

T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANA BİLİM DALI



**ARTLI VE KARAYAKA KUZULARINDA BESİNİN 30. VE 60.
GÜNLERİNDEKİ BAZI BİTKİ KÖKENLİ
RETROTRANSPOZONLARIN IRAP VE REMAP
YÖNTEMLERİ İLE MOLEKÜLER ANALİZİ**

Yüksek Lisans Tezi

Gamze Nur ATIL

Danışman

Doç. Dr. Levent MERCAN

II. Danışman

Doç. Dr. Sevgi MARAKLI

Bu çalışma Ondokuz Mayıs Üniversitesi tarafından PYO.ZRT.1904.22.030 proje numarası ile desteklenmiştir.

SAMSUN
2023

TEZ KABUL VE ONAYI

Gamze Nur ATIL tarafından, **Doç. Dr. Levent MERCAN** ve **Doç. Dr. Sevgi MARAKLI** danışmanlığında hazırlanan “**ARTLI VE KARAYAKA KUZULARINDA BESİNİN 30. VE 60. GÜNLERİNDEKİ BAZI BİTKİ KÖKENLİ RETROTRANSPOZONLARIN IRAP VE REMAP YÖNTEMLERİ İLE MOLEKÜLER ANALİZİ**” başlıklı bu çalışma, jürimiz tarafından 25.9.2023 tarihinde yapılan sınav sonucunda oy birliği ile başarılı bulunarak Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

	Unvanı Adı Soyadı Üniversitesi Ana Bilim/Ana Sanat Dalı	Sonuç
Başkan	Prof. Dr. Mehmet Akif ÇAM Ondokuz Mayıs Üniversitesi Zootečni Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Doç. Dr. Levent MERCAN Ondokuz Mayıs Üniversitesi Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret
Üye	Dr. Öğr. Üyesi Koray KIRIKÇI Ahi Evran Üniversitesi Zootečni Ana Bilim Dalı	☒ Kabul ☐ Ret

Bu tez, Enstitü Yönetim Kurulunca belirlenen ve yukarıda adları yazılı jüri üyeleri tarafından uygun görülmüştür.

Prof. Dr. Ahmet TABAK
Enstitü Müdürü

BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI

Hazırladığım Yüksek Lisans tezinin bütün aşamalarında bilimsel etiğe ve akademik kurallara riayet ettiğimi, çalışmada doğrudan veya dolaylı olarak kullandığım her alıntıya kaynak gösterdiğimi ve yararlandığım eserlerin Kaynaklar'da gösterilenlerden oluştuğunu, her unsurun enstitü yazım kılavuzuna uygun yazıldığını ve TÜBİTAK Araştırma ve Yayın Etiği Kurulu Yönetmeliği'nin 3. bölüm 9. maddesinde belirtilen durumlara aykırı davranılmadığını taahhüt ve beyan ederim.

Etik Kurul Gerekli mi ?

Evet ☐ (Gerekli ise ekler kısmına ekleyiniz)

Hayır ☒

07 /07 / 2023
Gamze Nur ATIL

TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI

Tez Başlığı : ARTLI VE KARAYAKA KUZULARINDA BESİNİN 30. VE 60. GÜNLERİNDEKİ BAZI BİTKİ KÖKENLİ RETROTRANSPOZONLARIN IRAP VE REMAP YÖNTEMLERİ İLE MOLEKÜLER ANALİZİ

Yukarıda başlığı belirtilen tez çalışması için şahsım tarafından 07/07/2023 tarihinde intihal tespit programından alınmış olan özgünlük raporu sonucunda;

Benzerlik oranı : % 9

Tek kaynak oranı : % 3 çıkmıştır.

07 /07 / 2023
Doç. Dr. Levent MERCAN

ÖZET

ARTLI VE KARAYAKA KUZULARINDA BESİNİN 30. VE 60. GÜNLERİNDEKİ BAZI BİTKİ KÖKENLİ RETROTRANSPOZONLARIN IRAP VE REMAP YÖNTEMLERİ İLE MOLEKÜLER ANALİZİ

Gamze Nur ATIL

Ondokuz Mayıs Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı

Yüksek Lisans, Eylül/2023

Danışman: Doç. Dr. Levent MERCAN

İkinci Danışman: Doç. Dr. Sevgi MARAKLI

Koyun (*Ovis aries*), öncelikli olarak; et, süt ve yapağı üretmek amacı ile yetiştiriciliği yapılan kültürel, ekonomik ve sosyal açıdan önemli bir çiftlik hayvanıdır. Retrotranspozonlar, transpozisyon aracı olarak RNA'yı kullanan, genom içinde yer değiştirebilen, gen anlatımının düzenlenmesi ve epigenetik süreçlerde yer alan hareketli genetik elementlerdir. Bu tez çalışmasında sütten kesimden sonraki 30. ve 60. günlerde Artlı ve Karayaka ırkı kuzuların rasyonlarında bulunan; arpaya özgü *Sukkula*, ayçiçeğine özgü *SURE*, buğdaya özgü *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima* ve *Wis LTR2*, mısıra özgü *Tekay* ve soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonlarının polimorfizm durumları IRAP-PZR (Inter-Retrotransposon Amplification Polymorphism - Retrotranspozonlar Arası Çoğaltım Polimorfizmi) ve REMAP (Retrotransposon Microsatellite Amplification - Retrotranspozon Mikrosatellit Polimorfizmi) yöntemleri ile incelenmiştir. IRAP-PZR analiz sonuçlarına göre 30 günlük örneklerde; *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarında polimorfizm oranı Artlı ve Karayaka için sırasıyla; %0-86, %71-89, %63-100, %0-60, %50-94, %0-100, %50-70 %50-75 arasında tespit edilmiştir. Sütten kesimden sonraki 60. günlük gruplar incelendiğinde ise *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarında polimorfizm oranı sırasıyla; %60-86, %71-78, %40-80, %36-55, %58-94, %0-80, %45-60 %40-90 arasında belirlenmiştir. Çalışmada REMAP-PZR genetik çeşitliliğin daha güvenilir bir şekilde belirlenmesi için ISSR primerleri ile IRAP markırları kombine edilmiştir. REMAP1 analiz sonuçlarına göre 30 günlük örneklerde *Daniela LTR1*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonları için polimorfizm oranları sırasıyla; %75-100, %67-75, %50-100, %40-50, %50-90 %33-100 arasında hesaplanmıştır. 60 günlük yaşa ait olan örneklerde ise *Daniela LTR1*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarının polimorfizm oranları sırasıyla; %50-86, %67-69, %0-88, %25-33, %60-78 %20-50 arasında tespit edilmiştir. REMAP2 analizi sonucunda 30 günlük yaştaki örneklerde *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonları için polimorfizm oranları sırasıyla; %50-100, %25-100, %0-100, %50-64, %56-100, %57-71 %0-14; 60 günlük yaşta olanlarda ise sırasıyla; %60-100, %0-33, %25-60, %50-56, %50-70, %0-57, %0-14 arasında bulunmuştur. REMAP3 analizi kapsamında 30 günlük gruplarda *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* için sırasıyla; %0-64, %0-100, %0-100, %75-100, %40-70, % 42-64, % 55-92 arasında polimorfizm tespit edilmiştir. Örneklerden 60 günlük yaştakilerde ise; *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* için sırasıyla; %17-60, %0-100, %75-86, %50-100, %40-86, %43-57, %54-73 arasında polimorfizm göstermiştir.

Çalışmadan elde edilen bulgular retrotranspozonların polimorfizm durumlarının yaşı ile ilerlemesi ile birlikte, her iki ırk için de azaldığını göstermiştir. Bunun nedeninin kuzuların aynı rasyonla beslenmeleri olabileceği ve bu durumun da diyet-genom etkileşimine bir örnek teşkil edebileceği düşünülmektedir.

Anahtar Sözcükler: Artlı, Epigenetik, Genetik, Karayaka, Koyun, Nutrigenomik, Polimorfizm



ABSTRACT

MOLECULAR ANALYSIS OF SOME PLANT-DERIVED RETROTRANSPOSONS IN ARTLI AND KARAYAKA LAMBS AT 30TH AND 60TH DAYS OF FATTENING BY IRAP AND REMAP METHODS

Gamze Nur ATIL

Ondokuz Mayıs University

Graduate School of Sciences

Department of Agricultural Biotechnology

Master, September/2023

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Levent MERCAN

Co-Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Sevgi MARAKLI

Sheep (*Ovis aries*) is a culturally, economically and socially important livestock primarily farmed to produce meat, milk and fleece. Retrotransposons are mobile genetic elements that use RNA as a transposition tool, can be translocated within the genome, and are involved in regulating gene expression and epigenetic processes. In this thesis study, the rations of Artlı and Karayaka lambs on the 30th and 60th days after weaning were analysed; The polymorphism status of retrotransposons Sukkula specific to barley, *SURE* specific to sunflower, *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima* and *Wis LTR2* specific to wheat, Tekay specific to maize and *SIRE1* specific to soybean were investigated by IRAP-PCR (Inter-Retrotransposon Amplification Polymorphism) and REMAP (Retrotransposon Microsatellite Amplification Polymorphism) methods. According to the results of IRAP-PCR analyses, the polymorphism rates of *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* and *Wis LTR2* retrotransposons in 30-day old samples were determined between 0-86%, 71-89%, 63-100%, 0-60%, 50-94%, 0-100%, 50-70%, 50-75% for Artlı and Karayaka, respectively. When the 60th day after weaning groups were analysed, the polymorphism rates in *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* and *Wis LTR2* retrotransposons were determined between 60-86%, 71-78%, 40-80%, 36-55%, 58-94%, 0-80%, 45-60%, 40-90%, respectively. In this study, REMAP-PCR was combined with ISSR primers and IRAP markers for a more reliable determination of genetic diversity. According to REMAP1 analysis results, polymorphism rates for *Daniela LTR1*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* and *Wis LTR2* retrotransposons in 30-day-old were calculated between 75-100%, 67-75%, 50-100%, 40-50%, 50-90%, 33-100%, respectively. In 60-day old samples, the polymorphism rates of *Daniela LTR1*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* and *Wis LTR2* retrotransposons were found between 50-86%, 67-69%, 0-88%, 25-33%, 60-78% and 20-50%, respectively. As a result of REMAP2 analysis, polymorphism rates for *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *Tekay* and *Wis LTR2* retrotransposons in 30 days old samples were found between 50-100%, 25-100%, 0-100%, 50-64%, 56-100%, 57-71%, 0-14%, respectively; and 60-100%, 0-33%, 25-60%, 50-56%, 50-70%, 0-57%, 0-14% in 60 days old samples, respectively. Within the scope of REMAP3 analysis, polymorphism was detected between 0-64%, 0-100%, 0-100%, 0-100%, 75-100%, 40-70%, 42-64%, 55-92% for *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *SURE*, *Tekay* and *Wis LTR2* in 30-day-old groups, respectively. At 60 days of age, *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*,

SURE, *Tekay* and *Wis LTR2* showed polymorphism between 17-60%, 0-100%, 75-86%, 50-100%, 40-86%, 43-57%, 54-73%, respectively. The results of the study showed that the polymorphism status of retrotransposons decreased with increasing age for both breeds. It is thought that the reason for this may be that the lambs were fed the same ration and this may be an example of diet-genome interaction.

Keywords: Artlı, Epigenetics, Genetics, Karayaka, Nutrigenomics, Polymorphism, Sheep



ÖN SÖZ VE TEŞEKKÜR

Üniversite hayatımın başlangıcından bu yana bana her konuda güvenen, çok değerli fikirlerini ve tecrübelerini benimle paylaşan değerli sevgisi, yardımı ve katkılarından dolayı danışman hocam Sayın Doç. Dr. Levent MERCAN’a sonsuz teşekkür ve şükranlarımı sunarım.

Yüksek lisans eğitimim, akademik çalışmalar ve bu tez çalışmasının yürütülmesi süresince bana yol gösteren, bilimsel düşüncelerini, bilgi birikimi ve tecrübelerini her zaman benimle paylaşan danışman hocam Sayın Doç. Dr. Sevgi MARAKLI’ya sonsuz teşekkür ve şükranlarımı sunarım.

Tez kapsamında çalışılan Artlı koyun ırkına ait görselleri kendi özel arşivinden bizlerle paylaşan ve tez çalışmama verdikleri katkılardan dolayı Prof. Dr. Mehmet Akif ÇAM ve Dr. Öğr. Üyesi Koray KIRIKÇI hocalarıma teşekkürlerimi sunarım.

Yüksek lisans eğitimim süresince hem çalışma arkadaşlarım hem de değerli hocalarım Arş. Gör. Fatih BİLGİ ve Arş. Gör. Cihat Erdem BÜLBÜL’e teşekkür ederim.

Bu günlere gelmemde her zaman her konuda bana güvenen ve benden desteklerini esirgemeyen gerek maddi gerekse manevi anlamda yanımda olan sevgili annem ve babam Mediha-Vehbi ATIL, sevgili kardeşlerim Gözde Nur ve Emir Alp ATIL’a ve Arş. Gör. Ömer TAŞ’a sonsuz teşekkür ediyorum.

Gamze Nur ATIL

İÇİNDEKİLER

TEZ KABUL VE ONAYI	i
BİLİMSEL ETİĞE UYGUNLUK BEYANI	ii
TEZ ÇALIŞMASI ÖZGÜNLÜK RAPORU BEYANI	ii
ÖZET	iii
ABSTRACT	iv
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
TABLolar DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. GENEL BİLGİLER.....	3
2.1. Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği	3
2.1.1. Dünyada Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği	4
2.1.2. Türkiyede Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği	5
2.2. Koyunların Evcilleştirilmesi ve Taksonomisi	6
2.2.1. Koyunların evcilleştirilmesi.....	6
2.2.2. Evcil Koyun Taksonomisi	8
2.2.3. Koyun Yetiştiriciliği ile Elde Edilen Verim Özellikleri	9
2.2.3.1. Et Verimi	10
2.2.3.2. Süt Üretimi	11
2.2.4. Koyun Yetiştiriciliğinde Beslenmenin Önemi	11
2.3. Artlı Koyun Irkı.....	13
2.4. Karayaka Koyun Irkı	14
2.5. Transpozonlar	15
2.5.1. Retrotranspozonlar.....	17
2.5.2. Transpozon ve Epigenetik Mekanizmaların İlişkisi	18
2.5.3. Transpozonların Yatay Transferi	18
2.6. Bitkilere Özgü Retrotranspozonlar	19
2.6.1. <i>Sukkula</i> Retrotranspozonu	19
2.6.2. <i>SURE</i> Retrotranspozonu	20
2.6.3. <i>Daniela</i> Retrotranspozonu	20
2.6.4. <i>Fatima</i> Retrotranspozonu	21
2.6.5. <i>Wis</i> Retrotranspozonu	21
2.6.6. <i>Tekay</i> Retrotranspozonu	22
2.6.7. <i>SIRE1</i> Retrotranspozonu.....	22
2.7. IRAP-PZR Tekniği.....	23
2.8. REMAP PZR Tekniği	23
3. MATERYAL VE YÖNTEM	25
3.1. Hayvan Materyali	25
3.2. Araştırmada Kullanılan Alet ve Cihazlar	25
3.3. Genomik DNA İzolasyonu	26
3.4. Moleküler Markır Analizleri	28
3.4.1. IRAP-PZR Analizi.....	28
3.4.2. REMAP-PZR Çoğaltım İşlemleri.....	30
3.5. Agaroz Jel Elektroforezi.....	30
3.6. İstatistiksel Analizler	31
4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	32
4.1. Genomik DNA İzolasyonu	32

4.2. IRAP-PZR Sonuçları	33
4.2.1. <i>Daniela LTR1</i> Retrotranspozonu	33
4.2.2. <i>Daniela LTR2</i> Retrotranspozonu	36
4.2.3. <i>Fatima LTR</i> Retrotranspozonu	38
4.2.4. <i>SIRE1</i> Retrotranspozonu	40
4.2.5. <i>Sukkula</i> Retrotranspozonu	42
4.2.6. <i>SURE</i> Retrotranspozonu	44
4.2.7. <i>Tekay</i> Retrotranspozonu	46
4.2.8. <i>Wis LTR2</i> Retrotranspozonu	48
4.3. REMAP-PZR Sonuçları	50
4.3.1. UBC808 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP1)	50
4.3.1.1. <i>Daniela LTR1 – UBC808</i>	50
4.3.1.2. <i>SIRE1 – UBC808</i>	53
4.3.1.3. <i>Sukkula – UBC808</i>	55
4.3.1.4. <i>SURE – UBC808</i>	58
4.3.1.5. <i>Tekay – UBC808</i>	60
4.3.1.6. <i>Wis LTR2 – UBC808</i>	63
4.3.2. UBC837 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP2)	65
4.3.2.1. <i>Daniela LTR1 – UBC837</i>	65
4.3.2.2. <i>Daniela LTR2 – UBC837</i>	68
4.3.2.3. <i>Fatima LTR – UBC837</i>	71
4.3.2.4. <i>SIRE1 – UBC837</i>	74
4.3.2.5. <i>Sukkula – UBC837</i>	77
4.3.2.6. <i>Tekay – UBC837</i>	79
4.3.2.7. <i>Wis LTR – UBC837</i>	81
4.3.3. UBC864 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP3)	83
4.3.3.1. <i>Daniela LTR1 – UBC864</i>	83
4.3.3.2. <i>Daniela LTR2 – UBC864</i>	86
4.3.3.3. <i>Fatima LTR – UBC864</i>	89
4.3.3.4. <i>SIRE1 – UBC864</i>	91
4.3.3.5. <i>SURE – UBC864</i>	93
4.3.3.6. <i>Tekay – UBC864</i>	96
4.3.3.7. <i>Wis LTR2 – UBC864</i>	98
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	107
KAYNAKLAR	107
ÖZ GEÇMİŞ	115

SİMGELER VE KISALTMALAR

Bç	: Baz çifti
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
dNTP	: Deoksiribonükleozit Trifosfat
EDTA	: Etilendiamin Tetraasetik Asit
gDNA	: Genomik Deoksiribonükleik Asit
IRAP	: Inter Retrotransposon Amplified Polimorphism
ISSR	: Inter-Simple Sequence Repeat
LARD	: Large Retrotransposons Derivatives
LINE	: Long Interspersed Nucleotide Elements
LTR	: Long Terminal Repeat
MITE	: Miniature Inverted repeat Transposable Element
REMAP	: Retrotransposon Microsatellite Amplification Polimorphism
RNA	: Ribonükleik Asit
SINE	: Short Interspersed Nucleotide Elements
SSR	: Simple Sequence Repeats
TAE	: Tris Asetat EDTA
TE	: Transposable Elements
TIR	: Terminal Inverted Repeat
TRIM	: Terminal Repeat Retrotranspososn in Miniature

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Dünyada 2021 yılındaki verilere göre koyun sayısının yüksek olduğu ülkeler	4
Şekil 2.2. Türkiye’de en çok küçükbaş hayvan yetiştirilen bazı illerin 2021 yılı hayvan varlıkları	5
Şekil 2.3. Sığır, koyun ve keçi evcilleştirilmesindeki ana olaylar	6
Şekil 2.4. Sığır, koyun ve keçilerin mtDNA polimorfizmini gösteren köksüz filogenetik ağaçları	7
Şekil 2.5. Kırmızı et üretiminin hayvan türlerine göre 2022 yılı dağılımı	10
Şekil 2.6. Süt üretiminin hayvan türlerine göre 2022 yılı dağılımı	11
Şekil 2.7. Arth koyun ırkına ait görseller ve kuyruk yapısı	13
Şekil 2.8. a, b. Karayaka ırkı koç ve koyununa ait görüntüler	14
Şekil 2.9. Transpozonların sınıflandırılması	16
Şekil 2.10. Retrotranspozonların yapıları	17
Şekil 2.11. <i>Sukkula</i> retrotranspozonu LTR dizileri	19
Şekil 2.12. <i>SURE</i> retrotranspozonu LTR dizileri	20
Şekil 2.13. <i>Daniela</i> retrotranspozonu LTR dizileri	20
Şekil 2.14. <i>Fatima</i> retrotranspozonu LTR dizileri	21
Şekil 2.15. <i>Wis</i> retrotranspozonuna ait LTR dizileri	21
Şekil 2.16. <i>Tekay</i> retrotranspozonu LTR dizileri	22
Şekil 2.17. <i>SIRE1</i> retrotranspozonu LTR dizileri	22
Şekil 2.18. IRAP moleküler markır çalışma prensibi	23
Şekil 2.19. REMAP moleküler markırın çalışma prensibi	24
Şekil 4.1. Genomik DNA’lara ait agaroz jel görüntüsü	33
Şekil 4.2. <i>Daniela LTR1</i> retrotranspozonu IRAP-PZR sonuçları	34
Şekil 4.3. <i>Daniela LTR2</i> retrotranspozonu IRAP-PZR sonuçları	36
Şekil 4.4. <i>Fatima LTR</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	38
Şekil 4.5. <i>SIRE1</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	40
Şekil 4.6. <i>Sukkula</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	42
Şekil 4.7. <i>SURE</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	44
Şekil 4.8. <i>Tekay</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	46
Şekil 4.9. <i>Wis LTR2</i> retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları	48
Şekil 4.10. <i>Daniela LTR1- UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	51
Şekil 4.11. <i>SIRE1 - UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	53
Şekil 4.12. <i>Sukkula - UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	55
Şekil 4.13. <i>SURE - UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	58
Şekil 4.14. <i>Tekay - UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	60
Şekil 4.15. <i>Wis LTR2 - UBC808</i> REMAP1-PZR sonuçları	63

Şekil 4.16. <i>Daniela LTR1</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları	65
Şekil 4.17. <i>Daniela LTR2</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları	68
Şekil 4.18. <i>Fatima LTR</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları.....	71
Şekil 4.19. <i>SIRE1</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları.....	74
Şekil 4.20. <i>Sukkula</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları	77
Şekil 4.21. <i>Tekay</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları.....	79
Şekil 4.22. <i>Wis LTR2</i> - UBC837 REMAP2-PZR sonuçları	81
Şekil 4.23. <i>Daniela LTR1</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	83
Şekil 4.24. <i>Daniela LTR2</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	86
Şekil 4.25. <i>Fatima LTR</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	89
Şekil 4.26. <i>SIRE1</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları.....	91
Şekil 4.27. <i>SURE</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	93
Şekil 4.28. <i>Tekay</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	96
Şekil 4.29. <i>Wis LTR2</i> - UBC864 REMAP3-PZR sonuçları	98

TABLÖLER DİZİNİ

Tablo 2.1. Türkiye’de yıllara göre küçükbaş hayvan sayısı (TÜİK, 2023a).....	9
Tablo 3.1. Çalışmada yararlanılan cihazlar ve üretim yerleri	25
Tablo 3.2. Çalışmada kullanılan IRAP primerleri ve dizileri	28
Tablo 3.3. IRAP-PZR ve REMAP-PZR reaksiyon bileşenleri	29
Tablo 3.4. IRAP-PZR ve REMAP-PZR sıcaklık koşulları.....	29
Tablo 3.5. REMAP yönteminde kullanılan primerler	30
Tablo 3.6. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan malzemeler ve içerikleri.....	30
Tablo 4.1. Artlı ve Karayaka Kuzularına ait örneklerin sembolize açıklamaları.....	32
Tablo 4.2. <i>Daniela LTR1</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	35
Tablo 4.3. <i>Daniela LTR2</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	37
Tablo 4.4. <i>Fatima LTR</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	39
Tablo 4.5. <i>SIRE1</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları.....	41
Tablo 4.6. <i>Sukkula</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	43
Tablo 4.7. <i>SURE</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	45
Tablo 4.8. <i>Tekay</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	47
Tablo 4.9. <i>Wis LTR2</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları	49
Tablo 4.10. <i>Daniela LTR1- UBC808</i> polimorfizm oranları	52
Tablo 4.11. <i>SIRE1- UBC808</i> polimorfizm oranları	54
Tablo 4.12. <i>Sukkula - UBC808</i> polimorfizm oranları	57
Tablo 4.13. <i>SURE -UBC808</i> polimorfizm oranları	59
Tablo 4.14. <i>Tekay - UBC808</i> polimorfizm oranları	62
Tablo 4.15. <i>Wis LTR2 - UBC808</i> polimorfizm oranları.....	64
Tablo 4.16. <i>Daniela LTR1 - UBC837</i> polimorfizm oranları.....	67
Tablo 4.17. <i>Daniela LTR2 - UBC837</i> polimorfizm oranları.....	70
Tablo 4.18. <i>Fatima LTR - UBC837</i> polimorfizm oranları	73
Tablo 4.19. <i>SIRE1 - UBC837</i> polimorfizm oranları	76
Tablo 4.20. <i>Sukkula - UBC837</i> polimorfizm oranları	78
Tablo 4.21. <i>Tekay - UBC837</i> polimorfizm oranları	80
Tablo 4.22. <i>Wis LTR2 - UBC837</i> polimorfizm oranları	82
Tablo 4.23. <i>Daniela LTR1 - UBC864</i> polimorfizm oranları.....	85
Tablo 4.24. <i>Daniela LTR2 - UBC864</i> polimorfizm oranları.....	88
Tablo 4.25. <i>Fatima LTR - UBC864</i> polimorfizm oranları	90
Tablo 4.26. <i>SIRE1 - UBC864</i> polimorfizm oranları	92
Tablo 4.27. <i>SURE - UBC864</i> polimorfizm oranları.....	95
Tablo 4.28. <i>Tekay - UBC864</i> polimorfizm oranları	97
Tablo 4.29. <i>Wis LTR2 - UBC864</i> polimorfizm oranları.....	99

1. GİRİŞ

Küçükbaş hayvan yetiştiriciliği insanoğlunun başlıca gereksinimlerini karşılamak adına oldukça önemli bir yere sahiptir. Dünya nüfusundaki artış nedeni ile hayvansal ürünlere olan talep de artmaktadır. Koyunların istenilen canlı ağırlığa ulaşabilmesi için farklı besleme yöntemleri uygulanmaktadır. Bu yöntemlerden bazıları; süt kuzusu, süten kesildikten sonra besiyeye alınan (entansif besi), süten kesildikten sonra veya kesilmeden önce meraya çıkarılan ve ardından besiyeye alma (toklu besisi) şeklinde olabilir (Pala ve Gülşen, 2021). Besi yöntemlerinde önemli farklılıklar olmasına rağmen kısa süre içerisinde; ekonomik, kaliteli ve yüksek oranda ürün elde edilmesi amaçlanmaktadır.

Küçükbaş hayvanlar, kırsal yaşamın önemli bileşenleri olup yetiştiricilerin hayatında önemli bir rol oynamaktadır. Koyun üretimi; Türkiye’de hayvancılık sektörü içerisinde önemli bir yer edinmiştir. Türkiye’de, başta yağlı kuyruklu ırklar ve az sayıda yabancı genotipli melez ırklar olmak üzere 42 milyondan fazla koyun bulunmaktadır (TÜİK, 2022). Bu nedenle koyun (*Ovis aries*); et, süt, yapağı ve kürk üretmek için yetiştirilen en önemli evcil hayvanlardan biridir (Gebreselassie vd., 2019).

Artlı ve Karayaka ırkı koyunlar ülkemiz yerli gen kaynakları arasında yer almaktadır. Artlı koyun ırkı kombine verime sahip olan ve analık içgüdüğü yüksek bir genotiptir (Mercan vd., 2022c). Karayaka koyunu ise sert iklim ve zayıf mera alanlarına iyi adapte olmuş, bölgesel hastalıklara karşı dirençli ve yüksek alanlarda yetiştirilebilen bir ırktır (Çam ve Kuran, 2004).

Transpozonlar genom içerisinde bir bölgeden başka bir bölgeye hareket etme yeteneğine sahiptir (Montagne, 2015). Genom içerisindeki hareketleri için farklı transpozisyon mekanizmaları bulunmaktadır. Bu transpozisyon mekanizmalarına bakıldığında transpozonlar; RNA (retrotranspozonlar ya da Sınıf I), DNA (DNA transpozonları ya da Sınıf II) transpozonları olarak iki ana gruba ayrılmaktadır. Retrotranspozonların “kopyala – yapıştır”, DNA transpozonlarının ise “kes – yapıştır” olarak isimlendirilen şekilde hareket ettikleri bilinmektedir (Bourque vd., 2018). Bitki genomlarının yaklaşık %50-90’ı, hayvan genomlarının %3-60’ı, insan genomunun %45’i, prokaryotların %1-3’ü ve maya genomunun (*Saccharomyces cerevisiae*) %3’ü transpozonlardan oluşmaktadır (Canapa vd., 2016; Biscotti vd., 2019). Koyun

genomunun ise %20'sinin transpozonlardan oluştuğu; bu transpozonların %19.44'ünün LTR olmayan retrotranspozonlar, %0.54'ünün LTR (Long Terminal Repeats - Uzun Terminal Tekrarlar) retrotranspozonları ve %0.02'sinin ise DNA transpozonlarından oluştuğu bildirilmektedir (Mustafa, 2018).

IRAP (Inter-Retrotransposon Amplification Polymorphism - Retrotranspozonlar Arası Çoğaltım Polimorfizmi) markır yönteminde, LTR bölgeleri arasında kalan genomik DNA, PZR (Polymerase Chain Reaction - Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile çoğaltılarak örnekler arasındaki retrotranspozon hareketliliği bakımından polimorfizm oranları belirlenmektedir (Marzang vd., 2020). REMAP (Retrotransposon Microsatellite Amplification - Retrotranspozon Mikrosatellit Polimorfizmi) moleküler markır tekniğinde; ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat – Basit Tekrarlı Diziler Arası Polimorfizm) ve LTR dizilerine özgü primerler kombine edilerek PZR reaksiyonu gerçekleştirilir. LTR primerlerinin farklı kombinasyonlarının ya da bu primerlerin ISSR primerleri ile kombinasyonlarının kullanılması yoluyla neredeyse sınırsız sayıda benzersiz DNA bandının üretilmesi mümkün olabilmektedir (Hosid vd., 2012).

Koyun genomlarının, rasyonlarda sıkça bulunan bazı bitkilere özgü retrotranspozonlar bakımından analiz edildiği ilk araştırmalardan biri olan bu çalışmanın amacı; ayçiçeği, arpa, buğday, mısır, soya fasulyesi kökenli retrotranspozonların (*Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay*, *Wis LTR1*) Artlı ve Karayaka kuzularının iki farklı gelişim dönemindeki polimorfizm durumlarının belirlenmesidir.

2. GENEL BİLGİLER

2.1. Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği

Günümüzde toplumların temel besin maddesi gereksinimlerini karşılamak adına oldukça önemli bir konuma sahip olan hayvansal üretim, ihtiyaca göre farklılık gösteren çeşitli üretim yolları ile gerçekleştirilmektedir. Toplumlar arasında gelişmişlik seviyesinin farklılıkları sebebiyle hayvansal ürünlere karşı oluşan gereksinim ve tüketim arasındaki dengesizlik, dünyada oldukça önemli ve hızlı bir şekilde çözüme ulaştırılması gereken bir sorun haline gelmiştir. Bu nedenle hayvancılık sektöründe elverişli kaynakların kullanımını ve işletmenin gelirini arttıran çalışmalara gereksinim vardır (Dağıstan vd., 2008). Hayvansal üretim, sağlıklı ve düzenli beslenmede olduğu gibi kırsal alandaki insanların gelir elde etmesinde ve ekonomik kalkınmada da önemlidir (Aslan ve İsmet, 2005).

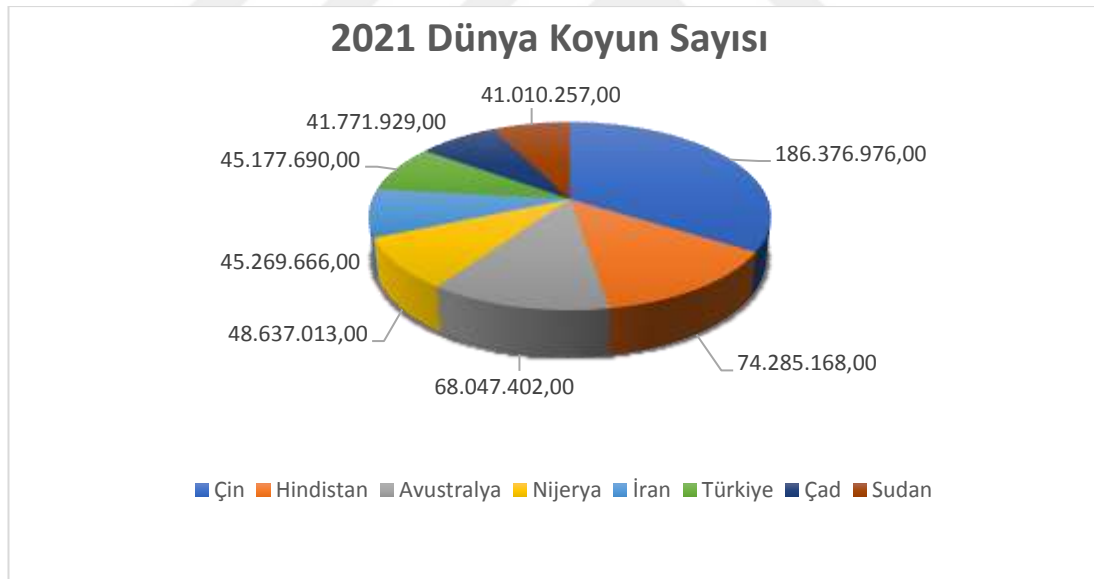
Dünya genelinde, hayvancılık sektörü faaliyetleri içerisinde koyun yetiştiriciliği önemli bir yere sahiptir. Bazı ülkelerde, farklı amaçlardan kaynaklı kullanılmayan çayır ve meralar koyun yetiştiriciliği ile uygun bir şekilde değerlendirilmektedir (Atav ve Buğdaycı, 2022). Koyunlar, bu gibi alanlarda doğal bitki örtüsü ile insanların beslenmesinde gerekli olan et ve süt gibi hayvansal gıdaları oluştururlar. Bunun yanında, insan yaşamı için gerekli olan tekstil eşyalarının yapımında işlenmiş deri ve yün gibi ürünlerin üretiminde kullanılırlar (Tüfekçi, 2022).

Türkiye’de hayvansal üretim, tarımsal üretim içerisinde önemli bir yere sahiptir. Hayvansal üretimin yerini Gayri Safi Milli Hasıla’da arttırabilmek için birim hayvan başına düşen verimi arttırabilmek amacıyla uygun bakım ve besleme yöntemleri kullanılmalıdır. Küçükbaş hayvan yetiştiriciliğine geniş bir çerçeveden bakıldığında bitkisel üretim için uygun olmayan alanlar, nadas ve zayıf meralar gibi verimi düşük bölgeler değerlendirilerek hayvansal ürünlerin elde edilmesine katkı sağlanmaktadır. Böylelikle dezavantajın avantaja çevrilmesiyle insanoğlunun temel gereksinimlerinin karşılanmasına katkı sağlanmaktadır.

2.1.1. Dünyada Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği

Dünyada küçükbaş hayvan yetiştiriciliğine bakıldığında, son 30 yılda düzenli bir şekilde koyun ve keçi sayılarında artış olduğu görülmektedir. İstatistiki verilere göre dünyada koyun varlığı 1.2 milyarken, keçi varlığının ise 1 milyar olduğu bildirilmektedir (FAOSTAT, 2023). Gelişmiş ve gelişmekte olan ülkeler küçükbaş hayvan üretimi açısından karşılaştırıldığında, gelişmekte olan ülkelerde daha fazla artış gözlemlendiği görülmektedir. Küçükbaş hayvanların hayatta kalma kabiliyetlerinin büyükbaş hayvanlara göre yüksek olduğu ve zorlu koşullarda düşük maliyet ile beslenebildikleri bilinmektedir (Görür vd., 2012).

Üretilen küçükbaş hayvan sayısına bakıldığında 319 milyon hayvan ile Çin'in dünyada ilk sırada yer aldığı görülmektedir. 2021 yılı verilerine göre canlı koyun sayısının; Çin, Hindistan ve Avustralya'da yüksek olduğu görülmektedir (FAOSTAT, 2023). Dünyada 2021 yılında koyun varlığının yüksek olduğu ülkeler sırasıyla Şekil 2.1'de dairesel grafik olarak verilmiştir.

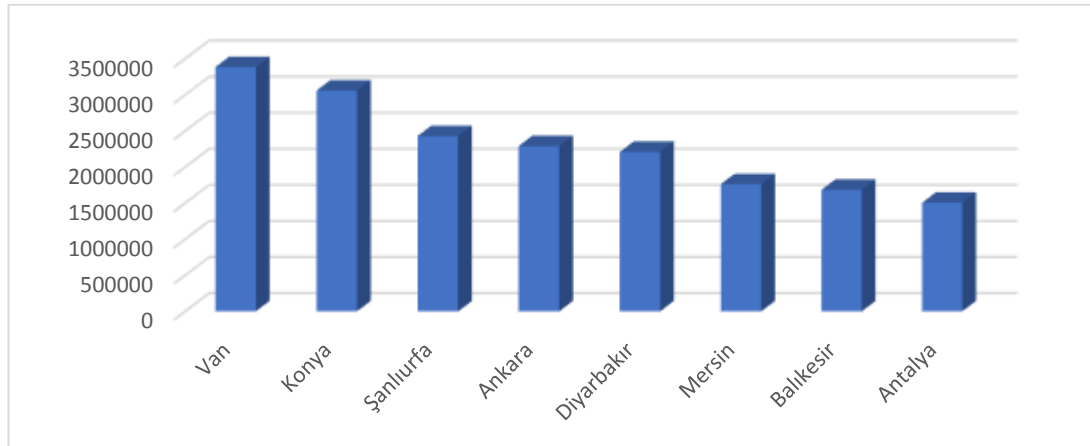


Şekil 2.1. Dünyada 2021 yılındaki verilere göre koyun sayısının yüksek olduğu ülkeler (FAOSTAT, 2023)

2.1.2. Türkiye’de Küçükbaş Hayvan Yetiştiriciliği

Türkiye’de geleneksel yapının yanı sıra coğrafi konum ve ekonomik şartlar, hayvansal üretimin yapılmasını sağlayan önemli etkenlerdir. Hayvan yetiştiriciliğinde, küçükbaş hayvan yetiştiriciliği önde gelmektedir. Fakat, ülke nüfusundaki artış ve kırsal alanlardaki yaşamın sosyo-ekonomik olumsuzlukları, hayvansal üretimin gerilemesine neden olmaktadır (Atav ve Buğdaycı, 2022). Küçükbaş hayvan popülasyonu çoğunlukla yerli ırklardan oluşmaktadır. Uzun zamandır koyun yetiştiriciliğinde yapılan ıslah çalışmalarına rağmen önemli genotip değerleri hala tam olarak anlaşılmamıştır (Cedden vd., 2020).

Türkiye koyun varlığının 2003-2010 yılları arasında azaldığı bildirilmiştir (Tablo 2.1). Bundan dolayı küçükbaş hayvancılıktan elde edilen et ve süt ürünlerinin üretiminde de olumsuz etkiler görülmüştür. Mevcut imkânların iyileştirilmesi ve ıslah alanında yapılan çalışmalar, 2011-2022 yılları boyunca düzenli olarak artış olmasını sağlamıştır (TÜİK, 2023a). Türkiye’de 2021 yılı temel alınarak küçükbaş hayvancılığın sayısal dağılımı il düzeyinde incelendiğinde, Van ili ilk sırada yer alırken, sırasıyla Konya, Şanlıurfa, Ankara, Diyarbakır ve Mersin illeri takip etmektedir (Şekil 2.2) (TÜİK, 2023b).



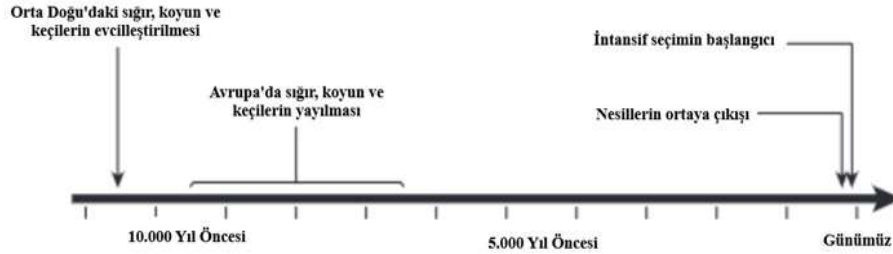
Şekil 2.2. Türkiye’de en çok küçükbaş hayvan yetiştirilen bazı illerin 2021 yılı hayvan varlıkları (TÜİK, 2023b)

2.2. Koyunların Evcilleştirilmesi ve Taksonomisi

2.2.1. Koyunların evcilleştirilmesi

Osteometri ve morfometri kanıtları ile M.Ö. yaklaşık olarak 9.000 – 5.000 yılları arasında bazı türlerin evcilleştirildiği tespit edilmiştir (Şekil 2.3). Gerek arkeolojik gerekse ilerleyen moleküler teknikler yardımı ile yapılan araştırmalarda, koyunların ilk olarak 10.000 yıl önce Asya ve Orta Asya’da evcilleştirildiği gösterilmektedir (Ryder, 1984; Soysal vd., 2005). Bazı kaynaklarda koyunun Doğu Akdeniz’i de içine alan Mezopotamya bölgesinde evcilleştirildiği bildirilmektedir (Zeder, 2008).

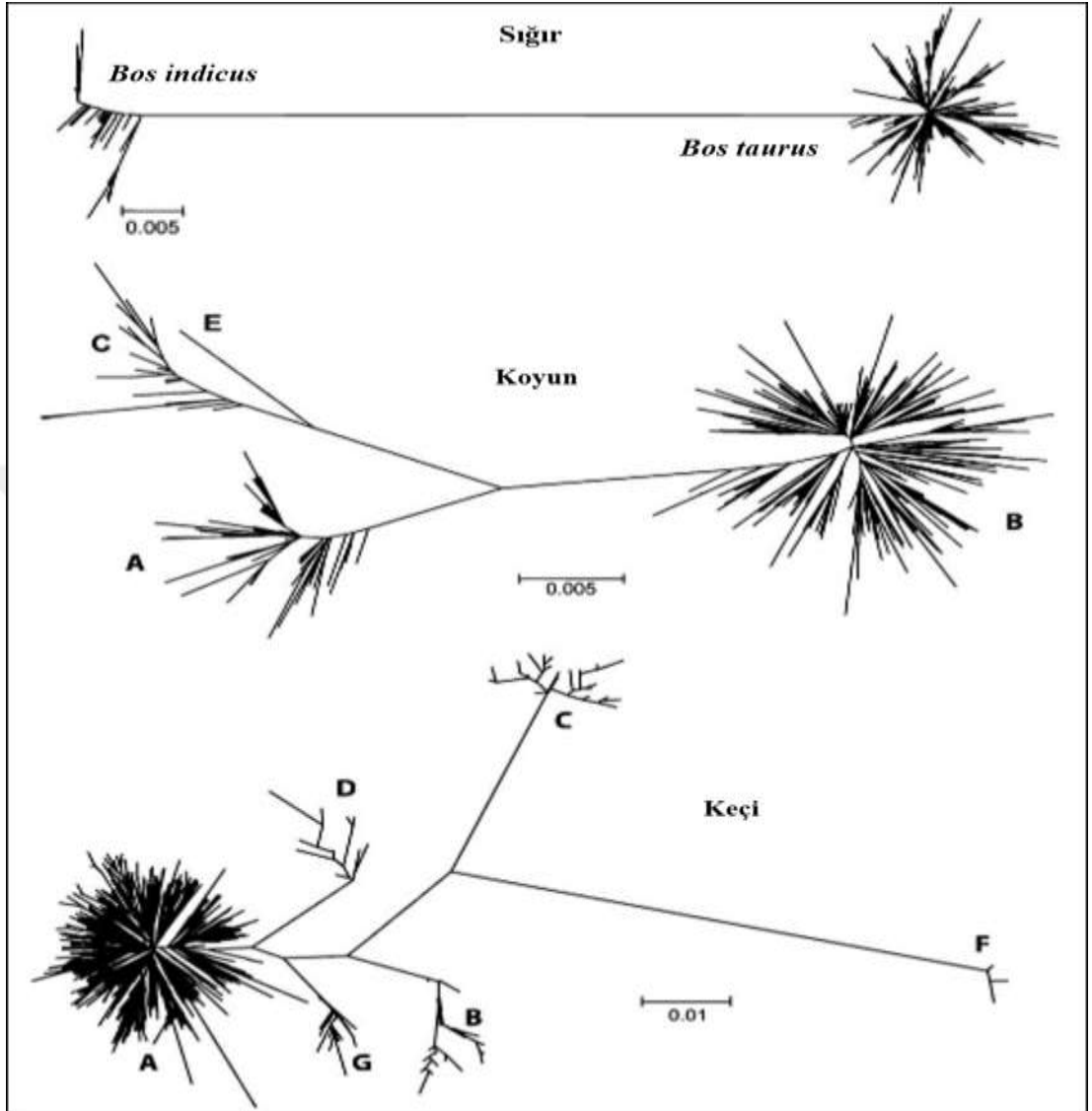
Evcilleştirilen hayvanlar tarih boyunca insanoğlunun yaşamında önemli roller oynamıştır. Bununla birlikte birçok çiftlik hayvanı türünün kökeni tam anlamıyla bilinmemektedir (Hiendleder, 2002). Gelişen yeni nesil dizileme teknolojileri ile paralel olarak keçi (Luikart vd., 1999), sığır (Loftus vd., 1999), at (Vila vd., 2001) ve koyun (Al-Atiyat vd., 2016) gibi çiftlik hayvanı türlerinin kökeni mtDNA (mitokondriyal DNA) dizileme çalışmaları ile belirlenmiştir.



Şekil 2.3. Sığır, koyun ve keçi evcilleştirilmesindeki ana olaylar (Taberlet, 2011)

Evcil koyunlar (*Ovis aries*) için tanımlanan olası atasal yabani ve alt türlerin olduğu bilinmektedir (Ryder, 1984). Ancak evcil koyunlar için tanımlanan mtDNA dizilemeleri sonrasında, üç temel haplogrup olduğu belirlenmiştir (Şekil 2.4) (Pedrosa vd., 2005; Taberlet, 2011). Bu çalışmalar sürecinde bu haplogrup sayısının sürekli değiştiği de bildirilmiştir. Sürekli olarak değişme nedeninin fenotipik ve genotipik açıdan farklı birçok koyun ırkının varlığından ve evcilleştirme sürecinde ortaya çıkan önemli farklılıklardan kaynaklandığı düşünülmektedir (Kaymakçı, 2006). Yapılan çalışmaların ışığında evcilleştirilen koyunların iki (Muflon ile Arkar) veya üç (Muflon, Arkar ile Argali) formlarından meydana geldiği ileri sürülmektedir (Kaymakçı, 2006;

Kırıkçı, 2017). Ayrıca, evcilleştirilmiş koyunların Asya ve Avrupa yaban Muflon koyunundan (*Ovis aries Orientalis*) köken aldığı da öne sürülmektedir.



Şekil 2.4. Sığır, koyun ve keçilerin mtDNA polimorfizmini gösteren köksüz filogenetik ağaçları (Taberlet, 2011)

2.2.2. Evcil Koyun Taksonomisi

Her canlı, geleneksel yöntemler ve moleküler teknikler sonucunda çıkan veriler kullanılarak sınıflandırılmaktadır. Canlıların hiyerarşik olarak evcilleştirilmesi üzerine yapılan sınıflandırılmada, ITIS (Integrated Taxonomic Information System - Birleştirilmiş Taksonomi Bilgi Sistemi) internet sitesinden elde edilen veriler kullanılmıştır (ITIS, 2005).

- Üstalem: **Eukarya** - Ökaryotlar
- Alem: **Animalia** - Hayvanlar
- Şube: **Chordata** - Kordalılar
- Alt Aile: **Vertebrata** - Omurgalılar
- Sınıf: **Mammalia** - Memeliler
- Tür: **Ungulata** - Toynaklılar
- Irk: **Artiodactyla** – Çift Toynaklılar
- Aile: **Bovidae** - Boynuzlugiller
- Alt Aile: **Caprinae**
- Cins: **Ovis**
- Tür: **Aries**

Evcilleştirme ile seleksiyon, göç ve mutasyon gibi süreçler etkilenmiştir. Çoğu hayvanın fizyolojik ve morfolojik özelliklerinde ortaya çıkan farklılıklar sahip oldukları genetik varyasyondan kaynaklanmaktadır. İnsanoğlu, oluşan bu çeşitli varyasyonlardan yararlanarak ekonomik önemi olan türlerdeki bireyleri seçerek damızlıkta kullanmıştır. Evcilleştirme yapılarak, doğal seleksiyonun etkisi azaltılmış, başka evcilleştirilmiş koyun ırklarıyla yapılan çiftleştirmeler farklı ırkları ortaya çıkarmıştır. Evcilleştirmeyeyle beraber, yabani ve evcil koyun arasındaki boynuz yapısı, kemik ve yapağı gibi özellikler ile davranışlar belirgin olarak farklılaşmıştır (Maijala, 1997; Gutiérrez-Gil, vd, 2017).

2.2.3. Koyun Yetiştiriciliği ile Elde Edilen Verim Özellikleri

Mevcut olan zayıf meralar ve çayırarda, büyükbaş yetiştiriciliğine göre küçükbaş hayvan yetiştiriciliğinin daha uygun olduğu bilinmektedir. Türkiye’de yetiştirilen koyunların genellikle cüsseleri ufak, yapağı yapısı kaba-karışık ve verimleri ise çoğunlukla düşüktür. Bunun yanı sıra yetiştirilen bölgenin çevresel koşullarına dayanıklıdır (Kayalık ve Bingöl, 2015). Ülkemizin coğrafi konumu, tarımsal yapısı ve ekonomik şartları, küçükbaş hayvanların yetiştiriciliğinin yapılmasına elverişli bir ortam sağlamaktadır (Kaymakçı ve Engindeniz, 2010).

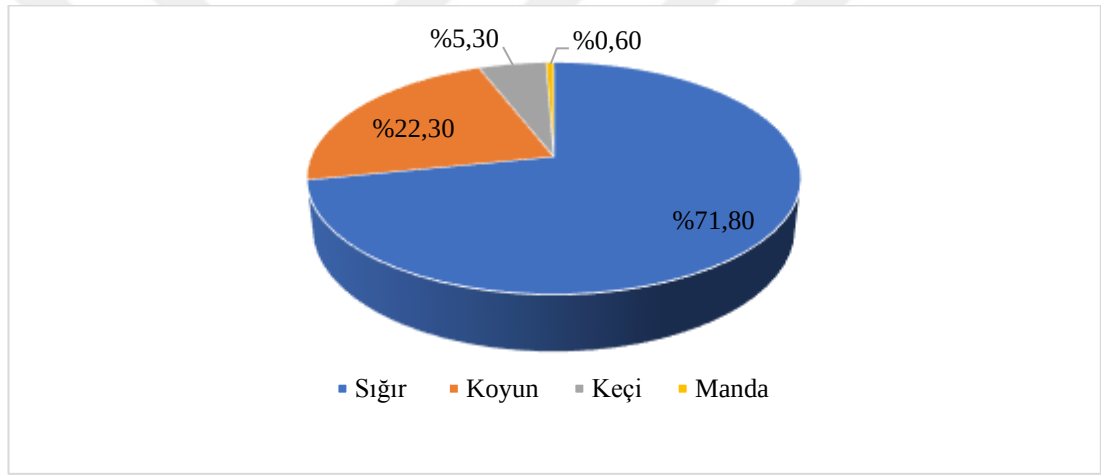
Küçükbaş hayvan yetiştiriciliği ile elde edilen verimliliğin ve kâr oranında artışın sağlanması için koyun ve keçi popülasyonlarında et, süt ve yapağı gibi hayvansal ürünlerin verimini arttırmaya yönelik ıslah çalışmaları ve bunun yanında uygun diyet yöntemleri uygulanmalıdır. Bu hayvansal ürünlerin dünya genelinde ve ülkemizde yüksek pazar potansiyeli bulunmaktadır (Olfaz, 2004).

Tablo 2.1. Türkiye’de yıllara göre küçükbaş hayvan sayısı (TÜİK, 2023a)

Yıllar	Koyun- Yerli	Koyun- Merinos	Keçi- Kıl	Keçi- Tiftik
2002	24 473 826	699 880	6 519 332	260 762
2003	24 689 169	742 370	6 516 088	255 587
2004	24 438 459	762 696	6 379 900	230 037
2005	24 551 972	752 353	6 284 498	232 966
2006	24 801 481	815 431	6 433 744	209 550
2007	24 491 211	971 082	6 095 292	191 066
2008	22 955 941	1 018 650	5 435 393	158 168
2009	20 721 925	1 027 583	4 981 299	146 986
2010	22 003 299	1 086 392	6 140 627	152 606
2011	23 811 036	1 220 529	7 126 862	151 091
2012	25 892 582	1 532 651	8 199 184	158 102
2013	27 485 166	1 799 081	9 059 259	166 289
2014	29 033 981	2 106 263	10 167 125	177 811
2015	29 302 358	2 205 576	10 210 338	205 828
2016	28 832 669	2 151 264	10 137 534	207 765
2017	31 257 408	2 420 228	10 419 027	215 645
2018	32 513 293	2 681 679	10 698 553	223 874
2019	34 199 467	3 076 583	10 964 374	241 055
2020	38 579 748	3 547 033	11 698 825	287 020
2021	41 182 899	3 994 791	12 051 957	289 557
2022	40 728 954	3 958 934	11 320 208	257 654

2.2.3.1. Et Verimi

Et üretimi, çiftlik hayvanlarından elde edilen öncelikli ürünler arasında yer almaktadır. Bunun yanında küçükbaş hayvan yetiştiriciliği içerisinde yer alan koyunlardan sağlanan ürünlerin ekonomik önemi de oldukça yüksektir. Küçükbaş hayvanlar, kırsal yaşamın önemli bileşenleridir ve besi hayvanı yetiştiricilerinin yaşamında önemli bir rol oynamaktadır. Giderek artan nüfus, ülkenin sosyo-ekonomik yapısındaki değişimler ve farklı kültürel gelişmeler gibi nedenlerden kaynaklı hayvansal protein arayışı, beraberinde et tüketimine olan ilgiyi de arttırmıştır. İnsanoğlunun et tüketimine ilgisinin artması, hali hazırda yapılan ıslah çalışmalarında et verimine yönelik araştırmaların öncelik verilmesine neden olmuştur (Esen ve Özbey, 2001; Öztürk ve Odabaşoğlu, 2011).



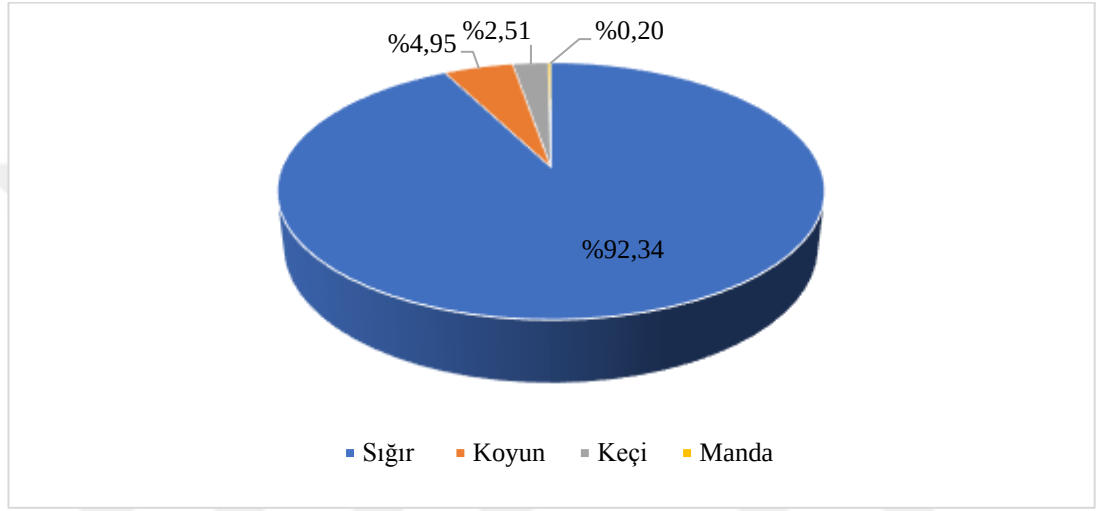
Şekil 2.5. Kırmızı et üretiminin hayvan türlerine göre 2022 yılı dağılımı (TÜİK, 2023a)

Ülkemizde 2022 yılı verilerine göre koyun eti üretiminin 489.354 ton ile toplam et üretiminin %22,3'ünü oluşturduğu görülmektedir (Şekil 2.5) (TÜİK, 2023a). Çevre koşulları ve canlının genetik yapısında iyileştirmeler yapılarak üretim miktarının ve kalitenin arttırılabilmesi mümkündür (Altın vd., 2005; TÜİK, 2023a). Etin kalitesinde önemli olan etkenler; karkas kalitesi ve ağırlığıdır. Koyunun beslenmesi, cinsiyeti, rasyon içeriği, kesim yaşı ve kesim şekli gibi etmenler ise karkas kalitesi ve karkas ağırlığının belirlenmesinde önemlidir (Esen ve Özbey, 2001).

2.2.3.2. Süt Üretimi

Süt verimi hayvan yetiştiriciliği yapanlar için oldukça önemli bir gelir kaynağıdır. Üretilen süt miktarını ve kalitesini düşüren faktörler, yetiştiriciler için önemli kayıplara sebep olabilmektedir (Leitner vd., 2008).

Ülkemizde koyun yetiştiriciliğinden elde edilen süt miktarının 2022 için 1.067.342 ton ile %6.7 oranında azaldığı görülmektedir. Ülkemizde üretilen toplam süt miktarının %2.5'ini koyun sütü (Şekil 2.6) oluşturmaktadır (TÜİK, 2023a).



Şekil 2.6. Süt üretiminin hayvan türlerine göre 2022 yılı dağılımı (TÜİK, 2023a)

2.2.4. Koyun Yetiştiriciliğinde Beslenmenin Önemi

Koyun yetiştiriciliği içerisinde kuzu eti başlıca gelir kaynaklarından biridir. Standartlara uygun ve nitelik bakımından iyi bir et üretimi için besi oldukça önemlidir. Kuzu besi sistemleri entansif ve mera besisi olarak ikiye ayrılmaktadır. Entansif besicilikte yüksek canlı ağırlık artışı kapasitesine sahip olan kuzular sütten kesildikten sonra entansif besiyeye alındıklarında zorluk çekmeden adapte olabilmektedirler. Bunun sebebi sütten kesilmeden önce de hayvanların kesif yem ile beslenmesidir. Böylelikle rumen gelişimleri de iyidir. Mera besisinde ise sütten kesilen kuzular yabani ot bulunan meralarda ya da çoğu zaman anızda (arpa, buğday, mısır gibi) otlatılabilmektedir (Görgülü, 2009). Merada yetersizlik söz konusu olduğunda ise kuzuların beslenmesi kesif yem ile desteklenmektedir. Besiye alınan kuzularda; yemden yararlanma kapasitesi, günlük canlı ağırlık artışı, kesim canlı ağırlığı, cinsiyet, ırk ve yaş gibi faktörler nedeniyle farklılıklar görülebilmektedir. Besiye alınan

kuzuların ihtiya duydukları besin madde gereksinimlerinin bilinmesi ve beslemenin buna uygun olarak yapılması nemlidir (Kor vd., 2009).

Trkiye’de koyun varlığının byk bir kısmı, yerli ve kombine verim zelliğine sahip ıslah programlarına tabi tutulmamış ırklardan oluşmaktadır. retim sistemlerinde; beslemede kullanılan kaynaklar, evresel ve sosyo-ekonomik koşullar, bitkisel retimin etkisi ve yetiştiriciliği yapılan koyunların blgelere gre dağılımları gibi faktrlerin etkisiyle farklılıklar grlmektedir (Karaca vd., 1996). lkemizde kuzu yetiştiriciliği oğunlukla yılda tek kuzulatmayla yapılmaktadır. Kuzulama mevsimi ise ko katım dnemine baėlı olarak deėişiklik gstermektedir (Kaymakı ve Snmez, 1996).



2.3. Artlı Koyun Irkı

Artlı koyun ırkı ülkemizde 2020 yılında Tarım ve Orman Bakanlığı tarafından tescil edilerek yerli koyun ırkları arasında yerini almıştır. Bu yerli koyun ırkımızın sayısı yaklaşık 2000-2500 baş olup, Trabzon ilinin Araklı, Arsin, Ortahisar, Yomra ilçelerinde yetiştiriciliği yapılmaktadır. Artlı koyun ırkının en ilgi çekici özelliklerinden biri kendilerine özgü olan kuyruk yapısıdır. Yuvarlak ve yağlı yapıdaki (19-30 cm uzunluğunda ve 28-32 cm genişliğinde) iki loblu kuyruğun, loblarının ortasında içe doğru dönük olarak 6-12 cm arasında değişen yağsız yapıda ek kuyruk bulunmaktadır. Kombine verime sahip olan Artlı koyunu; beyaz, siyah ve kırçıl renkli kıl örtüsüne sahiptir (Mercan vd., 2022c).



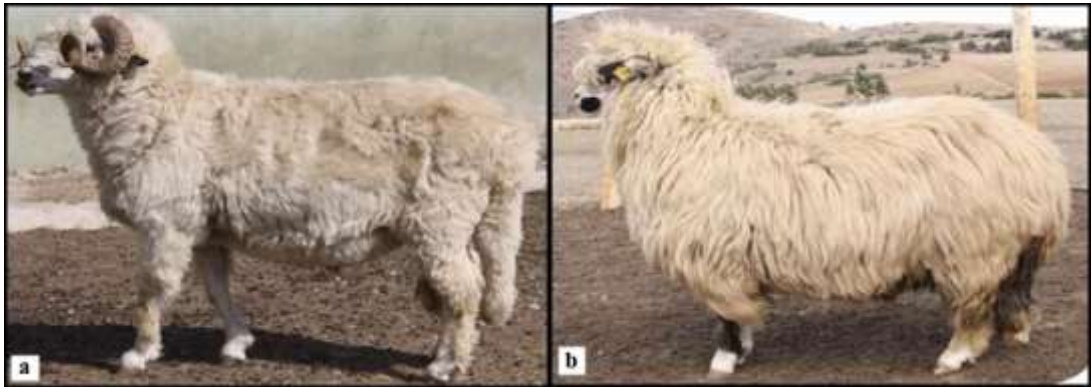
Şekil 2.7. Artlı koyun ırkına ait görseller ve kuyruk yapısı

2.4. Karayaka Koyun Irkı

Karayaka koyun ırkı, Karadeniz bölgesinin kıyı kesimlerinde yetiştiriciliği yapılan Türkiye'nin yerli gen kaynaklarından biridir. Samsun, Ordu, Giresun, Tokat ve Sinop illerinde çoğunlukla yetiştiriciliği yapılmaktadır. Bu yerli koyun ırkı; Tokat ilinin Erbaa ilçesinde bulunan Karayaka kasabasında yetiştirilen bir ırk olması ile bu adı almıştır. Türkiye'nin koyun populasyonlarına bakıldığında Karayaka ırkının yaklaşık olarak %3.5-4'lük bir payının olduğu tahmin edilmektedir (Çam ve Kuran, 2004).

Karayaka koyun ırkı; sert iklim koşullarına dayanıklı, hastalıklara karşı direnci olan, zayıf meralara adapte ve engebeli arazilerde yetiştiriciliği kolay yapılabilen bir yerli ırktır (Çam ve Kuran, 2004). Tırmanma ve yürüme yeteneğinin iyi olması ile Karadeniz bölgesinin yüksek kesimlerinde kolay bir şekilde hareket edebilmektedir ve bu şartlar altında iyi düzeyde besi performansı sergilemektedir (Kırıkçı, 2017). Karayaka et kalitesi yüksek olduğundan et üretimi için yetiştiriciliği yapılmaktadır.

Türkiye yerli koyun ırkı Karayaka, yağsız uzun bir kuyruğa sahiptir. Yapağı rengi beyazken; bacakları, baş ve kulak bölgesi siyah lekeler ile kaplıdır (Şekil 2.8). Laktasyon süt veriminin, ortalama olarak 40-45 kg olduğu araştırmalar ile bildirilmiştir (Soysal, 2004; Haynes, 2006; Kırıkçı, 2017). Morfolojik yönden bakıldığında Çakrak ve Karagöz adında iki tipi bulunmaktadır.



Şekil 2.8. a, b. Karayaka ırkı koç ve koyununa ait görüntüler (TAGEM, 2009)

2.5. Transpozonlar

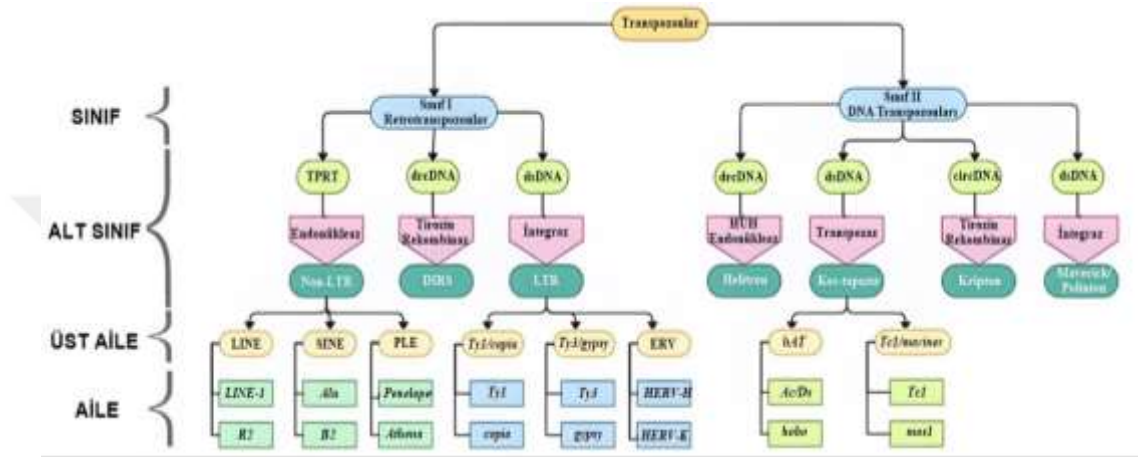
Genomda bulunan bazı diziler, genlerden farklı olarak kendilerini büyük oranda kopyalayarak bir bölgeden diğer bölgeye hareket edebilir. Ayrıca bu diziler, yüksek derecede kendilerini koruyarak bir nesilden bir nesle aktarımlarını sağlayabilir. (Orgel ve Crick, 1980; Maraklı vd, 2019). Bu diziler yer değiştirebilme özelliğine sahip DNA dizileridir ve transpozabl element (TE) olarak adlandırılırlar. *Plasmodium*'un bazı türleri hariç tüm ökaryotlarda ve hemen hemen tüm prokaryotlarda transpozonlar bulunmaktadır (Grzebelus, 2006; Wicker vd.,2007; Jurka, 2008; Huang vd., 2009). Bitki ve hayvan genomlarına bakıldığında transpozonların; bitki genomlarının yaklaşık %50-90'ını, hayvan genomlarının ise %3-60'ını oluşturduğu bildirilmektedir. Prokaryotların çoğunda %1 ile %3 oranında bulunan transpozonlar, mayalarda (*Saccharomyces cerevisiae*) %3, memelilerde ise %25-45, insan genomunda %45 oranlarında bulunmaktadır (Canapa vd., 2016; Biscotti vd., 2019).

Barbara McClintock (1950), mısır bitkisinde kromozom kırılmaları ile ilgili yaptığı çalışmasında, kontrol elementleri (controlling elements) olarak adlandırmış olduğu transpozonları keşfetmiştir. Renklendirilen örnekleri inceleyen McClintock (1953), iki element aracılığı ile bir mutasyon sistemini tanımlamıştır. Mutasyona neden olan ilk element “Ac” (*activator*) ve bu mutasyon aktivitesini kontrol eden element ise “Ds” (*dissociator*) olarak tanımlamıştır (McClintock, 1953). Kromozomun dinamik yapısının değişiminde adı geçen *Ac/Ds*'ler (*Activator/Dissociation*), *En/I* (*Enhancer/Inhibitor*) ve *Spm-dSpm* (*Suppressor-mutator*) sistemlerinin keşfedilmesi ile ökaryotik canlılarda genetik ve epigenetik etkilerin incelenmesi açısından önemli adımlar atılmıştır (Herrera-Cabrera vd., 2023). McClintock, genom organizasyonu ve genom stabilitesi ile alakalı görüşlerin değişmesini sağlamıştır ve 1983 yılında Nobel ödülüne layık görülmüştür.

Genom içerisinde bazı dizilerin yüksek oranda bulunması ya da konak genomlarına kıyasla daha hızlı bir şekilde replike olduklarının anlaşılması ile transpozonların yaşamlarını devam ettirmekten başka bir amaç gütmeyen elementler olduğu varsayılmaktadır. Bunun üzerine transpozonlar, bencil DNA olarak da adlandırılmaktadır (Drost ve Sanchez, 2019).

Moleküler tekniklerin kullanımı ile transpozonların sebep olduğu insersiyon (eklenme) polimorfizmi belirlenmektedir. Bu doğrultuda populasyon ve filogenetik

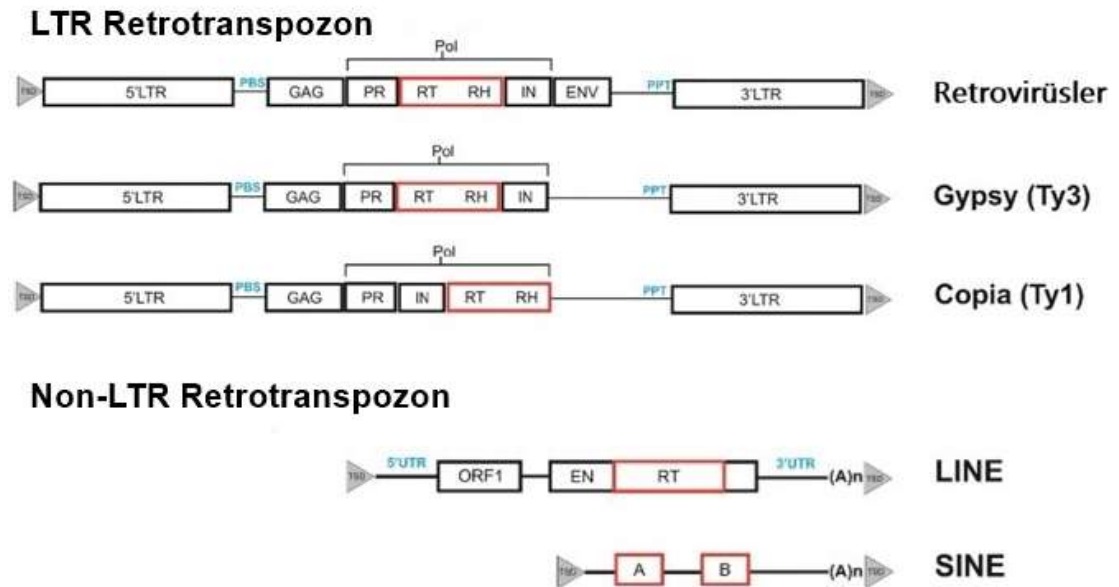
çalışmalarla genom haritalama için markır olarak kullanılabilir (Etchegaray vd., 2022). Transpozonlar, genomdaki ya da transpozisyon mekanizmaları (yer değiştirme) ile bulundukları bölgeleri değiştirme potansiyellerine göre kategorize edilirler (Chaparro vd., 2015). Taksonomi kapsamlı bir şekilde incelendiğinde retrotranspozonlar (Sınıf I) ve DNA transpozonları (Sınıf II) olmak üzere iki sınıfa ayrılmaktadır (Şekil 2.9) (Bourque vd., 2018). Retrotranspozonlar “kopyala-yapıştır” yöntemi ile, DNA transpozonları ise “kes-yapıştır” mekanizması ile hareket eder (Pagadala vd., 2023).



Şekil 2.9. Transpozonların sınıflandırılması (Bourque vd., 2018)

2.5.1. Retrotranspozonlar

Sınıf I olarak bilinen retroelementler genom içerisinde RNA molekülünü aracı olarak kullanıp kopyala-yapıştır mekanizması ile kendilerini çoğaltırlar. Kendi aralarında DIRS, LTR (*Ty1/copia*, *Ty3/gypsy* ve ERV) ve LTR olmayan (LINE, SINE ve PLE) retrotranspozonlar olarak alt sınıflara ayrılırlar (Pagadala vd., 2023). Retrotranspozonlar kendi aralarında yapısal özelliklerine bakılarak sınıflandırılmaktadır ve bu sınıflandırmada diziler 5' ve 3' LTR'ler (Uzun Uç Tekrarları) ile çevrilidir. PBS (Primer Bağlanma Bölgesi), GAG (nükleokapsid protein), POL (Poliprotein), AP (Aspartik Peptidaz), RT (Ters Transkriptaz), RH (Ribonükleaz H), INT (Integrase), ENV (Zarf), PPT (PoliPurin Yolu) ve TSD (Hedef Bölge Çoğaltması) bölgelerini içermektedir (Gozukirmizi, 2019).



Şekil 2.10. Retrotranspozonların yapıları (Arvas vd., 2023)

LTR olmayan retrotranspozonlar içerisinde yer alan LINE ve SINE'ler; 3' poli(A) ile sonlandırılmıştır. LINE dizileri, nükleokapsid protein (gag), endonükleaz (EN) ve ters transkriptazı (RT) kodlayan iki açık okuma çerçevesine (ORF) sahiptir. SINE'ler ise tRNA türevi olan bir bölgeden ve başka bir DNA dizisinden oluşmaktadır. A ve B olarak adlandırılan kutular RNA polimeraz III homolojisine sahip olan bölgeleri belirtmektedir (Arvas vd., 2023).

Transpozabl element (TE)'lerin hareket mekanizmaları, transkripsiyonel düzenleme, susturma, genom, transkriptom ve epigenomun değişkenliği üzerine önemli etkilere sahiptir. LINE ve SINE elementleri çiftlik (keçi, koyun, manda, sığır gibi) ve kanatlı hayvan (hindi, kaz, ördek, tavuk) genomlarında daha baskın olarak görülmektedir. Büyüklüklerine bakıldığında, kümes hayvanlarının genomları (%4.3-8.9) çiftlik hayvanlarının genomlarından (%26.1-42.9) çok daha düşük oranda TE'ye sahiptir (Zhao vd., 2023).

2.5.2. Transpozon ve Epigenetik Mekanizmaların İlişkisi

Epigenetik bileşenler, fenotipik gelişim sırasında olduğu gibi gereksinimlere göre ayarlanabilen bir molekül ağı içerir. Aynı zamanda orijinal DNA dizisinde herhangi bir değişiklik olmadan bir sonraki nesle de aktarabilirler (Richards vd., 2012; Fedoroff, 2012). Bitki, hayvan ve mantarlarda transpozonların aktivitesi çevreye göre değişebildiği rapor edilmiştir (Guio vd., 2018; Liang vd., 2021).

TE'lerin epigenetik mekanizmalar ile (çoğunlukla DNA metilasyonu) genomda dağılımları düzenlenmektedir (Berrens vd., 2017). Sessiz hale getirilmelerinin yanı sıra genetik ifadeyi etkileyebilecek epigenetik işaretlerin mükemmel bir bileşeni olarak da rol oynarlar. Gen anlatımının düzenlenmesinde, transpozon hareketliliğinin rolü çalışılmaya devam edilmektedir (Shan vd., 2023).

2.5.3. Transpozonların Yatay Transferi

Transpozabl elementler, genom içerisinde bir lokustan başka bir lokusa hareket edebilen ve kendilerini kopyalayarak genomda sayılarını arttırabilen DNA parçalarıdır. Yatay transpozon transferi (Horizontal Transposon Transfer-HTT), lokuslar arasında yer değiştirme kabiliyetleri ile adlandırılan bu DNA parçalarının ebeveynden yavruya kalıtımı dışındaki yollar ile genomlar arasındaki geçişi ifade etmektedir. Ebeveynden yavruya genlerin kalıtımı dikey gen aktarımı (üreme yolu ile) olarak adlandırılmaktadır. Ökaryotlar içerisinde ilk yatay transpozon transferi *Drosophila wilsoni* türünden *Drosophila melanogaster*'in bazı popülasyonlarına yatay bir şekilde *P* elementinin aktarıldığı bilinmektedir. Alemler ve aileler arasında yapılan çeşitli çalışmalarda transpozabl elementlerin hareketlerinin incelenmesine rağmen bitki ile hayvan alemleri arasında transpozabl elementlerin geçişi ile alakalı az sayıda bilgi mevcuttur (Lin vd., 2016). Bitkiler ile hayvanlar arasında transpozabl

elementlerin yatay olarak aktarımı iyi bir şekilde anlayabilmek için incelenecek olan organizmanın tam genomunun bilinmesi oldukça önemlidir.

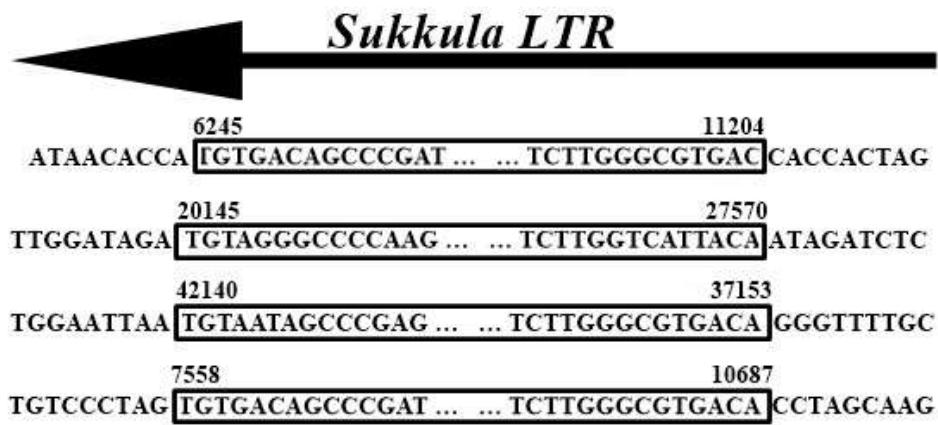
Bu tez çalışmasında da koyun rasyonlarında bulunan bazı bitkilere özgü retrotranspozonların hareketleri Artlı ve Karayaka koyun ırklarında incelenmiştir. Bu amaçla arpa bitkisine özgü *Sukkula*, ayçiçeğine özgü *SURE*, buğday bitkisine özgü *Daniela*, *Fatima* ve *Wis*, mısıra özgü *Tekay* ve soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonların hareketleri incelenmiş ve örnekler arasındaki polimorfizm oranları belirlenmiştir.

2.6. Bitkilere Özgü Retrotranspozonlar

Bitki genomları retrotranspozonlar bakımından oldukça zengindir. Aşağıda çiftlik hayvanlarının rasyonlarında yer alan bazı bitkilere ait retrotranspozonlardan arpa bitkisine özgü *Sukkula*, ayçiçeğine özgü *SURE*, buğday bitkisine özgü *Daniela*, *Fatima* ve *Wis*, mısıra özgü *Tekay* ve soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonları hakkında kısaca bilgi verilmiştir.

2.6.1. *Sukkula* Retrotranspozonu

Sukkula retrotranspozonu arpa (*Hordeum vulgare* L.) genomunda, 6.245 ile 11.204 nükleotit pozisyonları arasına yerleşmiş solo-LTR dizisidir (GenBank erişim no: Y14573 ve Z17327). *Sukkula* dizisinin, arpada bulunan *Mlo* lokusunda bulunan genler arasındaki diziler ile *BARE1* retroelementinin 3'- LTR bölgesinde var olan insersiyon dizisine benzerlik gösterdiği rapor edilmiştir (Shirasu vd, 2000; NCBI, 2023).



Şekil 2.11. *Sukkula* retrotranspozonu LTR dizileri (Shirasu vd, 2000; NCBI, 2023)

2.6.2. *SURE* Retrotranspozonu

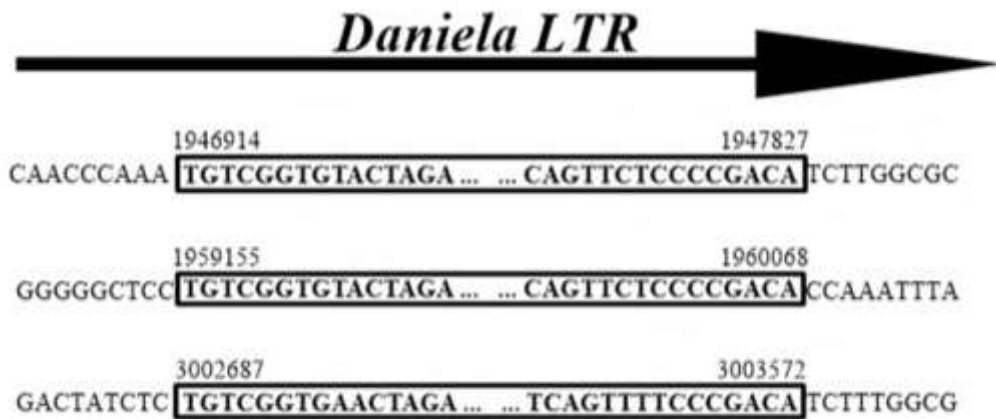
İlk olarak ayçiçeğinde (*Helianthus annuus* L.) keşfedilen bir solo LTR olan dizi *SURE*, ayçiçeğinde tanımlanamayan retroelement (sunflower unidentified retroelement) olarak adlandırılmıştır. *SURE*, LTR ile ilişkili bir ORF (Açık Okuma Çerçevesi – Open Reading Frame) dizisine sahip olmadığı için bu retrotranspozon, herhangi bir süper ailesine dahil edilmemiştir (Vukich vd, 2009). *SURE* yaklaşık olarak 902 bç uzunluğundaki (GenBank erişim no: FJ791040) LTR dizisi ile çevrelenen bir retrotranspozondur (NCBI, 2023).



Şekil 2.12. *SURE* retrotranspozonu LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.6.3. *Daniela* Retrotranspozonu

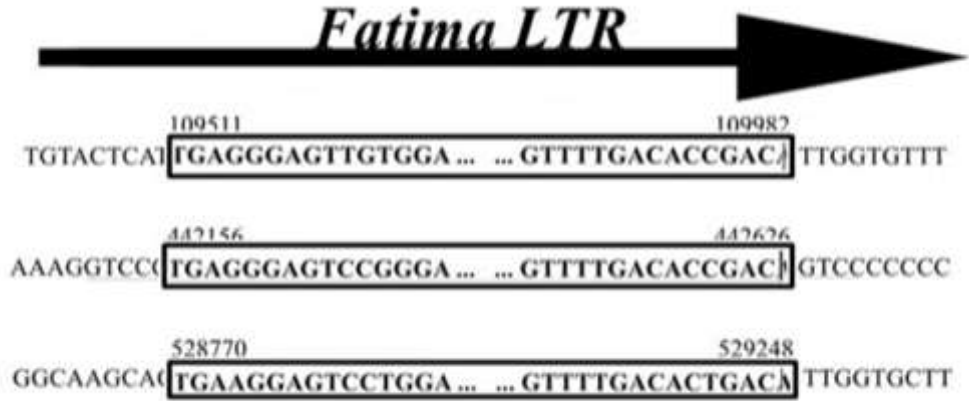
Daniela, buğdayda (*Triticum aestivum*) yaklaşık 13206 bç büyüklüğündedir. *Ty3-Gypsy* ailesine ait bir retrotranspozondur (GenBank erişim no: FN564434). *Daniela* yaklaşık 981 bç uzunluğunda LTR dizisi ile çevrelenmiştir. *Daniela*'nın, buğday 3B kromozomunda birçok kopyası bulunmaktadır (NCBI, 2023).



Şekil 2.13. *Daniela* retrotranspozonu LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.6.4. *Fatima* Retrotranspozonu

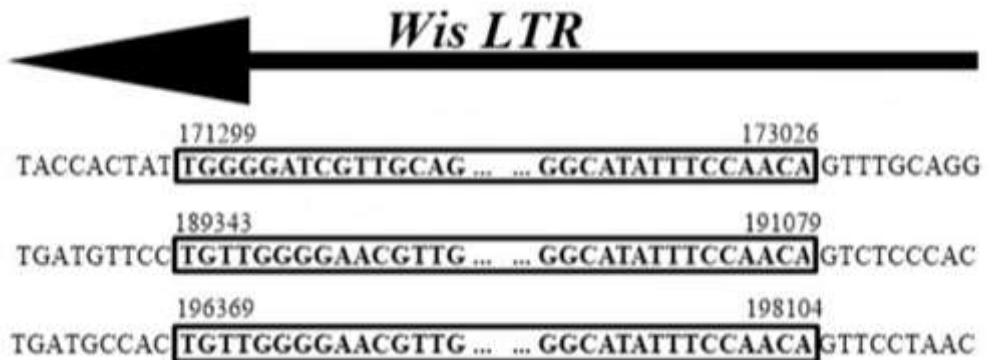
Buğday genomunda bulunan bir başka retro element olan *Fatima*, yaklaşık 8.376 bç büyüklüğündedir (GenBank erişim no: FN564434). *Ty3-Gypsy* ailesine ait bir retrotranspozondur. Buğday'ın 3B kromozomunda çok sayıda kopyası bulunmaktadır. Yaklaşık olarak 472 bç uzunluğundaki LTR dizisi ile çevrelenen bir retrotranspozondur (NCBI, 2023).



Şekil 2.14. *Fatima* retrotranspozonu LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.6.5. *Wis* Retrotranspozonu

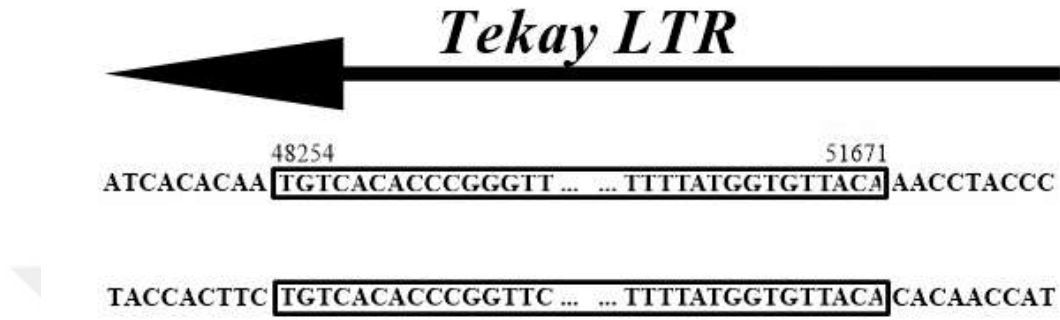
Wis, buğday genomunda bulunan yaklaşık 6.789 bç büyüklüğündeki bir retro elementtir (GenBank erişim no: FN564434). *Ty1-copia* retrotranspozonların gen düzenine sahiptir. Yaklaşık 1.728 bç uzunluğunda LTR dizisi ile çevrelenen bu retrotranspozonun 3B kromozomunda birçok kopyası bulunmaktadır (NCBI, 2023).



Şekil 2.15. *Wis* retrotranspozonuna ait LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.6.6. Tekay Retrotranspozonu

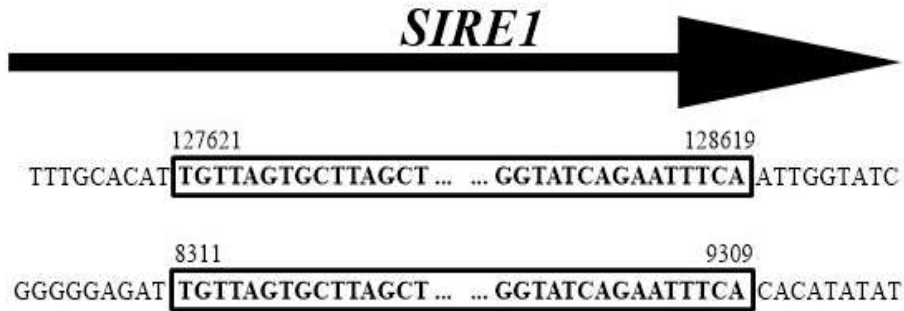
Tekay, mısır (*Zea mays L.*) genomunda bulunan ve yaklaşık 12.118 bp büyüklüğünde olan *Ty3-Gypsy* ailesi üyesidir (GenBank erişim no: AF448416). Yaklaşık 3.441 bp'lik uzunluğundaki LTR dizisi ile çevrelenen bir retrotranspozondur. Mısırın 9S kromozomunda iki kopyası bulunmaktadır (NCBI, 2023).



Şekil 2.16. *Tekay* retrotranspozonu LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.6.7. SIRE1 Retrotranspozonu

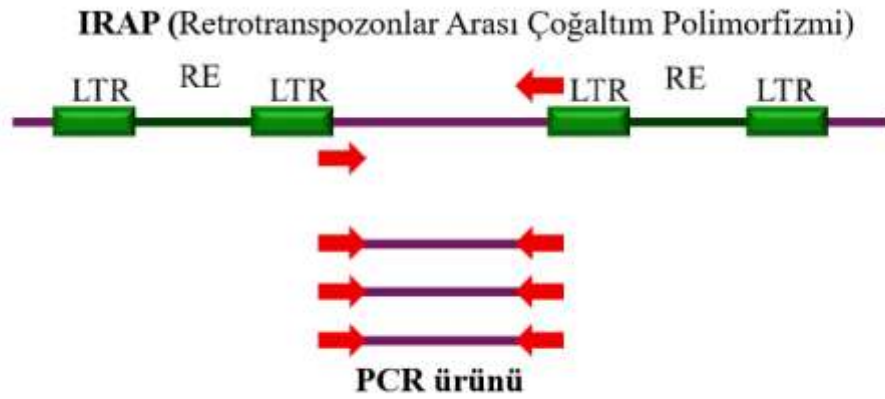
SIRE-1, soya fasulyesinin (*Glycine max L.*) genomunda bulunan bir retroelement dir ve retrovirüslere özgü bir zarf proteini içerir. Bu element, 9.340 bp uzunluğundadır (GenBank erişim no: AY205610). Ancak *Ty3-gypsy* retrotranspozonlarına benzer bir yapısal organizasyona sahip olan diğer zarf proteini içeren retroelementlerin aksine, *Ty1-copia* retrotranspozonlarının gen düzenine sahiptir. *SIRE-1* eklemelerinin kapsamlı dizi analizine rağmen *Glycine* cinsinin çok yıllık türleri içindeki *SIRE-1* retroelementinin evrimi ve dağılımı bilinmemektedir (NCBI, 2023).



Şekil 2.17. *SIRE1* retrotranspozonu LTR dizileri (NCBI, 2023)

2.7. IRAP-PZR Tekniđi

Retrotranspozonların genom içerisindeki hareketleri, farklı moleküler markır teknikleri ile belirlenebilmektedir (Gözükırmızı vd., 2015). IRAP metodu, retrotranspozonları temel alarak geliştirilen ve çalışma prensibinde restriksiyon enzimine ya da ligasyon evresine ihtiyaç duymadan PZR kullanılarak polimorfizmlerin belirlenmesine dayanan bir moleküler markır tekniđidir (Kalendar ve Schulman, 2006).

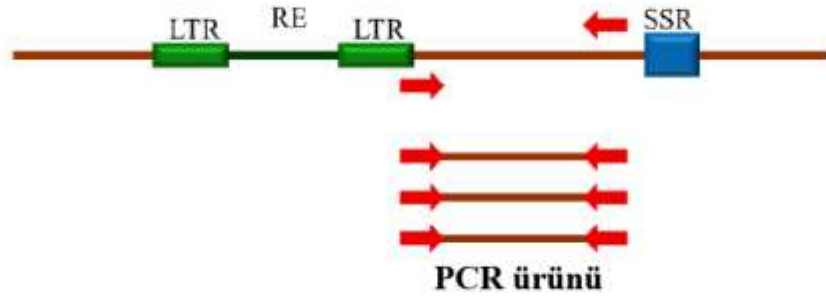


Şekil 2.18. IRAP moleküler markır çalışma prensibi (Kuhn vd, 2016)

2.8. REMAP PZR Tekniđi

REMAP moleküler markır tekniđinde, ISSR ve LTR dizilerine zg primerler kombine edilerek PZR reaksiyonu hazırlanmaktadır. LTR primerlerinin farklı kombinasyonlarının veya bu primerlerin ISSR primerleri ile kombinasyonlarının kullanılmasının daha gvenilir bilgi sađladıđı bildirilmektedir. Aynı primerler, tek başlarına ya da kombinasyon halinde kullanıldıklarına bađlı olarak tamamen farklı bant profilleri retebilmektedir. Grimm vd. (1999) alışmalarında SSR'yi (Simple Sequence Repeats - Basit Dizi Tekrarları) evreleyen blgelerde ve SSR iermeyen blgelerde SNP'lerin varlıđının eřit olduđunu bildirmişlerdir. Bu nedenle REMAP analizi sonucunda oluřan farklı bant desenine sahip PZR rnlerinin dizi bilgisinin elde edilmesi gerekebilir (Bhat vd., 2020; Kalendar vd., 2021).

REMAP (Retrotranspozon Mikrosatellit Polimorfizmi)



Şekil 2.19. REMAP moleküler markırın çalışma prensibi (Kuhn vd., 2016)

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Hayvan Materyali

Bu çalışmada; Prof. Dr. Mehmet Akif ÇAM yürütücülüğünde Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü (TAGEM) 2017/25 nolu proje ve Ondokuz Mayıs Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi PYO.ZRT.1905.18.001 nolu proje ile desteklenen “Trabzon ili Yöresel Artlı, Çepni ve Of Koyun Tiplerinin Moleküler Tanımlanması” başlıklı proje kapsamında alınan kan örneklerinden seçilen Artlı ve Karayaka koyunlarına ait numuneler kullanılmıştır. Moleküler analizler; bireysel bölmelerde tutulan ve sütten kesimden sonra 30. ve 60. günlük yaşlardaki iki farklı gelişim dönemindeki Artlı ve Karayaka kuzularından, her bir ırktan 5 biyolojik tekrar olacak şekilde toplam 10 örnek üzerinde yapılmıştır.

3.2. Araştırmada Kullanılan Alet ve Cihazlar

Yürütülen çalışmada yararlanılan cihazların adı, markası ve üretim yeri Tablo 3.1’de gösterilmiştir.

Tablo 3.1. Çalışmada yararlanılan cihazlar ve üretim yerleri

Cihaz Adı	Marka	Üretim Yeri
Thermal cyclcer	BioRAD	USA
Vortex mixer	Veip	İtalya
pH metre	Eutech	Singapur
Çeker ocak	Protech	US/ Kanada
Jel Görüntüleme Sistemi	BioRAD	USA
Nano Drop	Thermo Scientific	Waltham, MA USA
Manyetik Karıştırıcı	Heidolph	Almanya
Santrifüj	Weightlab Instruments	İstanbul/ Türkiye
Buz makinesi	Scotsman	İtalya
-20°C Dondurucu Buzdolabı	Bosch	Gerlingen, Almanya
-80°C Dondurucu Buzdolabı	DAIHAN Scientific	Hyun Jeong Shu/ Güney Kore
Otoklav	Hirayama	Tokyo/Japonya
Mikrodalga Fırın	Arçelik	İstanbul
Saf su cihazı	Nüve	Ankara
Su banyosu	Lab Companion	Güney Kore
Elektroforez Cihazı	BioRAD	USA
Elektronik mikropipet	Eppendorf	Hamburg, Almanya
Hassas terazi	Radwag	Polonya
Spektrofotometre	Thermo Scientific Nanodrop 2000c	ABD

3.3. Genomik DNA İzolasyonu

Antikoagülan (pıhtılaşmayı önleyici) madde (Lityum-Heparin veya EDTA: Etilendiamin tetraasetik asit) bulunan 3 ml'lik steril tüpler içerisinde -80°C 'de saklanan kan örneklerinin ani sıcaklık değişimi ile karşılaşmaması için numuneler bir gün önceden -20°C 'ye alındı. DNA izolasyon işlemine başlamadan önce ise kan örnekleri bir müddet $+4^{\circ}\text{C}$ 'de bekletilerek yavaş bir şekilde çözünmesi sağlandı. Örneklerin genomik DNA'sı (gDNA), Genomik DNA İzolasyon Kiti (Thermo Scientific GeneJET) kullanılarak izole edildi.

DNA izolasyonu, protokolde belirtilen sıra ile yapılmıştır. Bu sıra aşağıda maddeler halinde özetlenmiştir.

1. Kan örneğinden 200 μl , 1.5 ml'lik mikrosantrifüj tüp içerisine alındı. Üstüne 400 μl Lizis Solüsyonundan ve 20 μl Proteinaz K çözeltisinden eklendi. Karışımın homojen bir hal alabilmesi için hafif bir şekilde pipet ile karıştırıldı.
2. Karışım önceden hazırlanan su banyosunda 56°C 'de 10 dakika inkübasyona tabi tutuldu. İki dakikada bir hafifçe çalkalandı.
3. İnkübasyon işlemi sonunda üzerine %99.9'sluk etanol çözeltisinden 200 μl eklenerek vorteks işlemi yapıldı.
4. Oluşan lizat kit içinde mevcut olan toplama tüplerine (silika membranlı kolon) aktarıldı. Ardından kolonlu tüp $6000 \times g$ 'de 1 dakika santrifüj edildi.
5. Santrifüj işlemi sonunda kolon 1.5 ml'lik yeni bir tüp üzerine yerleştirildi.
6. 500 μl Yıkama Tamponu I-Wash Buffer I (etanol eklenmiş) eklenerek $8000 \times g$ 'de 1 dakika santrifüj edildi. Alttaki sıvı boşaltılarak kolon tekrardan yerleştirildi.
7. Saflaştırma kolonu üzerine Yıkama Tamponu II-Wash Buffer II (etanol eklenmiş) eklendi. $14000 \times g$ 'de 3 dakika santrifüj işlemine tabi tutuldu. Bu işlem sonrasında kolon yeni 1.5 ml'lik mikrosantrifüj tüpü içerisine konuldu.
8. Kolonda tutulan DNA'yı dikkatli bir şekilde elde edebilmek için, kolonun orta kısmına denk gelecek şekilde 200 μl Elüsyon Tamponu

eklendi ve oda sıcaklığında 2 dakika bekletildi. Ardından 8000 x g'de 1 dakika santrifüj işlemi yapıldı.

9. Kolondan ayrılan gDNA, kullanılıncaya kadar -20°C'de bekletildi.

gDNA örneklerinin kantitatif analizi spektrofotometre ile belirlendi. 260/280 ve 260/230 nm ölçüm aralığındaki oranlardan, izole edilen gDNA'ların PZR analizleri için uygun olduğu belirlendi. Ayrıca örneklerin kalitatif analizleri de %1'lik agaroz jelde kontrol edildi. Agaroz jel, Başlık 3.6'da verildiği gibi yapıldı.



3.4. Moleküler Markır Analizleri

Bu tez çalışmasında besi dönemi başlangıcı ve besi sonunda Artlı ve Karayaka ırkı kuzularında; beslenmeye dayalı olarak dönemsel retrotranspozon hareketliliği, diyet-genom etkileşimlerinin belirlenebilmesi amacıyla IRAP ve REMAP analiz yöntemleri kullanılmıştır. Arpa bitkisine özgü *Sukkula*, ayçiçeğine özgü *SURE*, buğday bitkisine özgü *Wis LTR2*, *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2* ve *Fatima LTR*, mısır bitkisine özgü *Tekay* ve soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonlarının hareketlerinden kaynaklanan polimorfizm durumlarının belirlenmesinde kullanılan IRAP ve REMAP analizleri yapılmıştır.

3.4.1. IRAP-PZR Analizi

Bu çalışmada kullanılan *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarına ait primer dizileri, Tablo 3.2’de gösterilmiştir. Ayrıca PZR çoğaltım işlemleri için gerekli olan bileşenler Tablo 3.3’te ve PZR reaksiyon koşulları Tablo 3.4’te verilmiştir.

Tablo 3.2. Çalışmada kullanılan IRAP primerleri ve dizileri

Bitki Adı	Primer Adı	Primer Dizileri	Kaynak
Arpa	<i>Sukkula</i>	3’GGAACGTCGGCATCGGGCTG 5’	Leigh vd., 2003
Ayçiçeği	<i>SURE</i>	5’AGAGGGGAATGTGGGGGTTTCC 3’	Vukich vd., 2009
Buğday	<i>Wis LTR2</i>	5’ TAATTTCTGCAACGTTCCCAACA 3’	Nasri vd., 2013
	<i>Daniela LTR1</i>	5’ TACCCCTACTTTAGTACACCGACA 3’	
	<i>Daniela LTR2</i>	5’ TACGCATCCGTGCGGCCCGAAC 3’	
	<i>Fatima LTR</i>	5’CGAACCTGGGTAAAACCTTCGTGTC 3’	
Mısır	<i>Tekay</i>	5’ CCCTGGAACCGGTGTGACA 3’	Ghonaim vd., 2020
Soya Fasulyesi	<i>SIRE1</i>	5’ CAGTTATGCAAGTGGGATCAGCA 3’	Chesnay vd., 2007

Tablo 3.3. IRAP-PZR ve REMAP-PZR reaksiyon bileşenleri

PZR Bileşenleri	Miktarı (μl)	Son konsantrasyonu
10X Dream Taq Buffer	2	1X
Primer (10 μM/μl)	2	0.8 μM
Kalıp DNA (tdNA) (20 ng/μl)	2	3.2 ng/μl
Dream Taq Polimeraz	0.125	0,031 U/μl
Nükleaz İçermeyen Su	13.875	
Toplam	20	

Tablo 3.4. IRAP-PZR ve REMAP-PZR sıcaklık koşulları

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç denatürasyonu	95	5 dk	1
Denatürasyon	94	30 sn.	
Bağlanma	*50-53	45 sn.	35
Uzama	72	45 sn	
Son uzama	72	10 dk	1

*Bağlanma Sıcaklığı, *Sukkula* için 50°C, *SURE* 51°C, *Wis LTR2* 51°C, *Daniela LTR1* 50°C, *Daniela LTR2* 51°C *Fatima LTR* 51°C, *Tekay* 53°C ve *SIRE1* 51°C olarak ayarlanmıştır. REMAP (1,2, ve 3) için kullanılan sıcaklık 51°C'dir.

3.4.2. REMAP-PZR Çoğaltım İşlemleri

IRAP-PZR çoğaltım işleminde kullanılan *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonları ile sırasıyla *UBC808*, *UBC837* ve *UBC864* ISSR primerleri kullanılarak REMAP kombinasyonları oluşturulmuştur (Tablo 3.5). REMAP-PZR çoğaltımı için kullanılan reaksiyon bileşenleri Tablo 3.3'te ve reaksiyon koşulları Tablo 3.4'de verildiği gibidir.

Tablo 3.5. REMAP yönteminde kullanılan primerler

Primer Dizileri (ISSR)		Kaynak
<i>UBC835</i> (REMAP1)	(CAC) ₇ G 5' CAC CAC CAC CAC CAC CAC CAC G '3	Holasou vd., 2019
<i>UBC837</i> (REMAP2)	(CA) ₁₀ G 5' CA CA CA CA CA CA CA CA CA CA G '3	
<i>UBC864</i> (REMAP3)	(CAC) ₇ T 5' CAC CAC CAC CAC CAC CAC CAC T '3	

3.5. Agaroz Jel Elektroforezi

PZR ürünleri, %2'lik agaroz jelde (w/v) incelendi. Jel yapımı için agaroz hassas terazi kullanılarak tartıldı ve 1X TAE tamponunda mikrodalga fırın içerisinde çözdürüldü (Tablo 3.6). Çözünen jel biraz soğuduktan sonra üzerine etidyum bromür eklenerek hazırlanan jel kasetinin içerisinde dikkatli bir şekilde dökülerek taraklar yerleştirildi. PZR ürünleri ile standart DNA markırı (Thermo Scientific, SM1331) jele yüklendi ve 80 V'da 1 saat 45 dakika süresince yürütüldü.

Tablo 3.6. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan malzemeler ve içerikleri

Kullanılan Malzemeler	İçeriği
50X TAE Tampon Çözeltisi (1000 ml)	Tris Base: 242 g Glacial Asetik Asit: 57.1 g 0.5 M EDTA: 37.2 g (pH: 8.0)
10 mg/ml Etidyum Bromür (EtBr)	H ₂ O (1000 ml olacak şekilde) 1 ml dH ₂ O içerisinde çözünmüş 10 mg EtBr 10 mM Tris
6X Yükleme Boyası (Thermo Scientific™ DNA Gel Loading Dye 6X)	%0.03 Bromfenol Mavisi %0.03 Ksilensiyanol FF %60 Gliserol 100 mM EDTA (pH 8.0) %1 SDS

3.6. İstatistiksel Analizler

Moleküler verilerin istatistiksel analizleri için yatay agaroz jel elektroforez yöntemi ile ayrımlanan PZR ürünleri bilgisayar ortamına aktarıldı. Image Lab programı kullanılarak jellerde oluşan bant profilleri görüntülendi. Artlı ve Karayaka kuzularının süttten kesiminden sonra 30. ve 60. günde alınan örneklerindeki retrotranspozon hareketliliğine bağlı oluşan polimorfizm, IRAP-PZR ve REMAP-PZR sonucunda oluşan bant profilleri incelenerek belirlendi. Monomorfik (kullanılan hayvan genotiplerinde ortak olan) ve polimorfik (kullanılan hayvan genotiplerinde ortak olmayan) bantlar belirlendi. İkili veri matrisi (Binary data matrix) oluşturmak için belirgin bir şekilde var olan bantlar (1) ve belirgin bir şekilde bulunmayan bantlar (0) değerlendirilerek kaydedildi. Elde edilen veriler, Jaccard Benzerlik Katsayısı formülü kullanılarak örnekler arasındaki polimorfizm (%) değerleri hesaplandı (Jaccard, 1908).

- J (Jaccard Benzerlik Katsayısı) = $M_{AB}/(M_A+M_B+M_{AB})$
- M_A : A bireyinde olan, B bireyinde olmayan bant sayısı
- M_B : A bireyinde olmayan, B bireyinde olan bant sayısı
- M_{AB} : A ve B bireyinde olan bant sayısı M_{AB} : A ve B bireyinde olan bant sayısı

Bu tez çalışmasında besi dönemi başlangıcı ile besi dönemi sonu arası ilişkinin belirlenmesi için GenAlex 6.5 (Peakall ve Smouse, 2006) ve SPSS.20.0 paket programları kullanıldı. Mevcut veriler her programın kullanımı için uygun olan formata uygun bir şekilde girilmiştir.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

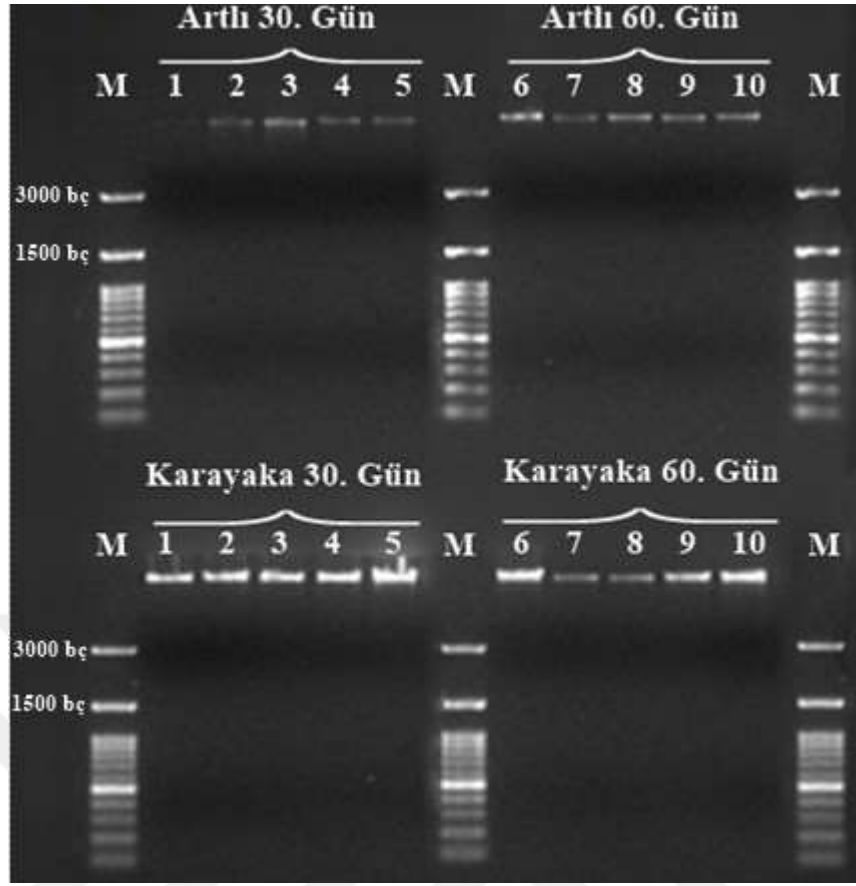
Bu tez çalışmasında IRAP ve REMAP moleküler markır yöntemleri kullanılarak elde edilen bant profilleri incelenerek, örnekler arasındaki polimorfizm oranları belirlendi. Örnekler aşağıda gösterildiği gibi sembolize edildi.

Tablo 4.1. Artlı ve Karayaka Kuzularına ait örneklerin sembolize açıklamaları

Semboller	Örnekler
A1	Artlı 1 30. gün
A2	Artlı 2 30. gün
A3	Artlı 3 30. gün
A4	Artlı 4 30. gün
A5	Artlı 5 30. gün
A6	Artlı 1 60. gün
A7	Artlı 2 60. gün
A8	Artlı 3 60. gün
A9	Artlı 4 60. gün
A10	Artlı 5 60. gün
K1	Karayaka 1 30. gün
K2	Karayaka 2 30. gün
K3	Karayaka 3 30. gün
K4	Karayaka 4 30. gün
K5	Karayaka 5 30. gün
K6	Karayaka 1 60. gün
K7	Karayaka 2 60. gün
K8	Karayaka 3 60. gün
K9	Karayaka 4 60. gün
K10	Karayaka 5 60. gün

4.1. Genomik DNA İzolasyonu

Genomik DNA'lar izole edildikten sonra spektrofotometre yardımıyla miktar ve saflık değerleri ölçüldü. Örneklerin IRAP-PZR ve REMAP-PZR işlemlerinde kullanılabilecek kalite ve saflıkta olduğu görüldü. Örneklerle ait gDNA'lar, agaroz jelde görüntülenerek kalitatif analizleri yapıldı.



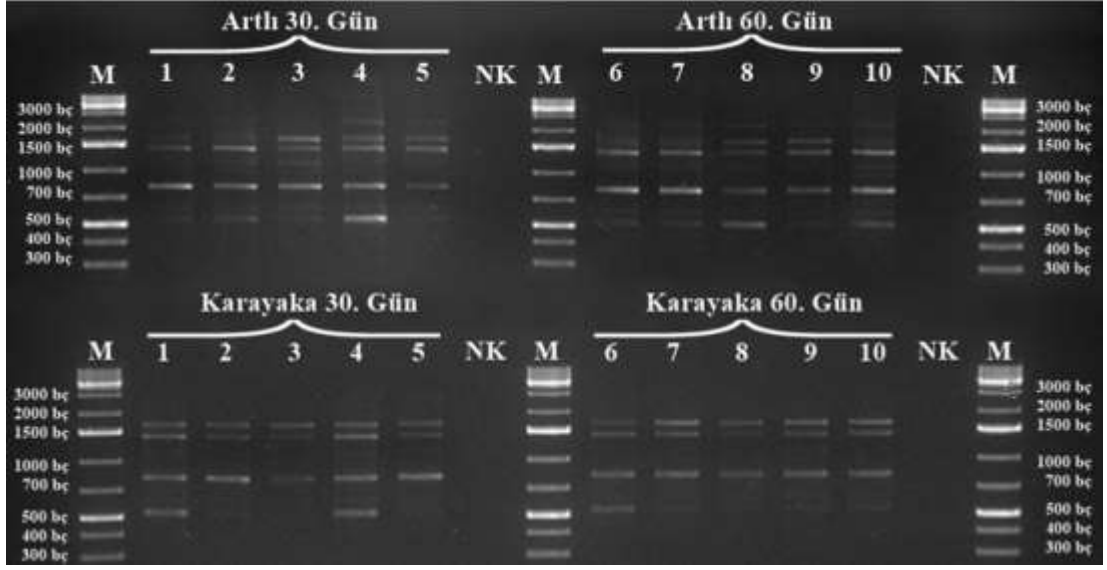
Şekil 4.1. Genomik DNA'lara ait agaroz jel görüntüsü (M: markır)

4.2. IRAP-PZR Sonuçları

Sütten kesimden sonraki 30. ve 60. gün olmak üzere iki farklı genotipe ait 5 biyolojik tekrarlar gerçekleştirilen IRAP-PZR'de, farklı bitkilere ait retrotranspozonlar araştırıldı. Elde edilen jel görüntülerinde belirgin bantlar değerlendirilerek örnekler arasındaki polimorfizm oranları hesaplandı.

4.2.1. *Daniela LTR1* Retrotranspozonu

Buğday bitkisinde *Daniela LTR1* retrotranspozonu hareketliliğini belirlemek amacıyla yapılan. IRAP-PZR sonucunda, örneklerin 750 ile 3000 bp aralığında bir bant profili sergilediği görüldü. 177'si polimorfik 63'ü monomorfik olmak üzere toplamda 240 bant belirlendi (Şekil 4.2). Toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranının %73,75 olduğu gözlemlendi.



Şekil 4.2. *Daniela* LTR1 retrotranspozonu IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Her iki ırk da analiz edildiğinde *Daniela* LTR1 primerine ait polimorfizm oranının %0-86 arasında olduğu belirlendi. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında polimorfizm yüzdelerinin; 30. gün grubu için %25-75, 60. gün grubu için %0-80 olduğu gözlemlendi. Ayrıca gruplar kendi aralarında karşılaştırıldığında, %20-80 arasındaki polimorfizm oranları belirlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubu için %50-83 ve 60. gün grubu için %0-80 aralığındaki oranlar görüldü. Bununla birlikte, 30. ve 60. gün Karayaka grupları kendi aralarında karşılaştırıldığında, polimorfizmin %0-83 arasında olduğu belirlendi (Tablo 4.2.).

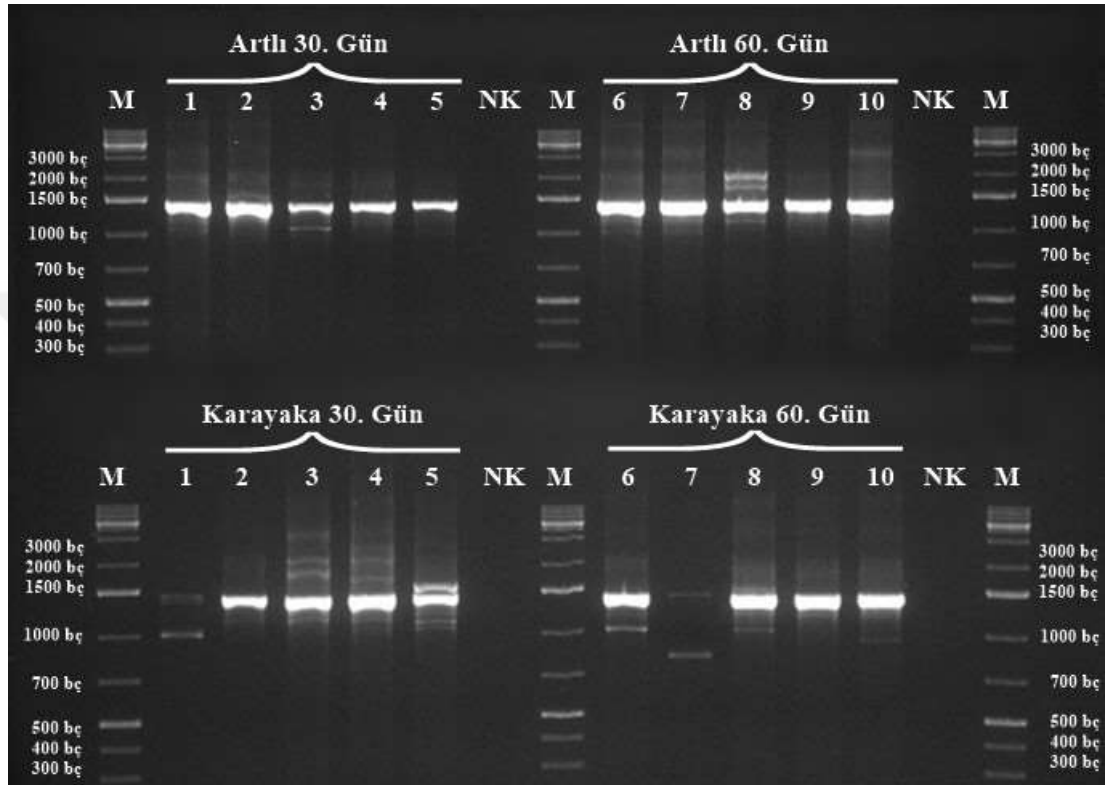
Artlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında %0-86, 60. gün grupları karşılaştırıldığında ise %60-86 olmak üzere farklı dağılım gösteren polimorfizm oranları gözlemlendi. Genotipler karşılaştırıldığında, Karayaka ırkının polimorfizm oranının yüksek olduğu sonucuna varıldı.

Tablo 4.2. *Daniela LTR1* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

Daniela LTR1		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	60	-																	
		A3	25	50	-																
		A4	50	33	33	-															
		A5	75	67	67	50	-														
	60. Gün	A6	20	67	40	60	80	-													
		A7	20	67	40	60	80	0	-												
		A8	40	60	60	50	75	50	50	-											
		A9	50	75	75	67	50	60	60	50	-										
		A10	80	75	75	67	50	60	60	80	67	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	50	75	33	67	50	60	60	80	67	67	-								
		K2	75	67	67	50	0	80	80	75	50	50	50	-							
		K3	71	67	67	60	80	75	75	71	83	83	83	80	-						
		K4	50	67	67	60	80	57	57	50	60	83	83	80	57	-					
		K5	71	67	86	83	80	75	75	71	60	83	83	80	57	57	-				
	60. Gün	K6	50	75	33	67	50	60	60	80	67	67	0	50	83	83	83	-			
		K7	80	75	75	67	50	83	83	80	67	67	67	50	83	83	83	67	-		
		K8	67	83	60	80	75	71	71	86	80	80	50	75	50	71	50	50	80	-	
		K9	80	75	75	67	50	83	83	80	67	67	67	50	60	83	60	67	67	50	-
		K10	67	83	60	80	75	71	71	86	80	80	50	75	50	71	50	50	80	0	50

4.2.2. Daniela LTR2 Retrotranspozonu

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR2* retrotranspozonuna ait bant profilleri analiz edildiğinde, bantların 500 ile 2000 bp aralığında dağılım gösterdiği belirlendi. 103'ü polimorfik 97'si monomorfik olmak üzere toplamda 200 bant saptandı (Şekil 4.3). Toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranı %51,5 olarak hesaplandı.



Şekil 4.3. *Daniela LTR2* retrotranspozonu IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

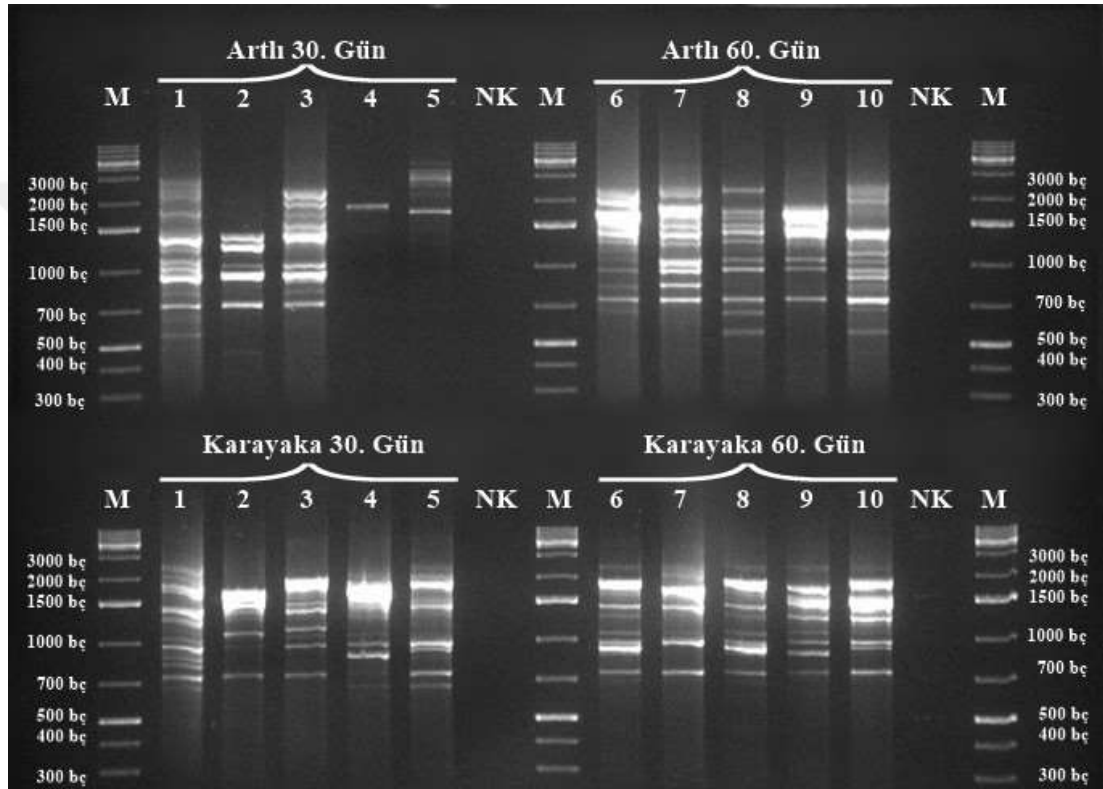
Tüm örneklerde *Daniela LTR2* primerine ait polimorfizm oranının %0-89 arasında olduğu belirlendi. Artlı ırkının polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %14-50, 60. gün grubu için %0-43 olarak hesaplandı. Her iki grup karşılaştırıldığında ise bu oranın %14-63 arasında olduğu gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubunda polimorfizmin %0-25 arasında değiştiği belirlendi. Karayaka 60. gün grubunda ise herhangi bir polimorfizm görülmedi ve gruplar arasında da %0-25 oranlarında polimorfizm olduğu belirlendi. Artlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında %71-89 ve 60. Gün grupları karşılaştırıldığında ise %71-78 olarak farklı polimorfizm oranları belirlendi (Tablo 4.3).

Tablo 4.3. *Daniela LTR2* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

<i>Daniela LTR2</i>		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	29	-																	
		A3	17	14	-																
		A4	17	38	29	-															
		A5	33	50	43	17	-														
	60. Gün	A6	29	25	14	14	29	-													
		A7	29	25	14	14	29	0	-												
		A8	33	50	43	17	0	29	29	-											
		A9	50	63	57	33	20	43	43	20	-										
		A10	29	25	14	14	29	0	0	29	43	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	-								
		K2	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	-							
		K3	86	89	88	88	86	89	89	86	83	89	25	25	-						
		K4	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	-					
		K5	86	89	88	88	86	89	89	86	83	89	25	25	0	25	-				
	60. Gün	K6	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	0	25	-			
		K7	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	0	25	0	-		
		K8	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	0	25	0	0	-	
		K9	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	0	25	0	0	0	-
		K10	71	78	75	75	71	78	78	71	67	78	0	0	25	0	25	0	0	0	-

4.2.3. *Fatima LTR* Retrotranspozonu

Buğday bitkisine özgü diğer bir retrotranspozon olan *Fatima LTR* dizisi de bu tez kapsamında çalışıldı. IRAP-PZR sonucunda örneklerin 600 ile 2500 bç aralığında bir bant profili gösterdiği belirlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 236'sı polimorfik 144'ü monomorfik olmak üzere toplamda 380 bant sayıldı (Şekil 4.4). Toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranı, %62,10 olarak hesaplandı.



Şekil 4.4. *Fatima LTR* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

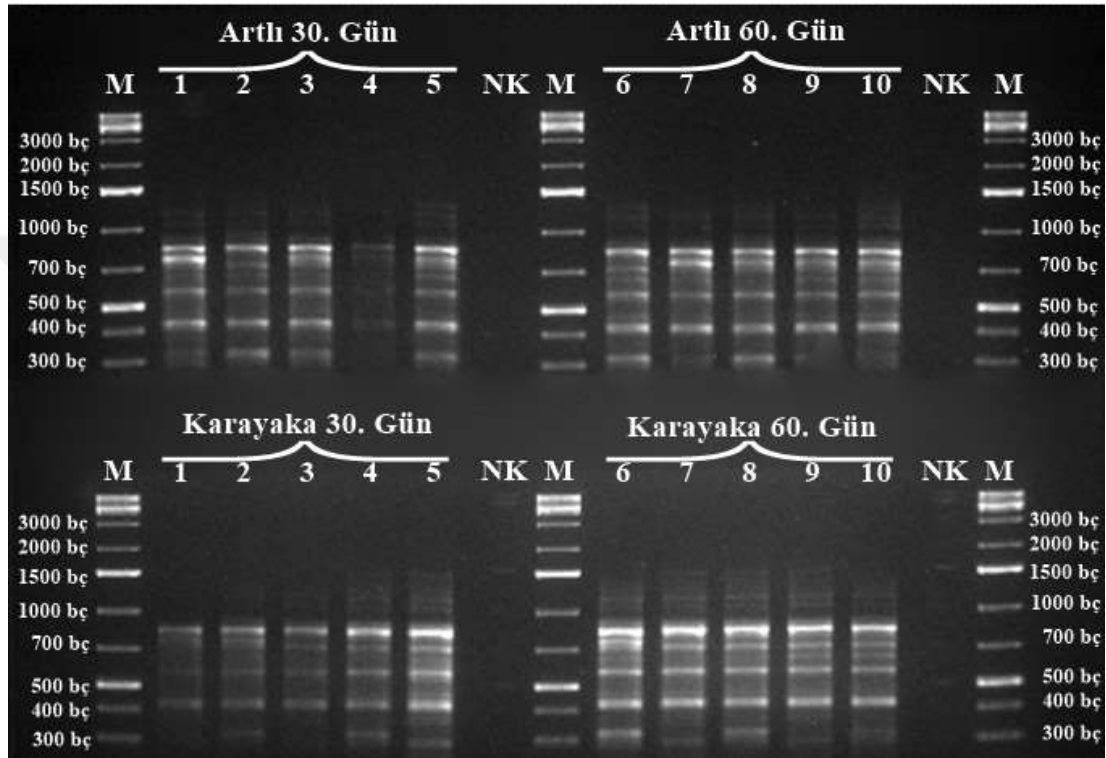
Fatima LTR primerine ait polimorfizm oranının örneklerin tamamında %0-100 arasında olacak şekilde dağılım gösterdiği belirlendi. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranı, 30. gün grubu için %42-100 ve 60. gün grubu için %27-64'tür. Gruplar karşılaştırıldığında polimorfizmin %33-100 arasında olduğu gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizmin 30. gün grubu için %38-80 ve 60. gün grubu için %0-44 olduğu belirlendi. Karayaka kuzularına ait gruplar karşılaştırıldığında %33-80 oranında polimorfizm görüldü. Artlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında %63-100, 60. gün grupları karşılaştırıldığında ise %40-80 olacak şekilde polimorfizm oranları olduğu gözlemlendi. Artlı ırkının Karayaka ırkına kıyasla daha yüksek polimorfizm oranına sahip olduğu sonucuna varıldı (Tablo 4.4).

Tablo 4.4. *Fatima LTR* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

Fatima LTR		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	1A0	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	50	-																	
		A3	42	60	-																
		A4	100	100	89	-															
		A5	82	100	80	100	-														
	60. Gün	A6	50	55	46	100	83	-													
		A7	50	38	45	100	90	27	-												
		A8	54	44	62	100	91	33	30	-											
		A9	64	33	44	100	100	55	38	44	-										
		A10	33	64	54	100	82	38	50	54	64	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	65	71	63	100	93	50	50	53	62	56	-								
		K2	92	88	100	100	100	85	91	82	100	100	79	-							
		K3	93	89	83	100	100	77	82	73	75	93	62	50	-						
		K4	86	90	75	100	100	79	73	85	78	86	54	75	43	-					
		K5	80	70	79	100	90	64	67	58	70	71	38	80	70	73	-				
	60. Gün	K6	71	70	69	100	90	54	55	45	56	62	38	80	56	73	40	-			
		K7	87	91	86	100	89	71	75	67	80	79	46	78	50	70	50	33	-		
		K8	79	80	77	100	89	62	64	55	67	69	46	78	50	70	50	13	25	-	
		K9	71	70	69	100	90	54	55	45	56	62	38	80	56	73	40	0	33	13	-
		K10	79	67	67	100	89	50	50	40	50	69	46	78	50	70	33	13	44	25	13

4.2.4. *SIRE1* Retrotranspozonu

Soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonu hareketliliğine bakıldığında örneklerin 300 ile 1300 bç aralığında bir bant profili sergilediği gözlemlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 88'i polimorfik 152'si monomorfik olmak üzere toplamda 240 bant sayıldı ve toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranının %36.66 olduğu belirlendi (Şekil 4.5).



Şekil 4.5. *SIRE1* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

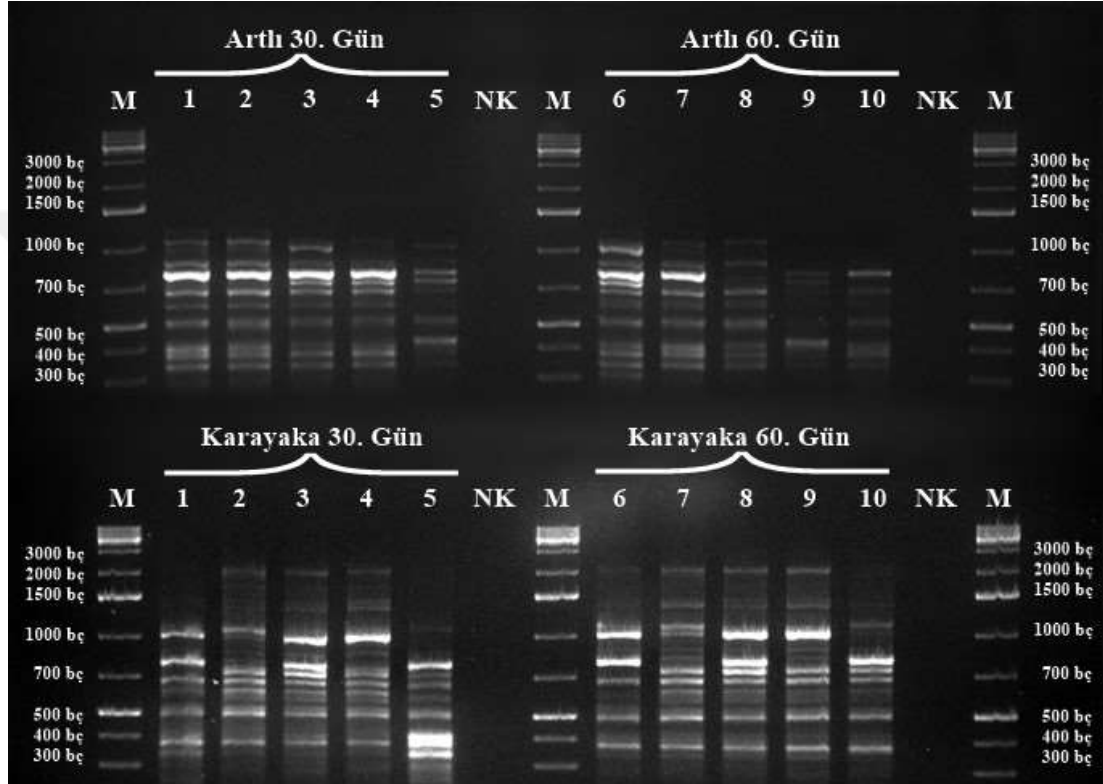
SIRE1 primerine ait polimorfizm oranının %0-64 arasında olduğu hesaplandı (Tablo 4.5). Arth kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında, 30. gün grubu için %27-60 ve 60. gün grubu için %0-20 oranlarında polimorfizm saptandı. Gruplar karşılaştırıldığında ise %0-64 oranında polimorfizm belirlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubu için %0-50 ve 60. gün grubu için %0-13 olmak üzere farklı oranlarda polimorfizm gözlemlendi. İki grup aralarında karşılaştırıldığında ise bu oranın %0-50 arasında olduğu belirlendi. Arth kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %0-60 ve 60. gün grupları karşılaştırıldığında bu oranın %36-55 olduğu gözlemlendi (Tablo 4.5).

Tablo 4.5. *SIRE1* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

SIRE1		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	30	-																	
		A3	40	14	-																
		A4	60	43	33	-															
		A5	27	40	50	56	-														
	60. Gün	A6	10	22	33	56	20	-													
		A7	0	30	40	60	27	10	-												
		A8	10	40	33	56	36	20	10	-											
		A9	0	30	40	60	27	10	0	10	-										
		A10	9	36	45	64	18	18	9	18	9	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	50	50	43	20	60	60	50	44	50	55	-								
		K2	50	50	43	20	60	60	50	44	50	55	0	-							
		K3	60	43	33	0	56	56	60	56	60	64	20	20	-						
		K4	45	60	56	43	55	55	45	40	45	50	29	29	43	-					
		K5	36	33	44	50	45	45	36	45	36	42	38	38	50	33	-				
	60. Gün	K6	36	50	60	50	45	45	36	45	36	42	38	38	50	13	22	-			
		K7	45	60	56	43	55	55	45	40	45	50	29	29	43	0	33	13	-		
		K8	45	60	56	43	55	55	45	40	45	50	29	29	43	0	33	13	0	-	
		K9	36	50	60	50	45	45	36	45	36	42	38	38	50	13	22	0	13	13	-
		K10	36	50	60	50	45	45	36	45	36	42	38	38	50	13	22	0	13	13	0

4.2.5. *Sukkula* Retrotranspozonu

Arpa bitkisine özgü *Sukkula* retrotranspozonu analiz edildiğinde Arthlı ve Karayaka kuzularına ait örneklerin 350 ile 2000 bç aralığında bir bant profili gösterdiği belirlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 186'sı polimorfik 174'ü monomorfik olmak üzere toplamda 360 bandın bulunduğu görüldü (Şekil 4.6). Toplam bant sayısına bakıldığında polimorfik bant oranı %51.66 olarak hesaplandı.



Şekil 4.6. *Sukkula* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

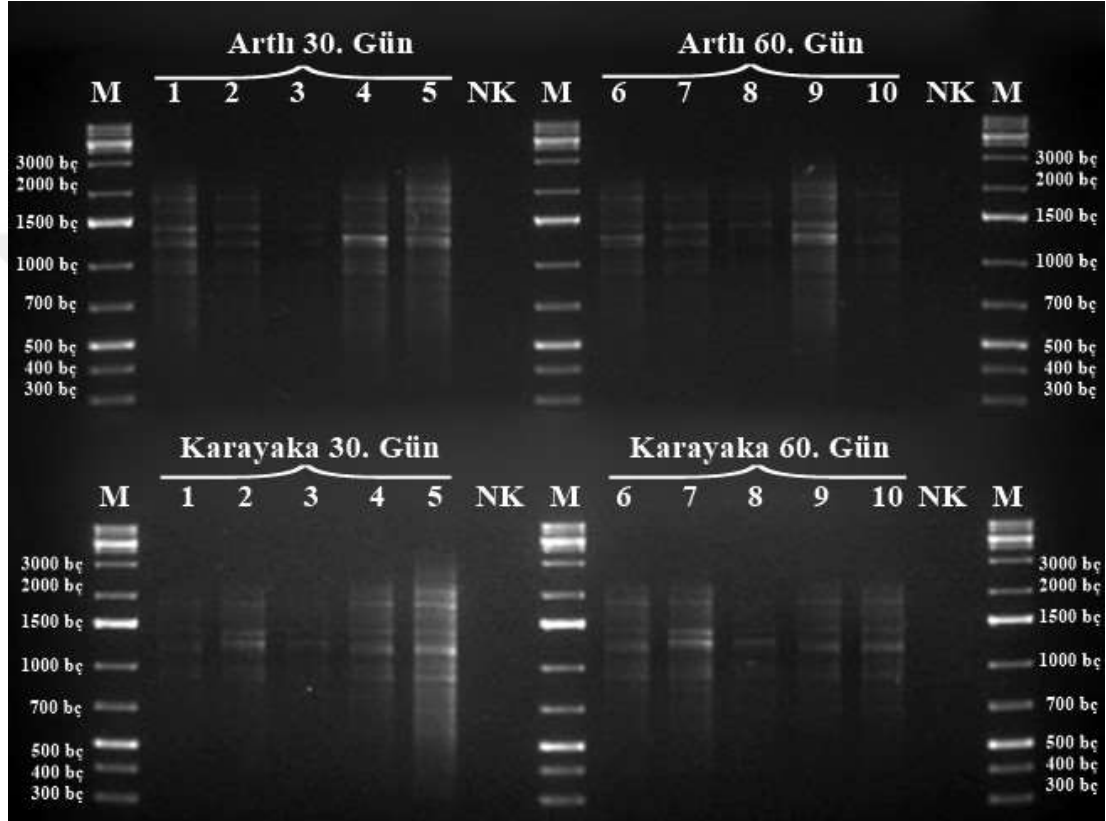
Sukkula primerine ait polimorfizm oranı %0-94 olarak belirlendi (Tablo 4.6). Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranlarının, 30. gün grubu için %0-55 ve 60. gün grubu için %11-60 olduğu görüldü. Ayrıca gruplarla karşılaştırıldığında %9-64 oranları arasında polimorfizm olduğu saptandı. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubunda %9-58, 60. gün grubunda %0-64 ve gruplar arasında da %9-55 oranlarında polimorfizm olduğu belirlendi. Arthlı kuzularının ile Karayaka kuzularının grupları karşılaştırıldığında, polimorfizm oranlarının 30 gün için %50-94 ve 60 gün için %58-94 olduğu gözlemlendi (Tablo 4.6).

Tablo 4.6. *Sukkula* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

Sukkula		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	27	27	-																
		A4	27	27	0	-															
		A5	55	55	45	45	-														
	60. Gün	A6	33	33	9	9	36	-													
		A7	20	20	42	42	55	33	-												
		A8	30	30	50	50	64	42	11	-											
		A9	64	64	55	55	14	45	50	60	-										
		A10	44	44	50	50	50	55	44	56	43	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	67	67	58	58	83	62	77	75	92	80	-								
		K2	69	69	62	62	93	64	69	67	92	82	50	-							
		K3	75	75	69	69	94	71	75	73	94	86	50	27	-						
		K4	73	73	67	67	94	69	73	71	93	85	58	20	9	-					
		K5	58	58	50	50	85	54	69	67	92	82	13	40	42	50	-				
	60. Gün	K6	85	85	77	77	92	79	85	83	91	78	38	44	45	55	44	-			
		K7	67	67	69	69	94	71	67	64	94	86	50	27	17	25	42	45	-		
		K8	73	73	67	67	94	69	73	71	93	85	45	20	9	18	36	40	9	-	
		K9	73	73	67	67	94	69	73	71	93	85	45	20	9	18	36	40	9	0	-
		K10	62	62	73	73	93	75	62	58	93	83	55	45	33	42	45	64	18	27	27

4.2.6. SURE Retrotranspozonu

Ayçiçeği bitkisine özgü *SURE* retrotranspozonuna ait bant profilleri incelendiğinde bantların, 900 ile 2100 bp aralığında değiştiği belirlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 29'u polimorfik 91'i monomorfik olmak üzere toplamda 120 bant sayıldı ve polimorfik bant oranının %24,16 olduğu görüldü (Şekil 4.7).



Şekil 4.7. *SURE* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

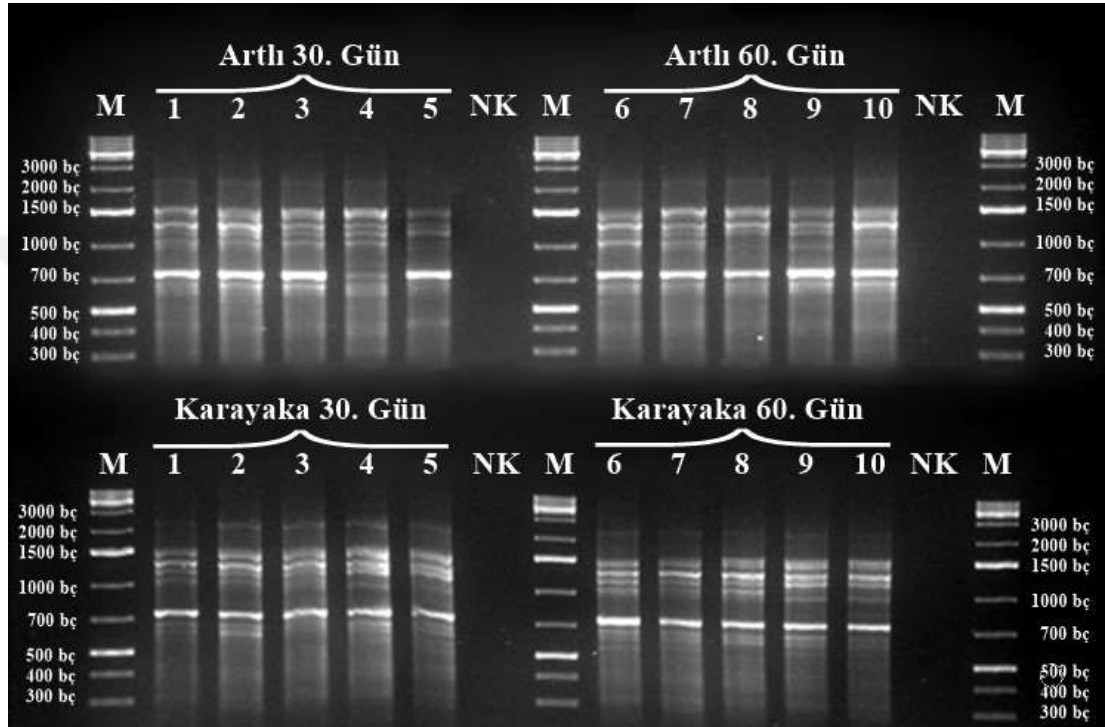
SURE retrotranspozonuna ait polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu hesaplandı. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında bu oranlar, 30. gün grubu için %0-100 ve 60. gün grubu için %0-80'dir. Gruplar karşılaştırıldığında da %0-100 arasında polimorfizm oranları gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubunda %0-83, 60. gün grubunda %0-20 ve her iki grup karşılaştırıldığında da %0-80 oranları belirlendi. Artlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %0-100 ve 60. gün grupları karşılaştırıldığında ise polimorfizmin %0-80 olduğu gözlemlendi (Tablo 4.7).

Tablo 4.7. *SURE* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

		SURE	ARTLI										KARAYAKA									
			30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
			A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	17	-																		
		A3	100	100	-																	
		A4	0	17	100	-																
		A5	0	17	100	0	-															
	60. Gün	A6	0	17	100	0	0	-														
		A7	17	0	100	17	17	17	-													
		A8	67	60	100	67	67	67	60	-												
		A9	0	17	100	0	0	0	17	67	-											
		A10	33	20	100	33	33	33	20	80	33	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	33	20	100	33	33	33	20	50	33	40	-									
		K2	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	-								
		K3	83	80	100	83	83	83	80	50	83	100	75	80	-							
		K4	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	0	80	-						
		K5	0	17	100	0	0	0	17	67	0	33	33	17	83	17	-					
	60. Gün	K6	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	0	80	0	17	-				
		K7	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	0	80	0	17	0	-			
		K8	33	20	100	33	33	33	20	80	33	40	40	20	75	20	33	20	20	-		
		K9	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	0	80	0	17	0	0	20	-	
		K10	17	0	100	17	17	17	0	60	17	20	20	0	80	0	17	0	0	20	0	-

4.2.7. Tekay Retrotranspozonu

Mısır bitkisine özgü *Tekay* retrotranspozonu hareketliliği incelendiğinde örneklerin bant profillerinin, 300 ile 2100 bp aralığında olduğu görüldü. Görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 75'i polimorfik 165'i monomorfik olmak üzere toplamda 240 bant değerlendirildi (Şekil 4.8). Toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranının %31,25 olduğu hesaplandı.



Şekil 4.8. *Tekay* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Tekay retrotranspozonuna ait polimorfizm oranının %0-70 arasında değiştiği belirlendi. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranları, 30. gün grubu için %0-50 ve 60. gün grubu için %0-40'tır. Gruplar karşılaştırıldığında %0-50 arasında değişen polimorfizm oranları gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında 30. gün grubunda ve 30. gün ile 60. gün karşılaştırıldığında oranın %0-25 olduğu görüldü. 60. gün örneklerinde ise herhangi bir polimorfizm tespit edilmedi (Tablo 4.8).

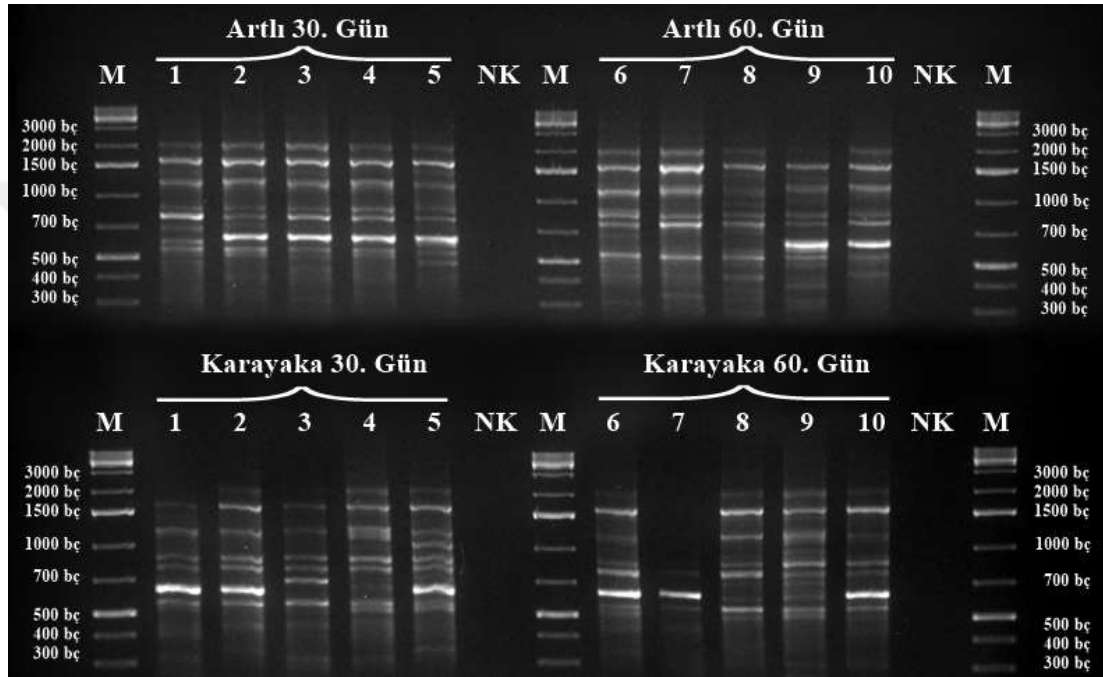
Artlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %50-70 ve 60. Gün karşılaştırıldığında ise bu oranın %45-60 olacak şekilde değiştiği gözlemlendi. *Tekay* retrotranspozonu için 30 günlük ve 60 günlük grupta Artlı ırkının polimorfizm oranının Karayaka ırkına kıyasla daha yüksek olduğu belirlendi.

Tablo 4.8. *Tekay* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

	<i>Tekay</i>	ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	0	0	-																
		A4	0	0	0	-															
		A5	50	50	50	50	-														
	60. Gün	A6	0	0	0	0	50	-													
		A7	10	10	10	10	44	10	-												
		A8	40	40	40	40	17	40	33	-											
		A9	20	20	20	20	38	20	11	25	-										
		A10	10	10	10	10	44	10	0	33	11	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	-								
		K2	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	-							
		K3	55	55	55	55	63	55	50	50	60	50	25	25	-						
		K4	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	-					
		K5	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	-				
	60. Gün	K6	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	0	-			
		K7	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	0	0	-		
		K8	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	0	0	0	-	
		K9	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	0	0	0	0	-
		K10	50	50	50	50	70	50	45	60	55	45	0	0	25	0	0	0	0	0	-

4.2.8. *Wis LTR2* Retrotranspozonu

Artlı ve Karayaka kuzularında sütten kesimden sonraki 30. ve 60. günlerinde alınmış olan örneklerinde buğday bitkisine özgü *Wis LTR2* retrotranspozonu da belirlendi. Bant profilleri analiz edildiğinde bantların, 400 ile 2000 bç aralığında değiştiği görüldü. Agaroz jel üzerinde incelendiğinde 108'i polimorfik 152'si monomorfik olmak üzere toplamda 260 bant sayıldı ve polimorfik bant oranının %41,53 olduğu belirlendi.



Şekil 4.9. *Wis LTR2* retrotranspozonuna IRAP-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Wis LTR2 primerine ait polimorfizm oranı %0-90 olarak hesaplandı. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubunda %0-22, 60. gün grubunda %13-44 ve gruplar arasında %0-33'tür. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise bu oranların 30. gün grubu için %10-55 ve 60. gün grubu için %0-63 olduğu gözlemlendi. 30 gün ile 60. gün örnekler karşılaştırıldığında ise %27-80 arasında değişen oranlarda polimorfizm hesaplandı. Artlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %50-75 ve 60. gün grupları karşılaştırıldığında ise %40-90 olduğu saptandı (Tablo 4.9). *Wis LTR2* retrotranspozonu için 30 günlük ve 60 günlük grupta Karayaka ırkının polimorfizm oranının daha yüksek olduğu belirlendi.

Tablo 4.9. *Wis LTR2* retrotranspozonu polimorfizm oranları (%)

Wis LTR2		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	11	-																	
		A3	22	11	-																
		A4	22	11	0	-															
		A5	22	11	0	0	-														
	60. Gün	A6	13	22	33	33	33	-													
		A7	25	33	25	25	25	14	-												
		A8	33	22	13	13	13	25	14	-											
		A9	33	22	13	13	13	44	38	25	-										
		A10	22	11	0	0	0	33	25	13	13	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	75	67	64	64	64	83	82	73	60	64	-								
		K2	67	58	55	55	55	75	73	64	64	55	13	-							
		K3	73	64	73	73	73	70	80	70	70	73	38	44	-						
		K4	69	62	58	58	58	67	64	55	67	58	40	30	50	-					
		K5	62	54	50	50	50	69	67	58	58	50	30	20	55	10	-				
	60. Gün	K6	58	50	58	58	58	67	75	67	67	58	40	30	50	36	27	-			
		K7	70	60	70	70	70	80	90	80	67	70	67	70	63	73	64	44	-		
		K8	40	30	40	40	40	50	60	50	50	40	64	55	73	58	50	30	56	-	
		K9	40	30	40	40	40	50	60	50	50	40	64	55	73	58	50	30	56	0	-
		K10	60	50	60	60	60	70	80	70	70	60	70	60	80	75	67	50	63	25	25

4.3. REMAP-PZR Sonuçları

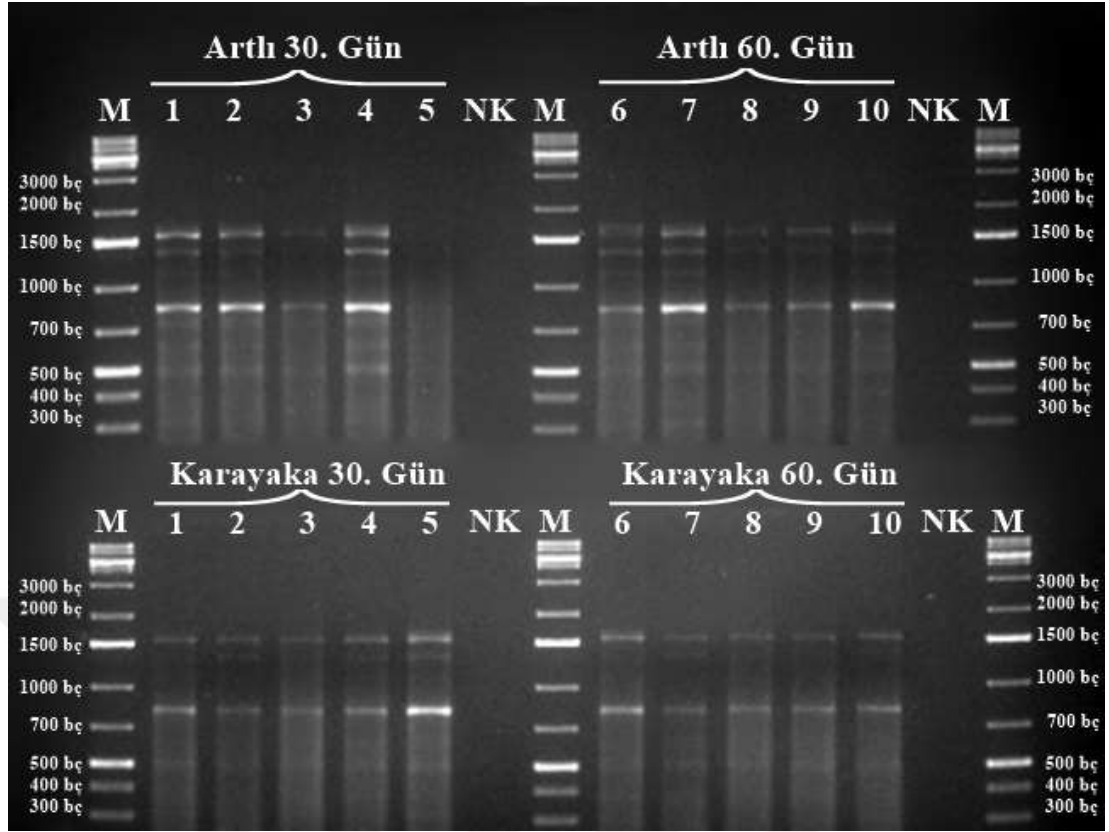
IRAP yönteminin yanı sıra REMAP markır metodu ile de analizler gerçekleştirildi. Bu amaçla, üç farklı ISSR primeri ile IRAP yönteminde kullanılan retrotranspozonlar kullanıldı. Primer dizileri ve kullanım kombinasyonları, Tablo 3.5'te verildi.

4.3.1. UBC808 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP1)

4.3.1.1. Daniela LTR1 – UBC808

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR1* ile *UBC808* ISSR primerleri kullanılarak yapılan REMAP1-PZR sonucunda 500 ile 1600 bp aralığında bir bant profili görüldü (Şekil 4.10). Bantlar analiz edildiğinde 93'ü polimorfik 67'si monomorfik olmak üzere toplamda 160 bant sayıldı ve polimorfik bant oranının %58,13 olduğu belirlendi.

Daniela LTR1-UBC808 polimorfizm oranının %0-100 arasında değiştiği gözlemlendi. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında 30. gün grubu için %0-100 ve 60. gün grubu için %0-50 polimorfizm oranları saptandı. Gruplar karşılaştırıldığında ise polimorfizmin %14-100 olduğu görüldü. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarının ise 30. günde 60. günde ve 30. gün ile 60. gün karşılaştırılmasında aynı olduğu (%0-33) saptandı. Artlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %75-100, 60. gün karşılaştırılmasında ise bu oranın %50-86 olduğu belirlendi (Tablo 4.10). Irklar arasında *Daniela LTR1* IRAP sonuçları (30. gün için %0-86 ve 60. gün için %60-86) ile REMAP1 markır yöntemi karşılaştırıldığında (30. Gün için %75-100 ve 60. Gün için %50-86) sonuçların büyük bir farklılık göstermediği görüldü.



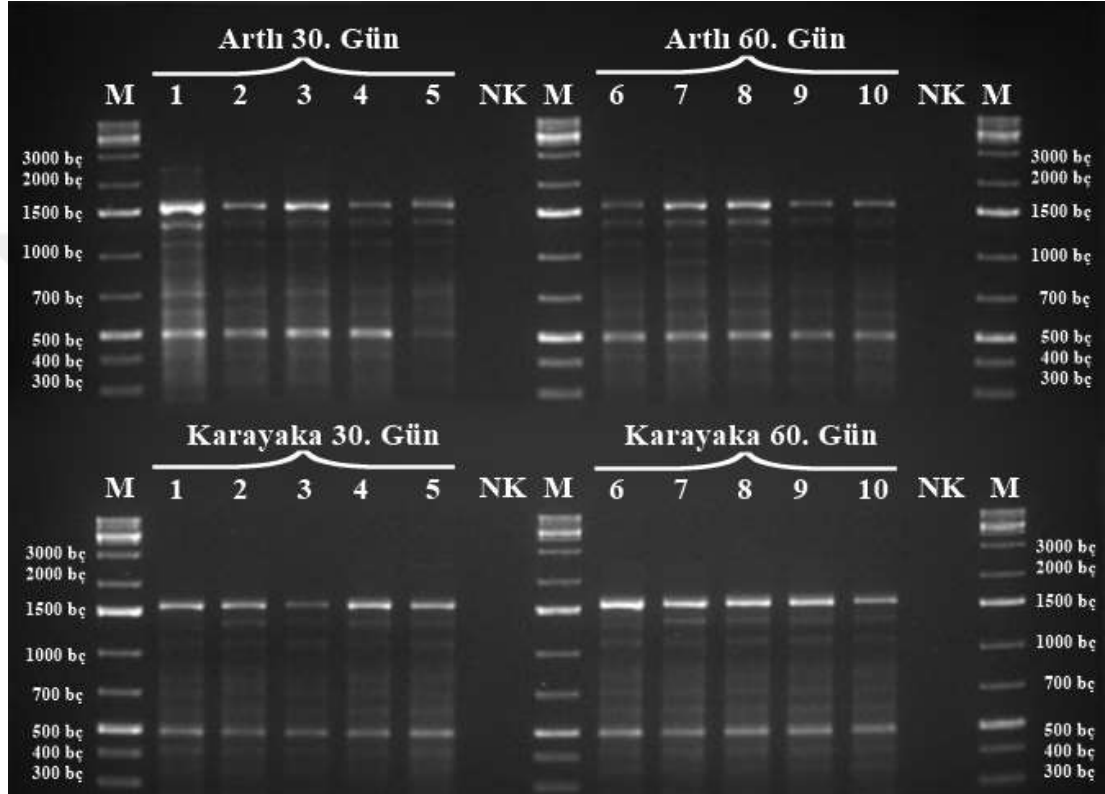
Şekil 4.10. *Daniela LTR1* - *UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Tablo 4.10. *Daniela LTR1 - UBC808* polimorfizm oranları (%)

		ARTLI										KARAYAKA									
<i>Daniela LTR1</i> <i>UBC808</i>		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	57	57	-																
		A4	0	0	57	-															
		A5	100	100	100	100	-														
	60. Gün	A6	43	43	60	43	100	-													
		A7	14	14	50	14	100	33	-												
		A8	57	57	50	57	100	25	50	-											
		A9	57	57	50	57	100	25	50	0	-										
		A10	43	43	60	43	100	0	33	25	25	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	-								
		K2	75	75	80	75	100	60	71	50	50	60	33	-							
		K3	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	-						
		K4	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	0	-					
		K5	75	75	80	75	100	60	71	50	50	60	33	0	33	33	-				
	60. Gün	K6	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	0	0	33	-			
		K7	75	75	80	75	100	60	71	50	50	60	33	0	33	33	0	33	-		
		K8	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	0	0	33	0	33	-	
		K9	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	0	0	33	0	33	0	-
		K10	88	88	75	88	100	80	86	75	75	80	0	33	0	0	33	0	33	0	-

4.3.1.2. *SIRE1* – *UBC808*

Soya fasulyesine özgü *SIRE1* ve *UBC808* primerleri ile yapılan REMAP1-PZR sonucunda, 350 ile 2100 bç aralığında dağılan bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 137'si polimorfik 163'ü monomorfik olmak üzere toplamda 300 bandın bulunduğu belirlendi (Şekil 4.11). Toplam bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranının %45.66 olduğu hesaplandı.



Şekil 4.11. *SIRE1* - *UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

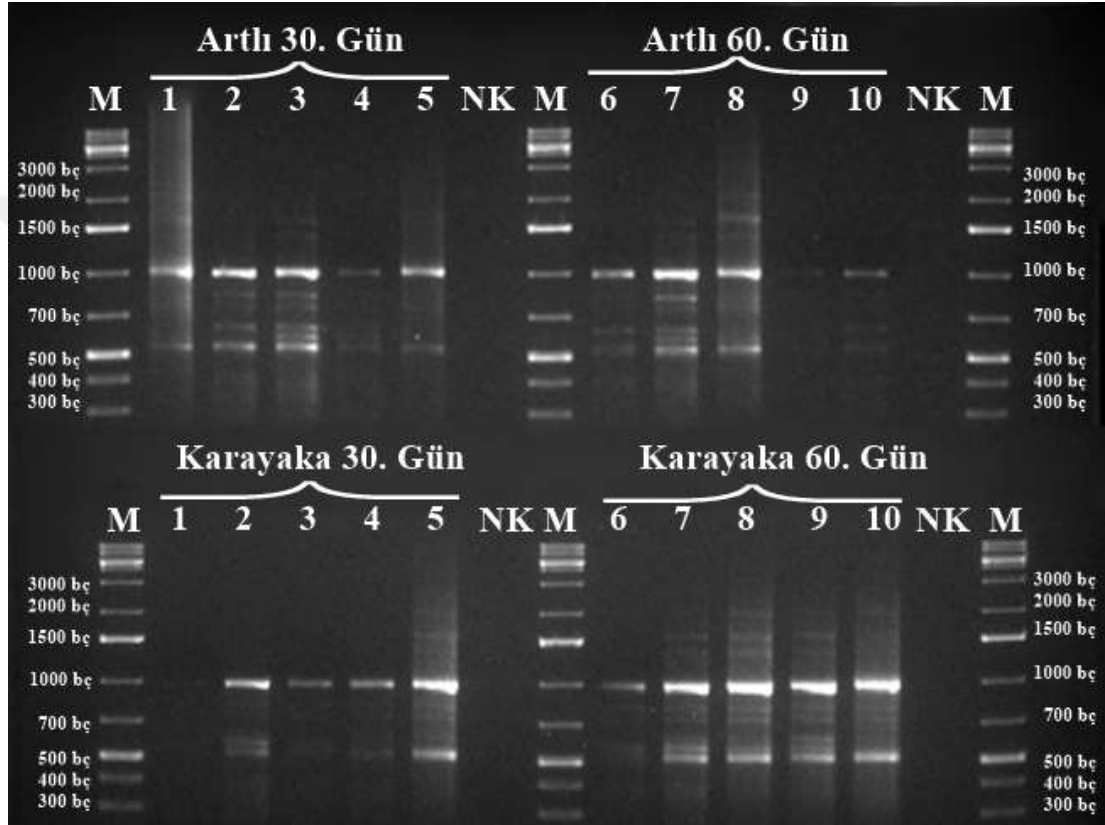
SIRE1-UBC808 polimorfizm oranının %0-75 arasında olduğu saptandı. Arthl kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında, 30. gün grubu için %0-40 ve 60. gün grubu için %0-13 oranları belirlendi. Gruplar karşılaştırıldığında ise %0-30 polimorfizm oranı tespit edildi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında örneklerde herhangi bir polimorfizm görülmedi. Arthl kuzuları ile Karayaka kuzularının incelendiğinde polimorfizm, 30. gün için %67-75, 60. gün için ise %67-69 olarak belirlendi. Polimorfizm oranı belirlenmiştir (Tablo 4.11). Irklar arasında *SIRE1* IRAP sonuçları (30. gün için %0-60 ve 60. gün için %36-55) ile REMAP1 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %67-75 ve 60. gün için %67-69), REMAP1 sonucu elde edilen polimorfizm oranlarının IRAP yöntemine kıyasla daha yüksek olduğu gözlemlendi.

Tablo 4.11. *SIRE1-UBC808* polimorfizm oranları (%)

	<i>SIRE1</i> <i>UBC808</i>	ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	30	-																	
		A3	30	0	-																
		A4	30	0	0	-															
		A5	40	14	14	14	-														
	60. Gün	A6	30	0	0	0	14	-													
		A7	20	13	13	13	25	13	-												
		A8	30	0	0	0	14	0	13	-											
		A9	30	0	0	0	14	0	13	0	-										
		A10	30	0	0	0	14	0	13	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	-								
		K2	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	-							
		K3	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	-						
		K4	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	-					
		K5	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	-				
	60. Gün	K6	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	0	-			
		K7	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	0	0	-		
		K8	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	0	0	0	-	
		K9	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	0	0	0	0	-
		K10	73	67	67	67	75	67	69	67	67	67	0	0	0	0	0	0	0	0	-

4.3.1.3. *Sukkula* – *UBC808*

Arpa bitkisine özgü *Sukkula* retrotranspozonu ile *UBC808* ISSR primeri kombine olarak yapılan REMAP1 PZR sonucunda örneklerin 500 ile 2000 bç aralığında bir bant profili sergilediği görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 80'si polimorfik 178'i monomorfik olmak üzere toplamda 260 bandın bulunduğu tespit edildi (Şekil 4.12). Toplam Bant sayısına bakılarak polimorfik bant oranı, %30.76 olarak hesaplandı.



Şekil 4.12. *Sukkula* - *UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Sukkula-UBC808 polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu belirlendi. Arth kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında polimorfizm oranları 30. gün grubunda %0-75 ve 60. gün grubunda %0-88 olarak saptandı. Gruplar karşılaştırıldığında ise %0-88 aralığında değişen bir polimorfizm gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise oranların 30. gün grubu için %50-100, 60. gün grubu için %0-88 ve 30 ile 60. gün karşılaştırmasında ise %0-100 olduğu tespit edildi. Arth kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında %50-100 ve 60. gün grupları karşılaştırıldığında ise %0-88 olmak üzere farklı polimorfizm oranları belirlendi (Tablo 4.12). *Sukkula* IRAP sonuçları (30.

gün için %50-94 ve 60. gün için %58-94) ile REMAP1 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %0-88), benzer sonuçların elde edildiği görüldü.

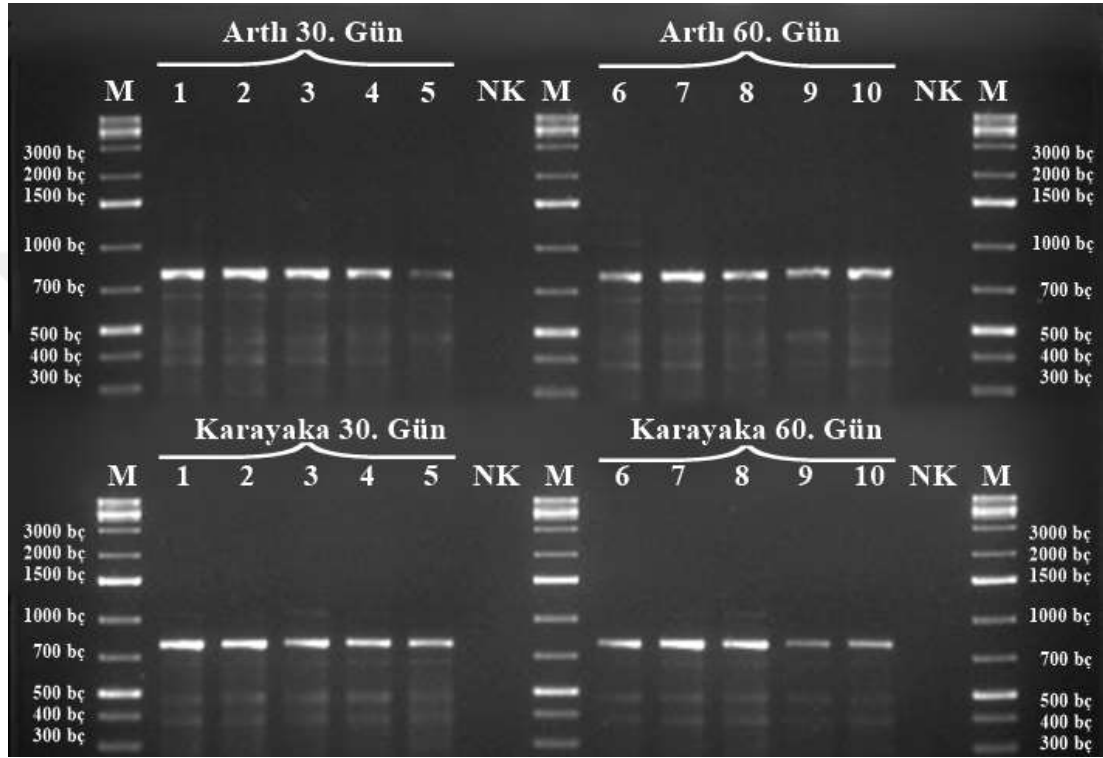


Tablo 4.12. *Sukkula* - *UBC808* polimorfizm oranları (%)

Sukkula UBC808		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	60	-																	
		A3	75	38	-																
		A4	0	60	75	-															
		A5	0	60	75	0	-														
	60. Gün	A6	33	40	63	33	33	-													
		A7	75	38	0	75	75	63	-												
		A8	67	43	25	67	67	71	25	-											
		A9	50	80	88	50	50	67	88	83	-										
		A10	33	40	63	33	33	0	63	71	67	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-									
		K2	75	67	63	75	75	50	63	88	67	50	100	-							
		K3	50	80	88	50	50	67	88	83	0	67	100	67	-						
		K4	67	83	75	67	67	75	75	86	50	75	100	33	50	-					
		K5	88	80	75	88	88	89	75	82	86	89	100	75	86	71	-				
	60. Gün	K6	50	80	88	50	50	67	88	83	0	67	100	67	0	50	86	-			
		K7	88	67	64	88	88	75	64	82	86	75	100	57	86	71	25	86	-		
		K8	89	70	67	89	89	78	67	83	88	78	100	63	88	75	13	88	13	-	
		K9	88	67	64	88	88	75	64	82	86	75	100	57	86	71	25	86	0	13	-
		K10	86	78	73	86	86	88	73	80	83	88	100	71	83	67	38	83	56	44	56

4.3.1.4. SURE – UBC808

Ayçiçeği bitkisinin özgül *SURE* retrotranspozonu ile *UBC808* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP1-PZR sonucunda 400 ile 800 bp aralığında bir bant profili görüldü. Bantlar analiz edildiğinde 29'u polimorfik 71'i monomorfik olmak üzere toplamda 100 bant değerlendirildi (Şekil 4.13). Polimorfik bant oranı %29 olarak hesaplandı.



Şekil 4.13. *SURE - UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

SURE-UBC808 polimorfizm oranının %0-60 arasında olduğu tespit edildi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında 30. gün grubu için %0-40, 60. gün grubu için %0-50 ve gruplar karşılaştırıldığında %20-60 olmak üzere farklı polimorfizm oranları gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise herhangi bir polimorfizm belirlenmedi (Tablo 4.13).

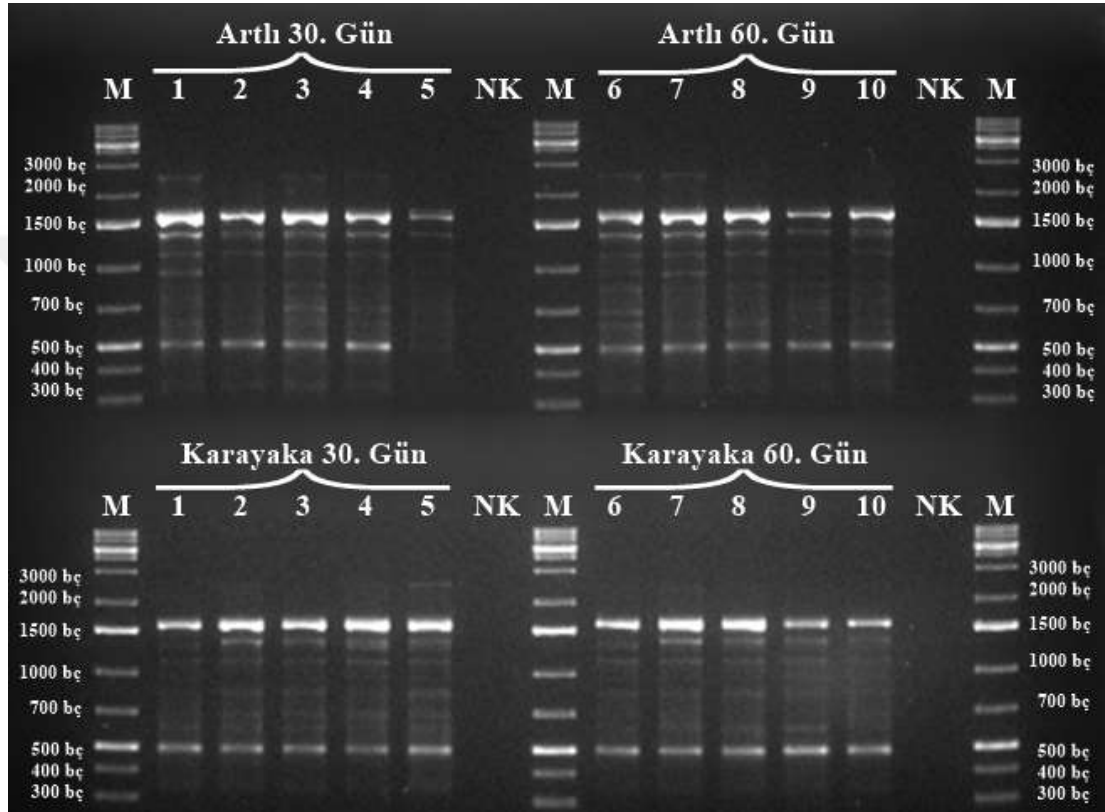
Arthlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları incelendiğinde polimorfizmin %40-50 arasında olduğu ve bu oranın 60. gün gruplarında ise %25-33 olarak değiştiği sonucuna varıldı. *SURE* IRAP sonuçları (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %0-80) ile REMAP1 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %40-50 ve 60. gün için %25-33), IRAP sonucu elde edilen polimorfizm oranlarının REMAP1 yöntemine kıyasla daha yüksek olduğu gözlemlendi.

Tablo 4.13. SURE - UBC808 polimorfizm oranları (%)

	SURE UBC808	ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	0	0	-																
		A4	0	0	0	-															
		A5	40	40	40	40	-														
	60. Gün	A6	20	20	20	20	25	-													
		A7	20	20	20	20	25	0	-												
		A8	20	20	20	20	25	0	0	-											
		A9	60	60	60	60	33	50	50	50	-										
		A10	20	20	20	20	25	0	0	0	50	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	-								
		K2	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	-							
		K3	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	-						
		K4	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	-					
		K5	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	-				
	60. Gün	K6	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	0	-			
		K7	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	0	0	-		
		K8	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	0	0	0	-	
		K9	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	0	0	0	0	-
		K10	40	40	40	40	50	25	25	25	33	25	0	0	0	0	0	0	0	0	-

4.3.1.5. Tekay – UBC808

Mısır bitkisine özgü *Tekay* retrotranspozonu ile *UBC808* ISSR primeri bir arada kullanılarak yapılan REMAP1-PZR sonucunda; 500 ile 2500 bç aralığında bir bant profili gözlemlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 115'i polimorfik 125'si monomorfik olmak üzere toplamda 240 bant değerlendirmeye alındı ve polimorfik bant oranı %47,91 olarak hesaplandı (Şekil 4.14).



Şekil 4.14. *Tekay* - *UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

İki genotip arasındaki polimorfizm oranlarına bakıldığında %0-90 aralığında oranların değiştiği tespit edildi. Arthl kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında polimorfizmin 30. gün grubu için %13-63 ve 60. gün grubu için %11-56 olduğu belirlendi. Bununla birlikte gruplar karşılaştırıldığında ise oranın %0-67 arası değiştiği gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise 30. gün grubu için %0-50 ve 60. gün grubu için %0-17'dir. 30. gün ile 60 gün karşılaştırıldığında ise oranın %14-38 arasında olduğu görüldü. İki genotip kendi aralarında karşılaştırıldığında, 30. gün ve 60. gün polimorfizmleri sırasıyla %50-90 ve %60-78 olarak belirlendi (Tablo 4.14). *Tekay* IRAP sonuçları (30. gün için %50-70 ve 60. gün için %45-60) ile REMAP1

sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %50-90 ve 60. gün için %60-78), sonuçların benzerlik gösterdiği belirlendi.

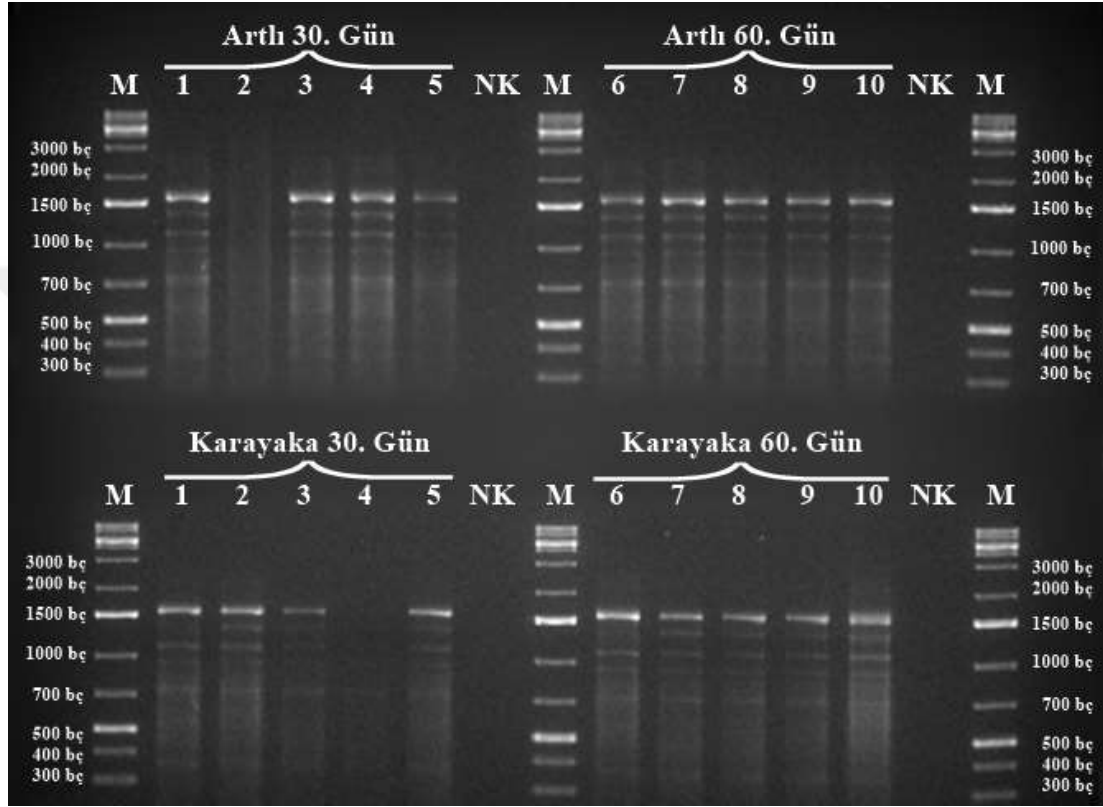


Tablo 4.14. *Tekay* - *UBC808* polimorfizm oranları (%)

Tekay UBC808		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	56	-																	
		A3	22	38	-																
		A4	13	50	13	-															
		A5	63	40	63	57	-														
	60. Gün	A6	11	44	11	22	67	-													
		A7	22	38	22	33	63	11	-												
		A8	44	17	25	38	50	33	25	-											
		A9	56	0	38	50	40	44	38	17	-										
		A10	50	20	50	43	25	56	50	33	20	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	67	71	80	78	83	70	67	75	71	67	-								
		K2	50	80	64	60	89	55	64	70	80	78	43	-							
		K3	50	80	64	60	89	55	64	70	80	78	43	0	-						
		K4	50	80	64	60	89	55	64	70	80	78	43	0	0	-					
		K5	55	82	67	64	90	58	67	73	82	80	50	13	13	13	-				
	60. Gün	K6	70	75	82	80	86	73	70	78	75	71	20	29	29	29	38	-			
		K7	60	78	73	70	88	64	60	67	78	75	33	14	14	14	25	17	-		
		K8	60	78	73	70	88	64	60	67	78	75	33	14	14	14	25	17	0	-	
		K9	60	78	73	70	88	64	60	67	78	75	33	14	14	14	25	17	0	0	-
		K10	60	78	73	70	88	64	60	67	78	75	33	14	14	14	25	17	0	0	0

4.3.1.6. *Wis LTR2 – UBC808*

Buğday bitkisine özgü *Wis LTR2* retrotranspozonu ile yapılan REMAP1-PZR sonucunda örneklerin bant profillerinin 700 ile 1600 bp aralığında değiştiği görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 34'ü polimorfik 86'sı monomorfik olmak üzere toplamda 120 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %28,33 olarak hesaplandı (Şekil 4.15).



Şekil 4.15. *Wis LTR2 - UBC808* REMAP1-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Wis LTR2-UBC808 polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu belirlendi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında bu oranın 30. gün grubunda ve grup karşılaştırmasında %0-100 olduğu belirlendi ama 60. gün grubunda herhangi bir polimorfizm gözlenmedi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubu ve gruplar arası karşılaştırmada polimorfizm yüzdesinin %0-80 olduğu ve ayrıca 60. gün grubu için bu oranın %0-40'a düştüğü görüldü. Arthlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları incelendiğinde polimorfizmin %33-100 ve 60. gruplar karşılaştırıldığında ise bu oranın %20-50 arasında olduğu tespit edildi (Tablo 4.15). *Wis LTR2* IRAP sonuçları (30. gün için %50-75 ve 60. gün için %40-90) ile REMAP1 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %33-100 ve 60. gün için %20-50), sonuçların zamana ve ırka bağlı olarak değiştiği sonucuna varıldı.

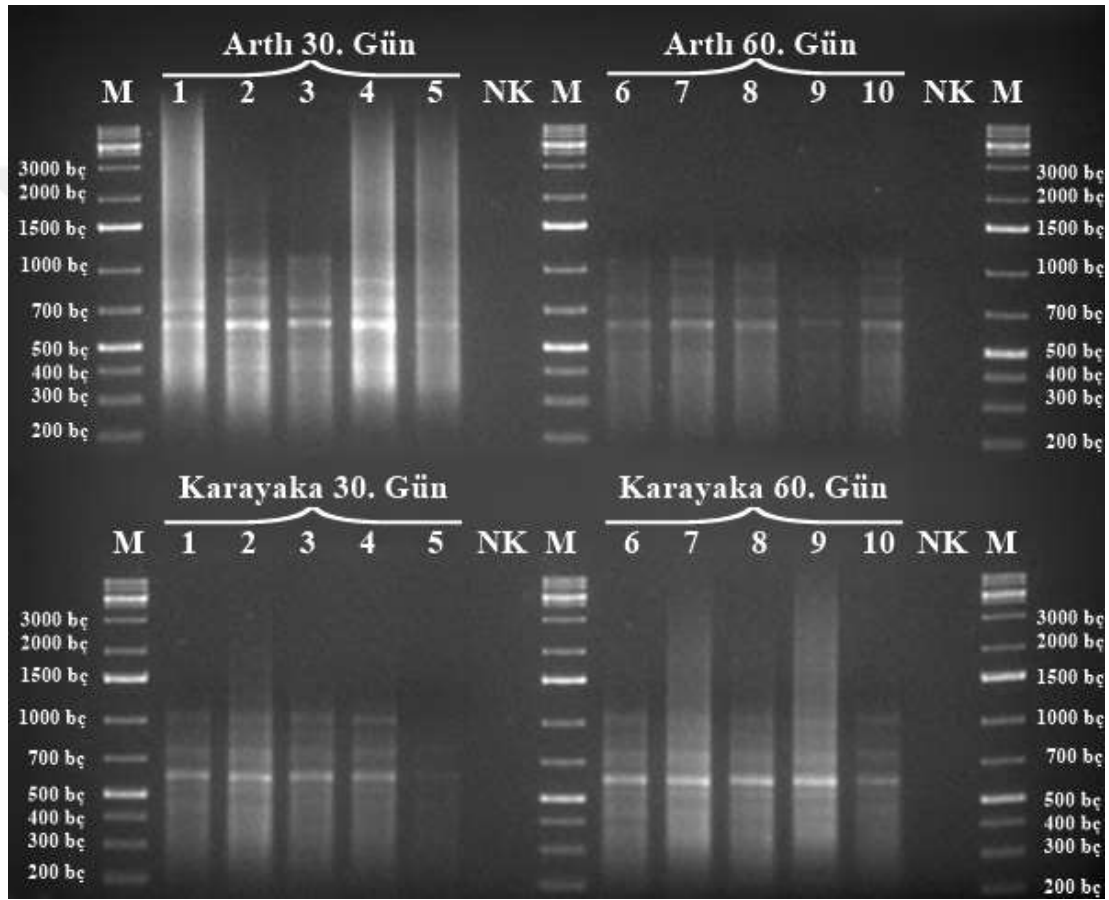
Tablo 4.15. *Wis LTR2 - UBC808* polimorfizm oranları (%)

	<i>Wis LTR2 UBC808</i>	ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	100	-																	
		A3	0	100	-																
		A4	0	100	0	-															
		A5	40	100	40	40	-														
	60. Gün	A6	0	100	0	0	40	-													
		A7	0	100	0	0	40	0	-												
		A8	0	100	0	0	40	0	0	-											
		A9	0	100	0	0	40	0	0	0	-										
		A10	0	100	0	0	40	0	0	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	50	100	50	50	60	50	50	50	50	-									
		K2	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	-								
		K3	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	0	-							
		K4	80	100	80	80	67	80	80	80	80	75	80	80	-						
		K5	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	0	0	80	-					
	60. Gün	K6	50	100	50	50	60	50	50	50	50	0	20	20	75	20	-				
		K7	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	0	0	80	0	20	-			
		K8	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	0	0	80	0	20	0	-		
		K9	33	100	33	33	67	33	33	33	33	20	0	0	80	0	20	0	0	-	
		K10	20	100	20	20	60	20	20	20	20	40	20	20	75	20	40	20	20	20	-

4.3.2. UBC837 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP2)

4.3.2.1. Daniela LTR1 – UBC837

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR1* retrotranspozonu ve *UBC837* primeri ile yapılan PZR sonucunda örneklerin, 600 ile 1000 bç aralığında bant profillerine sahip oldukları görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 42'si polimorfik 58'si monomorfik olmak üzere toplamda 100 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %42 olarak belirlendi.



Şekil 4.16. *Daniela LTR1* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Daniela LTR1-UBC837 primerine ait polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu görüldü. Arthlı kuzularına ait polimorfizme bakıldığında, bu oranlar 30. gün grubunda %0-50, 60. gün grubunda %0-75 ve gruplar arası karşılaştırmada %0-75'tir. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise; 30. gün grubu ve gruplar arası karşılaştırma için bu oranın %0-67 arasında olduğu görüldü. 60. gün örneklerinde ise herhangi bir polimorfizme rastlanmadı (Tablo 4.16). Irklar arasında *Daniela LTR1* IRAP (30. gün için %0-86 ve 60. gün için %60-86) ve REMAP1 (*UBC808* primeri ile yapılan) (30. gün için %75-100 ve 60. gün için %50-86) sonuçları

ile REMAP2 (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %60-100) karşılaştırıldığında, sonuçların büyük bir farklılık göstermediği görüldü.

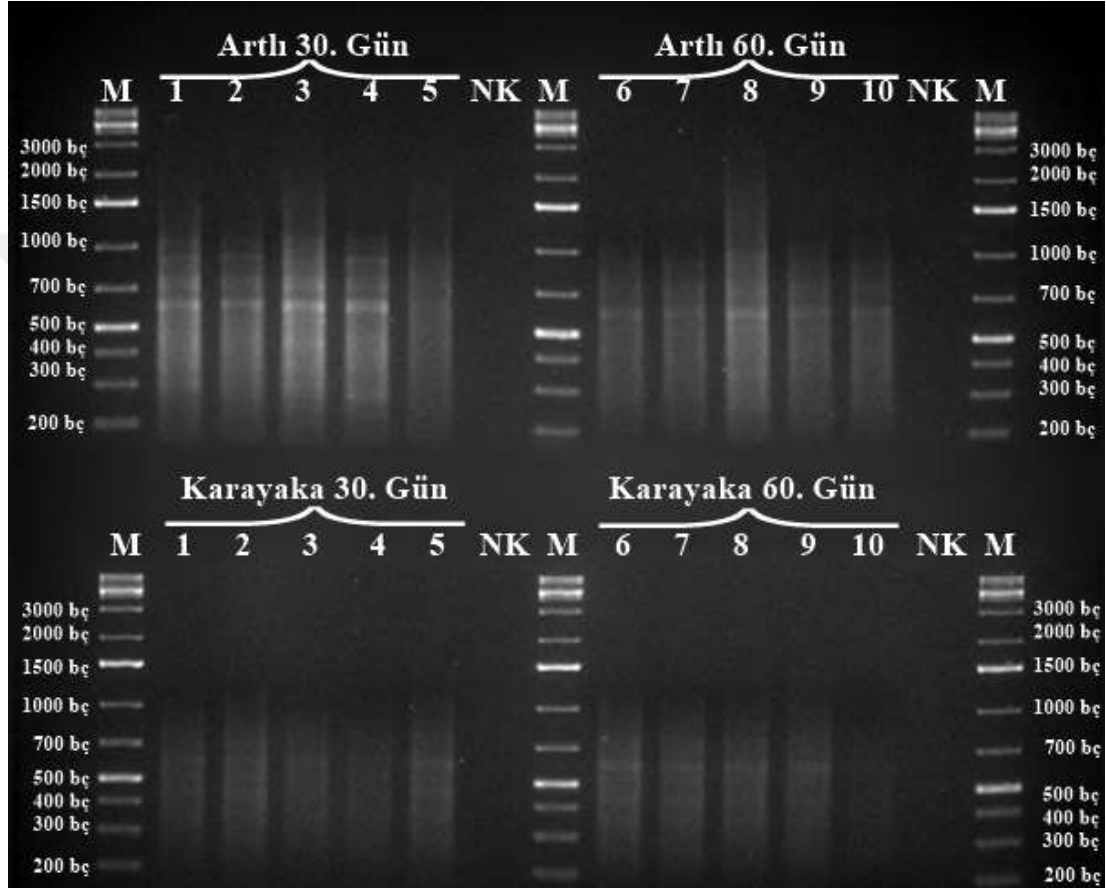


Tablo 4.16. *Daniela LTR1 - UBC837* polimorfizm oranları (%)

Daniela LTR1 UBC837		ARTLI										KARAYAKA										
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün					
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	25	-																		
		A3	25	0	-																	
		A4	0	25	25	-																
		A5	50	25	25	50	-															
	60. Gün	A6	33	50	50	33	75	-														
		A7	33	50	50	33	75	0	-													
		A8	25	0	0	25	25	50	50	-												
		A9	67	75	75	67	67	50	50	75	-											
		A10	25	0	0	25	25	50	50	0	75	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	-									
		K2	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	-								
		K3	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	-							
		K4	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	-						
		K5	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	67	67	67	67	-					
	60. Gün	K6	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	0	67	-				
		K7	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	0	67	0	-			
		K8	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	0	67	0	0	-		
		K9	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	0	67	0	0	0	-	
		K10	80	60	60	80	50	100	100	60	100	60	0	0	0	0	67	0	0	0	0	-

4.3.2.2. Daniela LTR2 – UBC837

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR2* retrotranspozonu ve *UBC837* ISSR dizisi ile yapılan PZR sonucunda, 550 ile 1000 bç aralığında değişen bir bant profili belirlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 48'i polimorfik 51'i monomorfik olmak üzere toplamda 100 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %48 olarak hesaplandı (Şekil 4.17).



Şekil 4.17. *Daniela LTR2 - UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Daniela LTR2-UBC837 polimorfizm oranının %0-100 değiştiği gözlemlendi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında, 30. gün grubu için %0-100 ve gruplarla karşılaştırıldığında %33-100 şeklinde farklı oranlar tespit edildi. Bununla birlikte 60. gün örneklerinde herhangi bir polimorfizme rastlanmadı. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise oranların 30. gün grubu %33-100 ve gruplar arası karşılaştırıldığında %0-100 olduğu görüldü. Ayrıca bu oranın 60. gün örneklerinde azalarak %0-33'e indiği belirlendi (Tablo 4.17).

İki genotip aralarında karşılaştırıldığında; 30 günlük grupta Arthlı ve Karayaka ırkının %25-100 ve 60 günlük grupta ise %0-33 oranlarında polimorfizm gösterdiği

belirlendi. *Daniela LTR2* primeri kullanılarak REMAP1 analizi ile sonuç elde edilemedi. Bu nedenle IRAP ve REMAP2 sonuçlarının karşılaştırılması yazıldı. Sonuçlar analiz edildiğinde ırklar arasında *Daniela LTR2* IRAP (30. gün için %71-89 ve 60. gün için %71-78) ile REMAP2 sonuçları (30. gün için %25-100 ve 60. gün için %0-33) karşılaştırıldığında, 30. gün sonuçlarında büyük bir fark görülmemesine karşın 60. günde IRAP markır yönteminin daha yüksek polimorfizm oranı verdiği belirlendi.

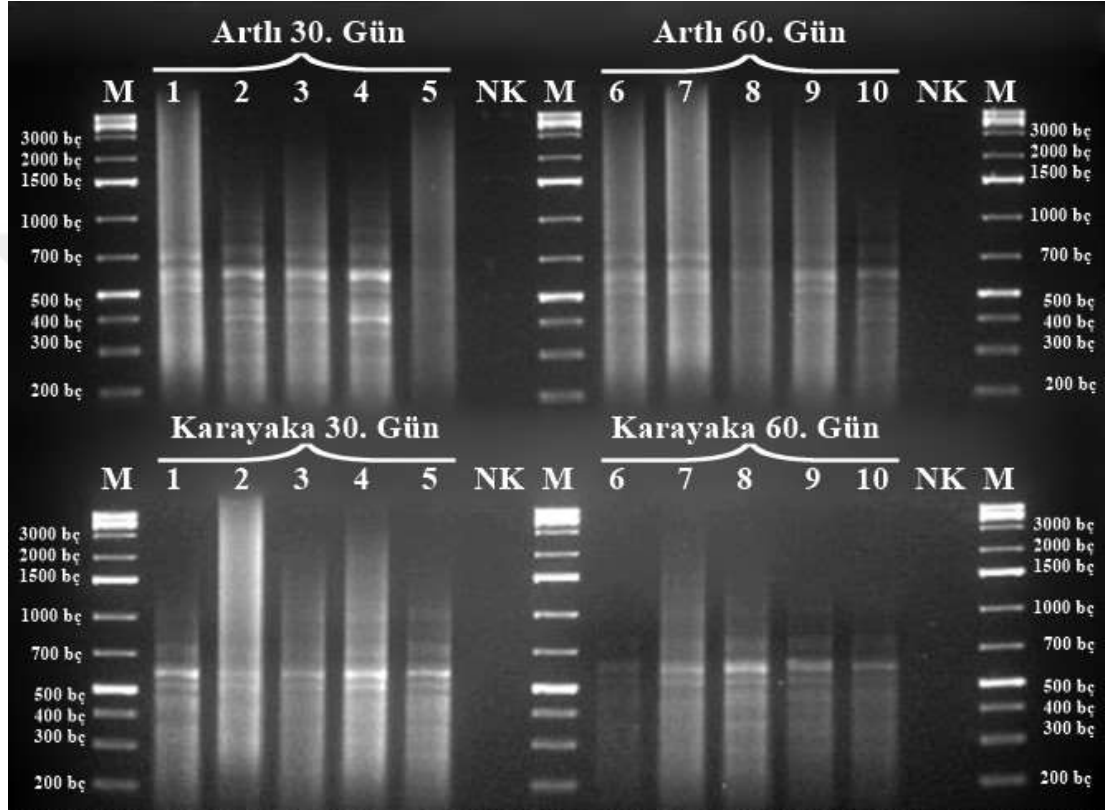


Tablo 4.17. *Daniela LTR2 - UBC837* polimorfizm oranları (%)

<i>Daniela LTR2 UBC837</i>		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	0	0	-																
		A4	25	25	25	-															
		A5	100	100	100	100	-														
	60. Gün	A6	50	50	50	33	100	-													
		A7	50	50	50	33	100	0	-												
		A8	50	50	50	33	100	0	0	-											
		A9	50	50	50	33	100	0	0	0	-										
		A10	50	50	50	33	100	0	0	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	40	40	40	25	100	50	50	50	50	25									
		K2	60	60	60	50	100	33	33	33	33	50	-								
		K3	50	50	50	33	100	0	0	0	0	50	33	-							
		K4	40	40	40	25	100	50	50	50	50	25	25	50	-						
		K5	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-					
	60. Gün	K6	25	25	25	0	100	33	33	33	33	25	50	33	25	100	-				
		K7	50	50	50	33	100	0	0	0	0	50	33	0	50	100	33	-			
		K8	50	50	50	33	100	0	0	0	0	50	33	0	50	100	33	0	-		
		K9	50	50	50	33	100	0	0	0	0	50	33	0	50	100	33	0	0	-	
		K10	50	50	50	33	100	0	0	0	0	50	33	0	50	100	33	0	0	0	-

4.3.2.3. *Fatima LTR* – *UBC837*

Buğday bitkisine özgü *Fatima LTR* retrotranspozonu ile yapılan REMAP2-PZR sonucunda, 300 ile 3000 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 36'sı polimorfik 64'ü monomorfik olmak üzere toplamda 100 bant değerlendirildi ve polimorfik bant oranını %36 hesaplandı (Şekil 4.18).



Şekil 4.18. *Fatima LTR* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Fatima LTR-UBC837 polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu belirlendi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %0-100 ve 60. gün grubu için %0-50'dir. Gruplar karşılaştırıldığında ise %0-100 polimorfizm arasında değişen bir oran gözlemlendi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise 30. gün grubu için %0-50, 60. gün grubu için %0-25 ve gruplar arası %0-50'dir. *Fatima LTR- UBC837* için Arthlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30 günlük ve 60 günlük grupları incelendiğinde, polimorfizmin sırasıyla %0-100 ve %25-60 olduğu gözlemlendi (Tablo 4.18). *Fatima LTR* retrotranspozonunun REMAP1 analizi ile sonuç elde edilemedi. Bu nedenle IRAP ve REMAP2 sonuçları karşılaştırıldı. Sonuçlar değerlendirildiğinde ırklar arasında IRAP (30. gün için %63-100 ve 60. gün için %40-80) ile REMAP2

sonuları (30. gn iin %0-100 ve 60. gn iin %25-60) karřılařtırıldığında, sonular arasında byk bir fark grlmedi.

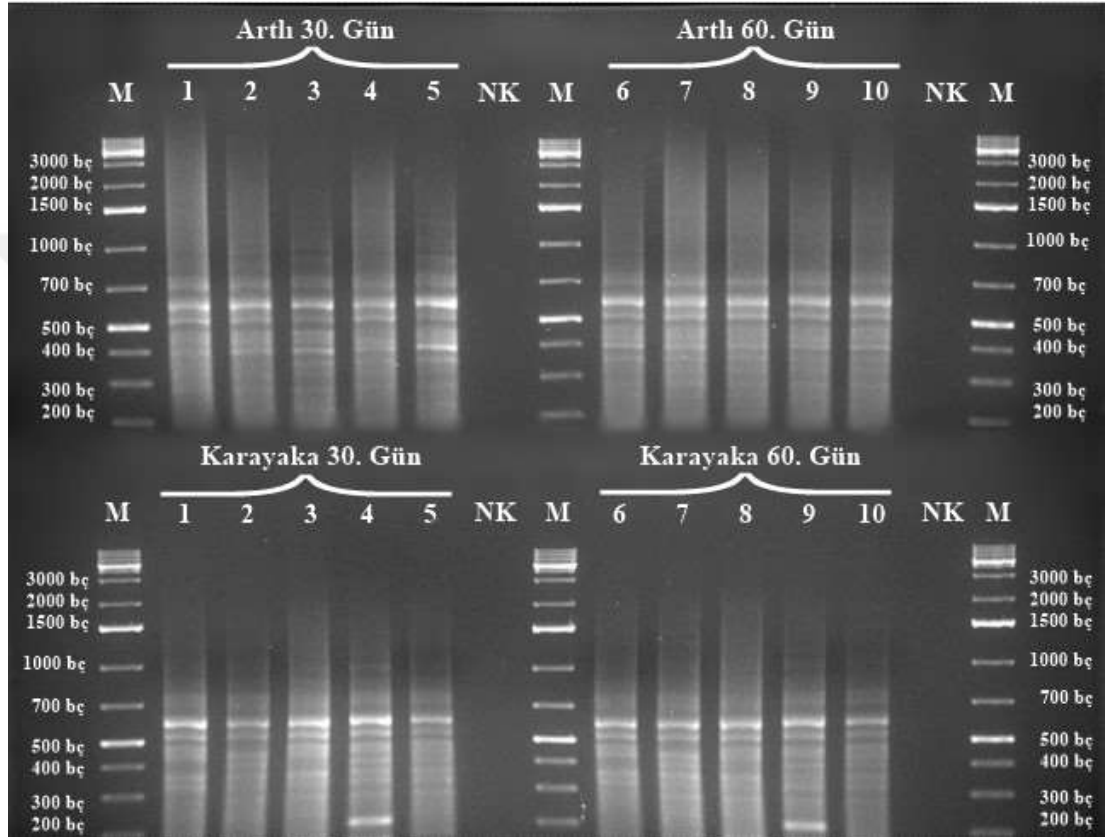


Tablo 4.18. *Fatima LTR* - *UBC837* polimorfizm oranları (%)

Fatima LTR UBC837		ARTLI										KARAYAKA										
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün					
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	25	-																		
		A3	25	0	-																	
		A4	25	0	0	-																
		A5	100	100	100	100	-															
	60. Gün	A6	0	25	25	25	100	-														
		A7	0	25	25	25	100	0	-													
		A8	33	50	50	50	100	33	33	-												
		A9	0	25	25	25	100	0	0	33	-											
		A10	25	0	0	0	100	25	25	50	25	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	25	40	40	40	100	25	25	50	25	40	-									
		K2	0	25	25	25	100	0	0	33	0	25	25	-								
		K3	33	50	50	50	100	33	33	0	33	50	50	33	-							
		K4	0	25	25	25	100	0	0	33	0	25	25	0	33	-						
		K5	50	60	60	60	100	50	50	33	50	60	25	50	33	50	-					
	60. Gün	K6	50	60	60	60	100	50	50	33	50	60	25	50	33	50	0	-				
		K7	25	40	40	40	100	25	25	50	25	40	0	25	50	25	25	25	-			
		K8	25	40	40	40	100	25	25	50	25	40	0	25	50	25	25	25	0	-		
		K9	25	40	40	40	100	25	25	50	25	40	0	25	50	25	25	25	0	0	-	
		K10	25	40	40	40	100	25	25	50	25	40	0	25	50	25	25	25	0	0	0	-

4.3.2.4. *SIRE1* – *UBC837*

Soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonu ile *UBC837* ISSR primeri ile yapılan REMAP2-PZR sonucunda, 250 ile 1000 bç aralığında değişen bir bant profili gözlemlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 95'i polimorfik 125'i monomorfik olmak üzere toplamda 220 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %43,18 olarak hesaplandı (Tablo 4.19).



Şekil 4.19. *SIRE1* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

SIRE1-UBC837 polimorfizm oranı %0-64'tür. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında polimorfizmin 30. gün grubu ve gruplar arası yapılan karşılaştırmada %0-17 olduğu belirlenirken 60. gün grubu için herhangi bir polimorfizm görülmedi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise Artlıya benzer şekilde 30. gün grubu ile gruplar arası yapılan karşılaştırmada aynı oran elde edildi (%0-22). 60. gün grubu için ise bu oran %0-13'tür. Artlı kuzularının ile Karayaka kuzularının 30. gün ve 60. gün grupları incelendiğinde oranların sırasıyla %50-64 ve %50-56 olduğu belirlendi (Tablo 4.19). Irklar arasında *SIRE1* IRAP (30. gün için %0-60 ve 60. gün için %36-55) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %67-75

ve 60. gün için %67-69) ile REMAP2 sonuçları (30. Gün için %50-64 ve 60. Gün için %50-56) karşılaştırıldığında, benzer sonuçların elde edildiği görüldü.

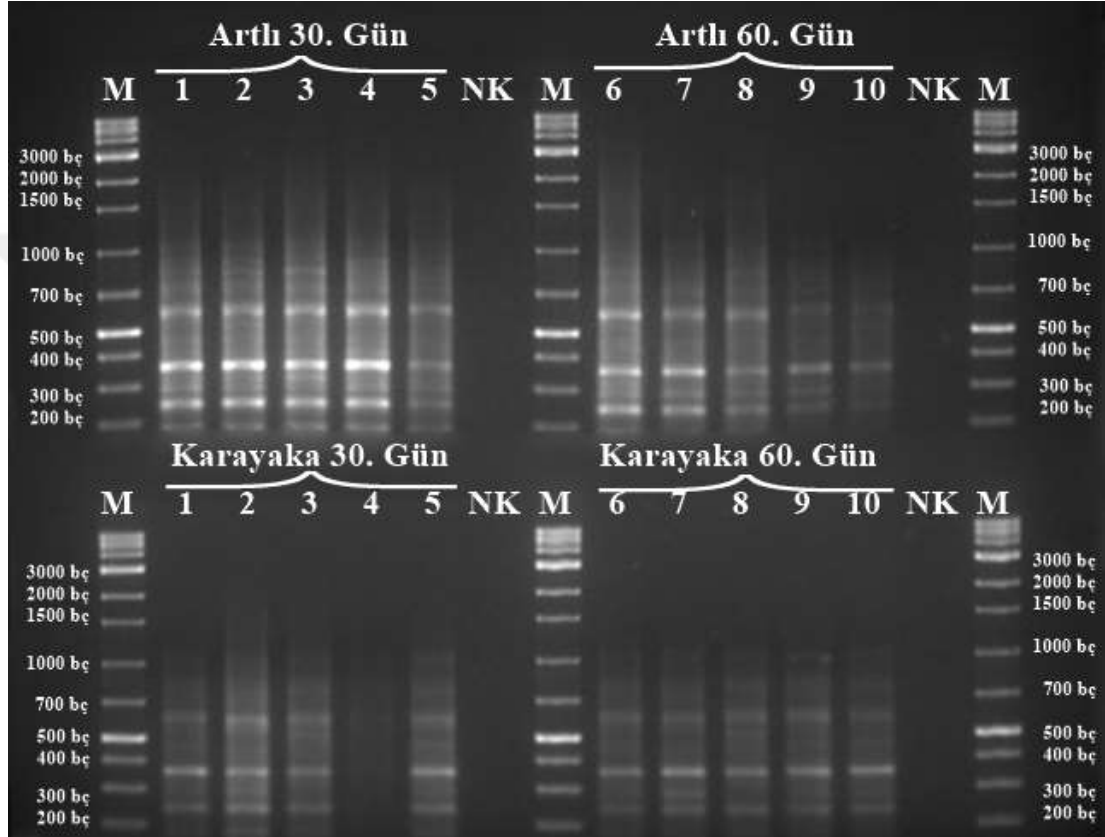


Tablo 4.19. *SIRE1* - *UBC837* polimorfizm oranları (%)

		ARTLI										KARAYAKA									
<i>SIRE1</i> <i>UBC837</i>		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	17	17	-																
		A4	0	0	17	-															
		A5	17	17	0	17	-														
	60. Gün	A6	0	0	17	0	17	-													
		A7	0	0	17	0	17	0	-												
		A8	0	0	17	0	17	0	0	-											
		A9	0	0	17	0	17	0	0	0	-										
		A10	0	0	17	0	17	0	0	0	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	50	50	56	50	56	50	50	50	50	-									
		K2	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	-								
		K3	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	-							
		K4	60	60	64	60	64	60	60	60	60	22	22	22	-						
		K5	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	0	22	-					
	60. Gün	K6	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	0	22	0	-				
		K7	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	0	22	0	0	-			
		K8	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	0	22	0	0	0	-		
		K9	56	56	60	56	60	56	56	56	56	13	13	13	11	13	13	13	13	-	
		K10	50	50	56	50	56	50	50	50	50	0	0	0	22	0	0	0	0	13	-

4.3.2.5. *Sukkula* – *UBC837*

Arpa bitkisine özgü *Sukkula* retrotranspozonu ile *UBC837* ISSR'ı bir arada kullanılarak yapılan REMAP2-PZR sonucunda 200 ile 1000 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde ise 84'ü polimorfik 116'si monomorfik olmak üzere toplamda 200 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %42 olarak belirlendi (Şekil 4.20).



Şekil 4.20. *Sukkula* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

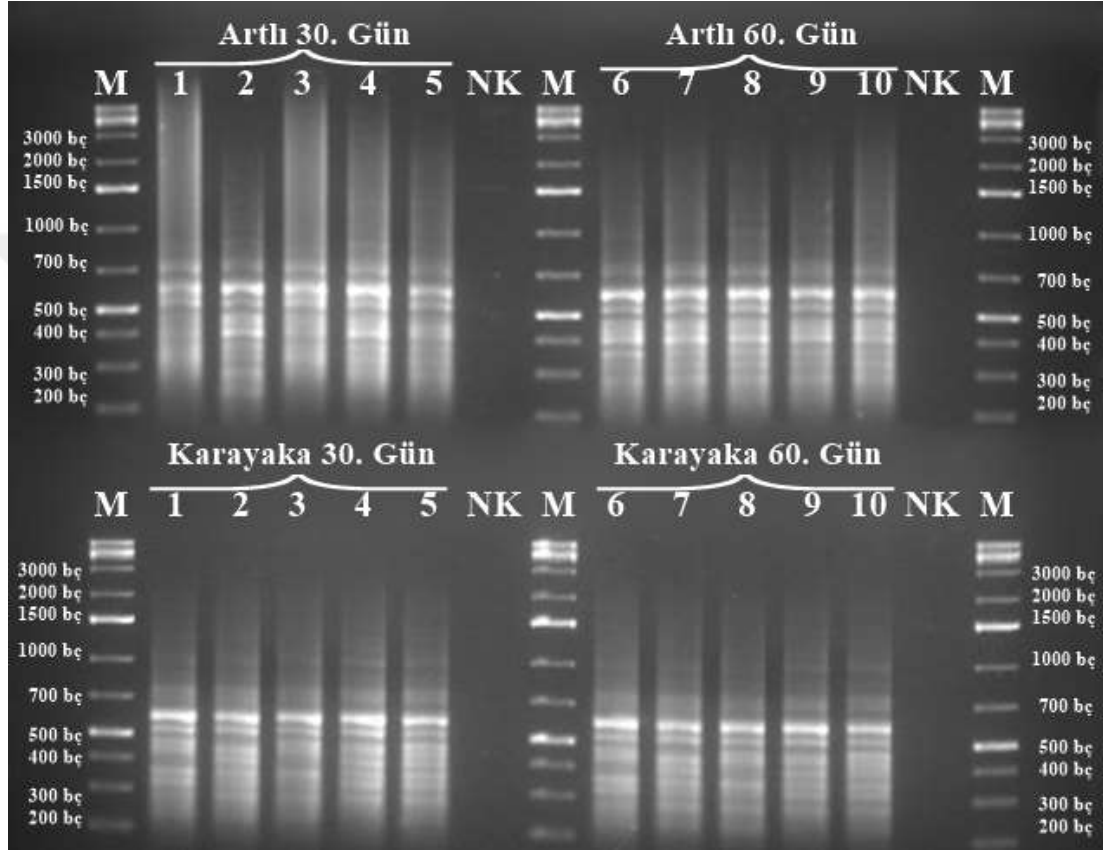
Sukkula-UBC837 polimorfizm oranı %0-100'dür. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında; 30. gün grubunda %0-14 ve 60. gün grubu ile gruplar arasında %0-29 olacak şekilde oranlar tespit edildi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise 30. gün grubunda ile gruplar arasında %0-100 ve 60. gün grubunda %0-29'dur. *Sukkula-UBC837* Artlı ve Karayaka kuzularının 30 günlük grupları ile 60 günlük grupları kendi aralarında karşılaştırıldığında polimorfizm, sırasıyla %56-100 ve %50-70 olarak belirlendi (Tablo 4.20). *Sukkula* IRAP sonuçları (30. gün için %50-94 ve 60. gün için %58-94) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %0-88) ile REMAP2 sonuçları (30. gün için %56-100 ve 60. gün için %50-70) karşılaştırıldığında, sonuçların benzer oldukları görüldü.

Tablo 4.20. *Sukkula* - *UBC837* polimorfizm oranları (%)

Sukkula UBC837		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	14	14	-																
		A4	0	0	14	-															
		A5	14	14	0	14	-														
	60. Gün	A6	0	0	14	0	14	-													
		A7	0	0	14	0	14	0	-												
		A8	14	14	0	14	0	14	14	-											
		A9	29	29	17	29	17	29	29	17	-										
		A10	29	29	17	29	17	29	29	17	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	63	63	57	63	57	63	63	57	50	50	-								
		K2	67	67	63	67	63	67	67	63	57	57	20	-							
		K3	60	60	56	60	56	60	60	56	50	50	43	29	-						
		K4	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-					
		K5	60	60	56	60	56	60	60	56	50	50	43	29	0	100	-				
	60. Gün	K6	67	67	63	67	63	67	67	63	57	57	20	33	29	100	29	-			
		K7	70	70	67	70	67	70	70	67	63	63	33	17	14	100	14	17	-		
		K8	60	60	56	60	56	60	60	56	50	50	43	29	0	100	0	29	14	-	
		K9	70	70	67	70	67	70	70	67	63	63	33	17	14	100	14	17	0	14	-
		K10	70	70	67	70	67	70	70	67	63	63	33	17	14	100	14	17	0	14	0

4.3.2.6. Tekay – UBC837

Mısır bitkisine özgü *Tekay* retrotranspozonu ile *UBC837* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP2-PZR sonucunda 300 ile 700 bp aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 43'ü polimorfik 97'si monomorfik olmak üzere toplamda 140 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %30,71 olarak hesaplandı (Tablo 4.21).



Şekil 4.21. *Tekay* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

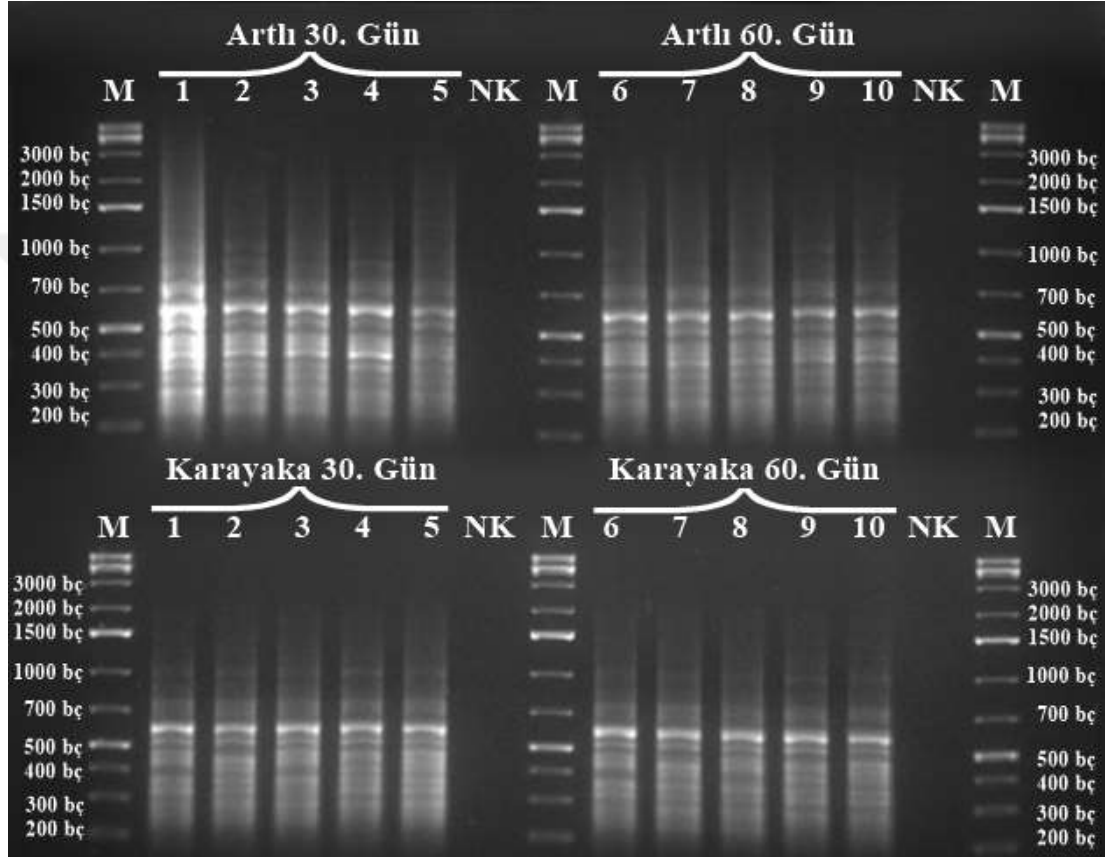
Tekay-UBC837 polimorfizm oranı %0-71'dir. Arth kuzularına ait polimorfizm oranları, 30. gün grubunda ve gruplar arasında %0-40 olarak tespit edildi. Ancak 60. gün grubunda herhangi bir polimorfizm belirlenmedi. Karayaka kuzularındaki tüm örnekler analiz edildiğinde, örneklerde sadece monomorfik bantlar gözlemlendi ve polimorfizm gözlemlenmedi. Arth ve Karayaka ırklarının 30. gün ve 60. gün örnekleri karşılaştırıldığında 30. gün örnekleri arasında %57-71 ve 60. gün örnekleri arasında %57 polimorfizm hesaplandı (Tablo 4.21). *Tekay* IRAP (30. gün için %50-70 ve 60. gün için %45-60) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %50-90 ve 60. gün için %64-78) ile REMAP2 sonuçları (30. gün için %57-71 ve 60. gün için %57) karşılaştırıldığında, sonuçlar arasında büyük bir fark belirlenmedi.

Tablo 4.21. *Tekay* - *UBC837* polimorfizm oranları (%)

Tekay UBC837		ARTLI										KARAYAKA										
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün					
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	40	-																		
		A3	40	0	-																	
		A4	40	0	0	-																
		A5	25	20	20	20	-															
	60. Gün	A6	40	0	0	0	20	-														
		A7	40	0	0	0	20	0	-													
		A8	40	0	0	0	20	0	0	-												
		A9	40	0	0	0	20	0	0	0	-											
		A10	40	0	0	0	20	0	0	0	0	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	-									
		K2	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	-								
		K3	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	-							
		K4	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	-						
		K5	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	-					
	60. Gün	K6	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	0	-				
		K7	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	0	0	-			
		K8	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	0	0	0	-		
		K9	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	0	0	0	0	-	
		KA0	67	57	57	57	71	57	57	57	57	57	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-

4.3.2.7. *Wis LTR* – *UBC837*

Buğday bitkisine özgü *Wis LTR2* retrotranspozonu ile *UBC837* ISSR primeri kullanılarak yapılmış olan REMAP2-PZR sonucunda, 300 ile 1000 bp aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 10'u polimorfik 130'u monomorfik olmak üzere toplamda 140 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %7,1 olarak hesaplandı.



Şekil 4.22. *Wis LTR2* - *UBC837* REMAP2-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Wis LTR2-UBC837 polimorfizm oranı %0-14'tür. Bant profilleri incelendiğinde örnekler arasında monomorfik bantları bulunduğu tespit edildi. Artlı ve Karayaka ırkı kendi içlerinde polimorfizm göstermedi. Irklara ait 30. gün ve 60. gün örnekleri karşılaştırıldığında ise %14 polimorfizm belirlendi (Tablo 2.22). *Wis LTR2* IRAP (30. gün için %50-75 ve 60. gün için %40-90) ile REMAP1 sonuçları (30. gün için %33-100 ve 60. gün için %20-50) ile REMAP2 karşılaştırıldığında (%14), en düşük polimorfizm yüzdesinin REMAP2-PZR sonucunda elde edildiği belirlendi.

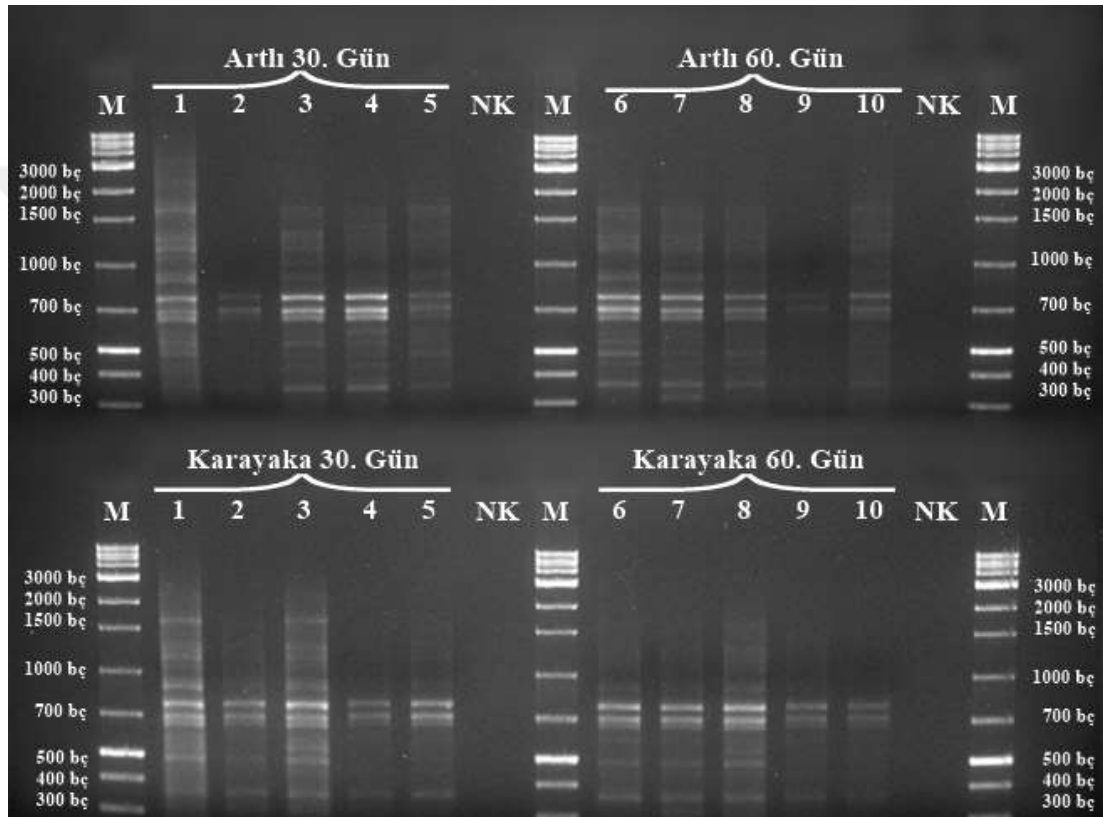
Tablo 4.22. *Wis LTR2 - UBC837* polimorfizm oranları (%)

	<i>Wis LTR2 UBC837</i>	ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	0	-																	
		A3	0	0	-																
		A4	0	0	0	-															
		A5	0	0	0	0	-														
	60. Gün	A6	0	0	0	0	0	-													
		A7	0	0	0	0	0	0	-												
		A8	0	0	0	0	0	0	0	-											
		A9	0	0	0	0	0	0	0	0	-										
		A10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	14	14	14	14	14	14	14	14	14	-									
		K2	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	-								
		K3	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	-							
		K4	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	-						
		K5	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	-					
	60. Gün	K6	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	0	-				
		K7	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	0	0	-			
		K8	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	0	0	0	-		
		K9	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	0	0	0	0	-	
		K10	14	14	14	14	14	14	14	14	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-

4.3.3. UBC864 Primeri ile Yapılan REMAP-PZR Sonuçları (REMAP3)

4.3.3.1. Daniela LTR1 – UBC864

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR1* ile *UBC864* primeri kullanılarak REMAP3-PZR işleminde 300 ile 1500 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 117'si polimorfik 143'ü monomorfik olmak üzere toplamda 260 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %45 olarak belirlendi (Şekil 4.23).



Şekil 4.23. *Daniela LTR1* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Daniela LTR1-UBC864 polimorfizm oranı %0-64'tür. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %0-64, 60. gün grubu için %14-63 ve gruplar arası için %9-60'dır. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise tüm gruplarda %0-60 olarak belirlendi. Irkların 30. gün örnekleri ile 60. gün örnekleri karşılaştırıldığında polimorfizm oranlarının sırasıyla %0-64 ve %17-60 olduğu görüldü (Tablo 4.23). *Daniela LTR1* IRAP (30. gün için %0-86 ve 60. gün için %60-86), REMAP1 (30. gün için %75-100 ve 60. gün için %50-86) ve REMAP2 (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %60-100) sonuçları ile REMAP3 (30. gün için %0-64 ve

60. g n i in %17-60) kar ıla tırıldı ında, REMAP3 analizlerine daha d   k polimorfizm oranların elde edildi i sonucuna varıldı.

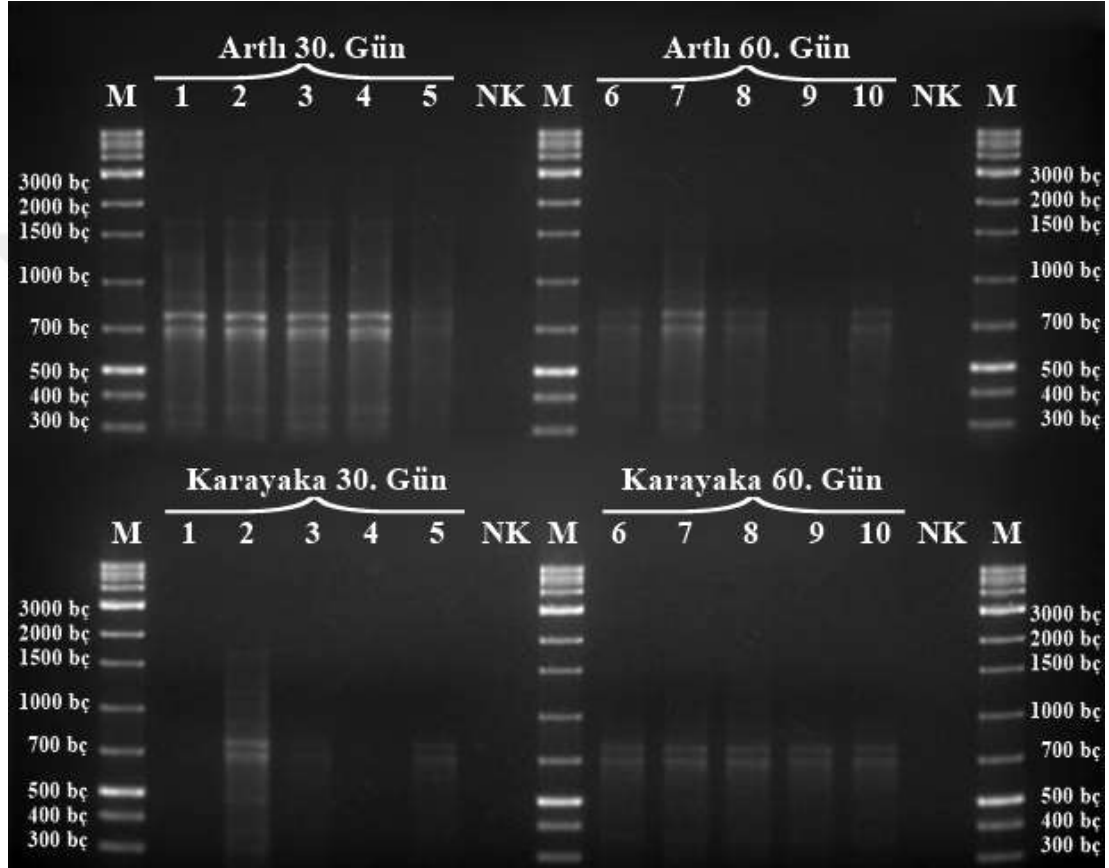


Tablo 4.23. *Daniela LTR1* - *UBC864* polimorfizm oranları (%)

Daniela LTR1 UBC864		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	56	-																	
		A3	18	64	-																
		A4	18	64	0	-															
		A5	0	56	18	18	-														
	60. Gün	A6	10	60	9	9	10	-													
		A7	20	56	18	18	20	27	-												
		A8	22	43	36	36	22	30	22	-											
		A9	44	50	55	55	44	50	44	50	-										
		A10	33	33	45	45	33	40	33	14	63	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	20	56	33	33	20	27	20	22	44	33	-								
		K2	44	20	55	55	44	50	44	50	33	43	44	-							
		K3	27	60	38	38	27	33	27	30	50	40	10	50	-						
		K4	56	0	64	64	56	60	56	43	50	33	56	20	60	-					
		K5	56	0	64	64	56	60	56	43	50	33	56	20	60	0	-				
	60. Gün	K6	33	33	45	45	33	40	33	38	17	50	33	17	40	33	33	-			
		K7	33	33	45	45	33	40	33	38	17	50	33	17	40	33	33	0	-		
		K8	27	60	38	38	27	33	27	30	50	40	10	50	0	60	60	40	40	-	
		K9	56	0	64	64	56	60	56	43	50	33	56	20	60	0	0	33	33	60	-
		K10	56	0	64	64	56	60	56	43	50	33	56	20	60	0	0	33	33	60	0

4.3.3.2. Daniela LTR2 – UBC864

Buğday bitkisine özgü *Daniela LTR2* retrotranspozonu ile *UBC864* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP3-PZR sonucunda 300 ile 800 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde; 84'ü polimorfik 56'sı monomorfik olmak üzere toplamda 140 bant değerlendirildi ve polimorfik bant oranı %60 olarak hesaplandı (Şekil 4.24).



Şekil 4.24. *Daniela LTR2* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Daniela LTR2-UBC864 polimorfizm oranı %0-100'dür. Arlı kuzularına ait polimorfizm oranına bakıldığında; 30. gün grubu için %0-60 ve 60. gün grubu ile gruplar arası için %0-100 olarak tespit edildi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları, 30. gün ile gruplar arası için %0-100'dür. 60. gün örneklerinde ise polimorfizm belirlenmedi. Arlı ve Karayaka ırklarının 30. gün ve 60. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %0-100 olduğu gözlemlendi (Tablo 4.24). Irklar arasında *Daniela LTR2* IRAP (30. gün için %71-89 ve 60. gün için %71-78) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %25-100 ve 60. gün için %0-33) ile REMAP3

sonuçları (%100) karşılaştırıldığında, REMAP3'ün daha yüksek polimorfizm oranına sahip olduğu belirlendi.

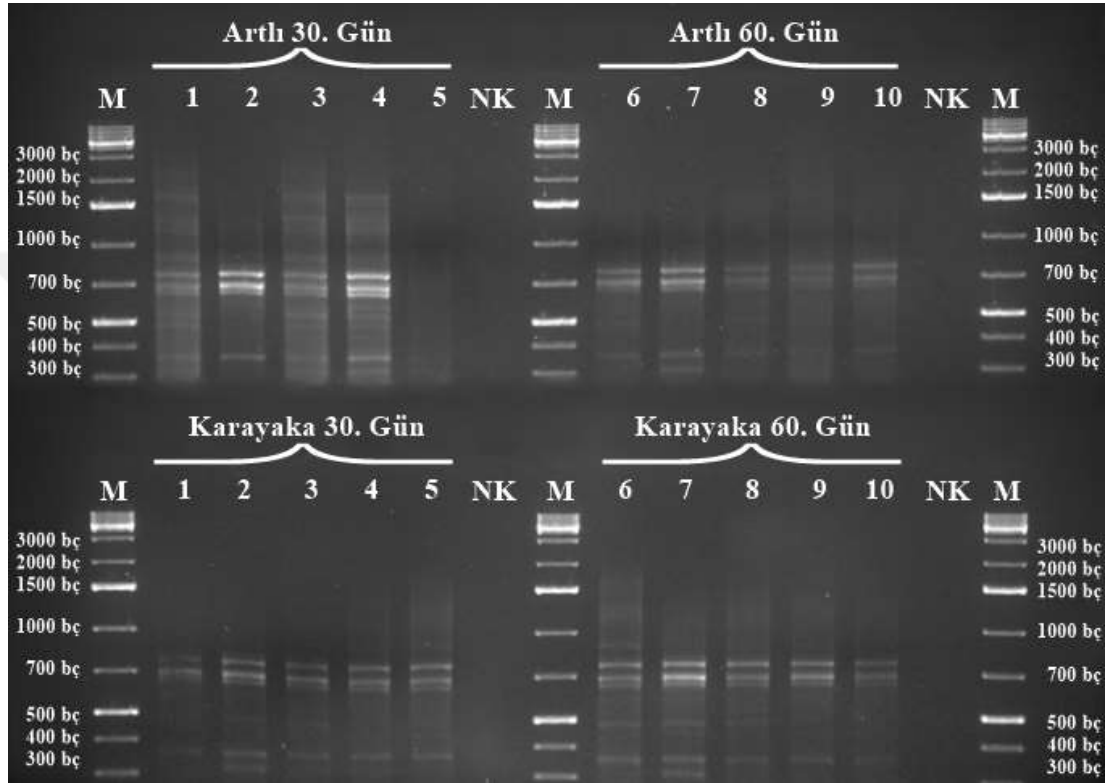


Tablo 4.24. *Daniela LTR2 - UBC864* polimorfizm oranları (%)

<i>Daniela LTR2</i> <i>UBC864</i>		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	17	-																	
		A3	0	17	-																
		A4	17	33	17	-															
		A5	67	60	67	60	-														
	60. Gün	A6	67	60	67	60	0	-													
		A7	17	33	17	0	60	60	-												
		A8	67	60	67	60	0	0	60	-											
		A9	100	100	100	100	100	100	100	-											
		A10	67	60	67	60	0	0	60	0	100	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	-								
		K2	43	57	43	33	60	60	33	60	100	60	60	-							
		K3	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	-						
		K4	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	-					
		K5	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-				
	60. Gün	K6	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	0	100	-			
		K7	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	0	100	0	-		
		K8	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	0	100	0	0	-	
		K9	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	0	100	0	0	0	-
		K10	67	60	67	60	0	0	60	0	100	0	0	60	0	0	100	0	0	0	-

4.3.3.3. *Fatima LTR* – *UBC864*

Buğday bitkisine özgü *Fatima LTR* retrotranspozonu ile *UBC864* ISSR primeri ile yapılan PZR sonucunda, 300 ile 750 bç aralığında değişen bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde, 103'ü polimorfik 77'si monomorfik olmak üzere toplamda 200 bant belirlendi ve polimorfik bant oranı %51,5 olarak hesaplandı (Şekil 4.25).



Şekil 4.25. *Fatima LTR* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

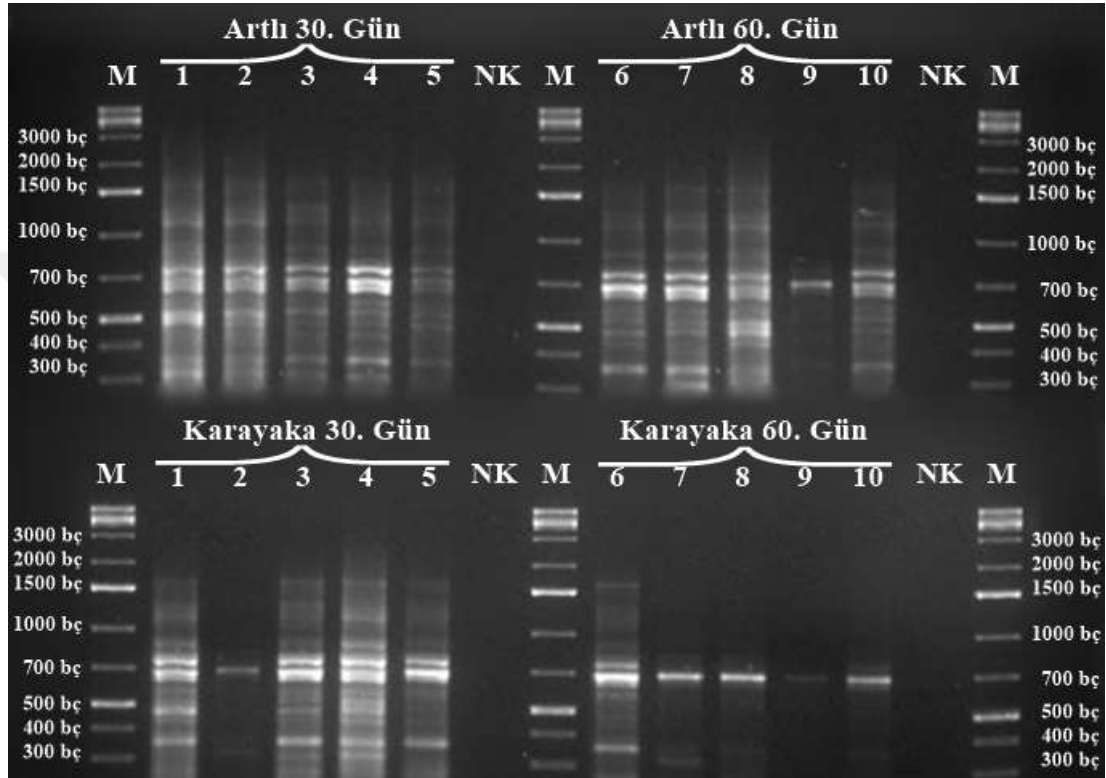
Fatima LTR-UBC864 polimorfizm oranı %0-100'dür. Arthi kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %0-100, 60. gün grubu için %0-50 ve gruplar karşılaştırıldığında ise %71-100'dür. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarına bakıldığında ise 30. gün grubu ile gruplar arası için %0-50 ve 60. gün grubu için %0-33'tür. Arthi kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %0-100 ve 60. gün karşılaştırıldığında ise %75-86 olduğu tespit edildi (Tablo 4.25). Irklar arasında IRAP (30. gün için %63-100 ve 60. gün için %40-80) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %25-60) karşılaştırıldığında, REMAP3 sonuçları (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %75-86), sonuçlar arasında büyük bir fark belirlenmedi.

Tablo 4.25. *Fatima LTR – UBC864* polimorfizm oranları (%)

<i>Fatima LTR UBC864</i>		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	43	-																	
		A3	0	43	-																
		A4	0	43	0	-															
		A5	100	100	100	100	-														
	60. Gün	A6	86	75	86	86	100	-													
		A7	71	80	71	71	100	50	-												
		A8	86	75	86	86	100	0	50	-											
		A9	86	75	86	86	100	0	50	0	-										
		A10	86	75	86	86	100	0	50	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	43	0	43	43	100	75	80	75	75	75	-								
		K2	50	50	50	50	100	100	100	100	100	50	-								
		K3	29	20	29	29	100	80	83	80	80	20	33	-							
		K4	43	0	43	43	100	75	80	75	75	0	50	20	-						
		K5	43	0	43	43	100	75	80	75	75	0	50	20	0	-					
	60. Gün	K6	29	20	29	29	100	80	83	80	80	20	33	0	20	20	-				
		K7	38	33	38	38	100	83	86	83	83	33	17	17	33	33	17	-			
		K8	29	20	29	29	100	80	83	80	80	20	33	0	20	20	0	17	-		
		K9	43	0	43	43	100	75	80	75	75	0	50	20	0	0	20	33	20	-	
		K10	43	0	43	43	100	75	80	75	75	0	50	20	0	0	20	33	20	0	-

4.3.3.4. *SIRE1* – *UBC864*

Soya fasulyesine özgü *SIRE1* retrotranspozonu ve *UBC864* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP3-PZR sonuçlarına bakıldığında, 300 ile 1500 bç aralığında değişen bir bant profili gözlemlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 189'u polimorfik 131'i monomorfik olmak üzere toplamda 320 bant belirlendi ve polimorfik bant oranı %59,06 olarak hesaplandı (Tablo 4.26).



Şekil 4.26. *SIRE1* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

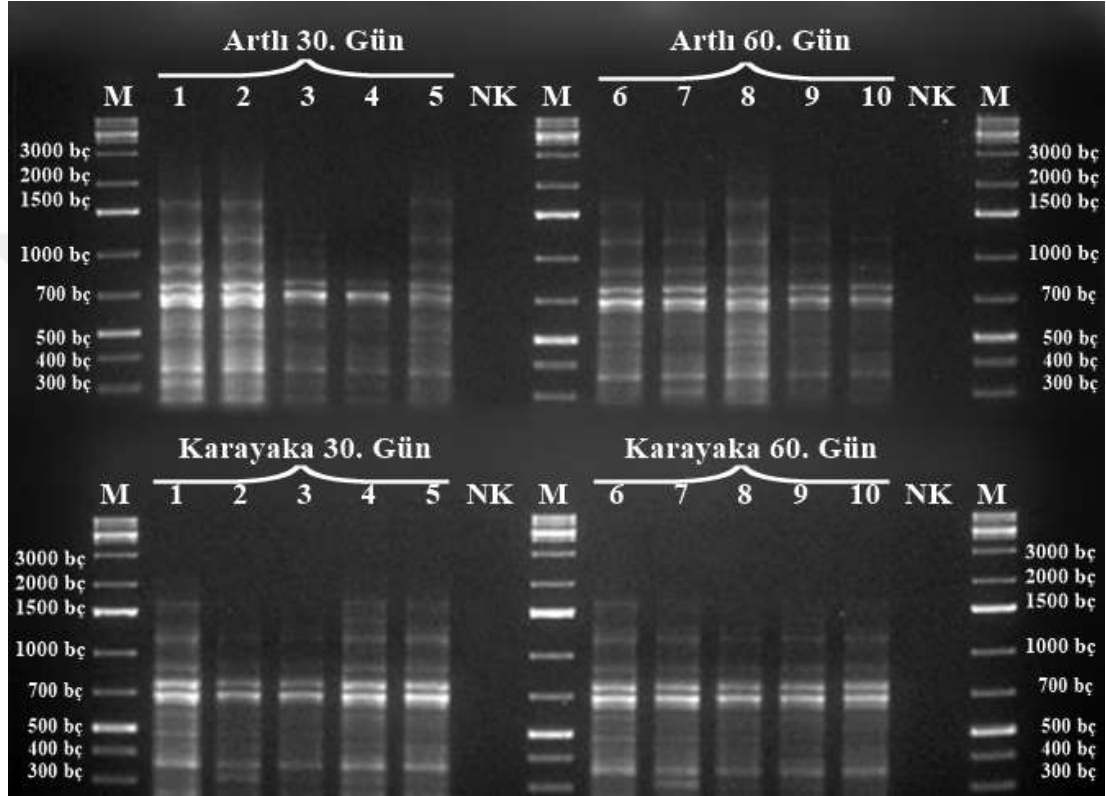
SIRE1-UBC864 primerlerine ait polimorfizm oranının %0-100 arasında olduğu belirlendi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm; 30. gün grubu için %0-30, 60. gün grubu ve gruplar arası için %0-82'dir. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubunda %0-88 ve 60. gün grubunda ise %0-100'dür. Karayaka kuzularında iki grup karşılaştırıldığında polimorfizm %14-100'dür. Arthlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %75-100 ve 60. gün karşılaştırıldığında ise %50-100 olduğu tespit edildi (Tablo 4.26). Irklar arasında *SIRE1* IRAP (30. gün için %0-60 ve 60. gün için %36-55), REMAP1 (30. gün için %67-75 ve 60. gün için %67-69) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %50-64 ve 60. gün için %50-56) ile REMAP3 sonuçları (30. gün için %75-100 ve 60. gün için %50-100) karşılaştırıldığında, REMAP3'ün daha yüksek polimorfizm oranına sahip olduğu belirlendi.

Tablo 4.26. *SIRE1* - *UBC864* polimorfizm oranları (%)

SIRE1 UBC864		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	18	-																	
		A3	27	9	-																
		A4	18	0	9	-															
		A5	30	27	20	27	-														
	60. Gün	A6	36	18	27	18	30	-													
		A7	10	9	18	9	20	27	-												
		A8	18	0	9	0	27	18	9	-											
		A9	78	82	80	82	75	78	80	82	-										
		A10	20	18	27	18	11	20	10	18	78	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	77	80	79	80	75	77	79	80	88	77	-								
		K2	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	86	-							
		K3	79	81	80	81	77	79	80	81	89	79	13	88	-						
		K4	79	81	80	81	77	79	80	81	89	79	13	88	0	-					
		K5	85	87	86	87	83	85	86	87	86	85	14	83	25	25	-				
	60. Gün	K6	75	79	77	79	73	75	77	79	86	75	14	83	25	25	29	-			
		K7	90	92	91	92	89	90	91	92	100	90	88	100	75	75	86	86	-		
		K8	89	91	90	91	88	89	90	91	100	89	86	100	88	88	83	83	50	-	
		K9	89	91	90	91	88	89	90	91	100	89	86	100	88	88	83	83	50	0	-
		K10	89	91	90	91	88	89	90	91	50	89	86	100	88	88	83	83	100	100	100

4.3.3.5. SURE – UBC864

Ayçiçeği bitkisine özgü *SURE* retrotranspozonu ile *UBC864* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP3-PZR sonucunda 300 ile 1500 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 128'i polimorfik 132'si monomorfik olmak üzere toplamda 260 bant değerlendirildi ve polimorfik bant oranı %49 olarak hesaplandı (Şekil 4.27).



Şekil 4.27. *SURE* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

SURE-UBC864 primerlerine ait polimorfizm oranı %0-89 arasında belirlendi. Arthlı kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %0-56 ve 60. gün grubu için %0-44'tür. Gruplar karşılaştırıldığında ise oranın %0-63 olduğu tespit edildi. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranlarının ise; 30. gün grubu için %0-56 ve 60. gün grubu için %0-83'tür. Gruplar karşılaştırıldığında ise oranın %0-80 olduğu belirlendi. Arthlı kuzuları ile Karayaka kuzularının 30. gün grupları karşılaştırıldığında polimorfizmin %40-70 ve 60. gün karşılaştırıldığında ise %40-86 olduğu tespit edildi (Tablo 4.27). *SURE* retrotranspozonunun REMAP2 analizi ile sonuç elde edilemedi. *SURE* IRAP (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %0-80) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %40-50 ve 60. gün için %25-33) ile REMAP 3 sonuçları karşılaştırıldığında

(30. gün için %40-70 ve 60. gün için %40-86), IRAP sonucu elde edilen polimorfizm oranlarının REMAP yöntemlerine kıyasla daha yüksek olduđu gözlemlendi.

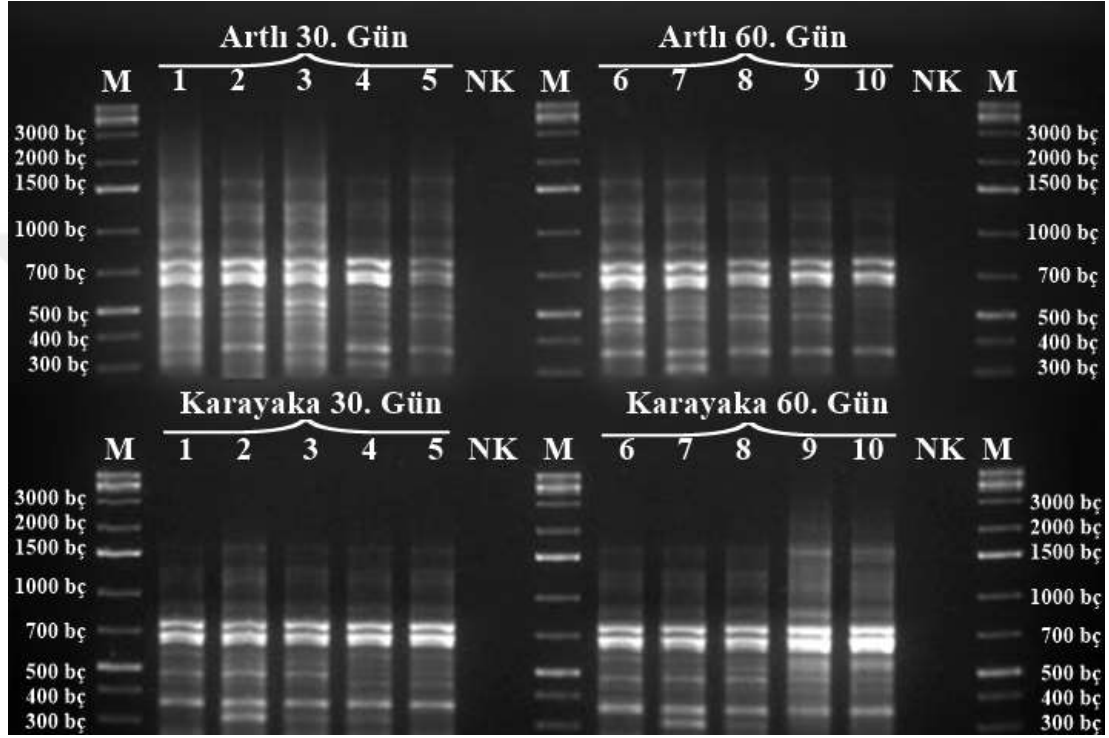


Tablo 4.27. SURE - UBC864 polimorfizm oranları (%)

		SURE UBC864	ARTLI										KARAYAKA									
			30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
			A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	0	-																		
		A3	40	40	-																	
		A4	56	56	43	-																
		A5	11	11	33	50	-															
	60. Gün	A6	11	11	33	50	0	-														
		A7	22	22	44	63	33	33	-													
		A8	0	0	40	56	11	11	22	-												
		A9	11	11	33	50	0	0	33	11	-											
		A10	44	44	29	50	38	38	29	44	38	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	45	45	64	67	40	40	50	45	40	56	-									
		K2	60	60	67	50	70	70	50	60	70	57	56	-								
		K3	60	60	67	50	70	70	50	60	70	57	56	0	-							
		K4	50	50	67	70	58	58	40	50	58	60	30	44	44	-						
		K5	45	45	64	67	55	55	33	45	55	56	22	38	38	11	-					
	60. Gün	K6	45	45	64	67	40	40	50	45	40	56	0	56	56	30	22	-				
		K7	67	67	89	83	78	78	75	67	78	86	78	67	67	80	78	78	-			
		K8	70	70	63	40	67	67	63	70	67	50	50	20	20	56	50	50	83	-		
		K9	70	70	63	40	67	67	63	70	67	50	50	20	20	56	50	50	83	0	-	
		K10	70	70	63	40	67	67	63	70	67	50	50	20	20	56	50	50	83	0	0	-

4.3.3.6. Tekay – UBC864

Mısır bitkisine özgü *Tekay* retrotranspozonu ile *UBC864* ISSR primeri kullanılarak yapılan REMAP3-PZR sonucunda 300 ile 1500 bç aralığında bir bant profili gözlemlendi. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde, 83'i polimorfik 197'si monomorfik olmak üzere toplamda 280 bant değerlendirildi ve polimorfik bant oranı, %29,64 olarak hesaplandı.



Şekil 4.28. *Tekay* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

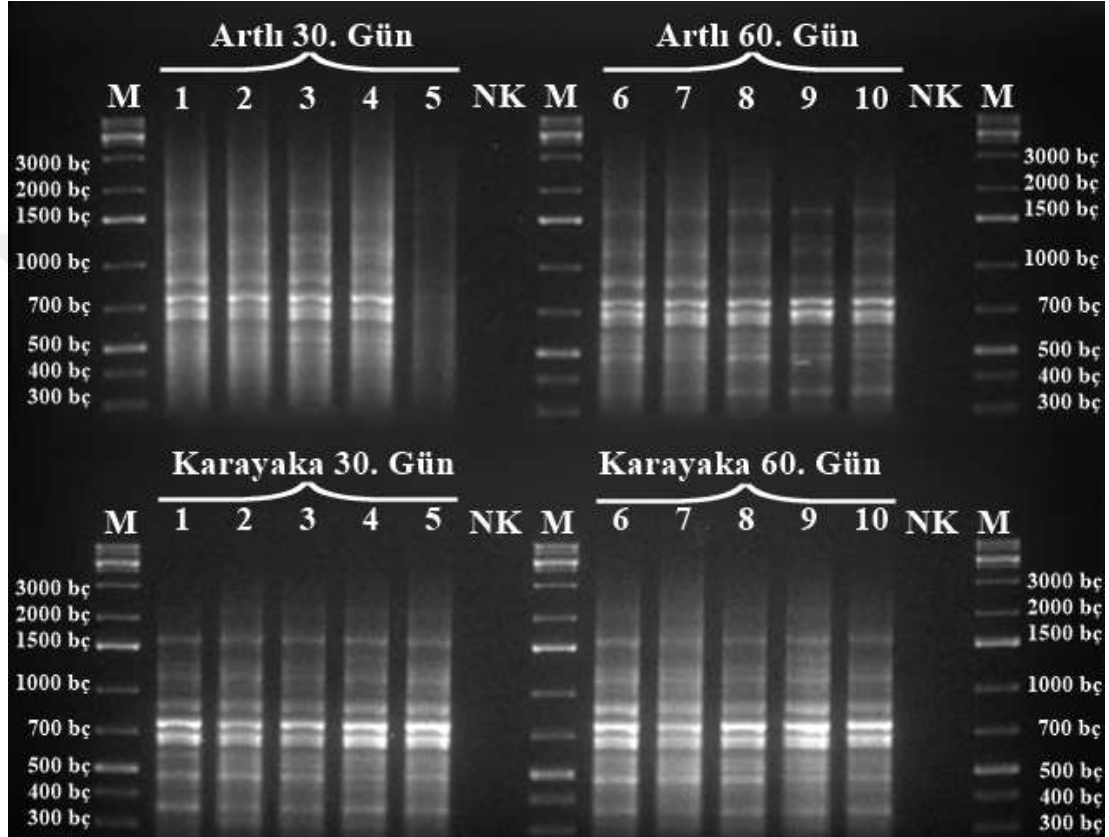
Tekay-UBC864 REMAP3-PZR polimorfizm oranı %0-64'tür. Arthlı kuzularına ait polimorfizm 30. gün gruplarında %8-25 olup 60. gün ve gruplar arasında ise %0-25 oranındadır. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise 30. gün grubu için %11-45, 60. gün grubu için %0-27 ve gruplar arası için %0-36'dır. Arthlı ve Karayaka ırklarının 30. günleri karşılaştırıldığında %42-64 ve 60. günleri karşılaştırıldığında %43-57 polimorfizm oranları saptandı (Tablo 4.28). *Tekay* IRAP (30. gün için %50-70 ve 60. gün için %45-60), REMAP1 (30. gün için %50-90 ve 60. gün için %64-78) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %57-71 ve 60. gün için %57) ile REMAP3 sonuçları (30. gün için %42-64 ve 60. gün için %40-86) karşılaştırıldığında, benzer sonuçlar gözlemlendi.

Tablo 4.28. *Tekay* - UBC864 polimorfizm oranları (%)

Tekay UBC864		ARTLI										KARAYAKA									
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün				
		1A	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10
ARTLI	30. Gün	A1	-																		
		A2	10	-																	
		A3	9	18	-																
		A4	17	25	8	-															
		A5	18	10	25	17	-														
	60. Gün	A6	18	10	9	17	18	-													
		A7	9	18	17	8	9	25	-												
		A8	18	10	25	17	0	18	9	-											
		A9	18	10	25	17	0	18	9	0	-										
		A10	18	10	25	17	0	18	9	0	0	-									
KARAYAKA	30. Gün	K1	64	62	57	50	54	54	57	54	54	54	-								
		K2	50	58	54	57	62	62	54	62	62	62	45	-							
		K3	42	50	46	50	54	54	46	54	54	54	36	11	-						
		K4	50	57	43	36	50	50	43	50	50	50	18	27	18	-					
		K5	64	62	57	50	54	54	57	54	54	54	20	30	36	18	-				
	60. Gün	K6	64	62	57	50	54	54	57	54	54	54	20	30	36	18	0	-			
		K7	50	57	43	36	50	50	43	50	50	50	18	27	18	0	18	18	-		
		K8	46	54	38	43	57	46	50	57	57	57	27	20	10	9	27	27	9	-	
		K9	64	62	57	50	54	54	57	54	54	54	20	30	36	18	0	0	18	27	-
		K10	64	62	57	50	54	54	57	54	54	54	20	30	36	18	0	0	18	27	0

4.3.3.7. *Wis LTR2* – *UBC864*

Buğday bitkisine özgü *Wis LTR2* retrotranspozonu ile *UBC864* ISSR kullanılarak yapılan IRAP-PZR sonucunda 300 ile 3000 bç aralığında bir bant profili görüldü. Agaroz jel üzerinde görüntülenen bantlar analiz edildiğinde 137'i polimorfik 183'ü monomorfik olmak üzere toplamda 320 bant sayıldı ve polimorfik bant oranı %42,81 olarak hesaplandı (Şekil 4.29).



Şekil 4.29. *Wis LTR2* - *UBC864* REMAP3-PZR sonuçları (M: Markır, NK: Negatif kontrol)

Wis LTR2-UBC864 REMAP3-PZR'sine ait polimorfizm oranı %0-100 olarak bulundu. Artlı kuzularına ait polimorfizm oranları; 30. gün grubu için %0-86, 60. gün grubu için %0-20 ve gruplar arası için %20-100'dür. Karayaka kuzularına ait polimorfizm oranları ise 30. gün grubu ve gruplar arası için %0-33 ve 60. gün grubu için %0-18 olarak tespit edildi. 30. günler ırklar arasında karşılaştırıldığında %55-92 ve 60. günler karşılaştırıldığında ise %54-73 olacak şekilde polimorfizm saptandı (Tablo 4.29). *Wis LTR2* IRAP (30. gün için %50-75 ve 60. gün için %40-90), REMAP1 (30. gün için %33-100 ve 60. gün için %20-50) ve REMAP2 sonuçları (%14) ile REMAP3 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %55-92 ve 60. gün için %54-73), benzer sonuçların elde edildiği görüldü.

Tablo 4.29. *Wis LTR2 - UBC864* polimorfizm oranları (%)

Wis LTR2 UBC864		ARTLI										KARAYAKA										
		30. Gün					60. Gün					30. Gün					60. Gün					
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	
ARTLI	30. Gün	A1	-																			
		A2	14	-																		
		A3	25	13	-																	
		A4	25	13	0	-																
		A5	86	71	75	75	-															
	60. Gün	A6	44	50	40	40	100	-														
		A7	40	30	20	20	80	20	-													
		A8	40	30	20	20	80	20	0	-												
		A9	40	30	20	20	80	20	0	0	-											
		A10	40	30	20	20	80	20	0	0	0	-										
KARAYAKA	30. Gün	K1	64	55	58	58	78	69	54	54	54	54	-									
		K2	69	62	64	64	82	73	60	60	60	60	18	-								
		K3	69	62	64	64	82	73	60	60	60	60	18	0	-							
		K4	69	71	73	73	92	73	69	69	69	69	33	17	17	-						
		K5	67	58	62	62	80	71	57	57	57	57	10	9	9	25	-					
	60. Gün	K6	64	55	58	58	78	69	54	54	54	54	0	18	18	33	10	-				
		K7	69	62	64	64	82	73	60	60	60	60	18	0	0	17	9	18	-			
		K8	69	62	64	64	82	73	60	60	60	60	18	0	0	17	9	18	0	-		
		K9	69	62	64	64	82	73	60	60	60	60	18	0	0	17	9	18	0	0	-	
		K10	67	58	62	62	80	71	57	57	57	57	10	9	9	25	0	10	9	9	9	-

Bu tez çalışmasında, sütten kesimden sonra ayrı bölmeler içerisine alınarak beslenen Artlı ve Karayaka kuzularının genomlarında; kuzuların beslenmesinde kullanılan rasyonda bulunan bitkilere (arpa, ayçiçeği, buğday, mısır, soya fasulyesi) özgü retrotranspozonların hareketlilikleri, IRAP ve REMAP moleküler markır teknikleri ile incelendi. Bu amaçla sütten kesimden sonraki 30. gün ve 60. gün'de kuzulardan kan alındı ve kandan gDNA izolasyonu yapılarak analizler gerçekleştirildi.

IRAP-PZR'da kullanılan 8 retrotranspozon primerinden en yüksek polimorfizm gösterenler *Fatima LTR* (%100) ve *SURE* (%100) olurken, *SIRE1* (%64) primeri en düşük oranı vermiştir. Artlı ırkına ait 30 günlük gruplara bakıldığında en yüksek *Fatima LTR* (%100) ve *SURE* (%100) olurken, *Wis LTR2* (%22) en düşük polimorfizmi göstermiştir. Yine Artlı ırkında 60 günlük gruplar karşılaştırıldığında en yüksek *Daniela LTR1* (%80) ve *SURE* (%80), en düşük *SIRE1* (%20) polimorfizm oranını vermiştir. Karayaka ırkına ait örneklerde 30 günlük gruplar kendi aralarında karşılaştırıldığında *Daniela LTR1* (%50-83) ve *SURE* (%83) en yüksek oranı verirken *Daniela LTR2* (%25) ve *Tekay* (%25) en düşük oranı vermiştir. 60 günlük gruplar karşılaştırıldığında ise *Daniela LTR1* (%80) en yüksek, *Daniela LTR2* ve *Tekay* (%0) en düşük polimorfizmi göstermiştir.

IRAP-PZR moleküler markır tekniğinde kullanılan retrotranspozon primerlerinin hareketlilikleri genotipler arasında daha ayrıntılı bir şekilde incelendiğinde; Artlı ırkının *Daniela LTR1* (%80), *Fatima LTR* (%100), *SIRE1* (%64) ve *SURE* (%100) polimorfizm oranı yüksek olurken, *Daniela LTR1* (%83), *Fatima LTR* (%80), *SURE* (%80) ve *Wis LTR2* (%80) retrotranspozonların da Karayaka ırkı yüksek oranda performans göstermiştir. *Sukkula* retrotranspozonunun da ise Artı ve Karayaka ırkı aynı oranda polimorfizm (%100) vermiştir.

REMAP1-PZR çalışmalarında ise 6 adet IRAP primeri (*Daniela LTR1*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay*, *Wis LTR2*) ile *UBC808* ISSR primeri kombine olarak kullanılmıştır. *Daniela LTR2* ve *Fatima LTR* retrotranspozonları çalışmada sonuç vermediğinden dolayı dahil edilmemiştir. Genel olarak bakıldığında %100 polimorfizm oranı ile *Daniela LTR1*, *Sukkula* ve *Wis LTR2* en yüksek orandayken, %60 ile *SURE* en düşük polimorfizm göstermiştir. İki ırk ayrı ayrı incelendiğinde; Artlı ırkında 30 günlük gruplarda en yüksek *Daniela LTR1* ve *Wis LTR2* (%100) polimorfizm gösterirken, *SIRE1* ve *SURE* (%40) en düşük oranları vermiştir. Artlı ırkının 60 günlük grubunda ise *Sukkula* %0-88 ile en yüksek, %0 ile *Wis LTR2* en

düşük polimorfizmi göstermiştir. Karayaka ırkına baktığımızda 30 günlük gruplarda *Sukkula* %50-100 ile en yüksek oranı verirken *SIRE1* ve *SURE* (%0) en düşük polimorfizm oranlarını göstermiştir. 60 günlük gruplara bakıldığında %88 ile *Sukkula* en yüksek, %0 ile *SIRE1* ve *SURE* en düşük oranları vermiştir.

UBC808 ile kombine olarak kullanılan retrotranspozon primerleri ırklar bazında tek tek incelendiğinde; Artlı ırkında *Daniela LTR1*, *SIRE1*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonları Karayaka ırkında sadece *Sukkula* retrotranspozonunun yüksek polimorfizm gösterdiği belirlenmiştir.

Bir diğer REMAP2-PZR moleküler markır tekniğinde *UBC837* ISSR primeri ile 7 IRAP primeri (*Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *Tekay*, *Wis LTR2*) kombine olarak kullanılmıştır. *SURE* retrotranspozonunun *UBC837* primeri ile sonuç vermemiştir. İkinci REMAP-PZR sonuçlarının tamamı incelendiğinde en yüksek *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR* ve *Sukkula* (%100) retrotranspozonlarının, en düşük *Wis LTR2* (%14) polimorfizm oranına sahip olduğu tespit edilmiştir. Artlı ve Karayaka ırklarına ayrıntılı olarak bakıldığında ise; Artlı ırkının 30 günlük grupları arasında *Daniela LTR2* ve *Fatima LTR* (%100) retrotranspozonları en yüksek oranı verirken, *Tekay* ve *Wis LTR2* (%0) en düşük polimorfizmi gösterdiği belirlenmiştir. Aynı şekilde 60 günlük gruplar incelendiğinde *Daniela LTR1*'in en yüksek (%75), *Daniela LTR2*, *SIRE1*, *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarının en düşük polimorfizm oranına sahip olduğu tespit edilmiştir. Karayaka ırkının 30 günlük gruplarına bakıldığında ise; %100 polimorfizm oranı ile *Daniela LTR2* (%33-100) ve *Sukkula* (%100) en yüksek, %0 ile *Tekay* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarının en düşük polimorfizm oranını verdiği görülmüştür. Devamında 60 günlük gruplarında *Daniela LTR2* (%33) en yüksek, *Daniela LTR1* ve *Wis LTR2* (%0) en düşük polimorfizm oranını vermiştir.

UBC837 ISSR primeri ile kullanılan IRAP primerleri iki genotip arasında karşılaştırılarak incelenmiştir. *Daniela LTR1* (%75), *Fatima LTR* (%100) ve *Tekay* (%40) retrotranspozonlarının Artlı ırkında yüksek polimorfizm gösterdiği tespit edilmiştir. *Daniela LTR2* (%100) ve *Sukkula* (%100) retrotranspozonları ise Karayaka ırkında yüksek polimorfizm hesaplanmıştır.

REMAP3-PZR işlemi için *UBC864* primeri ile kullanılan 7 retrotranspozon (*Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2*) primeri kombine olarak kullanılmıştır. *Sukkula* primerinde bant profili

gözlemlenemediğinden çalışmadan çıkarılmıştır. Sonuçlar incelendiğinde *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1* ve *Wis LTR2*'nin yüksek polimorfizm (%100) gösterdiği, *Daniela LTR1* ve *Tekay* (%64) retrotranspozonlarının en düşük oranda polimorfizm vermiştir. İki genotip ayrıntılı olarak incelendiğinde; Artlı ırkının 30 günlük gruplarında %100 oran ile en yüksek *Fatima LTR*, %8-25 ile en düşük *Tekay* polimorfizm göstermiştir. 60 günlük gruplar incelendiğinde ise %100 ile *Daniela LTR2*'nin en yüksek, %20 ile *Wis LTR2*'nin en düşük polimorfizm oranına sahip olduğu tespit edilmiştir. Karayaka ırkına baktığımızda ise 30 günlük gruplarda *Daniela LTR2*'nin en yüksek (%100), *Wis LTR2*'nin en düşük (%33) polimorfizm oranı gösterdiği görülmüştür. Karayaka ırkının 60 günlük gruplarına baktığımızda %100 ile *SIRE1* en yüksek oranı verirken, *Daniela LTR2* %0 ile en düşük polimorfizm oranını vermiştir.

UBC864 ile kullanılan 7 retrotranspozon primeri iki genotip arasında karşılaştırıldığında ise; *Daniela LTR1*, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR* ve *Wis LTR2* retrotranspozonlarının Artlı ırkında, *SIRE1*, *SURE* ve *Tekay* retrotranspozonlarının Karayaka ırkında yüksek polimorfizm gösterdiği tespit edilmiştir.

Daniela LTR1, *Daniela LTR2*, *Fatima LTR*, *SIRE1*, *Sukkula*, *SURE*, *Tekay* ve *Wis LTR2* primerleri ile yapılan IRAP-PZR sonuçları ile REMAP-PZR (IRAP primerleri ile *UBC808*, *UBC837* ve *UBC864* kombine olarak yapılan) sonuçlarının karşılaştırılması yapılmıştır. *Daniela LTR1* IRAP (30. gün için %0-86 ve 60. gün için %60-86), REMAP1 (30. gün için %75-100 ve 60. gün için %50-86) ve REMAP2 (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %60-100) sonuçları ile REMAP3 (30. gün için %0-64 ve 60. gün için %17-60) karşılaştırıldığında, REMAP1 ve REMAP2 sonuçların büyük bir farklılık göstermediği, REMAP3'te ise daha düşük polimorfizm oranı elde edildiği görülmüştür.

Daniela LTR2 primeri ile yapılan IRAP (30. gün için %71-89 ve 60. gün için %71-78) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %25-100 ve 60. gün için %0-33) ile REMAP3 sonuçları (%100) karşılaştırıldığında, REMAP3'ün daha yüksek polimorfizm oranına sahip olduğu belirlenmiştir. REMAP1 analizi yapılmamıştır.

Fatima LTR retrotranspozonu ile REMAP1 yapılmamıştır. IRAP, REMAP2 ve REMAP3 sonuçları karşılaştırılmıştır. Karşılaştırmada IRAP (30. gün için %63-100 ve 60. gün için %40-80), REMAP2 (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %25-60) ve

REMAP3 sonuçları (30. gün için %0-100 ve 60. gün için %75-86) arasında büyük bir fark olduğu gözlenmemiştir.

SIRE1 retrotranspozonu ile IRAP, REMAP1, REMAP2 ve REMAP3 karşılaştırmaları yapıldığında; IRAP (30. gün için %0-60 ve 60. gün için %36-55), REMAP1 (30. gün için %67-75 ve 60. gün için %67-69) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %50-64 ve 60. gün için %50-56) benzer sonuçlar görülmüştür. Ancak REMAP3 sonuçlarının (30. gün için %75-100 ve 60. gün için %50-100) daha yüksek polimorfizm oranına sahip olduğu belirlenmiştir.

Sukkula IRAP sonuçları (30. gün için %50-94 ve 60. gün için %69-94) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %50-100 ve 60. gün için %0-88) ile REMAP2 sonuçları (30. gün için %56-100 ve 60. gün için %50-70) karşılaştırıldığında, sonuçların benzerlik gösterdiği görülmüştür.

SURE retrotranspozonu ile IRAP, REMAP1 ve REMAP3 analizleri yapılmıştır. IRAP (30. gün için %100 ve 60. gün için %80) ve REMAP1 sonuçları (30. gün için %40-50 ve 60. gün için %25-33) ile REMAP3 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %40-70 ve 60. gün için %40-86), IRAP-PZR sonucu elde edilen polimorfizm oranlarının REMAP-PZR yöntemlerine kıyasla daha yüksek olduğu gözlenmiştir.

Tekay IRAP (30. gün için %50-70 ve 60. gün için %45-60), REMAP1 (30. gün için %50-90 ve 60. gün için %64-78) ve REMAP2 sonuçları (30. gün için %57-71 ve 60. gün için %57) ile REMAP3 sonuçları (30. gün için %42-64 ve 60. gün için %40-86) karşılaştırıldığında, sonuçların benzerlik gösterdiği görülmüştür.

Wis LTR2 retrotranspozonu ile 4 markır yöntemi kullanılarak analizler yapılmıştır. IRAP (30. gün için %50-75 ve 60. gün için %40-90), REMAP1 (30. gün için %33-100 ve 60. gün için %20-50) ve REMAP2 sonuçları (%14) ile REMAP3 sonuçları karşılaştırıldığında (30. gün için %55-92 ve 60. gün için %54-73), sonuçların birbirine benzerlik gösterdiği görülmüştür.

Farklı bitki türlerine özgü; *Copia-like* (*Solanum lycopersicum*) *SIRE1* (*Glycine max*), *Nikita* ve *Sukkula* (*Hordeum vulgare* L.) retrotranspozonlarının hareketliliği IRAP moleküler markır yöntemi kullanılarak genomlarında tespit edilmiştir. Diyet genom etkileşimi bakımından önemli olan bu çalışmada arpa bitkisine ait olan *Nikita* ve *Sukkula* retrotranspozonlarının 30 günlük gruplarında sırasıyla %0-63 ve %0-11 polimorfizm gösterirken 60 günlük gruplarında *Nikita* %0-57, *Sukkula* %6-50 polimorfizm oranı gösterdiği tespit edilmiştir. Domates bitkisine özgü *Copia-like* retrotranspozonunun 30. gün ve 60. gün gruplarında sırasıyla %0-18 ve %0-33 oranında polimorfizm görülmüştür. Soya fasulyesine özgü olan *SIRE1* retrotranspozonunun 30 günlük grubunun %0-13, 60 günlük grubunun %0-50 polimorfizm oranına sahip olduğu tespit edilmiştir (Atıl vd., 2022).

Yer değiştirebilir elementler, koyunların gelişiminde, özellikle erken gelişim dönemlerinde rol oynayabilirler. Transpozonların maternal etkilerine ek olarak (preimplantasyon aşaması ve gebelik sırasında ekstra embriyonik gelişim dahil), *PEG11* (*RTL1*), baba etkisi olarak alternatif bir efektör adayıdır. *PEG11*, *Ty3-Gypsy* retrotranspozon benzeri bir elementtir ve plasentalı memelilerde korunur. Koyun genomunda 18. kromozomda bulunur. 1.333 amino asidi kodlayan uzun bir ORF ile gag-pol benzeri bir retroviral yapıya sahiptir (Xu vd., 2015).

Beslenme yoluyla hayvanların gelişim evrelerinde yer değiştirebilen elementlerin etkileri vardır. Bazı araştırmalar, annenin betain, kolin ve folik asit gibi metil donörlerin varlığını içeren ek beslenmesinin bir sonucu olarak agouti farelerinin yavrularında kürk renginde değişiklikler olduğunu göstermiştir (Waterland ve Jirtle, 2003). Agouti geninin üst kısmında yer değiştirebilen bir elementin DNA metilasyonu bulunmuştur. Bununla birlikte beslenme ve epigenetik faktörler arasındaki ilişkiler çok dikkat çekmiştir (Pappalardo vd., 2021).

Transpozonlar, virüsler veya keneler gibi vektörler aracılığıyla aktarılabilir ve bu geçişler, yatay transpozon aktarımı (HTT) olarak adlandırılır. Örneğin, *BovB*'nin (*Bovine-B*) squamatadan ruminantlara HTT yoluyla geçtiği iddia edilmiştir. İnflamatuvar dip hastalığı (*IBH*) bölgesinde koyun ve keçilerin altı *BovB* kopyası, sığırların üç *BovB* kopyası taşıdığı ve diğer omurgalı türlerinin *BovB*'nin herhangi bir kopyasını taşımadığı tespit edilmiştir (Pan vd, 2019).

Mevcut bir bitki genomunda retrotranspozonların varlığı diğer bitki türlerinde bulunabilmektedir. Maraklı (2018), *Nikita* ve *Sukkula* retrotranspozonlarının anason

bitkisinde bulunduğunu ancak sadece monomorfik bant profilleri gösterdiğini belirtmiştir. Farklı bir çalışmada, bu iki retrotranspozon *Pinus nigra* var. *pyramitata* ve *Seneriana* varyantları. *Pyramidata* çeşidinde, *Nikita* retrotranspozonunun polimorfizm oranı %0-56 ve *Sukkula* retrotranspozonunun polimorfizm oranı %0-76 idi. *Seneriana* çeşidinde *Nikita* ve *Sukkula* retrotranspozonlarında herhangi bir polimorfizm oranı tespit edilmemiştir (Marakli vd., 2019).

Transpozon sistemleri gen transferi için de kullanılmıştır. Bai ve ark. (2017), çalışmalarında kaşmir keçisinde (*Capra hircus*) yeşil flüoresan protein (EGFP) ve transgenik Kaşmir keçi fetal fibroblastları (GFF'ler) üretmek için *PiggyBac* (PB) transpozon sistemini kullandı. Sonuç olarak, PB transpozon sisteminin transgenik teknolojiye faydalı olduğu bulunmuştur. Farklı bir çalışmada Alzheimer hastalığından sorumlu olan geni taşıyan bir PB transgen vektörü oluşturularak, marmoset embriyolarına enjekte edilmiştir. Transgen ekleme işleminden sonra tüm embriyoların hayatta kaldığı ve marmoset embriyolarının %70'inde transgenler tespit edilmiştir. Bu çalışmanın sonucunda geliştirilen transpozon aracılı gen aktarım yönteminin insana benzemeyen primatlar dışında büyük hayvanlara da uygulanabilir olduğu bildirilmiştir (Kohri vd., 2023).

Sığır hücrelerinde doğuştan gelen bağışıklığı incelemek için, soya özgü transpozabl elementlerin gen düzenleyici evrimi ve varyasyona katkıda bulunduğunu araştırılmıştır. Tip II interferon (IFN) tepkilerinin epigenomik haritası çıkarılmış ve IFN ile indüklenebilir arttırıcı elementler olarak görev yaptığı tahmin edilen *MER41_BT* ve *Bov-A2* elementleri dahil olmak üzere geniş getiren hayvanlara özgü binlerce transpozabl element keşfetmişlerdir. Soya özgü transpozonların, IFN yanıtlarının evrimlerini şekillendirdiğini ve potansiyel olarak modern ırklar ile bireyler arasındaki bağışıklık genlerinin düzenleyici olarak farklılıklara katkıda bulunmaya devam ettiğini bildirilmiştir (Kelly vd., 2022).

Üç farklı Kafkas bal arısı (*A. mellifera caucasica*) kolonisinde arpaya özgü *Nikita* ve *Sukkula* retrotranspozonlarının motilitesi ve gelişimi arasındaki ilişki araştırılmıştır. Ayrıca cinse ait *Hordeum vulgare* L., *Triticum turgidum* L., *Bombus terrestris* ve *Apis mellifera* L. transpozon sekansları incelenmiş ve bunların evrimsel ilişkileri de incelenmiştir (Mercan vd., 2022b). Her koloniden bir ana arı, beş işçi arı ve beş larva örneklenmiş ve polimorfizm oranları hesaplanmıştır. Üç koloniden alınan tüm örneklerde polimorfizm oranları *Nikita* için %0-100 ve *Sukkula* için %0-67

arasında deęişim gösterdiği belirtilmiştir. Bu doğrultuda bitki-böcek genomlarındaki transpozonlar arasındaki yakın ilişki doğrulanmıştır. Bitki retrotranspozonlarının varlığı ilk kez bal arısı genomunda keşfedilmiştir. Ayrıca Türkiye yerli ırkı Gerze tavuęu genomunda ilk kez arpaya özgü (*Nikita* ve *Sukkula*) retrotranspozonların varlığı tespit edilmiş ve polimorfizm oranları hesaplanmıştır. *Nikita* retrotranspozon polimorfizm oranı %0-60 arasında bulunurken, *Sukkula*'da herhangi bir polimorfizm gözlenmemiştir (Mercan vd., 2022a).

Repbase Update veri tabanından; 16 çiftlik hayvanları ve kanatlı hayvan türünde bulunan transpozabl elementlerin benzerlikleri ve dinamikleri hakkında yapılan derleme çalışmasında LINE ve SINE elementlerinin memeli genomunun çoęunluęunu oluşturduğu ve genom yeniden düzenlemeleri, epigenetik düzenleme ve insan yapısal varyasyonu ile ilgili hastalıklarla yakından ilişkili olduğu gösterilmiştir (Richardson vd., 2015; Bao vd., 2015). Ayrıca bu sınıflar DNA dizileri, yapısal özellikleri ve filogeninin araştırılmasına dayalı olarak farklı ailelere ve süper ailelere ayrılabilirdiği görölmüştür. Analizler sonucunda çiftlik hayvanlarının %26.1 - 42.9 oranla kümes hayvanlarına (%4,3 ila 8,9) göre daha yüksek oranda transpozabl element içerdiği görölmüştür (Zhao vd., 2023).

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu tez çalışması sonucunda elde edilen bulgular sütten kesimden sonra 30. ve 60. günlük yaştaki Artlı ve Karayaka kuzularının genomlarında; bazı bitki kökenli retrotranspozonların varlıkları ve hareketliliklerinin IRAP ve REMAP moleküler markır teknikleri ile analiz edildiği ilk çalışmalardan biridir. Bu çalışmada arpa, ayçiçeği, buğday, mısır, soya fasulyesi gibi çiftlik hayvanı rasyonlarında en çok kullanılan bazı bitkilere özgü retrotranspozonlar incelenmiştir. Elde edilen sonuçlar farklı gelişim evrelerinde hareketliliklerin ve polimorfizm oranlarının değiştiğini göstermiştir. İncelenen ırklarda 60. günde retrotranspozon hareketliliği genel olarak azalmıştır ve polimorfizm oranları 30. ve 60. gün arasında ırk içerisinde değişkenlik göstermekle birlikte ırklar arasında 60. günde azalma eğilimi bulunduğu belirlenmiştir ($p<0.05$). Bu durum nutrigenomik açıdan bir ilişkinin retrotranspozon hareketliliğinden etkilenmiş olabileceğini düşündürmüştür. Aynı zamanda bitki kökenli *Ty1/copia* ve *Ty3/gypsy* üst ailelerine ait retrotranspozonların koyun genomunda varlığının yatay gen transferinin mümkün olabileceğine dair bir kanıt sunduğu düşünülmektedir.

Bu bilgiler ışığında beslenme farklılıklarına ve gelişim dönemlerine bağlı olarak gen ekspresyon profilleri, retrotranspozonlar ve gelişimsel varyasyonlar arasındaki ilişkilerin belirlenmesi için birden fazla generasyonda ve tam kontrollü şartlarda yetiştirilen hayvanların kullanıldığı daha detaylı çalışmalara ihtiyaç olduğu sonucuna varılmıştır.

KAYNAKLAR

- Ağaoğlu, Ö. K. (2010). *Türkiye'deki bazı yerli keçi ırklarında mikrosatellit polimorfizminin belirlenmesi*. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Genetik Anabilim Dalı, 235, Ankara.
- Al-Atiyat, R., Flood, W., Franklin, I., Kinghorn, B., & Ruvinsky, A. (2016). Microsatellite-based genetic variation and differentiation of selected Australian Merino sheep flocks. *Small Ruminant Research*, 136, 137-144.
- Altın, T., Karaca, O., Cemal, İ., Yılmaz, M., & Yılmaz, O. (2005). Kıvırcık ve Karya kuzularda besi ve karkas özellikleri. *Hayvansal Üretim*, 46(1).
- Arvas, Y. E., Marakli, S., Kaya, Y., & Kalendar, R. (2023). The power of retrotransposons in high-throughput genotyping and sequencing. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1174339.
- Aslan, M., & İsmet, B. (2005). Doğrudan Gelir Desteğinin Tarımsal Amaçlı Kullanımını Etkileyen Faktörler. *Tarım Ekonomisi Dergisi*, 11(1 ve 2), 61-70.
- Atav, R., & Buğdaycı, B. (2022). Türkiye'de Kaliteli Yapağı Verimine Sahip Koyun ırkı Eldesinde Merinoslaştırma Faaliyetlerinin Geçmişi, Bugünü ve Geleceğine Genel Bakış ve Türk Merinosu (Karacabey Merinosu) ırkının Yapağı Özelliklerine İlişkin Önceki Çalışmalar. *Tekstil ve Mühendis*, 29(127), 185-197.
- Atil, G. N., Mercan, L., & Marakli, S. (2022). Molecular Characterisation of Some Plant-Derived Retrotransposons by IRAP-PCR Method in Bafra Lambs at Different Developmental Stages. IV. *Balkan Agricultural Congress*, Edirne, 31 Ağustos-02 Eylül 2022, ss.276-287.
- Bao, W., Kojima, K. K., & Kohany, O. (2015). Repbase Update, a database of repetitive elements in eukaryotic genomes. *Mobile DNA*, 6, 1-6.
- Bennetzen, J. L. (2000). Transposable element contributions to plant gene and genome evolution. *Plant Molecular Biology*, 42, 251-269.
- Bergman, C. M., & Quesneville, H. (2007). Discovering and detecting transposable elements in genome sequences. *Briefings in Bioinformatics*, 8(6), 382-392.
- Bhat, R. S., Shirasawa, K., Monden, Y., Yamashita, H., & Tahara, M. (2020). Developing transposable element marker system for molecular breeding. *Legume genomics: Methods and Protocols*, 233-251.
- Biémont, C. (2009). Are transposable elements simply silenced or are they under house arrest?. *Trends in genetics*, 25(8), 333-334.
- Biscotti, M. A., Carducci, F., Olmo, E., & Canapa, A. (2019). Vertebrate genome size and the impact of transposable elements in genome evolution. *Evolution, Origin of Life, Concepts and Methods*, 233-251.
- Bourque, G., Burns, K. H., Gehring, M., Gorbunova, V., Seluanov, A., Hammell, M., ... & Feschotte, C. (2018). Ten things you should know about transposable elements. *Genome biology*, 19, 1-12.
- Buckley, R. M., & Adelson, D. L. (2014). Mammalian genome evolution as a result of epigenetic regulation of transposable elements. *Biomolecular concepts*, 5(3), 183-194.
- Cakmak, B., S. Marakli, and N. Gözükmizi, *SIRE1* Retrotransposons in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *Russian Journal of Genetics*, 2015. 51(7): p.661-672
- Cam M A & Kuran M (2004) Effects of a single injection of *hCG* or *GnRH* agonist on day 12 post mating on fetal growth and reproductive performance of sheep. *Animal Reproduction Science*, 80 (1-2): 81-90.

- Cameron, J. R., Loh, E. Y., & Davis, R. W. (1979). Evidence for transposition of dispersed repetitive DNA families in yeast. *Cell*, 16(4), 739-751.
- Canapa, A., Barucca, M., Biscotti, M. A., Forconi, M., & Olmo, E. (2016). Transposons, genome size, and evolutionary insights in animals. *Cytogenetic and Genome Research*, 147(4), 217-239.
- Casacuberta, J. M., & Santiago, N. (2003). Plant LTR-retrotransposons and MITEs: control of transposition and impact on the evolution of plant genes and genomes. *Gene*, 311, 1-11.
- Cedden, F., Esenbuğa, İ. C. İ. D. N., Karaca, S., Keskin, M. K. M., Koyuncu, N. K. N. K. M., Köycü, E., ... & Yurtman, İ. Y. (2020). Türkiye Küçükbaş Hayvancılığında Mevcut Durum ve Gelecek. *Türkiye Ziraat Mühendisliği IX. Teknik Kongresi Bildiriler Kitabı-2*, 133.
- Chaparro, C., Gayraud, T., de Souza, R. F., Domingues, D. S., Akaffou, S., Laforga Vanzela, A. L., ... & Guyot, R. (2015). Terminal-repeat retrotransposons with GAG domain in plant genomes: a new testimony on the complex world of transposable elements. *Genome Biology and Evolution*, 7(2), 493-504.
- Chesnay, C., Kumar, A., & Pearce, S. (2007). Genetic diversity of *SIRE-1* retroelements in annual and perennial *Glycine* species revealed using SSAP. *Cellular and Molecular Biology Letters*, 12(1), 103-110.
- Craig, N. L. (2020). *Mobile DNA III*, ASM Press, Washington, ISBN 978-1-55581-920-0.
- Dağıstan, E., Koç, B., Gül, A., & Gül, M. (2008). Koyunculuk üretim faaliyetinin faktör analizi: Orta-Güney Anadolu örneği. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 18(2), 67-77.
- Drost, H. G., & Sanchez, D. H. (2019). Becoming a selfish clan: recombination associated to reverse-transcription in LTR retrotransposons. *Genome Biology and Evolution*, 11(12), 3382-3392.
- Duval-Valentin, G., Marty-Cointin, B., & Chandler, M. (2004). Requirement of IS911 replication before integration defines a new bacterial transposition pathway. *The EMBO Journal*, 23(19), 3897-3906.
- Etchegaray, E., Baas, D., Naville, M., Haftek-Terreau, Z., & Volff, J. N. (2022). The Neurodevelopmental Gene MSANTD2 B belongs to a Gene Family Formed by Recurrent Molecular Domestication of Harbinger Transposons at the Base of Vertebrates. *Molecular Biology and Evolution*, 39(8), msac173.
- Evgen'ev, M. B., & Arkhipova, I. R. (2005). *Penelope-like* elements—a new class of retroelements: distribution, function and possible evolutionary significance. *Cytogenetic and genome research*, 110(1-4), 510-521.
- FAOSTAT, (2023). <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize> (Erişim tarihi: 02.05.2023).
- Fedoroff, N. V. (2012). Transposable elements, epigenetics, and genome evolution. *Science*, 338(6108), 758-767. Finnegan, D. J. 1989. Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends in Genetics*, 5, 103-107.
- Gebreselassie, G., Berihulay, H., Jiang, L., & Ma, Y. (2019). Review on genomic regions and candidate genes associated with economically important production and reproduction traits in sheep (*Ovis aries*). *Animals*, 10(1), 33.
- Ghonaim, M., Kalendar, R., Barakat, H., Elsherif, N., Ashry, N., & Schulman, A. H. (2020). High-throughput retrotransposon-based genetic diversity of maize germplasm assessment and analysis. *Molecular Biology Reports*, 47(3), 1589-1603.

- Gozukirmizi, N. (2019). Transposons continue the amaze. *International Journal of Science Letters*, 1(1), 1-13.
- Gozukirmizi, N., Yilmaz, S., Marakli, S., & Temel, A. (2015). Retrotransposon-based molecular markers; tools for variation analysis in plants. *Research Signpost, Kerala*, pp19-45.
- Görgülü, M. (2009). Büyük ve küçükbaş hayvan besleme. *Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootekni Bölümü, Adana*, 282.
- Görür, O. T., Taşkın, Y., Çıplak, E., Göktaş, G., Polat, N., Akın, K., ... & Sarıca, Y. (2012). Küçükbaş hayvancılığı genel bakış. *Küçükbaş Hayvancılık Çalıştay Raporu, Hakkari, Turkey*.
- Grzebelus, D. (2006). Transposon insertion polymorphism as a new source of molecular markers. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 14, 21.
- Guio, L., Vieira, C., & González, J. (2018). Stress affects the epigenetic marks added by natural transposable element insertions in *Drosophila melanogaster*. *Scientific Reports*, 8(1), 12197.
- Gutiérrez-Gil, B., Esteban-Blanco, C., Wiener, P., Chitneedi, P. K., Suarez-Vega, A., & Arranz, J. J. (2017). High-resolution analysis of selection sweeps identified between fine-wool Merino and coarse-wool Churra sheep breeds. *Genetics Selection Evolution*, 49, 1-24.
- Havecker, E. R., Gao, X., & Voytas, D. F. (2004). The diversity of LTR retrotransposons. *Genome Biology*, 5(6), 1-6.
- Havecker, E. R., Gao, X., & Voytas, D. F. (2005). The Sireviruses, a plant-specific lineage of the Ty1/copia retrotransposons, interact with a family of proteins related to dynein light chain 8. *Plant Physiology*, 139(2), 857-868.
- Haynes, N. B., & Vatansever, H. (2006). Sağlıklı çiftlik hayvanları yetiştiriciliği. *Tarım ve Köyişleri Bakanlığı*. Ankara.
- Herrera-Cabrera, B. E., López-Valdez, L. G., Salgado-Garciglia, R., Montiel-Montoya, J., Lucho-Constantino, G. G., Zaragoza-Martínez, F., ... & Barrales-Cureño, H. J. (2023). Transposable Elements and Plant Development. In *Plant Transposable Elements* (pp. 101-123). Apple Academic Press, ISBN 9781774911822,
- Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmuth, R., & Janke, A. (2002). Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 269(1494), 893-904.
- Hirsch, C. D., & Springer, N. M. (2017). Transposable element influences on gene expression in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms*, 1860(1), 157-165.
- Holasou, H. A., Rahmati, F., Rahmani, F., Imani, M., & Talebzadeh, Z. (2019). Elucidate genetic diversity and population structure of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars using IRAP and REMAP markers. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 22(2), 139-151.
- Hosid, E., Brodsky, L., Kalendar, R., Raskina, O., and Belyayev, A. (2012). Diversity of long terminal repeat retrotransposon genome distribution in natural populations of the wild diploid wheat *aegilops speltoides*. *Genetics* 190, 263–274.
- Huang, J., Zhang, K., Shen, Y., Huang, Z., Li, M., Tang, D., ... & Cheng, Z. (2009). Identification of a high frequency transposon induced by tissue culture, *nDaiZ*, a member of the *hAT* family in rice. *Genomics*, 93(3), 274-281.

- ITIS, 2005. <https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt> (Eriřim tarihi: 01.06.2023)
- Jaccard P (1908) Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull Soc Vaud Sci Nat* 44:223–270
- Jurka, J. (2008). Conserved eukaryotic transposable elements and the evolution of gene regulation. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 65(2), 201.
- Kalendar, R. and Schulman, A. H. 2006. IRAP and REMAP for retrotransposon-based genotyping and fingerprinting. *Nature Protocols*, 1:5, 2478.
- Kalendar, R., Raskina, O., Belyayev, A., & Schulman, A. H. (2020). Long tandem arrays of Cassandra retroelements and their role in genome dynamics in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(8), 2931.
- Kalendar, R., Sabot, F., Rodriguez, F., Karlov, G. I., Natali, L., & Alix, K. (2021). mobile elements and plant genome evolution, comparative analyzes and computational tools. *Frontiers in plant science*, 12, 735134.
- Kalendar, R., Tanskanen, J., Chang, W., Antonius, K., Sela, H., Peleg, O., & Schulman, A. H. (2008). Cassandra retrotransposons carry independently transcribed 5S RNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(15), 5833-5838.
- Kayalık, M. S., & Bingöl, M. (2015). Tüm yönleriyle Morkaraman koyunları. *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 5(2), 89-97.
- Kaymakçı, M. (2006). İleri Koyun Yetiřtiricilięi (Geniřletilmiř ikinci baskı). *Bornova, İzmir*.
- Kaymakçı, M., & Engindeniz, S. (2010). Türkiye’de keçi yetiřtiricilięi: sorunlar ve çözümler. *Ulusal Keçicilik Kongresi 24–26 Haziran 2010*, 1-25.
- Kelly, C. J., Chitko-McKown, C. G., & Chuong, E. B. (2022). Ruminant-specific retrotransposons shape regulatory evolution of bovine immunity. *Genome Research*, 32(8), 1474-1486.
- Kırıkçı, K. (2017). *Karakaya koyun ırkının karakterizasyonu*. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalı, 126, Samsun.
- Kırıkçı, K., Cam, M. A., & Mercan, L. (2020). Genetic diversity and relationship among indigenous Turkish Karayaka sheep subpopulations. *Archives Animal Breeding*, 63(2), 269-275.
- Kırıkçı, K., Çam M. A. & Mercan, L. (2021). Investigation of the CAST Gene Polymorphism in Karayaka Sheep. *Manas Journal of Agriculture Veterinary and Life Sciences*, 11(1), 89-93.
- Kohri, N., Ota, M., Kousaku, H., Minakawa, E. N., Seki, K., & Tomioka, I. (2023). Optimization of piggyBac transposon-mediated gene transfer method in common marmoset embryos. *PloS one*, 18(6), e0287065.
- Kor, A., Daę, B., & Kor, D. (2009). Türkiye’de kuzu besi sistemleri. *Türkiye Koyunculuk Kongresi, Ege Üniversitesi. Ziraat Fakóltesi, Zootečni Bölümü. Bildiriler Kitabı*, 93-105.
- Kuhn, B. C., Mangolin, C. A., Souto, E. R., Vicient, C. M., & Machado, M. F. (2016). Development of retrotransposon-based markers IRAP and REMAP for cassava (*Manihot esculenta*). *Genetics and Molecular Research*, 15 (2): gmr.15027149.
- Kumar, A., & Bennetzen, J. L. (1999). Plant retrotransposons. *Annual Review of Genetics*, 33(1), 479-532.
- Kwolek, K., Kędzierska, P., Hankiewicz, M., Mirouze, M., Panaud, O., Grzebelus, D., & Macko-Podgóřni, A. (2022). Diverse and mobile: eccDNA-based identification of

- carrot low-copy-number LTR retrotransposons active in callus cultures. *The Plant Journal*, 110(6), 1811-1828.
- Le Rouzic, A., Boutin, T. S., & Capy, P. (2007). Long-term evolution of transposable elements. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(49), 19375-19380.
- Leigh, F., Kalendar, R., Lea, V., Lee, D., Donini, P., & Schulman, A. H. (2003). Comparison of the utility of barley retrotransposon families for genetic analysis by molecular marker techniques. *Molecular Genetics and Genomics*, 269, 464-474.
- Leitner, G., Silanikove, N., & Merin, U. (2008). Estimate of milk and curd yield loss of sheep and goats with intramammary infection and its relation to somatic cell count. *Small Ruminant Research*, 74(1-3), 221-225.
- Lerat, E. (2010). Identifying repeats and transposable elements in sequenced genomes: how to find your way through the dense forest of programs. *Heredity*, 104(6), 520-533.
- Liang, Z., Anderson, S. N., Noshay, J. M., Crisp, P. A., Enders, T. A., & Springer, N. M. (2021). Genetic and epigenetic variation in transposable element expression responses to abiotic stress in maize. *Plant Physiology*, 186(1), 420-433.
- Lin, X., Faridi, N., & Casola, C. (2016). An ancient transkingdom horizontal transfer of *Penelope-like* retroelements from arthropods to conifers. *Genome Biology and Evolution*, 8(4), 1252-1266.
- Llorens, C., Muñoz-Pomer, A., Bernad, L., Botella, H., & Moya, A. (2009). Network dynamics of eukaryotic LTR retroelements beyond phylogenetic trees. *Biology Direct*, 4, 1-31.
- Loftus, R. T., Ertugrul, O., Harba, A. H., El-Barody, M. A. A., MacHugh, D. E., Park, S. D. E., & Bradley, D. G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Molecular Ecology*, 8(12), 2015-2022.
- Luikart, G., Biju-Duval, M. P., Ertugrul, O., Zagdsuren, Y., Maudet, C., & Taberlet, P. (1999). Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics*, 30(6), 431-438.
- Maijala, K. (1997). Genetic aspects of domestication, common breeds and their origin. *The Genetics of Sheep*, 13-49.
- Mansour, A. (2007). Epigenetic activation of genomic retrotransposons. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 6(2), 99-107.
- Marakli, S. (2018). Transferability of Barley Retrotransposons (*Sukkula* and *Nikita*) to Investigate Genetic Structure of *Pimpinella anisum* L. *Marmara Fen Bilimleri Dergisi*, 30(3), 299-304.
- Marakli, S., Calis, A., & Gozukirmizi, N. (2019). Determination of barley-specific retrotransposons' movements in *Pinus nigra* ssp. *pallasiana* varieties: *pyramidata* and *Seneriana*. *Russian Journal of Genetics*, 55(1), 71-78.
- Marzang, N., Mandoulakani, B. A., Shaaf, S., Ghadmizadeh, M., Bernousi, I., Holasou, H. A. and Sadeghzadeh, B. 2020. IRAP and REMAP-Based Genetic Diversity among Iranian, Turkish, and International Durum Wheat (*Triticum turgidum* L.) Cultivars. *Journal of Agricultural Science & Technology*, 22:1, 271-285.
- McClintock, B. (1953). Induction of instability at selected loci in maize. *Genetics*, 38(6), 579.
- McClintock, B. (1956). Controlling elements and the gene. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. 197-216.
- Mercan, L., Bulbul, C. E., & Marakli, S. (2022b). Genetic diversity among queen bee, worker bees and larvae in terms of retrotransposon movements. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 69(4), 1671-1683.

- Mercan, L., Bulbul, C. E., Bilgi, F., & Marakli, S. (2022a). Determination of plant-specific retrotransposons in chicken. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*, 46(1), 67-73.
- Mercan, L., Cam, M. A., Olfaz, M., Kirikci, K., Tufekci, H., & Kilic, U. (2022c). Fatty acid profile and sensory properties of lamb meat from males of five indigenous breeds. *Archives Animal Breeding*, 65(3), 341-352.
- Montagne, A. (2015). *Etude de l'expression d'une transposase domestiquée: SETMAR* (Doctoral dissertation, Tours).
- Moran, J. V., & Malik, H. S. (2009). Diamonds and rust: how transposable elements influence mammalian genomes: Conference on Mobile Elements in Mammalian Genomes. *EMBO Reports*, 10(12), 1306-1310.
- Mustafa, S. I. (2018). *Mitochondrial and repetitive DNA defining the sheep genome landscape*. Doctoral dissertation, University of Leicester. İngiltere.
- Nasri, S., Mandoulakani, B. A., Darvishzadeh, R., & Bernousi, I. (2013). Retrotransposon insertional polymorphism in Iranian bread wheat cultivars and breeding lines revealed by IRAP and REMAP markers. *Biochemical Genetics*, 51(11), 927-943.
- NCBI, 2023. *National Center for Biotechnology Information (NCBI)*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (Erişim tarihi: 06.06.2023)
- Okamoto, H., & Hirochika, H. (2001). Silencing of transposable elements in plants. *Trends in Plant Science*, 6(11), 527-534.
- Olfaz, M. Karayaka Kuzularında Besi Gücü ve Karkas Özelliklerinin İslahında Yabancı Irklardan Yararlanma Olanakları. 4. *Ulusal Zootekni Bilim Kongresi*, 39-45.
- Orgel, L. E., & Crick, F. H. (1980). Selfish DNA: the ultimate parasite. *Nature*, 284(5757), 604-607.
- Öztürk, Y., & Odabaşıoğlu, F. (2011). Van ve yöresinde Hamdani koyunlarının verimleri ve morfolojik özelliklerinin araştırılması; I. koyunların Çeşitli verim özellikleri. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 22(2), 75-80.
- Pagadala, J. C., Pandita, D., & Pandita, A. (2023). Introduction, Classification, and Transposition of Transposable Elements (TEs). In *Plant Transposable Elements* (pp. 3-22). Apple Academic Press.
- Pala, F., & Gülşen, N., (2021). Türkiye Yerli Koyun Irklarında Yapılan Bazı Kuzu Besi Çalışmaları. *Bahri Dağdaş Hayvancılık Araştırma Dergisi*, 10(1), 87-102.
- Peakall, R. O. D., & Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular ecology notes*, 6(1), 288-295.
- Pearson, K. (1914). On the probability that two independent distributions of frequency are really samples of the same population, with special reference to recent work on the identity of trypanosome strains. *Biometrika*, 10(1), 85-143.
- Pedrosa, S., Uzun, M., Arranz, J. J., Gutiérrez-Gil, B., San Primitivo, F., & Bayón, Y. (2005). Evidence of three maternal lineages in Near Eastern sheep supporting multiple domestication events. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 272(1577), 2211-2217.
- Ramakrishnan, M., Papolu, P. K., Mullasser, S., Zhou, M., Sharma, A., Ahmad, Z., ... & Wei, Q. (2023). The role of LTR retrotransposons in plant genetic engineering: how to control their transposition in the genome. *Plant Cell Reports*, 42(1), 3-15.
- Richards, C. L., Verhoeven, K. J., & Bossdorf, O. (2012). Evolutionary significance of epigenetic variation. In *Plant Genome Diversity Volume 1: Plant Genomes, their*

- Residents, and their Evolutionary Dynamics* (pp. 257-274). Vienna: Springer Vienna, ISBN 978-3-7091-1129-1.
- Richardson, S. R., Doucet, A. J., Kopera, H. C., Moldovan, J. B., Garcia-Perez, J. L., & Moran, J. V. (2015). The influence of LINE-1 and SINE retrotransposons on mammalian genomes. *Mobile DNA III*, 1165-1208.
- Roberts, A. P., Chandler, M., Courvalin, P., Guédon, G., Mullany, P., Pembroke, T., ... & Berg, D. E. (2008). Revised nomenclature for transposable genetic elements. *Plasmid*, 60(3), 167-173.
- Ryder, M.L. (1984) Sheep. In *Evolution of Domesticated Animals*, ed. Mason, I.L. (pp. 63–85). London, UK: Longman.
- Schulman, A. H., & Kalendar, R. (2005). A movable feast: diverse retrotransposons and their contribution to barley genome dynamics. *Cytogenetic and Genome Research*, 110(1-4), 598-605.
- Shan, M., Fatima, A., Amjad, Z., & Khan, Z. (2023). Transposable Elements and Epigenetic Regulation. In *Plant Transposable Elements* (pp. 147-178). Apple Academic Press, ISBN 9781774911822.
- Shirasu, K., Schulman, A. H., Lahaye, T., & Schulze-Lefert, P. (2000). A contiguous 66-kb barley DNA sequence provides evidence for reversible genome expansion. *Genome Research*, 10(7), 908-915.
- Somma, M., & Querci, M. (2010). Polymerase Chain Reaction (PCR). Analysis of Genetically Modified Organisms in Food Samples, Querci, M., Jermini, M., ve den Eede, GV *Avrupa Birliği Resmi Yayınlar Dairesi, Luksenburk*, 9-18.
- Soysal, M. I., Koban, E., Özkan, E., Altunok, V., Bulut, Z., Nizamlioglu, M., & Togan, I. (2005). Evolutionary relationship among three native, two crossbreed sheep breeds of Turkey: Preliminary results. *Revista Medicina Veterinaria*, 156(5), 289-293.
- Szabó, M., Kiss, J., & Olasz, F. (2010). Functional organization of the inverted repeats of IS 30. *Journal of Bacteriology*, 192(13), 3414-3423.
- Taberlet, P., Coissac, E., Pansu, J., & Pompanon, F. (2011). Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus Biologies*, 334(3), 247-254.
- TAGEM (2009). *Türkiye evcil hayvan genetik kaynakları*. Ankara: Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü. ss. 58-59.
- Thornburg, B. G., Gotea, V., & Makalowski, W. (2006). Transposable elements as a significant source of transcription regulating signals. *Gene*, 365, 104-110.
- Tüfekçi, H. (2022). Türkiye’de Yapağı Üretimi. ISPEC 9th International Conference on Agriculture, Animal Sciences and Rural Development, 19-20 Mart 2022, Burdur/ Türkiye.
- Tüfekçi, H., Kırıkçı, K., Çam M. A., Olfaz, M., Kılıç, Ü., & Mercan, L. (2021). Determination of tail fat fatty acids profile in some local sheep breeds of Black Sea Region. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 36(2), 221-226.
- TÜİK, 2022, *Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK)*. Tür ve ırklarına göre küçükbaş hayvan sayıları. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Hayvansal-Uretim-Istatistikleri-Haziran-2022> (Erişim tarihi: 08.07.2023)
- TÜİK, 2023a. *Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK)*. Hayvancılık İstatistikleri. <https://data.tuik.gov.tr/Kategori/GetKategori?p=Tarim-111> (Erişim tarihi: 02.05.2023)
- TÜİK, 2023b. *Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK)*. Hayvancılık İstatistikleri. <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=101&locale=tr> (Erişim tarihi: 02.05.2023)

- Ulutas, Z., Sezer, M., Aksoy, Y. Ü. K. S. E. L., Sirin, E., Sen, U., Kuran, M., & Akbas, Y. (2010). The effect of birth types on growth curve parameters of Karayaka lamb. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 9(9), 1384-1388.
- Venner, S., Feschotte, C., & Biemont, C. (2009). Dynamics of transposable elements: towards a community ecology of the genome. *Trends in Genetics*, 25(7), 317-323.
- Vilà, C., Leonard, J. A., Gotherstrom, A., Marklund, S., Sandberg, K., Lidén, K., ... & Ellegren, H. (2001). Widespread origins of domestic horse lineages. *Science*, 291(5503), 474-477.
- Vukich, M., Giordani, T., Natali, L., & Cavallini, A. (2009). *Copia* and *Gypsy* retrotransposons activity in sunflower (*Helianthus annuus L.*). *BMC Plant Biology*, 9, 1-12.
- Vukich, M., Schulman, A. H., Giordani, T., Natali, L., Kalendar, R., & Cavallini, A. (2009). Genetic variability in sunflower (*Helianthus annuus L.*) and in the *Helianthus* genus as assessed by retrotransposon-based molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6), 1027-1038.
- Weil, C., & Martienssen, R. (2008). Epigenetic interactions between transposons and genes: lessons from plants. *Current Opinion in Genetics & Development*, 18(2), 188-192.
- Wessler, S. R. (2006). Transposable elements and the evolution of eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(47), 17600-17601.
- Wicker, T., Sabot, F., Hua-Van, A., Bennetzen, J. L., Capy, P., Chalhoub, B., ... & Schulman, A. H. (2007). A unified classification system for eukaryotic transposable elements. *Nature Reviews Genetics*, 8(12), 973-982.
- Wicker, T., Taudien, S., Houben, A., Keller, B., Graner, A., Platzer, M., & Stein, N. (2009). A whole-genome snapshot of 454 sequences exposes the composition of the barley genome and provides evidence for parallel evolution of genome size in wheat and barley. *The Plant Journal*, 59(5), 712-722.
- Witte, C. P., Le, Q. H., Bureau, T., & Kumar, A. (2001). Terminal-repeat retrotransposons in miniature (TRIM) are involved in restructuring plant genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98(24), 13778-13783.
- Zeder, M. A. (2008). Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proceedings of the national Academy of Sciences*, 105(33), 11597-11604.
- Zhao, P., Peng, C., Fang, L., Wang, Z., & Liu, G. E. (2023). Taming transposable elements in livestock and poultry: a review of their roles and applications. *Genetics Selection Evolution*, 55(1), 50.

ÖZ GEÇMİŞ

Gamze Nur ATIL, Mustafakemalpaşa/Bursa Sedat Karan Anadolu Lisesi'ni bitirdikten sonra Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji bölümünden 28.06.2021 tarihinde mezun oldu. 2021 yılında OMÜ LEE Tarımsal Biyoteknoloji Ana Bilim Dalı yüksek lisans programına eğitimine başladı. Orta seviyede İngilizce bilmektedir (09.08.2023).

İletişim Bilgileri

ORCID ID : 0000-0002-7137-3205

Yayınlar:

1. **Atıl, G. N.**, Mercan, L., & Marakli, S. (2022). Molecular Characterisation of Some Plant-Derived Retrotransposons by IRAP-PCR Method in Bafra Lambs at Different Developmental Stages. *IV. Balkan Agricultural Congress*, Edirne, 31 Ağustos-02 Eylül 2022, ss.276-287.

Kazanılan Ödüller, Teşvikler ve Burslar

1. TÜBİTAK 2209 - A Üniversite Öğrencileri Araştırma Projeleri Destekleme Programı 2019/2
2. TÜBİTAK 2247 - C Stajyer Araştırmacı Burs Programı (STAR) 01.02.2021 – 01.08.2021
3. PYO.ZRT.1908.22.021 “Artlı ve Çepni Koyun Irklarında *HSPA8*, *F13A1*, *PAM* ve *PRELID2* Genlerindeki Bazı Tek Nükleotid Polimorfizmlerinin Belirlenmesi” Bursiyer (24/11/2022-24/05/2023)

Projeler

1. PYO.ZRT.1904.22.030 “Bazı Bitki Kökenli Retrotranspozonların Farklı Gelişim Dönemlerindeki Artlı ve Bafra Kuzularında IRAP ve REMAP Yöntemi ile Moleküler Analizi” Araştırmacı (01.16.2023-devam ediyor)