

# Kuzey Doğu Levant Baseni'nin Prokaryotik Biyolojik Çeşitliğinin 16S rRNA Amplikon Dizileme Yöntemi ile Araştırılması- Öncül Sonuçlar

Selin KÜÇÜKAVŞAR<sup>1</sup>, Arzu KARAHAN<sup>1</sup>, Sinan ARKIN<sup>1</sup>, Barış SALİHOĞLU<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Deniz Bilimleri Enstitüsü, Erdemli, Mersin, Türkiye  
Sorumlu yazar e-posta: selin@ims.metu.edu.tr

Kültür yöntemlerinden bağımsız çalışmalar, deniz ekosisteminin sessiz çoğunluğunun topluluk dinamiklerini anlamak adına devrim niteliğinde yeni bir yaklaşım sağlamaktadır. Bilim insanlarına benzeri görülmemiş miktarda veri sağlayan Yeni Nesil Dizileme (YND) tekniklerinin geliştirilmesinden önce denizel prokaryotların denizel besin ağı içerisindeki rolü çokça azımsanmakta idi. Bu yeni yöntemi kullanılarak elde edilen veriler, tüm denizel prokaryot topluluğunun yapısı ve çeşitliliği hakkında önemli bilgiler sunmaktadır. Bu çalışmada, Akdeniz'in Kuzey Levant Baseni'ndeki bakteri ve arkeal komünite ve bölgedeki topluluk kompozisyonunu daha iyi anlamak için bir yıl boyunca gerçekleştirilen aylık örneklemelemlerle araştırıldı. Örnekler, Erdemli Zaman Serisi 200 metrelik istasyonundan 6 farklı derinliği (yüzey, 25-m, 50-m, 100-m, 150-m ve 200 m su derinliklerinden) kapsayacak şekilde toplanmıştır. DNA izolasyonunu takiben, örnekler çift yönlü olacak şekilde dizilenmiştir. Toplamda 31.969.956 okuma elde edilmiştir. 16S rRNA geninin V3-V4 bölgesi, arke ve bakteriler için 341F ve 805R primer çiftleri kullanılarak çoğaltılmıştır. Her biri, 2 litre deniz suyuna sahip 65 örnekte yaklaşık 2000 Operasyonel Taksonomik Birim (OTB) gözlemlenmiştir. Sadece prokaryotik kökenli olan diziler dikkate alındığında, *Alfaproteobakter* yıl boyunca en bol grubu temsil etmektedir. Bu çalışma, Kuzeydoğu Levant Baseni'nin denizel mikrobiyal topluluğunun kompozisyon yapısını araştırmak için kültürden bağımsız yaklaşımların kullanıldığı ilk çalışmadır. Ayrıca, bu çalışmadan elde edilen sonuçlar azot döngüsünün araştırılması amacıyla gen temelli yaklaşımlar kullanılarak geliştirilecek olan model için girdi olarak kullanılacaktır.

**Anahtar Kelimeler:** 16S rDNA, prokaryotik çeşitlilik, Levant Baseni, OTB

# **Preliminary Results on Prokaryotic Diversity of Northern Levantine Basin by 16S rRNA Amplicon Sequencing**

Selin KUCUKAVSAR<sup>1</sup>, Arzu KARAHAN<sup>1</sup>, Sinan ARKIN<sup>1</sup>, Barış SALIHOGLU<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Middle East Technical University, Institute of Marine Sciences Erdemli, Mersin, Turkey

Corresponding author e-mail: selin@ims.metu.edu.tr

Culture independent studies provide revolutionary new approach to understand the community dynamics of the unseen majority of marine ecosystem. The role of the marine prokaryotes within the marine food-webs were underestimated prior to the development of Next Generation Sequencing technology that provides scientists with an unprecedented amount of data. Such data presents important information about the entire marine prokaryote community as well as functional diversity and active metabolism. In this study, the bacterial and archaeal community in the offshore waters of the Northern Levantine Basin of the Mediterranean, was determined by one year monthly sampling to better understand community composition in the region. Samples were collected from Erdemli Time Series 200-meter station from 6 different depth (surface, 25-m, 50-m, 100-m, 150-m and 200-m water depths). Following DNA extraction sequencing was performed by on both forward and reverse directions. In total, 31,969,956 read counts was produced. The V3-V4 region of the 16S rRNA gene was amplified using 341F and 805R primer pairs for archaea and bacteria using metagenomics amplicon sequencing approach. Approximately 2000 Operational Taxonomic Units (OTUs) from 65 samples, each having 2 litres of seawater, were observed. Considering only prokaryotic origin, *Alphaproteobacteria* were the most abundant group throughout the year. The present study is the first study using a culture-independent approach for the North-eastern Levantine Basin to investigate marine microbial community composition. In addition, the results obtained from this study will be used as an input for the gene- based model to investigate the nitrogen cycle.

**Keywords:** 16S rDNA, prokaryotic diversity, Levantine Basin, OTUs