

**T.C.  
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
ZO-YL-2006-03**

**ÇİNE ÇAPARI KOYUNLARDA GENETİK  
ÇEŞİTLİLİĞİN RAPD YÖNTEMİ İLE BELİRLENMESİ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**HAZIRLAYAN: PELİN BİNBAŞ**

**DANIŞMAN: YRD.DOÇ.DR. İBRAHİM CEMAL**

**AYDIN - 2006**

**T.C.  
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
ZO-YL-2006-03**

**ÇİNE ÇAPARI KOYUNLARDA GENETİK  
ÇEŞİTLİLİĞİN RAPD YÖNTEMİ İLE BELİRLENMESİ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**HAZIRLAYAN: PELİN BİNBAŞ**

**DANIŞMAN: YRD.DOÇ.DR. İBRAHİM CEMAL**

**AYDIN- 2006**

# **Çine Çaparı Koyunlarda Genetik Çeşitliliğin RAPD Yöntemi ile Belirlenmesi**

## **ÖZ**

Bu çalışmanın amacı, yok olma tehlikesi ile karşı karşıya olan Çine Çaparı koyunlarda DNA düzeyindeki genetik çeşitliliğin şansa bağlı çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA) belirteçleri ile belirlenmesidir. Çalışmada, 3 sürüde (ADÜ-ÇÇKP koruma sürüsü ve 2 yetiştirici sürüsü, Erdoğan Aktürk ve Mustafa Vural) yer alan 72 baş hayvanda 24 RAPD primeri kullanılarak genotipleme yapılmıştır. Sürüler arası ve sürüler içi genetik benzerlikler ve genetik uzaklıklar incelenmiştir. Sonuç olarak, en yüksek benzerlik ADÜ-ÇÇKP koruma sürüsü ile Erdoğan Aktürk'e ait sürü arasında ortaya çıkmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** Gen kaynakları, koyun, Çine Çaparı, çeşitlilik, RAPD

## **Detection of Genetic Diversity in Çine Çaparı Sheep by RAPD Technique**

## **ABSTRACT**

The aim of this study was to determine genetic diversity in endangered Çine Çaparı sheeps at the level of DNA by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers. Seventy two animals from 3 flocks (ADU-ÇÇKP conservation flock plus and two breeders' flocks, Erdoğan Aktürk and Mustafa Vural) were genotyped with 24 arbitrary primers. Genetic similarities and genetic distances between and within flocks were investigated. As a result, the highest similarity was observed between ADU-ÇÇKP conservation flock and Erdoğan Aktürk's flock.

**Key Words:** Genetic resources, sheep, Çine Çaparı, diversity, RAPD

## **İÇİNDEKİLER**

## **Sayfa No**

|                                                          |    |
|----------------------------------------------------------|----|
| ÖZ                                                       | I  |
| ABSTRACT                                                 | I  |
| İÇİNDEKİLER                                              | II |
| ÇİZELGELER LİSTESİ                                       | IV |
| ŞEKİLLER LİSTESİ                                         | V  |
| 1. GİRİŞ                                                 | 1  |
| 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR                                     | 4  |
| 2.1. Gen Kaynaklarının Önemi ve Korunma Nedenleri        | 4  |
| 2.2. Gen Kaynaklarının Korunmasında Kullanılan Yöntemler | 5  |
| 2.3. Ulusal Gen Kaynağı Koyun Genotiplerimiz             | 6  |
| 2.3.1. Yerli gen kaynağı olarak Çine Çaparı koyun ırkı   | 7  |
| 2.4. Moleküler Genetik Tanımlama Yöntemi Olarak RAPD     | 10 |
| 2.4.1. Koyunlarda yapılan çalışmalar                     | 12 |
| 2.4.2. Keçilerde yapılan çalışmalar                      | 14 |
| 2.4.3. Sığırlarda yapılan çalışmalar                     | 15 |
| 2.4.4. Kanatlılarda yapılan çalışmalar                   | 15 |
| 2.4.5. Balık türlerinde yapılan çalışmalar               | 17 |
| 3. MATERYAL ve METOT                                     | 19 |
| 3.1. Hayvan Materyali                                    | 19 |
| 3.2. Metot                                               | 20 |
| 3.2.1. Kan örneklerinden DNA ekstraksiyonu               | 20 |
| 3.2.2. PCR ile DNA çoğaltımı                             | 22 |
| 3.2.3. Agaroz jel elektroforezi                          | 24 |
| 3.2.4. Bantların değerlendirilmesi                       | 26 |
| 4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA                       | 28 |
| 4.1. Elde Edilen Polimorfik Bantlar ve Frekansları       | 28 |
| 4.2. Sürüler İçi Genetik Benzerlik ve Uzaklıklar         | 30 |
| 4.2.1. ADÜ-ÇÇKP sürüsü                                   | 30 |

|                                                            |      |
|------------------------------------------------------------|------|
| 4.2.2. EA sürüsü                                           | 31   |
| 4.2.3. MV sürüsü                                           | 32   |
| 4.3. Sürüler Arası Genetik Benzerlik ve Genetik Uzaklıklar | 33   |
| 4.4. Populasyondaki Tüm Bireylere Ait Genel Değerlendirme  | 34   |
| 5. SONUÇ ve ÖNERİLER                                       | 37   |
| ÖZET                                                       | 40   |
| SUMMARY                                                    | 41   |
| TEŞEKKÜR                                                   | 42   |
| KAYNAKLAR                                                  | 43   |
| EK-1                                                       | VI   |
| EK-2                                                       | VIII |
| ÖZGEÇMİŞ                                                   | XI   |

## ÇİZELGELER LİSTESİ

| <b><u>Çizelge Adı ve Başlığı</u></b>                                                                                                             | <b><u>Sayfa No</u></b> |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|
| <b>Çizelge 1.</b> Türkiye yerli koyun ırk veya tipleri ve genetik kaynak olarak mevcut durumları                                                 | 7                      |
| <b>Çizelge 2.</b> Varlığını sürdüren Çine Çaparı sürülerinde mevcut hayvan sayıları (2006)                                                       | 19                     |
| <b>Çizelge 3.</b> Primerler, baz dizileri ve %GC oranları                                                                                        | 23                     |
| <b>Çizelge 4.</b> PCR reaksiyonu bileşenleri                                                                                                     | 24                     |
| <b>Çizelge 5.</b> Primerlerin verdiği polimorfik bantlar ve sürüler bazında frekansları                                                          | 29                     |
| <b>Çizelge 6.</b> Sürüler arası genetik benzerlik (köşegen üstü) ve genetik uzaklık (köşegen altı) değerleri                                     | 34                     |
| <b>Çizelge A (EK-2).</b> ADÜ-ÇÇKP sürüsünden örneklenen bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı) | VIII                   |
| <b>Çizelge B (EK-2).</b> Erdoğan Aktürk'e ait sürüdeki bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı)  | IX                     |
| <b>Çizelge C (EK-2).</b> Mustafa Vural'a ait sürüdeki bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı)   | X                      |

## ŞEKİLLER LİSTESİ

| <b><u>Şekil Adı ve Başlığı</u></b>                                                                          | <b><u>Sayfa No</u></b> |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|
| <b>Şekil 1.</b> Çine Çaparı ırkı koyunlara ilişkin tanıtıcı kimi fotoğraflar                                | 8                      |
| <b>Şekil 2.</b> DNA çoğaltımı için termal çeviricide kullanılan program                                     | 22                     |
| <b>Şekil 3.</b> Çoğaltılan DNA parçalarının büyüklüklerinin belirlenmesinde kullanılan DNA markörü (ladder) | 25                     |
| <b>Şekil 4.</b> Elde edilen bant görüntülerine örnek jel fotoğrafı (OPE-18 nolu primer)                     | 28                     |
| <b>Şekil 5.</b> ADÜ-ÇÇKP sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram                       | 31                     |
| <b>Şekil 6.</b> EA sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram                             | 32                     |
| <b>Şekil 7.</b> MV sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram                             | 33                     |
| <b>Şekil 8.</b> Üç sürü arası genetik uzaklıklara ait dendogram                                             | 34                     |
| <b>Şekil 9.</b> Üç Çine Çaparı sürüsündeki tüm bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram             | 35                     |

## 1. GİRİŞ

Milyonlarca yıllık evrim süreci sonucunda hayvanlarda genetik varyasyon oluşmuştur (Simon and Buchenauer, 1993). Evciltme süreciyle beraber insanoğlunun devreye girmesiyle hayvanlardaki bu genetik varyasyon daha da çeşitlenmiştir. Yaklaşık 10-12 bin yıl önce başlayan evciltme sürecinde sayısı 40 bin olarak hesaplanan omurgalı türünden sadece 40'ı evcilleştirilmiş ya da yarı evcilleştirilmiştir. Günümüzde var olan ırk ve soylar kapsamında gözlenen bu çok geniş genetik varyasyon 12 bin yıllık sürecin sonucudur. Geçen 20. yüzyılda birçok tür kapsamındaki ırk ya da soylar yok olmuş ve bu yok olma süreci hızlanarak sürmüştür (Hall and Ruane, 1993). Irkların yaklaşık % 32'si yok olma tehlikesiyle karşı karşıyadır (FAO, 2000). Bu nedenle dünyada son yıllarda hayvan gen kaynaklarının korunmasına yönelik çalışma ve çabalarda önemli bir artış gözlemlenmektedir (Ertuğrul ve ark., 2005).

Günümüzde sanayileşme ile birlikte hızla değişmekte olan sosyolojik ve ekonomik koşullar nedeniyle yerli ırklardan daha fazla yararlanma gerekliliği doğmuştur. Birim hayvandan daha fazla yararlanma gereksinimi, bilgi birikimi ve gelişen teknolojiyle birleşince, yerli ırkların yerini büyük bir hızla gerek saf yetiştirme gerekse melezlemeler yoluyla oluşturulan yüksek verimli kültür ırkları almaya başlamıştır. Bu ıslah çalışmalarının etkinliğine paralel olarak yerli ırkların azalması ve kaybolması tehlikesi ortaya çıkmıştır (Karaca ve Cemal, 1998).

Diğer türler bakımından olduğu gibi koyun türü anlamında da ülkemiz zengin bir ırk çeşitliliğine sahiptir. Son dönemlerde daha da yoğunlaşan melezleme çalışmaları yerli koyun ırklarımızın varlıklarını sürdürebilmeleri bakımından büyük tehdit oluşturmaktadır. Özellikle, Batı Anadolu'da daha yoğun olarak yaşanan bu sürecin sonucunda Ödemiş koyun ırkımız yakın geçmişte yok olmuş ve bu süreç Çine Çaparı ve Dağlıç gibi yerli ırklarımızın varlığını da ciddi derecede tehdit eder noktaya gelmiştir. Irkların sayısal olarak varlığına ve şu andaki yayılma alanlarına yönelik güncel envanter çalışmaları var olmadığı ve sahadan sağlıklı bilgi akışını

sağlayacak kanallar henüz oluşturulamadığı için konunun ciddiyeti ilgili kesimler tarafından henüz tam olarak anlaşılamamaktadır. Genelde yağlı kuyruklu olan bu ırklarımız yetiştiriciler tarafından Sakız veya Kıvırcık ırkı koçlar ya da bu iki ırkın melezi koçlar kullanılarak ince kuyruklu bir forma dönüştürülmekte, Sakız ırkının yüksek döl ve süt verim yeteneği ile Kıvırcık ırkının gelişme özellikleri bakımından üstünlüklerinden yararlanılmaya çalışılmaktadır.

Mezlezleme etkinlikleri sonucunda büyük bir dönüşümün yaşandığı koyun ırklarımızdan biri olan Çine Çaparı Aydın'ın özgün yöresel koyunudur. Yağlı kuyruklu olan ve geçmiş dönemlerde Aydın'da oldukça yaygın bir şekilde yetiştirildiği yetiştiriciler tarafından dile getirilen Çine Çaparı koyun sayısı günümüzde oldukça azalmıştır. Koruma sürüsü oluşturma ve ırkın özelliklerini tanımlama çalışmalarına (Karaca ve Cemal, 2005) 1996 yılında Adnan Menderes Üniversitesinde başlanmış ve Adnan Menderes Üniversitesi Çine Çaparı Koruma Programı (ADÜ-ÇÇKP) isimli bir stratejik yönelim programı devreye sokulmuştur. Bu program kapsamında ırkın korunması amacıyla bir koruma sürüsü oluşturulmuş ve ırkı saf olarak bulunduran yetiştirici sürüleri izlemeye alınarak bu sürülerin korunması da teşvik edilmiştir. Irk kapsamında günümüze ulaşan 2'si yetiştiricilere ve biri Üniversiteye (Adnan Menderes Üniversitesi) ait koruma sürüsü olmak üzere toplam 3 küçük sürü ve bu 3 sürü kapsamında ise yaklaşık 130 baş koyun bulunmaktadır. Irkın geçmişteki sayısal durumu, tam olarak yayılma alanı ve verim özellikleri konusunda son yıllarda yapılan araştırmalar (Karaca ve Cemal, 2005) dışında herhangi bir yazılı kaynağa rastlanamadığından yöredeki yetiştiricilerle yapılan görüşmeler temel kaynak niteliğindedir. Irkın morfolojik ve fizyolojik özelliklerinin tanımlanmasına yönelik kimi çalışmalar (Altın ve ark., 1999; Karaca ve ark., 1999; 2004) yapılmasına karşın ırk içi genetik çeşitliliğin DNA düzeyinde tanımlanmasına yönelik şu ana kadar herhangi bir çalışma gerçekleştirilmemiştir.

Hayvanlarda genetik yapıyı tanımlamaya yönelik moleküler genetik yöntemlerin kullanımı gün geçtikçe yaygınlaşmaktadır. Özellikle genetik kaynak olarak değerli durumda olan popülasyonlara yönelik moleküler tanımlamalar koruma programlarına yol gösterici rol oynamakta ve koruma faaliyetlerinin etkinliği de bir

anlamda bu çalışmalarla test edilebilmektedir. Koruma programlarının asıl amacı var olan genetik çeşitliliği en az kayıpla gelecek kuşaklara ulaştırmaktır. Genetik çeşitlilik de ancak DNA düzeyinde yapılan tanımlamalarla sağlıklı bir şekilde ortaya konabilmektedir. Bu amaçla çeşitli moleküler genetik yöntemler geliştirilmiştir. Moleküler tanımlamalarda, yöntemlerden biri olan RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA= Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA) yöntemi çeşitli avantajlı yönlerinden dolayı yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu avantajlar; DNA dizi bilgisine gereksinim duyulmaması, DNA üzerinde tesadüfi bölge çoğaltılmasının sağlanması, düşük miktarda DNA'nın yeterli olması (5–50ng), çabuk sonuç veren bir analiz yöntemi olması, diğer tekniklere göre düşük maliyetli olması, yüksek polimorfizm göstermesi, polimorfik bantlar üretmesi ve diğer yöntemlerin aksine radyoaktif madde kullanılmaması şeklinde özetlenebilir.

Soyu tükenme sürecinin eşiğinde olan yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkının ele alındığı bu çalışmada, ırk içi genetik çeşitliliğin mevcut durumunun DNA düzeyinde RAPD yöntemi ile ortaya konması amaçlanmıştır. Mevcut sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve genetik uzaklıkların tanımlanması ile sürdürülen koruma etkinliklerinin bu bilgiler ışığında daha da etkin kılınması hedeflenmektedir.

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Dünya gıda üretiminde önemli bir role sahip olan çiftlik hayvanı gen kaynaklarının önemi, tanımlanması ve korunması konusundaki genel bilgiler ile ülkemiz için önemli gen kaynakları olan koyun ırklarımıza ve bu kapsamda yer alan ve aynı zamanda bu tez çalışmasına materyal oluşturan Çine Çaparı koyunlara yönelik bilgiler ana başlıklar altında derlenerek aşağıda sunulmuştur. Bunun yanında moleküler tanı yöntemleri ve özellikle bu çalışmada kullanılmasından dolayı RAPD yöntemine yönelik ayrıntılı bilgiler ve çeşitli hayvan türlerinde yapılan çalışmaların sonuçları özet bilgiler halinde verilmeye çalışılmıştır.

### 2.1. Gen Kaynaklarının Önemi ve Korunma Nedenleri

Hayvan yetiştiriciliğinde ekonomik verimlilik esas olmakla birlikte mevcut koşullar içinde üretim verimliliği anlamında değerini yitirmiş de olsa yerli ırkların hatta kimi soy ve hatların korunması gerekliliği duyarlılıkla ortaya konmuştur. Verimlilik üzerine yapılan ıslah çalışmaları hayvanların adaptasyon yeteneklerini azaltmaktadır. Bununla beraber gelecek kuşaklar tarafından genetik kaynakların hangi amaçlarla kullanılacağı şimdiden bilinemediğinden, çok uzun süreçlerde oluşmuş geçmiş nesillerden kalan tarihi ve kültürel mirasların korunması gerekliliği, hayvan gen kaynaklarının korunması yaklaşımının başlıca nedenini oluşturmaktadır (Bodo, 1990; Henson, 1992; Özhan ve ark., 1995).

Gen kaynaklarını koruma; bilgi, masraf, alan, işgücü ve örgütlenme becerisi gerektirir. Buna karşılık gen kaynaklarının korunmasının çok sayıda önemli gerekçesi vardır. Bunlar; ekonomik, bilimsel ve kültürel olmak üzere üç ana başlıkta toplanabilir (Maijala, 1987; Turner, 1987; Oldenbroek, 1999; Ertuğrul ve ark., 2000)

Ekonomik nedenleri, çiftlik hayvanlarının üretim potansiyellerinden gelecekte de yararlanılabilmesi, genetik varyasyonun korunması ve gelecekteki ıslah çalışmalarının temelini oluşturması, heterosis olanağının korunması şeklinde sıralayabiliriz. Ayrıca, yok olma sürecindeki ırkların orijinal bölgeleri dışında da

ekonomik potansiyele sahip olabilmeleri ve yerli ırkların kendi çevresel koşullarında kültür ırk ve melezlerine göre daha verimli olmaları da yine gen kaynaklarının korunması gerekliliğinin ekonomik nedenlerindendir (Ertuğrul ve ark., 2005).

Yerli gen kaynakları, geliştirilen populasyonların; fizyolojik, genetik, beslenme, üreme, uyum ve davranım özelliklerinde sağlanan veya ortaya çıkan değişikliklerini belirlemede kontrol materyali olarak kullanılabilirler. Bunun yanı sıra hastalıklara direnç, duyarlılık ve benzeri konulardaki araştırmalar için farklı genetik yapıdaki materyale gereksinim duyulması, bazı ırk ve populasyonların diğer türlerdeki araştırmalar için biyolojik model olarak kullanılması gibi nedenleri de bilimsel nedenler olarak saymak mümkündür (Ertuğrul ve ark., 2005).

Kültürel nedenlerle hayvan tür ve ırklarının pek çoğu yetiştirildikleri bölgelerin tarihinde önemli rol oynamışlardır. Örneğin, Teksas Longhorn sığırı ABD'nin sınırlarının genişlemesinde, Merinos koyunu İspanya'nın, Ankara keçisi Türkiye'nin, ipek böceği Çin'in ekonomi tarihinde önemli yere sahip olmuşlardır. Yerli ırklar hayvan ıslahının tarihsel gelişim ölçütü olmaları nedeniyle eğitsel değere sahiptirler (Ertuğrul ve ark., 2005).

## **2.2. Gen Kaynaklarının Korunmasında Kullanılan Yöntemler**

Hayvancılıkta genetik kaynakların korunması ilkelerine ilişkin bilgi birikimi giderek artmaktadır (Bodo, 1990; Wiener, 1994; Henson, 1992; Frankham et al., 2005). Bu anlamda dünyanın birçok yerinde genlerin ve ırkların kaybolmasını önlemek için çalışmalar başlatılmıştır (Simon and Buchennauer, 1993). Belirtilen çalışmalar; resmi, sivil, özel ve gönüllü kurum ve kuruluşlar tarafından etkin bir şekilde yürütülmeye çalışılmaktadır. Özellikle FAO ve Avrupa Zooteknik Federasyonu (EAAP) gibi uluslararası organizasyonlar bu konuda etkin rol oynamaktadır. Irkların hızla yok olduklarının farkına varan FAO dünyadaki hayvan gen kaynaklarının (Animal Genetic Resources, AnGR) durumunu araştırma ve korumaya yönelik oldukça etkin ve geniş çaplı aktiviteler yürütmektedir (FAO, 1998a; FAO, 2000).

Hayvan gen kaynaklarının korunmasında esas olarak iki yöntem uygulanmaktadır. Bunlar *in situ* ve *ex situ* koruma yöntemleridir (Primo, 1987; Turner, 1987; Henson, 1992). *In situ* koruma yönteminde hayvanlar yetiştirme sürüleri halinde elde tutulmaktadır. Korunması gereken veya öngörülen ırk hayvanlarından oluşan yeterli büyüklükte sürü veya sürüler kendi doğal çevresinde rasgele çiftleştirme ile yetiştirilir. *Ex situ* koruma yöntemi ise kendi içerisinde *ex situ in vivo* ve dondurarak koruma olmak üzere ikiye ayrılır. *Ex situ in vivo* yöntemi ırkın doğal ortamından farklı bir çevrede canlı olarak korunmasını ifade eder. Dondurarak koruma yönteminin esasları ise semen, yumurta veya embriyoların uygun yöntemlerle dondurularak saklanmasıdır. Koruma altına alınacak tür, ırk veya bireylere ait gen veya genlerin, kan veya diğer hayvan dokularının dondurularak saklanması da mümkündür.

### **2.3. Ulusal Gen Kaynağı Koyun Genotiplerimiz**

Ülkemiz gerek iklimi gerek topografik yapısı gerekse bitki örtüsüne bağlı olarak şekillenen tarımsal alt yapısı ile koyun yetiştiriciliği için elverişli bir ortama sahiptir. Bu türün yetiştiriciliği az gelişmiş, nüfus yoğunluğu düşük, doğal ve kültürel nedenlerle entansif tarımın uygulanamadığı veya yaygınlaşamadığı yörelerde daha yoğunlukla yapılmaktadır (Ertuğrul ve ark., 2005). Farklı bölgelerde hatta yörelerde birçok yerli koyun ırkı mevcuttur (Düzgüneş, 1990). Bu koyun ırk ve tiplerinden kimileri yok olmuş kimileri ise yok olma tehdidi altındadır. Türkiye yerli koyun ırk veya tipleri ve bunların genetik kaynak olarak mevcut durumları Ertuğrul ve ark. (2005) tarafından yapılan değerlendirme üzerinde kimi güncellemeler yapılarak ve yine ırklara veya alt ırklara yönelik koruma etkinliklerine ilişkin bilgiler eklenerek Çizelge 1’de verilmiştir.

**Çizelge 1.** Türkiye yerli koyun ırk veya tipleri ve genetik kaynak olarak mevcut durumları

| <b>İrk ve Tip</b>             | <b>Yok olma tehdidi yok</b> | <b>Tehdit altında</b> | <b>Ağır tehdit altında</b> | <b>Yok olmuş</b> | <b>Koruma Çabası</b> |
|-------------------------------|-----------------------------|-----------------------|----------------------------|------------------|----------------------|
| Akkaraman                     | X                           |                       |                            |                  | Yok                  |
| Morkaraman                    | X                           |                       |                            |                  | Yok                  |
| Güney Karaman                 |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| Ulaş (Kangal) Akkaraman       | X                           |                       |                            |                  | Var*                 |
| Karakaş (Akkaraman varyetesi) |                             | X                     |                            |                  | Yok                  |
| Norduz (Akkaraman varyetesi)  |                             |                       | X                          |                  | Var*                 |
| Dağlıç                        |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| İvesi                         | X                           |                       |                            |                  | Yok                  |
| Herik                         |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| Tuj                           |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| Kıvırcık                      |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| Karayaka                      | X                           |                       |                            |                  | Var*                 |
| Sakız                         |                             |                       | X                          |                  | Var*                 |
| Gökçeada (İmroz)              | X                           |                       |                            |                  | Var*                 |
| Hemşin                        |                             | X                     |                            |                  | Var*                 |
| Ödemiş                        |                             |                       |                            | X                | -                    |
| Karakaçan                     |                             |                       |                            | X                | -                    |
| Çine Çaparı                   |                             |                       | X                          |                  | Var*                 |
| Halkalı                       |                             |                       |                            | X                | -                    |

\* Bu koyun ırk veya ırk varyeteleri koruma amacıyla Tarım Bakanlığı tarafından destekleme kapsamına alınmışlardır (25.05.2006 tarihli Resmi Gazete, Tebliğ No:26178)

### **2.3.1. Yerli gen kaynağı olarak Çine Çaparı koyun ırkı**

Ağır yok olma tehdidi altında olan yöresel yerli koyun ırklarımızdan biri de Çine Çaparı'dır. Bu ırk Aydın yöresinin özgün yerli koyunudur. Asıl yetiştirilme alanı Aydın il sınırları içinde bulunan ve geniş bir yayılma alanı olan Madran dağı ve eteklerinde bulunan Çine ve Bozdoğan ilçeleridir. Bunun yanı sıra Koçarlı ve Nazilli ilçelerinin yoğunlukla dağlık köylerinde de yetiştirilmiştir (Karaca ve ark., 2004). İrkı tanıtıcı kimi fotoğraflar Şekil 1'de sergilenmiştir.



**Şekil 1.** Çine Çaparı ırkı koyunlara ilişkin tanıtıcı kimi fotoğraflar

Yağlı kuyruklu olan bu ırkın varlığına ilk kez Sönmez (1974) dikkat çekmiştir. Çine Çaparı ırkının kuyruk yapısı diğer yağlı kuyruklu koyun ırklarımızdan farklılık gösterir. Karaman ırkına benzeşmediği gibi Dağlıç ve Ödemiş'te olduğu gibi kuyruk sarkık değil daha toplu ve kuyruk ucu genellikle içe kıvrıktır. Genotip yöresel çevre koşullarına iyi adapte olmuştur. Vücut beyaz, baş, bacaklar ve karın altı kahverengi-siyah-beyaz beneklidir. Erkeklerin tümü spiral boynuzlu dişiler ise genellikle boynuzsuzdur (Karaca ve Cemal, 1998; Karaca ve ark., 1999). Merada sürü idaresinin

kolay olduđu yetiřtiricilerin ortak kanısıdır. Bunun yanında, sıcađa dayanıklı olduđu ve st veriminin yksek olduđu yetiřtiriciler tarafından dile getirilmiřtir. Irkın gemiřteki sayısal durumu, tam olarak yayılma alanı ve verim zellikleri konusunda son yıllarda yapılan arařtırmalar dıřında herhangi bir yazılı kaynađa rastlanmamıřtır. Dolayısıyla yrede yetiřtiricilerle yapılan grřmeler temel kaynak niteliğindedir (Karaca ve Cemal, 2005).

Yrede koyun st yanında kuzu gelirlerinin giderek artması, kuzu eti retim ve kalitesinin ykseltilmesi anlamında yetiřtiriciler tarafından Kıvırcık ve Sakız ırkları devreye sokulmuřtur. Son 15- 20 yılda Sakız, Kıvırcık veya Sakız x Kıvırcık melezi kolar kullanarak srekli yapılan evirme melezlemesi sonucunda ine aparı srlerindeki koyunlar kuyruksuz bir forma dnřtirlmřtr.

Aydın yresinde 1995-1996 yıllarında yapılan gzlemler sonucunda srlerin byk oğunluğunun dnřtğ, sadece birkaç srnn halen ine aparı ko kullandığı ve kimi srlerde az sayıda saf ine aparı koyunların var olduđu belirlenmiřtir. Bu gzlemler sonucunda, yetiřtiriciler tarafından yapılan evirme melezlemelerinin ırkın varlığını ağır tehdit altına soktuđu ortaya ıkmıřtır. Irkın koruma alt yapısının zaman geirilmeden oluřturulması ve ırkın korunması amacıyla 1996 yılında Adnan Menderes niversitesinde koruma srs oluřturma ve ırkın morfolojik ve fizyolojik zelliklerinin tanımlanmasına ynelik arařtırmalara bařlanmıřtır (Karaca ve Cemal, 2005). Bu kapsamda Adnan Menderes niversitesi ine aparı Koruma Programı (AD-KP) isimli stratejik ynelim programı devreye sokulmuř, niversite bnyesinde bir koruma srs oluřturulmuřtur. Koruma srs dıřında, yrede uzun yıllar srecince yapılan geniř taramalar sonucunda ine aparı ırkını saf olarak yetiřtirmeyi srdrdğ tespit edilen sınırlı sayıda hayvana sahip 2 yetiřtirici srs de program kapsamında takibe alınmıřtır. Anılan 2 yetiřtirici srs Tarım ve Kyiřleri Bakanlıėı'na baėlı Tarımsal Arařtırmalar Genel Mdrlğ (TAGEM) tarafından ırkın korunmasının teřvik edilmesi iin destekleme kapsamına alınmıřtır (25.05.2006 tarihli Resmi Gazete, Tebliė No:26178).

## 2.4. Moleküler Genetik Tanımlama Yöntemi Olarak RAPD

Son yıllarda DNA teknolojisindeki ilerlemeler sayesinde moleküler genetik yöntemlerinin hayvancılıkta kullanımı da artmıştır (Ertuğrul ve ark., 2005). Irkların hızla yok olduklarının farkına varan FAO dünyadaki evcil hayvan gen kaynakları kapsamındaki genetik çeşitliliği tanımlamaya yönelik çalışmalar başlatmış ve kimi önerilerde bulunmuştur (FAO, 1998b). Bu çalışmalar sayesinde ırk içi ve ırklar arası çeşitliliğin moleküler işaretleyicilerle saptanması ve ırkların korunmasında önceliklerin belirlenmesi mümkün olacaktır (Togan ve ark., 2005).

Genetik çeşitliliği tanımlamanın en sağlıklı yolu DNA düzeyinde yapılan tanımlamadır. Canlılardaki genetik polimorfizmi saptamak için çok sayıda DNA işaretleyicileri geliştirilmiştir. Çiftlik hayvanlarında da genetik yapının tanımlanması amacıyla son dönemlerde moleküler genetik tanımlama tekniklerinden yoğun bir şekilde faydalanılmaktadır. PCR ile DNA çoğaltımına dayalı olan DNA analiz tekniklerinin en önemlileri arasında RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA, Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA), RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism, kesilen parçanın uzunluk polimorfizmi), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism, çoğaltılan parça uzunluk polimorfizmi), STS (Sequence Tagged Site, dizisi etiketlenmiş alanlar), STR (Short Tandem Repeats, basit dizi tekrarları) veya mikrosatellit genotipleme ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism= Tek Nükleotid Polimorfizmi) olarak sıralanabilir.

Son on yılda DNA işaretleyicileri geliştirmek için en sık kullanılan yöntemlerden biri de RAPD olmuştur. İki ayrı araştırmacı grubu 1990 yılında (Welsh and McClelland, 1990; Williams et al., 1990) özgül nükleotid dizisi bilgisine gereksinim olmadan polimorfizmin PCR yöntemi ile tek bir primer (markör, belirteç, işaretleyici) kullanılarak ortaya konabileceğini göstermişlerdir. Bu yöntem ile DNA düzeyindeki çeşitlilik diğer yöntemlere göre daha çabuk ve kolay bir şekilde ve yine daha ucuza saptanabilmektedir (Cushwa and Medrano, 1996). Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR: Polimerase Chain Reaction) işlemine (Mullis, 1990) dayalı olan bu teknikte, sentetik olarak oluşturulan rasgele nükleotid dizisine sahip primerler

(örneğin ACGGTCACTG), genomik DNA'nın çeşitli bölgelerinin çoğaltımında kullanılmaktadır (Cushwa and Medrano, 1996). Aynı PCR reaksiyonu esnasında her bir RAPD primeri farklı lokuslardan bir dizi DNA bölgesini (1 ile 10 arası veya daha fazla) çoğaltma kapasitesine sahiptir. RAPD analizlerinde, yaygın olarak 10 bazlık uzunluğa sahip primerler kullanılmaktadır (Cushwa and Medrano, 1996). Daha kısa veya uzun baz dizisine sahip primerleri düzenleyip kullanmak da olasıdır. Ancak primerin boyutunun uzun veya kısa olması genomda karşılık gelen bölge sayısını doğrudan etkilemektedir.

Diğer yöntemlere göre ucuz olması, çabuk sonuç vermesi ve DNA baz dizisine yönelik ön bilgi gerektirmemesi gibi nedenlerden dolayı türlerin belirlenmesi, populasyon içi veya populasyonlar arası genetik benzerlik ve farklılıkların belirlenmesi için RAPD tekniği sıklıkla kullanılmıştır (Bardakçı, 2000). Bunun yanında, babalık testleri ve genetik kaynakların korunmasına yönelik strateji belirleme gibi amaçlar için de kullanılmaktadır (Cushwa ve Medrano, 1996). Yöntemin en büyük dezavantajları ise dominant kalıtım yolu izlemesi ve tekrarlanabilirliğinin düşük olmasıdır (Frankham et al., 2005). RAPD yöntemi başlangıçta bitki ve mikroorganizmalara yönelik çalışmalarda yaygın olarak kullanılmasına karşın daha sonraki dönemlerde çiftlik hayvanı türlerine yönelik çalışmalarda da etkin bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır. Koyunlara yönelik olarak farklı yurt dışı çalışmalar gerçekleştirilmiştir (Cargill et al., 1995; Cushwa et al., 1996; Ali, 2003b). Ülkemizde ise sığır ve tavuklarda yapılan kimi çalışmalar (Güneren, 1999; Ivgin ve Bilgen, 2003) yanında yerli koyun genotiplerimizin tanımlanmasına yönelik sınırlı sayıda tamamlanmış çalışmaya (Mercan, 2004) rastlanmıştır.

RAPD tekniği sadece hayvanlarda değil bitkilerde de oldukça sık kullanılmaktadır (Melo et al., 1998; Reddy and Soliman, 1997). Yapılan çalışmalar RAPD tekniğinin et ürünlerinden tür tahmininde de başarıyla kullanıldığını göstermiştir (Arslan et al., 2005; Koh et al., 1998; Martinez and Yman, 1998). Yine, Koala türüne yönelik yapılan bir çalışmada RAPD yöntemi ile babalık testi yapmanın da mümkün olduğu saptanmıştır (Fowler et al., 1998).

Koyun yanında diğerk ekonomik olarak önemli hayvan türlerine yönelik RAPD yöntemine dayalı çalışmalar türler bazında sınıflandırılarak aşağıda verilmiştir:

#### **2.4.1. Koyunlarda yapılan çalışmalar**

Cushwa et al. (1996) yaptıkları bir çalışma sonucunda RAPD tekniğinin koyunlarda populasyon içi ve populasyonlar arası polimorfizmin ayırt edilmesinde, gen bağıllığı haritalarının oluşturulmasında etkili bir yöntem olduğunu ortaya koymuşlardır.

Önemli yerli gen kaynaklarımızdan biri olan Karayaka koyunlarda genetik varyasyonun ortaya konması amacıyla Mercan (2004) tarafından yapılan çalışmada 5 farklı populasyondan alınan toplam 25 örnekte 40 RAPD primeri kullanılarak tanımlama yapılmış ve sadece 5 primerin polimorfizm sağladığı bildirilmiştir. Bu 5 primerden elde edilen toplam 54 bandın 38'i polimorfizm sergilemiş, polimorfik bantlara dayalı olarak yapılan değerlendirme sonucunda populasyonlar arası genetik benzerlik oranlarının 0.2500 ile 0.6677 aralığında olduğu ortaya konmuştur.

Sakız, Kıvırcık ve Gökçeada koyunlarına yönelik olarak yapılan bir çalışmada (<sup>1</sup>Doç.Dr. Cengiz Elmacı, kişisel görüşme) toplam 15 RAPD primeri kullanılmış ve bunlardan 8'inin bant verdiği bildirilmiştir. Çalışmada, ırklar arası genetik benzerlikler Kıvırcık ile Gökçeada arasında 0.9351, Kıvırcık ile Sakız arasında 0.9398 ve Gökçeada ile Sakız arasında 0.9775 olarak elde edilmiştir. Birleştirilmiş verilerden hesaplanan populasyonlar arası genetik uzaklıklar ortalama 0.0506 olmuş ve 0.0227 (Sakız-Gökçeada) ile 0.0671 (Gökçeada-Kıvırcık) aralığında gerçekleşmiştir.

Ali (2003b) tarafından Mısır'daki koyun ırkları arasında yapılan genetik benzerlik saptama analizlerinde RAPD tekniği kullanılmıştır. İncelenen 4 koyun ırkında (Baladi, Barki, Rahmani ve Soffolk) 19 primer kullanılmış ve sonuçlara göre

Barki ve Rahmani ırklarının Mısır'ın saf koyun ırkları olduđu ve Soffolk'un ise tamamen farklı bir ırk olduđu ortaya çıkmıştır.

İran'daki bazı koyun ırklarında (Arman, Balouchi, Iranblack, Kordi ve Karakol) ırklar içi ve ırklar arası genetik farklılık ve benzerliklerin ortaya konmasına yönelik yapılan çalışmada (Tahmooreapur et al., 2003) toplam 17 RAPD primeri kullanılmış, ancak sadece 3 primer polimorfik bant üretmiştir. Yapılan analizler sonucunda ırklar arasında genetik farklılığın çok düşük olduđu saptanmıştır.

Brezilya kıl koyunu ırkının genetik yapısını araştırmak ve Santa Ines ırkının kökenini belirlemek için yapılan çalışmada RAPD yöntemi kullanılmıştır. Beş koyun ırkından alınan toplam 238 örnekte (Santa Ines, Rabo Largo, Somali, Morada Nova ve Bergamasca) yapılan analizler sonucunda ırklar arasında önemli farklılıklar olduđu görülmüştür. Melezleme sonucu oluşan farklılık toplam varyasyonun %14.92'si olarak belirlenmiştir. Santa Ines, Bergamasca ve Rabo Largo bir grup oluştururken Morada Nova ve Somali ırkları bunlardan ayrılmıştır. Rabo Largo, Morada Nova ve Somali ırklarının küçük sürüler halinde bulunması nedeniyle bu ırkların koruma altına alınması gerekliliğine dikkat çekilmiştir (Paiva ve ark., 2005).

Tanzanya'nın beş bölgesindeki (Arusha, Mwanza, Mtwara, Dodoma ve Coast) koyun ekotipleri arasındaki genetik çeşitliliği hesaplamada RAPD yöntemi kullanılmıştır (Stephen et al., 2000). Yapılan analizler sonucunda ekotipler içi ortalama genetik farklılığın 0.669 ile 0.521 arasında değiştiği görülmüştür. Ekotipler arası farklılık ise Mwanza ve Arusha arasında  $0.552 \pm 0.042$ , Mtwara ve Mwanza arasında  $0.302 \pm 0.042$  olarak bulunmuştur. Dodomadaki koyun ekotipi 0.137 düzeyinde heterozigotluk gösterirken Arushadaki koyun ekotipi 0.203 ile en yüksek düzeyde heterozigotluk göstermiştir. Mtwara ve Coast daki koyun

---

<sup>1</sup> Yerli Koyun Irklarında RAPD-PCR Yöntemi Kullanılarak DNA Parmak İzlerinin Saptanması, Uludağ Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Komisyonu Başkanlığı Projesi, 2002/74, Proje Yöneticisi: Doç.Dr. Cengiz Elmacı

ekotipleri bir grup oluřtururken Arusha ve Coast'daki koyun ekotipleri birbirine en uzak ekotipler olarak bulunmuřtur.

#### **2.4.2. Keilerde yapılan alıřmalar**

Antalya yresi kıl keilerinde genetik polimorfizmin RAPD-PCR yntemi ile belirlenmesine ynelik olarak řahin et al. (2005) tarafından yapılan bir alıřmada 7 diři ve 7 erkek kıl keisi iin toplam 20 adet primer kullanılmıřtır. Yapılan analizler sonucunda genetik benzerlik oranı 0.6464, genetik uzaklık ise 0.3536 olarak bulunmuřtur.

Brezilya'da yapılan bir alıřmada (Oliveira et al., 2005), Pernambuco, Paraiba ve Rio Grande do Notre'deki yedi Moxoto kei populasyonunda (Paraiba blgesindeki Patos ve Santa Luzia do Cariri, Pernambuco blgesindeki Serra Talhada, Ibimirim ve Floresta, Rio Grande do Notre blgesindeki Pedro Aveline ve Angicos) populasyonlar ii ve populasyonlar arası genetik faklılıklar RAPD yntemiyle belirlenmiřtir. alıřmada 16 primer kullanılmıř ve 56 polimorfik bant elde edilmiřtir. Analizler sonucunda ok byk bir genetik varyasyon olduđu ortaya ıkmıřtır. Bu varyasyon populasyon ii %21.21 ve populasyonlar arası %71.55 olarak hesaplanmıřtır. alıřma, Florestada yerel populasyonda byk bir yıkım olduđunu gstermiřtir. PE X Angicos, RN populasyonlar arası faklılık %8.9 gibi kk bir deđer ıkmıřtır. Analizler sonucunda populasyonlar arası genetik faklılık 0.0546 ile 0.1868 arasında bulunmuřtur. Elde ettikleri dendogram Caninde ırkının faklı bir grup olduđunu ve Moxoto'nun alt grubu deđer de zgn bir ırk olduđunu gstermiřtir.

Tibet Kařmir keilerinde populasyon ii genetik benzerliđin belirlenmesinde RAPD tekniđi uygulanmıřtır (Yongjun et al., 1998). Yirmi sekiz birey zerinde yapılan analizler sonucunda Tibet kařmir kei populasyonunda populasyon ii genetik benzerlik ortalaması  $0.6734 \pm 0.0502$ . Dolayısıyla populasyon ii genetik varyasyon  $0.3266 \pm 0.0502$  dzeyinde olmuřtur.

Shanxi bölgesi keçilerinde (Bai (B), Hei (H) ve Qing (Q) keçileri) yapılan çalışmada (Li et al., 2002) genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve B, H, Q arasındaki genetik akrabalığın hesaplanmasında RAPD tekniği kullanılmıştır. Çalışmada 60 primerin ön değerlendirilmesi sonucunda yüksek polimorfizm veren 8 primer seçilmiş ve bu 8 primere dayalı analizlerden elde edilen toplam 76 bandın 44'ü polimorfizm göstermiştir. Analizler sonucunda B, H ve Q için populasyon içi genetik polimorfizmler sırasıyla 0.2503, 0.3238 ve 0.5241 bulunmuştur. Genetik uzaklıklar ise B ve H arasında 0.1905, B ve Q arasında 0.1827 ve H ve Q arasında 0.2884 seviyesinde saptanmıştır.

#### **2.4.3. Sığırlarda yapılan çalışmalar**

Türkiye'deki kimi İsviçre Esmeri sığır sürülerinde genetik farklılıkların belirlenmesine yönelik olarak yapılan bir çalışmada RAPD tekniği kullanılmış (Yıldız ve ark., 2002), analizler sonucunda alt populasyonlar içi ortalama heterozigotluk 0,254 olarak bulunmuştur.

Güneren (1999) tarafından Türkiye yerli sığır ırklarında RAPD yöntemiyle yapılan bir çalışmada Yerli Kara (YK), Doğu Anadolu Kırmızısı (DAK), Güney Anadolu Kırmızısı (GAK) ve Boz Irk'tan oluşan 4 sığır ırkı iki farklı kümede toplanmıştır. Bunlardan ilki GAK, DAK ve YK ırklarının toplandığı kümedir. DAK ve YK genetik uzaklığın en yakın olduğu iki ırk olarak saptanırken GAK ırkı bu ırklardan farklı olarak gruplanmıştır. Boz Irk'ın ise genetik yönden diğer üç ırktan farklı bir kümede yer aldığı belirlenmiştir.

#### **2.4.4. Kanatlılarda yapılan çalışmalar**

Okumuş ve Kaya (2005) tarafından yapılan çalışmada Ankara Kanatlı Araştırma Enstitüsü'nden sağlanan RIR 1, RIR II, Bared I, Bared II, Colombian Rock, Line-54, Blue Line, Maron Line, Black Line ve Brown Line adlı 10 saf tavuk hattı arasındaki genetik benzerliği tanımlamada 12 RAPD primeri kullanılmıştır. Analiz sonucunda en yüksek genetik benzerlik 0,3773 ile Bared I ve Maroon

arasında, en düşük genetik benzerlik ise 0,0899 ile Colombian Rock ve Bared II arasında bulunmuştur.

Salem et al. (2005) yapmış oldukları çalışmada RAPD tekniğinin kanatlılarda; tavuk, bıldırcın, ördek, kaz, hindi ve diğerlerinde ırk ayrımlarının yapılması, gen bağıllığı haritalarının oluşturulması, populasyon içi ve populasyonlar arası genetik benzerlik ve farklılıkların tespitinde etkin bir yöntem olduğunu ortaya koymuşlardır.

Seçilen 5 tavuk genotipinde (yumurtacı ve etçi) genetik benzerliği ortaya koymak için Mısır'da RAPD tekniği ile yapılan bir çalışmada (Ali et al., 2003) genetik benzerlik yumurtacılar arasında (Anshas, Silver Montazah ve Mandarah) %72.4 ile %85.4 aralığında bulunmuştur. Etçi genotipler (Baheij ve El-Salam) arasındaki genetik benzerlik ise %86,9 olarak hesaplanmıştır.

Ali (2003a) tarafından tavuklarda yapılan bir çalışmada RAPD-PCR tekniği kullanılarak normal fenotipteki ve mutasyona uğramış erkek broilerler arasındaki bant çeşitliliğini belirlemek amaçlanmıştır. Çalışmada Mısır İskenderiye, Borg El Arab'daki ticari çiftlikten sağlanan 45 günlük biri normal ve diğeri mutant olan 2 erkek broiler kullanılmıştır. Kullanılan 15 primerden 13 tanesi polimorfik bant vermiştir. Yapılan analizler sonucunda normal ve mutant erkek broilerler için polimorfizm oranı %9.09'dan %100'e kadar sıralanmaktadır. Bu çalışmadan elde edilen sonuç, RAPD yönteminin değişik çevresel ve mutagenik etkenlere bağlı genomik DNA değişikliklerini ortaya koymada iyi bir araç olduğunu göstermektedir.

Sharma et al. (2000) altı bıldırcın hattında (High Body Weight (HBW), White Egg Shell (WES), KLQ, MTQ, JLQ ve SLQ) populasyon içi ve populasyonlar arası genetik benzerliği tahmin etmeye yönelik yapmış oldukları çalışmada RAPD tekniğini kullanmışlardır. Yirmi primerin denendiği çalışmada polimorfik bulunan 6 primere dayalı olarak yapılan analizler sonucunda populasyon içi genetik benzerlikler HBW, JLQ, KLQ, MTQ, SLQ ve WES populasyonları için sırasıyla

0.757, 0.795, 0.806, 0.790, 0.749, 0.815 olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar arası genetik benzerliklerin ise 0.709 ile 0.808 aralığında olduğu bildirilmiştir.

Üç etçi ve 4 yumurtacı saf tavuk hattında genetik uzaklığın belirlenmesi amacıyla yapılan RAPD analizine dayalı bir çalışmada (İvgin ve Bilgen, 2002) kullanılan toplam 35 primerden 23 tanesi bant vermiştir. Bantlardan yararlanılarak yapılan analizler sonucunda, saf hatlar arasındaki genetik benzerliğin 0.644 ile 0.853 arasında değiştiği belirlenmiştir.

#### **2.4.5. Balık türlerinde yapılan çalışmalar**

Ali et al. (2005) farklı balık türlerinde (sazan, kedi balığı, çipura, lepistes ve diğer balık türleri) yapmış oldukları çalışmada; genetik haritaların çıkarılmasında, genetik benzerlik ve farklılıkların birey ve populasyon düzeyinde belirlenmesinde, populasyonlar arası genetik benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde RAPD tekniğinin başarıyla kullanılabileceğini göstermişlerdir.

Akhan ve Canyurt (2005) tarafından gökkuşağı alabalıklarında (*Oncorhynchus mykiss*) genetik çeşitliliğin belirlenebilmesi için RAPD tekniği kullanılarak yapılan çalışmada, üç farklı kuluçkahaneden (Muğla-Fethiye, Burdur-Göhlhisar ve Denizli-Çameli) sağlanan damızlık gökkuşağı alabalıklarında üç populasyonda hesaplanan genetik benzerlik değerleri oldukça düşük bulunmuştur. Populasyon içi ortalama genetik benzerlikler Fethiye, Göhlhisar ve Çameli populasyonları için sırasıyla 0.428, 0.310 ve 0.348 olarak bulunmuştur. Genetik farklılıklar ise Fethiye, Göhlhisar ve Çameli populasyonları için sırasıyla 0.572, 0.690 ve 0.652 olarak hesaplanmıştır. Populasyonlar arasında yapılan değerlendirme de ise en yüksek genetik benzerlik Fethiye ve Çameli populasyonları arasında 0.341 olarak, en düşük genetik benzerlik ise Fethiye ve Göhlhisar populasyonları arasında 0.248 olarak bulunmuştur.

Bilgen ve ark. (2002) tarafından yapılan bir çalışmada RAPD ile iki farklı kuluçkahanedeki (Seferihisar ve Aliağa) çipura (*Sparus aurata L.,1758*) anaçlarında

genetik eřitlilięi ortaya koymak amalanmıřtır. RAPD analizinde kullanılan 40 tesadüfi primerden Seferihisar populasyonunda 25'inde, Aliaęa populasyonunda ise 28'inde amplifikasyon gerekleřmiřtir. Populasyon ii ortalama genetik benzerlikler, Seferihisar populasyonunda 0.450, Aliaęa populasyonunda 0.602 olarak hesaplanmıřtır. İki populasyonun anaları arasındaki ortalama genetik benzerlik 0.420 ortalama genetik uzaklık ise 0.213 olarak bulunmuřtur. Sonular , ipura analarında populasyon ii ve populasyonlar arası genetik eřitlilięi belirlemek iin RAPD ynteminin uygulanabilirliğini gstermiřtir.

### 3. MATERİYAL ve METOT

#### 3.1. Hayvan Materyali

Araştırmanın hayvan materyalini, ADÜ-ÇÇKP (Adnan Menderes Üniversitesi - Çine Çaparı Koruma Programı) kapsamında oluşturulan (Karaca ve ark., 2004) ve Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümü Koyunculuk Araştırma ve Uygulama Ünitesinde yer alan Çine Çaparı koruma sürüsü ile aynı program kapsamında izlenen Erdoğan Aktürk (Tatarmemişler köyü, Çine, Aydın) ve Mustafa Vural (Dereköy köyü, Koçarlı, Aydın) isimli son iki yetiştiriciye ait sürüler olmak üzere toplam 3 sürüden örneklenen 72 baş koyun (anaç koyun ve koç) oluşturmuştur. Yörede daha önce yapılan geniş taramalar sonucunda saf Çine Çaparı yetiştiriciliğinin yapıldığı başka sürülere rastlanmadığı bildirilmektedir (Karaca ve ark., 2004; Karaca ve Cemal, 2005). Koruma altında olan ve yok olmadan günümüze ulaşan toplam Çine Çaparı popülasyonunu oluşturan 3 sürü kapsamındaki hayvan mevcuduna ilişkin güncel değerler Çizelge 2’de verilmiştir. Bu çerçevede, ADÜ-ÇÇKP kapsamındaki koruma amaçlı sürüden 26, Çine ilçesine bağlı Tatarmemişler köyündeki sürüden 32 ve Koçarlı ilçesine bağlı Dereköydeki sürüden 14 hayvana ait DNA örnekleri incelenmiştir. Sürü isimleri için çalışmanın bundan sonraki kısmında ADÜ-ÇÇKP (“Adnan Menderes Üniversitesi - Çine Çaparı Koruma Programı” koruma sürüsü), EA (Erdoğan Aktürk’e ait sürü) ve MV (Mustafa Vural’a ait sürü) kısaltmaları kullanılmıştır.

**Çizelge 2.** Varlığını sürdüren Çine Çaparı sürülerinde mevcut hayvan sayıları (2006)

| Sürüler ve adresleri                               | Koç       | Koyun     | Toklu     | Toplam     |
|----------------------------------------------------|-----------|-----------|-----------|------------|
| ADÜ-ÇÇKP<br>(ADÜ Ziraat Fakültesi, Aydın)          | 8         | 43        | 22        | <b>73</b>  |
| Erdoğan Aktürk<br>(Tatarmemişler köyü, Çine-Aydın) | 4         | 23        | 11        | <b>38</b>  |
| Mustafa Vural<br>(Dereköy, Koçarlı-Aydın)          | 2         | 14        | 3         | <b>19</b>  |
| <b>Toplam</b>                                      | <b>14</b> | <b>80</b> | <b>36</b> | <b>130</b> |

### 3.2. Metot

Araştırmanın hayvan materyalini oluşturan sürülerden saf ırk özelliklerini en iyi şekilde gösteren hayvanlar seçilmiştir. Seçilen koyunların vena jugularisinden (boyun toplardamarı) 10 ml kan örneği antikoagülant olarak EDTA içeren vakumlu tüplere alındıktan sonra laboratuvar ortamına aktarılmıştır. Yetiştirici işletmeleri laboratuvara uzak noktalarda olduğundan bu işletmelerdeki hayvanlardan alınan kan örnekleri DNA ekstraksiyonuna kadar geçen sürenin uzunluğuna bağlı olarak +4 °C'deki soğutucuda ya da -20 °C'deki derin dondurucuda bekletilmiştir.

Araştırmada DNA ekstraksiyonu, PCR ile DNA amplifikasyonu, elektroforez ile bantların ayrıştırılması ve bantların görüntülenip fotoğraflanmasından oluşan RAPD-PCR analiz yönteminin tüm aşamaları Adnan Menderes Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Araştırma ve Uygulama Merkezi (ADÜ-BİLTEM) laboratuvar altyapısı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu aşamalar uygulanma sırası baz alınarak, aşağıda alt başlıklar altında ayrıntılandırılmıştır. DNA ekstraksiyonu ve analiz aşamalarının öncesinde gerekli çözeltiler hazırlanarak stoklanmıştır. Çözeltilerin bileşimine ve hazırlanmasına yönelik bilgiler EK-1'de verilmiştir.

#### 3.2.1. Kan örneklerinden DNA ekstraksiyonu

Koyunlardan alınan kan örneklerinden DNA ekstraksiyonu Miller et al (1988) tarafından bildirilen ve yine Montgomery ve Sise (1990) tarafından da önerilen tuzla çökeltme prosedürü esas alınarak gerçekleştirilmiştir.

- DNA ekstraksiyonunda öncelikle buzdolabı veya derin dondurucuda bulunan kan örnekleri oda sıcaklığında (25°C) bir süre bekletilerek oda sıcaklığına kadar ısınmaları sağlanmıştır.
- Çözdürülen kan örneklerinden 2.5 ml alınarak içerisine önceden 5 ml T<sub>10</sub>E<sub>10</sub> ( Tris-EDTA) çözeltisi konan 15 ml'lik tüplere (Falcon) ilave edilerek 20-30 saniye vortekslenmiş ve ardından tüpler 20 dakika süreyle +4°C 1500g'de santrifüjlenmiştir.

- Santrifüj sonrası tüpün tabanında 1-2 ml sıvı kalacak şekilde üstteki sıvının tamamı atılmış, oluşan pelet üzerine 5 ml  $T_{10}E_1$  (Tris-EDTA) çözeltisinden eklenmiş ve tüpün dibindeki bütün yığınların vorteks ile iyice parçalanması sağlandıktan sonra tüpler 20 dakika süreyle  $+4\text{ }^{\circ}\text{C}$   $1500g$ 'de santrifüjlenmiştir (peletin iyice temizlenmesi için bu işlem 2-3 kez tekrarlanmıştır).
- Santrifüjleme sonrasında tüpün dibinde 1-2 ml sıvı kalacak şekilde üstteki sıvının tamamı atılmış, tüpe 1.5 ml digestion çözeltisinden (400mM NaCl, 10 mM Tris-HCl, 2mM EDTA; pH: 8.2) eklenmiş ve vortekslenmiştir.
- Daha sonra tüpe 250  $\mu\text{l}$  Proteinaz K solüsyonu ve 100 $\mu\text{l}$  %10'luk SDS (Sodyum Dodesil Sülfat) solüsyonu eklenip vortekslenmiş ve tüpler yaklaşık 2 saat süreyle  $65\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'ye ayarlanan su banyosunda inkübe edilmiştir.
- Su banyosundan alındıktan sonra proteinleri çöktürmek için her bir tüpe 6 M NaCl (Sodyum Klorür) solüsyonundan 0.5 ml eklenmiş ve 30 saniye vortekslenmiştir. Ardından tüpler 20 dakika süreyle  $+4\text{ }^{\circ}\text{C}$   $1500\text{ g}$ 'de santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj sonrası üstteki berrak sıvı 15 ml'lik temiz tüplere alınmış, DNA'yı çöktürmek üzere alınan sıvı hacminin 2 katı hacimde %100'lük soğuk etanol ( $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ ) eklenmiş ve tüpler hafifçe alt üst edilerek DNA'nın yeterince yoğunlaşıp viskoz bir materyal olarak görülmesi sağlanmıştır.
- Ardından DNA temiz bir cam pastör pipetiyle alınarak içinde 1 ml %70'lik etanol bulunan 1.5 ml'lik eppendorf tüpüne aktarılmıştır.
- Tüplerdeki %70'lik etanol dikkatli bir şekilde boşaltıldıktan sonra tüpler birkaç dakika süreyle kapakları açık bir şekilde tutularak tüpte kalan etanolün uçması sağlanmıştır.
- Etanolu uzaklaştırılan tüplere 1 ml steril  $T_{10}E_1$  (Tris-EDTA) çözeltisi eklenerek DNA'nın çözünmesi sağlanmıştır. Oldukça yoğun olan DNA'nın tam olarak çözünmesini sağlayabilmek için tüpler  $37\text{ }^{\circ}\text{C}$  sıcaklıkta 48 saat süreyle çalkalayıcı üzerinde tutulmuştur.
- Spektrofotometrede örneklerdeki DNA miktarı belirlendikten sonra  $\mu\text{l}$ 'de 25ng olacak şekilde ayarlaması yapılmış ve örnekler tüplere pay edilerek PCR aşamasına kadar  $+4\text{ }^{\circ}\text{C}$  ve  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de saklanmıştır.

### 3.2.2. PCR ile DNA çoğaltımı

PCR aşamasında DNA'nın RAPD primerlerine özgü bölgelerinin çoğaltılmasında 0.2 ml'lik ince cidarlı eppendorf tüpleri kullanılmıştır. Tüplerdeki toplam hacim 15µl olacak şekilde 10X PCR Buffer, MgCl<sub>2</sub>, dNTP karışımı (dATP, dTTP, dGTP, dCTP), 10 baz uzunluğunda rasgele seçilmiş primer (Operon, Prizma Lab, İstanbul), Taq DNA Polimeraz Enzimi, ~50 ng Genomik DNA ve steril ddH<sub>2</sub>O içeren PCR solüsyonu oluşturulmuştur. Polimorfizmin belirlenebilmesi için baz dizilişi rasgele oluşturulmuş 10 baz uzunluğundaki primerler kullanılmıştır. Bu amaçla OPE serisinden 20 primer ve OPA serisinden 4 primer olmak üzere toplam 24 primer DNA amplifikasyonlarında kullanılmıştır. Çizelge 3'te kullanılan primerlerin baz dizilişleri ve GC baz yüzdeleri verilmiştir. Hazırlanan örnekler termal çevirici (thermal cycler, Eppendorf) cihazına koyulmuş ve DNA'lar çoğaltılmıştır. Termal çeviricide primerlere özgü DNA bölgelerinin çoğaltılmasında kullanılan program aşağıda özetlenmiştir:

|                                    |   |         |           |            |
|------------------------------------|---|---------|-----------|------------|
| İlk ayırım (denaturation)          | : | 94°C'de | 30 saniye |            |
| Ayırım                             | : | 94°C'de | 25 saniye | } 40 döngü |
| Primerlerin bağlanması (annealing) | : | 35°C'de | 45 saniye |            |
| Uzama (extension)                  | : | 72°C'de | 1 dakika  |            |
| Son uzama (final extension)        | : | 72°C'de | 5 dakika  |            |
| Bekleme                            | : | 4°C'de  | ∞         |            |

**Şekil 2.** DNA çoğaltımı için termal çeviricide kullanılan program

**Çizelge 3.** Primerler, baz dizileri ve %'de GC oranları

| <b>Primer<br/>Kodu</b> | <b>Baz Dizilimi<br/>(5' → 3' yönünde)</b> | <b>% GC</b> |
|------------------------|-------------------------------------------|-------------|
| OPE-01                 | CCCAAGGTCC                                | 70          |
| OPE-02                 | GGTGCGGGAA                                | 70          |
| OPE-03                 | CCAGATGCAC                                | 60          |
| OPE-04                 | GTGACATGCC                                | 60          |
| OPE-05                 | TCAGGGAGGT                                | 60          |
| OPE-06                 | AAGACCCCTC                                | 60          |
| OPE-07                 | AGATGCAGCC                                | 60          |
| OPE-08                 | TCACCACGGT                                | 60          |
| OPE-09                 | CTTCACCCGA                                | 60          |
| OPE-10                 | CACCAGGTGA                                | 60          |
| OPE-11                 | GAGTCTCAGG                                | 60          |
| OPE-12                 | TTATCGCCCC                                | 60          |
| OPE-13                 | CCCGATTCTGG                               | 70          |
| OPE-14                 | TGCGGCTGAG                                | 70          |
| OPE-15                 | ACGCACAACC                                | 60          |
| OPE-16                 | GGTGACTGTG                                | 60          |
| OPE-17                 | CTACTGCCGT                                | 60          |
| OPE-18                 | GGA CTGCAGA                               | 60          |
| OPE-19                 | ACGGCGTATG                                | 60          |
| OPE-20                 | AACGGTGACC                                | 60          |
| OPA-01                 | CAGGCCCTTC                                | 70          |
| OPA-02                 | TGCCGAGCTG                                | 70          |
| OPA-03                 | AGTCAGCCAC                                | 60          |
| OPA-04                 | AATCGGGCTG                                | 60          |

Yapılan ön denemeler ile PCR solüsyonunu oluşturan bileşenlerin en uygun miktarları (Çizelge 4) belirlendikten sonra tüm DNA örneklerinin PCR ile çoğaltılması gerçekleştirilmiştir. PCR aşaması sonucunda elde edilen çoğaltılmış DNA bölgelerinin ayrıştırılması ise bir sonraki aşama olan agaroz jel elektroforezi uygulamasında gerçekleştirilmiştir.

**Çizelge 4.** PCR reaksiyonu bileşenleri

| Bileşen Adı                                | 1 Örnek İçin (µl) | Son Konsantrasyon |
|--------------------------------------------|-------------------|-------------------|
| ddH <sub>2</sub> O (otoklavlanmış, pH 7.0) | 7.58              | -                 |
| 10x PCR Buffer                             | 1.50              | 1x                |
| MgCl <sub>2</sub> (25 mM)                  | 1.20              | 2.0 mM            |
| dNTP karışımı* (3 mM)                      | 2.00 <sup>#</sup> | 0.1 mM            |
| Primer (10 µM)                             | 0.60              | 0.4 µM            |
| Taq DNA Polimeraz Enzimi (5 U/µl)          | 0.12              | 0.6 U             |
| Genomik DNA (~25 ng/µl)                    | 2.00              | ~50 ng            |
| Toplam                                     | 15.00             | -                 |

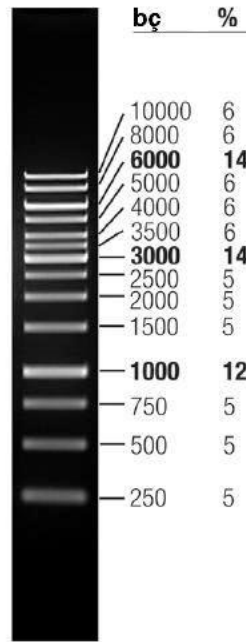
\*: dATP,dTTP,dCTP,dGTP

<sup>#</sup>: 4 dNTP'nin her birinden 0.5 µl olmak üzere toplam 2.0 µl

### 3.2.3. Agaroz jel elektroforezi

PCR işleminden sonra çoğaltılan DNA bölgelerinin boyutlarına göre ayrırılması için agaroz jel elektroforezinden faydalanılmıştır. DNA parçalarının ayrımı için %1.5'luk agaroz jel kullanılmıştır. Bu amaçla 1.5 gr agaroz hassas terazi ile erlenmayer içerisine tartılmış ve üzerine pH'sı 8.3'e ayarlanan 100 ml 0.5X TBE çözeltisi (54 gr Tris-Base, 27.5 gr Borik Asit, 20 ml 0.5 M EDTA-pH 8.0) eklenerek ısıtıcılı manyetik karıştırıcı üzerinde kaynatılmıştır. Jel kaynarken

şeffaf bir hal alması beklenmiş ve kaynamanın ardından 50-60°C arası sıcaklığa kadar soğutulmuştur. Soğutulan jel, örneklerin yükleneceği kuyucukların oluşmasını sağlayacak tarakların takılı olduğu yatay elektroforez tankına dökülerek katılaşması beklenmiştir. Yaklaşık 20-25 dakikada katılaştıktan sonra üzerine 0.5X TBE çözeltisi dökülerek elektroforez tankı örneklerin yüklenmesi için hazır hale getirilmiştir. PCR ürünlerine 2.5µl 6X yükleme boyası (10mM Tris-HCl (pH 7.6), %0.03 Bromfenol Mavisi, %0.03 Ksilen Siyanol FF, %60 Gliserol, 60mM EDTA) eklenerek örnekler boyanmıştır. Boyanan örneklerden agaroz jele 10'ar µl yüklenmiştir. Jelin ilk kuyucuğuna elektroforez işlemi sonunda oluşacak bantların doğru şekilde yorumlanmasını sağlayacak olan 1 kb DNA markörü (Şekil 3) yine 6X Loading Buffer ile boyanarak 4 µl yüklenmiştir.



**Şekil 3.** Çoğaltılan DNA parçalarının büyüklüklerinin belirlenmesinde kullanılan DNA markörü (ladder)

Yükleme işlemi bittikten sonra elektroforez tankı güç kaynağına bağlanmış ve örnekler agaroz jelde 80 voltta 120 dakika yürütülmüştür. Yürütme işleminden sonra jel bir kaba alınmış ve üzerine içinde bulunduğu 0.5X TBE çözeltisinden ilave edilmiştir. İlave edilen çözelti miktarına göre hesaplanan etidyum bromid (1 ml

çözelti için 0.5µl etidyum bromid) kaba koyulduktan sonra çalkalayıcı da 10 dakika çalkalanmıştır. Çalkalama işlemi sonunda jelin içinde bulunduğu etidyum bromidli 0.5X TBE çözeltisi dökülerek jeldeki fazla etidyum bromidin temizlenmesi ve dolayısıyla UV ışığı altında daha net görüntü elde edilebilmesi için kaba 200-250 ml saf su koyulmuş ve tekrar 5 dakika çalkalanmıştır. Bu 5 dakikalık yıkama işlemi bittikten sonra kap içindeki saf su dökülmüş ve jel UV ışığı altında fotoğraflanmıştır.

### 3.2.4. Bantların Değerlendirilmesi

Sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve farklılıkları belirlemek amacıyla RAPD-PCR ile her bir primer için ayrı ayrı elde edilen jel fotoğrafları incelenerek polimorfik olan yani bilgi sağlayan bantlar belirlenmiştir. Bu kapsamda yapılan inceleme sonucunda 47 adet polimorfik bant belirlenmiştir. Bantların varlığına 1 yokluğuna 0 verilerek bir veri matrisi oluşturulmuştur. Bu matristen yola çıkarak primerlerin verdikleri polimorfik bantların frekansları ve polimorfizm oranları hesaplanmıştır. Genetik benzerlik ve uzaklıklar Nei (1972)'ye göre POPGENE (Yeh et al., 1997) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik benzerlik ve genetik uzaklıkların hesabında izleyen formülasyonlar esas almıştır:

- Genetik benzerlik veya monomorfizm oranı (M):

$$M = 2N_{ij} / N_i + N_j$$

Burada;

$N_{ij}$ :  $i$  ve  $j$  bireyleri arasındaki ortak bant sayısını

$N_i$ :  $i$ . bireye ait toplam bant sayısını

$N_j$ :  $j$ . bireye ait toplam bant sayısını ifade etmektedir.

- Genetik farklılık veya polimorfizm oranı (P):

$$P = 1 - M$$

- Genetik uzaklıklar (GD):

$$GD = - \ln(M)$$

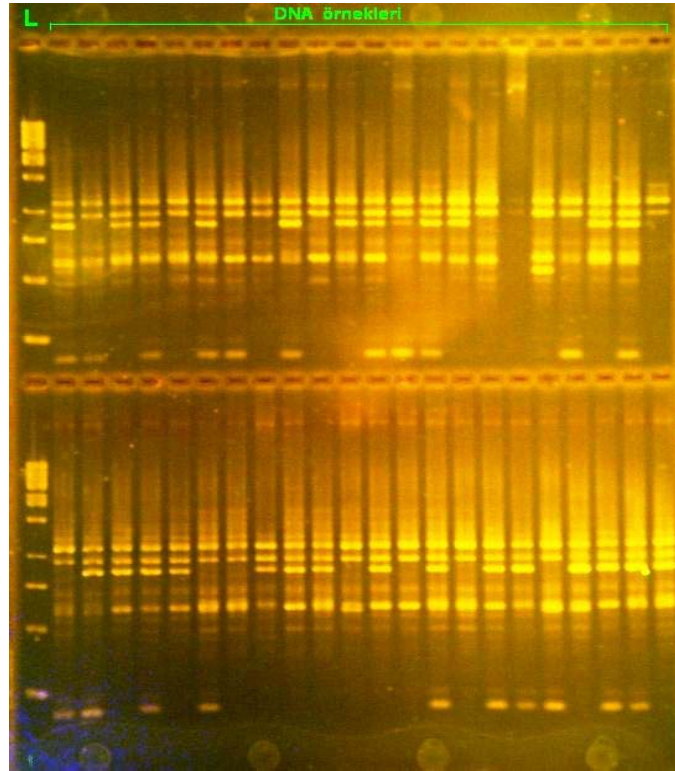
Ardından, genetik uzaklık matrislerini oluřturan deęerlerlerden yararlanılarak ve UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) metodu esas alınarak MEGA3.1 (Kumar et al., 2004) programı aracılıęıyla dendrogramlar oluřturulmuřtur.

## 4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

Bu araştırmada hayvan materyali olarak kullanılan üç Çine Çaparı sürüsünde (ADÜ-ÇÇKP sürüsü, EA sürüsü ve MV sürüsü) sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve genetik uzaklıklar hesaplanmıştır.

### 4.1. Elde Edilen Polimorfik Bantlar ve Frekansları

Çalışmada kullanılan 24 adet primerden (OPE 01-20 ve OPA 01-04) elde edilen polimorfik bantlar ve bu bantların frekansları sürüler bazında ayrı ayrı ve üç sürünün geneli için toplu olarak hesaplanarak Çizelge 5'te özetlenmiştir. Toplam 24 adet primerden 15 adedi polimorfik bant vermiş ve bunlardan elde edilen toplam polimorfik bant sayısı 47 olmuştur. Polimorfik bant veren primerler arasında OPE-12 nolu primer 1 polimorfik bant ile en az, OPE-01 nolu primer ise 5 polimorfik bant ile en fazla polimorfik bant veren primer olmuştur. Polimorfik bant veren primer başına yaklaşık 3.13 polimorfik bant elde edilmiştir. Elde edilen bant görüntülerine örnek olarak OPE-18 primerinden elde edilen bantlara ait jel fotoğrafı Şekil 4'te verilmiştir.



Şekil 4. Elde edilen bant görüntülerine örnek jel fotoğrafı (OPE-18 nolu primer)

**Çizelge 5.** Primerlerin oluşturduğu polimorfik bantlar ve sürüler bazında frekansları

| Primerler | Polimorfik Bant Sayısı | Polimorfik Bantlar | Sürüler Bazında ve Genel Bant Frekansları |               |               |        |
|-----------|------------------------|--------------------|-------------------------------------------|---------------|---------------|--------|
|           |                        |                    | ADÜ-ÇÇKP                                  | EA            | MV            | GENEL  |
| OPE-01    | 5                      | OPE-01/1           | 0.5217                                    | 0.7742        | 0.5833        | 0.6515 |
|           |                        | OPE-01/2           | 0.7391                                    | 0.8387        | 0.8333        | 0.8030 |
|           |                        | OPE-01/3           | 0.8696                                    | 0.7419        | 0.8333        | 0.8030 |
|           |                        | OPE-01/4           | 0.8696                                    | 0.9677        | 0.6667        | 0.8788 |
|           |                        | OPE-01/5           | 0.9565                                    | 0.9032        | <b>1.0000</b> | 0.9394 |
| OPE-02    | 4                      | OPE-02/1           | 0.8696                                    | 0.9286        | <b>1.0000</b> | 0.9219 |
|           |                        | OPE-02/2           | 0.5652                                    | 0.8929        | 0.8462        | 0.7656 |
|           |                        | OPE-02/3           | 0.3333                                    | 0.1290        | --            | 0.1739 |
|           |                        | OPE-02/4           | 0.2083                                    | 0.0645        | --            | 0.1014 |
| OPE-03    | 4                      | OPE-03/1           | 0.8000                                    | 0.7500        | 0.1538        | 0.6571 |
|           |                        | OPE-03/2           | 0.4800                                    | 0.4375        | <b>1.0000</b> | 0.5571 |
|           |                        | OPE-03/3           | --                                        | 0.3750        | --            | 0.1714 |
|           |                        | OPE-03/4           | 0.9200                                    | 0.6875        | 0.9231        | 0.8143 |
| OPE-05    | 2                      | OPE-05/1           | 0.2800                                    | --            | 0.5714        | 0.2113 |
|           |                        | OPE-05/2           | 0.7600                                    | <b>1.0000</b> | 0.6429        | 0.8451 |
| OPE-06    | 4                      | OPE-06/1           | 0.9583                                    | 0.5625        | 0.6154        | 0.7101 |
|           |                        | OPE-06/2           | 0.5909                                    | --            | --            | 0.5909 |
|           |                        | OPE-06/3           | 0.4091                                    | --            | --            | 0.4091 |
|           |                        | OPE-06/4           | 0.5000                                    | 0.4688        | <b>1.0000</b> | 0.5797 |
| OPE-08    | 4                      | OPE-08/1           | 0.2692                                    | 0.5625        | 0.5000        | 0.4444 |
|           |                        | OPE-08/2           | 0.5385                                    | 0.5625        | 0.5000        | 0.5417 |
|           |                        | OPE-08/3           | <b>1.0000</b>                             | 0.8065        | 0.8462        | 0.8806 |
|           |                        | OPE-08/4           | 0.5217                                    | 0.7097        | <b>1.0000</b> | 0.7015 |
| OPE-09    | 3                      | OPE-09/1           | 0.3750                                    | 0.4194        | 0.3077        | 0.3824 |
|           |                        | OPE-09/2           | 0.2727                                    | 0.1613        | --            | 0.1642 |
|           |                        | OPE-09/3           | 0.4091                                    | 0.3548        | 0.5000        | 0.4030 |
| OPE-12    | 1                      | OPE-12/1           | 0.7917                                    | 0.8065        | 0.7857        | 0.7971 |
| OPE-14    | 3                      | OPE-14/1           | 0.7692                                    | 0.7188        | 0.8571        | 0.7639 |
|           |                        | OPE-14/2           | 0.9231                                    | <b>1.0000</b> | 0.9286        | 0.9583 |
|           |                        | OPE-14/3           | 0.2692                                    | 0.5312        | 0.5714        | 0.4444 |
| OPE-15    | 3                      | OPE-15/1           | 0.3846                                    | 0.2500        | 0.1538        | 0.2817 |
|           |                        | OPE-15/2           | 0.5385                                    | 0.3125        | 0.3571        | 0.4028 |
|           |                        | OPE-15/3           | 0.8846                                    | 0.9688        | <b>1.0000</b> | 0.9444 |
| OPE-16    | 4                      | OPE-16/1           | 0.9583                                    | 0.6774        | 0.9286        | 0.8261 |
|           |                        | OPE-16/2           | 0.8750                                    | 0.8710        | 0.7143        | 0.8406 |
|           |                        | OPE-16/3           | 0.2500                                    | 0.4545        | --            | 0.3478 |
|           |                        | OPE-16/4           | 0.2500                                    | 0.1290        | --            | 0.1449 |
| OPE-18    | 2                      | OPE-18/1           | 0.6000                                    | 0.5938        | 0.6429        | 0.6056 |
|           |                        | OPE-18/2           | 0.5833                                    | 0.3750        | <b>1.0000</b> | 0.5714 |
| OPE-19    | 3                      | OPE-19/1           | 0.6667                                    | 0.8667        | 0.5000        | 0.7302 |
|           |                        | OPE-19/2           | 0.2857                                    | 0.0667        | 0.1667        | 0.1587 |
|           |                        | OPE-19/3           | 0.0952                                    | 0.1000        | 0.4167        | 0.1587 |
| OPE-20    | 3                      | OPE-20/1           | 0.0385                                    | 0.3125        | --            | 0.1528 |
|           |                        | OPE-20/2           | 0.9231                                    | <b>1.0000</b> | <b>1.0000</b> | 0.9722 |
|           |                        | OPE-20/3           | 0.8077                                    | 0.5938        | 0.7857        | 0.7083 |
| OPA-02    | 2                      | OPA-02/1           | 0.4583                                    | 0.1613        | 0.2143        | 0.2754 |
|           |                        | OPA-02/2           | 0.0833                                    | 0.3548        | 0.5714        | 0.3043 |

Genel anlamda polimorfizm elde edilen 47 DNA bölgesinden 1'i ADÜ-ÇÇKP sürüsünde (OPE-03/3), 3'ü EA sürüsünde (OPE-05/1, OPE-06/2 ve OPE-06/3) ve 9'u MV sürüsünde (OPE-02/3, OPE-02/4, OPE-03/3, OPE-06/2, OPE-06/3, OPE-09/2, OPE-16/3, OPE-16/4 ve OPE-20/1) hiç bant vermemiştir. Bunun yanında bazı bantların ise kimi sürüler içi frekanslar 1.0 olmuştur. Bu durumu sergileyen ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 1 (OPE-08/3), EA sürüsünde 3 (OPE-05/2, OPE-14/2 ve OPE-20/2) ve MV sürüsünde 8 bant (OPE-01/5, OPE-02/1, OPE-04/2, OPE-06/4, OPE-08/4, OPE-15/3, OPE-18/2 ve OPE-20/2) bulunmaktadır.

Buradan da bazı allellerin özellikle MV sürüsünde var olmadığı veya aynı lokustaki alternatif allel ya da alleller bakımından sabitlenme olduğu, benzer şekilde bazı allellerin frekanslarının ise nihai değer olan 1'e yükselerek sabitlendiği anlaşılmaktadır. Populasyon düzeyinde polimorfik olan toplam 47 banttan 17'si (8'inin frekansı 1'e, 9'unun frekansı ise 0'a sabitlenmiştir) yani lokusların % 36.17'si bu sürüde homozigotlaşmıştır. Sonuçlar bu sürünün diğer 2 sürüden farkının daha yüksek olduğuna ve aynı zamanda sürü içi bireyler arası genetik benzerliklerin diğer sürülere oranla daha yüksek olduğuna işaret etmektedir.

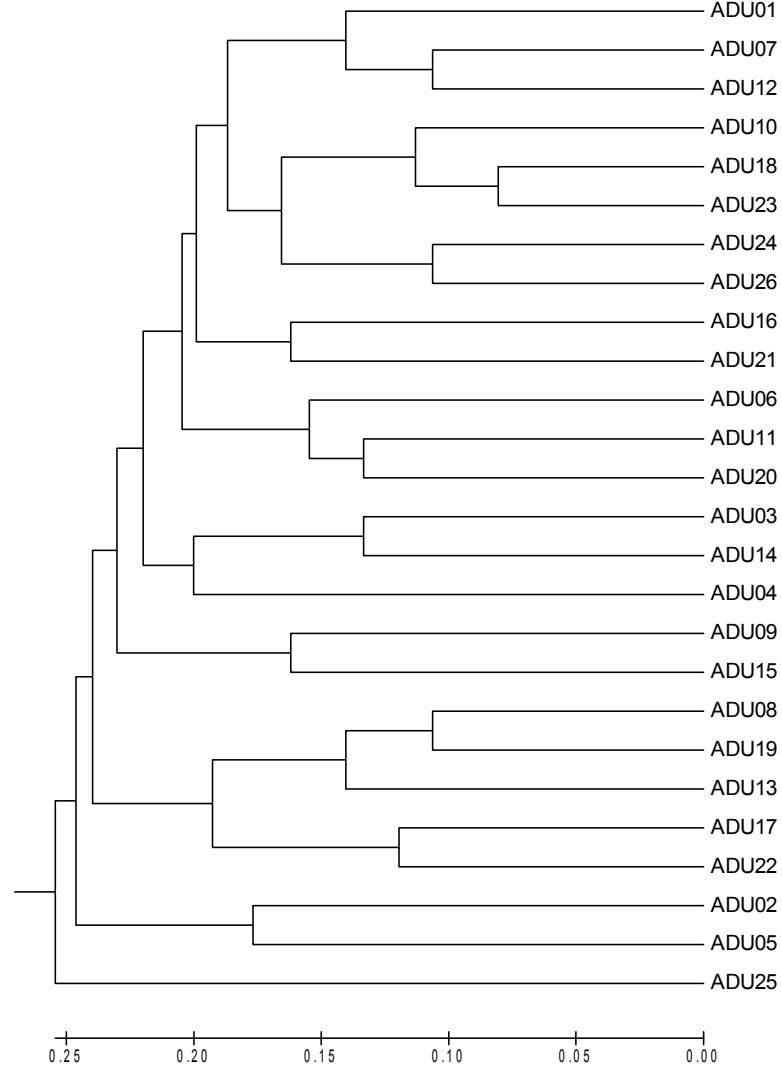
Burada ayrıca az sayıda allel sadece sürülere özgü bant vermiştir. Çizelge 5'te de görülebileceği üzere OPE-03/3 nolu bant sadece EA sürüsünde, OPE-06/2 ve OPE-06/3 nolu bantlar ise sadece ADÜ-ÇÇKP sürüsünde gözlenmiştir. Sürüler arası ayrımların yapılabilmesi anlamında sürülere özgü bant veren bu allellerden faydalanmak olası görünmektedir.

## **4.2. Sürüler İçi Genetik Benzerlik ve Genetik Uzaklıklar**

### **4.2.1. ADÜ-ÇÇKP sürüsü**

Üç Çine Çaparı sürüsü kapsamında değerlendirmeye alınan 72 baş hayvan için polimorfik yapı sergileyen toplam 47 banttan 45'i ya da diğer bir ifadeyle bantların % 95.74'ü ADÜ-ÇÇKP sürüsü kapsamında polimorfizm ortaya koymuştur. ADÜ-ÇÇKP sürüsünden seçilen 26 hayvanın birbirlerine göre genetik benzerlik ve aralarındaki genetik uzaklıklar Ek-2'deki Çizelge A'da verilmiştir. Bireyler arası genetik benzerlikler 0.4468 ile 0.8511 değerleri arasında sıralanmış ve sürü içi ortalama genetik benzerlik 0.6434 düzeyinde olmuştur. Sürü üyeleri arası genetik uzaklıklar ise 0.1613 ile 0.8056 uç değerleri

arasında yer almıştır. Sürü içi ortalama genetik uzaklık düzeyi ise 0.4303 olarak belirlenmiştir. Sürü kapsamında değerlendirmeye alınmak üzere örneklenen tüm bireyler arası genetik uzaklıklara dayalı olarak oluşturulan dendogram Şekil 5’te verilmiştir.

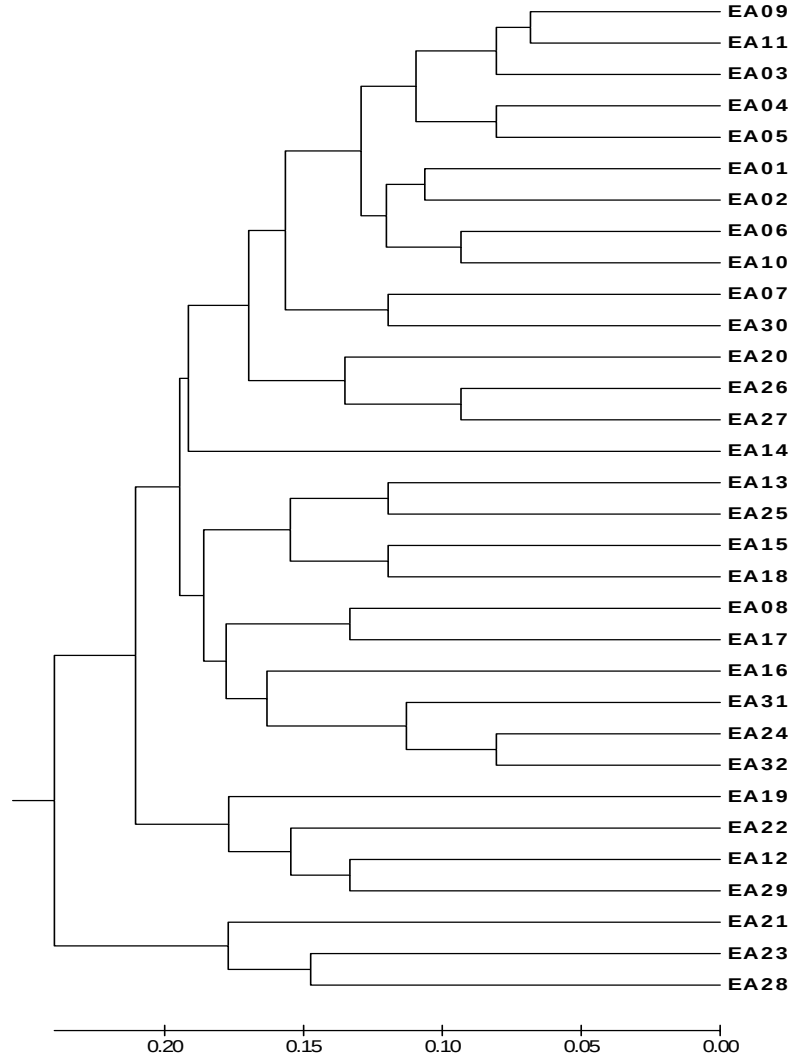


**Şekil 5.** ADÜ-ÇÇKP sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram

#### **4.2.2. EA sürüsü**

Üç sürüdeki hayvanlardan oluşan DNA havuzu için elde edilen 47 polimorfik bant içerisinden 41’i (%87.23) EA sürüsünde polimorfizm sergilemiştir. Sürü kapsamındaki bireyler arasındaki genetik benzerlik ve genetik uzaklık değerleri Ek-2’deki Çizelge B’de verilmiştir. Sürüde bulunan 32 hayvan için elde edilen DNA

bantlarının ikili karşılaştırılması sonucu elde edilen genetik benzerlikler 0.4894 ile 0.8723 değerleri arasında sıralanmış, sürü içi ortalama genetik benzerlik 0.7049 düzeyinde bulunmuştur. Genetik uzaklıklar ise 0.1366 ile 0.7147 arasında değerler almış, sürü içi ortalama genetik uzaklık 0.3781 olarak belirlenmiştir. Tüm bireyler arası genetik uzaklıklar esas alınarak oluşturulan dendogram Şekil 6’da verilmiştir.

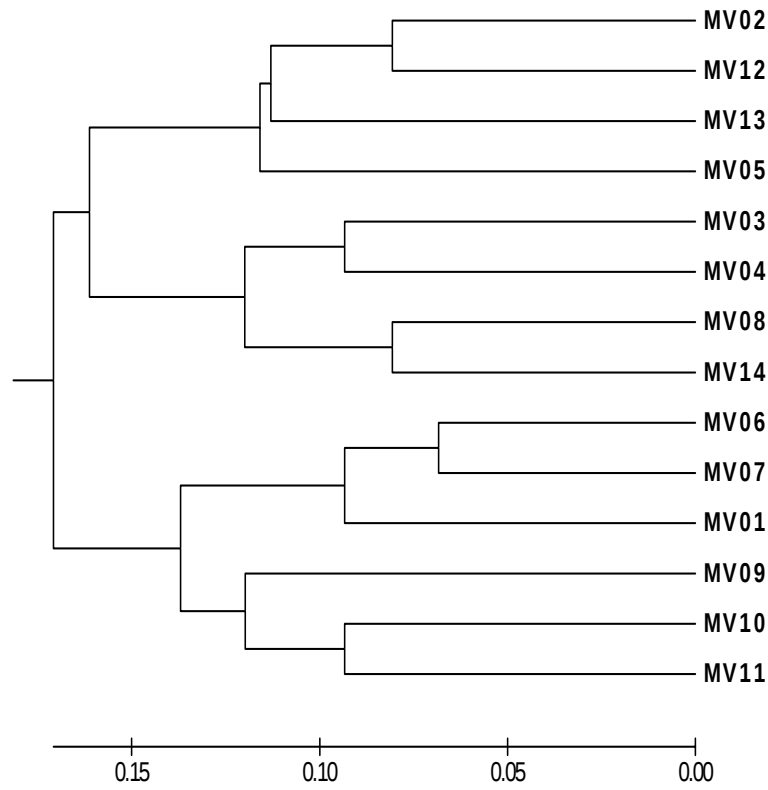


Şekil 6. EA sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendogram

#### 4.2.3. MV sürüsü

Proje kapsamında DNA profili belirlenen 72 hayvan için elde edilen 47 polimorfik banttan sadece 38’i bu sürüde bant vermiş, bu bantlardan 30’u (% 63.83) polimorfik kalan 8’i ise monomorfik bant yapısı sergilemiştir. Sürü üyesi hayvanlar

arasındaki genetik benzerlik ve uzaklıklara ait değerler Ek-2'deki Çizelge C'de verilmiştir. Değerlendirilen 14 baş hayvanın ikili karşılaştırmaları bakımından elde edilen genetik benzerlik değerleri 0.5745 ile 0.8723 arasında sıralanmış, sürü içi ortalama genetik benzerlik 0.7508 düzeyinde bulunmuştur. Genetik uzaklık değerleri ise 0.1366 ile 0.5543 arasında değişmiş, sürü içi ortalama genetik farklılık 0.3167 olarak bulunmuştur. Sürüdeki bireyler arası genetik uzaklıklara dayalı olarak oluşturulan dendrogram Şekil 7'de verilmiştir.



Şekil 7. MV sürüsündeki bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendrogram

### 4.3 Sürüler Arası Genetik Benzerlik ve Genetik Uzaklıklar

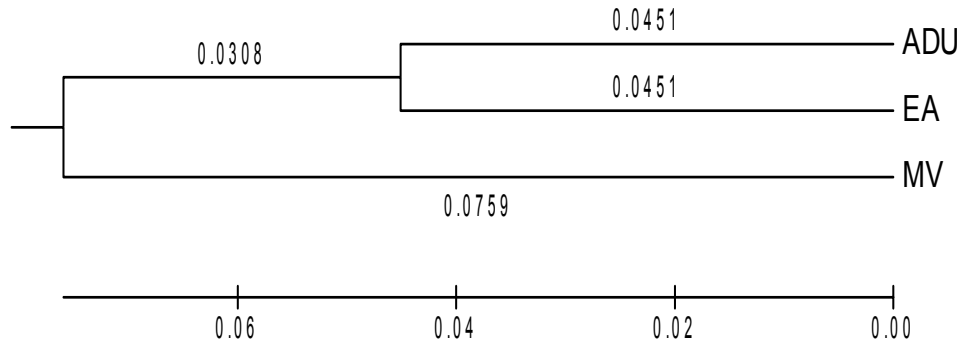
Tüm sürüleri kapsayan analizden elde edilen toplam 47 polimorfik bant esas alınarak yapılan sürüler arası genel karşılaştırma sonucunda elde edilen genetik benzerlik ve genetik uzaklık değerleri Çizelge 6'da verilmiştir. Üç farklı Çine Çaparı sürüsü (ADÜ-ÇÇKP, EA ve MV sürüleri) arasındaki genetik benzerlik değerleri

0.8438 ile 0.9037 arasında sıralanmıştır. Sürüler arası ortalama benzerlik 0.8865 olarak bulunmuştur. Sürüler arası genetik uzaklıklar ise 0.0902 ile 0.1698 arasında olup ortalama genetik uzaklık 0.1320 olarak bulunmuştur.

**Çizelge 6.** Sürüler arası genetik benzerlik (köşegen üstü) ve genetik uzaklık (köşegen altı) değerleri

| Sürüler  | ADÜ-ÇÇKP | EA     | MV     |
|----------|----------|--------|--------|
| ADÜ-ÇÇKP | -        | 0.9137 | 0.8438 |
| EA       | 0.0902   | -      | 0.8747 |
| MV       | 0.1698   | 0.1339 | -      |

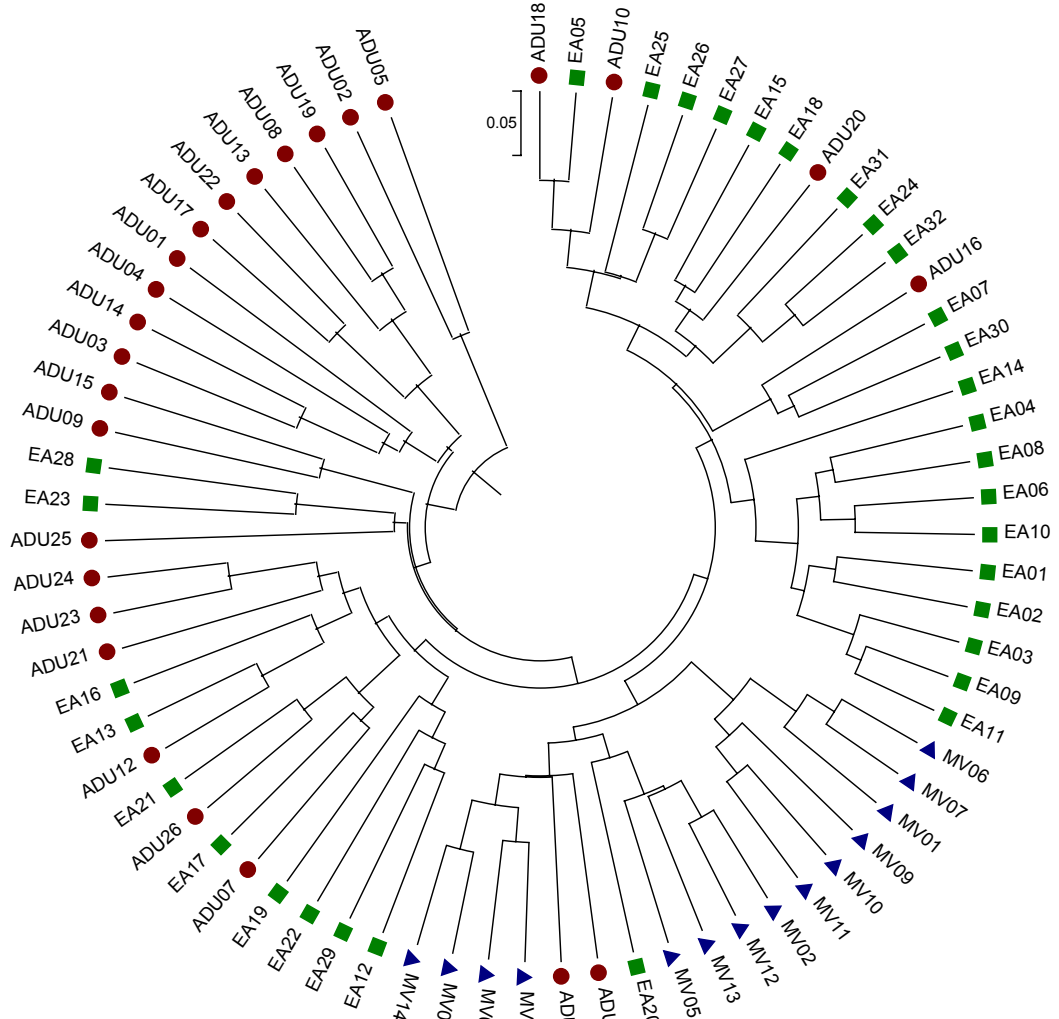
Genetik uzaklıklara ait oluşturulan dendogram (Şekil 8) incelediğinde genetik yapı bakımından ADÜ-ÇÇKP sürüsü EA sürüsü arasındaki benzerliğin daha yüksek olduğu gözlenmektedir. Bu sonucun ortaya çıkmasında ADÜ-ÇÇKP sürüsünün Çine ilçesindeki sürülerden alınan hayvanlarla oluşturulması etken olabileceği gibi koruma sürüsü ile anılan yetiştirici sürüsü arasındaki damızlık hareketlerinin ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile Koçarlı ilçesine bağlı Dereköy köyünde bulunan MV sürüsü arasındaki damızlık hareketlerine oranla daha yüksek olmasının rolünün de olabileceği düşünülmektedir.



**Şekil 8.** Üç sürü arası genetik uzaklıklara ait dendogram

#### 4.4. Populasyondaki Tüm Bireylere Ait Genel Değerlendirme

Toplam 72 hayvanı kapsayan tüm populasyondaki bireyler arası genetik uzaklıklara göre oluşturulan dendrogram Şekil 9'da verilmiştir.



ADU: ADÜ-ÇÇKP sürüsü, EA: Erdoğan Aktürk'e ait sürü, MV: Mustafa Vural'a ait sürü

Şekil 9. Üç Çine Çaparı sürüsündeki tüm bireyler arası genetik uzaklıklara ait dendrogram

Dendrogram incelendiğinde her sürüye ait bireylerin yoğunlukla kendi aralarında kümeleştikleri gözlenmektedir. Bu durum özellikle MV sürüsü için daha belirgindir. Benzer şekilde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsündeki hayvanlar

arasında da bir ayrışma gözlenmektedir. Bu sonuçlar sürüler içi genetik benzerliklerin olağan şekilde sürüler arası genetik benzerliklerden daha fazla olduğuna işaret etmektedir. Daha yüksek sayıda primer ile genotipleme yapılması durumunda sürüler arası ayrışımın daha da net bir şekilde ortaya çıkması olasıdır.

Ülkemizdeki diğer koyun populasyonlarında genetik çeşitliliği tanımlamaya yönelik olarak RAPD yöntemi kullanılarak yapılan az sayıda çalışma bulunmaktadır. Bu çalışmalardan sadece birinde (Mercan, 2004) ırk içi populasyonlar arası karşılaştırma yapılmıştır. Söz konusu çalışmada, Karayaka koyun ırkına ait 5 farklı populasyon arası genetik benzerlikler 0.2500-0.6677 aralığında bulunmuştur. Karayaka koyun ırkında populasyonlar arası genetik benzerlik düşük bulunmuştur. Populasyonların birbirine uzak bölgelerde bulunması böyle bir sonucun elde edilmesini sağlamış olabilir.

Bunun yanında, Sakız, Kıvırcık ve Gökçeada koyun ırklarımıza yönelik olarak yapılan bir çalışmada (<sup>2</sup>Doç.Dr. Cengiz Elmacı, kişisel görüşme) ırklar arası genetik benzerlikler 0.9351-0.9775 arasında değerler almış ve ırklar arası genetik uzaklıklar ise ortalama 0.0506 olarak belirlenmiştir.

Ali (2003b) tarafından Mısır'daki 4 koyun ırkına (Baladi, Barki, Rahmani ve Soffolk) yönelik yapılan çalışmada ırklar arası genetik benzerlik 0.819-0.957 aralığında bulunmuştur.

---

<sup>2</sup> Yerli Koyun Irklarında RAPD-PCR Yöntemi Kullanılarak DNA Parmak İzlerinin Saptanması, Uludağ Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Komisyonu Başkanlığı Projesi, 2002/74, Proje Yöneticisi: Doç.Dr. Cengiz Elmacı

## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışmada, tanımlanmasına ve korunmasına yönelik kimi çalışmalar sürdürülen yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkı kapsamında mevcut üç sürü (ADÜ-ÇÇKP, EA ve MV sürüleri) bünyesindeki koyunlarda sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve farklılıklar DNA düzeyinde RAPD yöntemi ile belirlenmeye çalışılmıştır.

Yapılan analizler sonucunda sürü içi genetik benzerlikler; ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.4468 ile 0.8511, EA sürüsünde 0.4894 ile 0.8723 ve MV sürüsünde 0.5745 ile 0.8723 aralığında bulunmuştur. Sürü içi ortalama genetik benzerlikler ise sürüler için sırasıyla 0.6434, 0.7049 ve 0.7508 olarak hesaplanmıştır. Sürüler içi bireyler arası genetik uzaklıklar ise, ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.1613 ile 0.8056 aralığında, EA sürüsünde 0.1366 ile 0.7147 aralığında ve MV sürüsünde 0.1366 ile 0.5543 aralığında sıralanmıştır. Sürüler içi ortalama genetik uzaklıklar ise sürüler için sırasıyla 0.4303, 0.3781 ve 0.3167 düzeylerinde bulunmuştur.

Sürüler arası genetik benzerlikler 0.8438 ile 0.9037 aralığında, genetik uzaklıklar ise 0.0902 ile 0.1698 aralığında bulunmuştur. Sürüler arası ortalama genetik benzerlik 0.8865 iken ortalama genetik uzaklık 0.1320 düzeyindedir

Yerli gen kaynağı Çine Çaparı Koyun ırkında yapılan bu çalışmada elde edilen sonuçlara göre sürü içi genetik benzerliğin en yüksek olduğu sürü MV sürüsüdür. Ortalama genetik benzerlik değerinin yüksekliği yine bu sürü için elde edilen bant görüntülerinden elde edilen frekansların kimi lokuslar için 1 veya 0 değerine sabitlenmesi sonucu ile de desteklenmektedir. İncelenen lokusların yaklaşık üçte biri bu sürüde sabitlenmiş yani homozigotlaşmıştır. Bu durum, özellikle bu sürüdeki hayvan sayısının kısıtlı olmasının ve dolayısıyla akrabalı yetiştirme etkilerinin daha yoğun yaşanmasının bir sonucu gibi görünmektedir. Sürü içi genetik benzerliğin en düşük olduğu sürü ise ADÜ-ÇÇKP sürüsüdür. Bunun da muhtemel temel sebepleri bu sürünün farklı sürülerden alınan bireyler ile oluşturulması ve çiftleşmelerin akrabalı yetiştirmeyi düşük düzeyde tutacak şekilde planlanmasıdır.

Genetik benzerlik anlamında EA sürüsü ise ADÜ-ÇÇKP ve MV sürüleri arasında bir değer almıştır. EA sürüsü kapsamındaki genetik benzerliği MV sürüsünden daha düşük olmasının sebepleri olarak EA sürüsündeki hayvan mevcudunun kısmen daha fazla olması ve ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile daha fazla damızlık değişim olanağının yakalanmış olması sayılabilir.

Sürüler arası genetik benzerlik ve genetik uzaklıkların belirlenmesine yönelik analizlerde ise genetik benzerlik bakımından birbirine en yakın sürüler ADÜ-ÇÇKP ve EA sürüleri olmuştur. Bu sonucun elde edilmesinde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsü arasında akrabalı yetiştirmeyi sınırlandırmak için geçmişte özellikle koç değişimi şeklinde gerçekleştirilen damızlık akışının rolü vardır. Aynı zamanda, bu benzerlikte koruma sürüsünün oluşturulmasında Çine yöresindeki sürülerin katkısının daha fazla olmasının da katkısı olabilir.

Üç sürüdeki tüm hayvanları kapsayan analizlere dayalı olarak oluşturulan dendrogramda özellikle sürüler bazında hayvanların bir araya kümeleştiği gözlenmiştir. Yani beklenildiği üzere sürüler içi benzerlikler sürüler arası benzerlikten fazla olmuştur. Üç sürü arasındaki bu belirgin ayrım koruma programı için bir avantaj olarak değerlendirilebilir. Bu bağlamda, bundan sonra uygulanacak aşım programlarında sürüler arası koç değişimi aktivitelerinden daha fazla yararlanmanın gerektiği ortaya çıkmaktadır. Bu tür aktivite akrabalığın artışı frenleyip genetik çeşitliliğin daha yüksek seviyelerde korunup gelecek kuşaklara ulaştırılması olanağını yaratacaktır. Özellikle populasyon büyüklüğünün sınırlı olduğu durumlarda genetik çeşitlilik üzerine akrabalı yetiştirme oldukça büyük baskı oluşturmaktadır. Dolayısıyla, çiftleşme programlarının tüm sürülerdeki bireyleri esas alması ve pedigri bilgilerinden maksimum düzeyde faydalanılması gerekmektedir. Bu bağlamda pedigri bilgilerinin doğru bir şekilde tutulması büyük öneme sahiptir. Pedigri bilgilerinin oluşturulması veya var olan pedigri bilgilerinin doğrulanması anlamında duyarlı moleküler genetik tanımlama yöntemlerinin (mikrosatellit genotipleme vb gibi) devreye sokulması büyük katkılar sağlayabilir.

Ayrıca, bu çalışma ile elde edilen sonuçlar gelecekte aynı ırkta yapılacak benzer çalışmalarda yapılacak karşılaştırmalar için referans niteliği taşıyacaktır. Uygulanan koruma programının genetik çeşitliliği korumadaki etkinliği de böylece ortaya konabilecektir. Bunun yanında ülkemizdeki diğer koyun populasyonlarında yapılacak çalışmaların sonuçlarının karşılaştırılması için de referans oluşturacaktır.

Ülkemizin sahip olduğu önemli gen kaynaklarımızdan biri olan Çine Çaparı koyunların korunup gelecek kuşaklara ulaştırılması için oluşturulan koruma programının etkin bir şekilde yürütülmesi için moleküler genetik tanımlamalarla elde edilen bilgiler yönlendirici rol üstlenebilir. Bu kapsamda diğer analiz yöntemlerinin de devreye sokulması daha ayrıntılı bilgilerin ortaya konmasına yardımcı olabilecektir. Özellikle kodominant kalıtım tarzına sahip mikrosatellit DNA işaretleyicilerine dayalı olarak ta ırkın tanımlanmasının, sürüler içi ve sürüler arası benzerlik ve farklılıkların daha da ayrıntılı olarak ortaya konması faydalı olacaktır.

## ÖZET

Bu araştırma, soyları tükenme eğiliminde olan yerli gen kaynağı Çine Çaparı koyun ırkında ırk içi çeşitliliğin mevcut durumunun DNA düzeyinde RAPD yöntemi ile ortaya konması yanında mevcut sürüler içi ve sürüler arası genetik benzerlik ve uzaklıkların tanımlanması amacıyla yapılmıştır. Mevcut üç Çine Çaparı sürüsünden seçilen 72 hayvanda (Adnan Menderes Üniversitesi Çine Çaparı Koruma Programı (ADÜ-ÇÇKP) sürüsünden 26, Tatarmemişler köyündeki Erdoğan Aktürk'e ait sürüden (EA) 32 ve Dereköy köyündeki Mustafa Vural'a ait sürüden (MV) 14 hayvan) toplam 24 primer kullanılarak genotipleme yapılmıştır.

Hayvanların alınan kan örneklerinden DNA izolasyonu yapılmıştır. Elde edilen DNA'lar RAPD-PCR tekniğiyle 10 baz uzunluğunda RAPD primerleri kullanılarak çoğaltılmıştır. PCR ürünleri agaroz jelde yürütülüp etidyum bromid ile boyandıktan sonra fotoğraflanmıştır. Fotoğraflama sonucunda bantların büyüklükleri hesaplanmış ve jeldeki bantların varlığına göre bant varsa 1 yoksa 0 verilerek matris oluşturulmuştur. Elde edilen verilerin analizi Nei'nin genetik benzerlik ve uzaklık formülleri ile yapılmıştır.

Bu analizler sonucunda sürü içi bireyler arası genetik benzerlikler; ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.4468 ile 0,8511 arasında, EA sürüsünde 0.4894 ile 0.8723 arasında ve MV sürüsünde 0.5745 ile 0.8723 arasında bulunmuştur. Sürü içi bireyler arası genetik uzaklıklar ise, ADÜ-ÇÇKP sürüsünde 0.1613 ile 0,8056, EA sürüsünde 0.1366 ile 0.7147 arasında ve MV sürüsünde 0.1366 ile 0.5543 arasında bulunmuştur. Sürüler arası genetik benzerlikler 0.8439 ile 0.9037 arasında, genetik farklılık ise 0.0902 ile 0.1698 arasında bulunmuştur.

Bu sonuçlara göre ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsündeki hayvanlar genetik benzerlik bakımından MV sürüsüne oranla birbirlerine daha yakın bulunmuşlardır. Bu sonucun elde edilmesinde ADÜ-ÇÇKP sürüsü ile EA sürüsü arasında Çine Çaparı koç alışverişinin olması büyük önem taşımaktadır. Sürü içi hayvanlar arası ortalama genetik benzerlik MV sürüsünde en yüksek değeri almıştır. Bu bulgu MV sürüsündeki lokusların üçte birinin sabitlenmesi sonucu ile de desteklenmektedir.

## SUMMARY

The aim of this study was to determine within breed genetic diversity in endangered Çine Çaparı sheep by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers and to obtain genetic similarities and distances among animals within flock and also between flocks. Seventy two animals from 3 flocks (26 animals from ADÜ-ÇÇKP conservation flock, 32 animals from Erdoğan Aktürk's flock (EA) in Tatarmemişler village and 14 animals from Mustafa Vural's flock (MV) from Dereköy village) were genotyped with 24 arbitrary primers. Genetic similarities between and within flocks were investigated.

DNA was extracted from blood. DNA amplification was realized by PCR using 10'mer RAPD primers. PCR products was separated on agarose gels and photographed after ethidium bromide staining. Band sizes and profiles were obtained from gel photographs and a data matrix including band profiles were generated. Data were analyzed by using the formula of Nei for genetic similarities and distances.

The genetic similarities between individuals within a flock are ranged between 0.4468 and 0.8511 for ADÜ-ÇÇKP conservation flock, 0.4894 and 0.8723 for EA flock, and 0.5745 and 0.8723 for MV flock. Genetic distances were ranged between 0.1613 ile 0.8056 for ADÜ-ÇÇKP flock, 0.1366 and 0.7147 for the EA flock, and 0.1366 and 0.5543 for the MV flock. The similarities between flocks were ranged between 0.8439 and 0.9037 and, genetic distances were ranged between 0.0902 and 0.1698.

As a result, the similarity was highest between ADÜ-ÇÇKP conservation flock and the flock in Tatarmemişler than the flock in Dereköy village. This may be stem from higher animal flow between ADÜ-ÇÇKP conservation flock and flock in Tatarmemişler village. Mean genetic similarity between animals within flock were found highest for MV flock. This finding was also supported by fixation of frequency of nearly one-third of the loci in MV flock.

## TEŞEKKÜR

Bu projenin planlanmasında ve yürütülmesine öncülük eden, bilgi ve deneyimlerini esirgemeyen, karşılaştığım problemlerin çözümünde her zaman yanımda olan değerli danışmanım Yrd.Doç.Dr. İbrahim CEMAL'e teşekkür ederim.

Deneme materyalimi oluşturan Çine Çaparı koruma sürüsünün oluşturulmasına öncü olmakla birlikte mevcut yetiştiricileri teşvik edip sürülerin korunup günümüze ulaştırılmasını sağlayan ve denememi bu materyalde gerçekleştirmemi olanaklı kılan değerli hocam Prof.Dr. Orhan KARACA'ya ve koruma sürüsünün şekillendirilip günümüze ulaştırılmasında katkısı olan diğer kişilere şükranlarımı sunarım.

Tezimi gerçekleştirebilmemde büyük katkısı olduğuna inandığım kendisinden aldığım yüksek lisans dersi ile projede kullandığım yönteme ait değerli bilgi ve deneyimlerinden faydalandığım Prof.Dr. Güldehen BİLGİN (Ege Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü) hocama teşekkür ederim.

Hayvanlardan kan örneklerinin alınması sırasında yardımlarını esirgemeyen bölümümüz Araştırma Görevlileri Onur YILMAZ, Murat YILMAZ ve Seval ÖZDEMİR'e, ADÜ-ÇÇKP koruma sürüsünden örnekler alınırken destek olan hayvan bakıcıları Kamil DAVULLU ve Mustafa NURCAN'a ve en önemlisi sürülerinden örnek almamıza izin veren ve yardımlarını esirgemeyen Çine Çaparı yetiştiricileri Erdoğan AKTÜRK (Tatarmemişler köyü, Çine, AYDIN) ve Mustafa VURAL'a (Dereköy, Koçarlı, Aydın) teşekkür ederim.

Sunduğu laboratuvar altyapısı ve huzurlu çalışma ortamıyla bu çalışmayı gerçekleştirmemi mümkün kılan Adnan Menderes Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Araştırma ve Uygulama Merkezi (ADÜ-BİLTEM) Müdürü değerli hocam Doç.Dr. Serhan SAKARYA'ya ve laboratuvar çalışanlarına minnettarım.

Laboratuvar çalışmalarım sırasında daha rahat çalışabilmem için maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen aileme, tezin yürütülebilmesi için maddi olanak sağlayan TÜBİTAK'a ve Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu Başkanlığına teşekkür ederim.

## KAYNAKLAR

- AKHAN, S. ve M.A. CANYURT, 2005. Üç Farklı Kuluçkahanedeki Damızlık Gökkuşığı Alabalığı (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) Stokları Arasında Genetik Çeşitliliğin RAPD-PCR Yöntemiyle Belirlenmesi Üzerine Bir Araştırma. Ege Üniversitesi Su Ürünleri Dergisi, 22(1-2): 25-30.
- ALI, B.A., 2003a. Detection of DNA Alteration in Abnormal Phenotype of Broiler Chicken Male by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). African Journal of Biotechnology 2(6): 153-156.
- ALI, B.A., 2003b. Genetic Similarity Among Four Breeds of Sheep in Egypt Detected by Random Amplified Polymorphic DNA Markers. African Journal of Biotechnology 2(7): 194-197.
- ALI, B.A., M.M.M. AHMED and O.M. ALY, 2003. Relationship Between Genetic Similarity and Some Productive Traits in Local Chicken Strains. African Journal of Biotechnology, 2(2): 46-47.
- ALI, B.A., T.-H. HUANG, DA-N QIN and X.-MEI WANG, 2005. A Review of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers in Fish Research. Reviews in Fish Biology and Fisheries 14(4): 443-453.
- ALTIN, T., O. KARACA, İ. CEMAL ve O. ATAY, 1999. Çine Çaparı ve Çine Tipi (Yöresel Sentetik) Koyunların Yapağı Verimi ve Özellikleri. Uluslararası Hayvancılık'99 Kongresi, s.760-765, 21-24 Eylül 1999, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, İzmir.
- ARSLAN, A., I. ILHAK, M. CALICIOGLU ve M. KARAHAN, 2005. Identification of Meats Using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Technique. Journal of Muscle Foods, 16(1): 37-45.
- BARDAKÇI, F., 2000. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers. Turk J. Biol., 25: 185-196.
- BİLGİN, G., İ. OĞUZ, M. ARABACI ve S. AKHAN, 2002. RAPD-PCR Yöntemiyle İki Farklı Kuluçkahanedeki Çipura (*Sparus aurata*, L., 1758) Anaçları Arasında Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi. Proje No:VHA6-1673, Haziran 2002 (Projenin Raporu).

- BODO, I., 1990. Special Problems of Conservation of Domestic Livestock. In: Proceedings of the 4th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Vol. XIV, Edinburg, UK.
- CARGILL, S.H., G.B. ANDERSON and J.F. MEDRANO, 1995. Development of a Species-Specific Marker using RAPD Analysis to Distinguish between Sheep and Goat. *Animal Biotechnology*, 6:93-100.
- CUSHWA, W.T. and J.F. MEDRANO, 1996. Applications of the Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Assay for Genetic Analysis of Livestock Species. *Animal Biotechnology*, 7 (1), 11-31.
- CUSHWA, W.T., K.G. DODDS, A.M. CRAWFORD and J.F. MEDRANO, 1996. Identification and Genetic Mapping of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers to the Sheep Genome. *Mammalian Genome*, 7: 580-585.
- DÜZGÜNEŞ, O., 1990. Hayvancılıkta Genetik Kaynaklar. Türkiye'nin Biyolojik Zenginlikleri. Türkiye Çevre Sorunları Vakfı Yayınları, Ankara.
- ERTUĞRUL, M., N. AKMAN, G. DELLAL ve T. GONCAGÜL, 2000. Hayvan Gen Kaynaklarının Korunması ve Türkiye Hayvan Gen Kaynakları. Türkiye Ziraat Mühendisliği V. Teknik Kongresi, 1.Cilt, s.285-300, Yayın no.38, Ankara.
- ERTUĞRUL, M., G. DELLAL, C. ELMACI, O. AKIN, O. KARACA, T. ALTIN ve İ. CEMAL, 2005. Hayvansal Gen Kaynaklarının Koruma ve Kullanımı. Türkiye Ziraat Mühendisliği VI Teknik Kongresi, 3-7 Mart 2005, Ankara.
- FAO, 1998a. Primary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Food and Agriculture Organization of United Nations, Rome, Italy.
- FAO, 1998b. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Original Working Group Report. Food and Agriculture Organisation of the United Nations.

- FAO, 2000. World Watch List for Domestic Animal Diversity. Edited By Beate D.Scherf. 3rd Edition, Food and Agriculture Organization of United Nations, Rome, Italy.
- FOWLER, E.V., B.A. HOULDEN, W.B. SHERWIN, P. HOEBEN and P. TIMMS, 1998. Genetic Variation in Captive Koalas (*Phascolarctos cineus*): Parentage Determination and Individual Identification. *Biochemical Genetics*, 36(5-6): 193-206.
- FRANKHAM, R., J.D. BALLOU and D.A. BRISCOE, 2005. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- GÜNEREN, G., 1999. Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA Parmakizi Yönteminin (RAPD-PCR) Türkiye Yerli Sığır Irklarında Uygulanma Olanakları. Doktora tezi, Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü, Ankara, 101s.
- HALL, S.J.G. and J. RUANE, 1993. Livestock Breeds and Their Conservation - A Global Overview. *Conservation Biology*, 7: 815-825.
- HENSON, E.L., 1992. In Situ Conservation of Livestock and Poultry. FAO Animal Production and Health Paper No 99, 112 pp.
- İVGİN, R. ve G. BİLGİN, 2002. Estimation of Genetic Distance in Meat and Layer Pure Lines Using Randomly Amplified Polymorphic DNA. *Türk J. Vet. Anim. Sci.* 26: 1117-1120.
- KARACA, O. ve İ. CEMAL, 1998. Batı Anadolu Koyuncululuğunda Genetik Kaynakların Korunma ve Kullanımı. Ege Bölgesi 1.Tarım Kongresi, s.573-582, 7-11 Eylül 1998, ADÜ Ziraat Fakültesi, Aydın.
- KARACA, O., İ. CEMAL ve T. ALTIN, 2004. Yerli Çine Çaparı Koyun Irkının Genetik Kaynak Olarak Korunması Çalışmaları. 4. Ulusal Zootekni Bilim Kongresi, 01-03 Eylül 2004, Süleyman Demirel Üniversitesi, Isparta, Cilt 1 (Sözlü Bildiriler), s.33-38.
- KARACA, O. ve İ. CEMAL, 2005. Gen Kaynağı Olarak Risk Altındaki Yerli Koyun Irklarımızdan: Çine Çaparı. *HASAD Hayvancılık*, 20(239): 14-20.

- KARACA. O., Ş. ÇETİNER ve İ. CEMAL, 1999. Çine Çaparı koyunların kimi özellikleri ve genetik kaynak olarak korunması olanakları. Uluslararası Hayvancılık'99 Kongresi, s.558-563, 21-24 Eylül 1999, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi, İzmir.
- KOH, M.C., C.H. LIM, S.B. CHUA, S.T. CHEW and S.T.W. PHANG, 1998. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Fingerprints for Identification of Red Meat Animal Species. *Meat Science*, 48(3): 275-285.
- KUMAR, S., K. TAMURA and M. NEI, 2004. MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 5(2): 150-163.
- LI, B., M. DU, X. GUO and Z. ZHOU, 2002. Genetic Analysis of Shanxi Native Goats Using RAPD Markers. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier, France.
- MAIJALA, K., 1987. Possible Role of Animal Gene Resource in Production, Natural Environment Conservation, Human Pleasure and Recreation. In: *Animal Genetic Resources. Strategies for Improved Use and Conesevation* (ed. J. Hodges), FAO Animal Production and Health Paper, No: 66, s.191-197.
- MARTINEZ, I. and I.M. YMAN, 1998. Species Identification in Meat Products By RAPD Analysis. *Food Research International*, 31(6-7): 459-466.
- MELO, A.S.A., L.P.D. ALMEIDA, A.L. COLOMBO and M.R.S. BRIONES, 1998. Evolutionary Distances and Identification of Candida Species in Clinical Isolates by Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Mycopathologia* 142: 57-66.
- MERCAN, L., 2004. Karayaka Koyun Populasyonlarında Genetik Varyasyonun RAPD Yöntemiyle Analizi. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun.
- MILLER, S.A., D.D. DYKES and H.F. POLESKY, 1988. A Simple Salting out Procedure for Extracting DNA from Human Nucleated Cells. *Nucleic Acids Res.* 16(3): 1215.

- MONTGOMERY, G.W. and J.A. SISE, 1990. Extraction of DNA from Sheep White Blood Cells. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, 33: 437-441.
- MULLIS, K.B., 1990. The Unusual Origin of the Polymerase Chain Reaction. *Scientific American*, 262(4): 56-65.
- NEI, M., 1972. Nei's Original Measures of Genetic Identity and Genetic Distance. *Am. Nat.*, 106: 283-292.
- OKUMUŞ, A. ve M. KAYA, 2005. Genetic Similarity by RAPD Between Pure Lines of Chickens. *Journal of Biological Sciences*, 5(4):424-426.
- OLDENBROEK, J.K., 1999. Introduction. In: *Genebanks and the Conserveation of Farm Animal Genetic Reources* (ed. J.K. Oldenbroek). ID-Lelystad Institute for Animal Science and Health, Lelystad, The Netherlands, p.1-9.
- OLIVEIRA, R.R., A.A. EGITO, M.N. RIBEIRO, S.R. PAIVA, M.S.M. ALBUQUERQUE, S.R. CASTRO, A.S. MARIANTE and M. ADRIÃO, 2005. Genetic Characterization of the Moxoto Goat Breed Using RAPD Markers. *Pesq.Acropec.Bras.*, Brasilia,V.40 N.3 P. 233-239 Mar.2005.
- ÖZHAN, M., Ö. AKBULUT, O. KARACA ve N. TÜZEMEN, 1995. Hayvansal Gen Kaynaklarının Korunma ve Kullanımı. *Ziraat Mühendisliği IV. Teknik Hayvancılık Kongresi*, 9-13 Ocak 1995, Ankar0a, s.345-365.
- PAIVA, S.R., V.C. SILVÉRIO, A.A. EGITO, C. McMANUS, D.A. de FARIA, A. da SILVA MARIANTE, S.R. CASTRO, M.S.M. ALBUQUERQUE and J.A., DERGAM, 2005. Genetic Variability of the Brazilian Hair Sheep Breeds. *Pesq. Acropec. Bras.*, Brasilia, 40(9): 887-893.
- PRIMO, T.P., 1987. Conservation of Animal Genetic Resources. Brasil National Programme. *Animal Genetic Resources*. In: *Strategies for Improved Use and Conserveation* (ed. J. Hodges), *FAO Animal Production and Health Paper*, No: 66, s.165-179.
- REDDY, P.V. and K.M. SOLIMAN, 1997. Identification of Wild and Cultivated Hordeum Species Using Two primer RAPD Fragments. *Biologia Plantarum*, 39(4): 543-552.

- SALEM, H.H., B.A. ALI, T.H. HUANG and D.N. QIN, 2005. Use of Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers in Poultry Research. *International Journal of Poultry Science*, 4(10): 804-811.
- SHARMA, D., K.B.C. APPA RAO and S.M. TOTEY, 2000. Measurement of Within and Between Population Genetic Variability in Quails. *British Poultry Science*, 41:29-32.
- SIMON, D.L. and D. BUCHENAUER, 1993. Genetic Diversity of European Livestock Breeds. EAAP Publication No.66, Wageningen Press, Wageningen, The Netherlands.
- SÖNMEZ, R., 1974. Koyunculuk ve Yapağı. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Yayın No: 108, İzmir.
- STEPHEN, J., C.G. KIFARO, C.B.A. WOLLNY and P.S. GWAKISA, 2000. Molecular Genetic Variation Among Five Local Sheep Ecotypes in Tanzania. *Proceedings of Tanzania Society for Animal Production* 27:69-78.
- ŞAHİN, E., M.S. BALCIOĞLU, K. KARABAĞ ve H.İ. YOLCU, 2005. Antalya Yöresi Kıl Keçilerinde Genetik Polimorfizmin RAPD-PCR Yöntemi ile Belirlenmesi. GAP 4.Tarım Kongresi, 21-23 Eylül 2005, Şanlıurfa.
- TAHMOORESPUR, M., M.R. NASSIRI and A. MOHAMMADY, 2003. The Use of 17 RAPD Primers in Some of Iranian Sheep Breeds. *Proceedings of the British Society of Animal Science*, p.144, York, UK.
- TOGAN, İ., İ. SOYSAL, C.C. BERKMAN ve E. KOBAN, 2005. Irkların Korunmasında Moleküler İşaretler. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 2(1): 44-49.
- TURNER, H.N., 1987. Principles for Preservation of Endangered Species and Breeds in the Tropics. In: *Animal Genetic Resources. Strategies for Improved Use and Conservation* (ed. J. Hodges), FAO Animal Production and Health Paper, No: 66, p.165-173.
- WELSH, J. and M. McCLELLAND, 1990. Fingerprinting Genomes Using PCR with Arbitrary Primers. *Nucl. Acids Res.*, 18: 7213-7218.

- WIENER, G., 1994. Animal Breeding. The Tropical Agriculturalist Series, The Macmillan Press Ltd.
- WILLIAMS, J.K.G., A.R. KUBELIK, K.J. LIVAK, J.A. RAFALSKY and S.V. TINGEY, 1990. DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. *Nucleic Acids Res*, 18: 6531-6535.
- YEH, F.C., R.C. YANG, T.B.J. BOYLE, Z.H. YE and J.X. MAO, 1997. POPGENE, the User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Canada.
- YILDIZ, M.A., H. ÇAMDEVİREN and C. ÖZBEYAZ, 2002. Genetic Diversity and Divergence of Some Swiss Brown Cattle Herds in Turkey. *Biochemical Genetics*, 40(5/6): 203-207.
- YONGJUN, L., C. SHILIN, M. NING, Z. SHUHONG, C. YONGXIN and CIVAN DOBUJ, 1998. Random Amplified Polymorphic DNA Study of Tibetan Cashmere Goat. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 24: 103-106.

## **ÖZGEÇMİŞ**

1978 yılında İzmir’de doğdu.1989 yılında Tınaztepe İlkokulundan mezun oldu. Orta ve lise öğrenimini Karşıyaka Lisesinde tamamladı.1996 yılında kayıt yaptırdığı Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Zootečni Bölümünden 2001 yılında mezun oldu. 2003 yılında Adnan Menderes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Zootečni Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başladı.

## **EK-1**

### **DNA İZOLASYONUNDA KULLANILAN ÇÖZELTİLER**

#### **100 ml 1M Tris-HCl Çözeltisi (pH:8.0)**

12,114 gr Tris tartılıp saf su ile 80 ml'ye tamamlanır. Çözelti pH'ı HCl (hidroklorik asit) ile 8.0'a ayarlandıktan sonra üzerine 100 ml olacak şekilde saf su ilave edilir.

#### **100 ml 100mM EDTA Çözeltisi (pH:8.0)**

2.923 gr EDTA tartılıp saf su ile 80 ml'ye tamamlanır. Çözelti pH'ı NaOH (sodyum hidroksit) ile 8.0'a ayarlanıp saf su ile 100 ml'ye tamamlanır.

#### **500 ml T<sub>10</sub>E<sub>10</sub> Çözeltisi (pH:8.0)**

5 ml 1M Tris-HCl (pH: 8.0)

50 ml 100mM EDTA (pH:8.0)

Çözelti saf su ile 400 ml'ye tamamlandıktan sonra pH'ı NaOH veya HCl ile 8.0'a ayarlanıp yine saf su ile 500 ml'ye tamamlanır.

#### **500 ml T<sub>10</sub>E<sub>1</sub> Çözeltisi**

5 ml 1M Tris-HCl (pH: 8.0)

5 ml 100mM EDTA (pH:8.0)

Çözelti saf su ile 400 ml'ye tamamlanır. Daha sonra çözelti pH'ı NaOH veya HCl ile 8.0'a ayarlanıp yine saf su ile 500 ml'ye tamamlanır.

#### **500 ml Digestion Çözeltisi (400mM NaCl, 10 mM Tris-HCl, 2mM EDTA; pH: 8.2)**

11.69 gr NaCl

10 ml 100 mM EDTA (pH: 8,0)

5 ml 1M Tris-HCl (pH: 8,0)

Çözelti saf su ile 400 ml'ye tamamlanır ve pH'ı NaOH veya HCl ile 8.2 ayarlanır. pH'ı ayarlandıktan sonra saf su ile 500 ml'ye tamamlanır.

#### **10 ml Proteinaz K Çözeltisi (2 mg/ml Proteinaz K, %1 SDS, 20mM EDTA )**

1 ml Proteinaz K

0.1 gr SDS

2 ml 100mM EDTA

Çözeltiyi hazırlamak için öncelikle EDTA içinde SDS çözündürülür. Elde edilen karışıma Proteinaz K eklenir ve çözelti saf su ile 10 ml'ye tamamlanır.

#### **25 ml %10 SDS Çözeltisi**

2.5 gr SDS saf su ile 25 ml'ye tamamlanarak çözündürülür.

100 ml 6M NaCl Çözeltisi

35.064 gr NaCl tartılıp 100 ml saf suda çözündürülür.

500 ml %70'lik Etanol Çözeltisi

364.60 ml %96'lık Etanol 500 ml'ye tamamlanıp karıştırılır.

## **ELEKTROFOREZ AŞAMASINDA KULLANILAN ÇÖZELTİLER**

DNA Ladder

2µl DNA Ladder

2µl 6 X Loading Dye Buffer

8µl Deiyonize su

TBE 5X Çözeltisi (pH:8.3)

54 gr Tris-Base

27.5 Borik Asit

20 ml 0,5 M EDTA (pH: 8.0)

Çözelti hazırlandıktan sonra 800 ml'ye tamamlanarak pH'ı 8.3'e ayarlanır.

pH'ı ayarlanan çözelti 1000 ml'ye tamamlanır.

Ethidyum Bromide Çözeltisi

10µl Ethidyum Bromide

1900µl Deiyonize su

## EK-2

**Çizelge A. ADÜ-ÇÇKP sürüsünden örneklenen bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı)**

| Birey | 1      | 2      | 3      | 4      | 5      | 6      | 7      | 8      | 9      | 10     | 11     | 12     | 13     | 14     | 15     | 16     | 17     | 18     | 19     | 20     | 21     | 22     | 23     | 24     | 25     | 26     |
|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 1     | ****   | 0.6170 | 0.6809 | 0.6596 | 0.5745 | 0.6170 | 0.7447 | 0.6170 | 0.6383 | 0.5957 | 0.5319 | 0.7660 | 0.6170 | 0.6170 | 0.5319 | 0.6383 | 0.6170 | 0.6596 | 0.5532 | 0.6809 | 0.7021 | 0.5745 | 0.6809 | 0.6383 | 0.5745 | 0.5745 |
| 2     | 0.4829 | ****   | 0.5532 | 0.5319 | 0.7021 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6170 | 0.5532 | 0.6383 | 0.6170 | 0.5957 | 0.6170 | 0.5745 | 0.4894 | 0.5957 | 0.4468 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6383 | 0.6170 | 0.5745 | 0.6809 | 0.5957 | 0.5745 | 0.6170 |
| 3     | 0.3844 | 0.5921 | ****   | 0.6809 | 0.6383 | 0.5532 | 0.7234 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6383 | 0.7021 | 0.6383 | 0.7660 | 0.6383 | 0.7021 | 0.5532 | 0.6809 | 0.5745 | 0.6596 | 0.6809 | 0.5532 | 0.7872 | 0.7447 | 0.6383 | 0.6809 |
| 4     | 0.4162 | 0.6313 | 0.3844 | ****   | 0.6170 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7021 | 0.5957 | 0.5532 | 0.5745 | 0.6383 | 0.6596 | 0.6596 | 0.6596 | 0.5957 | 0.7021 | 0.5745 | 0.5957 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6170 | 0.6383 | 0.6383 | 0.6170 | 0.6596 |
| 5     | 0.5543 | 0.3536 | 0.4490 | 0.4829 | ****   | 0.6596 | 0.6170 | 0.7872 | 0.6383 | 0.6383 | 0.7021 | 0.5957 | 0.5745 | 0.6596 | 0.6596 | 0.6383 | 0.5319 | 0.6596 | 0.6809 | 0.5957 | 0.5745 | 0.5319 | 0.6383 | 0.5957 | 0.5745 | 0.5319 |
| 6     | 0.4829 | 0.4162 | 0.5921 | 0.4162 | 0.4162 | ****   | 0.7021 | 0.6596 | 0.6383 | 0.6809 | 0.7447 | 0.6383 | 0.6170 | 0.5745 | 0.6170 | 0.5532 | 0.6170 | 0.7021 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7234 | 0.6809 | 0.5319 | 0.6170 |
| 7     | 0.2948 | 0.3536 | 0.3238 | 0.3536 | 0.4829 | 0.3536 | ****   | 0.6596 | 0.7660 | 0.7660 | 0.6596 | 0.8085 | 0.5745 | 0.6596 | 0.6596 | 0.6809 | 0.6170 | 0.7447 | 0.5957 | 0.7234 | 0.6596 | 0.6596 | 0.7660 | 0.6809 | 0.6170 | 0.7447 |
| 8     | 0.4829 | 0.4829 | 0.3844 | 0.3536 | 0.2392 | 0.4162 | 0.4162 | ****   | 0.6383 | 0.6809 | 0.7021 | 0.7234 | 0.7447 | 0.5745 | 0.7021 | 0.6383 | 0.6596 | 0.7447 | 0.8085 | 0.5957 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7660 | 0.7234 | 0.6596 | 0.6170 |
| 9     | 0.4490 | 0.5921 | 0.4162 | 0.5179 | 0.4490 | 0.4490 | 0.2666 | 0.4490 | ****   | 0.7447 | 0.6809 | 0.7021 | 0.5106 | 0.5532 | 0.7234 | 0.6596 | 0.6809 | 0.6383 | 0.5745 | 0.5745 | 0.5957 | 0.5532 | 0.6596 | 0.7447 | 0.5957 | 0.6809 |
| 10    | 0.5179 | 0.4490 | 0.3536 | 0.5921 | 0.4490 | 0.3844 | 0.2666 | 0.3844 | 0.2948 | ****   | 0.6809 | 0.7021 | 0.5532 | 0.5106 | 0.6383 | 0.7447 | 0.5532 | 0.8085 | 0.5745 | 0.7021 | 0.6809 | 0.5532 | 0.7872 | 0.7021 | 0.5957 | 0.7234 |
| 11    | 0.6313 | 0.4829 | 0.4490 | 0.5543 | 0.3536 | 0.2948 | 0.4162 | 0.3536 | 0.3844 | 0.3844 | ****   | 0.6809 | 0.6170 | 0.7021 | 0.7447 | 0.6383 | 0.5319 | 0.6596 | 0.6809 | 0.7660 | 0.6596 | 0.6170 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6596 | 0.6596 |
| 12    | 0.2666 | 0.5179 | 0.3536 | 0.4490 | 0.5179 | 0.4490 | 0.2126 | 0.3238 | 0.3536 | 0.3536 | 0.3844 | ****   | 0.6383 | 0.6809 | 0.5957 | 0.6596 | 0.6383 | 0.7234 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6383 | 0.7447 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6809 |
| 13    | 0.4829 | 0.4829 | 0.4490 | 0.4162 | 0.5543 | 0.4829 | 0.5543 | 0.2948 | 0.6721 | 0.5921 | 0.4829 | 0.4490 | ****   | 0.6596 | 0.5745 | 0.4681 | 0.6596 | 0.6170 | 0.7660 | 0.5957 | 0.6170 | 0.7021 | 0.7234 | 0.6383 | 0.5319 | 0.6170 |
| 14    | 0.4829 | 0.5543 | 0.2666 | 0.4162 | 0.4162 | 0.5543 | 0.4162 | 0.5543 | 0.5921 | 0.6721 | 0.3536 | 0.3844 | 0.4162 | ****   | 0.6170 | 0.5532 | 0.6170 | 0.5319 | 0.5532 | 0.6809 | 0.6170 | 0.6596 | 0.6809 | 0.6383 | 0.5745 | 0.6170 |
| 15    | 0.6313 | 0.7147 | 0.4490 | 0.4162 | 0.4162 | 0.4829 | 0.4162 | 0.3536 | 0.3238 | 0.4490 | 0.2948 | 0.5179 | 0.5543 | 0.4829 | ****   | 0.5532 | 0.6170 | 0.6170 | 0.5957 | 0.5957 | 0.4894 | 0.5745 | 0.5957 | 0.6383 | 0.5319 | 0.5745 |
| 16    | 0.4490 | 0.5179 | 0.3536 | 0.5179 | 0.4490 | 0.5921 | 0.3844 | 0.4490 | 0.4162 | 0.2948 | 0.4490 | 0.4162 | 0.7591 | 0.5921 | 0.5921 | ****   | 0.5532 | 0.6809 | 0.5745 | 0.7021 | 0.7234 | 0.5957 | 0.7021 | 0.6170 | 0.5532 | 0.5957 |
| 17    | 0.4829 | 0.8056 | 0.5921 | 0.3536 | 0.6313 | 0.4829 | 0.4829 | 0.4162 | 0.3844 | 0.5921 | 0.6313 | 0.4490 | 0.4162 | 0.4829 | 0.4829 | 0.5921 | ****   | 0.5745 | 0.6383 | 0.5532 | 0.6170 | 0.7872 | 0.5532 | 0.5957 | 0.5319 | 0.6170 |
| 18    | 0.4162 | 0.3536 | 0.3844 | 0.5543 | 0.4162 | 0.3536 | 0.2948 | 0.2948 | 0.4490 | 0.2126 | 0.4162 | 0.3238 | 0.4829 | 0.6313 | 0.4829 | 0.3844 | 0.5543 | ****   | 0.6809 | 0.6809 | 0.6170 | 0.6170 | 0.8511 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6596 |
| 19    | 0.5921 | 0.3844 | 0.5543 | 0.5179 | 0.3844 | 0.3844 | 0.5179 | 0.2126 | 0.5543 | 0.5543 | 0.3844 | 0.4162 | 0.2666 | 0.5921 | 0.5179 | 0.5543 | 0.4490 | 0.3844 | ****   | 0.5319 | 0.5532 | 0.7234 | 0.7021 | 0.6596 | 0.5957 | 0.5957 |
| 20    | 0.3844 | 0.4490 | 0.4162 | 0.3844 | 0.5179 | 0.3238 | 0.3238 | 0.5179 | 0.5543 | 0.3536 | 0.2666 | 0.3536 | 0.5179 | 0.3844 | 0.5179 | 0.3536 | 0.5921 | 0.3844 | 0.6313 | ****   | 0.7234 | 0.5957 | 0.6596 | 0.6170 | 0.5957 | 0.6383 |
| 21    | 0.3536 | 0.4829 | 0.3844 | 0.4162 | 0.5543 | 0.4162 | 0.4162 | 0.4162 | 0.5179 | 0.3844 | 0.4162 | 0.3844 | 0.4829 | 0.4829 | 0.7147 | 0.3238 | 0.4829 | 0.4829 | 0.5921 | 0.3238 | ****   | 0.7021 | 0.7234 | 0.7234 | 0.5745 | 0.6596 |
| 22    | 0.5543 | 0.5543 | 0.5921 | 0.4829 | 0.6313 | 0.3536 | 0.4162 | 0.3536 | 0.5921 | 0.5921 | 0.4829 | 0.4490 | 0.3536 | 0.4162 | 0.5543 | 0.5179 | 0.2392 | 0.4829 | 0.3238 | 0.5179 | 0.3536 | ****   | 0.6809 | 0.6383 | 0.5319 | 0.6596 |
| 23    | 0.3844 | 0.3844 | 0.2392 | 0.4490 | 0.4490 | 0.3238 | 0.2666 | 0.2666 | 0.4162 | 0.2392 | 0.3844 | 0.2948 | 0.3238 | 0.3844 | 0.5179 | 0.3536 | 0.5921 | 0.1613 | 0.3536 | 0.4162 | 0.3238 | 0.3844 | ****   | 0.8298 | 0.6383 | 0.7234 |
| 24    | 0.4490 | 0.5179 | 0.2948 | 0.4490 | 0.5179 | 0.3844 | 0.3844 | 0.3238 | 0.2948 | 0.3536 | 0.3238 | 0.4162 | 0.4490 | 0.4490 | 0.4490 | 0.4829 | 0.5179 | 0.3844 | 0.4162 | 0.4829 | 0.3238 | 0.4490 | 0.1866 | ****   | 0.6383 | 0.8085 |
| 25    | 0.5543 | 0.5543 | 0.4490 | 0.4829 | 0.5543 | 0.6313 | 0.4829 | 0.4162 | 0.5179 | 0.5179 | 0.4162 | 0.3238 | 0.6313 | 0.5543 | 0.6313 | 0.5921 | 0.6313 | 0.4162 | 0.5179 | 0.5179 | 0.5543 | 0.6313 | 0.4490 | 0.4490 | ****   | 0.7872 |
| 26    | 0.5543 | 0.4829 | 0.3844 | 0.4162 | 0.6313 | 0.4829 | 0.2948 | 0.4829 | 0.3844 | 0.3238 | 0.4162 | 0.3844 | 0.4829 | 0.4829 | 0.5543 | 0.5179 | 0.4829 | 0.4162 | 0.5179 | 0.4490 | 0.4162 | 0.4162 | 0.3238 | 0.2126 | 0.2392 | ****   |

Sürüye özgü toplam polimorfik bant sayısı: 45

Polimorfik bant yüzdesi: %95,74 (45/47)

Çizelge B. Erdoğan Aktürk’e ait sürüdeki bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı)

| Birey | 1      | 2      | 3      | 4      | 5      | 6      | 7      | 8      | 9      | 10     | 11     | 12     | 13     | 14     | 15     | 16     | 17     | 18     | 19     | 20     | 21     | 22     | 23     | 24     | 25     | 26     | 27     | 28     | 29     | 30     | 31     | 32     |        |
|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 1     | ****   | 0.8085 | 0.8085 | 0.7234 | 0.7872 | 0.8298 | 0.7234 | 0.7021 | 0.7872 | 0.7447 | 0.7021 | 0.5957 | 0.6383 | 0.6809 | 0.7021 | 0.6383 | 0.5957 | 0.6596 | 0.5745 | 0.7234 | 0.5106 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7872 | 0.6809 | 0.6383 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6383 | 0.6383 |        |
| 2     | 0.2126 | ****   | 0.8298 | 0.7021 | 0.7660 | 0.8085 | 0.7021 | 0.7234 | 0.7660 | 0.7660 | 0.7660 | 0.5745 | 0.6170 | 0.7447 | 0.5957 | 0.6170 | 0.5745 | 0.5957 | 0.6383 | 0.7021 | 0.5745 | 0.7447 | 0.5106 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6170 | 0.7021 | 0.5957 | 0.7234 | 0.7872 | 0.5745 | 0.6170 |        |
| 3     | 0.2126 | 0.1866 | ****   | 0.8298 | 0.8511 | 0.8511 | 0.7447 | 0.7234 | 0.8511 | 0.7234 | 0.8511 | 0.5745 | 0.6170 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6170 | 0.6170 | 0.6809 | 0.7234 | 0.7872 | 0.4894 | 0.6170 | 0.5106 | 0.7234 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7872 | 0.5957 | 0.7234 | 0.7447 | 0.6170 | 0.7021 |        |
| 4     | 0.3238 | 0.3536 | 0.1866 | ****   | 0.8511 | 0.8085 | 0.7447 | 0.8085 | 0.7234 | 0.7660 | 0.7660 | 0.5745 | 0.6596 | 0.7447 | 0.7660 | 0.5745 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7447 | 0.5745 | 0.5745 | 0.5532 | 0.6383 | 0.6596 | 0.6596 | 0.7447 | 0.6809 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6170 | 0.6170 |        |
| 5     | 0.2392 | 0.2666 | 0.1613 | 0.1613 | ****   | 0.8298 | 0.8085 | 0.7872 | 0.8723 | 0.7872 | 0.7872 | 0.6383 | 0.7660 | 0.6809 | 0.7872 | 0.6383 | 0.7234 | 0.7872 | 0.7021 | 0.7234 | 0.5957 | 0.6383 | 0.5745 | 0.7872 | 0.7660 | 0.8085 | 0.7021 | 0.7447 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7234 |        |        |
| 6     | 0.1866 | 0.2126 | 0.1613 | 0.2126 | 0.1866 | ****   | 0.7660 | 0.8298 | 0.8298 | 0.8298 | 0.7872 | 0.5957 | 0.6383 | 0.7234 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6383 | 0.6170 | 0.6170 | 0.7234 | 0.5532 | 0.6809 | 0.6170 | 0.7872 | 0.6809 | 0.6809 | 0.7660 | 0.7021 | 0.7447 | 0.6809 | 0.6809 | 0.6383 |        |
| 7     | 0.3238 | 0.3536 | 0.2948 | 0.2948 | 0.2126 | 0.2666 | ****   | 0.7234 | 0.8085 | 0.7234 | 0.8085 | 0.5319 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6383 | 0.7021 | 0.6170 | 0.6170 | 0.5957 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7447 | 0.5957 | 0.7234 | 0.7872 | 0.6596 | 0.7021 |        |
| 8     | 0.3536 | 0.3238 | 0.3238 | 0.2126 | 0.2392 | 0.1866 | 0.3238 | ****   | 0.7447 | 0.7447 | 0.7872 | 0.6383 | 0.5957 | 0.7234 | 0.7021 | 0.6383 | 0.7660 | 0.7021 | 0.6170 | 0.6809 | 0.5957 | 0.6809 | 0.6170 | 0.7447 | 0.5957 | 0.6809 | 0.7660 | 0.6596 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6383 | 0.6809 |        |
| 9     | 0.2392 | 0.2666 | 0.1613 | 0.3238 | 0.1366 | 0.1866 | 0.2126 | 0.2948 | ****   | 0.7021 | 0.8723 | 0.5957 | 0.7660 | 0.6809 | 0.7021 | 0.7234 | 0.6383 | 0.7447 | 0.6170 | 0.7234 | 0.5532 | 0.6383 | 0.5745 | 0.7872 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7660 | 0.6596 | 0.7447 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7660 |        |
| 10    | 0.2948 | 0.2666 | 0.3238 | 0.2666 | 0.2392 | 0.1866 | 0.3238 | 0.2948 | 0.3536 | ****   | 0.7447 | 0.5957 | 0.7234 | 0.7660 | 0.7021 | 0.6383 | 0.6383 | 0.6170 | 0.5745 | 0.6809 | 0.5532 | 0.6809 | 0.5745 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6383 | 0.6809 | 0.6596 | 0.6596 | 0.6383 | 0.6809 | 0.5957 |        |
| 11    | 0.3536 | 0.2666 | 0.1613 | 0.2666 | 0.2392 | 0.2392 | 0.2126 | 0.2392 | 0.1366 | 0.2948 | ****   | 0.5106 | 0.6383 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7447 | 0.5745 | 0.7234 | 0.5532 | 0.5957 | 0.4894 | 0.6596 | 0.6383 | 0.6383 | 0.7660 | 0.5745 | 0.6596 | 0.7234 | 0.6383 | 0.7234 |        |
| 12    | 0.5179 | 0.5543 | 0.5543 | 0.5543 | 0.4490 | 0.5179 | 0.6313 | 0.4490 | 0.5179 | 0.5179 | 0.6721 | ****   | 0.7021 | 0.6170 | 0.6383 | 0.6170 | 0.7447 | 0.6383 | 0.7234 | 0.5745 | 0.6170 | 0.7447 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6596 | 0.7021 | 0.6170 | 0.5957 | 0.7660 | 0.5745 | 0.5745 | 0.6170 |        |
| 13    | 0.4490 | 0.4829 | 0.4829 | 0.4162 | 0.2666 | 0.4490 | 0.4162 | 0.5179 | 0.2666 | 0.3238 | 0.4490 | 0.3536 | ****   | 0.7021 | 0.7660 | 0.7447 | 0.7021 | 0.7234 | 0.6383 | 0.5745 | 0.5745 | 0.6596 | 0.5532 | 0.6809 | 0.7872 | 0.7021 | 0.6596 | 0.6383 | 0.6383 | 0.6596 | 0.6596 | 0.6596 |        |
| 14    | 0.3844 | 0.2948 | 0.4162 | 0.2948 | 0.3844 | 0.3238 | 0.3536 | 0.3238 | 0.3844 | 0.2666 | 0.3844 | 0.4829 | 0.3536 | ****   | 0.6809 | 0.6170 | 0.6170 | 0.5957 | 0.6383 | 0.7021 | 0.6170 | 0.7021 | 0.5532 | 0.5957 | 0.6170 | 0.5745 | 0.6170 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6170 | 0.5745 | 0.5745 |        |
| 15    | 0.3536 | 0.5179 | 0.3238 | 0.2666 | 0.2392 | 0.3536 | 0.3844 | 0.3536 | 0.3536 | 0.3536 | 0.4162 | 0.4490 | 0.2666 | 0.3844 | ****   | 0.6383 | 0.7234 | 0.7872 | 0.6596 | 0.6809 | 0.5532 | 0.5532 | 0.6170 | 0.7021 | 0.7234 | 0.6809 | 0.7234 | 0.7447 | 0.7021 | 0.6383 | 0.6809 | 0.7234 |        |
| 16    | 0.4490 | 0.4829 | 0.4829 | 0.5543 | 0.4490 | 0.3844 | 0.4162 | 0.4490 | 0.3238 | 0.4490 | 0.3238 | 0.4829 | 0.2948 | 0.4829 | 0.4490 | ****   | 0.7447 | 0.7234 | 0.5957 | 0.4894 | 0.5745 | 0.6170 | 0.5957 | 0.7234 | 0.6596 | 0.7021 | 0.5745 | 0.5957 | 0.5957 | 0.6170 | 0.7872 | 0.6596 |        |
| 17    | 0.5179 | 0.5543 | 0.4829 | 0.4162 | 0.3238 | 0.4490 | 0.4162 | 0.2666 | 0.4490 | 0.4490 | 0.3844 | 0.2948 | 0.3536 | 0.4829 | 0.3238 | 0.2948 | ****   | 0.7660 | 0.6809 | 0.5745 | 0.7447 | 0.6596 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6170 | 0.7872 | 0.7021 | 0.6809 | 0.6809 | 0.6596 | 0.7021 | 0.7447 |        |
| 18    | 0.4162 | 0.5179 | 0.3844 | 0.3238 | 0.2392 | 0.4829 | 0.3238 | 0.3536 | 0.2948 | 0.4829 | 0.2948 | 0.4490 | 0.3238 | 0.5179 | 0.2392 | 0.3238 | 0.2666 | ****   | 0.6596 | 0.5957 | 0.5957 | 0.6383 | 0.6170 | 0.7447 | 0.7234 | 0.7234 | 0.7234 | 0.7021 | 0.7447 | 0.6809 | 0.7234 | 0.8085 |        |
| 19    | 0.5543 | 0.4490 | 0.3238 | 0.3844 | 0.3536 | 0.4829 | 0.4490 | 0.4829 | 0.4829 | 0.5543 | 0.5543 | 0.3238 | 0.4490 | 0.4162 | 0.5179 | 0.3844 | 0.4162 | ****   | 0.6383 | 0.6383 | 0.6809 | 0.4894 | 0.7021 | 0.6809 | 0.8085 | 0.6383 | 0.6170 | 0.7021 | 0.6809 | 0.5957 | 0.7660 |        |        |
| 20    | 0.3238 | 0.3536 | 0.2392 | 0.2948 | 0.3238 | 0.3238 | 0.3536 | 0.3844 | 0.3238 | 0.3844 | 0.3238 | 0.5543 | 0.5543 | 0.3536 | 0.3844 | 0.7147 | 0.5543 | 0.5179 | 0.4490 | ****   | 0.6170 | 0.7021 | 0.5532 | 0.6383 | 0.6596 | 0.7021 | 0.8298 | 0.6809 | 0.7234 | 0.6596 | 0.5745 | 0.7021 |        |
| 21    | 0.6721 | 0.5543 | 0.7147 | 0.5543 | 0.5179 | 0.5921 | 0.4829 | 0.5179 | 0.5921 | 0.5921 | 0.5921 | 0.4829 | 0.5543 | 0.4829 | 0.5921 | 0.5543 | 0.2948 | 0.5179 | 0.4490 | 0.4829 | ****   | 0.7021 | 0.6809 | 0.5957 | 0.6170 | 0.6596 | 0.6170 | 0.7234 | 0.6809 | 0.5745 | 0.6170 | 0.6596 |        |
| 22    | 0.3844 | 0.2948 | 0.4829 | 0.5543 | 0.4490 | 0.3844 | 0.4829 | 0.3844 | 0.4490 | 0.3844 | 0.5179 | 0.2948 | 0.4162 | 0.3536 | 0.5921 | 0.4829 | 0.4162 | 0.4490 | 0.3844 | 0.3536 | 0.3536 | ****   | 0.6809 | 0.7660 | 0.6596 | 0.7447 | 0.7021 | 0.6809 | 0.7234 | 0.7447 | 0.6596 | 0.7021 |        |
| 23    | 0.4162 | 0.6721 | 0.6721 | 0.5921 | 0.5543 | 0.4829 | 0.5179 | 0.4829 | 0.5543 | 0.5543 | 0.7147 | 0.3844 | 0.5921 | 0.5921 | 0.4829 | 0.5179 | 0.3844 | 0.4829 | 0.7147 | 0.5921 | 0.3844 | 0.3844 | ****   | 0.7447 | 0.5957 | 0.6383 | 0.5957 | 0.7447 | 0.6596 | 0.6383 | 0.7234 | 0.6383 |        |
| 24    | 0.2392 | 0.3844 | 0.3238 | 0.4490 | 0.2392 | 0.2392 | 0.3844 | 0.2948 | 0.2392 | 0.3536 | 0.4162 | 0.3238 | 0.3844 | 0.5179 | 0.3536 | 0.3238 | 0.3238 | 0.2948 | 0.3536 | 0.4490 | 0.5179 | 0.2666 | 0.2948 | ****   | 0.7234 | 0.8085 | 0.7234 | 0.7021 | 0.7447 | 0.6809 | 0.8085 | 0.8511 |        |
| 25    | 0.3844 | 0.4162 | 0.4162 | 0.4162 | 0.2666 | 0.3844 | 0.4162 | 0.5179 | 0.3238 | 0.3844 | 0.4490 | 0.4162 | 0.2392 | 0.4829 | 0.3238 | 0.4162 | 0.4829 | 0.3238 | 0.3844 | 0.4162 | 0.4829 | 0.4162 | 0.4829 | 0.4162 | 0.5179 | 0.3238 | ****   | 0.7872 | 0.7447 | 0.7234 | 0.7234 | 0.6596 | 0.6596 |
| 26    | 0.4490 | 0.4829 | 0.3536 | 0.4162 | 0.2666 | 0.3844 | 0.3536 | 0.3844 | 0.3844 | 0.4490 | 0.4490 | 0.3536 | 0.3536 | 0.5543 | 0.3844 | 0.3536 | 0.2392 | 0.3238 | 0.2126 | 0.3536 | 0.4162 | 0.2948 | 0.4490 | 0.2126 | 0.2392 | ****   | 0.8298 | 0.7234 | 0.7234 | 0.7447 | 0.7872 | 0.7872 |        |
| 27    | 0.3844 | 0.3536 | 0.2392 | 0.2948 | 0.2126 | 0.2666 | 0.2948 | 0.2666 | 0.2666 | 0.3844 | 0.2666 | 0.4829 | 0.4162 | 0.4829 | 0.3238 | 0.5543 | 0.3536 | 0.3238 | 0.4490 | 0.1866 | 0.4829 | 0.3536 | 0.5179 | 0.3238 | 0.2948 | 0.1866 | ****   | 0.6809 | 0.7234 | 0.7447 | 0.7021 | 0.7447 |        |
| 28    | 0.4162 | 0.5179 | 0.5179 | 0.3844 | 0.3536 | 0.3536 | 0.5179 | 0.4162 | 0.4162 | 0.4162 | 0.5543 | 0.5179 | 0.4490 | 0.3844 | 0.2948 | 0.5179 | 0.3844 | 0.3536 | 0.4829 | 0.3844 | 0.3238 | 0.3844 | 0.2948 | 0.3536 | 0.3238 | 0.3238 | 0.3844 | ****   | 0.7447 | 0.5532 | 0.6809 | 0.6809 |        |
| 29    | 0.3536 | 0.3238 | 0.3238 | 0.3844 | 0.2948 | 0.2948 | 0.3238 | 0.4162 | 0.2948 | 0.4162 | 0.4162 | 0.2666 | 0.4490 | 0.3238 | 0.3536 | 0.5179 | 0.3844 | 0.2948 | 0.3536 | 0.3238 | 0.3844 | 0.3238 | 0.4162 | 0.2948 | 0.3238 | 0.3238 | 0.3238 | 0.3238 | 0.2948 | ****   | 0.6383 | 0.6383 | 0.7234 |
| 30    | 0.3844 | 0.2392 | 0.2948 | 0.4162 | 0.3238 | 0.3844 | 0.2392 | 0.3238 | 0.3238 | 0.4490 | 0.3238 | 0.5543 | 0.4162 | 0.4829 | 0.4490 | 0.4829 | 0.4162 | 0.3844 | 0.3844 | 0.4162 | 0.5543 | 0.2948 | 0.4490 | 0.3844 | 0.4162 | 0.2948 | 0.2948 | 0.     |        |        |        |        |        |

Sürüye özgü toplam polimorfik bant sayısı: 41  
Polimorfik bant yüzdesi: %87.23 (41/47)

## EK-2

**Çizelge C.** Mustafa Vural’a ait sürüdeki bireyler arası genetik benzerlik (köşegenin üstü) ve genetik uzaklıklar (köşegenin altı)

| Birey | 1      | 2      | 3      | 4      | 5      | 6      | 7      | 8      | 9      | 10     | 11     | 12     | 13     | 14     |
|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 1     | ****   | 0.7660 | 0.7872 | 0.7021 | 0.7872 | 0.8298 | 0.8298 | 0.7872 | 0.7234 | 0.7021 | 0.7872 | 0.7021 | 0.6596 | 0.6809 |
| 2     | 0.2666 | ****   | 0.7660 | 0.8085 | 0.8511 | 0.7660 | 0.8085 | 0.6809 | 0.7872 | 0.7660 | 0.7660 | 0.8511 | 0.8085 | 0.6596 |
| 3     | 0.2392 | 0.2666 | ****   | 0.8298 | 0.7872 | 0.7021 | 0.7447 | 0.8298 | 0.7660 | 0.7021 | 0.7021 | 0.7021 | 0.7447 | 0.7660 |
| 4     | 0.3536 | 0.2126 | 0.1866 | ****   | 0.7872 | 0.6170 | 0.7447 | 0.7872 | 0.6809 | 0.7021 | 0.7021 | 0.7447 | 0.7872 | 0.7660 |
| 5     | 0.2392 | 0.1613 | 0.2392 | 0.2392 | ****   | 0.6170 | 0.7021 | 0.7021 | 0.7234 | 0.7872 | 0.7447 | 0.7447 | 0.7872 | 0.7234 |
| 6     | 0.1866 | 0.2666 | 0.3536 | 0.4829 | 0.4829 | ****   | 0.8723 | 0.7447 | 0.8085 | 0.7447 | 0.7447 | 0.7447 | 0.5745 | 0.6383 |
| 7     | 0.1866 | 0.2126 | 0.2948 | 0.2948 | 0.3536 | 0.1366 | ****   | 0.7447 | 0.8085 | 0.7447 | 0.7872 | 0.7872 | 0.6170 | 0.6809 |
| 8     | 0.2392 | 0.3844 | 0.1866 | 0.2392 | 0.3536 | 0.2948 | 0.2948 | ****   | 0.7234 | 0.7021 | 0.7447 | 0.6596 | 0.6596 | 0.8511 |
| 9     | 0.3238 | 0.2392 | 0.2666 | 0.3844 | 0.3238 | 0.2126 | 0.2126 | 0.3238 | ****   | 0.8085 | 0.7660 | 0.7234 | 0.6809 | 0.6596 |
| 10    | 0.3536 | 0.2666 | 0.3536 | 0.3536 | 0.2392 | 0.2948 | 0.2948 | 0.3536 | 0.2126 | ****   | 0.8298 | 0.7021 | 0.6170 | 0.6809 |
| 11    | 0.2392 | 0.2666 | 0.3536 | 0.3536 | 0.2948 | 0.2948 | 0.2392 | 0.2948 | 0.2666 | 0.1866 | ****   | 0.7447 | 0.6170 | 0.6809 |
| 12    | 0.3536 | 0.1613 | 0.3536 | 0.2948 | 0.2948 | 0.2948 | 0.2392 | 0.4162 | 0.3238 | 0.3536 | 0.2948 | ****   | 0.7872 | 0.6809 |
| 13    | 0.4162 | 0.2126 | 0.2948 | 0.2392 | 0.2392 | 0.5543 | 0.4829 | 0.4162 | 0.3844 | 0.4829 | 0.4829 | 0.2392 | ****   | 0.7234 |
| 14    | 0.3844 | 0.4162 | 0.2666 | 0.2666 | 0.3238 | 0.4490 | 0.3844 | 0.1613 | 0.4162 | 0.3844 | 0.3844 | 0.3844 | 0.3238 | ****   |

Sürüye özgü toplam polimorfik bant sayısı: 30

Polimorfik bant yüzdesi: %63.83 (30/47)