

**AFYONKARAHİSAR
TEKSTİL BOYAR MADDELERİN GİDERİMİNDE
HALOFİLİK BAKTERİLERİN KULLANIMI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

Armağan DEMİRCİ

**DANIŞMAN
Prof. Dr. Kıymet GÜVEN
Doç. Dr. S. Elif KORCAN**

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

AĞUSTOS 2009

**AFYON KOCATEPE ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**TEKSTİL BOYAR MADDELERİN GİDERİMİNDE HALOFİLİK
BAKTERİLERİN KULLANIMI**

Armağan DEMİRCİ

DANIŞMAN

**Prof. Dr. Kıymet GÜVEN
Doç. Dr. Elif KORCAN**

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

**AĞUSTOS 2009
AFYONKARAHİSAR**

ONAY SAYFASI

Prof. Dr. Kıymet GÜVEN ve Doç. Dr. S. Elif KORCAN danışmanlığında,
Armağan DEMİRCİ tarafından hazırlanan
Tekstil Boyar Maddelerin Gideriminde Halofilik Bakterilerin Kullanımı
başlıklı bu çalışma lisansüstü eğitim ve öğretim yönetmeliğinin ilgili maddeleri uyarınca

...../...../.....

tarihinde aşağıdaki jüri tarafından

Biyoloji Anabilim Dalında

Yüksek lisans tezi olarak oybirliği/oy çokluğu ile kabul edilmiştir.

Ünvanı, Adı, SOYADI

Başkan Prof. Dr. Kıymet GÜVEN

Üye: Prof Dr. Muhsin KONUK

Üye: Doç. Dr. S. Elif KORCAN

Üye: Yrd. Doç. Dr. M. Burçin MUTLU

Üye: Yrd. Doç. Dr. İ. Hakkı CİĞERCİ

İmza

Afyon Kocatepe Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetin Kurulu'nun

...../...../..... tarih ve

..... sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Doç. Dr. Rıdvan ÜNAL

Enstitü Müdürü

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

TEKSTİL BOYAR MADDELERİN GİDERİMİNDE HALOFİLİK BAKTERİLERİN KULLANIMI

Armağan DEMİRCİ

Afyon Kocatepe Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman Prof. Dr. Kıymet GÜVEN
Doç. Dr. S. Elif KORCAN

Bu çalışmanın amacı; özellikle boya ve tekstil endüstrisi işletmeleri tarafından kullanılan ve bu işletmelerden çevreye bırakılan atık su içerisindeki önemli kirlilik faktörü olan azo boyar maddelerin düşük maliyetle ve kısa sürede biyolojik olarak arıtılmasının araştırılmasıdır. Bu amaçla C-13 (*Halomonas salina*.) ve C-22 (*Halobacillus* sp.) halofilik bakterilerin azo boyar maddeler (Lanaset Navy R ve Lanaset Brown B) üzerine renk giderim aktivitesi araştırılmıştır. Çamaltı Tuzlası'ndan izole edilen 6 halofilik bakteri Prof. Dr. Kıymet Güven tarafından temin edilmiştir. 6 halofilik bakterilerin farklı hidrolitik enzim (amilaz, DNaz, lipaz, proteaz ve ksilanaz) üretme kapasitelerine bakılmıştır. Bu bakteriler %5–30 tuz konsantrasyonlarında üreyebildikleri saptanmıştır. İzolatların bazı biyokimyasal ve antibiyotiklere duyarlılık testleri yapılmıştır. Fenotipik ve fizyolojik analizlere dayanarak 16S rDNA sekanlarına göre bu izolatların iki tanesi *Halomonas salina*, üç tanesi *Halobacillus* sp. diğeri ise *Bacillus marismortui* olarak saptanmıştır. Bu iki strainin %19,5 tuz konsantrasyonunda 37 °C'de, 72- 120 saat çalkalamalı etüvde (125 rpm) inkübasyonu sonucu azo boyaların renk giderimi belirlenmiştir. FTIR analizlerine göre renk gideriminin biyodegradasyondan ziyade biyoadsorbisyon ile olduğu saptanmıştır.

2009, 118 sayfa

Anahtar kelimeler: Çamaltı Tuzlası, Halofilik Bakteri, 16S rRNA Gen Kütüphanesi, Dekolarizasyon

ABSTRACT

Master of Science Thesis

USING of HALOPHILIC BACTERIA for DECOLORIZATION of TEXTILE DYES

Armağan DEMİRCİ

Afyon Kocatepe University
Institute for the Natural and Applied Sciences
Biology Program

Supervisor: Prof. Dr. Kıymet GÜVEN
Doç. Dr. S. Elif KORCAN

The aim of this study is to investigate the biological treatment of synthetic dyes, at a low cost and in the shortest possible time, which are used especially dye and textile industries and are an important polluting agent in the waste water dumped into the environment by these industries. For this purpose, C-13 (*Halomonas salina.*) and C-22 (*Halobacillus* sp.), halophilic bacteria, dye decolorizing activity on azo dyes (Lanaset Navy R and Lanaset Brown B) was examined. Among the 6 strains of halophilic bacteria which are isolated from Çamaltı Saltern, provided by Prof. Dr. Kıymet Güven. A total of 6 halophilic bacteria able to produce different hydrolases (amylases, DNases, lipases, proteases and ksilanase). These bacteria are able to grow optimally in media with 5–30% salts. The aerobic strains were performed biochemical tests and their antibiotic resistance. Phenotypic characterization and phylogenetic analysis based on 16S rDNA sequence comparisons indicate that these strains belonged to the two genus *Halomonas salina*, tri genus *Halobacillus* sp. and *Bacillus marismortui*. The two strains were able to decolorize azo dyes in a wide range of %19,5 NaCl concentration 37°C temperature. After 72-120 hour of incubation in shake culture (125rpm), they could decolorize the azo dyes. FTIR analyses before and after decolorization and the colorless bacterial biomass after decolorization suggested that decolorization was due to adsorption, rather than inactive surface biodegradation.

2009, 118 pages

Keywords: Çamaltı Saltern, Halophilic Bacteria, 16S rRNA Gene Library, Decolorization

TEŞEKKÜR

Tez konusunun seçiminde bana önderlik eden, Anadolu Üniversitesi Biyoloji Bölümü Mikrobiyoloji laboratuvarının tüm olanaklarından yararlanmamı sağlayan, bilgisinden, tecrübesinden yararlandığım ve hiçbir yardımı esirgemeyen danışmanım Anadolu Üniversitesi Biyoloji Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Kıymet GÜVEN' e teşekkürü bir borç bilirim

Bölümün tüm olanaklarından yararlanmamı sağlayan Afyon Kocatepe Üniversitesi Biyoloji Bölümü başkanımız Sayın Prof. Dr. Muhsin KONUK' a teşekkür ederim.

Yüksek lisans boyunca Afyon Kocatepe Üniversitesi' nde Biyoloji laboratuvarında tez çalışmamı yapmamı imkân sağlayan, hiçbir fedakârlıktan kaçınmayan ve bilgilerinden yararlandığım ve Anadolu Üniversitesi Biyoloji Bölümü Mikrobiyoloji laboratuvarında çalışmamız için bize yol gösteren Doç Dr. Elif KORCAN' a teşekkürümü bir borç bilirim.

Çalışmam boyunca laboratuvarında bilgi, tecrübelerinden faydalandığım ve yardımını esirgemeyen Yrd. Doç. Dr M. Burçin MUTLU' ya teşekkür ederim.

Bilgi ve tecrübelerinden faydalandığım Yrd. Doç Dr. İ.Hakkı CİĞERCİ' ye, çok teşekkür ederim.

Tezim boyunca laboratuvarında hiçbir yardımı esirgemeyen ve manevi yardımların dolayı hep yanımızda olan Arş. Gör. Rasime DEMİREL' e teşekkür ederim.

Çalışmam boyunca yardımlarından dolayı laboratuvar arkadaşlarım Mine AYDIN, Seda AVAZ' a ve mikrobiyoloji laboratuvarlarındaki çalışanlarına teşekkür ederim.

Ayrıca tüm eğitimim, özel yaşantım boyunca bana her türlü ilgiyi, imkânı ve yardımı sağlayan, sürekli destek veren sevgili aileme ve gösterdiği sabır dolayısıyla Yunus ŞEN' e teşekkürü bir borç bilirim.

Armağan DEMİRCİ

İÇİNDEKİLER

| | |
|--|-----|
| ÖZET | i |
| ABSTRACT | ii |
| TEŞEKKÜR | iii |
| SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ | x |
| ŞEKİLLER DİZİNİ | xii |
| RESİMLER DİZİNİ | xiv |
| ÇİZELGELER DİZİNİ | xv |
| | |
| 1. GİRİŞ | 1 |
| 2. GENEL BİLGİLER | 3 |
| 2.1.Halofilik Prokaryotlar | 3 |
| 2.1.1. Halofilik Archaea..... | 4 |
| 2.1.2. Halofilik Bacteria..... | 5 |
| 2.2 Halofilik Bakteriaların Biyoteknolojik Önemi | 7 |
| 2.2.1. Bacteriorhodopsin Üretimi | 9 |
| 2.2.2. Halorhodopsin Üretimi | 10 |
| 2.2.3. Polimerik Maddelerin Üretimi..... | 10 |
| 2.2.4. Besin Endüstrisinde Kullanımı | 10 |
| 2.2.5. Enzim Üretiminde Kullanımı: | 11 |
| 2.2.6. Biyolojik Sorumlu İyileştiriciler Olarak Kullanımı..... | 11 |
| 2.2.7. Petrol Eldesinde Kullanımı..... | 11 |
| 2.2.8. Çevre Biyoteknolojisinde Kullanımı..... | 12 |
| 2.3. Dekolarizasyon | 12 |
| 2.3.1. Dekolarizasyon Teknikleri..... | 13 |
| 2.3.1.1. Adsorpsiyon İzotermleri..... | 15 |

| | |
|--|----|
| 2.3.2. Mikrobiyal Dekolorizasyon..... | 17 |
| 2.3.2.1. Aerobik Yöntem | 17 |
| 2.3.2.2. Anaerobik Yöntem | 19 |
| 2.4. Biyosorpsiyon..... | 20 |
| 2.5. Dekolorizasyonda Kullanılan Mikroorganizmalar | 21 |
| 2.5.1. Bakterilerle Renk Giderimi | 21 |
| 2.5.2. Diğer Aerobik Bakteriler | 22 |
| 2.5.3. Alg Kültürleri ile Dekolorizasyon..... | 24 |
| 2.5.4. Fungal Dekolorizasyon | 25 |
| 2.6. Dekolorizasyon Mekanizmaları..... | 26 |
| 2.7. Boyalar | 28 |
| 2.7.1. Boyaların Sınıflandırılması | 28 |
| 2.7.2 Boyaların Biyolojik Sistemler Üzerine Etkisi..... | 29 |
| 3. MATERYAL ve METOD | 31 |
| 3.1. MATERYAL | 31 |
| 3.1.1. Kullanılan Besiyerleri | 31 |
| 3.1.1.1. %5 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 31 |
| 3.1.1.2. %10 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 31 |
| 3.1.1.3. %15 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 32 |
| 3.1.1.4. %20 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 32 |
| 3.1.1.5. %25 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 33 |
| 3.1.1.6. %30 Deniz Suyu (SW) (g/l) | 33 |
| 3.1.1.7. Kazein Besiyeri | 34 |
| 3.1.1.8. Tween 80 Besiyeri..... | 34 |
| 3.1.1.9. Selüloz Besiyeri..... | 35 |
| 3.1.1.10. İndol Besiyeri | 35 |

| | |
|--|----|
| 3.1.1.11. Jelatin Besiyeri | 36 |
| 3.1.1.12. Nişasta İçeren Brown (1963) Besi Yeri | 36 |
| 3.1.1.13. Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) İçeren Besiyeri..... | 37 |
| 3.1.1.14. Birchwood Ksilan İçeren Brown (1963) Besiyeri..... | 37 |
| 3.1.1.15. Şeker Testleri için Kullanılan Besiyeri | 38 |
| 3.1.2. Çalışmada Kullanılan Çözeltiler, Ayırıcılar ve Boyalar..... | 38 |
| 3.1.2.1. TAE 50X (bir litre için)..... | 38 |
| 3.1.2.2. Yağ Asidi Analizi Solüsyonları..... | 39 |
| 3.1.2.3. Kovaks Ayırıcı..... | 39 |
| 3.1.2.4. Para- aminodimetilanilin monohidroklorid Ayırıcı..... | 40 |
| 3.1.2.5. Kongo Kırmızısı Çözeltisi..... | 40 |
| 3.1.2.6. Lanaset Brown Çözeltisi | 40 |
| 3.1.2.7. Lanaset Navy Çözeltisi..... | 40 |
| 3.1.2.8 Durdurma Solüsyonu..... | 41 |
| 3.1.2.9 Boyalar | 41 |
| 3.2. METOD | 43 |
| 3.2.1. Bakteriler..... | 43 |
| 3.2.2. Geleneksel İdentifikasyon | 43 |
| 3.2.2.1. Gram Boyama..... | 43 |
| 3.2.2.2. İzolatların Fiziksel İsteklerinin Belirlenmesi | 43 |
| 3.2.2.3. Biyokimyasal Testler..... | 44 |
| 3.2.2.4. Antibiyotiklere Duyarlılık Testi | 46 |
| 3.2.3. Enzim Testleri | 46 |
| 3.2.3.1. Nişasta Hidrolizi..... | 46 |
| 3.2.3.2. Selüloz Hidrolizi..... | 47 |
| 3.2.3.3. Proteaz Hidrolizi..... | 47 |

| | |
|---|----|
| 3.2.3.4. Birchwood Ksilan Hidrolizi | 47 |
| 3.2.4 Moleküler İdentifikasyon | 47 |
| 3.2.4.1. Yağ Asidi Analizi | 47 |
| 3.2.4.2. 16S rRNA Geni Amplifikasyonu için İzolatlardan DNA Ekstraksiyonu | 48 |
| 3.2.4.3. 16S rRNA Geninin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile Amplifikasyonu | 49 |
| 3.2.4.4. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması | 50 |
| 3.2.4.5. 16S rRNA Genlerinin Klonlanması, Klonların Seçimi ve Klonlardan Dizi Analizleri | 50 |
| 3.2.4.6. Ligasyon Reaksiyonu | 51 |
| 3.2.4.7. Transformasyon | 52 |
| 3.2.4.8. İnsert'e Sahip Klonların Seçimi | 52 |
| 3.2.4.9. Rekombinant Plazmidlerin Klonlardan Ekstraksiyonu ve Saflaştırılması | 53 |
| 3.2.4.10. 16S rRNA Genlerinin Dizi Analizleri | 54 |
| 3.2.4.11. 16S rRNA Gen Dizilerinin Analizi | 56 |
| 3.2.4.12. Agaroz Jel Elektroferezleri | 56 |
| 3.2.5. Dekolarizasyon Çalışması | 57 |
| 3.2.5.1. Boyar Madde Konsantrasyonunun Belirlenmesi | 57 |
| 3.2.5.2. Dekolarizasyon Deneyleri | 57 |
| 3.2.5.3. F.T.I.R ile Renk Giderimi Analizi | 58 |
| 3.2.5.4. Adsorpsiyon İzotermilerin Hesaplanması | 58 |
| 4. BULGULAR | 59 |
| 4.1. Bakteriler | 59 |
| 4.2. Bakterilerin İdentifikasyonu | 60 |
| 4.2.1. Geleneksel İdentifikasyon | 60 |

| | |
|---|----|
| 4.2.1.1. Gram Boyama..... | 60 |
| 4.2.1.2. İzolatların Fiziksel İsteklerinin Belirlenmesi | 61 |
| 4.2.1.3. Biyokimyasal Testler..... | 63 |
| 4.2.1.4. Antibiyotiklere Duyarlılık Testi | 68 |
| 4.2.2. Enzim Testleri | 69 |
| 4.2.2.1. Selüloz Hidrolizi..... | 69 |
| 4.2.2.2. Nişasta Hidrolizi..... | 69 |
| 4.2.2.3. Proteaz Hidrolizi..... | 70 |
| 4.2.2.4. Birchwood Ksilan Hidrolizi | 70 |
| 4.2.3. Moleküler İdenfikasyon | 71 |
| 4.2.3.1. Yağ Asidi Analizi..... | 71 |
| 4.2.3.2. 16S rRNA Geni Amplifikasyonu için İzolatlardan DNA Ekstraksiyonu | 74 |
| 4.2.3.3. 16S rRNA Geninin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile Amplifikasyonu..... | 74 |
| 4.2.3.4. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması..... | 75 |
| 4.2.3.5. 16S rRNA Genlerinin Klonlanması, Klonların Seçimi ve Klonlardan Dizi Analizleri | 75 |
| 4.2.3.6. Rekombinant Plazmidlerin Klonlardan Ekstraksiyonu ve Purifikasyonu | 76 |
| 4.2.3.7. 16S rRNA Genlerinin Dizi Analizleri | 77 |
| 4.2.4. Dekolarizasyon Deneyleleri..... | 79 |
| 4.2.4.1 FT-IR ile Renk Giderimi Analizi Sonuçları | 83 |
| 4.2.4.2 İzoterm İncelemeleri..... | 85 |

| | |
|------------------------|-----|
| TARTIŞMA | 92 |
| KAYNAKLAR | 103 |
| ÖZGEÇMİŞ | 118 |
| EK-1 | ix |
| EK-2 | xix |
| EK-3 | cix |

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

1. Simgeler

| | |
|-----------------------|--|
| atm: | Atmosfer |
| dak: | Dakika |
| g: | Gram |
| g/L: | Gram/litre |
| m³: | Metreküp |
| mg: | Miligram |
| ml : | Mililitre |
| mg/ml : | Miligram/mililitre |
| mM : | Milimolar |
| ng/μl : | Nanogram/mikrolitre |
| rpm : | Dakikadaki dönüş hızı (round per minute) |
| rcf : | Rölatif santrifüj kuvveti |
| V/cm | Voltamper/santimetre |
| μl : | Mikrolitre |
| μg/μl : | Mikrogram/mikrolitre |
| °C : | Santigrat derece |
| % : | Yüzde |
| Nm: | Nanometre |

2. Kısaltmalar

| | |
|---------------|-----------------------------------|
| ATP: | Adenin Tri Fosfat |
| BLAST: | Basic Local Alignment Search Tool |
| CAP3: | CAP3 Sequence Assembly Program |
| LB: | Luria Bertani |
| PHA: | polihidroksialkonat |
| pH: | Hidrojen potansiyeli |
| SW: | Sea Water |
| PHB: | β-hidroksibutirat |

| | |
|--------------|--------------------------------|
| PHA: | Poly- β -hidroksialkonat |
| Myc: | C- myconcogene proteini |
| PAHs: | Aromatik hidrokarbonlar |
| PCBs: | Aromatik poliklorobifenoller |
| KOİ: | Kimyasal oksijen ihtiyacı |
| BOİ: | Biyolojik oksijen ihtiyacı |
| BET: | Brauner-Emmett-Teller |
| LiP: | Lignin peroksidaz |
| MnP: | Mangan peroksidaz |
| AKM: | Askıda katı madde |
| PCR: | Polimeraz Zincir Reaksiyonu |
| TAE: | Tris-EDTA-Asetik asit |
| dNTP: | Deoksinükleotidtrifosfat |

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

| | |
|--|----|
| Şekil 3.1 pCR2.1 vektörü | 51 |
| Şekil 4.1 C-22 izolatu Lanaset Brown B (520nm) boyasını statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi | 79 |
| Şekil 4.2 C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını (570nm) statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi | 80 |
| Şekil 4.3 C-13 İzolatu Lanaset Brown B boyasını (520nm) statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi | 81 |
| Şekil 4.4 C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasını statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi | 82 |
| Şekil 4.5 (a) C-22 izolatuının (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-22 izolatuının Lanaset Brown B (ürün) boyasında 96 saat sonrası FI-TR analizi..... | 84 |
| Şekil 4.6 (a) C-22 izolatuının (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-22 izolatuının Lanaset Navy R (ürün) boyasında 4320 dakika sonrası FI-TR analizi..... | 84 |
| Şekil 4.7 (a) C-13 izolatuının (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-13 izolatuının Lanaset Brown B (ürün) boyasında 120 saat sonrası FI-TR analizi..... | 85 |
| Şekil 4.8. Lanaset Brown B'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi | 88 |
| Şekil 4.9. Lanaset Brown B'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi | 88 |

Şekil 4.10. Lanaset Navy R'nin C-22 üzerine

biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi 89

Şekil 4.11. Lanaset Navy R'nin C-22 üzerine

biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi 89

Şekil 4.12. Lanaset Brown B'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi 90

Şekil 4.13. Lanaset Brown B'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi 90

Şekil 4.14. Lanaset Navy R'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi 91

Şekil 4.15. Lanaset Navy R'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi 91

RESİMLER DİZİNİ

| | Sayfa No |
|---|----------|
| Resim 4.1 Test organizmaların agar üzerindeki görüntüleri | 60 |
| Resim 4.2 Modifiye Gram boyama işlemi sonrası Gram pozitif olarak boyanmış basil şekilli hücreler | 61 |
| Resim 4.3 İzolatların % 25 SW agar üzerinde 55 °C’de gelişiminin belirlenmesi | 62 |
| Resim 4.4 Test izolatlarının maltozu kullanma testi. | 64 |
| Resim 4.5 C-13 izolatlarının Chloramphenicol (C-30) ve Rifampin (RAS) antibiyotiklerine karşı hassasiyetlerin agar üzerindeki görünümü | 69 |
| Resim 4.6 İzolatların 16S rRNA geni amplifikasyon ürünleri | 74 |
| Resim.4.7 İzolatların saflaştırılmış PCR ürünleri..... | 75 |
| Resim 4.8 Klonların seçimi için insert büyüklüklerinin kontrolü amacıyla yapılan PCR sonrası elde edilen jel..... | 76 |
| Resim 4.9 Plazmid izolasyonu işlemi sonrası %1’lik agaroz jeldeki görüntüleri | 77 |

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

| | |
|--|----|
| Çizelge 2.1. Halofilik Arkea, Bakteri ve Ökaryotların kullanıldığı en önemli biyoteknolojik uygulamalar | 8 |
| Çizelge 3.1 Lanaset Brown B ve Lanaset Navy R boyarının temel özellikleri | 41 |
| Çizelge 4.1 Çamaltı Tuzlasında izole edilen izolatların Gram Reaksiyonları, Koloni Morfolojileri ve Pigmentasyonu | 61 |
| Çizelge 4.2 İzolatların fiziksel istekleri | 63 |
| Çizelge 4.3 İzolatların Biyokimyasal Testleri | 67 |
| Çizelge 4.4 İzolatların antibiyotiklere duyarlılık testi | 68 |
| Çizelge:4.5 Enzim Testleri | 70 |
| Çizelge 4.6 İzolatların yağ asit profilleri | 73 |
| Çizelge 4.7 İzolatların dizi analizleri sonrası belirlenen en yakın gen bankası temsilcileri..... | 78 |
| Çizelge 4.8 C-13 ve C-22 izolatların Freundlich ve Langmuir izoterm sonuçları | 87 |

1. GİRİŞ

Atık suyun içerdiği çözünmüş organik maddeler, toksik maddeler, azotlu ve fosforlu maddeler suyun kimyasal özelliğini etkileyen maddelerdir (Akpınar 1998). Özellikle tekstil, kozmetik, boya, kâğıt, deri, gıda, plastik gibi birçok endüstriyel atık suların neden olduğu organik (proteinler, karbonhidratlar, yağ, gres, sürfektanlar, fenoller pestisidler, klorlu bileşikler vb.), inorganik (krom, çinko, kurşun, nikel, bakır, arsenik, civa, antimon, kadmiyum vb.) ve çeşitli boyar madde kirlilikleri insan sağlığını ve ekolojik dengeyi tehdit etmektedir (Papić et al. 2004).

Tekstil atık suları yüksek konsantrasyonda boyar madde, biyokimyasal oksijen ihtiyacı (BOI), kimyasal oksijen ihtiyacı (KOI) ve askıda katı madde (AKM) içerir (Kestioğlu vd. 2006). Aynı zamanda bu sular yüksek alkalinite ve sıcaklığa sahiptir (Nemerow 1978).

Dünya çapında yaklaşık olarak 10.000 farklı ticari boyar madde ve pigment mevcut olup, 7×10^5 ton/yıl üzerinde boyar madde ve pigment üretilmektedir. Bu boyar maddelerin yaklaşık %10-15'nin atık sulara bırakıldığı tahmin edilmektedir (Papić et al. 2004).

Boya maddesinin suya verilmesi ile su renklenmekte, bunun sonucunda göl ve nehirlere gün ışığının penetrasyonu azalmaktadır. Bu nedenle doğal su kaynaklarında hem fotosentetik aktivite hem de çözünmüş oksijen miktarı düşmektedir. Dolayısı ile akuatik sistemde anaerobik bir ortam olup, aerobik organizmaların yaşamasına engel olmaktadır (Banat et al.1996).

Dekolorizasyon çalışmaları bakteri ve fungusların kullanımı üzerine yoğunlaşmasına rağmen, beyaz küflerin, ligninolitik enzimlerin düşük pH değerlerinde (pH=4,5-5) aktif olması, atık sularda bulunma ihtimali düşük olan tiamin ile veratril alkol maddelerine ihtiyaç duyması gibi dezavantajların olması (Kapdan vd. 2000) alternatif organizma arayışlarına neden olmuştur. Ayrıca kirlenmiş habitatların ekstrem koşullara sahip

olmaları remediasyon çalışmalarında bu koşullarda yaşamlarını sürdürebilecek organizmalardan yararlanma fikrini ortaya çıkarmıştır.

Tekstil atık sularında boyar maddeler dışındaki önemli kirleticiler; biyolojik olarak zor ayrışan organik maddeler ve inhibitör bileşikler, adsorplanabilir klorlu bileşikler ve tuz (NaCl) içermektedir (Şen vd. 2003).

Halofilik bakteriler, aşırı tuzluluğa dayanıklı enzimleri, tuzluluğa karşı koyabilmek için kullandıkları stratejiler, zor şartlarda enerji üretimine olanak sağlayan özel proteinlerinin varlığı ve kendilerine has olan özellikleri ve ekstrem koşullara uyum göstermiş özel yapıları nedeniyle biyoteknoloji alanında çalışan birçok araştırmacının ilgisini çeken organizmalardır. Bu nedenle halofilik bakterilerin izolasyonu ve identifikasyonu yapılarak biyoteknolojik uygulamalarda özellikle remediasyon çalışmalarında yararlanılması büyük avantaj sağlayacaktır.

Bu çalışmamızda, Çamaltı tuzlasından izole edilen prokaryotik mikroorganizmaların idendifikasyonu, bazı biyokimyasal özelliklerinin belirlenmesi ve bu mikroorganizmaların en önemli kirlilik etkenlerinden biri olan tekstil boyar maddelerin biyolojik arıtımında kullanılabilirliği amaçlanmıştır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1. Halofilik Prokaryotlar

Gelişebilmeleri için yüksek miktarda tuz konsantrasyonuna ihtiyaç duyan tuzlu ortamlarda yaşayabilmek için farklı adaptasyonlar geliştirmiş organizmalar halofilik olarak bilinirler çünkü hepsinin hücrelerinde inorganik iyonlar bulunmaktadır. Sonuçta tüm canlıların tuza ihtiyacı vardır ve gelişmeleri için ihtiyaç duydukları tuz (NaCl) miktarlarına göre (Kushner 1985) tarafından şöyle sınıflandırmıştır;

- 1) Halofilik olmayanlar; gelişmeleri için %1'in altında NaCl'ye ihtiyaç duyanlar.
- 2) Az Halofiller; gelişmeleri için %1-3 arasında NaCl'ye ihtiyaç duyanlar.
- 3) Orta derecede Halofiller; gelişmeleri için %3-15 arasında NaCl 'ye ihtiyaç duyanlar.
- 4) Aşırı Halofiller; gelişmeleri için %15 'den daha fazla NaCl'ye ihtiyaç duyanlar.
- 5) Halotolerant; bunlar tuzun varlığında veya yokluğunda gelişebilen organizmalardır (Kushner 1985).

Genellikle halofilik mikroorganizmaların çoğunun ılıman veya sıcak iklimli bölgelerden izole edildiği ve bunların birçoğunun ılımlı termofiller olduğu kabul edilmiştir (İnandık 1985).

Halofiller, ortamdaki yüksek osmotik basınca karşı iki türlü adaptasyon geliştirmişlerdir. Bunlardan birincisi, K^+ , Na^+ veya Cl^- gibi inorganik iyonların yüksek konsantrasyonda hücre içinde birikmesi şeklinde osmozun dengelenmesidir (Da Costa et al.1998). Bu durum yüksek konsantrasyondaki iyonların varlığında çalışabilen hücre içi enzim adaptasyonlarını gerektirmektedir (Da Costa et al. 1998, Oren 2002). İkincisi ise; farklı mikroorganizmalarda görülen organik osmotiklerin birikmesidir (Galinski 1995). Bu, hücresel proteinlerin kendilerini çevreleyen yüksek tuz konsantrasyonuna karşı bir adaptasyonu değil, hücrenin değişen koşullara hızlı bir adaptasyonudur.

2.1.1. Halofilik Archaea

Halofilik Archaea'larda hücre şekli, diğer mikroorganizmalarda olduğu gibi kendi hücre duvarları tarafından belirlenir. *Halobacteriales* ordosu, çubuk, kok, düz extrem pleomorfik hücreler, kusursuz düz kare hücrelerden (Oren et al. 1996, Oren 1999) üçgen ve trapezoid (Takashina et al. 1990, Horikoshi et al. 1993) şekilli hücrelere kadar çeşitli morfolojik tipler içermektedir. Ayrıca, *Haloarcula japonica* gibi üçgen ya da paralelkenar hücreler de bulunur. Böylesi alışılmadık biçimler halofilik Archaea'ların bir turgor basıncına sahip olmamasından kaynaklanmaktadır (Oren 2002b).

Halobacteriaceae familyasının türleri farklı şekillere sahiptir. Pek çok suşun koloni rengi, içerdikleri C₅₀ ve C₄₀ karotenoidlerinden dolayı kırmızı tonlarındadır. Optimum üreme sıcaklıkları 35-50°C arasında olup karbon kaynağı olarak karbohidratları veya amino grup asitleri kullanırlar. Kompleks ortamlarda üremelerine rağmen bazı türler tek karbon kaynağı içeren inorganik ortamlarda üreyebilmektedirler (Grant et al. 2001).

Halofilik Archaea'da ekstraselüler kapsüller, belirli halofilik Archaea türlerinde ise hücre duvarı dışında polisakkarit kapsül bulunur. Çok miktarda ekzopolisakkarit *Haloferax* genusu tarafından salgılanır. *Haloferax mediterranei*'nin ekstraselüler kısmının mannozun majör komponenti olduğu ve heteropolisakkarit yapısında olduğu belirtilmiştir. Glukoz, galaktoz, gibi belirlenememiş bazı şekerler, aminoasit şekerleri ve uronik asit tespit edilmiştir ve bunların sülfat bağları içerdikleri belirlenmiştir (Oren 2002b).

Halofilik Archaea'da sitoplazmik membran, lipit ve proteinlerden oluşur. *Halobacteriales* ordosu üyelerinin hücre zarlarında, gliserole eter bağlı dallanmış 20-karbonlu (fitanil) ve bazen de 25-karbonlu (sesterpanil) zincirleri bulunmaktadır. Nötral lipitlerden farklı olarak fosfolipit, sülfolipit ve glikolipitlerden oluşan polar lipit tipleri suşların taksonomisinde önemli bir özellik olarak kullanılmaktadır (Torreblanca et al. 1986, Kates 1993). Besinlerin ve diğer bileşiklerin, iyonların içeri ve dışarı geçişleri, dış çevreden bilgi alan sensörleri, solunum elektron transportu için gerekli olan tüm

fonksiyonları içeren yapıdır. Ayrıca retinal iyon pompası bakteriyorodopsin ve halorodopsin birçok halofilik Archaea membranında bulunur (Oren 2002b).

Gaz vezikülleri protein alt ünitelerinden yapılmış silindirik yapılardır. Gaz vezikül proteinleri halofilik Archaea'nın stabilizasyonu için tuza gereksinim duymayan proteinlerden biridir. *Halobacteriaceae*' de gaz vezikülleri basınca karşı hassastır ve düşük basınçta bile parçalanabilir. Gaz veziküllerine sahip olma, tuzlu su yüzeyinde yüzebilme aerobik halofilik mikroorganizmalar açısından avantajlıdır. Çünkü tuzca doymuş tuzlu sularda oksijen ve diğer gazların çözünürlüğü azdır (Oren 2002b).

2.1.2. Halofilik Bacteria

Halofilik bakterialarda *Halomonas elongata* geniş tuz konsantrasyonunda ve elektron alıcısı olarak nitrat varlığında gelişebilmektedir (Vreeland et al. 1980). *Halomonas elongata*'nın hücre duvarı hidrofobisitesi açısından farklılık gösterir. Yüzey hidrofobisitesi büyük olasılıkla hücre duvarı yapısı ve sitoplazmik membranın ortak bir fonksiyonudur. Yüksek NaCl konsantrasyonunda yüklü fosfolipidlerin sayıca artışı güçlendirilmiş hidrofilik eğilimi açıklayabilir. Hidrofilik hücre yüzeyi yüksek tuzluluktaki suyun az olduğu ortamlarda hücreyi su molekülü açısından daha çekici hale getirir ve bu sayede hücrenin su kaybetmesini önler (Oren 2002b).

Halofilik bakteriler hücre şekilleri kok, çubuk ve gelişen hücreler ise elma şeklinde olup uzun esnek filamentleri gözlenmektedir. Örnek olarak; *Dichotomicrobium thermohalophilum*'da uzun esnek filamentler gözlenmiştir (Hirsch P., et al. 1989)

Halofilik bakterialarda ekstraselüler kapsül: *Halomonas eurihalina* ilginç özellikli bir ekzopolisakkarit üretir. %42 karbonhidrat (çoğunlukla heksoz) ve %15'i proteindir. Kalan kısmının yapısı ise bilinmemektedir. Polimer oldukça viskoz ve özellikle asidik pH' da termostabildir (Oren 2002b). Halofilik bakterilerde flagella ile hareket oldukça yaygındır. Özellikle kalın, polar flagella haloalkalifilik fotosentetik sülfür bakterisi *Halorhodospira abdelmalehii*'de gözlenir (Oren 2002b).

Halofilik bakterialarda hücre membranında tuz bağımlı değişiklikler fosfolipid tipleri düzeyinde ve lipitlerdeki yağ asiti zincirleri düzeyinde identifiye edilmiştir. “Haloadaptasyon” hücre zarfının osmatik strese karşı bir cevabı olarak görülmektedir (Oren 2002b).

Halofilik bakterialardaki polar lipidler çoğu türde bulunan majör polar lipitler fosfotidilkolin (PC) ve fosfotidiletanolamin (PE) dir. Kardiolipin (CL) ve glikolipitler gibi diğer tip lipitler bulunur (Oren 2002b). Çubuk şekilli gram negatif halofilik bakteriler (*Halomonas*, *Chromohalobacter* vb.) membran lipitlerinde genellikle düz zincirli doymuş ve monodoymamış yağ asitlerini (C16:O, 16:1 ve özellikle 18:1) içerirler. Siklopropan yağ asitleri birçok izolatta tespit edilmiştir. Halofilik bakterilerin solunum quinonları, hem ubiquinon hem de menaquinon tipte isoprenoid quinonlar olarak tespit edilmiştir (Oren 2002b).

Fotosentetik prokaryotlar fotosentetik aparatın yer aldığı intraselüler membran sistemlerine sahiptir. İntraselüler fotosentetik membranların çok farklılık gösteren şekilleri halofilik anoksijenik fotosentetik bakteriler arasında görülmektedir (Oren 2002b).

Halofilik Archaea’da sıkça görülen gaz veziküllerine, halofilik bakterilerde nadiren rastlanmaktadır. *Cyanobacteria*’nın gerçek halofilik temsilcileri gaz vezikülleri içermemektedir (Oren 2002b).

Isıya toleranslı endosporlar bazı halofilik bakteri grupları tarafından üretilir. *Clostridiaceae*’ den *Clostridium halophilum*, *Halanaerobiaceae*, *Halobacteriodaceae*, *Orenia* türleri, *Bacillaceae*, *Gracilibacillus*, *Halobacillus*, *Salibacillus* üyelerinde endospor oluşumu görülmektedir (Oren 2002b).

2.2. Halofilik Bakteriaların Biyoteknolojik Önemi

Halofilik mikroorganizmalar biyoteknolojide çok sayıda ilgi çeken uygulamalarda yer bulmuşlardır. Biyoteknoloji arařtırmalarında ekstremofillerden ve daha az “çekici” olabilirler, fakat uygulamaya gemiş örnekler aısından da küçümsenmeyecek derecededirler ve bu örneklerin sayısı gün getikçe hızla artmaktadır. Halofillerin biyoteknolojide kullanımı çeşitli kategorilere ayrılabilir.

İlk olarak; yüksek tuz konsantrasyonu varlığı gibi su aktivitesinin az olduėu durumlarda enzimatik transformasyonlarda fonksiyon göstermesi istenen halotolerans özellikteki enzimleri iş görebilir.

İkinci olarak; halofillerce üretilen bazı organik osmotik stabilize ediciler ilgi çeken uygulamalara sahiptirler.

Üçüncü olarak; bazı halofilik prokaryotlar değerli bileşikler üretirler. Bunlardan bazıları eşsizdir ve canlılar dünyası dışında başka yerde bulunmazlar.

Halofilik prokaryotlar genetik, biyokimyasal, fizyolojik özelliklerinin diėer mikroorganizmalardan farklı oluşu, çeşitli endüstriyel enzimler üretmeleri, biyodegradatif potansiyeli ve evrimsel aıdan önemli olmaları sebebiyle bilim dünyasında son yıllarda oldukça fazla ilgi çekmektedir. Bu organizmalar aynı zamanda ağır metallere dirençli olduklarından ağır metal kirliliėi olan atık sularda özellikle ağır metal içeren boyaların neden olduėu kirliliėin gideriminde etkili bir şekilde kullanılabilirler. Bu konu üzerinde yapılan çalışmalar çok yeni olmasına karşın *Halomonas* sp.’nin tuzlu fenolik atık suların temizlenmesinde kullanılabileceėi gösterilmiştir ayrıca aromatik bileşiklerle kontamine olmuş tuzcul çevrelerde halofilik bakterilerin katabolik rolü incelenmiştir (Garcia et al. 2005).

Hipersalin Oklahoma büyük tuz düzlüklerinde benzen ve toluenin aerobik parçalanırlılıėı test edilmiş ve halofilik mikroorganizmaların parçalamadaki rolü

gösterilmiştir Nicholson and Fathepure (2005), Lefebvre et al. (2005) deri işleme atık suyunun biyolojik olarak temizlenmesi için halofilik mikroorganizmaları önermişlerdir.

Halofilik Arkea, Bakteri ve Ökaryotların kullanıldığı en önemli biyoteknolojik uygulamaları Çizelge 2.1’ de gösterilmektedir (Oren 2002).

Çizelge 2.1 Halofilik Arkea, Bakteri ve Ökaryotların kullanıldığı en önemli biyoteknolojik uygulamalar

| Ürün | Üreten Mikroorganizma | Kullanımı ve Teknolojide Kullanımı |
|-------------------------------|--|--|
| Archaea | | |
| Bakteriyorodopsin | <i>H. salinarium</i> | Holografik depolama materyali, bilgisayar hafızaları ve işlemci birimleri, fotoelektrik dönüştürücüler ve diğerleri (Tümü deneysel düzeyde) |
| Farklı karetonoid Pigmentleri | Farklı <i>Halobacteriaceae</i> Üyeleri | Işık absorpsiyonu, tuzla kristalizasyon havuzlarında evaporasyon artırımı |
| Poly B Hidroksialkonat | <i>H. mediterranei</i> | Organizma yüksek PHA üretim potansiyelindedir. Endüstriyel çapta üretimi henüz yoktur |
| Ekstraselüler Polisakkaritler | <i>H. mediterranei</i> | Organizma değerli ekstraselüler polisakkarit üretimi açısından yüksek potansiyele sahiptir. Petrol kuyularından petrolün kazanımı için kullanılmaktadır. |
| Tuz toleranslı enzimler | Farklı Halofilik Archaealar | Henüz endüstriyel çapta değildir. |
| Bacteria | | |
| Soya sosu, balık sosu | Archaea kadar farklı bacteria üyeleri | Halofilik bakteriler üretimde yer alır. Saf kültürler kullanılmaz, mikrobiyolojik kontrolü kısıtlı olarak yapılır. |
| Ektoin ve hidroksi ektoin | <i>Halomonas elongata</i> <i>Marinococcus</i> M52 | Kozmetikte enzim stabilize edici nemlendirici olarak üretilir. Endüstriyel boyutta üretime henüz geçilmiştir. |
| Tuz toleranslı enzimler | Archaea kadar farklı bacteria üyeleri | Henüz endüstriyel çapta değildir. |
| Soya sosu, balık sosu | Farklı Bacteria üyeleri | Halofilik bakteriler üretimde yer alır. Saf kültürler kullanılmaz, mikrobiyolojik kontrolü sınırlı yapılır. |

Çizelge 2.1 (Devam) Halofilik Arkea, Bakteri ve Ökaryotların kullanıldığı en önemli biyoteknolojik uygulamalar

| | | |
|--------------------------------------|---------------------------|--|
| Eucarya B-karoten | <i>Dunaliella</i> türleri | Antioksidant ve besin renklendiricisi olarak |
| Kozmetik için Halofil hücre biyoması | <i>Dunaliella</i> türleri | Kozmetik preparasyonlarında katkı maddesi olarak |

Kısaca halofilik prokaryotların biyoteknolojik uygulamalarda kullanım alanlarını aşağıdaki gibi sıralayabiliriz:

1. Bacteriorhodopsin Üretimi
2. Halorhodopsin Üretimi
3. Polimerik Maddelerin Üretimi
4. Besin ve Besin Endüstrisinde
5. Enzim Üretiminde
6. Biyolojik Sorumlu İyileştiriciler Olarak
7. Petrol Eldesinde
8. Çevre Biyoteknolojisinde

2.2.1. Bacteriorhodopsin Üretimi

Çevrenin oksijen içeriği azaldığı zaman, halofilik Archaea'lar bacteriorhodopsin sentezlemiş olup ATP sentezine aracılık etme yeteneğine sahiptir. Bacteriorhodopsin güneş ışığını elektriğe dönüştürmek için kullanılabilir ve bir ATP jeneratörüdür. Ayrıca deniz suyunun tuzdan arındırılmasını, kimyasal ve biyosensör olarak kullanımını ve çok hızlı ışık deteksiyonu gibi uygulamaları içerir (Oren 2002c).

2.2.2. Halorhodopsin Üretimi

Halorhodopsin kloride (Cl⁻) iyonu için biyosensör olarak kullanılır, ışık yansıma pompası olarak görev yapar. Bu sistem halofilik Archaea'larda kloru (Cl⁻) hücre içine potasyum (K⁺) için anyon olarak pompalar (Oren 2002c).

2.2.3. Polimerik Maddelerin Üretimi

Ekstrem halofillerden olan *Haloferax mediterranei* hücre dışı polimerik madde olan β-hidroksibutirat (PHB) ve β-hidroksibutirat'ın kopolimeri olan poly-β-hidroksialkonat (PHA) içerebilirler. Poly-β-hidroksialkonat içerikleri tuzluluğa bağlı olarak kuru ağırlıklarının %19-38'e kadar olabilmektedir. Poly-β-hidroksialkonat biyolojik parçalanabilir plastiklerin üretiminde kullanılır. Böyle termoplastikler (biyolojik polyesterler) polypropilenlere benzer olarak yüksek direnç ve düşük erime sıcaklığı gibi mükemmel özelliklere sahiptirler (Oren 2002c).

2.2.4. Besin Endüstrisinde Kullanımı

Pek çok çalışma besinleri kontamine edenleri araştırmak üzere yapılmaktadır. Örneğin; besinlerde izole edilen *Micrococcus varians*, salçadan izole edilen *Vibrio costicola* gibi çok sayıda halofilik bakteriler vardır. Ayrıca tat vericiler olarak bilinen ticari ürünlerinde üretilmektedir. Tayland'da "nam pla" denilen fermente edilmiş balık sosu geleneksel olarak iki parça balık ve bir parça deniz tuzu eklenerek yapılır. Karışım konsantre tuzlu su ile kaplanır ve yaklaşık bir yıl fermente olması için bırakılır. *Halobacterium* ve *Halococcus* olarak tanımlanmış olan kırmızı halofilik Archaea'lar yaklaşık üç hafta sonra maksimum yoğunluklarına ulaşırlar ve fermantasyon periyodu boyunca bu durumlarını sürdürürler. Halobakterial proteazlar bu süreçte muhtemelen rol oynamaktadırlar. Archaea metabolizmasınınca oluşan ürünlerin bu sosun aromasına katkı yaptığı düşünülmektedir (Oren 2002c).

2.2.5. Enzim Üretiminde Kullanımı

Archaeal enzimler, yüksek tuzda görev yaptıkları ve organik çözücülere karşı dirençli oldukları için biyoteknolojik işlemlerde kullanılırlar. Bu enzimler amilaz, jelatinaz, lipaz, DNaz, sellülaz, β - galaktosidaz, katalaz ve kazeinazlar farklı alanlarda kullanılabilirler. Tekstil ve deterjan endüstrisinde kullanılan enzimler enzim endüstrisinin % 65'ini oluşturmaktadır. Endüstri temelli mikrobiyal enzimlerin büyük bir çoğunluğu bakterial proteazlardır ve deterjan katkısı olarak kullanılır. Pek çok deterjan proteaz, amilaz, lipaz ve selülaz enzimleri içerir. Bu enzimler düşük sıcaklıkta enerji tasarrufu sağlarlar. Lipazlar çamaşır ve bulaşık deterjanlarında katı ve sıvı yağları temizleme kapasitesinden dolayı geniş kullanım alanına sahiptir (Oren 2002c).

Ektoin'ler *Halomonas elongata* tarafından üretilen bir maddedir ve enzim düzenleyici olarak kullanılır. Enzimin raf ömrünü ve enzim hazırlama işlemini artırır. Nemlendirme özelliğini arttırmak için cilt kremlerinde kullanılır (Oren 2002c).

2.2.6. Biyolojik Sorumlu İyileştiriciler Olarak Kullanımı

Halobacterium salinarium 84 kDa proteini üretir. Bu protein kanser hastalarında üretilen C- myconcogene karşı üretilen antibadileri keşfetmek için kullanılır. Bu genetik mühendisliğinde *E.coli* içinde üretilen insan myc proteininden daha pozitif sonuçlar vermektedir (Oren 2002c).

2.2.7. Petrol Eldesinde Kullanımı

Haloferax mediterranei akuatik sistemlerde hücre dışı polisakkarit üretir. Bu salgı kalınlaştırıcı ve jel maddesi olarak viskoziteyi stabilize eder. Bu polisakkarit pH, sıcaklık ve yüksek tuz konsantrasyonuna karşı dirençlidir ve bu nedenle petrol kuyularından petrol çıkarma işlemini iyileştirmek için kullanılabilir (Oren 2002c).

2.2.8. Çevre Biyoteknolojisinde Kullanımı

Alkalin endüstriyel sular veya tuzlu sulardan biyolojik fosfatın uzaklaştırılması için halofilik bakterilerin kullanılması mümkündür. Biyolojik fosfatı çekmesi için mikroorganizmaların kullanılması önerilmektedir (Garcia et al. 2005). *Halomonas* sp.'nin tuzlu fenolik atık suların temizlenmesinde kullanılabileceği gösterilmiştir. Aromatik bileşiklerle kontamine olmuş tuzcul çevrelerde halofilik bakterilerin katabolik rolünü Garcia et al. (2005) tarafından araştırılmıştır. Hipersalin Oklahoma büyük tuz düzlüklerinde benzen ve toluenin aerobik parçalanırlılığı test edilmiş ve halofilik mikroorganizmaların parçalamadaki rolü gösterilmiştir Nicholson and Fathepure (2005), Lefebvre et al. (2005) deri işleme atık suyunun biyolojik olarak temizlenmesi için halofilik mikroorganizmaları önermişlerdir.

2.3. Dekolarizasyon

Renkli maddenin ortamdaki uzaklaştırılması için biyolojik, fiziksel ve kimyasal metotlar uygulanmaktadır. Bu metotların bir kaçının bir arada kullanılması renk maddesinin ortamdaki uzaklaştırılmasında daha etkili olmaktadır (Zhang and Yu 2000).

Anaerobik mikroorganizmaların bazı boya türleri degrade ettiği bilinmektedir. Ancak bu tarz degradasyon sonucunda toksik veya kanserojenik bazı aromatik aminlerde oluşabilmektedir (Meyer U. 1981). Bu nedenle rekalsitrant bileşikler degrade edebilen spesifik mikroorganizmaların kullanılmasına yönelik yeni metotların geliştirilmesine ihtiyaç duyulmaktadır. Beyaz çürükçül funguslar çok geniş yapıdaki farklı polutantları degrade edebilmektedirler (Bezalel and Hadar 1997, Yesilada vd. 1998, Kumar V et al. 1998, Yesilada vd. 1999, Kapdan vd. 2000).

Bu funguslar boya degreasyonu için en etkili organizmalar olup polisiklik aromatik hidrokarbonlar (PAHs), poliklorobifenoller (PCBs), sentetik boyalar ve bazı patlayıcı maddelerde içine alan xenobiotik bileşikler lignolitik sistemleri ile degrade edebilirler (Pointing 2001). Son yıllarda fungusların tekstil boya türlerini biosorption ile uzaklaştırdığı

ve dekolorizasyon çalışmalarında kullanılacağı üzerine birçok çalışma vardır (Yesilada 1995, Yesilada vd.1998, Sani et al. 1998, Swamy et al 1999, Aksu vd.2000)

Ancak halofilik organizmaların renk giderimi ile ilgili çalışmaları çok yenidir. Asad et al. (2006) tarafından izole edilen halofilik ve halotolerant bakteriler ile bir tekstil azo boyasının dekolorizasyon çalışmasında *Halomonas* genusu üyesi olduklarını tespit ettikleri üç strainin dekolorizasyon çalışmalarında kullanılabileceğini ve muhtemelen dekolorizasyonun mekanizmasının adsorbsiyondan ziyade biodegradasyon ile gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

Guo et al.'e (2008) göre kimyasal atık içeren kıyı sedimentlerinden izole ettikleri *Halomonas* sp. straininin optimal 30 °C'de ph 6.5-8.5 arasında ve %10-20 (w/v) tuz konsantrasyonunda, farklı azo boyaların dekolorizasyonu belirledikleri çalışmalarında 24 saat içinde %90'nın üzerinde dekolorizasyon gerçekleştiği ve bu tuza toleranslı organizmaların konvansiyonel biyolojik arıtım tesislerinde kullanılmasının faydalı olabileceği bildirilmiştir.

2.3.1. Dekolorizasyon Teknikleri

Tekstil endüstrisi atık suları, boyar madde bakımından oldukça çeşitlilik gösteren ve sentetik boyaların büyük bir grup oluşturduğu atık sulardır. Renkli bileşikler atık suyun organik bakımdan genelde az bir miktarını oluştursalar da, deşarj edildikleri noktalarda öncelikle ortamın estetik açıdan kirlenmesine neden olmaktadır. Deşarj edilen renkli atık sular suda yaşayan primer üreticilerin fotosentezi için gerekli olan ışığın geçirgenliğini azaltmakta ve ekosisteme önemli ölçüde zarar vermektedir. Tekstil endüstrisi atık sularının Kimyasal oksijen ihtiyacı ve biyolojik oksijen ihtiyacı (KOİ/BOİs) oranı 3-4 arasında değişmekte olup, bunun anlamı ise biyolojik olarak zor ayrışabilirliktir (Vandevivere et al. 1998).

Geçmişte, tekstil fabrikalarının atık sularının saflaştırılması için bölgesel arıtım sistemleri kullanılmıştır. Biyolojik yöntemlere dayanan bu sistemlerin birçok dirençli sentetik boyanın gideriminde etkisiz olduğu görülerek daha etkili yöntemler araştırılmış

ve test edilmiştir. Öncelikli olarak fiziksel ve kimyasal metotlar denenerek bunlar zaman zaman biyolojik yöntemlerle birleştirilmiştir (Banat et al. 1999).

Kullanılan fiziko—kimyasal teknikler;

- 1-Membran Filtrasyon
- 2-Koagülasyon/flokülasyon
- 3-Çöktürme/flotasyon (yüzdürme)
- 4-Adsorpsiyon
- 5-İyon Değişimi
- 6-Elektroliz
- 7-Ultrasonik minerilizasyon
- 8-İlerlemiş Yükseltgenme ve Kimyasal İndirgenme Prosesleri

Biyolojik teknikler ise bakteriyal ve fungal biyosorpsiyon, aerobik, anaerobik, anoksik veya kombine anaerobik/aerobik arıtım sistemlerinden oluşmuştur. Bu boya tekniklerinden hangisinin kullanılacağı birtakım ekonomik ve teknik imkânlarla bağlıdır. Mesela; boya tipi, atık su içeriği, gerekli kimyasalların dozu ve maliyeti, enerji ve materyal maliyeti, çevresel zarar vb.

Boyalı atık sular genel olarak fiziksel ve kimyasal arıtım prosesleri ile arıtılmaktadır. Ancak bu arıtım prosesleri yüksek maliyet, zehirli yan ürünlerin oluşumu, aşırı miktarda enerji tüketimi, konsantre çamur oluşumu ve farklı karakterdeki tüm atık sulara adapte edilememesi gibi dezavantajlara sahiptir (Banat et al. 1999, McMullan 2001). Bu dezavantajlar nedeniyle tekstil endüstrisi atık sularının bioremediasyonu ucuz ve çevreye dost bir arıtım teknolojisi olması nedeni ile hala cazip bir çözüm olarak görülmektedir (Banat et al. 1999).

2.3.1.1. Adsorpsiyon İzotermi

Sabit sıcaklıkta adsorplanan madde miktarı ile denge basıncı veya derişimi arasında bağıntıya ‘adsorpsiyon izotermi’ denir. Bir başka ifade ile adsorpsiyon izotermi, adsorban üzerinde adsorplanan maddenin dengedeki yüzey derişimini, çözüldüden adsorplanan madde derişiminin fonksiyonu olarak açıklar (Karpuzcu 1991). Fiziksel ve kimyasal adsorpsiyonlarda, dengeyi belirlemek amacıyla çeşitli matematiksel modeller verilmiştir. Bu modeller Langmuir, Freundlich, Brauner-Emmett-Teller (BET) ve Temkin izotermi olarak bilinir. Bu izotermi gerçekte dengeye ulaşıldığı ve adsorpsiyonun tersinir olduğu varsayımı yapılarak türetilmiştir (Doğan 1989).

Langmuir İzotermi

Özellikle kimyasal adsorpsiyon için türetilen Langmuir İzotermi kataliz uygulamalarında basitliği ve katalizli tepkimeler için kinetik ifadelerin türetilmesinde başlangıç noktası oluşturması açısından önemlidir.

Türetme yüzeyde adsorplanan gazın derişimi veya örtülmüş yüzey kesri, adsorplanan miktarın ölçüsü olarak kabul edilip yapılır. Türetmede şu varsayımlar yapılır:

- Katalizörlerin bütün yüzeyi, adsorpsiyon için eşit etkinliğe sahiptir.
- Adsorplanmış moleküller arasında etkileşme yoktur.
- Bütün adsorpsiyon aynı mekanizmayla gerçekleşir.
- Yüzeyin her noktası aynı özelliktedir.
- Adsorplanan gaz tabakasının katı üzerindeki kalınlığı en fazla monomoleküller bir tabaka olabilir.
- Adsorpsiyon ilk başladığında yüzeye çarpan her molekül yüzeyde tutulabilir; fakat adsorpsiyon ilerledikçe ancak yüzeyin örtülmemiş kısmına çarpan moleküller adsorplanabilir.
- Adsorpsiyon tam bir monomoleküler tabaka ile sınırlandırıldığından, herhangi bir andaki yüzey iki kısımda düşünülebilir. Adsorplanan moleküllerle örtülmüş kesir θ ise, boş kesir $(1-\theta)$ olduğundan, sadece yüzeyin örtülmemiş kısımlarına çarpan

moleküller adsorplanabileceğinden, birim toplam yüzey başına adsorpsiyon hızı (1-9) ile orantılı olacaktır.

- Langmuir adsorpsiyon izoterminin genel denklemi şu şekildedir.

$$C_e/q_e = 1/Q_b + C_e/Q$$

Denklemden;

q_e : Birim adsorban ağırlığı başına adsorplanan madde miktarı (nmol/g)

C_e : Adsorpsiyondan sonra çözeltide kalan maddenin konsantrasyonu (nmol/L)

Q : Adsorpsiyon kapasitesi (nmol/g)

B : Yüzey bağlanma enerjisiyle ilgili sabit (L/nmol)

Freundlich İzotermi

Freundlich bağıntısı adsorplanan madde miktarının denge basıncı ile ilişkisini vermektedir. Freundlich izoterminin genellikle sıvı çözeltilerden adsorpsiyon için kullanıldığı gibi, gazların adsorpsiyon içinde kullanılır.

Freundlich izoterminin, adsorpsiyon ısısının yüzey örtüsü ile logaritmik olarak azaldığını kabul etmektedir. Freundlich izoterminin aşağıdaki denklemlerle ifade edilebilir:

$$q_e = K_f C_e^{1/n} \quad \log q_e = \log K_f + 1/n \log C_e$$

q_e : Birim adsorban ağırlığı başına adsorplanan madde miktarı (nmol/g)

C_e : Adsorpsiyondan sonra çözeltide kalan maddenin konsantrasyonu (nmol/L)

n : Yüzey bağlanma enerjisiyle ilgili sabit

K_f : Adsorpsiyon kapasitesi (nmol/g)

Brauner-Emmet-Teller (BET) İzotermi

Brauner, Emmet ve Teller, adsorban üzerinde adsorplana gaz moleküllerinin sıkışarak çok tabakalı bir adsorpsiyon olduğu varsayımından hareketle bir izoterm türetmişlerdir.

Temkin (Slygin- Frumkin) İzotermi

Temkin izotermi, Langmuir izoterminden, adsorpsiyon ısısının yüzey örtüsüyle doğrusal olarak değiştiği kabul edilerek türetilmiştir.

2.3.2. Mikrobiyal Dekolarizasyon

Boyaların tam ve kısmi degradesyonu için saf-karışık bakteri, fungus veya alg kültürleri kullanılmıştır. Biyolojik arıtım, endüstriyel proseslerden alıcı sistemlere transfer olan organikler için en önemli giderim prosesidir. Tekstil endüstrisi atıksuları için önerilen fiziksel ve kimyasal yöntemlerin yüksek maliyet gerektirmeleri ve her boya için kullanılamıyor olmaları, uygulanmalarının sınırlı olmasına neden olmuştur. Son zamanlarda yapılan çalışmalar birçok boya türünü atık sudan giderebilme yeteneğine sahip yaygın mikroorganizma türlerinin mevcudiyetini vurgulamış ve biyoteknolojik metotları ön plana çıkarmıştır. Yani, teorik olarak biyolojik arıtma sistemleri kimyasal ve fiziksel arıtma yöntemlerine göre daha az çamur üretmesi, maliyetinin daha düşük olması veya alıcı ortamlar için zararlı yan ürünlerin oluşmaması gibi özelliklerinden dolayı tekstil endüstrisi atık sularının arıtımı için ideal çözüm olarak kabul edilmektedir (Zee 2002).

2.3.2.1. Aerobik Yöntem

Tekstil endüstrisi atık suları, pH değişimlerine duyarlılığı yüksek olan konvansiyonel biyolojik arıtma tesislerinde önemli zorluklara sebep olmaktadır. Endüstriyel atık suların arıtılmasında yaygın olarak kullanılan konvansiyonel aktif çamur sistemleri için tekstil endüstrisindeki birçok boya bileşiği biyolojik olarak çok zor indirgenebilmektedir. Suda iyi çözünen bazik, direkt ve bazı azo boyalarının olması

durumunda mikroorganizmalar bu tür bileşikleri biyolojik olarak indirgeyememekle birlikte boyanın bir kısmını adsorbe ederek atık suyun rengini almakta ve renk giderimi sağlanabilmektedir.

Azo boyar maddeler gibi sentetik boyaların aerobik şartlar altında mikrobiyal parçalanmaya karşı dirençli olmasının nedeni boya malzemelerinin, kimyasal ve ışık kaynaklı oksidatif etkiler sonucu renklerinin solmamasını sağlayacak şekilde sentezlenmeleridir. Boyar maddelerin aerobik biyodegradasyonunu zorlaştıran diğer bir faktör ise moleküler ağırlıklarının yüksek olması nedeniyle biyolojik hücre zarından geçişlerinin zor olmasıdır (Willmott et al. 1998).

Azo, diazo ve reaktif boyar madde içeren bir tekstil atık suyu renginin mikrobiyal proseslerle giderilmesinin araştırıldığı bir çalışmada aerobik kolonlardan izole edilmiş saf bakteri kültürlerinin renk giderimini gerçekleştirmediği belirlenmiştir (Nigam et al. 1996, O'Neill et al. 2000a). Atık sudaki azo boyar maddeler gibi reaktif boyaların ortalama %10'unun aerobik biokütlede adsorbe olduğunu, geri kalanının ise aktif çamur tesisinden herhangi bir değişime uğramadan geçtiğini belirtmişler ve azo boyar madde içeren tekstil atık sularının renginin giderilmesinde aerobik arıtmanın yetersizliğini vurgulamışlardır. Ancak bazı boyar maddelerin aerobik olarak parçalanabileceği doğrultusunda çalışmalar da mevcuttur (Coughlin et al. 1997).

Odunsu bitkilerde bulunan, yapısal polimer lignini parçalayabilen ve ksenobiyotik maddelerin parçalanması amaçlı çalışmalarda en yaygın olarak kullanılan beyaz çürükçül küf *Phanerochaete chrysosporium*'un, lignin peroksidaz, manganze bağlı peroksidaz gibi enzimleri kullanarak boyar maddeleri parçalayabildiği bilinmektedir (Robinson et al. 2001, Palma et al. 1999). Ancak beyaz küflerin, ligninolitik enzimlerin düşük pH değerlerinde (pH=4,5-5) aktif olması ve atık sularda bulunma ihtimali düşük olan tiamin ile veratril alkol maddelerine ihtiyaç duyması gibi dezavantajları vardır (Kapdan et al. 2000).

2.3.2.2. Anaerobik Yöntem

Anaerobik arıtımın ilk basamağında asidojenik bakteriler karbonhidratlar, yağlar veya proteinler gibi organikleri düşük moleküler ağırlıklı ara ürünlere dönüştürürler. Bu fermentasyon ürünleri daha sonra asetojenik bakteri tarafından kullanılır ve asetat, karbon dioksit ve moleküler hidrojen açığa çıkar. Son olarak metanojenik bakteriler asetat ve karbondioksiti metana indirgerler. Metan ve karbondioksit içeren biyogaz, anaerobik parçalanma testlerinde parçalanmanın seviyesini belirleme amacıyla kullanılabilir. kullanılabilmektedir.

Boyar maddelerle yapılan anaerobik parçalanma çalışmaları, özellikle aerobik ortamda parçalanamayan suda çözünebilir reaktif azo boyar maddeler üzerinde yoğunlaşmıştır. Çift bağlı azot halkasına bağlı bu boyaların aerobik proseslerle arıtılabilirliğinin mümkün olmaması anaerobik arıtmanın ön arıtma olarak kullanılmasını gerektirmektedir. Anaerobik olarak renk giderimi gerçekleştirilmesi için ilave karbon kaynağına ihtiyaç vardır. İlave karbon metan ve karbondioksite dönüştürülmekte ve elektronlar açığa çıkmaktadır. Bu elektronlar elektron taşıma zincirinden son elektron alıcısına yani azo-reaktif boyaya taşınmakta ve boyayla reaksiyona girerek azo bağı kırılmaktadır. Böylece anaerobik parçalanma sonucunda azo boyar maddelerdeki renkten sorumlu azo bağı kırılmakta ve renk giderimi sağlanmaktadır. Bu olay oksijen tarafından inhibe edilmektedir. Bu nedenle boya atıklarını renksizleştirmek için ilk adım azo köprüsünün indirgenerek parçalandığı anaerobik koşullar altında arıtım olmalıdır (Robinson et al. 2001).

Yapılan bir çalışmada ilave karbon kaynağı olarak kullanılan optimum miktardaki tapioca nişastasının prosesin renk giderme kapasitesini arttırdığı vurgulanmıştır (Chinwetkitvanich et al. 2000).

Boyar maddeler normalde sitotoksik, mutajenik veya kanserojenik değilken, anaerobik parçalanma sonucu oluşan aminler bu özellikleri gösterebilmektedir. Bu nedenle anaerobik sistemler aerobik arıtmadan önce yer alan bir ön arıtım yöntemi olarak önerilmektedirler. Çünkü aromatik aminler, aromatik bileşiğin halkasının açılması ve

hidroksilasyonla aerobik ortamda mineralize olabilmektedirler. Böylece boyar madde içeren atık suların kombine anaerobik-aerobik proseslerle arıtılması sonucu ilk basamakta etkili bir renk giderimi sağlanmakta ve anaerobik ortamda dirençli olan aromatik aminler aerobik basamakta giderilebilmektedir (O'Neill et al. 2000b).

2.4. Biyosorpsiyon

Adsorpsiyon teknikleri geleneksel yöntemler için fazla renk bırakan kirleticilerin renk giderimindeki verimlilikten dolayı son yıllarda ilgi görmektedir. Adsorpsiyon ekonomik açıdan makul bir yöntemdir ve yüksek kalitede ürün oluşumu sağlar. Adsorpsiyon süreci, boya-sorbent etkileşimi, absorbanın yüzey alanı, tanecik büyüklüğü, sıcaklık, pH ve temas süresi gibi pek çok fiziko-kimyasal faktörün etkisi altındadır.

Adsorpsiyonla renk gideriminde en çok kullanılan yöntem aktif karbondur. Katyonik, mordan ve asit boyalarının adsorplanmasında oldukça etkili olmasına rağmen daha az olmakla birlikte dispers, direkt, vat, pigment ve reaktif boyaların adsorplanmasında da kullanılır (Raghavacharya 1997). Performansı kullanılan karbonun tipine ve atık suyun karakteristiğine bağlıdır. Rejenerasyon ve tekrar kullanım performansta azalmaya neden olurken bu dezavantaj aşırı miktarda aktif karbon kullanılması ile giderilebilir. Ancak aktif karbon pahalı bir malzemedir.

Adsorban olarak kullanılabilen diğer malzeme bataklık kömürüdür. Bataklık kömürü boya içeren atık sulardaki polar organik bileşikleri ve geçiş metallerini adsorplayabilmektedir. Adsorban olarak bataklık kömürünün kullanımı özellikle bol bulunduğu İrlanda ve İngiltere gibi ülkelerde söz konusudur. Bataklık kömürü aktif karbona göre daha ucuzdur ancak aktif karbonun toz halinde olması nedeni ile yüzey alanı genişlemektedir. Ağaç kırıntıları, uçucu kül-kömür karışımı, silika jeller, doğal killer, mısır koçanı gibi malzemeler de, boya gideriminde adsorban olarak kullanılabilir. Bunların ucuz ve elde edilebilir oluşu boya giderimindeki kullanımlarını ekonomik açıdan cazip kılmaktadır (Robinson et al. 2001).

Kimyasal maddelerin mikrobiyal kütle tarafından adsorpsiyonu veya kütlede birikimi biyosorpsiyon olarak ifade edilmektedir. Ölü bakteriler, maya ve mantarlar boyar madde içeren atık suların renginin giderilmesinde kullanılabilir. Tekstil boyalarının kimyası geniş bir yelpazede değişiklik gösterdiği için mikroorganizmalarla olan etkileşimler boyanın kimyasına ve mikrobiyal kütlelerin spesifik kimyasına dayanmaktadır. Bu nedenle kullanılan mikroorganizmanın cinsine ve boyaya bağlı olarak farklı bağlanma hızları ve kapasiteleri söz konusudur. Boyar madde içeren atıksu çok toksik olduğunda biyosorpsiyon avantajlı olmaktadır (Robinson et al. 2001).

2.5. Dekolorizasyonda Kullanılan Mikroorganizmalar

2.5.1. Bakterilerle Renk Giderimi

Bu güne kadar yapılan araştırmalar daha çok azo boyalarının bakteriyal degradasyonu üzerine yoğunlaşmıştır. Azo boyaların aerobik bakteriyal biodegradasyona dirençlidir (Ganes 1994).

Fitalosiyanın boyalarının biyolojik degradasyonları mümkün değildir. Dekolorizasyon ise anaerobik koşullarda gerçekleşmektedir (Beydilli 2000).

Trifenilmetan boyaların aktif çamur sistemlerinde degradasyona dirençli olduğu görülmüş olmasına rağmen aerobik olarak hızlı bir şekilde giderilebileceği saptanmıştır (Azmi vd. 2005).

Non heteroöstrofik deniz bakterisi olan siyanobakteri *Oscillatoria* BDU 92181 bakterisi melanoidi dekolizasyonda karbon ve nitrojen kaynağı olarak kullanılmaktadır. Bu olayda hidrojen peroksit görev yapmaktadır ve fotosentez sırasında moleküler oksijen ve hidroksil iyonları oluşmaktadır (Naik vd. 2007).

Ball vd. (1989) *Actinomycetes* ile yaptıkları dekolizasyon çalışmasında, polimerik boya Poly R' yi dekolize etme yeteneklerini incelemişlerdir. 20 suştan sadece 3'ü (*Streptomyces badius* 252, *Streptomyces* sp. strain EC22 ve *Thermomonospora fusca*

MT80) renk gideriminde başarılı olmuştur. Zhou and Zimmerman (1993) ise 159 *Actinomyces*' in dekolorizasyon yeteneğini araştırmışlar ve atık sularda izolatlardan 83'nün pozitif sonuç verdiğini bildirmişlerdir.

Actinomyces'lerin özellikle *Streptomyces* türleri lignin biodegradasyonunda rol oynayan ekstraselüler peroksidaz üretmektedir. Bu prokaryotik peroksidazlar suda çözünen polimerik bileşiklerin üretimi için ligninin başlangıç oksidasyonunda görevlidir. *Actinomyces*' ler çeşitli ksenobiyotik bileşiklere karşı hidroksilasyon, oksidasyon ve dealkilasyon reaksiyonlarını katalizler (Goszczyński et al. 1994).

Crowford'un grubu *Streptomyces chromofuscus*'un dekolorizasyon yeteneğini incelemiş ve bu izolatin dekolorizasyon yeteneğinin lignolitik aktivite ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir (McMullan 2001).

2.5.2. Diğer Aerobik Bakteriler

Bakterilerde dekolorizasyon hem absorpsiyon hemde degradasyon yoluyla olabilir. Azo boylarına içine alan bazı boyların degradasyonu iki adımda gerçekleşmektedir. İlk adım azo boylarının ayrılması ikinci adımı ise ara ürünlerin mineralizasyonudur. Azo boyların azo bantaların kırılmasında azo redüktaz kalalazlar rol oynamakta ve aromatik aminler oluşmaktadır. Aromatik aminler kanserojenik ve mutojeniktir (Asgher 2007).

Oksijenin ya da elektron taşıyıcıların gibi faktörler azo redüktaz aktivitesini etkilemektedir. Azo boyların anaerobik redüksiyonu temel bileşiklerden daha toksik olan renksiz aromatik aminlerin meydana gelmesine neden olur. Bunun aksine yalnızca aerobik mikroorganizmalar redüksiyon ürünlerine deaminasyon ve hidroksilasyon reaksiyonlarıyla oksidasyon yapabilirler. bu nedenle aerobik uygulama azo boyların degradasyonu için en güvenli metottur (Mona 2008).

Belli *Actinomyces*'lerin yanı sıra aerobik dekolorizasyon ve mineralizasyon yeteneğinde olan bakteriler de bulunmuş olup sülfatlanmış azo bileşiklerinin

karboksilenmiş analogları bakteriler tarafından karbon ve enerji kaynağı olarak kullanılmaktadır.

Bihmel et al. (1998) tarafından yapılan çalışmada identifiye edilmemiş S5 izolatından sulfatlanmış azo bileşiği 4-karboksi-4' sulfoazobenzen den tek karbon ve enerji kaynağı olarak yararlanılmıştır.

Azo boyalarına ek olarak diğer boyalar da aerobik olarak metabolize eden başka bakteriler gözlenmiştir. Sarnaik et al. (1999), trifenilmetan boyası metil viyoleti aerobik mineralizasyona uğratan *Pseudomonas mendocina* MCM B-402 ile çalışmış olup metil viyolet karbon ve enerji kaynağı olarak kullanılmış *P. mendocina* boyayı tanımlanamamış metabolitlere parçalamıştır.

Pseudomonas strain K24'den orange 1 azoredüktaz ve orange 2 azoredüktaz saflaştırılmış ve karakterize edilmiştir. Bu iki enzim azo benzene redüktaz olarak sınıflandırılmıştır (Mcmullan 2001).

Dawkar (2008) yaptığı çalışmada *Bacillus* türlerinin 16 farklı tekstil boyası degradasyonunda etkin biçimde kullanılabileceğini fitotoksit çalışmalarında biyodegradasyon ürünlerinin bitkilere toksit olmadığını saptamıştır. Degradasyon sırasında laktaz peroksidaz ve NADH-DCIP redüktaz enzimlerinde artış olduğu saptanmıştır.

Laktik asit bakterilerinden *Oenococcus* ML34'nın sentetik tekstil boyaların giderimi araştırmışlar decolarizasyonda Glikoz seviyesi litrede 5 g/l olduğunda fast red boyaların dekolarizasyonunda %93'lük diğer boyalarda ise yaklaşık %30'luk uzaklaştırma olduğunu saptamışlardır. Bu organizma ile yapılan ilk renk giderimi çalışmasıdır (Amani 2008).

Qxu et al.'e (2006) göre *Shewanella*, *S.decolorationis* türlerinin antroquinon boya dekolarizasyonunda kombine kullanımı yüksek ve hızlı kapasite olduğunu saptamışlardır. pH 8'de 30 °C de anerobik ortamda bu strainler folikasyon ile maksimum renk giderimi göstermişlerdir. Civaqlorür (HgCl₂) renk gideriminde

inhibisyon etkisi göstermesine rağmen 10 mg/lt HgCl₂ konsantrasyonuna kadar dekolarizasyon göstermiştir.

Escherichia coli NO₃ (Chang et al. 2000), *Pseudomans luteola* (Chang et al. 2001), *Aeromonas hydrophila* (Chen et al. 2003), *Kurthia* (Sani and Baneerje 1999) gibi mikroorganizmaların dekolarizasyonda kullanılabilceğini bildirmişlerdir (Dawkar et al. 2008).

Pseudomonas türlerinin boya gideriminde kullanılacağı reaktif boyaların Hu tarafından 1994'de bildirilmiştir. Bunu takiben Bhaatt et al. (2005) di azo reaktif mavi boyasında içinde bulunduğu dekolarizasyonda ortamda yeast ve glukoz bulunduğunda dekolarizasyon işleminin gerçekleştiğini saptamışlardır (Kalyani 2008).

Pseudomonas suşlarının anoksijensiz ph 6-7 30 °C 1 saat içerisinde Red BLI tekstil boyasında yaklaşık %99 oranında dekolarizasyon yaptığı saptanılmıştır. Dekolarizasyon esnasında bakteride amino prin N-demetilaz ve NADH –DCIP redüktaz enziminin önemli derecede aldığını ve bu enzimlerin dekolarizasyon rolü olduğunu saptamışlardır (Kalyani 2008).

Chen et al. (2003) yaptıkları çalışmada *Aeromonas hydrophila* bakterisinin pH 5,5 - 10,0 arasında 20-35 °C'de anoksik kültürlerinin dekolarizasyonunda aerobik kültürlerle göre daha etkili olduğunu saptamışlardır. Yeast extract, peptone gibi nitrojen kaynakların bulunmasının dekolarizasyon etkinliğinin artmasını ancak nitrojen kaynağı olarak glikozun organik asitleri dönüşmesi sonucunda ortam pH'sının düşmesi nedeni olduğunda dekolarizasyonu inhibe ettiğini saptamışlardır.

2.5.3. Alg Kültürleri ile Dekolorizasyon

Bazı algler birkaç azo boyasını tek karbon ve nitrojen kaynağı olarak kullanır. Örneğin; *Chlorella* ve *Osillatoria'* nın birçok türü azo boyalarını aromatik aminlere ve aromatik aminlerin yanı sıra daha basit organik bileşikleri de grade edebilme yeteneğindedir.

Böylece alglerin dengeleme havuzlarında aromatik aminleri taşımada rol oynayabileceği düşünülmektedir (Banat et al. 1999).

Daneshvar vd.'ne (2006) göre yeşil bir alg olan *Cosmarium* türlerini trifenil metan boya olan malahit yeşili dekolarizasyonunda etkili olduğunu saptamışlardır dekolarizasyon ve boya konsantrasyonu arasında dekolarizasyon olduğu saptamıştır.

2.5.4. Fungal Dekolorizasyon

Mikroorganizmalarla yapılan dekolarizasyon çalışmalarının çoğu beyaz çürükçüllere olmaktadır ve bu grup organizmalar kompleks polimerik yapıya sahip olan lignini mineralize etme yeteneğindedirler. Lignini degrede eden beyaz çürükçül funguslar aromatikleri geniş ölçüde degrede edebilirler ve bu özellik genel olarak lignin peroksidaz (LiP), mangan peroksidaz (MnP) ve lakkaz gibi lignolitik enzimlerle ilişkili olup ekstraselüler enzimler tarafından katalizlenen reaksiyon oksidasyon reaksiyonudur (Zee 2002).

Doğal substrat olmalarının yanında beyaz çürükçüller çok çeşitli inatçı organik kirleticileri de mineralize etme yeteneğindedir. Beyaz çürükçüller substrat spesifitesi bakımından diğer biodegradatif bakterilerden ayrılırlar. Degredasyonda rol alan bu enzimlerden LiP; veratil alkol gibi non-fenolik aromatik bileşiklerin oksidasyonunu katalizler; MnP fenolik bileşikleri okside etme yeteneğindedir ve lakkaz ise fenolik substratların oksidasyonunu gerçekleştirir.

Eaton et al. (1980) yaptıkları çalışmada beyaz çürükçüllerden *Phanerochaete chrysosporium* ve *Tinctoporia* ile yaptıkları ilk çalışmada oldukça net sonuçlar elde ettiklerinden dolayı o dönemden itibaren *Phanerochaete chrysosporium* azo boyası içeren rekalsitrat ksenobiyotik bileşiklerin degredasyonunu yapmak üzere çeşitli çalışmalarda kullanılmıştır.

Cripps et al.'e (1990) göre Polymeric B-411, Polymeric R-481 ve Polymeric Y- 606 boyalarının *P. chrysosporim* ile degredasyonu sırasında dekolarizasyonun ikincil

metabolik aktiviteyle gerçekteştiğini, sürecin çok yavaş olduğunu ve dekolorizasyon için 8 gün gerektiğini bildirmişlerdir. Başka bir çalışmada yine *P. chrysosporium'* un Orange II, Tropaeofin O, Congo Red, Azure B boyalarını degrede edebilme yeteneğine bakılmıştır. Renk giderim sürecinin boyanın kompleksliğine, besiyerindeki nitrojen varlığına ve lignolitik aktiviteye bağlı olduğu gözlenmiştir. Düşük nitrojen varlığında 6 saatte %90 dekolorizasyon sağlanırken nitrojen miktarı artırıldığında 5 gün sonunda %63-93 dekolorizasyon sağlanabilmiştir. Ayrıca başka boyalarla da *P. chrysosporium* aktivitesi denenmiş ve bazı çalışmalarda ligninaz aktivitesini arttırmak amacı ile besi ortamına veratil alkol eklenmiştir (Paszczynski and Crawford 1991).

Ortamda nitrojen miktarı sınırlandırıldığında lignolitik aktivite artmakta dolayısıyla LiP ve MnP dekolorizasyonda aktif görev almaktadır (Prie vd. 1991). Lignolitik aktivitenin ifadesi için enzim kofaktörünün varlığı ve ortam pH' ı da önemli kriterlerdendir. pH sadece biyosorpsiyon kapasitesini değil aynı zamanda boya solüsyonunun rengini ve bazı boyaların çözünürlüğünü de etkiler bu nedenle pH renk gideriminde oldukça etkili bir faktördür. Fu et al.'e (2000) göre boya solüsyonun başlangıç pH'ının hem boya moleküllerinin kimyasını hem de fungal biyomas gelişimini etkilediğini belirlemişlerdir.

2.6. Dekolarizasyon Mekanizmaları

Yaşayan hücreler için temel mekanizma biyodegradasyondur çünkü yaşayan organizmalar lakkaz, mangan peroksidaz (MnP) ve lignin peroksidaz gibi (LiP) lignin modifiye enzimleri lignini ve boya maddeyi mineralize edebilmek için sentezleyebilirler (Raghukumar et al. 1996).Yinede bu enzimlerin dekolorizasyona katılımı türler arasında farklılık gösterebilmektedir (Grigsby et al. 1992)

Ollikka et al.'e (1993) göre *P. Chrysosporium'* da boya maddenin dekolorizasyondan sorumlu enzimin LiP olduğunu bildirmiştir Azo bayalarının, trifenilmetanın, heterosiklik ve polimerik boyaların dekolorizasyonunda LiP'in temel rolü oynadığı ancak bu boyaların degradasyonunun başlamasında MnP'a gereksinim duyulmadığını bildirmişlerdir.

Young et al. (1997) azo boyalarını, indigo, antrokuinon, metal kompleks boyalarını da içeren 8 sentetik boya ile yaptığı çalışmada *T. versicolorun* MnP'in dekolorizasyonun başlaması için gerekli olmadığını ancak ligninazın boyaların %80' ini oksidasyon ile uzaklaştırdığını göstermişlerdir.

Zhang et al. (1999) yaptıkları çalışmada manganperoksidaz (MnP)'in koton boyalarının dekolorizasyonunda türü belirlenemeyen çürükçül funguslarda önemli rol oynadığını ancak lipitperoksidaz (LiP)'in kesin rol oynadığının belirlenemediğini söylemişlerdir. *T. versicolor'* in temel ekstra selüler enzimi lakkaz olmasının nedeni antrakuinon, azo ve indigo boyalarının dekolorizasyonunda lakkaz aktivitesi temel mekanizmadır.

Wong et al. (1999), Vasdev et al. (1995) *Cyathus bulleri* ile yaptıkları çalışmada dekolorizasyonda lakkaz aktivitesinin maksimuma ulaştığını saptamışlardır. Biyodegradasyona ek olarak biyoadsorbsiyon mekanizmasında yaşayan hücreler ile yapılan dekolorizasyon çalışmalarında önemli rol oynar.

Mou et al. (1991) göre *Myrothecium verrucaria'* yı boya solüsyonu içine eklediğinde ilk 5 dakikada boyanın %50' sini uzaklaştırdığını ve yaklaşık 10 saatte dengenin kurulduğunu göstermiştir. Bu adsorbsiyonun çok hızlı olduğunu göstermektedir. Hücre renginin boya molekülüne bağlı olarak 1 haftalık periyotta veya daha uzun sürede zamanla degrede olduğunu belirlemişlerdir.

Knapp et al.'e (1995) göre adsorbsiyon ile renk gideriminin sınırlı olduğunu (genellikle %50 den az) bildirmiştir. Benito et al.'e (1995) göre de *T. versicolor* ile yaptıkları çalışmada bu oranın %5-10 ile sınırlı olduğunu belirtmişlerdir.

Mineralli vd. (1996) *Aspergillus niger* ile yaptıkları çalışmada absorblanan renk yüzdesinin %10-25 arasında değiştiğini göstermişlerdir. Boussaid'a (1995) göre *Sagenomella striatispora'* nın ortamdaki renk gideriminin %74 oranında gerçekleştiğini ancak bunun %12 sinin renk adsorbsiyonu ile gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

Rhizopus oryzae bioması ile reaktif Birillant red kullanarak yaptıkları çalışmayla adsorbsiyon olayının combine bir mekanizma olduğu (Freundlich ve Langmuir izoterm model) saptamışlardır. Brahimi et al. (1992) sonikasyona tabi tuttıkları hücreleri 28 ile 24 saat 3 boya solüsyonunda denemişler ve yaklaşık 1 saat içinde aynı miktarda aynı miktarda boyayı absorbladığını fakat 24 saat boya adsorbsiyonunun arttığını saptamışlardır.

2.7. Boyalar

2.7.1. Boyaların Sınıflandırılması

Boyar maddeler genellikle iki ana bileşenden oluşan küçük moleküllerdir. İlk bileşen rengi veren kromofor, ikinci bileşen boyayı ipliğe bağlayan fonksiyonel gruptur. Literatürde kimyasal yapısına göre veya uygulandığı ipliğin tipine göre sınıflandırılmış yüzlerce çeşit boya mevcuttur. Boyalar, genellikle sentetik orijinli aromatik kompleks moleküler yapıda olup biyodegradasyonları oldukça zordur. Mishra and Tripathy (1993) tarafından üç sınıfa ayrılmışlardır.

1-Anyonik =Direk boyalar, asit ve reaktif boyalar

2- Katyonik =Temel boyalar

3- Noniyonik= Dispere boyalar

Anyonik ve noniyonik boyalardaki kromoforlar çoğunlukla azo gruplu yada antrakuinon tiptedirler. Antrakuinon temelli boyaların aromatik yapıları ve atık sularda uzun süre renklerini koruma özelliklerinden dolayı degradasyonları zordur. Temel boyalar ise parlak olup düşük konsantrasyonlarda bile görülebilirler. Tüm bu boyalar içinde en çok kullanılanları azo boyalardır (Allen 1971).

2.7.2. Boyaların Biyolojik Sistemler Üzerine Etkisi

Atık suyun içerdiği çözünmüş organik maddeler, toksik maddeler (ağır metaller ve fenol türü bileşikler), azotlu ve fosforlu maddeler ise suyun kimyasal özelliğini etkileyen maddelerdir (Akpınar 1998).

Özellikle tekstil, kozmetik, boya kâğıt, deri, gıda, plastik vs. gibi birçok endüstriyel atık suların neden olduğu organik (proteinler, karbonhidratlar, yağ, gres, sürfektanlar, fenoller, pestisidler, klorlu bileşikler vb.), inorganik (krom, çinko, kurşun, nikel, bakır, arsenik, civa, antimon, kadmiyum vb.) ve çeşitli boyar madde kirlilikleri insan sağlığını ve ekolojik dengeyi tehdit etmektedir.

Yaklaşık olarak 10.000 farklı ticari boyar madde ve pigment mevcut olup, dünya çapında 7×10^5 ton/yıl üzerinde boyar madde ve pigment üretilmektedir. Bu boyar maddelerin yaklaşık %10-15'nin atık sulara bırakıldığı tahmin edilmektedir (Papić et al. 2004).

Tekstil boyası içeren atıklar genellikle doğal su kaynaklarına boşaltılmaktadır (Meehan et al. 2000). 10.000'i aşkın farklı boya günümüzde ticari olarak 7×10^5 ton/m³ üretilmekte ve boya ilaçlarının % 5-10'u endüstriyel atık olarak kaybedilmektedir (Wong et al. 1999).

Boya ve boya ilaçları tekstil, kozmetik, farmasötik ve deri endüstrisinde kullanılmasına rağmen en fazla atık tekstil endüstrisinden kaynaklanmaktadır. Mikroorganizmalarla degradasyon da bazı problemler olsa da bioremediasyon hala sorunun giderilmesinde etkili metottur (Mc Kay G. 1979).

Atık olarak çevrede bulunan boya maddelerinin çoğunun toksik ve genotoksik etkiye sahip olduğu bazı çalışmalarda bildirilmiştir (Walthall WK et al. 199), Al Sabti et al. 2000, Hu TL and Wu 2001). Bunun yanı sıra boya maddesinin suya verilmesi ile su renklenmekte, bunun sonucunda ise göl ve nehirlerle gün ışığının penetrasyonu azalmaktadır ki bu nedenle doğal su kaynaklarında hem fotosentetik aktivite hem de

özünmüş oksijen miktarı azalmaktadır. Dolayısı ile su ortamında anaerobik bir ortam oluşmakta ve bu ortam aerobik organizmaların yaşamasına da engel olmaktadır (Banat et al. 1996).

Bunun için aktif karbon adsorpsiyonu, kimyasal oksidasyon, ters osmoz, koagülasyon, flokülasyon, ve biyolojik işlemler gibi çeşitli yöntemler kullanılmaktadır.

3. MATERYAL ve METOD

3.1. MATERYAL

3.1.1. Kullanılan Besiyerleri

3.1.1.1. %5 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|---------|
| NaBr..... | 0,13 g |
| HNaCO ₃ | 0,033 g |
| KCl..... | 1,0 g |
| CaCl ₂ | 0,145 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 9,898 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 6,913 g |
| NaCl..... | 39 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 1,0 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanmış pH 7'ye ayarlanmıştır. 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.2. %10 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|----------|
| NaBr..... | 0,26 g |
| HNaCO ₃ | 0,067 g |
| KCl..... | 2,0 g |
| CaCl ₂ | 0,289 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 19,797 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 13,827 g |
| NaCl..... | 78 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 0,2 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.3. %15 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|----------|
| NaBr..... | 0,39 g |
| HNaCO ₃ | 0,1 g |
| KCl..... | 3,0 g |
| CaCl ₂ | 0,434 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 29,695 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 20,74 g |
| NaCl..... | 117 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 3,0 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.4. %20 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|----------|
| NaBr..... | 0,52 g |
| HNaCO ₃ | 0,134 g |
| KCl..... | 4,0 g |
| CaCl ₂ | 0,578 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 39,594 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 27,654 g |
| NaCl..... | 156 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 4,0 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.5. %25 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|----------|
| NaBr..... | 0,65 g |
| HNaCO ₃ | 0,167 g |
| KCl..... | 5 g |
| CaCl ₂ | 0,723 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 49,492 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 34,567 g |
| NaCl..... | 195 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 5,0 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.6. %30 Deniz Suyu (SW) (g/l)

| | |
|---|---------|
| NaBr..... | 0,78 g |
| HNaCO ₃ | 0,2 g |
| KCl..... | 6,0 g |
| CaCl ₂ | 0,868 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 59,39 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 41,48 g |
| NaCl..... | 234 g |
| Yeast Ekstrakt..... | 6,0 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.1.7. Kazein Besiyeri

| | |
|---|-------|
| CaCl ₂ .2H ₂ O..... | 0,2 g |
| KCl..... | 2,0 g |
| Yeast Ekstrat..... | 5,0 g |
| Sodyum tri- sitrat..... | 3,0 g |
| Kazein..... | 20 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 20 g |
| NaCl..... | 250 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Beşe 1974, Harley and Prescott 1993, Gonzales et al. 1978, Oren et al. 2002, Norris and Ribbons 1971).

3.1.1.8. Tween 80 Besiyeri

| | |
|---|-------|
| CaCl ₂ .2H ₂ O..... | 1,0 g |
| KCl..... | 2,0 g |
| Tween 80..... | 1,0 g |
| Maya özütü..... | 5 g |
| Sodyum tri- sitrat..... | 3 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 20 g |
| Agar..... | 20 g |
| NaCl..... | 250 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Norris and Ribbons 1971).

3.1.1.9. Selüloz Besiyeri

| | |
|---|-------|
| CaCl ₂ .2H ₂ O..... | 0,2g |
| KCl..... | 2 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 20 g |
| Kazamino asit..... | 1 g |
| Maya özütü..... | 1 g |
| Karboksi metil selüloz..... | 2 g |
| NaCl..... | 250 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litre tamalanmış ve besiyeri içine karboksimetil selüloz ilave edilerek kaynatılmıştır Karboksimetil selüloz çözüldükten sonra besiyerinin pH'sı 7'e ayarlanmış 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir ((Harley and Prescott 1993).

3.1.1.10. İndol Besiyeri

| | |
|---|-------|
| CaCl ₂ .2H ₂ O..... | 0,2 g |
| KCl..... | 2 g |
| Tripton..... | 10 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 20 g |
| NaCl..... | 250g |
| Agar..... | 20g |

Distile su ile 1 litre tamamlanıp besiyerinin pH'sı 7.0'ye ayarlanmış ve 121°C'de 15 dakika otoklavnanarak steril edilmiştir (Harley and Prescott 1993).

3.1.1.11. Jelâtin Besiyeri

| | |
|---|-------|
| CaCl ₂ .2H ₂ O..... | 0,2 g |
| KCl..... | 2 g |
| Yeast Ekstrat..... | 5 g |
| Tripton..... | 5 g |
| Jelatin..... | 20 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 20 g |
| NaCl..... | 250 g |
| Agar..... | 20 g |

Distile su ile 1 litre tamamlanmıştır. Besiyerinin pH değeri 7'ye olarak hazırlanmış ve hazırlanan besiyeri 121°C, 1.06 atm. basınçta, 15 dak. steril edilmiştir (Beşe 1974, Harley and Prescott 1993, Gonzales et al. 1978).

3.1.1.12. Nişasta İçeren Brown (1963) Besi Yeri

| | |
|---|------|
| Maya Özütü..... | 5 g |
| C ₆ H ₅ Na ₃ O ₇ 5,5H ₂ O..... | 3 g |
| MgSO ₄ 7H ₂ O..... | 20 g |
| KCl..... | 2 g |
| Nişasta..... | 10 g |
| Agar..... | 20 |

Miktarlar 1 litre distile su için verilmiştir. Ortama NaCl, %15, olacak şekilde ilave edilmiştir. Besi yerinin pH değeri 7.00 olarak 1 M HCl veya 0,5 M NaOH ile ayarlanmış ve hazırlanan çözelti 121° C, 1.06 atm basınçta, 15 dak. steril edilmiştir. Nişasta içeren katı Brown (1963) besiyeri hazırlamak için ortama 20 g/L agar ilave edilmiştir (Amoozegar et al. 2003).

3.1.1.13. Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) İçeren Besiyeri

| | |
|--|-------|
| Glikoz..... | 1 g |
| Pepton..... | 2 g |
| Yeast Ekstrat..... | 5 g |
| K ₂ HPO ₄ | 1 g |
| MgSO ₄ 7H ₂ O..... | 0,2 g |
| Yağsız süt tozu..... | 5 g |
| Agar..... | 20 g |

Miktarlar 1 litre distile su için verilmiştir. NaCl değerleri % 15 olacak şekilde hesaplanmıştır. Besiyerinin pH 7.00 değeri 0,5 M HCl ile sağlanmıştır. Hazırlanan çözelti 121° C, 1.06 atm. basınçta, 15 dak. steril edilmiştir. Yağsız süt tozu ve glikoz 121°C’ de, 1.06 atmosfer basınçta, 5 dak. steril edilmiştir. Ayrı olarak steril edilen çözelti, yağsız süt tozu ve glikoz 45-50°C’ ye kadar soğutulmuş bazal ortama aseptik koşullarda ilave edilip iyice çalkalanmıştır. Yağsız süt tozu içeren katı Brown (1963) besi yeri hazırlamak için ortama 20 g/L agar ilave edilmiştir (Denizci vd. 2003).

3.1.1.14. Birchwood Ksilan İçeren Brown (1963) Besiyeri

| | |
|---|------|
| Yeast Ekstrat..... | 5 g |
| C ₆ H ₅ Na ₃ O ₇ 5,5H ₂ O..... | 3 g |
| MgSO ₄ *7H ₂ O..... | 20 g |
| KCl..... | 2 g |
| Birchwood Ksilan..... | 10 g |
| Agar..... | 20 g |

Miktarlar 1 litre distile su için verilmiştir. NaCl değerleri %15 olacak şekilde hesaplanmıştır. Besi yerinin pH değeri 7.00 olarak tespit edilmiş ve hazırlanan çözelti 121°C, 1.06 atm. basınçta, 15 dak. steril edilmiştir. Birchwood ksilan içeren katı Brown (1963) besi yeri hazırlamak için ortama 20 g/L agar ilave edilmelidir. Ortam içerikleri

distile suda çözüldükten sonra, ksilanın homojen olarak dağılmasını sağlamak amacıyla 2 dak. boyunca sonikatörde homojenize edilmiştir (Gessesse and Gashe 1997).

3.1.1.15. Şeker Testleri için Kullanılan Besiyeri

| | |
|---|----------|
| NaBr..... | 0,65 g |
| HNaCO ₃ | 0,167 g |
| KCl..... | 5 g |
| CaCl ₂ | 0,723 g |
| MgSO ₄ .7H ₂ O..... | 49,492 g |
| MgCl ₂ .6H ₂ O..... | 34,567 g |
| NaCl..... | 195 g |
| Şeker..... | 5 g |

Distile su ile 1 litreye tamamlanıp pH 7'ye ayarlanmıştır %25 SW besiyerine fruktoz, maltoz, mannitol, sukroz, galaktoz ve rafinoz son konsantrasyonu 5 g/l olacak şekilde filtreden geçirilmiş ve besiyerine eklenilmiş ve 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir (Rodríguez-Valera 1985).

3.1.2. Çalışmada Kullanılan Çözeltiler, Ayıraçlar ve Boyalar

3.1.2.1. TAE 50X (bir litre için)

| | |
|------------------------|---------|
| Tris base..... | 242 g |
| Asetik asit..... | 57,1 ml |
| EDTA (0.5 M pH 8)..... | 100 ml |

Distile su ile 1 litreye tamamlanır, pH 8'e ayarlanarak oda sıcaklığında saklanır (Sambrook et al. 1989).

3.1.2.2. Yağ Asidi Analizi Solüsyonları

Reagent I (Saponifikasyon ayıracı)

| | |
|------------------------------|--------|
| Sodyum Hidroksit(ACS)..... | 45 g |
| Metanol (HPLC saflıkta)..... | 150 ml |
| Deionize Distile Su..... | 150 ml |

Reagent II (Metilasyon ayıracı)

| | |
|------------------------------|--------|
| 6.00 N Hidroklorik Asit..... | 325 ml |
| Metanol (HPLC saflıkta)..... | 275 ml |

Reagent III (Ekstraksiyon ayıracı)

| | |
|--|--------|
| Heksan (HPLC saflıkta)..... | 200 ml |
| Metilert-butyl eter (HPLC saflıkta)..... | 200 ml |

Reagent VI (Yıkama)

| | |
|-----------------------------|--------|
| Sodyum Hidroksit (ACS)..... | 10,8 g |
| Deionize Distile Su..... | 900 ml |

NaCl: 40 g ACS NaCl 100 ml deionize suda çözülmüş, yeterli çökelme olmayan durumlarda damlatılır (Telefoncu 2003).

3.1.2.3. Kovaks Ayıracı

| | |
|-----------------------------------|-------|
| Paradimetil aminobenzaldehit..... | 5 g |
| İzoamil alkol..... | 75 ml |
| Hidroklorik asit..... | 25 ml |

Önce aldehit alkolde eritilmiş sonra yavaş yavaş asit ilave edilmiştir (Harley and Prescott 1993).

3.1.2.4. Para- aminodimetilanilin monohidroklorid Ayracı

Para- aminodimetilanilin monohidroklorid.....1 g

Distile su.....100 ml

Para- aminodimetilanilin monohidroklorid distile su içerisinde iyice çözülmüştür.

3.1.2.5. Kongo Kırmızısı Çözeltisi

Kongo kırmızısı.....0,1 g

Distile su.....100 ml

Kongo kırmızısı distile su içerisinde iyice çözüldükten sonra selüloz hidroliz deneylerinde kullanılmıştır (Harley and Prescott 1993).

3.1.2.6. Lanaset Brown B Çözeltisi

Lanaset Brown B.....0,006 g

NaCl.....9,75 g

Distile su.....50 ml

İlk önce 9,75 g tuzun üzerine 45 ml distile su ilave edilerek 121 °C'de 15 dakika otoklav olarak steril edilmiştir. Sonra steril tüpde 0,006 g Lanaset Brown boyası ve 5 ml steril distile su ile çözümlenerek tuzlu-su çözeltisine ilave edilmiştir.

3.1.2.7. Lanaset Navy R Çözeltisi

Lanaset Navy R.....0,006 g

NaCl.....9,75 g

Distile su.....50 ml

İlk önce 9,75 g tuz'un üzerine 45 ml distile su ilave edilerek 121 °C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir. Sonra steril tüpde 0,006 g Lanaset Navy R ve 5 ml steril distile su ile çözülerek tuzlu-su çözeltisine ilave edilmiştir.

3.1.2.8. Durdurma Solüsyonu

H₂O.....50 µl
 3M Na-asetat....ph:5.2.....20 µl
 100mM Na₂- EDTA....Ph:8.0.....20 µl
 20mg/ml glikojen.....10 µl

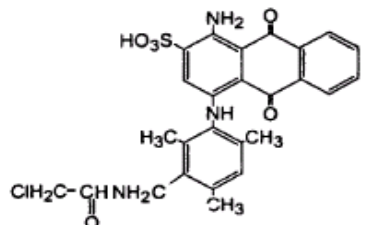
3.1.2.9. Boyalar

Renk giderimi çalışmada kullanılan Lanaset Brown B ve Lanaset Navy R boyarının temel özellikleri çizelge 3.1'de verilmiştir.

Çizelge 3.1 Lanaset Brown B ve Lanaset Navy R boyarının temel özellikleri

| Üretim İsmi | LANASET BROWN B | LANASET NAVY R |
|------------------|---|--|
| Diğer İsmi | Mixture of azo metal complex dyes | Mixture of azo metal complex dyes |
| Kimyasal Formülü | <p>CAS No. 52587-68-5</p> <p>% 15-20 Oranında</p> <p>Disodium[3-[(4,5-dihydro-3-methyl-5-oxo-1-phenyl-1H-pyrazol-4-yl)azo]-4-hydroxy benzenesulphonato(3-)] [1-[[2-hydroxy-5-(phenylazo)phenyl]azo]-2-naphtholato(2-)]chromate(2-)</p> <p>CAS No. 70236-60-1</p> | <p>CAS No:64611-73-0</p> <p>Formül:C₃₂H₁₈CrN₆O₈ Na</p> <p>%15-24 oranında</p> <p>C. I. Acid Blue 317</p> <p>Chromate, bis [1-[(2-hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] 2 naphthalenolato],sodium</p> <p>Chromate, bis [1-[(2-hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] 2-naphthalenato],sodium2-Naphthalenol,</p> |

Çizelge 3.1 (Devam) Lanaset Brown B ve Lanaset Navy R boyarının temel özellikleri

| | | |
|--------------------------------|--|---|
| <p>Kimyasal Formülü</p> | <p>30-40 % oranında</p> <p>Disodium [2,4-dihydro-4-[(2-hydroxy-5-nitrophenyl)azo]-5-methyl-2-phenyl-3H-pyrazol-3-onato(2-)][3-hydroxy-4-[(2-hydroxy-1-naphthyl)azo]-7-nitronaphthalene-1-sulfonato(3-)]chromate(2-)</p> | <p>1-[(2-hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] -, hemichromium complex, monosodiumsalt</p> <p>Chromate, bis [1-[(2 - hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] - 2-naphthalenolato]sodium</p> <p>Chromate, bis [1-[(2-hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] - 2-naphthalenato] - and sodium</p> <p>2-Naphthalenol, 1-[(2-hydroxy-4-nitrophenyl) The pre] -, hemichromium complex, monosodium salt</p> <p>% 1-5 Asid Blue 225</p>  |
|--------------------------------|--|---|

3.2. METOD

3.2.1. Bakteriler

Bu çalışmada kullanılan İzmir Çamaltı Tuzlası'ndan izole edilmiş 6 adet halofilik prokaryotik mikroorganizma Prof. Dr. Kıymet Güven (Eskişehir Anadolu Üniversitesi) tarafından temin edilmiştir.

3.2.2. Geleneksel İdentifikasyon

3.2.2.1. Gram Boyama

Aşırı derecede halofilik mikroorganizmaların gram boyaması Dussault (1955)'e göre yapılmıştır. Modifiye edilmiş bu boyama yönteminde, lam üzerine yayılan örnek önce %2'lik asetik asit ile 5 dakika muamele edilerek fiksasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Bundan sonra %0,25'lik kristal viole ile 3 dakika boyanmış, lugol ile 1 dakika, alkol ile 10 saniye ve son olarak da safranin ile 1 dakika boyanmıştır. Ara yıkama işlemleri için %25'lik NaCl çözeltisi kullanılmıştır.

(www.microbiol.unimelb.edu.au/staff/mds/HaloHandbook).

3.2.2.2. İzolatların Fiziksel İsteklerinin Belirlenmesi

İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu pH Değerinin Belirlenmesi

İzolatlar pH'sı 5, 7, 9 ve 11'e ayarlanmış %25 SW besiyerlerine ekildikten sonra 37 °C etüvde inkübe edilmiştir. İnkübasyon sonrasında her bir izolatın farklı pH'lardaki gelişme durumu belirlenmiştir (Tindall 1992, Anton et al. 2002).

İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu Sıcaklığın Belirlenmesi

İzolatlar %25 SW agar besiyerlerine ekildikten sonra 25 °C, 30 °C, 37 °C, 45 °C ve 55 °C'lik etüvlerde inkübe edilmiştir. İnkübasyon sonrasında her bir izolatın farklı sıcaklıklardaki gelişme durumları belirlenmiştir (Anton et al. 2002).

İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu NaCl Miktarının Belirlenmesi

İzolatlar %5, %10, %15, %20, %25 ve %30'luk NaCl içeren besiyerlerine ekilmiş ve 37 °C'de inkübasyon sonrası gelişme durumları incelenmiştir (Anton et al. 2002).

3.2.2.3. Biyokimyasal Testler

İzolatların Farklı Karbon ve Şeker Kaynaklarını Kullanma Durumunun Belirlenmesi

İzolatların farklı karbon ve şeker kaynaklarını kullanabilme yeteneklerinin ortaya konması amacıyla %25 SW besiyerine fruktoz, maltoz, mannitol, sükroz, galaktoz ve rafinoz son konsantrasyonu 5 g/l olacak şekilde eklenerek inkübasyon sonrası renk değişimleri kontrol edilmiştir (Tindall 1992, Anton et al. 2002).

Jelâtin Hidrolizi

Kültürlere jelâtinli besiyerine ekimleri yapılarak 40 °C'de 7 gün etüvde bekletilmiştir. Kolonilerin etrafında belirgin zonların görülmesi pozitif jelâtin hidrolizi olarak değerlendirilmiştir (Beşe 1974, Harley and Prescott 1993, Gonzales et al. 1978).

Katalaz Testi

%25'lik SW besiyerinde gelişen koloniler üzerine birkaç damla %3 H₂O₂ eriği damlatılmıştır. Besiyeri üzerine gaz kabarcıklarının meydana gelmesi pozitif katalaz

reaksiyonu, gaz kabarcıklarının gözlenmemesi ise negatif katalaz reaksiyonunu olarak değerlendirilmiştir (Harlet and Prescott 1993).

Kazein Hidrolizi

Kazein besiyerine ekilen bakteriler 7 gün etüvde beklendikten sonra petri kutuları siyah bir zemin üzerinde incelenmiştir. Üreme bölgelerinin etrafındaki şeffaf bölgeler kazein pozitif değerlendirilmiştir (Beşe 1974, Harley and Prescott 1993, Gonzales et al. 1978, Oren et al. 2002, Norris and Ribbns 1971).

Oksidaz Testi

%25 SW besiyerinde gelişen kolonilerden öze ile bakteriler alınarak para-aminodimetilanilin monohidroklorid ayıracı dökülmüş olan filtre kâğıdı üzerine sürülmüştür. 5-10 saniye içinde mor rengin meydana gelmesi pozitif sonuç olarak değerlendirilmiştir (Harley and Prescott 1993).

Tween 80 Hidrolizi

Kültürler öze yardımıyla Tween 80 besiyerine ekim yapılmıştır. 40 °C'de 30 gün etüvde beklendikten sonra koloniler etrafındaki şeffaf zonlar incelenmiştir. Üreme bölgelerinin etrafındaki şeffaf bölgeler Tween 80 pozitif olarak değerlendirilmiştir (Norris and Ribbons 1971).

DNaz Testi

Kültürlerin, steril DNaz agar besiyerine azaltma yöntemi ile ekimleri yapılarak 40 °C'de 7 gün etüvde beklemiştir. Bu süre sonunda üzerine 1N HCl dökülmüştür ve kolonilerin etrafında berrak bir bölge gözlenmesi, DNaz pozitif olarak değerlendirilmiştir (Harley and Prescott 1993).

İndol Testi

Kültürler tripton besiyerine ekim yapılarak, aseptik koşullarda inkübe edilerek 40 °C' 7 gün etüvde bekletilmiştir. Bu süre sonunda tüplere 0,5 ml kovaks ayırıcı ilave edildikten sonra kırmızı renk oluşumu indol üretimi için pozitif bir sonuç olarak değerlendirilmiştir (Harley and Prescott 1993).

3.2.2.4. Antibiyotiklere Duyarlılık Testi

İzolatların farklı antibiyotiklere karşı hassasiyetlerinin ortaya konması amacıyla Kirby-Bauer disk diffüzyon testi ile yapılmıştır. İzolatlar %25 SW besiyerine kültürlerin yayma ekimleri yapıldıktan sonra agar yüzeyine Ampiciline AM-10 (B10-Disk), Chloramphenicol C-30 (Bioanalyse), Trimethoprim Sulfamethoxazole SXT-25 (Bioanalyse), Erythromycin E-15 (B10-Disk), Bacitracin 10 (Bioanalyse), Ciprofloxacin CIP-5 (Bioanalyse), Penicillin-G (Himedia), Novobiocin NV 30 (Bioanalyse), Neomycin N-30 (Bioanalyse), Ofloxacin OF (Himedia), Rifampin RAS (Bioanalyse) diskleri konarak petriyerler 37 °C'de inkübasyona bırakılmışlardır. İnkübasyon sonrası antibiyotik diskleri etrafındaki inhibisyon zonlarının varlığı kontrol edilerek mm olarak ölçülmüştür (Oren 1999, Anton 2002).

3.2.3. Enzim Testleri

3.2.3.1. Nişasta Hidrolizi

İzolatlar nişasta içeren Brown (1963) besiyerine nokta şeklinde ekim yapılarak 7 gün 37 °C etüvde bekletilmiştir. Nişasta içeren katı besiyerine inoküle edilen amilaz üreticisi izolatlar 0,3% I₂-0,6% KI solüsyonu ile boyanmıştır. Yapılan test sonrasında kahverengiye boyanan besiyeri üzerinde izolatların nişastayı parçaladığı bölgeler renksiz olarak kalmıştır. Renksiz ve şeffaf olarak göze çarpan koloni etrafındaki bölgelere bakarak nişastanın parçalandığına ve koloniyi oluşturan izolatların amilaz enzimi ürettiğine karar verilmiştir (Amoozegar et al. 2003).

3.2.3.2. Selüloz Hidrolizi

Kültürler selüloz besiyeri içine halka şeklinde ekim yapılarak 37 °C'de 30 gün etüvde bekletilmiştir. Sonra selüloz besiyerinde üremiş kültürler %0,1'lik Kongo kırmızısı çözeltisi ile 30 dk boyandıktan sonra 1 M'lık NaCl çözeltisi ile yıkanmıştır. Bakteri ekilen bölgenin etrafındaki berrak ve renksiz bir bölge selüloz hidrolizini göstermiştir (Harley and Prescott 1993).

3.2.3.3. Proteaz Hidrolizi

Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) İçeren besiyerine kültürler ekilmiştir ve 7 gün 37 °C'de etüvde inkübe edilmiştir. Kültürlerin etrafında belirlenen şeffaf zonlar pozitif olarak belirlenmiştir (Denizci vd. 2003).

3.2.3.4. Birchwood Ksilan Hidrolizi

Birchwood Ksilan içeren Brown (1963) Besi Yerine ekim yapılan izolatlar 7 gün 37 °C'de etüvde inkübe edilmiştir ve %0,1 Kongo Kırmızısı ile boyanmıştır. Kırmızıya boyanan besiyeri üzerinde izolatların Ksilanı parçaladığı bölge renksiz olarak kalmış ve pozitif olarak değerlendirilmiştir (Gessesse and Gashe 1997).

3.2.4 Moleküler İdentifikasyon

3.2.4.1. Yağ Asidi Analizi

Bacteria üyesi olduğu belirlenen izolatlar yağ asidi metil esterlerinin (FAME) analizi için işleme alınmıştır. Bu amaçla, üretici firmanın tavsiye ettiği şekilde ve bazı modifikasyonlarla yöntem uygulanmıştır. Test edilecek halofilik mikroorganizmalar %25'lik sıvı SW besiyerinde 37 °C'de çalkalmalı etüvde 5 gün geliştirilmiştir. Geliştirilen izolatlardan yağ asidi analizi için falkon tüplerinde 10 dk 6.500 rpm'de satrifüj edilmiş ve steril bir tüpe 50 mg tartılmıştır. Tartılan her bir izolat

saponifikasyon, metilasyon ve ekstraksiyon basamaklarından sonra yağ asitleri elde edilerek standart suşlar ile kıyaslanarak identifikasyon çalışmaları tamamlanmıştır.

İşlem basamakları maddeler halinde verilecek olursa;

Saponifikasyon: 1 ml Reagent I'den aktarılıp 5-10 defa vorteksle karıştırılıp 5 dakika 100 °C 'de bekletilmiş tekrar 5-10 defa vortekslenerek 100 °C'de 25 dakika bekletilerek hemen soğutulmuştur.

Metilasyon: 2 ml Reagent II ilave edilerek 5-10 dakika vortekslenmiş 80 °C 'de 10 dakika bekletilmiş ve hemen soğutulmuştur.

Ekstraksiyon: 1,25 ml Reagent III ilave edilerek 10 dakika yatay karıştırıcıda karıştırılarak alt faz uzaklaştırılmıştır.

Yıkama: 3 ml Reagent IV ilave edilerek yatay karıştırıcıda karıştırılmıştır ve üst fazın 2/3'ü yağ asidi analizi için alınmıştır.

3.2.4.2. 16S rRNA Geni Amplifikasyonu için İzolatlardan DNA Ekstraksiyonu

Çalışmada Çamaltı Tuzlası'ndan izole edilen mikroorganizmaların 16S rRNA geni amplifikasyonları için agar ortamı üzerinde geliştirilmiş olan kültürden tek koloni alınarak 200 µl steril distile su içinde ya da 200 µl sıvı kültür 12.000 rpm'de 10 dakika santrifüj edildikten sonra oluşan pelet 200 µl steril distile su içinde resüspanse edildikten sonra tüpler 10 dakika kaynar su banyosunda bekletilmişlerdir. 12.000 rpm'de 10 dakika santrifüjün ardından süpernatant kısmı yeni bir steril tübe aktarılarak, PCR için buradan 3-5 µl template olarak kullanılmak üzere, -20 °C'de muhafaza edilmişlerdir (Anton et al. 1999, Dyall-Smith 2004).

3.2.4.3. 16S rRNA Geninin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile Amplifikasyonu

Çamaltı tuzlasından izole edilen Bacteria spesifik primerler kullanılarak, bunların 16S rRNA genlerinin polimeraz zincir reaksiyonu ile amplifikasyonu yapılmıştır. Bu amaçla 25 µl hacimde son hacimde 1 µl primerler, 1-3 µl template DNA, 20-22 µl PCR Mix (10X PCR buffer (MgCl₂ içermeyen), MgCl₂ (1.5mM), dNTP Mix (10mM)), 1 unite Taq DNA polimeraz enzimi olacak şekilde reaksiyonlar kurulmuştur.

27F (5' AGA GTT TGA TCA TGG CTC AG-3')

1492R (5' GGT TAC CTT GTT ACG ACT T-3') dizilimi primer kullanılmıştır. Reaksiyonlar için Techgene (Techne) cihazı kullanılmıştır.

Bacteria üyelerinin 16S rRNA genlerinin amplifikasyonları için uygulana reaksiyon şartları aşağıdaki gibidir;

94 °C 3 dakika (Denatürasyon)

| | | | |
|-------|-----------|---|----------|
| 94 °C | 30 saniye | } | 30 Döngü |
| 50 °C | 1 dakika | | |
| 72 °C | 1 dakika | | |

72 °C 10 dakika

4 °C Süresiz

Reaksiyon sonrasında amplifikasyon ürünleri %1'lik agaroz jellere yüklenerek uygun büyüklükte Bacteria 16S sahip olanların seçimi gerçekleştirilmiştir (Anton et al. 2000).

3.2.4.4. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması

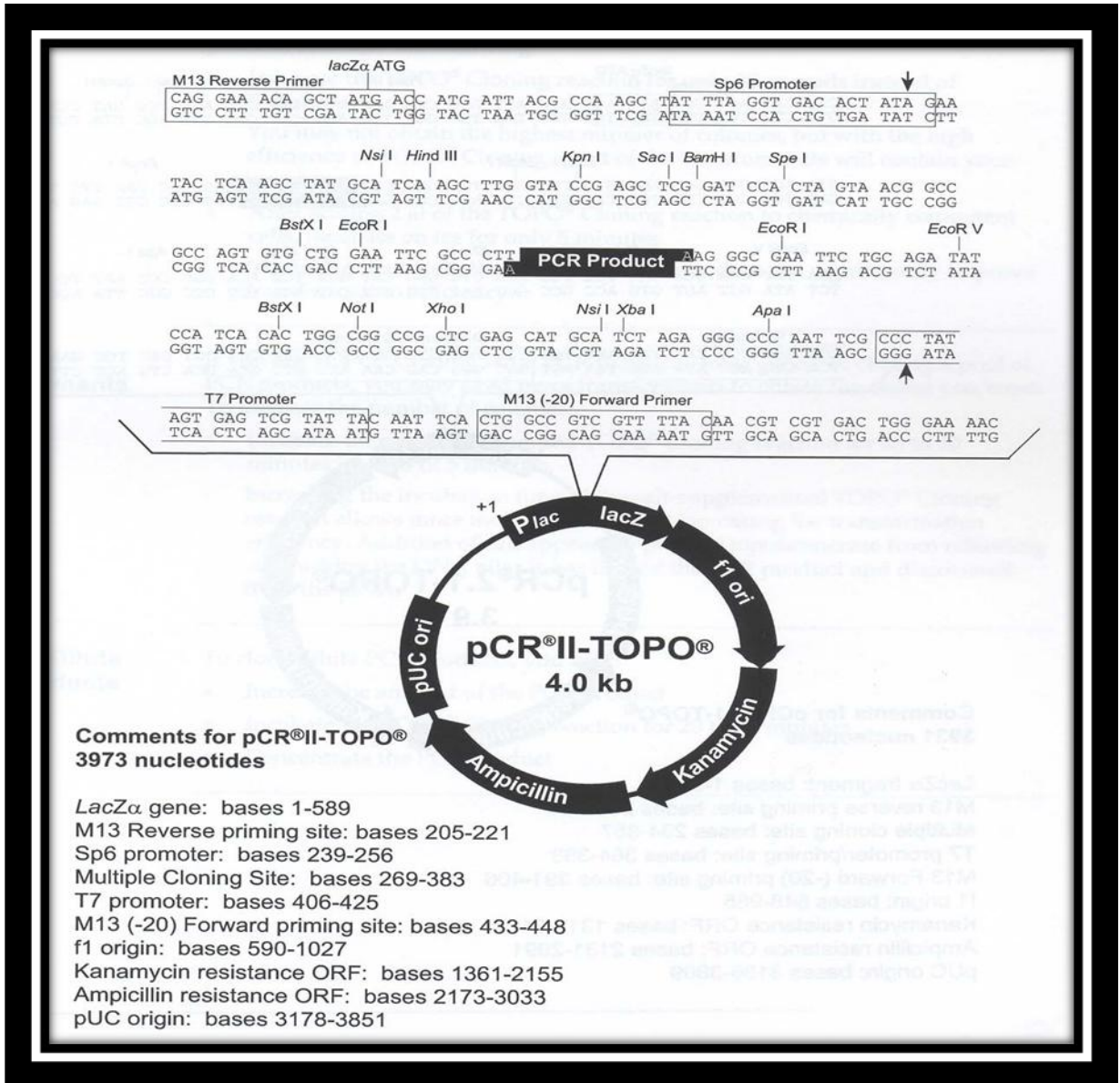
PCR ürünlerinin saflaştırılması amacıyla özel saflaştırma kiti (Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System Progema) kullanılmıştır. Buna göre %1'lik jelde yürütülen PCR ürünleri UV transilluminator üzerinde gözlenerek, steril bisturi ucu ile istenilen bantlar agaroz jelden kesilmiştir. DNA içeren agaroz parçaları tartılarak, bunların üzerine her 10 mg için 10 µl olmak üzere membran yıkama solüsyonundan (Membran Binding Solution) eklenmiştir. Tüp hafifçe vorteksledikten sonra 55 °C de 10 dakika (agaroz tamamen eriyinceye kadar) su banyosunda inkübe edilmiştir. Bu süre sonunda minikolon tüpü (SV Minicolumn Collection) içine yerleştirilmiş ve su banyosundan çıkarılan örnek kolona konulmuş 1 dakika oda sıcaklığında beklenilmiş sonra 1600 rcf'de 1 dakika santrifüj yapılmıştır. Toplama (Collection) tüpünde toplanan sıvı atılmış ve minikolon yeniden başka toplama tüpüne yerleştirilerek üzerine 700 µl yıkama solüsyonu eklenip tekrar 16000 rcf'de 1 dakika santrifüjlenmiştir. Altındaki sıvı dökülmüş, aynı toplama tüpü kullanılmış ve tekrar üzerine 500 µl yıkama solüsyonu konulmuştur. 16000 rcf'de 5 dakika santrifüj edilmiş ve alt kısımdaki sıvı dökülmüş 1 dakikada 1600 rcf'de santrifüj yapılmıştır. Toplama tüpü değiştirilmiş steril ependorf üzerine minikolon konmuştur. Üzerine 50 µl Nükleaz içermeyen su (Nükleaz Free Water) eklenmiş ve 1 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir. En son olarak 16000 rcf'de santrifüj edilerek ürün elde edilmiştir. %1 'lik agaroz jele 2 µl saflaştırılmış PCR ürünleri yüklenerek UV transilluminator üzerinde gözlenmiştir.

3.2.4.5. 16S rRNA Genlerinin Klonlanması, Klonların Seçimi ve Klonlardan Dizi Analizleri

İzolatlardan amplifiye edilmiş olan 16S rRNA'ların klonlanması için TOPO TA Klonlama Kiti (Kat No: K4500-01) Invitrogen) kullanılmıştır. Bu kit klonlama vektörü olarak pCR2.1 i içermektedir. Vektör lacZ geninin yanında, ampisilin ve penisiline direnç genlerini de içermektedir. Şekil 3.1'de vektör olarak kullanılan pCR2.1'in restriksiyon kesim bölgelerini ve direnç genlerini de belirten harita görülmektedir. Vektörün transformasyonu için *Escherichia coli* TOP10 straini kullanılmıştır (Anton et al. 1999, Anton et al. 2000).

3.2.4.6. Ligasyon Reaksiyonu

16S rRNA geninin oluşturulması amacıyla Bacteria spesifik primerlerle 1'er tüp reaksiyon kurulmuş sonra ligasyon işleminde kullanılmıştır. Ligasyon reaksiyonları için 4 µl saflaştırılmış PCR ürünü, 1 µl tuz solüsyonu, 1 µl TOPO vektör (10 ng/µl) ve toplam hacim 6 µl'dir. Bu karışım pipetlenerek karıştırılmış ve oda sıcaklığında 15 dakika bekletilmiştir.



Şekil 3.1.pCR2.1 vektörü (TOPO klonlama kiti manualinden, Invitrogen)

3.2.4.7. Transformasyon

2 µl ligasyon reaksiyonundan alınarak, 50 µl *Escherichia coli* TOP10 straini üzerine eklenerek karıştırılmıştır. Bu karışım 20 dakika buz üzerinde bekletildikten sonra hücreler 30 saniye 42 °C'lik su banyosunda bekletilmişlerdir. Bundan sonra tüpe 250 µl SOC medium eklenerek dikkatlice karıştırılmıştır. 1 saat 37 °C' 180 rpm de inkübe edilmiştir.

İnkübasyon sonrasında bu karışımlardan 100 µl ve 200 µl alınarak X-Gal (40 mg/ml) ve ampisilin (100 mg/ml) içeren Luria Bertani (LB) agar üzerine pipetlenmiş ve drigalski spatülü ile tüm petri yüzeyine yayılması sağlanmıştır. Petriler 37 °C'de bir gece inkübe edilerek inkübasyon sonrasında oluşan mavi (insert içermeyen) ve beyaz koloniler (insert içeren) arasından beyaz olanlar seçilerek X-Gal ve ampisilin içeren yeni bir LB petrisine ekimleri yapılmıştır.

3.2.4.8. İnsert'e Sahip Klonların Seçimi

İnsert içeren bu beyaz kolonilerin içerdikleri insert'in uygun büyüklükte olup olmadığını belirlemek amacıyla her bir klondan polimeraz zincir reaksiyonları kurulmuştur.

Bu reaksiyonda primer olarak;

M13F (5' GGT TAC CTT GTT ACG ACT-3')

M13R (5' CAG GAA ACA GCT ATG AC-3') dizilimi primerleri kullanılmıştır.

25 µl hacimde son konsantrasyonları 1 µl primerler, 23 µl PCR Mix (10X PCR buffer (MgCl₂ içermeyen), MgCl₂ (1,5 mM), dNTP Mix (10 mM)), 1 unite Taq DNA polimeraz enzimi olacak şekilde reaksiyonlar kurulmuştur. Her tüpe, kalıp DNA (template) olarak LB petrilerindeki beyaz kolonilerden kürdanla alınan biyomas eklenmiştir.

Amplifikasyon reaksiyonu için aşağıdaki şartlar kullanılmıştır:

| | | |
|-------|--------------------------|------------|
| 94 °C | 3 dakika (Denatürasyon), | |
| 94 °C | 30 saniye | } 30 Döngü |
| 50 °C | 1 dakika | |
| 72 °C | 1 dakika | |
| 72 °C | 10 dakika | |
| 4 °C | Süresiz | |

Reaksiyon sonrasında amplifikasyon ürünleri %1'lik agaroz jellere yüklenerek uygun büyüklükte inserte sahip olanların seçimi gerçekleştirilmiştir (Anton et al. 2000).

3.2.4.9. Rekombinant Plazmidlerin Klonlardan Ekstraksiyonu ve Saflaştırılması

Plazmid izolasyonu Plazmid İzolasyon Kiti (Promega Wizard Plus SV Minipreps DNA Purification System) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Plazmidlerin klonlardan izolasyonu için, LB'de geliştirilmiş olan klonlar 6 ml ampisilinli LB sıvı ortamına pasajlanmışlar ve 37 °C'de 1 gece inkübe edilmişlerdir. İnkübasyon sonrası kültürün bir kısmı (850 µl) stokların oluşturulması amacıyla ayrılarak üzerlerine 150 µl steril gliserol eklenmiş ve -85 °C lik derin dondurucuda saklanmışlardır. Kültürün kalan kısmı 2500 rpm'de 5 dakika oda sıcaklığında santrifüjlenmiş ve süpernatant kısmı atılmıştır. Pelet kitte bulunan 250 µl hücre resüspanسیون solüsyonu ile süspanse edilmiş ve üzerine 250 µl hücre lizis solüsyonu eklenerek 4 kez başaşağı çevrilerek karıştırılmış ardından 5 dakika oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. Bunun üzerine 10 µl alkalın proteaz solüsyonu eklenmiş, tekrar 4 kez başaşağı çevrilerek karıştırılmış ve 5 dakika oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. İnkübasyondan sonra 350 µl nötralizasyon solüsyonu eklenerek 4 kez başaşağı çevrilerek karıştırılmış ve 10 dakika 13200 rpm'de santrifüj edildikten sonra süpernatant kısmı özel bir kolon içeren toplama tüpüne yerleştirilmiştir. 13200 rpm'de 1 dakika santrifüj edildikten sonra üzerine 750 µl yıkama solüsyonu

eklenmiş ve tekrar 13200 rpm’de 1 dakika santrifüj edilmiştir. 250 µl yıkama solüsyonu eklenerek 2 dakika 13200 rpm’de santrifüjlenmiş, özel kolonu içeren tüp kısmı yeni bir ependorf tüpü içine alınarak kolon üzerine 100 µl nükleaz içermeyen su eklenmiş ve son kez 13200 rpm’de 1 dakika santrifüjlenmiştir. DNA içeren sıvı kısım -20 °C’de saklanmıştır.

Plazmid izolasyonunun gerçekleşip gerçekleşmediğinin kontrolü amacıyla bu ekstraktan %1’lik agaroz jele yükleme yapılmış ve uygun büyüklükte vektörün olup olmadığı markerlar (supercolid DNA fragmentleri ve 1 KbPlus DNA ladder) yardımıyla belirlenmiştir.

3.2.4.10. 16S rRNA Genlerinin Dizi Analizleri

16S rRNA genlerinin (klonlardan veya saflaştırılmış PCR ürünleri) dizi analizleri Dye Ex QIAGE ve Dynabeads Sequencing Clean-Up kitleri ile Beckman Coulter cihazı kullanılarak Eskişehir Anadolu Üniversitesinde gerçekleştirilmiştir.

Dizi analizleri için 16S rRNA geninin amplifikasyonunda kullanılan Bacteria spesifik primerler (27F, M13F ve 1492R, M13R) ile 907R 785F, 341F kullanılmıştır. Reaksiyonların bazıları Dye Ex Qiagen kiti ile bazıları ise Dynabeads Sequencing Clean-Up kiti ile yapılmıştır. Dizi analizleri sırasında her örnek için toplam reaksiyon hacmi 10 µl olarak ayarlanmıştır. 2 µl kalıp DNA (analiz yapılacak DNA örneği) 1.35 µl steril su ile hazırlanan her bir reaksiyon için kullanılan şartlar aşağıda verilmiştir.

30 döngü

96 °C 30 saniye

50 °C 1 dakika

72 °C 1 dakika

Bu reaksiyondan sonra 6 µl Mix (DTCS Quick Start Mix) ve 0.65 µl primer PCR tüplerine konularak Sequence programında 4,5 saat muamele edilmiştir. Reaksiyon için şartlar aşağıda verilmiştir.

30 döngü

| | |
|-------|-----------|
| 96 °C | 20 saniye |
| 50 °C | 20 saniye |
| 60 °C | 4 dakika |

Manyetik Boncuk ile Yapılan Saflaştırma (Dynabeads Sequencing Clean Up)

Amplifikasyon sonrasında bağlanmamış primerlerin ve işaretli dNTP'lerin uzaklaştırılması için manyetik boncuk içeren saflaştırma kiti kullanılmıştır. Toplam PCR ürünleri steril ependorflara aktarılmış ve her bir PCR ürünün üzerine 5,5 µl durdurma solüsyonu (stop solution) konulmuştur. 20 µl manyetik boncuk içeren solüsyon (Dynal Solution) konulduktan sonra 15 dk oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. Arada çok az pipet ile (alıp-verme) yapılarak karıştırılmış, ependorflar manyetik alana yerleştirilmiş ve 1dk beklenilmiştir. Şeffaf kısım ependorf tüpten çekilerek uzaklaştırılmıştır. Üzerine 30 µl önceden hazırlanan %85'lik alkol konulmuş ve pipet ile karıştırılmıştır. Tekrar manyetik alana ependorf tüpler yerleştirilmiş ve 1dk beklenilmiştir. Alkolleri çekildikten sonra 5 dk alkolün uçması için beklenilmiştir. Saflaştırılan ürünlerin üzerine 30 µl SLS konulduktan sonra oda sıcaklığında 2dk beklenilmiş ve 15 dk içinde örnekler sample platelere yerleştirilmiştir. Örneklerin üzerine mineral yağ konulmuştur sonra kapiller sisteme verilmiştir.

Dye Ex Qiage ile Yapılan Saflaştırma

Amplifikasyon sonrasında bağlanmamış primerlerin ve işaretli dNTP'lerin uzaklaştırılması için Dye Ex Qiagen kiti kullanılmıştır. Yapılan saflaştırmada; Spin kolon (Spin column) tüpleri vortekslenmiş kapakları çeyrek açılmıştır. Alt kısımları kopartılmış olan Spin kolon tüpleri toplama (collection) tüplerine yerleştirilmiştir. 3.000

rpm'de 3 dk santrifüj yapıldıktan sonra ependorf tüpleri içerisine alınmıştır. Plazmit örneklerin üzerine 10 µl Dpce su konduktan sonra elde edilen plazmit örneklerin her biri ayrı ayrı spin kolon (spin column) içindeki jele pipeti yan tutarak emdirilmiştir. 3.000 rpm'de 3 dk santrifüj yapılmış, spin kolon tüpleri atıldıktan sonra ependorf tüpleri 20 dk konsantre edilmiştir (konsantre 10 dk 37 °C'de). Safılaştırılmış ürünlerin üzerine 20 µl SLS eklenildikten sonra oda sıcaklığında 2dk beklenilmiş, 15 dk içinde örnekler sample platelere yerleştirilmiştir. Örneklerin üzerine mineral yağ konulmuş ve sonra kapiller sisteme verilmiştir.

3.2.4.11. 16S rRNA Gen Dizilerinin Analizi

Safılaştırılmış PCR ürünlerin veya klonların 16S rRNA geni amplifikasyonlarından elde edilen ürünlerin dizi analizinden sonra elde edilen dizi bilgileri NCBI (National Center for Biotechnology Information, (www.ncbi.nlm.nih.gov)) gen bankasındaki verilerle BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) (Altschul *et al.* 1997) programı üzerinden karşılaştırılarak bunların filogenetik benzerlik durumları ortaya konmuştur. Elde edilen diziler ayrıca Clustal X (Versiyon 5) programı kullanılarak da analiz edilmiş ve CAP3 programında diziler birleştirilerek tekrar BLAST yapılarak izolatların sonuçları alınmıştır.

3.2.4.12. Agaroz Jel Elektroforezleri

Nükleik asitlerin filtrelerden ya da klonlardan ekstraksiyonunu takiben ya da 16S rRNA genlerinin PCR ile amplifikasyonundan sonra bunların elektroforez işlemleri için 1X lik TAE buffer içindeki 5V/cm akım uygulanan %1'lik agaroz jeller kullanılmıştır. İncelenecek nükleik asitin tipine göre jellerde 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen) fragmentleri kullanılmıştır. Çukurlara 5 µl örnek ve 1 µl jel yükleme boyası olacak şekilde yükleme yapılmıştır. Plazmit izolasyonu jellerinde marker olarak supercoiled DNA fragmentleri ve 1 KbPlus DNA ladder kullanılmıştır.

Tüm jellerde DNA'nın gözlenebilmesi amacıyla jeller, 0,5 µg/µl konsantrasyonlu etidyum bromid solüsyonları içinde 15 dakika bekletildikten sonra 10 dakika kadar da

distile su içerisinde tutulmuşlar ve 312 nm dalga boyunda UV veren transilluminatörler yardımıyla gözlenmişlerdir. Jel fotoğrafları Uvitec Jel Dökümantasyon sistemi ile elde edilmiştir.

3.2.5. Dekolarizasyon Çalışması

3.2.5.1. Boyar Madde Konsantrasyonunun Belirlenmesi

Besiyerindeki boya konsantrasyonunun doğrudan tespiti mümkün olmadığı için her bir boyar madde konsantrasyonundaki derişim besiyerinin absorbans değerindeki derişime bağı olarak izlenilmiştir. Farklı boyar madde içeren besiyerinin absorbans değeri o boyar maddenin maksimum absorbans verdiği dalga boyunda ölçülmüştür. Bunun için boyar madde solüsyonunun UV visible spektrofotometrede spektrum ölçümü yapılmıştır. Boyaların Maksimum absorbans değeri spektrofotometrik olarak belirlendikten sonra belirlenen dalga boyunda farklı konsantrasyonlarda ölçüm yapılarak başlangıçtaki boyar madde miktarı spektro ölçümünde 1-2 olacak şekilde ayarlanmıştır.

Bakteri inokülasyonu yapılmamış, boya eklenmiş ortamlar ölçümlerde negatif kontrol olarak kullanılmıştır.

3.2.5.2. Dekolarizasyon Deneyleri

Dekolarizasyon çalışması için kullanılan mikroorganizmalar (C-13 ve C-22) 150 ml'lik duran şişeler içerisinde bulunan %25'lik sıvı SW besiyerinde 37 °C'de 7 gün çalkalmalı etüvde 125 rpm'de inkübe edilerek çoğaltılmıştır. İnkübasyon sonrası kültürlerin Mac farland'a göre bulanıkları ölçülmüştür. Üreyen mikroorganizmalar 10 ml'lik falkon tüplerine 5 ml konularak 8.000 rpm'de 15 dk santrifüj edilmiştir ve 2 kez distile su ile yıkandıktan sonra dekolarizasyon çalışması için kullanılmıştır.

Dekolarizasyon; 150 ml'lik duran şişelerine 50 ml'lik %19,5 tuz içeren distile su hazırlamıştır. Boyalar steril tüp içerisine 50 ml için 0.006 g tartılarak 5 ml steril tuzlu

distile su içerisinde çözüldükten sonra tuzlu-su çözeltisine içerisine 500 µl her bir örnekten ilave edilmiştir. İnkübasyon; çalkalamalı etüvde 37 °C’de farklı dakika ve saatler olmak üzere gerçekleştirilmiştir. Örnekler öncelikle 6.500 rpm’de 7 dk santifüj yapılmış, süpernatantların, spektrofotometrede boyanın max absorbans verdiği değerde okunmuştur. Dekolarizasyon yüzdesi aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır;

$$\text{Dekolarizasyon yüzdesi \%} = (A_0 - A) / A_0 \times 100$$

A_0 = Başlangıçtaki absorbans

A = Dekolarizasyondan sonrası absorbans (Asad et al. 2006)

3.2.5.3. F.T.I.R (Fourier Transform İnfraret Spektrometre) ile Renk Giderimi Analizi

Renk gideriminden sorumlu kimyasal grupların tanımlanması için FTIR analizleri Prof. Dr. Alaattin Güven tarafından Eskişehir Anadolu Üniversitesi Fen Fakültesi Kimya laboratuvarlarında Perkin Elmer Spektrum 100 cihazı kullanılarak yapılmıştır.

3.2.5.4. Adsorpsiyon İzotermlerin Hesaplanması

Dekolarizasyon çalışmasında kullanılan izolatlar (C-13 ve C-22) Lanaset Navy R ve Brown B boya larını kullanarak adsorpsiyon sonucundaki değerler Prof. Dr. Alaattin Güven tarafından Langmuir ve Freundlich genel denklemleri ile hesaplanmış, Portable Origin 8 programında grafik çizilmiştir.

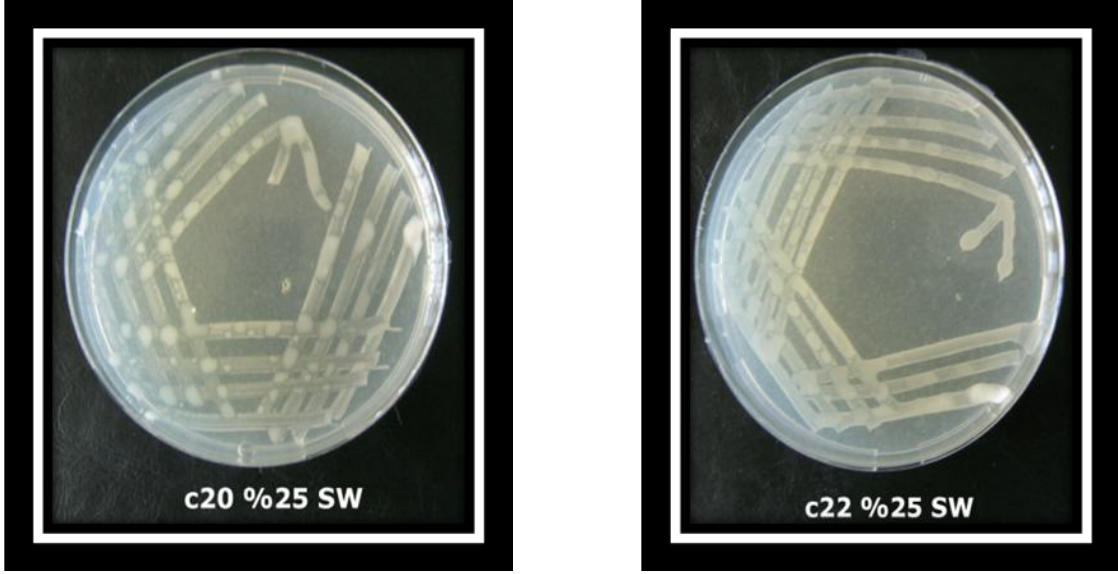
4. BULGULAR

4.1 Bakteriler

6 adet halofilik prokaryotik mikroorganizmaların % 25 SW besiyerinde renk ve koloni morfolojileri aynı olarak görülmüş ve çalışılmak üzere stoklanmıştır.

Resim 4.1'de aynı renk ve şekil kolonilere sahip 6 izolatın geliştikleri %25 SW besiyerindeki görüntüleri verilmiştir.





Resim 4.1 Test organizmaların agar üzerindeki görüntüleri

4.2 Bakterilerin İdentifikasyonu

4.2.1. Geleneksel İdentifikasyon

4.2.1.1. Gram Boyama

Gram boyama sonuçlarına göre izolatların gram negatif (Gr -) reaksiyonu gösteren C-13 ve C-20 gram pozitif (Gr +) reaksiyonunu gösteren ise C-12, C-15, C-17, C-22 olup morfolojileri basil olarak gözlemlenmiştir. İzolatların tümü %25 SW besiyerinde krem renk olarak görülmüştür.

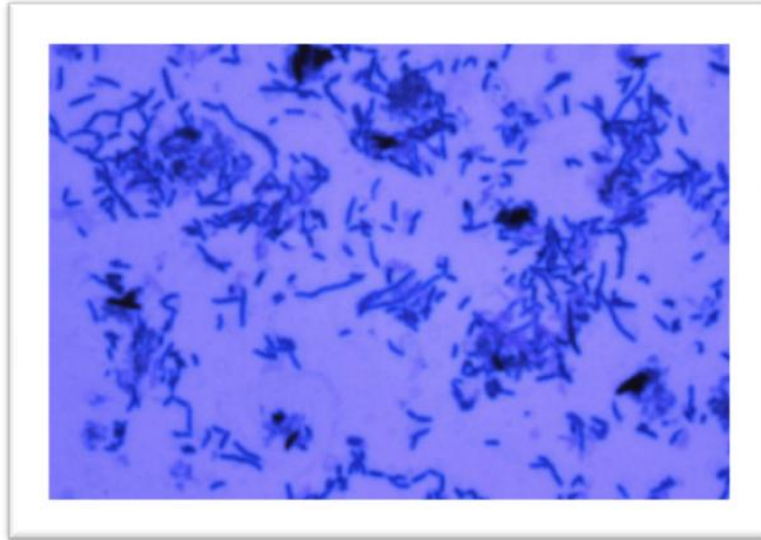
Çizelge 4.1’de izolatların Gram Reaksiyonları, Koloni Morfolojileri ve Pigmentasyonu verilmiştir.

Resim 4.2’de C-12 izolatın Modifiye Gram boyama işlemi sonrası Gram pozitif olarak boyanmış basil şekilli hücreleri verilmiştir.

Çizelge 4.1 Çamaltı Tuzlasında izole edilen izolatların Gram Reaksiyonları, Koloni Morfolojileri ve Pigmentasyonu

| İZOLATLAR | Gram Reaksiyonu | Koloni Şekli | Pigmentasyon |
|-----------|-----------------|--------------|--------------|
| C-12 | + | Basil | Krem |
| C-13 | - | Basil | Krem |
| C-15 | + | Basil | Krem |
| C-17 | + | Basil | Krem |
| C-20 | - | Basil | Krem |
| C-22 | + | Basil | Krem |

+ pozitif gram reaksiyonu,- negatif gram reaksiyonu



Resim 4.2 Modifiye Gram boyama işlemi sonrası Gram pozitif olarak boyanmış basil şekilli hücreler (C-12 nolu izolat)

4.2.1.2. İzolatların Fiziksel İsteklerinin Belirlenmesi

İzolatların fiziksel istekleri çizelge 4.2' de görülmektedir.

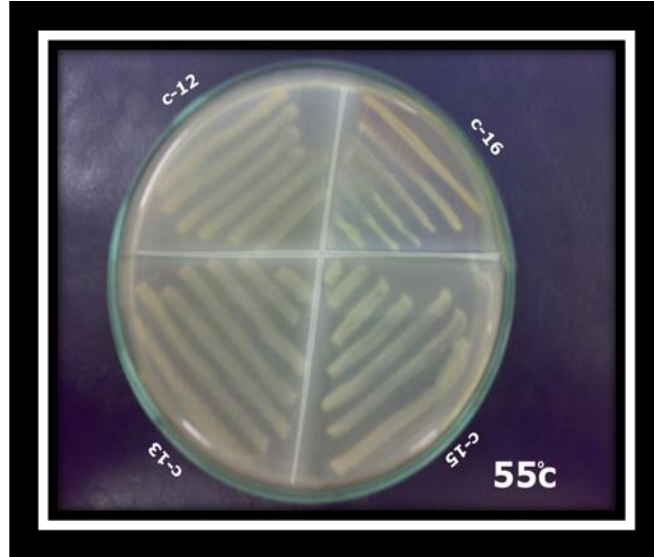
İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu pH Değerinin Belirlenmesi

C-12, C-13, C-20 izolatlarının pH'sı 5, 7, 9'a ayarlanmış %25 SW besiyerinde inkübasyon sonrasında, her üç pH'da da çok iyi ürediği görülmüştür. C-15 izolatının pH 11'de gelişiminin iyi, diğer pH'larda ise çok iyi olduğu C-22'nin ise pH 11'de gelişiminin inhibe olduğu belirlenmiştir. C-17 izolatu diğer izolatlardan farklı olarak pH 5'de gelişme göstermemiştir.

İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu Sıcaklığın Belirlenmesi

İzolatlar %25 SW agar besiyerinde 25 °C, 30 °C, 37 °C, ve 45 °C sıcaklıklarda geliştikleri gözlemlenmiş sonuç olarak 5 izolatın (C-12, C-13, C-15, C-22) 25 °C-55 °C arası denenen tüm sıcaklıklarda çok iyi geliştiği görülmüş olmasına rağmen C-17 ve C-20'nin 25 °C, 30 °C, 37 °C 'de çok iyi olup 45 °C ve 55 °C'de ise iyi gelişmiştir.

Resim 4.3'de izolatlardan C-12, C-13, C-15 ve C-17'nin 55 °C'de %25 SW besiyerinin üzerinde gelişimi verilmiştir.



Resim 4.3 İzolatların (C-12, C-13, C-15, C-17) % 25 SW agar üzerinde 55 °C'de gelişiminin belirlenmesi

İzolatların Optimum Büyüme İçin İhtiyaç Duyduğu NaCl Miktarının Belirlenmesi

İzolatlar %5, %10, %15, %20, %25 ve %30'lık NaCl içeren besiyerlerine ekilmiş ve 37 °C'de inkübasyon sonrası gelişme durumları incelenmiştir. İnkübasyon sonrası izolatların %5, %10, %15, %20, %25 NaCl içeren besiyerinde çok iyi gelişme göstermesine rağmen %30 NaCl konsantrasyonunda C-15, C-20, C-22'nin iyi; C-12, C-13, C-17'nin ise bu tuz konsantrasyonunda gelişemediği görülmüştür.

Çizelge 4.2 İzolatların fiziksel istekleri (Ph, sıcaklık (°C), NaCl konsantrasyonu (%))

| İzolatlar | Ph | Sıcaklık(°C) | | | | | NaCl konsantrasyonu (%) | | | | | | | | | |
|-----------|----|--------------|-----|-----|-----|-----|-------------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|
| | | 5 | 7 | 9 | 11 | 25 | 30 | 37 | 45 | 55 | 5 | 10 | 15 | 20 | 25 | 30 |
| C-12 | | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | - |
| C-13 | | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | - |
| C-15 | | +++ | +++ | +++ | + | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | + |
| C-17 | | - | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | ++ | ++ | ++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | - |
| C-20 | | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | ++ | ++ | ++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | + |
| C-22 | | +++ | +++ | +++ | - | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | +++ | + |

+ orta, ++iyi, +++çok iyi

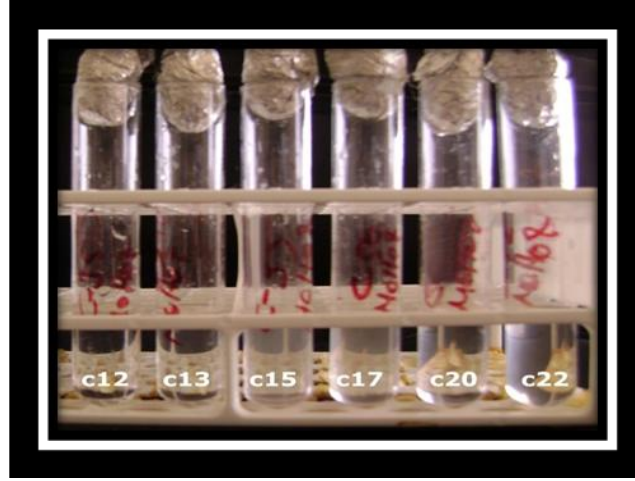
4.2.1.3. Biyokimyasal Testler

İzolatların biyokimyasal test sonuçları Çizelge 4.3'de verilmiştir.

İzolatların Farklı Karbon ve Şeker Kaynaklarını Kullanma Durumunun Belirlenmesi

İzolatların farklı karbon ve şeker kaynaklarını kullanabilme yetenekleri ile ilgili test sonuçlarına göre, Fruktoz, Maltoz, Mannitol, Sukroz, Galaktoz ve Raffinoz kullanabilme yeteneğindedirler.

Resim 4.4'de izolatların hepsinin maltozu kullanabilme yeteneğinin belirlenmesi verilmiştir.



Resim 4.4 Test izolatlarının maltozu kullanma testi.

Jelâtin Hidrolizi

Kolonilerin etrafında belirgin zonların görülmesi pozitif jelâtin hidrolizi olarak değerlendirilmiştir. İzolatların jelâtinli besiyerinde inkübasyon sonucunda C-17 ve C-22 hariç diğer izolatlar (C-12, C-13, C-15, C-20) pozitif sonuç göstermiştir.

Katalaz Testi

%25'lik SW besiyerinde gelişen koloniler üzerine birkaç damla %3 H₂O₂ (Hidrojen Peroksit) eriği damlatıldıktan sonra C-13 ve C-22 izolatları hariç C-12, C-15, C-17, C-

20 izolatlarında koloniler üzerinde gaz kabarcıkları meydana gelmiş ve pozitif sonuç olarak değerlendirilmiştir.

Kazein Hidrolizi

Kazein besiyerinde gelişen izolatlar siyah zemin üzerinde incelenmiş ve üreme bölgelerinin etrafında hiçbir izolatda şeffaf bölgeler görülmemiş ve negatif sonuç olarak değerlendirilmiştir.

Oksidaz Testi

%25 SW besiyerinde gelişen kolonilerden öze ile alınarak para-aminodimetilanilin monohidroklorid ayırıcı dökülmüş olan filtre kâğıdı üzerine sürülmüştür. 5-10 saniye içinde mor rengin meydana gelmemesi C-13, C-15, C-20 izolatların negatif olarak değerlendirilmesine rağmen. C-12 C-17 ve C-22 izolatları pozitif sonuç olarak gösterilmiştir.

Tween 80 Hidrolizi

Tween 80 besiyerinde gelişen izolatların etrafında şeffaf zon göstermeyen C-12, C-15, C-17, C-20, C-22 olmasına rağmen sadece C-13 izolatının etrafında şeffaf zon meydana gelmesi pozitif sonuç olarak değerlendirilmiştir.

DNaz Testi

DNaz besiyerinde gelişen izolatların üzerine 1N HCl damlatılması sonucu kolonilerin etrafında berrak renk göstermeyen izolatlar C-12, C-22 olmasına rağmen berrak renk gösteren C-13, C-15, C-17, C-20 izolatları pozif sonuç olarak değerlendirilmiştir.

İndol Testi

İndol besiyerinde gelişen izolatların üzerine 0,5 ml kovaks ayırıcı damlatıldıktan sonra tüm izolatlarda (C-12, C-13, C-15, C-17, C-20, C-22) kırmızı renk oluşumu gözlemlenmiş ve pozitif olarak değerlendirilmiştir.

Çizelge 4.3 İzolatların Biyokimyasal Testleri

| SUŞLAR | İNDOL | KAZEİN | TWEEN 80 | JELÂTİN | OKSİDAZ | KATALAZ | DNaz | ŞEKER TESTLERİ | | | | | |
|-------------|-------|--------|-------------|---------|---------|---------|------|--------------------|--------------------|----------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
| | | | | | | | | Maltoz Ph/Üreme | Sükroz Ph/Üreme | Mannitol Ph/Üreme | Raffinoz Ph/Üreme | Galaktoz Ph/Üreme | Fruktoz Ph/Üreme |
| C-12 | + | - | - | + | + | + | - | 7 ++ | 6 +++ | 8 +++ | 8 +++ | 6.5 +++ | 5 +++ |
| C-13 | + | - | + | + | - | - | + | 7 ++ | 8 ++ | 8 +++ | 8 +++ | 6 +++ | 5 +++ |
| C-15 | + | - | - | + | - | + | + | 8 +++ | 8 ++ | 8 +++ | 7 +++ | 6.5 +++ | 5 +++ |
| C-17 | + | - | - | - | + | + | + | 8 +++ | 8 ++ | 8 +++ | 7 +++ | 6 +++ | 5 +++ |
| C-20 | + | - | - | + | - | + | + | 8 +++ | 8 +++ | 8 +++ | 7 +++ | 6.5 +++ | 5 +++ |
| C-22 | + | - | - | - | + | - | - | 6 ++ | 8 +++ | 8 +++ | 7 +++ | 6 +++ | 5 +++ |

+pozitif reaksiyon, -negatif reaksiyon

+ orta, ++iyi, +++çok iyi

4.2.1.4. Antibiyotiklere Duyarlılık Testi

SW besiyerine kültürlerin yayma ekimleri yapıldıktan sonra agar yüzeyine Ampiciline AM-10 (Bio-Disc), Chloramphenicol C-30 (Bioanalyse), Trimethoprim Sulfamethoxazole SXT-25 (Bioanalyse), Erythromycin E-15 (Bio-Disc), Bacitracin B-10 (Bioanalyse), Ciprofloxacin CIP-5 (Bioanalyse), Penicillin-G P (Himedia), Novabiocin NV 30 (Bioanalyse), Neomycin N-30 (Bioanalyse), Ofloxacin OF (Himedia), Rifampin RAS (Bioanalyse) diskleri konulmuş ve inkübasyon sonrası zotatlardan 3 tanesi (C-12, C-20, C-22) Penisilin G'ye ve izolatların tümüde (C-12, C-20, C-22, C-13, C-15, C-17) Kloromfenikol'e karşı dirençli olarak bulunmuştur. Yine izolatların (C-12, C-13, C-15, C-20) Basitrasin'e karşı duyarlı oldukları belirlenmiştir.

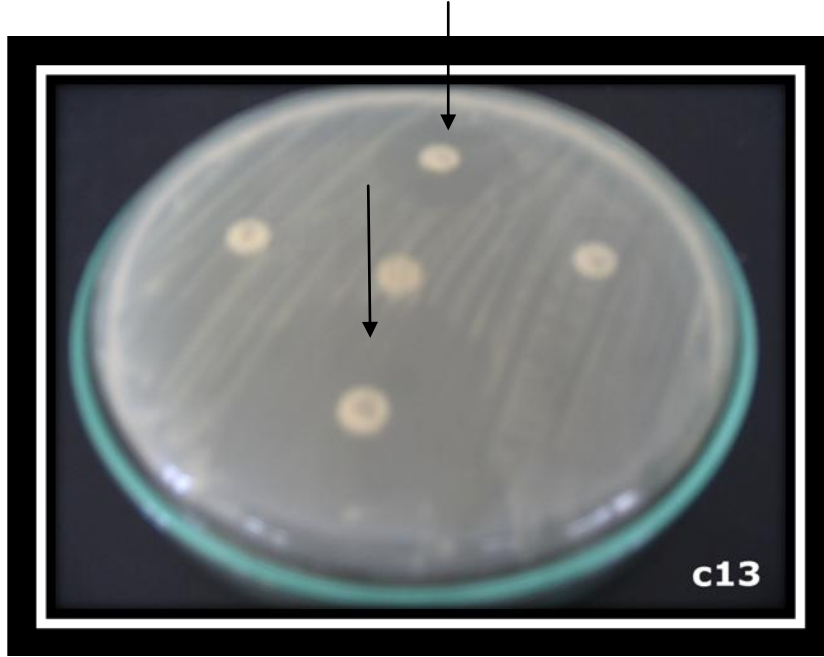
Çizelge 4.4'de antibiyotiklere dirençli olan izolatların zon çapları mm olarak ölçülmüş sayısal değerler verilmiş ve duyarlı olanlar ise (-) ile gösterilmiştir

Çizelge 4.4 İzolatların antibiyotiklere duyarlılık testi

| İzolat No | P | RAS | OF | SXT | N | CIP- | E | AM | NV | C | B |
|-----------|----|-----|----|-----|---|------|----|----|----|----|----|
| C-12 | 40 | - | - | 22 | - | - | 10 | - | 20 | 40 | - |
| C-13 | - | 20 | - | - | - | - | - | - | - | 24 | - |
| C-15 | - | 15 | 10 | 50 | - | - | 14 | - | - | 38 | - |
| C-17 | 20 | - | 34 | - | - | - | 24 | 20 | 20 | 60 | 50 |
| C-20 | 10 | 12 | - | - | - | - | 10 | - | - | 30 | - |
| C-22 | 32 | 30 | 29 | 40 | - | - | - | 12 | 32 | 34 | 32 |

Ampiciline AM-10, Chloramphenicol C-30, Trimethoprim Sulfamethoxazole SXT-25, Erythromycin E-15, Bacitracin B-10, Ciprofloxacin CIP-5, Penicillin-G (10U), Novabiocin NV 30, Neomycin N-30, Ofloxacin OF, Rifampin RAS

Resim 4.5’de C-13 izolatının öndeki ok Chloramphenicol C-30’e, arkadaki ok ise Rifampin RAS’e duyarlı olduklarını göstermektedir.



Resim 4.5 C-13 izolatlarının Chloramphenicol (C-30) ve Rifampin (RAS) antibiyotiklerine karşı hassasiyetlerin agar üzerindeki görünümü

4.2.2. Enzim Testleri

4.2.2.1. Selüloz Hidrolizi

Selüloz besiyerinde gelişen kültürler %0,1’lik Kongo kırmızısı çözeltisi ile 30 dk boyanıp sonra 1 M’lık NaCl çözeltisi ile yıkanmıştır. İzolatlardan sadece C-13’nün etrafında renksiz ve berrak bölge oluştuğu görülmüş ve pozitif olarak değerlendirilmiştir.

4.2.2.2. Nişasta Hidrolizi

Nişasta içeren Brown (1963) Besiyerin’de gelişen izolatlar %0,3 I₂-%0,6 KI solüsyonu ile boyanmış ve sonrasında kahverengiye boyanan besiyerinde koloni etrafında şeffaf bölgelere hiçbir izolatlarda rastlanmamıştır.

4.2.2.3. Proteaz Hidrolizi

Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) içeren besiyerinde izolatların etrafında şeffaf zon görülmeyen C-13, C-15, C-17, C-20 olmasına rağmen şeffaf zon görülen C-22 izolatıdır. Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) besiyeri ve %15 NaCl Skim-Milk (Yağsız Süt Tozu) içeren besiyerinde ise sadece C-12 izolatının etrafında şeffaf zon meydana gelmiş ve pozitif sonuç olarak değerlendirilmiştir.

4.2.2.4. Birchwood Ksilan Hidrolizi

Birchwood Ksilan İçeren Brown (1963) Besiyerinde gelişen izolatlar %0,1 Kongo Kırmızısı ile boyanmış ve hiçbir izolatda kolonilerin etrafında renksiz olarak bir bölgeye rastlanmamıştır.

Enzim testlerinde görülen sonuçlar Çizelge 4.5’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.5 Enzim Testleri

| İzolat No | Proteaz | %15 NaCl Proteaz | Nişasta | %15 Nişasta | Birchwood Ksilan | Selüloz |
|-----------|---------|------------------|---------|-------------|------------------|---------|
| C-12 | + | + | - | - | - | - |
| C-13 | - | - | - | - | - | - |
| C-15 | - | - | - | - | - | - |
| C-17 | - | - | - | - | - | + |
| C-20 | - | - | - | - | - | - |
| C-22 | + | - | - | - | - | - |

+ zon oluşumu meydana gelmesi, -zon oluşumu meydana gelmemesi

4.2.3. Moleküler İdenfikasyon

4.2.3.1. Yağ Asidi Analizi

Bu çalışmada izole edilen ve tanımlanan 6 adet halofilik prokaryotik izolatın yağ asidi analizine göre identifikasyon yapan Mikrobiyal İdenfikasyon Sisteminde (Microbial Identification System) halofilik mikroorganizma veri tabanı bulunmadığı için karşılığı bulunamamış ve bu nedenle de yağ asit profillerine göre tanımlama yapılamamıştır.

C-13 ve C-20 izolatları DNA dizi analizi sonuçlarına göre *Halomonas salina* olarak saptanmıştır. C-13 izolatında görülen yağ asitleri; 9:0 (2,24), unknown 15.669 (86,50), 13:0 ISO (0,99), 12:0 3OH (1,64), sum in feature 2 (7,93), 11:0 ISO 3OH (0,69) olup en çok bulunan unknown 15.669 (86,50) yağ asitidir. C-20 izolatında ise görülen yağ asitleri 10:0 2OH (3,60), ISO 15:1 AT 5 (3,09), sum in feature 1 (4,86), sum in feature 4 (5,97), 17:0 3OH (3,87), sum in feature 2 (78,61) olup en çok görülen yağ asidi sum in feature 2 (78,61)'dir. Sum in feature 2 (16:1 ISO 1/14:0 3OH) yağ asidi C-13 ve C-20 izolatların tek ortak görülen tek yağ asidi olup en fazla miktarda C-20 izolatında görülmüştür.

C-12, C-17 ve C-22 izolatları DNA dizi analizi sonuçlarına göre *Halobacillus* sp. olarak saptanmış ancak yağ asidi analizine göre izolatların hiçbiri ortak yağ asidi içermemiştir. Bu izolatlarda görülen yağ asitleri C15:1 ISO G (8,85), 15:1 ANTEISO A (64,74), 16:1 ISO G (6,59), sum in feature 3 (3,76) 17:1 ANTEISO A (14,58), 16:0 3OH (100,00), sum in feature 2 (82,78), sum in feature 1 (17,22)'dir. C-12'de en çok görülen yağ asidi 15:1 ANTEISO A (64,74), C-22'de ise sum in feature 2 (82,78)'dir. C-12 ve C-22'de birden fazla yağ asidi olmasına rağmen C-17'de tek yağ asidi (16:0 3OH (%100)) bulunmuş olup diğer izolatlarda görülmemiştir.

DNA dizi analizi ile *Bacillus marismortui* olarak tanımlanan C-15 izolatı 15:1 w6c (9,48), 16:1 w7c alcohol (2,75), ISO 17:1 w5c (18,08), unknown 16,582 (4,31), 17:1CYCLO (4,35) 18:3 w6c (6,9,12) (1,99), 19:1 ISO I (59,04) yağ asitlerini içermiş diğer izolatlarla hiç bir ortak yağ asitleri görülmemiştir.

C-13 (*Halomonas salina*), C-20 (*Halomonas salina*), C-22 (*Halobacillus* sp.) izolatlarında ortak olarak gören yağ asidi sum in feature 2 olup fazla miktarda C-22 izolatında görülmüştür.

C-22 (*Halobacillus* sp.) ve C-20 (*Halomonas salina*) izolatlarında yağ asidi ise sum in feature 1 olup fazla miktarda C-22 izolatında rastlanılmıştır.

-

Çizelge 4.6 İzolatların yağ asit profilleri

| Yağ Asitleri | C-12 | C-13 | C-15 | C-17 | C-20 | C-22 | Ortalam a |
|------------------|-------|-------|-------|--------|-------|-------|--------------|
| Unknown 12.484 | 0,65 | - | - | - | - | - | - |
| C15:1 ISO G | 8,85 | - | - | - | - | - | - |
| 15:1 ANTEISO | | | | | | | |
| A | 64,74 | - | - | - | - | - | - |
| 16:1 ISO G | 6,59 | - | - | - | - | - | - |
| sum in feature 3 | 3,76 | - | - | - | - | - | - |
| 17:1 ANTEISO | | | | | | | |
| A | 14,58 | - | - | - | - | - | - |
| 9:0 | - | 2,24 | - | - | - | - | - |
| 11:0 ISO 3OH | - | 0,69 | - | - | - | - | - |
| 13:0 ISO | - | 0,99 | - | - | - | - | - |
| 12:0 3OH | - | 1,64 | - | - | - | - | - |
| sum in feature 2 | - | 7,93 | - | - | 78,61 | 82,78 | 56,44 |
| unknown 15.669 | - | 86,50 | - | - | - | - | - |
| 15:1 w6c | - | - | 9,48 | - | - | - | - |
| 16:1 w7c alcohol | - | - | 2,75 | - | - | - | - |
| ISO 17:1 w5c | - | - | 18,08 | - | - | - | - |
| unknown 16.582 | - | - | 4,31 | - | - | - | - |
| 17:1CYCLO | - | - | 4,35 | - | - | - | - |
| 18:3 w6c | | | | | | | |
| (6,9,12) | - | - | 1,99 | - | - | - | - |
| 19:1 ISO I | - | - | 59,04 | - | - | - | - |
| 16:0 3OH | - | - | - | 100,00 | - | - | - |
| 10:0 2OH | - | - | - | - | 3,60 | - | - |
| ISO 15:1 AT 5 | - | - | - | - | 3,09 | - | - |
| sum in feature 1 | - | - | - | - | 4,86 | 17,2 | - |
| sun in feature 4 | - | - | - | - | 5,97 | - | - |
| 17:0 3OH | - | - | - | - | 3,87 | - | - |

4.2.3.2. 16S rRNA Geni Amplifikasyonu için İzolatlardan DNA Ekstraksiyonu

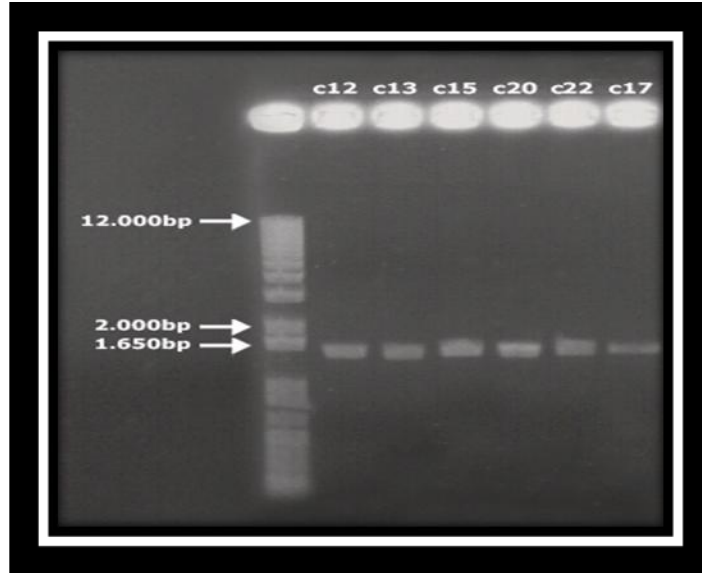
Çalışmada 6 prokaryotik halofilik mikroorganizmaların 16S rRNA geni amplifikasyonları için kullanılan distile su içinde homojenizasyon sonrası kaynatma işlemine dayanan yöntemin DNA ekstraksiyonu için yeterli olduğu görülmüştür.

4.2.3.3. 16S rRNA Geninin Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile Amplifikasyonu

İzolatların 16S rRNA genlerinin polimeraz zincir reaksiyonu ile amplifikasyonu için yapılan PCR'lar sonrası elde edilen ürünler %1'lik agaroz jellerde yürütülmüşlerdir.

Resim 4.6'da 16S rRNA geni ürünleri jelde görülmektedir.

Genel olarak bu anlayış çerçevesinde izolatların 16S rRNA geni amplifikasyonları gerçekleştirilmiştir.



Resim 4.6 İzolatların 16S rRNA geni amplifikasyon ürünleri

C-12, C-13, C-15, C-17, C-20, C-22 örnekleri ise 27F ve 1492R primerlerini kullanarak ürün vermişlerdir ve çok net bir şekilde Bacteria 16S'e sahip oldukları belirlenmiştir.

4.2.3.4. PCR Ürünlerinin Saflaştırılması

Saflaştırılan PCR ürünlerinden 2 µl alınarak 1 µl boya (10X Blue Juice) ile karıştırılarak %1'lik agaroz jele yüklendikten sonra UV transilluminator'de fotoğrafları çekilmiştir.

Resim 4.7 'de C-12, C-13, C-15, C-20, C-22, C17 PCR ürünlerin saflaştırılmış jel resmi verilmiştir.

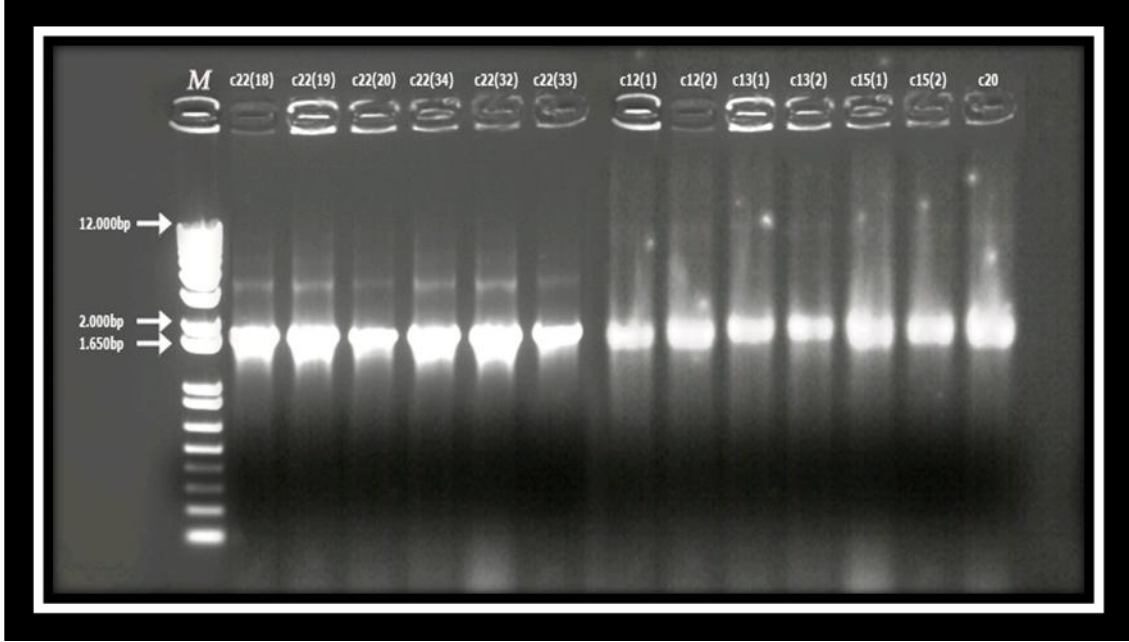


Resim.4.7 İzolatların saflaştırılmış PCR ürünleri (1 kb DNA Ladder Marker)

4.2.3.5. 16S rRNA Genlerinin Klonlanması, Klonların Seçimi ve Klonlardan Dizi Analizleri

LB petrilerinde 16S rRNA geni için yapılmış olan PCR'dan gelen ürünleri taşıyan beyaz kolonilerden (her bir petride yaklaşık 300 civarında beyaz koloni elde edilmiştir) her bir izolat için 100 koloni, X-Gal ve ampisilin içeren yeni LB ortamlarına transfer edilmişlerdir. 37 °C'de 1 gece inkübasyondan sonra bu klonların her birinden PCR kurularak bunların istenilen büyüklükte inserte sahip olup olmadıkları kontrol edilmiştir.

Resim 4.8’de insert büyüklüklerinin tespiti için yapılan PCR’lar sonrası elde edilen jel fotoğraflarından biri görülmektedir.

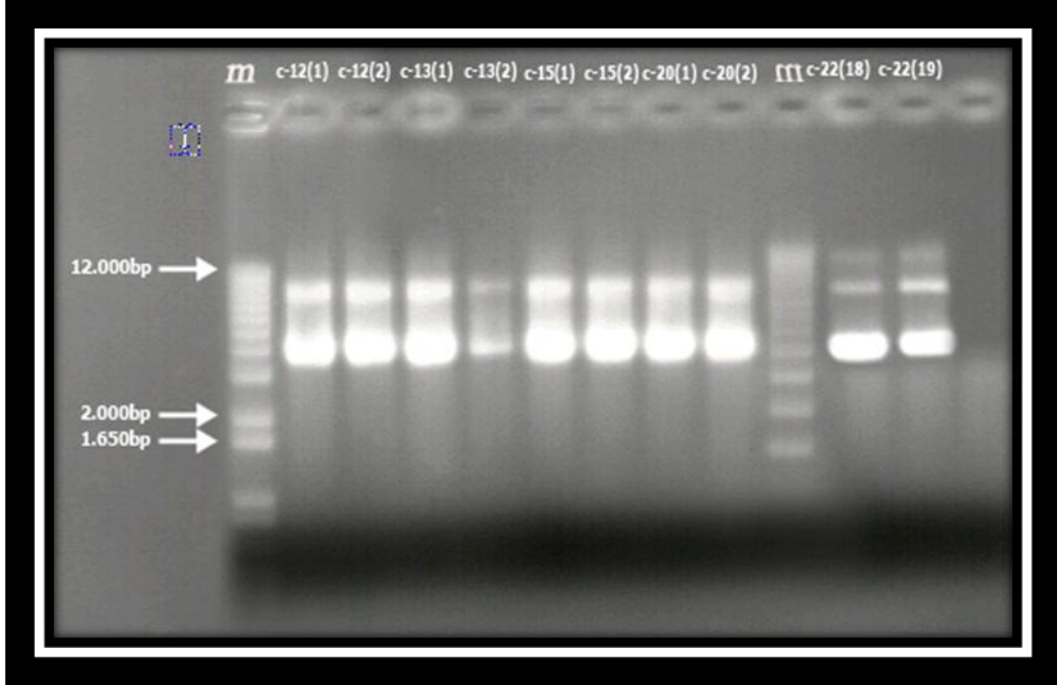


Resim 4.8 Klonların seçimi için insert büyüklüklerinin kontrolü amacıyla yapılan PCR sonrası elde edilen jel (1 kb DNA Ladder Marker)

4.2.3.6. Rekombinant Plazmidlerin Klonlardan Ekstraksiyonu ve Purifikasyonu

İnserite ait kolonilerden her biri için bir temsilci seçilmiş ve bunlardan plazmid izolasyonu ve bunu takiben dizi analizi yapılmasına karar verilmiştir. Plazmid izolasyonu Plazmid İzolasyon Kiti (Promega Wizard Plus SV Minipreps DNA Purification System) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Plazmid izolasyonunun gerçekleşip gerçekleşmediğinin kontrolü amacıyla ekstraktlardan %1’lik agaroz jellere yükleme yapılmış ve uygun büyüklükte vektörün olup olmadığı marker yardımıyla belirlenmiştir.

Resim 4.9’da normalde 4 kb büyüklükte olan vektör, uygun inserte sahip olduğu durumlarda 5,5 kb’lik bantlar vermiştir. Bu jel fotoğrafına göre sadece dördüncü sıradaki örnek uygun büyüklükte plazmide sahip değildir ve diğerleri analiz için uygundur.



Resim 4.9 Plazmid izolasyonu işlemi sonrası (Bacteria klonlarının) %1'lik agaroz jeldeki görüntüleri (Sırasıyla: 1 kbMarker, Supercoiled DNA Ladder(5.5 kb))

4.2.3.7. 16S rRNA Genlerinin Dizi Analizleri

Uygun büyüklükte vektöre sahip olan klonlardan veya saflaştırılmış PCR ürünlerinden dizi analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu dizi analiz sonuçları Blast (Basic Local Alignment Search Tool) programı ile değerlendirilerek her bir klonun gen bankasında benzerlik gösterdiği türler belirlenmiştir

İzolatların Blast sonuçları, Benzerlik oranları ve İzolat sayısı Çizelge 4,7'de gösterilmiştir. Bu sonuçlar sonrası izolatların C-12 *Halobacillus* sp., C-13 *Halomonas salina*, C-15 *Bacillus marismortui*, C-17 *Halobacillus* sp., C-20 *Halomonas salina*, C-22 *Halobacillus* sp. olduğu görülmüştür.

Çizelge 4.7 İzolatların dizi analizleri sonrası belirlenen en yakın gen bankası temsilcileri.

| Dizi Analizi İçin İzolatlar | Dizi Analizi İçin Seçilen Primer | Dizinin Uzunluğu | Eşleşen Baz Sayısı | Gen Bankasındaki en yakın karşılığı |
|-----------------------------|----------------------------------|------------------|--------------------|--|
| C-12 | M13F | 1029 | 603/616 | %97 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 341F | 756 | 438/444 | %98 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 785F | 1222 | 679/680 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 907R | 1160 | 652/655 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 1AB | 659 | 367/368 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| C-13 | M13F | 973 | 541/542 | %99 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 341F | 1020 | 567/568 | %99 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 785F | 1099 | 611/612 | %99 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 907R | 1175 | 653/654 | %99 <i>Halomonas halophila</i> |
| | M13R | 1031 | 674/676 | %99 <i>Halomonas salina</i> |
| C15 | M13F | 1115 | 659/674 | % 97 <i>Bacillus permians</i> |
| | 1B | 720 | 415/423 | %98 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 341F | 729 | 408/409 | %99Unculture <i>Virgibacillus</i> sp. |
| | 785F | 872 | 508/518 | %98 <i>Bacillus permians</i> |
| | 907R | 780 | 472/485 | %97Unculture <i>Virgibacillus</i> sp. |
| | M13R | 549 | 335/348 | %98 <i>Bacillus morismortui</i> |
| C17 | 1B | 1436 | 814/822 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 341F | 1379 | 777/784 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 785F | 857 | 479/482 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 907R | 1353 | 783/796 | %98 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 1AB | 857 | 479/482 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| C20 | 1B | 836 | 456/466 | %99 <i>Halomonas</i> sp. |
| | M13F | 820 | 454/454 | %100 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 341F | 872 | 483/483 | %100 <i>Halomonas halophila</i> |
| | 907R | 1189 | 664/666 | %99 <i>Halomonas halophila</i> |
| | M13R | 949 | 538/543 | %100 <i>Halomonas salina</i> |
| C22 | 1B | 1003 | 558/559 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 341F | 823 | 464/469 | %98 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | 907R | 1265 | 709/713 | %99 <i>Halobacillus</i> sp. |
| | M13R | 715 | 416/425 | %99 <i>Halobacillus profundus</i> |

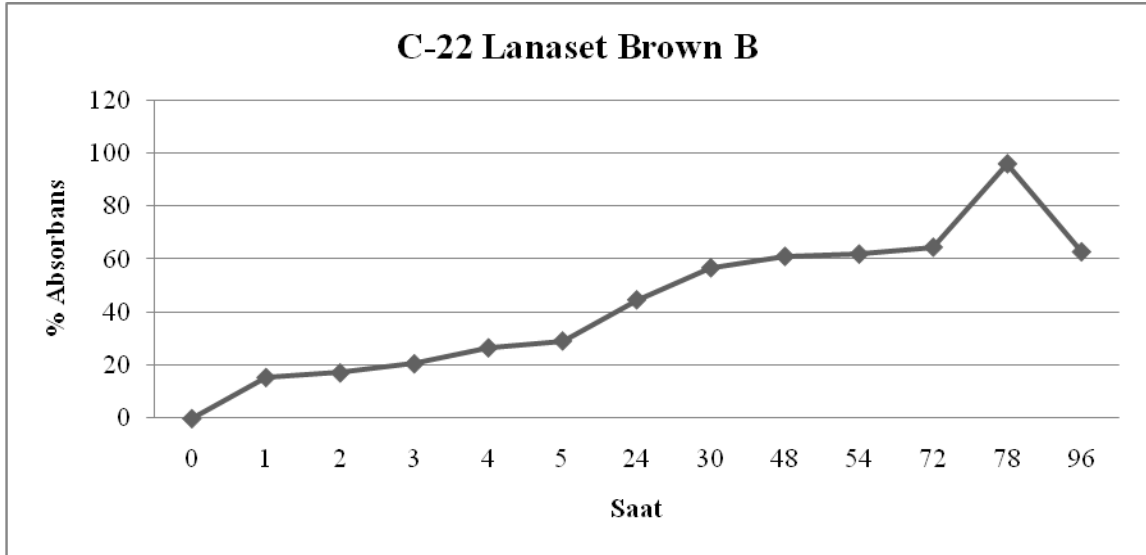
4.2.4. Dekolarizasyon Deneyleri

6 adet halofilik prokaryotik mikroorganizmaların dekolarizasyon çalışması için kullanılan 6 izolatın hepsi 2 farklı boya (Lanaset Navy R ve Lanaset Brown B) üzerine denenmiş ve sadece C-13 ve C-22 izolatları ile devam edilmiştir.

Lanaset Brown B boyasının UV spektrofotometrede pik değeri 520 nm olarak belirlenmiştir. Bu nedenle adsorbans ölçümleri 520 nm de yapılmıştır.

C-22 izolatı Lanaset Brown B (520nm) boyasını statik koşullarda (37 °C) zamana bağlı dekolarizasyon yüzdesi sonucu % absorbans değeri 78'inci saate kadar devam etmiş ancak 72-78'inci saatler arasında maximum % absorbans yükselişi saptanmıştır. 78'inci saatden sonra yine hızlı bir şekilde % absorbans değerinde 96'ıncı saatte azalış olduğu (% 62.93) görülmüştür.

Dekolarizasyon çalışmasında kullanılan C-22 izolatın zamana bağlı dekolarizasyon % absorbans oranı şekil 4.1'de verilmiştir.

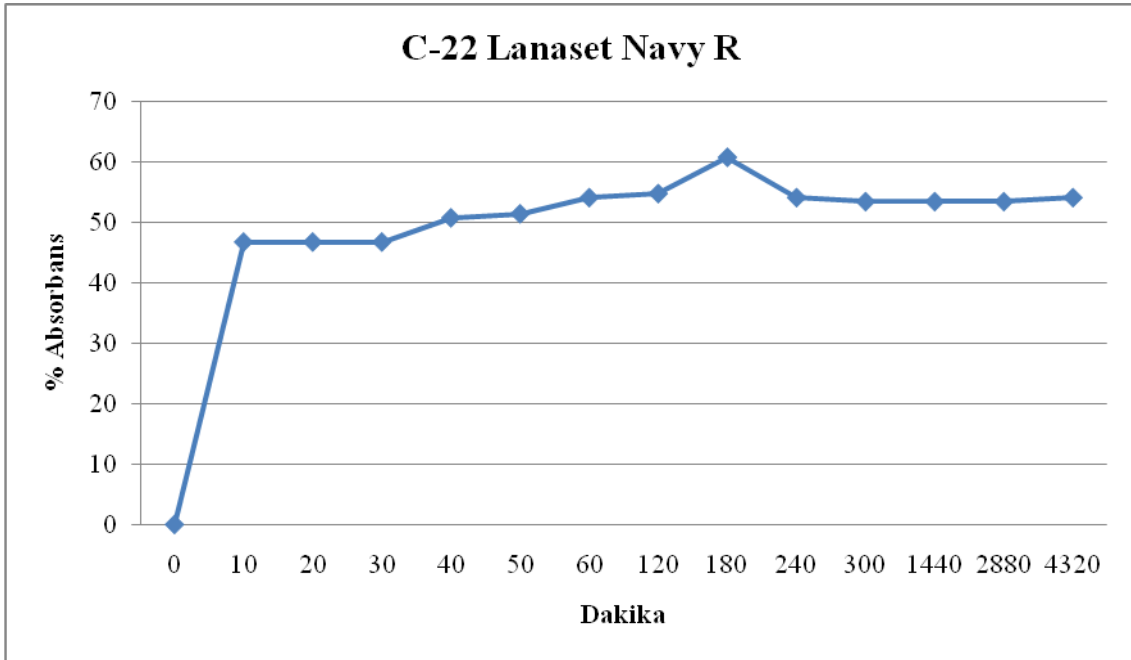


Şekil 4.1 C-22 izolatı Lanaset Brown B (520nm) boyasını statik koşullarda (37 °C) zamana bağlı dekolarizasyon yüzdesi

Lanaset Navy R boyasının UV spektrofotometrede pik değeri 570 nm olarak belirlenmiştir. Bu nedenle absorbans ölçümleri 570 nm de yapılmıştır.

C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını (570nm) statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi sonucuna göre absorbans yüzdesi ilk on dakika içerisinde % 46,6'ya yükseldiği saptanmış olmasına rağmen 72 saatte süren denemeler sonucunda absorbans yüzdesinin çok fazla değişmediği gözlemlenmiştir. 300. ve 4320 dakikalar arasında absorbans yüzdesinin % 53,3 olarak belirlenmiştir.

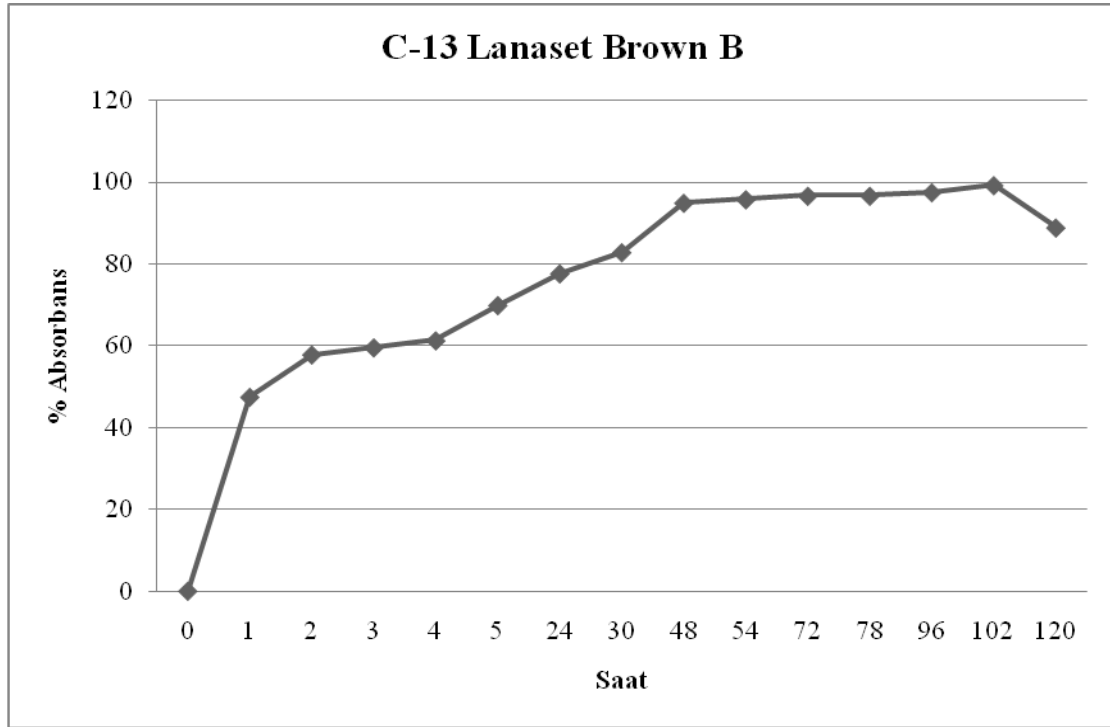
Dekolorizasyon çalışmasında kullanılan C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını (570nm) statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi Şekil 4.2'de verilmiştir.



Şekil 4.2 C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını (570nm) statik koşullarda (37 °C) zamana bağı dekolarizasyon yüzdesi

C-13 izolatu Lanaset Brown B boyasını (520nm) statik kořullarda (37 °C) zamana baęlı dekolarizasyon yzdesi sonularına ilk bir saatte % absorbens deęeri yarı yarıya yzkselmiştir (% 0'dan % 47,4). C-13 izolatının Lanaset Navy R'de olduęu gibi % absorbens deęeri 48'inci saate kadar devam etmiş ancak yzkseliř ilk bir saate gre daha yavař gerekleřmiştir. 48'inci saatte absorbens deęeri % 94,8 olarak belirlenmiştir. Absorbans yzkseliři 102'inci saate kadar devam etmiştir ancak 120'inci saatte yüzde absorbens deęerinin 88,7'ye dzyřdzyęu grlmzyřtir.

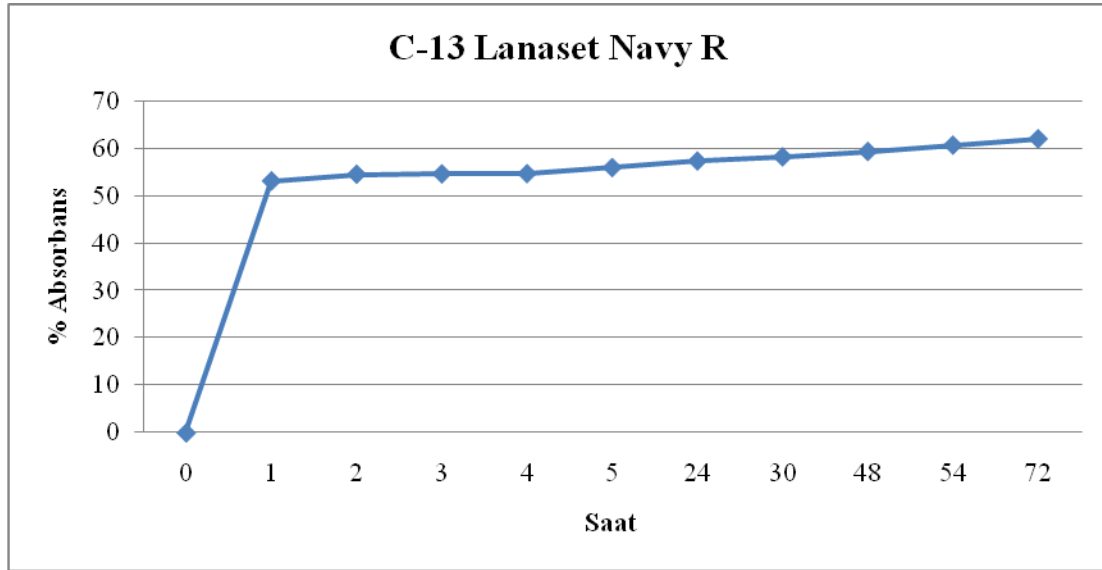
Dekolarizasyon alıřmasında kullanılan C-13 İzolatı Lanaset Brown B boyasını (520nm) statik kořullarda (37 °C) zamana baęlı dekolarizasyon yzdesi Őekil 4.3'de verilmiştir.



Őekil 4.3 C-13 İzolatı Lanaset Brown B boyasını (520nm) statik kořullarda (37 °C) zamana baęlı dekolarizasyon yzdesi

C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasını zamana bađlı dekolorizasyon sonucuna gre % absorbansın ilk bir saat ierisinde % 51,13 ‘e kadar ykselmiř olmasına rađmen 72’inci saatte kadar % absorbans deđerinde deđiřiklik grlmemiřtir.

C-13 izolatu Navy R boyasının statik kořullarda (37 0C) zamana bađlı dekolorizasyon yzdesi Őekil 4.4’de verilmiřtir.



Őekil 4.4 C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasını statik kořullarda (37 0C) zamana bađlı dekolorizasyon yzdesi

C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasını zamana bađlı dekolorizasyon sonucuna gre ilk bir saatte % absorbans 51,13’e ykselirken, C-22 izolatında ilk on dakika ierisinde % 46,6’ya daha kısa zamanda % absorbans gstermiřtir.

C-22 izolatu Lanaset Brown B boyasını zamana bađlı dekolorizasyon sonucu ilk bir saatte % 15,52 absorbans ykseliři az olmasına rađmen C-13 izolatında ise ilk bir saat ierisinde % 47,41’e ykselerek daha hızlı % absorbans gerekleřmiřtir.

C-22 izolatu Lanaset Brown B boyasını zamana bađlı dekolorizasyon sonucu 72’inci ve 78’inci saatler arası max absorbans ykseliři sađlamıř ancak % absorbans deđeri 96’ıncı

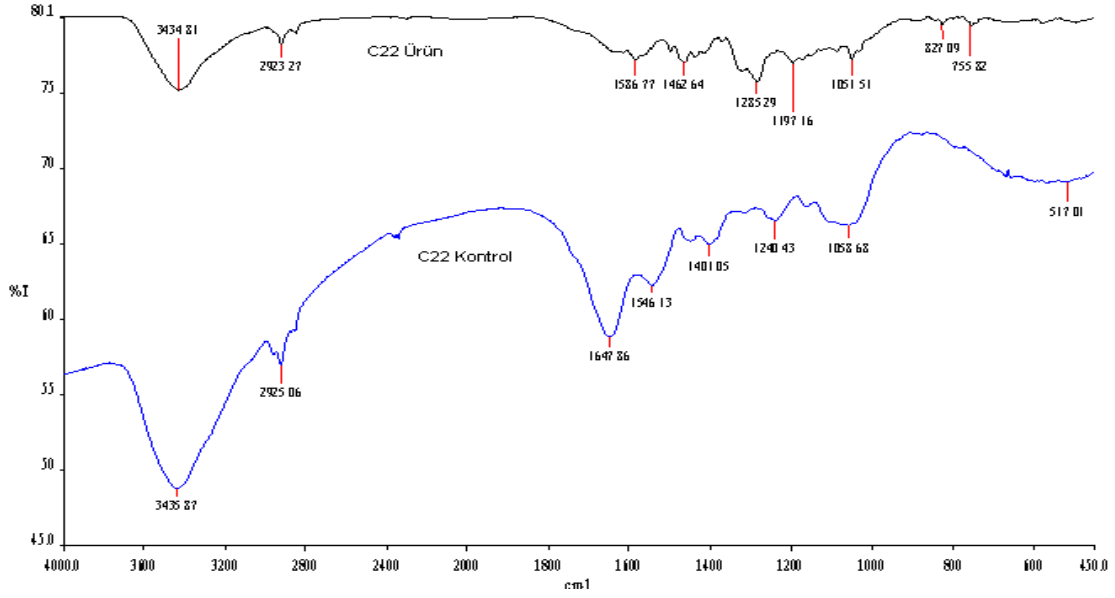
saatte azalış (% 62,93) olduğu görülmüştür. C-13 izolatında ise max absorbans ilk bir saat içerisinde gerçekleşmiş ve 102'inci ve saatte kadar bir değişiklik görülmemiş olmasına rağmen 102'inci ve 120'inci saatler arası % absorbans değerinde azalış görülmüştür.

İzolatlardan C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını en hızlı ilk on dakika içerisinde adsorbe etmiş, % absorbans 60,66'ya çıkmıştır ve Lanaset R boyası'nı en hızlı adsorbe eden izolat olarak düşünülmektedir. Lanaset Brown B'yi en yüksek adsorblayan C-13 ve C-22 izolatları olmasına rağmen daha sonraki saatlerde % absorbans'da azalma görülmüştür. C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasında ilk bir saatte %51 absorbans değeri görülmüş ve sonraki saatlerde absorbans değeri %53,3'e kadar çıkmıştır.

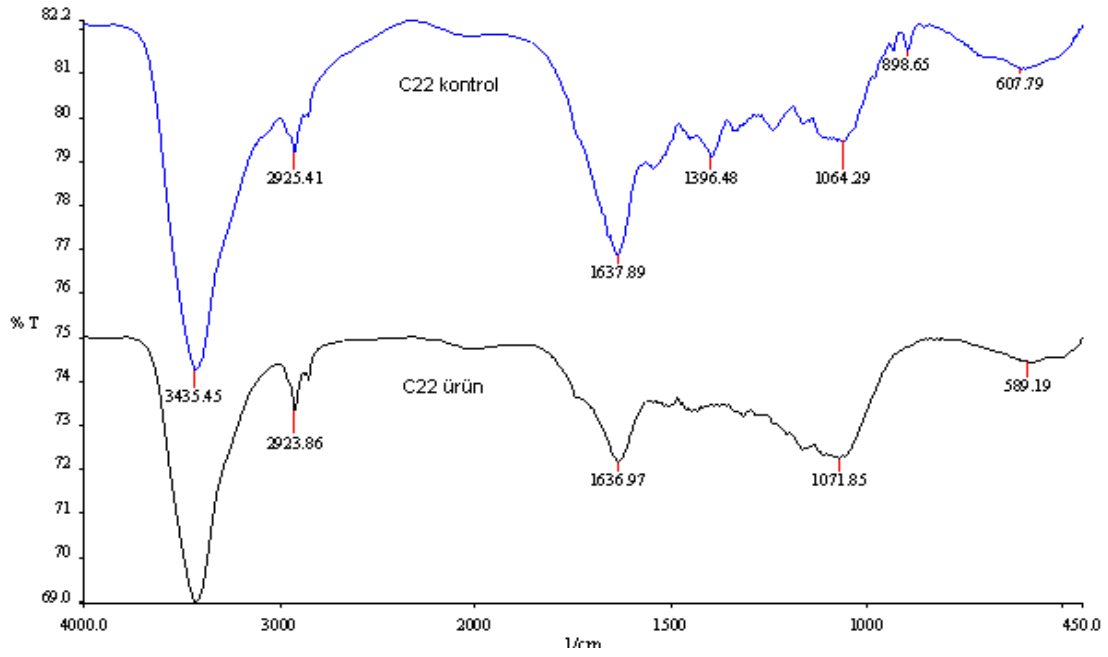
4.2.4.1 FT-IR (Fourier Transform İnfraret Spektrometre) ile Renk Giderimi Analizi Sonuçları

Çalışmamızda; boya absorpsiyonunda FT-IR spektrometresi sonuçlarına göre, bakterilerin hücre yüzeyinde tutma bölgelerinin büyük olasılıkla amid ($1595-1700\text{ cm}^{-1}$) grupları olduğu saptanmıştır. Alınan piklere göre fonksiyonel amid gruplarının; N-imonosubstituted amide ($1650-1700\text{ cm}^{-1}$), N,N-disubstituted amide ($1640-1680\text{ cm}^{-1}$), N-unsubstituted amide ($1650-1700\text{ cm}^{-1}$), N-alkyl aromatic amide ($1595-1670\text{ cm}^{-1}$) ve N-unsubstituted aromatic amide ($1595-1670\text{ cm}^{-1}$) olabileceği düşünülmektedir.

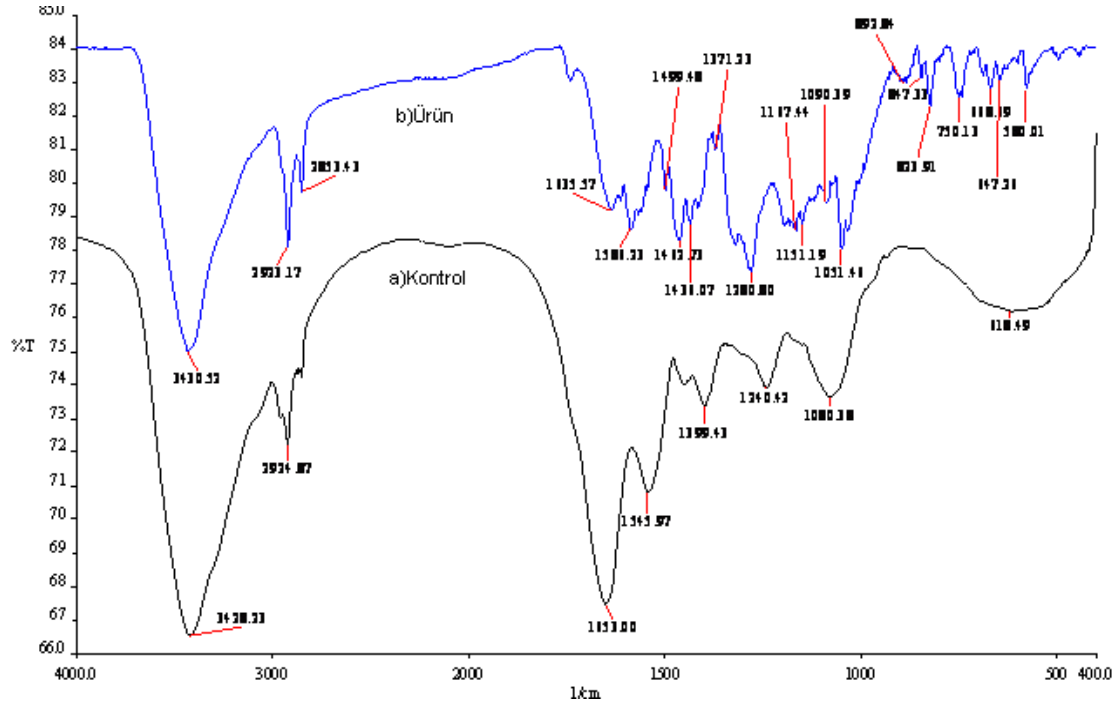
C-22 izolatu (kontrol) (b) C-22 izolatu Lanaset Brown B boyasını (ürün) FI-TR analizi Şekil 4.5'de, (a) C-22 izolatu (kontrol), (b) C-22 izolatu Lanaset Navy R (ürün) boyasını FI-TR analizi Şekil 4,6'da, (a) C-13 izolatu (kontrol), (b) C-13 izolatu Lanaset Brown B (ürün) boyasını FI-TR analizi Şekil 4.7'de verilmiştir.



Şekil 4.5 (a) C-22 izolatı (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-22 izolatı Lanaset Brown B (ürün) boyasını 96 saat sonrası FI-TR analizi



Şekil 4.6 (a) C-22 izolatı (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-22 izolatı Lanaset Navy R (ürün) boyasını 4320 dakika sonrası FI-TR analizi



Şekil 4.7 (a) C-13 izolatı (kontrol) FI-TR analizi, (b) C-13 izolatı Lanaset Brown B (ürün) boyasını 120 saat sonrası FI-TR analizi

4.2.4.2. İzoterm İncelemeleri

Adsorpsiyon prosesinin izoterm analizi, en çok kullanılan izoterm modellerinden olan Langmuir ve Freundlich izoterm modellerine göre incelenmiştir.

Grafiklerin Langmuir korelasyon değerleri C-13 Brown B 0.589, C-13 Navy R 0.98, C-22 Brown B 0.77, C-22 Navy R 0.95 ve Freundlich korelasyon değerleri ise C-13 Brown B 0.873, C-13 Navy R 0.99, C-22 Brown B 0.94, C-22 Navy R 0.98 olarak bulunmuştur.

Lanaset Brown B biyosorpsiyonunda Freundlich ve Langmuir izotermelerinin korelasyon katsayıları karşılaştırıldığında (Çizelge 4.8), izotermelerin ortalamasına göre Freundlich izotermine (R²:0.906) daha uygun olduğu gözlemlenmiştir.

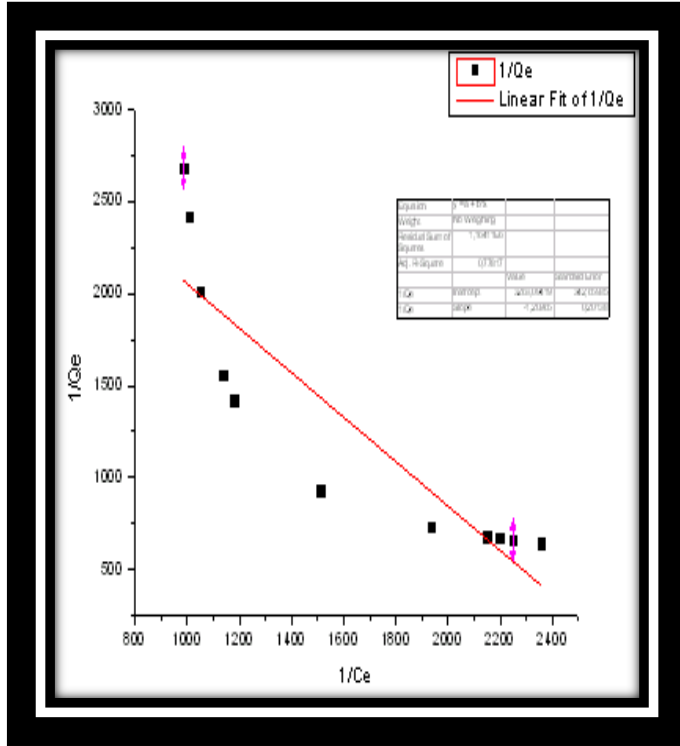
Freundlich ve Langmuir izotermilerinin Lanaset Navy R biyosorpsiyonun için korelasyon katsayıları karşılaştırıldığında, Freundlich izoterminin ($R^2:0.985$) Langmuir izotermine göre daha uygunluğunun daha fazla olduğu görülmüştür (Çizelge 4.8).

Lanaset Navy R biyosorpsiyonunda Freundlich izoterminin ($R^2:0.985$) Lanaset Brown B biyosorpsiyonun Freundlich izotermine ($R^2:0.906$) göre daha anlamlı olduğu görülmüştür.

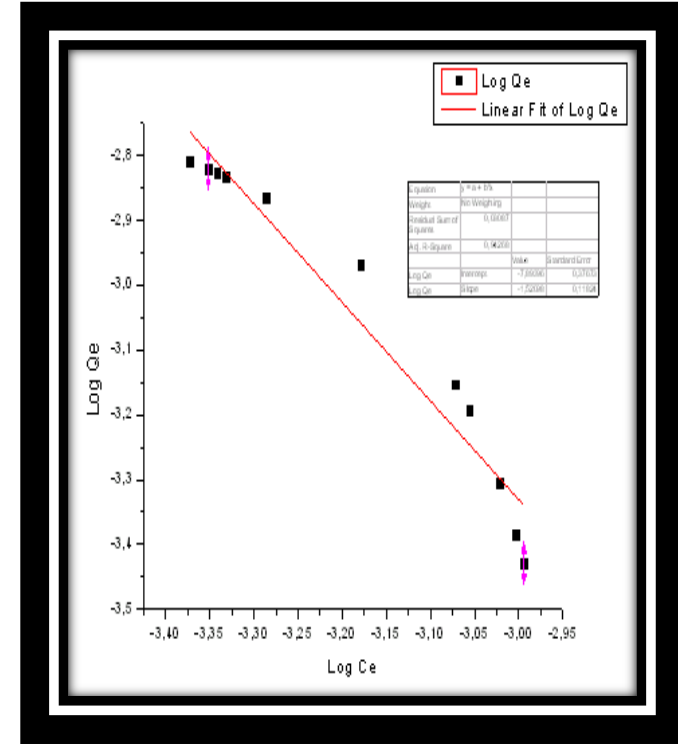
C-13, C-22 izolatlarının Lanaset Navy R ve Lanaset Brown B boyasını absorpsiyon sonuçlarına göre çizelge 4.8'de Freundlich, Langmuir izoterm sonuçları verilmiş olup Freundlich, Langmuir izoterm grafikleri ise şekil 4.9'da, şekil 4.10'da, şekil 4.11'de, şekil 4.12'de, şekil 4.13'de, şekil 4.14'de ve şekil 4.15'de grafikleri verilmiştir.

Çizelge 4.8 C-13 ve C-22 izolatların Freundlich ve Langmuir izoterm sonuçları

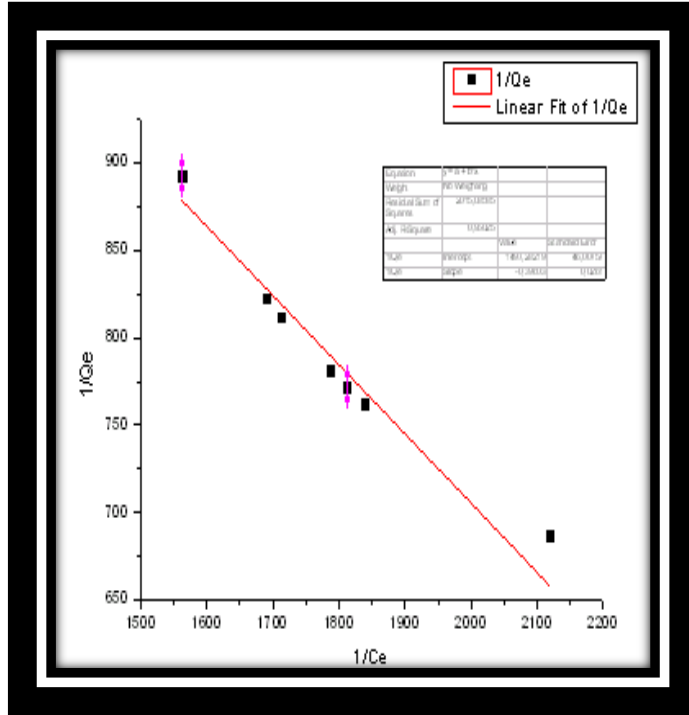
| LANGMUIR İZOTERM SONUÇLARI | | | FREUNDLICH İZOTERM SONUÇLARI | | | |
|----------------------------|------------------------|------------|------------------------------|----------------|-----------------------|----------------|
| | Q | b | R ² | n _e | k _f | R ² |
| C13 Lanaset Brown B | 1,588x10 ⁻³ | -7536 | 0,589 | -5,61 | 3,95x10 ⁻⁴ | 0,873 |
| C13 Lanaset Navy R | 7,949x10 ⁻⁴ | -4,662.39 | 0,98 | -1,3586 | 5,19x10 ⁻⁶ | 0,99 |
| C22 Lanaset Brown B | 3,064x10 ⁻⁴ | -2,699.002 | 0,77 | -0,65 | 1,27x10 ⁻⁸ | 0,94 |
| C22 Lanaset Navy R | 6,678x10 ⁻⁴ | -3,781.01 | 0,95 | -1,116 | 1,54x10 ⁻⁶ | 0,98 |



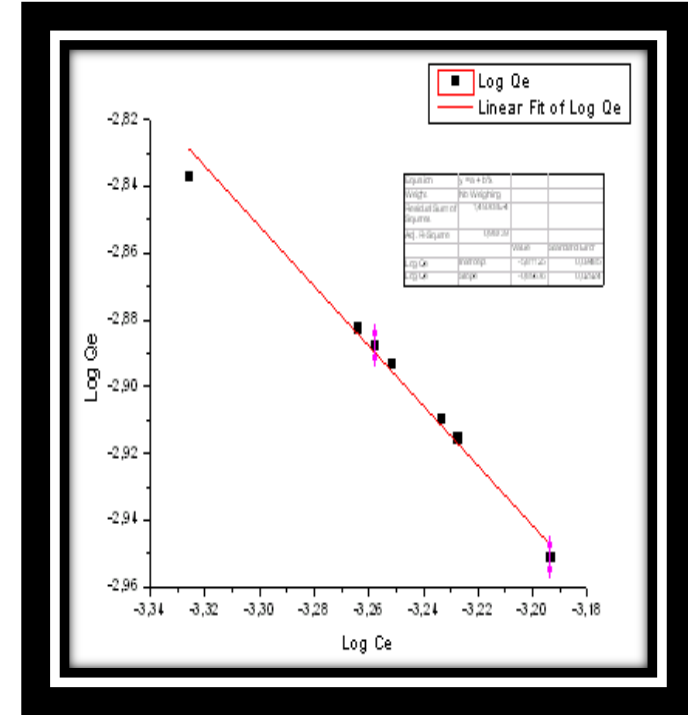
Şekil 4.8 Lanaset Brown B'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi



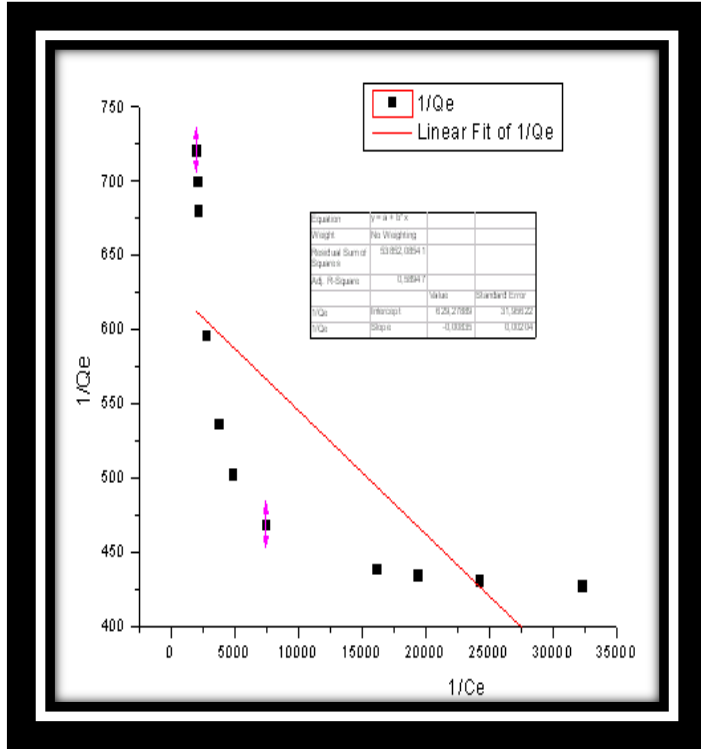
Şekil 4.9 Lanaset Brown B'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi



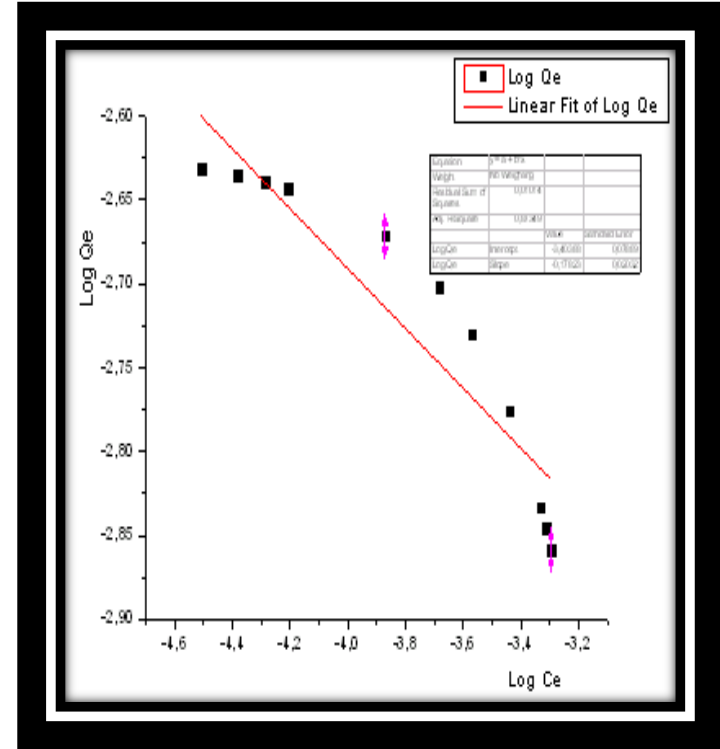
Şekil 4.10 Lanaset Navy R'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Langmuir izotermini



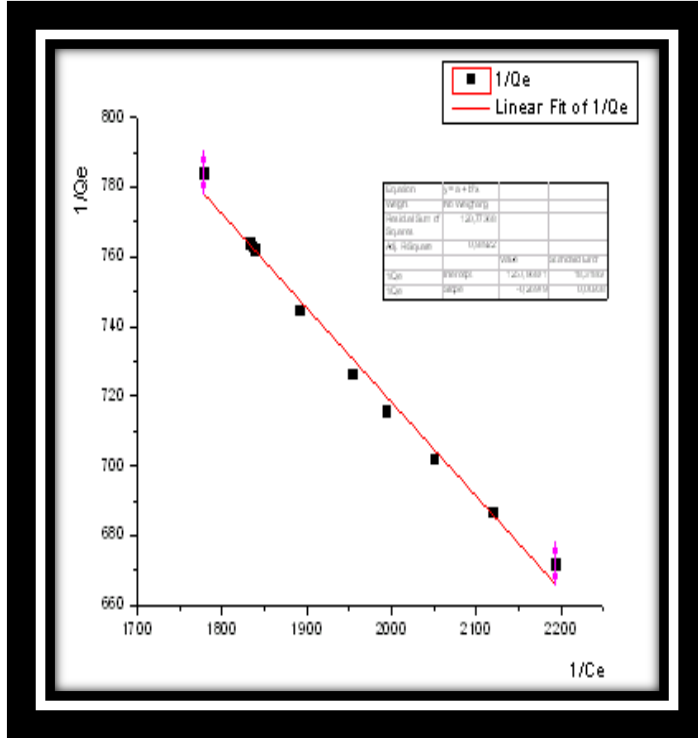
Şekil 4.11 Lanaset Navy R'nin C-22 üzerine biyosorpsiyonunun Freundlich izotermini



Şekil 4.12 Lanaset Brown B'nin C-13 üzerine
biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi

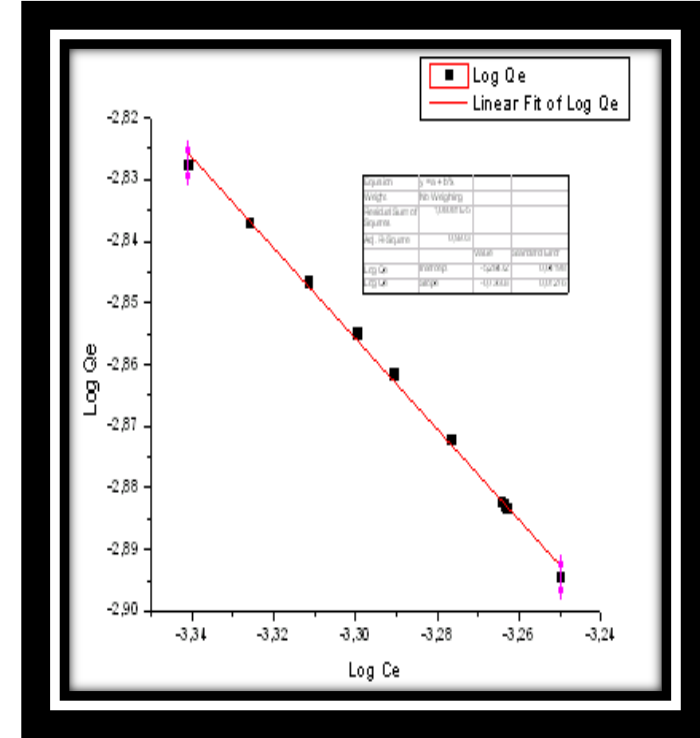


Şekil 4.13 Lanaset Brown B'nin C-13 üzerine
biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi



Şekil 4.14 Lanaset Navy R'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Langmuir izotermi



Şekil 4.15 Lanaset Navy R'nin C-13 üzerine

biyosorpsiyonunun Freundlich izotermi

TARTIŞMA

Dünyamızda ekstrem koşullara adapte olarak hayatlarını devam ettiren prokaryotlar biyoteknoloji alanında önemli bir yere sahiptirler. Ekstrem koşullara dayanabilen bu prokaryotlardan biride Halofilik bakterilerdir. Halofilik bakteriler, yüksek tuz konsantrasyonlarında optimal aktivite gösteren ve endüstride geniş kullanım olanağı bulunan mikroorganizmalardır. Bu mikroorganizmalar hücre dışı enzimleri üretmeleri nedeniyle büyük bir biyoteknolojik potansiyele sahip olmalarına karşın, identifikasyonları ve hücre yapıları hala tam olarak ortaya çıkarılamamıştır.

Çalışmamızda Çamaltı tuzlasından izole edilen prokaryotik mikroorganizmaların kirlilik etkenlerinden en önemlileri arasında sayılan boyar maddelerin renk gideriminde etkileri olup olmadığının belirlenmesi amaçlanmıştır.

İzolatlardan C-13 ve C-20 gram negatif (Gr -) reaksiyonu, C-12, C-15, C-17, C-22 ise gram pozitif (Gr +) reaksiyonunu göstermiştir. İzolatların tümü basil olup %25 SW besiyerinde krem renkli koloni morfolojisi gösterdiği çalışmamızda görülmüştür.

Çalışmamıza benzer olarak, Birbir vd. (2003), Şereflikoçhisar Tuz Gölü'nde izole ettikleri halofilik bakterilerin hareketli, 3,0x5,0 µm boyunda, düzensiz çomaklar olduğunu ancak izolatlarının gram negatif olduklarını belirlemişlerdir.

Halobacteriales takımında bulunan organizmaların, nitrat varlığında veya yokluğunda fakültatif anaerob veya aerob oldukları, gelişmeleri için optimum 3,5-5 M NaCl'e ihtiyaç duydukları belirlenmiştir. Bu takım üyelerinin farklı morfolojik yapılar bulunduğu (kok, çomak, disk şeklinde) hareketli ve gram negatif organizmalar olduğu görülmektedir (Byrant vd. 1989, Tindall et al. 1992, Valera 1988).

Birbir and Sesal (2003) yaptıkları çalışmada Tuz Gölü'nden izole ettikleri 82 izolattan 32'sini incelemeye almışlar ve bunların optimum gelişim gösterdikleri tuz, pH ve sıcaklık derecelerini rapor etmişlerdir. Ayrıca bu izolatların çeşitli biyokimyasal

testlerini yapmışlar ve sonuç olarak Tuz Gölü'nün aşırı derecede halofilik bakteriler için uygun bir ortam olduğunu bildirmişlerdir.

Başka bir çalışmada ise Tuzkoy'dan izole ettikleri ve morfolojik özelliklerine göre 5 gruba ayırdıkları halofilik bakterilerin tümünün %10, %15, %25 tuz konsantrasyonunda pH 7,5'de ve 40 °C'de optimum gelişme gösterdiklerini bildirmiştir (Birbir vd. 2004). Bu çalışmaya benzer olarak Grant et al. (1998, 2001) yaptıkları çalışmalarda benzer sonuçlar elde etmişlerdir.

Çalışmamızda, C-12, C-13, C-20 izolatların denenen tüm pH'larda (pH 5, 7, 9, 11) çok iyi gelişirken C-15 pH 11'de gelişimi sınırlanmıştır. C-17 pH 5'de, C-22 ise pH 11'de gelişme göstermemiştir. C-12, C-13, C-15, C-22 izolatlarının denenen tüm sıcaklıklarda (25 °C, 30 °C, 37 °C, 45 °C, 55 °C) çok iyi gelişme göstermiştir. C-17 ve C-20 izolatlarında ise sadece 25 °C ve 30 °C'de çok iyi gelişmiş olmasına rağmen artan sıcaklık gelişimi azaltmıştır.

Çalışmamızda da tüm izolatların %5, %10, %15, %20, %25 tuz konsantrasyonların da çok iyi geliştiği ancak %30'luk tuz konsantrasyonunda C-12, C-13, C-17'nin gelişemediği, C-15 ve C-22, C-20'nin ise orta düzeyde gelişim gösterdiği saptanmıştır. Çalışmamıza benzer olarak Ventosa et al. (1998) ılımlı halofil bakterilerin %3-15'lik NaCl konsantrasyonunda gelişme gösterebildiğini bildirmiştir. Birbir vd. (2001) Halofilik bakterilerin %15 ve %25 NaCl içeren besiyerlerinde geliştiklerini gözlemlemişlerdir.

Şereflikoçhisar Tuz Gölü'nde izole ettikleri halofilik bakterilerin %83'ünün pozitif oksidaz, %78'inin ise pozitif katalaz reaksiyon verdiklerini saptamışlardır (Birbir vd. 2001).

Benzer olarak Çamaltı Tuzlası'ndan izole ettiğimiz bakteri suşlarının C-13 ve C-22'de (%33) katalaz negatif; C-12, C-15, C-17 ve C-20'de (%66) katalazın pozitif reaksiyon gösterdikleri görülmüştür.

Yapılan başka bir çalışmada Tuzkoy'dan izole edilen halofilik prokaryotları morfolojik özelliklerine göre ayırdıktan sonra 2 izolat dışında izole ettiği tüm izolatların selüloz pozitif olduğunu aynı zamanda çoğunun jelâtin, kazein, DNaz gibi hidrolitik enzimlere sahip olduğunu bildirmiştir. Pleomorfik ve turuncu pigmentli morfoloji gösteren Grup II içerisinde yer alan izolatlar glikoz, maltoz, sükroz ortamda geliştiklerinde asit ürettikleri görülmüştür (Birbir vd. 2004).

Çalışmamızda izolatların farklı karbon ve şeker kaynaklarını kullanabilme yetenekleri ile ilgili test sonuçlarına göre, tüm izolatlar Fruktoz, Maltoz, Mannitol, Sukroz, Galaktoz ve Raffinoz kullanabilme yeteneğindedirler.

Günümüze kadar yapılmış ılımlı halofilik mikroorganizmaların amilaz enzimi üretim kapasiteleri üzerine yapılmış çalışmalar incelendiğinde ortamın NaCl konsantrasyonunun enzim üretimi üzerinde etkili olduğu belirlenmiştir. Coronado et al. (2000) yaptıkları bir çalışmada ılımlı halofilik *Halomonas meridiana*'nın optimum α -amilaz enzimi üretimini % 10 NaCl konsantrasyonunda gerçekleştirdiğini tespit etmişlerdir (Coronado et al. 2000).

Çalışmamızda %15'lik tuz konsantrasyonunda izolatların hiç birinde amilaz aktivitesine rastlanmamıştır.

Porro et al. (2003) 9848 yaptıkları çalışmada halofilik bakterilerin 269'un amilaz, 2001'nin proteaz, 207'sinin lipaz, 118'nin DNaz ürettiklerini saptamışlardır. Ancak hiçbir izolatda ksilaz aktivitesini belirleyememişlerdir. 20 izolatın 2 tane extraselüler enzimin ürettiğini belirlemişlerdir. *Salina vibrio*'nın en fazla amilaz, proteaz aktivitesi gösterdiği saptamışlardır. *Halomanas* sp.'de en fazla lipaz aktivitesi görülürken bunu amilaz takip etmiştir. *Marinococcus*'ların ancak bir izolatında lipaz aktivitesi olduğu belirlenmiş ve *Salinacoccus*'larında ise yine bir izolatında lipaz, bir izolatında da proteaz aktivitesi gözlemlenmiştir.

Çalışmamızda izolatlardan sadece proteaz hidrolizini C-12 suşunda ve %15 NaCl proteaz hidrolizinde C-22 suşunda pozitif olarak belirlenmiştir. İzolatlarımızın hiçbirinde Birchwood Ksilan Hidrolizi meydana gelmemiştir.

Ksilanaz enzimi üzerine yapılan bir çalışmada fungal yada bakteriyel kökenli ksilanazların mezofilik sıcaklıklarda (40-60 °C), nötral (bakteri kökenli ksilanazlar) veya hafif asidik (fungus kökenli ksilanazlar) pH değerlerinde optimum aktiviteye ulaştığı tespit edilmiştir (Collins et al. 2004).

Yapılan çalışmalarda ortam koşullarının enzim aktivitesi üzerine etkili olduğu görülmektedir. Bu nedenle izolatlarımızın farklı koşullarda enzim üretimleri değişebilir.

Antibiyotiklere duyarlılık testleri de halofilik bakterilerin domain ayırımında kullanılmış olan yöntemlerdendir (Oren 2002). Aşırı derecede halofilik Archaea üyelerinin hepsi Penisilin G'ye direnç göstermektedir. Bu durum Archaea/Bacteria ayırımında kullanılabilecek basit ve ucuz bir yöntem olarak görülmektedir.

Halobacteriaceae familyasının türlerinin eritromisine, kloramfenikole, penisiline, streptomisine ve terasikline karşı dirençli oldukları ve animisine, basitrasine, novobisine ve vibriostat ayıraçlarına karşı duyarlı olduğu belirtilmiştir (Byrant et al. 1989, Valera 1988).

Birbir (2003) çalışmasında Tuz Gölü izolatlarının Archaea olanlarının hepsinin Penisilin G 'ye dirençli olduğunu bildirmiştir.

Mutlu M.B. (2006) Tuz gölü'nden izole ettiği 122 izolattan 9 tanesi hariç diğer tümü Penisilin G'ye, Vankomisin ve Kloramfenikol'e karşı dirençli ve 122 izolattan 9 tanesi hariç diğer tümünün Basitrasin ve Novobiosine duyarlı olduklarını belirtmiştir.

Çetinkuş (2007) Çamaltı tuzlasından izole ettiği 34 izolattan 19 tanesi Penisilin G'ye ve Kloramfenikol'e karşı dirençli ve 34 izolattan 15 tanesinde Basitrasin'e duyarlı oldukları belirtmiştir.

Çalışmamızda izolatların tümü (C-12, C-20, C-22, C-13, C-15, C-17) Kloromfenikol'e karşı dirençli olarak bulunmasına karşın ancak 3 tanesi (C-12, C-20, C-22) Penisilin G'ye duyarlı olduğu saptanmıştır. Yine izolatların (C-12, C-13, C-15, C-20) Basitrasin'e karşı duyarlı oldukları belirlenmiştir.

Çetinkuş (2007) ve Mutlu M.B. (2006)'nın yaptıkları çalışmalar sonuçlarına benzediği görülmüştür.

Bakteriyal lipid kompozisyonu ve taksonomik sınıflandırma arasındaki ilişki bakteriyal identifikasyon amacıyla yaygın olarak kullanılmaktadır. Yağ asidi profillerine dayanan bakteriyal sınıflandırmalar nükleik asit homolojisine dayalı sınıflandırmalarla karşılaştırılmış durumdadır. Lipid analizleri metodolojisindeki gelişmeler birçok bakteri için bu ilişkiyi sağlamıştır. Lipit ekstraksiyonlarının gaz kromatografisi, hücresel yağ asitlerinin belirlenmesi için yaygın olarak uygulanmaktadır (Basile et al. 1995).

Tuzun membranda bulunan polar lipit kompozisyonu üzerine etkileri araştırılmış ve tuz oranı arttıkça negatif yüklü membran lipitlerinde artışı görülmüştür. Tuz konsantrasyonunun artmasıyla fosfatidil, ethanol amin miktarı düşmekte ve negatif yüklü fosfatidil gliserol, difosfatidil gliserol (kardiyolipin) miktarı artmaktadır. Bunun nedeni blayer yapısının korumak olduğu düşünülmektedir. Farklı tuz konsantrasyonlarına adaptasyon sonucunda membranın lipidlerinin yağ asit kompozisyonu değiştiği görülmüştür. Aynı zamanda sıcaklığında yağ asit kompozisyonunu etkilediği bilinmektedir (Ventosa et al. 1998).

Yoon et al. (2001) çalışmalarında Kore'deki Sarı Deniz'den izole ettikleri SW32 strain'inin dizi analizi sonucu *Halomonas* sp. türlerine daha yakın olduğunu görmüşlerdir. Bu straini TSA (trypticase soy agar) ve MA (Marine agar) besiyerlerinde geliştirdikten sonra yağ asit analizi (FAME) analizi sonucunda; C18:0, C16:0 ve C16:1 w7c, sum in feature 4 ve C12:0 3OH yağ asit profillerini bulmuşlardır. Yaptığımız çalışmada C-13 ve C-20 izolatları dizi analizi sonuçlarına göre *Halomonas salina* oldukları saptanmıştır. C-13 ve C-20 izolatların FAME analizi sonucu ortak olarak sum in feature 2 yağ asidine rastlanmış ve en çok (%78.61) C-20 izolatında görülmüştür.

Yoon et al.'in (2001) yaptıkları FAME analizi sonucuna benzer olarak C-13'de C12:0 3OH ve C-20'de ise sum in feature 4 yağ asit profillerine rastlamıştır. Bu sonuçlara göre farklı besiyerinde gelişen izolatların yağ asit profilleri farklılık gösterdiği düşünülebilir.

Yoon et al. (2003) yaptıkları bir diğer çalışmada Uzakdoğu Denizi'nden izole ettikleri HSL-3T'inin dizi analizi sonucunda *Halobacillus* sp.'ye yakın olduğunu belirlemişlerdir. HSL-3T ve *Halobacillus* türlerinin (*H. halophilus* KCTC 3685T, *H. trueperi* KCTC 3686T ve *H. litoralis* KCTC 3687T) yağ asidi analiz sonuçlarını karşılaştırmışlardır. Bu izolatları MA ve %10 (NaCl) MA besiyerlerinde geliştirdikten sonra FAME analizine almış düz zincirli yağ asitleri; C15:0, C16:0, dallanmış yağ asitleri; anteiso-C13:0, iso-C14:0, iso-C15:0, anteiso-C15:0, iso-C16:0, iso-C17:0, anteiso-C17:0, iso-C17:1w10c, doymamış yağ asitleri; C16: 1w7c alcohol, C16: 1w11c, Summed features; Summed feature 4, Summed feature 5 içerdiklerini belirlemişlerdir. Yaptığımız çalışmada C-12 (*Halobacillus* sp.), C-17 (*Halobacillus* sp.), C-22 (*Halobacillus* sp.) izolatların hiçbirinde ortak yağ asitleri bulunmamıştır. C-12' en çok görülen yağ asidinin 15:1 Anteiso A, C-22'de ise sum in feature 2 olmasına rağmen C-17'de bir tane yağ asidi (16:0 3OH) belirlenmiş olup, bu sonuçların göre strain farklılıklarından olduğu düşünülmektedir.

Halomonas'larda 16:0, 16:1, 18:1'in bir çok türde dominant olduğu belirlenmiştir. *Halobacillus*' ta ise dallanmış yağ asitleri (15:0,17:0) dominanttır ancak bu profil tuzluluk oranı değişmesiyle değişebilir. (Ventosa et al. 1998).

16S rRNA genlerinin polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılarak diziliminin ortaya çıkarılması da taksonomik çalışmalarda geçerliliği çok yüksek olan bir yöntem olarak karşımıza çıkmaktadır. PCR ile 16S rRNA'ya spesifik primerlerle çevresel örneklerdeki mikrobiyal popülasyonların analizi mümkün olmaktadır. Üstelik bu yöntemde tanımlama edilemeyen türlerin belirlenmesi de mümkün olmaktadır. Bu nedenden dolayı oldukça etkili bir yöntemdir ve son zamanlarda daha sık kullanıldığı görülmektedir (Anton and Oren 2002).

16S rRNA genlerinin polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılarak diziliminin ortaya çıkarılması da taksonomik çalışmalarda geçerliliği çok yüksek olan bir yöntem olarak karşımıza çıkmaktadır. PCR ile 16S rRNA'ya spesifik primerlerle çevresel örneklerdeki mikrobiyal popülasyonların analizi mümkün olmaktadır. Üstelik bu yöntemde kulture edilemeyen türlerin belirlenmesi de mümkün olmaktadır. Bu nedenden dolayı oldukça etkili bir yöntemdir ve son zamanlarda daha sık kullanıldığı görülmektedir (Anton and Oren 2002).

Morfolojik ve fizyolojik nitelendirmeler Smiber and Krieg (1994) tarafından %5 NaCl içeren kültürler tanımlamak için kullanılan metotlar test edilmiştir. S: Asad et al.'e (2006) göre tekstil endüstri atıklarından 27 halofilik ve halotolerant bakteriler izole etmişlerdir. Bu izolatlardan 3 tanesinin 16S rDNA genini çoğaltmak için universal primerler 8F ve 1541R'i seçilen iki izolat için kullanılmışlardır (izolat D2 VE A3). Diğer izolat için de 8F ve 1492R primerlerini kullanmışlardır ve izolatların *Halomonas* türlerine ait olduklarını bulmuşlardır.

Jianbo Guo et al. (2007) yaptıkları çalışmada kıyı sedimentlerine (Dalian Bay Çin) bulaşan kimyasal atık sularından *Halomonas* sp. GTW izole etmişlerdir. 16 S rDNA genini PCR'da çoğaltmak için 8F ve 1522R primerlerini kullanmışlardır.

Bu çalışmada ise analizler için M13F, 27F, 1492R, 907R, 785F, M13R ve 341F primerlerini kullanarak Çamaltı Tuzlasın'dan izole edilen 6 tane halofilik bakterilerin 16S rRNA PCR ürünleri dizi analizine tabi tutulmuştur. Bu analizler sonrası izolatların C-12 *Halobacillus* sp., C-13 *Halomonas salina*, C-15 *Bacillus marismortui*, C-17 *Halobacillus* sp. C-20 *Halomonas salina*, C-22 *Halobacillus* sp. olduğu görülmüştür.

Halofilik organizmaların renk giderimi ile ilgili çalışmalar çok yenidir. Asad et al. (2006) izole ettikleri halofilik ve halotolerant bakteriler ile bir tekstil azo boyasının dekolorizasyon çalışmasında *Halomonas* genusu üyesi olduklarını tespit ettikleri üç strainin dekolorizasyon çalışmalarında kullanılabilceğini ve muhtemelen dekolorizasyonun mekanizmasının adsorbsiyondan ziyade biodegradasyon ile gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

Nyanhongo et al. (2001) decolorizasyon çalışmasında 49 µM koansantasyonunda kullanılan Acid Blue 225 boyasının 628 nm dalga boyunda Asid blue decolorizasyonda çalışması sonucu lakkaz aktivitesinin *S.rolfsii* straininde önemli olduğunu ancak Bacic Red Blue'nun renk gideriminde *Tremedes Modesta*'ya göre daha az önemli olduğunu bulmuşlardır.

Guo et al. (2008) yaptıkları çalışmada kimyasal atık içeren kıyı sedimentlerinden izole ettikleri *Halomonas* sp. straininin optimal 30 °C'de pH 6,5-8,5 arasında ve %10-20 (w/v) tuz konsantrasyonunda geliştiğini satamışlardır. Farklı azo boyaların dekolorizasyonu belirledikleri çalışmalarında 24 saat içinde %90'nın üzerinde dekolorizasyon gerçekleştiği ve bu tuza toleranslı organizmaların konvansiyonel biyolojik arıtım tesislerinde kullanılmasının faydalı olabileceği bildirilmiştir.

Yaptığımız dekolorizasyon çalışmasında C-13 izolatı Lanaset Navy R boyasını zamana bağlı dekolorizasyon sonucuna göre ilk bir saatte % absorban 51,13'e yükselirken, C-22 izolatında ilk on dakika içerisinde % 46,6'ya daha kısa zamanda % absorban göstermiştir.

C-22 izolatı Lanaset Brown B boyasını zamana bağlı dekolorizasyon sonucu ilk bir saatte % 15,52 absorban yükselişi az olmasına rağmen C-13 izolatında ise ilk bir saat içerisinde % 47,41'e yükselerek daha hızlı % absorban gerçekleşmiştir.

C-22 izolatı Lanaset Brown B boyasını zamana bağlı dekolorizasyon sonucu 72'inci ve 78'inci saatler arası max absorban yükselişi sağlamış ancak % absorban değeri 96'inci saatte azalış (% 62,93) olduğu görülmüştür. C-13 izolatında ise max absorban ilk bir saat içerisinde gerçekleşmiş ve 102'inci ve saatte kadar bir değişiklik görülmemiş olmasına rağmen 102'inci ve 120'inci saatler arası % absorban değerinde azalış görülmüştür.

Pasifik sedimentlerinden izole edilen kurşun dirençli *Penicillium* türlerinin 24 mM Pb (NO₃)₂ konsantrasyonunda geliştiği 4 mM'lık konsantrasyonda kurşunu granüller halinde hücre duvarında adsorbe edebildiği elektron mikroskobu ile belirlenmiştir.

Arařtırmacılar Pasifik Okyanusu'ndan izole ettikleri kurřuna dirençli Psf-2 izolatının kurřunu hem hücre duvarında biyosorbe ettięi, hemde hücre içinde (protoplazma ve vakuollerde) düzensiz granüller (15-100 nm) halinde akümüle ettięi gözlemlenmiştir (Sun and Shao 2007). Mergeay et al. (2003) yaptıkları çalıřmada *Ralstonia metallidurans* CH34' te metal direncinden hücreye kurřun transportundan sorumlu olan P tip ATPaz' ın rol oynadıęını bildirmişlerdir. *Arthobacter* sp. (Trajanovska et al. 1997), *Pseudomonas marginalis*, *Bacillus megaterium* (Roane 1999), *Staphylococcus aureus* ve *Citrobacter freundii* (Levinson et al. 1996, Levinson and Mahler 1998) türlerinin kurřuna dirençlilięi saptanmasına raęmen direncin neden kaynaklandıęı *Ralstonia metallidurans* CH34' teki gibi belirlenememiřtir.

Kalyani et al. (2007) *Pseudomonas* sp. izolatını Red BLI boyasıyla kullanarak FTIR sonucuna göre kontrol grubunda 3785 cm⁻¹, 3435 cm⁻¹, 2924 cm⁻¹, 1632 cm⁻¹ piklerinde birbirine simetrik olarak bu piklerin olduęu yerlerde -NH, -NH₂, -CH₃ ve -OH grupları görülmüřtür. 620 cm⁻¹ pikte de mono-asetilen benzen türevleri ve 1260 cm⁻¹ pikte ise boyanın doęal aromatik olduęu bildirilmiřtir. Ürün sonucunda görülen piklerin sonucunda -OH, C=N, ve -CH₃ gruplarının olduęu görülmüřtür.

Dawkar et al. (2007) *Bacillus* sp. izolatını Brown 3REL boyasını kullanarak yaptıęı FTIR sonucuna göre C-H, C=N, N-H ve C=O gruplarına rastlanmıřtır.

Çalıřmamızda; boya adsorbsiyonunda FT-IR spektrometresi sonuçlarına göre, bakterilerin hücre yüzeyinde tutma bölgelerinin büyük olasılıkla amid (1595-1700 cm⁻¹) grupları olduęu saptanmıřtır. Alınan piklere göre fonksiyonel amid gruplarının; N-imonosubstituted amide (1650-1700 cm⁻¹), N,N-disubstituted amide (1640-1680 cm⁻¹), N-unsubstituted amide (1650-1700 cm⁻¹), N-alkyl aromatic amide (1595-1670 cm⁻¹) ve N-unsubstituted aromatic amide (1595-1670 cm⁻¹) olabileceęi düşünölmektedir.

Bu çalışma sonucunda;

1-Çamaltı Tuzlasından izole edilmiş izolatların 16S rRNA analiz sonuçlarına göre C-12 *Halobacillus* sp. C-13 *Halomonas salina*, C-15 *Bacillus marismortui*, C-17 *Halobacillus* sp. C-20 *Halomonas salina*, C-22 *Halobacillus* sp. olduğu belirlenmiştir.

2- İzolatlar arasında aynı türden olmalarına karşın biyokimyasal testler, antibiyotik duyarlılıkları, enzim testleri ve yağ asidi profilleri farklılık göstermiştir. Bu farklılığın nedeni farklı strainler olmasından kaynaklanmaktadır.

3- Yağ asidi metil esterleri (Fatty Acids Methyl Esters) (FAME))'nin gaz kromatografi ile analizi Bacteria domaini üyelerinin karakterizasyonunda kullanılabilen etkili bir yöntem olup yağ asit profilleri çıkartılmış ancak cihazda veri tabanı bulunmadığı için tanımlama yapılamamıştır.

C-12, C-17 ve C-22 izolatları dizi analizi sonuçlarına göre *Halobacillus* sp. olarak saptanmış ancak izolatların hiçbirinde ortak yağ asitleri bulunmamıştır.

C-13 ve C-20 (*Halomonas salina*) izolatlarında Sum ın feature 2 (16:1 ISO 1/14:0 3OH) yağ asidi tek ortak görülen yağ asidi olup en çok C-20 izolatında görülmüştür.

C-15 (*Bacillus marismortui*) izolatında birden fazla yağ asidi görülmüş ancak diğer izolatlarla ortak yağ asitleri görülmemiştir.

C-13 (*Halomonas salina*), C-20 (*Halomonas salina*), C-22 (*Halobacillus* sp.) izolatları farklı türler olmasına rağmen ortak olarak gören yağ asidi sum ın feature 2 olup en çok C-22 izolatında görülmüştür. C-22 (*Halobacillus* sp.) ve C-20 (*Halomonas salina*) izolatlarında ortak olarak görülen yağ asidi ise sum ın feature 1 olup en çok C-22 izolatında rastlanılmıştır.

4- *Halomonas salina* (C13) ve *Halobacillus* sp. (C-22) dekolorizasyon çalışmalarında kullanılmış ve her iki izolatında tuzlu ortamda dekolorizasyon 'da kullanılabileceği

saptanmıştır. İzolatlardan C-22 izolatu Lanaset Navy R boyasını en hızlı ilk on dakika içerisinde adsorbe etmiş, % absorbans 60,66'ya çıkmıştır ve Lanaset R boyası'nı en hızlı adsorbe eden izolat olarak düşünölmektedir. Lanaset Brown B'yi en yüksek adsorblayan C-13 ve C-22 izolatları olmasına rağmen daha sonraki saatlerde % absorbans'da azalma görölmüştür. C-13 izolatu Lanaset Navy R boyasında ilk bir saatte %51 absorbans değeri görölmüş ve sonraki saatlerde absorbans değeri %53,3'e kadar çıkmıştır.

Boyar madde içeren birçok tekstil atığı aynı zamanda yüksek oranda tuz içermektedir. Bundan dolayı halofilik bakteriler, aşırı tuzluluğa dayanıklı enzimleri, tuzluluğa karşı koyabilmek için kullandıkları stratejileri, zor şartlarda enerji üretimine olanak sağlayan özel proteinlerinin varlığı ve kendilerine has olan özelliklerinden dolayı izolasyonları ve identifikasyonları yapılarak biyoteknolojik uygulamalarda, özellikle de remediasyon çalışmalarında kullanımları büyük avantaj sağlayacaktır.

5- Çalışmamızda; boya adsorbsiyonunda FT-IR spektrometresi sonuçlarına göre, bakterilerin hücre yüzeyinde tutma bölgelerinin büyük olasılıkla amid gruplarının olduğu belirlenmiş ve renk gideriminin biyodegradayondan ziyade biyoadsorbsiyon ile olduğu saptanmıştır

6- Freundlich ve Langmuir izoterm sonuçlarına göre korelasyon değerleri karşılaştırıldığında en anlamlı C-13 Lanaset Navy R'de adsorbsiyon görölmüştür.

Çalışmamızın sonuçlarına göre ileriye yönelik çalışmalarda:

- ✓ Dekolarizasyon çalışması ölü ve canlı halofilik organizmaların etkinliği karşılaştırılabilir.
- ✓ Dekolarizasyon çalışmasında etkili olan protein kodlayan gen bulunup moleküler çalışmalarda kullanılabilir.
- ✓ Halofilik organizmaların immobilizasyon çalışmalarında etkinliği araştırılabilir.

KAYNAKLAR

- Allen, RLM., 1971, "The chemistry of azo dyes in: Colour Chemistry, Appleton-Century-Crofts", New York, p.21.
- Al-Sabti, K., 2000, "Chlorotriazine reactive Azo Red 120 textile dye induces micronuclei in fish". *Ecotox Environ Safe* 47.149_/55.
- Aksu Z, Tezer S., 2000, 'Equilibrium and kinetic modeling of biosorption of Remazol Black B by *Rhizopus arrhizus* in a batch system: effect of temperature. *Process Biochem*' 36.431_/9.
- Akpınar, D., 1998, 'Endüstriyel atık sulardaki fenol ve ağır metal iyon karışımlarının adsorpsiyon biyosorpsiyonunun karşılaştırmalı incelenmesi' Yüksek Mühendislik Tezi, Hacettepe Üniversitesi, Ankara.
- Amani M., D. El Ahwany 2008, 'Decolorization of Fast red by metabolizing cells of *Oenococcussoeni*' *ML34*' 24:1521–1527.
- Amoozegar, M.A., Malekzadeh, F., Malik, K.A., 2003, "Production of amylase by newly isolated moderate halophile, *Halobacillus* sp. strain MA-2", *Journal of Mikrobiological Methods*, 52 353-359.
- Anton, J., Llobet-Brossa, E., Rodriguez-Valera, F., and Amann, R. 1999, 'Fluorescence in situ hybridization analysis of the prokaryotic community inhabiting crystallizer ponds' *Environ. Microbiol.* 1:517-523.
- Asad, S., Amoozegar M.A., Pourbabae A.A., Sarbolouki M.N., Dastgheib S.M.M., 2006, 'Decolorization of textile azo dyes by newly isolated halophilic and halotolerant bacteria' *10.1016/j. biortech*

- Asgher, Muhammad H. N., Bhatti S. A. H., Shah M., Javaid Asad R. L. Legge, 2006, 'Decolorization potential of mixed microbial consortia for reactive and disperse textile dyestuffs' 18:311–316.
- Azmi W., Sani K. And Bajerjee, U.C., 1998, 'Biodegradation o-triphenylmethanedyes', *Enzyme and microbiol. Technol.*, 22 85-191.
- Ball AS, Betts WB, McCarthy AJ. 1989, 'Degradation of lignin-related compounds by *Actinomyces*.' *Appl Environ Microbiol* 55:1642±1644.
- Banat IM., Nigam P., Singh D., Marchant R., 1996, 'Microbial decolorization of textile-dye-containing effluents a review.' *Biores Technol*;58.217_/27.
- Banat, I.M., McMullan, G., Meehan, C., Kireby, N., Nigam, P., Smyth, W.F. And Marchant, R., 1999, 'Microbial decolorization of textile dyes present in textile industries effluent', In: *Proceedings of the Industrial Waste, Technical Conference, Indianapolis, USA*, pp 1-16
- Banks, C.J., Parinson, M.E., 1992, "The mechanism and application of fungal biosorption to colour removal from raw waters. *J. Chem. Technol. Biotechnol.* 28, 301-304.
- Beşe, M., 1974, 'Mikrobiyolojide kullanılan biyokimyasal testler ve besiyeri' Ankara Üniversitesi veteriner Fakültesi Yayınları, 298 Ankara Üniversitesi Yayınevi, Ankara
- Beydilli, M.I., Mattheus, R.D And Paulostathis, S.G., 2000, 'Decolorization of a reactive copper- phthalocyanine dye under ethanogenic conditions' In: 1st. World water congress of the international water association', (Eds), Paris, 3-7 july, p. 215-222.

- Bezalel L, Hadar Y, Cerniglia CE., 1997, 'Enzymatic mechanisms involved in phenanthrene degradation by the white rot fungus *Pleurotus ostreatus*' Appl Environ Microbiol;63,2495_/501
- Bilhmel, S., Contzen, M., Stolz, A., Knackmuss HJ., 1998, 'Isolation of a bacterial strain with the ability to utilize the sulfonated az compound 4-carboxy- 4'-sulfo-azobenzene as the sole source of carbon and energy Appl. Environ. Microbiol.', 64, 2315-2317
- Bilgiç, H., Gokcay, C.F., Hasirci, N., 1997, "Color removal by whiterot fungi. In: Wise, D.L. (Ed.), Global Environmental Biotechnology".Elsevier, UK, pp.211-222.
- Birbir, M., Kallı N., Johansson, C., 2001, 'Morphological Characteristics and Sensitivity of Extremely Halophilic Isolates to Antibiotics' Plants of the Balkan Paninsula: In to the Next Milleum, Ed: Gözükırmızı, N., Vol. II., 45-54
- Birbir, M. Ve Sesal, C., 2003, 'Extremely Halophilic Bacterial Communities in Şereflikoçhisar Salt Lake' Turk J. Biol. 27: 7-22.
- Birbir, M., Ogan A., Calli B., Mertoğlu B., 2004, 'Enzyme characteristics of extremely halophilic archaeal community in Tuzkoy Salt Mine Turkey' 20 : 613-621
- Brahimi-Horn, M.C., Lim, Liany, S.L., Mou, D.G., 1992, "Binding of textile azo dyes by *Mirothecium verrucaria* Orange II, 10B (blue) and. RS (red) azo dye uptake for textile wastewater decolorization."J.Ind.Microbiol., 10,245-261.
- Brown, D., and Laboureur, P., (1983), 'The degradation of dyestuffs: Part I- Primary biodegradation under anaerobic conditions' Chemosphere, 12 397-404.
- Boussaid, A., 1995, 'Pulp-mill effluent color removal using *Sagenomella striatispora*'. Ph.D.Thesis, Oregon State University, USA.

- Byrant, M. P., Sharpe, M. E., Williams, S. T., 1989, 'In Bergey's Manual of Systematic Bacteriology' Vol. 1-4., Wilkins Company, Philadelphia.
- Cammarota, M.C., Sant Anna Jr., G.L., 1992, "Decolorization of kraft bleach plant El stage effluent in a fungal bioreactor". Environ.Technol.13, 65-71.
- Chang J., Kuo, T., Chao, Y., Jin-Yen Ho, Lin, P., 2000, 'Azo dyes decolorization with a mutant *Escherichia coli* strain', Biotechnology Letters, 22, 807-812.
- Chen, K., Wu, J., Liou, d., Hwang, S., 2003, 'Decolorization of textile dyes by newly isolated bacterial strains', Journal of Biotechnology, 101, 57-68.
- Chinwetkitvanich, S., Tuntoolvest, M. and Panswad, T., 2000, "Anaerobic Decolorization of Reactive Dye bath Effluents by a Two Stage UASB System with Tapioca as a Co-Substrate", Water Research, 34(8), 2223-2232.
- Coughlin, MF, Kinkle BK, Tepper A, Bishop PL 1997, 'Characterization of aerobic azo dye-degrading bacteria and their activity in biofilms' Water Sci Tech 36:215–220
- Collins, T., Gerday, C., Feller, G., 2004, "Xylanases, xylanase families and extremophilic xylanases", FEMS Microbiol Reviews, 1-21.
- Coronado, M.J., Vargas, C., Hofemeister, J., Ventosa, A., Nieto, J.J., 2000a, "Production and biochemical characterization of an α -amylase from the moderate halophile *Halomonas meridiana*", FEMS Microbiology Letters, 183 67-71.
- Crips, C., Bumpus, JA., Aust, Sd., 1990, 'Biodegradation of azo and heterocyclic dyes by *Phanerochaete chrysosporium*' Appl Environ Microbiol, 56, 1114-1118.
- Çetinkuş, K., 2007, 'Çamaltı Tuazlası Halofilik mikroorganizmalarının izolasyonu ve karakterizasyonu' Yüksek lisans tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Eskişehir.

- Da Costa, M. S., Santos, H., and Galinski, E., 1998, 'An overview of the role and diversity of compatible solutes in Bacteria and Archaea' *Adv. Bioch. Engin. Biotech.* 61: 117-153.
- Daneshvar N. M., Ayazloo, A.R., Khataee, M., Pourhassan 2006 'Biological decolorization of dye solution containing Malachite Green by microalgae *Cosmarium* sp.'
- Dawkar V.V., U.U. Jadhav, S.U., Jadhav, and S.P. Govindwar, 2008, 'Biodegradation of disperse textile dye Brown 3REL by newly isolated *Bacillus* sp'. VUS 1364-5072.
- Dyall-Smith, M. (2004), *HaloHandbook*, [www. microbiol.unimelb.edu.au / staff/ mds/ HaloHandbook](http://www.microbiol.unimelb.edu.au/staff/mds/HaloHandbook).
- Denizci, A.A., Kazan, D., Abeln, E.C.A., Erarslan, A., 2004, "Newly isolated *Bacillus clausii* GMBAE 42: an alkaline protease producer capable to grow under highly alkaline conditions", *J. of Applied Microbiol.*, 96 320-327.
- Doğan, A., 1989, 'Bir Pamuklu Tekstil Fabrikası Atık Suyunun Adsorpsiyon Yöntemiyle Arıtılabilirliğinin incelenmesi' Yüksek Lisans Tezi, Anadolu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Eylül
- Eaton, D., Chang, H. M., Kirk, T.K., 1980, 'Fungal decolorization of Kraft bleach plant effluent', *Tapp.I.*63, 103-109.
- Gessesse, A., Gashe, B.A., 1997, "Production of alkaline xylanases by an alkaliphilic *Bacillus* sp. isolated from an alkaline soda lake", *J. Appl. Microbiol.*, 83 402-406.
- Grant, W.D., Larsen, H., 1989, 'Extremely Halophilic Archaeobacteria Order Halobacteriales ord. Nov.', In *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 2nd

Edition, Staley, J.T.; Bryant, M.P.; Pfenning N. And Holt J.G. Eds.; The Williams and Wilkins Co., Baltimore, 2216-2233.

Grant. W.D., Kamekura, M., McGenity, T.J., Ventosa, A., 2001, 'Class III Halobacteria class. Nov. In Bergey's Manual of Systematic Bacteriology, 2nd Edition, Garrity, G.M.Eds., the Williams and Wilkins Co., Baltimore, 294-334.

Gonzales,C., Gutierrez, C., Ramirez, C. 1978, 'Halobacterium vallismortis sp. nov. An Amyolytic ve Carbohydrate Metabolizing Extremely Halophilic Bacterium' Canadian Journal of Microbiology, 24 710-715.

Fu,Y., and Fu, Y., Viraraghavan, T., 2000, "Removal of a dye from an aqueous solution by fungus *Aspergillus niger*", Water Qual. Res. J., Canada 35(1), 95-111.

Fukuzumi, T., 1980, "Microbial decolorization and defoaming of pulping waste liquors in lignin biodegradation", In: Jury, T.K., Higuchi, T., Chang, H.(Eds.), Microbiology, Chemistry and Potential Applications, vol. 1.CRC press, Boca Raton FL, USA, pp. 215-230.

Galinski, E. 1995, 'Osmoadaptation in bacteria', Adv. Microb. Physiol. 37: 272-328.

Gallagher, K.A., Healy, M.G., Allen, S.J., 1997, "Biosorption of synthetic dye and metal ions from aqueous effluents using fungal biomass", In: Wise, D.L.(Ed.), Global Environmental Biotechnology. Elsevier, UK, pp. 27-50

Ganes, R., Boardman, G.D. and Michelsen, 1994, 'Decolorization of azo dyes in sludges', Water res., 28, 1367-1376.

Garcia, M. T., Ventosa, A., Mellado, E. 2005, "Catabolic versatility of aromatic compound- degrading halophilic bacteria", FEMS Microbiology Ecology. 54,97-109.

- Gessesse, A., Gashe, B.A., 1997, "Production of alkaline xylanases by an alkaliphilic *Bacillus* sp. isolated from an alkaline soda lake", J. Appl. Microbiol, 83 402- 406.
- Goszczynski, S., Paszcynski A., Pasti- Grigsby MB, Crawford RL, Crawford DL, 1994, 'New pathway for degradation of sulfonated azo dyes by microbial peroxidases of by *Phamerochaete chrysosporium* and *Streptomyces chrommofuscus*', Journal of Bacteriology, 176, 1339-1347
- Grant, W. D., Kamekura, M., McGenity, T. J. and Ventosa, A. 2001, Order I. Halobacteriales In: Bergey's Manual of Systematic Bacteriology V.I, 'The Archaea and Deeply Branching and Phototrophic Bacteria', Garrity, G. M. (Man. Ed.), 2nd Ed. New York, Springer, ISBN: 0.387.987.711
- Guo Ji., Zhou J., Wang D., Tian C., Wang P., Uddin M. S., 2007, 'A novel moderately halophilic bacteium for decolorizing azo dye under high salt condition'.
- Hirsch, P., and B. Hoffmann. 1989, '*Dichotomicrobium thermohalophilum*, gen. nov., spec. nov., budding prosthecate bacteria from the Solar Lake (Sinai) and some related strains',. Syst. Appl. Microbiol. 11:291–301.
- Horikoshi, K., Aono, R. and Nakamura, S. 1993, 'The triangular halophilic archaeobacterium *Haloarcula japonica* strain', TR-1. Experientia, 49; 497-502.
- Hu, TL., Wu, SC., 2006 "Assessment of the effect of azo dye RP2B on the growth of nitrogen fixing cyanobacterium-*Anabaena* sp",. Biores Technol 2001; 77.93 _/5. isolated from composting environment Enzyme and Microbial Technology 40 42–45.
- İnandık, H. 1955, Türkiye Gölleri, İstanbul Üniversitesi Yayınları, 44, İstanbul.
- Kalyani. D.C, Patil P.S, Jadhav J.P, Govindwar, 2007, 'Biodegradation of reactive textile dye Red BLI by an isolation bacterium *Pseudomonas* sp. SUK1' 4635–4641

- Karpuzcu M., 1991, 'Çevre Kirlenmesi ve Kontrolü' Kubbealtı Neşriyatı, Üçüncü Baskı, İstanbul,
- Kapdan IK, Kargı F, McMullan G, Marchant R. 2000, 'Effect of environmental conditions on biological decolorization of textile dyestuff by *C. Versicolor*', *Enzyme Microb Technol* 26:381_/7.
- Kapdan, IK., Kargı, F., McMullan, G., Marchant, R., 2000, "Effect of environmental conditions on biological decolorization of textile dyestuff by *C. versicolor*". *Enzyme Microb Technol* 26:381_/7.
- Kates, M. 1993, 'Membrane lipids of extreme halophiles: biosynthesis, function and evolutionary significans. In *Halophilic Bacteria*', Part II. *Experientia*, 49; 1027-1036. Edited by R. H. Vreeland. Basel: Birkhäuser Verlag.
- Knapp, J.S., Newby, P.S., Reece, L.P., 1995, "Decolorization of dyes by wood-rotting basidiomycete fungi". *Enzyme and Microbial Technol.* 17, 664-668.
- Kestioğlu, K. and Yalılı, M., 2006. 'Yüksek KOİ İçerikli Tekstil Atık Sularının Kimyasal Çökeltim ve Adsorpsiyon Yöntemleriyle Arıtılabilirliği', *Ekoloji*, 59: 27-31.
- Kushner, D. 1985, 'The Halobacteriaceae. sp. 171-214. En C. Woese and Wolfe, S (ed.), *The bacteria*. Vol 8. Academic Press, London
- Lefebvre, O., Vasudevan, N., Moletta, R.,2005, 'Halophilic biological treatment of tannery soak liquor in a sequencing batch reaktor', *Water Research* 39,1471-1480.
- Mutlu M.B. 2006, 'Tuz gölü bakterilerinin karakterizasyonu ve mevsimsel dağılımı' Doktora Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Eskişehir.

- McMullan, G., Meehan, C., Conneely, A., Kirby, N., Robison, T., Nigam, P., Banat, I.M., Marchant, R., 2001, 'Microbial decolourisation and degradation of textile dyes', *Microbiol Biotechnol*, 26, 81-87
- McKay, G., 1979 'Waste colour removal from textile effluents' *Am Dyes Rep*; 68:29–36.
- Meehan, C., Banat, IM., McMullan, G., Nigam, P., Amyth, F., Marchant, R., 2000 "Decolorization of Remazol Black B using a thermotolerant yeast, *Kluyveromyces marxianus* IMB3", *Environ Int* 26:75 _/9.
- Meyer U. 1981 'Biodegradation of synthetic organic colorant' *FEMS Symp*;12.371_/85.
- Mishra, G., Tripathy, M., 1993, "A critical review of the treatment for decolorization of textile effluent". *Colourage* 40, 35-38
- Mou, D.G., Lim, K.K., Shenn, H.P., 1991, "Microbial agents for decolorization of dye wastewater". *Biotechnol. Adv.* 9, 613-622.
- Mona E.M. Mabrouk and 2Hoda H., Yusef 2008, 'Decolorization of Fast Red by *Bacillus subtilis* HM' 4(3): 262-269
- Naik Nagaraj M. K. S. Jagadeesh A. R. Alagawadi 2007, 'Microbial decolorization of spentwash: a review' 48:41–48
- Nemerov, N.L., 1978, 'Industrial Water Pollution Characteristic and Treatment', Addison-Wesley Publishing Company, 733s.
- Norris, J.P., Ribbons, D.W., 1971, *Methods in Microbiology*, Vol 6A, Academic pres, 1-52.

- Nicholson, C.A, Fathepure, B.Z., 2005, "Aerobic biodegradation of benzene and toluene under hypersaline conditions at the Great Salt Plains, Oklahoma", FEMS Microbiology Letters 245,257-262.
- Nigam, P., Banat, İ. M., Singh, D. and Marchant, R. (1996), "Microbial Process for the Decolorization of Textile Effluent Containing Azo, Diazo and Reactive Dyes, Process Biochemistry", 31(5), 435-442.
- Nyanhango, G:S., Gome, J., Gübitz, G.M., Zvauya, R., Read, J. and Steiner, W., 2002, 'Decolorization of Textile Dyes by Laccase From a Newly Isolated Strain of *Trametes modesta*', Water Res., 36: 1449-1465.
- Ollikka, P., Alhonmaki, K., Leppanen, V. M., Glumoff, T., Rajjola, T., Suominen, I., 1993, "Decolorization of azo, triphenyl methane, heterocyclic, and polymeric dyes by lignin peroxidase isoenzymes from *Phanerochaete chrysosporium*", Appl. Environ. Microbiol. 59 (12), 4010-4016
- O'Neill, C., Hawkswes, F. R., Hawkws, D. L., Esteves, S. and Wilcox, S. J. 2000a, "Anaerobic-Aerobic Biotreatment of Simulated Textile Effluent Containing Varied Ratios of Starch and Azo Dye, Water Research", 34(8), 2355-2361.
- O'Neill, C., Lopez, A., Esteves, S., Hawkes, F. R., Hawkes, D.L. and Wilcox, S. 2000b "Azo Dye Degredation in an Anaerobic-Aerobic Treatment System Operating on Simulated Textile Effluent", Applied Microbiology and Biotechnology, 53, 249-254.
- Oren, A., Duker, S. and Ritter, S. 1996, 'The polar lipid composition of Walsby's square bacterium', FEMS Microbiol. Letters, 138; 135-140.
- Oren, A. 1999, 'The enigma of square and triangular halophilic archaea', In: Enigmatic Microorganisms and Life in Extreme Environments, 337-355. Edited by J. Seckbah. Netherland: Kluwer academic publishers.

- Oren, a. 1999, 'Bioenergetic Aspects of Halophilism. Microbiology and Molecular Biology', Reviews, 63 334-348
- Oren, A. 2002, 'Halophilic microorganism and their environments', Kluwer Academic Publishers. Dordrecht
- Oren, A. 2002c, " Molecular ecology of extremely halophilic Archaea and Bacteria", FEMS Microbiol. Ecol. 39,1-7.
- Raghukumar, C., Chandramohan, D., Michel Jr., F.C., Reddy, C.A., 1996, "Degradation of lignin and decolorization of paper mill bleach plant effluent (BPE) by marine fungi", Biotechnol. Lett. 18 (1), 105-106.
- Papic, S., Koprivanac, N., Bozic, A.L., Metes, A., 2004, 'Removal of some reactive dyes from synthetic wastewaters by combined Al (III) coagulation/carbon adsorption process', Dyes and Pigments, 62:291-298.
- Pasti-Grigsby, M.B., Paszczynski, A., Goszczynski, S., Crawford, D.L., Crawford, R.L., 1992, "Influence of aromatic substitution patterns on azo dye degradability by *Streptomyces* sp. and *Phanerochaete chrysosporium*", Appl. Environ. Microbiol. 58(11), 3605-3613
- Paszczynski, .& Crawford, R.L., 1991, 'Degredation of azo compounds by Ligninase from *Phanerochaete chrysosporium*; involvement of veratryl alcohol', Biochem. Biophys. Res. Comm., 178, 1056-1063.
- Palma, C., Moreira, M.T., Mielgo, I., Feijoo, G. and Lema, J. M., (1999), "Use of Fungal Bioreactor as a Pretreatment or Post Treatment Step for Continuous Decolorisation of Dyes", Water Science and Technology, 40(8), 131-136.

- Perie, F.H & Id, M.H., 1999, 'Manganese regulation of manganese peroxidase expression and lignin degradation by the white-rot fungus *Dichomitus squalens*', Appl. Environ. Microbiol., 57, 2240-2245.
- Rodriguez-Valera, F., Ventosa, A., Juez, G. ve Imhoff, J. F. 1985, 'Variation of environmental features and microbial populations with salt concentrations in a multi-pond saltern', Microb. Ecol. 11:107-115.
- Robinson, T., McMullan, G., Marchant, R. And Nigam, P., 2001, 'Remediation of dyes in textile effluent: A critical review on current treatments Technologies with a proposed alternative', Biores. Technol., 77(3), 247-255
- Ventosa., Sanchez-Porro C, Marti'n S., Mellado E A., 2002, 'Diversity of moderately halophilic bacteria producing extracellular hydrolytic enzymes' 156
- Vreeland, R. H., and J. H. Huval. 1991, 'Phenotypic characterization of halophilic bacteria from ground water sources in the United States', p. 53–60. In F. Rodriguez-Valera (ed.), General and applied aspects of halophilic microorganisms. Plenum Press, New York, N.Y.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F. ve Maniatis, T. 1989, Molecular cloning: A Laboratory Manual 2nd ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York
- Sani RK, Azmi W, Banerjee UC., 1998, 'Comparison of static and shake culture in the decolorization of textile dyes and dye effluents by *Phanerochaete chrysosporium*' Folia Microbiol;43(1):85_8.
- Sarnaik, S., Kanekar, P., 1999, 'Biodegradation of methyl violet by *Pseudomonas mendocina* MCM B-402', Appl Microbiol Biotechnol, 52, 251-24.

- Sponza, D., Işık, M. ve Atalay, H., 2000 ‘Reaktif Black 5 ve Synozol Red Azo Boyalarının Anaerobik Arıtılabilirliği’.
- Swamy J, Ramsay JA., 1999, ‘Effects of glucose and NH₄ concentrations on sequential dye decolorization by *Trametes versicolor*’, Enzyme Microb Technol 25:278_/84.
- Tatarko, M., Bumpus, J.A., 1998, ‘Biodegradation of Congo Red by *Phanerochaete chrysosporium*’, Water Res. 32(5), 1713-1717.
- Takashina, T., Hamamoto, T., Otozai, K., Grant, W. D. and Horikoshi, K. 1990, ‘*Haloarcula japonica* sp. Nov., a new triangular halophilic archaeobacterium’, System. Appl. Microbiol. 13; 177-181.
- Telefoncu, A., Küfrevioğlu, Ö.İ., Pazarlıoğlu, N. 2003, Biyoinformatik I, ‘Yağ Asit Profillerine Göre Mikroorganizmaların Tanısı ve Karakterizasyonu, İzmir’
- Tindall. B. J., 1992, ‘The Family Halobacteriaceae’. In The Prokaryotes: A Hand Book on the Biology of Bacteria’, Ecophysiology, Isolation, identification and Applications. 2nd Editions Balows. A.; Trüper, H.G.: Dworkin, M.; Schleifer, H.Eds.; New York, Springer, 768-810
- Torreblanca, M., Rodriguez-Valera, F., Juez, G., Ventosa, A, Kamekura, M. and Kates, M. 1986, ‘Classification of non-alkaliphilic halobacteria based on numerical taxonomy and polar lipid composition, and description of *Haloarcula* gen. nov. and *Haloferax* gen.’, nov.. System. Appl. Microbiol., 8; 89-99.
- Valera. F. 1988, ‘Characteristics and Microbial Ecology of Hypersaline Environments’, In Halophilic Bacteria, Vol. 1. CRC Press, Boca roton, 3-30
- Vandevivere, P., Robeto, B., Vrstraete, W., 1998, ‘Treatment and Reuse of Wastewater from the Textile Wet_Processing Industry’, J.Chem. Technol. Biotechnol, 72, 289-302

- Ventosa A., Nieto J. J., Oren A., 1998 'Biology of Moderately Halophilic Aerobic Bacteria', Vol. 62 No:2 p. 504-544
- Vasdev, K., Kuhad, R.C., Saxena, R.K., 1995, "Decolorization of triphenylmethane dyes by the bird's nest fungus *Cyathus bulleri*", *Current Microbiol.* 30, 269-272.
- Walthall, WK., Stark JD. 1999, "The acute and chronic toxicity of two xanthene dyes, fluorescein sodium salt and phloxine B, to *Daphnia pulex*", *Environ Pollut* 104:207_/15.
- Willmott, N., Guthrie, J. and Nelson, G. 1998, "The Biotechnology Approach to Colour Removal from Textile Effluent", *Journal of the Society of Dyers and Colorists*, 114, 38-41.
- Wong, Y., Yu, J., 1999, "Laccase-catalyzed decolorization of synthetic dyes", *Water Res.* 33(16), 3512-3520
- Xu Meiyang . Jun Guo . Guoqu Zeng . Xiaoyan Zhong .Guoping Sun 2006, 'Decolorization of anthraquinone dye by *Shewanella decolorationis*', *S12'* 71: 246-251
- Yesilada E, Ozmen M, Yesilada O. 1999, 'Studies on the toxic and genotoxic effect of olive oil mill wastewater', *Fresenius Environ Bull* 8.732_/9.
- Yesilada O, Ozcan B. 1998, 'Decolorization of Orange II with the crude culture filtrate of white rot fungus' *Coriolus versicolor* . *Tr J Biol* 22:463_/76.
- Yesilada O., 1995 'Decolorization of crystal violet by fungi' *World J Microb Biot* 11.601_/2.
- Young L., Yu, J., 1997, "Ligninase-catalyzed decolorization of synthetic dyes", *Water Res.* 31(5), 1187-1193.

Yoon J., Choi, S., Lee, K., 2001, 'Halomonas marisflavae sp. nov., a halophilic bacterium isolated from the Yellow Sea in Korea', 51, 1171–1177

Yoon J., Kang, K., and Park, Y., 2003, 'Halobacillus salinus sp. nov., isolated from a salt lake on the coast of the East Sea in Korea' 53, 687–693

Zhang F., Knapp, J.S., Tapley, K.N., 1999, "Decolourisation of cotton bleaching effluent with wood rotting fungus". Water Res. 33(4), 919-928.

Zhang F, Yu J., 2000 'Decolourisation of acid violet 7 with complex pellets of white rot fungus and activated carbon', Bioproc Eng 23.295_/301.

Zhou, W., Zmermann, W., 1993, 'Decolorization of industrial effluents containing reactive dyes by actinomycetes', FEMS Microbiol Lett, 107, 157-162.

Zhou, J.L., Banks, C.J., 1991, "Removal of humic acid fraction by Rhizopus arrhizus: uptake and kinetic studies", Environ. Technol. 12, 859-869.

İnternet Siteleri

Erişim Tarihi

1-www.microbiol.unimelb.edu.au/staff/mds/HaloHandbook

12.06.2009

2- <http://pbil.univ-lyon1.fr/cap3.php>

22.07.2009

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Armağan DEMİRCİ

Doğum Yeri: UŞAK/Eşme

Doğum Tarihi: 14.05.1984

Medeni Hali: Bekar

Yabancı Dili: İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise: Eşme Şehit Cemalettin Avcı Anadolu Lisesi

Lisans: Afyon Kocatepe Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü

Yüksek Lisans: Afyon Kocatepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Bölümü

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl

Yayımları (SCI ve diğer)

Diğer konular

EK1**KULLANILAN MALZEME LİSTESİ**

| Ürün İsmi | Ürün Markası | Ürün Kodu |
|--|---------------------|------------------|
| Potassium Chloride | Carlo Erba 1000g | 360107 |
| Calcium Chloride | Sigma 100g | C4901 |
| Sodium Chloride | Riedel-de Haën 5kg | 13423 |
| Yeast Extrat | Merck 500g | 1.03753 |
| Agar-Agar | Merck 500g | 1.01613.9999 |
| Luria Bertani Broth | Sigma 1kg | L3022 |
| Sodim Hydrojen Carbonate | Fluka 1kg | 71628 |
| Magnesium Sulfat- Heptahidrat | Merck 1 kg | 1.05886.1000 |
| Magnesiumchlorid- Hexahidrat | Merck 1kg | 1.05833.1000 |
| Sodium Bromide | Fluka 500g | 71330 |
| Tri-Sodium Citrate | Fluka 1 kg | 71406 |
| Tryptone Enzimatik The Guest Kazein | Fluka 500g | D5008 |
| Tween 80 | | |
| Calciumchlorid-Dihydrate | Riedel-de Haën 1L | D4025 |
| CM52-Cellulose Servacel | Merck 500g | 1.02382 |
| Tryptone | Serva 100g | 45029 |
| Glicerol Anhydrous | Sigma 250g | T-9410 |
| Starch | Fluka 1L | 49780 |
| D-(+)-glucose Anhydrous | Merck 1kg | 1.01253.1000 |
| Peptone | Fluka 1kg | 49150 |
| Skim Milk Powder | Merck 500g | 1.07214 |
| di-Potassium Hydrojen Phosphate | Oxoid 500g | L31 |

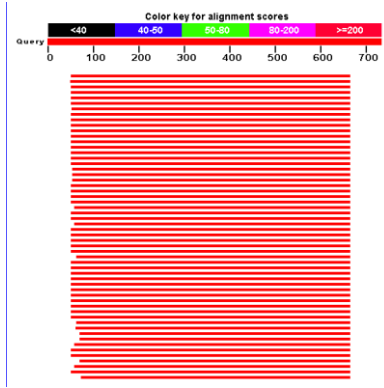
| | | |
|----------------------------|--------------------|-----------|
| Birchwood Ksilan | Fluka 1kg | 60355 |
| Trizma-Base | | X4252-10G |
| Asetik Asit | Sigma 1kg | T-6066 |
| EDTA | Sigma 500g | A 9967 |
| Hydrochloric Acid | Fluka | L3002 |
| Sodium Hidroksit | Carlo Erba | 403872 |
| Metanol | Riedel-de Haën 1kg | A1551 |
| Heksan | Riedel-de Haën 1kg | 34860 |
| Metiltert-butyl Eter(HPCL) | Merck 2.5kg | 1.04391 |
| Casamino Asid | Riedel-de Haën 1kg | 34875 |
| Gelatin | Aptoph Bacto | 223050 |
| Tri-Sodium 5,5 Hydrate | Difco 500g | 214340 |
| Parametil aminobenzaldehit | Merck 1kg | 6431 |
| Congo Kırmızısı | Fluka 100g | 39080 |
| Na- Asetat | Fluka 25g | 60910 |
| Glikojen | Sigma 250g | S-2889 |
| Kristal Viole | Sigma | S807117 |
| Lugol | Carlo Erba | 491502 |
| Safranin | Riedel-de Haën | 30305 |
| Ethanol | Riedel-de Haën | 32610 |
| Fruktose | Riedel-de Haën | 32221 |
| Maltose | Merck 1kg | 1.04007 |
| Sukrose | Fluka | 63418 |
| Mannitol | Sigma 500g | S-2395 |
| Raffinose | Fluka | 63565 |
| DNaz Agar | Fluka 25g | 83400 |
| Agarose | Sigma 500g | S-2395 |

| | | |
|--|------------------|-----------------|
| TOPO-TA Klonlama Kiti | Sigma 250g | A2929 |
| Dye-Ex QIAGE | Invitrogen | C404003 |
| Wizard Plus SV Minipres DNA (plazmit) | QIAGE Progema | 63204 #A1460 |
| Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System | Progema | #A9282 |
| Genome lab DTCS Quick Start Kit | Beckman Coulter | S810148 |
| Na ₂ EDTA | Merck 1kg | K30337518 |

EK 2

İzolatların Dizi Analizleri Sonrası Belirlenen Blast Sonuçları ve Dizilerin Birleşimi

C12 M13F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| DQ448762.1 | Halobacillus sp. CNJ915 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 1029 | 1029 | 83% | 0.0 | 97% |
| EU880526.1 | Halobacillus sp. PRE27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1025 | 1025 | 83% | 0.0 | 97% |
| EU308340.1 | Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1023 | 1023 | 83% | 0.0 | 97% |
| EU308339.1 | Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1023 | 1023 | 83% | 0.0 | 97% |
| EU308338.1 | Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1023 | 1023 | 83% | 0.0 | 97% |
| DQ448799.1 | Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 1023 | 1023 | 83% | 0.0 | 97% |
| AM990893.1 | Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection | 1021 | 1021 | 83% | 0.0 | 97% |
| AY190534.1 | Halobacillus locisalis 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1020 | 1020 | 83% | 0.0 | 97% |
| AB189296.2 | Halobacillus sp. IS-Hb2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1018 | 1018 | 83% | 0.0 | 97% |
| AY553078.1 | Halobacillus sp. GSP35 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1016 | 1016 | 83% | 0.0 | 97% |
| AY505519.1 | Halobacillus sp. GSP34 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1016 | 1016 | 83% | 0.0 | 97% |

> [gb|DQ448762.1](#) Halobacillus sp. CNJ915 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1529

Score = 1029 bits (1140), Expect = 0.0
Identities = 603/616 (97%), Gaps = 8/616 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|EU880526.1](#) Halobacillus sp. PRE27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1025 bits (1136), Expect = 0.0
Identities = 602/617 (97%), Gaps = 7/617 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|EU308340.1](#) Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1023 bits (1134), Expect = 0.0
Identities = 602/616 (97%), Gaps = 8/616 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|EU308339.1](#) Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1023 bits (1134), Expect = 0.0
Identities = 602/616 (97%), Gaps = 8/616 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|EU308338.1](#) Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1023 bits (1134), Expect = 0.0
Identities = 602/616 (97%), Gaps = 8/616 (1%)
Strand=Plus/Minus

>C-12 M13F

AGATGCTGCTACAGCGGCCGCCAGTGTGATGGATATCTGCAGAATTCGCCCTTGGTTACCTTGTTACGA
CTTCACCCCAATCATTGGCCCCACCTTCGGCGGCTGGCTCCAAAAGGTTACCTCACCGACTTCGGGTGTT
GCCAACTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACCGCGCATGTGTATC
CGCGATTACTAGCGATTCCGGCTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTGCAATCCGAAGTGAATGGTTTT
ATGGGATTGCTACACCTTGGCGCTTCGCTGCCCTTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGG
TCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCGCCTTCCCCCGGTTTGTACCGGCAGTCACCTTAGA
GTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATTAGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCA
CGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTTGGTCCCCGAAGGGAAGTCCCTATCTCTAGG
GAGGTCCAAGGATGTCAAGACCTGGTAAAGTTCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCACCGCT
TGTGCGGGCCCCGTCAATCCTTGAGTTCAGCCTGCGGCGTCTCCAAGCGAGTCTAATCGTACTCAGACT
AAGGTGAGCCCTACTGACCGCGTACGGTGACACA

>C-12 341F+785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAAATCCATAAAACCAATCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCCTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTA

>C-12 M13F+341F+785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAAATCCATAAAACCAATCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCCTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCC
ATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAGCATCT

>C-12 M13F+341F+785F+907R+1AB Detayları

```

Number of segment pairs = 6; number of pairwise comparisons = 2
'+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps          Containments  No. of Constraints Supporting Overlap

*****
***** Contig 1 *****
341f+
c12m13f-          C12341F+ is in 341f+

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS
***** Contig 1 *****
341f+             GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG
consensus        GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG
341f+             GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG
consensus        GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG
341f+             GAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT
C12341F+         ATGGACGAAAGTCTGACGGAGCA-ACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT
consensus        GAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT
341f+             TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
C12341F+         TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
consensus        TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
341f+             TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA
C12341F+         TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA
consensus        TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA
341f+             GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC
C12341F+         GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC
consensus        GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC
341f+             TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGGAC
C12341F+         TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGGAC
consensus        TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGGAC
341f+             AGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC
C12341F+         AGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC
consensus        AGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC

```

```

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC
c12341f+    CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC

consensus   CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG
c12341f+    AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG

consensus   AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCG
consensus   GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCG

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
c12m13f-    GGGGCCCGCACAAAGCGGTG-AGCATGTGGTT-A

consensus   CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      ATTCGAAGCAACGCCAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA
c12m13f-    ATTCGAAGCAACGCCAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA

consensus   ATTCGAAGCAACGCCAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCT
c12m13f-    GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCT

consensus   GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCT

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTAG
c12m13f-    GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTAG

consensus   GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTAG

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGCGGGGATGACGTCAAAAT
c12m13f-    TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGCGGGGATGACGTCAAAAT

consensus   TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGCGGGGATGACGTCAAAAT

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGGCAGC
c12m13f-    CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGGCAGC

consensus   CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGGCAGC

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      GAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAA
c12m13f-    GAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAA

consensus   GAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAA

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAAATCGCGGATCAGCATGCCCGCGTGAATACG
c12m13f-    CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAAATCGCGGATCAGCATGCCCGCGTGAATACG

consensus   CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAAATCGCGGATCAGCATGCCCGCGTGAATACG

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      TTCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG
c12m13f-    TTCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG

consensus   TTCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT
c12m13f-    TGAGGTAACCTTTTT-GGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT

consensus   TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT

      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .      .
341f+      AA
c12m13f-    AA
AAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAG

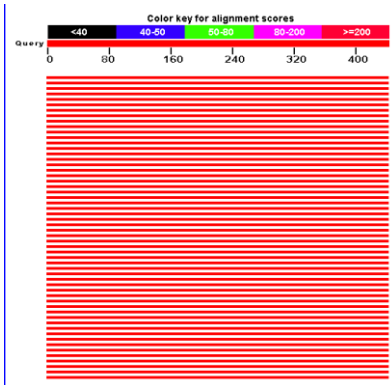
consensus   AAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAG

c12m13f-    CATCT

consensus   CATCT

```


C-12 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 756 | 756 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ587216.1 | Halobacillus sp. NY-15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ494781.1 | Halobacillus sp. NH88-35 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ477409.1 | Halobacillus sp. JSM 076062 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ477396.1 | Halobacillus sp. JSM 076002 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ237379.1 | Halobacillus sp. JSM 077008 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU925614.1 | Halobacillus sp. JSM 073034 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU925613.1 | Halobacillus sp. JSM 073193 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU925612.1 | Halobacillus sp. JSM 072032 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 751 | 751 | 100% | 0.0 | 98% |

> [dbj|AB189301.1](#) Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
 Length=1442
 Score = 756 bits (838), Expect = 0.0
 Identities = 438/444 (98%), Gaps = 5/444 (1%)
 Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ587216.1](#) Halobacillus sp. NY-15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=1446
 Score = 751 bits (832), Expect = 0.0
 Identities = 437/444 (98%), Gaps = 5/444 (1%)
 Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ494781.1](#) Halobacillus sp. NH88-35 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=610
 Score = 751 bits (832), Expect = 0.0
 Identities = 437/444 (98%), Gaps = 5/444 (1%)
 Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ477409.1](#) Halobacillus sp. JSM 076062 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=800
 Score = 751 bits (832), Expect = 0.0
 Identities = 437/444 (98%), Gaps = 5/444 (1%)
 Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ477396.1](#) Halobacillus sp. JSM 076002 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=800
 Score = 751 bits (832), Expect = 0.0
 Identities = 437/444 (98%), Gaps = 5/444 (1%)
 Strand=Plus/Plus

>C-12 341F

ATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTG
 TTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCT
 AACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGC
 GCGCGCAGGCGGTTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACT
 GGGAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGG
 AGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGC
 AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA

>C-12 785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
 GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
 ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
 GGGAAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
 TACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
 CGCAGGCGGTTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG

GAACCTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCC GCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATT CAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

>C-12 341F+785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACCTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCC GCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATT CAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

>C-12 341F+785F+907R+1AB Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

***** Contig 1 *****
 C12785f+907r+1ab+ C12341F+ is in C12785f+907r+1ab+

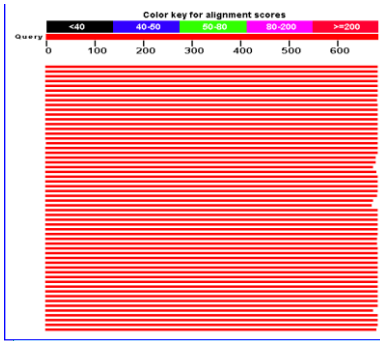
DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

***** Contig 1 *****

| | | |
|-------------------|-----------------------------|--|
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG |
| consensus | | GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG |
| consensus | | GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCCGTGAACGATGAAGGTCT |
| C12341F+ | | ATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCA-ACGCCCGTGAACGATGAAGGTCT |
| consensus | | GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCCGTGAACGATGAAGGTCT |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT |
| C12341F+ | | TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT |
| consensus | | TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGGTAATACGTA |
| C12341F+ | | TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGGTAATACGTA |
| consensus | | TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGGTAATACGTA |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | GGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTC |
| C12341F+ | | GGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTC |
| consensus | | GGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTC |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTGAGGAC |
| C12341F+ | | TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTGAGGAC |
| consensus | | TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTGAGGAC |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : | AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC |
| C12341F+ | | AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC |
| consensus | | AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC |

| | |
|-------------------|--|
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| C12341F+ | CAGTGGCGAAGGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC |
| consensus | CAGTGGCGAAGGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| C12341F+ | AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG |
| consensus | AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | CAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | ATTGGAAGCAACGGGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCT |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGC |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | GAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAA |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | CTGCCTGCATGAAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCAGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCCG |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT |
| C12785f+907r+1ab+ | . : . : . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | AA |
| consensus | AA |

C-12 785F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU308340.1 | Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1222 | 1222 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU308339.1 | Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1222 | 1222 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU308338.1 | Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1222 | 1222 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM990893.1 | Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection | 1222 | 1222 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ937880.1 | Halobacillus sp. LS14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1218 | 1218 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ448799.1 | Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 1218 | 1218 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ448762.1 | Halobacillus sp. CNJ915 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 1218 | 1218 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189300.1 | Halobacillus sp. IS-Hb6 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1216 | 1216 | 99% | 0.0 | 99% |
| DQ093354.1 | Marinococcus albus strain I18 16S ribosomal RNA gene, partial seq | 1213 | 1213 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ089677.1 | Halobacillus trueperi strain I100 16S ribosomal RNA gene, partial seq | 1213 | 1213 | 100% | 0.0 | 99% |

> [gb|EU308340.1](#) Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1222 bits (1354), Expect = 0.0
Identities = 679/680 (99%), Gaps = 0/680 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU308339.1](#) Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1222 bits (1354), Expect = 0.0
Identities = 679/680 (99%), Gaps = 0/680 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU308338.1](#) Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 1222 bits (1354), Expect = 0.0
Identities = 679/680 (99%), Gaps = 0/680 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM990893.1](#) Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection
MOLA:119
Length=1519

Score = 1222 bits (1354), Expect = 0.0
Identities = 679/680 (99%), Gaps = 0/680 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ937880.1](#) Halobacillus sp. LS14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1557

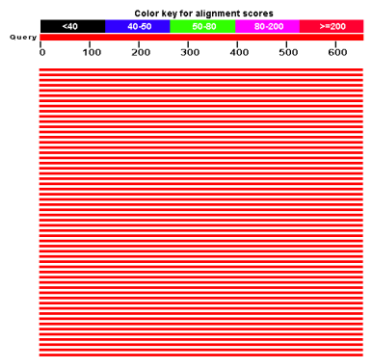
Score = 1218 bits (1350), Expect = 0.0
Identities = 678/680 (99%), Gaps = 0/680 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C12-785F

```

AGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGA
GTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTT
AATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGCTTGTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGATTTC
CCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGT
CCCACAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTCAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGT
GACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTG
CTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGT
TCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGC
GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTC
GGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA
    
```

C-12 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU170128.1 | Halobacillus sp. T10-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1160 | 1160 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1160 | 1160 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ999564.1 | Halobacillus sp. HLSB61 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491188.1 | Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491183.1 | Halobacillus sp. GDS3-3 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491182.1 | Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491178.1 | Halobacillus sp. GDS1-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ587216.1 | Halobacillus sp. NY-15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868845.1 | Halobacillus sp. S105-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1157 | 1157 | 100% | 0.0 | 99% |

```
>[gb]EU170128.1 Halobacillus sp. T10-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1349

Score = 1160 bits (1286), Expect = 0.0
Identities = 652/655 (99%), Gaps = 2/655 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

```
>[dbj]AB189301.1 Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1442

Score = 1160 bits (1286), Expect = 0.0
Identities = 652/655 (99%), Gaps = 2/655 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

```
>[gb]FJ999564.1 Halobacillus sp. HLSB61 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1422

Score = 1157 bits (1282), Expect = 0.0
Identities = 651/655 (99%), Gaps = 2/655 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

```
>[dbj]AB491188.1 Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1396

Score = 1157 bits (1282), Expect = 0.0
Identities = 651/655 (99%), Gaps = 2/655 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

```
>[dbj]AB491183.1 Halobacillus sp. GDS3-3 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1396

Score = 1157 bits (1282), Expect = 0.0
Identities = 651/655 (99%), Gaps = 2/655 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

>C-12 907R

```
GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACCTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTA
```

>C12-785F

AGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGA
GTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTT
AATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGATTTC
CCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGT
CCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGT
GACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTG
CTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGT
TCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGC
GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTC
GGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

>C12 785F+907R

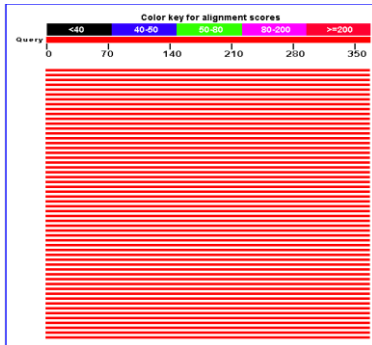
GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGATTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

C-12 785F+907R Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting | Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C-12+ | | | | |
| C-12+ | | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C-12+ | | | | GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG |
| consensus | | | | GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG |
| C-12+ | | | | GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG |
| consensus | | | | GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG |
| C-12+ | | | | GAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT |
| consensus | | | | GAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT |
| C-12+ | | | | TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT |
| consensus | | | | TCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT |
| C-12+ | | | | TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA |
| consensus | | | | TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA |
| C-12+ | | | | GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCCAGGGCGGTTCCCTTAAGTC |
| C-12+ | | | | GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCCAGGGCGGTTCCCTTAAGTC |
| consensus | | | | GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCCAGGGCGGTTCCCTTAAGTC |
| C-12+ | | | | TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGGAC |
| consensus | | | | TGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAACTGGGGAACCTTGAGGAC |
| C-12+ | | | | AGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC |
| consensus | | | | AGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC |
| C-12+ | | | | CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGC |
| consensus | | | | CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGC |
| C-12+ | | | | AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG |
| C-12+ | | | | AGTGTAGGTGTTAGGGG |
| consensus | | | | AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGG |
| C-12+ | | | | GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTA |
| C-12+ | | | | GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCG |
| consensus | | | | GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCG |
| C-12+ | | | | CAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA |
| consensus | | | | CAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA |

C-12 1AB



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU070360.1 | Halobacillus sp. B298Ydz-ds 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305178.1 | Halobacillus sp. S21-p gene for 16S rRNA, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305177.1 | Halobacillus sp. S19-p gene for 16S rRNA, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ658918.1 | Halobacillus sp. YACS12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ658917.1 | Halobacillus sp. YACS11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ448762.1 | Halobacillus sp. CN915 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189300.1 | Halobacillus sp. IS-Hb6 gene for 16S rRNA, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189299.1 | Halobacillus sp. IS-Hb5 gene for 16S rRNA, partial sequence | 659 | 659 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ999579.1 | Halobacillus sp. HLSB269 16S ribosomal RNA gene, partial sequen | 655 | 655 | 100% | 0.0 | 99% |

> [gb|EU070360.1](#) Halobacillus sp. B298Ydz-ds 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1457

Score = 659 bits (730), Expect = 0.0
Identities = 367/368 (99%), Gaps = 0/368 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB305178.1](#) Halobacillus sp. S21-p gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1434

Score = 659 bits (730), Expect = 0.0
Identities = 367/368 (99%), Gaps = 0/368 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB305177.1](#) Halobacillus sp. S19-p gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1437

Score = 659 bits (730), Expect = 0.0
Identities = 367/368 (99%), Gaps = 0/368 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ658918.1](#) Halobacillus sp. YACS12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=971

Score = 659 bits (730), Expect = 0.0
Identities = 367/368 (99%), Gaps = 0/368 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ658917.1](#) Halobacillus sp. YACS11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=971

Score = 659 bits (730), Expect = 0.0
Identities = 367/368 (99%), Gaps = 0/368 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-12 1AB

TAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGC
CCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCCTGACATCC
TTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAG
CTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTCA
GTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATG
CCCCTTATGACCTGGGCTACACACG

>C12 785F+907R

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTCTGTTGTTA

GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGATTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTCAAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACAGTGTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCACTTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACTCGCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

>C-12 1AB

TAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGG
CCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCC
TTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAG
CTCGTGTGTCGTCAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTCA
GTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATG
CCCTTATGACCTGGGCTACACACG

>C-12 785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTCAAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCACTTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACTCGCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAA

C-12 785F+907R+1AB Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

***** Contig 1 *****

c12+ C-12+ is in c12+

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

***** Contig 1 *****

```

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGGTAGCCGACCTGAAG
consensus GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGGTAGCCGACCTGAAG

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG
consensus GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT
consensus GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          TCGGATCGTAAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
consensus TCGGATCGTAAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          TGACGGTACCTAACGAGGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA
consensus TGACGGTACCTAACGAGGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTTAAGTC
consensus GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTTAAGTC

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          TGATGTGAAAAGCCCACGGCTCAACCCTGGAGGGTCATTGAAAAGTTGGGAACTTGAGGAC
consensus TGATGTGAAAAGCCCACGGCTCAACCCTGGAGGGTCATTGAAAAGTTGGGAACTTGAGGAC

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          AGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC
consensus AGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACAC

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC
consensus CAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGTAGGTGTTAGGGG
consensus AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGTAGGTGTTAGGGG

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCG
C-12+      TAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCG
consensus GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGCCG

c12+      . : . : . : . : . : . : . : . : . :
          CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
C-12+      CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
consensus CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
    
```

| | |
|-----------|---|
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| C-12+ | ATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA |
| consensus | ATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| C-12+ | GGGATTTCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGT |
| consensus | GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGT |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| C-12+ | GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTTCAG |
| consensus | GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTTCAG |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| C-12+ | TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT |
| consensus | TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| C-12+ | CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGCAGC |
| consensus | CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGCAGC |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | GAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAA |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGTGAATACG |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | TTCCCGGCCTTGTACACACCGCCGTCACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGG |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | TGAGGTAACCTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT |
| c12+ | . : . : . : . : . : . : . : |
| consensus | AA |

>C-12 M13F+341F+785F+907R+1AB

GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAGGGTGATCG
GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGG
ACGAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCCGGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTA
GGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGG
GAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGG
AACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAA
CAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCT
TAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGA
ATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
GGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATAGGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCA
TGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAG
TTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACG
TCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGA
AGCCGCAAGGTGTAGCAAAATCCATAAAACCATTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCAT
GAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGTTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACA
CCGCCCGTACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAGTCGGTGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGC
CGAAGGTGGGGCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCC
ATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAGCATCT

>C-12 M13F+341F+785F+907R+1AB Detayları

Number of segment pairs = 6; number of pairwise comparisons = 2
'+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

***** Contig 1 *****

341f+ C12341F+ is in 341f+
c12m13f-

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

***** Contig 1 *****

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG

consensus GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGGGACGATGCGTAGCCGACCTGAAG

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG

consensus GGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGG

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT
C12341F+ ATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCA-ACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT

consensus GAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAGACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCT

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ TCGGATCGTAAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
C12341F+ TCGGATCGTAAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT

consensus TCGGATCGTAAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA
C12341F+ TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA

consensus TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTA

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC
C12341F+ GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC

consensus GGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTC

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ TGATGTGAAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAAAGTGGGAACTTGAGGAC
C12341F+ TGATGTGAAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAAAGTGGGAACTTGAGGAC

consensus TGATGTGAAAAGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAAAGTGGGAACTTGAGGAC

 . : . : . : . : . : . : . :
341f+ AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCCGTAGATATGTGGAGGAACAC
C12341F+ AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCCGTAGATATGTGGAGGAACAC

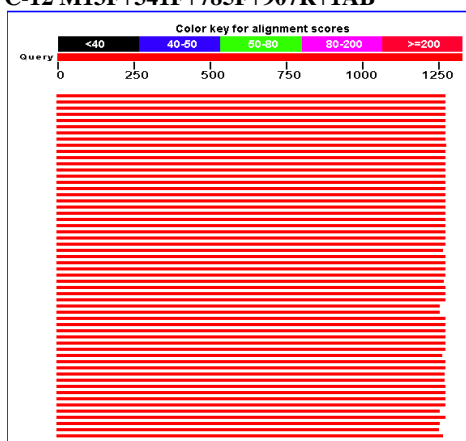
consensus AGAAGAGGAGAGTGGAAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCCGTAGATATGTGGAGGAACAC

```

      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   CAGTGGCGAAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC
C12341F+ CAGTGGCGAAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC
consensus CAGTGGCGAAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGC
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGG
C12341F+ AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA
consensus AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGG
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCTGGGGAGTACGGCCG
consensus GCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCTGGGGAGTACGGCCG
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
c12m13f- GGGGCCCGCACAAAGCGGTG-AGCATGTGGTT-A
consensus CAAGGCTGAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTA
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   ATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA
c12m13f- ATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA
consensus ATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTGGACCTCCCTAGAGATA
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTG CATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGT
c12m13f- GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTG CATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGT
consensus GGGACTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTG CATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGT
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACG
c12m13f- GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACG
consensus GAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACG
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT
c12m13f- TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT
consensus TTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAAT
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGCGAGC
c12m13f- CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGCGAGC
consensus CATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAAGGCGAGC
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   GAAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAAACCACTTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAA
c12m13f- GAAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAAACCACTTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAA
consensus GAAAGCCGCAAGGTGTAGCAAATCCCATAAAAACCACTTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAA
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGGGATCAGCATGCCCGGGTGAATACG
c12m13f- CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGGGATCAGCATGCCCGGGTGAATACG
consensus CTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGGGATCAGCATGCCCGGGTGAATACG
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG
c12m13f- TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG
consensus TTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCACGAGAGTTGGCAACACCCGAAAGTCGG
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCCGCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT
c12m13f- TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCCGCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT
consensus TGAGGTAACCTTTTTGGAGCCAGCCCGCGAAGGTGGGGCCAATGATTGGGGTGAAGTCGT
      . : . : . : . : . : . : . :
341f+   AA
c12m13f- AAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAG
consensus AAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCGGCCGCTGTAGCAG
      . : . : . : . : . : . : . :
c12m13f- CATCT
consensus CATCT

```

C-12 M13F+341F+785F+907R+1AB



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|-----------------------------|---|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU308340.1 | Halobacillus sp. SB115 3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2253 | 2253 | 96% | 0.0 | 99% |
| EU308339.1 | Halobacillus sp. SB115 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2253 | 2253 | 96% | 0.0 | 99% |
| EU308338.1 | Halobacillus sp. SB115 1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2253 | 2253 | 96% | 0.0 | 99% |
| DQ448799.1 | Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 2253 | 2253 | 96% | 0.0 | 99% |
| AM990893.1 | Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection | 2251 | 2251 | 95% | 0.0 | 99% |
| DQ448762.1 | Halobacillus sp. CNJ915 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 2248 | 2248 | 96% | 0.0 | 99% |
| NR_025459.1 | Halobacillus trueperi strain DSM 10404 16S ribosomal RNA, complet | 2248 | 2248 | 96% | 0.0 | 99% |
| AY505522.1 | Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial | 2244 | 2244 | 96% | 0.0 | 99% |
| EU880526.1 | Halobacillus sp. PRE27 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2239 | 2239 | 96% | 0.0 | 99% |
| EF486356.1 | Halobacillus campisalis strain ASL-17 16S ribosomal RNA gene, part | 2239 | 2239 | 96% | 0.0 | 99% |

> [gb|EU308340.1](#) Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 2253 bits (2498), Expect = 0.0
Identities = 1265/1273 (99%), Gaps = 2/1273 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU308339.1](#) Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 2253 bits (2498), Expect = 0.0
Identities = 1265/1273 (99%), Gaps = 2/1273 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU308339.1](#) Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 2253 bits (2498), Expect = 0.0
Identities = 1265/1273 (99%), Gaps = 2/1273 (0%)
Strand=Plus/Plus

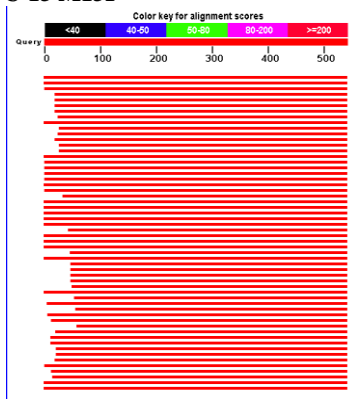
> [gb|DQ448799.1](#) Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1530

Score = 2253 bits (2498), Expect = 0.0
Identities = 1265/1273 (99%), Gaps = 2/1273 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM990893.1](#) Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection
MOLA:119
Length=1519

Score = 2251 bits (2496), Expect = 0.0
Identities = 1264/1272 (99%), Gaps = 2/1272 (0%)
Strand=Plus/Plus

C-13 M13F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 973 | 973 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 973 | 973 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 971 | 971 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGWV4 16S ribosomal RNA gene, | 937 | 937 | 96% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 937 | 937 | 96% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSI | 937 | 937 | 96% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 937 | 937 | 96% | 0.0 | 99% |
| AJ717694.1 | Halomonas sp. C12.3 partial 16S rRNA gene, strain C12.3 | 928 | 928 | 95% | 0.0 | 99% |
| FN257741.1 | Halomonas maura partial 16S rRNA gene, strain S-31 | 924 | 924 | 100% | 0.0 | 97% |
| AJ717693.1 | Halomonas sp. C11.5 partial 16S rRNA gene, strain C11.5 | 921 | 921 | 95% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 973 bits (1078), Expect = 0.0
Identities = 541/542 (99%), Gaps = 0/542 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 973 bits (1078), Expect = 0.0
Identities = 541/542 (99%), Gaps = 0/542 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ295145.1|](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 971 bits (1076), Expect = 0.0
Identities = 540/541 (99%), Gaps = 0/541 (0%)
Strand=Plus/Plus

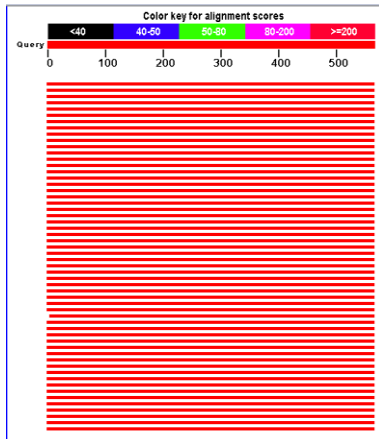
> [gb|EU780462.1|](#) Uncultured Halomonas sp. clone KVGWV4 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1080

Score = 937 bits (1038), Expect = 0.0
Identities = 521/522 (99%), Gaps = 0/522 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C13 M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGTACGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCCGGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGT

C-13 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 1020 | 1020 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1016 | 1016 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305211.1 | Halomonas sp. S4-7 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1016 | 1016 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ131909.1 | Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1016 | 1016 | 100% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 1020 bits (1130), Expect = 0.0
Identities = 567/568 (99%), Gaps = 0/568 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU780462.1|](#) Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1080

Score = 1020 bits (1130), Expect = 0.0
Identities = 567/568 (99%), Gaps = 0/568 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 1020 bits (1130), Expect = 0.0
Identities = 567/568 (99%), Gaps = 0/568 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [db|AB167061.1|](#) Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 1020 bits (1130), Expect = 0.0
Identities = 567/568 (99%), Gaps = 0/568 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-13 341F

CCTGATCCAGCCATGCTGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAA
CGTTGTGGGTTAATACCCCTGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCCGGCTAACTCCGTGCCA
GCAGCCGGGTAATACCGGAGGGTGCAAGCGGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGTAGGCGG
CTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTAGGCTAGAG
TGCAGGAGAGGAAGGTAGAATCCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGT
GGCGAAGGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAG
ATACCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCA
GTTAACCGGATAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCAAATGAATTGACGGGG
GCCCCACAAGCGGTGGAGCATGT

>C-13 M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGACGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG

GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGT

>C-13 341F

CCTGATCCAGCCATGCTGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAA
CGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCA
GCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGG
CTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACTGGGAACGGCATCCGGAACGTCAAGGCTAGAG
TGCAGGAGAGGAAGGTAGAATCCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGT
GGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAG
ATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTGGCGCA
GTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGG
GCCCCACAAGCGGTGGAGCATGT

>C-13 M13F+341F

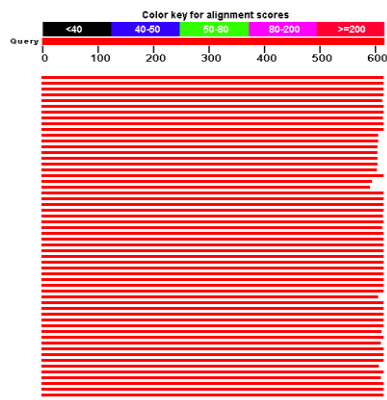
AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCCGGTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGAC
TAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAAC TCAAATGAATTGACGGGGCCCCGACAAGCGGTGGAGCATGT

C-13 M13F+341F Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| c13+ | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| c13+ | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| c13+ | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| c13+ | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| c13+ | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| consensus | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| c13+ | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCCGGATTAGCT |
| consensus | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCCGGATTAGCT |
| c13+ | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGCCCGGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| consensus | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGCCCGGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| c13+ | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| consensus | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| c13+ | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGCTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| c13+ | | | CCTGATCCAGCCATGCTGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| consensus | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGCTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| c13+ | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| c13+ | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| consensus | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| c13+ | | | CGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| c13+ | | | CGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| consensus | | | CGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| c13+ | | | GT |
| c13+ | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| consensus | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| c13+ | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| consensus | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| c13+ | | | GGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| consensus | | | GGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| c13+ | | | GGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT |
| consensus | | | GGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT |
| c13+ | | | AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTGAGACC |
| consensus | | | AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTGAGACC |
| c13+ | | | TTTGTGGCGCAGTTAACGGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA |
| consensus | | | TTTGTGGCGCAGTTAACGGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA |
| c13+ | | | CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGT |
| consensus | | | CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGT |

C-13 785F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 1099 | 1099 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 1099 | 1099 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSI | 1099 | 1099 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 1099 | 1099 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 1095 | 1095 | 99% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1090 | 1090 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1086 | 1086 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU491513.1 | Halomonas salina isolate HSNRP2 16S ribosomal RNA gene, partial : | 1085 | 1085 | 99% | 0.0 | 99% |
| FJ348438.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE qel band ntu90 16S ribosor | 1081 | 1081 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ348420.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE qel band ntu46 16S ribosor | 1077 | 1077 | 100% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 1099 bits (1218), Expect = 0.0
Identities = 611/612 (99%), Gaps = 0/612 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ295145.1|](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 1099 bits (1218), Expect = 0.0
Identities = 611/612 (99%), Gaps = 0/612 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243448.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSM 5928
Length=1493

Score = 1099 bits (1218), Expect = 0.0
Identities = 611/612 (99%), Gaps = 0/612 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243447.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATCC 49509
Length=1493

Score = 1099 bits (1218), Expect = 0.0
Identities = 611/612 (99%), Gaps = 0/612 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 1095 bits (1214), Expect = 0.0
Identities = 609/610 (99%), Gaps = 0/610 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-13 785F

GTTAACGCGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACTCAAATGAATTGACGGGG
GCCCCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACAT
CGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGT
CAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGA
TTCGGTCGGGAACCTAGGGAGACTGCCGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGCTCAGGTCAT
CATGGCCCTTACGACTAGGGCTACACCGTGTCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCCGTCAG
GGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGG
AATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTC
ACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

>C-13 M13F+341F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGT

>C-13 785F

GTAAACGCGATAAGTCGACCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGG
GCCCCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACTACTCTTGACAT
CGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGT
CAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGA
TTCGGTTCGGAACTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCAT
CATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGAG
GGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGG
AATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCGTC
ACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

>C-13 M13F+341F+785F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCG
ATGCAACGCGAAGAACCCTTACTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCG
GGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTACGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTA
ACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCATTCCGGTCCGGAAGTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAA
ACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACTGCTACA
ATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGA
TCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGA
ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

C-13 M13F+341F+785F Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13M13F+341F+ | | | |
| c13785f+ | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13M13F+341F+ | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| C13M13F+341F+ | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| C13M13F+341F+ | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAAAGCTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| consensus | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAAAGCTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| C13M13F+341F+ | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| consensus | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| C13M13F+341F+ | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| consensus | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| C13M13F+341F+ | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAAGCTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| consensus | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAAGCTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| C13M13F+341F+ | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGT |
| consensus | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGT |
| C13M13F+341F+ | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCGCTTGTGGGTTAATACCTGCAAGAAGGACATCACT |
| consensus | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCGCTTGTGGGTTAATACCTGCAAGAAGGACATCACT |
| C13M13F+341F+ | | | CGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| consensus | | | CGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| C13M13F+341F+ | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| consensus | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| C13M13F+341F+ | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| consensus | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| C13M13F+341F+ | | | GGTAGAATTCGGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAA |
| consensus | | | GGTAGAATTCGGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAA |

```

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13M13F+341F+  GGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGATT
consensus      GGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGATT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13M13F+341F+  AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGACC
consensus      AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGACC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13M13F+341F+  TTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA
c13785f+      GTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA
consensus      TTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13M13F+341F+  CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGT
c13785f+      CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGATGCAA
consensus      CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGATGCAA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      CGCGAAGAACCTTACCTACTCTTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT
consensus      CGCGAAGAACCTTACCTACTCTTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAAATGTTGGG
consensus      TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAAATGTTGGG

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTGGTTCGGGAACTC
consensus      TTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTGGTTCGGGAACTC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TAGGGAGACTGCCCGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC
consensus      TAGGGAGACTGCCCGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA
consensus      CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG
consensus      GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG

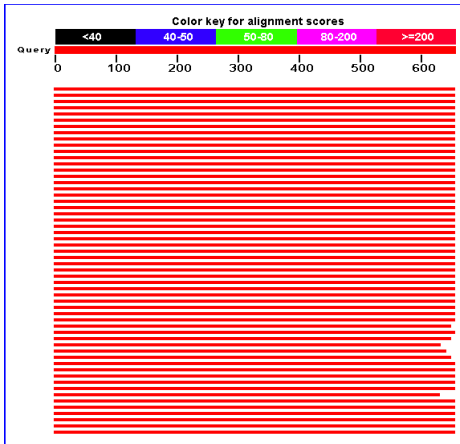
      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC
consensus      TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TTGTACACACCGCCCGTCAACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACT
consensus      TTGTACACACCGCCCGTCAACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
c13785f+      TCGGAGGGCGATCACACCGGTGT
consensus      TCGGAGGGCGATCACACCGGTGT

```


C-13 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 1175 | 1175 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ131909.1 | Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1171 | 1171 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ237388.1 | Halomonas sp. JSM 077020 16S ribosomal RNA gene, partial sequer | 1166 | 1166 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1166 | 1166 | 100% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 1175 bits (1302), Expect = 0.0
Identities = 653/654 (99%), Gaps = 0/654 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU780462.1|](#) Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1080

Score = 1175 bits (1302), Expect = 0.0
Identities = 653/654 (99%), Gaps = 0/654 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 1175 bits (1302), Expect = 0.0
Identities = 653/654 (99%), Gaps = 0/654 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB167061.1|](#) Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 1175 bits (1302), Expect = 0.0
Identities = 653/654 (99%), Gaps = 0/654 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-13 907R

```
GCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGG
CTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCC
CGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCG
CGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCC
TGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAAGCCTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGA
GGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA
AAGCCCCGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAG
AATCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGG
ACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTT
```

>C-13 M13F+341F+785F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCAGGTAGCGG
GTGAAATGCGTAGAGTCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCG
ATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCG
GGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTA
ACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTCCGGTCCGGAACTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAA
ACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACA
ATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCAGGAGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGA
TCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGA
ATACGTTCCCAGGCGCTTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

>C-13 907R

GCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGG
CTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCC
CGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCG
CGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCC
TGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGA
GGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA
AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAG
AATTCCCAGGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCTTCTGG
ACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGC
CGTAAACGATGTGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTT

>C-13+M13F+341F+785F+907R

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCAGGTAGCGG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCG
ATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCG
GGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGTCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTA
ACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTCCGGTCCGGAACTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAA
ACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACA
ATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCAGGAGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGA
TCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGA
ATACGTTCCCAGGCGCTTGTACACACCGCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

C-13+M13F+341F+785F+907R Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting Overlap |
|-----------------------------|-----------------|--------------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13+ | c13+ is in C13+ | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13+ | | | AGAGTTTGCATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAAGTCGAGC |
| consensus | | | AGAGTTTGCATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAAGTCGAGC |
| C13+ | | | GGAACCGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | GGAACCGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| C13+ | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCCAA |
| consensus | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCCAA |
| C13+ | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| c13+ | | | GCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| consensus | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| C13+ | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| c13+ | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| consensus | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| C13+ | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| c13+ | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| consensus | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| C13+ | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| c13+ | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| consensus | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGT |
| C13+ | | | AAAGCCTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| c13+ | | | AAAGCCTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| consensus | | | AAAGCCTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| C13+ | | | CGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCCGTCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGC |
| c13+ | | | CGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCCGTCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGC |
| consensus | | | CGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCCGTCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGC |
| C13+ | | | GTTAATCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| c13+ | | | GTTAATCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| consensus | | | GTTAATCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAA |
| C13+ | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| c13+ | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| consensus | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| C13+ | | | GGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| c13+ | | | GGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| consensus | | | GGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| C13+ | | | GGCGGCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT |
| c13+ | | | GGCGGCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT |
| consensus | | | GGCGGCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT |

```

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACCGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCTCGAGACC
c13+ AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACCGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCTCGAGACC

consensus AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA AACCGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCTCGAGACC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA
c13+ TT

consensus TTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAAATTCGATGCAA
consensus CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGTTTAAATTCGATGCAA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ CGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT
consensus CGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGG
consensus TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGG

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGTCCTATTTGCCAGCGATTCCGGTCGGGAACCT
consensus TTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGTCCTATTTGCCAGCGATTCCGGTCGGGAACCT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TAGGGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC
consensus TAGGGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA
consensus CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG
consensus GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG

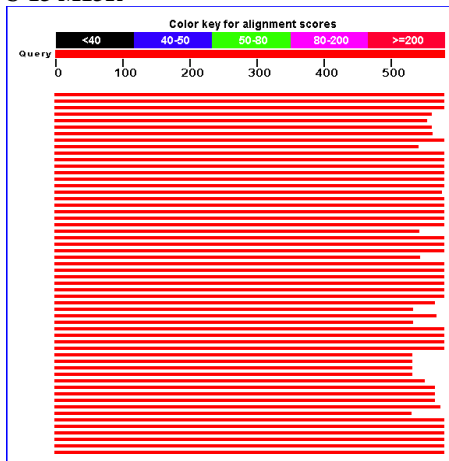
      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC
consensus TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAAGTGGTTAGCCTAACT
consensus TTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAAGTGGTTAGCCTAACT

      .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :   .   :
C13+ TCGGAGGGCGATCACACGGTGT
consensus TCGGAGGGCGATCACACGGTGT

```

C-13 M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|-----------------------------|--|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 1031 | 1031 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 1031 | 1031 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 1031 | 1031 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 991 | 991 | 96% | 0.0 | 99% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 989 | 989 | 95% | 0.0 | 99% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence | 987 | 987 | 96% | 0.0 | 99% |
| FJ348438.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE qel band ntu90 16S ribosor | 985 | 985 | 97% | 0.0 | 99% |
| NR_025054.1 | Halomonas alimentaria strain YKJ-16 16S ribosomal RNA, partial seq | 967 | 967 | 100% | 0.0 | 97% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 966 | 966 | 93% | 0.0 | 99% |
| L42617.1 | Deleya salina 16S ribosomal RNA (16S rRNA) gene | 966 | 966 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308363.1 | Halomonas sp. 50B22 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 962 | 962 | 100% | 0.0 | 97% |

> [emb|AJ295145.1|](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 1031 bits (1142), Expect = 0.0
Identities = 574/576 (99%), Gaps = 0/576 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243448.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSM 5928
Length=1493

Score = 1031 bits (1142), Expect = 0.0
Identities = 574/576 (99%), Gaps = 0/576 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243447.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATCC 49509
Length=1493

Score = 1031 bits (1142), Expect = 0.0
Identities = 574/576 (99%), Gaps = 0/576 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB167061.1|](#) Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 991 bits (1098), Expect = 0.0
Identities = 554/557 (99%), Gaps = 0/557 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-13 M13R

GCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAG
CGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCT
CGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTCCG
TCGGGAACCTAGGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGG
CCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGTTACAATGGGCTGCCATCCCGCGAATCGGA
GCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGATCTGCAACTCGACTCCCGTGAAGTCGGAATCGC
TAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCA
TGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAECTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGA
CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC

>C-13+M13F+341F+785F+907R

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGACGGTACAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCG
ATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCTTCG
GGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTA
ACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTTCGGTCCGGAACTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAA
ACCGGAGGAAGGTGGGACGACGTCAGGTACATCGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACA
ATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGA
TCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGA
ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGT

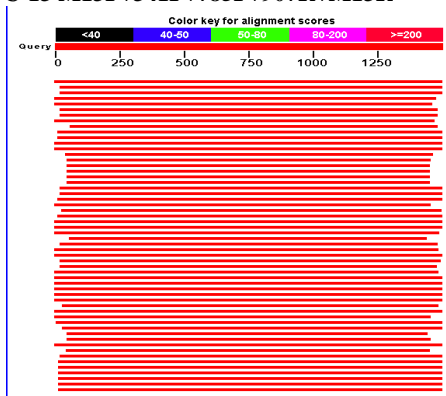
>C-13 M13R

GCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAG
CGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCT
CGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTTCGG
TCGGGAACCTTAGGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTATCATGCG
CCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCCGAGGGGGGA
GCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGC
TAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCA
TGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGA
CTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC

C-13 M13F+341F+785F+907R+M13R

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATC
ACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAA
TCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAA
CCTGGGAACGGCATCCGGAACGTGACGGTACAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCG
GTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCGAAGGCGGCCCTTCTGGACTGACACTGACGCTG
AGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTTCGAC
TAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCG
ATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCTTCG
GGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGTCTGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTA
ACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATTTCGGTCCGGAACTCTAGGGAGACTGCCGGTGACAA
ACCGGAGGAAGGTGGGACGACGTCAGGTACATATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACA
ATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGA
TCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGA
ATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC

C-13 M13F+341F+785F+907R+M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 2688 | 2688 | 99% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSI | 2654 | 2654 | 98% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 2654 | 2654 | 98% | 0.0 | 99% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 2650 | 2650 | 98% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 2626 | 2626 | 97% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB 386 gene for 16S rRNA, partial sequence | 2616 | 2616 | 97% | 0.0 | 99% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB 393 gene for 16S rRNA, partial sequence | 2529 | 2529 | 97% | 0.0 | 98% |
| AJ616910.1 | Halomonas organivorans partial 16S rRNA gene, type strain G-16.1 | 2520 | 2520 | 98% | 0.0 | 98% |
| FJ348438.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE gel band ntu90 16S ribosor | 2516 | 2516 | 94% | 0.0 | 99% |

> [emb|AJ295145.1|](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 2688 bits (2980), Expect = 0.0
Identities = 1495/1498 (99%), Gaps = 0/1498 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243448.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSM 5928
Length=1493

Score = 2654 bits (2942), Expect = 0.0
Identities = 1476/1479 (99%), Gaps = 0/1479 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243447.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATCC 49509
Length=1493

Score = 2654 bits (2942), Expect = 0.0
Identities = 1476/1479 (99%), Gaps = 0/1479 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 2650 bits (2938), Expect = 0.0
Identities = 1472/1474 (99%), Gaps = 0/1474 (0%)
Strand=Plus/Plus

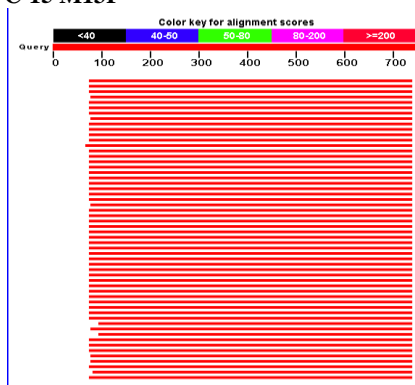
C-13 M13F+341F+785F+907R+M13R Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13M13F341F785907R+ | | | c13+ |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| C13M13F341F785907R+ | | | AGAGTTTGCATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | | | AGAGTTTGCATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| C13M13F341F785907R+ | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| C13M13F341F785907R+ | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAAAGCTTGAAGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| consensus | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAAAGCTTGAAGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| C13M13F341F785907R+ | | | GGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| consensus | | | GGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCT |
| C13M13F341F785907R+ | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| consensus | | | AGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCA |
| C13M13F341F785907R+ | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| consensus | | | GCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG |
| C13M13F341F785907R+ | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGTTGT |
| consensus | | | GACAGTGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGTTGT |
| C13M13F341F785907R+ | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| consensus | | | AAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACT |
| C13M13F341F785907R+ | | | CGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| consensus | | | CGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGGTAATACGGAGGGTGCAAGC |
| C13M13F341F785907R+ | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGTTGTGAAA |
| consensus | | | GTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGTTGTGAAA |
| C13M13F341F785907R+ | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| consensus | | | GCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAA |
| C13M13F341F785907R+ | | | GGTAGAATTCGGTGTAGCGGTGAAATGCCTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| consensus | | | GGTAGAATTCGGTGTAGCGGTGAAATGCCTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAA |
| C13M13F341F785907R+ | | | GCCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGATT |
| consensus | | | GCCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGATT |
| C13M13F341F785907R+ | | | AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACC |
| consensus | | | AGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTGCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACC |

| | |
|-----------------------------|---|
| C13M13F341F785907R+ | . : . : . : . : . : . : . : TTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA |
| consensus | TTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAA GCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAA |
| consensus | CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGATGCAA |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : CGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT CGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT |
| consensus | CGCGAAGAACCCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTCCAGAGATGGATGGGTGCCT |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGG TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGG |
| consensus | TCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGG |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGCCCTATTTGCCAGCGATTTCGGTCGGGAACCTC TTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGCCCTATTTGCCAGCGATTTCGGTCGGGAACCTC |
| consensus | TTAAGTCCCCTAACGAGCGCAACCCTTGCCCTATTTGCCAGCGATTTCGGTCGGGAACCTC |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TAGGGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC TAGGGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC |
| consensus | TAGGGAGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCC |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA |
| consensus | CTTACGAGTAGGGCTACACACGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGA |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG |
| consensus | GGGGGAGCTAATCTCATAAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCG |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC |
| consensus | TGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAAATGGCACGGTGAATACGTTCCCGGGCC |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACT TTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACT |
| consensus | TTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTAACT |
| C13M13F341F785907R+ c13+ | . : . : . : . : . : . : . : . : TCGGAGGGCGATCACCACGGTGT TCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC |
| consensus | TCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC |

C-15 M13F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AF166093.1 | Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence | 1115 | 1115 | 89% | 0.0 | 97% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1113 | 1113 | 89% | 0.0 | 97% |
| AY505533.1 | Virgibacillus marismortui strain GSP17 16S ribosomal RNA gene, pa | 1113 | 1113 | 89% | 0.0 | 97% |
| DQ089674.1 | Virgibacillus marismortui strain I121 16S ribosomal RNA gene, parti | 1113 | 1113 | 88% | 0.0 | 97% |
| EU276089.1 | Virgibacillus sp. NH5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1112 | 1112 | 89% | 0.0 | 97% |
| DQ139839.3 | Virgibacillus olivae strain E308 16S ribosomal RNA gene, partial seq | 1112 | 1112 | 89% | 0.0 | 97% |
| AJ009793.1 | Bacillus marismortui strain 123, 16S ribosomal RNA | 1110 | 1110 | 89% | 0.0 | 97% |
| DQ010162.1 | Virgibacillus marismortui strain I15 16S ribosomal RNA gene, partia | 1108 | 1108 | 88% | 0.0 | 97% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence | 1106 | 1106 | 89% | 0.0 | 97% |
| AB267677.1 | Virgibacillus marismortui gene for 16S ribosomal RNA, strain: NB2-: | 1101 | 1101 | 89% | 0.0 | 97% |

> [gb|AF166093.1|AF166093](#) Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence
Length=1560

Score = 1115 bits (1236), Expect = 0.0
Identities = 659/674 (97%), Gaps = 11/674 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|EU435360.1](#) Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1538

Score = 1113 bits (1234), Expect = 0.0
Identities = 659/674 (97%), Gaps = 11/674 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|AY505533.1](#) Virgibacillus marismortui strain GSP17 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1536

Score = 1113 bits (1234), Expect = 0.0
Identities = 659/674 (97%), Gaps = 11/674 (1%)
Strand=Plus/Minus

> [gb|DQ089674.1](#) Virgibacillus marismortui strain I121 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1524

Score = 1113 bits (1234), Expect = 0.0
Identities = 657/671 (97%), Gaps = 11/671 (1%)
Strand=Plus/Minus

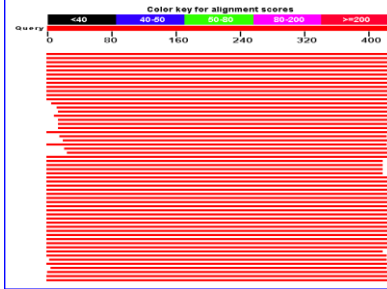
> [gb|EU276089.1](#) Virgibacillus sp. NH5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1532

Score = 1112 bits (1232), Expect = 0.0
Identities = 659/675 (97%), Gaps = 12/675 (1%)
Strand=Plus/Minus

>C-15 2 M13F

CTATAGGGCGAATTGGGCCCTCTAGATGCTGCTCCAGCGGCCGCCAGTGTGATGGATATCTGCAGAATT
CGCCCTTGGTTACCTTGTACGACTTCACCCCAATCATTGGTCCCACCTTCGGCGGCTGGCTCCAAAAGG
TTACCTCACCGACTTCGGGTGTTACCAACTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAAC
GTATTCACCGCGGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCGGCTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTG
CAATCCGAAGTGAAGAATGGTTTTATGGGATTTGCTTGACCTCACGGCTTCGCTGCCCTTTGTTCCATCCA
TTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCCGGT
TTGTCACCGGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTT
GCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTGTCCCC
GAAGGGAACATCCTATCTCTAGGATTGGCAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTC
GAATTAACCACATGCTCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCAATTCTTNGAGTTCAGCCTGCGGCCGTACT
CCCAGGCGGAGTCTAATGCGTAACTCAGCACTAAGGGCGGAAACCCCTACAC

C-15 1B



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGWV4 16S ribosomal RNA gene, | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ717694.1 | Halomonas sp. C12.3 partial 16S rRNA gene, strain C12.3 | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ717693.1 | Halomonas sp. C11.5 partial 16S rRNA gene, strain C11.5 | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DS1 | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 720 | 720 | 100% | 0.0 | 98% |
| AJ717719.1 | Halomonas sp. H21.2 partial 16S rRNA gene, strain H21.2 | 715 | 715 | 100% | 0.0 | 97% |
| AJ717708.1 | Halomonas sp. F18.2 partial 16S rRNA gene, strain F18.2 | 715 | 715 | 100% | 0.0 | 97% |

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 720 bits (798), Expect = 0.0
Identities = 415/423 (98%), Gaps = 2/423 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 720 bits (798), Expect = 0.0
Identities = 415/423 (98%), Gaps = 2/423 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 720 bits (798), Expect = 0.0
Identities = 415/423 (98%), Gaps = 2/423 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ717694.1|](#) Halomonas sp. C12.3 partial 16S rRNA gene, strain C12.3
Length=813

Score = 720 bits (798), Expect = 0.0
Identities = 415/423 (98%), Gaps = 2/423 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ717693.1|](#) Halomonas sp. C11.5 partial 16S rRNA gene, strain C11.5
Length=791

Score = 720 bits (798), Expect = 0.0
Identities = 415/423 (98%), Gaps = 2/423 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C15-1B

GCAGGCCTAACCCATGCAAGTCGAGCGGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTACAGCGGCGGACG
GGTAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGATGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGC
ATACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGACCTTGCCTATCGGATGAACCTATGTCGGATTA
GCTAGTTGGTGAGGTAGTGGCTCACCAAGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCAC
ATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGA
AAGGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGA
AGAACGCCTGTGGGTT

C-15 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FJ348418.1 | Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribos | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868858.1 | Virgibacillus sp. S57-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868857.1 | Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868856.1 | Virgibacillus sp. S79-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ861267.1 | Bacillus sp. SB32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EF150758.1 | Bacillus sp. HPB29 16S ribosomal RNA gene, complete sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU095647.1 | Virgibacillus marismortui strain NT-6 16S ribosomal RNA gene, parti | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305203.1 | Virgibacillus marismortui gene for 16S rRNA, partial sequence | 729 | 729 | 100% | 0.0 | 99% |

> [cb|FJ348418.1](#) Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1464

Score = 729 bits (808), Expect = 0.0
Identities = 408/409 (99%), Gaps = 1/409 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [cb|EU868858.1](#) Virgibacillus sp. S57-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1463

Score = 729 bits (808), Expect = 0.0
Identities = 408/409 (99%), Gaps = 1/409 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [cb|EU868857.1](#) Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1460

Score = 729 bits (808), Expect = 0.0
Identities = 408/409 (99%), Gaps = 1/409 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [cb|EU868856.1](#) Virgibacillus sp. S79-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1427

Score = 729 bits (808), Expect = 0.0
Identities = 408/409 (99%), Gaps = 1/409 (0%)
Strand=Plus/Plus

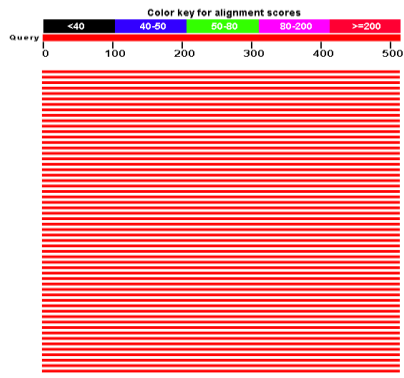
> [cb|DQ861267.1](#) Bacillus sp. SB32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=848

Score = 729 bits (808), Expect = 0.0
Identities = 408/409 (99%), Gaps = 1/409 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-15 341F

GACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAACTCTGTTGTCA
GGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTGACCAGAAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTCTTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAG
GACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA
ACACAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAACGTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCGAAC
A

C15 785F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AF166093.1 | Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ348418.1 | Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribos | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU868858.1 | Virgibacillus sp. S57-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU868857.1 | Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU095647.1 | Virgibacillus marismortui strain NT-6 16S ribosomal RNA gene, parti | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB305203.1 | Virgibacillus marismortui gene for 16S rRNA, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB305196.1 | Virgibacillus sp. IRW2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB305189.1 | Virgibacillus sp. Sa3-11 gene for 16S rRNA, partial sequence | 870 | 870 | 100% | 0.0 | 98% |

> [gb|AF166093.1|AF166093](#) Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence
Length=1560

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 508/518 (98%), Gaps = 6/518 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ348418.1](#) Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1464

Score = 870 bits (964), Expect = 0.0
Identities = 508/518 (98%), Gaps = 6/518 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868858.1](#) Virgibacillus sp. S57-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1463

Score = 870 bits (964), Expect = 0.0
Identities = 508/518 (98%), Gaps = 6/518 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868857.1](#) Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1460

Score = 870 bits (964), Expect = 0.0
Identities = 508/518 (98%), Gaps = 6/518 (1%)
Strand=Plus/Plus

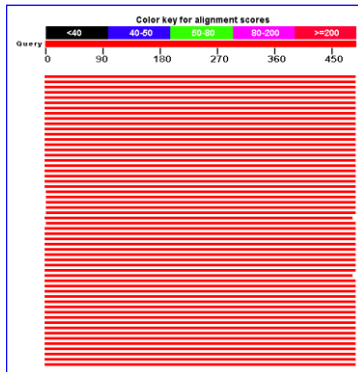
> [dbj|AB197851.2](#) Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1564

Score = 870 bits (964), Expect = 0.0
Identities = 508/518 (98%), Gaps = 6/518 (1%)
Strand=Plus/Plus

>C-15 785

ATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGG
GGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGG
TTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCCAATCCTAGAGATAGGATG
TTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCGTGAGATGTTGGGTTA
AGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCC
GGTGACAAACCGGAGGAANGTGGGGATGACGTCAATCATCATGCCCTTATGACCTGNGCTACACACG
TGCTACAATGGATTGGAACAAANGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAGCAAATCCCATAAAACCCATTCTC
AGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCCTGCATGAA

C-15 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FJ348418.1 | Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribos | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| EU868858.1 | Virgibacillus sp. S57-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| EU868857.1 | Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| EU868856.1 | Virgibacillus sp. S79-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| DQ861267.1 | Bacillus sp. SB32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| EU095647.1 | Virgibacillus marismortui strain NT-6 16S ribosomal RNA gene, parti | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB305203.1 | Virgibacillus marismortui gene for 16S rRNA, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB305196.1 | Virgibacillus sp. IRW2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB305189.1 | Virgibacillus sp. Sa3-11 gene for 16S rRNA, partial sequence | 780 | 780 | 100% | 0.0 | 97% |

> [gb|FJ348418.1](#) Uncultured Virgibacillus sp. isolate DGGE gel band ntu249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1464

Score = 780 bits (864), Expect = 0.0
Identities = 472/485 (97%), Gaps = 10/485 (2%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868857.1](#) Virgibacillus sp. S57-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1460

Score = 780 bits (864), Expect = 0.0
Identities = 472/485 (97%), Gaps = 10/485 (2%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868856.1](#) Virgibacillus sp. S79-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1427

Score = 780 bits (864), Expect = 0.0
Identities = 472/485 (97%), Gaps = 10/485 (2%)
Strand=Plus/Plus

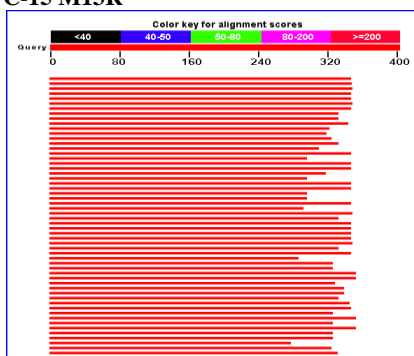
> [gb|DQ861267.1](#) Bacillus sp. SB32 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=848

Score = 780 bits (864), Expect = 0.0
Identities = 472/485 (97%), Gaps = 10/485 (2%)
Strand=Plus/Plus

>C-15 907R

ATGAAGGTTTTTCGGATCGTTAAAACCTCTGTTGTCAGGGAAGAACAAGTGCCGTTACAATAGGGCGGC
ACCTGGACGGTACATGACCAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGTAGGG
GGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTCGGGCGGTAAGCGCGCGCAGGCGGTCCTTTAAGTCTTGATGTGAA
AGCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAACTGGAGTACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGTGA
ATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGGTGGCGAAGGGCGACTCTCTTG
GTCTGTAACTGACCGTGAAGGTGCGAAAGCGTGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAC
GCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCA
CTCCGCC

C-15 M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ009793.1 | Bacillus marismortui strain 123, 16S ribosomal RNA | 549 | 549 | 86% | 4e-153 | 96% |
| DQ139839.3 | Virgibacillus olivae strain E308 16S ribosomal RNA gene, partial seq | 544 | 544 | 86% | 2e-151 | 95% |
| DQ010162.1 | Virgibacillus marismortui strain I15 16S ribosomal RNA gene, parti | 544 | 544 | 86% | 2e-151 | 95% |
| EU276089.1 | Virgibacillus sp. NH5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 540 | 540 | 86% | 2e-150 | 95% |
| DQ089674.1 | Virgibacillus marismortui strain I121 16S ribosomal RNA gene, parti | 540 | 540 | 86% | 2e-150 | 95% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius qene for 16S rRNA, partial sequence | 538 | 538 | 86% | 7e-150 | 95% |
| AF166093.1 | Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence | 538 | 538 | 86% | 7e-150 | 95% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 536 | 536 | 82% | 2e-149 | 96% |
| AY505533.1 | Virgibacillus marismortui strain GSP17 16S ribosomal RNA gene, pa | 533 | 533 | 82% | 3e-148 | 96% |
| AB267677.1 | Virgibacillus marismortui gene for 16S ribosomal RNA, strain: NB2- | 527 | 527 | 85% | 1e-146 | 95% |

```
>[emb|AJ009793.1|BMA9793] Bacillus marismortui strain 123, 16S ribosomal RNA
Length=1563

Score = 549 bits (608), Expect = 4e-153
Identities = 335/348 (96%), Gaps = 8/348 (2%)
Strand=Plus/Minus

>[gb|DQ139839.3] Virgibacillus olivae strain E308 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1564

Score = 544 bits (602), Expect = 2e-151
Identities = 334/349 (95%), Gaps = 8/349 (2%)
Strand=Plus/Minus

>[gb|DQ010162.1] Virgibacillus marismortui strain I15 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1530

Score = 544 bits (602), Expect = 2e-151
Identities = 335/350 (95%), Gaps = 8/350 (2%)
Strand=Plus/Minus

>[gb|EU276089.1] Virgibacillus sp. NH5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1532

Score = 540 bits (598), Expect = 2e-150
Identities = 333/348 (95%), Gaps = 8/348 (2%)
Strand=Plus/Minus
```

>C-15 M13R

```
CAGTCCCAGGGTGGCAGATCACCCCTCTCAGGTCGGCTACGCATCGTCGCCTTTGGTTAAGCCGTTTACC
TTACCAACTAGCTAATGCGCCCGGGCCCATCTGTAAGTGACAGCTAAAAAGCCGCCTTTCAACTTC
TCGTTATGCAACGAAAAGTATTATCCGGTATTAGCCCCGGTTTCCCGGGTTATCCCAGTCTTACAGGC
AGGTTGCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCCGCTCGTTCCACAGGCGTCACCTCCGAAGAGGATCTGCC
TGCTTCCCGCGCTCGACTTGCCATGTATTAGGCACGCCAGCGTTCGTCTGAGCCCCATGATCACACT
CTAAGGGCGCATTCAGCACACTGGCGCCGTTACTAGTGGATCTCGAGCTCGGTACC
```

>C-15 M13F

```
CTATAGGGCGAATTGGGCCCTCTAGATGCTGCTCCAGCGGCCAGTGTGATGGATATCTGCAGAATT
CGCCCTTGGTTACCTTGTACGACTTCACCCCAATCATTGGTCCCACCTTCGGCGGCTGGCTCCAAAAGG
TTACCTCACCGACTTCGGGTGTTACCAACTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAAC
GTATTCACCGCGCATGCTGATCCGCGATTACTAGCGATTCCGGCTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTG
CAATCCGAAGTGAATGGTTTTATGGGATTTGCTTGACCTCACGGCTTCGCTGCCCTTTGTTCCATCCA
```


TTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATAAGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCCGGT
TTGTCACCGGCAGTCACCTTAGAGTGCCCAACTAAATGCTGGCAACTAAGATCAAGGGTTGCGCTCGTT
GCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTCACTCTGTCCCC
GAAGGGAACATCTATCTCTAGGATTGGCAGAGGATGTCAAGACCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGCTTC
GAATTAACCACATGCTCACCGCTTGTGCGGGCCCCGTCATTTCTNGAGTTCAGCCTGCGGCCGTACT
CCCAGGCGGAGTCTAATGCGTAACTCAGCACTAAGGGCGGAAACCCCTACAC

>C-15 1B

GCAGGCCTAACCCATGCAAGTCGAGCGGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTACAGCGGCGGACG
GGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGATGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGC
ATACGCCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAACCTATGTCCGATTA
GCTAGTTGGTGAGGTAGTGGTACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCAC
ATCGGGACTGAGACACGGCCCCGAACCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGA
AAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGA
AGAACGCCTGTGGGTT

>C-15 341F

GACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAGTGATGAAGGTTTTCCGGATCGTAAACTCTGTTGTCA
GGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTTGACGGTACCTGACCAGAAAGCCCCGGCTAAC
TACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCG
CGCAGGCGGTCCTTTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAG
GACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGA
ACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCGAAC
A

>C-15 785F

ATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGG
GGAGTACGGCCGAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTG
GTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCCAATCCTAGAGATAGGAT
GTTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTT
AAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGC
CGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACA
CGTGCTACAATGGATGGAACAAAGGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAAGCAAATCCATAAAACCATTCT
CAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAA

>C-15 907R

ATGAAGGTTTTCCGGATCGTTAAAACCTCTGTTGTGACGGGAAGAACAAGTGCCGTTACAATAGGGCGGC
ACCTGGACGGTACATGACCAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGTAGGG
GGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTCGGGCGGTAAGCGCGCGCAGGCGGTCCTTTAAGTCTTGATGTGAA
AGCCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAGTACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGTGA
ATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGGTGGCGAAGGCGACTCTTTG
GTCTGTAAGTACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCAC
GCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCA
CTCCGCC

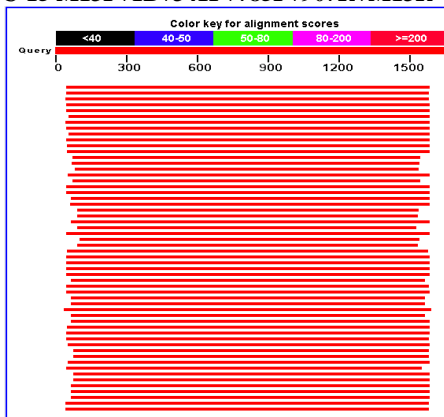
>C-15 M13R

GTGGGCTTTCACATCAGACTTAAAGGACCGCCTGCGCGCGCTTACGCCAATAATTCCGGACAACGCT
TGCCCCCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCCGGGGCTTCTGGTCAGGTACCGTCAAG
GTGCCGCCCTATTTGAACGGCACTTGTTCTTCCCTGACAACAGAGTTTTACGATCCGAAAACCTTCATCA
CTACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCATTGCGGAAGATTCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAG
TCTGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATACCCTCTCAGGTCGGCTACGCATCGTCGCCTTGTA
AGCCGTTACCTTACCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGCCCATCTGTAAGTGACAGCTAAAAGCCGCTTT
CAACTTCTCGTTATGCAACGAAAAGTATTATCCGGTATTAGCCCCGGTTTTCCCGGGTTATCCCAGTNT
ACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCCGCTCGTTCCACAGGCGTCACCTCCGAAGAGGA
TCGCCTGCTTCCCAGCGCTCGACTTGCATGTATTAGGCACGCCAGCGTTCGTCCTGAGCCATGATCA
AACTCAAAGGGCGAATTCCAGCACGCTGGCGGCAGTTACTAGTGGATCTCGAGCT

>C-15 M13F+1B+341F+785F+907R+M13R

AGCTCGAGATCCACTAGTAACTGCCGCCAGCGTGCTGGAATTCGCCCTTTGAGTTTGATCATGGCTCAG
GACGAACGCTGGCGGGCGTGCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCAGGCGATCCTCTTCGGAGG
TGACGCCTGTGGAACGAGCGGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTANGACTGGGATA
ACCCCGGAAACCGGGGCTAATACCGGATAAATACTTTTCGTTGCATAACGAGAAGTTGAAAGGCGGCT
TTTAGCTGTCACTTACAGATGGGCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTAAGGTAACGGCTCACCAAGGCC
ACGATCCGTAGCCGACCTGAGAGGATGATCAGCCACACCGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACG
GGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGA
AGGTTTTCGGATCGTAAACTCTGTTGTCAGGGAAGAACAAGTGCCGTTCAAATAGGGCGGCACCTGA
CGGTACCTGACCAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCG
TTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTCCTTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCT
TAACCGTGGAGGGCCATTGAAAAGTGGAGGACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGTGAATTCCACGTGT
AGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGGTGGCGAAGGCGACTCTCTTGGTCTGTAAGT
ACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGA
TGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGG
GAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGG
TTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGCCAATCCTAGAGATAGGATG
TTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTA
AGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCC
GGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACAC
GTGCTACAATGGATGGAACAAAGGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAAGCAAATCCATAAAACCATTCTC
AGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCC
GCGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTGGTAACACCCGAAGT
CGGTGAGGTAACCTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGGACCAATGATTGGGGTGAAGTCGTAACAAG
GTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCGGCCGCTGGAGCAGCATCTAGAGGGCCC
AATTCGCCCTATAG

C-15 M13F+1B+341F+785F+907R+M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ009793.1 | Bacillus marismortui strain 123, 16S ribosomal RNA | 2666 | 2666 | 92% | 0.0 | 98% |
| DQ089674.1 | Virgibacillus marismortui strain I121 16S ribosomal RNA gene, parti | 2661 | 2661 | 92% | 0.0 | 98% |
| DQ010162.1 | Virgibacillus marismortui strain I15 16S ribosomal RNA gene, parti | 2657 | 2657 | 92% | 0.0 | 98% |
| DQ139839.3 | Virgibacillus olivae strain E308 16S ribosomal RNA gene, partial seq | 2655 | 2655 | 92% | 0.0 | 98% |
| AF166093.1 | Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence | 2652 | 2652 | 92% | 0.0 | 98% |
| EU435360.1 | Virgibacillus sp. B1-21 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2650 | 2650 | 91% | 0.0 | 98% |
| AB197851.2 | Virgibacillus salarius gene for 16S rRNA, partial sequence | 2648 | 2648 | 92% | 0.0 | 98% |
| EU276089.1 | Virgibacillus sp. NHS 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2646 | 2646 | 92% | 0.0 | 98% |
| AY505533.1 | Virgibacillus marismortui strain GSP17 16S ribosomal RNA gene, pa | 2646 | 2646 | 91% | 0.0 | 98% |
| GQ181204.1 | Virgibacillus sp. E2223 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2645 | 2645 | 92% | 0.0 | 98% |

> [emb|AJ009793.1|](#) Bacillus marismortui strain 123, 16S ribosomal RNA
Length=1563

Score = 2666 bits (2956), Expect = 0.0
Identities = 1513/1530 (98%), Gaps = 5/1530 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ089674.1|](#) Virgibacillus marismortui strain I121 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1524

Score = 2661 bits (2950), Expect = 0.0
Identities = 1510/1527 (98%), Gaps = 5/1527 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ010162.1|](#) Virgibacillus marismortui strain I15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1530

Score = 2657 bits (2946), Expect = 0.0
Identities = 1511/1530 (98%), Gaps = 5/1530 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ139839.3|](#) Virgibacillus olivae strain E308 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1564

Score = 2655 bits (2944), Expect = 0.0
Identities = 1513/1532 (98%), Gaps = 7/1532 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|AF166093.1|AF166093](#) Bacillus permians 16S ribosomal RNA gene, complete sequence
Length=1560

Score = 2652 bits (2940), Expect = 0.0
Identities = 1510/1530 (98%), Gaps = 6/1530 (0%)
Strand=Plus/Plus

C-15 M13F+1B+341F+785F+907R+M13R Detayları

Number of segment pairs = 30; number of pairwise comparisons = 6
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

```

***** Contig 1 *****
c15m13r-
C15341F+
C15907R+
C15785F+
c15m13f-
    
```

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

```

***** Contig 1 *****
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- AGCTCGAGATCCACTAGTAACTGCCGCCAGCGTGCTGGAATTTCGCCCTTTGAGTTTGATC
consensus AGCTCGAGATCCACTAGTAACTGCCGCCAGCGTGCTGGAATTTCGCCCTTTGAGTTTGATC
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- ATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGAAGCAG
consensus ATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGAAGCAG
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- GCGATCCTCTTCGGAGGTGACGCCTGTGGAACGAGCGCGGACGGGTGAGTAACACGTGG
consensus GCGATCCTCTTCGGAGGTGACGCCTGTGGAACGAGCGCGGACGGGTGAGTAACACGTGG
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- GCAACCTGCCTGTANGACTGGGATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATACCGGATAATACT
consensus GCAACCTGCCTGTANGACTGGGATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATACCGGATAATACT
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- TTTCGTTGCATAACGAGAAAGTTGAAAGGCGGCTTTTAGCTGTCACCTACAGATGGGCCCG
consensus TTTCGTTGCATAACGAGAAAGTTGAAAGGCGGCTTTTAGCTGTCACCTACAGATGGGCCCG
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- CGGCGCATTAGCTAGTTGGTAAGGTAACGGCTTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCT
C151B+ ATTAGCTAGTTGGTGAGGTAGTGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCT
consensus CGGCGCATTAGCTAGTTGGTAAGGTAACGGCTTACCAAGGCCACGATCCGTAGCCGACCT
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- GAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAACTCCTACGGGAGGCAGCA
C151B+ GAGAGGATGATCAGCCACATCGGACTGAGACACGGCCCAACTCCTACGGGAGGCAGCA
consensus GAGAGGATGATCAGCCACACCGGACTGAGACACGGCCCAACTCCTACGGGAGGCAGCA
. : . : . : . : . : . : . :
c15m13r- GTAGGGAATCTTCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGATGAAG
C151B+ GTGGGGAAT
C15341F+ GACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGATGAAG
C15907R+ ATGAAG
consensus GTAGGGAATCTTCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGTGATGAAG
    
```

```

c15m13r-      GTTTTCGGATCGT-AAAAC TCTGTTGT CAGGGAAGAACAAAGT GCCGTTCA-AATAGGGCG
c15341F+      GTTTTCGGATCGT-AAAAC TCTGTTGT CAGGGAAGAACAAAGT GCCGTTCA-AATAGGGCG
c15907R+      GTTTTCGGATCGT-AAAAC TCTGTTGT CAGGGAAGAACAAAGT GCCGTTCA-AATAGGGCG
consensus     GTTTTCGGATCGT-AAAAC TCTGTTGT CAGGGAAGAACAAAGT GCCGTTCA-AATAGGGCG

c15m13r-      GCACCTTGACGGTACCTGAC CAGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAA
c15341F+      GCACCTTGACGGTACCTGAC CAGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAA
c15907R+      GCACCTTGACGGTACCTGAC CAGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAA
consensus     GCACCTTGACGGTACCTGAC CAGAAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAA

c15m13r-      TACG-TAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT-GGGCG-TAAAGCGCGCGCAGGCGGTC
c15341F+      TACG-TAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT-GGGCG-TAAAGCGCGCGCAGGCGGTC
c15907R+      TACG-TAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT-GGGCG-TAAAGCGCGCGCAGGCGGTC
consensus     TACG-TAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT-GGGCG-TAAAGCGCGCGCAGGCGGTC

c15m13r-      CTTTAAAGTCT-GATGTGAAAGCC
c15341F+      CTTTAAAGTCT-GATGTGAAAGCC-ACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAGG
c15907R+      CTTTAAAGTCTTGTGATGTAAGCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAGT
consensus     CTTTAAAGTCT-GATGTGAAAGCCACGGCTTAACCGTGGAGGGCCATTGGAAACTGGAGG

c15341F+      ACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATG
c15907R+      ACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATG
consensus     ACTTGAGTACAGAAGAGGAGAGTGTGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATG

c15341F+      TGGAGGAACACCAG-TGGCGAAGCGGACTCTCT-GGTCTGTAAGTACGCTGAGGTGCGA
c15907R+      TGGAGGAACACCAGGTGGCGAAGCGGACTCTCTTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGTGCGA
consensus     TGGAGGAACACCAGGTGGCGAAGCGGACTCTCTTGGTCTGTAAGTACGCTGAGGTGCGA

c15341F+      AAGCGTGGGGAGCG
c15907R+      AAGCGTGGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTG
c15785F+      AAGCGTGGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTG
consensus     AAGCGTGGGGAGCGGAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTG

c15907R+      CTAGGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCC
c15785F+      CTAGGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCT
consensus     CTAGGTGTTAGGGGGTTTTCCGCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCT

c15785F+      GGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGCCCCACAAAGCGGTG
c15m13f-      GGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGCCCCACAAAGCGGTG
consensus     GGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAAAGAATTGACGGGGGCCCCACAAAGCGGTG

c15785F+      GAGCATGTGGTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGC
c15m13f-      -AGCATGTGGTT-AATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGC
consensus     GAGCATGTGGTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGC

c15785F+      CAATCCTAGAGATAGGATGTTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGC
c15m13f-      CAATCCTAGAGATAGGATGTTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGC
consensus     CAATCCTAGAGATAGGATGTTCCCTTCGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTGC

c15785F+      TCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAG
c15m13f-      TCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAG
consensus     TCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAG

c15785F+      TTGCCAGCATTTAGTTGGGCACCTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGG
c15m13f-      TTGCCAGCATTTAGTTGGGCACCTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGG
consensus     TTGCCAGCATTTAGTTGGGCACCTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGG

c15785F+      GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATG
c15m13f-      GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATG
consensus     GGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATG

c15785F+      GAACAAAGGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAAAGCAAATCCCATAAAACCAATCTCAGTTCCG
c15m13f-      GAACAAAGGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAAAGCAAATCCCATAAAACCAATCTCAGTTCCG
consensus     GAACAAAGGGCAGCGAAGCCGTGAGGTCAAAGCAAATCCCATAAAACCAATCTCAGTTCCG

c15785F+      ATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAA
c15m13f-      ATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATG
consensus     ATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATG

c15m13f-      CCGCGGTGAATAAGTTCGCCGGCCCTTGTACACACCGCCCGTACACACCAGAGAGTTGGTA
consensus     CCGCGGTGAATAAGTTCGCCGGCCCTTGTACACACCGCCCGTACACACCAGAGAGTTGGTA

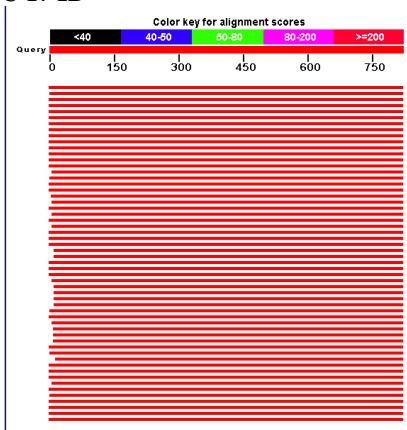
c15m13f-      ACACCCGAAGTCCGTTGAGGTAACCTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGACCAATGATT
consensus     ACACCCGAAGTCCGTTGAGGTAACCTTTTGGAGCCAGCCGCCGAAGGTGGACCAATGATT

c15m13f-      GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCG
consensus     GGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACCAAGGGCGAATTCTGCAGATATCCATCACACTGGCG

c15m13f-      GCCGCTGGAGCAGCATCTAGAGGGCCCAATTCCGCCCTATAG
consensus     GCCGCTGGAGCAGCATCTAGAGGGCCCAATTCCGCCCTATAG

```

C-17 1B



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB167053.1 | Halobacillus sp. NT M168 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1436 | 1436 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU100396.1 | Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1434 | 1434 | 99% | 0.0 | 99% |
| EF153416.1 | Uncultured Halobacillus sp. clone ntu2 16S ribosomal RNA gene, par | 1433 | 1433 | 100% | 0.0 | 98% |
| AY505522.1 | Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial | 1433 | 1433 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ999554.1 | Halobacillus trueperi strain HLSB3 16S ribosomal RNA gene, partial | 1431 | 1431 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1431 | 1431 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU868843.1 | Halobacillus sp. S27-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1431 | 1431 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU624433.1 | Halobacillus trueperi strain S6-09 16S ribosomal RNA gene, partial : | 1431 | 1431 | 100% | 0.0 | 98% |
| DQ157162.1 | Halobacillus trueperi strain GSP062 16S ribosomal RNA gene, partial | 1431 | 1431 | 100% | 0.0 | 98% |
| FJ937876.1 | Halobacillus trueperi strain LS5 16S ribosomal RNA gene, partial sec | 1427 | 1427 | 100% | 0.0 | 98% |

> [dbj|AB167053.1](#) Halobacillus sp. NT M168 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1487

Score = 1436 bits (1592), Expect = 0.0
Identities = 814/822 (99%), Gaps = 3/822 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU100396.1](#) Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1446

Score = 1434 bits (1590), Expect = 0.0
Identities = 813/821 (99%), Gaps = 3/821 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EF153416.1](#) Uncultured Halobacillus sp. clone ntu2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1365

Score = 1433 bits (1588), Expect = 0.0
Identities = 813/822 (98%), Gaps = 3/822 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|AY505522.1](#) Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1536

Score = 1433 bits (1588), Expect = 0.0
Identities = 813/822 (98%), Gaps = 3/822 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ999554.1](#) Halobacillus trueperi strain HLSB3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1557

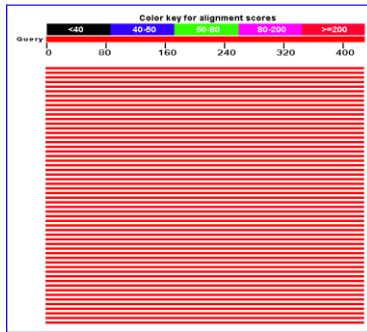
Score = 1431 bits (1586), Expect = 0.0
Identities = 813/822 (98%), Gaps = 3/822 (0%)
Strand=Plus/Plus

> C-17 1B

GTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGTGGATCCCTTCGGGGTGAAGCTCGTGGAACGA
GCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGATCGGAATAACCCCGGGAAACCGGG
GCTAATGCCGGGTAATACTTCTTTCGCATGAAGGAAAGTTGAAAGATGGCTTCTTGCTATCACTTACA
GATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGAC
CTGAGAGGGTGATCGCCCACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGG

AATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTA
AAGTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGG
AAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATT
GGGCGTAAGGCGCGCGCAAGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGT
CATTGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGT
AGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGAGTCTCTGGTCTGTTCTACGCTGAGGTGCGAAAGCG
TGGGTAGCAAACAGGATTGATACCCTGGTAGTTCACGCCGTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGGG
CTT

C-17 M13F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FJ999579.1 | Halobacillus sp. HLSB269 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308340.1 | Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308339.1 | Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308338.1 | Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU624440.1 | Halobacillus trueperi strain S6-16 16S ribosomal RNA gene, partial : | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU624420.1 | Halobacillus trueperi strain S8-16 16S ribosomal RNA gene, partial : | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| AM990893.1 | Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collection | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| DQ981801.1 | Uncultured bacterium clone 1-qw1-su5-2 16S ribosomal RNA gene, | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| DQ899141.1 | Halobacillus trueperi strain HB-49 16S ribosomal RNA gene, partial : | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| DQ899138.1 | Halobacillus trueperi strain HB-48 16S ribosomal RNA gene, partial : | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |
| DQ899124.1 | Halobacillus trueperi strain HB-88 16S ribosomal RNA gene, partial : | 681 | 681 | 100% | 0.0 | 96% |

```
>|qb|FJ999579.1 Halobacillus sp. HLSB269 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1452

Score = 681 bits (754), Expect = 0.0
Identities = 414/428 (96%), Gaps = 8/428 (1%)
Strand=Plus/Minus

>|qb|EU308340.1 Halobacillus sp. SB115_3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 681 bits (754), Expect = 0.0
Identities = 414/428 (96%), Gaps = 8/428 (1%)
Strand=Plus/Minus

>|qb|EU308339.1 Halobacillus sp. SB115_2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 681 bits (754), Expect = 0.0
Identities = 414/428 (96%), Gaps = 8/428 (1%)
Strand=Plus/Minus

>|qb|EU308338.1 Halobacillus sp. SB115_1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1528

Score = 681 bits (754), Expect = 0.0
Identities = 414/428 (96%), Gaps = 8/428 (1%)
Strand=Plus/Minus

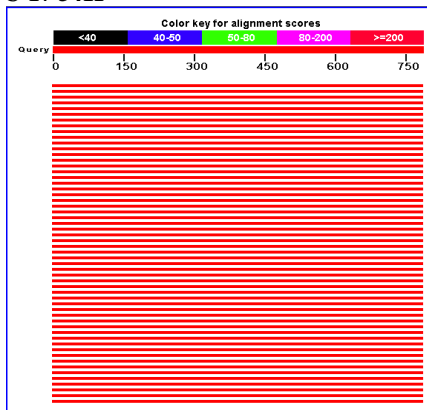
>|qb|EU624440.1 Halobacillus trueperi strain S6-16 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1528

Score = 681 bits (754), Expect = 0.0
Identities = 414/428 (96%), Gaps = 8/428 (1%)
Strand=Plus/Minus
```

>C-17 M13F

```
CCCAATCATTGGCCCCACCTTCGGCGGCTGGCTCCAAAAAGGTTACCCTCACCGACTTCGGGTGTTGCC
AACTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCGGCATGCTGATCC
GCGATTACTAGACGATTCGGCTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTGCAATCCGAACTGAGAATGGTTTT
ATGGGATTTGCTACACCTCGACGGCTTCGCTGCCCTTTGTACCATTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCC
AGGTCATAAAGGGCAGTGATGATTTGACGTCATCCCCGCCTTCTCCGGTTTGTCCCCGGCAGTCACCT
AGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATANGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTAACCCCAACAT
CTCACGACACGAGC
```


C-17 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU070394.1 | Halobacillus sp. B55Ydz-zz 16S ribosomal RNA gene, partial sequen | 1379 | 1379 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM950312.1 | Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 | 1379 | 1379 | 100% | 0.0 | 99% |
| AY881246.1 | Halobacillus yeomjeoni 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1379 | 1379 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491188.1 | Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB491183.1 | Halobacillus sp. GDS3-3 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB491182.1 | Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB491178.1 | Halobacillus sp. GDS1-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU624433.1 | Halobacillus trueperii strain S6-09 16S ribosomal RNA gene, partial : | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AM160657.1 | Halobacillus sp. Hallo S partial 16S rRNA gene, strain Hallo S | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AM160656.1 | Halobacillus sp. Hallo R partial 16S rRNA gene, strain Hallo R | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |
| AM160655.1 | Halobacillus sp. Hallo P partial 16S rRNA gene, strain Hallo P | 1375 | 1375 | 100% | 0.0 | 98% |

> [gb|EU070394.1](#) Halobacillus sp. B55Ydz-zz 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1449

Score = 1379 bits (1528), Expect = 0.0
Identities = 777/784 (99%), Gaps = 1/784 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM950312.1](#) Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 HS-2008
Length=1404

Score = 1379 bits (1528), Expect = 0.0
Identities = 777/784 (99%), Gaps = 1/784 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|AY881246.1](#) Halobacillus yeomjeoni 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1522

Score = 1379 bits (1528), Expect = 0.0
Identities = 777/784 (99%), Gaps = 1/784 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB491188.1](#) Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1396

Score = 1375 bits (1524), Expect = 0.0
Identities = 776/784 (98%), Gaps = 1/784 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB491182.1](#) Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1394

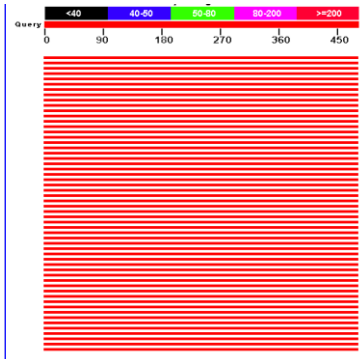
Score = 1375 bits (1524), Expect = 0.0
Identities = 776/784 (98%), Gaps = 1/784 (0%)
Strand=Plus/Plus

> C17 341F

GAATCTICCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT
AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAG
GAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
TGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGG

TCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCG
TAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAA
GCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAG
GGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAGCGCATTAAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGC
TGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGC
GAAGAACCTTACCAGTTCTGACATCCTTGGACAACCTAGAGATAGGGCTTCCCTTCGGGGACCAAG
TGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACAGCGCAA
CCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTCAAGTTGGG

C-17 785F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| DQ458840.1 | Halobacillus sp. YT243 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 857 | 857 | 100% | 0.0 | 99% |
| AY505522.1 | Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial | 857 | 857 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491191.1 | Halobacillus sp. DH3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491188.1 | Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491182.1 | Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491178.1 | Halobacillus sp. GDS1-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU070394.1 | Halobacillus sp. B55Ydz-zz 16S ribosomal RNA gene, partial sequen | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM950312.1 | Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM160656.1 | Halobacillus sp. Hallo R partial 16S rRNA gene, strain Hallo R | 856 | 856 | 100% | 0.0 | 99% |

>[|gb|DQ458840.1|](#) Halobacillus sp. YT243 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1438

Score = 857 bits (950), Expect = 0.0
Identities = 479/482 (99%), Gaps = 0/482 (0%)
Strand=Plus/Plus

>[|gb|AY505522.1|](#) Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1536

Score = 857 bits (950), Expect = 0.0
Identities = 479/482 (99%), Gaps = 0/482 (0%)
Strand=Plus/Plus

>[|dbj|AB491191.1|](#) Halobacillus sp. DH3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1408

Score = 856 bits (948), Expect = 0.0
Identities = 479/482 (99%), Gaps = 0/482 (0%)
Strand=Plus/Plus

>[|dbj|AB491182.1|](#) Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1394

Score = 856 bits (948), Expect = 0.0
Identities = 479/482 (99%), Gaps = 0/482 (0%)
Strand=Plus/Plus

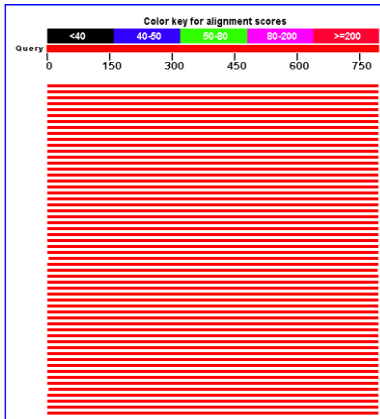
>[|dbj|AB491178.1|](#) Halobacillus sp. GDS1-1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1408

Score = 856 bits (948), Expect = 0.0
Identities = 479/482 (99%), Gaps = 0/482 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-17 785F

CGCACTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAATGGAATTGACGGGGGCCCCG
CACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTG
GACACCCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTC
GTGTCCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCCCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTT
GGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCC
CTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCGAGGTGTAGC
AAATCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTA
GT

C-17 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | ▲ E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|-----------|-----------|
| AM950312.1 | Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| EU100396.1 | Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| DQ458834.1 | Halobacillus sp. HS244 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| DQ157162.1 | Halobacillus trueperi strain GSP062 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB189294.1 | Halobacillus sp. JM-Hb gene for 16S rRNA, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB198767.1 | Halobacillus sp. SA-Hb10 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB167053.1 | Halobacillus sp. NT N168 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1353 | 1353 | 99% | 0.0 | 98% |
| FJ999554.1 | Halobacillus trueperi strain HLSB3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1350 | 1350 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB491191.1 | Halobacillus sp. DH3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1350 | 1350 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB491190.1 | Halobacillus sp. DH3-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1350 | 1350 | 99% | 0.0 | 98% |
| EU688844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1350 | 1350 | 99% | 0.0 | 98% |

> [emb|AM950312.1|](#) Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 HS-2008
Length=1404

Score = 1353 bits (1500), Expect = 0.0
Identities = 783/796 (98%), Gaps = 9/796 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU100396.1|](#) Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1446

Score = 1353 bits (1500), Expect = 0.0
Identities = 783/796 (98%), Gaps = 9/796 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU100396.1|](#) Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1446

Score = 1353 bits (1500), Expect = 0.0
Identities = 783/796 (98%), Gaps = 9/796 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ157162.1|](#) Halobacillus trueperi strain GSP062 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1500

Score = 1353 bits (1500), Expect = 0.0
Identities = 783/796 (98%), Gaps = 9/796 (1%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB189294.1|](#) Halobacillus sp. JM-Hb gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1427

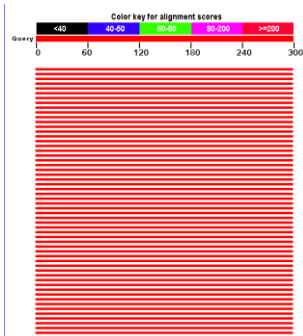
Score = 1353 bits (1500), Expect = 0.0
Identities = 783/796 (98%), Gaps = 9/796 (1%)
Strand=Plus/Plus

>C-17 907R

GATCCTTGGGGGAAGCTCGGGAACAGCGGCGACGGGTGAATAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGA
TCGGAATAACCCCGGGAACCCGGGGCTAATGCCGGGTAATACTTTCTTTCGCATGAAGGAAAGTTGAA
AGATGGCTTCTGCTATCACTTAGATGGGCCCGCGCGGAATTAGGCCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTC
ACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGT
GAACGATGAAGTCTTCGGATCGTAAAGTCTGTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGC
GGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAG
GGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAA

AGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAACTGGGGAAC TTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGA
ATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGT
CTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCC
GTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTG

C-17 1AB



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FJ232508.1 | Halobacillus sp. DF-I11 16S ribosomal RNA gene, partial sequenc | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU868845.1 | Halobacillus sp. S105-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequenc | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequenc | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU868842.1 | Halobacillus sp. S15-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU880526.1 | Halobacillus sp. PRE27 16S ribosomal RNA gene, partial sequenc | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU624440.1 | Halobacillus trueperi strain S6-16 16S ribosomal RNA gene, parti | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| EU624420.1 | Halobacillus trueperi strain S8-16 16S ribosomal RNA gene, parti | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |
| AM990893.1 | Halobacillus sp. MOLA 119 partial 16S rRNA gene, culture collecti | 526 | 526 | 100% | 3e-146 | 99% |

> [gb|FJ232508.1|](#) Halobacillus sp. DF-I11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1473

Score = 526 bits (582), Expect = 3e-146
Identities = 298/300 (99%), Gaps = 2/300 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868845.1|](#) Halobacillus sp. S105-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1438

Score = 526 bits (582), Expect = 3e-146
Identities = 298/300 (99%), Gaps = 2/300 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868844.1|](#) Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1457

Score = 526 bits (582), Expect = 3e-146
Identities = 298/300 (99%), Gaps = 2/300 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868842.1|](#) Halobacillus sp. S15-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1433

Score = 526 bits (582), Expect = 3e-146
Identities = 298/300 (99%), Gaps = 2/300 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-17-1AB

TAGTTGCCAGCATTTCAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGCGGGGATG
ACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCGTACTAATGGATGGTACAAAAGGCA
GCGAAGCCGCGAGGTGTAGCAAATCCCATAAAACATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCT
GCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGATC
ACACCGCCGTCACACCACGAGAGT

> C-17 1B

GTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGTGGATCCCTTCGGGGTGAAGCTCGTGGAAACGA
GCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGATCGGAATAACCCCGGAAACCGGG
GCTAATGCCGGGTAATACTTTCTTTCGCATGAAGGAAAAGTTGAAAGATGGCTTCTTGCTATCACTTACA
GATGGGCCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGAC
CTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCTACGGGAGGCAGCAGTAGGG
AATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTA
AAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGG
AAGCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCGGGATTATT
GGCGTAAGGCGCGCGCAAGCGGTTCCCTAAGTCTAGTGTGAAAGCCACGGCTCAACCGGTAGGGGT
CATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGGT

AGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGAGTCTCTGGTCTGTTCTACGCTGAGGTGCGAAAGCG
TGGGTAGCAAACAGGATTGATACCCTGGTAGTTCACGCCGTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGG
CTT

>C-17 M13F

CCCAATCATTGGCCCCACCTTCGGCGGCTGGCTCCAAAAAGGTTACCCTCACCGACTTCGGGTGTTGCC
AACTCTCGTGGTGTGACGGGCGGTGTGTACAAAGGCCCGGAACGTATTACCGCGGCATGCTGATCC
GCGATTACTAGACGATTCCGGCTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTGCAATCCGAAGTGAAGTGGTTTT
ATGGGATTTGCTACACCTCGACGGCTTCGCTGCCCTTTGTACCATTCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCC
AGGTCATAAAGGGCAGTGATGATTTGACGTCATCCCCGCCTTCCTCCGGTTTGTCCCCGGCAGTCACCT
AGAGTGCCCAACTGAATGCTGGCAACTAAGATANGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTAACCCCAACAT
CTCACGACACGAGC

> C-17 341F

GAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT
AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAG
GAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
TGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGG
TCATTGGAAACTGGGGAACTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCC
TAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAA
GCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAG
GGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAGCGCATTAAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGC
TGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGC
GAAGAACCTTACCAGGTTCTGACATCCTTGGACAACCCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGACCAAG
TGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGTCTCGTGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAACAGCGCAA
CCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACAGTTGGG

>C-17 785F

CGCACTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTCAATGGAATTGACGGGGGCCCCG
CACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCTTG
GACACCCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGACCAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTC
GTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCACAACGAGCGCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTACAGT
GGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCC
CTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCGAGGTGTAGC
AAATCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTA
GT

>C-17 907R

GATCCTTGGGGGAAGCTCGGGAACAGCGGCGACGGGTGAATAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGA
TCGGAATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACTTTCTTTTCGCATGAAGGAAAGTTGAA
AGATGGCTTCTGCTATCACTTAGATGGGCCCGCGCGGAATTAGGCCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTC
ACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCG
ACTCCTACGGGAGGACAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGT
GAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGC
GGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCGGCTAATACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAG
GGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA
AGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCAATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGA
ATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGT
CTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCC
GTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTG

>C-17-1AB

TAGTTGCCAGCATTACAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGCGGGGATG
ACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCGTACTAATGGATGGTACAAAGGGCA
GCGAAGCCGCGAGGTGTAGCAAATCCATAAAACCATTCTCAGTTCCGATTGCAGGCTGCAACTCGCCT
GCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTAC
ACACCGCCGTCACACCACGAGAGT

>C-17 1B+M13F+341F+785F+907R+1AB

GTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGTGGATCCCTTCGGGGTGAAGCTCGTGGAACGA
GCGGCGGACGGGTGAATAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGATCGGAATAACCCCGGGAAACCGGG
GCTAATGCCGGGTAATACTTTCTTTCGCATGAAGGAAAGTTGAAAGATGGCTTCTTGCTATCACTTACA
GATGGGCCCGCGGCGCAATTAGGCCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
GACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTA
GGGAATCTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATC
GTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACG
AGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
ATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAAGCGGTTCCCTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAG
GGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATG
CGTAGATATGTGGAGGAACACCAAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGA
AAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGGTGAGTGCTAGGTGTT
AGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAGCGCACTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAA
GGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCAAGCAA
CGCGAAGAACCTTACCAGGTCCTGACATCCTTGGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCTTCGGGGACC
AAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGC
GCAACCCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTAGTTGGGCACTTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAG
GAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCGTACTAATGGAT
GGTACAAAGGCGAGCAAGCCGCGAGGTGTAGCAAATCCATAAAACCATTCTCAGTTCGGATTGCAG
GCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAATACGTT
CCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTACACCACGAGAGT

>C-17 1B+M13F+341F+785F+907R+1AB Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

***** Contig 1 *****
 C17+
 c17-1ab+

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

***** Contig 1 *****

```

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              GTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGTGGATCCCTTCGGGGTGAAGCTCG
consensus    -----
              GTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGTGGATCCCTTCGGGGTGAAGCTCG

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              TGGAACGAGCGGGCGGACGGGTGAATAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGATCGGAATAA
consensus    -----
              TGGAACGAGCGGGCGGACGGGTGAATAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGATCGGAATAA

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              CCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACTTTCTTTTCGCATGAAGGAAAAGTTGAAA
consensus    -----
              CCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACTTTCTTTTCGCATGAAGGAAAAGTTGAAA

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              GATGGCTTCTTGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCGCAATTAGGCCTAGTTGGTGAG
consensus    -----
              GATGGCTTCTTGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCGCAATTAGGCCTAGTTGGTGAG

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              GTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGG
consensus    -----
              GTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGG

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              GACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC
consensus    -----
              GACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGAC

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              GAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAAGTTCTGT
consensus    -----
              GAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAAGTTCTGT

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              TGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGA
consensus    -----
              TGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAATAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGA

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              AGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGG
consensus    -----
              AGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGG

C17+          . : . : . : . : . : . : . : . :
              AATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAAGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAAGCCCACGGC
consensus    -----
              AATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAAGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAAGCCCACGGC
    
```

```

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAAC TTGAGGACAGAAAGAGGAGAGTGAATT
consensus    TCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAAC TTGAGGACAGAAAGAGGAGAGTGAATT

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CCACGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGATATGTGGAGGAAC ACCAGTGGCGAAAGCGACTCT
consensus    CCACGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGATATGTGGAGGAAC ACCAGTGGCGAAAGCGACTCT

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCTT
consensus    CTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCTT

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGTAGTCCACGCCGTAACCGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCT
consensus    GGTAGTCCACGCCGTAACCGGTGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCT

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GAAGTTAGCGCACTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAAAC TCAAAGG
consensus    GAAGTTAGCGCACTAAGCACTCCGCCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAAAC TCAAAGG

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
AATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAGA
consensus    AATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTGCAAGCAACGCGAAGA

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
ACCTTACCAGGTCCTGACATCCTTGGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGAC
consensus    ACCTTACCAGGTCCTGACATCCTTGGACAACCCTAGAGATAGGGCTTTCCCTTCGGGGAC

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCC
consensus    CAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCC

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CGCAAACGAGCGCAACCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGAC
c17-1ab+    TAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGAC
consensus    CGCAAACGAGCGCAACCCTAATCTTAGTTGCCAGCATTGAGTTGGGCACTCTAAGGTGAC

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACC
c17-1ab+    TGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACC
consensus    TGCCGGTGACAAAACCGGAGGAAGGCGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGACC

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TGGGCTACACACGTGC-TAC-AAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCGAGGTGTAG
c17-1ab+    TGGGCTACACACGTGC-TAC-AAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCGAGGTGTAG
consensus    TGGGCTACACACGTGC-TAC-AAATGGATGGTACAAAGGGCAGCGAAGCCGCGAGGTGTAG

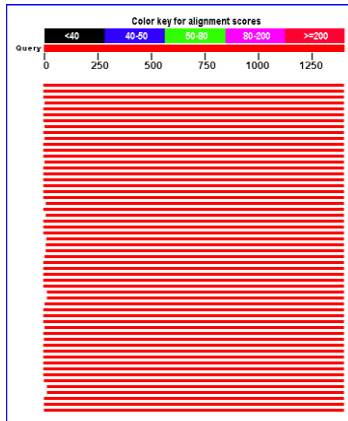
C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CAAATCCCATAAAAACCATTCTCAGTTCCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCC
c17-1ab+    CAAATCCCATAAAAACCATTCTCAGTTCCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCC
consensus    CAAATCCCATAAAAACCATTCTCAGTTCCGGATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCC

C17+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGAATCGCTAGT
c17-1ab+    GGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACA
consensus    GGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACA

c17-1ab+    CACCGCCCGTCACACCACGAG&GT
consensus    CACCGCCCGTCACACCACGAG&GT

```

>C-17 1B+M13F+341F+785F+907R+1AB



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|-----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB167053.1 | Halobacillus sp. NT N168 gene for 16S rRNA, partial sequence | 2464 | 2464 | 100% | 0.0 | 99% |
| AY505522.1 | Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial | 2462 | 2462 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU868844.1 | Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2461 | 2461 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM950312.1 | Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 | 2459 | 2459 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU100396.1 | Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2459 | 2459 | 99% | 0.0 | 99% |
| DQ157162.1 | Halobacillus trueperi strain GSP062 16S ribosomal RNA gene, partial | 2455 | 2455 | 100% | 0.0 | 99% |
| NR_025459.1 | Halobacillus trueperi strain DSM 10404 16S ribosomal RNA, complet | 2455 | 2455 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU070394.1 | Halobacillus sp. B55Ydz-z2 16S ribosomal RNA gene, partial sequen | 2453 | 2453 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU624433.1 | Halobacillus trueperi strain S6-09 16S ribosomal RNA gene, partial : | 2452 | 2452 | 100% | 0.0 | 98% |
| EU124360.1 | Halophilic bacterium QW1018 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 2452 | 2452 | 99% | 0.0 | 99% |
| DQ448804.1 | Halobacillus sp. CNJ955 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 2452 | 2452 | 100% | 0.0 | 99% |

> [dbj|AB167053.1](#) Halobacillus sp. NT N168 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1487

Score = 2464 bits (2732), Expect = 0.0
Identities = 1392/1404 (99%), Gaps = 5/1404 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|AY505522.1](#) Halobacillus trueperi strain GSP38 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1536

Score = 2462 bits (2730), Expect = 0.0
Identities = 1391/1404 (99%), Gaps = 5/1404 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868844.1](#) Halobacillus sp. S101-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1457

Score = 2461 bits (2728), Expect = 0.0
Identities = 1391/1404 (99%), Gaps = 5/1404 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM950312.1](#) Halobacillus sp. US16 HS-2008 partial 16S rRNA gene, isolate US16 HS-2008
Length=1404

Score = 2459 bits (2726), Expect = 0.0
Identities = 1387/1398 (99%), Gaps = 5/1398 (0%)
Strand=Plus/Plus

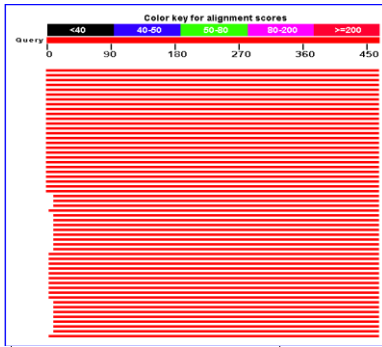
> [gb|EU100396.1](#) Halobacillus sp. DR 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1446

Score = 2459 bits (2726), Expect = 0.0
Identities = 1390/1403 (99%), Gaps = 5/1403 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 2580 bits (2860), Expect = 0.0
Identities = 1457/1467 (99%), Gaps = 6/1467 (0%)
Strand=Plus/Plus

C-20 1B



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ717719.1 | Halomonas sp. H21.2 partial 16S rRNA gene, strain H21.2 | 836 | 836 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ494812.1 | Halomonas sp. NH89-37 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 832 | 832 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ494798.1 | Halomonas sp. NH89-49 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 832 | 832 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ458828.1 | Halomonas sp. YT246 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 832 | 832 | 100% | 0.0 | 99% |
| DQ131909.1 | Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 832 | 832 | 100% | 0.0 | 99% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ348420.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE qel band ntu46 16S ribosor | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGWV4 16S ribosomal RNA gene, | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ237388.1 | Halomonas sp. JSM 077020 16S ribosomal RNA gene, partial sequer | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 829 | 829 | 100% | 0.0 | 99% |

> [emb|AJ717719.1](#) Halomonas sp. H21.2 partial 16S rRNA gene, strain H21.2
Length=792

Score = 836 bits (926), Expect = 0.0
Identities = 465/466 (99%), Gaps = 0/466 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ494812.1](#) Halomonas sp. NH89-37 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=560

Score = 832 bits (922), Expect = 0.0
Identities = 465/466 (99%), Gaps = 1/466 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ494798.1](#) Halomonas sp. NH89-49 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=560

Score = 832 bits (922), Expect = 0.0
Identities = 465/466 (99%), Gaps = 1/466 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|DQ458828.1](#) Halomonas sp. YT246 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1382

Score = 832 bits (922), Expect = 0.0
Identities = 465/466 (99%), Gaps = 1/466 (0%)
Strand=Plus/Plus

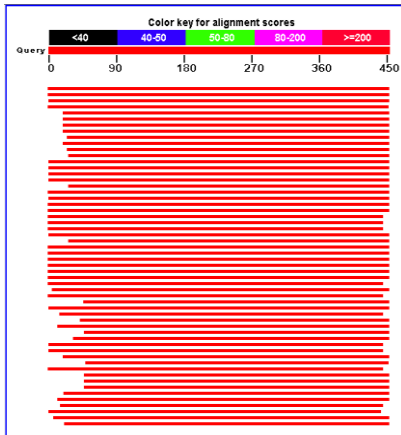
> [gb|DQ131909.1](#) Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1340

Score = 832 bits (922), Expect = 0.0
Identities = 465/466 (99%), Gaps = 1/466 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-20-1B

ACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAG
CTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACA
TCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAA
AGCCTGATCCAGCCATGCCCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAG
AACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGC
CAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGC
GGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGT

C-20 M13F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 820 | 820 | 100% | 0.0 | 100% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 820 | 820 | 100% | 0.0 | 100% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 818 | 818 | 99% | 0.0 | 100% |
| FN257741.1 | Halomonas maura partial 16S rRNA gene, strain S-31 | 785 | 785 | 99% | 0.0 | 98% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 783 | 783 | 95% | 0.0 | 100% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 783 | 783 | 95% | 0.0 | 100% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 783 | 783 | 95% | 0.0 | 100% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 783 | 783 | 95% | 0.0 | 100% |
| AJ717694.1 | Halomonas sp. C12.3 partial 16S rRNA gene, strain C12.3 | 774 | 774 | 94% | 0.0 | 100% |
| DQ339465.1 | Halomonas sp. DY-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 774 | 774 | 95% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 820 bits (908), Expect = 0.0
Identities = 454/454 (100%), Gaps = 0/454 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|FN257740.1](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 820 bits (908), Expect = 0.0
Identities = 454/454 (100%), Gaps = 0/454 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ295145.1](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 818 bits (906), Expect = 0.0
Identities = 453/453 (100%), Gaps = 0/453 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|FN257741.1](#) Halomonas maura partial 16S rRNA gene, strain S-31
Length=1455

Score = 785 bits (870), Expect = 0.0
Identities = 446/453 (98%), Gaps = 0/453 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU780462.1](#) Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1080

Score = 783 bits (868), Expect = 0.0
Identities = 434/434 (100%), Gaps = 0/434 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-20 M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCCGATTAGCTAGTTGGTGAAGTAATGGCTACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG

GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGT

>C-20-1B

ACGCCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAG
CTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACA
TCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAA
AGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAG
AACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGC
CAGCAGCCGCGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGC
GGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACTG

>C-20 M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAAATTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
CCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCGA
TCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGC
CTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGT

>C-20 1B+M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAAATTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGA
ACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG
CCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACAT
CACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTA
ATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCA
ACCTGGGAACGGCATCCGGAACTG

>C-20 1B+M13F Detayları

```

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
'+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps          Containments  No. of Constraints Supporting Overlap
*****
***** Contig 1 *****
C20+
C20-1B+

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS
***** Contig 1 *****
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC
consensus    AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGAAACGATCCTAGCTTGCTTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA
consensus    GGAAACGATCCTAGCTTGCTTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATAACCGCATACGCCCAA
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATAACCGCATACGCCCAA
consensus    ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATAACCGCATACGCCCAA
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGGGG-AAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCCGGATTAGC
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCCGGATTAGC
consensus    GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCGCTATCGGATGAGCCTATGTCCGGATTAGC
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGCTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGCTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC
consensus    TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGCTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
consensus    AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG
consensus    GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG
C20+          . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGT
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCAC
consensus    TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCAC
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
TCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAG
consensus    TCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAG
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
CGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAA
consensus    CGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAA
C20-1B+      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . :
AGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGT
consensus    AGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGT

```

C-20 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSI | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 872 | 872 | 100% | 0.0 | 100% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 866 | 866 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305211.1 | Halomonas sp. S4-7 gene for 16S rRNA, partial sequence | 866 | 866 | 100% | 0.0 | 99% |

> [emb|FN257740.1](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 483/483 (100%), Gaps = 0/483 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU780462.1](#) Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1080

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 483/483 (100%), Gaps = 0/483 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 483/483 (100%), Gaps = 0/483 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB167061.1](#) Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 483/483 (100%), Gaps = 0/483 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ295145.1](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 872 bits (966), Expect = 0.0
Identities = 483/483 (100%), Gaps = 0/483 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-20 341F

ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCA
GCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTA
ACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTTAATCGGAATTAAGGCGTAAAGCG
CGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAC
TCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGA

GGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCA
AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACC
TTTGTGG

>C-20 1B M13F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCCGAATCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGG
CCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACAT
CACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTA
ATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCA
ACCTGGGAACGGCATCCGGAAGT

>C-20 341F

ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTC
GCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCTGCAAGAAGGACATCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTA
ACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCG
CGGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGT
TCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGA
GGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCA
AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACC
TTTGTGG

>C-20 1B+M13F+341F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCCGAATCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGG
CCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACAT
CACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTA
ATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGGCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCA
ACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGC
GGTGAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCT
GAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGA
CTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGG

>C-20 1B+M13F+341F Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting | Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|------------|--|
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C20+ | | | | |
| C20+ | | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C20+ | | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| C20+ | | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| C20+ | | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| consensus | | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGATAAATTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| C20+ | | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCCGATTAGC |
| consensus | | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCCGATTAGC |
| C20+ | | | | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| consensus | | | | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| C20+ | | | | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATT |
| consensus | | | | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATT |
| C20+ | | | | GGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG |
| C20+ | | | | ATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG |
| consensus | | | | GGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTTG |
| C20+ | | | | TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTAAATACCCCGCAAGAAGGACATCAC |
| C20+ | | | | TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTAAATACCCCGCAAGAAGGACATCAC |
| consensus | | | | TAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTAAATACCCCGCAAGAAGGACATCAC |
| C20+ | | | | TCGCAGAAAGAACACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAG |
| C20+ | | | | TCGCAGAAAGAACACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAG |
| consensus | | | | TCGCAGAAAGAACACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAG |
| C20+ | | | | CGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAA |
| C20+ | | | | CGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAA |
| consensus | | | | CGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAA |
| C20+ | | | | AGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGA |
| C20+ | | | | AGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGA |
| consensus | | | | AGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGA |
| C20+ | | | | AGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGA |
| consensus | | | | AGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGA |
| C20+ | | | | AGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGAT |
| consensus | | | | AGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGAT |
| C20+ | | | | TAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGAC |
| consensus | | | | TAGATACCCTGGTAGTCCACGCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGAC |
| C20+ | | | | CTTTGTGG |
| consensus | | | | CTTTGTGG |

C-20 785F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| EU27747.1 | Halomonas sp. HD3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 695 | 695 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB305242.1 | Halomonas sp. KK-Bb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 695 | 695 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB305231.1 | Halomonas sp. CA1-3XX gene for 16S rRNA, partial sequence | 695 | 695 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence | 695 | 695 | 99% | 0.0 | 98% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| FJ348420.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE qel band ntu46 16S ribosom | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| EU491513.1 | Halomonas salina isolate HSNRP2 16S ribosomal RNA gene, partial : | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB305213.1 | Halomonas sp. S9-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB305212.1 | Halomonas sp. S8-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| DQ131909.1 | Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |
| AJ616910.1 | Halomonas organivorans partial 16S rRNA gene, type strain G-16.1' | 690 | 690 | 99% | 0.0 | 98% |

```
> gb|EU27747.1 Halomonas sp. HD3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1405

Score = 695 bits (770), Expect = 0.0
Identities = 402/408 (98%), Gaps = 4/408 (0%)
Strand=Plus/Plus

> dbj|AB305242.1 Halomonas sp. KK-Bb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1394

Score = 695 bits (770), Expect = 0.0
Identities = 402/408 (98%), Gaps = 4/408 (0%)
Strand=Plus/Plus

> dbj|AB305231.1 Halomonas sp. CA1-3XX gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1404

Score = 695 bits (770), Expect = 0.0
Identities = 402/408 (98%), Gaps = 4/408 (0%)
Strand=Plus/Plus

> dbj|AB167063.1 Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 695 bits (770), Expect = 0.0
Identities = 402/408 (98%), Gaps = 4/408 (0%)
Strand=Plus/Plus

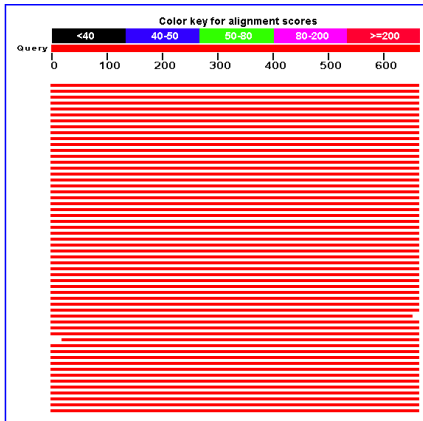
> emb|FN257740.1 Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 690 bits (764), Expect = 0.0
Identities = 401/408 (98%), Gaps = 4/408 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

>C-20 785F

```
TCGACTAGCCGTTGGGGTCCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCTGGGGAG
TACGGCCGCAAGGTTAAACTCAAATGAATTGACGGGGGCCGCCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTT
AATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTTCCAGAGATGGATGGGT
GCCTTCGGGACGCTCAGACAGGTGCTGCATGCGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGTGAAATGTGGGTTAAGT
CCCGTAACGACGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATCCGGTCGGGAACCTTAGGGAGACTGCCGG
TGACAAACCGGAGGGAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGGCCCTTACGAGTAGGGCTACCC
```

C-20 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU780462.1 | Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene, | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 1189 | 1189 | 100% | 0.0 | 99% |
| D0131909.1 | Halomonas sp. AAD6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1184 | 1184 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ237388.1 | Halomonas sp. JSM 077020 16S ribosomal RNA gene, partial sequer | 1180 | 1180 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305214.1 | Halomonas sp. S36-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1180 | 1180 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB305213.1 | Halomonas sp. S9-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1180 | 1180 | 100% | 0.0 | 99% |

```
> emb|FN257740.1 Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 1189 bits (1318), Expect = 0.0
Identities = 664/666 (99%), Gaps = 1/666 (0%)
Strand=Plus/Plus

> gb|EU780462.1 Uncultured Halomonas sp. clone KVGNV4 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1080

Score = 1189 bits (1318), Expect = 0.0
Identities = 664/666 (99%), Gaps = 1/666 (0%)
Strand=Plus/Plus

> emb|AM941744.1 Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 1189 bits (1318), Expect = 0.0
Identities = 664/666 (99%), Gaps = 1/666 (0%)
Strand=Plus/Plus

> dbj|AB167061.1 Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 1189 bits (1318), Expect = 0.0
Identities = 664/666 (99%), Gaps = 1/666 (0%)
Strand=Plus/Plus

> emb|AJ295145.1 Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 1189 bits (1318), Expect = 0.0
Identities = 664/666 (99%), Gaps = 1/666 (0%)
Strand=Plus/Plus
```

>C-20 907R

```
GCTATCGGATGAGCCTATGTCGAATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTA
GCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCTTCG
GGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACTCG
CAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGA
ATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCCGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGG
```

GAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAA
ATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTG
CGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTAGCC
GTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCT

>C-20 1B M13F 341F

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTTCGCTATCGGATGAGCCTATGTCGGATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAAGTCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG
CCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACAT
CACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTA
ATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCA
ACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGC
GGTGAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCT
GAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGA
CTAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTG

>C-20 907R

GCTATCGGATGAGCCTATGTCGAATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTA
GCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAAGTCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCG
GGTTGTAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCTGCAAGAAGGACATCACTCG
CAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTAATCGGA
ATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTCAACCTGG
GAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAA
ATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTG
CGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTAGCC
GTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCT

>C-20 1B+M13F+341F+907R

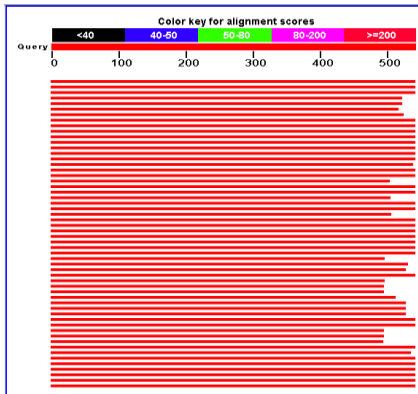
AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATAACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTTCGCTATCGGATGAGCCTATGTCGAATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAAGTCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG
GCCTTCGGGTTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACA
TCACTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTT
AATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGAAAGCCCCGGGCTC
AACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGTGAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAG
CGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGC
TGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGTCG
ACTAGCCGTTGGGGTCCCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCT

>C20 1B+M13F+341F+907R Detaylor

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting | Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C20+ | | | | |
| C20+ | | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C20+ | | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | | | | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| C20+ | | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | | | | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| C20+ | | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCCAA |
| consensus | | | | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCCAA |
| C20+ | | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTGCGATTAGC |
| C20+ | | | | GCTATCGGATGAGCCTATGTGCGAATTAGC |
| consensus | | | | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTGCGAATTAGC |
| C20+ | | | | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| C20+ | | | | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| consensus | | | | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| C20+ | | | | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT |
| C20+ | | | | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT |
| consensus | | | | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT |
| C20+ | | | | GGACAATGGGCGAAA-GCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTT |
| C20+ | | | | GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTT |
| consensus | | | | GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCCGGTGTGTGTGAAGAAGGCCCTTCGGGTT |
| C20+ | | | | GTAAGCACTTTACGCGAGGAAGAAGCGTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCA |
| C20+ | | | | GTAAAGCACTTTACGCGAGGAAGAAGCGTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCA |
| consensus | | | | GTAAAGCACTTTACGCGAGGAAGAAGCGTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCA |
| C20+ | | | | CTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAA |
| C20+ | | | | CTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAA |
| consensus | | | | CTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAA |
| C20+ | | | | GCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA |
| C20+ | | | | GCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA |
| consensus | | | | GCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA |
| C20+ | | | | AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACCTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGG |
| C20+ | | | | AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACCTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGG |
| consensus | | | | AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACCTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGG |
| C20+ | | | | AAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCG |
| C20+ | | | | AAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCG |
| consensus | | | | AAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAAGTGGCG |
| C20+ | | | | AAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGA |
| C20+ | | | | AAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGA |
| consensus | | | | AAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGA |
| C20+ | | | | TTAGATACCCTGGTAGTCCACGGCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA |
| C20+ | | | | TTAGATACCCTGGTAGTCCACGGCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA |
| consensus | | | | TTAGATACCCTGGTAGTCCACGGCGTAAACGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA |
| C20+ | | | | CCTTTGTG |
| C20+ | | | | CCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCT |
| consensus | | | | CCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCGCCT |

C-20 M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|-----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 949 | 949 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 949 | 949 | 100% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 949 | 949 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 921 | 921 | 96% | 0.0 | 99% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence | 915 | 915 | 96% | 0.0 | 99% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 910 | 910 | 95% | 0.0 | 99% |
| FJ348438.1 | Uncultured Halomonas sp. isolate DGGE gel band ntu90 16S ribosor | 906 | 906 | 96% | 0.0 | 98% |
| NR_025054.1 | Halomonas alimentaria strain YKJ-16 16S ribosomal RNA, partial se | 895 | 895 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308363.1 | Halomonas sp. 50B22 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 892 | 892 | 100% | 0.0 | 96% |
| EU308362.1 | Halomonas sp. 50B22 1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 892 | 892 | 100% | 0.0 | 96% |

> [emb|AJ243448.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSM 5928
Length=1493

Score = 949 bits (1052), Expect = 0.0
Identities = 538/543 (99%), Gaps = 2/543 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243447.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATCC 49509
Length=1493

Score = 949 bits (1052), Expect = 0.0
Identities = 538/543 (99%), Gaps = 2/543 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB167061.1|](#) Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 921 bits (1020), Expect = 0.0
Identities = 520/524 (99%), Gaps = 2/524 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB167063.1|](#) Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1460

Score = 915 bits (1014), Expect = 0.0
Identities = 519/524 (99%), Gaps = 2/524 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 910 bits (1008), Expect = 0.0
Identities = 514/518 (99%), Gaps = 2/518 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-20 M13R

CAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACTTCCAGAGATGGATGGGTGCCTTTCGGG
AACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTAAC
GAGCGCAACCCTTGTCCCTATTGCCAGCGATTCCGGTCGGGAACCTAGGGAGACTGCCGGTGACAAACC
GGAGGAAGGTGGGACGACGTCAGGTTCATCATGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGTGTACAATG
GCCGTACAATCGGGCTGCCATCCCGCAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGATCG
GAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATA

CGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGTTAGCCTA
ACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC

>C-20 1B M13F 341F 907R

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGAATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG
GCCTTCGGGTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACA
TCACTCGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTT
AATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGTTGTGAAAGCCCCGGGCTC
AACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAG
CGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCCGCTTCTGGACTGACACTGACGC
TGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCCG
ACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCT

>C-20 M13R

CAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACTTCCAGAGATGGATGGGTGCCCTTCGGG
AACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTCCCCTAAC
GAGCGCAACCCTTGTCCCTATTGCCAGCGATTCCGTCGGGAACCTAGGGAGACTGCCGGTGACAAACC
GGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGCCCTACGAGTAGGGGCTACACACGTGCTACAATG
GCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCG
GAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCAGCGTGAATA
CGTTCCCGGGCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGCCTA
ACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAACC

>C-20 1B+M13F+341F+907R+M13R

AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAACGA
TCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGGACGGGTGAGTAATGCATAGGAATCTGCCCGGTAGTGG
GGGATAACTTGAGGAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAAGGGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGG
ACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTCGAATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCG
ATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATCAGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAG
GCCTTCGGGTGTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAACGCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACA
TCACTCGCAGAAGAAGCACC GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGAAGCGTT
AATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGTTGTGAAAGCCCCGGGCTC
AACCTGGGAACGGCATCCGGAAGTGCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGGAAGGTAGAATTCCCGGTGTAG
CGGTGAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCGAAGGCCGCTTCTGGACTGACACTGACGC
TGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGTCCG
ACTAGCCGTTGGGGTCTCGAGACCTTTGTGGCGCAGTTAACGCGATAAGTCGACCCGCTGGGGAGTAC
GGCCGCAAGGTTAAAACCTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTAAT
TCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACTTCCAGAGATGGATGGGTGCC
TTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTTAAGTC
CCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATCCGGTCCGGGAACCTAGGGAGACTGCCGGT
GACAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCATGGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACACGT
GCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATCCCGCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAG
TCCGGATCGGAGTCTGCAACTCGACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCAC
GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTG
GTTAGCCTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTA
ACC

C-20 1B+M13F+341F+907R+M13R Detaylar

Number of segment pairs = 6; number of pairwise comparisons = 2
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

Overlaps Containments No. of Constraints Supporting Overlap

***** Contig 1 *****
 C201BM13F341F907R+
 C20785F+
 C20M13R+

DETAILED DISPLAY OF CONTIGS

***** Contig 1 *****

| | |
|--------------------|---|
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| consensus | AGAGTTTGATCATGGCTCAGATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGC |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| consensus | GGAAACGATCCTAGCTTGCTAGGAGGCGTCGAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCATAGGA |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| consensus | ATCTGCCCGGTAGTGGGGGATAACTTGAGGAAACTCAAGCTAATACCGCATACGCCCAA |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTGCAATTAGC |
| consensus | GGGGGAAAGCAGGGGATCTTCGGACCTTGCCTATCGGATGAGCCTATGTGCAATTAGC |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| consensus | TAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCCGCGATCCGTAGCTGGTCTGAGAGGATGATC |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT |
| consensus | AGCCACATCGGGACTGAGACACGGCCCGAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTT |
| consensus | GGACAATGGGCGAAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGCCTTCGGGTT |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | GTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCA |
| consensus | GTAAAGCACTTTCAGCGAGGAAGAAGCCTTGTGGGTTAATACCCCGCAAGAAGGACATCA |
| | . : . : . : . : . : . : |
| C201BM13F341F907R+ | CTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAA |
| consensus | CTCGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAA |

C201BM13F341F907R+ GCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA
consensus GCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCTAGGCGGCTTGATAAGCCGGTTGTGA

C201BM13F341F907R+ AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGG
consensus AAGCCCCGGGCTCAACCTGGGAACGGCATCCGGAACTGTCAGGCTAGAGTGCAGGAGAGG

C201BM13F341F907R+ AAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCG
consensus AAGGTAGAATTCCCGGTGTAGCGGTGAAAATGCGTAGAGATCGGGAGGAATACCAGTGGCG

C201BM13F341F907R+ AAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGA
consensus AAGGCGGCCTTCTGGACTGACACTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGA

C201BM13F341F907R+ TTAGATACCTTGGTAGTCCACGCCGTAACAGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA
C20785F+ TCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA
consensus TTAGATACCTTGGTAGTCCACGCCGTAACAGATGTCGACTAGCCGTTGGGGTCTCTCGAGA

C201BM13F341F907R+ CCTTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAAGTCGACCGCCT
C20785F+ CCTTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAA
consensus CCTTTGTGGCGCAGTTAACCGGATAAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAA

C20785F+ AACTCAAATGAATTGACGGGGGCCGCCACAAGCGGTGAGCATGTGGTTTAAATTCGATG
consensus AACTCAAATGAATTGACGGGGGCCGCCACAAGCGGTGAGCATGTGGTTTAAATTCGATG

C20785F+ CAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTTCCAGAGATGGATGGGT
C20M13R+ CAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAAC- TTTCCAGAGATGGATGGGT
consensus CAACGCGAAGAACCTTACCTACTCTTGACATCGAGCGAACCTTTCCAGAGATGGATGGGT

C20785F+ GCCTT-CGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATG
C20M13R+ GCCTTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATG
consensus GCCTTTCGGGAACGCTCAGACAGGTGCTGCATGGCCGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATG

C20785F+ T-GGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATCCGGTCGGG
C20M13R+ TTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTGCCAGCGATCCGGTCGGG
consensus TTGGGTTAAGTCCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCCCTATTTGCCAGCGATCCGGTCGGG

C20785F+ AACTCTAGGGAGACTGCCCGTGACAAAACCGGAGGAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCA
C20M13R+ AACTCTAGGGAGACTGCCCGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCA
consensus AACTCTAGGGAGACTGCCCGTGACAAAACCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAGGTCATCA

C20785F+ TGGGCCCTTACGAGTAGGGCTAC
C20M13R+ TGG-CCCTTACGAGTAGGGCTACACAGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATC
consensus TGGGCCCTTACGAGTAGGGCTACACAGTGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCCATC

C20M13R+ CCGCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCG
consensus CCGCGAGGGGGAGCTAATCTCATAAAGCCGGTCTCAGTCCGGATCGGAGTCTGCAACTCG

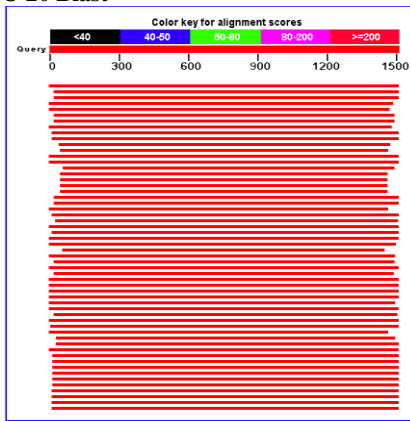
C20M13R+ ACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCC
consensus ACTCCGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGCATCAGAATGGCACGGTGAATACGTTCC

C20M13R+ CGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC
consensus CGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACACCATGGGAGTGGACTGCACCAGAAGTGGTTAGC

C20M13R+ CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGG
consensus CTAACTTCGGAGGGCGATCACCACGGTGTGGTTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGG

C20M13R+ TAACC
consensus TAACC

C-20 Blast



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AJ295145.1 | Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T | 2641 | 2641 | 99% | 0.0 | 99% |
| AJ243448.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSF | 2607 | 2607 | 98% | 0.0 | 99% |
| AJ243447.1 | Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATC | 2607 | 2607 | 98% | 0.0 | 99% |
| FN257740.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770 | 2603 | 2603 | 98% | 0.0 | 99% |
| AM941744.1 | Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662 | 2580 | 2580 | 97% | 0.0 | 99% |
| AB167061.1 | Halomonas sp. SB J86 gene for 16S rRNA, partial sequence | 2572 | 2572 | 97% | 0.0 | 99% |
| AB167063.1 | Halomonas sp. SB J93 gene for 16S rRNA, partial sequence | 2488 | 2488 | 97% | 0.0 | 97% |
| AJ616910.1 | Halomonas orqanivorans partial 16S rRNA gene, type strain G-16.1 | 2479 | 2479 | 98% | 0.0 | 97% |
| EU308363.1 | Halomonas sp. 50B22 2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2477 | 2477 | 99% | 0.0 | 97% |
| EU308362.1 | Halomonas sp. 50B22 1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 2477 | 2477 | 99% | 0.0 | 97% |

> [emb|AJ295145.1|](#) Halomonas salina 16S rRNA gene, strain F8-11 T
Length=1532

Score = 2641 bits (2928), Expect = 0.0
Identities = 1493/1504 (99%), Gaps = 6/1504 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243448.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain DSM 5928
Length=1493

Score = 2607 bits (2890), Expect = 0.0
Identities = 1474/1485 (99%), Gaps = 6/1485 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AJ243447.1|](#) Halomonas salina mRNA for 16S ribosomal RNA (partial), strain ATCC 49509
Length=1493

Score = 2607 bits (2890), Expect = 0.0
Identities = 1474/1485 (99%), Gaps = 6/1485 (0%)
Strand=Plus/Plus

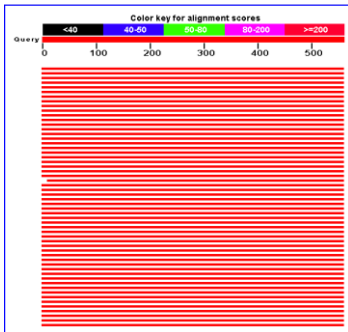
> [emb|FN257740.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain DSM 4770
Length=1475

Score = 2603 bits (2886), Expect = 0.0
Identities = 1470/1480 (99%), Gaps = 6/1480 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [emb|AM941744.1|](#) Halomonas halophila partial 16S rRNA gene, strain CCM 3662
Length=1461

Score = 2580 bits (2860), Expect = 0.0
Identities = 1457/1467 (99%), Gaps = 6/1467 (0%)
Strand=Plus/Plus

C-22 1B



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1003 | 1003 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ907959.1 | Halobacillus sp. LY060 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491186.1 | Halobacillus sp. GDS5-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| EU530649.1 | Halobacillus sp. AB11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189298.2 | Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189304.1 | Halobacillus sp. SA-Hb4 gene for 16S rRNA, partial sequence | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| AY351395.1 | Halobacillus dabanensis strain D-8 16S ribosomal RNA gene, partial | 985 | 985 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB491188.1 | Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 982 | 982 | 100% | 0.0 | 98% |
| AB491183.1 | Halobacillus sp. GDS3-3 gene for 16S rRNA, partial sequence | 982 | 982 | 100% | 0.0 | 98% |

> [dbj|AB189301.1](#) Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
 Length=1442
 Score = 1003 bits (1112), Expect = 0.0
 Identities = 558/559 (99%), Gaps = 0/559 (0%)
 Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ907959.1](#) Halobacillus sp. LY060 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=1471
 Score = 985 bits (1092), Expect = 0.0
 Identities = 554/559 (99%), Gaps = 0/559 (0%)
 Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB491186.1](#) Halobacillus sp. GDS5-1 gene for 16S rRNA, partial sequence
 Length=1395
 Score = 985 bits (1092), Expect = 0.0
 Identities = 554/559 (99%), Gaps = 0/559 (0%)
 Strand=Plus/Plus

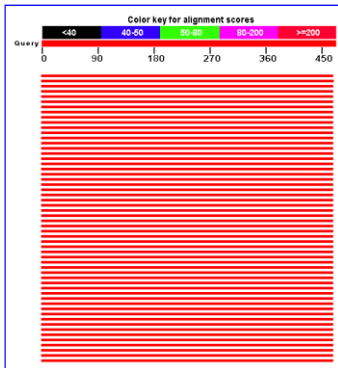
> [gb|EU530649.1](#) Halobacillus sp. AB11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Length=843
 Score = 985 bits (1092), Expect = 0.0
 Identities = 554/559 (99%), Gaps = 0/559 (0%)
 Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB189298.2](#) Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence
 Length=1548
 Score = 985 bits (1092), Expect = 0.0
 Identities = 554/559 (99%), Gaps = 0/559 (0%)
 Strand=Plus/Plus

>C-22 1B

GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
 GAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
 TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCA
 AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTC
 CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
 GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
 CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGG
 CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
 ACGGCTCAACCGT

C-22 341F



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 823 | 823 | 99% | 0.0 | 98% |
| FJ999554.1 | Halobacillus trueperi strain HLSB3 16S ribosomal RNA gene, partial | 821 | 821 | 99% | 0.0 | 98% |
| GQ169088.1 | Halobacillus litoralis strain BLCJ 8 16S ribosomal RNA gene, partial : | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| GQ161979.1 | Halobacillus sp. SYMS-2-22-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| GQ161973.1 | Halobacillus sp. Well-1-4-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequen | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| GQ131664.1 | Halobacillus yeomieoni strain YCSC3 16S ribosomal RNA gene, part | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| FJ999564.1 | Halobacillus sp. HLSB61 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB491188.1 | Halobacillus sp. DH2-1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB491183.1 | Halobacillus sp. GDS3-3 gene for 16S rRNA, partial sequence | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB491182.1 | Halobacillus sp. GDS3-2 gene for 16S rRNA, partial sequence | 820 | 820 | 99% | 0.0 | 98% |

> [dbj|AB189301.1](#) Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1442

Score = 823 bits (912), Expect = 0.0
Identities = 464/469 (98%), Gaps = 0/469 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ999554.1](#) Halobacillus trueperi strain HLSB3 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1557

Score = 821 bits (910), Expect = 0.0
Identities = 464/470 (98%), Gaps = 0/470 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|GQ169088.1](#) Halobacillus litoralis strain BLCJ 8 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=751

Score = 820 bits (908), Expect = 0.0
Identities = 463/469 (98%), Gaps = 0/469 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|GQ161979.1](#) Halobacillus sp. SYMS-2-22-6 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=716

Score = 820 bits (908), Expect = 0.0
Identities = 463/469 (98%), Gaps = 0/469 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-22 341F

GATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGGAAGAACAAGTACCGTGC GAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCT
AACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTGCGG
AATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGTTCC TTAAGTCTGATGTGAAAGCCACGGCTCAACCGT
GAGGGTCA TTGGAAACTGGGGA ACTTGAGGACAGAGGAGGAGAGTGAATTCACATGTAGCGGTGA
AATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTG
CGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCCTGGTAGTCCACTCCGTA AACGATGAGTGCTAGGT
GTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCTGGGGAGCTAC

>C-22 1B

GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
GAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCA
AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC

CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGG
CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
ACGGCTCAACCGTG

>C-22 341F

GATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCT
AACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTGCGG
AATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTG
GAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAGGAGGAGAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGA
AATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTG
CGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCCTGGTAGTCCACTCCGTAAACGATGAGTGCTAGGT
GTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGCTAC

>C-22 1B 341F

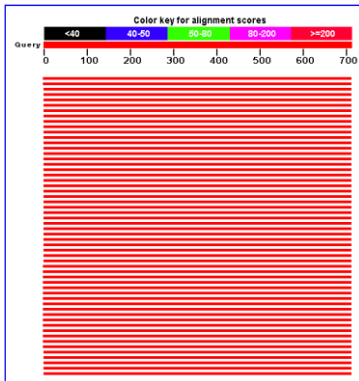
GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
GAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCA
AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTC
CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGG
CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
ACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAGGAGGAGAGTGAATTCC
ACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTT
TCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCCTGGTAGTCCACTCCGTAAA
CGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCT
GGGAGCTAC

C-22 1B 341F Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| c22+ | | | |
| c22+ | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | |
| c22+ | | | GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGCGGACGGGTGAGTAACACGCTGGGCAACCTGCCTGT |
| consensus | | | GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGCGGACGGGTGAGTAACACGCTGGGCAACCTGCCTGT |
| c22+ | | | AAGACCCGGAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCGCATGA |
| consensus | | | AAGACCCGGAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCGCATGA |
| c22+ | | | AGGAAGGTTGAAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGGGCGCATTAGCT |
| consensus | | | AGGAAGGTTGAAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGGGCGCATTAGCT |
| c22+ | | | AGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGCGGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCG |
| consensus | | | AGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGCGGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCG |
| c22+ | | | GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTC |
| consensus | | | GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTC |
| c22+ | | | CGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT |
| c22+ | | | GATCGT |
| consensus | | | CGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT |
| c22+ | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| c22+ | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| consensus | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| c22+ | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| c22+ | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| consensus | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| c22+ | | | CGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| c22+ | | | CGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| consensus | | | CGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| c22+ | | | AGCCACGGCTCAACCGTG |
| c22+ | | | AGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTGAGGACAGAGGAGGA |
| consensus | | | AGCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTGAGGACAGAGGAGGA |
| c22+ | | | GAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGA |
| consensus | | | GAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGA |
| c22+ | | | AGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGAT |
| consensus | | | AGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGAT |
| c22+ | | | CAGATACCCCTGGTAGTCCACTCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACC |
| consensus | | | CAGATACCCCTGGTAGTCCACTCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACC |
| c22+ | | | CCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGCTAC |
| consensus | | | CCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGCTAC |

C-22 907R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1265 | 1265 | 100% | 0.0 | 99% |
| AB189298.2 | Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence | 1256 | 1256 | 100% | 0.0 | 99% |
| FJ587216.1 | Halobacillus sp. NY-15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU868845.1 | Halobacillus sp. S105-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU746427.1 | Bacillus sp. B-22 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU624433.1 | Halobacillus trueperi strain S6-09 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU661812.1 | Bacillus sp. B-1(2008) 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU661807.1 | Bacillus sp. B-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU070394.1 | Halobacillus sp. B55Ydz-zz 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |
| EU305735.1 | Bacillus sp. GN-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1252 | 1252 | 99% | 0.0 | 99% |

> [dbj|AB189301.1](#) Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1442

Score = 1265 bits (1402), Expect = 0.0
Identities = 709/713 (99%), Gaps = 1/713 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB189298.2](#) Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1548

Score = 1256 bits (1392), Expect = 0.0
Identities = 707/713 (99%), Gaps = 1/713 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ587216.1](#) Halobacillus sp. NY-15 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1446

Score = 1252 bits (1388), Expect = 0.0
Identities = 705/711 (99%), Gaps = 1/711 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU868845.1](#) Halobacillus sp. S105-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1438

Score = 1252 bits (1388), Expect = 0.0
Identities = 705/711 (99%), Gaps = 1/711 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|EU746427.1](#) Bacillus sp. B-22 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1260

Score = 1252 bits (1388), Expect = 0.0
Identities = 705/711 (99%), Gaps = 1/711 (0%)
Strand=Plus/Plus

>C-22 907R

TCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGGCGCATTAG
CTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACA
CTGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTCCGCAATGGACGAAA
GTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGA
ACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGC
CAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGC
GGTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTG
AGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCA

GTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT
AGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCT
GAAGTTAACGCATTAAGCACTCTGCCTGGGGA

>C-22 1B 341F

GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
GAATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCA
AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC
CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGG
CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
ACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAGGAGGAGAGTGGAATTCC
ACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTT
TCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCTGGTAGTCCACTCCGTA
CGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCT
GGGAGCTAC

>C-22 907R

TCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGGCGCATTAG
CTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACA
CTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAA
GTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGA
ACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACCTGC
CAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGC
GGTTCCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTG
AGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCA
GTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATT
AGATACCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCT
GAAGTTAACGCATTAAGCACTCTGCCTGGGGA

>C-22 1B+341F+907R

GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
GAATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCA
AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC
CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGG
CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
ACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGGAATTCC
ACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTT
TCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCTGGTAGTCCACGCCGTA
CGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCT
GGGAGCTAC

C-22 1B+341F+907R Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
 '+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting | Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|------------|---|
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C22+ | | | | c22+ is in C22+ |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| C22+ | | | | GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGT |
| consensus | | | | GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGT |
| C22+ | | | | AAGACCCGAATAAACCCCGGGAAACCCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGA |
| c22+ | | | | TCTTCGCATGA |
| consensus | | | | AAGACCCGAATAAACCCCGGGAAACCCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGA |
| C22+ | | | | AGGAAGGTTGAAAAGATGGCTTCTCGCTATCATTACAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCT |
| c22+ | | | | AGGAAGGTTGAAAAGATGGCTTCTCGCTATCATTACAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCT |
| consensus | | | | AGGAAGGTTGAAAAGATGGCTTCTCGCTATCATTACAGATGGGCCCGCGGCGCATTAGCT |
| C22+ | | | | AGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCG |
| c22+ | | | | AGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCG |
| consensus | | | | AGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCG |
| C22+ | | | | GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTC |
| c22+ | | | | GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTC |
| consensus | | | | GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTC |
| C22+ | | | | CGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT |
| c22+ | | | | CGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT |
| consensus | | | | CGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGCGTGAACGATGAAGGTCTTCGGATCGT |
| C22+ | | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| c22+ | | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| consensus | | | | AAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGACGGTAC |
| C22+ | | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| c22+ | | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| consensus | | | | CTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGGGCAAG |
| C22+ | | | | CGTTGTCCGGAATTAATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| c22+ | | | | CGTTGTCCGGAATTAATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| consensus | | | | CGTTGTCCGGAATTAATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCCCTTAAGTCTGATGTGAA |
| C22+ | | | | AGCCCCAGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGA |
| c22+ | | | | AGCCCCAGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGA |
| consensus | | | | AGCCCCAGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGA |
| C22+ | | | | GAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGA |
| c22+ | | | | GAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGA |
| consensus | | | | GAGTGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGA |
| C22+ | | | | AGCGGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACCGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGAT |
| c22+ | | | | AGCGGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACCGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGAT |
| consensus | | | | AGCGGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACCGCTGAGGTGCGAAAAGCGTGGGTAGCAAAACAGGAT |
| C22+ | | | | CAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACC |
| c22+ | | | | CAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACC |
| consensus | | | | CAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACC |
| C22+ | | | | CCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCTGGGGAGCTAC |
| c22+ | | | | CCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCTGGGGAGCTAC |
| consensus | | | | CCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCCTGGGGAGCTAC |

C-22 M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|--|-----------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189298.2 | Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence | 715 | 715 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 715 | 715 | 93% | 0.0 | 99% |
| EU135673.1 | Halobacillus sp. YIM C825 16S ribosomal RNA gene, partial sequenc | 713 | 713 | 100% | 0.0 | 97% |
| AB166985.1 | Halobacillus sp. NT N43 gene for 16S rRNA, partial sequence | 713 | 713 | 100% | 0.0 | 97% |
| AY881246.1 | Halobacillus veomieoni 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 713 | 713 | 100% | 0.0 | 97% |
| DQ089677.1 | Halobacillus trueperi strain I100 16S ribosomal RNA gene, partial se | 711 | 711 | 100% | 0.0 | 97% |
| AJ486874.1 | Halobacillus karajiensis partial 16S rRNA gene, type strain DSM 149 | 711 | 711 | 100% | 0.0 | 97% |
| AM990701.1 | Halobacillus sp. MOLA 434 partial 16S rRNA gene, culture collection | 710 | 710 | 100% | 0.0 | 97% |
| DQ888316.1 | Halobacillus puertoriconensis strain MS10 16S ribosomal RNA gene, | 710 | 710 | 100% | 0.0 | 97% |
| DQ448799.1 | Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 706 | 706 | 100% | 0.0 | 97% |

```
>dbj|AB189298.2| Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1548

Score = 715 bits (792), Expect = 0.0
Identities = 416/425 (97%), Gaps = 3/425 (0%)
Strand=Plus/Minus

>dbj|AB189301.1| Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1442

Score = 715 bits (792), Expect = 0.0
Identities = 398/399 (99%), Gaps = 0/399 (0%)
Strand=Plus/Minus

>gb|EU135673.1| Halobacillus sp. YIM C825 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=600

Score = 713 bits (790), Expect = 0.0
Identities = 414/425 (97%), Gaps = 1/425 (0%)
Strand=Plus/Minus

>dbj|AB166985.1| Halobacillus sp. NT N43 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1489

Score = 713 bits (790), Expect = 0.0
Identities = 414/425 (97%), Gaps = 1/425 (0%)
Strand=Plus/Minus

>gb|DQ089677.1| Halobacillus trueperi strain I100 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1513

Score = 711 bits (788), Expect = 0.0
Identities = 415/425 (97%), Gaps = 3/425 (0%)
Strand=Plus/Minus
```

>C-22 M13R

ACGATCCGAAGACCTTCATCGTTCACGCGGGCTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCC
CTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCTCTCAGGTC
GGCTACGCATCGTCGCCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGCCCATCTGTA
AGTGATAGCGAGAAGCCATCTTTCAACCTTCTTCATGCGAAGAAAGGTATTACCCGGCATTAGCCCCG
GTTTCCCGGGTTATTCCGGTCTTACAGGCAGGTTGCCACGTGTTACTCACCCGTCCGCCGCTCGTTCC
ACGATCGTCACCCCGAAGGGGATCCGCTCGCTTCCCGCGCTCGACTTGCAATGATTAGGCACAACCCG
CAGCGTTCGT

>C-22 1B+341F+907R

GGGGTGACGATCGTGGAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCG
GAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGA
TGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCA
AGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTC

CTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAAC
GATGAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTA
CCTTGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGG
CAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCC
ACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGAATTCC
ACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTT
TCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTA
CGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCT
GGGAGCTAC

>C-22 M13R

ACGATCCGAAGACCTTCATCGTTCACGCGGCGTTGCTCCGTCAGACTTTCGTCCATTGCGGAAGATTCC
CTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCAGTGTGGCCGATCACCCCTCAGGTC
GGCTACGCATCGTCGCCCTTGGTGAGCCGTTACCTCACCAACTAGCTAATGCGCCGCGGGCCCATCTGTA
AGTGATAGCGAGAAGCCATCTTTCAACCTTCCTTCATGCGAAGAAAGGTATTACCCGGCATTAGCCCCG
GTTTCCCGGGTTATTCCGGTCTTACAGGCAGGTTGCCACAGTGTACTCACCCGTCCGCCGCTCGTTC
ACGATCGTCACCCCGAAGGGGATCCGCTCGCTTCCCGCGCTCGACTTGCATGTATTAGGCACAACCCG
CAGCGTTTCGT

>C-22 1B+341F+907R+M13R

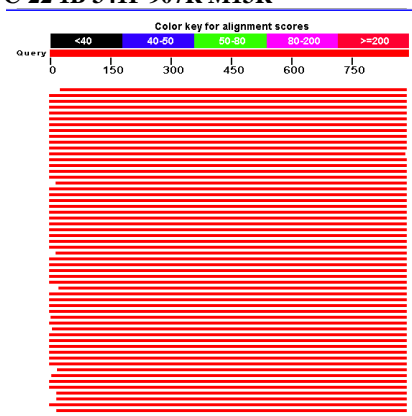
ACGAACGCTGGCGGTTGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGCGGGAAGCGAGCGGATCCCCTTCGGGG
GTGACGATCGTGGAACGAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTGTAAGACCCGGAAT
AACCCCGGGAAACCGGGGCTAATGCCGGGTAATACCTTTCTTCGCATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGC
TTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTACCAAGGC
GACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTAC
GGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGAT
GAAGGTCTTCGGATCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCT
TGACGGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAA
GCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACG
GCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGGACAGAAGAGGAGAGTGAATTCCACAT
GTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTG
ACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAACAGGATCAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGAT
GAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTTCCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGG
AGCTAC

C-22 1B+341F+907R+M13R Detayları

Number of segment pairs = 2; number of pairwise comparisons = 1
'+' means given segment; '-' means reverse complement

| Overlaps | Containments | No. of Constraints | Supporting | Overlap |
|-----------------------------|--------------|--------------------|------------|--|
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| c22- | | | | |
| C+ | | | | |
| DETAILED DISPLAY OF CONTIGS | | | | |
| ***** Contig 1 ***** | | | | |
| c22- | | | | ACGAAACGCTGGCGGTTGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGGAAAGCGAGCGGATCCC |
| consensus | | | | ACGAAACGCTGGCGGTTGTGCCTAATACATGCAAGTCGAGCGGGAAAGCGAGCGGATCCC |
| c22- | | | | CTTCGGGGGTGACGATCGTGGAAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTG |
| C+ | | | | GGGGTGACGATCGTGGAAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTG |
| consensus | | | | CTTCGGGGGTGACGATCGTGGAAACGAGCGGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTG |
| c22- | | | | CCTGTAAGACCGGAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCG |
| C+ | | | | CCTGTAAGACCGGAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCG |
| consensus | | | | CCTGTAAGACCGGAATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATGCCGGTAATACCTTTCTTCG |
| c22- | | | | CATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCAT |
| C+ | | | | CATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCAT |
| consensus | | | | CATGAAGGAAGGTTGAAAGATGGCTTCTCGCTATCACTTACAGATGGGCCCGCGGCAT |
| c22- | | | | TAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGT |
| C+ | | | | TAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGT |
| consensus | | | | TAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGT |
| c22- | | | | GATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAA |
| C+ | | | | GATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAA |
| consensus | | | | GATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAA |
| c22- | | | | TCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGTGAACGATGAAGGTCTTCGG |
| C+ | | | | TCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGTGAACGATGAAGGTCTTCGG |
| consensus | | | | TCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGTGAACGATGAAGGTCTTCGG |
| c22- | | | | ATCGT |
| C+ | | | | ATCGTAAAGTCTGTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGAC |
| consensus | | | | ATCGTAAAGTCTGTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGTGCGAACAGAGCGGTACCTTGAC |
| C+ | | | | GGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGG |
| consensus | | | | GGTACCTAACGAGGAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGGG |
| C+ | | | | GCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGAT |
| consensus | | | | GCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTTCTTAAGTCTGAT |
| C+ | | | | GTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAAACCTGGGGAACCTTGAGGACAGAA |
| consensus | | | | GTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGAAAACCTGGGGAACCTTGAGGACAGAA |
| C+ | | | | GAGGAGAGTGGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGT |
| consensus | | | | GAGGAGAGTGGAATTCCACATGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGT |
| C+ | | | | GGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAAC |
| consensus | | | | GGCGAAGGCGACTCTCTGGTCTGTTTCTGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGTAGCAAAC |
| C+ | | | | AGGATCAGATACCCGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTT |
| consensus | | | | AGGATCAGATACCCGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGGCTT |
| C+ | | | | CCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGCTAC |
| consensus | | | | CCACCCCTTAGTGCTGAAGTTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGAGCTAC |

C-22 1B 341F 907R M13R



| Accession | Description | Max score | Total score | Query coverage | E value | Max ident |
|----------------------------|---|----------------------|-------------|----------------|---------|-----------|
| AB189301.1 | Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1541 | 1541 | 96% | 0.0 | 99% |
| FJ999561.1 | Halobacillus sp. HLSB41 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1539 | 1539 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB189298.2 | Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence | 1537 | 1537 | 99% | 0.0 | 98% |
| AY881246.1 | Halobacillus yeomjeoni 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 1535 | 1535 | 99% | 0.0 | 98% |
| DQ448799.1 | Halobacillus sp. CNJ931 PL04 16S ribosomal RNA gene, partial sequ | 1528 | 1528 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB167045.1 | Halobacillus sp. NT N143 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1528 | 1528 | 99% | 0.0 | 98% |
| X94558.1 | H.litoralis 16S rRNA gene | 1528 | 1528 | 99% | 0.0 | 98% |
| AB167023.1 | Halobacillus sp. NT N104 gene for 16S rRNA, partial sequence | 1526 | 1526 | 99% | 0.0 | 98% |

> [dbj|AB189301.1](#) Halobacillus sp. SA-Hb1 gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1442

Score = 1541 bits (1708), Expect = 0.0
Identities = 859/862 (99%), Gaps = 0/862 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|FJ999561.1](#) Halobacillus sp. HLSB41 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1424

Score = 1539 bits (1706), Expect = 0.0
Identities = 875/888 (98%), Gaps = 1/888 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [dbj|AB189298.2](#) Halobacillus profundi gene for 16S rRNA, partial sequence
Length=1548

Score = 1537 bits (1704), Expect = 0.0
Identities = 876/888 (98%), Gaps = 3/888 (0%)
Strand=Plus/Plus

> [gb|AY881246.1](#) Halobacillus yeomjeoni 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1522

Score = 1535 bits (1702), Expect = 0.0
Identities = 874/888 (98%), Gaps = 1/888 (0%)
Strand=Plus/Plus

EK-3
İzolatların Yağ Asit Sonuçları

E095254.45A [1] 25 MAYIS 2009 ARMAGAN

Page 1

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 1 ID Number: 1
 Type: Calib Bottle: 1 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 10:41:21 AM

Sample ID: 25 MAYIS 2009 ARMAGAN

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|---------------------|
| 1.943 | 3.685E+8 | 0.024 | ---- | 7.035 | SOLVENT PEAK | ---- | > max response | |
| 2.223 | 9662 | 0.028 | ---- | 7.573 | | ---- | | |
| 2.289 | 11733 | 0.025 | ---- | 7.699 | | ---- | | |
| 2.328 | 3095 | 0.037 | ---- | 7.774 | | ---- | | |
| 2.967 | 40064 | 0.024 | 1.271 | 9.000 | 9:0 | 5.38 | | |
| 3.488 | 84557 | 0.027 | 1.198 | 10.000 | 10:0 | 10.71 | Peak match -0.0012 | |
| 4.137 | 335 | 0.026 | ---- | 10.902 | | ---- | < min response | |
| 4.208 | 44806 | 0.028 | 1.136 | 11.000 | 11:0 | 5.38 | Peak match 0.0013 | |
| 4.355 | 18840 | 0.032 | 1.127 | 11.155 | 10:0 2OH | 2.24 | Peak match -0.0059 | |
| 4.608 | 8956 | 0.030 | 1.112 | 11.421 | 10:0 3OH | 1.05 | Peak match 0.0026 | |
| 5.158 | 93786 | 0.032 | 1.083 | 12.000 | 12:0 | 10.73 | Peak match -0.0032 | |
| 6.341 | 49124 | 0.035 | 1.038 | 13.000 | 13:0 | 5.39 | Peak match -0.0026 | |
| 7.737 | 101689 | 0.040 | 1.000 | 14.000 | 14:0 | 10.75 | Peak match -0.0038 | |
| 9.298 | 52497 | 0.041 | 0.969 | 15.000 | 15:0 | ---- | Peak match -0.0013 | |
| 9.638 | 21461 | 0.042 | 0.963 | 15.203 | 14:0 2OH | 2.18 | Peak match 0.0004 | |
| 10.116 | 10228 | 0.045 | 0.955 | 15.489 | Sum In Feature 2 | 1.03 | Peak match -0.0012 | 14:0 3OH/16:1 ISO 1 |
| 10.971 | 107448 | 0.044 | 0.942 | 16.000 | 16:0 | 10.70 | Peak match -0.0023 | |
| 12.698 | 55261 | 0.045 | 0.920 | 17.000 | 17:0 | 5.38 | Peak match 0.0001 | |
| 13.108 | 22371 | 0.048 | 0.916 | 17.234 | 16:0 2OH | 2.17 | Peak match -0.0012 | |
| 14.448 | 113067 | 0.050 | 0.902 | 18.000 | 18:0 | 10.78 | Peak match -0.0022 | |
| 16.178 | 57295 | 0.048 | 0.885 | 19.000 | 19:0 | 5.36 | Peak match 0.0001 | |
| 16.740 | 229 | 0.016 | ---- | 19.329 | | ---- | < min response | |
| 17.884 | 116907 | 0.046 | 0.870 | 20.000 | 20:0 | 10.75 | | |
| ---- | 10228 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 2 | 1.03 | 12:0 ALDE ? | unknown 10.928 |
| ---- | ---- | --- | ---- | ---- | ---- | ---- | 16:1 ISO 1/14:0 3OH | 14:0 3OH/16:1 ISO 1 |

Total Response: 946424 Total Named: 945861
 Percent Named: 99.94% Total Amount: 996810
 Profile Comment: Good peak matching. Peak position matching error (RMS) is 0.0025.

Matches:

| Library | Sim Index | Entry Name |
|-------------|-----------|------------------------|
| TSBA50 5.00 | 0.998 | MIDI Calibration Mix 1 |

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 2 ID Number: 1
 Type: Calib Bottle: 1 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 11:04:23 AM
 Sample ID: 25 MAYIS 2009 ARMAGAN

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|---------------------|
| 1.819 | 4.259E+8 | 0.023 | ---- | 7.050 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 2.083 | 11330 | 0.026 | ---- | 7.581 | | ---- | < min rt | |
| 2.144 | 13817 | 0.023 | ---- | 7.706 | | ---- | < min rt | |
| 2.182 | 3034 | 0.026 | ---- | 7.780 | | ---- | < min rt | |
| 2.561 | 424 | 0.031 | ---- | 8.545 | | ---- | < min response | |
| 2.787 | 47218 | 0.023 | 1.262 | 9.000 | 9:0 | 5.40 | | |
| 3.283 | 99562 | 0.025 | 1.181 | 10.000 | 10:0 | 10.65 | Peak match 0.0012 | |
| 3.905 | 506 | 0.025 | ---- | 10.904 | | ---- | | |
| 3.971 | 52533 | 0.028 | 1.119 | 11.000 | 11:0 | 5.32 | Peak match 0.0022 | |
| 4.112 | 22383 | 0.028 | 1.111 | 11.154 | 10:0 2OH | 2.25 | Peak match -0.0045 | |
| 4.356 | 10522 | 0.030 | 1.098 | 11.420 | 10:0 3OH | 1.05 | Peak match 0.0032 | |
| 4.887 | 110510 | 0.031 | 1.073 | 12.000 | 12:0 | 10.73 | Peak match 0.0008 | |
| 6.034 | 57118 | 0.034 | 1.038 | 13.000 | 13:0 | 5.37 | Peak match 0.0021 | |
| 7.400 | 117568 | 0.036 | 1.012 | 14.000 | 14:0 | 10.77 | Peak match 0.0012 | |
| 8.935 | 60776 | 0.040 | 0.991 | 15.000 | 15:0 | ---- | Peak match -0.0001 | |
| 9.268 | 24531 | 0.041 | 0.987 | 15.202 | 14:0 2OH | 2.19 | Peak match 0.0027 | |
| 9.742 | 12424 | 0.043 | 0.981 | 15.488 | Sum In Feature 2 | 1.10 | Peak match -0.0011 | 14:0 3OH/16:1 ISO I |
| 10.589 | 122299 | 0.040 | 0.971 | 16.000 | 16:0 | 10.75 | Peak match 0.0008 | |
| 10.746 | 239 | 0.030 | ---- | 16.091 | | ---- | < min response | |
| 12.304 | 62933 | 0.045 | 0.950 | 17.000 | 17:0 | 5.41 | Peak match 0.0005 | |
| 12.710 | 25845 | 0.046 | 0.944 | 17.233 | 16:0 2OH | 2.21 | Peak match -0.0003 | |
| 14.044 | 127632 | 0.046 | 0.923 | 18.000 | 18:0 | 10.66 | Peak match 0.0012 | |
| 15.771 | 65175 | 0.046 | 0.886 | 19.000 | 19:0 | 5.23 | Peak match 0.0002 | |
| 17.478 | 143823 | 0.050 | 0.838 | 20.000 | 20:0 | 10.91 | | |
| ---- | 12424 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 2 | 1.10 | 12:0 ALDE ? | unknown 10.928 |
| ---- | ----- | --- | ---- | ---- | | ---- | 16:1 ISO I/14:0 3OH | 14:0 3OH/16:1 ISO I |

Total Response: 1102820

Total Named: 1102075

Percent Named: 99.93%

Total Amount: 1164844

Profile Comment: Good peak matching. Peak position matching error (RMS) is 0.0019.

Matches:

| Library | Sim Index | Entry Name |
|-------------|-----------|------------------------|
| TSBA50 5.00 | 0.997 | MIDI Calibration Mix 1 |

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 3 ID Number: 1410
 Type: Samp Bottle: 2 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 11:29:08 AM
 Sample ID: C12

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|----------------------|
| 0.143 | 1572 | 0.063 | ---- | 3.672 | | ---- | < min rt | |
| 0.718 | 666 | 0.052 | ---- | 4.830 | | ---- | < min rt | |
| 0.986 | 992 | 0.060 | ---- | 5.371 | | ---- | < min rt | |
| 1.238 | 503 | 0.042 | ---- | 5.877 | | ---- | < min rt | |
| 1.719 | 3.996E+8 | 0.026 | ---- | 6.849 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.969 | 755 | 0.025 | ---- | 7.351 | | ---- | < min rt | |
| 2.170 | 573 | 0.038 | ---- | 7.757 | | ---- | < min rt | |
| 2.309 | 281 | 0.029 | ---- | 8.037 | | ---- | < min rt | |
| 2.638 | 480 | 0.030 | ---- | 8.701 | | ---- | < min rt | |
| 4.659 | 504 | 0.034 | ---- | 11.752 | | ---- | | |
| 5.452 | 414 | 0.033 | 1.055 | 12.493 | unknown 12.484 | 0.65 | ECL deviates 0.009 | |
| 6.609 | 1408 | 0.035 | ---- | 13.421 | | ---- | | |
| 7.126 | 610 | 0.038 | ---- | 13.799 | | ---- | | |
| 8.062 | 5894 | 0.038 | 1.002 | 14.431 | 15:1 ISO G | 8.85 | ECL deviates -0.009 | |
| 8.199 | 43197 | 0.038 | 1.001 | 14.521 | 15:1 ANTEISO A | 64.74 | ECL deviates -0.006 | |
| 8.631 | 554 | 0.048 | 0.995 | 14.802 | 15:1 w8c | 0.83 | ECL deviates 0.009 | |
| 9.661 | 4476 | 0.042 | 0.982 | 15.439 | 16:1 ISO G | 6.59 | ECL deviates -0.003 | |
| 10.273 | 2576 | 0.041 | 0.975 | 15.809 | Sum In Feature 3 | 3.76 | ECL deviates -0.013 | 16:1 w7c/15 iso 2OH |
| 11.346 | 1601 | 0.043 | ---- | 16.441 | | ---- | | |
| 11.503 | 10139 | 0.043 | 0.960 | 16.533 | 17:1 ANTEISO A | 14.58 | ECL deviates -0.007 | |
| 13.713 | 889 | 0.050 | ---- | 17.810 | | ---- | | |
| 16.604 | 2326 | 0.049 | ---- | 19.488 | | ---- | | |
| ---- | 2576 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 3 | 3.76 | 16:1 w7c/15 iso 2OH | 15:0 ISO 2OH/16:1w7c |

ECL Deviation: 0.009

Reference ECL Shift: 0.000

Number Reference Peaks: 0

Total Response: 74589

Total Named: 67250

Percent Named: 90.16%

Total Amount: 66761

*** No Matches found in TSBA50

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 4 ID Number: 1411
 Type: Samp Bottle: 3 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 11:53:58 AM
 Sample ID: C13

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|---------------------|
| 0.931 | 513 | 0.045 | ---- | 5.256 | | ---- | < min rt | |
| 1.645 | 4.317E+8 | 0.024 | ---- | 6.696 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.885 | 868 | 0.025 | ---- | 7.179 | | ---- | < min rt | |
| 2.086 | 477 | 0.037 | ---- | 7.585 | | ---- | < min rt | |
| 2.178 | 453 | 0.035 | ---- | 7.771 | | ---- | < min rt | |
| 2.502 | 687 | 0.036 | ---- | 8.423 | | ---- | < min rt | |
| 2.796 | 848 | 0.065 | 1.262 | 9.015 | 9:0 | 2.24 | ECL deviates 0.015 | |
| 2.993 | 6193 | 0.023 | ---- | 9.412 | | ---- | | |
| 3.635 | 447 | 0.026 | ---- | 10.509 | | ---- | | |
| 4.322 | 887 | 0.027 | ---- | 11.380 | | ---- | | |
| 4.501 | 7032 | 0.030 | ---- | 11.576 | | ---- | | |
| 4.980 | 310 | 0.037 | 1.069 | 12.079 | 11:0 ISO 3OH | 0.69 | ECL deviates -0.010 | |
| 5.598 | 451 | 0.030 | 1.050 | 12.617 | 13:0 ISO | 0.99 | ECL deviates 0.003 | Reference 0.006 |
| 6.195 | 6383 | 0.034 | ---- | 13.115 | | ---- | | |
| 6.666 | 764 | 0.030 | 1.025 | 13.460 | 12:0 3OH | 1.64 | ECL deviates 0.006 | |
| 6.918 | 926 | 0.035 | ---- | 13.644 | | ---- | | |
| 8.417 | 4669 | 0.039 | ---- | 14.659 | | ---- | | |
| 9.437 | 880 | 0.046 | ---- | 15.301 | | ---- | | |
| 9.740 | 3853 | 0.040 | 0.982 | 15.484 | Sum In Feature 2 | 7.93 | ECL deviates 0.004 | 16:1 ISO I/14:0 3OH |
| 10.042 | 42212 | 0.042 | 0.978 | 15.666 | unknown 15.669 | 86.50 | ECL deviates -0.003 | |
| 11.546 | 13368 | 0.043 | ---- | 16.555 | | ---- | | |
| 11.740 | 3645 | 0.044 | ---- | 16.668 | | ---- | | |
| 13.160 | 3509 | 0.048 | ---- | 17.489 | | ---- | | |
| 13.330 | 856 | 0.044 | ---- | 17.587 | | ---- | | |
| 13.469 | 789 | 0.038 | ---- | 17.667 | | ---- | | |
| 14.435 | 2163 | 0.047 | ---- | 18.223 | | ---- | | |
| 15.020 | 19879 | 0.045 | ---- | 18.562 | | ---- | | |
| ---- | 3853 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 2 | 7.93 | 12:0 ALDE ? | unknown 10.928 |
| ---- | ----- | --- | ---- | ---- | ---- | ---- | 16:1 ISO I/14:0 3OH | 14:0 3OH/16:1 ISO I |

ECL Deviation: 0.008 Reference ECL Shift: 0.006 Number Reference Peaks: 1
 Total Response: 120062 Total Named: 48438
 Percent Named: 40.34% Total Amount: 47721
 Profile Comment: Percent named is less than 85.00.

*** Library match not attempted -- Analysis not good enough

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 5 ID Number: 1412
 Type: Samp Bottle: 4 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 12:19:00 PM
 Sample ID: C15

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|-------------------|---------|---------------------|-----------------|
| 1.597 | 4.47E+8 | 0.024 | ---- | 6.598 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.830 | 677 | 0.020 | ---- | 7.069 | | ---- | < min rt | |
| 2.022 | 187 | 0.023 | ---- | 7.454 | | ---- | < min rt | |
| 2.112 | 413 | 0.042 | ---- | 7.637 | | ---- | < min rt | |
| 2.430 | 625 | 0.023 | ---- | 8.277 | | ---- | < min rt | |
| 2.636 | 160 | 0.021 | ---- | 8.693 | | ---- | < min rt | |
| 2.912 | 7335 | 0.023 | ---- | 9.249 | | ---- | | |
| 3.381 | 166 | 0.022 | ---- | 10.140 | | ---- | | |
| 3.898 | 4077 | 0.027 | ---- | 10.891 | | ---- | | |
| 4.216 | 276 | 0.024 | ---- | 11.264 | | ---- | | |
| 4.393 | 8687 | 0.028 | ---- | 11.457 | | ---- | | |
| 4.864 | 593 | 0.037 | ---- | 11.972 | | ---- | | |
| 5.479 | 268 | 0.032 | ---- | 12.512 | | ---- | | |
| 6.066 | 14091 | 0.034 | ---- | 13.020 | | ---- | | |
| 7.840 | 396 | 0.025 | ---- | 14.283 | | ---- | | |
| 8.273 | 808 | 0.034 | ---- | 14.565 | | ---- | | |
| 8.707 | 2953 | 0.039 | 0.994 | 14.848 | 15:1 w6c | 9.48 | ECL deviates -0.008 | |
| 9.056 | 1206 | 0.038 | ---- | 15.070 | | ---- | | |
| 9.589 | 864 | 0.040 | 0.983 | 15.391 | 16:1 w7c alcohol | 2.75 | ECL deviates 0.004 | |
| 9.890 | 30734 | 0.040 | ---- | 15.574 | | ---- | | |
| 11.389 | 5816 | 0.043 | 0.962 | 16.463 | ISO 17:1 w5c | 18.08 | ECL deviates 0.002 | |
| 11.585 | 1392 | 0.039 | 0.959 | 16.577 | unknown 16.582 | 4.31 | ECL deviates -0.005 | |
| 12.124 | 1413 | 0.040 | 0.952 | 16.892 | 17:0 CYCLO | 4.35 | ECL deviates 0.004 | Reference 0.007 |
| 12.478 | 662 | 0.040 | ---- | 17.096 | | ---- | | |
| 13.000 | 1572 | 0.038 | ---- | 17.396 | | ---- | | |
| 13.317 | 659 | 0.034 | 0.935 | 17.579 | 18:3 w6c (6,9,12) | 1.99 | ECL deviates 0.002 | |
| 14.273 | 3222 | 0.050 | ---- | 18.129 | | ---- | | |
| 14.864 | 20148 | 0.046 | 0.907 | 18.471 | 19:1 ISO 1 | 59.04 | ECL deviates -0.002 | |
| 16.202 | 841 | 0.048 | ---- | 19.249 | | ---- | | |

ECL Deviation: 0.004 Reference ECL Shift: 0.007 Number Reference Peaks: 1
 Total Response: 108178 Total Named: 33245
 Percent Named: 30.73% Total Amount: 30946
 Profile Comment: Percent named is less than 85.00.

*** Library match not attempted -- Analysis not good enough

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 6 ID Number: 1413
 Type: Samp Bottle: 5 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 12:43:45 PM
 Sample ID: C16

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|--------------|---------|--------------------|----------|
| 1.568 | 4.568E+8 | 0.023 | ---- | 6.544 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.798 | 1224 | 0.024 | ---- | 7.007 | | ---- | < min rt | |
| 1.982 | 198 | 0.028 | ---- | 7.377 | | ---- | < min rt | |
| 6.203 | 1954 | 0.033 | ---- | 13.124 | | ---- | | |
| 6.702 | 571 | 0.034 | ---- | 13.489 | | ---- | | |
| 7.622 | 7033 | 0.037 | ---- | 14.145 | | ---- | | |
| 7.755 | 18819 | 0.037 | ---- | 14.231 | | ---- | | |
| 9.194 | 3958 | 0.039 | ---- | 15.157 | | ---- | | |
| 9.800 | 3535 | 0.041 | ---- | 15.523 | | ---- | | |
| 10.865 | 1724 | 0.043 | ---- | 16.161 | | ---- | | |
| 11.019 | 7235 | 0.042 | ---- | 16.251 | | ---- | | |
| 13.222 | 890 | 0.039 | 0.937 | 17.528 | 16:0 3OH | 100.00 | ECL deviates 0.009 | |

ECL Deviation: 0.009 Reference ECL Shift: 0.000 Number Reference Peaks: 0
 Total Response: 45720 Total Named: 890
 Percent Named: 1.95% Total Amount: 834
 Profile Comment: Total response less than 50000.0. Concentrate and re-run.

*** Library match not attempted -- Analysis not good enough

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 8 ID Number: 1415
 Type: Samp Bottle: 7 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 1:33:38 PM
 Sample ID: C20

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|---------------------|
| 1.545 | 4.634E+8 | 0.023 | ---- | 6.498 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.771 | 894 | 0.024 | ---- | 6.953 | | ---- | < min rt | |
| 2.045 | 182 | 0.019 | ---- | 7.504 | | ---- | < min rt | |
| 2.086 | 259 | 0.023 | ---- | 7.587 | | ---- | < min rt | |
| 2.355 | 667 | 0.026 | ---- | 8.130 | | ---- | < min rt | |
| 2.631 | 143 | 0.018 | ---- | 8.686 | | ---- | < min rt | |
| 2.825 | 6772 | 0.022 | ---- | 9.077 | | ---- | | |
| 3.442 | 340 | 0.023 | ---- | 10.231 | | ---- | | |
| 3.791 | 398 | 0.022 | ---- | 10.738 | | ---- | | |
| 4.104 | 647 | 0.024 | 1.111 | 11.146 | 10:0 2OH | 3.60 | ECL deviates -0.007 | |
| 4.276 | 6244 | 0.030 | ---- | 11.334 | | ---- | | |
| 4.741 | 554 | 0.031 | ---- | 11.841 | | ---- | | |
| 5.925 | 11782 | 0.033 | ---- | 12.905 | | ---- | | |
| 6.388 | 481 | 0.029 | ---- | 13.259 | | ---- | | |
| 6.636 | 517 | 0.029 | ---- | 13.440 | | ---- | | |
| 7.996 | 614 | 0.034 | 1.003 | 14.388 | ISO 15:1 AT 5 | 3.09 | ECL deviates -0.001 | |
| 8.113 | 968 | 0.040 | 1.002 | 14.465 | Sum In Feature 1 | 4.86 | ECL deviates 0.005 | 15:1 ISO H/13:0 3OH |
| 9.424 | 5835 | 0.038 | ---- | 15.296 | | ---- | | |
| 9.725 | 15983 | 0.039 | 0.982 | 15.478 | Sum In Feature 2 | 78.61 | ECL deviates -0.002 | 16:1 ISO I/14:0 3OH |
| 11.220 | 3518 | 0.040 | ---- | 16.368 | | ---- | | |
| 11.416 | 1240 | 0.042 | 0.961 | 16.482 | Sum In Feature 4 | 5.97 | ECL deviates -0.004 | 17:1 ANTEISO B/I |
| 12.832 | 2828 | 0.040 | ---- | 17.303 | | ---- | | |
| 14.103 | 2678 | 0.051 | ---- | 18.034 | | ---- | | |
| 14.695 | 5343 | 0.044 | ---- | 18.377 | | ---- | | |
| 14.962 | 853 | 0.037 | 0.905 | 18.531 | 17:0 3OH | 3.87 | ECL deviates -0.005 | |
| 16.034 | 1139 | 0.044 | ---- | 19.154 | | ---- | | |
| ---- | 968 | ---- | ---- | ---- | Summed Feature 1 | 4.86 | 15:1 ISO H/13:0 3OH | 13:0 3OH/15:1 i i/H |
| ---- | ---- | ---- | ---- | ---- | | ---- | 15:1 ISO I/13:0 3OH | |
| ---- | 15983 | ---- | ---- | ---- | Summed Feature 2 | 78.61 | 12:0 ALDE ? | unknown 10 928 |
| ---- | ---- | ---- | ---- | ---- | | ---- | 16:1 ISO I/14:0 3OH | 14:0 3OH/16:1 ISO I |
| ---- | 1240 | ---- | ---- | ---- | Summed Feature 4 | 5.97 | 17:1 ISO I/ANTEI B | 17:1 ANTEISO B/I |

ECL Deviation: 0.004 Reference ECL Shift: 0.000 Number Reference Peaks: 0
 Total Response: 68735 Total Named: 20305
 Percent Named: 29.54% Total Amount: 19958
 Profile Comment: Percent named is less than 85.00.

*** Library match not attempted -- Analysis not good enough

Volume: DATA File: E095254.45A Seq Counter: 9 ID Number: 1416
 Type: Samp Bottle: 8 Method: TSBA50
 Created: 5/25/2009 1:58:24 PM
 Sample ID: C22

| RT | Response | Ar/Ht | RFact | ECL | Peak Name | Percent | Comment1 | Comment2 |
|--------|----------|-------|-------|--------|------------------|---------|---------------------|---------------------|
| 1.542 | 4.616E+8 | 0.023 | ---- | 6.491 | SOLVENT PEAK | ---- | < min rt | |
| 1.768 | 1203 | 0.023 | ---- | 6.947 | | ---- | < min rt | |
| 1.951 | 591 | 0.039 | ---- | 7.316 | | ---- | < min rt | |
| 5.010 | 738 | 0.037 | ---- | 12.107 | | ---- | | |
| 6.129 | 3036 | 0.032 | ---- | 13.070 | | ---- | | |
| 6.623 | 358 | 0.034 | ---- | 13.431 | | ---- | | |
| 7.543 | 10725 | 0.036 | ---- | 14.093 | | ---- | | |
| 7.675 | 40892 | 0.036 | ---- | 14.179 | | ---- | | |
| 8.105 | 424 | 0.034 | 1.002 | 14.459 | Sum In Feature 1 | 17.22 | ECL deviates -0.001 | 15:1 ISO H/13:0 3OH |
| 9.111 | 3989 | 0.037 | ---- | 15.106 | | ---- | | |
| 9.715 | 2080 | 0.042 | 0.982 | 15.472 | Sum In Feature 2 | 82.78 | ECL deviates -0.008 | 16:1 ISO 1/14:0 3OH |
| 10.780 | 1839 | 0.042 | ---- | 16.111 | | ---- | | |
| 10.935 | 7616 | 0.041 | ---- | 16.201 | | ---- | | |
| 16.020 | 1127 | 0.044 | ---- | 19.145 | | ---- | | |
| ---- | 424 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 1 | 17.22 | 15:1 ISO H/13:0 3OH | 13:0 3OH/15:1 i l/H |
| ---- | ----- | --- | ---- | ---- | ---- | ---- | 15:1 ISO 1/13:0 3OH | |
| ---- | 2080 | --- | ---- | ---- | Summed Feature 2 | 82.78 | 12:0 ALDE ? | unknown 10.928 |
| ---- | ----- | --- | ---- | ---- | ---- | ---- | 16:1 ISO 1/14:0 3OH | 14:0 3OH/16:1 ISO 1 |

ECL Deviation: 0.006 Reference ECL Shift: 0.000 Number Reference Peaks: 0
 Total Response: 72823 Total Named: 2504
 Percent Named: 3.44% Total Amount: 2467
 Profile Comment: Percent named is less than 85.00.

*** Library match not attempted -- Analysis not good enough