
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	37	97.3
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	250	92.4

EK 2: TEZ ÇALIŞMASINA DAHİL EDİLEN ÖRNEKLERİN BLAST EŞLEŞMELERİ

EK 2A: PIPISTRELLUS KUHLII ÖRNEKLERİ

Çizelge: PK1.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bp)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	68	91.2
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	80	91.3
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	93.9
NC_009737.2	Bacillus phage 1, complete genome	57	84.2
MF588685.1	Betapapillomavirus 4 isolate Beta04_m292c100, complete genome	28	100.0
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	41	92.7
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	29	100.0
LT907991.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate VE_138cp_05 genome assembly, complete genome: monopartite	166	91.6
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	229	80.8
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	109	78.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	78	80.8
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	97.7
NC_049393.1	Escherichia phage ESS12_ev040 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0

NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	39	97.4
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	73	84.9
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	60	88.3
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_040536.1	Esparto virus isolate SRR3939042_Esparto_2012, complete genome	29	100.0
MF994829.1	Human betaherpesvirus 6B strain Z29, partial genome	119	79.0
NC_001716.2	Human herpesvirus 7, complete genome	31	100.0
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	82	82.9
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	243	77.8
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	53	88.7
NC_014461.1	Mycobacterium phage LeBron, complete genome	31	100.0
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	329	76.3
NC_030953.1	Shigella phage SHFML-11, complete genome	29	100.0

NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	95.2
NC_030230.1	Tokyovirus A1 DNA, nearly complete genome	32	100.0
MF547470.1	UNVERIFIED: Human gammaherpesvirus 4 isolate E1563_OWv1, partial genome	36	97.2
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	96.4
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	29	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	509	80.7

Çizelge: PK1.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	68	91.2
NC_026141.2	Adelie penguin polyomavirus isolate AdPyV_Crozier_2012, complete genome	93	87.1
HM004430.1	Bathycoccus sp. RCC1105 virus BpV2, complete genome	31	96.8
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	97.6
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	41	92.7
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	72	84.7
LT907991.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate VE_138cp_05 genome assembly, complete genome: monopartite	136	91.2
KM986882.1	Buzura suppressaria nucleopolyhedrovirus isolate Guangxi, complete genome	28	100.0
NC_014637.1	Cafeteria roenbergensis virus BV-PW1, complete genome	34	100.0
X57540.1	CAS-BR-E murine leukemia virus, viral genome	44	90.9
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	39	92.3
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	270	77.0
LN864566.1	Cowpox virus complete genome, strain FM2292	29	100.0
HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	30	100.0
KX544848.1	Cyprinid herpesvirus 3 isolate PP3_070411, complete genome	33	97.0

KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	51	86.3
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	108	78.7
NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	102	88.2
NC_029009.1	Enterococcus phage EFDG1, complete genome	32	96.9
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	40	95.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	35	97.1
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	34	97.1
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	72	90.3
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	32	100.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	43	90.7
M18247.1	Feline leukemia virus, subgroup A (FeLV-FAIDS), complete nucleotide sequence	105	80.0
KU744560.1	Gallid alphaherpesvirus 2 isolate CC/1409, complete genome	49	91.7
DQ530348.1	Gallid herpesvirus 2 strain CVI988, complete genome	31	100.0
KP133076.1	Gemycircularvirus SL2, complete genome	28	100.0

NC_038923.1	Hardy-Zuckermann 4 feline sarcoma virus (H24-FeSV) kit oncogene	122	94.3
MF994816.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO2, partial genome	35	97.1
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	37	100.0
AB021506.1	Human herpesvirus 6B DNA, complete genome, strain: HST	150	82.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	453	82.1
NC_001716.2	Human herpesvirus 7, complete genome	31	100.0
U43400.1	Human herpesvirus-7 (HHV7) JI, complete virion genome	36	97.2
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	76	97.4
NC_076319.1	MAG: Genomoviridae sp. isolate ctij207, complete genome	32	100.0
NC_002641.1	Meleagrid herpesvirus 1, complete genome	28	100.0
AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	88	85.2
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	290	76.6
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	33	97.0
NC_011588.1	Oryctes rhinoceros virus, complete genome	28	100.0
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	83	85.5
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	162	83.3
MN053748.1	Phasivirus phasiense strain Ab-AAM-1-4 segment L, complete sequence	28	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	77.4

NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	65	89.2
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_076965.1	Pteropus lylei-associated alphaherpesvirus DNA, complete genome	29	100.0
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	172	81.4
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	33	100.0
CS272315.1	Sequence 11 from Patent WO2006008074	400	75.8
AX175461.1	Sequence 35 from Patent WO0142500	30	100.0
NC_026273.1	Sewage-associated circular DNA virus-28 isolate SaCV-28_NZ-BS4064a-2012, complete genome	28	100.0
NC_038369.1	Spodoptera littoralis NPV isolate AN1956, complete genome	38	94.7
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	29	100.0
NC_025416.1	Staphylococcus phage MCE-2014, complete genome	28	100.0
KU315430.1	Suid alphaherpesvirus 1 strain Ea, complete genome	29	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	44	90.9
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	42	100.0
NC_026242.1	Tipula oleracea nudivirus isolate 35, complete genome	28	100.0
KY910034.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A5-36/2014/G6P4 outer capsid spike protein-like gene, complete sequence	104	85.6
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
MZ409706.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 52_2015 genomic sequence	30	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	511	80.4

Çizelge: PK1.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	71	88.7
KY883317.1	American plum line pattern virus isolate Q15R3 segment RNA3, complete sequence	76	90.8
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	105	81.0
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	80	92.5
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	29	100.0
MH559812.1	Bluetongue virus isolate BTV-28/1537/14 segment 5 NS1 gene, complete cds	58	100.0
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	29	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	36	97.2
MH806438.1	Bovine viral diarrhea virus 2 isolate McCart_c, complete genome	75	93.3
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	39	92.3
JX560541.1	Chrysoideixis chalcites nucleopolyhedrovirus genotype ChchSNPV-TF1-G, complete genome	30	100.0
AY513268.1	Citrus exocortis viroid, complete genome	92	87.0
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	140	84.3
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	29	100.0
NC_055886.1	CrAssphage cr127_1, complete genome	29	100.0

KM200722.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY-C1, complete genome	46	93.5
AP008984.1	Cyprinid herpesvirus 3 DNA, complete genome, strain: TUMST1	30	100.0
KJ627438.1	Cyprinid herpesvirus 3 strain KHV-GZ11, complete genome	39	94.9
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	71	85.9
NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	28	100.0
NC_040615.1	Eptesicus fuscus gammaherpesvirus, complete genome	34	97.1
NC_049343.1	Escherichia phage 500465-2, complete genome	109	79.8
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	38	94.7
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	45	91.1
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	74	87.8
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	73	89.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	82	80.5
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	36	94.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_077067.1	Fadolivirus 1 strain FV1/VV64, partial genome	28	100.0
NC_024450.1	Falconid herpesvirus 1 strain S-18, complete genome	61	86.9
AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	80	92.5

MF994825.1	Human betaherpesvirus 6B strain KYO, partial genome	146	76.7
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	31	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	310	80.0
U43400.1	Human herpesvirus-7 (HHV7) JI, complete virion genome	41	95.1
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	36	97.2
NC_076164.1	Macacine alphaherpesvirus 1 isolate 8100812, complete genome	28	100.0
KU746283.1	Mammarenavirus guanaritoense isolate CVH-960201 segment L, complete sequence	134	85.1
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	176	77.3
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	39	97.4
NC_043176.1	Oxbow virus strain Ng1453 glycoprotein gene, complete cds	43	93.0
NC_021858.1	Pandoravirus dulcis, complete genome	41	92.7
NC_022098.1	Pandoravirus salinus, complete genome	49	91.8
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	36	94.4
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	331	75.5
KT428292.1	Port-miou virus, complete genome	40	92.5
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	284	77.5
NC_054724.1	Rhodococcus phage Finch, complete genome	28	100.0
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	176	94.3

NC_026273.1	Sewage-associated circular DNA virus-28 isolate SaCV-28_NZ-BS4064a-2012, complete genome	28	100.0
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	68	89.7
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	52	86.5
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	35	97.1
KU686192.1	Synechococcus phage S-CAM1 isolate 0309SB33, complete genome	37	94.6
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	103	91.3
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	35	97.1
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	258	91.1

Çizelge: PK2.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	80	91.3
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	124	84.7
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	93.9
AB979448.1	Baboon endogenous virus strain M7 DNA, complete genome	283	79.5
NC_004827.1	Bacteriophage Aaphi23, complete genome	211	84.4
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	287	86.4
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	64	95.3
MF588685.1	Betapapillomavirus 4 isolate Beta04_m292c100, complete genome	34	97.1
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	28	100.0
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	162	77.8
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	36	94.4
MK775204.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate CA2006, complete genome	151	94.7
LT907991.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate VE_138cp_05 genome assembly, complete genome: monopartite	46	100.0
NC_049850.1	Burkholderia phage BcepSaruman, complete genome	30	100.0
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	38	100.0
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	258	81.8

NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	148	78.4
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	60	88.3
KM200722.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY-C1, complete genome	28	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	90	81.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	93.2
NC_019485.1	Enterobacter phage EcP1, complete genome	193	78.2
NC_021190.1	Enterobacteria phage phi80, complete genome	33	97.0
GQ478087.1	Enterococcus phage phiFL3B, complete genome	277	90.3
NC_019929.1	Erwinia phage phiEaH2, complete genome	73	86.3
NC_049393.1	Escherichia phage ESS12_ev040 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_019452.1	Escherichia phage PhaxI, complete genome	55	98.2
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	68	89.7
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049387.1	Escherichia virus P2_4B2 genome assembly, chromosome: 1	159	74.2
NC_001697.1	Haemophilus phage HP1 strain HP1c1, complete genome	87	96.6
NC_019455.1	Haemophilus phage SuMu, complete genome	367	78.7
NC_033097.1	Hubei permutotetra-like virus 11 strain mosHB234479 RdRp and putative capsid protein genes, complete cds	30	100.0
MF994821.1	Human betaherpesvirus 6B strain ENO, partial genome	495	73.9
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	183	92.9

KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	129	80.6
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	79	100.0
MG029276.1	Itaqui virus isolate BeAn12797 segment M, complete sequence	30	100.0
KP691837.1	Jaagsiekte sheep retrovirus isolate sheep/C1/China/2013/G1, complete genome	49	91.8
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	376	82.7
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	36	97.2
KP153455.1	Lake Sarah-associated circular virus-29 isolate LSaCV-29-LSCO-2013, complete sequence	29	100.0
KU377538.1	Lymantria dispar multiple nucleopolyhedrovirus isolate BNP, complete genome	29	100.0
MG812651.1	Mammarenavirus lassaense isolate 812673 segment L Z protein and L protein genes, complete cds	45	91.1
NC_028766.1	Mannheimia phage vB_MhM_3927AP2, complete genome	233	79.8
NC_028853.1	Mannheimia phage vB_MhS_535AP2, complete genome	572	75.4
NC_028743.1	Mannheimia phage vB_MhS_587AP2, complete genome	1041	77.1
AY603973.1	Monkeypox virus strain MPXV-WRAIR7-61, complete genome	32	96.9
MK978772.1	Moumouvirus maliensis, complete genome	28	100.0
AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	108	84.3
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	277	76.5
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_026440.1	Pandoravirus inopinatum isolate KlaHel, complete genome	32	96.9

NC_037665.1	Pandoravirus macleodensis, complete genome	44	93.2
NC_037666.1	Pandoravirus neocaledonia, complete genome	36	94.4
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	30	100.0
EU523109.1	Porcine endogenous retrovirus clone 465D1, complete genome	149	84.6
KT428292.1	Port-miou virus, complete genome	29	100.0
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	28	100.0
NC_077077.1	Pyramimonas orientalis virus clone POV01B_1, partial genome	31	100.0
NC_070857.1	Rhizobium phage RHph_X2_28B, complete genome	29	100.0
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	80	91.3
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	30	100.0
NC_070850.1	Shigella virus Moo19, complete genome	37	94.6
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	36	100.0
M12349.1	Simian Mason-Pfizer D-type retrovirus (MPMV/6A), complete genome	61	96.7
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	301	88.0
NC_011344.1	Staphylococcus phage phi2958PVL, complete genome	252	82.1
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	56	96.4
NC_028697.1	Streptococcus phage A25, complete genome	247	98.8
KT809429.1	Suid alphaherpesvirus 1 isolate SC, complete genome	35	97.1
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	43	95.3
NC_075039.1	Tupanvirus soda lake, partial genome	28	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2

KY910034.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A5-36/2014/G6P4 outer capsid spike protein-like gene, complete sequence	76	90.8
KT232076.1	UNVERIFIED_ORG: Enterobacteria phage lambda, complete genome	251	99.2
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	258	91.1
NC_042094.1	Vibrio phage Ceto, complete genome	52	90.4



Çizelge: PK2.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_019541.1	Acinetobacter phage YMC/09/02/B1251_ABA_BP, complete genome	28	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	39	97.4
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	133	89.5
MK775204.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate CA2006, complete genome	274	78.5
JQ612705.1	Bovine viral diarrhea virus 3 strain Italy-83/10-cp, complete genome	148	87.8
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	39	92.3
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	90	81.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	28	100.0
NC_029009.1	Enterococcus phage EFDG1, complete genome	32	96.9
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	39	94.9
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	76	89.5
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	51	88.2
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	33	97.0
JQ806361.1	Gallid herpesvirus 2 strain 648a isolate p11, complete genome	45	91.1
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	35	100.0

AB021506.1	Human herpesvirus 6B DNA, complete genome, strain: HST	129	83.7
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	31	100.0
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	46	95.7
MG029276.1	Itaqui virus isolate BeAn12797 segment M, complete sequence	30	100.0
KX148184.1	Lyssavirus rabies isolate 96324ISR nucleoprotein, phosphoprotein, matrix protein, glycoprotein, and polymerase genes, complete cds	28	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	276	76.4
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	53	90.6
NC_041878.1	Pectobacterium phage CBB, complete genome	264	81.8
EF133960.1	Porcine endogenous type C retrovirus clone 6 from China, complete genome	67	88.1
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
MG679374.1	Sindbis virus strain Kyzylagach LEIV-65A, complete genome	28	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	44	90.9
MZ364298.1	UNVERIFIED: Beak and feather disease virus strain BFDV/S10/AUS, complete genome	28	100.0
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	28	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	258	89.9

Çizelge: PK2.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_019541.1	Acinetobacter phage YMC/09/02/B1251_ABA_BP, complete genome	161	78.9
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	77	94.8
NC_011345.1	Agrotis ipsilon multiple nucleopolyhedrovirus, complete genome	29	100.0
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	66	93.9
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	90.9
NC_077080.1	Bat associated densovirus isolate BatDV/CA, complete genome	56	87.5
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	67	97.0
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	37	94.6
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	32	96.9
NC_031264.1	Brucella phage BiPBO1, complete genome	50	96.0
KM986882.1	Buzura suppressaria nucleopolyhedrovirus isolate Guangxi, complete genome	28	100.0
NC_028857.1	Citrobacter phage Merlin, complete genome	73	89.0
NC_023153.1	Citrus endogenous pararetrovirus clone CB16-3, complete genome	28	100.0
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	233	78.5
NC_007581.1	Clostridium phage c-st, complete genome	171	84.8
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	107	77.6
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	54	85.2

NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	167	80.2
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	91	91.2
NC_049429.1	Enterobacter phage phiT5282H, complete genome	117	81.2
NC_019717.1	Enterobacteria phage HK225, complete genome	182	85.7
NC_019708.1	Enterobacteria phage mEp235, complete genome	321	76.6
AF234173.1	Enterobacteria phage P1 mod1902::IS5 c1.100 rev dmt(del)MB mutant, complete genome	99	88.9
NC_001609.1	Enterobacteria phage P4, complete genome	152	79.6
NC_050152.1	Enterobacteria phage P7, complete genome	29	100.0
NC_021190.1	Enterobacteria phage phi80, complete genome	187	82.4
NC_003444.1	Enterobacteria phage SfV, complete genome	41	97.6
NC_019720.1	Enterobacterial phage mEp213, complete genome	35	94.3
NC_042023.1	Enterococcus phage phiSHEF5, complete genome	40	92.5
LC193725.1	Equid alphaherpesvirus 1 DNA, complete genome, strain: Ab4p_attB_delta_VP22	256	93.4
NC_070949.1	Erwinia phage Midgardsormr38, complete genome	49	93.9
NC_019929.1	Erwinia phage phiEaH2, complete genome	57	93.0
NC_048197.1	Erwinia phage vB_EhrS_49, complete genome	159	87.4
NC_048198.1	Erwinia phage vB_EhrS_59, complete genome	55	96.4
NC_001317.1	Escherichia phage 186, complete genome	112	87.5
NC_049342.1	Escherichia phage 500465-1, complete genome	259	94.2
NC_049343.1	Escherichia phage 500465-2, complete genome	268	84.3
NC_024784.1	Escherichia phage bV_EcoS_AHS24, complete genome	39	94.9
NC_048067.1	Escherichia phage C130_2, complete genome	110	88.2

NC_049395.1	Escherichia phage ESSI2_ev015 genome assembly, chromosome: 1	445	91.7
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	483	86.1
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	112	96.4
NC_016158.1	Escherichia phage HK639, complete genome	60	96.7
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	71	88.7
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	56	96.4
NC_049955.1	Escherichia phage Lambda_ev243 genome assembly, chromosome: 1	564	78.9
NC_042128.1	Escherichia phage RCS47, complete genome	133	91.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	69	87.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	76	88.2
NC_049950.1	Escherichia virus Lambda_2H10 genome assembly, chromosome: 1	200	81.0
NC_049946.1	Escherichia virus Lambda_4A7 genome assembly, chromosome: 1	47	93.6
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	32	96.9
NC_075973.1	Guinea pig adenovirus strain AUS96, complete genome	337	73.6
MF994818.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO4, partial genome	59	88.1
MF994829.1	Human betaherpesvirus 6B strain Z29, partial genome	30	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	385	80.8
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	48	87.5

MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	49	95.9
NC_047818.1	Klebsiella phage 4 LV-2017, complete genome	130	90.8
NC_071147.1	Klebsiella phage KP591P1, complete genome	36	97.2
NC_055715.1	Klebsiella phage KPV15, complete genome	150	96.7
NC_070936.1	Klebsiella phage N1M2, complete genome	232	82.8
NC_049453.1	Klebsiella phage ST13-OXA48phi12.1, complete genome	229	82.5
NC_049451.1	Klebsiella phage ST147-VIM1phi7.1, complete genome	150	86.7
NC_031087.1	Klebsiella phage vB_KpnM_KpV477, complete genome	249	98.8
NC_071146.1	Klebsiella phage vB_KpnS_MK54, complete genome	28	100.0
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	79	93.7
NC_020870.1	Leuconostoc phage phiLN04, complete genome	145	94.5
AF282130.1	Meleagrid herpesvirus 1 unique long region, IRL region, IRS region, unique short region, complete sequences and IRS partial sequence	29	100.0
AY603973.1	Monkeypox virus strain MPXV-WRAIR7-61, complete genome	32	96.9
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	107	82.2
NC_070860.1	Pectobacterium phage Possum, complete genome	148	96.6
NC_042131.1	Pectobacterium phage vB_PatP_CB5, complete genome	151	98.0
NC_010392.1	Phage Gifsy-1, complete genome	266	88.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	195	76.4
EU523109.1	Porcine endogenous retrovirus clone 465D1, complete genome	278	79.9

LR812930.1	Porcine epidemic diarrhea virus isolate GER/L03208/2019 genome assembly, complete genome: monopartite	51	96.1
LR812926.1	Porcine epidemic diarrhea virus isolate GER/L03209/2019 genome assembly, complete genome: monopartite	51	96.1
NC_055910.1	Providencia phage PSTCR5, complete genome	154	92.2
NC_022096.1	Pseudomonas phage PaBG, complete genome	76	89.5
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	314	76.1
NC_019545.1	Salmonella phage SPN3UB, complete genome	130	87.7
NC_004313.1	Salmonella phage ST64B, complete genome	269	85.1
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	82	100.0
NC_055921.1	Salmonella phage vB_SalP_TR2, complete genome	67	89.6
NC_018279.1	Salmonella phage vB_SosS_Oslo, complete genome	481	84.4
NC_015457.1	Shigella phage Shf12, complete genome	43	97.7
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	136	97.1
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	204	97.5
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	56	92.9
KT809429.1	Suid alphaherpesvirus 1 isolate SC, complete genome	35	97.1
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	45	91.1
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	28	100.0
KT232076.1	UNVERIFIED_ORG: Enterobacteria phage lambda, complete genome	232	99.6
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS- Isfahan, complete genome	258	90.7

NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	39	92.3
NC_042116.1	Yersinia phage fHe-Yen9-04 genome assembly, complete genome: monopartite	86	86.0



Çizelge: PK3.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Genicous Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_008724.1	Acanthocystis turfacea Chlorella virus 1, complete genome	33	97.0
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	28	100.0
NC_019541.1	Acinetobacter phage YMC/09/02/B1251_ABA_BP, complete genome	28	100.0
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	44	93.2
NC_070998.1	Aeromonas phage PS1, complete genome	29	100.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	93.9
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	156	82.1
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	298	85.9
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	90	93.3
MF588685.1	Betapapillomavirus 4 isolate Beta04_m292c100, complete genome	34	97.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
NC_002665.1	Bovine herpesvirus 4 long unique region, complete sequence	311	87.5
LT837585.1	Bovine viral diarrhea virus 1 genome assembly, complete genome: monopartite	39	97.4
LT907991.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate VE_138cp_05 genome assembly, complete genome: monopartite	195	90.8
AY009089.1	Camelpox virus CMS, complete genome	28	100.0
KC961303.1	Choristoneura occidentalis alphabaculovirus, complete genome	28	100.0
MK405703.1	Classical swine fever virus isolate IVRI/Std India, complete genome	31	100.0

NC_007581.1	Clostridium phage c-st, complete genome	28	100.0
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	403	78.2
HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
NC_023614.1	Croceibacter phage P2559Y, complete genome	28	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	511	75.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	266	77.1
NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	89.5
NC_029009.1	Enterococcus phage EFDG1, complete genome	32	96.9
HM141909.1	Equine infectious anemia virus isolate DV3-5, complete genome	54	90.7
NC_049395.1	Escherichia phage ESSI2_ev015 genome assembly, chromosome: 1	52	90.4
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	43	95.3
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	70	85.7
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	88	81.8
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	55	89.1
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	49	91.8
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	73	89.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	40	97.5

NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	47	93.6
KX258422.1	Fowl aviadenovirus E isolate FV211-16, complete genome	28	100.0
AJ581527.1	Fowlpox virus (isolate HP-438[Munich]), passage 438 clone FP9, complete genome	28	100.0
MF431494.1	Gallid alphaherpesvirus 2 strain EU-1, partial genome	30	100.0
AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	99	91.9
NC_009552.3	Geobacillus virus E2, complete genome	145	90.3
KT724048.1	Gibbon ape leukemia virus strain SEATO, complete genome	219	78.5
HQ005370.1	Hepatitis delta virus isolate 1, complete genome	28	100.0
MN090377.1	HIV-1 isolate 9244_W12_11P22 from USA, complete genome	56	98.2
MF994816.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO2, partial genome	35	97.1
MF994821.1	Human betaherpesvirus 6B strain ENO, partial genome	43	95.3
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	41	100.0
AB021506.1	Human herpesvirus 6B DNA, complete genome, strain: HST	38	94.7
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	115	84.3
U43400.1	Human herpesvirus-7 (HHV7) JI, complete virion genome	149	79.9
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	49	89.8
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	205	86.8
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	94	86.2
KC779547.1	Koala retrovirus isolate Br2-1CETTG, complete genome	49	95.9

KP153455.1	Lake Sarah-associated circular virus-29 isolate LScv-29-LSCO-2013, complete sequence	32	100.0
AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	33	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	238	77.3
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_011588.1	Oryctes rhinoceros virus, complete genome	28	100.0
NC_043176.1	Oxbow virus strain Ng1453 glycoprotein gene, complete cds	41	95.1
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	199	78.9
NC_022098.1	Pandoravirus salinus, complete genome	55	89.1
KF908239.1	Papiine herpesvirus 2 strain A189164, complete genome	44	93.2
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	32	96.9
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	79.3
NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	65	87.7
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	28	100.0
NC_077077.1	Pyramimonas orientalis virus clone POV01B_1, partial genome	31	100.0
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	225	84.9
NC_054724.1	Rhodococcus phage Finch, complete genome	28	100.0
AJ410493.1	Saimiriine herpesvirus 2 complete L-DNA sequence, strain C488	42	95.2
CS272315.1	Sequence 11 from Patent WO2006008074	400	75.0
A66552.1	Sequence 2 from Patent WO9740167	28	100.0

AX453977.1	Sequence 3 from Patent WO0200883	48	100.0
NC_031326.1	Simian retrovirus 8 strain SRV8/SUZ/2012, complete genome	89	87.6
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	60	86.7
NC_047838.1	Synechococcus phage Bellamy, complete genome	28	100.0
NC_055761.1	Synechococcus virus S-PRM1, complete genome	28	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	64	84.4
NC_076336.1	UNVERIFIED: Bat gemycircularvirus isolate DXHL6, complete genome	42	95.2
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
MZ409706.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 52_2015 genomic sequence	28	100.0
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	37	97.3
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	510	80.6
AY678276.1	Vaccinia virus strain Lister, complete genome	105	85.7

Çizelge: PK3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	52	90.4
NC_055230.1	Akhmeta virus isolate Akhmeta_2013-88, complete genome	28	100.0
NC_027925.1	Apis mellifera filamentous virus isolate CH-CO5, partial genome	32	96.9
NC_048152.1	Arthrobacter phage Sonali, complete genome	28	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	179	77.1
NC_070625.1	Bacillus phage 049ML001, complete genome	28	100.0
HM004430.1	Bathycoccus sp. RCC1105 virus BpV2, complete genome	30	100.0
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	314	83.1
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	93.9
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	29	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	40	92.5
LT837585.1	Bovine viral diarrhea virus 1 genome assembly, complete genome: monopartite	33	100.0
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	36	94.4
HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
KM200722.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain SY-C1, complete genome	31	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	50	86.0
NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	29	100.0

NC_043317.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 10, complete sequence	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	88.6
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	151	88.1
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	34	100.0
KU744555.1	Gallid alphaherpesvirus 2 isolate J-1, complete genome	35	94.3
MT279193.1	Garlic virus D isolate GarVD_BR, complete genome	77	93.5
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	135	85.9
MN887110.1	HIV-1 isolate SEC11A from Peru, complete genome	104	87.5
MF994829.1	Human betaherpesvirus 6B strain Z29, partial genome	51	92.2
NC_022518.1	Human endogenous retrovirus K113 complete genome	209	98.6
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	361	88.9
KC440851.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-Mi, partial genome	30	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	35	94.3
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	278	77.7
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3

KF527229.1	Megavirus terra1 genome	28	100.0
NC_001993.1	Melanoplus sanguinipes entomopoxvirus, complete genome	28	100.0
NC_020864.1	Micromonas pusilla virus 12T genomic sequence	29	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	276	76.4
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	76	98.7
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	174	81.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	77.1
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	29	100.0
FJ621584.1	Reston ebolavirus - Reston strain Reston08-C, complete genome	29	100.0
NC_022749.1	Shigella phage SfIV, complete genome	201	89.6
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	136	99.3
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	44	90.9
NC_047838.1	Synechococcus phage Bellamy, complete genome	28	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	54	87.0
MZ409718.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 88_2015 genomic sequence	31	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	509	80.9
NC_028108.1	Yellowstone lake phycodnavirus 3 DNA, complete genome, isolate: 3	35	97.1

Çizelge: PK3.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Genicous Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	42	90.5
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	71	91.5
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
MK495884.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate Chicken/Egypt/Luxor/2012/3, complete genome	32	96.9
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	85.9
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	247	81.0
NC_013697.1	Deltia phage PhiW-14, complete genome	29	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	48	95.8
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	65	100.0
LC193725.1	Equid alphaherpesvirus 1 DNA, complete genome, strain: Ab4p_attB_delta_VP22	340	84.0
NC_016158.1	Escherichia phage HK639, complete genome	55	94.5
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	45	88.9
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	71	90.1
NC_028099.1	Felis catus gammaherpesvirus 1 isolate 31286, complete genome	28	100.0
NC_038923.1	Hardy-Zuckermann 4 feline sarcoma virus (H24-FeSV) kit oncogene	85	94.1

U43400.1	Human herpesvirus-7 (HHV7) JI, complete virion genome	33	100.0
NC_031016.1	Lactococcus phage PLgT-1, complete genome	151	94.7
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	232	78.0
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_021858.1	Pandoravirus dulcis, complete genome	49	95.9
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	307	77.9
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	35	97.1
NC_022096.1	Pseudomonas phage PaBG, complete genome	82	85.4
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	28	100.0
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	89	89.9
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	145	93.1
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	136	91.2
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	39	94.9
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	53	98.1
NC_013197.1	Thermus phage P23-77, complete genome	34	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	271	87.1

EK 2B: PIPISTRELLUS PIPISTRELLUS ÖRNEKLERİ

Çizelge: PP1.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bp)	Benzerlik (%)
AB021506.1	Human herpesvirus 6B DNA, complete genome, strain: HST	321	77.3
AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	88	85.2
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	105	91.4
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	305	80.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	30	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	204	77.5
KU737345.1	Bacillus phage Juglone, complete genome	39	94.9
KY883317.1	American plum line pattern virus isolate Q15R3 segment RNA3, complete sequence	75	92.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	93.9
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	72	100.0
NC_001716.2	Human herpesvirus 7, complete genome	33	100.0
NC_020104.1	Acanthamoeba polyphaga moumouvirus, complete genome	29	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	73	83.6
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	28	100.0
NC_031326.1	Simian retrovirus 8 strain SRV8/SUZ/2012, complete genome	60	90.0

NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	509	80.7
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	86.4
NC_048798.1	Klebsiella phage Marfa, complete genome	28	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	38	94.7
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	68	94.1
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	85	92.9
NC_076319.1	MAG: Genomoviridae sp. isolate ctij207, complete genome	64	85.9
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1

Çizelge: PP1.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_002520.1	Amsacta moorei entomopoxvirus 'L', complete genome	28	100.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	68	95.6
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	95.1
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	31	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
LT907991.1	Bovine viral diarrhea virus 1 isolate VE_138cp_05 genome assembly, complete genome: monopartite	166	90.4
NC_005887.1	Burkholderia phage BcepC6B, complete genome	116	89.7
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	105	81.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	96.6
NC_004813.1	Enterobacteria phage BP-4795, complete genome	246	89.4
NC_010463.1	Enterobacteria phage Fels-2, complete genome	253	95.3
NC_019706.1	Enterobacteria phage mEp043 c-1, complete genome	183	86.9
NC_054906.1	Enterobacteria phage RB18, complete genome	71	91.5
NC_005344.1	Enterobacteria phage Sf6, complete genome	197	89.3
NC_047833.1	Erwinia phage EtG, complete genome	552	96.9
NC_001317.1	Escherichia phage 186, complete genome	199	93.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	69	88.4
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	58	84.5
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0

M18247.1	Feline leukemia virus, subgroup A (FeLV-FAIDS), complete nucleotide sequence	43	95.3
NC_038923.1	Hardy-Zuckermann 4 feline sarcoma virus (H24-FeSV) kit oncogene	56	94.6
MF994829.1	Human betaherpesvirus 6B strain Z29, partial genome	70	87.1
NC_005857.1	Klebsiella phage phiKO2, complete genome	145	90.3
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	96.7
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
AY818896.1	Murine leukemia virus serotype HEMV provirus, complete genome	124	76.6
NC_032001.1	Only Syngen Nebraska virus 5, complete genome	28	100.0
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	51	100.0
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	32	96.9
NC_010393.1	Phage Gifsy-2, complete genome	151	92.1
HM159246.1	Porcine endogenous retrovirus C, complete genome	32	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	79.0
MT550620.1	Potato virus S isolate JEO11-24, complete genome	28	92.9
NC_077077.1	Pyramimonas orientalis virus clone POV01B_1, partial genome	31	100.0
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	180	80.6
NC_047753.1	Salmonella phage SEN8, complete genome	176	95.5
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	117	100.0
NC_028859.1	Staphylococcus phage B166, complete genome	35	94.3
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	47	89.4

MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	41	92.7
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	258	91.1
NC_070913.1	Yersinia phage vB_YenM_42.18, complete genome	76	92.1



Çizelge: PP1.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bp)	Benzerlik (%)
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	64	89.1
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	87.8
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	152	76.3
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	54	90.7
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	54	90.7
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	41	95.1
NC_024450.1	Falconid herpesvirus 1 strain S-18, complete genome	31	100.0
NC_071143.1	Flyfo siphovirus Tbat1_6, complete genome	172	98.3
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	43	95.3
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	86	82.6
AF282130.1	Meleagrid herpesvirus 1 unique long region, IRL region, IRS region, unique short region, complete sequences and IRS partial sequence	28	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	209	74.6
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	32	96.9

AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	74	86.5
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	315	77.5
AJ410493.1	Saimiriine herpesvirus 2 complete L-DNA sequence, strain C488	42	95.2
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	52	86.5
NC_026242.1	Tipula oleracea nudivirus isolate 35, complete genome	28	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	193	90.2

Çizelge: PP2.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Genicous Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	81	88.9
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	86	94.2
NC_013597.1	Aggregatibacter phage S1249, complete sequence	62	88.7
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	124	84.7
NC_024451.1	Armadillidium vulgare iridescent virus complete genome	35	97.1
MK495884.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate Chicken/Egypt/Luxor/2012/3, complete genome	47	91.5
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	91	93.4
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	93	82.8
NC_009737.2	Bacillus phage 1, complete genome	67	82.1
NC_055826.1	Bacteriophage DSS3_VP1, complete genome	81	88.9
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	277	85.2
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	80	91.3
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	41	92.7
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	111	82.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	41	92.7
AB078951.1	Bovine viral diarrhea virus 1 gene for polyprotein, complete cds, strain:Nose	238	87.8
NC_024150.1	California sea lion adenovirus 1 strain Zc11-030, complete genome	28	100.0
AY009089.1	Camelpox virus CMS, complete genome	28	100.0

X57540.1	CAS-BR-E murine leukemia virus, viral genome	44	90.9
NC_076967.1	Colobine gammaherpesvirus 1, complete genome	365	74.2
HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	30	100.0
KX452034.1	Dengue virus type 2 strain TM175 polyprotein gene, complete cds	58	86.2
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	102	78.4
NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	81	95.1
KU315429.1	Equid gammaherpesvirus 5 isolate EHV5.2-141, complete genome	56	85.7
HM141909.1	Equine infectious anemia virus isolate DV3-5, complete genome	77	87.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	49	87.8
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	73	87.7
NC_016158.1	Escherichia phage HK639, complete genome	45	95.6
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	34	97.1
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	38	94.7
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	88	87.5
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0

AB060732.3	Feline leukemia virus DNA, complete genome, clone: clone33	115	79.1
AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	268	86.9
JQ836662.1	Gallid herpesvirus 2 strain 648a isolate p101, complete genome	38	94.7
DQ530348.1	Gallid herpesvirus 2 strain CVI988, complete genome	31	100.0
KT724048.1	Gibbon ape leukemia virus strain SEATO, complete genome	100	82.0
NC_019455.1	Haemophilus phage SuMu, complete genome	409	77.3
MF994818.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO4, partial genome	55	89.1
MF994829.1	Human betaherpesvirus 6B strain Z29, partial genome	165	78.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	237	85.2
NC_001716.2	Human herpesvirus 7, complete genome	31	100.0
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	30	100.0
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	76	98.7
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	36	100.0
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	73	91.8
DQ177346.1	Koi herpesvirus strain KHV-I, complete genome	31	100.0
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	35	97.1
KP153455.1	Lake Sarah-associated circular virus-29 isolate LSaCV-29-LSCO-2013, complete sequence	32	100.0
NC_055141.1	Macaca nemestrina rhadinovirus 2 strain J97167, complete genome	128	85.2
NC_076164.1	Macacine alphaherpesvirus 1 isolate 8100812, complete genome	28	100.0

MF468140.1	Macacine betaherpesvirus 3 clone BAC RhCMV_68-1_85B/ESAT6, complete genome	35	97.1
NC_075289.1	MAG: Circoviridae sp. isolate ctga69, complete genome	32	96.9
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	93.3
NC_028853.1	Mannheimia phage vB_MhS_535AP2, complete genome	538	81.8
NC_028743.1	Mannheimia phage vB_MhS_587AP2, complete genome	178	84.3
NC_075367.1	Megavirus baoshan strain SH, complete genome	35	97.1
KF527229.1	Megavirus terra1 genome	41	92.7
AF462057.1	Moloney murine leukemia virus neuropathogenic variant ts1-92b, complete genome	377	75.3
NC_001503.1	Mouse mammary tumor virus, complete genome	58	87.9
MH118555.1	Murid betaherpesvirus 1 isolate s09_sk3086, complete genome	28	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	276	76.4
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_033620.1	Murine roseolovirus isolate YOK1, complete genome	28	100.0
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	89	97.8
NC_062750.1	Polaribacter phage Leef_1, complete genome	28	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	79.0
EU523109.1	Porcine endogenous retrovirus clone 465D1, complete genome	152	84.9
NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	30	100.0
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	28	100.0

NC_077077.1	Pyramimonas orientalis virus clone POV01B_1, partial genome	31	100.0
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	284	77.8
NC_038527.1	Rhinolophus ferrumequinum papillomavirus type 1, complete genome	28	100.0
NC_054724.1	Rhodococcus phage Finch, complete genome	28	100.0
NC_076941.1	Ruloma virus isolate TA502, complete genome	33	97.0
AJ410493.1	Saimiriine herpesvirus 2 complete L-DNA sequence, strain C488	42	95.2
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	37	97.3
A66552.1	Sequence 2 from Patent WO9740167	28	100.0
NC_041917.1	Serratia phage BF, complete genome	71	84.5
U85505.1	Simian endogenous retrovirus, complete genome	178	79.8
M12349.1	Simian Mason-Pfizer D-type retrovirus (MPMV/6A), complete genome	61	98.4
M16605.1	Simian retrovirus 2, complete genome	55	89.1
MG679374.1	Sindbis virus strain Kyzylgach LEIV-65A, complete genome	28	100.0
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	301	86.7
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	56	96.4
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	29	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	50	88.0
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	50	100.0
KM982401.1	UNVERIFIED: Acanthamoeba polyphaga mimivirus strain Oyster, complete genome	86	80.2
NC_076336.1	UNVERIFIED: Bat gemycircularvirus isolate DXHL6, complete genome	45	93.3

MF547476.1	UNVERIFIED: Human gammaherpesvirus 4 isolate E1590_OWv7, partial genome	28	92.9
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	94.5
MZ409706.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 52_2015 genomic sequence	40	95.0
MZ409721.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 86_2013 genomic sequence	29	100.0
MZ409718.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 88_2015 genomic sequence	36	97.2
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	509	80.9
NC_042094.1	Vibrio phage Ceto, complete genome	52	90.4
NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	39	92.3
NC_055228.1	Western grey kangaropox virus strain Western Australia, complete genome	35	97.1
NC_073095.1	Xanthomonas phage Pfeifenkraut, complete genome	71	85.9

Çizelge: PP2.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_049445.1	Acinetobacter phage AbTZA1, complete genome	87	90.8
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	80	91.3
NC_071007.1	Aeromonas phage ZPAH34, complete genome	28	100.0
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	52	90.4
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	90.9
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	301	74.4
NC_055826.1	Bacteriophage DSS3_VP1, complete genome	66	90.9
MG693161.1	Bat rotavirus H isolate RVH/Bat-wt/CMR/CMR63/2014/GXPX VP6 VP6 gene, complete cds	36	97.2
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	322	79.5
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	81	90.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	35	97.1
NC_002665.1	Bovine herpesvirus 4 long unique region, complete sequence	178	92.7
AB078951.1	Bovine viral diarrhea virus 1 gene for polyprotein, complete cds, strain:Nose	240	85.8
NC_049850.1	Burkholderia phage BcepSaruman, complete genome	46	93.5
KM986882.1	Buzura suppressaria nucleopolyhedrovirus isolate Guangxi, complete genome	28	100.0
AY513268.1	Citrus exocortis viroid, complete genome	75	89.3
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	263	81.4

HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	34	97.1
NC_019495.1	Cyprinid herpesvirus 2 strain ST-J1, complete genome	30	100.0
AP008984.1	Cyprinid herpesvirus 3 DNA, complete genome, strain: TUMST1	39	92.3
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	129	79.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	96.5
NC_071003.1	Enterobacter phage vB_EclS_CobraSix, complete genome	173	78.6
NC_029009.1	Enterococcus phage EFDG1, complete genome	29	100.0
KT324746.1	Equid alphaherpesvirus 4 isolate 3056-07, partial genome	30	93.3
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	72	90.3
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	38	97.4
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	41	92.7
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	73	82.2
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	38	94.7

NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	161	92.5
MN059418.1	Garlic virus X isolate G73-1, complete genome	28	100.0
NC_009552.3	Geobacillus virus E2, complete genome	1107	80.2
NC_029073.1	Geobacillus virus E3, complete genome	146	95.2
KT724048.1	Gibbon ape leukemia virus strain SEATO, complete genome	258	75.2
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	137	88.3
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	31	96.8
MN887110.1	HIV-1 isolate SEC11A from Peru, complete genome	109	90.8
MF994816.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO2, partial genome	56	89.3
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	745	97.9
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	38	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	171	86.0
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	269	80.7
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	40	100.0
NC_048873.1	Klebsiella phage KpS8, complete genome	88	84.1
NC_019486.1	Lactobacillus phage LF1, complete genome	59	91.5
NC_055141.1	Macaca nemestrina rhadinovirus 2 strain J97167, complete genome	116	83.6
NC_028853.1	Mannheimia phage vB_MhS_535AP2, complete genome	318	85.5
MK978772.1	Moumouvirus maliensis, complete genome	37	97.3

KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	177	78.0
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	519	97.1
LC507822.1	Pineapple mealybug wilt-associated virus 2 PMWaV-2 genomic RNA, complete genome	29	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	306	79.7
EU523109.1	Porcine endogenous retrovirus clone 465D1, complete genome	142	83.8
NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	66	87.9
NC_041890.1	Propionibacterium phage Anatole, complete genome	45	95.6
NC_009541.1	Propionibacterium phage PA6, complete genome	186	92.5
NC_027336.1	Propionibacterium phage PHL009M11, complete genome	155	98.7
NC_027626.1	Propionibacterium phage Procrass1, complete genome	216	94.0
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_016765.1	Pseudomonas phage PMG1, complete genome	279	98.9
NC_077139.1	Psittacine parvovirus 1 strain PsPV1/S10/AUS, complete genome	28	100.0
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	76	92.1
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	35	97.1
CS272315.1	Sequence 11 from Patent WO2006008074	236	78.0
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
AF126467.1	Simian retrovirus 2, complete genome	111	79.3
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8

NC_047813.1	Staphylococcus phage Andhra, complete genome	39	100.0
NC_020490.2	Staphylococcus phage StB12, complete genome	183	91.8
NC_070653.1	Streptococcus phage 73, complete genome	125	99.2
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	34	97.1
NC_031906.1	Synechococcus phage S-CAM3 isolate 1010CC42, complete genome	75	90.7
NC_023587.1	Synechococcus phage S-MbCM7, complete genome	37	97.3
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	43	90.7
NC_075039.1	Tupanvirus soda lake, partial genome	28	100.0
MZ364298.1	UNVERIFIED: Beak and feather disease virus strain BFDV/S10/AUS, complete genome	33	97.0
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	35	97.1
MZ409718.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 88_2015 genomic sequence	31	96.8
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	163	89.6
NC_048703.1	Xanthomonas phage RiverRider, complete genome	41	95.1

Çizelge: PP2.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_001499.1	Abelson murine leukemia virus, complete genome	64	95.3
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	61	88.5
NC_070998.1	Aeromonas phage PS1, complete genome	29	100.0
NC_011345.1	Agrotis ipsilon multiple nucleopolyhedrovirus, complete genome	32	96.9
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	104	78.8
KX027736.1	Anguillid herpesvirus 1 isolate HVA980811, complete genome	29	100.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	85.9
NC_006557.1	Bacillus phage BCJA1c, complete genome	52	92.3
NC_027374.1	Bacillus phage Moonbeam, complete genome	74	94.6
NC_020883.1	Bacillus phage PM1 DNA, complete genome	55	90.9
NC_071049.1	Bacillus phage vB_BcoS-136, complete genome	80	86.3
NC_015932.1	Bat adenovirus 2, complete genome	201	77.6
MK625182.1	Bat mastadenovirus B strain ITA/2018/251170-16, complete genome	526	83.5
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	58	98.3
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	28	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	29	100.0
NC_015252.1	Brochothrix phage NF5, complete genome	295	75.6
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	235	80.4
NC_015262.1	Clostridium phage phiCD6356, complete genome	34	97.1

HQ420900.1	Cowpox virus strain UK2000_K2984, complete genome	28	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	91	81.3
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	96.6
NC_055739.1	Enterobacter phage myPSH1140, complete genome	202	92.6
NC_023561.1	Enterobacter phage PG7, complete genome	146	91.1
NC_014662.1	Enterobacteria phage CC31, complete genome	283	78.8
NC_006949.1	Enterobacteria phage ES18, complete genome	171	87.1
NC_042022.1	Enterococcus phage phiSHEF4, complete genome	131	78.6
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	69	88.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_001697.1	Haemophilus phage HP1 strain HP1c1, complete genome	78	89.7
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	28	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	187	84.0
LR861881.1	Human papillomavirus type 73 isolate LNS3785675_HP73, complete genome	28	100.0
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	57	94.7
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	177	86.4
NC_031040.1	Lactococcus phage 50101, complete genome	208	82.7
NC_031016.1	Lactococcus phage PLgT-1, complete genome	150	85.3
NC_004066.1	Lactococcus phage ul36, complete genome	269	98.5

NC_009813.1	Listeria phage B054, complete genome	276	73.6
KM386655.1	Lymantria dispar multiple nucleopolyhedrovirus strain 3029, complete genome	37	94.6
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	91.7
AF282130.1	Meleagrid herpesvirus 1 unique long region, IRL region, IRS region, unique short region, complete sequences and IRS partial sequence	31	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	261	78.2
U13766.1	Murine leukemia virus MCF1233, complete genome	74	85.1
AB028936.1	Periplaneta fuliginosa densovirus ORF-beta, ORF-alpha, ORF-gamma, ORF-1, ORF-3, ORF-2 genes, complete cds	187	84.5
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	221	88.2
NC_048086.1	Proteus phage Stubb, complete genome	71	95.8
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_007805.1	Pseudomonas phage F10, complete genome	265	98.9
NC_006552.1	Pseudomonas phage F116, complete genome	293	97.3
NC_042135.1	Pseudomonas phage JBD67, partial genome	266	97.7
NC_020200.1	Pseudomonas phage JBD88a, complete genome	169	99.4
NC_031091.1	Pseudomonas phage MD8, complete genome	197	93.4
NC_073672.1	Pseudomonas phage PA8, complete genome	32	100.0
NC_022096.1	Pseudomonas phage PaBG, complete genome	57	89.5
NC_011373.1	Pseudomonas phage PAJU2, complete genome	191	93.2
NC_016762.1	Pseudomonas phage phi297, complete genome	258	99.6
NC_030940.1	Pseudomonas phage phi3, complete genome	426	84.3
NC_016765.1	Pseudomonas phage PMG1, complete genome	147	98.0

NC_074662.1	Pseudomonas phage PP9W2, complete genome	339	99.1
NC_074747.1	Pseudomonas phage UMP151, complete genome	148	100.0
NC_074663.1	Pseudomonas phage vB_Pae_LC3I3, complete genome	97	97.9
NC_071039.1	Pseudomonas phage vB_PaeM_PA5oct, complete genome	149	91.9
NC_073673.1	Pseudomonas phage vB_PaeP_E220, complete genome	99	99.0
NC_061439.1	Pseudomonas phage vB_PaeS_PcyII-40_PfII40a isolate PfII40A_reads genome assembly, chromosome: PFII40A	156	99.4
NC_028667.1	Pseudomonas phage vB_PaeS_PM105	244	99.6
NC_028657.1	Pseudomonas phage YMC11/02/R656, complete genome	277	98.6
NC_030909.1	Pseudomonas phage YMC11/07/P54_PAE_BP, complete genome	256	93.4
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	254	76.0
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	37	94.6
NC_027708.1	Skunk adenovirus PB1, complete genome	156	85.9
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	118	87.3
NC_022090.1	Staphylococcus phage vB_SauM_Remus, complete genome	65	86.2
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	161	80.1
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	36	94.4
NC_020197.1	Streptococcus phage TP-J34 complete genome	62	85.5
NC_031023.1	Streptococcus virus 9874, complete genome	79	89.9
NC_003389.1	Swinepox virus, complete genome	37	97.3
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	39	92.3
NC_013197.1	Thermus phage P23-77, complete genome	44	93.2

NC_075039.1	Tupanvirus soda lake, partial genome	28	100.0
KM982401.1	UNVERIFIED: Acanthamoeba polyphaga mimivirus strain Oyster, complete genome	31	100.0
NC_075037.1	UNVERIFIED: Moumouvirus goulette, complete genome	51	90.2
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	49	89.8
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	258	91.1

Çizelge: PP3.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_001499.1	Abelson murine leukemia virus, complete genome	147	91.8
NC_020104.1	Acanthamoeba polyphaga moumouvirus, complete genome	29	100.0
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	63	85.7
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	33	97.0
NC_027925.1	Apis mellifera filamentous virus isolate CH-CO5, partial genome	28	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	222	75.7
NC_022773.1	Bacillus phage Blastoid, complete genome	34	94.1
NC_018085.1	Bacillus phage BtCS33, complete genome	567	73.0
NC_038385.1	Bat associated circovirus 1 isolate XOR, complete genome	28	100.0
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	309	86.4
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	92.7
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	31	100.0
LT837585.1	Bovine viral diarrhoea virus 1 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
NC_006560.1	Cercopithecine herpesvirus 2, complete genome	39	94.9
NC_023153.1	Citrus endogenous pararetrovirus clone CB16-3, complete genome	29	100.0
NC_055872.1	CrAssphage cr118_1, complete genome	29	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	38	94.7
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	91	81.3

NC_048053.1	Dickeya phage vB_DsoM_JA29, complete genome	28	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	88	96.6
JQ410350.1	Ectromelia virus ERPV culture-collection ATCC:VR-1431, complete genome	47	95.7
NC_035460.1	Eptesipox virus strain Washington, complete genome	28	100.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	34	94.1
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	75	92.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	54	87.0
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	32	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	40	95.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	33	100.0
NC_040536.1	Esparto virus isolate SRR3939042_Esparto_2012, complete genome	28	100.0
M18247.1	Feline leukemia virus, subgroup A (FeLV-FAIDS), complete nucleotide sequence	110	81.8
AJ581527.1	Fowlpox virus (isolate HP-438[Munich]), passage 438 clone FP9, complete genome	29	100.0
NC_009552.3	Geobacillus virus E2, complete genome	649	81.7
NC_008907.1	Glypta fumiferanae ichnovirus segment C3, complete sequence	28	100.0

NC_038923.1	Hardy-Zuckermann 4 feline sarcoma virus (H24-FeSV) kit oncogene	89	94.4
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	127	89.0
KT200355.1	HIV-1 isolate R6 from Spain, complete genome	28	100.0
MN887110.1	HIV-1 isolate SEC11A from Peru, complete genome	98	88.8
NC_033097.1	Hubei permutotetra-like virus 11 strain mosHB234479 RdRp and putative capsid protein genes, complete cds	30	100.0
MF994816.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO2, partial genome	34	97.1
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	292	93.5
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	245	82.9
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	43	90.7
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	117	100.0
NC_049446.1	Lactococcus phage 8V08, complete genome	31	100.0
NC_076164.1	Macacine alphaherpesvirus 1 isolate 8100812, complete genome	33	97.0
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
KF527229.1	Megavirus terra 1 genome	30	100.0
NC_075368.1	Moumouvirus australiensis isolate 10A, complete genome	32	96.9
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	32	96.9
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	144	81.3
NC_024625.1	Peridroma alphabaculovirus isolate GR_167, complete genome	108	79.6
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	208	87.0

MF375892.1	Phaseolus vulgaris alphaendornavirus 1 polyprotein gene, complete cds	28	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	329	79.0
NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	32	96.9
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_077139.1	Psittacine parvovirus 1 strain PsPV1/S10/AUS, complete genome	32	96.9
AB559882.1	RD114 retrovirus proviral DNA, complete genome, strain: CRT1	314	77.1
AB050936.1	Reston ebolavirus - Reston genomic RNA, complete genome	28	100.0
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	33	97.0
A66553.1	Sequence 3 from Patent WO9740167	108	83.3
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
NC_029046.1	Sinorhizobium phage phiLM21, complete genome	32	96.9
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	32	96.9
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	33	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	95.2
KM982401.1	UNVERIFIED: Acanthamoeba polyphaga mimivirus strain Oyster, complete genome	28	100.0
NC_075037.1	UNVERIFIED: Moumouvirus goulette, complete genome	28	100.0
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	257	90.7
V01170.1	Y73 sarcoma virus complete genome, genomic RNA	87	88.5

Çizelge: PP3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Gençious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bp)	Benzerlik (%)
KY883317.1	American plum line pattern virus isolate Q15R3 segment RNA3, complete sequence	68	92.6
NC_038385.1	Bat associated circovirus 1 isolate XOR, complete genome	38	92.1
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	83	98.8
NC_078344.1	Blattodean nairo-related virus OKIAV321 segment L genomic sequence	29	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	30	100.0
NC_019491.1	Cyprinid herpesvirus 1 strain NG-J1, complete genome	29	100.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	31	100.0
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	86	83.7
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	96.5
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESSI2_ev129 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	35	97.1
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	34	97.1
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	47	89.4
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	73	89.0
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0

NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
M18247.1	Feline leukemia virus, subgroup A (FeLV-FAIDS), complete nucleotide sequence	106	82.1
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	39	100.0
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	31	100.0
MH892403.1	Human respirovirus 1 strain t146a290_HPIV1, complete genome	76	94.7
NC_037667.1	Pandoravirus quercus, complete genome	228	82.0
NC_036477.1	Piscine reovirus isolate CGA280-05 core RNA-dependent RNA polymerase mRNA, complete cds	28	100.0
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	328	78.4
NC_074749.1	Pseudomonas phage vB_Pae-SS2019XII, complete genome	80	98.8
NC_023734.1	Psychrobacter phage Psymv2, complete genome	29	100.0
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	36	94.4
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	29	100.0
NC_070684.1	Streptococcus phage D1024, complete genome	40	95.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	95.2
NC_077106.1	Trabala vishnou gigantina nucleopolyhedrovirus, complete genome	29	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	257	90.7

Çizelge: PP3.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_009542.2	Aeromonas phage phiO18P, complete genome	59	89.8
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	59	93.2
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
NC_011551.1	Bacteriophage APSE-2, complete genome	170	99.4
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	287	87.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	31	96.8
AJ133738.1	Bovine viral diarrhea virus complete RNA genome, isolate NADL	81	96.3
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	133	77.4
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	89	91.0
NC_029009.1	Enterococcus phage EFDG1, complete genome	32	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESS12_ev239 genome assembly, chromosome: 1	37	94.6
NC_041919.1	Escherichia phage HP3, complete genome	247	96.8
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	70	90.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	45	91.1
KR233165.1	Escherichia phage PEC04, complete genome	108	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	70	88.6
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	63	88.9

NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	108	87.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	36	100.0
MK332105.2	Iguape virus strain SPAR158495/03 polyprotein gene, partial cds	186	82.8
MH118555.1	Murid betaherpesvirus 1 isolate s09_sk3086, complete genome	32	96.9
AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	95	87.4
AY570980.1	Porcine endogenous retrovirus C/A gag protein gene, complete cds	204	77.9
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	35	97.1
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	133	97.7
A66553.1	Sequence 3 from Patent WO9740167	105	85.7
NC_070850.1	Shigella virus Moo19, complete genome	60	91.7
NC_031906.1	Synechococcus phage S-CAM3 isolate 1010CC42, complete genome	75	90.7
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	92.9
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	117	94.9
NC_013197.1	Thermus phage P23-77, complete genome	33	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	43	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	257	90.7

EK 2C: ROUSETTUS AEGYPTIACUS ÖRNEKLERİ

Çizelge: RA1.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bp)	Benzerlik (%)
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	293	75.4
NC_018085.1	Bacillus phage BtCS33, complete genome	495	74.1
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	309	86.1
NC_047796.1	Enterococcus phage EFP01, complete genome	309	85.4
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	72	91.7
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_009552.3	Geobacillus virus E2, complete genome	1134	80.2
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	147	86.4
MN887110.1	HIV-1 isolate SEC11A from Peru, complete genome	104	85.6
AY037929.1	Human endogenous retrovirus K115 complete genome	275	93.8
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	278	79.1
NC_004687.1	Mycobacterium phage Bxz1, complete genome	46	91.3
NC_041890.1	Propionibacterium phage Anatole, complete genome	44	95.5
NC_070651.1	Streptococcus phage 128, complete genome	39	94.9
NC_070664.1	Streptococcus phage CHPC1062, complete genome	29	100.0
NC_021536.1	Synechococcus phage S-IOM18 genomic sequence	53	90.6
NC_070839.1	Synechococcus phage S-SZBM1, complete genome	71	90.1
KX689266.1	UNVERIFIED_ASMBLY: Cynomolgus cytomegalovirus isolate 31909, complete genome	29	100.0

Çizelge: RA1.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_020104.1	Acanthamoeba polyphaga moumouvirus, complete genome	31	100.0
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	74	91.9
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	69	94.2
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	102	77.5
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	128	85.9
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	31	100.0
NC_013594.1	Escherichia phage D108, complete genome	206	99.5
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	31	96.8
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	77	90.9
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	75	90.7
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	73	93.2
MF681664.1	Feline leukemia virus isolate FeLV_US_x1613_Fca2011, complete genome	101	83.2
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	94	78.7
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	112	77.7
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	71	84.5

MG600295.1	Red clover mottle virus isolate RCMV-PV1 putative polyprotein 2 gene, complete cds	32	96.9
MW174761.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus1, complete genome	152	83.6
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	264	91.7



Çizelge: RA2.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	66	93.9
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	94.9
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	202	76.2
NC_004827.1	Bacteriophage Aaphi23, complete genome	47	100.0
X57540.1	CAS-BR-E murine leukemia virus, viral genome	31	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	72	93.1
JQ083394.1	Hantaan virus strain HV004 segment M, complete sequence	28	100.0
AY779553.1	HIV-1 isolate CANB3FULL from Canada, complete genome	42	90.5
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	29	100.0
NC_047900.1	Klebsiella phage May, complete genome	58	98.3
NC_028766.1	Mannheimia phage vB_MhM_3927AP2, complete genome	149	79.9
NC_075367.1	Megavirus baoshan strain SH, complete genome	29	100.0
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	34	97.1
NC_048741.1	Proteus phage Mydo, complete genome	81	87.7
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
NC_031038.1	Skunkpox virus strain WA, complete genome	28	100.0

KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	263	92.8



Çizelge: RA2.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_026141.2	Adelie penguin polyomavirus isolate AdPyV_Crozier_2012, complete genome	73	89.0
NC_021247.1	Adoxophyes honmai enomopoxvirus 'L', complete genome	28	100.0
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	86	83.7
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	163	84.0
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	78	87.2
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	28	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	30	100.0
X57540.1	CAS-BR-E murine leukemia virus, viral genome	40	92.5
M90543.1	Cauliflower mosaic virus, complete genome	28	100.0
NC_031242.1	Cyanophage S-RIM50 isolate RW_29_0704, complete genome	43	93.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	80	88.8
KM924294.1	Equid herpesvirus 2 strain G9/92, complete genome	54	88.9
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	68	91.2
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	67	86.6
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_009552.3	Geobacillus virus E2, complete genome	133	86.5

JQ083394.1	Hantaan virus strain HV004 segment M, complete sequence	28	100.0
AY878066.1	HIV-1 isolate 03ZASK037B2 from South Africa, complete genome	28	100.0
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	78	89.7
AF133821.1	HIV-1 isolate MB2059 from Kenya, complete genome	82	84.1
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	36	100.0
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	62	88.7
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	36	100.0
MF421319.1	Infectious bronchitis virus isolate UY/09/CA/01, complete genome	28	100.0
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
NC_075367.1	Megavirus baoshan strain SH, complete genome	28	100.0
KF527229.1	Megavirus terra1 genome	61	86.9
KU324805.1	Murine leukemia virus isolate HoMuLV, complete genome	71	85.9
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
GU292318.1	Ovine enzootic nasal tumor virus isolate ENTV-1NA3, complete genome	70	90.0
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	153	90.8
NC_027336.1	Propionibacterium phage PHL009M11, complete genome	222	95.0
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	40	95.0
NC_031129.1	Salmonella phage SJ46, complete genome	216	99.5

NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	41	100.0
U85505.1	Simian endogenous retrovirus, complete genome	54	90.7
AB920339.1	Simian retrovirus 4 proviral DNA, complete genome, strain: SR415	29	100.0
M11841.1	Simian SRV-1 type D retrovirus (L47.1), complete genome	122	81.1
NC_010808.1	Staphylococcus phage phiMR25 DNA, complete genome	29	100.0
NC_054655.1	Streptomyces phage Celia, complete genome	67	88.1
NC_015286.1	Synechococcus phage Syn19, complete genome	71	90.1
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	42	90.5
AY530931.1	Tomato yellow leaf curl virus, complete genome	28	100.0
NC_075038.1	Tupanvirus deep ocean, complete genome	28	100.0
KT427769.1	UNVERIFIED: HIV-1 isolate 10BR_RJ078 from Brazil genomic sequence	29	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	47	91.5
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	512	82.8

Çizelge: RA3.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	79	91.1
NC_071007.1	Aeromonas phage ZPAH34, complete genome	247	74.5
NC_013597.1	Aggregatibacter phage S1249, complete sequence	307	81.4
NC_024451.1	Armadillidium vulgare iridescent virus complete genome	28	100.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	96.0
NC_071040.1	Bacillus phage PBC2, complete genome	29	100.0
NC_071044.1	Bacillus phage vB_BanS_Nate, complete genome	56	96.4
NC_004827.1	Bacteriophage Aaphi23, complete genome	470	79.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	34	97.1
NC_075563.1	Cervid alphaherpesvirus 2 strain Norway, complete genome	31	96.8
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	38	100.0
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	258	82.6
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	28	100.0
NC_019503.1	Enterobacteria phage ime09, complete genome	147	100.0
NC_008720.1	Enterobacteria phage N4, complete genome	62	90.3
NC_019932.1	Erwinia phage ENT90, complete genome	28	100.0
NC_041972.1	Erwinia phage vB_EamM_Deimos-Minion, complete genome	174	79.3
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	69	91.3

NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_027364.1	Escherichia phage PBECO 4, complete genome	74	86.5
NC_028448.1	Escherichia phage slur14, complete genome	175	100.0
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	60	90.0
NC_019505.1	Escherichia phage wV7, complete genome	58	89.7
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
MF681664.1	Feline leukemia virus isolate FeLV_US_x1613_Fca2011, complete genome	100	83.0
NC_001697.1	Haemophilus phage HP1 strain HP1c1, complete genome	378	82.3
NC_003315.1	Haemophilus phage HP2, complete genome	310	83.5
NC_019455.1	Haemophilus phage SuMu, complete genome	129	84.5
MT222957.1	HIV-1 isolate DE00115VN005 from Viet Nam, complete genome	97	89.7
NC_047900.1	Klebsiella phage May, complete genome	58	98.3
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	374	83.2
NC_049355.1	Lactococcus phage 936 group phage PhiB1127, complete genome	29	100.0
NC_028766.1	Mannheimia phage vB_MhM_3927AP2, complete genome	217	76.5
NC_028898.1	Mannheimia phage vB_MhM_587AP1, complete genome	107	78.5
NC_028956.1	Mannheimia phage vB_MhS_1152AP2, complete genome	51	92.2
NC_028743.1	Mannheimia phage vB_MhS_587AP2, complete genome	30	100.0

AB187565.1	Murine leukemia virus Graffi GV-1.2 DNA, complete genome	37	97.3
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
NC_021312.1	Phaeocystis globosa virus strain 16T, complete genome	30	100.0
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
MG600295.1	Red clover mottle virus isolate RCMV-PV1 putative polyprotein 2 gene, complete cds	32	96.9
NC_021772.1	Salmonella phage FSL SP-058, complete genome	30	100.0
NC_022768.1	Salmonella phage Maynard, complete genome	98	82.7
NC_049428.1	Salmonella phage Mutine, complete genome	33	97.0
NC_016073.1	Salmonella phage SFP10, complete genome	65	90.8
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	79	91.1
NC_054939.1	Shigella phage CM8, complete genome	277	99.3
NC_042078.1	Shigella phage Sf24, complete genome	207	97.6
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	173	86.1
NC_022914.1	Staphylococcus phage phiRS7, complete genome	83	94.0
NC_029010.1	Staphylococcus phage SA97, complete genome	131	83.2
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	58	89.7
NC_070651.1	Streptococcus phage 128, complete genome	104	84.6
NC_028697.1	Streptococcus phage A25, complete genome	286	83.2
NC_024361.1	Streptococcus phage DCC1738, complete sequence	211	94.3
NC_024370.1	Streptococcus phage IC1, complete sequence	150	85.3
NC_070928.1	Streptococcus phage IPP48, complete genome	257	90.3

NC_070930.1	Streptococcus phage IPP66, complete genome	200	96.5
NC_024357.1	Streptococcus phage K13, complete sequence	198	86.9
NC_070689.1	Streptococcus phage MM25, complete genome	98	84.7
NC_071076.1	Streptococcus phage P7952, complete genome	235	74.9
NC_012756.1	Streptococcus phage PH10, complete genome	326	97.2
NC_010945.1	Streptococcus phage PH15, complete genome	156	89.7
NC_031920.1	Streptococcus phage phiARI0004, complete genome	201	91.0
NC_031901.1	Streptococcus phage phiARI0131-1, complete genome	166	87.9
NC_031913.1	Streptococcus phage phiARI0460-1, complete genome	573	88.8
NC_031942.1	Streptococcus phage phiARI0462, complete genome	233	80.7
NC_030946.1	Streptococcus phage phiARI0923, complete genome	274	91.2
NC_022791.1	Streptococcus phage phiBHN167 complete genome	214	96.3
NC_019418.1	Streptococcus phage phiNJ2, complete genome	216	92.1
NC_070927.1	Streptococcus phage SpGS-1, complete genome	399	90.2
NC_071085.1	Streptococcus phage SW18, complete genome	48	93.8
NC_020197.1	Streptococcus phage TP-J34 complete genome	154	83.8
NC_003050.2	Streptococcus pneumoniae bacteriophage MM1 complete genome	228	93.9
NC_049921.1	Stx1 converting phage AU6Stx1, complete genome	28	100.0
NC_055719.1	Synechococcus phage S-H35, complete genome	62	91.9
NC_055761.1	Synechococcus virus S-PRM1, complete genome	28	100.0
AY530931.1	Tomato yellow leaf curl virus, complete genome	28	100.0
NC_075038.1	Tupanvirus deep ocean, complete genome	50	94.0
KM982401.1	UNVERIFIED: Acanthamoeba polyphaga mimivirus strain Oyster, complete genome	30	100.0

KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	263	93.2
NC_042094.1	Vibrio phage Ceto, complete genome	52	90.4
NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	29	100.0
NC_027368.1	Vibrio phage PV94, complete genome	43	95.3
NC_073095.1	Xanthomonas phage Pfeifenkraut, complete genome	73	84.9



Çizelge: RA3.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_026141.2	Adelie penguin polyomavirus isolate AdPyV_Crozier_2012, complete genome	33	97.0
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	59	93.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	87	92.0
NC_071049.1	Bacillus phage vB_BcoS-136, complete genome	76	86.8
NC_002166.1	Bacteriophage HK022, complete genome	714	91.7
MG693161.1	Bat rotavirus H isolate RVH/Bat-wt/CMR/CMR63/2014/GXPX VP6 VP6 gene, complete cds	34	100.0
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	99	87.9
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	80	91.3
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	33	97.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	31	100.0
NC_030240.1	Catopsilia pomona nucleopolyhedrovirus isolate 416, complete genome	30	100.0
NC_054901.1	Citrobacter phage PhiZZ23, complete genome	285	99.3
NC_054899.1	Citrobacter phage vB_CroM_CrRp10, complete genome	684	97.2
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	278	80.2
NC_026611.1	Edwardsiella phage GF-2 DNA, complete sequence	52	100.0
NC_019485.1	Enterobacter phage EcP1, complete genome	55	100.0
NC_049943.1	Enterobacteria phage 2851, complete genome	98	100.0

NC_054902.1	Enterobacteria phage Aplg8, complete genome	245	99.6
NC_027983.1	Enterobacteria phage AR1 DNA, complete genome	308	100.0
NC_042057.1	Enterobacteria phage DE3, complete genome	205	97.6
NC_022750.1	Enterobacteria phage fiAA91-ss, complete genome	612	86.6
NC_054903.1	Enterobacteria phage GiZh, complete genome	160	99.4
JN600960.1	Enterobacteria phage IME10, complete genome	621	97.4
NC_019503.1	Enterobacteria phage ime09, complete genome	936	98.9
NC_019706.1	Enterobacteria phage mEp043 c-1, complete genome	490	95.9
NC_019708.1	Enterobacteria phage mEp235, complete genome	402	96.8
NC_000929.1	Enterobacteria phage Mu, complete genome	470	98.5
NC_001895.1	Enterobacteria phage P2, complete genome	35	94.3
NC_050152.1	Enterobacteria phage P7, complete genome	382	96.9
NC_026014.1	Enterobacteria phage P88, complete genome	302	98.7
NC_021190.1	Enterobacteria phage phi80, complete genome	136	95.6
NC_003356.1	Enterobacteria phage phiP27, complete genome	150	94.7
NC_054906.1	Enterobacteria phage RB18, complete genome	180	98.9
NC_025448.1	Enterobacteria phage RB27, complete genome	517	94.6
KM606995.1	Enterobacteria phage RB5, complete genome	206	100.0
NC_012635.1	Enterobacteria phage RB51, complete genome	137	99.3
NC_027398.1	Enterobacteria phage Sf101, complete genome	276	97.8
NC_005344.1	Enterobacteria phage Sf6, complete genome	376	83.0
NC_027339.1	Enterobacteria phage Sfl, complete genome	246	98.4
NC_027382.1	Enterobacteria phage SfMu, complete genome	532	97.6
NC_003444.1	Enterobacteria phage SfV, complete genome	88	89.8
HM137666.1	Enterobacteria phage T4T, complete genome	427	98.8
NC_054907.1	Enterobacteria phage T6 DNA, complete genome	391	93.4

NC_019399.1	Enterobacteria phage vB_EcoM_ACG-C40, complete genome	198	98.0
NC_055741.1	Enterobacteria phage vB_EcoM_IME339, complete genome	498	98.0
NC_028656.1	Enterobacteria phage VT2phi_272, complete sequence	252	97.6
NC_000902.1	Enterobacteria phage VT2-Sakai, complete genome	257	98.8
NC_012749.1	Enterobacteria phage WV8, complete genome	66	98.5
NC_011356.1	Enterobacteria phage YYZ-2008, complete prophage genome	202	98.5
NC_019715.1	Enterobacterial phage mEp234, complete genome	148	100.0
LC193725.1	Equid alphaherpesvirus 1 DNA, complete genome, strain: Ab4p_attB_delta_VP22	287	94.8
NC_048828.1	Erwinia phage Hena1, complete genome	71	91.5
NC_019929.1	Erwinia phage phiEaH2, complete genome	57	91.2
NC_048198.1	Erwinia phage vB_EhrS_59, complete genome	58	94.8
NC_049342.1	Escherichia phage 500465-1, complete genome	260	95.4
NC_049343.1	Escherichia phage 500465-2, complete genome	255	98.4
NC_049341.1	Escherichia phage 503458, complete genome	759	98.4
NC_049344.1	Escherichia phage 520873, complete genome	339	97.3
NC_070909.1	Escherichia phage Cartapus genome assembly, complete genome: monopartite	234	94.9
NC_013594.1	Escherichia phage D108, complete genome	632	96.8
NC_050154.1	Escherichia phage D6, complete genome	979	87.7
NC_024125.2	Escherichia phage e11/2, complete genome	314	99.0
NC_054909.1	Escherichia phage EC121, partial genome	731	94.9
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_016160.1	Escherichia phage HK75, complete genome	538	96.8

NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	55	92.7
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	382	96.1
NC_049955.1	Escherichia phage Lambda_ev243 genome assembly, chromosome: 1	502	95.4
NC_049917.1	Escherichia phage Lys12581Vzw, complete genome	183	87.4
NC_070903.1	Escherichia phage P2_AC1 genome assembly, chromosome: 1	477	95.8
NC_041935.1	Escherichia phage PA28, complete genome	201	96.0
KR233165.1	Escherichia phage PEC04, complete genome	169	99.4
NC_054930.1	Escherichia phage PP01 DNA, complete sequence	350	97.6
NC_028896.1	Escherichia phage pro147, complete genome	269	99.6
NC_012638.1	Escherichia phage RB14, complete genome	413	90.5
NC_008515.1	Escherichia phage RB32, complete genome	380	98.2
NC_042128.1	Escherichia phage RCS47, complete genome	288	99.3
NC_028927.1	Escherichia phage slur02, complete genome	520	99.6
NC_028780.1	Escherichia phage slur07, complete genome	333	99.4
NC_028448.1	Escherichia phage slur14, complete genome	1000	98.0
NC_054933.1	Escherichia phage teqhad, complete genome	196	100.0
NC_054934.1	Escherichia phage teqskov, complete genome	240	100.0
NC_054912.1	Escherichia phage vB_EcoM_F1, complete genome	360	98.1
NC_054918.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4498, complete genome	162	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	89	83.1
NC_054917.1	Escherichia phage vB_EcoM_G50, complete genome	302	97.4
NC_054924.1	Escherichia phage vB_EcoM_Lutter, complete genome	465	98.7

NC_054916.1	Escherichia phage vB_EcoM-G28, complete genome	331	99.4
NC_050153.1	Escherichia phage vB_EcoM-Ro157c2YLVW, complete genome	300	97.3
NC_031103.1	Escherichia phage vB_EcoM-UFV13, complete genome	70	92.9
NC_054935.2	Escherichia phage YUEEL01, complete genome	200	97.5
NC_049952.1	Escherichia virus Lambda_2B8 genome assembly, chromosome: 1	122	87.7
NC_049954.1	Escherichia virus Lambda_2G7b genome assembly, chromosome: 1	283	96.5
NC_049950.1	Escherichia virus Lambda_2H10 genome assembly, chromosome: 1	256	99.6
NC_049946.1	Escherichia virus Lambda_4A7 genome assembly, chromosome: 1	282	95.7
NC_070905.1	Escherichia virus P2 genome assembly, chromosome: 1	207	99.5
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049387.1	Escherichia virus P2_4B2 genome assembly, chromosome: 1	375	98.4
NC_049391.1	Escherichia virus P88_4B11 genome assembly, chromosome: 1	151	100.0
NC_038923.1	Hardy-Zuckermann 4 feline sarcoma virus (H24-FeSV) kit oncogene	62	96.8
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	28	100.0
NC_047818.1	Klebsiella phage 4 LV-2017, complete genome	283	95.8
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	77	93.5
KU697902.1	Mutant Autographa californica nucleopolyhedrovirus isolate vAcRev-1, complete genome	476	99.4

NC_010276.1	Orgyia leucostigma NPV, complete genome	32	96.9
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
NC_010393.1	Phage Gifsy-2, complete genome	28	100.0
NC_055831.1	Phage NBEco003, complete genome	184	96.7
NC_048086.1	Proteus phage Stubb, complete genome	39	97.4
NC_022096.1	Pseudomonas phage PaBG, complete genome	78	89.7
NC_011802.1	Salmonella enterica bacteriophage SE1, complete genome	135	97.0
NC_021782.1	Salmonella phage FSL SP-076, complete genome	42	100.0
NC_049506.1	Salmonella phage moki, complete genome	66	89.4
NC_073196.1	Salmonella phage NBSal006, complete genome	114	96.5
NC_019488.1	Salmonella phage RE-2010, complete genome	139	96.4
NC_031129.1	Salmonella phage SJ46, complete genome	334	94.0
NC_004313.1	Salmonella phage ST64B, complete genome	29	100.0
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	77	89.6
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	33	100.0
NC_054638.1	Salmonella phage vB_SenS_SB28, complete genome	168	75.6
Z48163.2	Semliki forest virus genomic RNA for non-structural polyprotein and structural polyprotein, strain A7	310	96.8
A66552.1	Sequence 2 from Patent WO9740167	129	79.8
AX453977.1	Sequence 3 from Patent WO0200883	124	91.1
NC_054938.1	Serratia phage PhiZZ30, complete genome	165	95.2
NC_054939.1	Shigella phage CM8, complete genome	516	99.0
NC_055713.1	Shigella phage KNP5, genome	251	96.8
NC_025829.1	Shigella phage pSs-1, complete genome	317	99.4
NC_042078.1	Shigella phage Sf24, complete genome	533	94.7

NC_022749.1	Shigella phage SfIV, complete genome	117	95.7
NC_047998.1	Shigella phage Sfin-1, complete genome	174	91.4
NC_054942.1	Shigella phage SH7, complete genome	189	98.9
NC_015457.1	Shigella phage Shfl2, complete genome	244	99.2
NC_030953.1	Shigella phage SHFML-11, complete genome	194	100.0
NC_031011.1	Shigella phage SHFML-26, complete genome	447	98.2
NC_070850.1	Shigella virus Moo19, complete genome	51	88.2
KY235267.1	Simian retrovirus 2 isolate IFB9578, complete genome	46	93.5
AB920339.1	Simian retrovirus 4 proviral DNA, complete genome, strain: SR415	85	84.7
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	124	92.7
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	145	84.8
NC_011357.1	Stx2-converting phage 1717, complete prophage genome	99	96.0
NC_049924.1	Stx2-converting phage Stx2a_F451 proviral DNA, complete genome	232	92.2
NC_049941.1	Stx2-converting phage Stx2a_WGPS2 proviral DNA, complete genome	364	94.2
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	44	97.7
KT232076.1	UNVERIFIED_ORG: Enterobacteria phage lambda, complete genome	271	93.7
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	512	83.2
NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	58	84.5
NC_075105.1	White spot syndrome virus, complete genome	28	100.0
NC_042116.1	Yersinia phage fHe-Yen9-04 genome assembly, complete genome: monopartite	84	86.9

NC_054943.1	Yersinia phage fPS-2 genome assembly, chromosome: I	311	97.7
NC_027353.1	Yersinia phage phiD1 complete genome	443	93.7
NC_027404.1	Yersinia phage PST, complete genome	176	97.7
NC_054944.1	Yersinia phage PYPS2T, complete genome	304	97.0



EK 2D: RHINOLOPHUS FERRUMEQUINUM ÖRNEKLERİ

Çizelge: RF1.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	61	90.2
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	65	95.4
NC_077164.1	Aksy-Durug Melophagus sigma virus strain 13577, complete genome	28	100.0
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	90.9
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	54	94.4
JQ991011.1	Bombyx mori NPV strain Guangxi, complete genome	30	100.0
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	252	79.8
KP175581.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 216, complete genome	67	88.1
NC_027117.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 824, complete genome	105	81.9
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	89	88.8
NC_055833.1	Enterococcus phage nattely, complete genome	47	95.7
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	84.0
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0

NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	72	88.9
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_048798.1	Klebsiella phage Marfa, complete genome	28	100.0
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	73	91.8
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
NC_028766.1	Mannheimia phage vB_MhM_3927AP2, complete genome	239	73.6
NC_023572.1	Mycobacterium phage MichelleMyBell, complete genome	45	93.3
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	39	92.3
U86599.1	Pestivirus type 1 cytopathic genomic RNA, complete genome	223	90.1
NC_040539.1	Rhinolophus gammaherpesvirus 1 BV1 DNA, complete genome	58	91.4
NC_049459.1	Salmonella phage SW9, complete genome	35	97.1
NC_041917.1	Serratia phage BF, complete genome	77	85.7
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.8
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	178	86.5
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	28	100.0
KU569593.1	Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi virus isolate TH12E1 segment DNA-B, complete sequence	48	87.5
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	250	93.2
NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	39	92.3

Çizelge: RF1.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_021247.1	Adoxophyes honmai enomopoxvirus 'L', complete genome	34	94.1
NC_048651.1	Aeribacillus phage AP45, complete genome	39	100.0
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	35	97.1
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	177	75.7
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	95.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	31	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	91	96.7
NC_037057.1	Dishui lake phycodnavirus 1, complete genome	32	96.9
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	91	84.6
NC_070873.1	Escherichia phage St11Ph5, complete genome	29	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	73	90.4
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	36	97.2
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	36	94.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
NC_014767.1	Micromonas sp. RCC1109 virus MpV1, complete genome	41	90.2

MN295684.1	Orthohantavirus jejuense strain 17-39 segment S, complete sequence	28	100.0
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	28	100.0
KY358788.1	Small ruminant lentivirus isolate USMARC-199906011-2, complete genome	36	97.2
NC_043382.1	Snyder-Theilen feline sarcoma virus genomic sequence	53	96.2
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	36	94.4
NC_075136.1	Tetraselmis virus 1, complete genome	29	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	330	82.7
NC_002331.1	Xestia c-nigrum granulovirus, complete genome	28	100.0

Çizelge: RF1.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	66	92.4
MK139294.1	Adeno-associated virus isolate CHC2806_AAV.FL.linear, complete genome	176	85.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	86	95.3
NC_075036.1	Bodo saltans virus strain NG1, complete genome	30	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	37	91.9
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	28	100.0
NC_018454.1	Cronobacter phage phiES15, complete genome	277	88.1
NC_043313.1	Diolcogaster facetosa bracovirus clone BAC 14G12, complete sequence	36	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	55	92.7
NC_049943.1	Enterobacteria phage 2851, complete genome	148	98.0
NC_004813.1	Enterobacteria phage BP-4795, complete genome	844	99.2
NC_022750.1	Enterobacteria phage fiAA91-ss, complete genome	796	98.0
NC_019768.1	Enterobacteria phage HK106, complete genome	138	90.6
NC_002730.1	Enterobacteria phage HK620, complete genome	61	100.0
NC_019706.1	Enterobacteria phage mEp043 c-1, complete genome	269	100.0
NC_019716.1	Enterobacteria phage mEp460, complete genome	272	98.5
AF234173.1	Enterobacteria phage P1 mod1902::IS5 c1.100 rev dmt(del)MB mutant, complete genome	765	99.3
NC_026014.1	Enterobacteria phage P88, complete genome	271	94.5
NC_003356.1	Enterobacteria phage phiP27, complete genome	148	89.2

NC_028656.1	Enterobacteria phage VT2phi_272, complete sequence	140	97.9
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	99	82.8
NC_049342.1	Escherichia phage 500465-1, complete genome	221	98.6
NC_049343.1	Escherichia phage 500465-2, complete genome	277	97.8
NC_049341.1	Escherichia phage 503458, complete genome	238	98.3
NC_049344.1	Escherichia phage 520873, complete genome	104	98.1
NC_050154.1	Escherichia phage D6, complete genome	28	100.0
NC_016158.1	Escherichia phage HK639, complete genome	134	89.6
NC_016160.1	Escherichia phage HK75, complete genome	189	97.9
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	185	95.1
NC_049953.1	Escherichia phage Lambda_ev099 genome assembly, chromosome: 1	315	94.9
NC_027364.1	Escherichia phage PBECO 4, complete genome	31	100.0
NC_007804.2	Escherichia phage phiV10, complete genome	484	95.2
NC_028896.1	Escherichia phage pro147, complete genome	239	100.0
NC_019445.1	Escherichia phage TL-2011b, complete genome	525	96.9
NC_019442.1	Escherichia phage TL-2011c, complete genome	358	91.0
NC_049466.2	Escherichia phage vB_EcoM_4HA13, complete genome	50	92.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	71	87.3
NC_049952.1	Escherichia virus Lambda_2B8 genome assembly, chromosome: 1	231	99.6
NC_049954.1	Escherichia virus Lambda_2G7b genome assembly, chromosome: 1	130	95.4
NC_049946.1	Escherichia virus Lambda_4A7 genome assembly, chromosome: 1	746	93.3

NC_070904.1	Escherichia virus P2 genome assembly, chromosome: 1	151	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_076728.1	Euproctis digramma nucleopolyhedrovirus, complete genome	41	92.7
AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	116	88.8
NC_029073.1	Geobacillus virus E3, complete genome	28	100.0
NC_048018.1	Gordonia phage Apricot, complete genome	54	96.3
NC_073022.1	Hafnia phage yong1, complete genome	140	79.3
NC_038553.1	Heterosigma akashiwo virus 01 isolate HaV53, complete genome	29	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	29	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
NC_047818.1	Klebsiella phage 4 LV-2017, complete genome	105	93.3
NC_055748.1	Klebsiella phage Mineola, complete genome	166	93.4
NC_049453.1	Klebsiella phage ST13-OXA48phi12.1, complete genome	267	84.3
NC_049451.1	Klebsiella phage ST147-VIM1phi7.1, complete genome	150	88.0
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	79	93.7
NC_043129.1	Micromonas pusilla virus SPI, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 unordered pieces	29	100.0
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	28	100.0
NC_019522.1	Pectobacterium phage ZF40, complete genome	154	82.5
NC_010393.1	Phage Gifsy-2, complete genome	28	100.0

LR812930.1	Porcine epidemic diarrhea virus isolate GER/L03208/2019 genome assembly, complete genome: monopartite	56	98.2
NC_077221.1	Prymnesium kappa virus genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_028999.1	Pseudomonas phage PhiPA3, complete genome	92	83.7
NC_061432.1	Pseudomonas phage YMC12/01/R24, complete genome	126	81.0
NC_031940.1	Salmonella phage 118970_sal3, complete genome	476	93.5
NC_070911.1	Salmonella phage BIS20, complete genome	176	84.7
NC_021857.1	Shigella phage Sfil, complete genome	239	98.3
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	136	100.0
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	204	97.1
NC_004587.1	Streptococcus prophage 315.4, complete genome	109	82.6
NC_011357.1	Stx2-converting phage 1717, complete prophage genome	283	96.8
AP012529.1	Stx2-converting phage Stx2a_F403 proviral DNA, complete genome	195	98.5
NC_049941.1	Stx2-converting phage Stx2a_WGPS2 proviral DNA, complete genome	222	95.0
NC_049945.1	Stx2-converting phage Stx2a_WGPS6 proviral DNA, complete genome	150	98.0
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
KT232076.1	UNVERIFIED_ORG: Enterobacteria phage lambda, complete genome	150	97.3
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	159	91.8
NC_055830.1	Vibrio phage Chester, complete genome	39	92.3
NC_070913.1	Yersinia phage vB_YenM_42.18, complete genome	121	91.7

Çizelge: RF2.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	55	89.1
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	90.9
HM004430.1	Bathycoccus sp. RCC1105 virus BpV2, complete genome	30	100.0
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	220	83.2
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	82	95.1
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	37	94.6
MF770979.1	Broad bean wilt virus 1 isolate UL1 segment RNA1, complete sequence	42	95.2
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	86	96.5
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	84.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	48	89.6
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	35	97.1
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	69	82.6
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	36	94.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	28	100.0
NC_077067.1	Fadolivirus 1 strain FV1/VV64, partial genome	41	92.7

AY510475.1	Gallid herpesvirus 2 clone Md11BAC replication intermediate, complete genome	160	88.8
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	36	100.0
NC_047918.1	Lactobacillus phage Satyr, complete genome	29	100.0
JX885207.1	Megavirus lba isolate LBA111, complete genome	28	100.0
NC_043129.1	Micromonas pusilla virus SP1, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 unordered pieces	29	100.0
NC_036594.1	Orpheovirus IHUMI-LCC2 genome assembly, complete genome: monopartite	30	100.0
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	127	89.0
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	72	90.3
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	39	92.3
KU569593.1	Tomato yellow leaf curl Kanchanaburi virus isolate TH12E1 segment DNA-B, complete sequence	48	87.5
MZ364298.1	UNVERIFIED: Beak and feather disease virus strain BFDV/S10/AUS, complete genome	29	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	30	100.0
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	43	90.7
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	108	93.5

Çizelge: RF2.2 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	68	86.8
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	44	100.0
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	29	100.0
MH806438.1	Bovine viral diarrhea virus 2 isolate McCart_c, complete genome	75	94.7
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	111	84.7
NC_079139.1	Cotonvirus japonicus DNA, complete genome	29	100.0
HQ420893.1	Cowpox virus strain Finland_2000_MAN, complete genome	28	100.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	59	88.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	91	96.7
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	84.0
MK593462.1	Equine infectious anemia virus isolate Bau Gard co, complete genome	64	85.9
NC_070873.1	Escherichia phage St11Ph5, complete genome	29	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	64	92.2
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	44	93.2
DQ530348.1	Gallid herpesvirus 2 strain CVI988, complete genome	37	97.3
KU050077.1	Glossina pallidipes salivary gland hypertrophy virus strain Ethiopian, complete genome	31	96.8

KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
KJ361949.1	Human herpesvirus 5 strain 2CEN30, complete genome	28	100.0
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	28	100.0
NC_021331.1	Shigella phage pSf-1, complete genome	28	100.0
NC_070850.1	Shigella virus Moo19, complete genome	49	95.9
NC_018476.1	Simbu virus RdRp gene for RNA-dependent RNA polymerase, segment L, genomic RNA, isolate SA Ar 53	37	100.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	36	94.4
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	361	87.3
V01170.1	Y73 sarcoma virus complete genome, genomic RNA	159	84.3

Çizelge: RF2.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_076969.1	Acanthamoeba castellanii medusavirus DNA, complete sequence	110	90.0
NC_020104.1	Acanthamoeba polyphaga moudouvirus, complete genome	96	83.3
NC_048142.1	Acinetobacter phage AbKT21phiIII, complete genome	65	90.8
NC_049494.1	Acinetobacter phage vB_AbaM_PhT2, complete genome	82	81.7
NC_054465.1	Aeromonas phage 2_D05, complete genome	180	75.0
NC_048773.1	Aeromonas phage 4_4572, complete genome	34	100.0
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	63	90.5
NC_070999.1	Aeromonas phage pAEv1810, complete genome	87	83.9
NC_070849.1	Alcaligenes phage vB_AfaP_QDWS595, complete genome	46	91.3
MK913782.1	Alfalfa mosaic virus isolate 295 segment RNA1, complete sequence	126	83.3
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	99	94.9
NC_049960.1	Bacillus phage Harambe, complete genome	28	100.0
NC_028788.1	Bacteriophage Diva, complete genome	52	94.2
NC_055828.1	Bacteroides phage crAss002, complete genome	97	88.7
LR824489.1	Border disease virus isolate TO_121_04 genome assembly, complete genome: monopartite	38	94.7
AY526908.1	Bordetella phage BMP-1, complete genome	101	81.2
NC_009235.2	Burkholderia phage phi644-2, complete genome	29	100.0

NC_048047.1	Caulobacter phage CcrBL9, complete genome	40	97.5
NC_048048.2	Caulobacter phage CcrSC, complete genome	56	89.3
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	252	85.3
NC_055772.1	Corynebacterium phage Kimchi1738, complete genome	51	92.2
NC_055894.1	CrAssphage cr6_1, complete genome	31	100.0
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	33	97.0
NC_012635.1	Enterobacteria phage RB51, complete genome	71	84.5
NC_003444.1	Enterobacteria phage SfV, complete genome	62	88.7
NC_016570.1	Escherichia phage Cba120, complete genome	28	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	83	86.7
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	45	91.1
NC_052658.1	Escherichia phage nepoznato, complete genome	29	100.0
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
MT279193.1	Garlic virus D isolate GarVD_BR, complete genome	77	97.4
NC_070763.1	Gordonia phage Forza, complete genome	59	84.7
NC_001697.1	Haemophilus phage HP1 strain HP1c1, complete genome	52	94.2
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
NC_049451.1	Klebsiella phage ST147-VIM1phi7.1, complete genome	218	82.6
NC_048694.1	Klebsiella phage vB_Kpn_F48, complete genome	67	88.1
NC_043129.1	Micromonas pusilla virus SP1, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 unordered pieces	28	100.0

NC_031020.1	Morganella phage vB_MmoM_MP1, complete genome	56	92.9
NC_042337.1	Mycobacterium virus Astro, complete genome	73	91.8
NC_020201.1	Pectobacterium phage phiTE, complete genome	28	100.0
NC_019522.1	Pectobacterium phage ZF40, complete genome	29	100.0
NC_073679.1	Pseudomonas phage Kremar, complete genome	40	95.0
NC_010811.2	Ralstonia phage RSL1, complete genome	82	91.5
MW174758.1	Saccharomyces cerevisiae virus L-A strain ScV-LAlus4, complete genome	30	100.0
NC_013059.1	Salmonella phage c341, complete genome	146	89.7
NC_041996.1	Serratia phage CHI14, complete genome	57	93.0
NC_070850.1	Shigella virus Moo19, complete genome	49	95.9
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	117	84.6
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	142	80.3
NC_049941.1	Stx2-converting phage Stx2a_WGPS2 proviral DNA, complete genome	87	82.8
NC_055719.1	Synechococcus phage S-H35, complete genome	75	89.3
NC_070961.1	Synechococcus phage S-H9-1, complete genome	34	97.1
NC_015289.1	Synechococcus phage S-SSM5, complete genome	53	92.5
KM972720.1	Tete virus strain SaAn 3518 glycoprotein precursor, gene, complete cds	117	95.7
NC_062780.1	Uncultured phage cr13_1, complete genome	64	82.8
NC_062771.1	Uncultured phage cr99_1, complete genome	94	80.9
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	98.2
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	212	94.8

Çizelge: RF3.1 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_008724.1	Acanthocystis turfacea Chlorella virus 1, complete genome	46	91.3
NC_041997.1	Acidovorax phage ACP17, complete genome	50	92.0
NC_070956.1	Aeromonas phage LAh10, complete genome	79	91.1
LC522980.1	Apple chlorotic leaf spot virus VIC10 RNA, complete genome	36	97.2
MN609927.1	Avian orthoavulavirus 1 isolate NDV/duck/Vietnam/HU8-683/2017, complete genome	87	88.5
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	175	85.1
NC_023719.1	Bacillus phage G, complete genome	32	96.9
NC_004827.1	Bacteriophage Aaphi23, complete genome	28	100.0
NC_055826.1	Bacteriophage DSS3_VP1, complete genome	79	88.6
NC_032111.1	BeAn 58058 virus, complete genome	237	86.1
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	54	92.6
NC_048047.1	Caulobacter phage CcrBL9, complete genome	69	85.5
AY513268.1	Citrus exocortis viroid, complete genome	75	89.3
FJ751933.1	Citrus exocortis Yucatan viroid isolate 15, complete genome	252	79.8
AP008984.1	Cyprinid herpesvirus 3 DNA, complete genome, strain: TUMST1	34	97.1
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	58	87.9
KP175581.1	Desmodus rotundus endogenous retrovirus isolate 216, complete genome	467	71.1
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	81	97.5

KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	96	81.3
KM924294.1	Equid herpesvirus 2 strain G9/92, complete genome	47	93.6
NC_048807.1	Erwinia phage pEp_SNUABM_01, complete genome	43	90.7
NC_049393.1	Escherichia phage ESSI2_ev040 genome assembly, chromosome: 1	29	100.0
NC_049392.1	Escherichia phage ESSI2_ev239 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049948.1	Escherichia phage Lambda_ev017 genome assembly, chromosome: 1	31	100.0
NC_049949.1	Escherichia phage Lambda_ev207 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_054919.1	Escherichia phage vB_EcoM_G4507, complete genome	66	89.4
NC_054922.1	Escherichia phage vB_EcoM_KAW1E185, complete genome	68	89.7
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	40	92.5
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	30	100.0
NC_001697.1	Haemophilus phage HP1 strain HP1c1, complete genome	80	98.8
NC_019455.1	Haemophilus phage SuMu, complete genome	70	88.6
NC_038668.1	harvey murine sarcoma virus p21 v-has protein gene	84	90.5
NC_015718.1	Helicoverpa armigera densovirus, complete genome	206	99.5
NC_004156.2	Helicoverpa zea nudivirus 2, complete genome	28	100.0
MG298870.1	Human gammaherpesvirus 4 isolate JC_V005, partial genome	38	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7
KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	28	100.0

D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	43	93.0
NC_001596.1	Human papillomavirus type 9, complete genome	28	100.0
L11456.1	Human T-cell lymphotropic virus type II, complete proviral genome of isolate G12	36	100.0
NC_048873.1	Klebsiella phage KpS8, complete genome	90	85.6
NC_049448.1	Klebsiella phage ST437-OXA245phi4.1, complete genome	380	83.4
KU746283.1	Mammarenavirus guanaritoense isolate CVH-960201 segment L, complete sequence	228	97.8
MZ272060.1	Mammarenavirus wenzhouense isolate CH50 glycoprotein and nucleoprotein genes, complete cds	60	98.3
NC_028853.1	Mannheimia phage vB_MhS_535AP2, complete genome	1166	72.9
NC_028743.1	Mannheimia phage vB_MhS_587AP2, complete genome	478	83.1
NC_075367.1	Megavirus baoshan strain SH, complete genome	127	79.5
NC_014767.1	Micromonas sp. RCC1109 virus MpV1, complete genome	41	92.7
MH118555.1	Murid beta herpesvirus 1 isolate s09_sk3086, complete genome	29	100.0
NC_023572.1	Mycobacterium phage MichelleMyBell, complete genome	45	93.3
MF289414.1	Orthonairovirus haemorrhagiae isolate 813040 UAE segment L, complete sequence	151	90.1
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	39	92.3
NC_044937.1	Paramecium bursaria Chlorella virus CVA-1, partial genome	28	100.0
NC_008193.1	Pasteurella phage F108, complete genome	62	95.2
NC_075034.1	Powai lake megavirus isolate 1, complete genome	28	100.0
NC_028762.1	Proteus phage vB_PmiM_Pm5461, complete genome	112	76.8

NC_054462.1	Ralstonia phage Adzire, complete genome	29	100.0
NC_073475.1	Rhodococcus phage Mbo4, complete genome	38	97.4
NC_004313.1	Salmonella phage ST64B, complete genome	32	100.0
NC_027344.1	Salmonella phage STML-198, complete genome	74	95.9
NC_041917.1	Serratia phage BF, complete genome	77	85.7
NC_031218.1	Shayang Spider Virus 1 strain SYZZ-4 glycoprotein precursor (G) gene, complete cds	34	97.1
MG554409.1	Small ruminant lentivirus isolate SRLV009, complete genome	31	96.8
NC_043382.1	Snyder-Theilen feline sarcoma virus genomic sequence	142	94.4
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	133	85.7
NC_074583.1	SsRNA phage SRR5466369_2 genomic sequence	301	87.7
NC_048804.1	Stenotrophomonas phage Mendera, complete genome	56	96.4
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	35	97.1
EF420157.1	Tanapox virus isolate TPV-RoC, complete genome	31	100.0
NC_002794.1	Tupaiaid herpesvirus 1, complete genome	30	100.0
NC_062767.1	Uncultured phage cr149_1, complete genome	28	100.0
KY910011.1	UNVERIFIED: Rotavirus C isolate RVC/Pig-wt/CAN/A10-108/2014/G6P4 structural protein 3-like gene, complete sequence	55	92.7
KT232076.1	UNVERIFIED_ORG: Enterobacteria phage lambda, complete genome	216	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	162	80.9
NC_042094.1	Vibrio phage Ceto, complete genome	82	89.0

Çizelge: RF3.3 BLAST Eşleşmesi

NCBI Erişim Numarası	Geneious Eşleşmesi	Dizi Uzunluğu (bç)	Benzerlik (%)
NC_055235.1	Baboon cytomegalovirus OCOM4-37, complete genome, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 22 unordered pieces	213	77.5
MW773844.1	Betacoronavirus 1 strain GCCDC4, complete genome	81	95.1
NC_028094.1	Chrysochromulina ericina virus isolate CeV-01B, complete genome	39	92.3
KP188543.1	Dengue virus 1 isolate DENV1 BR/SJRP/484/2012, complete genome	32	100.0
NC_043329.1	Diolcogaster facetosa bracovirus segment 29, complete sequence	91	90.1
KU258873.1	Enzootic nasal tumour virus of goats isolate ENTV-2CHN4, complete sequence	100	83.0
NC_019929.1	Erwinia phage phiEaH2, complete genome	60	93.3
NC_049343.1	Escherichia phage 500465-2, complete genome	37	97.3
NC_049341.1	Escherichia phage 503458, complete genome	30	100.0
NC_049394.1	Escherichia phage ESS12_ev129 genome assembly, chromosome: 1	52	88.5
NC_049392.1	Escherichia phage ESS12_ev239 genome assembly, chromosome: 1	72	90.3
NC_049386.1	Escherichia virus P2_2H1 genome assembly, chromosome: 1	36	94.4
NC_049385.1	Escherichia virus P2_2H4 genome assembly, chromosome: 1	32	100.0
NC_015718.1	Helicoverpa armigera densovirus, complete genome	167	100.0
MF994818.1	Human betaherpesvirus 6A strain CO4, partial genome	31	100.0
KC440852.1	Human herpesvirus 4 strain K4123-MiEBV, partial genome	65	87.7

KF558370.1	Human herpesvirus 7 isolate UCL-1, partial genome	39	94.9
D00835.1	Human immunodeficiency virus 2 proviral DNA, complete genome	28	100.0
MN161849.1	Jaagsiekte sheep retrovirus strain DL37, complete genome	88	86.4
NC_071015.1	Kosakonia phage Kc263, complete genome	73	94.5
NC_028973.1	Lagomorph bocaparvovirus 1 strain LBoV 160/01/ITA, complete genome	36	97.2
NC_076319.1	MAG: Genomoviridae sp. isolate ctij207, complete genome	29	100.0
NC_039048.1	Miniopterus schreibersii bat bocaparvovirus strain str24 NS1 (NS1) gene, complete cds	273	77.3
NC_042313.1	Mycobacterium virus JoeDirt, complete genome	41	95.1
NC_028091.1	Ostreococcus lucimarinus virus 2 isolate Olv2, complete genome	32	96.9
NC_037666.1	Pandoravirus neocaledonia, complete genome	36	100.0
CQ964469.1	Sequence 1 from Patent WO2004104032	55	92.7
NC_021857.1	Shigella phage Sfil, complete genome	269	100.0
MG679374.1	Sindbis virus strain Kyzylgach LEIV-65A, complete genome	62	98.4
NC_074405.1	SsRNA phage SRR5466337_3 genomic sequence	114	86.0
NC_028045.1	Tadarida brasiliensis circovirus 1, complete genome	36	94.4
NC_076336.1	UNVERIFIED: Bat gemycircularvirus isolate DXHL6, complete genome	211	90.0
MZ409726.1	UNVERIFIED_CONTAM: Squash mosaic virus isolate 11_2014 genomic sequence	28	100.0
NC_041925.1	UNVERIFIED_ORG: Proteus phage VB_PmiS-Isfahan, complete genome	362	85.9

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Gizem Geçgil

Yabancı Dili: İngilizce

Eğitim Durumu

Lise: Ankara Bahçelievler Anadolu Lisesi (2010-2014)

Lisans: İzmir Yüksek Teknoloji Enstitüsü Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü (2015-2020)

Yüksek Lisans: Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü, Temel Biyoteknoloji (2021-devam ediyor)

İş Tecrübesi

ARGE ve Üretim Uzmanı – OMEGA Biyoteknoloji ve ARGE A.Ş. (Ocak 2023-devam ediyor)

Ziyaretçi Araştırmacı – BatLab Finland, University of Helsinki (Haziran 2022-Ağustos 2022)

Stajyer – Institute of Experimental Botany, Czhecia (Haziran 2019-Eylül 2019)

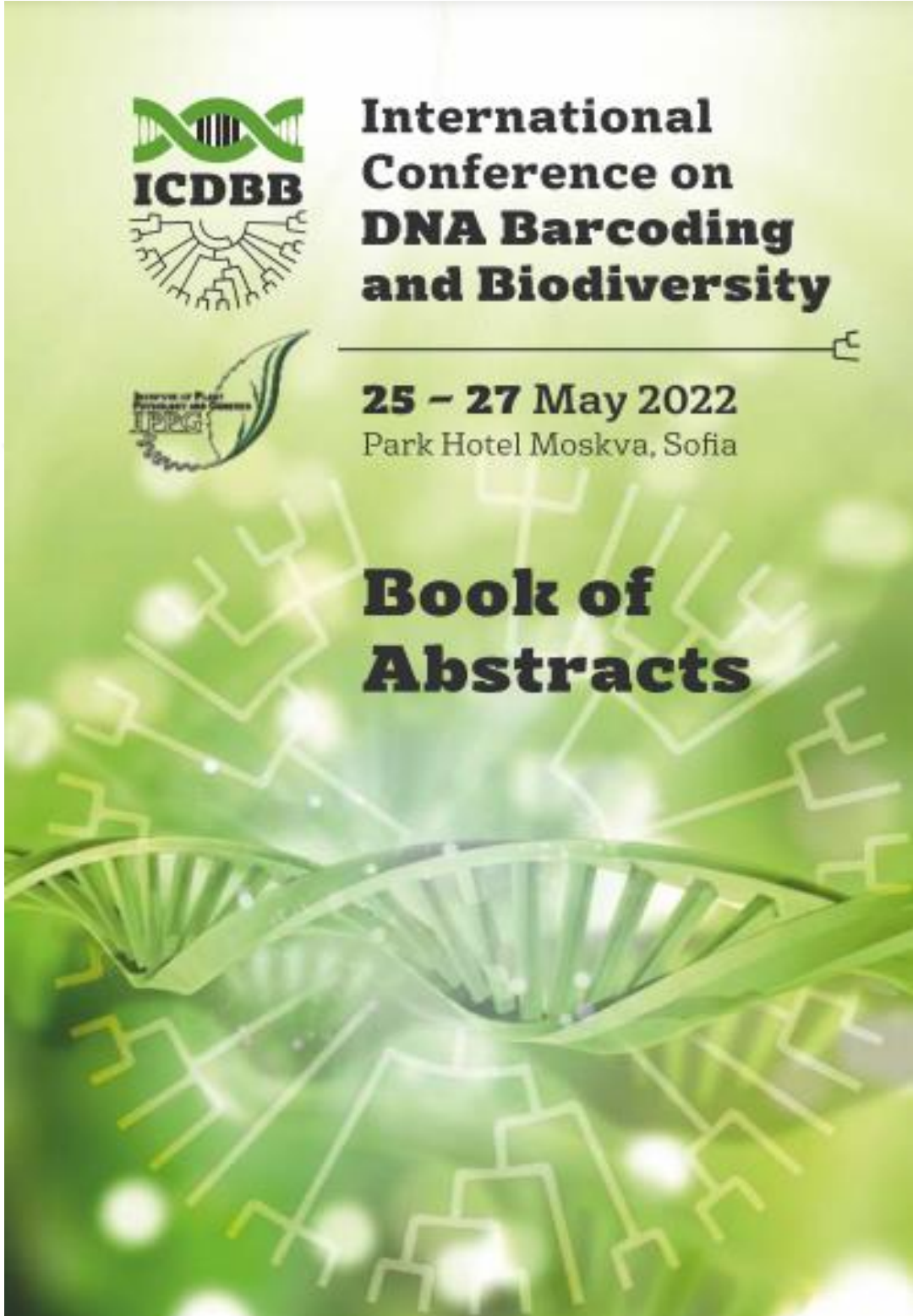
Yayınlar ve Bildiriler

Sözlü Sunum: Molecular analysis of mucilage formation at the Aegean Sea via metabarcoding

International Conference on DNA Barcoding and Biodiversity (ICDBB); 25-27.05.2022, Sofia, Bulgaria

Poster: DNA metabarcoding as an alternative method for pollinator biomonitoring
International Conference on DNA Barcoding and Biodiversity (ICDBB); 25-27.05.2022,
Sofia, Bulgaria







Molecular analysis of mucilage formation at Aegean Sea via metabarcoding

Gizem Geçgil^{a,b}, Berkay Gülen^{b,c}, Işıl Çelik^{a,b}, Pelin Taş^{a,b}, Emre Keskin^b

^aAnkara University, Biotechnology Institute

^bAnkara University, Agricultural Faculty, Department of Fisheries and Aquaculture, Evolutionary Genetics Laboratory (eGL)

^cAnkara University Graduate School of Natural and Applied Sciences

Keywords: *Marine Mucilage, Metabarcoding, Biodiversity, eDNA, High Throughput Sequencing*

Abstract

Marine mucilage is a visible, viscoelastic layer found on the oceans and it is made up from organic compounds released by marine organisms. The composition of marine mucilage changes over time; however, it mainly contains various types of microorganisms like bacteria, viruses, and microscopic eukaryotes. Even though mucilage itself is harmless, it is a suitable source for bacteria and viruses to retain. The high abundance of prokaryotes and viruses is resulted from ability of mucilage to entrap surrounding free bacteria and viruses in the water column. The presence of mucilage has been previously reported in the Adriatic Sea, the Tyrrhenian Sea, along the southern coast of Sicily, in the Ionian Sea and in Greece. Prior to the current mucilage event in Turkey, mucilage was observed in the northwest Mediterranean, Aegean Sea, Marmara Sea and Çanakkale Strait-originated mucilage events have been reported (Özalp, 2021.; Savun-Hekimoğlu & GaziOğlu, 2021).

Identification of the mucilage composition is important to identify which microbial communities are abundant and to examine potential marine diseases that affect almost all organisms. For this purpose, eDNA metabarcoding offers quick, reliable, and diverse advantages. In this study, mucilage samples taken from Bandırma Bay are subjected to

eDNA metabarcoding by using 16S ribosomal RNA and 18S ribosomal RNA regions to identify bacterial and eukaryotic diversity, respectively. Water collected from surrounding water of mucilage area was subjected to filtration by using capsule filters and DNA extraction was performed from this filter with DNeasy Blood & Tissue kit. The 16sV3 and 18sV4 DNA barcode regions were amplified by PCR. The PCR products were indexed via adapter ligation protocol for a pair ended 300K read per sample on an Illumina Nextseq 550 platform. According to the results, the main species that cause mucilage such as *G. fragilis*, *V. harveyi*, and *C. closterium* were found.

References

1. Özalp, H. B. (2021) First massive mucilage event observed in deep waters of Çanakkale Strait (Dardanelles), Turkey. 18.
2. Savun-Hekimoğlu, B., Gazioglu, C. (2021) Mucilage Problem in the Semi-Enclosed Seas: Recent Outbreak in the Sea of Marmara. *International Journal of Environment and Geoinformatics*, 8(4), 402–413. <https://doi.org/10.30897/ijegeo.955739>



EP20

DNA Metabarcoding as an alternative method for pollinator biomonitoring

Metehan Arıkan^{a,b}, Gizem Geçgil^{a,b}, Emre Keskin^b

^aAnkara University, Biotechnology Institute

^bAnkara University, Agricultural Faculty, Department of Fisheries and Aquaculture, Evolutionary Genetics Laboratory (eGL)

Keywords: DNA barcoding, pollination network, biodiversity, pollinators

Abstract

As a result of ongoing global changes, a dramatic and parallel decline in pollinators and animal pollinated plant species have been observed worldwide. It is urgently necessary to understand the responses of pollination networks to these declines in order to diagnose the risks to which ecosystems may be exposed, as well as to design and evaluate the effectiveness of conservation actions. Identifying pollen grains by their DNA is an approach that has gained currency in ecological studies over the past decade and is now seen as an alternative or complementary to microscopic palynological analysis (Galliot et al., 2017).

In June 2020, a two-week sampling was carried out with the Malaise trap in Bozalan, Turkey. This date is a period when insects were active in the region. After the morphological observations of the insects collected in the trap, each individual was photographed one by one. It was homogenized as mixed and DNA isolation was performed. At this stage, it was done to reach the genetic material of each individual. PCR reactions were carried out with primers specific for the 16S region for insects and with primers specific for the trnL region for pollen (Elbrecht et al. 2016). Positive PCR results of both plants and insects were obtained from the mixed DNA samples. Pollen is thought to come from pollen carried by insects. Then, as a result of bioinformatic analysis of

the samples sequenced on the NextSeq 500 device, the plant species belonging to the region were determined and the species were listed. The results provide insights into building a network of insects and the pollen they carry. It also provides information about the plant diversity existing in the ecosystem. In order to extract a species-specific pollination network, it may be possible to achieve results by making modifications to this protocol.

References

1. Galliot, J.-N., Brunel, D., Bérard, A., Chauveau, A., Blanchetête, A., Lanore, L., & Farruggia, A. (2017). Investigating a flower-insect forager network in a mountain grassland community using pollen DNA barcoding. *Journal of Insect Conservation*, 21(5–6).
2. Elbrecht, V., P. Taberlet, T. Dejean, A. Valentini, P. Usseglio-Polatera, J. N. Beisel, E. Coissac, F. Boyer and F. Leese (2016). „Testing the potential of a ribosomal 16S marker for DNA metabarcoding of insects.” *PeerJ* 4: e1966