

Üniversite : İstanbul Kültür Üniversitesi
Enstitüsü : Lisansüstü Eğitim Enstitüsü
Dalı : Moleküler Biyoloji ve Genetik
Programı : Moleküler Biyolojli ve Genetik
Tez Danışmanı : Prof. Dr. Özge Çelik
Tez Türü ve Tarihi : Doktora-TEMMUZ 2024

KISA ÖZET

YAZMA ESERLERDE TAHRİBATA NEDEN OLAN MİKROBİYAL TOPLULUĞUN MOLEKÜLER DÜZEYDE TANIMLANMASI

Esra KELEŞ

Mikroorganizmalar termo-higrometrik parametrelerin etkisiyle yazma eserler üzerinde büyük tahribatlar meydana getiren biyobozuculardır. Değerli el yazmalarının korunması ve onarımının yapılmasında bilimsel veri oluşturması açısından mikrobiyal topluluğun tanımlanması son yıllarda büyük önem kazanmıştır. Yazma eserlerdeki biyobozucuların tanımlanmasında ve mikrobiyal verinin oluşturulmasında farklı teknikler kullanılmaktadır. Bu çalışmada 2 koleksiyona ait 6 farklı yazma eser üzerinde kültür temelli analizlere dayalı moleküler teknikler ile bakteriyal kontaminantlar tanımlanmış ve kültür bağımsız Yeni Nesil Dizileme Teknolojileri kullanılarak bakteriyal taksonomik çeşitlilik analizleri gerçekleştirilmiştir. İki yöntemden elde edilen veriler kıyaslanmıştır. Metagenomik analizler, geleneksel kültür temelli tanımlama yöntemlerine göre tüm mikrobiyal topluluğun tanımlanmasında daha yüksek çeşitlilik göstermiştir. Kültür temelli analizlerde bakterilerin tanımlanması için 16S rRNA Amplikon Sanger Dizilemesi gerçekleştirilmiş ve 16 bakteri izole edilmiştir. Bakteri türleri *Niallia circulans*, *Micrococcus luteus*, *Priestia Megaterium*, *Microbacterium foliorum*, *Bacillus haynesii*, *Ornithinibacillus scarpharcae*, *Psychrobacter pulmonis*, *Neobacillus niacini*, *Fredinandcohnia humi* (*Bacillus humi*) olarak tanımlanmıştır. Metagenomik analizlerde tüm örneklerde baskın şubeler her örnekte farklı nispi bolluk oranlarıyla Actinobacteria, Firmicutes, Bacteroidota ve Proteobacteria olarak tanımlanmıştır. T1-T6 örneklerinde cins düzeyinde sırasıyla 495, 540, 280, 337, 226, 338 OTU tanımlanmıştır. Metagenomik analizlerden elde edilen veriler cins düzeyinde değerlendirildiğinde uzun bir süre aynı ortam koşullarına maruz kalmış olduğu düşünülen eserlerdeki bakteriyal kontaminasyonun kaynağı hakkında bilgi vermektedir. Çalışma ile elde edilen sonuçlar yazma eserlerin bakteriyal arşivini oluşturmakta ve sonraki çalışmalar için veri oluşturmaktadır.

Anahtar Sözcükler: Yazma eserler, Mikrobiyal bozulmalar, Metagenomik

University : İstanbul Kültür University

Institute : Institute of Graduate Studies
Department : Molecular Biology and Genetics
Programme : Molecular Biology and Genetics
Supervisor : Prof. Dr. Özge Çelik
Degree Awarded and Date : PhD–JULY 2024

ABSTRACT

IDENTIFICATION OF MICROBIAL COMMUNITY CAUSING DEGRADATION IN MANUSCRIPTS AT MOLECULAR LEVEL

Esra KELEŞ

Microorganisms, with the effect of thermo-hygrometric parameters, are involved in the biodegradation process of cultural assets, causing significant destruction of manuscripts. Investigating microbial communities and creating scientific data has gained great importance in conserving and restoring manuscripts. This study analysed six manuscripts from the different collections to identify microbial communities using culture dependent 16S rRNA Sanger Sequencing and culture independent Next Generation Sequencing. The results indicate significant differences in biodiversity. 16 Bacterial isolates from cultural dependent techniques were identified with 16s RRNA amplification sequencing. Bacteria species were identified as: *Niallia circulans*, *Micrococcus luteus*, *Priestia Megaterium*, *Microbacterium foliorum*, *Bacillus haynesii*, *Ornithinibacillus scarpharcae*, *Psychrobacter pulmonis*, *Neobacillus niacini*, *Fredinandcohnia humi* (*Bacillus humi*). However, greater biodiversity was observed with culture independent analysis. Frequently observed were filum of Actinobacteria, Firmicutes, Bacteroidota and Proteobacteria with different relative abundance on each sample. 495, 540, 280, 337, 226, 338 OTUs were identified at genus level in order from T1-T6 samples. Thus, it can be concluded that DNA analyses provide information about the source of bacterial contamination and the historical use of manuscripts. The results obtained from the study constitute the bacterial archive of manuscripts and provide data for further studies.

Key Words: Manuscripts, Microbial Deteriorations, Metagenomics