

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**CBDP VE CEAP MOLEKÜLER MARKIRLAR KULLANILARAK *Nerium
oleander* L.'NİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE TANIMLANMASI**

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MAYIS 2025

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



**CBDP VE CEAP MOLEKÜLER MARKIRLAR KULLANILARAK *Nerium
oleander* L.'NİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE TANIMLANMASI**

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MAYIS 2025

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**CBDP VE CEAP MOLEKÜLER MARKIRLAR KULLANILARAK *Nerium
oleander* L.'NİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE TANIMLANMASI**

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 26/05/2025 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Nedim MUTLU (Danışman)

Doç. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Murat ZENCİRKIRAN

ÖZET

CBDP VE CEAP MOLEKÜLER MARKIRLAR KULLANILARAK *Nerium oleander* L.'NİN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE TANIMLANMASI

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

Yüksek Lisans Tezi, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Nedim MUTLU

Mayıs 2025; 59 sayfa

Nerium oleander, Türkiye'de süs ve tıbbi amaçlarla değerlendirilen önemli bitkilerden biridir. Antioksidan ve anti-nematosisal özelliklerin kaynağıdır. İncelenen literatüre göre, Türkiye'de bitkinin genetik çeşitliliğini araştıran herhangi bir çalışma henüz yapılmamıştır. Bu çalışmanın amacı, Türkiye'deki *Nerium oleander*'in genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını değerlendirmektir. Bu çalışmada, Türkiye'nin 3 bölgesinden (Doğu Akdeniz, Batı Akdeniz ve Ege) toplanan 101 *Nerium oleander* örneğinin genetik çeşitliliğini değerlendirmek için CAAT box derived polymorphism (CBDP) ve Cis element amplified polymorphism (CEAP) moleküler markırlarının 10 primeri kullanılmaktadır. CBDP ve CEAP primerleri sırasıyla primer başına ortalama 11 ve 10 bant ile 89 (%80,91) ve 83 (%80,59) polimorfik bant üretmiştir. Ortalama PIC, CBDP'de (0.35) CEAP'den (0.30) daha yüksekti. Polimorfizm, beklenen heterozigotluk, efektif multipleks oranı, ayırıcı güç, çözme gücü parametreleri daha yüksek olan *N. oleander* genotiplerinin ayırımında CBDP'nin CEAP'a göre daha etkili olduğu görülmüştür. Komşu birleştirme (Neighbor joining) dendrogramına dayalı grafik elde edildiğinde, genotiplerin kısmen lokasyona göre kümelenildiği ve ayrıca antropojenik ile doğal ortama göre kümelenildiği ortaya çıkmıştır. Bayesian Structure analizine dayalı popülasyon yapısı analizi, genotipleri iki alt popülasyona ayırmıştır, SP1 esas olarak doğal *N. oleander* ve SP2 antropojenik *N. oleander* genotiplerinden oluşmaktadır. Bu sonuçlar, temel bileşen analizi (PCA) ve dendrogram ile doğrulanmıştır. Bu çalışma, CBDP ve CEAP'ın *N. oleander* genotiplerini ayırt etmede etkili olduğunu ve *N. oleander*'in Türkiye'de yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ortaya koymuştur. Genetik çeşitlilik doğal *N. oleander* genotiplerinde antropojenik genotiplerden daha yüksekti. Bu çalışma, gelecekteki koruma çabaları, haritalama ve ıslah amacıyla farklı karakterlerle ilişkili genlerin tanımlanması için temel oluşturmaktadır.

ANAHTAR KELİMELEER: CBDP, CEAP, Genetik çeşitlilik, *Nerium oleander*, Populasyon yapısı

JÜRİ: Prof. Dr. Nedim MUTLU

Doç. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Murat ZENCİRKIRAN

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY AND IDENTIFICATION OF *Nerium oleander* L. USING CBDP AND CEAP MOLECULAR MARKERS

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

Master's Thesis, Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Prof. Dr. Nedim MUTLU

May 2025; 59 pages

Nerium oleander is one of the significant plants in Türkiye, valued for ornamental and medicinal purposes. It is a source of antioxidants and anti-nematocidal properties. According to the reviewed literature, no study has been done yet to explore genetic diversity of the plant in Türkiye. The aim of this study was to assess the genetic diversity and population structure of *Nerium oleander* in Türkiye. In this study, 10 primers of CAAT box derived polymorphism (CBDP) and Cis element amplified polymorphism (CEAP) molecular markers were used to assess genetic diversity of 101 *Nerium oleander* samples collected from 3 regions of Türkiye (Eastern Mediterranean, Western Mediterranean and Aegean). The CBDP and CEAP primers generated 89 (80.91%) and 83 (80.59%) polymorphic bands with average 11 and 10 bands per primer respectively. Average PIC was higher in CBDP (0.35) than CEAP (0.30). The CBDP was more effective in discrimination of *N. oleander* genotypes with higher levels in polymorphism, expected heterozygosity, effective multiplex ratio, discriminating power, resolving power parameters compared to the CEAP. Neighbor-joining dendrogram obtained based on all markers revealed that genotypes were partially clustered based on location but were clustered based on the anthropogenic and natural setting. Population structure analysis based on Bayesian Structure analysis grouped genotypes into two subpopulations. SP1 mainly comprised of natural *N. oleander* and SP2 comprised of anthropogenic *N. oleander* genotypes. This was confirmed by principal component analysis (PCA) and dendrogram. This study revealed that CBDP and CEAP were effective in distinguishing *N. oleander* genotypes, there is high genetic diversity of *N. oleander* in Türkiye. Genetic diversity was higher in natural *N. oleander* genotypes than anthropogenic genotypes. This is the basis for future conservation efforts, mapping and identification of genes associated with different characters for breeding purposes.

KEYWORDS: CBDP, CEAP, Genetic diversity, *Nerium oleander*, Population structure

COMMITTEE: Prof. Dr. Nedim MUTLU

Assoc. Prof. Dr. Hatice İKTEN

Prof. Dr. Murat ZENCİRKIRAN

ÖNSÖZ

Her şeyden önce, bu Yüksek Lisans programıyla ilgili tüm adımları tamamlamamda bana kolaylık nasip ettiği için Yüce Allah'a minnettarlığımı ifade etmeliyim.

Çalışmada bitki materyali olarak Türkiye Bilimsel Araştırma Kurumu (TÜBİTAK) tarafından desteklenen ve yürütücülüğünü Prof.Dr.Murat Zencirkıran'ın yaptığı 222O072 nolu proje kapsamında toplanan Nerium oleander L. (Zakkum) genotipleri kullanılmıştır. TÜBİTAK'a tez çalışmasına konu olan proje materyali ve biyoteknolojik çalışmalar için kısmi katkılarından dolayı teşekkür ederiz.

Bana Türkiye'de bu yüksek lisans programını okuma fırsatı sağladığı için Yurtdışı Türkler ve Akraba Topluluklar Başkanlığı'na (YTB) en içten teşekkürlerimi sunuyorum.

Danışmanım Prof. Dr. Nedim Mutlu'ya bu çalışmanın planlanması ve geliştirilmesi sırasında gösterdiği rehberlik, motivasyon, sabır ve desteği için teşekkür ederim. Onun rehberliğinde çalışma ve okuma onuruna ve ayrıcalığına sahip oldum ve akademik kariyerimde kendisini her zaman örnek alacağım.

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'ndaki tüm hocalarıma ve bu çalışmanın tüm aşamalarında gösterdikleri özel ilgi, iyi dilek ve teşvikleri için ayrıca teşekkürlerimi sunarım. Moleküler biyoloji laboratuvarında bana teknik destek konusunda yardımcı olan Enes Gülmez'e özellikle teşekkür ederim.

Sevgi dolu, güzel ve sevecen eşim Siniya Jawadu Kamwendo'ya, yüksek lisans süreci boyunca sevgisi, duaları, fedakarlığı ve arkadaşlığı için çok minnettarlığımı ifade etmek isterim. Ebeveynlerim Nickson Muhyuddin Kamwendo ve Hawa Mzee'ye ilgileri, sevgileri ve destekleri için teşekkür ederim. İlkokuldan üniversiteye kadar olan akademik yolculuğum boyunca maddi ve rehberliği ve destekleri için sevgili amcam Muhammed Muhyuddin ve teyzem Zainab Ausi'ye teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ	iii
İÇİNDEKİLER	iv
AKADEMİK BEYAN.....	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. <i>Nerium oleander</i> 'nin Genetik Çeşitliliği ve Popülasyon Yapısı.....	4
2.2. CAAT Box Derived Polymorphism (CBDP) Markırları	5
2.3. Cis Element Amplified Polymorphism (CEAP) Markırları	6
3. MATERYAL VE METOT	7
3.1. Bitki Materyallerinin Toplanması.....	7
3.2. Genomik DNA İzolasyonu	9
3.3. DNA Miktarlarının Belirlenmesi.....	9
3.4. CBDP Analizi	10
3.5. CEAP Analizi	10
3.6. Veri Analizi.....	11
3.6.1. Veri puanlama	11
3.6.2. Moleküler markırların etkinliği.	11
3.6.3. Benzerlik testi ve kümeleme analizi	12
3.6.4. Popülasyon yapısı analizi	12
3.6.5. Moleküler varyans analizi.....	13
3.6.6. Temel bileşenler analizi (PCA).....	13
4. BULGULAR	14
4.1. CBDP Analizi	14
4.2. Genetik Benzerlik Analizi	16
4.3. CEAP Analizi	18
4.4. Genetik Benzerlik Analizi	20
4.5. CBDP ve CEAP Birleşik Verileri	22
4.6. Popülasyon Yapısı Analizi	23

4.7. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA).....	25
4.8. Temel Bileşen Analizi (PCA)	27
5. TARTIŞMA	30
5.1. CBDP ve CEAP Moleküler Markırlarının Polimorfizmi	30
5.2. CBDP ve CEAP Moleküler Markırlarının Etkinliği.....	31
5.3. Genetik Benzerlik.....	32
5.4. <i>N. oleander</i> 'in Popülasyon Yapısı.....	33
6. SONUÇLAR	36
7. KAYNAKLAR.....	37
8. EKLER.....	43
Ek 1: CBDP Moleküler Markırları Puanları.....	43
CAAT 1	43
CAAT2	43
CAAT3	44
CAAT6	45
CAAT8	46
CAAT9	47
CAAT13	48
CAAT16	48
CAAT21	49
CAAT25	50
Ek 2: CEAP Moleküler Markırları Puanları	51
ACGTG5.....	51
ACGTG18.....	52
ACGTG25.....	53
CCGA5	54
CCGA6	55
TATCC2	56
TATCC5	57
TGAC2.....	57
TGAC5.....	58

ÖZGEÇMİŞ

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisan Tezi olarak sunduğum “CBDP VE CEAP moleküler markırlar kullanılarak *Nerium oleander* L.'nin genetik çeşitliliği ve tanımlanması” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

26/05/2025

Bashili Muhyuddin KAMWENDO



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

μ :	Microlitres
$^{\circ}\text{C}$	Santigrat derece
Nm:	Gen akışı

Kısaltmalar

AFLP:	amplified fragment length polymorphism
AMOVA:	Moleküler Varyans Analizi
CBDP:	CAAT Box Derived polymorphism
CEAP:	Cis element amplified polymorphism
D:	Ayırt Edici Güç
DNA:	Deoksiribonükleik asit
DSÖ	Dünya Sağlık Örgütü
E:	Etkin Çoklu Oran
Fst:	Fiksasyon indeksi
H_{avp} :	Ortalama Heterozigotluk (average heterozygosity)
H_e (H):	Beklenen heterozigotluk (expected heterozygosity)
IRAP:	inter-retrotransposon amplified polymorphism
ISSR:	Inter-simple sequence repeat
MI:	Marker İndeksi
PCA:	Temel Bileşen Analizi
PCR :	Polymerase chain reaction (Polimeraz zincir reaksiyonu)
PIC:	Polymorphism information content (Polimorfizm bilgi içeriği)
R:	Çözümleme Gücü
RAPD:	Randomly amplified polymorphic DNA
RFLP:	Restriction-fragment length polymorphism
ScoT:	Start codon-targeted markır
SSR:	Simple sequence repeats
SUSBIR	Türkiye Süs Bitkileri Yetiştiricileri Birliği
TBE:	Tris-Borat-EDTA

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 4.1 CAAT3 CBDP Primeri kullanılarak <i>N. oleander</i> 'in DNA amplifikasyonu	14
Şekil 4.2. CBDP moleküler markırlarına dayalı Komşu-birleştirme (Neighbor-joining) analizinden elde edilen 101 <i>N. oleander</i> genotipinin dendrogramı	17
Şekil 4.3. CCGA5 CEAP Primeri kullanılarak <i>N. oleander</i> genotiplerinin DNA amplifikasyonu örneği.....	18
Şekil 4.4. CEAP moleküler markırlarına dayalı Komşu-birleştirme (Neighbor-joining) analizinden elde edilen 85 <i>N. oleander</i> genotipinin dendrogramı....	21
Şekil 4.5 CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleştirilmiş verilerine dayanan Komşu-birleştirme analizinden elde edilen 101 <i>N. oleander</i> genotipinin dendrogramı (kırmızı renkli genotipler SP1'e aittir)	22
Şekil 4.6: Structure Selector tarafından tahmin edildiği gibi 1 ila 10 arasında değişen K-değerleri alt gruplarının sayısının strüktür tahmini	23
Şekil 4.7. CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleştirilmiş verileri kullanılarak yapılan Strüktür analizinden elde edilen 101 <i>N. oleander</i> genotipinin genetik yapıları.....	24
Çizelge 4.8. İki alt popülasyondaki 101 birey için moleküler varyans analizi	25
Şekil 4.9. CBDP ve CEAP markırları için birleştirilmiş verilere dayalı slope grafiği....	27
Şekil 4.10. CBDP ve CEAP markırlarının 101 <i>N. oleander</i> için birleştirilmiş verilerine dayanan PCA grafiği (Kırmızı işaretli genotipler alt popülasyon 1'e aittir) ...	29

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Ege bölgesi'nden <i>Nerium oleander</i> antropojen koleksiyonu örnekleri	7
Çizelge 3.2 Doğu Akdeniz'den <i>Nerium oleander</i> antropojenik koleksiyonu.....	8
Çizelge 3.3. Batı Akdeniz'den <i>Nerium oleander</i> antropojenik koleksiyonu.....	8
Çizelge 3.4. Tüm bölgelerden toplanan doğal <i>Nerium oleander</i> koleksiyon örnekleri	9
Çizelge 3.5. Analizde kullanılan CDBP Primerleri ve bağlanma sıcaklıkları	10
Çizelge 3.6. Analizde kullanılan CEAP primerleri ve bağlanma sıcaklıkları	11
Çizelge 4.1. Kullanılan CDBP primerleri, toplam band sayısı (TBS), Polimorfik band sayısı (PBS) ve yüzde polimorfizm oranları.	15
Çizelge 4.2. CDBP primerlerinin marker verimlilik parametreleri.	15
Çizelge 4.3. Kullanılan CEAP primerleri, toplam band sayısı (TBS), Polimorfik band sayısı (PBS) ve yüzde Ppolimorfizm oranları.	19
Çizelge 4.4. CEAP primerlerinin işaretleyici verimlilik parametreleri.	20
Çizelge 4.5. Fiksasyon indeksi (F_{st}), ortalama mesafeler (beklenen heterozigotluk /He) ve her bir alt popülasyona atanan genotip sayısı için 101 <i>N. oleander</i> genotipinin strüktür sonuçları	25
Çizelge 4.6. STRUCTURE tarafından belirlenen alt popülasyon 1'e atanan <i>N. oleander</i>	25
Çizelge 4.7. STRUCTURE tarafından belirlenen alt popülasyon 2'ye atanan <i>N. oleander</i>	26
Çizelge 4.8. Özdeğerler ve %Değişim	28

1. GİRİŞ

Nerium oleander 6 metreye kadar yüksekliğe ulaşabilen ve tipik olarak 2,5 ila 4,5 metre arasında yayılan yaprak dökmeleyen bir çalıdır. Hem kıyı hem de iç bölgelerde deniz seviyesinden 800 metreye kadar iyi drene edilmiş topraklarda, açık alanlarda, kuru su yolları ve vadilerde büyür (Aksoy ve Öztürk, 1997). *Apocynoideae* (*Echitoideae*) alt ailesinin *Apocynaceae* ailesine ait olan *Nerium oleander* L. adlı sadece bir türü olan *Nerium* cinsine aittir. *Apocynaceae* Familya, çoğunlukla tropikal bölgelerde dağılmış 2000'den fazla türden oluşur (Ayoubaz ve diğerleri, 2023) (Pagen, 1987).

Nerium oleander'in doğal kökeni yaygın ekimi nedeniyle doğrulanması zordur. Ancak Lazzaro vd. (2018) göre, türün doğal yayılışı İspanya ve Fas'tan Arap Yarımadası'na kadar uzanan Akdeniz havzasında, Afrika'da Etiyopya ve Nijer ile Asya'da Afganistan, İran, Irak, Hindistan ve Orta Çin'i de kapsayacak şekilde genişlemektedir. En çok Akdeniz bölgesinde yetişse de dünyanın dört bir yanında yetiştirilmektedir (Ekalu et al., 2019).

Nerium oleander Türkiye'den ihraç edilen süs bitkilerinden biridir. Türkiye Süs Bitkileri Yetiştiricileri Birliği'ne (SUSBİR) göre, dış mekan bitkisi olarak sınıflandırılan bu bitki, 2016 yılında ekonomiye yaklaşık 45.000 ABD doları katkıda bulunmuştur. Bu bitkiler yaklaşık 400 hektarlık bir alanda yetiştirilmektedir (SÜSBİR, 2017). *N. oleander* ihracata yönelik bitkiler özellikle Akdeniz, Ege ve Marmara bölgelerinde, Adana, Antalya, Aydın, Gaziantep, İzmir, Hatay, İstanbul, Kocaeli, Mersin, Muğla, Sakarya, Samsun, Trabzon ve Yalova şehirlerinde üretilmektedir. Bu bölgeler, bir ila iki yaş arası bitkiler için çoğaltma materyali üreten orman fidanlıklarını barındırmaktadır (Bragard vd., 2021).

Dayanıklı, yaprak dökmeleyen bir çalı olan oleander, sıcak subtropikal bölgelerde gelişir. Canlı ve güzel çiçekleri nedeniyle süs bitkisi olarak yoğun bir şekilde ekilir. Manzaraların güzelliğini artırır, halka açık parkları ile yol kenarlarını süsler, kuraklığa ve kirliliğe karşı dayanıklılığının onu kentsel ve banliyö ortamları için ideal bir seçim haline getirmektedir. Çoğunlukla Kuzey Afrika'nın Akdeniz bölgesi, Doğu Akdeniz ve Güneydoğu Asya'da süs bitkisi olarak yetiştirilir.

Nerium oleander, L, çoğunlukla sadece peyzajda kullanımı için değil, aynı zamanda tıbbi kullanım için de yetiştirilmektedir. Dünyadaki çoğu insan ilaçlarının kaynağı olarak şifalı bitkileri kullanır. Dünya Sağlık Örgütü'nün (DSÖ) istatistikleri, devletleri DSÖ'ye ait olanlar dünya popülasyonunun %80'inden fazlasının geleneksel tıbbi kullandığını tahmin ediyor (DSÖ, 2023). *Nerium*, bitkisel ilaçlarda kullanılan bitkilerden biridir. Oleandrik asit ve kanerosid fitokimyasalları içerir ve anti-enflamatuar ile antikanser biyolojik aktivite sergiler (Ekalu et al., 2019). Bunun yanı sıra, yapraklarında bulunan ve triterpenoidlerin ana kaynağı olan ürolik asit, betulinik asit, betulin ve epoksidammaran 3 β ,25-diol türevleri gibi triterpenoidler içerir. Ayrıca, akciğer karsinom hücre hattı HepG2 gibi kanseri önemli ölçüde azaltma ve iyileştirme yeteneğine sahiptirler (Bhadane et al., 2018).

Nerium oleander'nin bir başka kullanımı da bazı zararlılara karşı doğal pestisitlerdir. *Nerium*'un zararlılara karşı etkili olduğu ve çiftçilere zararlıların mahsullerini yok etmesini önlemede yardımcı olduğu bildirilmiştir. *Nerium nematosidal*

olarak işlev görür. Kasapağlu Uludamar (2023) tarafından yapılan araştırmalarda, *Nerium oleander*'ndan elde edilen sulu ekstraktın nematod yumurtadan çıkmayı %61 oranında baskılayabildiği gösterilmiştir.

Nerium oleander çevresel izleme ve biyoremediasyonda kullanılır. Kullanımlardan biri, endüstriyel kirliliğe eğilimli yerlerde kurşun ve diğer ağır metallerin çevresel olarak izlenmesidir. Türkiye'de *Nerium oleander* kurşun ve diğer ağır metalleri izlemek için potansiyel bir testtir. Aksoy ve Öztürk'ün (1997) çalışması gösterdi ki *Nerium oleander* Kentsel alanlarda kırsal alanlara göre daha fazla miktarda kurşun (Pb), kadmiyum (Cd), çinko (Zn) ve bakır (Cu) birikmiştir. Ayrıca, yol kenarlarındaki kentsel alanlarda bu kimyasalların büyük bir birikimi varmıştır. Bu, bitkinin çevredeki metal birikiminin izlenmesinde çok önemli olduğunu göstermektedir. Diğer çalışmalarda *Nerium oleander* topraktan ağır metalleri almak için kullanıldığı gösterilmiştir (İbrahim ve El Afandi, 2020). Bu, konsantrasyonu azaltarak topraktaki ağır metal miktarını azaltır.

Nerium oleander'in yabancı ot önleyici olarak kullanılabileceği bildirilmiştir. Bu bitki ikincil metabolitlere sahip olduğundan, onun kimyasalları diğer bitkilerin büyümesini etkileyebilir. Bu nedenle, bahçelerdeki yabancı otları kontrol etmek için kullanılabilir. *Nerium oleander* allelopatik kimyasallar adı verilen kimyasallar salgılar. Bu kimyasallar diğer bitkilerin büyümesini olumlu ya da olumsuz yönde etkiler (Blanco, 2007). Shareif vd. (2022) tarafından yapılan araştırma, *Arabidopsis thaliana* bitkilerinin *Nerium oleander* çiçeklerinden elde edilen alkol özütleri ile muamele edildiğinde, yaprak alanı, bitki boyu ve çiçeklenme başlangıcı üzerinde önemli bir olumsuz etki olduğunu ve bu parametrelerin özüt konsantrasyonu arttıkça azaldığını göstermiştir. Klorofil II konsantrasyonları da daha yüksek ekstrakt konsantrasyonları ile azaldı ve bu da fotosentetik süreçte bir bozulmaya işaret etti. Mojarad vd. (2013) tarafından yapılan bir başka araştırmada, *Nerium oleander* L.'nin sulu ekstraktlarının *Hordeum vulgare* ve *Vicia sativa* fidelerinin büyümesi üzerinde önemli bir inhibitör etkiye sahip olduğu gösterilmiştir. Arpa fidelerinin koleoptil ve yaprak uzunluğu ile *Vicia sativa* fidelerinin epikotil, hipokotil ve kök uzunluğu azalmıştır. Her iki bitki türünün taze ağırlığı da olumsuz etkilendi. Anatomik analiz, kök kıllarında azalma ve arpa köklerindeki vasküler demetlerin sayısında artış dahil olmak üzere kök yapısındaki değişiklikleri ortaya çıkardı. Uslu vd. (2018), *Nerium oleander* çiçek özütünün *Lolium multiflorum*'un tohum çimlenmesi ve fide büyümesi üzerindeki etkisi ile ilgili araştırmalarında, özütün konsantrasyonu arttıkça, çimlenme yüzdesi, fide uzunluğu, radikül uzunluğu, plumule uzunluğu, fide taze ve kuru ağırlığı ve tohum vigor indeksinde kayda değer bir düşüş olduğunu göstermiştir. Bunlardan, özlerin *Nerium oleander* bahçedeki yabancı otları bastırmak için herbisit olarak kullanılabilir.

Nerium oleander Türkiye'de önemli bir bitki olmasına rağmen belirli çeşitlerin tanımlanması çok zordur. Belirli çeşitleri tanımlamak için çiçek rengi ve şekli göz önünde bulundurulur, ancak bitkide yaprak çeşitliliği ve büyüme alışkanlığı gibi diğer karakterler de bulunur. Bunlar bitki çeşitlerini ayırt etmek için kullanılabilir, ancak tanımlanmaları zor olduğu için kullanılmazlar (Portis vd., 2004). Bitkinin belirli çeşitlerinin tanımlanmaması, belirli kullanım için yanlış bitkilerin kullanılmasına neden olabilir.

Bitkileri tanımlamanın ilk adımı, çevredeki bitkinin genetik çeşitliliğini incelemektir. Moleküler markörler, genetik çeşitliliğin tanımlanmasında ve bitkilerin popülasyon yapısının değerlendirilmesinde kullanılır. Moleküler bir markör,

genomdaki belirli bir fiziksel konuma karşılık gelen bir nükleotid dizisidir (Schulman, 2007). Bu markırmarkırların farklı kullanımları vardır. Kullanım alanlarından biri bitki türlerinin tanımlanmasıdır. Belirli bitki türlerini tanımlamak için kullanılabilecek genetik parmak izleri sağlarlar. Moleküler DNA tabanlı teknikler, genetik parametrelerin yüksek hassasiyetli tahminlerini sunar ve hem tür hem de popülasyon seviyelerinde genetik çeşitliliğin yüksek çözünürlüklü belirlenmesiyle sonuçlanabilir (Motahari et al., 2021). Farklı bitki türlerini tanımlamak için kullanılan birçok moleküler markır vardır. Bunlardan bazıları amplified fragment length polymorphism (AFLP), inter-simple sequence repeat (ISSR), simple sequence repeats (SSR), start codon-targeted (SCoT), inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP), randomly amplified polymorphic DNA (RAPD), restriction-fragment length polymorphism (RFLP) (Schulman, 2007).

N. oleander familyasının Türkiye'deki genetik ilişkisi ve popülasyon yapısı tam olarak belirlenememiştir. Türkiye'de *N. oleander*'in genetik ilişkisi ve popülasyon yapısı hakkında bilgi eksikliği, ıslah programlarında kullanılabilecek *N. oleander* genotiplerinin yanlış tanımlanmasına ve bahçıvanların bahçelerde kullanılacak doğru bitkileri seçememesine neden olmuştur. Bu nedenle, bunların tanımlanması ve karakterizasyonu için doğru bir yöntem gereklidir.

Bu çalışmanın temel amacı, Türkiye'nin üç bölgesindeki *N. oleander*'in genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını, CAAT Box derived polymorphism (CBDP) ve Cis element amplifiye polimorfizmi (CEAP) olmak üzere iki markır sistemi kullanarak analiz etmektir. Bu bölgeler Ege, Doğu Akdeniz ve Batı Akdeniz'dir. Ayrıca, çalışmada genetik çeşitliliğe dayalı olarak *N. oleander* genotiplerinin ayırt edilmesinde markır sistemlerinin (CBDP ve CEAP) etkinliğinin analiz edilmesi amaçlanmıştır. Çalışma ayrıca bu bölgelerdeki antropojenik ve doğal oleander genotipleri arasındaki genetik ilişkiyi değerlendirmek için de kullanılmaktadır.

N. oleander'in genetik çeşitliliğinin oluşturulması ve incelenmesi daha fazla etkiye sahip olacaktır. İlk olarak, genetik çeşitliliğin incelenmesi, Türkiye'nin bölgelerindeki *N. oleander* genotiplerinin genetik ilişkilerinin belirlenmesine yardımcı olacaktır. Üstelik, çalışma, *N. oleander*'in tanımlanmasında ve genetik çeşitliliğin oluşturulmasında daha etkili olan moleküler markırların belirlenmesini sağlayacaktır. Ek olarak, Çalışma, antropojenik ve doğal genotipler arasındaki ilişkiyi belirleyerek Türkiye'deki *N. oleander* genotiplerinin popülasyon yapısının değerlendirilmesine yardımcı olacaktır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. *Nerium oleander*'nin Genetik Çeşitliliği ve Popülasyon Yapısı

Nerium oleander Türkiye'de ve dünyada yaygın ve ekolojik açıdan önemli, süs güzelliği ve potansiyel tıbbi özellikleri ile değer verilen bir bitkidir. Genetik çeşitliliği değerlendirmek için çeşitli yöntemler kullanılmıştır. *N. oleander*. En çok kullanılan yöntemler morfolojik ve molekülerdir. Morfolojik yöntemler, seçim için kullanılacak *N. oleander* genotiplerini ayırt etmek için morfolojik karakterlere bakarak genetik çeşitliliği değerlendirmek için kullanılmıştır. Kumar vd. (2024) tarafından yapılan araştırma, bitki boyu, sürgün sayısı, bitki yayılımı, yaprak özellikleri, çiçek özellikleri ve genetik çeşitliliği değerlendirmek için verim dahil olmak üzere çeşitli vejetatif ve verim parametrelerini kullandı. *N. oleander* ve genetik çeşitlilik açısından önemli farklılıklar olduğunu keşfettiler. Ayrıca bitki boyu, sürgün sayısı, çiçek verimi ve çiçek ağırlığı gibi morfolojik karakterlere dayanarak *N. oleander* genotiplerini kümelediler. Morfolojik karakterlerle ilgili sınırlama, toprak tipi, yağış, rüzgar ve güneş ışığı gibi çevresel faktörlerden etkilenmeleri ve benzer genetik yapıya sahip genotiplerin bu faktörlere bağlı olarak farklı kümelenebilmeleridir. Buna karşı koymak için, genetik çeşitlilik çoğunlukla moleküler markırlar gibi genetik markırlara dayanır.

N. oleander'in genetik çeşitliliği değerlendirmek için farklı moleküler markırlar kullanılmıştır. Lazzaro vd. (2018) tarafından yapılan araştırma, Montecristo, İtalya'da *Nerium oleander*'in kökenini belirlemek için Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) kullanılmıştır. Bu çalışmada, İtalya'nın farklı bölgelerinden antropojenik *N. oleander* türlerini değerlendirdiler ve kökenlerini önerdiler. Bu araştırma aynı zamanda İtalya'da antropojenik çeşitliliğin önemli bir genetik çeşitliliği olduğunu göstermiştir. Portis vd. (2004) İtalya'daki *N. oleander* genotiplerinin genetik çeşitliliğini araştırmak için Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) kullanmıştır. Bu çalışma, morfolojik kompozisyon açısından farklılık gösteren genotiplerin daha düşük genetik mesafe gösterdiğini, yani moleküler markırların *N. oleander*'in genetik çeşitliliğini değerlendirmek için güvenilir araçlar olduğunu göstermiştir. Ayrıca, Mateu-Andrés vd. (2015) tarafından Akdeniz bölgesindeki *N. oleander* genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği değerlendirmek için kloroplast SSR (cpSSR) moleküler markırları kullanılmıştır. Araştırmaları, Akdeniz havzasında genetik değişkenliğin doğal ortam *N. oleander* genotipleri arasında daha düşük olduğunu göstermektedir. Bu durum, Akdeniz havzasındaki *N. oleander* genotiplerinin, genetik değişkenliğin Akdeniz havzasındakinden daha yüksek olduğunu gösterildiği Sahra bölgesinden taşındığı teorisine bağlanmıştır.

N. oleander genotiplerinin popülasyon yapısı analizi, coğrafi konumun genotipler arasındaki genetik ilişkide rol oynadığını göstermiştir. Mateu-Andrés vd. (2015) tarafından yapılan çalışmalar, haplotip ağ analizinin Sahra bölgesi ve Akdeniz havzasındaki *N. oleander* genotiplerinin farklı genetik çeşitliliğe ve menşe bölgesine göre yapılandırılmış genotiplere sahip olduğunu göstermiştir. Lazzaro vd. (2018) genetik farklılığın ana kaynağının *N. oleander* genotiplerinin coğrafi konumuna dayandığını göstermiştir. Portis vd. (2004) genetik farklılaşmanın bireysel genotiplere dayandığını gösterdi. Farklı çalışmalar, *N. oleander* genotiplerinin popülasyonlarının coğrafi konum ve bireysel genotipler üzerinde yapılandırıldığını göstermiştir.

Mevcut literatürün incelenmesi, Türkiye'de moleküler markırlar kullanılarak *N. oleander*'in genetik çeşitliliğini araştıran özel bir çalışma olmadığını göstermiştir. Türkiye'de yapılan bazı çalışmalarda morfolojik çeşitliliği ve yerel kullanımları incelenmiş olsa da genetik çeşitliliğine ilişkin kapsamlı bir anlayış ve doğru tanımlama için araçlar eksiktir. Sargin (2021) tarafından yapılan araştırmada, Türkiye'de farklı rakımlarda *Nerium oleander*'in anatomik ve mikro-morfolojisinde farklılıklar olduğu tespit edilmiştir. Yaprak yapısında gözlemlenen değişikliklerin, farklı rakımlarda değişen çevresel koşullara adaptasyon olabileceği sonucuna varmıştır. Yiğit vd. (2021) tarafından yapılan bir başka araştırmada, *Nerium oleander* L.'nin morfolojik karakterleri iklim koşullarına göre farklılık göstermiştir. Lif uzunluğu, lümen genişliği, keçeleşme oranı ve elastikiyet katsayısının Akdeniz ikliminde; sertlik katsayısı, Muhlstep oranı ve Runkel oranının karasal iklimde; çift çeper kalınlığı ve çeper kalınlığının ise Karadeniz ikliminde en yüksek olduğunu gözlemlemişlerdir.

2.2. CAAT Box Derived Polymorphism (CBDP) Markırları

CAAT box derived polymorphism (CBDP) moleküler markırları, çeşitli bitki türlerinin genetik çeşitliliğini ve tanımlanmasını incelemek için geliştirilmiştir. Bu markırlar 2014 yılında Singh vd. (2014) tarafından geliştirilmiştir. GGCCAATCT konsensüs dizisi ile başlangıç kodonunun ~80 bp yukarısında bulunan promotör bölgedeki CAAT kutusu hedeflenerek üretilmiştir (Singh vd., 2014). Bu primerlerin tanımlayıcı bir özelliği, 18 nükleotid uzunlukları ve merkezi bir CCAAT çekirdek dizisinin varlığıdır. Bu çekirdek, 5' ucundaki bir dolgu dizisi ile 3' ucundaki bir di- veya tri-nükleotid dizisi arasında stratejik olarak konumlandırılmıştır.

CBDP markırları, genin promotörünün, yüksek oranda korunmuş bölgesini bağlar ve CBDP markırlarının bu fonksiyonel CAAT kutu bölgesine spesifik olarak bağlanma yeteneği, kritik bir düzenleyici dizi içinde polimorfizmlerin tanımlanmasını sağlar. Bu hedefli strateji, rastgele genomik bölgeleri hedef alan markırların aksine, gözlemlenebilir fenotipik özelliklerle bağlantılı olması muhtemel genetik değişiklikleri ortaya çıkarmak için özellikle değerlidir. CAAT kutusundaki değişiklikler, transkripsiyon faktörü bağlanma afinitesini kontrol etme potansiyeline sahiptir, bu da gen ekspresyon seviyelerinin değişmesine yol açar ve sonuç olarak *N. oleander*'de çiçek rengi, büyüme alışkanlığı ve stres toleransı gibi bir dizi özelliği etkiler (Atia vd., 2021; Etminan vd., 2018; Singh vd., 2014). Singh vd. (2014) göre bu markırların bir diğer avantajı da tekrarlanabilir olmaları ve analiz edilecek bitki hakkında önceden dizileme bilgisi gerektirmemeleridir.

CBDP markırları, popülasyonu değerlendirmek ve farklı bitki türlerini tanımlamak için bitkilerde başarıyla kullanılmıştır. Etminan vd. (2018) tarafından yapılan araştırmada, 50 durum buğdayı genotipinde genetik çeşitliliği değerlendirmek için CBDP markırları kullanılmıştır. CBDP primerleri, tümü polimorfik olan 98 lokusu çoğaltarak genotipler arasında yüksek genetik değişkenlik olduğunu göstermiştir. Singh vd. (2022) de *Syzygium cumini* (L.) jamun'un genetik çeşitliliğini değerlendirmek için CBDP markırlarını kullanmıştır. CBDP markırlarının oldukça bilgilendirici olduğu, yüksek polimorfizm ve ayırt edici güç ortaya koyduğu kanıtlanmıştır. Farklı jamun türleri ve popülasyonları arasında ayırım yapmada etkili olmuşlardır. Talebi vd. (2018) İran'da CBDP moleküler markırlarının *Cartamus tinctorius* L. (aspir) türünde polimorfizm gösterebildiğini göstermiştir. CAAT kutu kaynaklı polimorfizm (CBDP), Start Codon-Targeted

markırlarından daha fazla polimorfik bant üretmiştir. Sing vd. (2014) *Corchorus olitorius* (jüt), *Gossypium arboreum* (pamuk) ve *Linum usitatissimum* (keten) gibi farklı ürünlerin genetik çeşitliliğini değerlendirebilmiş ve CBDP'nin genetik çeşitliliğe dayalı olarak genotipleri ayırt etmede etkili olduğunu göstermiştir.

2.3. Cis Element Amplified Polymorphism (CEAP) Markırları

Cis element amplified polymorphism (CEAP) moleküler markırları, cis elemanları adı verilen promotörün korunmuş bölgesi hedeflenerek geliştirilmiştir. Bunlar, transkripsiyon faktörleri (TF'ler) ve transkripsiyonu başlatmak ve sürdürmek için gerekli olan diğer düzenleyici moleküller için bağlanma bölgeleri içeren, genellikle kodlamayan DNA'nın Cis düzenleyici elemanlar (CRE'ler) segmentleridir (Wittkopp ve Kalay, 2012). Chen vd. (2022) AAAG, ACGTG, CCGA, ACTCAT, GGTC, TATCC, TGAC ve GATAA olmak üzere sekiz cis-elementini hedef alan CEAP moleküler markırları geliştirmişlerdir.

Cis element amplified polymorphism (CEAP), çeşitli bitkiler için genetik çeşitliliğin incelenmesinde uygulanmıştır. Wang vd. (2024) kırmızı pancar germplazmındaki genetik çeşitliliği incelemek için CEAP moleküler markırları uygulamıştır. Kırmızı pancar için başarılı bir moleküler tanımlama sistemi ve CEAP parmak izleri geliştirdiler ve farklı çeşitlerin tanımlanması, korunması ve izlenmesi için teorik bir temel sağladılar. Chen (2022) da mangonun (*Mangifera indica* L.) genetik çeşitliliğini değerlendirmek için CEAP moleküler markırları kullanmıştır. Kullandıkları tüm moleküler markırlara dayanarak, CEAP markırları, inter-simple sequence repeat (ISSR), sequence-related amplified polymorphism (SRAP) ve CAAT box derived polymorphism (CBDP) daha bilgilendirici bilgi verileri sağladı. Zhelyazkova vd. (2024) tarafından yapılan yeni bir çalışma, sekiz Rosa genotipi ve iki Rosa damascena çeşidi arasındaki genetik çeşitliliği ve ilişkileri değerlendirmiş ve CEAP moleküler markırlarının Gül türlerinin genetik çeşitliliğini analiz etmede etkili olduğunu göstermiştir. Bu çalışmada CEAP'ın uygulanması, çeşitli Rosa genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin analizinde ilk başarılı kullanımına işaret etmiş ve gelecekteki ıslah çabaları için önemli etkileri olan değerli veriler sağlamıştır.

Literatürün kapsamlı bir incelemesine dayanarak, *Nerium oleander*'de genetik analiz amacıyla CBDP veya CEAP markırlarını özel olarak kullanan hiçbir çalışma tespit edilmemiştir. Yayınlanmış araştırmaların yokluğu, bu bitki türünde bu gen hedefli markırların uygulanmasına ilişkin mevcut anlayışta önemli bir eksikliğin altını çizmektedir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Bitki Materyallerinin Toplanması

Çalışmada bitki materyali olarak Türkiye Bilimsel Araştırma Kurumu (TÜBİTAK) tarafından desteklenen ve yürütücülüğünü Prof.Dr.Murat Zencirkıran'ın yaptığı 222O072 nolu proje kapsamında toplanan *Nerium oleander* L. (Zakkum) genotipleri kullanılmıştır. Proje kapsamında toplanan ve materyal olarak kullanılan genotipler çizelge 3.1, 3.2, 3.3 ve 3.4'de verilmiştir.

Genotipler Türkiye coğrafyasından üç farklı bölgeden toplanmıştır. Bu bölgeler Ege, Doğu Akdeniz ve Batı Akdeniz'dir. Bu bölgelerde hem antropojenik hem de doğal *Nerium oleander* genotipleri toplanmıştır. Bölgedeki her örnekten altı yaprak örneği toplanmıştır. Toplanan örnekler fermuarlı poşetlerde tutulup DNA ekstraksiyonuna kadar buzdolabında saklanmıştır.

Çizelge 0.1. Ege bölgesi'nden *Nerium oleander* antropojen koleksiyonu örnekleri

Kod	Bölge	Kod	Bölge	Kod	Bölge
1	Dikili	12	Aliağa	23	Torbalı
2	Dikili	13	Eski Foça	24	Torbalı
3	Dikili	14	Eski Foça	25	Torbalı
4	Dikili	15	Karşıyaka	26	Menderes
5	Dikili	16	Karşıyaka	27	Selçuk
6	Bergama	17	Torbalı	28	Seferihisar
7	Kınık	18	Tire	29	Güzelbahçe
8	Dikili	19	Tire	30	Çeşme
9	Aliağa	20	Tire	31	Çeşme
10	Aliağa	21	Tire	32	Karaburun
11	Aliağa	22	Kiraz		

Çizelge 0.2. Doğu Akdeniz'den *Nerium oleander* antropojenik koleksiyonu

Kod	Bölge
43	Mersin girişi
44	Mersin girişi
45	Mersin girişi
46	Akdeniz
47	Akdeniz
48	Yenişehir
49	Yenişehir
50	Erdemli Girişi
51	Erdemli
52	Erdemli
53	Erdemli
54	Gülнар
55	Anamur
56	Anamur
56.1	Silifke
56.2	Bozyazı
56.3	Bozyazı

Çizelge 0.3. Batı Akdeniz'den *Nerium oleander* antropojenik koleksiyonu

Kod	Bölge	Kod	Bölge
64	Gazipaşa	76	Kumluca
65	Konyaaltı	77	Kemer
66	Konyaaltı	78	Kemer
67	Konyaaltı	79	Konyaaltı
68	Konyaaltı	80	Konyaaltı
69	Alanya	81	Konyaaltı
70	Alanya	82	Korkuteli
71	Demre	83	Korkuteli
72	Demre	84	Korkuteli
73	Demre	85	Muğla
74	Demre	85.5	Korkuteli
75	Finike	85.6	Demre
75.5	Kumluca	85.7	Alanya

Çizelge 0.4. Tüm bölgelerden toplanan doğal *Nerium oleander* koleksiyon örnekleri

Kod	İl/İlçe
33	Çanakkale
34	Çanakkale
35	Balıkesir - Edremit
36	Balıkesir
37	Balıkesir
38	Adıyaman
39	İzmir - Foça
40	İzmir
41	Manisa
42	Balıkesir
57	Adıyaman
58	Hatay
59	Hatay
60	Adana - Kozan
61	Adana - Kozan
62	Mersin - Akdeniz
63	Mersin - Gülnar
86	Antalya- Gazipaşa
87	Antalya - Karabük
88	Antalya - Murtiçi
89	Muğla - Dalyan
90	Muğla - Dalyan
91	Denizli - Pamukkale
92	Muğla - Marmaris
93	Muğla - Milas
94	Aydın

3.2. Genomik DNA İzolasyonu

DNA, manyetik boncuklar veya DNA saflaştırma kolonu kullanılarak ek saflaştırma ile CTAB yöntemi (Doyle & Doyle, 1987) kullanılarak ekstrakte edildi. Ekstrakte edilen DNA 100 µl su ile ayrıştırıldı ve PCR çalışmalarına kadar -20 °C'de saklandı.

3.3. DNA Miktarlarının Belirlenmesi

Genomik DNA'nın varlığı, miktarı (ng/mg) ve saflık derecesi (RNA, polisakkaritler ve proteinler gibi DNA olmayan organik moleküllerin durumu) 260 ve 280 nM dalga boylarında spektrofotometre cihazı ve jel elektroforezi ile belirlendi. 1X TBE solüsyonu kullanılarak hazırlanan %1.5'lik agaroz jel EtBr hazırlandı. DNA miktarı ve kalitesinin nanodrop ölçümlerine ek olarak, 100 V'ta 60 dakika boyunca %1 agaroz jel gerçekleştirildi. DNA'nın varlığı, bir UV görüntüleme cihazında görüntülenerek tespit edildi.

3.4. CBDP Analizi

Yüz bir örnek *Nerium oleander* 10 CAAT box derived polymorphism moleküler markırları kullanılarak tarandı (Çizelge 3.7). İlk olarak, primerler rastgele seçilen *N. oleander* örneklerinde değerlendirilmiştir. 10 primerin tümü yüksek düzeyde amplifikasyon gösterdi. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) amplifikasyonu, 1,5 µL 10X Taq polimeraz tamponu, 1,5 µL 25mM MgCl₂, 0,4 µL 2mM dNTP, 1,5 µL CBDP primeri, 0,2 µL Taq DNA polimeraz ve 3,9 µL steril distile su kullanılarak 15 µL reaksiyon hacminde gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyonu, Singh vd. (2014) tarafından açıklanan prosedüre dayalı olarak gerçekleştirildi. PCR geri dönüşümünü sağlamak için, ilk beş döngü denatüre etmek için 94°C'de 1 dakika, bağlanma için 35°C'de 1 dakika ve uzatma için 72°C'de 1 dakika çalıştırılmıştır. İkinci 35 döngü, 1 dakika boyunca 94°C'de denatürasyonu içeriyordu, ardından bağlanma sıcaklığını 50°C'ye yükseltti ve 72°C'de 10 dakikalık son bir uzatma ile yapıldı. Üretilen PCR ürünleri, ×0.5 Tris-Borat-EDTA (TBE) tamponunda %2 agaroz jel elektroforezi ile ayrıldı. Her jel yüklemesinde ilk kuyucuklara 3 µL 1kb DNA ladder yüklenmiştir.

Çizelge 0.5. Analizde kullanılan CBDP Primerleri ve bağlanma sıcaklıkları

Sayı	Primer Kimliği	Primer Dizisi	%GC
1	CAAT1	5'-TGAGCACGATCCAAT AGC-3'	50
2	CAAT2	5'-TGAGCACGATCCAATAAT-3'	39
3	CAAT3	5'-TGAGCACGATCCAAT ACC-3'	50
4	CAAT6	5'-TGAGCACGATCCAAT CAG-3'	50
5	CAAT8	5'-TGAGCACGATCCAATCGG-3'	55.6
6	CAAT9	5'-TGAGCACGATCCAATGAT-3'	44.4
7	CAAT13	5'-TGAGCACGATCCAATGAG-3'	50
8	CAAT16	5'-TGAGCACGATCCAATTCA-3'	44.4
9	CAAT21	5'-CTGAGCACGATCCAATCA-3'	50.0
10	CAAT25	5'-CTGAGCACGATCCAATGT-3'	50

3.5. CEAP Analizi

Yüz bir *Nerium oleander* örneği 10 Cis-elemanı Amplified Polymorphism moleküler belirteç kullanılarak taranmıştır (Çizelge 2.8). İlk olarak, primerler rastgele seçilen *N. oleander* örneklerinde değerlendirilmiştir. 10 primerin tümü yüksek düzeyde amplifikasyon gösterdi. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) amplifikasyonu, 1,5 µL 10X Taq polimeraz tamponu, 1,5 µL 25 mM MgCl₂, 0,4 µL 2 mM dNTP, 1,5 µL CBDP primeri, 0,2 µL Taq DNA polimeraz ve 3,9 µL sterilize distile su kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Her reaksiyon tüpü için toplam hacim 15 µL idi.

PCR amplifikasyonu, Chen vd. (2022) tarafından açıklanan prosedürlere dayalı olarak termosikler kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Primerler için üç farklı PCR amplifikasyon programı kullanılmıştır. On primerin tümü 40 saniye boyunca 95°C'lik aynı denatürasyon sıcaklığına ve 3 dakika boyunca 72°C'lik bir uzatmaya sahipti. ACGTG için bağlanma sıcaklığı 35°C, CCGA için 35°C, TGAC için 37°C ve TATCC için 39°C idi. Son 35 döngüde 40 saniye boyunca 95°C denatürasyon sıcaklığı, tüm

elemanlar için 50°C bağlanma sıcaklığı ve 72°C'de 10 dakika boyunca son uzatma ile 72°C'de 2 dakika uzatma vardı. Üretilen PCR ürünleri, $\times 0.5$ Tris-Borat-EDTA (TBE) tamponunda %2 agaroz jel elektroforezi ile ayrıldı. Her jel yüklemesinde ilk kuyucuklara 3 μ L 1 kb DNA ladder yüklenmiştir.

Çizelge 0.6. Analizde kullanılan CEAP primerleri ve bağlanma sıcaklıkları

Sayı	Primer Kimliği	Primer Dizisi	Bağlanma Sıcaklığı
1	ACGTG5	5'-GCAGTCAGATCACGTÀ-3'	35°C
2	ACGTG18	5'-GCAGTCAGACACGTGAGT-3'	35°C
3	ACGTG25	5'-GCAGTCAGACACGTGGCT-3'	35°C
4	CCGA5	5'-GCAGTCAGATCACCGATA-3'	35°C
5	CCGA6	5'-GCAGTCAGATCACCGATT-3'	35°C
6	TATCC2	5'-GCAGCTGAGACTATCCAT-3'	39°C
7	TATCC5	5'-GCAGCTGAGACTATCCTA-3'	39°C
8	TGAC2	5'-GCAGCTGAGAGTTGACAT-3'	37°C
9	TGAC5	5'-GCAGCTGAGAGTTGACTA-3'	37°C
10	TGAC22	5'-GCAGCTGAGGTTGACTTC-3'	37°C

3.6. Veri analizi

3.6.1. Veri puanlama

Amplifikasyonu takiben, CDBP ve CEAP markırlarından elde edilen DNA fragmanları çözüldü ve görselleştirildi. Amplifiye edilmiş ürünler daha sonra belirli bir lokusta bir bandın varlığına veya yokluğuna göre puanlandı. Bu amaçla, güçlendirilmiş bir bandın varlığının 1 olarak kaydedildiği ve bir bandın yokluğunun 0 olarak kaydedildiği bir ikili puanlama sistemi kullanılmıştır. Bu ikili skorlar, değerlendirilen tüm markır lokusları boyunca her bir genotip için sistematik olarak kaydedildi. Bu görsel puanlama işleminden elde edilen veriler daha sonra kapsamlı bir ikili veri matrisi oluşturmak için düzenlendi. CDBP ve CEAP markırlarına dayalı olarak analiz edilen tüm bireylerin genotipik profillerini temsil eden bu matris, Microsoft Excel yazılımı kullanılarak oluşturulmuştur. Matristeki her satır benzersiz bir genotipe karşılık gelirken, her sütun belirli bir işaretleyici lokusu temsil ediyordu ve girişler, amplifiye edilmiş ürünün varlığını veya yokluğunu yansıtan 0 veya 1 idi.

3.6.2. Moleküler markırların etkinliği.

Moleküler markırların *N. oleander* genotiplerini değerlendirme yeteneğini belirlemek için aşağıdaki parametreler iMEC çevrimiçi aracı kullanılarak hesaplanmıştır (Amiryousefi vd., 2018): Beklenen Heterozigotluk ($H = 1 - \sum p_i^2$) (Liu, 2017), Polimorfizm Bilgi İçeriği ($PIC = 1 - \sum p_i^2 - \sum p_i^2 p_j^2$) (Roldan-Ruiz ve ark, 2000), Powell vd. (1996) tarafından belirtildiği gibi Etkin Çoklu Oran ($E = n \beta$), Marker İndeksi ($MI = E H \text{ avp}$) ve Ortalama Heterozigotluk ($H_{\text{avp}} = \sum H_n / n p$). Ayırt Edici Güç ($D = 1 - C$) (Tessier vd., 1999), Çözümleme Gücü ($R = \sum I_b$), bir primerin DNA parmak izindeki farklı genotipleri ayırt etme yeteneğinin bir ölçüsü (Prevost ve Wilkinson, 1999).

3.6.3. Benzerlik testi ve kümeleme analizi

CBDP ve CEAP moleküler markırları ile taranan örneklerin benzerliğini ve CBDP ile CEAP markırlarının birleştirilmiş verilerini kontrol etmek için benzerlik matrisi oluşturulmuştur. Bu matrisi geliştirmek için hem CBDP hem de CEAP puanlarından elde edilen ikili matrisler, NTedit yazılımı tarafından NTSYS format dosyasına dönüştürüldü. Eksik verilere 9 değeri verildi.

CEAP tarafından taranan 101 örnekten 16'sında eksik verilerin önemli bir kısmı gözlemlendi ve bu örnekler, puanlanan bantlarda %50'nin üzerinde eksik veri sergiledi. Belirli örneklerdeki yüksek eksiklik yüzdesi nedeniyle, eksik verilerin tamamen rastgele (MCAR) eksik olması olası değildir. Eksikliğin rastgele (MAR) eksik olması veya rastgele (MNAR) olmaması, potansiyel olarak numune kalitesiyle veya numunelerin kendilerinin doğal özellikleriyle ilgili olması daha olasıdır. Bu 16 örnekteki eksikliğin ciddiyeti göz önüne alındığında, isnat güvenilir olarak kabul edildi. Bu nedenle, yanlışlık potansiyelini en aza indirmek ve benzerlik analizinin sağlamlığını sağlamak için bu örnekler daha fazla analizden çıkarılmıştır. Bu, numune boyutunu azaltırken, veri bütünlüğünü korumak için en uygun yaklaşım olarak kabul edilmiştir. Bu örneklerin çıkarılması bir dereceye kadar önyargıya neden olabilir. Bununla birlikte, güvenilir isnattan kaynaklanan önyargı potansiyeli daha büyük bir endişe olarak kabul edildi. Kalan 85 örnek üzerinde son benzerlik analizi yapıldı.

CBDP moleküler markırları ile amplifiye edilen numuneler için, sadece 4 numunede %50'nin üzerinde eksik veri vardı. Hem CEAP hem de CBDP moleküler için birleştirilmiş verilerde %50'den fazla eksik veriye sahip 9 örnek bulunmaktadır. Bu eksik veriler tamamen rastgele (MCAR) eksik olarak kabul edildi ve benzerlik analizi sırasında örnekleri çıkarılmadı.

Benzerlik, Sayısal Taksonomi Çok Değişkenli Analiz Sistemi'nin SimQual modu kullanılarak oluşturulmuştur (NTSYS-pc sürüm 2.1; Exeter Yazılımı, Setauket, NY, ABD) (Rohlf, 2000) Basit Eşleştirme (SM) katsayısına dayalı (Sokal ve Michener, 1958). Oluşturulan benzerlik matrisi kümeleme analizi için kullanılmıştır. İlk olarak, oluşturulan benzerlik matrisi farklılık matrisine dönüştürülmüştür. Ayrılık matrisi, SplitsTree CE 6.0.0 kullanılarak dendrogram oluşturmak için kullanıldı (Huson ve Bryant, 2024). Komşu Ağ yöntemi (Bryant ve Huson, 2023; Bryant ve Moulton, 2004) döngüsel olarak 260 bölme elde etmek için kullanıldı. Daha sonra Komşu Birleştirme yöntemi (Saitou ve Nei, 1987) bir ağaç elde etmek için kullanıldı. Oluşturulan ağaç dosyası FigTree sürüm 1.4.4 (Rambaut, 2018) kullanılarak açıklanmıştır.

3.6.4. Popülasyon yapısı analizi

Nerium oleander popülasyon yapısını analiz etmek, Bayesian modeli tabanlı kümeleme kullanılmıştır. Pritchard vd. (2000) A STRUCTURE 2.3.4 yazılımı popülasyon katkısını belirlemek için kullanmıştır. Genetik kümelerin (K) sayısını elde etmek için 100.000 yineleme ve ardından 100.000 Markov chain Monte Carlo (MCMC) replikasının yanması ile bir katkı modeli uygulandı. 1 ile 10 arasında değişen her K değeri için, tutarlılığı değerlendirmek için on bağımsız çalışma gerçekleştirildi. Elde edilen çıktı dosyaları, Evanno vd. (2005) tarafından açıklanan ΔK yöntemine dayalı olarak en olası K değerini belirlemek için Yapı Seçici (Y. L. Li & Liu, 2018) kullanılarak işlenmiştir. Bu

analiz, popülasyon altyapısını ortaya çıkarmayı ve örneklenen bireylerdeki potansiyel genetik süreksizlikleri belirlemeyi amaçlamıştır.

3.6.5. Moleküler varyans analizi

YAPI analizi ile belirlenen hiyerarşik genetik yapı, Moleküler Varyans Analizi (AMOVA) kullanılarak daha fazla araştırılmıştır. Tanımlanan alt popülasyonlar arasındaki genetik varyasyonun bölümlenmesini ölçmek için GenAlEx (sürüm 6.5) yazılımında (Peakall & Smouse, 2012) AMOVA gerçekleştirilmiştir. Hem CBDP hem de CEAP markır verilerine dayanan bu analiz, gözlemlenen varyans bileşenlerinin önemini değerlendirmek için 1000 permütasyon kullanmıştır. Spesifik olarak, farklılıklara atfedilen genetik varyans oranı arasında alt popülasyonlar, içinde alt popülasyonlar ve içinde bireyler incelendi. Tanımlanan gruplar arasındaki genetik farklılaşma derecesini tahmin etmek için GenAlEx içinde de hesaplanan ikili F_{st} değerleri kullanıldı. Bu F_{st} değerleri, hem alel frekanslarını hem de her popülasyon içindeki akrabalı yetiştirme seviyesini hesaba katan göreceli genetik mesafenin bir ölçüsünü sağladı. Bu birleşik AMOVA ve F_{st} yaklaşımı, incelenen popülasyonların genetik yapısının ve farklılaşmasının kapsamlı bir değerlendirmesini sağladı."

3.6.6. Temel bileşenler analizi (PCA)

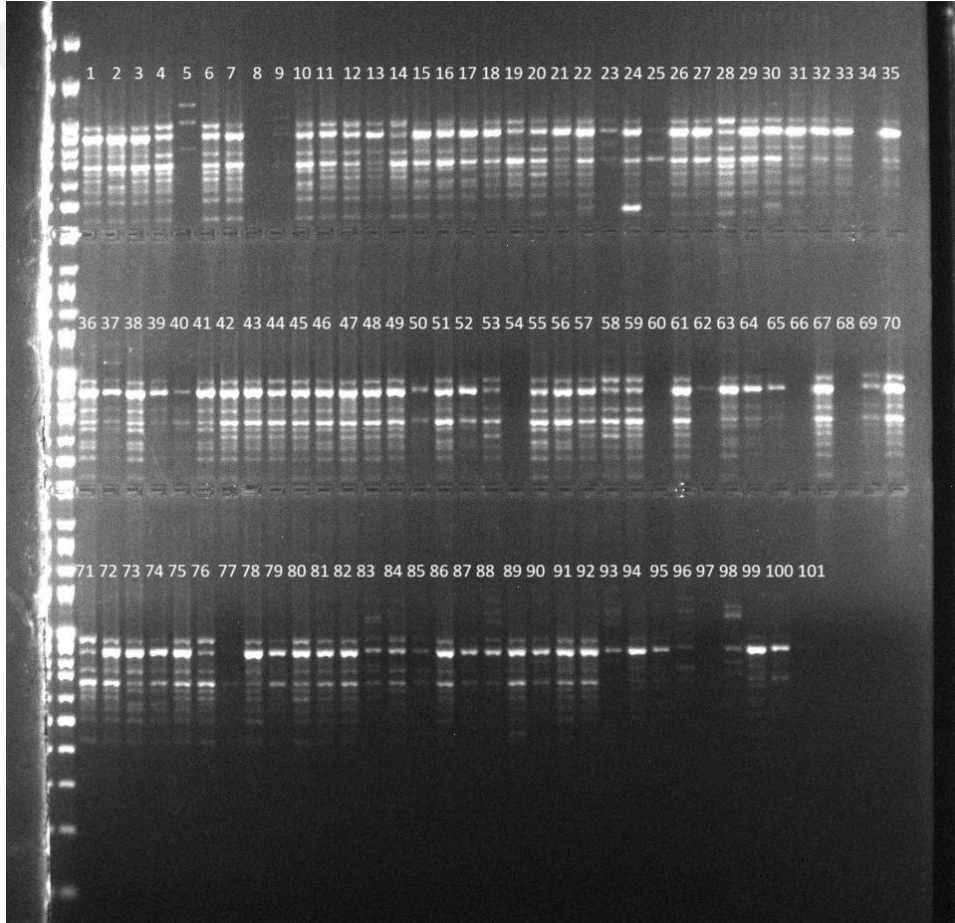
Nerium oleander genotipleri arasındaki genetik ilişkileri analiz etmek için Temel Bileşenler Analizi (PCA) yapılmıştır. Bu çok değişkenli istatistiksel teknik, PAST (Paleontolojik İstatistik) yazılımı, sürüm 2.17 kullanılarak uygulanmıştır (Hammer et al., 2001). Spesifik olarak, PCA'yı gerçekleştirmek için PAST yazılım paketi içindeki Eigen modülü kullanıldı. Eigen modülü, bir veri kümesinden temel bileşenlerin çıkarılmasına izin vererek, altta yatan varyasyon modellerinin görselleştirilmesini ve yorumlanmasını sağlar. Bu çalışmada, PCA, genetik verilerin boyutsallığını azaltmayı ve genetik verileri farklılaştıran ana varyasyon eksenlerini tanımlamayı amaçlamıştır. Elde edilen ana bileşenler daha sonra, incelenen popülasyon içindeki genetik yapının görsel bir temsilini sağlayan bir dağılım grafiği oluşturmak için kullanıldı.

4. BULGULAR

4.1. CBDP Analizi

Bu çalışmada, *Nerium oleander*'nin genetik çeşitliliğini değerlendirmek için CAAT Box Directed Polymorphism (CBDP) on primeri kullanılmıştır. CBDP moleküler markırlarının on primerinin rastgele seçilmiş DNA için ilk analizi skor edilebilir band amplifikasyonu göstermiştir. Daha sonra bu primerler kullanılarak Türkiye'nin farklı bölgelerinden alınan 101 örnek değerlendirilmiştir.

On CBDP primerinin tümü polimorfizm gösterdi. Primerler toplam 110 bant üretmiştir. En yüksek amplifiye bant sayısı, toplam 17 bant ile CAAT25'in primerinde gözlenmiştir. En düşük amplifiye bant sayısı, toplam bant sayısı 7 olan primer CAAT1'de gözlenmiştir (Çizelge 4.1). Locus başına ortalama amplifiye bant sayısı 10 olmuştur.



Şekil 0.1 CAAT3 CDBP Primeri kullanılarak *N. oleander*'in DNA amplifikasyonu

Toplam polimorfik bant sayısı 89 olup, %80.91 polimorfizmi temsil etmektedir. Primer CAAT6 ve CAAT8, sırasıyla 14 ve 12 olmak üzere en yüksek sayıda polimorfik bant üretti ve tüm bantlar polimorfikti. Primer CAAT25 en düşük sayıda polimorfik bant üretti, 8 banttan 4'ü (%50) polimorfikti. Locus başına polimorfik bantların ortalama sayısı 8.9 idi.

Çizelge 0.1. Kullanılan CBDP primerleri, toplam band sayısı (TBS), Polimorfik band sayısı (PBS) ve yüzde polimorfizm oranları.

Primer				
Numarası	Primer Kodu	TBS	PBS	Polimorfizm (%)
1	CAAT1	7	4	57.14
2	CAAT2	12	10	83.33
3	CAAT3	15	13	86.67
4	CAAT6	14	14	100.00
5	CAAT8	12	12	100.00
6	CAAT9	8	6	75.00
7	CAAT13	7	5	71.43
8	CAAT16	10	7	70.00
9	CAAT21	8	4	50.00
10	CAAT25	17	14	82.35
Toplam		110	89	80.91

Çizelge 0.2. CBDP primerlerinin marker verimlilik parametreleri.

Primer Kodu	H	PIC	EMR	H.av	MI	D	R
CAAT1	0.3859	0.3252	1.0000	0.3859	0.3859	0.2999	0.0000
CAAT2	0.4931	0.3715	6.7071	0.0004	0.0028	0.6878	5.7576
CAAT3	0.4947	0.3723	8.2747	0.0004	0.0030	0.6959	2.7692
CAAT6	0.3858	0.3114	10.3457	0.0003	0.0035	0.4541	4.4444
CAAT8	0.4928	0.3714	6.7204	0.0004	0.0030	0.6866	8.1290
CAAT9	0.4882	0.3690	4.6139	0.0006	0.0028	0.6677	2.4356
CAAT13	0.4703	0.3597	4.3535	0.0007	0.0030	0.6135	3.1717
CAAT16	0.4588	0.3535	6.4356	0.0005	0.0029	0.5861	2.9703
CAAT21	0.3097	0.2618	6.4674	0.0004	0.0027	0.3467	2.3696
CAAT25	0.4913	0.3706	9.6235	0.0003	0.0033	0.6797	4.6353
Ortalama	0.4471	0.3466	6.4542	0.0390	0.0413	0.5718	3.6683

H = beklenen heterozigotluk, PIC = polimorfizm bilgi içeriği, EMR = Etkili multipleks oranı, H.av = ortalama heterozigotluk, MI= marker indeksi, D= Ayırt edici güç, R= çözme gücü.

Beklenen heterozigotluk en düşük 0.31 (CAAT21) ve en yüksek 0.50 (CAAT3) olarak belirlendi. (Çizelge 4.2). Ortalama olarak, beklenen heterozigotluk 0.45 idi ve CAAT21, CAAT6 ve CAAT1 en düşük değerleri sergiledi. İşaretleyici bilgilendiriciliğinin bir göstergesi olan polimorfizm bilgi içeriği (PIC), 0.26 (CAAT21) ile 0.37 (CAAT3) arasında değişmekte olup, ortalama 0.35'dir. PIC'ye dayalı en bilgilendirici markırlar CAAT2, CAAT3 ve CAAT8 idi. Etkili multipleks oranı (EMR)

1.00 CAAT1 ile 10.35 (CAAT6) arasında değişmektedir. Buna karşılık, marker indeksi (MI) değerleri genellikle 0.003 (CAAT21) ile 0.39 (CAAT1) arasında bir aralıkta düşüktü. Ayırt edici güç ve ortalama heterozigotluk gibi diğer ölçümler de sırasıyla 0.30 ile 0.70 ve 0.0003 ile 0.386 arasında düşük aralıklar gösterdi. Markırların çözme gücü önemli ölçüde değişmiştir ve CAAT8 (8.13) en yüksek değeri göstermiştir.

4.2. Genetik Benzerlik Analizi

Genetik benzerlik analizi, organizmaların birbirine ne kadar yakın olduğunu ölçer. CAAT Box Derived Polimorfizm (CBDP) moleküler markırları ile taranan *Nerium oleander* örnekleri için oluşturulan benzerlik matrisi, tüm genotiplerde 0.38 ile 0.96 arasında değişmiştir. Genetik benzerlik ne kadar yüksekse, genotiplerin yakından ilişkili olduğunu gösterir. Genotipler arasındaki genetik benzerliğin düşük olması, genotiplerin uzak akraba olduğunu göstermektedir.

Nerium oleander'inin genetik benzerlikleri incelendiğinde, 25-Menderes, 26-Selçuk Ahmetbeyli, 28-Güzelbahçe, 44-Mersin Girişi, 45-Mersin Girişi, 47-Akdeniz, 58-Hatay ve 78-Kemer genotiplerinin birbirleri ile çok yakından ilişkili olduğu görülmüştür. Bu genotiplerin genetik benzerliği 0.92'dir. Filogenetik ağaçta, bu genotipler benzer olduklarını gösteren bir araya getirilmiştir. 94-Aydın ve 42-Balıkesir genotiplerinin g 0.38 benzerlik indeksi ile genetik olarak birbirlerinden uzak oldukları görülmektedir.

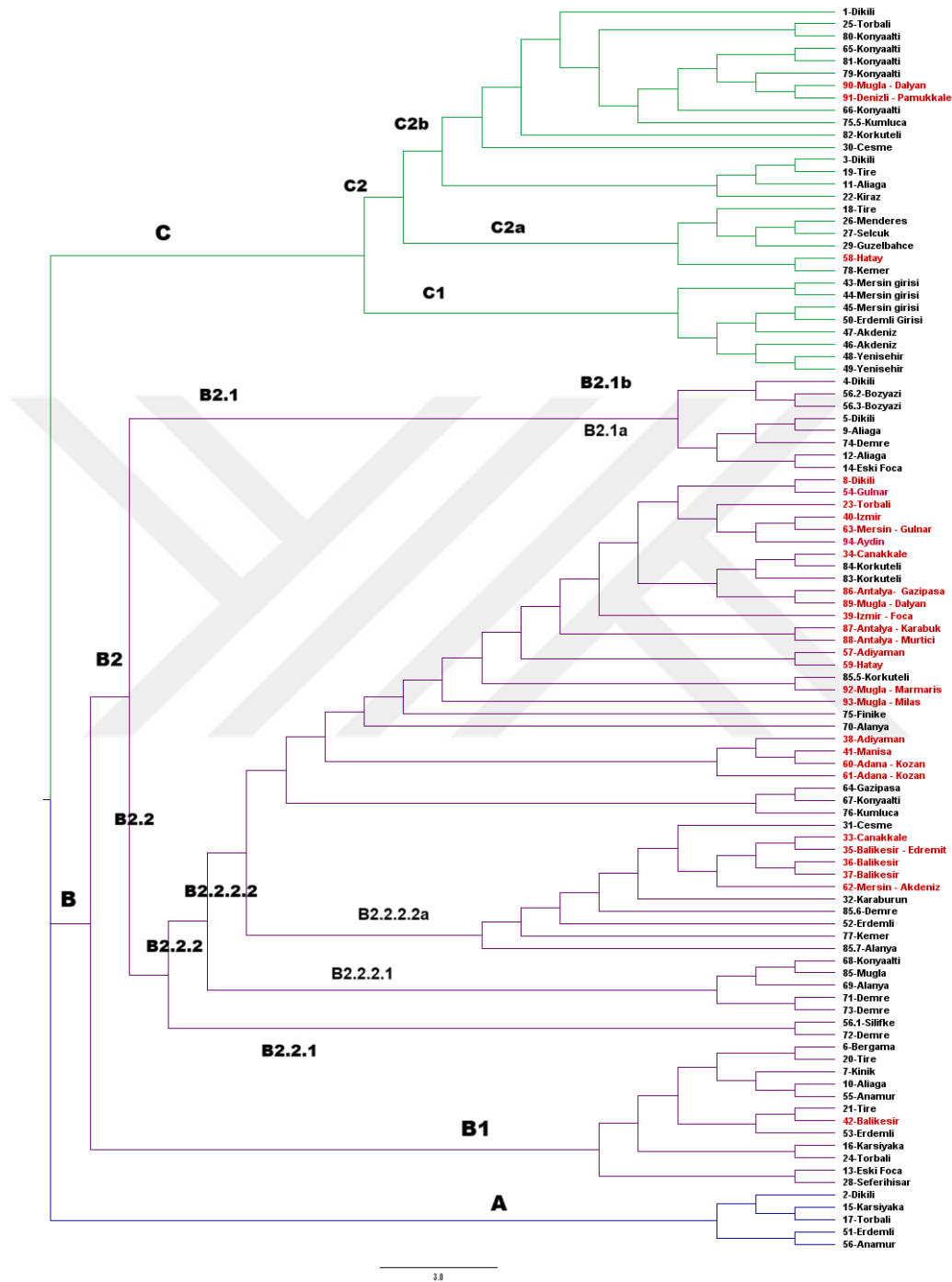
Benzerlik matrisinden elde edilen filogenetik ağaç, *N. oleander* genotiplerini 10 ana kümeye ayırmıştır (Şekil 4.2). Bu genotipler ilk olarak üç ana küme halinde kümelenmiştir. Küme A beş genotip içermektedir. Ege bölgesinden 2-Dikili, 15-Karşıyaka ve 17-Torbalı olmak üzere üç genotip. Aynı kümede Doğu Akdeniz yöresinden 51-Erdemli ve 56-Anamur genotipleri bulunmuştur.

B kümesi, toplam 66 genotip ile en büyük kümedir. Bu küme, alt küme B1 ve alt küme B2 olmak üzere 2 alt kümeye ayrılmıştır. B1 alt kümesinde Doğu Akdeniz yöresinden ikisi (53-Erdemli ve 55-Anamur) olmak üzere 12 genotip, Ege'nden 6-Bergama, 20-Tire, 7-Kınık, 10- Aliğa, 21-Tire, 42- Balıkesir, 16- Karşıyaka, 24- Torbalı, 13- Eski Foça ve 28- Seferihisar genotipi yer almıştır. B2 kümesi ayrıca 6 alt kümeye bölünmüştür. B2.1 ve B2.2 alt kümeleri, B2 alt kümesi içindeki başlıca alt kümelerdir. Alt küme B2.1, 8 genotip ve alt küme B2.2'de yer alan kalan genotipleri içeriyordu.

C kümesi 30 genotip içermekte ve bu küme C1 ve C2 olmak üzere iki küçük kümeye bölünmüştür. Alt küme C2 ayrıca iki küçük kümeye ayrılmıştır: C2a ve C2b. Alt küme C1'in sadece 8 genotipi vardı ve kalan 22 genotip, alt küme C2'de kümelenmiştir.

CBDP genellikle çoğu genotipi coğrafi kökenlerine göre kümelemiştir. Dendrogram ayrıca, doğal bölgelerden toplanan *Nerium oleander*'inin ağırlıklı olarak B2.2.2.2b kümesinde bir araya geldiğini ve farklı gruplar oluşturduğunu ortaya koymaktadır. Buna karşılık, toplanan antropojenik bölgelerden gelen genotipler daha fazla genetik değişkenlik sergilemekte ve bu da uyumlu kümelenme ile sonuçlanmıştır. Doğal genotipler çoğunlukla dendrogramda bir araya toplanmış olsa da, farklı coğrafi bölgelerden doğal genotiplerin karışımı olmuştur. Ege'nden 38- Adıyaman ve 41-Manisa ve Doğu Akdeniz'den 60-Adana - Kozan ve 61-Adana - Kozan genotipleri ortalama 0.72 genetik benzerlik ile birlikte kümelenmiştir. Ege'nden 40-İzmir, Doğu Akdeniz'den 63-

Doğu Akdeniz - Gülnar ve Batı Akdeniz'den 94-Aydın genotipleri birlikte kümelendi. Ancak Ege'den gelen 33- Çanakkale, 35-Balıkesir - Edremit, 36- Balıkesir ve 37-Balıkesir gibi genotipler B2.2.2a kümesi içinde toplanmıştır.



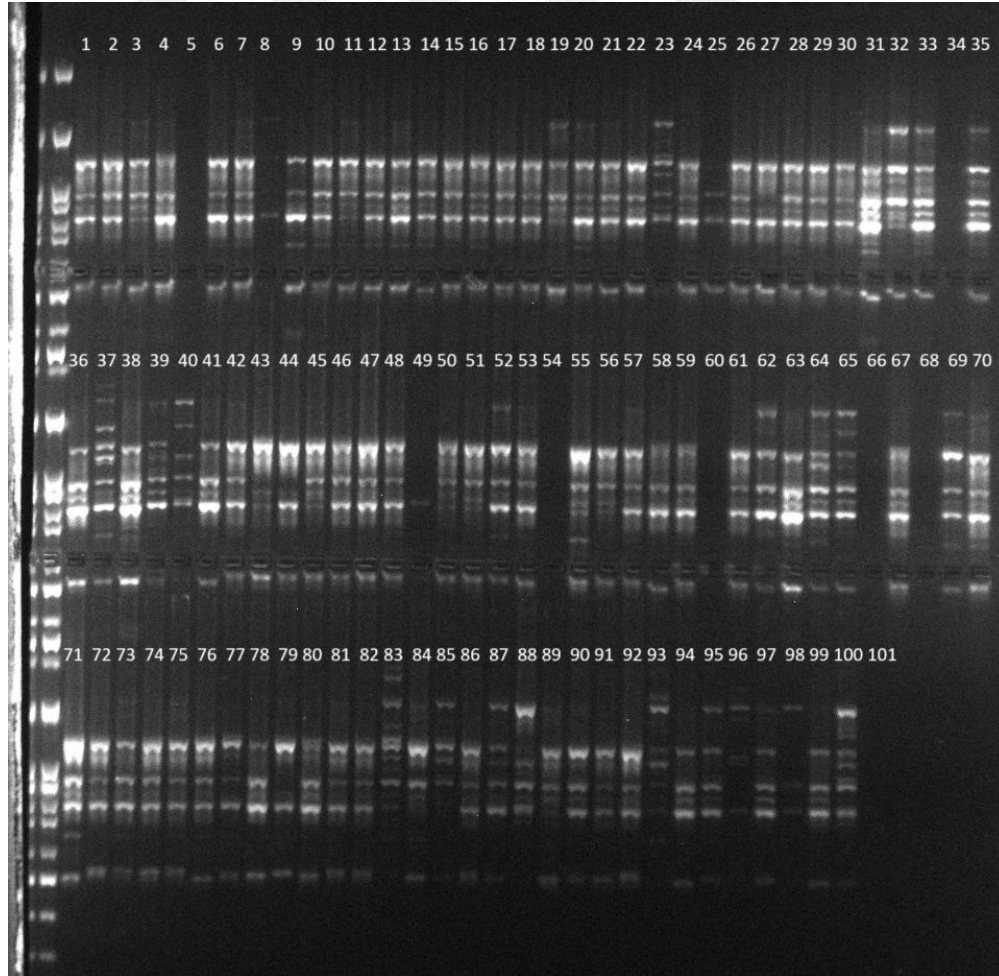
Şekil 0.2. CBDP moleküler markırlarına dayalı Komşu-birleştirme (Neighbor-joining) analizinden elde edilen 101 *N. oleander* genotipinin dendrogramı (kırmızıyla gösterilen genotipler doğal *N. oleander*'dir)

4.3. CEAP Analizi

Nerium oleander'in genetik çeşitliliğini değerlendirmek için on adet Cis-element Amplified Polymorphism (CEAP) moleküler markır primeri kullanılmıştır. CEAP için rastgele seçilmiş DNA örnekleri ile 10 primerin tümünün ilk analizi skor edilebilir bantlar üretmiştir. Daha sonra bu primerler kullanılarak Türkiye'nin farklı bölgelerinden alınan 101 örnek değerlendirilmiştir.

CEAP moleküler markırlarının 10 primerinden 9'u polimorfizm gösterdi. Primerler toplam 103 bant üretti. En yüksek amplifiye bant sayısı, toplam 15 bant ile ACGTG25'in primerinde gözlenmiştir. En düşük amplifiye bant sayısı, toplam bant sayısı 4 olan primer TGAC22'de gözlenmiştir (Çizelge 4.3). Locus başına ortalama amplifiye bant sayısı 10 olmuştur.

Toplam polimorfik bant sayısı 83 olup, %80.58 polimorfizmi temsil etmektedir. Primer ACGTG25, 15 bantın 14'ünde (%93.3) polimorfik bantlar ile en yüksek polimorfik bant sayısını üretmiştir. Primer ACGTG5 9 banttan 5'i (%55.6) polimorfizm ile en düşük polimorfik primeri temsil etmektedir. Locus başına amplifiye edilen ortalama polimorfik bant sayısı 8.3 olmuştur. Primer TGAC22, herhangi bir polimorfik bant üretmediği için monomorfiktir..



Şekil 0.3. CCGA5 CEAP Primeri kullanılarak *N. oleander* genotiplerinin DNA amplifikasyonu örneği

Çizelge 0.3. Kullanılan CEAP primerleri, toplam band sayısı (TBS), Polimorfik band sayısı (PBS) ve yüzde Ppolimorfizm oranları.

Sayı	Primer Kodu	TBS	PBS	Polimorfizm (%)
1	ACGTG5	9	5	55.56
2	ACGTG18	13	12	92.31
3	ACGTG25	15	14	93.33
4	CCGA5	14	13	92.86
5	CCGA6	11	11	100.00
6	TATCC2	10	7	70.00
7	TATCC5	6	4	66.67
8	TGAC2	8	5	62.50
9	TGAC5	13	12	92.31
10	TGAC22	4	0	0.00
Toplam/ortalama		103	83	80.58

Beklenen heterozigotluk değerleri, 0 (TGAC22) ile 0.50 (CCGA6) arasında uzanan ve ortalama 0.38 olan dar bir aralık sergiledi. Beklenen en düşük heterozigotluk TGAC22 ve TGAC5 markırları için gözlemlendi. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri 0 (TGAC22) ile 0.37 (CCGA6) arasında değişmekte olup, ortalama 0.30'dır. En yüksek PIC değerleri CCGA5, CCGA6 ve ACGTG25 primerleri ile ilişkilendirildi. Efektif multipleks oranı (EMR), ortalama 6,8 ile 4,0 (TGAC22) ile 8,6 (ACGTG25) arasında değişen nispeten yüksek değerler sergiledi. Tersine, marker indeks (MI) değerleri düşüktü ve 0.0 (TGAC22) ile 0.0042 (ACGTG18) arasında değişiyordu. Ayırt edici güç ve ortalama heterozigotluk, sırasıyla 0 ile 0.80 ve 0 ile 0.0008 arasında değişen en düşük değerleri gösterdi. Çözümleme gücü değerleri 0 (TGAC22) ile 6.64 (ACGTG25) arasında değişmiştir.

Çizelge 0.4. CEAP primerlerinin işaretleyici verimlilik parametreleri.

Primer Kodu	H	PIC	EMR	H.av	MI	D	R
ACGTG5	0.3789	0.3071	6.7143	0.0006	0.0040	0.4437	0.9714
ACGTG18	0.4783	0.3639	7.8551	0.0005	0.0042	0.6352	3.0725
ACGTG25	0.4891	0.3695	8.6071	0.0004	0.0033	0.6709	6.6429
CCGA5	0.4954	0.3727	6.3298	0.0004	0.0024	0.7958	2.4043
CCGA6	0.4959	0.3729	6.0000	0.0006	0.0036	0.7028	3.7368
TATCC2	0.4226	0.3333	6.9667	0.0005	0.0033	0.5149	3.5333
TATCC5	0.4162	0.3296	4.2283	0.0008	0.0032	0.5038	1.8478
TGAC2	0.3410	0.2829	6.2556	0.0005	0.0030	0.3888	1.5333
TGAC5	0.2848	0.2443	10.7640	0.0002	0.0026	0.3145	4.0449
TGAC22	0.0000	0.0000	4.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Ortalama	0.3802	0.2976	6.7721	0.0004	0.0030	0.4970	2.7787

H = beklenen heterozigotluk, PIC = polimorfizm bilgi içeriği, EMR = Etkili multipleks oranı, H.av = ortalama heterozigotluk, MI= marker indeksi, D= Ayırt edici güç, R= çözme gücü.

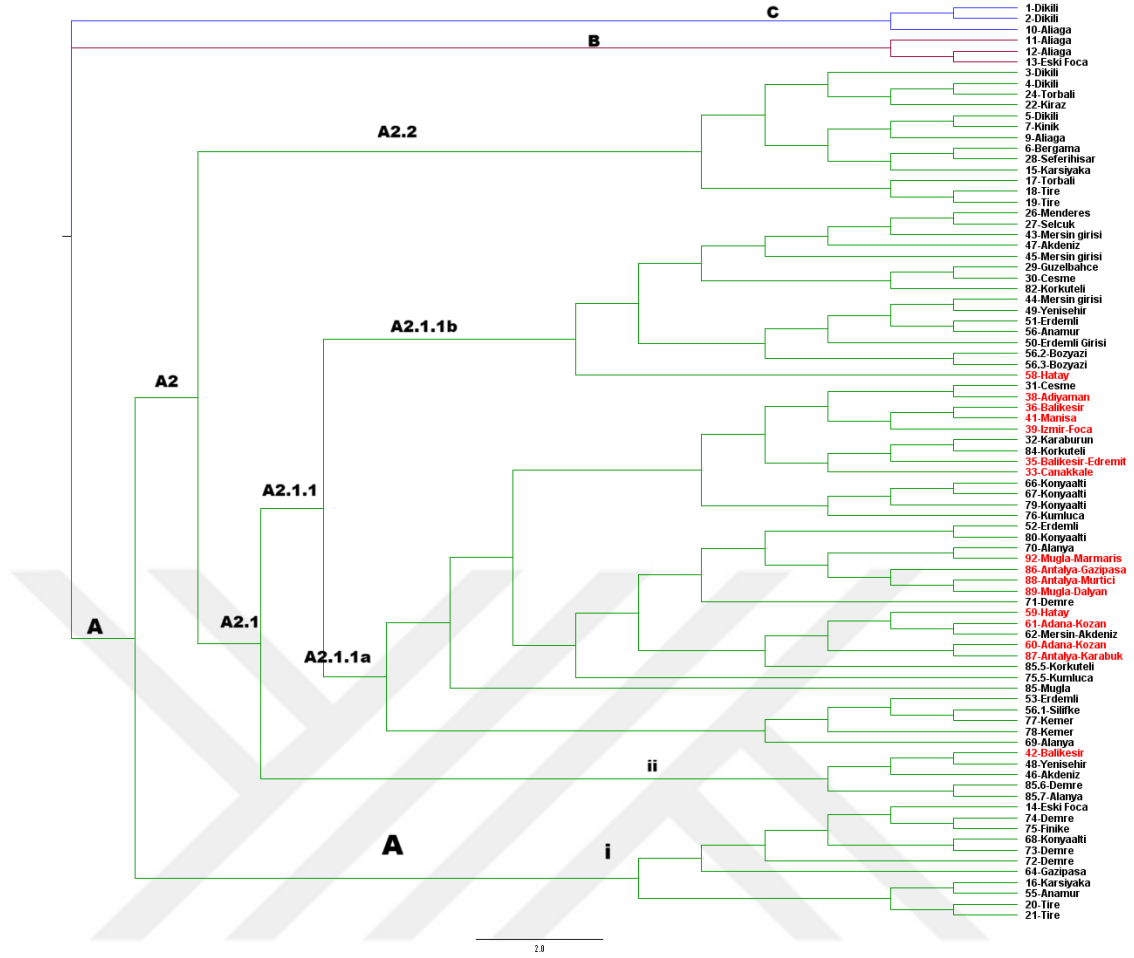
4.4. Genetik Benzerlik Analizi

Cis-element Amplified Polymorphism (CEAP) moleküler markırları ile taranan *Nerium oleander* örnekleri için benzerlik matrisi tüm genotiplerde 0.47 ila 0.97 arasında değişmiştir.

Nerium oleander'in genetik benzerlikleri, Ege'nden 7-A7-Dikili ve 5-A5-Dikili genotiplerinin birbirleriyle yakından ilişkili olduğunu göstermiştir. Bu genotiplerin genetik benzerliği 0.97'dir. Filogenetik ağaçta bu genotipler birlikte kümelenecek benzer olduklarını göstermiştir. Batı Akdeniz'den 96-D4 Muğla Dalyan ve Ege'nden 9-A9 Aliğa genotiplerinin uzak ilişki olduğu belirlenmiştir. Genetik benzerlikleri 0.38 idi.

Benzerlik matrisinden elde edilen filogenetik ağaç, *N. oleander* genotiplerini 10 ana kümeye ayırmıştır (Şekil 4.4). Bu genotipler ilk olarak üç ana küme halinde kümelenecektir. Küme A beş alt küme içeriyordu. Küme A, 79 numune ile en büyük kümeydi. Bu küme iki alt kümeye ayrılmıştır (A1 kümesi ve A2 kümesi). A1 kümesinde 6'sı Batı Akdeniz yöresine ait olmak üzere toplam 11 genotip (64-Gazipaşa, 72-Demre, 73-Demre, 68-Konyaaltı, 75-Finike ve 74-Demre) bulunmaktadır. Bir genotip Doğu Akdeniz'den (55-Anamur) alınmıştır. Kalan 4 genotip ise İzmir yöresindendi (14-Eski Foça, 16-Karşıyaka, 20-Tire ve 21-Tire).

A2 Kümesi ayrıca iki alt kümeye (A2.1 ve A2.2) ayrılmıştır. A2.1 alt kümesi en fazla genotipe sahipken, A2.2 alt kümesi 13 genotipe sahipti ve bunların tümü Ege bölgesindendir. Küme B ve Küme C'nin her ikisi de Ege bölgesinden olmak üzere 3 genotipe sahiptir. 11-Aliğa, 12-Aliğa ve 13-Eski Foça genotipleri B



Şekil 0.4. CEAP moleküler markırlarına dayalı Komşu-birleştirme (Neighbor-joining) analizinden elde edilen 85 *N. oleander* genotipinin *dendrogramı* (kırmızıyla gösterilen genotipler doğal *N. oleander*'dir)

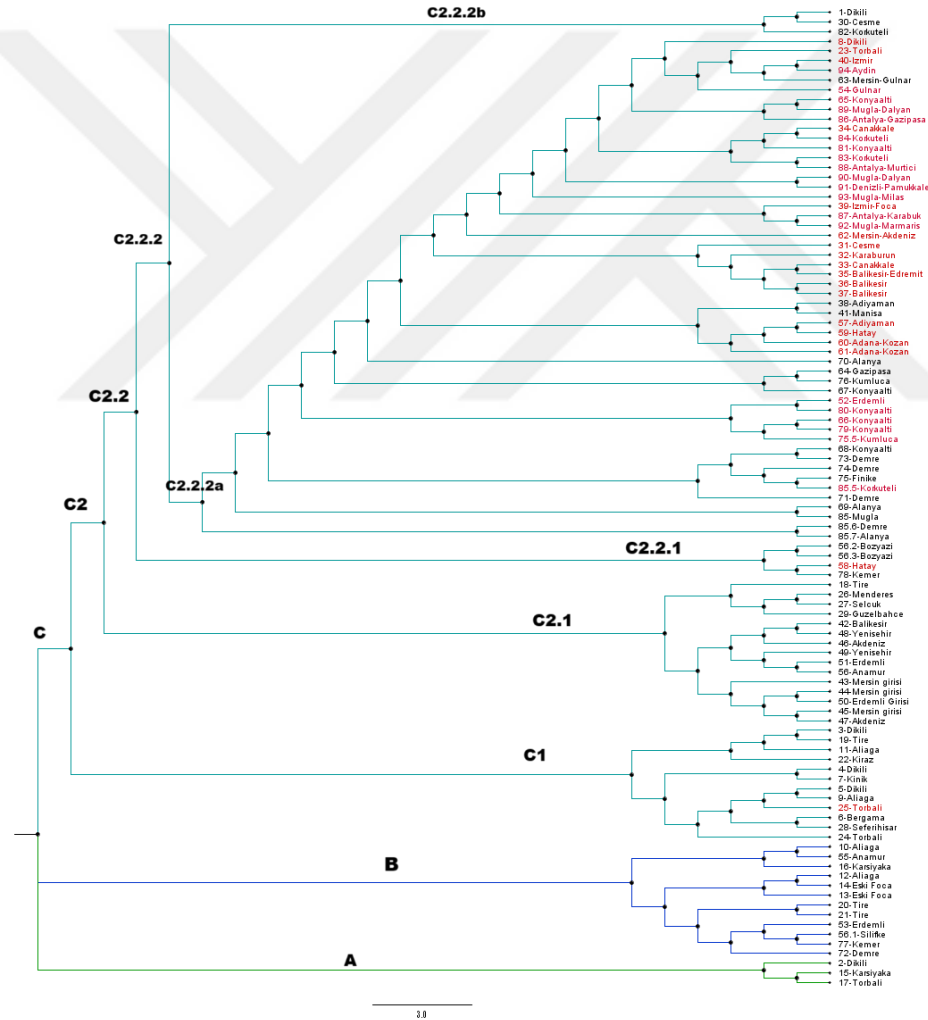
kümesinde kümelenmiştir. 1-Dikili, 2-Dikili ve 10-Aliğa genotipleri ise C kümesinde kümelenmiştir.

CEAP moleküler markırı, benzer coğrafyadan toplanan genotipleri aynı kümelerle kümeleyebilmiştir. A2.1.a(i) kümesinde olduğu gibi bu kümedeki tüm genotipler Batı Akdeniz'den toplanmıştır. Bu durum A2.2 kümesi için de geçerlidir ve tüm genotipler Ege bölgesinden toplanmıştır. Diğer kümelerde, farklı konumlardan kümelenmiş genotipler vardır. Moleküler markır ayrıca doğal *N. oleander* genotipleri ile antropojenik genotipler arasında ayrım yapmaktadır. A2.1.a(ii) genotiplerinin yüzde 50'den fazlası doğal ortamlardan toplanan *N. oleander* dir. Bunlar küçük alt kümelerde bir araya toplanmıştır. Doğu Akdeniz'den gelen 59-Hatay 61-Adana - Kozan ve 62-Mersin - Akdeniz genotipleri birlikte kümelenmiştir. Aynı şekilde Batı Akdeniz'den gelen 86-Antalya - Gazipaşa, 88-Antalya - Murtici, 89-Antalya - Muğla - Dalyan ve 92-Muğla - Marmaris genotipleri de birlikte kümelenmiştir. Ege 38-Adıyaman, 36-Balıkesir, 41-Manisa ve 39-İzmir - Foça doğal genotipleri birlikte kümelenmiştir. Doğu Akdeniz'den 60-Adana - Kozan ve Batı Akdeniz'den 87-Antalya - Karabük gibi farklı yerlerden gelen diğer doğal genotipler birlikte kümelenmiştir. Kalan genotipler antropojenik *N. oleander* ile birlikte kümelenmiştir.

4.5. CBDP ve CEAP Birleşik Verileri

CBDP ve CEAP moleküler markırları için jel skorları birleştirildi ve genetik verilerin *N. oleander*'in genetik çeşitliliği üzerindeki birleşik etkilerini değerlendirmek için analiz edildi. Genetik benzerlik 0.34 ile 0.95 arasında değişmektedir. En yüksek genetik benzerlik 0.95 olup, en yüksek genetik benzerliğe sahip genotipler 27-Selçuk Ahmetbeyli ve 26-Menderes, 29-Güzelbahçe ve 26-Menderes, 47-Akdeniz ve 45-Mersin giriş ve 58-Hatay ve 26-Menderes arasında bulunmuştur. En düşük genetik benzerlik 0.34 ile 94-Aydın ve 12-Aliğa ve 94-Aydın ve 42-Balıkesir genotipleri arasında elde edilmiştir.

Dendrogramda genotipler, komşu-birleştirme küme analizine dayalı olarak 3 (A, B ve C) kümeye ayrıldı (Şekil 4.5). Birleştirilmiş verilere dayanarak, genetik yakınlık ile yakın yerlerden toplanan genotipler arasında biraz daha yüksek bir ilişki vardır.



Şekil 0.5. CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleştirilmiş verilerine dayanan Komşu-birleştirme analizinden elde edilen 101 *N. oleander* genotipinin dendrogramı (kırmızı renkli genotipler SP1'e aittir)

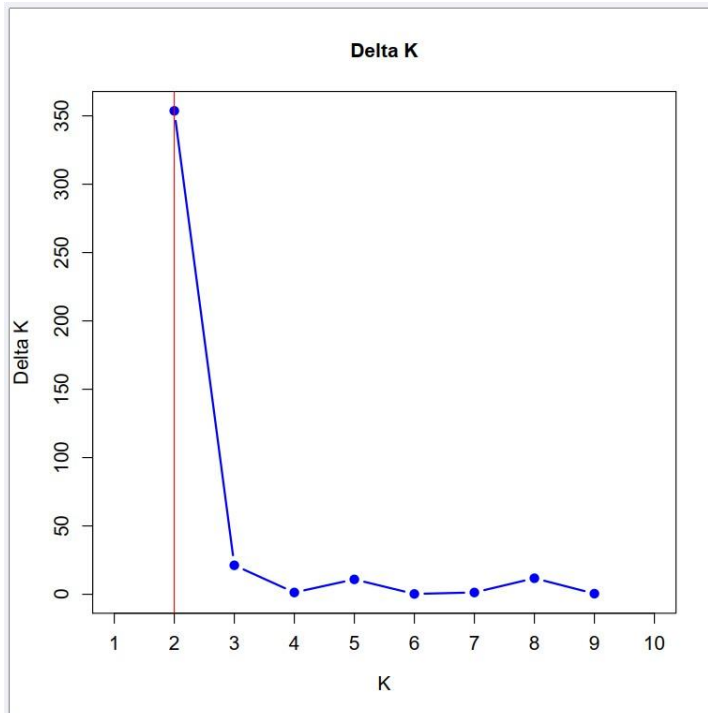
A kümesinde tamamı Ege'nden toplanan 3 genotip (2-Dikili 15-Karşıyaka ve 17-Torbalı) bulunmaktadır. B kümesinde, farklı yerlerden toplanan 12 genotip vardır. 2

genotip (72-Demre ve 77-Kemer) Batı Akdeniz'den, 3 genotip (55-Anamur, 53-Erdenli ve 56.1-Silifke) ise Doğu Akdeniz'den toplananlardır. Geriye kalan 7 genotip ise Ege'de toplanan genotiplerdir. C Kümesi, en fazla genotipe sahip olan en büyük kümedir. Bu kümede farklı konumlardan toplanmış 75 genotip bulunmaktadır. Bu küme 8 küçük alt kümeye bölünmüştür (C1, C2, C2.1, C2.2.1, C2.2.2, C2.2.2a ve C2.2.2b). Bu kümeler genotipleri kısmen toplanma alanlarına göre gruplandırmıştır. Alt küme C2.2.2b en fazla genotipe sahiptir.

Birleştirilmiş verilere dayanarak, toplanan doğal *N. oleander* genotipleri birlikte kümelenmiştir. C2.2.2b kümesi en fazla sayıda doğal genotipe sahipti. Bu doğal genotipler de çoğunlukla toplanma alanlarına göre kümelenmiştir. Ege'nden gelen 33-Çanakkale, 35-Balıkesir - Edremit, 36-Balıkesir ve 37-Balıkesir genotipleri birlikte kümelenmiştir. Aynı şekilde Doğu Akdeniz'den alınan 57-Adıyaman, 59-Hatay, 60-Adana - Kozan ve 61-Adana - Kozan genotipleri de bir arada kümelenmiştir. Ancak Batı Akdeniz'den kısmen kümelenmiş genotipler için sadece 90-Muğla - Dalya ve 91-Denizli – Pamukkale, ve 87-Antalya - Karabük ve 92-Muğla - Marmaris kendi kümeleri üzerindeydi. Genel olarak, CBDP ve CEAP moleküler markırlarının dendrogram tabanlı birleşik verilerinde doğal ve antropojenik *N. oleander* arasında ayrım vardır.

4.6. Popülasyon Yapısı Analizi

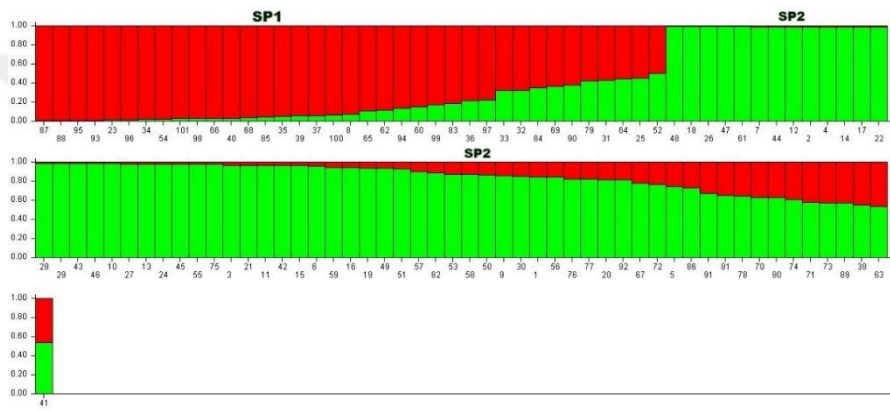
N. oleander genotipleri, $K = 1 - 10$ aralığındaki genotip alt popülasyonlarının karışımını değerlendirmek için CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleştirilmiş verilerine dayanan STRUCTURE yazılımı (Pritchard vd., 2000) ile yapı analizine tabi tutulmuştur. En iyi K değerini bulmak için oluşturulan sonuçlar Structure Selector yerleştirildi (Li ve Liu, 2018). Structure Selector kullanılarak hesaplanan optimum küme sayısı (K) 2 olarak bulunmuştur (Şekil 4.6).



Şekil 0.6: Structure Selector tarafından tahmin edildiği gibi 1 ile 10 arasında değişen K -değerleri alt gruplarının sayısının strüktür tahmini

Bulunan küme sayısının 2 olması, genotiplerin 2 alt popülasyonda gruplandırıldığı anlamına gelir. Bayesian çubuk parselleri, katkı modeli ile Bayesian yöntemi kullanılarak oluşturulmuştur (Şekil 4.7). Bireyleri her bir alt popülasyona göre gruplandırmak için, üyelik olasılıkları 0.50'den az veya daha büyük olan genotipler aynı gruba konuldu.

101 genotipten 37'si alt popülasyon 1'e (SP1) atandı ve bu da %36.6'yı temsil etti. Alt popülasyon 2'de (SP2), genotiplerin %63.4'ünü temsil eden 64 genotip bu gruba atanmıştır. SP1'de Batı Akdeniz'den toplanan 18 genotip bu gruba atanmıştır. 12 genotip Ege'nden, 7 genotip ise Doğu Akdeniz'den toplanmıştır. Ancak, 34 genotip karışım olarak tanımlandı. Bu genotipler, her iki alt popülasyon için Q değerleri 0,2 ile 0,8 arasında olan SP1 ve SP2'den önemli genetik katkılara sahipti. Bu karışım genotipleri, Şekil 4.7'de kırmızı (SP1) ve yeşil (SP2) segmentlerin karışımını içeren çubuklarla görsel olarak temsil edilmektedir ve bu da onların karışım kökenini göstermektedir.



Şekil 0.7. CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleştirilmiş verileri kullanılarak yapılan Strüktür analizinden elde edilen 101 *N. oleander* genotipinin genetik yapıları

SP1'de bu gruba atanan 37 genotipten 19'u doğal *N. oleander* olup, gruptaki toplam genotiplerin %51.4'ünü temsil etmektedir. Toplam 26 adet doğal ortam genotipi toplanmıştır ve bunların %73.1'i ağırlıklı olarak SP1'de yer almaktadır.

SP2'de kalan 64 genotip vardı. Bu alt popülasyon ağırlıklı olarak antropojenik *N. oleander* tarafından işgal edildi. Ege'nden toplanan genotipler (29) ağırlıklı olarak grubu işgal ederken, bunu Batı Akdeniz ve Doğu Akdeniz'den toplanan genotipler izledi. 64 genotipin 57'si (%89.1) antropojenik *N. oleander*'dir.

Popülasyon arasındaki farklılıkları tahmin etmek için STRUCTURE'de fiksasyon indeksi (F_{st}) hesaplandı. F_{st} , popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın bir ölçüsüdür. Bir dizi popülasyondaki toplam genetik varyasyonun ne kadarının bu popülasyonlar arasındaki farklılıklardan kaynaklandığını söyler. Hesaplanan F_{st} değerinde, alt popülasyon 1'in F_{st} değerinin 0.21 ve alt popülasyon 2'nin F_{st} değerinin 0.53 olduğu bulunmuştur (Tablo 4.5).

Çizelge 0.5. Fiksasyon indeksi (F_{st}), ortalama mesafeler (beklenen heterozigotluk/ H_e) ve her bir alt popülasyona atanan genotip sayısı için 101 *N. oleander* genotipinin strüktür sonuçları

Popülasyon	Çıkarılan kümeler	Ortalama F_{st}	H_e	Genotip sayısı
Alt Popülasyon 1(SP1)	0.39	0.21	0.24	37
Alt Popülasyon 2 (SP2)	0.61	0.53	0.14	64

Beklenen heterozigotluk (H_e), üretilen varsayılan alt popülasyonlara dayalı olarak STRUCTURE'de ölçüldü. Beklenen heterozigotluk, bir popülasyondaki genetik çeşitliliğin bir ölçüsüdür. Bir popülasyon içindeki genetik varyasyon miktarını değerlendirmek için kullanılır (Harris ve DeGiorgio, 2017). Beklenen H_e değeri, alt popülasyon 1 ve alt popülasyon 2 için sırasıyla 0.24 ve 0.14 idi (Çizelge 4.5).

4.7. Moleküler Varyans Analizi (AMOVA)

STRUCTURE tarafından tanımlanan alt popülasyonlar, GenAlEX'teki moleküler varyans (AMOVA) analizi yoluyla popülasyonlar arasındaki ve popülasyonlar içindeki değişiklikleri değerlendirmek için analiz edildi. AMOVA'ya dayanarak, iki popülasyon arasında hafif bir genetik varyasyon olduğunu ortaya çıkmıştır. Popülasyonlar içindeki genetik farklılık %69 ile biraz daha yüksektir (Çizelge 4.8).

Çizelge 0.8. İki alt popülasyondaki 101 birey için moleküler varyans analizi

Kaynak	s.d	SS	MS	Est. Var.	%	PhiPT	P
Popülasyon	1	747.83	747.83	15.23	31%	0.31	0.001
Arasında							
Popülasyon İçinde	99	3345.84	33.80	33.80	69%		
Toplam	100	4093.663		49.024	100%		

s.d. = Serbestlik derecesi, SS=Kareler toplamı, MS = Ortalama kareler, Est. Var. = Tahmini varyans, % = Toplam Varyasyon Yüzdesi, PhiPT=Toplam varyasyona göre Popülasyonlar arasındaki varyasyon için Phi (Φ) katsayısı, P= P değeri

Çizelge 0.6. STRUCTURE tarafından belirlenen alt popülasyon 1'e atanan *N. Oleander*

Genotip	Genotip türü	Genotip	Genotip türü
8-Dikili	Antropojenik	65-Konyaaltı	Antropojenik
23-Torbalı	Antropojenik	66-Konyaaltı	Antropojenik
25-Torbalı	Antropojenik	75.5-Kumluca	Antropojenik

Çizelge 4.6'nın devamı.

31-Çeşme	Antropojenik	79-Konyaaltı	Antropojenik
32-Karaburun	Antropojenik	80-Konyaaltı	Antropojenik
33-Çanakkale	Doğal	81-Konyaaltı	Antropojenik
34-Çanakkale	Doğal	83-Korkuteli	Antropojenik
35-Balıkesir Edremit	Doğal	84-Korkuteli	Antropojenik
36-Balıkesir	Doğal	85.5-Korkuteli	Antropojenik
37-Balıkesir	Doğal	86-Antalya Gazipaşa	Doğal
39-İzmir Foça	Doğal	87-Antalya Karabük	Doğal
40-İzmir	Doğal	88-Antalya Murtıçı	Doğal
52-Erdemli	Antropojenik	89-Muğla Dalyan	Doğal
54-Gülner	Antropojenik	90-Muğla Dalyan	Doğal
57-Adıyaman	Doğal	91-Denizli Pamukkale	Doğal
59-Hatay	Doğal	92-Muğla Marmaris	Doğal
61-Adana Kozan	Doğal	93-Muğla Milas	Doğal
62-Mersin Akdeniz	Doğal	94-Aydın Gölcük köprüsü	Doğal
63-Mersin Gülner	Doğal		

Çizelge 0.7. STRUCTURE tarafından belirlenen alt popülasyon 2'ye atanan *N. oleander*

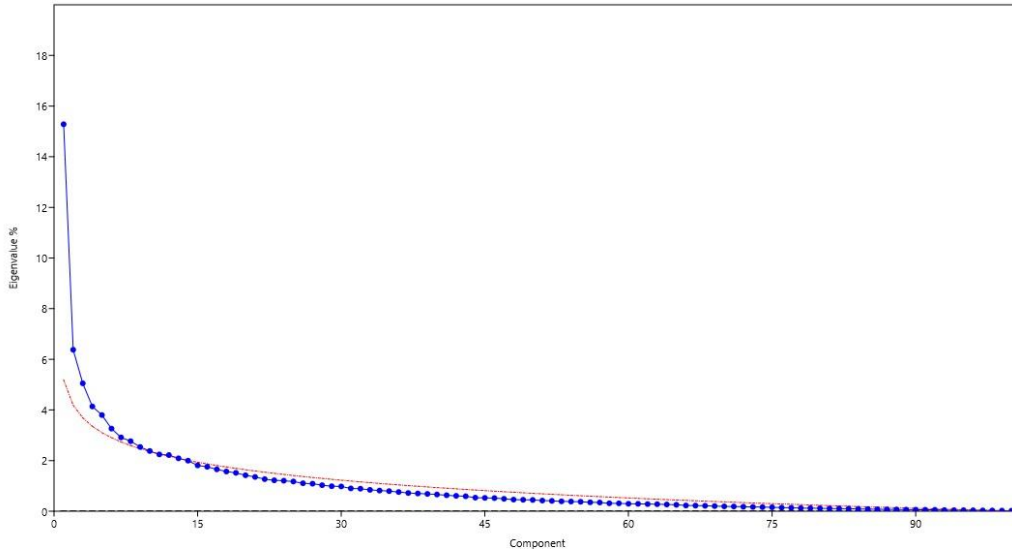
Genotip	Genotip türü	Genotip	Genotip türü	Genotip	Genotip türü
1-Dikili	Antropojenik	26-Menderes	Antropojenik	56.3-Bozyazı	Antropojenik
2-Dikili	Antropojenik	27-Selçuk	Antropojenik	58- Hatay	Doğal
3-Dikili	Antropojenik	28-Seferihisar	Antropojenik	60- Adana Kozan	Doğal
4-Dikili	Antropojenik	29-Güzelbahçe	Antropojenik	64-Gazipaşa	Antropojenik
5-Dikili	Antropojenik	30-Çeşme	Antropojenik	67-Konyaaltı	Antropojenik
6-Bergama	Antropojenik	38-Adıyaman	Antropojenik	68-Konyaaltı	Antropojenik
7-Dikili	Antropojenik	41-Manisa	Doğal	69-Alanya	Antropojenik
9-Aliğa	Antropojenik	42-Balıkesir	Doğal	70-Alanya	Antropojenik
10-Aliğa	Antropojenik	43-Mersin girişi	Antropojenik	71-Demre	Antropojenik
11-Aliğa	Antropojenik	44-A2-Mersin girişi	Antropojenik	72-Demre	Antropojenik
12-Aliğa	Antropojenik	45-A3-Mersin girişi	Antropojenik	73-Demre	Antropojenik
13-Eski Foça	Antropojenik	46-Akdeniz	Antropojenik	74-Demre	Antropojenik
14-Eski Foça	Antropojenik	47-Akdeniz	Antropojenik	75-Finike	Antropojenik
15-Karşıyaka	Antropojenik	48-Yenişehir	Antropojenik	76-Kumluca	Antropojenik
16-Karşıyaka	Antropojenik	49-Yenişehir	Antropojenik	77-Kemer	Antropojenik

Çizelge 4.7'nin devamı.

17-Torbalı	Antropojenik	50-Erdemli Girişi	Antropojenik	78-Kemer	Antropojenik
18-Tire	Antropojenik	51-Erdemli	Antropojenik	82-Korkuteli	Antropojenik
19-Tire	Antropojenik	53-Erdemli	Antropojenik	85-Muğla	Antropojenik
20-Tire	Antropojenik	55-Anamur	Antropojenik	85.6-Demre	Antropojenik
21-Tire	Antropojenik	56-Anamur	Antropojenik	85.7-Antalya Alanya	Antropojenik
22-Kiraz	Antropojenik	56.1-Silifke	Antropojenik		
24-Torbalı	Antropojenik	56.2-Bozyazı	Antropojenik		

4.8. Temel Bileşen Analizi (PCA)

Jel elektroforezi skorlanmış veriler için karmaşık veri yapılarındaki temel eğilimleri özetlemek için temel bileşen analizi (PCA) yapıldı. PCA, CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleşik verilerine dayanarak hesaplandı. Hesaplanan PCA, 99 ana bileşenin (PC) genotipler arasındaki değişikliğe katkıda bulunduğunu ortaya koymuştur (Tablo 4.9). Oluşturulan slope grafiğine göre 99 PC arasında ilk 5 bileşen değişime daha fazla katkıda bulunmuştur (Şekil 4.9). Bu bileşenler, genotipler arasındaki toplam değişkenliğin %50'sinden daha büyük Eigen değerlerine sahipti. İlk üç bileşen, PC1, PC2 ve PC3, sırasıyla %28,1, %8,1 ve %5,2'lik değerlerle değişkenliğe daha fazla katkıda bulunmuştur.



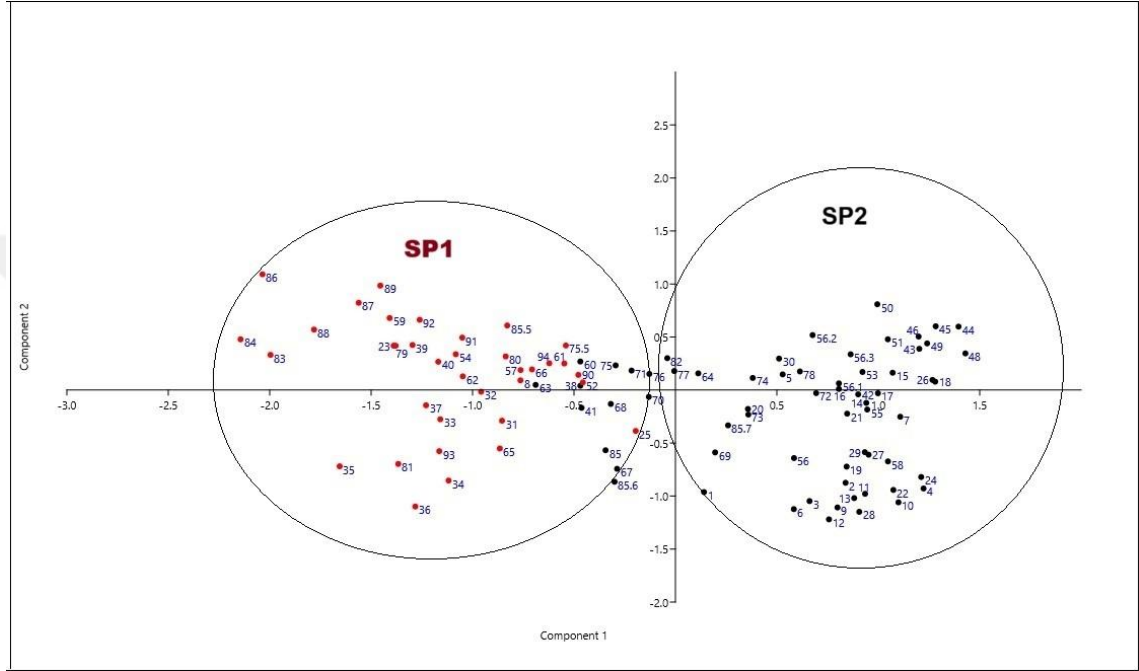
Şekil 0.9. CBDP ve CEAP markırları için birleştirilmiş verilere dayalı slope grafiği

Çizelge 0.8. Özdeğerler ve %Değişim

PC	EV	%V	PC	EV	%V	PC	EV	%V
1	10.40	28.06	34	0.22	0.59	67	0.06	0.17
2	3.01	8.11	35	0.21	0.56	68	0.06	0.15
3	1.92	5.18	36	0.20	0.54	69	0.05	0.15
4	1.58	4.26	37	0.20	0.53	70	0.05	0.14
5	1.44	3.88	38	0.19	0.51	71	0.05	0.14
6	1.08	2.91	39	0.18	0.49	72	0.05	0.13
7	0.99	2.66	40	0.18	0.48	73	0.05	0.13
8	0.94	2.54	41	0.17	0.47	74	0.04	0.12
9	0.78	2.11	42	0.16	0.43	75	0.04	0.11
10	0.75	2.03	43	0.15	0.40	76	0.04	0.11
11	0.71	1.92	44	0.15	0.39	77	0.04	0.10
12	0.63	1.70	45	0.14	0.37	78	0.04	0.10
13	0.57	1.54	46	0.14	0.37	79	0.03	0.09
14	0.54	1.47	47	0.13	0.35	80	0.03	0.09
15	0.52	1.42	48	0.13	0.34	81	0.03	0.08
16	0.50	1.34	49	0.12	0.33	82	0.03	0.08
17	0.47	1.27	50	0.12	0.32	83	0.03	0.07
18	0.46	1.24	51	0.12	0.31	84	0.03	0.07
19	0.42	1.14	52	0.11	0.30	85	0.02	0.06
20	0.40	1.09	53	0.11	0.29	86	0.02	0.06
21	0.38	1.04	54	0.10	0.27	87	0.02	0.06
22	0.36	0.97	55	0.10	0.26	88	0.02	0.05
23	0.33	0.90	56	0.09	0.25	89	0.02	0.05
24	0.31	0.84	57	0.09	0.24	90	0.02	0.04
25	0.31	0.84	58	0.09	0.24	91	0.02	0.04
26	0.29	0.79	59	0.09	0.24	92	0.01	0.04
27	0.29	0.78	60	0.08	0.22	93	0.01	0.03
28	0.27	0.73	61	0.08	0.21	94	0.01	0.03
29	0.27	0.72	62	0.08	0.20	95	0.01	0.03
30	0.26	0.70	63	0.07	0.19	96	0.01	0.03
31	0.25	0.68	64	0.07	0.18	97	0.01	0.02
32	0.24	0.65	65	0.07	0.18	98	0.01	0.02
33	0.22	0.60	66	0.06	0.17	99	0.01	0.02

PC = Principal component; EV = Eigenvalue; %V = % varyans

Dağılım grafiği, daha fazla Eigan değerine ve %değişim sahip olan ilk iki PC'ye (PC1 ve PC2) dayalı olarak oluşturulmuştur (Şekil 4.10). Oluşturulan dağılım grafiğine dayanarak, en yüksek genetik benzerliğe sahip *N. oleander* genotipleri dağılım grafiği üzerinde bir araya toplanmıştır. Daha düşük genetik benzerliğe sahip olanların dağıldığı görülmüştür. Genotiplerin yerleşimine bağlı olarak, antropojenik ortamdan toplanan genotipler bir araya kümelenmiştir. Bu genotipler benzerlik matrisinde yüksek genetik benzerliğe sahiptir. Doğal ortamlardan toplanan genotiplerin çoğu, dağılım grafiği üzerinde antropojenik ortamdan toplananlarla birlikte kümelenmemiştir.



Şekil 0.10. CDBP ve CEAP markırlarının 101 *N. oleander* için birleştirilmiş verilerine dayanan PCA grafiği (Kırmızı işaretli genotipler alt popülasyon 1'e aittir)

5. TARTIŞMA

Nerium oleander Türkiye'nin önemli süs bitkilerinden biridir. Bu bitki, bahçecilere çevre düzenlemesinde yardımcı olmak için farklı şekillerde kullanılmaktadır. Tarımda bitkisel pestisit olarak kullanılarak verim kayıplarını azaltmaktadır. Ayrıca, insanların alternatif ilaçlara sahip olmalarına yardımcı olmak için geleneksel tıpta onlarca yıldır kullanılmaktadır. Farklı araştırmalar, türün dünyanın farklı bölgelerinde yetiştirildiğini bildirmiştir. Lazzaro vd. (2018), İspanya ve Fas'tan Arap Yarımadası'na kadar uzanan bu bölgede çoğu yerli tür iyi yetiştiği için Akdeniz havzasının *N. oleander*'in çıkış yeri olduğunu öne sürülmüştür. Türkiye'nin Akdeniz havzasının bir parçası olması, türün doğduğu yer olarak dahil edilebilir.

Türkiye'de *N. oleander* ticari süs bitkisi olarak kullanılmaktadır. *N. oleander*'ın Türkiye'nin yerli türlerinden biri olduğu düşünülmesine rağmen, bitkinin genetik çeşitliliği bilinmemektedir. Kullanıcıların doğru bitkiyi seçmesi ve sadece morfolojik özelliklere güvenmesi çeşit / genotip belirlemeyi zorlaştırmaktadır. Moleküler markırlar, türün genetik çeşitliliğini değerlendirmek için kullanılmıştır.

5.1. CBDP ve CEAP Moleküler Markırlarının Polimorfizmi

Bu çalışmada, *N. oleander*'ın genetik çeşitliliğini değerlendirmek ve genotiplerini tanımlamak için iki moleküler markır sistemi CAAT Box Derived Polimorfizm (CBDP) ve Cis-element Amplifiye Polimorfizm (CEAP) kullanılmıştır. Bu markırlar daha önce diğer bitkilerde genetik çeşitliliğin tanımlanması ve değerlendirilmesi için başarıyla kullanılmıştır. Bu markırlar, genlerin promotor bölgelerindeki korunmuş nükleotid dizi bölgelerine dayanmaktadır.

CBDP moleküler değerlendirmesinde, üretilen toplam bant sayısının 110 olduğu ve primer CAAT25'in 17 bant ile en yüksek bant sayısını ürettiği ortaya çıktı. Primer CAAT6 ve CAAT8, sırasıyla 14 ve 12 ile en yüksek sayıda polimorfik bant üretmiştir. CBDP'nin primerlerindeki polimorfizm %50 (CAAT21) ile %100 (CAAT6 ve CAAT8) arasında değişmektedir. Bu markır tarafından oluşturulan polimorfizm %80.91 idi. Bu sonuçlar, farklı yazarlar tarafından diğer bitki türlerinde bulunan sonuçlara göre ortalama değerdedir. Etminan vd. (2018) tarafından yapılan çalışma, makarnalık buğdayda tüm CBDP primerlerinin %100 polimorfik olduğunu ve toplam bant sayısının 5 (CBDP-13 ve CBDP-15) ile 12 (CBDP-1 ile) arasında değişmiştir. Singh vd. (2022) tarafından yapılan başka bir çalışmada, Jamun'daki genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısını değerlendirirken [*Syzygium kimyon* (L.) Skeels], 22 CBDP primerinin %91.17 polimorfik olduğunu, en yüksek polimorfik bant sayısının 15 (CAAT14) ve en düşük polimorfik bant sayısının 3 (CAAT12) olduğu ortaya koyuldu. Atia ve vd (2021) tarafından sekiz *Centaurea* türü arasında genetik değişkenliğin ve akrabalığın değerlendirilmesi için yapılan bir araştırmada, CBDP'nin %73,18 polimorfik ampikon ürettiği bulunmuştur. Bu araştırmadan elde edilen polimorfizm, Portis vd. (2004) tarafından AFLP moleküler markırları (%39,8) ve Lazzaro vd. (2018) tarafından ISSR moleküler markırları kullanılarak (%66) *N. oleander*'da bulunan polimorfizmden daha yüksektir. Bu, CBDP markırının *N. oleander*'da yüksek polimorfizme sahip olduğunu göstermiştir.

Cis-elemanı çoğaltılmış polimorfizm (CEAP) moleküler markırları, 101 *N. oleander* örneğinin tamamında 103 bandı çoğaltmayı başarmıştır. Toplam 103 banttan

83'ü polimorfikti ve %80.58 polimorfizmi temsil ediyordu. En yüksek bant sayısı (15) ACGTG25 primerde amplifiye edildi. En düşük bant sayısı (4) primer TGAC22'de amplifiye edildi. Primer ACGTG25 ve CCGA5, sırasıyla 14 ve 13 numaralı polimorfik bantları üretti. Primer ACGTG25 en fazla polimorfik bant sayısına sahipti ve primer TGAC22'de polimorfik bant yoktu. Bu çalışmadaki sonuçlar, CEAP'ın polimorfizm üretme yeteneğine sahip olduğunu göstermektedir. Diğer çalışmalar da benzer sonuçlar göstermektedir. Zhelyazkova vd. (2024) tarafından yapılan çalışmada, gülün genetik çeşitliliği değerlendirilirken, 4 ila 17 arasında değişen polimorfik bant sayısı ile %82,1 polimorfizm ile sonuçlanmıştır. Chen vd. (2022) CEAP moleküler markırlarındaki polimorfizmin, 4 ila 13 arasında değişen polimorfik bantlarla 96.11 olduğunu bulmuştur. Sun vd. (2024) en düşük polimorfizmi 63,9 polimorfizm ve 5 ila 17 arasında değişen polimorfik bantlarla şeker pancarında (*Beta vulgaris* L.) bulmuştur.

5.2. CBDP ve CEAP Moleküler Markırlarının Etkinliği

N. oleander'in genotiplerinin doğru bir şekilde belirlenmesinde moleküler markırların etkinliğini değerlendirmek için genetik çeşitlilik ve markır performans parametreleri hesaplanmıştır. Bu parametreler beklenen heterozigotluk (H), polimorfizm bilgi içeriği (PIC), efektif multipleks oranı (EMR), markır indeksi (MI), ortalama heterozigotluk (Hav), ayırt etme gücü (D) ve çözme gücü (R) idi. Bu parametreler, markırların farklı genotipler arasında ayırım yapma yeteneğinin nicel bir değerlendirmesini sağlar.

Bu çalışmada, genetik ve markır performans parametrelerine dayanarak, hem CBDP hem de CEAP moleküler markırlarının *N. oleander*'in genetik çeşitliliğini belirlemede ve göstermede etkili olduğunu doğrulamaktadır. Her iki markır da etkili olmasına rağmen, CBDP moleküler markırları CEAP moleküler markırlarından daha etkiliydi. CBDP molekülerinin ortalama H'si 0.45, PIC'i 0.35, EMR'si 6.45, Hav'ı 0.0, MI'sı 0.041, D 0.57 ve Rp'si 3.67 idi. Bu parametreler, EMR dışındaki CEAP moleküler markırlarında bulunanlardan daha yüksekti. CEAP moleküler H'de 0.3802, PIC'de 0.30, EMR'de 6.7721, Hav'da 0.0004, MI'da 0.003, D'de 0.50 ve Rp'de 2.78 bulundu. Moleküler markırların etkinliğini değerlendirmek için en önemli parametreler Rp, MI ve PIC'dir.

PIC, polimorfizmi tespit etmede bir işaretleyicinin bilgilendiriciliğini ölçer (Roldan-Ruiz ve diğerleri, 2000). Daha yüksek bir PIC değeri, markırın oldukça polimorfik olduğunu ve dolayısıyla farklı genotipler arasında ayırım yapmada daha etkili olduğunu gösterir. Bu çalışmada, CBDP için PIC CEAP'den daha yüksekti. Bu sonuç, Chen vd.'nin (2022) mangonun (*Mangifera indica* L.) genetik çeşitliliğini değerlendirdikleri çalışmayla tezat oluşturmaktadır. CEAP için ortalama PIC değerinin (0,47) CBDP'den (0,42) daha yüksek olduğunu bulmuşlardır. CBDP moleküler markırları için PIC, CBDP moleküler markırları için PIC, Etminan vd. (2018) tarafından durum buğdayında 0,31 ve Puneeth vd. (2022) tarafından bamyada (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) 0,28 olarak bulunan çalışmalardan daha yüksektir. Wang vd (2024), Zhelyazkova vd (2024) ve Sun vd'nin (2024) çalışmalarında kırmızı pancarda 0,67, gülde 0,56 ve şeker pancarında (*Beta vulgaris* L.) 0,82 olan PIC değerleri bu çalışmadakinden daha yüksektir. Portis vd. (2004) *N. oleander* genotiplerini ortalama 0,29 PIC ile değerlendirebilmiştir. PIC değeri 0,3'ün üzerinde olan CBDP ve CEAP markırları ile *N. oleander*'da polimorfizmi tespit etmek için yüksek bir yetenek sergilemiştir.

Markır İndeksi (MI), genotip içindeki genetik değişimi belirlemede bir markırın bilgilendiriciliğini ve etkinliğini değerlendirir. Tespit edilen polimorfik lokusların sayısını yansıtan efektif multipleks oranı (E) ve ortalama heterozigotluğu (H_{VP}), bu da genetik çeşitlilik seviyesini gösterir. Bu çalışmada, ortalama MI'nın 0.0413, CEAP'deki 0.0030'luk MI'dan daha yüksekti. Chen vd. (2022) çalışmalarında ayrıca CBDP için MI'nın CEAP'den daha yüksek olduğunu bulmuşlardır. Bu çalışmada CBDP için MI, Etminan vd. (2018) ve Puneeth vd. (2022) tarafından yapılan diğer çalışmalardan olan 2,63 ve 2,40 sırasıyla daha düşüktür. Bu çalışmada CBDP için MI, Atia (2021) çalışmasındakinden daha yüksekti. Bu çalışmadaki MI CEAP moleküler markır de Zhelyazkova vd. (2024) belirttiğinden daha düşüktü. Bu çalışmadaki her iki moleküler markır da Portis vd.nin (2004) *N. oleander* genotiplerini değerlendirmek için kullandığı AFLP moleküler markırlarından daha düşük MI değerine sahiptir.

Çözümleme gücü (Rp), markırın çok benzer genotipler arasında ayırma yeteneğini değerlendirir. Bir markırın bir popülasyon içindeki bireyler veya çeşitler arasında nasıl ayırma yapabileceğinin bir ölçüsüdür (Prevost ve Wilkinson, 1999). Bu çalışmada, CBDP moleküler markırında ortalama Rp, CEAP'den daha yüksekti. Ortalama Rp : CBDP'de 2,3 ila 8,1 aralığında ortalama 3,7 iken, CEAP'ta 1,5 ila 6,6 aralığında ve ortalama 2,7787 idi. Bu araştırmadaki Rp, Chen vd. (2022) tarafından yapılan çalışmanın aksine, CEAP moleküler markır için Rp'nin CBDP moleküler markırından daha yüksek olduğunu göstermişlerdir. Genel olarak, bu çalışmada hem CBDP hem de CEAP moleküler markırları için Rp değerleri diğer çalışmalardan daha düşüktü (Atia vd., 2021; Etminan vd., 2018; A. Singh vd., 2022; Zhelyazkova vd., 2024).

5.3. Genetik Benzerlik

Bu çalışmada *N. oleander* için ikili benzerlik matrisi, CBDP moleküler markırları için 0.38 ila 0.96, CEAP moleküler markırları için 0.47 ila 0.97 arasında, ve CBDP ve CEAP moleküler markırlarının birleşik verileri için 0.34 ila 0.95 arasında değiştiğini göstermiştir. Bu, geniş bir genetik çeşitlilik yelpazesi olduğunu gösterdi. *N. oleander* Türkiye'de üç konumdan toplanmıştır. Ayrıca Portis vd. (2004) *N. oleander* AFLP moleküler markırlarını kullanarak geniş bir genetik çeşitlilik yelpazesi bildirilmiştir. Çalışmalarındaki genetik benzerlik 0.45 ile 0.97 arasında değişmektedir. Teorik olarak, farklı ortamlardan toplanan genotiplerin farklı genetik benzerliklere sahip olduğu varsayılmaktadır, Skroch vd. (1998) toplama yerinin genotip benzerliğini tam olarak öngörmediğini gözlemlenmiştir. Bu çalışmada, Ege'nden 26-Menderes, 27-Selçuk ve 29-Güzelbahçe genotipleri, CBDP moleküler markırına dayalı olarak Doğu Akdeniz (44-Mersin giriş, 45-Mersin giriş, 47-Akdeniz ve 58-Hatay) ve Batı Akdeniz (78-Kemer) genotipleri ile aynı genetik benzerliğe sahipti. CBDP ve CEAP moleküler markırları için birleştirilmiş veriler benzer modeller gösterdi. Ege'nden gelen 26-Menderes, 27-Selçuk, 29-Güzelbahçe genotipleri, Mersin'deki genotiplerle aynı genetik benzerliğe sahipti (47-Akdeniz, 45-Mersin giriş ve 58-Hatay). CBDP moleküler markırına göre en düşük genetik benzerlik 94-Aydın ve 42-Balıkesir'dir. Ayrıca 89-Muğla-Dayla ve 9-İliğa ve 94-Aydın, 12-İliğa ve 42-Balıkesir genotiplerinde de gözlenmiştir. Çoğu genotip (42-Balıkesir, 89-Muğla ve 94-Aydın) doğal olmasına rağmen *N. oleander* 12-İliğa genotipleri dışında genetik olarak benzer değildirler. Bunun nedeni, diğer örneklerin farklı üreme biyolojisine ve genetik yapıya sahip olma eğiliminde olması olabilir (Skroch vd., 1998).

Neighbor-joining küme analizine dayalı olarak, CBDP ve CEAP moleküler markırları ve CBDP ile CEAP'ın birleşik verileri *N. oleander* 3 küme halinde gruplandırılmıştır. Tüm dendrogramlarda genotiplerin kümelenme paterni farklıydı. Bu farklılıklar, genomdaki moleküler markırların hedeflenmesine bağlanabilir. Bu markırlar genlerin promotör sekanslarındaki korunmuş bölgelerini hedeflese de, CBDP bitki promotörlerinin spesifik CAAT kutularını hedeflerken (Singh vd., 2014), CEAP moleküler markırları çok çeşitli cis elementlerini hedefler: AAAG, ACGTG, CCGA, ACTCAT, GGTCA, TATCC, TGAC ve GATAA (Chen, He, Zhang, et al., 2022). Bu farklılıklar, CBDP ve CEAP kullanıldığında yapılan diğer çalışmalarda gözlenmiştir. Chen vd. (2022) mangonun genetik çeşitliliğini değerlendirme çalışmalarında (*Mangifera indica*) CBDP ve CEAP ve diğer moleküler markırları kullanarak farklılıklar gözlemledi ve bunun moleküler markırların hedefindeki farklılıklardan kaynaklandığı sonucuna vardı. Diğer çalışmalar, aynı genotipin iki veya daha fazla farklı markır kullanılarak tarandığı benzer sonuçlar göstermiştir (Puneeth vd., 2022; Sharma vd., 2023; Shekhawat vd., 2018). Buna dayanarak, tek bir markır testinin kullanılmasının, *N. oleander* genetik ilişkileri değerlendirmek için güvenilir bir yöntem sağladığını göstermektedir. Bunun nedeni, tek işaretli bir testin belirli genotiplerin genetik bağlantılarını doğru bir şekilde gösterebilmesidir, ancak tüm genotipler arasındaki genetik ilişkileri tutarlı bir şekilde temsil edemeyebilir (Chen vd., 2022). Bunun yanı sıra, her 3 dendrogram da tüm *N. oleander* genotiplerinin toplama yerine göre kümelenmediğini göstermiştir. Doğal ortamlardan toplanan *N. oleander*, farklı yerlerden toplanmalarına rağmen dendrogram üzerinde birlikte kümelenmiştir. Bu durum çiçek renginin morfolojik özellikleri ile ilişkilidir. Doğal ortamlardan toplanan *N. oleander* genotiplerinin çoğu pembe çiçek rengine sahiptir. Bu da genetik olarak birbirlerine daha yakın olduklarını göstermektedir. Diğer genotipler antropojeniktir ve farklı çiçek renklerine sahiptirler.

5.4. *N. oleander*'in Popülasyon Yapısı

Structure analizi, genotiplerin 2 alt popülasyona ayrıldığını ortaya koymuştur (Şekil 4.7). STRUCTURE analizi ile 2 farklı kümenin (K=2) tanımlanması, *N. oleander*'in Türkiye'nin bölgeleri arasında önemli bir popülasyon yapılanması olduğunu güçlü bir şekilde göstermektedir. Genotiplerin kümelenmesi coğrafi konuma dayalı değildi. Her üç coğrafi konumdan da genotipler her iki alt popülasyonda da bulundu. 26 doğal *N. oleander*'dan 19'u, toplanan toplam doğal *N. oleander*'un %73'ünü temsil eden alt popülasyon 1'de kümelenmiştir. Bu genotipler, 1. alt popülasyondaki toplam genotiplerin %51.4'ünü oluşturmuştur. Alt popülasyon 2, çoğunlukla antropojenik olan *N. oleander* genotiplerini oluşturmuştur. Alt popülasyon 1'in doğal *N. oleander* genotipleri ve alt popülasyon 2'nin antropojenik *N. oleander* genotipleri ile açık ilişkisi, bu genotiplerin genetik olarak farklı olduğunu göstermektedir. Bu farklılaşma, üreticilerin bunları ticari amaçlarla kullanmaları ve çiçek rengi, boyutu gibi belirli özelliklere göre seçmeleri nedeniyle antropojenik genotiplerin seçiminden büyük olasılıkla etkilenmektedir.

Ayrıca, *N. oleander* genotiplerinde hem SP1 hem de SP2 için birkaç karışım bulunmaktadır. Bu katkı maddelerinin varlığı, SP1 ve SP2 genotipleri arasında gen akışının meydana geldiğini göstermektedir (Puneeth vd., 2022). Bu karışımlar, farklı genetik geçmişlerden istenen özellikleri bir araya getirmek isteyen çiftçilerin yetiştirme programlarında kasıtlı olarak melezleme yapması, germplazma değişimi ile

kolaylaştırılan gen akışı ve çevrede doğal olarak meydana gelen çapraz tozlaşma gibi çeşitli faktörlerden kaynaklanabilir.

Kümeleme analizi ve temel bileşen analizi (PCA) dağılım grafiği, PCA analizinde elde edilene benzer sonuçlar vermiştir. PCA analizinde, *N. oleander* alt popülasyon 1 ve alt popülasyon 2'de farklı şekilde kümelenmiştir. Fiksasyon indeksi (Fst) SP1 için 0.2113 ve SP2 için 0.5331 idi. Fst'nin 0 ile 0,05 aralığında olması az genetik farklılaşmayı; 0,05 ile 0,15 arasında olması orta düzeyde farklılaşmayı; 0,15 ile 0,25 arasında olması büyük farklılaşmayı; 0,25'in üzerindeki değerler ise çok büyük genetik farklılaşmayı gösterir (Balloux & Lugon-Moulin, 2002; Wright, 1978). Bu çalışmada, Fst değerleri alt popülasyon 1'de genetik farklılaşmanın alt popülasyon 2'nden daha yüksek olduğunu göstermektedir. Aynı alt popülasyondaki bireyler arasında beklenen heterozigotluk (He) SP1 ve SP2 için sırasıyla 0.24 ve 0.14 idi. Beklenen heterozigotluk, popülasyon içindeki genetik çeşitliliği ölçer. Sonuçlar, SP1'deki He'nin SP2'den daha yüksek olduğunu göstermektedir, bu da SP1'deki genetik çeşitliliğin SP2'den daha yüksek olduğu anlamına gelir. Bu bulgu, Mateu-Andrés vd. (2015) tarafından elde edilen ve Akdeniz havzasındaki doğal *N. oleander* genotiplerinin hem popülasyonlar arasında hem de popülasyonlar içinde yüksek homojenliğe sahip olduğunu gösteren sonuçlarla çelişmektedir.

Bu çalışmada *N. oleander* alt popülasyonları arasındaki farklılıklara rağmen, AMOVA analizi örneklenen genotiplerdeki farklılıkların genotipler içinde bulunduğunu göstermektedir. Popülasyon içinde %69 değişkenlik görülürken, alt popülasyonlar arasında %31 varyasyon görülmüştür. Bu, Lazzaro vd.'nin (2018) popülasyonlar arası varyasyonları %14,78 ve popülasyonlar içindekini %85,22 olarak belirten bulgularıyla çelişmektedir; ancak araştırmaları antropojenik *N. oleander* genotiplerine odaklanmaktadır.

Zıt genetik farklılaşma düzeyleri (Fst) ve beklenen heterozigotluk (He)'nin alt popülasyonları arasında gözlemlenen *Nerium oleander* bu çalışmada gen akışının (Nm) genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısı üzerindeki etkisini vurgulamaktadır. Ayrıca habitat türü ve coğrafi kökenin etkisi hakkında değerli bilgiler sağlar. Fst değerlerini kullanarak, gen akışı (Nm) Wright'ın tahminleri kullanılarak tahmin edilebilir (Slatkin, 1985). Yüksek genetik çeşitlilik (He) ve düşük Fst, SP1'deki gen akışının yüksek olduğu anlamına gelir. Bu, popülasyonların açık ve bağlantılı habitatlar, aktif tozlayıcı ağlar ve etkili tohum dağıtma mekanizmaları nedeniyle daha yüksek gen akışı yaşama eğiliminde olduğu bireylerinin doğal kökenine bağlanabilir. Bu alt popülasyondaki bireyler farklı coğrafi konumlardan gelse de doğal ortamları çeşitliliği koruyarak genetik alışverişi teşvik eder. Bu doğal *N. oleander* genotipleri muhtemelen gen akışının zaman içinde devam ettiği ve daha düşük genetik farklılaşmaya neden olan tarihsel olarak bağlantılı popülasyonların kalıntılarını temsil etmektedir. Bu varsayım, *N. oleander*'in köken olarak Akdeniz bölgesinden geldiği gerçeğine dayanmaktadır (Lazzaro vd., 2018) ve tarihsel olaylar, yalnızca mevcut coğrafi mesafelere dayalı olarak beklenen modellerden sapmalara neden olabilir (Bohonak, 1999).

SP2'de Fst daha yüksektir ve genetik çeşitlilik (He) daha düşüktür ve antropojenik olan çoğu genotipi içerir. Tahminlere dayanarak, gen akışı (Nm) bu alt popülasyondan daha düşüktür. *N. oleander* antropojenik kökeni gen akışına zorluklar sunar. Farklı coğrafi konumlardan elde edilmesine rağmen, seçilen bireylerden kesimler veya tohumlar ekme gibi insan aracılı yayılmaya güvenmek, genetik değişkenliği sınırlar. Ek olarak,

antropojenik habitatlar, habitat parçalanması, kentleşme ve diğer çevresel engeller nedeniyle genellikle tozlayıcıların ve tohum dağıtıcıların hareketini kısıtlar (Quintero vd., 2010; Vanbergen, 2014; Winfree vd., 2011). Seçici dikim uygulamaları, belirli genotipleri de destekleyebilir ve bu popülasyonlardaki genetik çeşitliliği daha da azaltabilir. SP2'deki genetik çeşitliliğin azalmasının bir başka nedeni de kurucu etkisi olabilir. Küçük *N. oleander* genotip grupları yabani veya kültür kaynaklarından alınmış ve yeni popülasyonlar oluşturarak darboğaz etkilerine neden olmuştur. Darboğaz, orijinal popülasyona kıyasla gen havuzunu azaltır (Davinack, 2014). Bu faktörler daha yüksek genetik farklılaşmaya ve daha düşük çeşitliliğe katkıda bulunabilir.

Bu çalışmadaki bulgular Türkiye'de *N. oleander*'in doğru seçilmesine yardımcı olacaktır. Aynı zamanda genotiplerin genetik çeşitliliğinin korunmasına da yardımcı olacaktır. *N. oleander* önemli bir bitkidir ve ülke ekonomisine katkıda bulunma potansiyeline sahiptir. Türkiye'de *N. oleander*'in genetik çeşitliliğine dair bir rapor bulunmamaktadır. Türkiye'de *N. oleander*'in çeşitliliği ile ilgili daha önceki raporlar morfolojik özelliklere odaklanmıştır. Bu çalışma, Türkiye'nin genotiplerinde genetik çeşitlilik olduğunu ortaya koymuştur. Sonuçlar ıslah programlarında üstün olan bitkilerin korunmalarını da sağlayacaktır. Bu aynı zamanda, özellikle doğal ortamda *N. oleander* genetik çeşitliliğinin korunmasına da yardımcı olacaktır.

6. SONUÇLAR

Nerium oleander, Akdeniz havzasında uzun süredir varlığını sürdürmektedir. İnsanlar tarafından uzun zamandır günlük yaşamları için farklı şekillerde kullanılmaktadır. Bu bitki çoğunlukla bahçeleri ve şehirleri güzelleştirmek için süs bitkisi olarak kullanılır ve aynı zamanda geleneksel ilaçlarda da kullanılmıştır. Çeşitli çalışmalar, bitkinin tarımda pestisit olarak kullanılabileceğini göstermiştir. Bu faydalara rağmen, genetik çeşitlilik çalışmaları yapılmamıştır.

Bu çalışmada, Türkiye'nin üç coğrafi bölgesindeki *N. oleander*'in genetik çeşitliliğini değerlendirmek için CAAT Box Derived Polymorphism (CBDP) ve Cis element Amplified Polymorphism (CEAP) olmak üzere iki moleküler markır sistemi kullanılmıştır. PIC'e dayanarak, tüm bu markırlar *N. oleander*'daki genetik çeşitliliği değerlendirme potansiyelini göstermiştir. Bu çalışmadaki bulgular, Türkiye'de *N. oleander* genotiplerinin genetik çeşitliliğinin yüksek olduğunu açıkça göstermiştir. Ayrıca, doğal olarak toplanan *N. oleander* genotiplerinde genetik çeşitliliğin antropojenik genotiplere göre daha fazla korunduğu tespit edilmiştir. Doğal genotiplerdeki yüksek genetik çeşitlilik, bu popülasyonda gen akışının yüksek olduğunun işaretidir.

Bu bulgulara dayanarak, *N. oleander* genotiplerinin doğal popülasyonları için koruma programlarının oluşturulmasına ihtiyaç vardır. Kurulabilecek koruma çabalarından biri, nehir kıyıları, çalılar ve ormanlar gibi bu genotipleri barındıran alanları korumaktır. Bu alanlarda özel düzenlemeler getirilmelidir. Bu, gen akışının devam etmesine ve genetik çeşitliliğin korunmasına izin verecektir.

Bu çalışma, Türkiye'nin üç bölgesinden toplanan genotiplere dayalı olarak yapılmıştır. Bu bölgeler, büyümeleri için elverişli alanlarda yer almakta, ancak *N. oleander* hâlâ Türkiye'nin çoğu bölgesinde yetişmektedir. Bu nedenle, bundan sonraki çalışmalar, Türkiye'nin tüm bölgelerindeki bitkinin genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesine de odaklanmalıdır. Bu, Türkiye'deki genetik çeşitliliğin net bir resmini verecektir.

Bu çalışma, *N. oleander*'in içinde genetik çeşitlilik olduğunu ortaya koymuştur. Bu sonuçlar, yetiştiriciler için önemli olan karakterlerle ilişkili genlerin gelecekteki çalışmalarına yardımcı olacaktır. Bitki farklı şekillerde kullanıldığından, farklı karakterlerle ilişkilendirilen haritalanmış genler, üreticilerin, ıslahçıların ve çiftçilerin doğru genotipleri kolayca seçmesini sağlayacaktır.

7. KAYNAKLAR

- Aksoy, A., & Öztürk, M. A. 1997. *Nerium oleander* L. as a biomonitor of lead and other heavy metal pollution in Mediterranean environments. *Science of The Total Environment*, 205(2–3), 145–150. [https://doi.org/10.1016/S0048-9697\(97\)00195-2](https://doi.org/10.1016/S0048-9697(97)00195-2)
- Amiryousefi, A., Hyvönen, J., & Poczai, P. 2018. iMEC: Online Marker Efficiency Calculator. *Applications in Plant Sciences*, 6(6), e01159. <https://doi.org/10.1002/APS3.1159>
- Atia, M. A. M., El-Moneim, D. A., Abdelmoneim, T. K., Reda, E. H., Shakour, Z. T. A., El-Halawany, A. M., El-Kashoury, E.-S. A., Shams, K. A., Abdel-Azim, N. S., & Hegazy, M.-E. F. 2021. Evaluation of genetic variability and relatedness among eight *Centaurea* species through CAAT-box derived polymorphism (CBDP) and start codon targeted polymorphism (SCoT) markers. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(1), 1230–1237. <https://doi.org/10.1080/13102818.2021.1960891>
- Ayouaz, S., Arab, R., Mouhoubi, K., & Madani, K. 2023. *Nerium oleander* Lin: A Review of Chemical, Pharmacological and Traditional uses. *Journal of Biomedical Research & Environmental Sciences*, 4(4), 641–650. <https://doi.org/10.37871/jbres1720>
- Balloux, F., & Lugon-Moulin, N. 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, 11(2), 155–165. <https://doi.org/10.1046/J.0962-1083.2001.01436.X>
- Bhadane, B. S., Patil, M. P., Maheshwari, V. L., & Patil, R. H. 2018. Ethnopharmacology, phytochemistry, and biotechnological advances of family Apocynaceae: A review. *Phytotherapy Research*, 32(7), 1181–1210. <https://doi.org/10.1002/ptr.6066>
- Blanco, J. A. 2007. The representation of allelopathy in ecosystem-level forest models. *Ecological Modelling*, 209(2–4), 65–77. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2007.06.014>
- Bragard, C., Dehnen-Schmutz, K., Di Serio, F., Gonthier, P., Jacques, M., Jaques Miret, J. A., Justesen, A. F., MacLeod, A., Magnusson, C. S., Milonas, P., Navas-Cortes, J. A., Parnell, S., Reignault, P. L., Thulke, H., Van der Werf, W., Vicent Civera, A., Yuen, J., Zappalà, L., Chatzivassiliou, E., ... Potting, R. 2021. Commodity risk assessment of *Nerium oleander* plants from Turkey. *EFSA Journal*, 19(5). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6569>
- Bryant, D., & Huson, D. H. 2023. NeighborNet: improved algorithms and implementation. *Frontiers in Bioinformatics*, 3, 1178600. <https://doi.org/10.3389/FBINF.2023.1178600>
- Bryant, D., & Moulton, V. 2004. Neighbor-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. *Molecular Biology and Evolution*, 21(2), 255–265. <https://doi.org/10.1093/MOLBEV/MSH018>
- Chen, M., He, X., Huang, X., Lu, T., Zhang, Y., Zhu, J., Yu, H., & Luo, C. 2022. Cis-element amplified polymorphism (CEAP), a novel promoter- and gene-targeted molecular marker of plants. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 28(7),

1407–1419. <https://doi.org/10.1007/s12298-022-01212-5>

- Chen, M., He, X., Zhang, Y., Lu, T., He, W., Yang, J., Huang, X., Zhu, J., Yu, H., & Luo, C. 2022. Genetic diversity and relationship analyses of mango (*Mangifera indica* L.) germplasm resources with ISSR, SRAP, CBDP and CEAP markers. *Scientia Horticulturae*, 301, 111146. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2022.111146>
- Davinack, A. 2014. *Defining Genetic Diversity – Molecular Ecology & Evolution: An Introduction*. Wheaton College Massachusetts. <https://openpress.wheatoncollege.edu/molecular ecologyv1/chapter/genetic-diversity/>
- Doyle, J., & Doyle, J. 1987. Rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull*, 19, 11–15.
- Ekalu, A., Ayo, R. G.-O., Habila, J. D., & Hamisu, I. 2019. A mini-review on the phytochemistry and biological activities of selected Apocynaceae plants. *Journal of Herbmed Pharmacology*, 8(4), 269–273. <https://doi.org/10.15171/jhp.2019.39>
- Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., Noori, A., & Ahmadi-Rad, A. 2018. Applicability of CAAT box-derived polymorphism (CBDP) markers for analysis of genetic diversity in durum wheat. *Cereal Research Communications*, 46(1), 1–9. <https://doi.org/10.1556/0806.45.2017.054>
- Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
- Hammer, O., Harper, D. A. T., & Ryan, P. D. 2001. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaentologia Electronica*, 4(1), 1–9. http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm.
- Harris, A. M., & DeGiorgio, M. 2017. An unbiased estimator of gene diversity with improved variance for samples containing related and inbred individuals of any ploidy. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 7(2), 671–691. <https://doi.org/10.1534/G3.116.037168/-/DC1>
- Huson, D. H., & Bryant, D. 2024. The SplitsTree App: interactive analysis and visualization using phylogenetic trees and networks. *Nature Methods*, 21(10), 1773–1774. <https://doi.org/10.1038/s41592-024-02406-3>
- Ibrahim, N., & El Afandi, G. 2020. Evaluation of the phytoremediation uptake model for predicting heavy metals (Pb, Cd, and Zn) from the soil using *Nerium oleander* L. *Environmental Science and Pollution Research*, 27(30), 38120–38133. <https://doi.org/10.1007/s11356-020-09657-5>
- Kasapağlu Uludamar, E. B. 2023. Nematicidal activity of various aqueous extracts against root-knot nematodes (*Meloidogyne chitwoodi*). *Journal of Agricultural Sciences (Tarım Bilimleri Dergisi)*, 30(2), 255–262. <https://doi.org/10.15832/ankutbd.1329956>
- Kumar, G. A., Sundar, S. T. B., Jayajasmine, A., Rani, C. I., & Vasanth, S. 2024.

- Correlation, path analysis and genetic diversity in *Nerium oleander* L. accessions for morphological, yield and quality traits. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 15(2), 364–369. <https://doi.org/10.37992/2024.1502.047>
- Lazzaro, L., Sarracco, E., Benesperi, R., & Coppi, A. 2018. A probable anthropic origin of *Nerium oleander* L. (Apocynaceae) population in Montecristo island (Italy, Tuscany): evidence from loci polymorphism and ISSR analysis. *Caryologia*, 71(1), 50–57. <https://doi.org/10.1080/00087114.2017.1410634>
- Li, Y.-L., & Liu, J.-X. 2018. StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, 18(1), 176–177. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12719>
- Li, Y. L., & Liu, J. X. 2018. StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, 18(1), 176–177. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12719>
- Mateu-Andrés, I., Ciurana, M.-J., Aguilera, A., Boisset, F., Guara, M., Laguna, E., Currás, R., Ferrer, P., Vela, E., Puche, M. F., & Pedrola-Monfort, J. 2015. Plastid DNA Homogeneity in *Celtis australis* L. (Cannabaceae) and *Nerium oleander* L. (Apocynaceae) throughout the Mediterranean Basin. *International Journal of Plant Sciences*, 176(5), 421–432. <https://doi.org/10.1086/680553>
- Mojarad, A. K., Majd, A., & Fahimi, H. 2013. A Allopathic effects of *Nerium oleander* L. on growth and anatomy structure of *Hordeum vulgare* (monocotyledon) and *Vicia sativa* (dicotyledon) seedlings. *Advances in Environmental Biology*, 7(4), 766–771.
- Motahari, B., Shabanian, N., Rahmani, M.-S., & Mohammad-Hasani, F. 2021. Genetic diversity and genetic structure of *Acer monspessulanum* L. across Zagros forests of Iran using molecular markers. *Gene*, 769, 145245. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145245>
- Pagen, F. J. J. 1987. *Oleanders; Nerium L. and the Oleander Cultivars. Series of Revisions of Apocynaceae Part XX*. (No. 87-2). Wageningen Agricultural University.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537. <https://doi.org/10.1093/BIOINFORMATICS/BTS460>
- Portis, E., Comino, C., Lenzi, A., Lombardi, P., Tesi, R., & Lanteri, S. 2004. Amplified fragment length polymorphism for variety identification and genetic diversity assessment in oleander (*Nerium oleander* L.). *Euphytica*, 136(2). <https://doi.org/10.1023/B:EUPH.0000030660.22337.f9>
- Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., & Rafalski, A. 1996. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*, 2(3), 225–238. <https://doi.org/10.1007/BF00564200/METRICS>
- Prevost, A., & Wilkinson, M. J. 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(1),

- 107–112. <https://doi.org/10.1007/S001220051046/METRICS>
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 155(2), 945–959. <https://doi.org/10.1093/GENETICS/155.2.945>
- Puneeth, P. V., Lata, S., Yadav, R. K., Wankhede, D. P., Tomar, B. S., Choudary, H., Tomer, A., Bidaramali, V., & Talukdar, A. 2022. Exploring the genetic diversity using CAAT box-derived polymorphism (CBDP) and start codon targeted (SCoT) markers in cultivated and wild species of okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench). *Genetic Resources and Crop Evolution*. <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01458-8>
- Quintero, C., Morales, C. L., & Aizen, M. A. 2010. Effects of anthropogenic habitat disturbance on local pollinator diversity and species turnover across a precipitation gradient. *Biodiversity and Conservation*, 19(1), 257–274. <https://doi.org/10.1007/S10531-009-9720-5/FIGURES/6>
- Rohlf, F. J. 2000. *NTSYS -pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1* (2.1). Exeter Publishing.
- Roldan-Ruiz, I., Dendauw, J., Bockstaele, E. Van, Depicker, A., & Loose, M. De. 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding*, 6, 125–134. <https://doi.org/10.1023/A:1009680614564>
- Saitou, N., & Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406–425. <https://doi.org/10.1093/OXFORDJOURNALS.MOLBEV.A040454>
- Sargin, S. A. 2021. Micro-Morphological, Anatomical and Statistical Correlative Evaluation Between Different Altitudes and Leaf Structural Features of *Nerium oleander* L. (Apocynaceae), Growing in the Middle-West Taurus, Turkey. *Botany Research Journal*, 14(1), 1–9.
- Schulman, A. H. 2007. Molecular Markers to Assess Genetic Diversity. *Euphytica*, 158(3), 313–321. <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9282-5>
- Shareif, I. S. M., Malik Al-Saadi, S. A. A., & Al-Kaaby, H. K. 2022. Allelopathic effect of *Nerium oleander* L. alcohol extract on growth and development of *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. *Caspian Journal of Environmental Sciences*, 20(1). <https://doi.org/10.22124/CJES.2022.5411>
- Sharma, U., Rai, M. K., Shekhawat, N. S., & Kataria, V. 2023. Genetic diversity in *Tamarix aphylla* (L.) H. Karst. using CAAT box-derived polymorphism (CBDP) and start codon targeted (SCoT) polymorphism markers. *Ecological Genetics and Genomics*, 29, 100200. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100200>
- Shekhawat, J. K., Rai, M. K., Shekhawat, N. S., & Kataria, V. 2018. Exploring genetic variability in *Prosopis cineraria* using two gene targeted CAAT box-derived polymorphism (CBDP) and start codon targeted (SCoT) polymorphism markers. *Molecular Biology Reports*, 45(6), 2359–2367. <https://doi.org/10.1007/s11033-018-4400-8>

- Singh, A. K., Rana, M. K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R., & Singh, R. 2014. CAAT box- derived polymorphism (CBDP): a novel promoter -targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 23(2), 175–183. <https://doi.org/10.1007/s13562-013-0199-5>
- Singh, A., Verma, S. K., Prasad, G., Kumar, A., Sharma, P. C., & Singh, A. K. 2022. Elucidating genetic diversity and population structure in jamun [*Syzygium cumini* (L.) Skeels] using morpho-physiological traits and CAAT box-derived polymorphism. *South African Journal of Botany*, 151, 454–465. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2022.10.023>
- Skroch, P. W., Nienhuis, J., Beebe, S., Tohme, J., & Pedraza, F. 1998. Comparison of Mexican Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Core and Reserve Germplasm Collections. *Crop Science*, 38(2), 488–496. <https://doi.org/10.2135/CROPSCI1998.0011183X003800020036X>
- Slatkin, M. 1985. Gene Flow in Natural Populations. *Annual Reviews of Ecology and Systematics*, 16(1985), 393–430. <https://www.jstor.org/stable/2097054>
- Sokal, R., & Michener, C. 1958. A statistical method for evaluating systematic relationships. *University of Kansas Science Bulletin*.
- SÜSBİR. 2017. *Production Areas and Regional Distribution of Ornamental in Turkey*. The Ornamental Plants Growers Union; The Ornamental Plants Growers Union (SÜSBİR). http://eng.susbir.org.tr/e-catalogue/Eng_Katalog_Eylul_2017.pdf
- Tessier, C., David, J., This, P., Boursiquot, J. M., & Charrier, A. 1999. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. *Theoretical and Applied Genetics*, 98(1), 171–177. <https://doi.org/10.1007/S001220051054/METRICS>
- Uslu, Ö. S., Gedik, O., Kaya, A. R., Khan, M. A., Tassever, M. N., & Turkkaya, E. 2018. Allelopathic Effects of Flower Extract of Oleander (*Nerium oleander*) on the Germination of Seed and Seedling Growth of *Lolium multiflorum*. *Iğdır University Journal of the Institute of Science and Technology*, 8(1), 309–3017. <https://doi.org/10.21597/jist.407890>
- Vanbergen, A. J. 2014. Landscape alteration and habitat modification: impacts on plant–pollinator systems. *Current Opinion in Insect Science*, 5(1), 44–49. <https://doi.org/10.1016/J.COIS.2014.09.004>
- Wang, Z., Wu, X., Pi, Z., Wu, Z., & Li, S. 2024. Genetic Diversity Analysis of Red Beet Germplasm Resources Using CEAP Molecular Markers. *Sugar Tech*. <https://doi.org/10.1007/s12355-024-01473-2>
- WHO. 2023. *Integrating Traditional Medicine in Health Care*. World Health Organization. <https://www.who.int/southeastasia/news/feature-stories/detail/integrating-traditional-medicine>
- Winfree, R., Bartomeus, I., & Cariveau, D. P. 2011. Native pollinators in anthropogenic habitats. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 42(Volume 42, 2011), 1–22. <https://doi.org/10.1146/ANNUREV-ECOLSYS-102710-145042/1>

- Wittkopp, P. J., & Kalay, G. 2012. Cis-regulatory elements: molecular mechanisms and evolutionary processes underlying divergence. *Nature Reviews Genetics*, 13(1), 59–69. <https://doi.org/10.1038/nrg3095>
- Wright, S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations*. The University of Chicago Press. <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1966008>
- Yigit, N., Mutevelli, Z., Sevik, H., Onat, S. M., Ozel, H. B., Cetin, M., & Olgun, C. 2021. Identification of some fiber characteristics in *Rosa* sp. and *Nerium oleander* L. wood grown under different ecological conditions. *BioResources*, 16(3), 5862–5874. <https://doi.org/10.15376/biores.16.3.5862-5874>
- Zhelyazkova, M., Badzhelova, V., Georgieva, S., Lozanova, L., Hristov, P., & Lazarova, S. 2024. Genetic diversity assessment of selected rose genotypes using CEAP markers. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 5(3), 243–253. <https://doi.org/10.1017/S1477200007002381>

CAAT 1

CAAT2

43

CAAT2'nin devamı

Genotip	Bant												Genotip	Bant											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
53	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	75.5	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0
54	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	76	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0
55	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	77	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0
56	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	78	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0
56.1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	79	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	1	0
56.2	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	80	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0
56.3	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	81	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
57	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	82	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0
58	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	83	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
59	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	84	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
60	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	85	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1
61	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	85.5	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
62	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	85.6	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
63	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	85.7	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0
64	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	86	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0
65	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	0	87	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0
66	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	88	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
67	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	89	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0
68	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	90	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
69	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	92	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
71	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	93	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
72	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	94	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
73	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0													
74	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0													
75	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0													

CAAT3

Genotip	Bant															Genotip	Bant														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	27	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
2	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	28	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
3	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	29	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
4	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	30	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
5	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	31	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
6	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	32	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
7	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	33	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	35	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
10	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	36	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
11	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	37	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
12	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	38	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
13	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	39	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1
14	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	40	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1
15	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	41	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
16	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	42	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
17	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	43	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
18	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	44	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
19	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	45	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
20	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	46	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
21	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	47	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
22	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	48	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
23	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	49	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
24	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	50	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1
25	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	51	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
26	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	52	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1

CAAT3'nün devamı

Genotip	Bant															Genotip	Bant														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
53	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	75.5	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
55	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	77	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
56	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	78	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
56.1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	79	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	
56.2	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	80	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	
56.3	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	81	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
58	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	83	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1
59	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	84	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
60	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	85	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
61	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	85.5	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
62	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	85.6	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
64	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	86	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1
66	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	88	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1
67	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	89	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
68	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	91	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1
70	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	92	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1
71	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	93	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
72	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1																
74	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9																
75	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1																

CAAT6

Genotip	Bant														Genotip	Bant													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	27	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
2	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	28	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
3	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	29	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
4	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	30	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1		
5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	31	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
6	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	32	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	
7	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	33	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
9	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	35	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	
10	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	36	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
11	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	37	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	
12	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	38	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
13	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	39	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
14	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
15	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	41	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
16	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	42	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
17	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	43	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
18	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	44	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
19	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	45	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
20	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	46	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
21	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	47	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
22	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	48	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	49	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
24	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	50	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	51	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
26	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	52	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	

CAAT6'nin ndevam

Genotip	Bant														Genotip	Bant														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
53	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	75.5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0		
55	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	77	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	
56	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	78	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
56.1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	79	1	1	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	
56.2	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	80	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	
56.3	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	81	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	
58	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	83	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	
59	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	84	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	
60	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	85	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	
61	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	85.5	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	
62	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.6	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	
64	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	86	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	
66	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	88	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
67	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	89	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
68	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	90	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
69	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	91	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	
70	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	92	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	
71	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	93	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	
72	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
73	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1															
74	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9																
75	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1																

CAAT8

Genotip	Bant												Genotip	Bant											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0
2	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	28	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0
3	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	29	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0
4	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	30	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0
5	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	31	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
6	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0	32	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
7	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	33	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
9	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	35	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
10	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	36	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
11	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	37	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
12	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	38	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1
13	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	39	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
14	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	40	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
15	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	41	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1
16	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	42	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1
17	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	43	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1
18	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	44	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
19	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	45	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
20	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	46	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
21	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	47	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
22	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	48	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
23	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	49	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
24	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	50	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1
25	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	51	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
26	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	52	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1

CAAT8'nin devamı

Genotip	Bant												Genotip	Bant											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
53	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	75.5	0	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0
54	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	76	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1
55	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	77	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1
56	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	78	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
56.1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	79	0	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1
56.2	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	80	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
56.3	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	81	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
57	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	82	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1
58	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	83	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
59	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	84	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
60	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	85	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0
61	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	85.5	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1
62	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	85.6	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0
63	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	85.7	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1
64	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	86	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
65	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	87	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1
66	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	88	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
67	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	89	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
68	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	92	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
71	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	93	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
72	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1													
74	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1													
75	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1													

CAAT9

Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant							
	1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8
1	0	1	1	1	0	1	0	1	27	0	1	1	1	0	0	0	1	53	0	1	1	1	1	1	1	1	75.5	0	1	1	1	0	0	0	0
2	0	1	1	1	1	0	0	1	28	0	1	1	1	0	1	0	1	54	0	1	1	1	0	1	0	0	76	0	1	0	1	1	1	0	1
3	0	1	0	1	0	1	0	1	29	0	1	1	1	0	1	0	1	55	0	1	1	1	1	1	0	1	77	0	1	1	1	1	1	0	1
4	0	1	1	1	1	1	0	1	30	0	1	1	1	0	1	0	1	56	0	1	1	1	0	1	0	1	78	0	1	1	1	0	1	0	1
5	0	1	1	1	0	1	0	1	31	0	1	1	1	0	1	0	0	56.1	0	1	1	1	1	1	0	1	79	0	1	1	1	0	1	0	1
6	0	1	1	1	1	1	0	1	32	0	1	0	1	0	1	0	1	56.2	0	1	0	1	1	1	0	1	80	0	1	1	1	0	1	0	0
7	0	1	1	1	1	1	0	1	33	0	1	0	1	0	1	0	0	56.3	0	1	1	1	1	1	0	1	81	0	1	1	1	0	1	0	0
8	0	1	1	1	0	0	0	0	34	0	1	0	1	0	1	0	0	57	0	1	0	1	0	1	0	1	82	0	1	1	1	0	1	0	0
9	0	1	1	1	1	1	0	1	35	0	1	0	1	0	1	0	0	58	0	1	1	1	0	1	0	1	83	0	1	0	1	0	1	0	0
10	0	1	1	1	1	1	0	1	36	1	1	0	1	0	1	0	1	59	0	1	0	1	0	1	0	1	84	0	1	0	1	0	1	0	0
11	0	1	1	1	1	1	0	1	37	1	1	0	1	0	1	0	1	60	0	1	0	1	0	1	0	1	85	0	1	0	1	0	1	0	0
12	0	1	1	1	0	1	0	1	38	0	1	0	1	0	1	0	1	61	0	1	0	1	0	1	0	1	85.5	0	1	1	1	0	1	0	0
13	0	1	1	1	0	1	0	1	39	1	1	0	1	0	1	0	0	62	0	1	0	1	0	1	0	1	85.6	0	1	1	1	0	1	0	0
14	0	1	1	1	0	1	0	1	40	0	1	0	1	1	0	0	0	63	0	1	0	1	0	0	0	0	85.7	0	1	1	1	1	1	0	1
15	0	1	1	1	0	1	0	1	41	0	1	0	1	0	1	0	1	64	0	1	0	1	1	0	0	1	86	0	1	1	1	0	1	0	0
16	0	1	1	1	0	1	0	1	42	0	1	0	1	1	1	0	1	65	0	1	1	1	0	1	0	1	87	0	1	0	1	0	1	0	0
17	0	1	1	1	0	1	0	1	43	0	1	1	1	0	1	0	1	66	0	1	1	1	0	1	0	1	88	0	1	0	1	0	1	0	0
18	0	1	1	1	0	1	0	1	44	0	1	1	1	0	1	0	1	67	0	1	1	1	1	1	0	0	89	0	1	0	1	0	1	0	0
19	0	1	0	1	1	1	0	1	45	0	1	1	1	1	0	0	1	68	0	1	1	1	0	1	0	0	90	0	1	1	1	0	1	0	1
20	0	1	1	1	1	1	0	1	46	0	1	1	1	1	0	0	1	69	0	1	0	1	0	1	0	1	91	0	1	1	1	0	1	0	0
21	0	1	1	1	1	1	0	1	47	0	1	1	1	1	0	0	1	70	0	1	0	1	1	1	0	1	92	1	1	0	1	0	0	0	0
22	0	1	1	1	0	1	0	1	48	0	1	1	1	1	0	0	1	71	0	1	0	1	0	1	0	1	93	1	1	1	1	1	0	0	1
23	1	1	1	0	0	0	0	0	49	0	1	1	1	1	0	0	1	72	0	1	0	1	1	1	0	1	94	0	0	1	1	1	0	0	0
24	0	1	1	1	0	1	0	1	50	0	1	1	1	1	0	0	1	73	0	1	1	1	0	1	0	1									
25	0	1	1	1	0	1	0	1	51	0	1	1	1	1	0	0	1	74	0	1	0	1	0	1	0	1									
26	0	1	1	1	0	1	0	1	52	0	1	1	1	1	1	0	1	75	1	1	0	1	0	1	0	1									

CAAT13

Genotype	Bant							Genotype	Bant							Genotype	Bant							Genotype	Bant						
	1	2	3	4	5	6	7		1	2	3	4	5	6	7		1	2	3	4	5	6	7		1	2	3	4	5	6	7
1	0	1	1	1	1	0	0	27	0	1	1	1	1	0	0	53	0	1	0	1	1	1	1	75.5	0	1	1	1	0	0	0
2	0	1	1	1	1	1	1	28	0	1	0	1	1	0	1	54	0	1	1	1	0	0	0	76	0	1	1	1	1	1	1
3	0	1	1	1	1	1	0	29	0	1	1	1	1	0	0	55	0	1	0	1	1	1	1	77	0	1	0	1	1	1	0
4	0	1	1	1	1	1	1	30	0	1	1	1	1	0	0	56	0	1	1	1	1	0	1	78	0	1	1	1	1	0	0
5	0	1	1	1	1	1	1	31	0	1	1	1	0	0	0	56.1	9	9	9	9	9	9	9	79	0	1	0	1	1	0	0
6	0	1	1	1	1	0	1	32	0	1	0	1	1	0	0	56.2	0	1	1	1	1	1	1	80	0	1	0	1	1	0	0
7	0	1	1	1	1	1	1	33	0	1	1	1	1	1	1	56.3	0	1	1	1	1	0	1	81	0	1	0	1	0	0	0
8	0	1	0	1	0	0	0	34	0	1	0	1	1	0	0	57	0	1	1	1	1	0	0	82	0	1	1	1	1	0	0
9	0	1	1	1	1	1	1	35	0	1	0	1	1	0	0	58	0	1	1	1	1	0	0	83	0	1	0	1	0	0	1
10	0	1	0	1	1	1	1	36	1	1	1	1	0	0	0	59	0	1	1	1	1	0	0	84	0	1	1	1	1	0	0
11	0	1	1	1	1	1	0	37	0	1	0	1	1	0	0	60	0	1	1	1	1	0	1	85	0	1	0	1	1	1	0
12	0	1	1	1	1	1	1	38	0	1	1	1	0	1	1	61	0	1	1	1	1	0	1	85.5	0	1	1	1	1	1	1
13	0	1	1	1	1	1	1	39	0	1	1	1	0	0	0	62	0	0	0	1	0	1	1	85.6	0	1	0	1	1	0	1
14	0	1	1	1	1	1	1	40	0	0	0	0	0	1	0	63	0	0	0	0	1	0	0	85.7	0	1	1	1	1	1	1
15	0	1	1	1	1	1	1	41	0	1	1	0	1	0	1	64	0	1	1	1	1	0	1	86	0	1	1	1	1	0	0
16	0	1	0	1	1	0	0	42	0	1	0	1	1	1	1	65	1	1	0	1	0	0	0	87	0	1	1	1	1	0	1
17	0	1	1	1	1	1	1	43	0	1	1	1	0	1	0	66	0	1	0	1	1	0	0	88	0	1	1	1	1	0	0
18	0	1	1	1	1	0	1	44	0	1	1	1	0	1	0	67	0	1	0	1	0	0	0	89	0	1	1	1	1	0	0
19	0	1	1	1	1	1	0	45	0	1	1	1	0	1	0	68	0	1	0	1	1	1	1	90	0	1	1	1	1	1	1
20	0	1	1	1	1	0	1	46	0	1	1	1	1	1	0	69	0	1	0	1	1	1	1	91	0	1	0	1	0	0	1
21	0	1	1	1	1	0	1	47	0	1	1	1	1	1	0	70	0	1	1	1	1	1	1	92	0	1	1	1	1	1	0
22	0	1	1	1	1	1	0	48	0	1	0	1	1	1	1	71	0	1	1	1	1	1	1	93	0	1	1	0	1	0	1
23	0	0	0	1	0	0	1	49	0	1	1	0	1	1	1	72	0	1	0	1	1	0	0	94	9	9	9	9	9	9	9
24	0	1	1	1	1	0	0	50	0	1	1	1	0	1	0	73	0	1	0	1	1	1	1								
25	0	1	1	1	1	0	0	51	0	1	1	1	1	1	0	74	0	1	0	1	1	1	1								
26	0	1	1	1	1	0	0	52	0	1	0	1	1	0	0	75	0	1	1	1	1	1	1								

CAAT16

Genotip	Bant										Genotip	Bant										Genotip	Bant									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	27	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	53	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
2	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	28	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	54	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0
3	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	29	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	55	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1
4	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	30	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	56	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
5	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	31	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	56.1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
6	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	32	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	56.2	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0
7	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	33	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	56.3	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
8	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	34	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	57	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
9	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	35	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	58	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
10	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	36	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	59	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
11	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	37	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	60	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
12	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	38	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	61	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1
13	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	39	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	62	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
14	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	40	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	63	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0
15	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	41	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	64	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
16	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	42	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	65	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
17	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	43	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	66	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
18	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	44	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	67	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
19	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	45	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	68	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
20	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	46	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	69	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
21	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	47	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	70	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
22	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	48	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	71	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
23	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	49	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	72	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
24	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	50	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	73	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
25	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	51	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	74	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
26	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	52	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	75	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0

CAAT16'nin devamı

Genotip	Bant									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
75.5	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
76	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
77	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
78	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
79	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
80	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
81	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0
82	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0
83	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0
84	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0
85	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
85.5	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
85.6	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0
85.7	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
86	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
87	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0
88	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
89	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
90	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1
91	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0
92	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0
93	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0
94	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0

CAAT21

Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant							
	1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8
1	1	1	1	1	0	1	0	1	27	1	1	1	1	0	1	0	1	53	1	1	1	1	1	1	0	1	75.5	1	1	1	1	0	1	0	1
2	1	1	1	0	0	1	0	1	28	1	1	1	0	1	1	0	1	54	9	9	9	9	9	9	9	9	76	1	1	1	1	1	1	1	1
3	1	1	1	1	0	1	0	1	29	1	1	1	1	1	1	0	1	55	1	1	1	0	1	1	0	1	77	1	1	1	1	0	1	0	1
4	1	1	1	1	0	1	1	1	30	1	1	1	1	1	1	0	1	56	1	1	1	0	1	1	0	1	78	1	1	1	1	1	1	1	1
5	9	9	9	9	9	9	9	9	31	1	1	1	0	1	1	0	1	56.1	1	1	1	1	1	1	0	1	79	1	1	1	1	0	1	0	1
6	1	1	1	0	0	1	0	1	32	1	1	1	1	1	1	0	1	56.2	1	1	1	1	1	1	1	1	80	1	1	1	1	1	1	1	1
7	1	1	1	0	0	1	0	1	33	1	1	1	0	1	1	0	1	56.3	1	1	1	1	1	1	1	1	81	1	1	1	1	0	1	0	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	57	9	9	9	9	9	9	9	9	82	1	1	1	1	1	1	1	1
9	1	1	1	0	0	1	1	1	35	1	1	1	1	1	1	0	1	58	1	1	1	1	1	1	1	1	83	1	1	1	0	1	1	0	1
10	1	0	1	0	0	1	0	1	36	1	1	1	0	1	1	0	1	59	1	1	1	0	1	1	1	1	84	1	1	1	1	1	1	1	1
11	1	1	1	1	0	1	0	1	37	1	1	1	0	1	1	1	1	60	1	1	1	0	1	1	1	1	85	1	1	1	1	0	1	1	1
12	1	1	1	0	1	1	0	1	38	1	1	1	0	1	1	1	1	61	1	1	1	0	1	1	1	1	85.5	1	1	1	1	1	1	1	1
13	1	1	1	1	1	1	0	1	39	9	9	9	9	9	9	9	9	62	1	0	1	0	1	1	0	1	85.6	1	1	1	0	0	1	0	1
14	1	1	1	1	1	1	1	1	40	1	0	0	0	0	1	0	1	63	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	1	1	1	0	1	0	1
15	1	1	1	0	1	1	1	1	41	1	1	1	0	1	1	1	1	64	1	1	1	1	1	1	1	1	86	1	1	1	1	1	1	1	1
16	1	1	1	1	1	1	1	1	42	1	1	1	1	1	1	0	1	65	9	9	9	9	9	9	9	9	87	1	1	1	0	1	1	0	1
17	1	1	1	0	1	1	0	1	43	1	1	1	1	1	1	1	1	66	1	1	1	0	0	1	0	1	88	1	1	1	0	1	1	0	1
18	1	1	1	1	1	1	0	1	44	1	1	1	1	1	1	0	1	67	1	1	1	1	1	1	1	1	89	1	1	1	1	0	1	0	1
19	1	0	1	1	1	1	0	1	45	1	1	1	1	1	1	0	1	68	1	1	1	1	0	1	1	1	90	1	0	1	0	0	1	0	1
20	1	1	1	1	1	1	0	1	46	1	1	1	1	1	1	0	1	69	1	1	1	1	0	1	0	1	91	1	0	0	0	0	1	0	1
21	1	1	1	1	1	1	0	1	47	1	1	1	1	0	1	0	1	70	1	1	1	1	1	1	1	1	92	1	0	1	0	1	1	0	1
22	1	1	1	1	1	1	0	1	48	1	1	1	1	1	1	0	1	71	1	1	1	0	1	1	0	1	93	1	0	1	0	1	1	1	1
23	1	1	1	0	1	1	0	1	49	1	1	1	1	1	1	0	1	72	1	1	1	1	1	1	1	0	94	9	9	9	9	9	9	9	9
24	1	1	1	1	1	1	0	1	50	1	1	1	1	0	1	0	1	73	1	1	1	1	1	1	1	1									
25	1	1	1	0	0	1	0	1	51	1	0	1	0	1	1	0	1	74	1	0	0	0	0	0	1	1									
26	1	1	1	1	0	1	0	1	52	1	1	1	0	1	1	0	1	75	1	1	1	1	1	1	1	1									

CAAT25

Genotip	Bant																
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1
2	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1
3	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1
4	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1
5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
6	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
7	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
10	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
11	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
12	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
13	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
14	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
15	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1
16	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
17	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1
18	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
19	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1
20	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1
21	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
22	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
24	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
26	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1

Genotip	Bant																
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
27	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
28	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
29	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
30	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
31	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
32	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0
33	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1
34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
35	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1
36	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
37	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1
38	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
39	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
41	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
42	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
43	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
44	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
45	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
46	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
47	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
48	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
49	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
50	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
51	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1
52	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1

CAAT25'inin devamı

Genotip	Bant																	Genotip	Bant																
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
53	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	75.5	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1
55	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	77	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
56	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	78	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
56.1	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	79	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	
56.2	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	80	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1
56.3	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	81	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1
58	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	83	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1
59	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	84	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1
60	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	85	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1
61	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	85.5	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1
62	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	85.6	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1
64	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	86	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1
66	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	88	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1
67	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	89	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
68	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	92	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1
71	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	93	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1
72	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1																	
74	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9																		
75	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1																	

Ek 2: CEAP Moleküler Markırları Puanları

ACGTG5

Genotype	Bant									Genotype	Bant								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9		1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	27	0	0	1	1	1	1	1	1	1
2	0	0	1	1	1	1	1	1	1	28	0	0	1	1	1	1	1	1	1
3	0	0	1	1	1	1	1	1	1	29	0	0	1	1	1	1	1	1	1
4	0	0	1	1	1	1	1	1	1	30	0	0	0	1	1	1	1	1	1
5	0	0	1	1	1	1	1	1	1	31	0	0	0	1	1	1	1	1	1
6	0	0	1	1	1	1	1	1	1	32	9	9	9	9	9	9	9	9	9
7	0	0	1	1	1	1	1	1	1	33	0	0	0	1	1	1	1	1	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	0	1	1	1	1	1	1	1	1	35	9	9	9	9	9	9	9	9	9
10	0	1	1	1	1	1	1	1	1	36	9	9	9	9	9	9	9	9	9
11	0	0	1	1	1	0	0	1	1	37	9	9	9	9	9	9	9	9	9
12	0	0	1	1	1	0	0	1	1	38	1	0	1	1	1	1	1	1	1
13	0	0	0	1	1	0	0	1	1	39	9	9	9	9	9	9	9	9	9
14	0	0	1	1	1	1	1	1	1	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9
15	0	0	1	1	1	1	1	1	1	41	0	0	1	1	1	1	1	1	1
16	0	0	0	1	1	1	1	1	1	42	0	0	1	1	1	1	1	1	1
17	0	0	1	1	1	1	0	1	1	43	0	0	1	1	1	1	1	1	1
18	0	0	1	1	1	1	1	1	1	44	1	1	1	1	1	1	1	1	1
19	0	0	1	1	1	1	1	1	1	45	0	0	1	1	1	1	1	1	1
20	0	0	0	1	1	1	1	1	1	46	1	1	1	1	1	1	1	1	1
21	0	0	1	1	1	1	1	1	1	47	0	0	1	1	1	1	1	1	1
22	0	0	1	1	1	1	1	1	1	48	0	0	1	1	1	1	1	1	1
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	49	0	0	1	1	1	1	1	1	1
24	0	0	1	1	1	1	1	1	1	50	0	0	1	1	1	1	1	1	1
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	51	0	0	1	1	1	1	1	1	1
26	0	0	1	1	1	1	1	1	1	52	9	9	9	9	9	9	9	9	9

ACGTG5'inin devam

Genotype	Bant									Genotype	Bant								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9		1	2	3	4	5	6	7	8	9
53	9	9	9	9	9	9	9	9	9	75.5	0	0	0	1	1	1	1	1	1
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	0	0	0	1	1	1	1	1	1
55	0	0	1	1	1	1	1	1	1	77	9	9	9	9	9	9	9	9	9
56	0	0	1	1	1	1	1	1	1	78	0	0	0	1	1	1	1	1	1
56.1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	79	0	0	0	1	1	1	1	1	1
56.2	0	0	0	1	1	1	1	1	1	80	9	9	9	9	9	9	9	9	9
56.3	0	0	1	1	1	1	1	1	1	81	9	9	9	9	9	9	9	9	9
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	0	0	1	1	1	1	1	1	1
58	0	0	1	1	1	1	1	1	1	83	9	9	9	9	9	9	9	9	9
59	0	0	0	1	1	1	1	1	1	84	9	9	9	9	9	9	9	9	9
60	0	0	0	1	1	1	1	1	1	85	0	0	1	1	1	1	1	1	1
61	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.5	0	0	0	1	1	1	1	1	1
62	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.6	0	0	1	1	1	1	1	1	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	0	1	1	1	1	1	1	1
64	0	0	1	1	1	1	1	1	1	86	0	0	0	1	1	1	1	1	1
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	0	0	0	1	1	1	1	1	1
66	0	0	0	1	1	1	1	1	1	88	9	9	9	9	9	9	9	9	9
67	0	0	1	1	1	1	1	1	1	89	9	9	9	9	9	9	9	9	9
68	0	0	0	1	1	1	1	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	0	1	1	1	1	1	1	1	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	9	9	9	9	9	9	9	9	9	92	9	9	9	9	9	9	9	9	9
71	0	0	1	1	1	1	1	1	1	93	9	9	9	9	9	9	9	9	9
72	0	0	0	1	1	1	1	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	0	0	1	1	1	1	1	1	1										
74	0	0	1	1	1	1	1	1	1										
75	0	0	0	1	1	1	1	1	1										

ACGTG18

Genotip	Bant													Genotip	Bant												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	27	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0
2	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	28	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
3	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	29	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0
4	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	30	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
5	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	31	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
6	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	32	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
7	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	33	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	35	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
10	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	36	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
11	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	37	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
12	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	38	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
13	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	39	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
14	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
15	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	41	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
16	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	42	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0
17	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	43	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
18	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	44	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
19	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	45	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0
20	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	46	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
21	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	47	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
22	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	48	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	49	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
24	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	50	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	51	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
26	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	52	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9

ACGTG18'inin devamı

Genotip	Bant													Genotip	Bant												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
53	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	75.5	0	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0
55	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	77	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
56	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	78	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0
56.1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	79	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
56.2	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	80	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
56.3	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	81	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0
58	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	83	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
59	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	84	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
60	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	85	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
61	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	85.5	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
62	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.6	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
64	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	86	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
66	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	88	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
67	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	89	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
68	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	92	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
71	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	93	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
72	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0														
74	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0														
75	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	0														

ACGTG25

Genotip	Bant															Genotip	Bant														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	27	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1
2	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	28	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	29	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
4	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	30	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
5	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	31	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0
6	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	1	32	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	33	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
8	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	35	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
10	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	36	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1
11	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	37	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
12	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	38	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
13	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	39	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
14	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	40	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
15	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	41	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
16	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	42	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1
17	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	43	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
18	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	44	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
19	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	45	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1
20	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	46	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	1
21	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	47	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	1
22	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	48	1	1	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	1	1	1
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	49	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
24	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	50	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	51	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1
26	1	1	1	0	1	9	1	1	1	1	1	9	0	0	1	52	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1

ACGTG25'inin devamı

Genotip	Bant															Genotip	Bant															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
53	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	75.5	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	
54	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	76	1	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	
55	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	77	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	
56	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1	78	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	
56.1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	79	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	
56.2	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	80	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
56.3	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	81	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
57	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	82	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	
58	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	83	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
59	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	84	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
60	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	85	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	
61	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	85.5	1	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	
62	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.6	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	1	1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	
64	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	86	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	
65	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	87	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	
66	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	88	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
67	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	89	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
68	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
69	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
70	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	92	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	
71	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	93	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
72	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
73	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1																	
74	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1																	
75	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1																	

CCGA5

Genotip	Bant														Genotip	Bant														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	27	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0	
2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	28	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	
3	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	29	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
4	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	30	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	31	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	
6	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	32	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
7	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	33	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	
8	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
9	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	35	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
10	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	36	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
11	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	37	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0
12	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	38	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
13	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	39	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
14	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	40	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0
15	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	41	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
16	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	42	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
17	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	43	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0
18	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	44	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0
19	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	45	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
20	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	46	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
21	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	47	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
22	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	48	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
23	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	49	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
24	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	50	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0
25	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	51	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0
26	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	52	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0

CCGA5'inin devamı

Genotip	Bant														Genotip	Bant															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14		
53	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	75.5	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	0		
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0		
55	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	77	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0		
56	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	78	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	
56.1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	79	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	
56.2	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	80	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0		
56.3	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	81	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	0	
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0		
58	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	83	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
59	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	84	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0
60	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	85	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
61	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	85.5	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
62	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	85.6	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	
64	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	86	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0		
66	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	88	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	
67	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	89	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	
68	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	90	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	
69	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	91	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0
70	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	92	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	
71	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	93	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	
72	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	
73	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0																
74	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1																
75	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0																

CCGA6

Genotip	Bant											Genotip	Bant										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	27	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
2	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	28	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
3	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	29	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
4	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	30	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	31	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
6	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	32	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1
7	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	33	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	35	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1
10	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	36	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1
11	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	37	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
12	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	38	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	1
13	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	39	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
14	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
15	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	41	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1
16	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	42	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
17	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	43	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1
18	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	44	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
19	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	45	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1
20	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	46	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1
21	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1	47	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
22	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	48	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
23	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	49	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
24	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	50	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1
25	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	51	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1
26	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	52	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1

CCGA6'nın devamı

Genotype	Bant											Genotip	Bant										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
53	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	75.5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
55	0	1	0	1	1	0	1	0	1	0	1	77	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
56	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	78	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
56.1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	79	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
56.2	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	80	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0
56.3	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	81	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
58	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	83	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
59	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	84	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
60	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	85	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
61	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.5	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0
62	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.6	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
64	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	86	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1
66	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	88	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
67	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	89	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
68	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	92	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1
71	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	93	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
72	0	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1												
74	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9												
75	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1												

TATCC2

Genotip	Bant										Genotip	Bant									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	27	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1
2	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	28	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1
3	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	29	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1
4	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	30	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
5	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	31	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
6	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	32	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1
7	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	33	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
9	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	35	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1
10	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	36	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1
11	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	37	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
12	0	1	1	0	1	0	0	1	1	1	38	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
13	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	39	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
14	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
15	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	41	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
16	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	42	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
17	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	43	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
18	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	44	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
19	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	45	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
20	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	46	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
21	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	47	0	1	1	1	1	11	0	1	1	1
22	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	48	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
23	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	49	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1
24	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	50	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1
25	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	51	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1
26	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	52	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

TATCC2'nin devamı

Genotype	Bant										Genotip	Bant									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
53	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	75.5	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
54	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	76	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
55	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	77	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1
56	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	78	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
56.1	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	79	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1
56.2	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	80	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1
56.3	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	81	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
57	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1	82	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
58	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	83	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
59	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	84	0	0	1	0	1	1	0	1	1	1
60	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	85	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1
61	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	85.5	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
62	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	85.6	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1
64	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	86	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1
65	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	87	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1
66	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	88	0	1	1	0	0	1	0	1	1	1
67	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	89	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1
68	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
69	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	91	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
70	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	92	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
71	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	93	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
72	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
73	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1											
74	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1											
75	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1											

TATCC5

Genotip	Bant						Genotip	Bant						Genotip	Bant						Genotip	Bant						
	1	2	3	4	5	6		1	2	3	4	5	6		1	2	3	4	5	6		1	2	3	4	5	6	
1	1	1	1	1	1	0	27	1	1	1	1	1	1	53	0	1	1	1	1	1	0	75.5	1	1	1	0	1	0
2	0	1	1	1	1	1	28	0	1	1	1	1	0	54	0	1	1	0	1	1	0	76	0	1	1	1	1	0
3	0	1	1	1	1	1	29	1	1	1	1	1	0	55	0	1	1	1	1	1	0	77	0	1	1	1	1	0
4	0	1	1	1	1	1	30	1	1	1	1	1	0	56	1	1	1	1	1	1	1	78	0	1	1	1	1	0
5	0	1	1	1	1	1	31	0	1	1	1	1	0	56.1	0	1	1	1	1	1	1	79	0	1	1	1	1	0
6	0	1	1	1	1	1	32	0	0	1	0	1	0	56.2	1	1	1	0	1	1	0	80	0	1	1	0	1	0
7	0	1	1	1	1	1	33	0	1	1	0	1	0	56.3	0	1	1	0	1	1	0	81	0	0	1	0	1	0
8	9	9	9	9	9	9	34	0	1	1	0	1	0	57	0	1	1	0	1	1	0	82	1	1	1	1	1	0
9	0	1	1	1	1	0	35	0	1	1	0	1	0	58	1	1	1	1	1	1	0	83	0	1	1	0	1	0
10	0	1	1	1	1	1	36	0	1	1	0	1	0	59	0	1	1	0	1	1	0	84	0	0	1	0	1	0
11	0	1	1	1	1	0	37	9	9	9	9	9	9	60	0	1	1	1	1	1	1	85	0	1	1	0	1	0
12	0	1	1	1	1	0	38	0	1	1	1	1	1	61	0	1	1	1	1	1	1	85.5	0	1	1	1	1	0
13	0	1	1	1	1	0	39	0	1	1	1	1	0	62	0	1	1	0	1	1	0	85.6	0	1	1	1	1	0
14	0	1	1	1	1	1	40	0	0	1	0	1	0	63	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	1	1	1	1	0
15	0	1	1	1	1	1	41	0	1	1	1	1	1	64	0	1	1	1	1	1	0	86	0	1	1	1	1	1
16	0	1	1	1	1	1	42	0	1	1	1	1	1	65	0	0	1	0	1	1	0	87	0	1	1	0	1	1
17	0	1	1	1	1	1	43	1	1	1	1	1	1	66	1	1	1	1	1	1	0	88	0	1	1	0	1	0
18	1	1	1	1	1	1	44	1	1	1	1	1	1	67	0	1	1	1	1	1	0	89	1	1	1	0	1	0
19	0	1	1	0	1	1	45	1	1	1	1	1	1	68	0	1	1	1	1	1	0	90	9	9	9	9	9	9
20	0	1	1	1	1	0	46	0	1	1	1	1	1	69	0	0	1	0	1	1	0	91	9	9	9	9	9	9
21	0	1	1	1	1	0	47	1	1	1	1	1	1	70	0	1	1	1	1	1	0	92	0	1	1	1	1	0
22	0	1	1	1	1	0	48	0	1	1	1	1	1	71	0	1	1	1	1	1	0	93	0	1	1	0	1	0
23	9	9	9	9	9	9	49	9	9	9	9	9	9	72	0	1	1	1	1	1	0	94	9	9	9	9	9	9
24	1	1	1	1	1	1	50	1	1	1	0	1	0	73	0	1	1	1	1	1	0							
25	9	9	9	9	9	9	51	1	1	1	1	1	1	74	0	1	1	1	1	1	0							
26	1	1	1	1	1	1	52	0	1	1	1	1	0	75	0	1	1	1	1	1	0							

TGAC2

Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant								Genotip	Bant							
	1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8		1	2	3	4	5	6	7	8
1	0	1	0	1	1	0	1	1	27	0	1	0	0	1	1	1	1	53	0	1	0	1	1	1	1	1	75.5	1	1	1	1	1	1	1	1
2	0	1	0	1	0	0	1	1	28	0	1	0	0	1	1	1	1	54	1	1	0	1	1	1	1	1	76	1	1	0	1	1	1	1	1
3	0	1	1	1	1	1	1	1	29	0	1	0	0	1	1	1	1	55	0	1	0	1	1	1	1	1	77	1	1	0	1	1	1	1	1
4	0	1	0	0	1	1	1	1	30	0	1	0	0	1	1	1	1	56	0	1	1	1	1	1	1	1	78	1	1	0	1	1	1	1	1
5	0	1	0	0	1	1	1	1	31	0	1	0	0	1	1	1	1	56.1	0	1	0	1	1	1	1	1	79	1	1	1	1	1	1	1	1
6	0	1	0	0	1	1	1	1	32	0	1	0	0	1	1	1	1	56.2	0	1	0	1	1	1	1	1	80	1	1	1	1	1	1	1	1
7	0	1	0	0	1	1	1	1	33	0	1	0	0	1	1	1	1	56.3	0	1	0	1	1	1	1	1	81	9	9	9	9	9	9	9	9
8	0	1	0	1	1	1	1	1	34	9	9	9	9	9	9	9	9	57	0	1	0	1	1	1	1	1	82	1	1	0	1	1	1	1	1
9	0	1	0	1	1	1	1	1	35	0	1	0	0	1	1	1	1	58	0	1	0	1	1	1	1	1	83	0	1	0	1	1	1	1	1
10	0	1	0	1	1	0	1	1	36	1	1	0	1	1	1	1	1	59	0	1	0	1	1	1	1	1	84	9	9	9	9	9	9	9	9
11	1	1	0	1	1	1	1	1	37	9	9	9	9	9	9	9	9	60	0	1	0	1	1	1	1	1	85	1	1	1	1	1	1	1	1
12	0	1	0	1	1	1	1	1	38	1	1	0	1	1	1	1	1	61	0	1	0	1	1	1	1	1	85.5	0	1	1	1	1	1	1	1
13	1	1	0	1	1	1	1	1	39	1	1	0	1	1	1	1	1	62	1	1	0	1	1	1	1	1	85.6	0	1	1	1	1	1	1	1
14	0	1	0	1	1	1	1	1	40	1	1	0	1	1	1	1	1	63	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	0	1	1	1	1	1	1	1
15	0	1	0	0	1	1	1	1	41	1	1	0	1	1	1	1	1	64	0	1	0	1	1	1	1	1	86	1	1	0	1	1	1	1	1
16	0	1	1	1	1	1	1	1	42	0	1	0	1	1	1	1	1	65	1	1	0	1	1	1	1	1	87	0	1	0	1	1	1	1	1
17	0	1	1	1	1	1	1	1	43	0	1	0	0	1	1	1	1	66	1	1	0	1	1	1	1	1	88	0	1	0	1	1	1	1	1
18	0	1	1	1	1	1	1	1	44	0	1	1	1	1	1	1	1	67	1	1	1	1	1	1	1	1	89	1	1	0	0	1	1	1	1
19	0	1	1	1	1	1	1	1	45	0	1	0	1	1	1	1	1	68	0	1	0	1	1	1	1	1	90	9	9	9	9	9	9	9	9
20	0	1	0	1	1	1	1	1	46	0	1	0	1	1	1	1	1	69	0	1	0	1	1	1	1	1	91	9	9	9	9	9	9	9	9
21	0	1	0	1	1	1	1	1	47	0	1	0	0	1	1	1	1	70	0	1	0	1	1	1	1	1	92	9	9	9	9	9	9	9	9
22	0	1	0	1	1	1	1	1	48	0	1	1	1	1	1	1	1	71	0	1	0	1	1	1	1	1	93	9	9	9	9	9	9	9	9
23	9	9	9	9	9	9	9	9	49	1	1	1	1	1	1	1	1	72	0	1	0	1	1	1	1	1	94	9	9	9	9	9	9	9	9
24	0	1	0	0	1	1	1	1	50	0	1	1	1	1	1	1	1	73	0	1	0	1	1	1	1	1									
25	0	1	0	0	1	1	1	1	51	1	1	1	1	1	1	1	1	74	0	1	1	1	1	1	1	1									
26	0	1	0	0	1	1	1	1	52	1	1	1	1	1	1	1	1	75	0	1	0	1	1	1	1	1									

TGAC5

Genotip	Bant													Genotip	Bant												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	27	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	28	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	29	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	30	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	31	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
6	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	32	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	33	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
8	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	34	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
9	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	35	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
10	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	36	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
11	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	37	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
12	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	38	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
13	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	39	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
14	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	40	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
15	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	41	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
16	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	42	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
17	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	43	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
18	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	44	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
19	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	45	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
20	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	46	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
21	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	47	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
22	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	48	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
23	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	49	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
24	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	50	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1
25	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	51	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	1
26	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	52	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1

TGAC5'inin devamı

Genotip	Bant													Genotip	Bant												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
53	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	75.5	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
54	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	76	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
55	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	77	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
56	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	1	78	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
56.1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	79	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1
56.2	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	1	80	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
56.3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	81	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
57	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	82	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
58	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	83	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
59	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	84	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
60	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	85	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
61	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	1	85.5	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1
62	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	1	85.6	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
63	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	85.7	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
64	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	86	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1
65	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	87	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
66	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	88	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
67	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	89	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1
68	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	90	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
69	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	91	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1
70	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	92	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
71	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	93	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1
72	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	94	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
73	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1														
74	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9														
75	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1														

TGAC22

Genotip	Bant				Genotip	Bant				Genotip	Bant				Genotip	Bant			
	1	2	3	4		1	2	3	4		1	2	3	4		1	2	3	4
1	1	1	1	1	27	1	1	1	1	53	9	9	9	9	75.5	1	1	1	1
2	1	1	1	1	28	1	1	1	1	54	9	9	9	9	76	1	1	1	1
3	1	1	1	1	29	1	1	1	1	55	1	1	1	1	77	9	9	9	9
4	1	1	1	1	30	9	9	9	9	56	1	1	1	1	78	1	1	1	1
5	1	1	1	1	31	1	1	1	1	56.1	1	1	1	1	79	1	1	1	1
6	1	1	1	1	32	1	1	1	1	56.2	1	1	1	1	80	1	1	1	1
7	1	1	1	1	33	1	1	1	1	56.3	1	1	1	1	81	9	9	9	9
8	9	9	9	9	34	1	1	1	1	57	1	1	1	1	82	1	1	1	1
9	1	1	1	1	35	9	9	9	9	58	1	1	1	1	83	9	9	9	9
10	1	1	1	1	36	9	9	9	9	59	1	1	1	1	84	9	9	9	9
11	1	1	1	1	37	9	9	9	9	60	1	1	1	1	85	1	1	1	1
12	1	1	1	1	38	1	1	1	1	61	1	1	1	1	85.5	1	1	1	1
13	1	1	1	1	39	9	9	9	9	62	1	1	1	1	85.6	1	1	1	1
14	1	1	1	1	40	9	9	9	9	63	9	9	9	9	85.7	1	1	1	1
15	1	1	1	1	41	1	1	1	1	64	1	1	1	1	86	1	1	1	1
16	1	1	1	1	42	1	1	1	1	65	9	9	9	9	87	9	9	9	9
17	1	1	1	1	43	1	1	1	1	66	1	1	1	1	88	1	1	1	1
18	1	1	1	1	44	1	1	1	1	67	1	1	1	1	89	1	1	1	1
19	1	1	1	1	45	1	1	1	1	68	1	1	1	1	90	9	9	9	9
20	1	1	1	1	46	1	1	1	1	69	1	1	1	1	91	9	9	9	9
21	1	1	1	1	47	1	1	1	1	70	1	1	1	1	92	1	1	1	1
22	1	1	1	1	48	1	1	1	1	71	1	1	1	1	93	9	9	9	9
23	9	9	9	9	49	1	1	1	1	72	1	1	1	1	94	9	9	9	9
24	1	1	1	1	50	1	1	1	1	73	1	1	1	1					
25	1	1	1	1	51	1	1	1	1	74	1	1	1	1					
26	1	1	1	1	52	1	1	1	1	75	1	1	1	1					

ÖZGEÇMİŞ

Bashili Muhyuddin KAMWENDO

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans 2022 - 2025	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı, Antalya, Türkiye
Lisans 2014 - 2018	Lilongwe Tarım ve Doğal Kaynaklar Üniversitesi (Lilongwe University of Agriculture and Natural Resources) Ziraat Fakültesi, Biyoteknoloji Bölümü, Lilongwe, Malavi

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Laboratuvar teknisyeni Nisan – Eylül 2022	DMI St. John The Baptist Üniversitesi Temel Bilimler Bölümü, Mangochi, Malavi
Araştırma Görevlisi 2021 - 2022	Tarımsal Araştırma Hizmetleri Dairesi Lifuwu Araştırma İstasyonu, Salima, Malavi